



**T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**KIRLANGIÇ (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758)
POPULASYONLARININ GENETİK VE MORFOLOJİK YAPI ANALİZİ**

Ali UYAN

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**HATAY
ARALIK-2014**



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**KIRLANGIÇ (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758)
POPULASYONLARININ GENETİK VE MORFOLOJİK YAPI ANALİZİ**

Ali UYAN

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**HATAY
ARALIK-2014**

T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**KIRLANGIÇ (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ
GENETİK VE MORFOLOJİK YAPI ANALİZİ**

Ali UYAN

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Prof. Dr. Cemal TURAN danışmanlığında hazırlanan bu tez **19/12/2014** tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından **OYBİRLİĞİ** ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Cemal TURAN
Başkan

Prof. Dr. Fevzi BARDAKÇI
Üye

Yrd. Doç. Dr. Mevlüt GÜRLEK
Üye

Kod No:

Prof. Dr. İsmail Hakkı KARAHAN
Enstitü Müdürü

Bu çalışma MKÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu ve TÜBİTAK tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 12025 TÜBİTAK Proje No: 212 T 115

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

19/12/2014

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını ve tez üzerinde Yükseköğretim Kurulu tarafından hiçbir değişiklik yapılamayacağı için tezin bilgisayar ekranında görüntülendiğinde asıl nüsha ile aynı olması sorumluluğunun tarafıma ait olduğunu beyan ederim.

Ali UYAN

ÖZET

KIRLANGIÇ (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ GENETİK VE MORFOLOJİK YAPI ANALİZİ

Chelidonichthys lucerna Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz’de en bol bulunan ve Triglidae türleri içerisinde ticari açıdan en önemli türdür. Bu çalışmada, *C. lucerna* populasyonlarının genetik ve morfolojik olarak incelenmesi amaçlanmıştır. Morfolojik analiz için morfometrik ve meristik karakterler kullanılmış ve dizin analizi için ise mtDNA 16S rRNA geni kullanılmıştır.

Dizi analizi sonucunda elde edilen 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu T = % 21.5, C = % 26.6, A = % 31.4 ve G = % 20.5 olarak belirlenmiştir. 809 bç’lik bölgesi çalışılan 16S rRNA geninin 796 bç’lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 13 bç’lik kısmı ise populasyonlar arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 6 bç’lik bölge ise populasyonlar arasında parsimoni anlamlı bölge görevi görmüştür. Populasyonlar içi ortalama genetik farklılık değeri ise 0.0016 olarak bulunmuştur. En düşük genetik çeşitlilik İskenderun populasyonunda, en yüksek genetik çeşitlilik ise Marmara populasyonunda gözlenmiştir. Tüm populasyonlardan toplam 14 adet haplotip elde edilmiştir. En yüksek haplotip çeşitliliği Marmara populasyonunda, en düşük haplotip çeşitliliği ise İskenderun populasyonunda görülmüştür. Populasyonlar arası ortalama haploid çeşitliliği de 0.7558 bulunmuştur. Populasyonlar arası genetik farklılıklara bakıldığında, Akçakoca ile Marmara populasyonları en az farklılaşma düzeyini göstermiştir (0.0012). En yüksek genetik farklılaşma düzeyi Antalya ile İzmir ve İskenderun ile İzmir populasyonları arasında bulunmuştur (0.0021). Komşu katılımlı soyağacına (Neighbour Joining tree) göre Antalya ve İskenderun populasyonları birbirlerine yakın populasyonlar olarak bulunmuştur. İzmir populasyonu ise diğer populasyonlardan oldukça uzak çıkmıştır.

Morfolojik karakterlerin kümelerarası korelasyon analizinde Akçakoca populasyonunun diğer populasyonlardan tamamıyla farklı olduğu gözlenmiştir. Ancak diğer populasyonların birbirlerinden istatistiksel anlamda önemli derecede farklı olmadığı gözlenmiştir. Morfolojik yakınlık matrisine göre Akçakoca ile Antalya populasyonları birbirine en uzak populasyonlar olmuştur. İzmir ile İskenderun populasyonları ise morfolojik olarak birbirlerine en yakın populasyonlar olmuştur. UPGM soyağacına göre İzmir populasyonu ile İskenderun populasyonu birbirine yakın ilişkilendirilmiş, Akçakoca populasyonu ise diğer populasyonlardan tamamen ayrı gruptandırılmıştır.

2014, 61 sayfa

Anahtar kelimeler: *Chelidonichthys lucerna*, Türkiye Denizler, populasyon genetiği, mtDNA dizin analizi

ABSTRACT

GENETIC AND MORPHOLOGICAL STRUCTURE ANALYSES OF TUB GURNARD POPULATION (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758)

Tub gurnard is one of the most abundant and commercially important Triglidae species in Marine waters of Turkey found in the Black, Marmara, Aegean and Mediterranean Seas. In this study, it's aimed to investigate genetic and morphological structure of *C. lucerna* populations. Morphometric and meristic characters were used for morphological analysis, and 16S rRNA gene of mtDNA was used for DNA sequencing analysis.

As a result of sequencing, the average nucleotide composition of 16S rRNA gene was determined the ratio of T, C, G, A as 21.5%, 26.6 %, 31.4 %, 20.5 % respectively. 16S rRNA region was found as 809 base pair and composed 796 base pair as conserved sites and 13 base pair as variable sites. 6 base pair seen as a indicator between populations. The average value of genetic diversity within populations was 0.0016. The lowest genetic diversity was found in Iskenderun population, while the highest genetic diversity was found Marmara population. A total of 14 haplotypes were obtained from all populations. The highest haplotype diversity was found in Marmara populations, whereas the lowest haplotype diversity was found in Iskenderun population. Akcakoca and Marmara populations showed the least genetic divergence (0.0012). The highest level of genetic divergence was found between Antalya-Izmir populations and between Iskenderun-Izmir (0.0021). According to Neighbour Joining tree, Antalya and Iskenderun populations were found to be close to each other. Izmir population was found to be far away from the other populations.

Discriminant function analysis of morphometric characters showed that Akcakoca population is completely different from the other populations. It was observed that the other populations are not significantly different from each other in statistical terms. According to morphological affinity matrix, Antalya and Akcakoca populations were the most distant populations to each other. Izmir and Iskenderun populations were the closest populations to each other. Izmir and Iskenderun populations showed morphological similarity. However, Akcakoca population was found to be highly separated from the other populations.

2014, 61 pages

Key words: *Chelidonichthys lucerna*, Turkish Marine Waters, population genetics, mtDNA sequencing

TEŐEKKÖR

Yüksek lisans tez konusunun belirlenmesinde, araştırılması ve yazımı sırasında sahip olduđu bilgi birikimi ve tecrübesi ile çalışmayı yönlendiren ve her türlü yardımı esirgemeyen saygıdeđer danışman hocam Prof. Dr. Cemal TURAN'a sonsuz saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tez konusunun belirlenmesi ve çalışmalarım esnasında yardımlarını esirgemeyen hocalarım Yrd. Doç. Dr. Mevlüt GÖRLEK ve Doç. Dr. Deniz ERGÖDEN'e, yüksek lisans öğrencisi arkadaşlarım Serpil KARAN, Servet Ahmet DOĐDU, Mehmet Nur GÖNDÖZ, Arş. Gör. Bilal İŐÇİMEN ve Betöl SÖRMELİ'ye içten teşekkürlerimi sunarım.

Hayatımın her anında yanımda olup manevi desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen anneme, babama ve kardeşime çok teşekkür ederim.

212 T 115 numaralı TÖBİTAK ve 12025 numaralı BAP projeleriyle gerekli teçhizatı, kimyasalları ve malzemeleri temin etmemizi sağlayan TÖBİTAK ve M.K.Ö. BAP'a teşekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ	VII
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	VIII
1. GİRİŞ	1
1.1. Kırlangıç (<i>Chelidonichthys lucerna</i> L., 1758)'ın Biyolojisi.....	3
1.1.1. Üreme Biyolojisi	3
1.1.2. Beslenme Özellikleri.....	3
1.1.3. Göç Durumu.....	4
1.1.4. Taksonomik Sınıflandırma.....	4
1.2. Balıkçılıkta Stok Kavramı.....	4
1.2.1. Stoklarda Yapı Değişikliğine Neden Olan Mikroevrimsel Kuvvetler	6
1.2.1.1. Mutasyon.....	6
1.2.1.2. Göç (Gen Akışı)	7
1.2.1.3. Genetik Sürüklenme (Genetik Drift).....	7
1.2.1.4. Seleksiyon	7
1.3. Stok ve Tür Tespitinde Morfolojik Karakterlerin Önemi	8
1.3.1. Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Fenotipik Teknikler	9
1.3.1.1. Morfometrik Analiz	10
1.4. Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler	10
1.4.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	11
1.4.2. DNA Dizin Analizi (DNA Sequencing)	12
1.5. Nükleer DNA (nDNA).....	13
1.6. Mitokondriyal DNA (mtDNA)	13
1.6.1. 16S rRNA.....	15
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	16
3. Materyal ve Yöntem.....	22
3.1. Materyal	22

3.1.1. Kırlangıç (<i>C. lucerna</i>)’ın Sistematikteki Yeri.....	22
3.1.2. Kırlangıç (<i>C. lucerna</i>)’ı Diğer Kırlangıç Türlerinden Ayıran Özellikler	22
3.1.3. Coğrafik Dağılım Alanı.....	23
3.1.4. Örnekleme Bölgeleri	23
3.1.5. Kullanılan Araç ve Gereçler.....	25
3.2. Yöntem.....	25
3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması	25
3.2.2. Genetik İnceleme	26
3.2.2.1. Mitokondrial DNA’nın Ekstrakte Edilmesi	26
3.2.2.2. DNA’nın Kalite Tayini	26
3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle 16S rRNA Geninin Çoğaltılması	27
3.2.2.4. DNA Dizin Analizi (Sequencing)	28
3.2.3. Genetik Verilerin Analizi.....	29
3.2.4. Morfolojik İnceleme.....	30
3.2.5. Morfolojik Verilerin Analizi	31
3.2.5.1. Morfolojik Verilerin Çok Değişkenli Analizi	31
4. Araştırma Bulguları ve Tartışma.....	32
4.1. Morfolojik Bulgular	32
4.2. Genetik Bulgular	41
4.2.1. Populasyonların Genetik Analizi	41
SONUÇ VE ÖNERİLER	50
KAYNAKLAR	52
ÖZGEÇMİŞ	61

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1	Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi (Meyer, 1993).....	14
Şekil 3.1	Çalışmada kullanılan <i>Chelidonichthys lucerna</i> 'nın genel görünüşü.....	23
Şekil 3.2	Kırlangıç (<i>Chelidonichthys lucerna</i>)'nın örnekleme alanları.....	24
Şekil 3.3	Ekstrakte edilen total DNA' nın agoroz jel üzerinde kontrolü.....	27
Şekil 3.4	PCR sonrası elde edilen PCR ürününün agoroz jel üzerinde kontrolü.....	28
Şekil 3.5	DNA dizin analizi sonucu elde edilen 16S rRNA gen bölgesinin parça kromotografisinden bir örnek.....	29
Şekil 3.6	Truss Metodu' na göre kırlangıç üzerindeki Truss ölçümleri ve oluşturulan ölçüm ağı.....	31
Şekil 4.1	Kümelerarası korelasyon analizi ile popülasyonların morfolojik farklılıkları.....	40
Şekil 4.2	Populasyonlar arasındaki morfolojik ilişkinin UPGM soyağacı ile gösterimi.....	41
Şekil 4.3	Neighbour Joining (NJ) soy ağacına göre populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli.....	47
Şekil 4.4	16S rRNA sekans analizi sonucu populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren komşu katılımlı radyan soyağacı.....	48

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1	Kırlangıç (<i>Chelidonichtys lucerna</i>)’ın populasyonlara göre örnekleme bilgileri.....	24
Çizelge 3.2	Kullanılan cihazların teknik özellikleri.....	25
Çizelge 4.1	Populasyonların ayırımında kullanılan meristik karakterler ve minimum- maksimum değerleri.....	33
Çizelge 4.2	Morfometrik ve meristik karakterlerin etkinlik derecelerine göre, ana bileşenler analizi (ABA) sonucu sıralanışı.....	34
Çizelge 4.3	ABA sonucu varyansların AB’lere dağılımı.....	36
Çizelge 4.4	Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) değerleri.....	37
Çizelge 4.5	Kümelerarası korelasyon analizi sonuçlarından biri olan istatistik denetimi.....	37
Çizelge 4.6	Morfometrik ve meristik karakterlerin ayrışım analizi sonucunda her bir gruptaki örneklerin kendi grubuna sayısal ve % olarak sınıflandırılması.....	38
Çizelge 4.7	<i>C. lucerna</i> populasyonları arasındaki morfolojik yakınlık matrisi.....	40
Çizelge 4.8	Çalışmada kullanılan 809 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu (%)......	43
Çizelge 4.9	Substitüsyon matrisi.....	43
Çizelge 4.10	Populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik.....	44
Çizelge 4.11	<i>C. lucerna</i> populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı.....	45
Çizelge 4.12	<i>C. lucerna</i> populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin değişken nükleotid bölgeleri.....	46
Çizelge 4.13	Populasyonlar arası pairwise genetik farklılık düzeyi (divergence).....	47
Çizelge 4.14	Tajima nötralite testi.....	49

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

bç	:Baz çifti
kb	:Kilo baz
g	:Gram
mg	:Miligram
ml	:Mililitre
mA	:Mili Amper
µl	:Mikrolitre
A	:Adenin
C	:Sitozin
G	:Guanin
T	:Timin

Kısaltmalar

DNA	:Deoksiribonükleik asit
EDTA	:Etilendiamin tetraasetikasit
HCl	:Hidroklorik asit
MgCl₂	:Magnezyum Klorür
NaCl	:Sodyum klorür
UPGMA	:Tartılı Olmayan Çiftlestirilmiş Grup Metodu Aritmetik Ortalaması
rRNA	:Ribozomal RNA
TBE	:Tris/Borate/EDTA
TE	:Tris-EDTA

1. GİRİŞ

İçinde bulunduğumuz yüzyılda, pek çok canlı türü, biz insanların doğayı son derece düşüncesizce kullanması sonucunda varlığını sürdürmemiş ya da sürdürebilmek için direnmektedir. Canlılar, yaşadıkları ortamda insanların doğayı kötü kullanmasından kaynaklanan bir seleksiyona maruz kalmakta ve bu tip seleksiyon baskılarına sadece genetik olarak güçlü populasyonlar karşı koyabilmektedir. Genetik olarak güçlü populasyonların varlığını sürdürmesi, ancak populasyonların gen havuzlarının korunmasıyla mümkün olabilir. Populasyonlar arasında meydana gelen göç yani gen alışverişi populasyonlar arasında meydana gelebilecek genetik farklılıkların ortadan kalkmasını sağlar. Yani bir populasyona göç ile katılan bireyler, bu populasyonun gen havuzuna yeni allellerin katılmasını, var olan allellerin ve genotipin korunmasını sağlar (Turan, 2000a).

Populasyon genetiği çalışmaları genel olarak populasyonlar arasında meydana gelen alel frekans değişiklikleri ve populasyonlar arasında meydana gelen göç olaylarının tespitine yöneliktir. Bu tespitin önemi, diğer populasyondan göç alarak taşıdığı genetik çeşitliliği her zaman sürdürebilen populasyonların, göç almayan populasyonlardan farklı olarak, doğada karşılaşabilecekleri zorluklara karşı daha dirençli genetik yapıları içlerinde barındırdıklarının bilinmesinden kaynaklanmaktadır. Ayrıca genetik çeşitlilikte meydana gelen azalmalar bir populasyonun suni veya doğal yolla çevrede meydana gelen değişmelere karşı daha zor adapte olmasına neden olabilmektedir. Bu durum, şiddetli populasyon dalgalanmalarına sebep olabilmekte ve o populasyonun yok olmasıyla sonuçlanabilmektedir. Bundan dolayı mevcut olan genetik çeşitlilik, adaptasyona dayanan evrimsel değişiklik için hayati bir rol oynamaktadır (Turan, 2000a). Bu sebeplerden yola çıkarak Türkiye denizlerinde bulunan canlı populasyonları arasında herhangi bir sebepten genetik değişiklik varsa bunun tespit edilmesi o populasyonların devamlılığının sağlanması için hayati önem taşımaktadır (Carvalho ve Hauser, 1994).

Populasyonlardan sürekli ürün alınabilmesi için populasyonları koruması gereken balıkçılık idarecileri, genellikle avcılığı yapılan balık miktarı ve bunun ekonomiye olan katkısı gibi kısa dönemli planlamalar yapmaktadır. Hâlbuki balıkçılık

genetikçileri, stokların gelecekte mevcut olmaları için stokların uzun dönemde adaptasyon kabiliyetleri ile ilgilenmektedirler. Balıkçılık idarecileri genellikle genetik değişimin çok uzun zaman zarfında yani evrimsel süreçle gerçekleştiğini zannetmektedirler. Oysa genetik değişim, kuvvetli seleksiyon baskıları ve genetik kayma yoluyla birkaç yıl gibi kısa zaman zarflarında gerçekleşebilmektedir. Buradan da anlaşılacağı gibi balıkçılık idarecileri ve populasyon genetikçileri arasında aktif bir iletişim olmalıdır. Bu iletişim doğrultusunda ekonomik ve biyolojik devamlılığı sağlamak için asgari tedbirlerin ne olacağına karar verilmeli ve koruma amacıyla anahtar populasyonlar tespit edilmelidir (Turan, 2000a).

Populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin tespit edilmesi ile ilgili çalışmalar, protein elektroforezi, RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), Mikrosatelit ve DNA dizin analizi (DNA sequencing) gibi metotlarla gerçekleştirilmektedir.

Triglidae familyasına ait kırlangıç balıkları tüm okyanuslarda dağılım gösteren demersal balıklardır. Gerek tür zenginliği, gerekse bazı türlerinin ekonomik olması sebebiyle demersal balık stokları arasında önemli yeri olan Triglidae familyası Akdeniz'de 5 cins ve 8 türle temsil edilmektedir (Whitehead ve ark., 1986). Denizlerimizde kırlangıcın; *Aspitrigla cuculus*, *Chelidonichthys lastoviza*, *Chelidonichthys lucerna*, *Chelidonichthys obscurus*, *Eutrigla gurnardus*, *Lepidotrigla cavillone*, *Lepidotrigla dieuzeidei*, *Trigla lyra* olmak üzere 8 türü bulunmaktadır (Turan, 2007).

Bu çalışmada, ekonomik değeri olan ve ülkemizde ve dünyada şimdiye kadar hiçbir populasyon genetiği çalışması bulunmayan kırlangıç (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758) populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni kullanılarak DNA dizin analizi tekniği ile genetik yapılarının incelenmesi ve populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın ortaya çıkarılması amaçlanmıştır.

Genetik çalışmaların yanında populasyonlar morfolojik olarak da incelenecektir. Bunun için her bir bireyden morfometrik ve meristik ölçümler alınacaktır. Elde edilen sonuçlar genetik analiz sonuçları ile karşılaştırılacaktır. Bu sayede eğer varsa populasyonlar arasındaki morfolojik farklılıkların genetik dayanağının olup olmadığı ortaya çıkartılması da amaçlanmıştır.

1.1. Kırlangıç (*Chelidonichthys lucerna* L., 1758)'ın Biyolojisi

C. lucerna türünün başı üçgen şeklinde olup, çok sayıda irili ufaklı diken ve kemik plaklarından oluşmaktadır. Göğüste ve karnın ön kısmında pul bulunmamaktadır. Birinci dorsal yüzgeç 8 adet sert ışın içerir. İkinci dorsal yüzgeç 16 -18; anal yüzgeç 15-17; pektoral yüzgeç 11; ventral yüzgeç 6 adet yumuşak ışın içerir. Pektoral yüzgecin hemen önünde 3 adet serbest pektoral ışın bulunur. Operkulumda ise 3 adet diken bulunur. Vücut pulları küçük ve deriye iyice gömülüdür.

1.1.1. Üreme Biyolojisi

Kırlangıç balıklarında ilk cinsi olgunluk dişi bireylerde 2 yaşında ve yaklaşık 20 cm boyunda, erkek bireylerde ise yine 2 yaşında ve yaklaşık 18 cm boyundayken gözlemlenir. Ülkemizde yapılan çalışmalarda yumurtlama zamanı İzmir Körfezi'nde Aralık-Mart ayları arasında (Mater, 1981), Edremit Körfezi'nde Aralık-Nisan ayları arasında (Uçkun, 2005), İskenderun Körfezi'nde Aralık-Nisan ayları arasında (İşmen ve İşmen, 2004), İskenderun Körfezi'nde yapılan başka bir çalışmada Ocak-Mart aylarında (Bastacı, 2005), Marmara Denizi'nde tüm yıl boyunca (Eryılmaz ve Meriç, 2005) ve İzmir Körfezi'nde yapılan bir diğer çalışmada ise Aralık-Mart ayları arasında (Uçkun-İlhan ve Toğulga, 2006) olduğu belirlenmiştir.

1.1.2. Beslenme Özellikleri

Kırlangıçlar oportünist bir besin arama davranışı gösteren, ağırlıklı olarak epibentik ve nektobentik organizmaları avlayan balıklardır (Stagioni ve ark., 2012). Kırlangıçlarda beslenme büyümeye bağlı olarak, besinlerinin büyüklüğü ve çeşitliliği bakımından değişkenlik gösterir. Bu durum kırlangıçların batimetrik bir göç davranışı sergilemesine bağlanmaktadır (Colloca ve ark., 1994; Morte ve ark., 1997). Juvenil bireyler bentik Krustasealar (genellikle Mysidacealar (Hostens ve Mees, 1999)), Amphipodlar ve Dekapodlar ile beslenmektedir (Stagioni ve ark., 2012). Kırlangıçlar büyüdükçe giderek artan bir şekilde Dekapodları (genellikle Portunidae ve Crangonidae) ve Teleost türleri (genellikle Callionymidae) tüketmektedirler (Frogliola, 1976; Colloca ve ark., 1994; Stagioni ve ark., 2007).

1.1.3. Göç Durumu

Kırlangıç; Akdeniz, Karadeniz ve Doğu Atlantik'te Norveç'ten Senegal'e kadar dağılım gösteren demersal türdür (Serena ve ark., 1998). 20-300 m arasında değişen derinliklerde bulunan, sürüler halinde ve çoğunlukla kum, çamurlu kum veya dipteki çakıl zeminlerde yaşayan ticari açıdan önemli demersal bir türdür (Richards ve Saksena, 1990). Yıl boyunca bağlı bulunduğu derinlik aralığında bir göç hareketi gösterir. Bahar ve yaz aylarında belirgin konsantrasyonlardaki sığ sularda bulunan bu tür, daha sonra kış aylarında yavaş yavaş derin sulara doğru hareket eder (İşmen ve ark., 2004).

1.1.4. Taksonomik Sınıflandırma

ÂLEM	: Animalia
ŞUBE	: Chordata
ALT ŞUBE	: Vertebrata
SINIF	: Actinopterygii
TAKIM	: Scorpaeniformes
FAMİLYA	: Triglidae
CİNS	: Chelidonichthys
TÜR	: <i>Chelidonichthys lucerna</i> (Linnaeus, 1758)

1.2. Balıkçılıkta Stok Kavramı

Türler genellikle kendi içerisinde fenotipiksel veya genetiksel olarak farklılaşmış gruplara veya popülasyonlara bölünmüştür, bunlara balıkçılık idaresinde stok denilmektedir. Stoklar genellikle yeni birey katılımı ve mortaliteyi de içine alan biyolojik karakterler bakımından birbirinden önemli derecede farklılıklar arz edebilmektedir. Bundan dolayı bu stoklar avcılığa birbirinden bağımsız bir şekilde cevap vermekte ve birbirinden bağımsız bir idare şekline ihtiyaç duymaktadırlar. Bu bakımdan stoğun tanımlanması balıkçılık idaresi ve koruması açısından zorunlu ve önemlidir. Bununla birlikte, balıkçılık yönetiminde asıl problem stoğun tanımıdır. Özellikle, bir stoğun nelerden oluştuğu üzerine bir fikir birliğine varmak oldukça zordur (Gauldie, 1991; Carvalho ve Hauser, 1994). Literatürlerde bir dizin halinde stok tanımlaması mevcuttur (Gulland, 1969; Larkin, 1972; Jamieson, 1973; Booke, 1981; Ihssen ve ark., 1981; Smith ve ark., 1990). "Stok" teriminin kullanımı ve tanımıyla

ilgili birçok makale olduğu halde herkes tarafından kabul edilen evrensel bir tanım yoktur. Çünkü terimin tanımlanması, kim tarafından ve ne amaçla yapıldığına göre değişmektedir (Carvalho ve Hauser, 1994; Turan, 1997).

Aslında "stok" teriminin tanımlanması 3 kategoriye indirgenebilir: Bunlardan ilki pratiksel amaca yönelik "balıkçılık stoğu" dur ve belirli bir jeografik alanda veya belirli bir avcılık metoduyla avcılığı yapılan balık grubu olarak tanımlanmaktadır. Örnek olarak, avcılık yapan teknelerin belirli bir limandan uzaklıkları 30 mil ise, 30 mil yarıçapı içerisindeki bütün balıklar stoğu temsil etmektedir ve bu stoğa limandaki bütün tekneler giriş yapabilmektedir. Bu tanımla, bölgede bulunan balıklar arasında genetik ve biyolojik farklılığın olup olmadığı hakkındaki araştırmalar çok az veya hiç dikkate alınmamakta, yani türün biyolojik ve genetik yapılanmasına değer verilmemektedir.

Gauldie (1988), başka bir yaklaşımla, bölgesel olarak ulaşılabilen balık kaynaklarını "hasat stok" olarak tanımlamıştır. Bu tanıma göre, bölgesel olarak ulaşılabilen balık kaynaklarından birine yapılan balıkçılık baskıları, diğer kaynağın devamına, yani sayısal miktarına veya ürününe etki etmemektedir. Stoklarda meydana gelen sayısal değişikliği göz önünde bulunduran bu tanımlama, ağırlıklı olarak sürdürülebilir ürüne bağlı kalmaktadır ve bölgesel avcılığın farklılığından kaynaklanan, farklı yeni nesile katılım ve mortalite oranına sahip olan bir grubu ifade etmekte ve aynı zamanda bir stoğa avcılıktan kaynaklanan baskının ne kadarının komşu stokları etkilediğini göstermektedir. Bu tanımla, bir stoktan diğer stoğa göç eden balık miktarı, avcılıkla stoktan alınan balık miktarından az ise, balıkçılık idaresi açısından bu stoklar birbirinden farklıdır (Gauldie, 1988). Görüldüğü gibi bu tanımlamada da yine stokların biyolojik ve genetik farklılaşması ihmal edilmektedir (Carvalho ve Hauser, 1994; Turan, 2000a).

Bölgesel stokların genetik farklılıkları, çeşitli bölgesel ve zamansal, ayırma mekanizmaları yoluyla meydana gelen sınırlı gen akışını ifade eder. Bu nedenle, değişik "biyolojik stok" tanımlamaları bu görüşü kabul ettirmek için sunulmuştur. Ihssen ve ark., (1981), çok yönlü bir stok tanımlaması yapmışlardır ki bu tanımlamada stok, zamansal ve bölgesel bütünlük sağlayan ve tesadüfi olarak çiftleşen bireylerin oluşturduğu bir türün alt grubudur. Bu tanım, diğer tanımlarda belirtilen birçok şeyi içermektedir ve diğerlerine göre yeni veya farklı olan şey, stokların zamansal ve bölgesel bütünlüğünün derecesidir. Bununla ilgili olarak, hasat stokta bu bütünlüğün

derecesi düşük, balıkçılık stokta ise sıfırdır. Fakat bu tanımlamada da bir problem vardır, bu tanımla stoklar arasında önemli derecede gen akışına izin verilmektedir ve bu gen akışının doğuracağı önemli sonuçlar göz ardı edilmektedir. Hâlbuki stoklar arasında meydana gelen gen akışı (göç), stokların yumurtlama bölgesi ve yumurtlama zamanı gibi biyolojik özellikleri bakımından farklı olsa bile stoklar arasında genetik farklılaşmanın gelişmesine engel olabilmektedir (Gyllensten, 1985; Wardve ark., 1994; Turan ve ark., 1997). Örnek olarak, anadrom salmon populasyonları arasında gen değişim (göç) oranı, sıfırdan biraz farklı olduğu halde, populasyonlar arasında genetik farklılaşmaya engel olabilmektedir (Hindar ve ark., 1991).

Üçüncü kategorideki stok ise, yüksek derecede bütünlük gösteren "genetik stok"tur ve üretime yönelik olarak kısmen farklılık gösteren ve genetiksel olarak diğer stoklarda farklı olan ünite olarak tanımlanmaktadır (Jameeson, 1973; Ovendon, 1990; Thorpe, 1983). Literatürlere biyologlar tarafından sunulan daha birçok stok tanımı mevcuttur. Bunlar birbirlerinden hasat stoktan genetik stoğa kadar, stok bütünlük dereceleri ile ayrılmaktadır (Carvalho ve Hauser, 1994; Turan, 2000a).

1.2.1. Stoklarda Yapı Değişikliğine Neden Olan Mikroevrimsel Kuvvetler

Bir populasyonun dengede kalabilmesi; o populasyonun yeterinde büyük olması, mutasyon, seleksiyon ve göç olaylarının meydana gelmemesi, eşit sayıda erkek ve dişi bireylerin bulunması, populasyonda çiftleşmelerin rastgele olması ve bir jenerasyonda doğan bireyler ile çiftleşmemesi koşullarına bağlıdır. Bu koşulların birinin veya birkaçının olmaması halinde populasyonların dengesi bozulur ve dolayısıyla genetik yapı zamana bağlı olarak değişir. Genetik yapının değişiminin büyüklüğüne ve şekillerine bağlı olarak yeni türler ortaya çıkabilir (Turan, 2002).

1.2.1.1. Mutasyon

A ve a allellere ait nispi frekansların p ve q olduğunu düşünelim. Bu oranların mutasyonla değişmemesi için A'dan a'ya olan mutasyonları a'dan A'ya olan mutasyonlara eşit olması gerekir. Fakat ileri doğru olan mutasyonların hızı genellikle geriye doğru olan mutasyonların hızından daha fazladır. İleri doğru olan mutasyona u , geriye doğru olan mutasyona v denilirse $u > v$ olur. Buna göre her jenerasyonda A allelinin frekansı (a'dan A'ya değişme ile) vq kadar artacak, fakat (A'dan a'ya değişme ile) up kadar azalacaktır. Böylece populasyonda genetik denge bozulacaktır. Buna

rağmen mutasyon hızları jenerasyonlardan jenerasyona sabit kalırsa populasyon tekrar dengeye girebilir (Turan, 2002).

1.2.1.2. Göç (Gen Akışı)

Populasyonların dengede kalmasını sağlayan diğer bir koşulda, bu populasyonun diğer populasyonlardan etkilenmemesidir. Populasyonlar arasında meydana gelen göç, yani gen alışverişi populasyonlar arasında meydana gelebilecek değişikliklerin ortadan kalkmasını sağlar. Bir populasyona göç ile katılan yeni bireyler, bu populasyonun gen havuzuna yeni allellerin katılmasını sağlar ve sonuçta populasyonun gen frekanslarının değişmesine neden olur. Böylece göç, Hardy-Weinberg eşitliğinin değişmesine neden olur, bu olaya da gen akışı denir (Turan, 2002).

1.2.1.3. Genetik Sürüklenme (Genetik Drift)

Populasyonların dengede kalma koşullarından biride populasyonun yeterince büyük olmasıdır. Küçük populasyonların herhangi bir dış çevre faktöründen dolayı sayıca azalma göstermeleri, bu populasyonların genetiksel değişikliklere uğramalarına ve gen frekanslarında bazen geri dönüşümsüz değişikliklere gitmelerine sebep olabilmektedir. İşte bir populyasyondaki herhangi bir veya birkaç özelliğin tamamen şansa bağlı olarak değişmesi olayına genetik sürüklenme denir. Populasyonların sayısal olarak büyüklüğü arttıkça genetik sürüklenmeden etkilenme o oranda az olmaktadır. Fakat küçük populasyonların genetik sürüklenmeden etkilenmeleri, o populasyonların yok olmasıyla sonuçlanabilmektedir. Bu yüzden populasyonların aşırı avcılıktan korunması o populasyonların devamlılığının sağlanması açısından çok önemlidir (Turan, 2002).

1.2.1.4. Seleksiyon

Seleksiyon, populasyon içerisinde bazı genotiplere diğerlerinden daha fazla çoğalma olanağı vermektedir. Bu habitat tarafından yapılırsa doğal seleksiyon, insan tarafından yapılırsa suni seleksiyondan söz edilir. Doğal seleksiyon ortama adaptasyon gösteremeyen canlıların ortamdaki kaybolması şeklinde olur. Adaptasyon, ancak gen frekanslarında meydana gelen değişimlerin, bu canlıların bulunduğu ortama daha iyi uyum sağlamasına neden olan organların ya da diğer özelliklerin oluşmasına katkıda bulunmasıyla gerçekleşir. Seleksiyonda bazı genotipler diğerlerinden daha fazla oranda

döl vereceğine göre, bu genotipte bulunan genlerin nispi frekansları jenerasyondan jenerasyona artar. Suni seleksiyonda, insan elinden geldiği kadar sadece kendine yarayan genotiplerden döl almaya, diğerlerine çoğalma olanağı vermemeye çalışır (Turan, 2002).

1.3. Stok ve Tür Tespitinde Morfolojik Karakterlerin Önemi

Balıklarda bulunan morfolojik karakterler çeşitli taksonomik gruplar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Stok farklılığını belirlemek üzere yapılmış birçok morfolojik çalışmaya rastlanılmaktadır (Corti ve ark., 1988; Villaluz ve Maccrimmon, 1988; Shepherd, 1991; Avşar, 1994; Haddon ve Willis, 1995; Bembo ve ark., 1996; Turan, 1997). Balıklarda görülen fenotipik esneklik, onların davranış ve fizyolojilerinde meydana gelen modifikasyonlar sayesinde çevresel değişimlere adapte olmalarını sağlamaktadır. Bu modifikasyonlar, çevresel varyasyonun etkilerini azaltarak, balıkların, morfoloji, üreme ve yaşam sürelerinde değişimlere yol açmaktadır (Stearns, 1983; Meyer, 1987). Bu da göstermektedir ki, tür içinde meydana gelen fenotipik varyasyon, sadece genetik kontrol altında olmayıp, aynı zamanda çevresel faktörlerin de etkisi altındadır (Clayton, 1981).

Morfolojik karakterlerle ilgili yapılan ilk çalışmalarda, varyasyonlar tamamen genetik temele dayandırılmakta idi (Heincke, 1898; Swain ve Foote, 1999). Ancak, günümüzde bu tür varyasyonların, hem çevresel hem de genetik etkenlerden kaynaklandığı bilinmektedir (Swain ve Foote, 1999; Ali ve Lindsey, 1974; Robinson ve Wilson, 1996; Foote ve ark., 1999). Ayrıca, genetik olarak homojen balık populasyonlarında görülen yüksek seviyeli morfolojik varyasyon da (Ryman ve ark., 1984; Kinsey ve ark., 1994), fenotipik çeşitlilikte çevresel faktörlerin etkisini doğrulamaktadır (Tudela, 1999).

Komşu olan iki populasyon arasında bir gen akışının olması, bu populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmayı engellemektedir. Bununla birlikte, populasyonlar arasında önemli oranda bir morfolojik farklılaşma gözlenebilmektedir, örneğin genetik veriler, birçok nesil boyunca gerçekleşen ve populasyon ile bireyler arasında var olan evrimsel değişimi incelemektedir. Ancak, her nesilde çok az oranda da olsa gerçekleşen bölgeler arası göç, populasyonlar arasında anlamlı bir genetik farklılaşmayı önlemektedir. Morfoloji ise, sadece genetik farklılaşmanın değil, aynı zamanda bireyin

yaşamı süresince karşılaştığı çevresel koşulların bir kanıtıdır. Bu nedenle de, morfoloji, populasyonlar arasındaki kısa dönemli değişimler hakkında bilgi verebilmektedir. Bir populasyonun çevresel baskılara maruz kalması durumunda, morfolojik farklılaşma, allozimik farklılaşmadan daha hızlı gerçekleşebilmektedir (Jerry ve Cairns, 1998). Ayrıca, bölgeler arasında gerçekleşen göçler, populasyonlar arasındaki genetik homojenliği sağlayacak ölçüde olabileceği halde, fenotipik farklılaşmayı önleyecek düzeyde olmayabilir (Haddon ve Willis, 1995).

Deniz balıklarının geniş populasyonlarında genetik farklılaşma, balıkların göç kabiliyetleri ve coğrafik bariyerlerin azlığından dolayı çok yavaş bir biçimde meydana gelebilmektedir (Ward ve ark., 1994). Çevresel olarak uyarılmış fenotipik varyasyon, özellikle populasyonlar arasında anlamlı bir genetik farklılaşmanın belirlenmesi için yeterli zamanın bulunmaması durumunda bazı avantajlara sahip olabilmektedir. Bazı durumlarda ise genetik teknikler, genetik farklılıkları belirlemek için yetersiz olabilmektedir. Bunun sonucunda da populasyonlar arasındaki farklılıklar, herhangi bir genetik farklılaşmadan daha çok, çevresel etkilere dayandırılabilir (Davidson ve ark., 1985; Hedgecock ve ark., 1989; Shepherd, 1991; Kinsey ve ark., 1994; Swain ve Foote, 1999;). Böylece, fenotipik tekniklerden faydalanılarak, çevresel faktörlerin etkisi ile morfolojik farklılaşma gösteren stoklar belirlenebilmektedir. Kendini yenileyebilen bu tür stoklar, genetik bir farklılaşma göstermeksizin, avcılığa da bağımsız bir şekilde cevap vermektedirler (Carvalho ve Hauser, 1994; Turan, 1999).

1.3.1. Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Fenotipik Teknikler

Fenotipik tekniklerin kullanımı, bir türe ait populasyonun tespitinde fenotipik varyasyonun direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlıdır (Kumpf, 1987). Populasyonlar arasında gözlenen fenotipik varyasyon kalıtsal veya genetiksel olmayabilir, buna rağmen, farklı çevre şartlarının etkisinden meydana gelen ve genetiğe bağlı olmayan fenotipik farklılıklar olabilmektedir. Ayrıca, fenotipik teknikler genellikle ölçülebilen ve sayılan karakterleri içerir. Buna karşılık bir stoku genetiksel olarak karakterize ederken her bir gen için allelleri, allellerin kombinasyonunu ve frekanslarını kullanırız (Rayman ve Utter, 1987). Bundan dolayı, genetik tekniklerin stok tespiti ve yapı analizinde kullanımı önemli ölçüde yaygınlaşmış ve artmıştır. Hâlbuki fenotipik teknikler stok yapı analizinde genetik tekniklerle birlikte kullanıldığında, elde edilen

veriler balıkçılık idaresinde stokların korunması ve sürekliliğinin sağlanmasında önemli rol oynar (Ovenden, 1990).

1.3.1.1. Morfometrik Analiz

Geçmiş yıllarda yapılan morfometrik çalışmalar, Hubbs ve Lagler (1947), tarafından belirlenen geleneksel ölçümlere dayandırılmaktadır. Ancak bu ölçümler son zamanlarda eleştirilmektedir. Çünkü ölçümler sadece yükseklik ve genişlikten örnekleme ile vücudun eksenini boyunca toplanmakta ve ölçümlerin çoğu baş kısmında bulunmaktadır. Ayrıca, bireysel ölçümler, çoğu kez vücudu normalden daha fazla uzatmakta ve burun ile omurganın arka ucu gibi bazı morfolojik işaretler (noktalar), ölçümlerin çoğunda merkezi nokta olarak tekrar tekrar kullanılmaktadır. Fakat ölçümlerin bu durumu hatalı sonuçlara neden olabilmektedir. Alternatif olarak truss yöntemi denen yeni bir morfometrik ölçüm sistemi (Strauss ve Bookstein, 1982) tür ve özellikle stok tanımlamaları için gittikçe yaygınlaşarak kullanılmaktadır (Winans, 1984; Corti ve ark., 1988; Swaine ve ark., 1991; Roby ve ark., 1991; Baumgartner, 1995; Hauser ve ark., 1995; Bembo ve ark., 1996; Turan, 1999; Turan ve Başusta, 2001). Truss network sistemi, kararlı bir ağ sistemi içerisinde balığın tamamını içine almakta ve teorik olarak türü ya da türlerarası morfometrik farklılıkları bulma olasılığını arttırmaktadır. Bir balığın iki boyutlu çerçevesi üzerindeki morfometrik ölçümlerin bölgesel tek tarafa bağlı olmayan, lokal vücut farklılıkları hakkında geleneksel ölçüm serilerinden daha fazla bilgi vermektedir (Strauss ve Bookstein, 1982; Winans, 1984). Truss metodunun, yakın balık sınıfları arasındaki morfolojik varyasyonların tanımlanmasında geleneksel ölçümlerden çok daha güçlü olduğu kanıtlanmıştır (Strauss ve Bookstein, 1982; Winans, 1984; Corti, ve ark., 1988). Balıkların morfolojik özelliklerinden biri olan meristik karakterler de farklı türlerin tanımlanması ve stoklar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Bookstein, 1982; Bird ve ark., 1986; Turan, 2000b).

1.4. Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler

Genetik tekniklerin kullanımından önce, morfolojik farklılığın tamamıyla genetik farklılaşmadan kaynaklandığı farz edilmekte ve stokların tespiti, genellikle morfolojik özellikler kullanılarak yapılmaktaydı (Marr, 1957). Ancak, fenotipik

tekniklerin kullanımı, bir türe ait populasyon tespitinde fenotipik varyasyonun direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlanmıştır (Allendorf, ve ark., 1987). Çünkü genetik tekniklerin balıkçılıkta kullanımı ile daha önce fenotipik olarak farklı olan birçok populasyon veya türün genetik olarak farklı olmadığı ortaya çıkmıştır. Bu nedenle populasyon çalışmalarında moleküler genetik tekniklere başvurmak ihtiyacı doğmuştur. Bu ihtiyaca karşılık vermek için birçok genetik teknik geliştirilmiştir. Populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan, Protein elektroforezi, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) (Polymerase Chain Reaction), Sınırlama Parçalarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) (Restriction Fragment Length Polymorphism), DNA Parmak izi Metodu (Genetic Fingerprinting), Mikrosatelit, Polimorfik DNA'nın Rastgele Çoğaltılması (RAPD) (Random Amplification of Polymorphic DNA) ve DNA Dizileme Metodu (DNA sequencing) gibi teknikler, günümüzde yaygın olarak tercih edilen tekniklerdir. Fenotipik teknikler, stok yapı analizinde genetik tekniklerle birlikte kullanıldığında, elde edilen veriler balıkçılık idaresinde stokların korunması ve sürekliliğin sağlanmasında önemli rol oynar (Turan ve ark., 1997).

1.4.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), in vitro koşullarında DNA dizilerinin çoğaltılması esasına dayanmaktadır. PCR; basit, spesifik ve hassas bir tekniktir (Saiki ve ark., 1985; Mullis, 1990). PCR tekniği, temelde üç aşamadan oluşmaktadır. İlk aşamada (denaturation), kalıp DNA (template DNA), 92-95°C'de 1-2 dakika tutularak çift sarmal yapıdaki DNA iplikçikleri birbirlerinden ayrılmaktadır. DNA zincirini ayırmak için, bazı durumlarda 5-10 dakika ön ısıtma yapmak gerekebilir (Watson ve ark., 1992; Hadidi ve ark., 1995). İkinci aşamada (annealing), reaksiyon sıcaklığının, 37-65°C'ye düşürülerek oligonükleotid primerlerinin açılan DNA zincirlerinin kendi baz dizilerine karşılık gelen bölgeye yapışır. Bu işlem, üretilecek baz uzunluğuna bağlı olarak 30-60 saniyede gerçekleşmektedir (Innis ve Gelfand 1990). Üçüncü aşama (primer extention) ise, DNA zincirleri üzerine yapışan primerlerin DNA polimeraz enzimi (*Taq* DNA polymerase) vasıtasıyla uzatılır. *Taq* DNA polymerase 72°C sıcaklıkta daha iyi çalıştığı için genel olarak tüm çoğaltma işlemleri bu sıcaklıkta yapılmaktadır (Erlich ve ark. 1991). PCR sonucunda elde edilen ürün, çoğaltılması

hedeflenen DNA parçası ile iki primerin toplam uzunluğu kadardır. Üç basamaktan (denaturation, annealing, primer extension) oluşan işlem, bir PCR devrini temsil eder. Bu işlem, genel olarak 25 ile 40 defa tekrar edilerek başlangıçtaki DNA dizisinden milyonlarca yeni DNA parçasığı çoğaltılır (Hadidi ve ark., 1995).

1.4.2. DNA Dizin Analizi (DNA Sequencing)

Populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların tespit edilmesinde kullanılan etkin yöntemlerin başında DNA dizi analizi yöntemi gelmektedir. Zincirleme metodu, DNA düzeyinde değişim tespit etmede kullanılan en hassas tekniktir. DNA üzerinde ilgi duyulan bir bölgenin veya genin zincirleme metodu ile nükleotid dizilerin ortaya çıkarılması, bu bölgede mevcut olan polimorfizimi, azami düzeyde tespit etme imkânı sağlamaktadır. DNA zincirinin test edilmesinde en yaygın metot, dideoxy-termination metodudur (Avisé ve ark., 1979). Bu metotta bir primer, çift sarmallı DNA'nın bir sarmalının sentezlenmesini başlatmak için kullanılmaktadır. Bu teknikte, bir primer kullanılmakta ve DNA sarmalının sadece biri sentezlenmektedir. DNA sentez reaksiyonlarında kullanılan normal nükleotidlere (dNTP) ek olarak, modifiye (dideoxy) nükleotidler (ddNTP) zincirleme reaksiyonuna eklenmektedir. Bu nükleotidlerin modifikasyonu, fosfat bantlarının formasyonuna engel olmaktadır, sentez, modifiye nükleotidlerin eklenmesiyle sonlanmaktadır (dideoxy-termination). Zincir reaksiyonu, birbiriyle aynı olan dört reaksiyondan oluşmakta ve her bir reaksiyon farklı tüpler içerisinde gerçekleşmektedir. Her bir tüp içerisinde, normal nükleotidler (dATP, dTTP, dGTP, dCTP) ve çok düşük oranda reaksiyonu tamamlayıcı olarak modifiye nükleotidler (ddATP, ddTTP, ddGTP, ddCTP) bulunmaktadır.

Bu yöntem laboratuvar ortamında (in-vitro) gerçekleştirilen DNA replikasyonu işleminin kontrollü bir şekilde yarıda kesilmesi temeline dayanmaktadır. İkili sarmal DNA tek eksenli hale getirilmekte ve hedef DNA bölgesinin bir bölümü ile komplementer olan kısa bir DNA parçasığı, bu bölge ile hibrit oluşturmaktadır. Bu primer/hedef DNA (template) karışımı DNA polimeraz enzimi tarafından katalize edilen ve primere yeni nükleotidlerin ilave edilmesi temelinde 4 ayrı reaksiyon alt grubunda incelenmektedir. Her bir reaksiyonda 4 tip deoksiniükleotidlere (dATP, dTTP, dGTP, dCTP) ilave olarak deoksiniükleotidlerde var olan 3'OH grubunu taşımayan dideoksiniükleotidler (ddATP, ddTTP, ddGTP, ddCTP) de bulunmaktadır. Yeni

sentezlenen DNA molekülü, ya primerin uç kısmı etiketlenerek ya da sentez sırasında etiketli deoksinükleotid ilave ederek radyoaktif etiketli hale getirilmektedir. Yeni DNA sarmalının sentezinin yapılması nükleotidlerin serbest 3' OH grubuna eklenmesi ile devam etmekte ve uzayan eksene ddNTP eklendiği zaman eksen uzaması sonlanmaktadır. Polimeraz reaksiyonu, ddNTP'lerin nadir ve rastgele ilave edildiği durumlarda yürütülmekte ve ayrıca farklı bazlarda sonlandırılan farklı uzunluklarda DNA molekülleri seti elde edilmektedir. Elektroforez sonucu, parçalar büyüklüklerine göre jel içerisinde yerlerini almaktadır. Jel üzerinde her bir bant sağ tarafta verilen ilgili parçayı ifade eder ve jel üzerinde okuma yapılarak, reaksiyona sokulan DNA sarmalının tamamının nükleotid zinciri tespit edilmiş olur.

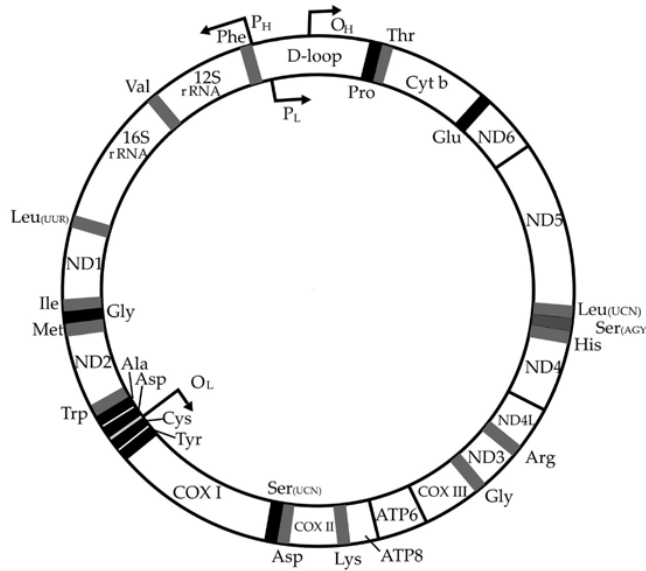
1.5. Nükleer DNA (nDNA)

Nükleer genom, kemikli balıklarda doğrusal (lineer) şekilde olup yaklaşık 3-4 milyon bp uzunluğundadır. Nükleer DNA, tekrarlı ve tekrarsız bölümlerden oluşmaktadır. Ökaryotik genomlarda tekrarlı DNA zincirinin varlığı 1960'lı yıllarda tespit edilmiş ve DNA Fingerprinting olarak tanıtılmıştır (Park ve ark., 1983). nDNA üzerinde bulunan bu dizilerin varlığı balık populasyonlarının genetik yapılarının incelenmesinde oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu dizilerin buldukları lokusların genelde kodlama yapmaması ve dolayısıyla bu lokuslarda görülen varyasyonun doğal seçimden etkilenmemesi bunun en büyük sebeplerinden birisidir. Tüm bu özelliklerinden dolayı nükleer DNA tabanlı yürütülen moleküler çalışmalar, populasyon genetiği çalışmalarında oldukça önemlidir.

1.6. Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Evrim çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA'dır (Wilson, ve ark.,1985). Ökaryotların çoğunda mtDNA çift iplikli, kapalı halkasal yapıda bulunur. Mitokondri DNA'sının %90'ından fazlası kodlama yapan bölgedir yani intron içermez. Büyüklükleri organizmalar arasında farklılık göstermekle beraber hayvan mtDNA'sı 15-29 kb uzunluğunda olup, 22 tRNA, 2 rRNA ve oksidatif fosforilasyonda görev yapan ve 13 mRNA'yı kodlayan protein olmak üzere toplam 37 genden oluşan bir moleküldür (Wallace, 1986). Protein genleri; sitokrom b, 7 NADH dehidrogenaz alt birimi, 3 sitokrom c oksidaz alt birimi ve 2 ATPaz alt biriminden

ibarettir. Mitokondriyal DNA haploiddir yani maternal kalıtılır ve doğal seçilime uğrar. Hayvan mtDNA'sı yüksek derecede korunmuş gen içeriği ve düzenine sahiptir (Boore, 1999), rekombinasyon göstermez ve intron içermez (Moore, 1995, Sunnuck, 2000). Mitokondriyal DNA'nın etkili bir tamir mekanizmasından yoksun olması (Bogenhagen, 1999), histon gibi koruyucu proteinlerin görülmemesi, iç mitokondriyal membranda meydana gelen oksidatif fosforilasyon ile açığa çıkan ve oldukça yüksek mutajenik etkiye sahip oksijen radikalleriyle fiziksel ilişki içerisinde bulunması (Richter, 1988), ayrıca mevcut mutant mitokondrinin etkisi ile mtDNA mutasyon hızının artması (Lightowers ve ark., 1997) gibi faktörler, mtDNA' da meydana gelen polimorfizmin nükleer DNA'dan daha yüksek oranda görülmesinin muhtemel sebeplerini oluşturmaktadır. mtDNA'nın evrim hızı nükleer DNA'ya göre 10-20 kat daha fazladır. Bunun nedeni, oksijen radikallerine daha fazla maruz kalması ve koruyucu mekanizmalarının olmamasıdır. Bu yüzden mtDNA mutasyonlara daha açıktır. Nükleer DNA'ya göre daha fazla mutasyona uğrayan mtDNA mutasyonlarının hızı 1 milyon yıllık süreçte ortalama % 2-4 oranındadır. Eğer iki organizma arasında % 1 oranda mtDNA farklılığı varsa bu 250.000-500.000 yıl önce bu iki organizmanın farklılaşmaya başladığını gösterir. Ek olarak nükleer genin her jenerasyonda farklı rekombinasyon göstermesi evrim çalışmalarında zorluk yaratırken, mtDNA'nın homoplazmik oluşu kullanılabilirliğini arttırmaktadır.



Şekil 1.1. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi (Meyer, 1993).

1.6.1. 16S rRNA

16S rRNA prokaryotlarda ribozomun küçük alt birimini oluşturur. PCR ile kısa sürede tüm gen kolaylıkla çoğaltılırken, genin uzunluğu da sekans analizindeki varyasyonlarda kayda değer bir analiz sağlar. Gendeki korunan bölgeler amplifikasyon için universal primer dizaynında kullanılabilirdiği gibi değişken bölgeleri de çeşitli türler veya populasyonlar arasındaki benzerlik ya da farklılıkları ayırt etmede kullanılabilir (Mylvaganam ve Dennis, 1992; Amann ve ark., 2000). mtDNA' nın 16S rRNA bölgesi, populasyon genetiğinde yüksek taksonomik gruplara kadar değişen ilişkileri analiz etmek için kullanılmaktadır (Birmingham ve ark., 1997; Lydeard ve Roe, 1997). 16S rRNA geninin balık türleri ve populasyonlarını ayırt etmek için iyi bir markır olduğu da kabul edilmektedir (Ritchie ve ark., 1997; Tringali ve ark., 1999; Bernardi ve ark., 2000; Hanel ve Sturmbauer, 2000; Farias ve ark., 2000; Streelman ve ark., 2002).

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Wheeler (1969), İngiltere'nin kıyısal kesimlerinde yayılış gösteren kırlangıç balığını kullanarak yaptığı araştırmasında, bu türün morfolojisi ve biyolojisi hakkında bazı bilgiler vermiştir. Bu familyanın tüm türlerinde başın üzerinde sert ve keskin dikenlerin bulunduğu ve söz konusu dikenleri preylerini avlamada silah olarak kullandıkları; İngiltere sularında maksimum boylarının 61 cm ve maksimum ağırlıklarının 2-2.5 kg arasında değiştiğini belirtmiştir. Ayrıca bu türün yaz aylarında yumurtladığını; yumurtaların küçük ve pelajik olduğunu; genç kırlangıç yavrularının fingerling safhasına kadar geçen kısa bir zaman dilimi için pelajik ve daha sonraları taban suyuna inerek demersal kesimde dağılış gösterdiklerini bildirmiştir.

Frogia (1976), Orta Adriyatik'te genç *Trigla lucerna* bireylerinin beslenme özelliklerini araştırmış; yaptığı mide incelemeleri sonucunda, mideden çıkan besin içeriğine dayanarak omnivor bir tür olduğunu ortaya koymuştur.

Papaconstantinou (1984), Yunanistan'ın Thermaikos Körfezi'nde yaptığı çalışmasında *T. lucerna*'nın yaş, büyüme ve üreme gibi çeşitli biyolojik özelliklerini belirlemeyi amaçlamıştır. Büyüme oranının erkek ve dişilerde farklı olduğu ve vücut uzunluğu-otolit boyu (R) ilişkisinin erkeklerde, $L = 2.65 + 5.58 * R$ dişilerde ise, $L = -43.9 + 7.04 * R$ olarak hesaplanmıştır (L= vücut uzunluğu, R= otolit boyu). Üreme mevsiminin ekim ve haziran arasında gerçekleştiği; bu eylemin ocak ayında en yüksek yoğunlukta olmak üzere mayıs ayına kadar sürdüğü saptanmıştır. Dişilerde ilk eşeyssel olgunluk yaşının IV ve erkeklerde ise bu yaşın III olduğu belirtilmiştir.

Atay (1985), kırlangıç balıklarının Akdeniz, Ege ve Marmara Denizi'nde bolca, kısmen de Karadeniz'de bulduklarını; boylarının ise 65 cm'ye kadar ulaştığını bildirmiştir. Ayrıca bu familya üyelerinin eşeyssel olgunluğa II-IV yaşlarında vardıkları; *T. lucerna* türünün maksimum 60 cm'ye ulaşabileceğini ve genellikle 30 cm civarında olduğunu rapor etmiştir.

Whitehead ve ark. (1986), kırlangıç balıkları üzerinde genel bir araştırma yapmıştır. Bu araştırmada bireylerin başının vücuda oranla geniş ve ventral yüzünün düz olduğunu; vücut üzerinde pek çok çizgi ve diken ile kemik plakaları içerdiğini; bazı türlerde burnun ileriye doğru uzamış olduğunu; ağzın terminal ve dişlerin villiform şeklinde olduğunu; iki adet dorsal yüzgeçleri olduğunu, birinci dorsal yüzgecin 8-11 adet sert ışın ve ikinci dorsal yüzgecin ise 13-19 adet yumuşak ışın içerdiğini

belirtmiştir. Kırlangıç balıklarının maksimum 500m derinliklerde yaşadıkları, kumlu ve çamurlu zeminlerde buldukları, pektoral yüzgeçleri yardımıyla besin aradıkları, besinlerini kabuklu ve yumuşakçaların oluşturduğunu ve juvenillerin kısa bir pelajik safhadan sonra sığ kıyısal suların dip kısımlarına göç ettiklerini ortaya koymuştur.

Altun ve ark. (1996), Yumurtalık (Adana) Koyu'nda Eylül 1992-Eylül 1993 tarihleri arasında gerçekleştirdikleri çalışmada, *Trigla lucerna*'nın bazı büyüme özelliklerini belirlemişlerdir. Bu çalışmada 348 birey yakalanmış, bireylerin I-V yaşları arasında dağılım gösterdiklerini bildirmişlerdir. Aynı çalışmada kırlangıç balığının kondisyon değerinin 0.863, eşeyssel olgunluk yaşının ise I olduğu bulunmuştur.

Serena ve ark., (1998) Tiran Denizi'ndeki *Trigla lucerna* türünün bazı biyoekolojik özelliklerini araştırmışlardır. İncelenen bireylerin boy-ağırlık ilişkisi $W = 0.0139 * L^{2.8592}$ bulunmuştur. Von Bertalanffy büyüme parametreleri ise $K = 0.39$, $L_{\infty} = 65.9$, $t_0 = 0$ olarak hesaplanmıştır.

Serena ve ark. (1998), İtalya'nın Tuscany kıyılarında *T. lucerna*'nın bazı biyolojik özelliklerini belirlemek amacıyla bir çalışma yapmışlardır. Bu çalışmada, kırlangıç balığının 150 metreden daha sığ kesimlerde bulunan bir demersal tür olduğunu belirtmişlerdir. Bu bireylerden çeşitli metrik ölçümler almışlar; boy-ağırlık ilişkisini ve von Bertalanffy boyca büyüme sabitlerini hesaplamışlardır. Bu hesaplamada, boy-ağırlık ilişkisinin $W=0.0139*L^{2.8592}$ ve von Bertalanffy boyca büyüme parametrelerinin ise sırası ile $L_{\infty}=65.9$ cm, $K=0.39$ yıl⁻¹ ve $t_0=0$ yıl olarak tahmin etmişlerdir.

Gilles ve ark. (2000), çalışmalarında Fransa, Tunus ve Cezayir'den temin edilen toplam 29 *Epinephelus marginatus* örneğinin sekans analizini yapmışlardır. Sekans analizi için sitokrom b (cyt b) geni kullanılmıştır. Analiz sonuçlarına göre; Fransa, Tunus ve Cezayir popülasyonları arasında önemli derecede genetik farklılık bulunmuştur.

İşmen ve ark. (2002), İskenderun Körfezi'nde gerçekleştirdikleri çalışmada *Chelidonichthys lucerna* türünün yaş kompozisyonu, büyüme parametreleri, yumurtlama zamanı, eşey oranı, ilk eşeyssel olgunluğa erişme boyu ve fekonditesini araştırmışlardır. Bu araştırmada, örneklerin %58.2'sini dişilerin; %41.8'ini erkeklerin oluşturduğunu ve dişilerin toplam boyunun 8.0 ile 30.3 cm arasında; erkeklerin ise 8.3 ile 21.2 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Boy-ağırlık ilişkisini dişi ve erkeklerde

ayrı ayrı hesaplamışlar ve erkeklerde $W=0.0089*L^{3.01}$; dişilerde ise $W=0.0095*L^{2.99}$ eşitlikleriyle gösterilen ilişkileri bulmuşlardır. Otolitlerden elde ettikleri yaş verilerini von Bertalanffy boyca büyüme sabitlerini tahmin etmede kullanarak bu sabitlerin $L_{\infty}=45.0\text{cm}$, $K=0.221\text{yıl}^{-1}$ ve $t_0=-0.581\text{yıl}$ olduğunu bulmuşlardır. Maksimum yaşın dişiler için IV; erkekler için III olduğunu tespit etmişler; ilk eşeyssel olgunluğa erkeklerin 18 cm; dişilerin ise 20 cm toplam boyda ulaştıklarını bildirmişlerdir.

İşmen ve ark. (2004), İskenderun Körfezi'nden (Doğu Akdeniz) örneklenen Kırlangıç balıklarının (*Chelidonichthys lucerna*) yaş kompozisyonu, büyüme parametreleri, yumurtlama zamanı, cinsiyet oranları, ilk cinsi olgunluğa erişme boyları ve fekonditesi araştırmışlardır. Erkek ve dişilerin boy (L) ve ağırlık (W) ilişkisi sırasıyla $W = 0.0089*L^{3.01}$ ve $W = 0.0095*L^{2.99}$ olarak saptanmıştır. Otolitlerden elde edilen yaş verileri ile von Bertalanffy büyüme parametreleri $L_{\infty} = 45,0$ cm, $K = 0,221$, $t_0 = -0,581$ olarak bulunmuştur. Erkeklerin 18 cm, dişilerin ise 20 cm total boyda ilk cinsi olgunluğa ulaştıkları saptanmıştır. Aylık gonadosomatik indeks değerleri, yumurtlama zamanının yoğun olarak Aralık ve Mayıs ayları arasında olduğu belirtilmiştir. Fekondite (F) - boy ilişkisi, $\log F = -2,512 + 5,58\log L$ ($r = 0.94$) olarak saptanmıştır.

Aboim ve ark. (2005), Kuzey Atlantik'te 5 farklı bölgeden (Azor Adaları, Madeira, Portekiz, Yeşil Burun Adaları ve Kuzeybatı Atlantik) toplanan *Helicolenus dactylopterus* populasyonlarının genetik yapı analizini mtDNA sekans analizi metoduyla gerçekleştirmişlerdir. Çalışmada cyt b geni kullanılmıştır. Genetik analizler sonucunda populasyonlar arasında önemli derecede bir genetik farklılık bulunmamıştır.

Bastacı (2005), İskenderun Körfezi ve Karataş kıyılarından örneklenen kırlangıç balığının *Chelidonichthys lucerna* türünün yumurtlama zamanı, eşey oranları, ilk eşeyssel olgunluk boyu, fekondite, yaş kompozisyonu, büyüme parametreleri ve ölüm oranlarını incelemiştir. Erkeklerin ilk eşeyssel olgunluğa 16.8cm; dişilerin ise 16.5cm'lik toplam boyda iken ulaştıkları; aylık ortalama Gonadosomatik İndeks değerlerinden, yumurtlamanın yoğun olarak Ocak-Mart ayları arasında gerçekleştiği saptanmıştır. Dişi ve erkek bireylerin von Bertalanffy boyca ve ağırlıkça büyüme parametrelerinin sırasıyla $L_{\infty}= 64.11\text{cm}$, $K= 0.062 \text{ yıl}^{-1}$, $t_0= -2.29 \text{ yıl}$ ve $W_{\infty}= 2755\text{g}$ olduğu; her iki eşey için de III yaş grubunun baskın olduğu bulunmuştur. Erkek ve dişilerle bunların toplamının Boy -Ağırlık ilişkisinin sırasıyla $W= 0.0054*L^{3.1751}$, $W= 0.007*L^{3.0774}$ ve $W= 0.007*L^{3.1335}$ şeklinde olduğu saptanmıştır. Ayrıca ölüm oranlarından doğal

nedenlerle olanı $M=0.2988 \text{ yıl}^{-1}$; balıkçılık nedeniyle olanı $F=0.1406 \text{ yıl}^{-1}$ ve toplam ölüm oranı ise $Z=0.4394 \text{ yıl}^{-1}$ olarak saptanmış; böylece stoktan yararlanma düzeyinin $E=0.32 \text{ yıl}^{-1}$ 'lik bir değere eşit olduğu ve dolayısıyla ilgili stoktan yetersiz düzeyde yararlandığı bulunmuştur.

Eryılmaz ve Meriç (2005), Marmara Denizi'ndeki *Chelidonichthys lucernus* 'un yaş, büyüme, boy-ağırlık ilişkisi, kondisyon faktörü, eşey oranları, ilk eşeyssel olgunluk yaşı ile boyu ve üreme süresini incelenmişlerdir. Örneklerin yaş kompozisyonununun 1-6 arasında dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Boy-ağırlık ilişkisi $W=0.0092 * L^{3.019}$ olarak saptanmıştır. Von Bertalanffy büyüme parametreleri $L_{\infty}=61.3 \text{ cm}$, $K= 0.17 \text{ yıl}^{-1}$, $t_0=-0.04$ bulunmuştur.

Su ve ark. (2005), çalışmalarında bir istiridye türü olan *Crassostrea rivularis* populasyonlarının DNA sekans analizi yöntemini kullanarak genetik analizini yapmışlardır. Çalışmada Qinzhou Körfezi, Zhenhai Körfezi, Changsha Körfezi ve İnci Nehri Halici bölgelerinde toplamda 105 birey incelenmiştir. Sekans analizinde mtDNA 16S rRNA geni kullanılmıştır. Çalışmanın sonucunda Qinzhou Körfezi populasyonu ile diğer populasyonlar arasında önemli derecede genetik farklılık bulunmuştur.

Maggio ve ark. (2006), *Epinephelus marginatus* türünün Atlantik ve Akdeniz'deki 5 farklı bölgeden elde edilen populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi DNA sekans analizi ve RFLP metotlarıyla araştırmışlardır. Sekans analizinde mtDNA sitokrom b (cyt b) geni kullanılırken RFLP analizinde ND2 geni kullanılmıştır. RFLP tekniğine dayalı analiz sonucunda Atlantik ve Akdeniz populasyonları arasında önemli derecede farklılık bulunurken sekans analizi sonucunda önemli bir farklılık bulunmamıştır. Akdeniz'deki 5 bölgenin populasyonları arasında ise her iki teknikte de önemli farklılıklar bulunmuştur.

Inoue ve ark. (2007), Japonya'da 3 farklı örnekleme bölgesinden elde edilen ıstakoz türü olan *Panulirus japonicus* populasyonlarının, sekans analizi metoduyla genetik yapılarını incelemişlerdir. Sekans analizinde mtDNA COI geni kullanılmıştır. Çalışmanın sonucunda bu 3 populasyon arasında genetik farklılığa rastlanılmadığı gösterilmiştir.

İlhan ve Toğulga (2007), İzmir Körfezi'nde gerçekleştirdikleri çalışmalarında *Chelidonichthys lucernus* türünün yaş, büyüme ve üreme özelliklerini incelemişlerdir. Maksimum yaş dişi bireyler için V; erkek bireyler için III olarak belirlenmiştir. Dişi ve

erkek bireyler için boy-ağırlık ilişkisi sırasıyla, $W=0.0051*L^{3.245}$ ve $W=0.0053*L^{3.237}$ bulunmuştur. Dişi, erkek ve tüm bireyler için von Bertalanffy büyüme parametreleri, $L_t=49.09(1-e^{-0.186(t+1.484)})$; $L_t=31.44(1-e^{-0.886(t+0.886)})$ ve $L_t=52.12(1-e^{-0.163(t+1.609)})$ bulunmuştur. Tüm bireyler için büyüme performans indeksi 2.646 olarak saptanmıştır. Gonadosomatik indeks değerlerine göre yumurtlama periyodunun Aralık-Mart aylarında gerçekleştiği belirtilmiştir.

Boudaya ve ark., (2008), Gabes Körfezi'nde (Tunus) gerçekleştirdikleri çalışmalarında *Chelidonichthys lucerna* türünün büyüme üreme özelliklerini araştırmışlardır. İncelenen örneklerde dişi bireylerin yaşları 0.5-9 arasında; erkek bireylerin ise 1-7 arasında değiştiği bulunmuştur. Dişilerde von Bertalanffy büyüme parametreleri $L_\infty= 40.26$; $K= 0.06$ ve $t_0= -3.03$; erkeklerde ise $L_\infty= 46.16$; $K= 0.059$ ve $t_0= -1.32$ olarak hesaplanmıştır. Yumurtlama periyodu Ekim-Mayıs ayları arasında saptanmış olup Ocak ayında en yüksek seviyeye ulaştığı gözlenmiştir.

Çiçek ve ark., (2008), Mersin Körfezi'nde gerçekleştirdikleri çalışmalarında *Chelidonichthys lucernus* türünün yaş, büyüme ve üreme özellikleri ve mortalite oranlarını incelemişlerdir. Bireylerin yaş kompozisyonunun 0-V arasında değişkenlik gösterdiği belirlenmiştir. Boy- ağırlık ilişkisi dişi bireyler için, $0.0114*L^{2.9173}$; erkek bireyler için, $W = 0.0094*L^{2.9883}$ ve tüm bireyler için $W = 0.0129*L^{2.8735}$ bulunmuştur. VonBertalanffy büyüme parametreleri dişi bireyler için, $L_\infty = 46.42$ cm, $W_\infty = 832.13$, $K = 0.157$ yıl⁻¹ ve $t_0 = -1.569$; erkek bireyler için $L_\infty = 56.77$ cm, $W_\infty = 1728.32$, $K = 0.121$ yıl⁻¹ ve $t_0 = -1.646$ yıl; tüm bireyler için ise $L_\infty = 42.25$ cm, $W_\infty = 605.90$, $K = 0.196$ yıl⁻¹ ve $t_0= -1.351$ yıl olarak hesaplanmıştır. Gonadosomatik indeks değerlerinden üremenin Şubat-Mayıs ayları arasında gerçekleştiği bulunmuştur. Total mortalite (Z) 1.19, avcılık mortalitesi (F) 1.09 bulunmuştur.

Xiaodong ve ark., (2008), çalışmalarında Çin'in güney kıyılarından 3 farklı bölgeden toplanan deniz solucanı türü olan *Sipunculus nudus* populasyonlarının genetik yapılarını araştırmışlardır. mtDNA 16S rRNA geni kullanılarak yapılan çalışmada populasyonlar arasında önemli derecede farklılık bulunmuştur.

Vallisneri ve ark., (2011), Adriyatik Denizi'ndeki *Chelidonichthys lucerna* türünün vücut şekli, cinsi olgunluk ve beslenme kompozisyonunu araştırmışlardır. İlk cinsi olgunluk boyu dişilerde 27 cm iken erkeklerde 22 cm olarak belirlenmiştir. Besin kompozisyonlarının ise krustasealar, balıklar ve molluskalardan oluştuğu bulunmuştur.

Stagioni ve ark. (2012), Adriyatik Denizi'nde *Chelidonichthys lucerna* türünün beslenme özelliklerini incelemişlerdir. Beslenme aktiviteleri juvenillerde, ergin bireylere göre daha yoğun bulunmuştur. En önemli besinlerini krustasealardan *Goneplax rhomboides*, *Liocarcinus spp.*, *Philocheras spp.* türleri; teleost türlerden ise *Engraulis encrasicolus* ve *Gobius niger* türlerinin oluşturduğunu saptamışlardır.

3. Materyal ve Yöntem

Araştırma Mustafa Kemal Üniversitesi, Deniz Bilimleri ve Teknolojisi Fakültesi, Moleküler Ekoloji ve Balıkçılık Genetiği Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

3.1. Materyal

3.1.1. *Chelidonichthys lucerna* Türünün Sistematikteki Yeri

Çalışmada kullanılan kırlangıcın sistematikteki yeri aşağıda verilmiştir.

ÂLEM	: Animalia
ŞUBE	: Chordata
ALT ŞUBE	: Vertebrata
SINIF	: Actinopterygii
TAKIM	: Scorpaeniformes
FAMİLYA	: Triglidae
CİNS	: <i>Chelidonichthys</i>
TÜR	: <i>Chelidonichthys lucerna</i> (Linnaeus, 1758)

3.1.2. Kırlangıç (*C. lucerna*)'ı Diğer Kırlangıç Türlerinden Ayıran Özellikler

Diğer türlerden farklı olarak, paralel çizgiler sırttan karına kadar uzanır. Yanal hat boyunca 58-64 adet pul bulunur fakat dikey olarak genişlememiştir

Dorsal yüzgeçlerin içine gömüldüğü kanal boyunca yaklaşık 26 adet oluk ışıın bulunur. Operkulum kenarındaki kleitral diken kısadır.



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan *Chelidonichthys lucerna*'nın genel görünüşü.

3.1.3. Coğrafi Dağılım Alanı

Kırlangıç; Akdeniz, Karadeniz ve Doğu Atlantik'te Norveç'ten Senegal'e kadar dağılım gösteren demersal türdür (Serena ve ark., 1998). Ülkemizde ise tüm denizlerimizde dağılım göstermektedir (Turan, 2007). 20-300 m arasında değişen derinliklerde bulunan, sürüler halinde ve çoğunlukla kum, çamurlu kum veya dipteki çakıl zeminlerde yaşayan ticari açıdan önemli demersal bir türdür (Richards ve Saksena, 1990).

3.1.4. Örnekleme Bölgeleri

Kırlangıç örnekleri, Doğu Akdeniz'i temsilen İskenderun Körfezi, Batı Akdeniz'i temsilen Antalya Körfezi, Ege Denizi'ni temsilen İzmir Körfezi, Marmara Denizi'ni temsilen İstanbul, Karadeniz'i temsilen de Akçakoca'ya gidilmek suretiyle temsil edilmiştir. Örnekleme, gerek fanyalı uzatma ağıyla avcılık yapan balıkçılardan, gerekse trol avcılığı yapan teknelerle balığa çıkılarak veya satın alınarak popülasyonları temsilen 25'er adet olmak üzere 5 popülasyondan toplam 125 adet yapılmıştır.

Örneklerin toplandığı istasyonlar Şekil 3.2'de harita üzerinde verilmiştir. Örneklerin kodu, avlandıkları bölgelerin koordinatları, avlanma tarihleri ve avlanma metotları Çizelge 3.1'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Kırlangıç (*Chelidonichthys lucerna*)'ın populasyonlara göre örnekleme bilgileri

Örnekleme Alanları	Populasyon Kodu	Bölgelerin Koordinatları	Avlanma Tarihleri	Avlanma Metotları
Karadeniz	KD	41° 8' 24'' K 31° 2' 57'' E	28.11.2013	Uzatma Ağı
Marmara Denizi	MD	40° 59' 89'' K 28° 59' 72'' E	03.04.2014	Trol
Ege Denizi	ED	38° 49' 24'' N 26° 33' 27'' E	06.02.2014	Trol
Akdeniz (Antalya)	AD1	36° 48' 45'' N 30° 41' 11'' E	20.03.2014	Trol
Akdeniz (İskenderun Körfezi)	AD2	36° 34' 29'' N 35° 50' 08'' E	12.04.2013	Trol



Şekil 3.2. Kırlangıç (*Chelidonichthys lucerna*)'ın örnekleme alanları • KD: Karadeniz, MD: Marmara Denizi, ED: Ege Denizi, AD1: Akdeniz (Antalya), AD2: Akdeniz (İskenderun Körfezi)

3.1.5. Kullanılan Araç ve Gereçler

Genetik çalışmada DNA elektroforezis tankı, güç kaynağı, UV transilluminator cihazı, vorteks cihazı, inkübatör, mikrosantrifüj cihazı, hassas terazi ve PCR cihazı kullanılmıştır. Kullanılan cihazların teknik özellikleri Çizelge 3.2’de gösterilmiştir.

Çizelge 3.2. Kullanılan cihazların teknik özellikleri

Cihaz İsmi	Teknik Özellikler
DNA Elektroforezis Tankı	15 x 6 x 9 cm
UV görüntüleyici	24.1 x 33.7x 12.1 cm
Mikrosantrifüj	100-15000 rpm
Hassas Terazi	Hassasiyet 0.1 mg
İnkübatör	120lt / 80 °C
PCR Cihazı	48 Tüplük
Otoklav	Max. 120 °C

3.2. Yöntem

3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması

Toplanan balık örnekleri, fiziksel ve biyolojik bozulmayı önleme amacıyla ayrı ayrı etiketlenmiş ve polietilen torbalara yerleştirilmiştir. Örnekler kıyıya ulaşıncaya kadar teknedeki dondurucuya veya buza konulmuş, kıyıya geldikten sonra ise laboratuara ulaşıncaya kadar soğuk taşıma kabında (buzda) muhafaza edilerek laboratuara getirilmiş ve derin donduruculara yerleştirilmiştir. Türlerin tanısı ve sistematik ayrımı Cerro, (1997) ile Turan ve ark., (2007)’ye göre yapılmıştır. Laboratuara getirilen örneklerin tür tayini yapıldıktan sonra genetik analiz için doku örnekleri alınmış ve % 95’lik etil alkolde vida kapaklı tüpler içerisinde +4 °C’de muhafaza edilmiştir. Bunun dışında balık örneklerinden yaş doku örnekleri alınıp bu örnekler derin dondurucuda (-20°C) muhafaza edilmiştir.

3.2.2. Genetik İnceleme

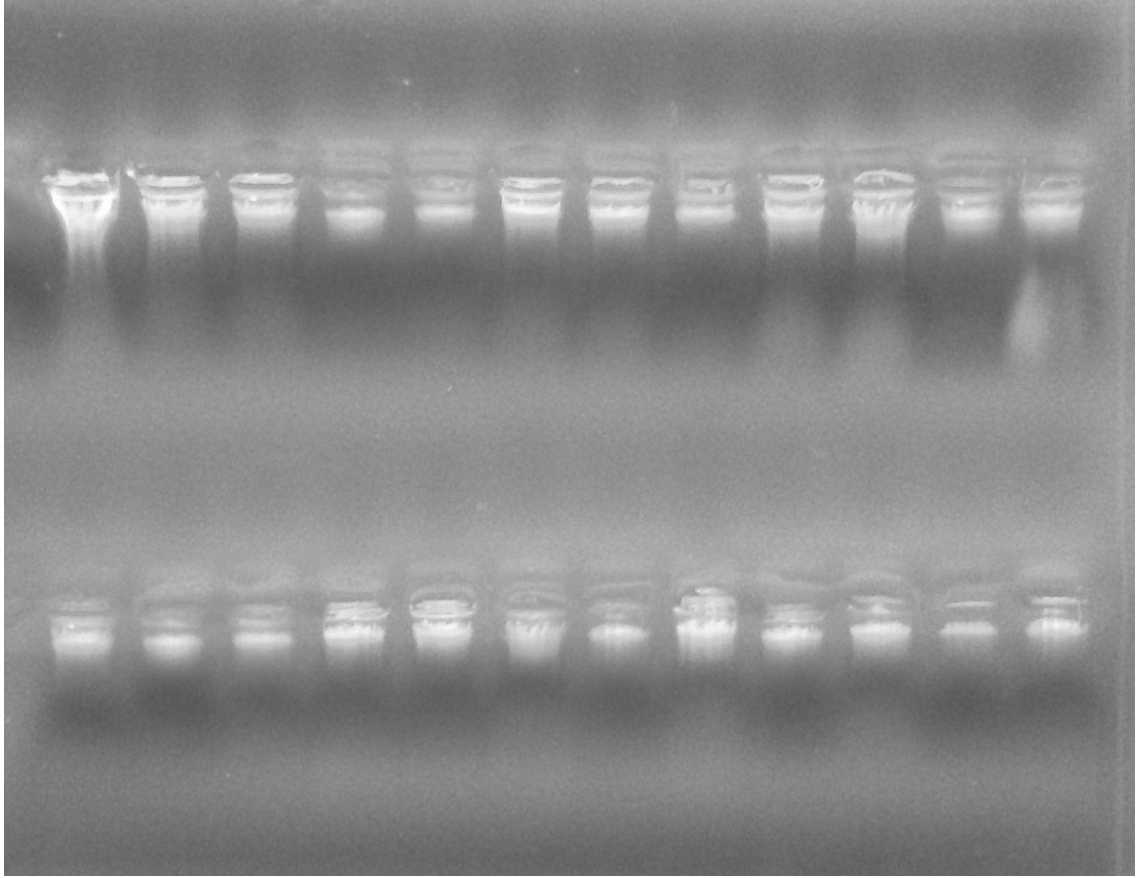
3.2.2.1. Mitokondrial DNA'nın Ekstrakte Edilmesi

MtDNA'nın elde edilmesinde Blin ve Stafford (1976) tarafından verilen standart fenol kloroform yöntemi uygulanmıştır. Kırlangıç örneklerinin kas dokusundan alınan ve %95'lik etil alkol içerisinde vida kapaklı tüplerde muhafaza edilen dokulardan yaklaşık 50 mg, otoklavlanan eppendorf tüpler içerisine alındıktan sonra üzerlerine sırasıyla 300 µl CTAB (20 g/l CTAB; 1.4 M NaCl; 100 mM Tris-HCl pH 8.0; 20 mM EDTA) tampon çözeltisi, 50 µl Proteinase K ve 30 µl RNase A ilave edilip cam çubuk aracılığıyla ezilmiştir. Daha sonra örnekler vortekslenip önceden 37.5°C'ye ayarlanan inkübatörde 1 gece bekletilmiştir. Etüvden alınan örnekler vortekslenip 380 µl fenol kloroform isoamil alkol (25:24:1) ilave edilip 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilen örneklerin üst tabakaları farklı tüplere alınarak üzerlerine 380 µl kloroform isoamil alkol (24:1) ilave edilerek tekrar 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra örnekler 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilerek üst tabakalar yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır. Bu işlemden sonra örneklerin üzerlerine, derin dondurucuda muhafaza edilen %100'lük etanol den 1 ml eklenip derin dondurucuda 2 saat bekletilmiştir. Derin dondurucudan çıkarılan örnekler 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilerek içerindeki sıvı dikkatle boşaltılarak yine derin dondurucuda muhafaza edilen bu sefer %70'lik etanolden 1 ml eklenip 12000 rpm de 3 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra dikkatlice tüplerdeki sıvı boşaltılarak tüpler peletlerin kuruması için desikatörde bir süre vakumlanmıştır. Daha sonra kuruyan peletlerin üzerine 100 µl TE buffer eklenerek mitokondrial DNA ekstraksiyonu tamamlanmıştır.

3.2.2.2. DNA'nın Kalite Tayini

DNA örneklerinin miktarı belirlendikten sonra kalitesinin tespiti için % 0.7'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bunun için 0.175 gr agarose, 25 ml saf su ile karıştırılıp mikrodalga fırında köpürüp saydamlaşana kadar bekletilmiştir. Saydamlaşan jel üzerine 0.5 ml seyreltilmiş 1x TBE Buffer ve 1.5 µl Ethidium Bromür eklenerek 60°C' yekadar soğutulan jel 15x6x9 cm ebatlarındaki elektroforez küveti içerisine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Jel soğuduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE tamponu bulunan elektroforez tankına koyulmuş ve 3 µl DNA örneğinden 6 µl'lik yükleme tamponu

çözeltisinden karıştırılarak sırasıyla jeldeki kuyucuklara yerleştirilmiştir. Elektrik akımının gerçekleşmesi için, güç kaynağı 10 dk süre ile 25 mA ve 50 V'a ayarlanmıştır. Elektroforetik göç tamamlandıktan jel, elektroforez tankından dikkatlice alınmış ve UV transilluminatör cihazında, UV koruyucu maske ile örneklerin DNA yapıları gözlenmiştir (Şekil 3.3).

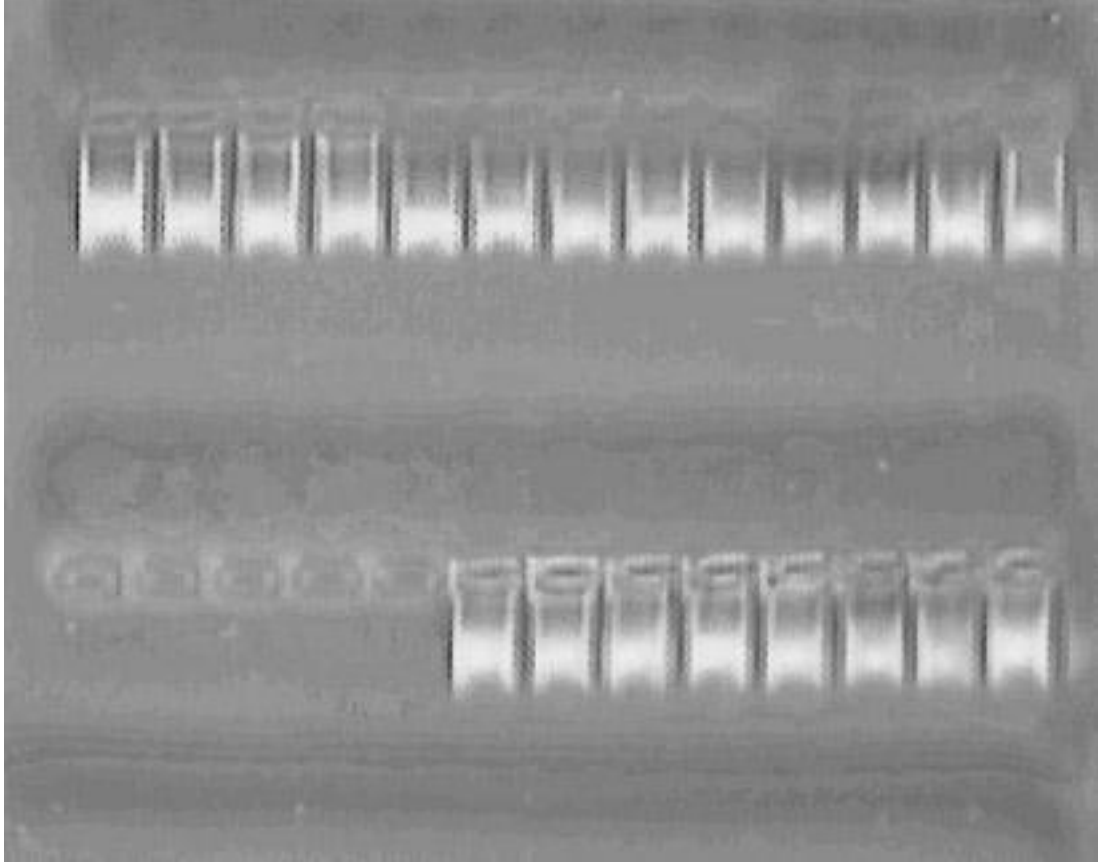


Şekil 3.3. Ekstrakte edilen total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü

3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle 16S rRNA Geninin Çoğaltılması

Kırlangıç populasyonları arasındaki genetik farklılığın derecesini belirlemek amacıyla mitokondrial DNA (mtDNA) 16S rRNA geni kullanılmıştır. DNA ekstraksiyonundan sonra, universal primerler kullanarak PCR Metodu ile mtDNA 16S rRNA genleri çoğaltılmıştır (Saiki ve ark. 1988). PCR ile uygulamasında; ilk önce 94°C'de 5 dakika denatürasyon (1 döngü) ve bunu takiben 94°C'de 1 dakika strand DNA denatürasyonu, 50°C'de 1 dakika primer bağlanma sıcaklığı sıcaklığı, 72°C'de 1.5

1 dakika ilk uzama (40 döngü) ve 72°C’de 5 dakika (1 döngü) son uzama safhası izlenmiştir. PCR ürünleri agaroz jel üzerinde kontrol edilmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. PCR sonrası elde edilen PCR ürününün agaroz jel üzerinde kontrolü

Bunun için aşağıda dizinleri verilen universal primerlerden yararlanılmıştır. Primerler MACROGEN (Güney Kore) firmasından sağlanmıştır.

16S rRNA-A: 5’-CG (CT) AAG GGA A (ACT) G CTG AAA-3’

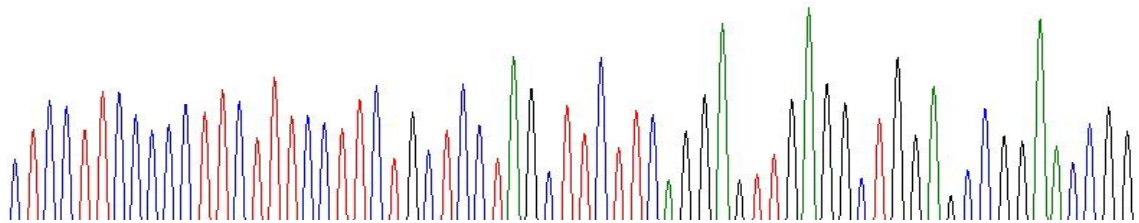
16S rRNA-B: 5’-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG TAG-3’

3.2.2.4. DNA Dizin Analizi (Sequencing)

Genom sekansının belirlenmesinde en yaygın kullanılan yöntem Sanger-Coulson zincir sonlama metodudur. Bu yöntem ile tek seferde dizi analizi yapılamayacak kadar büyük olan DNA’lar önce küçük parçalara bölünür. Elde edilen her bir parça bir plazmite klonlanır. Klonlanan plazmitler tek tek dizilenir. Bu dizilerin biyoinformatik analizlerle bir araya getirilmesiyle uzun DNA parçasının dizisi elde edilir. Bu diziler

kapiller jel elektroforezi kullanılarak okunur. Dizi analiz yönteminin hassasiyeti ve verdiği güvenilir sonuçlar bu yöntemin kullanımı oldukça yaygınlaştırmıştır. Artan analiz sayısı, uzun zaman ve yüksek iş gücü gerektirir. Bu gelişmeler sonucunda otomasyon kaçınılmaz olmuş ve otomatik DNA dizi analizleri uygulamaları yaygınlaşmıştır. Otomatik analizde de Sanger'in enzimatik DNA sentezine dayanan zincir sonlanma yöntemi kullanılmıştır. Otomatik DNA dizi analiz cihazları basit olarak, sabit bilgisayarda yüklü programlar ile bu programların yönettiği elektroforez sistemini içerir. Elektroforetik ünitelerde bulunan lazer ışık kaynağı ile monokromatik bir ışık oluşturulur. Söz konusu DNA'nın bulunduğu jelmatriks bu monokromatik ışık ile taranır. Elektroforez süresince DNA'ya bağlanan floresan boya ışık ile taranan bölgeye geldiğinde uyarılır. Uyarılan boya kendi için karakteristik olan dalga boyunda ışığı geri yansıtır. Yansıyan bu ışık demeti bir detektör tarafından kaydedilir. Kaydedilen veriler bilgisayar programları ile değerlendirilerek sonuçlar grafiksel ya da matematiksel olarak bilgisayar ekranına aktarılır. DNA dizializ cihazlarında 6 bazdan 1000 baza kadar güvenli okuma yapılabilmektedir (Sambrook ve ark., 1989).

C T C C T T C C C C C T T C T T T C C T T C T G C T C C T A G C T T C T T C A G G A G T T G A G G C T G G A G C C G G A A C C G G



Şekil 3.5. DNA dizin analizi sonucu elde edilen 16S rRNA gen bölgesinin parça kromotografisinden bir örnek.

3.2.3. Genetik Verilerin Analizi

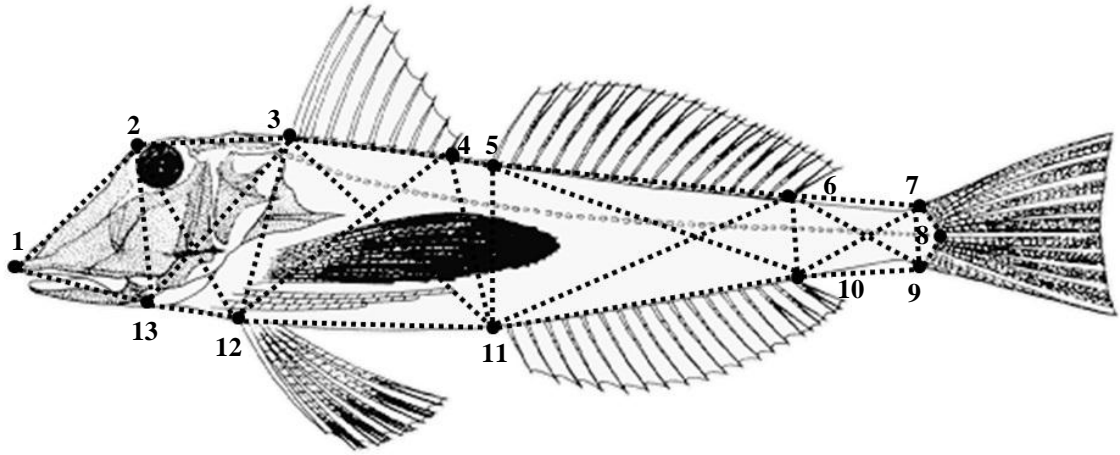
Genetik verilerin analizinde BioEdit ve MEGA bilgisayar paket programı kullanılmıştır (Hall, 1999; Tamura ve ark., 2011). Hardy-Weinberg dengesinden sapmaları ve populasyonlar arasındaki allozimik farklılaşmayı tespit etmek için Fisher's exact testi kullanılmıştır (Raymond ve Rousset, 1995).

Nei (1978)'nin genetik benzerlik (D1) ve genetik uzaklık (DN) katsayısı kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik benzerlik ve farklılaşmanın derecesi belirlenmiştir. Populasyonlar arasındaki ilişkiyi göstermek üzere Cluster analizi ile Komşu katılımlı soyağacı (Neighbour Joining tree) oluşturulmuştur.

3.2.4. Morfolojik İnceleme

Araştırmada Kırlangiç populasyonları arasındaki morfolojik farklılaşmanın derecesi, Truss Network Sistemi (Strauss ve Bookstein, 1982; Turan, 1999, Turan, 2004) ile incelenmiştir. Balık materyali önceden hazırlanmış straforun üstüne yerleştirilen asetat tabakaya yerleştirildikten sonra Truss metoduna göre belirlenmiş 13 farklı nokta iğne yardımıyla işaretlenmiştir (Şekil 3.6) Daha sonra bu noktalar arasındaki mesafeler 0.1 mm hassasiyetli cetvel yardımıyla ölçülmüştür. Bunun dışında her balığın göz çapı (GÇ), gözler arası mesafe (GAM), baş genişliği (BG), baş yüksekliği (BASYUK), baş uzunluğu (BASUZ), dorsal 1 uzunluğu (D1UZ), pektoral uzunluğu (PEKUZ), ventral yüzgeç ilk ışın uzunluğu (VENTISIUZ), ventral yüzgeç son ışın uzunluğu (VENTSONISUZ), operkulum diken uzunluğu (OPERDIKUZ) ölçümleri de 0.01 mm hassasiyetli kumpas ile her bir balığın ağırlığı ise 0.05 gr hassasiyetli terazi yardımıyla alınmıştır.

Meristik karakterlerden dorsal 1, dorsal 2, kaudal, anal, ventral ve pektoral yüzgeç ışın sayıları ile solungaç diken sayısı, omur sayısı, serbest pektoral ışın sayısı, dorsal oluk ışın sayısı, operkulum diken sayısı ve ağız ön ışın sayıları belirlenmiştir.



Şekil 3.6. Truss Metodu'na göre kırlangıç üzerindeki Truss ölçümleri ve oluşturulan ölçüm ağı (1. Burnun en üst ucu; 2. Neurocranium'dan sonra gelen kısım; 3. Dorsal 1 başlangıcı; 4. Dorsal 1 sonu; 5. Dorsal 2 başlangıcı; 6. Dorsal 2 sonu; 7. Kuyruk yüzgecinin sırt bölümüne ait ön kısmı; 8. Omurga kemiğinin son kısmı; 9. Kuyruk yüzgecinin karın bölümüne ait ön kısmı; 10. Anal yüzgecin sonu; 11. Anal yüzgecin başlangıcı; 12. Ventral yüzgecin başlangıcı; 13. Çene kemiğinin en son bitim noktası.)

3.2.5. Morfolojik Verilerin Analizi

3.2.5.1. Morfolojik Verilerin Çok Değişkenli Analizi

Analizler her balık örneğinden Truss sistemi ile alınan 28 farklı morfometrik karakter ve 13 meristik karakter üzerinde yapılmıştır. Farklı populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şeklini ve derecesini bulmada Ana Bileşenler Analizi (ABA) ve Kümelerarası Korelasyon Analizi (KKA) kullanılmıştır. ABA (Ana Bileşenler Analizi) populasyonlar arasında farklılık oluşturan morfometrik karakterleri tespit etmekte kullanılmaktadır (Somers, 1986). KKA (Kümelerarası Korelasyon Analizi) ise, populasyonlar sahip oldukları morfolojik farklılıklara göre ayırt etmektedir.

Ölçümü yapılan türlerin çok değişkenli analizlerinde, Ana Bileşenler Analizi (ABA), Kümelerarası Korelasyon Analiz (KKA) ve Tek Değişkenli Varyans Analizi (VA) kullanılmıştır. İlgili hesaplamalar "SPSS, Statistica for Windows Version 20.0" ve Excel Windows 2010 paket programları ile yapılmıştır.

4. Arařtırma Bulguları ve Tartıřma

4.1. Morfolojik Bulgular

Populasyonların ayırımında kullanılan meristik karakterlerin deęerleri izelge 4.1’de verilmiřtir. izelge 4.1’e gre dorsal 1 ıřın sayısı, ventral ıřın sayısı, serbest pektoral ıřın sayısı, operkulum diken sayısı tm populasyonlarda eřit ıkmıřtır, bu da bu karakterlerin *C. lucerna* populasyonlarının ayırımında etkili olmadığını gstermektedir. Turan ve ark. (2007)’de 2. dorsal ıřın sayısı 16-17 arası deęiřim gsterirken, alıřmada 15-18 deęiřim gsterdięi grlmřtr.

Populasyonların tamamı omur sayıları bakımından ele alındıęında minimum deęer 29, maksimum deęer ise 36 ile İskenderun populasyonunda gzlenmiřtir. Turan ve ark. (2007)’ye gre *C. lucerna* trnn omur sayısı 33-34’tr.

Solunga diken sayısı ise populasyonların tamamı ele alındıęında Turan (2007)’nin belirttięi gibi 7-11 aralıęında bulunmuřtur.

Meristik karakterlerden omur sayısı incelendięinde İskenderun populasyonu rneklerinde en farklı deęiřim geniřlięi (minimum 29 – maksimum 36) gzlenmiřtir. Turan ve ark. (2007)’ye gre *C. lucerna* trnn omur sayısı 33-34 aralıęında olduęu belirtilmekte ve bu da morfolojik karakterlerin deęiřim gsterebildięini desteklemektedir.

Çizelge 4.1. Populasyonların ayrımında kullanılan meristik karakterler ve minimum-maksimum değerleri

Populasyon	D1 I.S.	D2 I.S.	A.I.S.	P.I.S.	V.I.S.	K.I.S.	S.D.S.	O.S.	L.L. Pul S.	S.P.I. S.	D.O.I .S.	Op. D.S.	Ağız Ön I.S.
Akçakoca (KD)	9	15-18	15-17	10	6	16-19	7-10	30-34	58-64	3	22-26	3	2-5
Marmara (MD)	9	15-18	13-17	11	6	12-17	7-11	31-35	59-62	3	22-26	3	2-8
İzmir (ED)	9	15-18	15-17	11	6	15-18	7-9	30-34	60-64	3	23-26	3	2-6
Antalya (AD1)	9	15-18	13-17	11	6	14-18	8-10	30-31	62-63	3	22-26	3	3-8
İskenderun (AD2)	9	15-18	15-17	9-11	6	12-18	8-11	29-36	60-62	3	24-26	3	3-7

D1 I.S.: Dorsal 1 Işın Sayısı, D2 I.S.: Dorsal 2 Işın Sayısı, A.I.S.: Anal Işın Sayısı, P.I.S.: Pektoral Işın Sayısı, V.I.S.:

Ventral Işın Sayısı, K.I.S.: Kaudal Işın Sayısı, S.D.S.: Solungaç Diken Sayısı, O.S.: Omur Sayısı, L.L. Pul S.: Linea

Lateral Pul Sayısı, S.P.I.S.: Serbest Pektoral Işın Sayısı, D.O.I.S.: Dorsal Oluk Işın Sayısı, Op. D.S.: Operkulum

Diken Sayısı, Ağız Ön I.S.: Ağız Ön Işın Sayısı

Çizelge 4.2. Morfometrik ve meristik karakterlerin etkinlik derecelerine göre, ana bileşenler analizi (ABA) sonucu sıralanışı.

Değişkenler	AB2	AB3	AB4	AB5	AB6	AB7	AB8
6_9	0.147	-0.216	-0.176	0.110	0.181	0.265	-0.072
6_7	0.202	-0.258	-0.311	0.114	0.075	0.156	-0.033
6_10	0.257	-0.134	-0.159	0.336	0.091	0.077	0.025
7_10	-0.141	-0.301	-0.226	0.389	-0.203	-0.202	0.161
9_10	-0.112	-0.366	-0.245	0.401	-0.163	-0.176	0.094
7_9	-0.264	0.093	0.185	0.344	-0.023	0.263	0.051
1_2	-0.057	-0.101	0.068	0.209	0.013	0.069	-0.21
3_13	0.137	0.443	-0.201	0.445	-0.296	-0.063	-0.099
BG	0.225	-0.278	0.154	0.058	0.286	-0.087	-0.013
OPERDIKUZ	0.359	-0.323	-0.129	-0.046	-0.271	0.031	0.224
2_13	0.123	0.103	-0.282	0.336	-0.074	0.292	-0.045
GC	0.047	-0.368	0.135	0.381	0.226	0.175	0.178
OS	0.056	-0.195	0.155	0.214	-0.242	-0.165	-0.299
6_11	-0.808	0.086	-0.020	0.235	0.114	-0.065	0.039
3_11	0.719	0.485	0.360	-0.039	-0.027	-0.058	0.032
11_12	0.694	0.332	0.129	-0.243	0.065	-0.314	0.209
10_11	-0.678	0.204	-0.059	-0.035	0.343	0.250	-0.12
5_6	-0.551	0.307	0.445	0.016	-0.051	-0.123	0.21
AGZONISSAY	-0.464	0.295	0.011	0.064	0.020	0.030	0.152
PIS	-0.444	0.328	-0.341	0.233	-0.054	-0.166	0.062
4_11	0.409	0.645	0.350	0.130	-0.068	0.149	0.144
5_11	0.230	0.585	0.307	0.324	0.166	0.059	-0.003
3_12	0.091	0.571	-0.273	0.526	0.268	0.153	-0.083
GAM	0.194	-0.508	0.469	0.292	0.295	0.028	0.007
5_10	-0.229	0.490	0.403	-0.194	0.330	0.363	0.049
4_12	0.208	0.471	-0.410	0.276	0.464	-0.328	-0.06
1_13	0.030	-0.467	-0.268	-0.245	0.259	0.332	-0.086
VENTIS1UZ	0.226	-0.370	0.158	0.195	0.250	0.004	0.258
2_3	0.335	0.069	-0.527	0.016	-0.124	0.217	0.054
SDS	-0.054	0.261	-0.481	-0.220	0.010	0.095	0.111
8_9	-0.075	0.024	0.447	0.361	-0.094	0.069	0.01
PEKUZ	0.118	-0.312	0.381	0.229	0.162	-0.234	-0.017
VENTSONISUZ	-0.049	-0.195	-0.023	0.365	-0.044	0.153	0.296
12_13	0.122	0.060	0.285	0.195	-0.697	-0.086	-0.208
2_12	0.344	0.036	-0.099	0.268	-0.301	0.470	-0.236
BASUZ	-0.012	0.007	-0.038	0.125	0.003	-0.015	0.689
3_4	0.303	0.160	-0.162	0.144	0.401	-0.345	-0.443
AIS	0.054	-0.050	0.292	-0.094	-0.085	0.200	-0.195
4_5	-0.002	0.307	0.006	-0.156	-0.314	0.340	0.229
DOROLISSAY	-0.302	-0.038	0.172	-0.055	-0.013	-0.213	0.023
BASYUK	0.143	-0.093	0.163	0.198	0.035	-0.107	0.278
D1UZ	0.341	0.082	-0.276	-0.037	0.184	-0.050	0.306
7_8	-0.140	-0.131	0.378	0.257	0.102	0.132	-0.164
D2IS	0.185	-0.067	0.289	-0.175	0.081	0.075	-0.029
KIS	0.324	-0.151	0.120	-0.108	0.185	0.315	0.052

Ana bileşenler analizi (ABA) sonucunda birinci ana bileşen (AB1) örneklerin yaş ve boy farklılıklarından kaynaklı varyasyonu (allometri) taşıdığından analizlerde kullanılmamıştır. Populasyonların ayırımında morfometrik ve meristik karakterlerin etkinlik derecelerine göre ana bileşenler analizi (ABA) unsurlarına göre sıralanışı Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2’ye göre, morfometrik karakterlerin meristik karakterlere göre populasyonların ayırımında daha etkili oldukları gözlenmiş ve morfometrik karakterlerden vücut yüksekliği, ventral başlangıcı ile anal başlangıcı arasındaki mesafe, anal yüzgeç uzunluğu, dorsal 2 yüzgeç uzunluğu ölçümlerinin ayırında daha etkili oldukları tespit edilmiştir.

Populasyonların ayırımında ana bileşenler analizi (ABA) sonucu varyansların ana bileşenlere göre dağılımı Çizelge 4.3’te gösterilmiştir.

Çizelge 4.3. ABA sonucu varyansların AB'lere dağılımı.

Değişken	Varyans (%)	Genel Toplam (%)
AB1	14.346	14.346
AB2	9.874	24.22
AB3	9.277	33.497
AB4	7.425	40.922
AB5	5.972	46.893
AB6	4.98	51.873
AB7	4.083	55.956
AB8	3.73	59.686
AB9	3.402	63.088
AB10	3.012	66.1
AB11	2.847	68.947
AB12	2.688	71.635
AB13	2.483	74.119
AB14	2.297	76.416
AB15	2.2	78.616
AB16	1.974	80.59
AB17	1.724	82.314
AB18	1.625	83.939
AB19	1.559	85.498
AB20	1.535	87.033
AB21	1.353	88.386
AB22	1.206	89.592
AB23	1.14	90.732
AB24	1.094	91.826
AB25	1.031	92.857
AB26	0.919	93.776
AB27	0.872	94.649
AB28	0.813	95.462
AB29	0.699	96.161
AB30	0.635	96.796
AB31	0.615	97.411
AB32	0.527	97.939
AB33	0.451	98.39
AB34	0.361	98.751
AB35	0.23	98.982
AB36	0.223	99.205
AB37	0.182	99.386
AB38	0.171	99.557
AB39	0.123	99.681
AB40	0.097	99.777
AB41	0.075	99.852
AB42	0.06	99.912
AB43	0.047	99.959
AB44	0.026	99.984
AB45	0.016	100

Ana bileşenler analizi sonucu elde edilen ana bileşenler, populasyonlar arasındaki farklılıkları ortaya çıkarmada kullanılan kümelerarası korelasyon analizinde kullanıldı. KKA sonucu 4 fonksiyon elde edildi ve birinci fonksiyon toplam varyasyonu % 50.5'ini, ikinci fonksiyon, toplam varyasyonun % 36.4'ünü, üçüncü fonksiyon toplam varyasyonun % 10.7'sini, dördüncü fonksiyon ise toplam varyasyonun % 2.4'ünü taşımıştır (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.4. Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) değerleri.

Fonksiyonlar	Eigen Değişkeni	Varyans %	Toplam %	Korelasyon
1	3.419	50.5	50.5	0.880
2	2.464	36.4	86.9	0.843
3	0.723	10.7	97.6	0.648
4	0.164	2.4	100	0.376

Çizelge 4.5. Kümelerarası korelasyon analizi sonuçlarından biri olan istatistik denetimi.

Fonksiyon Testi	Wilks' Lambda	Ki-Kare	Serbestlik Derecesi	Önem Düzeyi
1'in 4. fonksiyona olan değeri	0.033	428.104	52	0.000
2'nin 4. fonksiyona olan değeri	0.144	242.37	36	0.000
3'ün 4. fonksiyona olan değeri	0.498	87.052	22	0.000
4	0.859	19.013	10	0.040

Çizelge 4.5'te gösterilen Wilks' Lambda değeri ve Ki-Kare değeri, ayrışım modelinin gücünü belirlemek için kullanılmıştır. Wilks' Lambda, gruplar içindeki homojenliğin ölçülmesinde kullanılmıştır. Lambda, 0 ile 1 arasında değer almaktadır. 0 değeri, grup ortalamalarının farklılaştığı, 1 değeri ise, tüm grup ortalamalarının aynı olduğu anlamına gelmektedir. Wilks' Lambda değeri tabloda da görüldüğü gibi çok düşük ve 428 gibi büyük bir Ki- Kare ve 0 önemlilik değerine sahiptir. Düşük bir Wilks'

Lambda değeri ve önemlilik p değeri ile büyük bir Ki-kare değeri, ayrışım modelinin etkili bir ayrıştırma gücüne sahip olduğunu gösterir (Yap ve ark., 2010; Gürlek, 2012).

Çizelge 4.6. Morfometrik ve meristik karakterlerin ayrışım analizi sonucunda her bir gruptaki örneklerin kendi grubuna sayısal ve % olarak sınıflandırılması.

	STOK	KD	MD	ED	AD1	AD2	Toplam
Direkt Sayım	KD	30	0	0	0	0	30
	MD	2	20	3	2	0	27
	ED	2	4	14	0	7	27
	AD1	0	3	0	27	0	30
	AD2	0	0	10	1	19	30
%	KD	100	0	0	0	0	100
	MD	4	83	9	4	0	100
	ED	4	13	57	0	26	100
	AD1	0	10	0	90	0	100
	AD2	0	0	33	3	64	100

Kümelerarası Korelasyon Analizi (KKA) sonucu, her bir popülasyondaki örneklerin kendi grubuna sayısal ve % olarak sınıflandırılması sonucu örneklerin tamamının % 78.7'si doğru olarak kendi orijinal grubuna göre sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.6).

Kendi grubuna doğru sınıflandırmada en yüksek oran % 100 ile en anlamlı farklılaşmayı gösteren Akçakoca (KD) örnekleri olmuştur. Bu da Akçakoca popülasyonunun diğer popülasyonlara göre çok daha farklı olduğunu ve Karadeniz'den diğer denizlere veya Marmara'dan Karadeniz'e doğru göç olmadığını göstermiştir.

Karadeniz'in akıntı sistemi ve Marmara Denizi'nde oluşmuş olan bariyer sonucu Akçakoca popülasyonunun diğer popülasyonlardan izole olduğu gözlenmektedir. Kümelerarası korelasyon analizi sonucu da Akçakoca popülasyonunun diğer popülasyonlardan ayrı gruplandığı gözlenmiştir. İzmir popülasyonu ile İskenderun

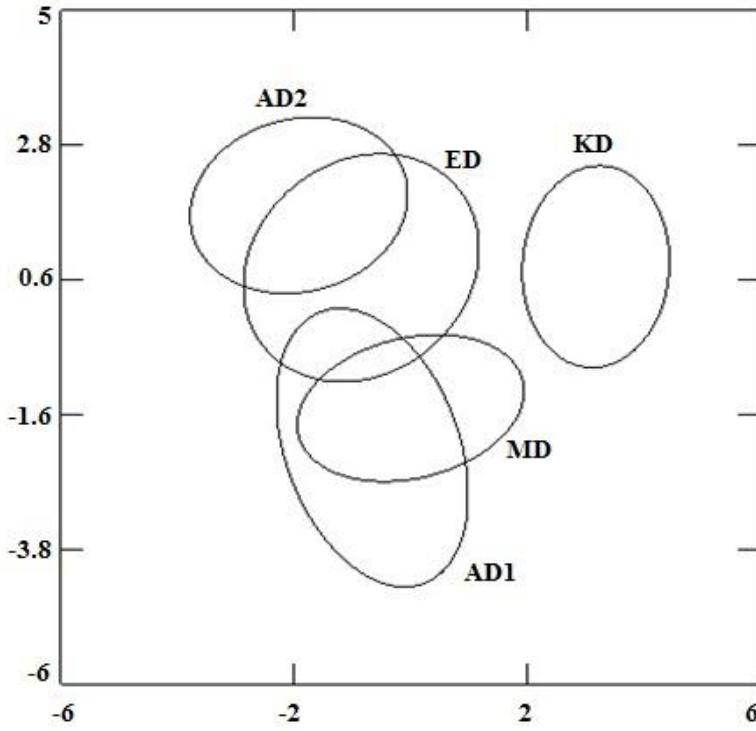
populasyonu ve Antalya populasyonuna ile de Marmara populasyonunun birbirlerine yakın gruplandığı görülmüştür.

Ergüden (2002), yaptığı çalışmada Türkiye denizlerindeki levrek (*Dicentrarchus labrax*) türünün genetik ve morfolojik yapısını incelemiştir. Morfolojik analizler sonucunda Ege ve Karadeniz populasyonlarının, Akdeniz ve Marmara populasyonlardan tamamen farklı olduğunu bulmuştur.

Turan ve ark. (2006), Karadeniz, Marmara, Ege ve Güneydoğu Akdeniz'deki lüfer (*Pomatomus saltatrix*) populasyonlarının morfometrik ve meristik varyasyonlarını incelemiştir. Çalışmanın sonucunda morfometrik karakterlere bağlı olarak Karadeniz ve Doğu Akdeniz populasyonları diğer populasyonlardan önemli derecede farklı bulunmuştur.

Bölgesel av gücü de düşünüldüğü zaman, avcılık baskısının en fazla İskenderun ve Ege populasyonları üzerine olmuş olabileceği, Antalya ve Marmara populasyonlarında baskının daha az olabileceği ve böylece bir farklılığın etkeni olabileceği düşünülmektedir. Av baskısının yanı sıra filocoğrafik değerlendirmede evrimsel, ekolojik ve tarihsel süreçler sonucunda ortaya çıkan bir durumdan da kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir. Kendi içerisinde farklı dinamikler olan Akdeniz filocoğrafyası, populasyonların farklılaşmasında önemli etkiler gösterebilmektedir. Filocoğrafik çalışmalarda, Akdeniz Filocoğrafyası'ndaki bazı balık populasyonlarında ortaya çıkan ayrılıkların, Karadeniz-Hazar Denizi bağlantısının kopması ile ilişkilendirilmektedir (Hewitt, 2004; Schmitt, 2007). Akçakoca populasyonunun diğer populasyonlardan izole durumda olmasında, filocoğrafik etkenlerin de neden olabileceği düşünülmektedir.

Populasyonların birbirleri ile olan morfolojik ilişkisini göstermek amacı ile birinci ve ikinci korelasyon grafiklendirilmiştir. Birinci ve ikinci fonksiyonun grafiklendirilmesi ve populasyonlar arasındaki morfolojik varyasyonun % 95'lik güven aralığında gösterilmesi sonucu Akçakoca populasyonunun (KD) diğer populasyonlardan tamamıyla farklı olduğu gözlenmiştir. Ancak diğer populasyonların birbirlerinden istatistiksel anlamda önemli derecede farklı olmadığı gözlenmiştir (Şekil 4.1).

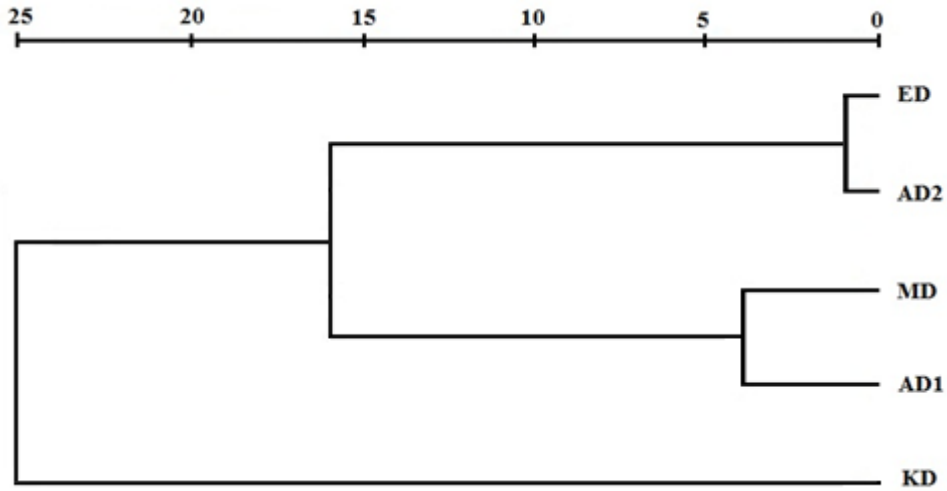


Şekil 4.1. Kümelerarası korelasyon analizi ile populasyonların morfolojik farklılıkları.

Populasyonlar arasındaki morfolojik yakınlık matrisi 0 ile 1 arasında ölçeklendirilmiştir (Çizelge 4.7). Morfolojik yakınlık matrisine göre Akçakoca (KD) ile Antalya (AD1) populasyonları birbirine en uzak populasyonlar olmuştur. İzmir (ED) ile İskenderun (AD2) populasyonları ise morfolojik olarak birbirlerine en yakın populasyonlar olmuştur.

Çizelge 4.7. *C. lucerna* populasyonları arasındaki morfolojik yakınlık matrisi.

Populasyonlar	KD	MD	ED	AD1	AD2
KD	—				
MD	0.529	—			
ED	0.515	0.200	—		
AD1	1.000	0.095	0.624	—	
AD2	0.770	0.292	0.000	0.643	—



Şekil 4.2. Populasyonlar arasındaki morfolojik ilişkinin UPGM soyağacı ile gösterimi.

Populasyonlar arasındaki morfolojik yakınlığın gösterildiği UPGM soyağacı ile gösterildiği Şekil 4.2'ye göre İzmir popülasyonu (ED) ile İskenderun popülasyonu (AD2) morfolojik olarak benzerlik göstermiştir. Marmara (MD) ve Antalya (AD1) popülasyonları da birbirlerine morfolojik benzerlik göstermiştir. Komşu popülasyonlar olan İzmir (ED) ve Marmara (MD) popülasyonları ise birbirlerine kısmen benzer çıkmıştır. Ancak, Akçakoca popülasyonu (KD) diğer popülasyonlardan tamamıyla farklı çıkmıştır.

4.2. Genetik Bulgular

Çoğaltılan mtDNA 16S rRNA bölgelerinin DNA dizileme reaksiyonlarının yapılması için ekstrakte edilen DNA'lar Ankara'da bulunan BM Laboratuvar Hizmetleri firmasına gönderilmiştir. DNA dizilerinin görsel olarak gözden geçirilmesi için BioEdit programı kullanılmıştır (Hall, 1999). DNA dizilerinin kirlilik düzeyine bakılarak istenilen saflık düzeyinde olan dizilerde gerekli analiz işlemleri yapılarak diziler işlendi. Dizi hizalaması için Clustal W programı kullanıldı. Kopyalanan diziler Clustal W programına yapıştirılarak dizi hizalaması gerçekleştirildi (Thompson ve ark., 1994).

4.2.1. Populasyonların Genetik Analizi

Dizileri hizalanan *C. lucerna* popülasyonlarının Nei (1978) ve Nei ve Tajima (1981)'ya göre genetik çeşitlilik ve genetik uzaklık verileri kullanılarak popülasyonlar

arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın derecesi belirlenmiştir. Elde edilen verilerden Neighbor-Joining metodu kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılık belirlenmiştir. Yapılan model test sonucu en iyi model Jukes-Cantor modeli bulunmuştur (Jukes ve Cantor, 1969).

Analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 809 bp olarak saptanmıştır. Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonu Çizelge 4.8’de verilmiştir. Yapılan analizlerde T bazının oranı % 21.5 olarak, C bazının oranı % 26.6 olarak, A bazının oranı % 31.4 olarak, G bazının oranı ise % 20.5 olarak belirlenmiştir.

Santos ve ark. (2003), 16S rRNA geni ile yaptıkları DNA sekans analizi çalışmasında, *Macrodon ancylodon* populasyonlarındaki nükleotid kompozisyonunu; A= % 28.7, T= % 23.6, C= % 24.4 ve G= % 23.4 bulmuşlardır.

Guo ve ark. (2004), Çin kedi balıklarında (Sisoridae) mtDNA 16S rRNA geni ile gerçekleştirdikleri filogenetik analizde T bazının oranını % 22.5, C bazının oranını % 23.7, A bazının oranını % 31.2 ve G bazının oranını % 22.6 olarak bulmuşlardır.

Bañon ve ark. (2005), yassı balıklar (Pleuronectiformes) takımındaki türlerin 16S rRNA geni ile filogenetik analizini yaptıkları çalışmalarında A bazının oranını % 29.07, C bazının oranını % 25.83, G bazının oranını % 22.83 ve T bazının oranını da % 22.74 bulmuşlardır.

Ramanadevi ve Thangaraj (2013), Elopsidae familyasına ait 5 türün (*Elops saurus*, *E. affinis*, *E. smithi*, *E. machnata* ve *E. hawaiiensis*) filogenetik analizini mtDNA 16S rRNA geni ile yapmışlardır. Çalışmada 16S rRNA geninin nükleotid kompozisyonunu; A= % 31.63, T= % 13.99, C= % 30.99 ve G= % 23.39 bulmuşlardır.

16S rRNA geni ile yapılan diğer sekans analizi çalışmalarında da görüldüğü gibi adenin bazının diğer bazlara göre yüksek oranda çıkması çalışmamızdaki sonucu desteklemektedir.

Çizelge 4.8. Çalışmada kullanılan 809 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu (%).

Ortalama (%)	
T	21.5
C	26.6
A	31.4
G	20.5

DNA dizin analizi yapılarında gösterilen 809 bç'lik bölgesi çalışılan 16S rRNA geninin 796 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 13 bç'lik kısmı ise populasyonlar arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 6 bç'lik bölge ise populasyonlar arasında parsimoni anlamlı bölge (belirteç) görevi görmüştür.

Çizelge 4.9. Substitüsyon matrisi.

	A	T/U	C	G
A	-	8.33	8.33	8.33
T/U	8.33	-	8.33	8.33
C	8.33	8.33	-	8.33
G	8.33	8.33	8.33	-

Substitüsyon oranlarının maximum likelihood yöntemiyle belirlenmesinde Jukes-Cantor metodu kullanılmıştır (Çizelge 4.9). Transisyonel substitüsyonlar koyu renkte, transversiyonel substitüsyonları ise italik olarak gösterilmiştir. Substitüsyon oranları bir bazdan diğerine substitüsyon geçiş ihtimalini temsil etmektedir. Transisyonel substitüsyon oranları A/G 8.33, (T/U)/C 8.33, C/(T/U) 8.33, G/A 8.33 olarak bulunmuştur. Nükleotid frekansları; A= %25, T/U= %25, C= %25 ve G= %25 şeklinde görülmektedir.

Singh ve ark. (2013), *Puntius sophore* populasyonlarının sitokrom b (cyt b) geni ile yaptıkları dizin analizinde nükleotid frekanslarını; A=%26.8, T/U=%31.3, C=%26.7, G= %15.2 şeklinde bulmuşlardır.

Jukes-Cantor metoduna göre oluşturulan populasyonlar için ortalama genetik çeşitlilik değerleri (diversity) Çizelge 4.10.'da gösterilmiştir. Tüm populasyonlar arasındaki ortalama genetik çeşitlilik (diversity) değeri Jukes-Cantor metoduna göre 0.0079 bulunmuştur.

Çizelge 4.10. Populasyonlar için ortalama genetik çeşitlilik.

Populasyon	Genetik Çeşitlilik Değeri
Akçakoca (KD)	0.0015
Marmara (MD)	0.0021
İzmir (ED)	0.0019
Antalya (AD1)	0.0020
İskenderun (AD2)	0.0005

Çizelge 4.10'a göre en düşük çeşitlilik İskenderun (AD2) populasyonunda gözlenmiştir. Bu durumun, İskenderun populasyonu üzerindeki avcılık baskısının yoğunluğundan kaynaklanabileceği düşünülmektedir. En yüksek genetik çeşitlilik ise Marmara populasyonunu takiben Antalya ve İzmir populasyonlarında gözlenmiştir.

Çizelge 4.11. *C. lucerna* populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı.

Haplotipler	Akçakoca	Marmara	İzmir	Antalya	İskenderun
Hap1	2	3	-	-	1
Hap2	4	4	2	4	7
Hap3	-	-	-	-	1
Hap4	2	-	-	-	-
Hap5	2	1	-	-	-
Hap6	-	1	-	-	-
Hap7	-	1	-	-	-
Hap8	-	1	-	-	-
Hap9	-	1	-	-	-
Hap10	-	-	2	-	-
Hap11	-	-	1	1	-
Hap12	-	-	1	-	-
Hap13	-	-	-	1	-
Hap14	-	-	-	1	-

Çizelge 4.11’de görüldüğü gibi DNA dizin analizi ile 5 populasyonda toplam 14 haplotip gözlenmiştir. Haplotip çeşitliliği bakımından Akçakoca populasyonunda 4, Marmara populasyonunda 7, İzmir populasyonunda 4, Antalya populasyonunda 4 ve İskenderun populasyonunda 3 haplotip görülmüştür. Haploid1 Akçakoca, Marmara ve İskenderun populasyonlarında, Haploid2 tüm populasyonlarda, Haploid3 sadece İskenderun populasyonunda, Haploid4 sadece Akçakoca populasyonunda, Haploid5 Akçakoca ve Marmara populasyonunda, Haploid6, Haploid7, Haploid8, Haploid9 sadece Marmara populasyonunda, Haploid10 sadece İzmir populasyonunda, Haploid11 İzmir ve Antalya populasyonunda, Haploid12 sadece İzmir populasyonunda, Haploid13 ve Haploid14 ise sadece Antalya populasyonunda belirlenmiştir. Populasyonlar arası ortalama haploid çeşitliliği ise 0.7558 olarak bulunmuştur.

Şu ana kadar Triglidae familyasına ait türlerden 16S rRNA ve diğer mtDNA genleri üzerine yapılmış bir çalışma olmadığı için biz haploid çeşitliliğini diğer deniz canlıları ve deniz balığı türleri üzerine yapılmış çalışmalarla karşılaştırmaktayız.

Xiaodong ve ark. (2008), mtDNA16S rRNA geni ile gerçekleştirdikleri sekans analizi çalışmasında *Sipunculus nudus* populasyonlarında toplam 30 bireyde 21 haplotip belirlemişler, populasyonlar arasındaki ortalama haplotip çeşitliliğini ise 0.814 olarak bulmuşlardır.

Erteken ve ark. (2007), *Sciaena umbra* ve *Umbrina cirrosa* populasyonlarının genetik yapısını mtDNA 16S rRNA geninde incelemişlerdir. Çalışmalarında 23 tane *Sciaena umbra* bireyinde 4 adet, 22 tane *Umbrina cirrosa* bireyinde ise 8 adet haplotip belirlemişlerdir. *Sciaena umbra* ve *Umbrina cirrosa* populasyonlarındaki haplotip çeşitliliği sırasıyla 0.526 ve 0.736 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.12. *C. lucerna* populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin değişken nükleotid bölgeleri.

Hap1	CAACAGACAAAGA
Hap2	CATCAGACAAAGA
Hap3	CATCAGGCAAAGA
Hap4	CATCGGACAAAGA
Hap5	CAACAGACAAGGA
Hap6	TATCAGGCAAAGA
Hap7	CATTAGACAAAGA
Hap8	CATCAGACTAAGA
Hap9	CTACAGACAAAGA
Hap10	CATCAGACAAAAA
Hap11	CAACAGACAAAGG
Hap12	CATCAGAGAAAGG
Hap13	CAACAAACAAAGA
Hap14	CAACAGACAGAGG

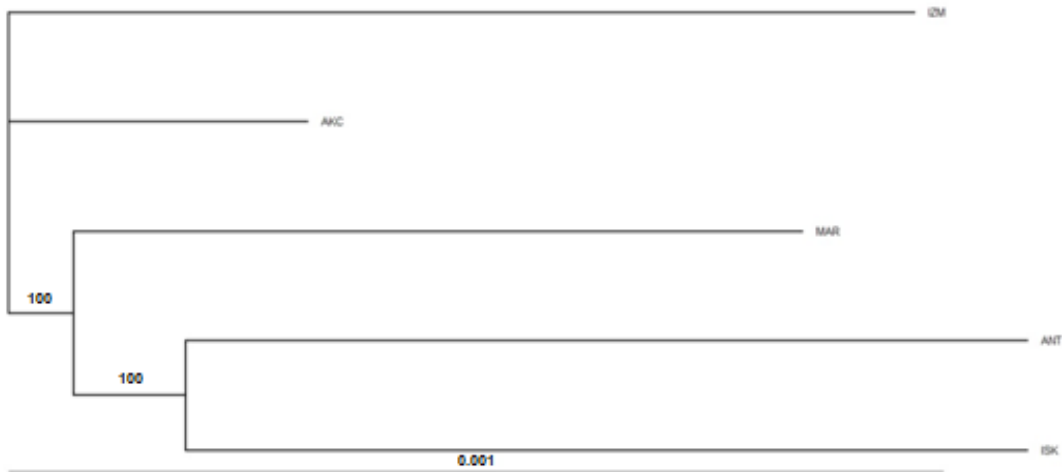
Çizelge 4.12'ye göre 809 bç'lik 16S rRNA sekansından elde edilen 13 değişken bölgeden 14 adet haplotip elde edilmiştir.

Çizelge 4.13. Populasyonlar arası pairwise genetik farklılık düzeyi (divergence).

Populasyonlar	KD	MD	ED	AD1	AD2
KD	—				
MD	0.0012	—			
ED	0.0013	0.0018	—		
AD1	0.0014	0.0018	0.0021	—	
AD2	0.0014	0.0018	0.0021	0.0018	—

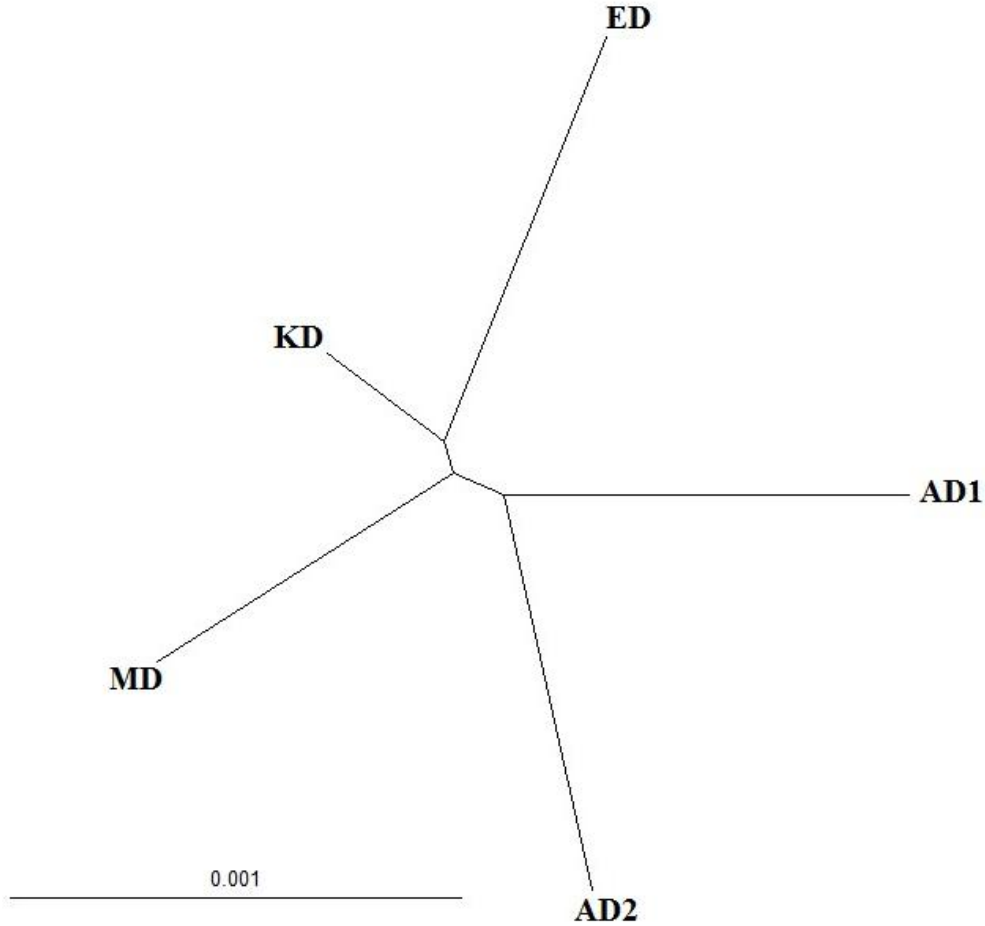
Çizelge 4.13’de populasyonlar arasındaki genetik farklılık düzeyleri gösterilmiştir. Buna göre Akçakoca (KD) ile Marmara (MD) populasyonları en az farklılaşma düzeyini göstermiştir. En yüksek genetik farklılaşma düzeyi Antalya (AD1) ile İzmir (ED) ve İskenderun (AD2) ile İzmir (ED) populasyonları arasında bulunmuştur. Tüm populasyonlar arasındaki ortalama genetik farklılık (divergence) değeri 0.0016 olarak bulunmuştur.

Tuncay ve ark. (2014), Türkiye denizlerindeki *Mullus barbatus* populasyonlarının mtDNA dizin analizi metodu ile genetik yapısını inceledikleri çalışmalarında en düşük genetik farklılaşma düzeyini, çalışmamızdaki benzer bir şekilde Batı Karadeniz (Zonguldak) ile Marmara Denizi (Bandırma) populasyonları arasında bulmuşlardır (0.01606).



Şekil 4.3. Komşu katılımlı soyağacı (Neighbour Joining tree) ve nodların güvenilirliğini gösteren seç-bağla (bootstrap) değerleri soyağacı üzerinde gösterilmiştir.

Şekil 4.3’de gösterildiği gibi populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin gösteriminde negatif brans uzunluğuna izin verilen komşu katımlı soyağacı kullanılmıştır. Soyağacının oluşturulmasında güvenilirliği sağlamak için her bir ağaca 1000 tekrarlı bootstrap (seç-bağla) testleri yapılmıştır. Dalların üstündeki değerler analiz sonucu elde edilen bootstrap değerleridir. Komşu katımlı soyağacına göre Ege Denizi populasyonu genetik olarak en farklı populasyon olarak görülmektedir. Karadeniz populasyonu Ege Denizi populasyonundan sonra diğer farklı populasyon olarak yer almıştır. Marmara populasyonu ise Ege ve Karadeniz populasyonu ile Akdeniz populasyonları (Antalya ve İskenderun) arasında yer almıştır. Akdeniz populasyonları olan Antalya ve İskenderun populasyonları birbirlerine yakın populasyonlar olarak dallanmışlardır.



Şekil 4.4. 16S rRNA sekans analizi sonucu populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren komşu katımlı radyan soyağacı.

Şekil 4.4'e göre *C. lucerna*'nın Ege Denizi popülasyonu diğer popülasyonlardan çok farklı bir grup oluşturduğu görülürken, buna en yakın Karadeniz ve daha sonra Marmara popülasyonlarının olduğu görülmektedir. Akdeniz popülasyonları olan Antalya ve İskenderun popülasyonları ise birbirlerine yakın ve diğer popülasyonlardan ayrı olarak gruplanmıştır.

Çizelge 4.14. Tajima nötralite testi (Tajima, 1989).

m	S	p_s	Θ	π	D
44	13	0.016069	0.003694	0.001641	-1.703976

m: Sekans sayısı, **S**:Toplam Polimorfik bölge sayısı, **p_s**: Polimorfik bölge oranı, **Θ**: Grup mutasyon oranı, **π**: Nükleotid farklılıkları, **D**: Tajima nötralite değeri

Çizelge 4.14'de Tajima, (1989)'nın nötralite testi uygulanmıştır. Bu test ile doğal olarak gelişen bir DNA dizisi ile doğal olmayan süreç kapsamında gelişen DNA dizisi ayırt edilmektedir. Çalışmamızda Tajima nötralite değeri (D) -1.703976 bulunmuştur. Bu sonuç kırlangıç popülasyonlarının avcılık baskısı, kirlilik, deniz suyu sıcaklıklarındaki artış gibi nedenlerden dolayı seleksiyona uğradığına işaret etmiştir.

Froukh (2007), *Larabicus quadrilineatus* popülasyonlarının mtDNA dizin analizi yöntemiyle genetik yapı analizini incelemiş olduğu doktora tezinde Tajima nötralite değerini -2.142 olarak bulmuştur.

SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışmada, Türkiye denizlerinde yaşamlarını sürdüren *Chelidonichthys lucerna* populasyonlarının genetik yapıları ve populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Denizlerimizdeki (Akçakoca, Marmara, İzmir, Antalya, İskenderun) populasyonları temsilen her bir istasyondan 25 adet toplamda 125 adet örnekleme yapılmıştır. Bu örnekleme sonucunda populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi araştırılmıştır. Türün tanısı ve sistematik ayrımı Cerro, (1997) ile Turan ve ark., (2007)'ye göre yapılmıştır.

Denizlerimizin farklı bölgelerinden elde edilen bu örneklerde, mtDNA 16S rRNA geni kullanılarak DNA Dizin Analizi tekniği ile genetik yapılarının incelenmesi ve populasyonlar arasındaki genetik ilişki incelenmiştir. Genetik incelemenin yanı sıra populasyonlar morfolojik olarak da incelenmiştir.

Morfolojik analizler sonucunda Akçakoca populasyonu diğer populasyonlardan çok daha farklı çıkmıştır. Buna karşın, İzmir populasyonu İskenderun populasyonuna ve Antalya populasyonu da Marmara populasyonuna yakın gruplanmıştır. Morfolojik olarak birbirine en uzak populasyonlar Akçakoca ile Antalya populasyonları olurken, İzmir populasyonu ile İskenderun populasyonları birbirine en yakın populasyonlar olmuştur. Komşu populasyonlar olan İzmir ve Marmara populasyonları ise birbirlerine kısmen benzer çıkmıştır.

Genetik analiz sonucunda, analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 809 bp olarak saptanmıştır. Populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik en düşük İskenderun populasyonunda belirlenmiştir. Bu durum İskenderun populasyonu üzerindeki yoğun av baskısının sonucu olabileceği ihtimalini ortaya çıkartmıştır. En yüksek genetik çeşitlilik ise Marmara populasyonunda bulunmuştur. Marmara Denizi'nde *C. lucerna* türü için yoğun bir av baskısının olmadığı düşünülmektedir. Marmara populasyonunu takiben Antalya ve İzmir populasyonlarında da genetik çeşitlilik değeri yüksek çıkmıştır.

DNA dizin analizi ile 5 populasyonda toplam 14 haplotip gözlenmiştir. Haplotip çeşitliliği bakımından Akçakoca populasyonunda 4, Marmara populasyonunda 7, İzmir populasyonunda 4, Antalya populasyonunda 4 ve İskenderun populasyonunda 3 haplotip görülmüştür. Populasyonlar arası ortalama haploid çeşitliliği ise 0.7558 olarak bulunmuştur.

Genetik farklılık düzeyleri bakımından Akçakoca ile Marmara populasyonları en düşük farklılaşma düzeyini göstermişlerdir. Antalya ile İzmir ve İskenderun ile İzmir populasyonlarındaki genetik farklılık düzeyi ise en yüksek çıkmıştır.

Komşu katımlı soy ağacına (Neighbour Joining tree) göre, komşu populasyonlar olan Antalya ve İskenderun populasyonları birbirlerine yakın populasyonlar olarak karşımıza çıkmıştır. Bu durum bu iki populasyon arasında gen alışverişi olabileceği ihtimalini göstermiştir. Akçakoca populasyonunun Marmara populasyonuna uzak çıkması Karadeniz ve Marmara Denizi arasında bir bariyer oluşmuş olabileceğini düşündürmüştür. İzmir populasyonu ise diğer populasyonlardan oldukça uzak olduğu görülmektedir. Bunun sebebi de Marmara Denizi'nin Çanakkale Boğazı'ndan bir bariyer ile ayrışması olabilir. İzmir populasyonunun Antalya ve İskenderun populasyonlarından farklı olması da Akdeniz'deki av gücünün tür üzerinde baskı oluşturmuş olabileceğini düşündürmektedir.

Tüm bu sonuçlar ışığında mtDNA sekans analizi tekniği ile kırlangıç populasyonları arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi ortaya çıkarılmıştır. Türkiye denizlerde bulunan diğer kırlangıç türleri ve populasyonları ile ilgili genetik verilerin azlığı ve ilgili literatür açığının kapatılması için, diğer kırlangıç türlerinin populasyonlarının da analiz edilmesi, farklılıkların incelenmesi, bize bu türler ve populasyonlar hakkında daha ayrıntılı bilgi verecek olması açısından önem arz etmektedir.

KAYNAKLAR

- Aboim, M.A., Menezes, G.M., Schlitt, T. ve Rogers, A.D., 2005. Genetic structure and history of populations of the deep-sea fish *Helicolenus dactylopterus* (Delaroche, 1809) inferred from mtDNA sequence analysis. **Molecular Ecology**, 14 (5): 1343-1354.
- Ali, M.Y. ve Lindsey, C.C., 1974. Heritable and temperature-induced meristic variation in the medaka, *Oryzias latipes*. **Canadian Journal of Zoology**, 52 (8): 959-976.
- Allendorf, F.W., Ryman, N. ve Utter, F., 1987. Genetics and fishery management: past, present and future. (Ed. Ryman N. ve Utter F). **In: Pop. Gen. Fish. Man.** University of Washington Press, 1-20, Seattle, London.
- Altun, A., Göksu, M.Z.L., Türeli, C. ve Erdem, Ü., 1996. Yumurtalık (Adana) Körfezindeki Dil Balığı (*Solea vulgaris* QUENSEL, 1806) ve Kırlangıç Balığı (*Trigla lucerna* LINNAEUS, 1758) Türlerinin Bazı Biyolojik Özellikleri. XII. Ulusal Biyoloji Kongresi, İstanbul. 147-158.
- Amann, G., Sletter, K.O., Llobete-Brossa, E., Amann, R. ve Anton, J., 2000. Direct proof for the presence and expression of two 5 % different 16S rRNA genes in individual cells of *Haloarcula marismortui*. **Extremophiles**, 4: 373-376.
- Atay, D., 1985. Deniz Balıkları ve Üretim Tekniği. A.Ü. Ziraat Fakültesi Yay. 943 Ders Kitabı No: 268, Ankara, 278s.
- Avise, J.C., Lansman, R.A. ve Shade, R.O., 1979. The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. Population structure and evolution in the genus *Peromyscus*. **Genetics**, 92: 279-295.
- Avşar, D., 1994. A stock differentiation study of the sprat (*Sprattus sprattus phalericus*) off the southern coast of the Black Sea.
- Bañon, R., Pardo, G., Machordom, B., Foresti, A., Porto-Foresti, F., FC Azevedo, M., Sanchez, L. ve Martinez, P., 2005. Phylogenetic analysis of flatfish (Order Pleuronectiformes) based on mitochondrial 16s rDNA sequences. **Scientia Marina**, 69(4): 531-543.
- Bastacı, S., 2005. İskenderun Körfezi ve Karataş Kıyılarındaki Kırlangıç Balığı (*Chelidonichthys lucernus* (Linnaeus, 1758) Populasyonunun Üreme, Büyüme ve Ölüm Oranlarının Belirlenmesi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi, 66s.
- Baumgartner, J.V., 1995. Phenotypic, genetic and environmental integration of morphology in a stream population of the threespine stickleback, *Gasterosteus aculeatus*. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 52: 1307-1317.
- Bembo, D.G., Carvalho, G.R., Cingolani, N. ve Pitcher, T.J., 1996. Electrophoretic analysis of stock structure in Northern Mediterranean anchovies, *Engraulis encrasicolus*. **I.C.E.S. J. Mar. Sei.**, 53: 115-128.
- Bermingham, E., McCafferty, S.S., ve Martin, A.P., 1997. Fish biogeography and molecular clocks: perspectives from the Panamanian isthmus. (Ed. T. D. Kocher ve C. A. Stepien) **In: Molecular systematics of fishes**. Academic Press, 113-128, New York.
- Bernardi, G., Robertson, D.R., Clifton, K.E. ve Azurro, E., 2000. Molecular systematics, zoogeography, and evolutionary ecology of the Atlantic parrotfish genus *Sparisoma*. **Mol Phylogenet Evol.**, 15(2): 292-300.

- Bird, L.J., Eppler, D.T. ve Checkley, D.M., 1986. Comparison of herring otoliths using series shape analysis. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 43: 1228-1234.
- Blin, N. ve Stafford, D.W., 1976. A general method for isolation of high molecular weight DNA from eukaryotes. **Nucleic acids research**, 3(9): 2303-2308.
- Bogehagen, D.F., 1999. Repair of mtDNA in vertebrates. **Am.J.Hum.Genet.**, 64: 1276-1281.
- Booke, H.E., 1981. The conundrum of the stock concept are nature and nurture definable in fishery science? **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 38(12): 1479-1480.
- Bookstein, F.L., 1982. Foundations of Morphometrics. **Annual Review of Ecology and Systematics**, 13: 70-451.
- Boore, J.L., 1999. Animal mitochondrial genomes. **Nucleic Acid Research**, 27: 1767-1780.
- Boudaya, L., Neifar, L., Rizzo, P., Badalucco, C., Bouain, A. ve Fiorentino, F., 2008. Growth and reproduction of *Chelidonichthys lucerna* (Linnaeus) (Pisces: *Triglidae*) in the Gulf of Gabe's, Tunisia. **Journal of Applied Ichthyology**, 24: 581-588.
- Carvalho, G.R. ve Hauser, L., 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, 4: 269-271.
- Cerro, L.I., 1997. Revisió taxonòmica mundial de la família *Triglidae* (Pisces, Scorpaeniformes). Fac. Biologia, Univ. Barcelona. Doktora Tezi, 254 s.
- Clayton, J.W., 1981. The stock konsept and the uncoupling of organismal and molecular evolution. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 38: 1515-1522.
- Colloca, F., Ardizzone, G.D. ve Gravina, M.F., 1994. Trophic Ecology of Gurnards (Pisces: *Triglidae*) in the Central Mediterranean sea. **Mar. Life**, 4(2): 45-57.
- Corti, M., Thorpe, R.S., Sola, L., Sbordoni, V., ve Cataudella, S., 1988. Multivariate Morphometrics in Aquaculture: A Case Study of Six Stocks of the Common Carp (*Cyprinus carpio*) from Italy. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 45(9): 1548-1554.
- Çiçek, E., Avşar, D., Özyurt, C.E., Yeldan, H., Manasırlı, M., 2008. Age, Growth, Reproduction and Mortality of Tub Gurnard (*Chelidonichthys lucernus* (Linnaeus, 1758)) Inhabiting in Babadillimani Bight (Northeastern Mediterranean Coast of Turkey). **Journal of Biological Sciences**, 8(1): 155-160.
- Davidson, K., Roff, J.C., ve Elnor, R.W., 1985. Morphological, electrophoretic and fecundity characteristics of Atlantic snow crab, *Chionoecetes opilio*, and implication for fisheries management, **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 42: 474-482.
- Ergüden, D., 2002. Türkiye Denizlerinde Bulunan Levrek (*Dicentrarchus labrax* L., 1758)'in Genetik ve Morfolojik Yapısının İncelenmesi. Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi, 55s.
- Erlich, H.A., Gelfand, D.H. ve Sninsky, J.J., 1991. Recent advances in polymerase chain reaction. **Science**, 252: 1643-1650.
- Eryılmaz, L. ve Meriç, N., 2005. Some biological characteristics of the Tub gurnard, *Chelidonichthys lucernus* (Linnaeus, 1758) in the Sea of Marmara. **Turk J. Vet. Anim. Sci.**, 29: 367-374.

- Farias, I.P., Ortí, G. ve Meyer, A., 2000. Total evidence: molecules, morphology, and the phylogenetics of cichlid fishes. **Journal of Experimental Zoology**, 288(1) : 76-92.
- Footo, M., Hunter, J.P., Janis, C.M., ve Sepkoski, J.J., 1999. Evolutionary and preservational constraints on origins of biologic groups: divergence times of eutherian mammals. **Science**, 283:131-1310.
- Frogliola, C., 1976. Osservazioni Sull'alimentazione Dei Giovani di *Trigla lucerna* Della Classe di Eta O Nel Medio Adriatico (Pisces Triglidae). **Archo Oceanogr. Limnol**, 18(3): 365-373.
- Froukh, T., 2007. Genetic population structure, gene flow, and Evolutionary history of selected ornamental fish in the red sea. Faculty of Biology and Chemistry University of Bremen. Doktora tezi
- Gauldie, R.W., 1988. Tagging and genetically isolated stocks of fish – a test of one stock hypothesis and the development of another. **J. Appl. Ichty.**, 4:168-173.
- Gauldie, R.W., 1991. Taking stock of genetic concepts in fisheries management. **Can. J. Fish. aquat. Sci.**, 48: 722-731.
- Gilles, A., Miquelis, A., Quignard, J.P. ve Faure, E., 2000. Molecular phylogeography of western Mediterranean dusky grouper *Epinephelus marginatus*. **C R Acad Sci Paris, Sciences de La Vie / Life Sciences**, 323:195-205.
- Gulland, J.A., 1969. Manual of methods fish stock assessment. Fish population analysis. FAO Man. **Fish. Sci.**, 154 s.
- Guo, X., Zhang, Y., He, S. ve Chen, Y., 2004. Mitochondrial 16S rRNA sequence variations and phylogeny of the Chinese sisorid catfishes. **Chinese Science Bulletin**, 49(15): 1586-1595.
- Gürlek, M., 2012. Doğu Akdeniz'deki Caranx (Carangidae) Cinsine ait Türlerinin Moleküler Filogenetiği. Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi. 64 s.
- Gyllensten, U., 1985. The genetic structure of fish: differences in the intraspecific distribution of biochemical genetic variation between marine, anadromous, and freshwater species. **Journal of Fish Biology**, 26(6): 691-699.
- Haddon, M. ve Willis, T.J., 1995. Morphometric and meristic comparison of orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*: Trachichthyidae) from the Puysegur Bank and Lord Howe Rise, New Zealand, and its implications for stock structure. **Marine Biology**, 123(1): 19-27.
- Hadidi, A., Levy, L., Podleskis, E.V., 1995. Polymerase chain reaction technology in plant pathology. **In: Molecular Methods in Plant Pathology**, (Eds. R. P. Singh, U. S. Singh.) Boca Raton: CRS Press. pp. 167-187.
- Hall, T.A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucl. Acids Symp. Ser.**, 41: 95-98.
- Hanel, R. ve Sturmbauer, C., 2000. Multiple recurrent evolution of trophic types in northeastern Atlantic and Mediterranean seabreams (Sparidae, Percoidae). **Journal of Molecular Evolution**, 50(3): 276-283.
- Hauser, L., Carvalho, G.R., Pitcher, T.J., 1995. Morphological and genetic differentiation of the African clupeid *Limnothrissa miodon* 34 years after its introduction to Lake Kivu. **Journal of Fish Biology**, 47: 127-144.
- Hedgecock, D., Hutchinson, E.S., Li, G., Sly, F.L., ve Nelson, K., 1989. Genetic and Morphometric Variation in the Pacific Sardine, *Sardinops sagax caerulea*:

- Comparisons and Contrasts with Historical Data and with Variability in the Northern Anchovy, *Engraulis mordax*. **Fishery Bulletin**, 87: 653-671.
- Heincke, D. F. 1898. Naturgeschichte des herring. **Abhandlungen Doutsch Seefisch Verein**, 2: 128-233.
- Hewitt, G.M., 2004. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B. Biological Sciences*, 359: 183-195.
- Hindar, K., Ryman, N. ve Utter, F., 1991. Genetic effects of cultured fish on natural fish populations. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 48: 945-957.
- Hostens, K. ve Mees, J., 1999. The mysid-feeding guild of demersal fishes in the brackish zone of the Westerschelde estuary. **Journal of Fish Biology**, 55(4): 704-719.
- Hubbs, C.L. ve Lagler, J.F., 1947. Fishes of the Great Lakes region. **Bulletin of Cranbrook Institute of Science**, 26: 1-186.
- Ihssen, P.E., Evans, D.O., Christie, W.J., Reckahn, J.A. ve Des Jardine, R.L., 1981. Life history, morphology, and electrophoretic characteristics of five allopatric stocks of lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*) in the Great Lakes region. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 38(12): 1790-1807.
- Innis, M.A., Gelfand, D.H., Sninsky, J.J. ve White, T.J. (Ed.), 1990. PCR protocols: a guide to methods and applications. Academic press. San Diego, California.
- Inoue, N., Watanabe, H., Kojima, S., ve Sekiguchi, H., 2007. Population structure of Japanese spiny lobster *Panulirus japonicus* inferred by nucleotide sequence analysis of mitochondrial COI gene. **Fisheries Science**, 73(3): 550-556.
- İlhan, D.U. ve Toğulga, M., 2007. Age, growth and reproduction of tub gurnard *Chelidonichthys lucernus* Linnaeus, 1758 (Osteichthyes: Triglidae) from İzmir Bay, Aegean Sea, Eastern Mediterranean. **Acta Adriatica**, 48(2): 173-184.
- İşmen, A., İşmen P. ve Başusta, N., 2002. Age Growth and Reproduction of Tub Gurnard (*Chelidonichthys lucerna* L., 1758) in the Bay of İskenderun in the Eastern Mediterranean. **Turk. J Vet Anim Sci.**, 28: 289-295.
- Jamieson, A., 1973. Genetic tags form arine fish stocks. **In: Sea Fisheries Research**, (Harden-Jones F.R., ed.). London Elek. Science: 91-99.
- Jerry, D.R. ve Cairns, S.C., 1998. Morphological variation in the catadromous Australian bass, from seven geographically distinct riverine drainages. **Journal of Fish Biology**, 52(4): 829-843.
- Jukes, T.H. ve Cantor, C.R., 1969. Evolution of protein molecules. (Ed. H.N. Munro) **In: Mammalian protein metabolism III**. Academic Press, 21-132, New York.
- Kinsey, J.A., Garrett-Engele, P.W., Cambareri, E.B. ve Selker, E.U., 1994. The Neurospora transposon Tad is sensitive to repeat-induced point mutation (RIP). **Genetics**, 138(3): 657-664.
- Kumpf, H.E., 1987. Proceedings of the Stock Identification Workshop: November 5-7, 1985, Panama City Beach, Florida. NOAA technical memorandum NMFS SEFC (USA).
- Larkin, P.A., 1972. The stock concept and management of Pacific salmon. The stock concept in Pacific salmon, 11-15.
- Lightowers, R.N., Chinnery, P.F., Turnbull, D.M. ve Howell, N., 1997. Mammalian mitochondrial genetics: heredity, heteroplasmy and disease. **Trends in Genetics**, 13(11): 450-455.

- Lydeard, C. ve Roe, K.J., 1997. The phylogenetic utility of the mitochondrial cytochrome b gene for inferring relationships among actinopterygian fishes. *Molecular systematics of fishes*. Academic Press, 285-311, San Diego.
- Maggio, T., Andaloro, F.ve Arculeo, M., 2006. Genetic population structure of *Epinephelus marginatus* (Pisces, Serranidae) revealed by two molecular markers. **Italian Journal of Zoology**, 73(3): 275-283.
- Marr, J.C., 1957. The problem of defining and recognizing subpopulations of fishes. *Contributions to the study of subpopulations of fishes*, 1-6.
- Mater, S., 1981. İzmir Körfezi'nde Bazı Teleost Balıkların Pelajik Yumurta ve Larvaları Üzerine Araştırmalar. Doçentlik Tezi, E.Ü. Fen Fak. B. Oseanografi Böl. ve Hidrobiyoloji Enst., Bornova, İzmir, 117 s.
- Meyer, A., 1987. Phenotypic plasticity and heterochrony in *Cichlasoma managuense* (Pisces, Cichlidae) and their implications for speciation in Cichlid fishes. **Evolution**, 1357-1369.
- Meyer, A., 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. (Ed. P. H. Hochachka ve T. P. Mommsen) **In: The biochemistry and molecular biology of fishes**. Elsevier, 2: 1-38, Amsterdam.
- Moore, W.S., 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variation; Mitochondrial Gene trees versus nuclear gene trees. **Evolution**, 49: 718-726.
- Morte, M.S., Redon, M.J. ve Sanz-Brau, A., 1997. Trophic relationships between two gurnards *Trigla lucerna* and *Aspitrigla obscura* from the Western Mediterranean. **J. Mar. Biol.**, 77: 527-537.
- Mullis, K.B., 1990. The unusual origin of the polymerase chain reaction. **Scientific American**, 262(4): 56-61.
- Mylvaganam, S. ve Dennis, P.P., 1992. Sequence heterogeneity between the two genes encoding 16S rRNA from the halophilic archaeobacterium *Haloarcula marismortui*. **Genetics**, 130(3): 399-410.
- Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, 89(3): 583-590.
- Nei, M. ve Tajima, F., 1983. Maximum likelihood estimation of the number of nucleotide substitutions from restriction sites data. **Genetics**, 105(1): 207-217.
- Ovenden, J.R., 1990. Mitochondrial DNA and marine stock assessment: A review. **Marine and Freshwater Research**, 41(6): 835-853.
- Papaconstantinou, C., 1984. Age and Growth of the Yellow Gurnard (*Trigla lucerna* L., 1758) from the Thermakios Gulf (Greece) with Some Comments on its Biology. **Fish. Research**, 2: 243-255.
- Park, L.K., Brainard, M.A., Dightman, D.A., 1993. Low levels of intraspecific variation in the mitochondrial DNA of Chum Salmon (*O. keta*). **Mol. Mar. Biol. Biotech.**, 2: 362-379.
- Ramanadevi, V. ve Thangaraj, M., 2013. Comparative Phylogenetic Study of Four Genes of Mitochondrial Genome in Tenpounder Fishes (Order: Elopiformes). **Notulae Scientia Biologicae**, 5(3): 282-289.
- Rayman, N. ve Utter, F., 1987. Population genetics and fishery management. (Ed. Rayman, N. and Utter, F.) Washington Sea Grant Program, University of Washington Press, Seattle and London. 420 s.
- Raymond, M. ve Rousset, F., 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. **Journal of Heredity**, 86(3): 248-249.

- Richards, W.J., Saksena, V.P.: Triglidae. (Ed. Quero, J.C., Hureau, J.C., Karrer, C., Post A., Saldanha, L.) **In: Check-list of the fishes of the eastern tropical Atlantic (CLOFETA)**. JNICT, Lisbon, SEI, Paris and Unesco, Paris. 2: 680-684.
- Richter, C., 1988. Do mitochondrial DNA fragments promote cancer and aging. **FEBS Lett**, 241:1-5.
- Ritchie, P.A., Lavoue, S., Lecointre, G., 1997. Molecular phylogenetics and the evolution of Antarctic notothenioid fishes. **Comp. Biochem. Physiol. A.**, 118: 1009-1025.
- Robinson, B.W. ve Wilson, D.S., 1996. Genetic variation and phenotypic plasticity in a trophically polymorphic population of pumpkinseed sunfish (*Lepomis gibbosus*). **Evolutionary Ecology**, 10(6): 631-652.
- Roby, D., Lambert, J.D. ve Sevigny, J.M., 1991. Morphometric and electrophoretic approaches to discrimination of capelin (*Mallotus villosus*) populations in the Estuary and Gulf of St. Lawrence. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 48(11): 2040-2050.
- Ryman, N., Lagercrantz, U.L.F., Andersson, L., Chakraborty, R. ve Rosenberg, R., 1984. Lack of correspondence between genetic and morphologic variability patterns in Atlantic herring (*Clupea harengus*). **Heredity**, 53(3): 687-704.
- Saiki, R.K., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K.B., Horn, G.T., Erlich, H.A. ve Arnheim, N., 1985. Enzymatic amplification of B-globulin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, 230:1350-1354.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T. ve Erlich, H.A., 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Science**, 239(4839): 487-491.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., 1989. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual**, Second ed. Cold Spring Harbor Press, New York.
- Santos, S., Schneider, H. ve Sampaio, I., 2003. Genetic differentiation of *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae, Perciformes) populations in Atlantic coastal waters of South America as revealed by mtDNA analysis. **Genetics and Molecular Biology**, 26(2): 151-161.
- Schmitt, T., 2007. Molecular biogeography of Europe: Pleistocene cycles and postglacial trends. **Frontiers in Zoology**, 4(11): 1-13.
- Serena, F., Voliani, A., Auteri, R., 1998. Nursery Areas and Some Biological Information of Tub gurnard (*Trigla lucerna* L., 1758) off Tuscany coast (Italy). **Rapp. Comm. int. Mer. Medit.**, 35: 482-483.
- Shepherd, G., 1991. Meristic and morphological variation in Black Sea bass North of Cape Hatteras, North Carolina. **American Journal of Fisheries Management**, 11: 139-149
- Singh, N.S., Behera, B.K. ve Sharma, A.P., 2013. Population Structure of *Puntius sophore* Inferred from Variation in Mitochondrial DNA Sequences. **International Journal of Research in Fisheries and Aquaculture**. 3(3): 112-115.
- Smith, P.J., Jamieson, A. ve Birley, A.J., 1990. Electrophoretic studies and stock concept in marine teleosts. **J. Cons. Int. Explor. Mer.**, 47: 231-245.
- Somers, K.M., 1986. Multivariate allometry and removal of size with principal components analysis. **Systematic Biology**, 35(3): 359-368.

- Stagioni M., Mazzoni E., Montanini S. ve Vallisneri M., 2007. Strategia alimentare di *Trigla lucerna* (Teleostei, Triglidae) in Alto-Medio Adriatico: note di 7 campagne di pesca a strascico. 688 Congresso Nazionale UZI, Lecce, 24–27 settembre 2007. Atti pag.76.
- Stagioni, M., Montanini, S. ve Vallisneri, M., 2012. Feeding of tub gurnard *Chelidonichthys lucerna* (Scorpaeniformes: Triglidae) in the north-east Mediterranean. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, 92(3): 605-612.
- Stearns, S.C., 1983. The genetic basis of differences in life-history traits among six populations of mosquitofish (*Gambusia affinis*) that shared ancestors in 1905. **Evolution**, 618-627.
- Strauss, R.E., ve Bookstein, F.L., 1982. The truss: body form reconstructions in morphometrics. **Systematic Biology**, 31(2): 113-135.
- Streelman, J.T., Alfaro, M., Westneat, M.W., Bellwood, D.R. ve Karl, S.A., 2002. Evolutionary history of the parrotfishes: biogeography, ecomorphology, and comparative diversity. **Evolution**, 56(5): 961-971.
- Su, T.F., Jiang S.G., Zhou F.L., Zhu C.Y. ve Chen, P.M. 2005. Mitochondrial 16S rRNA gene fragment sequence analysis in populations of *Crassostrea rivularis*. **High Technol. Letter**, 15(2): 100-103.
- Sunnuck, P., 2000. Efficient genetic markers for population biology. **Trends in Ecology and Evolution**, 15: 199-203.
- Swain, D.P. ve Foote, C.J., 1999. Stocks and chameleons: the use of phenotypic variation in stock identification. **Fisheries Research**, 43(1): 113-128.
- Swain, S.L., Bradley, L.M., Croft, M., Tonkonogy, S., Atkins, G., Weinberg, A.D., Duncan, D.D., Hedrick, S.M., Dutton, R.W. ve Huston, G., 1991. Helper T cell subsets: phenotype, function, and the role of lymphokines in regulating their development. **Immunol.Rev.**, 123: 115.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. ve Kumar, S., 2011. MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular Biology and Evolution**, 28(10): 2731-2739.
- Thorpe, R.S. 1983. A biometric study of the effects of growth on the analysis of geographic variation: Tooth number in Green geckos (Reptilia: Phelsuma). **Journal of Zoology**, 201(1): 13-26.
- Tringali, M.D, Bert, T.M., Seyoum, S., Bermingham, E. ve Bartolacci, D., 1999. Molecular phylogenetics and ecological diversification of the transisthmian fish genus *Centropomus* (Perciformes: Centropomidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 13: 193 – 207.
- Tudela, S., 1999. Morphological variability in a Mediterranean, genetically homogeneous population of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*. **Fisheries Research**, 42(3): 229-243.
- Tuncay, D., Tuncay, S.S., Yılmaz, C. ve Bardakci, F., 2014. Population Genetic Structure of red mullet (*Mullus barbatus* L.) in Turkish Sea Based on Mitochondrial DNA. Front. Mar. Sci. Conference Abstract: IMMR International Meeting on Marine Research 2014.
- Turan, C., Carvalho, G.R. ve Mork, J., 1997. Molecular Genetic Analysis of Atlanto-Scandian Herring (*Clupea harengus*) Populations Using Allozymes and Mitochondrial DNA Markers. **J. Mar. Biol. Assoc.**, 78: 269-283.

- Turan, C., 1999. A note on the examination of morphometric differentiation among fish populations: the truss system. **Turkish Journal of Zoology**, 23(3): 259-264.
- Turan, C., 2000a. Balıkçılıkta Stok Kavramı ve Genetik Düşüncesinin Önemi. IV. Su Ürünleri Sempozyumu, 233-250, Erzurum.
- Turan, C., 2000b. Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler. IV. Su Ürünleri Sempozyumu, Erzurum, 151-152.
- Turan, C. ve Başusta, N., 2001. Comparison of morphometric characters of twaite shad (*Alosa fallax nilotica*, Geoffroy Saint-Hilaire, 1808) among three areas in Turkish seas. **Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture**, 362-363: 1027-1035.
- Turan, C., 2002. **Genetik**. Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı, Yayın No: 2, Hatay, 169 s.
- 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., Oral, M., Öztürk, B. ve Düzgüneş, E., 2006. Morphometric and meristic variation between stocks of Bluefish (*Pomatomus saltatrix*) in the Black, Marmara, Aegean and northeastern Mediterranean Seas. **Fisheries Research**, 79(1): 139-147.
- Turan, C. (Ed.), Öztürk, B., Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Keskin, Ç., Uygur, N., 2007. **Türkiye kemikli deniz balıkları atlası ve sistematığı**. (ISBN: 978-9944-73-018-1). Nobel Yayınevi, Adana, Turkey.
- Uçkun, D. (2005). Edremit Körfezi'nde Triglidae Familyası (Kırlangıç Balıkları)'na Ait Türlerin Yaş ve Büyüme Özelliklerinin İncelenmesi. **Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 22(3-4): 363-369.
- Vallisneri, M., Stagioni, M., Montanini, S. ve Tommasini, S., 2011. Body size, sexual maturity and diet in *Chelidonichthys lucerna* (Osteichthyes: Triglidae) from the Adriatic Sea, north eastern Mediterranean. **Acta Adriatica**, 52(1): 141-147.
- Villaluz, A.C. ve MacCrimmon, H.R. 1988. Meristic variations in milkfish *Chanos chanos* from Philippine waters. **Marine Biology**, 97(1): 145-150.
- Wallace, D. C., 1986. Mitochondrial genes and diseases. **Hospital practice**, 21: 77-92.
- Ward, R.D., Woodwark, M. ve Skibinski, D.O.F., 1994. A comparison of genetic diversity levels in marine, fresh-water and anadromous fishes. **Journal of Fish Biology**, 44: 213-232.
- Watson, J. D., M. Gilman, J. Witkowski and M. Zoller. 1992. The polymerase chain reaction. **In: Recombinant DNA**. Second Edition. New York. 79-98.
- Wheeler, A., 1969. The fishes of the British Isles and North-West Europe. Macmillan, London. 613 s.
- Whitehead, P.J.P., Bauchot, M.L., Hureau, J.C., Nielsen, J. ve Tortonese, E. (Eds), 1986. Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean. Paris: UNESCO. 1473 s.
- Wilson, A.C., Cann, R.L., Carr, S.M., George, M., Gyllensten, U.B., Helmbychowski, K.M., Higuchi, R.G., Palumbi, S.R., Prager, E.M., Sage, R.D. ve Stoneking, M., 1985. Mitochondrial-DNA and two perspectives on evolutionary genetics. **Biological Journal of the Linnean Society**, 26: 375-400.
- Winans, G.A., 1984. Multivariate morphometric variability in Pacific salmon: Technical demonstration. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 41(8): 1150-1159.

- Yap, B.C., Yong, D.G ve Poon, W.C., 2010. How Well do financial ratios and multiple discriminant analysis predict company failures in Malaysia. **International Research Journal of Finance and Economics**, 54: 166-175.
- Xiaodong, D., Zian, C., Yüewen, D., Qingheng, W. ve Ronglian, H., 2008. Genetic diversity and population structure of the peanut worm (*Sipunculus nudus*) in Southern China as inferred from mitochondrial 16S rRNA sequences. **The Israeli journal of aquaculture**, 60(4): 237.

ÖZGEÇMİŞ

1986 yılında Tarsus'ta doğdu. İlk, Orta ve Lise öğrenimini Ankara'da tamamladı. 2005 yılında başladığı Mersin Üniversitesi Silifke Meslek Yüksekokulu Su Ürünleri bölümünden, Şubat 2008'de mezun oldu. 2009 yılında DGS ile yerleştiği Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden, 2012 yılında Su Ürünleri Mühendisi ünvanıyla mezun oldu. 2012 yılında başladığı Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı'nda halen yüksek lisans eğitimine devam etmektedir.