



T.C
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

**TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN SCOMBRIDAE FAMILİYASINA
AİT TÜRLERİN MOLEKÜLER FİLOGENETİĞİ**

DİLRUBA SEYHAN

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Antakya/HATAY

AĞUSTOS-2013



T.C
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN SCOMBRIDAE FAMILİYASINA
AİT TÜRLERİN MOLEKÜLER FİLOGENETİĞİ

DİLRUBA SEYHAN

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Antakya/HATAY

AĞUSTOS – 2013

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Dilruba SEYHAN

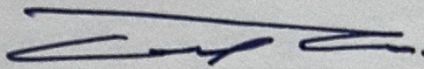
T.C
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN SCOMBRIDAE FAMILİYASINA AİT
TÜRLERİN MOLEKÜLER FİLOGENETİĞİ**

**Dilruba SEYHAN
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

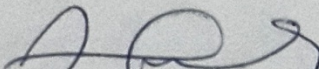
SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

Prof. Dr. Cemal TURAN danışmanlığında hazırlanan bu tez 12/08/2013 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından oy birliği/oyçokluğu ile kabul edilmiştir.



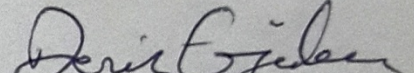
Prof. Dr. Cemal TURAN

Başkan



Prof. Dr. Hasan Hüseyin ATAR

Üye



Doç. Dr. Deniz ERGÜDEN

Üye

Bu tez Enstitümüz Su Ürünleri Anabilim Dalında hazırlanmıştır.

Kod No: 671

Doç. Dr. İsmail Hakkı KARAHAN
Enstitü Müdürü

Bu çalışma M.K.Ü. Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu ve TUBİTAK tarafından desteklenmiştir.

BAP Proje No: 8420
TUBİTAK PROJE NO:111T481

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

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET	IV
ABSTRACT	V
SİMGELERVE KISALTMALAR DİZİNİ	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ	VII
ŞEKİLLER DİZİNİ	VIII
1. GİRİŞ	1
1.1. Türkiye Denizlerinde Bulunan Scombridae Familyasına Ait Türler Ve Sistematikteki Yerleri	4
1.1.1. <i>Thunnus thynnus</i> (Linnaeus, 1758).....	5
1.1.2. <i>Thunnus alalunga</i> (Bonnaterre, 1788).....	5
1.1.3. <i>Euthynnus alletteratus</i> (Rafinesque, 1810).....	5
1.1.4. <i>Katsuwonus pelamis</i> (Linnaeus, 1758).....	6
1.1.5. <i>Auxis rochei</i> (Risso, 1810).....	6
1.1.6. <i>Sarda sarda</i> (Bloch, 1793).....	6
1.1.7. <i>Orcynopsis unicolor</i> (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817).....	6
1.1.8. <i>Scomber scombrus</i> (Linnaeus, 1758).....	6
1.1.9. <i>Scomber japonicus</i> (Houttuyn, 1782).....	6
1.1.10. <i>Scomberomorus commerson</i> (Lacepède, 1800).....	6
1.2. Scombridae Familyasındaki Türlerin Biyo-Ekolojik Özellikleri.....	7
1.3. Türkiye Denizlerinde Bulunan <i>Scombrid</i> 'ler ve Biyolojileri.....	9
1.3.1. <i>Thunnus thynnus</i> (Linnaeus, 1758) (Orkinos-Ton Balığı).....	9
1.3.2. <i>Thunnus alalunga</i> (Bonnaterre, 1788) (Tulina).....	10
1.3.3. <i>Katsuwonus pelamis</i> (Linnaeus, 1758) (Çizgili Tonito).....	12
1.3.4. <i>Orcynopsis unicolor</i> (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) (Akpalamut)...	13
1.3.5. <i>Sarda sarda</i> (Bloch, 1793) (Palamut).....	14
1.3.6. <i>Euthynnus alletteratus</i> (Rafinesque, 1810) (Yazılı Orkinos).....	15
1.3.7. <i>Auxis rochei</i> (Risso, 1810) (Gobene).....	16
1.3.8. <i>Scomber japonicus</i> (Houttuyn, 1782) (Kolyoz).....	17
1.3.9. <i>Scomber scombrus</i> (Linnaeus, 1758) (Uskumru).....	18
1.3.10. <i>Scomberomorus commerson</i> (Lacepède, 1800)(Ceylan Palamutu).	19

1.4. Türlerin Ekonomik Önemleri Ve Ülkemizdeki Avcılık Durumları.....	20
1.5. Filogenetik.....	23
1.6. Filogenetik Çalışmalarda Nükleer DNA (nDNA) ve Mitokondriyal DNA (mtDNA).....	24
1.6.1. Nükleer DNA (nDNA).....	24
1.6.2. Mitokondriyal DNA (mtDNA).....	24
1.7. Genetik Çalışmalarda Kullanılan Mitokondriyal Genler.....	26
1.7.1. Sitokrom C Oksidaz Genleri (COX I,II,III).....	27
1.8. Türlerin Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler.....	28
1.8.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	32
1.8.2. DNA Dizileme Metodu (Sequencing).....	33
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	35
3. MATERYAL VE YÖNTEM	40
3.1. Materyal.....	40
3.1.1. Örneklem Bölgelele.....	40
3.1.2. Kullanılan Araç Ve Gereçlele.....	40
3.2. Yöntem.....	41
3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi Ve Korunması.....	41
3.2.2. Genetik İnceleme.....	41
3.2.2.1. Toplam Genomik DNA İzolasyonu.....	41
3.2.2.2. Genomik DNA'nın Kalite ve Miktarının Belirlenmesi.....	42
3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile COI Geninin Çoğaltılması..	43
3.2.2.4. DNA Dizileme Analizi.....	43
3.2.2.5. Filogenetik Ağaç Oluşturmada Kullanılan Karakter Temelli ve Mesafe Temelli Yöntemlele.....	44
3.2.2.5.1. Maximum Parsimony Metodu.....	44
3.2.2.5.2. Maximum Likelihood Metodu.....	44
3.2.2.5.3. Bayes Metodu.....	45
3.2.2.5.4. UPGMA Metodu.....	45
3.2.2.5.5. Neighbour Joining Metodu.....	45

4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA	46
4.1. Bulgular.....	46
4.1.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi.....	46
4.1.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile <i>COI</i> Bölgesinin Çoğaltılması.....	46
4.1.3. <i>COI</i> Gen Bölgesinin DNA Dizilerinin Belirlenmesi.....	47
4.1.4. DNA Dizileme Analizi.....	47
4.1.5. Filogenetik Analiz.....	47
5. SONUÇ ve ÖNERİLER	70
KAYNAKLAR	72
TEŞEKKÜR.....	86
ÖZGEÇMİŞ	87

ÖZET

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN SCOMBRIDAE FAMILİYASINA AİT
TÜRLERİN MOLEKÜLER FİLOGENETİĞİ

Bu çalışmada Türkiye denizlerinde bulunan ve ekonomik değeri oldukça yüksek olan *Scombridae* familyasına ait dokuz türün (*Scomberomorus commerson*, *Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga*, *Thunnus thynnus*) birbirleriyle olan genetik farklılıklarının belirlenmesi ve filogenetik ilişkilerinin şeklinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Moleküler filogenetik analizde mitokondriyal *COI* bölgesinin nükleotid dizileme analizi yapılmış ve DNA dizilerinin farklılığından elde edilen genetik farklılığın tespitinde Kimura 2 parameter modeli kullanılmıştır. Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonunda G-C bazlarının oranlarına bakıldığında değerlerin % 49,4-45,9 arasında değişkenlik gösterdiği saptanmış ve ortalama G-C oranı % 47,5 olarak belirlenmiştir. A-T bazlarının oranı ise % 54,1 ile % 50,6 arasında değişkenlik göstermiş iken ortalama A-T oranı % 52,6 olarak bulunmuştur. Bunun yanı sıra T bazının oranı % 28,4 ile % 29,8 oranında değişirken ortalama T oranı % 27 olarak, A bazının oranı % 23 ile % 24,4 arasında değişirken ortalama 23,6 olarak saptanmıştır. C bazının oranı % 28,1 ile % 30 oranında değişirken ortalama %28,7 olarak ve son olarak G oranları % 17,7 ile % 19,4 arasında değişirken ortalama 18,8 olarak saptanmıştır.

634 bç olarak incelenen *COI* bölgesinin 457 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken, 177 bç'lik bölge ise türler arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 175 bç'lik bölge ise türler arasında belirteç görevi görmüştür. Türler arası ortalama genetik çeşitlilik 0,117 olarak hesaplanırken, tür içi ortalama genetik çeşitlilik ise 0,002 olarak gözlenmiştir. *COI* bölgesinin türler arasındaki genetik değişim oranlarına bakıldığında *K. pelamis* ve *E. alletteratus* türlerinde bir değişim gözlenmezken en büyük değişim oranının *S. commerson* türünde olduğu gözlenmiştir.

Türler arasındaki ortalama genetik uzaklık değerlerine bakıldığında en düşük genetik uzaklık *T. alalunga* ve *T. thynnus* türleri arasında (0,005) bulunurken *S. japonicus* ile İndopasifik kökenli *S. commerson* türleri arasındaki genetik uzaklık 0,201 ile en yüksek olarak hesaplanmıştır.

Türler arasındaki moleküler filogenetik ilişkiyi tespit etmek amacıyla Neighbour Joining (NJ), Minimum Evolution (ME) ve Max. Parsimony (MP) Metodları kullanılarak filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. Elde edilen ağaçlar incelendiğinde, ağaçların 2 ana dala ayrıldığı, bu dallardan ilkinin *Scombrini* soy hattı oluştururken diğer dalların *Thunnini*, *Sardini* ve *Scomberomorini* soy hatlarından oluştuğu gözlenmiştir.

2013, 87 sayfa

Anahtar Kelimeler: Scombridae, Filogenetik, DNA Dizileme Analizi, *COI*

ABSTRACT

MOLECULAR PHYLOGENY OF THE SPECIES BELONGING TO
SCOMBRIDAE FAMILY IN TURISH WATERS

In this study genetic structure and phylogenetic relationship of the nine species (*Scomberomorus commerson*, *Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga*, *Thunnus thynnus*) which have high economic value and belonging Scombridae family in Turkish waters were investigated.

Nucleotide sequence analysis of mitochondrial DNA *COI* region was used for molecular phylogenetic analysis, and Kimura-2 parameter model was used in the determination of genetic differences. As a result of sequencing the nucleotide compositions obtained were varied between % 49.4 - % 45.9 for the ratio of G-C, and average ratio of G-C was % 47.5 The ratio of A-T showed variability between % 54.1 to % 50.6, while the average A-T ratio was found to be % 52.6. On the other hand while the ratio of T was varied between %28.4 and %29.8 and average ratio of T was found %27, the ratio of A was varied between % 23 and % 24.4 and average ratio of A was found as 23.6. The ratio of C was varied between % 28.1 and % 30 and average ratio of C was found %28.7 and the ratio of G was varied between % 17.7 and % 19.4 and average ratio of A was found as 18.8.

COI region was found as 634 base pair and composed 457 base pair as conserved sites and 177 base pair as variable sites. 175 base pair seen as a indicator between species. Mean evolutionary diversity between species is calculated as 0.117 and mean evolutionary diversity within species calculated as 0.002. The evolution divergence of the *COI* region between species has the highest value for *S. commerson* and no evolutionary changes were observed for *K. pelamis* and *E. alletteratus*.

Genetic distance analysis showed that the highest nucleotide differences was observed between Indo- Pasific originated *S. commerson* and *S. japonicus* (0.201) and the lowest nucleotide differences was observed between *T. alalunga* and *T. thynnus* (0.005).

In order to identify molecular phylogenetic relationship between species, phylogenetic trees were formed using Neighbor Joining (NJ), Minimum Evolution (ME) and Max. Parsimony (MP) Methods. To ensure the reliability of the creation of phylogenetic trees, 1000 repeated bootstrap tests were performed. It is observed that the phylogenetic trees have two main branches and while the first main branch is composed of tribus *Scombrini*, the second one is composed of tribus *Thunnini*, *Sardini* and *Scomberomorini*.

2013, 87 pages

Key word: Scombridae, Phylogenetic, DNA Sequencing, *COI*

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

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

Kısaltmalar

DNA	:Deoksiribonükleik asit
rRNA	:Ribozomal RNA
tRNA	:Transfer RNA
mRNA	:Messenger RNA
MgCl₂	:Magnezyum Klorür
NaCl	:Sodyum klorür
HCl	:Hidroklorik asit
EDTA	:Etilendiamin tetraasetikasit
OD	:Optic density; Optik yoğunluk
TNES	:Tris-NaCl-EDTA-SDS
SDS	: <i>Sodyum dodesil sülfat</i>
TE	:Tris-EDTA
TBE	:Tris/Borate/EDTA

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Türkiye denizlerinde bulunan Scombrid türlerinin Akdeniz için üreme dönemleri.....	8
Çizelge 3.1. Türlerin örnekleme bilgileri.....	40
Çizelge 4.1. Türler için nükleotid kompozisyonu (%).....	50
Çizelge 4.2. Nükleotid çifti frekansları.....	51
Çizelge 4.3. <i>COI</i> geninin türler ortalama çeşitlilik oranı.....	52
Çizelge 4.4. Türler arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri	55
Çizelge 4.5. Örneklerin birbiriyle olan genetik uzaklık indeksleri	56

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. <i>Scombrid</i> 'lerin sınıflandırılması (Collette ve Nauen, 1983).....	2
Şekil 1.2. Ülkemiz sularında bulunan <i>Scombrid</i> 'ler.....	5
Şekil 1.3. <i>Thunnus thynnus</i> (Linnaeus, 1758) (Collette ve Nauen, 1983).....	9
Şekil 1.4. <i>Thunnus alalunga</i> (Bonnaterre, 1788)(Collette ve Nauen, 1983).....	10
Şekil 1.5. <i>Katsuwonus pelamis</i> (Linnaeus, 1758) (Collette ve Nauen, 1983).....	12
Şekil 1.6. <i>Orcynopsis unicolor</i> (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) (Collette ve Nauen, 1983).....	13
Şekil 1.7. <i>Sarda sarda</i> (Bloch, 1793) (Collette ve Nauen, 1983).....	14
Şekil 1.8. <i>Euthynnus alletteratus</i> (Rafinesque, 1810) (Collette ve Nauen, 1983)....	15
Şekil 1.9. <i>Auxis rochei</i> (Risso, 1810) (Collette ve Nauen, 1983).....	16
Şekil 1.10. <i>Scomber japonicus</i> (Houttuyn, 1782) (Collette ve Nauen, 1983).....	17
Şekil 1.11. <i>Scomber scombrus</i> (Linnaeus, 1758) (Collette ve Nauen, 1983).....	18
Şekil 1.12. <i>Scomberomorus commerson</i> (Lacepède, 1800) (Collette ve Nauen, 1983).....	19
Şekil 1.13. Ülkemiz sularında bulunan <i>Scombrid</i> türlerin Atlantik Okyanusu'nda ki toplam avcılığı (ICCAT, 2013).....	21
Şekil 1.14. Ülkemiz sularında bulunan <i>Scombrid</i> türlerinin toplam avcılığı (TÜİK, 2011).....	22
Şekil 1.15. Ülkemiz sularındaki <i>Scombrid</i> avcılığının dünya <i>Scombrid</i> avcılığına oranları.....	23
Şekil 1.16. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi (Meyer, 1993).....	26
Şekil 4.1. Ekstraksiyonu yapılan total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü.....	46
Şekil 4.2. mtDNA COI geninin PCR ile çoğaltıldıktan sonra agaroz jel üzerinde kontrolü.....	46
Şekil 4.3. DNA dizilim analizi sonucu elde edilen COI gen bölgesinin parça kromatografisinden bir örnek.....	47
Şekil 4.4. Neighbor Joining (NJ) metoduna göre COI dizileme analizi sonucu oluşturulan filogenetik ağaç.....	57
Şekil 4.5. Neighbor Joining (NJ) metoduna göre COI dizileme analizi sonucu oluşturulan dış gruplu filogenetik ağaç.....	57

Şekil 4.6. Maximum parsimony metoduna göre <i>COI</i> dizileme analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç.....	63
Şekil 4.7. Maximum parsimony metoduna göre <i>COI</i> dizileme analizi sonucu elde edilen dış gruplu filogenetik ağaç.....	64
Şekil 4.8. Min. Evolution (ME) metoduna göre <i>COI</i> dizileme analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç.....	65
Şekil 4.9. Min. evolution (ME) metoduna göre <i>COI</i> dizileme analizi sonucu elde edilen dış gruplu filogenetik ağaç.....	66

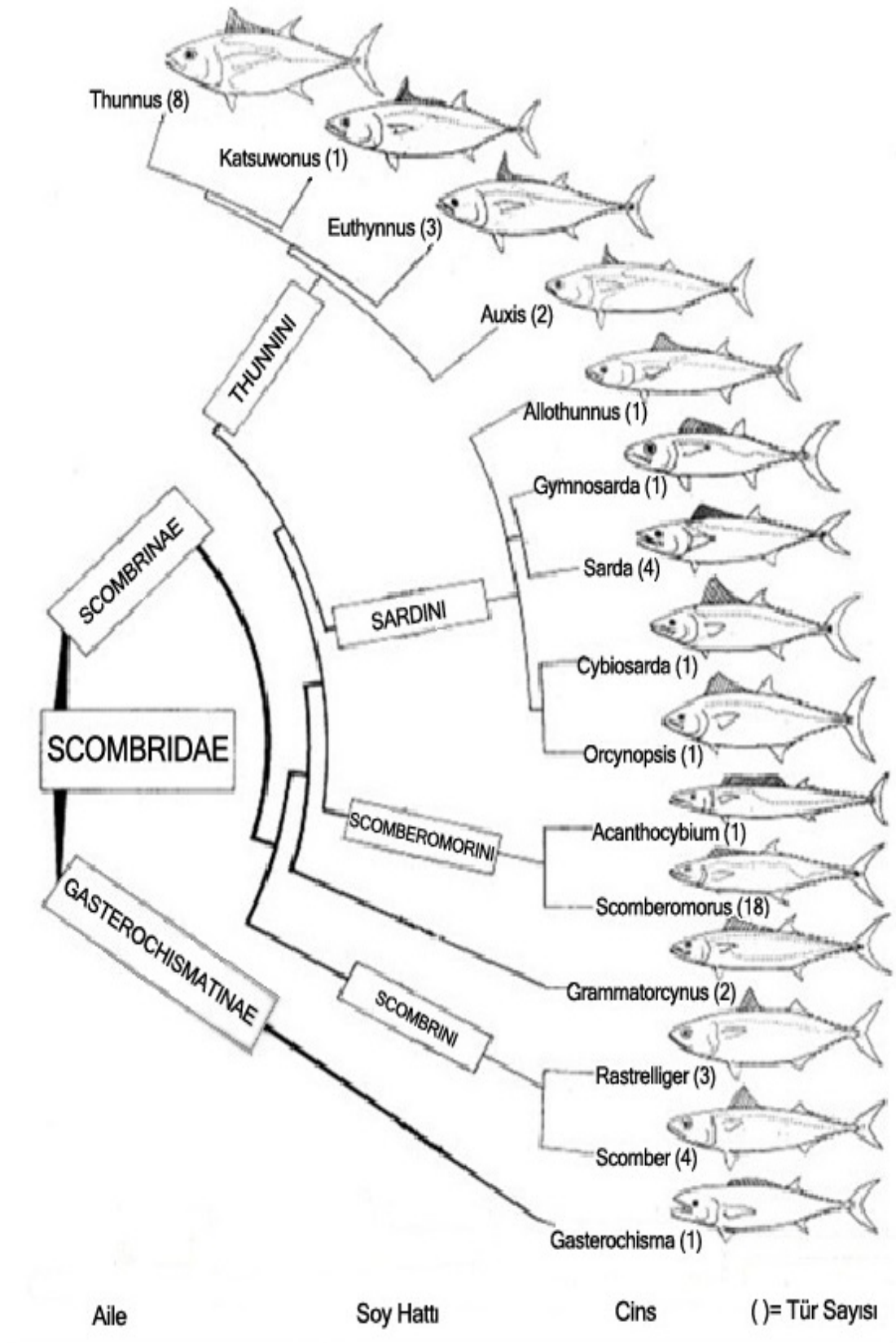
1.GİRİŞ

Scombridae familyası üyeleri; ekonomik değeri yüksek, dünyada ve ülkemiz sularında yoğun avcılık baskına maruz kalan türler arasındadır. 1950’li yıllarda 0,6 milyon ton toplam üretimi olan bu familyaya ait türlerin günümüzde avcılık ve yetiştiricilik yoluyla yapılan toplam üretimi ise altı milyon tonun üzerindedir. Dünya balıkçılık üretiminin yaklaşık %4-5’ini bu familya bireylerinin oluşturduğu düşünülmektedir. Her biri ayrı bir öneme ve pazara sahip bu türlerin içinden konserve balık, sushi ve sashimi yapımında kullanılan Uskumrular (*Scombrini*) ve Tunalar (*Thunnini*) ise ayrı bir öneme sahiptirler.

Bu familyanın üyeleri Japonya’da geleneksel kültürlerinin bir parçası olan sushi ve sashimi yapımında kullanılan çiğ deniz ürünlerinin en temel gıda maddesini oluşturmakta ve yıllık tüketimleri 600 bin tonu geçmektedir. Tunalardan birincil derecede pazar payına sahip 7 tür bulunmaktadır. Bunların üçünü Mavi Yüzgeçli Orkinoslar; *Thunnus thynnus*, *Thunnus orientalis* ve *Thunnus maccoyi* oluştururken diğerlerini, Çizgili Tonito (*Katsuwonus pelamis*), Sarı Yüzgeçli Orkinos (*Thunnus albacares*) Büyük Gözlü Orkinos (*Thunnus obesus*) ve Tulina (*Thunnus alalunga*) oluşturmaktadır.

70 ülkenin üzerinde kendine geniş bir pazar oluşturan bu familya 15 cins ve 51 türden oluşmaktadır (Klawe, 1977; Collette ve Nauen, 1983; Collette, 2001) (Şekil 1). *Scombridae* familyasına ait türlerin çoğu kozmopolit olup, tropikal ve subtropikal sularda dağılım göstermektedirler. Scombridler yaşamlarının çoğunu su yüzeyine yakın ve neritik zonlarda geçirirler de pelajik bölgelerin dışında da dağılım gösterebilmektedirler (Suziki ve ark., 1977; Lee, 1982; Block ve ark., 2005). Her biri mükemmel bir yüzücü olan *Scombridae* familyası türlerinin tamamı beslenme ve üreme amacıyla mevsimsel ve devamlı olarak göç etmektedirler (Ortiz ve ark., 2003).

İyi birer yüzücü olmalarının yanında pelajik habitatların birincil predatörlerinden olan Scombridlerin bu anlamda ekosistemdeki yerleri oldukça önemlidir. İnsan beslenmesindeki öneminin yanı sıra denizel besin zincirinde kilit rolünde olması bu türlerinin önemini daha da arttırmaktadır (Böhlke ve ark., 1968; Helfman ve ark., 1997).



Şekil 1.1. *Scombrid*'lerin sınıflandırılması (Collette ve Nauen, 1983)

Tüm dünyada yoğun talebi bulunan bu türlerin Türkiye sularında bilinen 10 türü bulunmaktadır (Turan ve ark., 2007). Bunlardan; *Auxis rochei* (Risso, 1810) , *Euthynnus alletteratus* (Rafinesque, 1810), *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758), *Orcynopsis unicolor* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817), *Sarda sarda* (Bloch, 1793), *Scomber japonicus* (Houttuyn, 1782), *Scomber scombrus* (Linnaeus, 1758), *Thunnus alalunga* (Bonnaterre, 1788) ve *Thunnus thynnus* (Linnaeus, 1758) Atlantik kökenli olup, *Scomberomorus commerson* (Lacepède, 1800) ise Kızıldeniz göçmenidir. İndo-pasifik kökenli bir başka Scombrid türü olan *Rastrelliger kanagurta*'nın Akdeniz' de bildirimi Collette (1970) tarafından yapılmış olmasına rağmen ülkemiz sularında henüz bildirimi yapılmamıştır. Bunun dışında Kızıldeniz, Hint Okyanusu, Pasifik Okyanusu ve Atlantik Okyanusu'nda kozmopolit dağılım gösteren *Acanthocybium solandri* (Cuvier, 1832) türünün de Akdeniz'de bildirimi yapılmıştır ancak göç yolunun Süveyş Kanalı mı yoksa Cebelitarık Boğazı mı olup olmadığı bilinmemekle birlikte Akdeniz'de nadir olarak bulunmaktadır (Collette ve Nauen, 1983; Romeo ve ark., 2005). Akdeniz'de varlığı bilinen bir başka Scombrid türü olan *Scomberomorus tritor* (Cuvier, 1832) ise Fransa ile İtalya sularında yapılan bildirimi (Collete ve Russo, 1979; Collette ve Nauen, 1983) dışında Akdeniz' de başka kaydı bulunmamaktadır.

Ülkemiz denizlerinde bulunan lessepsiye ve Akdeniz kökenli Scombrid türlerinin genetik yapılarının belirlenmesi ve filogenetik yönden incelenmesi, bu türlerin evrimsel olarak değişiminin ortaya konması ve türler arasındaki genetik benzerliklerin bilinmesi de İndo-pasifik göçlere açık olan Akdeniz suları için oldukça önemlidir.

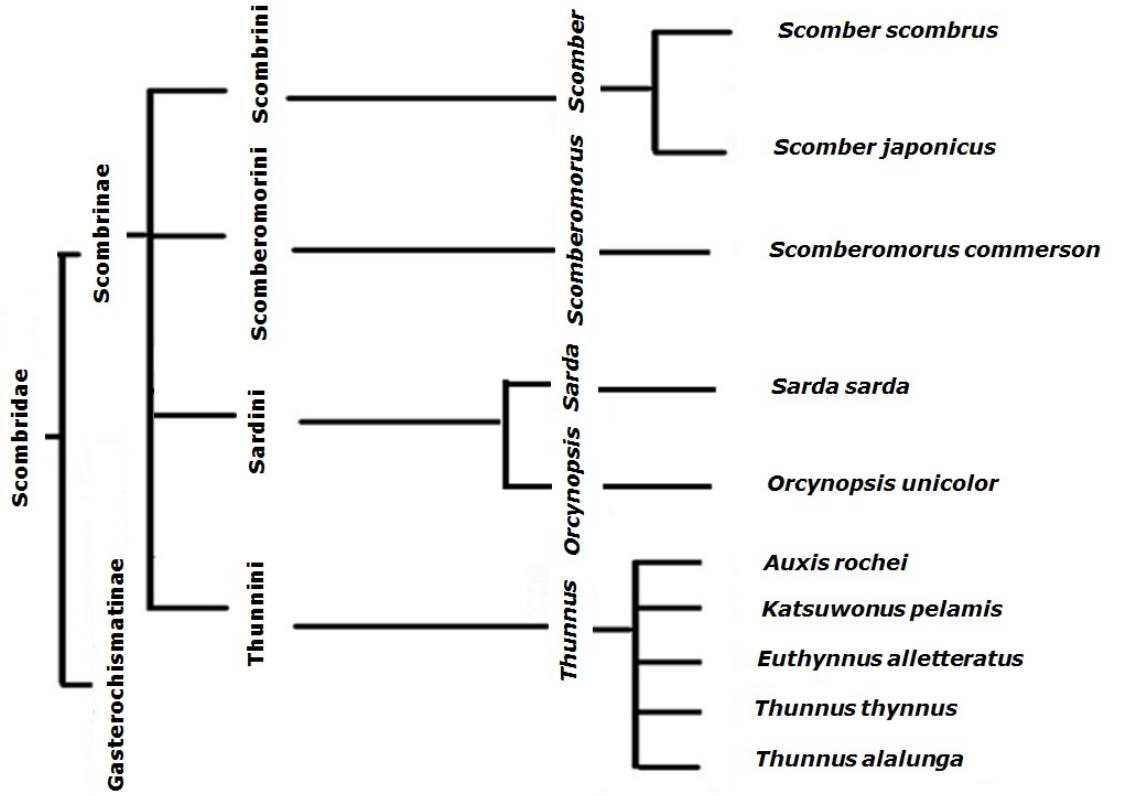
Bu çalışma ile denizlerimizde yaygın olarak avlanan ve ekonomik değeri yüksek olan bu Scombrid türlerinin (*Scomberomorus commerson*, *Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga*, *Thunnus thynnus*), COI (Cytochrome oksidase subunit I) geni kullanılarak, DNA-Dizi analizi tekniği ile genetik yapılarının incelenmesi ve türler arasındaki genetik ilişki araştırılmıştır. Böylelikle bu türlerin evrimsel olarak değişiminin ortaya konması ve türler arasındaki genetik benzerliklerine ışık tutulmaya çalışılmıştır.

1.1.Türkiye Denizlerinde Bulunan *Scombridae* Familyasına ait Türler ve Sistematikteki Yerleri

Scombrid'lerin sistematigi günümüze kadar pek çok çalışmanın konusunu oluşturmuşlardır. Perciformes takımına ait *Scombrid*'lerin ilk olarak 15 cins ve 49 türden oluştuğu bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983). Collette ve Nauen (1983)'in yaptığı çalışmalardan sonra pek çok sistematik çalışma gündeme gelmiş ancak güncelliğini koruyan ve kabul gören sistematik çalışma yine Collette tarafından (2001) yapılan çalışma olarak kabul edilmektedir. Collette ve ark. (2001) yaptığı bu çalışma ile daha önce 7 türle ifade ettikleri *Thunnus* cinsindeki tür sayısını *Thunnus orientalis* türünü de ekleyerek 8 olarak bildirmişlerdir. Daha sonraları yapılan filogenetik çalışmalarda ise 3 türle ifade edilen *Scomber* cinsine ait tür sayısı 4'e çıkarılmıştır. Birbirinin sinonimi olarak bildirilen *S. japonicus* ve *S. colias*'ın farklı türler oldukları bildirilmiş (Collette, 1999; Infante ve ark., 2007) ve böylelikle *Scombridae* familyasına ait türlerin sayısı 51'e yükselmiştir.

Scombridae familyası iki alt familyaya ayrılmaktadır. Bu alt familyalardan *Gasterochismatinae* tek cins ve tek türden oluşurken diğer alt familya olan *Scombrinae* ise 4 soy hattı, 14 cins ve 50 türden oluşmaktadır. *Thunnus*, *Katsuwonus*, *Euthynnus* ve *Auxis* cinsleri *Thunnini* soy hattını; *Allothunnus*, *Gymnosarda*, *Sarda*, *Cybiosarda* ve *Orcynopsis* cinsleri *Sardini* soy hattını oluşturlar. *Acanthocybium* ve *Scomberomorus* cinsleri İspanyol uskumruları olarak bilinen *Scomberomorini* soy hattını ve son olarak *Rastrelliger* ve *Scomber* cinsleri ise gerçek uskumrular olarak bilinen *Scombrini* soy hattını oluşturmaktadırlar (Collette ve Chao, 1975; Collette, 1979; Collette ve Nauen, 1983; Collette, 1999; 2001).

Scombridae familyasının ülkemiz suları içerisinde 8 cins ve 10 türü bulunur (Turan ve ark., 2007). Bunlardan *Auxis rochei* (Risso, 1810) , *Euthynnus alletteratus* (Rafinesque, 1810), *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758), *Orcynopsis unicolor* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817), *Sarda sarda* (Bloch, 1793), *Scomber japonicus* (Houttuyn, 1782), *Scomber scombrus* (Linnaeus, 1758), *Thunnus alalunga* (Bonnaterre, 1788) ve *Thunnus thynnus* (Linnaeus, 1758) Atlantik kökenli olup, *Scomberomorus commerson* (Lacepède, 1800) ise Kızıldeniz göçmenidir (Şekil 1.1)



Şekil 1.2. Ülkemiz sularında bulunan *Scombrid*'ler (Collette ve Nauen, 1983'den modifiye edilmiştir.)

1.1.1. *Thunnus thynnus* (Linnaeus, 1758)

Soy hattı : Thunnini
Cins : *Thunnus*
Tür : *Thunnus thynnus*

1.1.2. *Thunnus alalunga* (Bonnaterre, 1788)

Soy hattı : Thunnini
Cins : *Thunnus*
Tür : *Thunnus alalunga*

1.1.3. *Euthynnus alletteratus* (Rafinesque, 1810)

Soy hattı : Thunnini
Cins : *Thunnus*

Tür : *Euthynnus alletteratus*

1.1.4. *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758)

Soy hattı : Thunnini

Cins : *Thunnus*

Tür : *Katsuwonus pelamis*

1.1.5. *Auxis rochei* (Risso, 1810)

Soy hattı : Thunnini

Cins : *Thunnus*

Tür : *Auxis rochei*

1.1.6. *Sarda sarda* (Bloch, 1793)

Soy hattı : Sardini

Cins : *Sarda*

Tür : *Sarda sarda*

1.1.7. *Orcynopsis unicolor* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817)

Soy hattı : Sardini

Cins : *Sarda*

Tür : *Orcynopsis unicolor*

1.1.8. *Scomber scombrus* (Linnaeus, 1758)

Soy hattı : Scombrini

Cins : *Scomber*

Tür : *Scomber scombrus*

1.1.9. *Scomber japonicus* (Houttuyn, 1782)

Soy hattı : Scombrini

Cins : *Scomber*

Tür : *Scomber japonicus*

1.1.10. *Scomberomorus commerson*(Lacepède, 1800)

Soy hattı	: <i>Scomberomoroni</i>
Cins	: <i>Scomberomorus</i>
Tür	: <i>Scomberomorus commerson</i>

1.2. Scombridae Familyasındaki Türlerin Biyo-Ekolojik Özellikleri

Scombrid'ler tropikal ve subtropikal sularda kozmopolit dağılım gösteren ve çoğunluğu periyodik olarak göç eden balıklardır. Besin ve üreme göçü yapan bu türler aktif predatörler olarak bilinirler. *Scombrid*'lerin çoğunluğu açık denizlerde yaşamlarını sürdürürler. Ancak İspanyol uskumruları olarak bilinen *Scomberomorus* türleri beslenmek için haliçlere ve kıyı sularına giriş yaparlar ve genelde kıyı sularında yaşamlarını sürdürürler. Scombridae familyasının en kalabalık türleri olan *Scomberomus*'ların çoğu Kızıldeniz civarı olmak üzere Pasifik ve Hint Okyanuslarında dağılmış olarak bulurlar. *Sarda* ve *Euthynnus* türleri de İspanyol uskumruları gibi daha çok kıyı sularını tercih ederken *Thunnus* türleri genel olarak okyanus sularında dağılım gösterirler ve yoğun bir şekilde besin ve üreme göçü yaparlar (Collette ve Nauen, 1983). *Scombrid*'lerin vücutları uzun ve fuziform, kuyrukları ise derin çatallıdır. Çoğu aerodinamik vücutları ve geri çekilebilir yüzgeçleri sayesinde hızlı yüzmeye adapte olmuşlardır. En hızlı *Scombrid* türleri ise 75 km/s ortalama hızı ile *T. albacares* ve 77 km/s ortalama hızı ile *Acanthocybium solandri* olarak kaydedilmiştir (Block ve ark., 1992; Walters ve Fierstine, 1964).

Scombrid'lerin birbirinden ayrı iki dorsal yüzgeçleri vardır. İlk dorsal yüzgeç sert ışıklardan, ikinci dorsal yüzgeç ise yumuşak ışıklardan oluşur. Dorsal yüzgeç ve anal yüzgecin gerisinde pinnul yüzgeçleri bulunur. Çoğu türde kuyruk sapının kenarlarında iki adet, ortasında bir adet kemik bulunur. *Rastrelliger* ve *Scomber* cinslerinde adipoz göz kapağı bulunur. Omur sayıları 31 ile 66 arasında değişir (Collette ve Nauen, 1983). Çoğu *Scomber* türünde vücudun üst kısmı mavimsi-yeşilimsi desenli, alt kısmı ise gümüşü; *Scomberomorus* ve *Acanthocybium* türlerinde vücudun üst kısımları gümüşü, alt kısımları ise gümüş-siyah dikine desenlidir. *Sarda* türlerinde vücudun üst kısmında 9-11 adet siyah ve eğik çiziler bulunmakta, vücudun alt kısmı ise gümüşü renktedir. *Euthynnus* cinslerinde pelvik ve pektoral yüzgeçler arasında birkaç koyu nokta bulunur. *Katsuwonus pelamis*'in vücudunun alt kısmında 4-6 adet boyuna

koyu renkli çizgiler bulunur. Çoğu *Auxis* ve *Thunnus* türünde ise vücudun üst kısmı koyu mavi ya da koyu gri renkte olup vücutlarının alt kısımları gümüşidir (Collette ve Nauen, 1983).

Scombrid türlerinde genel olarak dişiler erkeklerden daha büyüktürler. Üreme için genelde kıyı sularına gelen bu türlerin yumurtaları pelajiktir (Collette ve Nauen, 1983). Çoğu *Scombrid* türünün üreme faaliyeti suların ısınmasıyla bahar aylarında başlar ve sonbahar aylarında son bulur. Çizelge 1.1’de ülkemiz sularında bulunan *Scombrid* türlerinin Akdeniz’de ki üreme dönemleri verilmiştir ancak Çizgili Tonitonun (*Katsuwonus pelamis*) Akdeniz’de üreme faaliyetleri için yapılan güncel bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bununla beraber henüz Akdeniz’de üreme biyolojisi üstüne bir çalışmaya rastlanmamış olan Ceylan Palamutu (*Scomberomorus commerson*)’nun üreme dönemleri Hint Okyanusu’nun çeşitli bölgelerinde Mart-Eylül ayları arasında gerçekleştiği bildirilmiştir (Kaymaram ve ark., 2010). Karnivor olan *Scombrid*’lerin besinlerini kendilerinden daha küçük olan balık türleri, kafadan bacaklılar (kalamar, sübye) ve krustesalar oluşturur (Collette ve Nauen, 1983). *Thunnini* soy hattındaki *Auxis* türleri hariç tüm türler termoregülatör sistemleri sayesinde vücut ısılarının dış ortama göre ayarlayarak çok farklı sıcaklıklardaki ortamlara adapte olabilmektedir. Bu özellikleri *Thunnini* soy hattına ait türlerin kuvvetli kas yapıları ile yakından ilgili olup vücut ısılarının su sıcaklığından daha fazla olmasını sağlar (Collette ve Nauen, 1983). Bununla birlikte *Katsuwonus*, *Auxis*, *Euthynnus* cinsine ait türlerde ve *Thunnus albacares* türünde merkezi ve yanal ısı değişimleri söz konusu olabilirken üç orkinos türü (*Thunnus thynnus*, *Thunnus orientalis* ve *Thunnus maccoyii*) merkezi ısı değişim sistemlerini kaybederek iyi gelişmiş yanal ısı değişim sistemi geliştirmişlerdir (Carey ve ark., 1971; Graham, 1973, 1975; Collette ve Nauen, 1983).

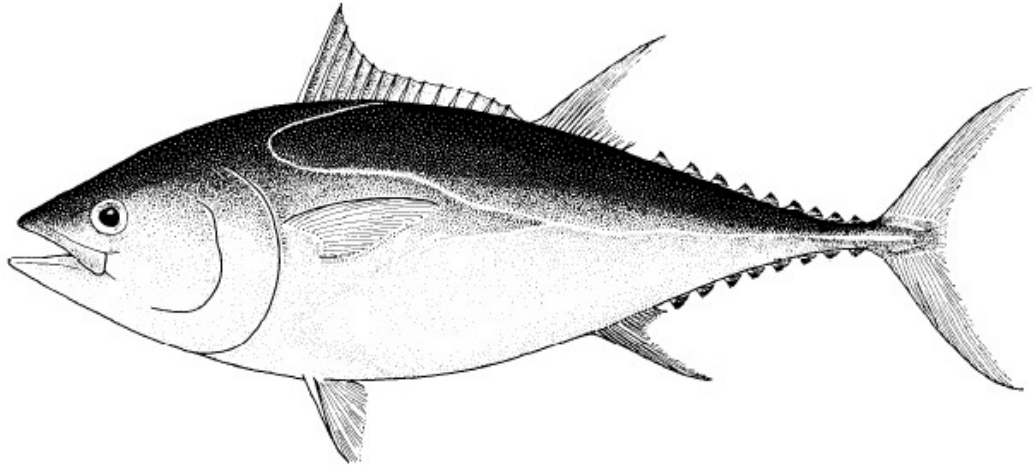
Çizelge 1.1. Türkiye denizlerinde bulunan *Scombrid* türlerinin Akdeniz için üreme dönemleri.

Türler	Akdeniz için Üreme Dönemleri	Kaynak
<i>T. thunnus</i>	Haziran- Ağustos	Megalofonou ve ark., 2002
<i>T. alalunga</i>	Mayıs- Temmuz	Karakulak ve ark., 2011
<i>E. alletteratus</i>	Mayıs- Temmuz	ICCAT, Manuel 2006

<i>K.pelamis</i>	İlkbahar –Yaz sonu	Collette ve Nauen, 1983.
<i>S. sarda</i>	Mayıs- Haziran	Demir, 1963; Macías, 2005
<i>A. rochei</i>	Haziran- Ağustos	Kahraman ve ark., 2010
<i>S. japonicus</i>	Haziran- Ağustos	Cengiz, 2012
<i>S. scombrus</i>	Mart- Nisan	Villamor ve ark., 1997
<i>O. unicolor</i>	Mayıs- Eylül	Collette ve Nauen, 1983.

1.3. Türkiye Denizlerinde Bulunan Scombridler ve Biyolojileri

1.3.1. *Thunnus thynnus* (Orkinos-Ton Balığı)



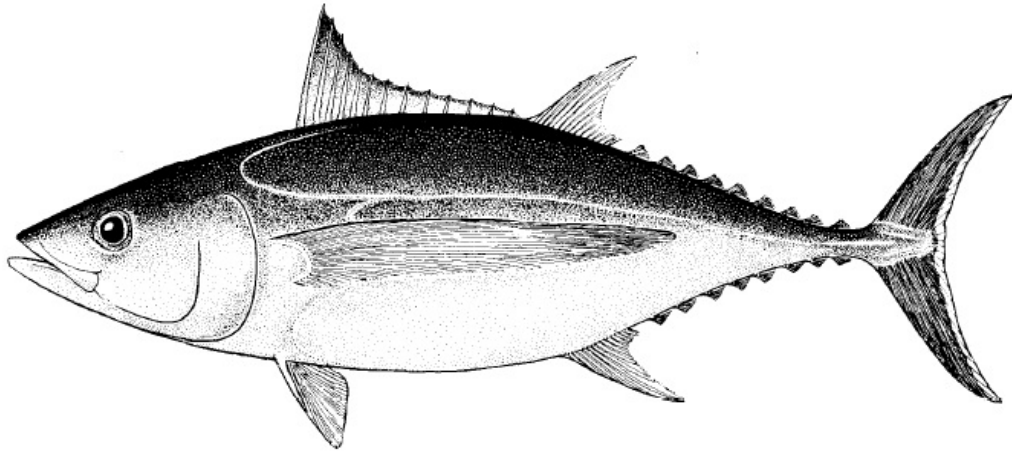
Şekil 1.3. *Thunnus thynnus* (Linnaeus, 1758) (Collette ve Nauen, 1983).

Orkinoslar ekonomik değeri oldukça yüksek balıklardır. Fusiform yapıda olup orta bölgeleri yuvarlaktır. Çok güçlü ve büyük olan bu balıklar okyanuslarda 40 yıla kadar yaşarlar. Renk karın bölgesinde gümüşü-beyaz, ilk dorsal yüzgeç sarımsı veya mavi, ikinci dorsal kırmızımsı-kahverengi, anal yüzgeç ve pinnul yüzgeçler koyu sarı, kenarlar siyahtır. Genellikle 200 cm çatal boya ve 50-200 kg ağırlığa sahip olup 300 cm ve 650 kg ağırlığa kadar olanları mevcuttur. Hızlı büyüyen orkinos juvenilleri genelde yılda 30 cm büyürler. Ticari av boyutları ise 350-400 kg civarındadır (ICCAT, 2013). Orkinoslar tüm okyanusların tropikal ve subtropikal bölgelerinde yayılım gösterirler. Bu balıklar genelde 25-30 kg ile 4-5 yaşında ve 90-100 cm boyda cinsi olgunluğa erişirler. Orkinoslar genelde pelajik sularda dağılım gösterirler ve Pasifik Okyanusu ve Atlas Okyanusu'nun subtropikal bölgelerinde bulunurlar. Yapılan ultrasonik telemetri verileri ergin bireylerin 500-1000 m derinliklerde de bulunabildiğini göstermiştir. Ergin

bireyler genelde bağımsız olarak yaşamlarını sürdürürken genç bireyler sürü oluşturmaktadırlar (Başaran ve ark., 2004). Akdeniz’de orkinos besiciliği için yapılan avcılık, Levantin Denizi’nde Mayıs–Temmuz ayları arasında, gırgır ağlarıyla gerçekleştirilir.

Ülkemizde 2002 yılında avcılık yapan tekne sayısı 28 iken, bu sayı 2003 yılında 56 ve 2004 yılında 68’e yükselmiştir (Karakulak ve ark., 2007). Bu balığın yetiştirilmek üzere avcılığı ise, genellikle Türkiye ile Kıbrıs arasında kalan sularda Nisan-Mayıs aylarında yoğun olarak yapılmakta olup, günümüzde yetiştirilmek üzere doğadan avcılığında gırgır av takımlarından faydalanılmaktadır (Anbar, 2002; Yıldırım, 2004). Akdeniz’de bu türün balıkçılık yönetimi, ICCAT (Uluslararası Atlantik Ton Balıklarını Koruma Komisyonu) tarafından yapılmaktadır. 1983 yılından itibaren avcılık yapan ülkelere uygulanan kota sınırlaması ülkemizde 2002 yılından beri uygulanmakta ve orkinos stoklarının azalmasıyla orantılı olarak düşmektedir (Perçin ve ark., 2009). 2002 yılında 2300 ton, 2003 yılında 3300 ton olan ülkemiz kotası 2007 yılında 918 tona, 2008 yılında 600 ve 2010 yılında ise 400’lü tonlara kadar indirilmiştir (Aksam, 2007; Perçin ve Akyol, 2009). 2012 yılında Akdeniz için 12.900 t toplam izin verilen av olarak belirlenmiştir (ICCAT, 2013).

1.3.2. *Thunnus alalunga* (Tulina- Uzun kanat Orkinos)



Şekil 1.4. *Thunnus alalunga* (Bonnaterre, 1788) (Collette ve Nauen, 1983).

Genelde konserve yapımında kullanılan ve ülkemizde uzun kanat orkinos veya Tulina olarak bilinen bu Tuna türü uzun pektoral yüzgeçleriyle karakterize olmuşlardır. Pektoral yüzgeçleri ergin bireylerde ikinci dorsal pinnul yüzgece kadar uzanmaktadır. Tulinalar subtropikal tüm okyanus sularında dağılım gösterirler (Collette ve Nauen, 1983; Karakulak ve ark., 2011). Epi-mezopelajik sularda yaşayan Tulinalar nadir olarak kıyı sularına yaklaşır (Alonso ve ark., 2005). Genelde derin suları tercih eden Tulinalar için sıcaklık önemli bir çevresel faktördür. Termoregülatör sistemleri sayesinde sıcaklık adaptesi fazla olan diğer Tuna türlerinin aksine Tulinalar daha soğuk suları tercih ederler (Alonso ve ark., 2005). Genelde 10-20 °C dağılım gösterebilirler kısa süreli sıcaklık değişimlerini tolere edebilirler (Graham ve Dickinson, 1981; Laurs ve Lynn, 1991; Alonso ve ark., 2005). Tulinaların maksimum boyları 127 cm olarak bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983). Bununla birlikte en fazla 15 yıl yaşadıkları tahmin edilmektedir (Le Gall, 1974, Arrizabalaga ve ark., 2002), ancak yapılan markalama deneyleri bugüne kadar kaydedilen en yaşlı bireyin 10 yaş altı olduğunu göstermektedir (Alonso ve ark., 2005).

80-90 cm boyda tamamen gelişmiş yüzme keselerine sahip olan Tulinalar (Gibbs ve Collette, 1967) maksimum 450 m derinlikte yaşarlar (Bard ve ark., 1999). Genç bireylerde henüz gelişmemiş olan yüzme kesesinin yokluğu genç bireylerin dikey göçlerini kısıtlayan faktör olarak bildirilmiştir (Alonso ve ark., 2005).

Pasifik Okyanusu'nda 90 cm çatal boyda cinsi olgunluğa ulaşan türler Atlantik Okyanusu'nda 94 cm çatal boyda ve yaklaşık 5 yaşında cinsi olgunluğa ulaşırlar (Collette ve Nauen, 1983). Nisan Eylül ayları arasında üreme faaliyeti gösteren Tulinalar kısmı yumurta ve dökerler yumurta sayısı 2-3 milyona ulaşabilir (Collette ve Nauen, 1983; Alonso ve ark., 2005).

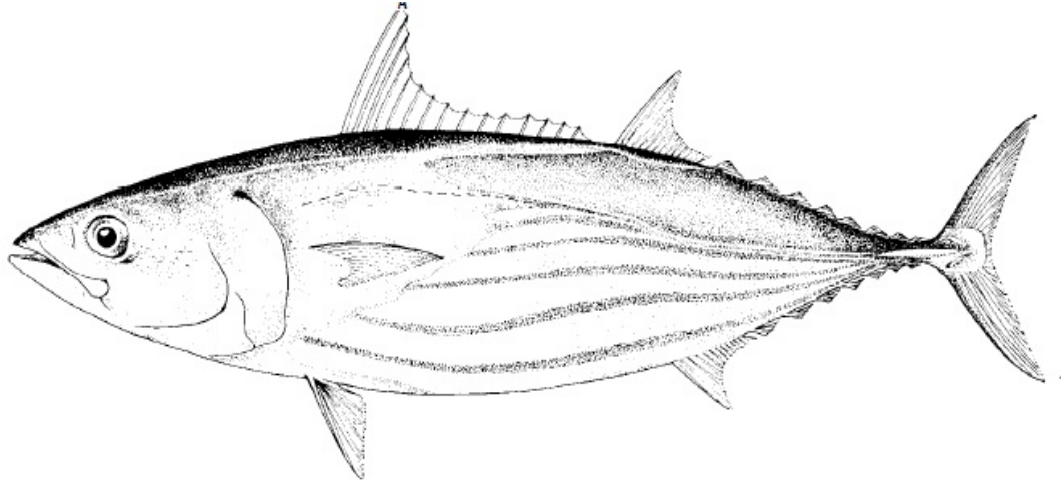
Tulinalar için sıcaklık göçleri cinsi olgunluğa ulaşana kadar hayatlarının ilk dört senesinde devam eder. Cinsi olgunluğa ulaşan Tulinalar buna ek olarak üreme amacıyla Kuzey-Batı Atlantik kıyılarına üreme amacıyla göç ederler (Alonso ve ark., 2005). Karnivor olan Tulinalar genelde hamsi ve istavrit ile beslenirken krustesea tükettikleri de kaydedilmiştir (Alonso ve ark., 2005).

ICCAT Tulina için Kuzey Atlantik, Güney Atlantik ve Akdeniz olmak üzere üç stok tanımlamaktadır (ICCAT, 2006; Karakulak ve ark., 2011). Ülkemizde Tulina avcılığı normal avcılık faaliyetlerinin aksine kış aylarında gırgır, solungaç ağları ve

paraketelarla yapılmaktadır (Karakulak ve ark., 2007, 2011). Ülkemizde Tulina'nın total av miktarı 2011 yılında 1.396 ton olarak bildirilmiştir (ICCAT, 2013).

Bununla birlikte Tulina'nın dünya genelinde ki toplam avcılığı ise 233.916 ton olarak kaydedilmiştir (Anonymous, 2011). Toplam avcılığı 2.494 ton olan İtalya'dan sonra ülkemiz Akdenizde Tulina avcılığında ikinci sırada bulunmaktadır (ICCAT, 2013).

1.3.3. *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) (Çizgili Tonito)



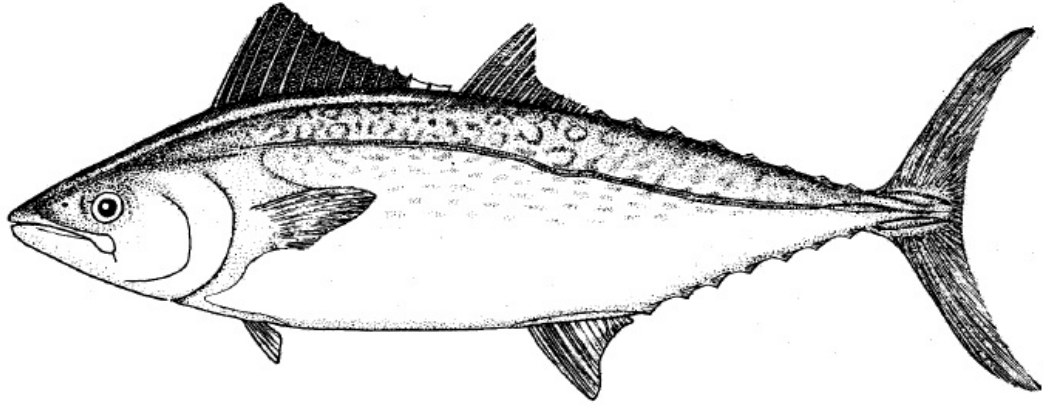
Şekil1.5. *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) (Collette ve Nauen, 1983).

Genelde sürü halinde yaşayan ve ülkemizde çizgili tonito olarak bilinen *K. pelamis*, üç okyanusun da tropikal ve subtropikal bölgelerinde bulunurlar. Çizgili Tonitolar da yüzme kesesi bulunmaz ve vücutlarının alt kısmında yatay olarak sıralanan 4-6 koyu çizgiye sahiptirler. Ergin bireyler 15- 30 °C arasındaki su sıcaklıklarını tolere edebilirken yavru bireylerin yaşam alanları su sıcaklığının en az 25 °C olduğu sularla sınırlıdır (Collette ve Nauen, 1983). Gün içerisinde 260 m derinliğe indikleri bilinen Çizgili Tonitolar geceleri yüzey sularında bulunmaktadır (Collette ve Nauen, 1983). Çizgili tonitolar erken cinsi olgunluğa ulaşan türlerdir. Bir yaşında ve yaklaşık 45 cm çatal boyda cinsi olgunluğa ulaşan bu türler su sıcaklığının 25 °C ve üstü olduğu sularda senede birkaç defa yumurta bırakırlar. (Collette ve Nauen, 1983 Cayré ve Farrugio, 1986). 41-87 cm çatal boydaki bir dişinin yumurta verimliliği yaklaşık 80.000-2.000.000 arasındadır (Collette ve Nauen, 1983).

Karnivor olan Çizgili Tonitoların besinlerini kendilerinden küçük olan diğer balıklar, mollusklar ve krustesealar oluşturmaktadırlar. Gündoğumu ve gün batımında

avcılık faaliyeti gösterirler. 8-12 yıl yaşam ömürleri olan bu türler maksimum 108 cm uzunluğa ve 32,5-34,5 kg ağırlığa ulaşmaktadırlar (Collette ve Nauen, 1983). 2013 ICCAT verilerine göre Akdenizde 2011 yılında kayıt altında toplam altı ton avcılık yapılmıştır. Bunun iki tonu Fransa'ya, dört tonu ise Fas'a aittir (ICCAT, 2013). F.A.O kayıtlarına göre Çizgili Tonitoların dünya genelindeki toplam avcılığı ise 2011 yılı için 2.608.578 ton olarak kaydedilmiştir (Anonymous, 2011).

1.3.4. *Orcynopsis unicolor* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) (Akpalamut)



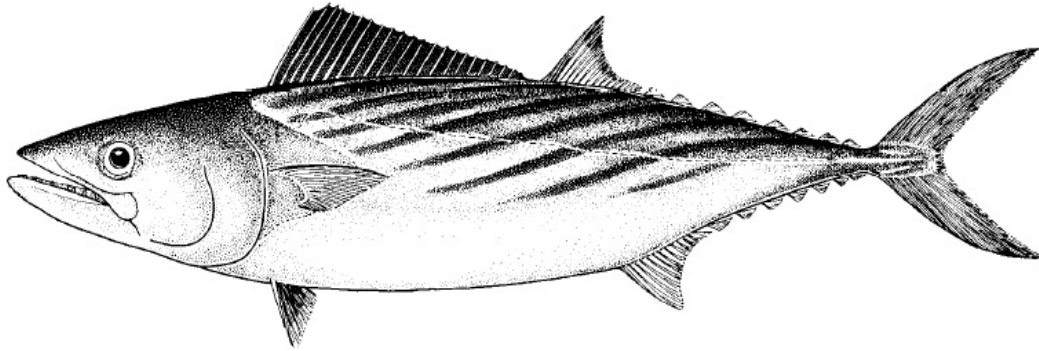
Şekil 1.6. *Orcynopsis unicolor* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) (Collette ve Nauen, 1983).

Ülkemizde Akpalamut adıyla bilinen *Orcynopsis unicolor*, Doğu Atlantik'te Oslo'dan Norveç'in güneyine kadar olan bölgede, Orta Akdeniz ve Doğu Akdeniz'de yayılım göstermektedir (Collette ve Nauen, 1983).

Akpalamutlar Temmuz Eylül aylarında üreme faaliyetleri gösterirken Senegal kıyılarındaki popülasyonların Mayıs aylarında yumurta döktükleri bildirilmiştir (Frade ve Postel, 1955; Postel, 1956; Collette ve Nauen, 1983; F.A.O, 1993). 5-6 kg'lık bir dişi ortalama 500-600.000 yumurta dökabilir (Postel, 1956; Collette ve Nauen, 1983; F.A.O, 1993). Akpalamutlar 70-80 cm çatal boyda cinsi olgunluğa ulaşırlar. Maksimum 130 cm çatal boy ve 13 kg ağırlığa ulaşırlar (Seret ve Opic, 1981; F.A.O, 1993). Diğer *Scombrid*'ler gibi karnivor olan Akpalamutlar kendinden daha küçük olan hamsi, sardalya, istavrit gibi balıklarla beslenmektedirler (Collette ve Nauen, 1983).

Türkiye’de avcılık verisi bulunmayan Akpalamut’un Akdeniz’de 2011 toplam avcılık miktarı 375 ton olup bunun sadece 45 tonu Akdeniz’den avlanmıştır (ICCAT, 2013).

1.3.5. *Sarda sarda* (Bloch, 1793) (Palamut)



Şekil1.1.7. *Sarda sarda* (Bloch, 1793) (Collette ve Nauen, 1983).

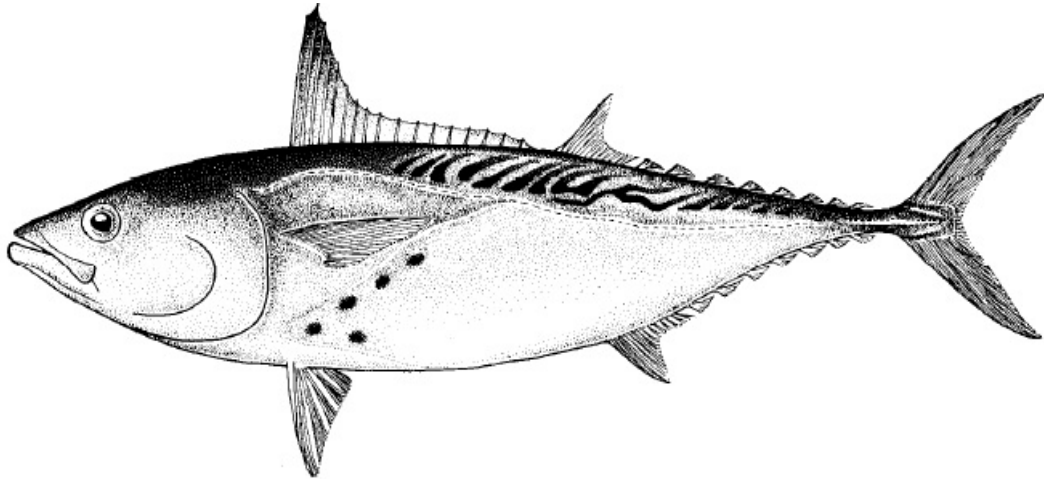
Ülkemiz sularında palamut olarak bilinen *Sarda sarda* vücutlarının üst kısımlarındaki yatay ve açılı çizgileriyle karakterize olmuş *Scombrid* türüdür. 50-55 adet omur sayılarıyla diğer *Sarda* türleri arasında en fazla omur sayısına sahip türdür. Atlantik Okyanusu’nun tropik ve ılıman bölgelerinde Karadeniz ve Marmara Denizi’ni de kapsayan alanda yayılım gösterirler (Collette ve Nauen, 1983; Sabatés ve Recasens, 2001; Campo ve ark., 2006). Sürü oluşturan bu türler kademeli sıcaklık (12-27 °C) ve tuzluluk (‰ 14-39) değişimine adapte olabilmektedirler (Bianchi ve ark., 1999). Akdeniz’in birçok bölgesinde Mayıs-Temmuz aylarında başlayan üreme faaliyetleri Cezayir açıklarında Mart-Mayıs arasında gerçekleşir (Collette ve Nauen, 1983; Sanzo, 1932; Rodriguez-Roda, 1966; Macías ve ark., 2005, 2006).

Geniş av yelpazesine sahip palamutlar küçük balıklar, omurgasızlar, kafadan bacaklılar ve krusteseler ile beslenirler. Palamutlar kanibalist özellik gösterirler. Palamutlar yaklaşık 40 cm çatal boyda cinsi olgunluğa erişirler (Collette ve Nauen, 1983). Bu boy hayat döngülerinin ilk yada ikinci yılına denk gelmektedir (Zaboukas ve

ark., 2006). Palamutların döllenmiş yumurtaları sadece Karadeniz ve Marmara Denizi'nde bulunmaktadır. Yapılan markalama çalışmaları Palamut sürülerinin mevsimsel göçlerinin Ege Denizi ve Marmara Denizi arasında olduğunu göstermektedir (Demir, 1963; Zaboukas ve ark., 2006).

ICCAT (2013) verilerine göre Palamut 'un ülkemizdeki toplam 10.019 ton olup Akdeniz bölgesinde bu rakamlarla ilk sırada yer almaktadır. Atlantik Okyanusu'nda toplam avcılık miktarı ise 24.562 ton olarak kaydedilmiştir. F.A.O. kayıtlarına göre *Sarda sarda*'nın dünya genelindeki toplam avcılığı ise 39.084 ton olarak bildirilmiştir (Anonymous, 2011).

1.3.6. *Euthynnus alletteratus* (Rafinesque, 1810) (Yazılı Orkinoz)



Şekil 1.8. *Euthynnus alletteratus* (Rafinesque, 1810) (Collette ve Nauen, 1983).

Ekonomik değeri yüksek başka bir *Scombrid* türü olan ve ülkemizde yazılı orkinos olarak bilinen *Euthynnus alletteratus* Atlantik Okyanusu'nun tropikal ve subtropikal bölgelerinde; Meksika Körfezi'nden Karayip'lere, Akdeniz'e ve Karadeniz'e kadar yayılım alanı vardır (Belloc, 1955; Collette ve Nauen, 1983; Valeiras ve Abad, 2007; Valeiras ve ark., 2008). Yazılı orkinoslar operkulumlarının posterior ucundaki 5-6 adet siyah nokta ile karakterize olmuşlardır.

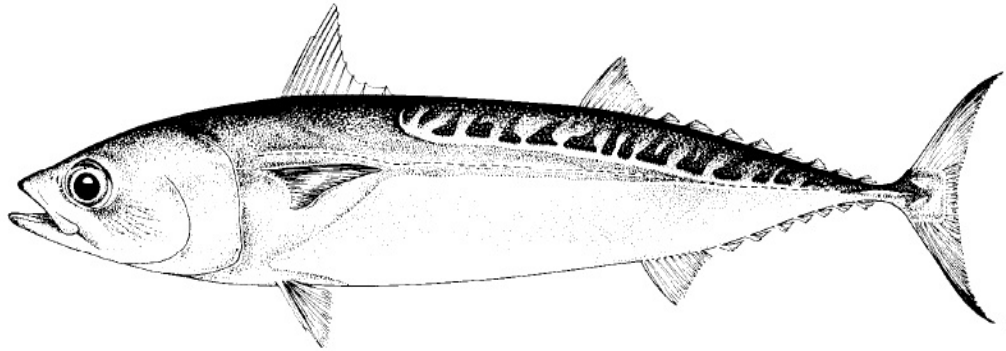
Yazılı orkinoslar genelde kendi boyutlarındaki diğer *Scombrid* türleriyle sürü oluştururlar. Diğer *Scombrid* türlerine göre daha çok kıyı sularında bulunan neritik ve daha az göç eden türlerdir (Valeiras ve ark., 2008). Atlantik Okyanusunda Nisan ayında başlayıp Kasım ayına kadar devam eden yumurtlama sezonu Akdenizde Mayıs-Haziran arasındadır (Collette ve Nauen, 1983; ICCAT, 2006).

Yumurta verimlilikleri ile ilgili az sayıda çalışma olmasına rağmen Senegal'de 30-78 cm dişilerin 70.000 ile 2.200.000 arasında yumurta döktükleri bildirilmiştir (Diouf, 1980; ICCAT, 2006).

Karnivor olan bu türlerin krustesealar, yumuşakçalar, balıklar gibi çok çeşitli av yelpazesi vardır. Yazılı Orkinosların bildirilen maksimum yaşları sekizdir (Landau, 1965; Cayrè ve Diouf, 1983; Kahraman, 1999; ICCAT, 2006). Yaşam döngülerindeki ilk yılın sonunda 30 cm çatal boya ulaştıkları bildirilen Yazılı orkinosların 4 yaşın sonunda 75 cm çatal boya ulaştıkları bilinmektedir (Collette ve Nauen, 1983).

ICCAT (2013) verilerine göre Atlantik Okyanusu toplam Yazılı orkinos avcılığı 13.519 ton olup, 1.437 ton toplam üretimiyle Türkiye Akdeniz'de birinci sıradadır.

1.3.7. *Auxis rochei* (Risso, 1810) (Gobene)



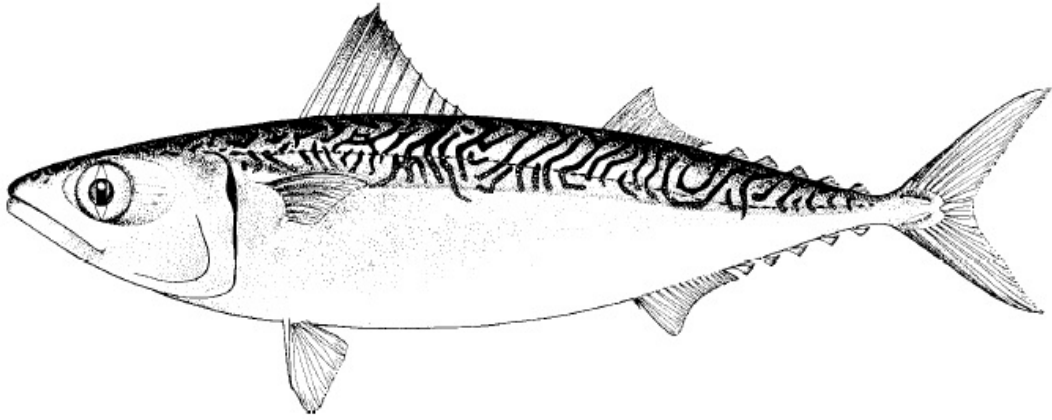
Şekil 1.9. *Auxis rochei* (Risso, 1810) (Collette ve Nauen, 1983).

Kozmopolit dağılım gösteren ve ülkemizde Gobene olarak bilinen bu türler yüksek sıcaklık toleransına sahiptirler. 21,6-30,6 °C arasında değişen su sıcaklıklarını

rahatlıkla tolere edebilen bu türler genelde suların 27-28 °C olduğu neritik zonlarda bulunmayı tercih ederler (Collette ve Nauen, 1983).

Biyolojisi hakkında çok çalışma bulunmayan Gobenelerin üreme dönemlerinin Akdenizde Temmuz Eylül ayları arasında olduğu bildirilmiştir (Ehrenbaum, 1924; Piccinetti ve ark., 1996; Alemany, 1997; Macías ve ark., 2005; Valeiras, 2008). Cinsi olgunluğa erişmeleri ise iki yaşında ve yaklaşık 35 cm çatal boyda olmaktadır (Rodriguez-Roda, 1983; Valeiras, 2008). Maksimum boyları ise 50 cm çatal boy olarak kaydedilmiştir (Collette ve Nauen, 1983). Yumurta verimlilikleri balığın boyutuna göre 31.000- 103.000 arasında değişmektedir (Collette ve Nauen, 1983). ICCAT (2013) verilerine göre dünyadaki toplam avcılık miktarı 7.876 ton olan Gobenenin Türkiye’de ki avcılık miktarı 2.552 ton olup, Akdeniz’de Gobene avcılığında 2011 yılında birinci sıradadır.

1.3.8. *Scomber japonicus* (Houttuyn, 1782) (Kolyoz)



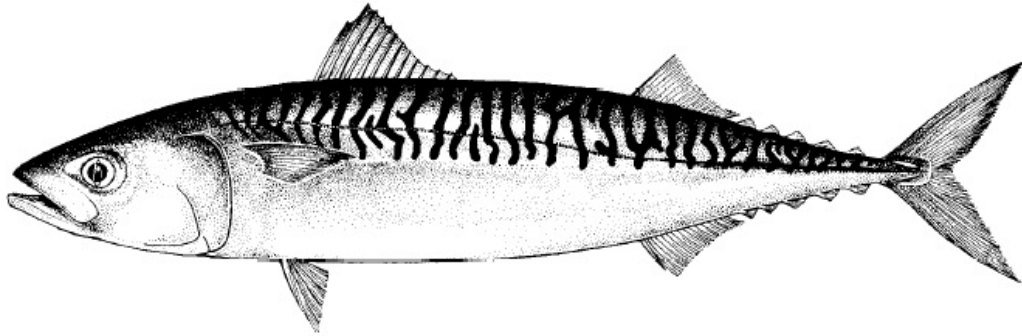
Şekil 1.10. *Scomber japonicus* (Houttuyn, 1782) (Collette ve Nauen, 1983).

Ülkemizde Kolyoz adıyla bilinen *Scomber japonicus* Pasifik, Atlantik ve Hint Okyanusunun ılıman bölgelerinde kozmopolit dağılım gösterir (Collette ve Nauen, 1983). Kolyoz larvaları 14 °C (MBC, 1987) sularda bulunurken ergin bireyler 10-22,2 °C (Allen ve ark., 1990) sularda bulunurlar.

Genelde neritik zonlarda yayılım gösteren Kolyozlar 300 m derinliğe inebilmektedirler (Allen ve ark., 1990). 3 cm boya ulaştıkları andan itibaren sürü oluşturabilen kolyozlar Pasifik palamutları (*Sarda chiliensis lineolata*), Pasifik Sardalyaları (*Sardinops sagax*) ve *Trachurus symmetricus* türleri ile de sürü oluşturmaktadırlar (Parrish ve MacCall, 1978; Collette ve Nauen, 1983). Kolyozlar kısmı yumurta bırakırlar (Yılda 8 defa ve üstü) ve her bir partide toplamda yaklaşık 68.000 yumurta bırakırlar. Dişilerin yumurta verimliliği ise 100.000 ile 400.000 arasında değişmektedir (Collette ve Nauen, 1983). Kolyoz larvaları, diğer balık larvaları, kopepodlar ve diğer zooplanktonlarla beslenirken ergin bireyler balık larvaları, küçük balıklar, yumuşakçalar ve pelajik krusteselerle beslenirler. Maksimum 50 cm çatal boya ulaştıkları bildirilen kolyozların 47,6 cm çatal boyda bildirilen ağırlıkları 1,1 kg'dır (Collette ve Nauen, 1983).

TÜİK (2011) verilerine göre ülkemizde kolyoz avcılığı toplam 3.127 ton olarak bildirilmiştir. F.A.O kayıtlarına göre dünya genelindeki toplam avcılıkları ise 1.714.896 ton olarak kaydedilmiştir (Anonymous, 2011).

1.3.9. *Scomber scombrus* (Linnaeus, 1758) (Uskumru)



Şekil 1.11. *Scomber scombrus* (Linnaeus, 1758) (Collette ve Nauen, 1983).

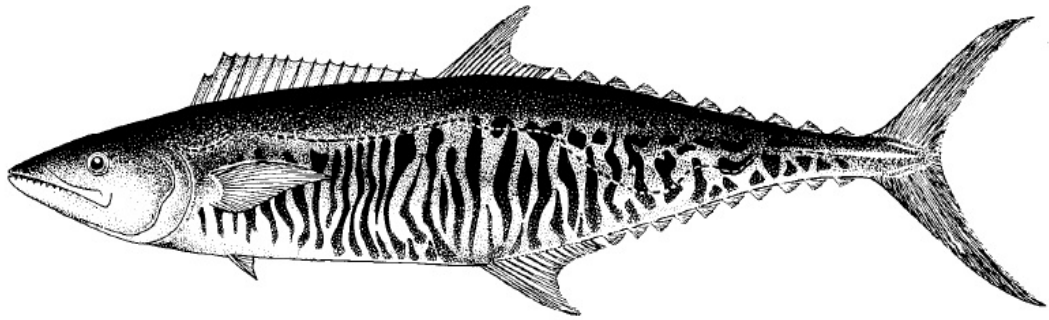
Ülkemizde Uskumru olarak bilinen *S. scombrus* Kuzey Atlantik kıyıları ve Akdeniz ile Karadeniz'i de içeren Doğu Atlantik kıyılarında yayılım gösterir. Diğer türlere göre daha soğuk suları tercih eden bu türler kış boyunca derin sularda ve 200 m

derinliklerde bulunabilirler (Anonymous, 2005). Suların 11-14 °C' ye çıkmasıyla beraber yüzey sularına doğru hareket ederler (Collette ve Nauen, 1983). Uskumruların yüzme kesesi yoktur. İlk dorsal yüzgeç ile ikinci dorsal yüzgeç arasında oldukça büyük bir açıklık vardır.

Yumurta dökümü kıyından yaklaşık 16-48 km açıkta olur ancak düşük tuzlulukta yumurta dökümü gerçekleşmez. Doğu Atlantik popülasyonları Akdeniz'de genelde Mart-Nisan aylarında yumurta dökemeye başlarlar. Zooplanktonlarla beslenen juveniller ergin hala gelince küçük balıklar yumuşakçalar ve krusteselerle beslenirler. Yaklaşık 2-3 yaşında ve 30 cm çatal boyda cinsi olgunluğa ulaşan Uskumrular kısmı yumurta bırakırlar ve her bir partide yaklaşık 200.000-300.000 yumurta bırakırlar (Collette ve Nauen, 1983). Uskumruların maksimum 17 yıl yaşayabildikleri bildirilmiştir (Anderson ve ark., 1980). Bildirilerin maksimum ağırlıkları ise 3,4 kg (Frimodt, 1995). Maksimum uzunlukları ise 60 cm'dir (Muus ve ark., 1999).

F.A.O. verilerine göre uskumruların toplam avcılığı 944.748 ton olarak bildirilmiştir (Anonymous, 2011). TÜİK (2011) verilerine göre ise ülkemizde 2011 senesinde yapılan uskumru avcılığı toplam 147,3 tondur

1.3.10. *Scomberomorus commerson* (Lacepède, 1800) (Ceylan Palamutu)



Şekil 1.12. *Scomberomorus commerson* (Lacepède, 1800) (Collette ve Nauen, 1983).

İndopasifik kökenli bir tür olan ve ülkemizde ceylan palamutu olarak bilinen *Scomberomorus commerson*, Scombridae familyasının en kalabalık grubu olan

Scomberomorini soy hattına aittir. Akdeniz’de ilk bildirimi 1935 yılından önce yapılmıştır ama bildirim yapılan yer bilinmemektedir (Hornell, 1935; Galil, 2007) Bu bildirimden sonra. 1987 yılında tekrar Akdeniz’de bildirimi yapılmış ve (Fisher ve ark., 1987; Golani, 2002) 1997 yılında ise Türkiye sularında (Buhan ve ark., 1997) bildirimi yapılmıştır. Ceylan palamutu Türkiye kıyılarında bildirimi yapılan ve Scombridae familyasına ait olan tek lessepsiye tür olması nedeniyle oldukça önemlidir.

Güney Afrika’nın doğu kıyıları, Kızıldeniz, Doğu Akdeniz, Avusturalya’nın güneyi hariç kıyıları ve Avusturalya takımadaları, Fiji, Çin ve Japonya kıyılarına kadar alanda yaşamlarını sürdürmektedirler. (Collette ve Nauen, 1983). Ceylan palamutları neritik ve uzun kıyı göçleri yapan türleridir. Vücutlarındaki haralar operkulumun gerisinden kuyruk sapına kadar uzanır ve vücudun ventralinde yer alır. Hareler dikey ve dalgalı şeklindedir. 42-46 adet omurları bulunur (Collette ve Nauen, 1983).

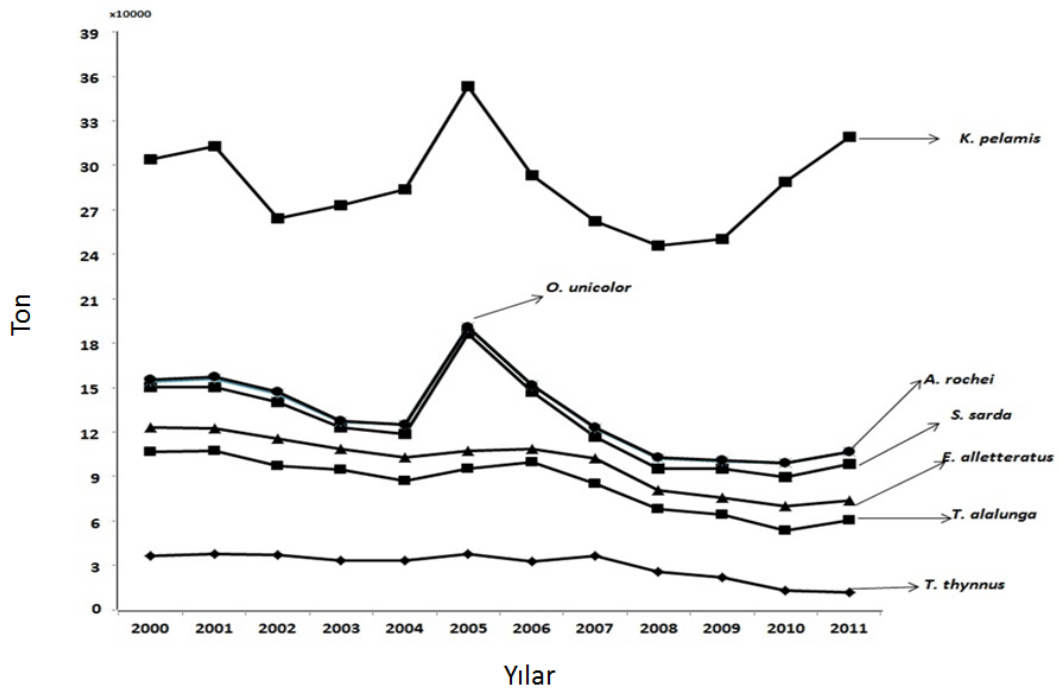
Maksimum 240 cm çatal boya ve 70 kg ağırlığa ulaşan ceylan palamudu (McPherson, 1992), 65-70 cm çatal boyda cinsi olgunluğa ulaşırlar (Collete ve Russo, 1979; McPherson, 1992) ancak bu durum sıcaklığa bağlı olarak değişebilmektedir. Kaymaram ve ark. (2010)’de yaptıkları çalışmada Oman Kıyıları’nda *Scomberomorus commerson* için 86,6 cm çatal boyu cinsi olgunluk boyu olarak bildirmişlerdir. Ceylan palamutu sıcaklığa bağlı olarak Nisan-Temmuz ayları arasında üreme dönemine girmektedir (Kaymaram ve ark., 2010). *Scomberomorus commerson* kısmi ve seri olarak yumurta bırakır ve küçük sürüler halinde yaşamlarını sürdürürler (Collette, 2001). Karnivor olan bu tür küçük balıklar, krustesealar ve yumuşakçalarla beslenirler.

F.A.O. verilerine göre *Scomberomorus commerson*’un dünyadaki toplam avcılığı 2011 yılı için 254.973 ton olarak kaydedilmiştir (Anonymous, 2011).

1.4. Türlerin Ekonomik Önemleri ve Ülkemizdeki Avcılık Durumları

70 ülkenin üzerinde kendine geniş bir pazar oluşturan bu familyanın üyeleri gerek sportif amaçlı avcılıkta gerek tüketim amaçlı avcılıkta oldukça büyük öneme sahiptirler. 51 türden oluşan Scombridae familyasının türleri her biri ayrı bir öneme sahip olsalar da dünya pazarlarında birincil pazar payına sahip 7 tür bulunmaktadır. Bunlar Tulina (*Thunnus alalunga*), Büyük göz tuna (*Thunnus obesus*), Sarı yüzgeç Tuna (*Thunnus albacares*), Çizgili Tonito (*Katsuwonus pelamis*) ve Mavi Yüzgeçli

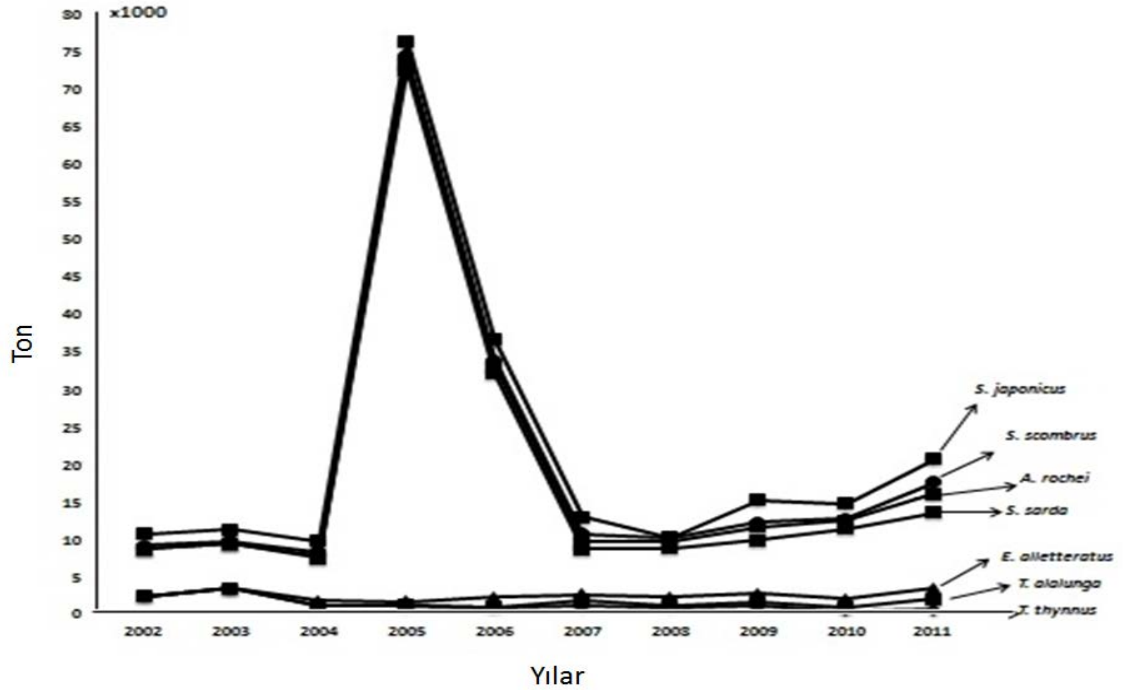
Orkinoslar (*Thunnus thynnus*, *Thunnus orientalis*, *Thunnus maccoyii*) dır. Birincil Pazar payına sahip bu 7 türden üçü (*Thunnus alalunga*, *Thunnus thynnus* ve *Katsuwonus pelamis*) ülkemiz sularında da bulunmakta ve ekonomik açıdan büyük önem arz etmektedir. Dünya balıkçılık pazarında tıpkı Tuna türleri gibi önemli bir yere sahip olan palamutlar ve küçük tuna türlerinden olan Gobeneler de ülkemiz balıkçılık pazarında önemli bir yere sahiptir (Şekil 1.13, Şekil 1.14, Şekil 1.15). Ancak dünyada yoğun bir av baskısına maruz kalmasına rağmen Çizgili Tonito *Katsuwonus pelamis* avcılığı ülkemizde kayıt altına alınmamaktadır.



Şekil 1.13. Ülkemiz sularında bulunan *Scombrid* türlerinin Atlantik Okyanusu'ndaki toplam avcılığı (ICCAT, 2013).

Ülkemiz sularında bulunan on türden yedisinin Atlantik Okyanusu'ndaki toplam avcılığının verildiği yukarıdaki grafikte *Scomber scombrus*, *Scomber japonicus* ve *Scomberomerus commerson* türlerinin verileri bulunmamaktadır. *Katsuwonus pelamis* Atlantik Okyanusu'nda yoğun avcılık baskısına maruz kalırken *S. sarda* ve *O. unicolor* stoklarındaki avcılık baskısının *K. pelamis* ile benzer olduğu anlaşılmaktadır.

Ülkemizde orkinos avcılığının diğer Scombrid türlerine oranla az olmasının sebebinin öncelikle ICCAT tarafından belirlenen düşük kota uygulaması ve bu türün stoklarındaki azalmadan kaynaklı olduğu düşünülmektedir

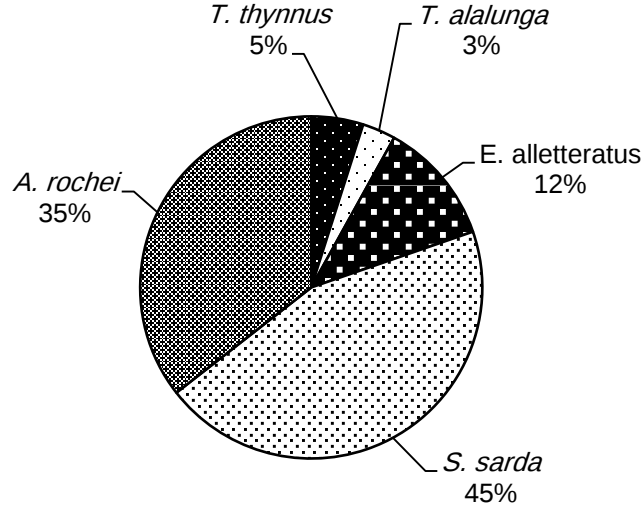


Şekil 1.14. Ülkemiz sularında bulunan Scombrid türlerinin toplam avcılığı (TUIK, 2011).

Bununla birlikte *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Auxis rochei* ve *Scomber scombrus* türleri üzerindeki avcılık baskısının ise benzer olduğu görülmektedir.

Şekil 1.15’de ülkemizde yapılan *Scombrid* avcılığının dünyada yapılan toplam *Scombrid* avcılığındaki yerleri verilmiştir. Buna göre ülkemizde yapılan *T. thynnus* avcılığı tüm dünyada yapılan *T. thynnus* avcılığının %5’ini, ülkemizde yapılan *T. alalunga* avcılığı tüm dünyada yapılan *T. alalunga* avcılığının %3’ünü ve ülkemizde yapılan *E. alletteratus* avcılığı dünyada yapılan *E. alletteratus* avcılığının %12’sini oluşturmaktadır.

Ülkemizde yapılan *Sarda sarda* avcılığı dünya *S. sarda* avcılığının %45’ini oluştururken, *A. rochei* avcılığımız ise dünya *A. rochei* avcılığının %35 ‘ini oluşturmaktadır. Bu veriler ülkemizin bu türlerin avcılığında oldukça önemli bir yere sahip olduğunu göstermektedir.



Şekil 1.15. Ülkemiz sularındaki *Scombrid* avcılığının dünya *Scombrid* avcılığına oranları.

1.5. Filogenetik

Filogenetik; genomik bilgi kullanılarak canlılar arasındaki ilişkileri ve moleküler düzeydeki benzerlikleri anlamlandırmaya çalışan bilimdir. Canlılar arası genomik benzerliğin biyolojik olarak ne anlam ifade ettiğine dair çıkarımlarda bulunmak filogenetik ilişkilerin incelenmesiyle açıklanabilmektedir. Canlılar arasındaki genom benzerlikleri DNA ya da protein dizileri kullanılarak yapılır. Bu dizilere ait bilginin özetlenmesi ve görsel olarak anlaşılabilmesi için filogenetik ağaçlar üretilir ve kullanılır. Bu ağaçlar genellikle oldukça karmaşık metodlar ile elde edilirler. DNA'nın dizileme bilgileri veya kullanılan markır bilgileri; proteinlerin ise proteini oluşturan amino asit zincir bilgileri karşılaştırılmasında ve filogenetik ağaç yapımında kullanılır. Bu bilgilerle elde edilen filogenetik ağaçlar organizmaların evrimsel ilişkilerini özetleyen, taksanomik verilerle ifade edilen grafiksel gösterimlerdir. Filogenik çıkarımları yapmak için kullanılan en yaygın yöntemler arasında Parsimony Metodu, Maximum likelihood Metodu ve Bayes metodu bulunmaktadır..

Filogenetik çalışmalarda önceleri morfolojik karakterler ve protein çeşitliliği kullanılırken, moleküler genetikteki ilerlemelerle çekirdek DNA polimorfizmleri ve organel genomları (mitokondri ve kloroplast DNA'sı) daha fazla tercih edilir hale

gelmiştir. 1980’li yıllardan itibaren yapılan filogenetik çalışmalarda genellikle mitokondriyal markırlar ağırlıklı olarak kullanılmaya başlanmıştır. Mitokondriyal DNA’nın büyük bir kısmının kodlama yapan bölgelerden oluşması, intron içermemesi, mutasyon oranının yüksek olması, evrim hızının yüksek olması ve maternal olması gibi sebepler mitokondriyal DNA’yı birçok moleküler çalışmada ve filogenetik çalışmalarda öne çıkarmaktadır. Mitokondriyal DNA dizilerinin popülasyonlarda karşılaştırılması filogenetik ağaçların çizilmesine olanak sağlar (Lewin, 2005).

1.6. Filogenetik Çalışmalarda Nükleer DNA (nDNA) ve Mitokondriyal DNA (mtDNA)

1.6.1. 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 popülasyonlarının genetik yapılarının incelenmesinde oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu dizilerin bulundukları lokusların genelde kodlama yapmaması ve dolayısıyla bu lokuslarda görülen varyasyonun doğal seçilimden etkilenmemesi bunun en büyük sebeplerinden birisidir. Tüm bu özelliklerinden dolayı nükleer DNA tabanlı yürütülen moleküler çalışmalar, popülasyon genetiği çalışmalarında oldukça önemlidir.

1.6.2. Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Evrin çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA’dır (Wilson, ve ark., 1985). Ökaryotların çoğunda mtDNA çift iplikli, kapalı halkasal yapıda bulunur (Şekil 1.16). Mitokondriyal DNA’sının %90’ından fazlası kodlama yapan bölgedir yani intron içermez.

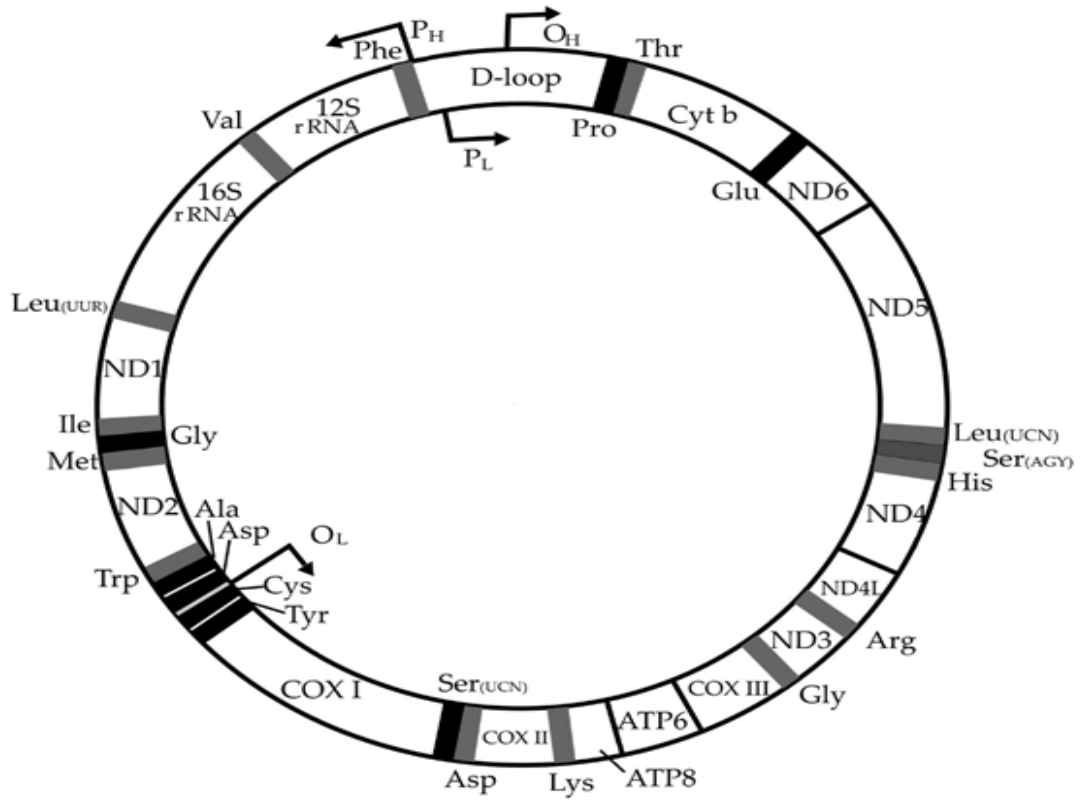
Büyüklikleri organizmalar arasında farklılık göstermekle beraber hayvan mtDNA’sı 15-29 kb uzunluğunda olup, 22 tRNA, 2 rRNA ve oksidatif fosforilasyonda görev yapan ve 13 mRNA’yı kodlayan protein olmak üzere toplam 37 genden oluşan bir

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 (Lightowlers 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 1.16. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi (Meyer, 1993).

1.7. Genetik Çalışmalarda Kullanılan Mitokondriyal Genler

Mitokondriyal genomun farklı gen bölgeleri farklı oranlarda ortaya çıktığından bu gen bölgeleri belirli tip çalışmalar için hedeflenmiştir. Bunlardan sitokrom oksidaz b bölgesi; Sistematik ve filogenetik çalışmalarda taksonomik seviyelerin derecelerinin belirlenmesi için oldukça yaygın olarak kullanılan bir bölgedir (Meyer ve Wilson, 1990). Cyt b bölgesi hem yavaş hemde hızlı gelişen kodon pozisyonları ve çok sayıda değişken bölge içermektedir. Cyt b bölgesi mitokondride solunum ve elektron transferini kontrol eder 8 adet transmembran segmente sahiptir. Populasyon düzeyinde ki çalışmalar için yeterli düzeyde değişken yapıya sahip olup aynı zamanda daha derin filogenetik ilişkilendirmeler içinde yeterli düzeyde konservatif yapıya sahiptir.

NADH Dehidrogenaz Genleri ise mitokondriyal DNA'nın protein kodlayan genlerinden ve 7 alt birimden oluşur (ND 1, ND 2, ND 3, ND 4, ND 4L, ND 5, ND 6).

mtDNA'nın ND bölgesi, populasyon genetiğinde yüksek taksonomik gruplara kadar değişen ilişkileri analiz etmek için kullanılmaktadır (Bermingham ve ark., 1997; Lydeard ve Roe, 1997). ND 5/6 bölgesi muhtemelen balıklarda en iyi çalışılan genlerden biridir. Mitokondri tarafından kodlanan pek çok diğer proteinler gibi, hücre metabolizmasının solunum zincirinde rol alan önemli bir transmembran proteindir. Her ne kadar yaygın olarak kullanılmaktaysa da bazı araştırmacılar filogeniyi çözmede bu dizilerin özelliğine şüphe ile bakmaktadır (Martin ve ark., 1990; Graybeal, 1993).

Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesi (D-Loop) ise genetik çalışmalarda sıklıkla kullanılan bir gen bölgesi olup yaklaşık 1 kb uzunluğundadır ve replikasyonun başladığı bölgedir. Mitokondriyal DNA replikasyonu D-Loop adı verilen mekanizmaya göre oluşur. Önce ağır zincirin replikasyon orijininin 5'-3' yönüne doğru sentez başlar. Yeni sentezlenen ağır zincir (Guanince zengin), hafif zincirin (sitozince zengin) replikasyon orijinine geldiğinde, ters yönde ilerler ve hafif zincir sentezlenir. Mitokondriyal DNA transkripsiyonu ise D-Loop bölgesindeki promotordan birbirine ters yönde başlar ve iki zincir de, aynı anda tamamen transkripsiyona uğrar. D-Loop, mitokondriyal DNA'nın protein kodlaması yapmayan tek bölgesidir ve yüksek evrim hızına sahiptir. mtDNA'nın D-Loop bölgesinin mutasyon hızının diğer kısımlarına göre %2-4 kat, nükleer DNA'ya göre ise en az 10 kat daha hızlı olduğunu bilinmektedir (Özdemir ve Doğru, 2007). mtDNA'nın D-Loop bölgesi mevcut herhangi bir gen üretmediği için kodlanmamakta ve bu nedenle bu bölgede gerçekleşen dizi varyasyonunun metabolik zincir üniteleri olan özel aminoasit dizilerini değiştirmemesi gerektiği düşünülmektedir (Özdemir ve Doğru, 2007). Tüm bu özelliklerinden dolayı mitokondriyal DNA'nın kontrol bölgesi olan D-Loop filogenetik ve tür çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır (Saccone, 1991).

1.7.1. Sitokrom C Oksidaz Bölgeleri (COX I, II, III)

Sitokrom c oksidaz, mitokondrilerde bulunan büyük bir transmembran proteindir. Elektron taşıma zincirinin terminal elektron alıcısıdır. Mitokondriyal sitokrom c oksidaz geni üç alt birimden oluşmaktadır. 3 sitokrom oksidaz alt biriminden biri olan *COI* gen bölgesi; son yıllarda DNA barkodlama çalışmalarında kullanılan standartlaşmış bir gen bölgesidir. Hayvanlarda tür seviyesinde ayırım gücüne sahip ve barkod çalışmalarında sıklıkla kullanılan bu gen;

- Tür seviyesinde belirgin bir genetik varyasyon ve ayırım gücüne sahip olması,
- Geniş bir taksonomik ölçekten canlılar için uygun evrensel primerler ile çoğaltılabilen, korunmuş uç bölgelerine sahip olması
- DNA ekstraksiyonu ve PCR sırasında sorun yaratmayacak kısa dizi uzunluğuna (652-658) sahip olması sayesinde filogenetik ilişkilerin incelenmesinde de etkin olarak kullanılabilir ve bu özelliklerinden dolayı barkod çalışmalarında tercih edilmektedir (Keskin ve Atar, 2013).

COI geninin diğer protein kodlayan mitokondriyal genlerden üstünlüğü, metazoan türler için evrensel primer çiftleri kullanılarak çoğaltılabilmesi ve birçok farklı taksonomik seviyede kullanılabilir bir filogenetik sinyale sahip olmasıdır (Keskin ve Atar, 2013). *COI* geninde bulunan kodonların üçüncü pozisyonundaki nükleotidleri yüksek oranda substitüsyon (yer değiştirme) göstermekte ve böylece mitokondriyal rRNA genlerine oranla üç kat daha yüksek moleküler evrim hızına sahip olarak değerlendirilmektedirler. Bir başka önemli nokta da *COI* geninde gerçekleşen evrimin, yakın türlerin ayırımına imkan tanıyan ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi varyasyonu ortaya koyabilecek bir hızda gerçekleşmesidir (Bucklin ve ark., 2011).

1.8. Türlerin Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler

Organizmaların evrimsel akrabalık ilişkisi filogeni olarak tanımlanmaktadır. Filogenetik ise türler arası genetik bağları ve ilişkileri araştıran bilim dalıdır. Belirli karakterleri (morfolojik ve/veya genetik) inceler ve benzer karakterleri taşıyan organizmaların genetik olarak birbirine yakın oldukları varsayımından yola çıkmaktadır. Moleküler filogenetik kavramı ise genomik bilgiyi kullanarak canlılar arasındaki ilişkileri ve moleküler düzeydeki benzerlikleri açıklamaya çalışır ve genleri kodlayan nükleotid dizilerini yada proteinleri kodlayan aminoasit dizilerinin sınıflandırılmasını temel alır.

Türlerin farklılıkların tespitinde fenotipik tekniklerin yanında moleküler genetik tekniklerde kullanılmaktadır. Tek başına kullanılan fenotipik tekniklerin (ekoloji, markalama, parazitler, fizyoloji, morfometrik, meristik, kalker yapısı) genotipik dayanağı olmadığından ve fenotipik özelliklerin çevresel etkilere göre değişiklik

göstermesinden kaynaklı yanıltıcı olabilmektedir. Bu nedenle moleküler genetik tekniklere ihtiyaç duyulmuş ve bu amaçla birçok genetik teknik geliştirilmiştir. (Turan, 2000).

Genetik tekniklerin kullanımından önce, morfolojik farklılığın tamamıyla genetik farklılaşmadan kaynaklandığı sanılmakta ve stokların tespiti, genellikle morfolojik özellikler kullanarak yapılmaktaydı (Marr, 1957). Fakat, fenotipik tekniklerin kullanımı, bir türe ait populasyon tespitinde fenotipik değişimin direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlı hale gelmiştir (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.

Genetik verilerin diğer en önemli özelliklerden birisi de, moleküler saat kullanarak türlerin ayrılma zamanlarının tahmin edilmesine olanak vermesidir. Belli bir türün ya da taksonun genomunun (mitokondri ya da çekirdek genomu) belli bölgeleri için mutasyon oranlarına ait bilgiler varsa, karşılaştırılan taksonlar arasındaki nükleotid farklılıklarını (divergens) hesaplayarak ne kadar zaman önce farklılaştıklarını tahmin etmek mümkündür. Bu yolla oluşturulan filogenetik ağaçların dal uzunluklarını hesaplamak ve türler arasındaki evrimsel ilişkilerini zamansal olarak da tahmin etmeye olanak sağlar.

Filogenetik çalışmalarında günümüzde yaygın olarak kullanılan teknikler; Protein elektroforezi, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR), Sınırlama Parçalarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP), DNA Dizileme Metodu, DNA Parmak izi Metodu, Mikrosatellite ve Polimorfik DNA'nın Rastgele Çoğaltılması (RAPD) teknikleridir (Turan, 2000).

Sınırlama (rekstriksiyon) Parçası Uzunluk Polimorfizmi Tekniği geniş ölçüde türler ve populasyonlarının genetik yapılarının belirlenmesinde en çok başvuru alan tekniklerden biridir. Ayrıca bu teknik türler arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesinde de yaygın olarak kullanılmaktadır. RFLP tekniği PCR metodundan yararlanılarak, mtDNA veya nDNA'nın birkaç bölgesi (geni) içinde kullanılabilir. Sınırlama enzimlerin tanıma dizileri 4-6 nükleotidden oluşmaktadır. Sınırlama enzimleri, DNA üzerinde kendisiyle aynı yapıda olan zincir bölgesini tanımaktadır ve bu spesifik DNA zinciri, "tanınma bölgesi" olarak adlandırılmaktadır. Sınırlama enzimler, DNA üzerinde nerede ve ne kadar tanınma bölgesine rastlarsa,

DNA'yı bu noktalardan keserler. Enzim muamelesi sonucu oluşan sınırlama (sınırlama) parçaları, jel elektroforezi yoluyla jel üzerinde birbirinden ayrılır ve özel boyama metotları ile DNA parçaları arasında fark olup olmadığı tespit edilebilir.

RAPD tekniği de, popülasyonlar ve türler arası farklılığın tespiti için geliştirilmiş bir tekniktir. RAPD yöntemi genellikle 9-10 bazlık kısa, tek bir primer kullanılarak genomdaki rastgele bölgelerin çoğaltıldığı PCR temelli bir yöntemdir. Bu yöntemde özgün hedef DNA bölgesi ya da hedef gen yoktur. Her bir primer rasgele DNA molekülünün farklı bölgelerine bağlanabilmekte ve bu bölgelerin çoğaltılmasını sağlamaktadır. Bu teknik sayesinde moleküler aralıklar genetik haritalarda saptanabilmektedir. Farklı uzunluktaki DNA'nın rastgele çoğaltılmasında genin tamamı rastgele taranmakta, primer genom üzerinde gelişigüzel olarak tanıdığı bölgelere hibritleşmekte ve PCR tekniği ile bu bölgelere değişik uzunlukta kopyalanmaktadır. Bu parçaların daha sonra elektroforezde agaroz jeli üzerinde görünmesi sağlanmaktadır (Turan, 2000).

AFLP yönteminin kullanılmasıdaki esas amaç, iki restriksiyon endonükleaz enzimiyle muamele edilerek kesilmiş çok sayıda genomik DNA parçasığının bulunduğu bir karışımda yer alan restriksiyon parçacıklarının özel bir alt grubunun çoğaltılmasıdır (Avise, 2004). AFLP tekniği ile polimorfizm elde etme olasılığı oldukça yüksektir ve genom hakkında herhangi bir ön bilgi olmadan bu teknik uygulanabilmektedir. Elde edilen her bir marker oldukça güvenilir ve bilgi sağlayıcıdır. AFLP tekniğinin en önemli eksikliği dominant markerler vermesidir. Ayrıca bu teknikte 50-100 gibi çok sayıda çoğaltılmış parçacık elde edildiği için bunların analizlerinin otomatik olarak bilgisayar kontrolünde yapılması gerekmektedir. Genetik haritalamada AFLP markerleri genellikle kromozomların sentromer ve telomer (uç bölgeleri) bölgelerinde toplanmaktadır. Bu durum kromozomların diğer bölgelerinin analizlerini güçleştirmektedir (Vos ve ark., 1995).

Sıklıkla kullanılan bir diğer teknikte DNA Fingerprinting'dir. Bu teknikte polimorfik olan büyük bir lokus sınıfını ortaya çıkarmakta ve varyasyon tespit edici bir moleküler teknik olarak kullanılmaktadır (Turan, 2000). Bu metod, arka arkaya dizilen, tekrarlı ve kısa DNA Zincir düzeni (Variable Number of Tandem Repeats; VNTR) içeren losileri ortaya çıkarmaktadır. Günümüzde, DNA Fingerprinting; multi-lokus

DNA Fingerprinting, tek lokus minisatelit ve mikrosatelit olmak üzere üç ayrı teknikten oluşur.

Bunlardan çok lokuslu DNA fingerprinting metodu, aynı anda birçok VNTR'ı ortaya çıkarmakta ve çok bantlı DNA profili sağlamaktadır (Park ve ark., 1993; Turan, 2000). Bu teknikle ilk olarak genomik DNA'yı kesmek için sınırlama enzimi seçilmektedir. Kesim için seçilen enzimlerin nükleotid yapısı veya dizisi, tekrarlı-kısa DNA zincir düzeni ile aynı yapıda olmalıdır. Böylece VNTR'ın enzimler tarafından kesilmesi engellenmiş olur. Genomik DNA enzimlerle müdahale edildikten sonra agaroz jel elektroforezine tabi tutulmakta ve DNA parçaları büyüklüğüne göre jel içinde dizilmektedir. Daha sonra Southern Blotting tekniği uygulanarak DNA parçalarının jel üzerinde görüntülenmesi sağlanmaktadır. Southern Blotting tekniğinde, jel üzerindeki DNA parçaları bir membrana transfer edilmektedir. Radyoaktif işaretlemesi yapılan DNA problemlerinin membran üzerine muamelesi sonucu, hibritleme yapılmakta ve problemler hedeflenen DNA zincirine bağlanmaktadır. Böylece DNA parçaları membran üzerinde görünür hale sokulmaktadır.

Tek lokus minisatellite metodunda ise arka arkaya dizilen tekrarlı kısa DNA zincir düzeninin büyük bölümü minisatellitleri içermektedir. Bu diziler 9-65 bp'den oluşabilmektedir. Her bir minisatellite bir lokus içerisinde ikiden birkaç yüz kere kadar arka arkaya ve tekrarlı dizilebilmektedir. PCR primerlerinin her bir minisatellit için geliştirilmesi ve popülasyon çalışmalarında kullanılması günümüzde yaygınlaşmaktadır.

Çekirdek DNA seviyesinde geliştirilen diğer bir genetik marker olan mikrosatellitler ise, ökaryotik genom boyunca dağılmış bulunan ve ardışık olarak tekrarlanan 2-6 bp'lik gruplardan oluşmaktadır. Bu gruplar örneğin (GT)_n, (CA)_n, (ATA)_n veya (CAGA)_n şeklinde olabilmektedir. Mikrosatelit lokuslardaki farklı alleller PCR ile çoğaltılan DNA parçasındaki farklı nükleotid dizisi motiflerinin belirlenmesiyle ortaya konmaktadır. Her bir allelde tekrar eden birimlerin sayıları birbirlerinden farklılık göstermektedir. Mikrosatellitler, lokus başına 10^{-3} ile 10^{-4} gibi yüksek mutasyon oranlarına sahiptirler ve buna bağlı olarak da bir lokusta allel sayısı oldukça fazla olabilmektedir. Bu üstünlüklerinden dolayı mikrosatellitler, popülasyonların tanımlanması, genom haritalaması ve filogenetik ile evrim çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır.

DNA barkodlama metodu ise, literatürde yaygın olarak kullanılmaya başlanan bir ifadedir. Bu yöntem temelde mitokondriyal DNA'nın 600-700 baz çifti uzunluğundaki standart bir bölgesinin hızlı, doğru ve otomatik bir şekilde tür tanımlamada kullanılmasına dayanmaktadır (Hebert ve Gregory, 2005). Barkodlama ile hızlı ve güvenilir tür tanımlamanın yanı sıra, farklı gruplar arasındaki filogenetik ilişkiler de daha kolay çözümlenebilir olmaktadır (Aravind ve ark., 2007).

Türlere özgü DNA profillerini ortaya çıkaran DNA barkodlama yöntemi, temelde basit bir önermeye dayanmaktadır. Bu önerme, organizmaların genomlarının küçük parçalarındaki DNA dizisi farklılıklarının herhangi bir canlının tür seviyesinde tanımlanmasını sağlayacak biyolojik barkodlar olarak kullanılabileceğidir. Böylece, tanımlanamayan türlerin DNA dizileri ile DNA barkod veri tabanlarındaki DNA dizilerinin eşleştirilmesi yöntemiyle bu türlerin tanımlanmasını sağlayacak evrensel bir tür teşhis anahtarı oluşturulması mümkün olmaktadır. Kısa DNA dizilerinin kullanılmasının temelinde, dizinin tür içerisindeki farklılık seviyesinin türler arasındaki farklılık seviyesinden daha düşük olduğu varsayımı bulunmaktadır. Yöntem, canlılardan elde edilen doku örneklerinden DNA izolasyonu gerçekleştirilmesi, bu DNA'nın PCR ile hedeflenen bölgenin çoğaltılmasında kullanılması ve çoğaltılan bölgenin DNA dizi analizinin gerçekleştirilmesi aşamalarından oluşmaktadır. Bu işlemler sonucunda elde edilen DNA dizileri türlerin tanımlanmasında kullanılan barkodlar olarak veri bankalarına kayıt edilmektedir (Aravind ve ark., 2007).

DNA barkodlamayı diğer yöntemlerden ayıran temel özellik tek bir gen bölgesi kullanılarak tüm hayvan türlerine yönelik evrensel bir biyolojik tanımlama sistemi prensibine sahip olmasıdır (Hebert ve ak., 2003).

1.8.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

PCR, doğal DNA replikasyon işleminin temel bileşenleri kullanılarak DNA'nın tüpler içinde çoğaltılması ya da kopyalanmasıdır. Temel olarak DNA ikili sarmalı açılmakta ve her bir ekseni kalıp (şablon) olarak kullanılarak yeni iki tamamlayıcı (komplementer) eksen sentezlenmekte ve bu olay istenilen miktar elde edilene kadar tekrarlanmaktadır. Bu teknikte ilk olarak yüksek sıcaklığın (92-95 °C) etkisiyle çift zincirli DNA molekülü denatüre edilerek sarmalların birbirinden ayrılması

sağlanmaktadır. İkinci aşamada ise oligonükleotidlerin (primerler) kalıp zincirlere 3' OH ucundan bağlanarak komplementer zincirler oluşturmasıyla devam eder. Son aşamada ise DNA polimerazın ısıya dayanıklı bir şekil olan *Taq* polimeraz reaksiyon karışımına ilave edilir ve DNA sentezi (70-75 °C'de) gerçekleşir. *Taq* polimeraz nükleotidleri 5' ucundan 3' ucuna doğru ekleyerek primerlerin uzamasını sağlar ve hedef DNA'nın iki zincirli kopyasını yapar. Kopyalama sonrası özel yöntemlerle çoğaltılan DNA (Agaroz Jel Elektroforezi, Poliakrilamid Jel Elektroforezi) boyanma işlemini takiben gözlenir. Primerlerin sınırladığı sekansın uzunluğu bilindiğinden, çoğaltılan ürünün hangi uzunlukta (bp) band oluşturduğu DNA büyüklük standardı ile karşılaştırarak belirlenir.

1.8.2. DNA Dizileme Metodu (Sequencing)

Bireyler 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 imkanı sağlamaktadır. DNA zincirinin test edilmesinde en yaygın metot, dideoxy-termination metodudur. 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 bandlarının 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 modifiye nükleotidler (ddATP, ddTTP, ddGTP, ddCTP) bulunmaktadır.

Bu yöntemlaboratuvar 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 parçacığı, 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 deoksinükleotidlere (dATP, dTTP, dGTP, dCTP) ilave olarak deoksinükleotidlerde var olan 3' OH grubunu taşımayan dideoksinükleotidler (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 rasgele 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.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Bu çalışma ile Türkiye Denizlerinde bulunan Scombridae familyasına ait türlerin (*Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus*, *Scomberomorus commerson*) genetik yapısı, türler arasındaki filogenetik ilişkinin derecesi ve şeklinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Barlett ve Davidson, (1991)' de yaptıkları çalışmada 4 önemli *Thunnus* türünü (*T. thynnus*, *T. obesus*, *T. albacares*, *T. alalunga*) Cyt b genini kullanarak PCR tekniği ile incelemişlerdir. 307 bç'lik bölgenin incelenmesi sonucunda türlerin biyolojik tanımlanmasında cyt b geni kullanımının güvenli olduğunu bildirmişlerdir.

Chow ve Kishino, (1995)'de yaptıkları çalışmada *Thunnus* cinsine ait türlerin filogenetik ilişkilerini incelemişler ve bunun için mitokondriyal DNA Cyt b ve ATPase genlerini kullanmışlardır. *Thunnus orientalis*'in *Thunnus thynnus* türünden genetik olarak farklılıklar gösterdiği ancak *Thunnus alalunga* türüyle genetik açıdan daha yakın olduğu ortaya koymuşlardır. *Thunnus orientalis* ve *Thunnus thynnus* türlerinin nükleer genomlarında farklılıklar gözlenmemiştir. *Thunnus* cinsine ait filogenetik ağaçta *Thunnus alalunga* 'nın ağaçtaki ilk kol olduğu ve bunu *Thunnus obesus* 'un izlediği bildirilmiştir.

Banford ve ark. (1999)' da yaptıkları çalışma ile *Scomberomorus* cinsine ait *Scomberomorus regalis* 'in *S. regalis*, *S. brasiliensis*, *S. maculatus*, *S. concolor*, ve *S. sierra* türleriyle filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir. ATP synthase 8 (ATPase 8; 168bç) ve ATP synthase 6 (ATPase 6; 684 bç), ve NADH 2 (ND2; 1047 bp) mitokondriyal genleri ile nükleer DNA'nın yaklaşık 400-bç'lik Aldolase exon 5/ intron 5 parçasının dizi analizi yapılmıştır. Çalışmanın sonucunda *Scomber regalis* ve *Serrasalmus maculatus* türlerinin mitokondriyal genomlarında bir farklılık gözlenmemiş olup nükleer DNA ve morfolojik karakter verilerinin bu iki türün farklı taksonlara ait olduğunu ortaya koymuştur.

Takeyema ve ark. (2001) *Thunnus* türleriyle yaptıkları çalışmada mitokondriyal ATPase ve Sitokrom oksidaz III gen bölgesinin PCR-RFLP metodlarıyla analizini yapmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda kullandıkları genlerin Tuna türlerinin biyolojik tanısında kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Pujolar ve ark. (2001)'de yaptıkları çalışmada alloenzimleri kullanarak Ege Denizi ve Akdeniz'in farklı bölgelerinden elde ettikleri *Sarda sarda* türünün popülasyon yapısını ortaya çıkarmayı amaçlamışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda Ligurya, İyonya ve Ege denizlerinde olmak üzere 3 ayrı popülasyonun varlığını ortaya çıkarmışlardır.

Vinas ve ark. (2003) yaptıkları çalışmada Akdeniz de 3 farklı istasyondan (Libya, Malta, Tunus) elde ettikleri *Thunnus thynnus* örnekleri ve Atlantik Okyanusu'nda ki Cadiz Körfezi'nden elde edilen örnekler arasında ki genetik farklılığı incelemişlerdir. Yapılan AMOVA analizleri sonucunda Malta kıyılarından elde edilen örneklerde önemli genetik farklılıklar bulmuşlar ($P < 0.001$) ancak bunun elde edilen örneklerin küçük boyutlarda olmasından kaynaklanabileceğini bildirmişlerdir. Yapılan analizlerden bu bölge verileri çıkartıldığında ise diğer istasyonlardan elde edilen örnekler arasında önemli genetik farklılıklar olmadığını bildirmişlerdir.

Carlsson ve ark. (2004) Akdeniz'de bulunan *Thunnus thynnus* popülasyonlarının genetik yapısını mikrosatellit lokusları ve mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin 868 bç'lik bölgesini analiz ederek çalışmışlardır. Elde edilen sonuçlarda hem mikrosatellit markırlarında hemde kontrol bölgesi dizilerinde önemli genetik heterojenite (farklılık) tespit edilmiştir. Tiran ve İyonya Deniz'inde bulunan popülasyonlarda ise önemli genetik farklılıklar tespit etmişlerdir.

Lin ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada 4 *Thunnus* türü olan *Thunnus thynnus*, *T. alalunga*, *T. obesus* ve *T. albacares* arasındaki genetik ilişkiyi ve farklılıkları ortaya çıkarmayı amaçlamışlardır. PCR-RFLP tekniği kullanarak yaptıkları bu çalışmada 376 bç uzunluğundaki mitokondriyal Cyt b geni analiz edilmiştir. Yapılan analiz sonucunda *T. obesus* 'un diğer 3 türden 4.235% oranla farklılık gösterdiği, *T. thynnus* ve *T. alalunga* arasında ki interspesifik (türlerarası) benzerliğin 98.687~99.674% arasında değiştiğini gözlemişlerdir. Sonuç olarak bu tekniğin *Thunnus* cinsine ait bireylerin tanımlanmasında kullanılabileceğini göstermişlerdir.

Ward ve ark. (2005) farklı aile ve cinslere sahip 207 türle yaptıkları DNA barkodlama çalışmasında mitokondriyal COI bölgesinin dizi analiz metoduyla tür tespiti ve biyolojik tanımlama çalışmalarındaki kullanılabilirliğini araştırmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda COI gen bölgesi kullanılarak yapılan biyolojik tanımlama ve tür tespit çalışmalarında bu bölgenin güvenli bir şekilde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Chow ve ark. (2006) *Thunnus* cinsine ait 8 tür ve buna ek olarak *Katsuwonus pelamis* ile *Sarda orientalis* türleri arasındaki filogenetik ilişkiyi rDNA'nın *ITS1* dizilerini analiz ederek incelemişlerdir. *ITS1* içerisindeki intra- genomik değişimleri de içeren interspesifik nükleotid dizilerinin 0.003- 0.014 arasında değiştiğini ancak bu oranların *Thunnus* türleri için 0.009-0.05 arasında değişkenlik gösterdiğini bildirmişlerdir. *Thunnus thynnus* ve *Thunnus orientalis* türlerinin *ITS1* dizilerini neredeyse aynı saptamışlar ($K^2P = 0.006$), *Thunnus orientalis* ve *Thunnus alalunga* ise diğer *Thunnus* türleri arasında ayrı bir grupta sınıflandırmışlardır.

Bremer ve ark. (2005) *Thunnus* türleri ve Kılıç türleri ile yaptıkları filogenetik çalışmada mitokondriyal DNA kontrol bölgesini kullanmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda *Thunnus thynnus* ve *Thunnus orientalis* türleri arasında farklılıklar olduğu ve bunun yanı sıra *Thunnus thynnus* türlerinin Atlantik ve Akdeniz populasyonları arasında bir farklılık bulunmadığını bildirmişlerdir.

Lin ve Hwang. (2006) PCR-RFLP tekniğini kullanarak konserve Tuna ürünlerinde *Thunnus thynnus*, *T. alalunga*, *T. obesus*, *T. albacares*, *Katsuwonus pelamis*, *E. affinis*, *Auxis thazard* ve *Sarda orientalis*'in tür tespitini gerçekleştirmişlerdir. DNA izolasyonunun etkinliğini ve hassasiyetini arttırmak için manyetik boncuk bağlama metodunu kullanmışlardır. Mitokondriyal Cyt b geninin 126-146 bp'lik bölümü ve *Bsp1286I*, *HincII*, *RsaI*, *ScaI* and *MboII* kesme enzimleri kullanarak yaptıkları çalışmada 18 adet konserve üründe kimlik doğrulamasını başarılı bir şekilde yapmışlardır.

Paine ve ark. (2007) yaptıkları çalışmada *Scombrid* türlerinin tespiti için mitokondriyal *COI* gen bölgesini kullanmışlardır. Morfolojik karakterlerin yetersiz kaldığı tür tespit çalışmalarına ışık tutabilme amacıyla yapılan bu çalışmada 950 bp lik *COI* gen bölgesinin dizi analizi çıkartılmış ve 17 *Scombrid* türünün tespiti bu yöntemle yapmışlardır. Sonuç olarak *COI* gen bölgesinin 250 bp' lik bölgesinin tür tespitinde kullanılabileceğini ortaya koymuşlardır.

Infante ve ark. (2007) *Scomber* cinsleriyle ilgili yaptıkları filogenetik çalışmada nükleer DNA 5S rDNA dizisini kullanmışlardır. Maximum likelihood, maximum parsimony ve neighbor-joining analizleri sonucunda daha önce birbirlerinin sinonimi olarak bilinen *Scomber colias* ve *Scomber japonicus* türlerinin farklı türler olduklarını bildirmişlerdir.

Paine ve ark., (2008) larval dönemde tür tespiti oldukça zor olan *Scombrid* türlerinin tür tayinini DNA dizi analiz yöntemiyle mitokondriyal *COI* geni kullanarak yapmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda *COI* geninin *Scombrid* larvalarının tür tespitinde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Vinas ve Tudela, (2009) *Thunnus* cinsine ait türlerle (*T. atlanticus*, *T. tonggol*, *T. albacares*, *T. obesus*, *T. maccoyii*, *T. alalunga*, *T. orientalis* ve *T. thynnus*) yaptıkları çalışmalarda türlerin tespiti için mtDNA kontrol bölgesi ve nükleer DNA- *ITS1* (first internal transcribed spacer) bölgesini kullanmışlardır. Bu iki genetik markırın kombinasyonuyla yapılan çalışmada sekiz Tuna türünün tür tespiti başarılı bir şekilde tespit edilmiştir.

Keskin (2010) Türkiye sularından elde ettiği dokuz *Scombrid* türünün (*Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus*, *Scomberomorus commerson*) filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yaptığı çalışmada DNA barkodu olarak kullanılan *COI* gen bölgesini PCR-DNA dizileme analizi yöntemini kullanmıştır. Elde ettiği sonuçlarda ortalama Timin bazı oranını %30,4, ortalama Sitozin bazı oranını %29,1, ortalama Adenin bazı oranını %23,3 ve ortalama Guanin bazı oranını ise %17,2 olarak bildirmiştir. Bununla beraber türler arası ortalama genetik uzaklık değerinin ise 0,118 olarak tespit edildiğini bildirmiştir.

Cho-Chen Wua ve ark. (2010) Batı Pasifik ve Batı Hint Okyanusu'ndan elde ettikleri *Thunnus albacares* örneklerinin mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin dizi analizi ile yaptıkları çalışmada toplam 111 haploit belirlemişlerdir. Neighbour-joining ve Kimura two-parameter metodları kullanılan analizlerde sonuç olarak Batı Hint ve Batı Pasifik Okyanuslarında bulunan *Thunnus albacares* popülasyonları arasında genetik farklılık bulunmadığını bildirmişlerdir.

Jiao ve ark. (2011) *Scomber* cinsiyle ilgili yaptıkları moleküler filogenetik çalışmasında nDNA (5S rDNA) ve mtDNA (*COI*, *cyt b*, *D-Loop*) markırları kullanarak bu cinse ait türlerin evrilme hızları ve filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir. Yapılan çalışma sonucunda birbirlerinin sinonimleri olarak bilinen *Scomber colias* ve *Scomber japonicus* türlerinin birbirinden ayrı iki tür olduğunu bildirmişlerdir. nDNA ve mtDNA bazal düğümlerindeki filogenetik uyum bu cinse ait türlerin aslında Atlantik kökenli olabileceğini ortaya koymuştur.

Mudumala ve ark. (2011) *Thunnini* soy hattına ait türlerin filogenetik ilişkilerini incelemek ve türlerin biyolojik tanımlanmasındaki sorunlara çözüm getirebilmek amacıyla yaptıkları çalışmada COI genini kullanarak DNA dizi analizi yöntemini kullanmışlardır. Elde ettikleri filogenetik ağaçta *Auxis rochei* türlerinin arasında ve *Thunnus tongol* türlerinin arasında farklılıklar tespit etmişler ve *Auxis rochei* ve *Thunnus tongol* türlerinin alt türler içerebileceğini bildirmişlerdir.

Chuang ve ark. (2012) ticari Tuna ürünlerinde hızlı ve güvenilir tür tespiti için Real- Time PCR tekniğini kullanmışlardır. *Thunnus obesus*, *Thunnus orientalis*, *Thunnus maccoyii* ve *Thunnus albacares* türlerinin tespiti için Taqman propları ve SYBR green sistemi dizayn edilmiştir. Her iki sisteminde Tuna ürünlerinde tür tespitinde doğru ve yüksek verimlilikte kullanılabileceği bildirmişlerdir.

Keskin ve Atar (2013) Türkiye denizleri ve içsularında bulunan ve ekonomik değeri yüksek olan ve *T. thynnus*, *T. alalunga*, *S. japonicus*, *S. scombrus*, *S. commerson*, *S. sarda*, *E. alletteratus* ve *A. thazard* türlerinin yer aldığı 89 türün DNA barkodlama çalışmasını yürütmüşlerdir. Elde ettikleri sonuçlarda *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerini çalışılan tüm türler arasından genetik olarak birbirine en yakın türler (0.012) olduğunu bildirmişlerdir.

Bu çalışma ile ekonomik değeri oldukça yüksek olan Scombridae familyası üyelerinin Türkiye denizlerinde bulunan dokuz türünün birbiriyle olan filogenetik ilişkisinin incelenmesi amaçlanmış ve birden fazla cinsin filogenetik ilişkisinin incelendiği bilimsel ve güncel çalışmaların eksikliğinin giderilmesi amaçlanmıştır.

3. MATERİYAL VE METOD

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

3.1. Materyal

3.1.1. Örneklem Bölge

Örnekler İskenderun Körfezi, İzmir Körfezi, Fethiye ve Antalya açıklarından gırgır tekneleri, uzatma ağları ve olta balıkçılığı ile yapılan avcılık faaliyetleri ile temin edilmişlerdir. *O. unicolor* türü örneklem faaliyetleri boyunca elde edilememiştir. Diğer türlerin örneklem bölgelerine ait bilgiler ise Çizelge 3.1' de gösterilmiştir.

Çizelge 3.1. Türlerin örneklem bilgileri.

Tür	Avlanılan Bölge	Örnek Sayısı	Avlanma Metodu
<i>A. rochei</i>	İskenderun Körfezi	5	Gırgır Operasyonu
<i>E. alletteratus</i>	İskenderun Körfezi	5	Uzatma Ağı
<i>K. pelamis</i>	İskenderun Körfezi	5	Olta Balıkçılığı
<i>S. scombrus</i>	İzmir Körfezi	5	Gırgır Operasyonu
<i>T. alalunga</i>	Fethiye	3	Uzatma Ağı
<i>T. thynnus</i>	Fethiye	5	Gırgır Operasyonu
<i>S. commerson</i>	İskenderun Körfezi	5	Gırgır Operasyonu
<i>S. sarda</i>	Antalya	5	Gırgır Operasyonu
<i>S. japonicus</i>	İskenderun Körfezi	5	Gırgır Operasyonu

3.1.2. Kullanılan Araç ve Gereçler

Genetik çalışmada DNA elektroforezis tankı, güç kaynağı, UV transilluminator cihazı, vorteks cihazı, inkübatör, mikrosantrifüj cihazı, hassas terazi, PCR cihazı ve otoklav kullanılmıştır.

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 ulaşınca kadar teknedeki dondurucuya veya buza konulmuş, kıyıya geldikten sonra ise laboratuvara ulaşınca kadar soğuk taşıma kabında (buzda) muhafaza edilerek laboratuvara getirilmiş ve derin donduruculara yerleştirilmiştir. Türlerin tanısı ve sistematik ayrımı Collette ve Nauen, (1983) ile Turan ve ark. (2007)'ye göre yapılmıştır. Laboratuvara getirilen örneklerin tür tayini yapıldıktan sonra genetik analiz için doku örnekleri alınmış ve % 95'lik etil alkolde eppendorf 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. Toplam Genomik DNA İzolasyonu

MtDNA'nın elde edilmesinde Asahida ve ark. (1996) tarafından verilen yüksek tuz metodu uygulanmıştır. Balık örneklerinin sırt kaidesindeki kas dokusundan ve kuyruk yüzgeçlerinden alınıp %95'lik etil alkolde muhafaza edilen doku örneklerden yaklaşık 50 mg doku kullanılmıştır. Örnekler alkolden tamamen uzaklaştırıldıktan sonra otoklavlanan eppendorf tüpleri (1,5 ml) içerisine konulmuşlardır. Örnekler konulduktan sonra eppendorf tüplerin içerisine 400 µl TNES Buffer (10 mM Tris; pH 8.0; 125 mM NaCl; 10 mM EDTA; 0.5 % SDS; 4 M Urea) ve 30 µl Proteinaz K eklenip vortekslenmişlerdir. Vortekslenen örnekler 1 saat boyunca 42 °C'ye ayarlanan inkübatörde bekletilmiştir. İnkübasyondaki örnekler her 15 dakikada vortekslenmişlerdir. İnkübatörden çıkan örneklerle 400µl fenol kloroform isoamil alkol(25:24:1) ilave edilip 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra 10.000 rpm de 10 dakika santrifüj edilen örneklerin üst tabakaları (200 µl) mikropipet yardımıyla farklı tüplere alınmıştır. Bu işleminden sonra örneklerin üzerine 1 M -200 µl NaCl ve derin dondurucuda muhafaza edilen %100 lük etil alkolden 400µl eklenmiştir. Birkaç defa ters düz edilen örnekler tekrar 10.000 rpm de 10 dakika santrifüj işlemine tabi tutulmuşlardır. Santrifüj işleminden çıkan örneklerin içlerinde ki sıvı

dikkatle boşaltılarak yine derin dondurucuda muhafaza edilen %70'lik etil alkolden 1 ml eklenip 10.000 rpm de 5 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra tüplerdeki sıvı dikkatlice boşaltılmıştır. Tüpler içlerindeki peletlerin kuruması için desikatörde bir süre vakumlanmıştır. Daha sonra kuruyan peletlerin üzerine 100 µl TE buffer eklenerek genomik DNA'nın izolasyonu tamamlanmıştır.

3.2.2.2. Genomik DNA'nın Kalite ve Miktarının Belirlenmesi

İzole edilerek TE tamponu içerisinde çözödürölen DNA örneölerinin spektrofotometre ile 260nm ve 280 nm dalga boyundaki soöurumları okunmuştur. Bu verilerden yararlanarak herhangi bir kontaminasyon olup olmadığı ve DNA'nın konsantrasyonu hesaplanmıştır. 260nm'de 1 optik dansite, çift iplikli DNA konsantrasyonunda 50 mg/ml'sine denk gelir.

$$C_{DNA} = O.D._{260nm} \times S.K. \times 50$$

O.D.-Optik Dansite (260nm'de okunan absorbans değeri)

S.K.- Sulandırma katsayısı

Spektrofotometre yardımıyla miktarı belirlenen DNA örneölerinin 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 Bromide eklenerek 60 °C' ye kadar soöutulanan jel 15x6x9 cm ebatlarındaki elektroforez küveti içerisine dökölerek soöumaya bırakılmıştır. Jel soööduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE Buffer bulunan elektroforez tankına koyulmuş ve 3 µl DNA örneöleri 6 µl'lik loading buffer'la (yükleme çözeltisi) karıştırılarak sırasıyla jeldeki küçük haznelere yerleştirilmiştir. Elektrik akımının gerçekleşmesi için, güç kaynağı 10 dk süre ile 25 mA ve 50 V'a ayarlanmıştır. Elektroforez tamamlandıktan jel elektroforez tankından uzaklaştırılmış ve UV transilluminatör cihazında, UV koruyucu maske ile örneölerin DNA yapıları gözlenmiştir.

3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile *COI* Geninin Çoğaltılması

Türler arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenebilmesi genetik farklılığın derecesini ortaya çıkarmak amacıyla mitokondriyal *COI* (cytochrome c oxidase subunit I) geni kullanılmıştır. Bunun için aşağıda verilen oligonükleotidlerden (Ward ve ark., 2005) faydalanarak *COI* geni çoğaltılmıştır.

COIF: 5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3'

COIR: 5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3'

Mitokondriyal *COI* geninin PCR ile çoğaltılması uygulamasında; ilk önce 95 °C'de 2 dakika denatürasyon işlemi uygulanmıştır. Bunu takiben amplifikasyon işlemi 94°C'de 30 sn, 54°C'de 30 sn, 72 °C'de 1 dakikalık PCR sıcaklık profili 35 döngü olacak şekilde uygulandı ve 72 °C'de 10 dakika son uzama safhası izlenmiştir. Elde edilen PCR ürünü ise % 1'lik agaroz jelde kontrol edilmiştir.

3.2.2.4. DNA Dizileme Analizi

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'ın 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 jel matriks 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 dizi analizi cihazlarında 6 bazdan 1000 baza kadar güvenli okuma yapılabilmektedir (Sambrook ve ark., 1989).

3.2.2.5. Filogenetik Ağaç Oluşturmada Kullanılan Karakter Temelli ve Mesafe Temelli Yöntemler

Günümüzde kullanılmakta olan yöntemler temel olarak iki ana başlık altında incelenir: Karakter temelli yöntemler; Maximum parsimony, Maximum likelihood, Bayes olarak tanımlanırken; mesafe temelli yöntemler ise Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA), Neighbour joining, Minimum evrim metodu, En az kareler metodu olmak üzere dörde ayrılır (Şahin, 2011; Tez, 2011).

3.2.2.5.1. MP (Maximum Parsimony) Farklılıkları En Aza İndirme Yöntemi

Parsimoni metodu, olası birçok filogenetik ağaçlar arasından hangi dallanma modelinin evrimsel tarihi en doğru biçimde yansıttığını tanımlamada bir yol göstericidir (Şahin, 2011). Parsimoniye göre olması en muhtemel ağaç, açığa çıkmış olan evrimsel değişimin toplam miktarını en aza indirgeyen ağaçtır. Yani en az farklı olan birimler, birbirine çok yakın ve en çok benzeyen birimlerdir. Bu nedenle; Parsimoni (MP), Minimum Evrimsel Metod (parsimoni = tutumluluk) olarak tanımlanabilir.

3.2.2.5.2 ML (Maximum Likelihood) En Yüksek İhtimal Metodu

En yüksek ihtimal metodunda, tüm ağaç topolojileri değerlendirilir. Neticede, yarışan ağaç topolojilerinden en yüksek gerçekleşme olasılığı olan ağaç seçilir. Maximum likelihood yöntemini mevcut metodların içinde genelde en tutarlı olanıdır. Karakter ve oran analizlerinde kullanılabilirler. Sönmüş (hipotetik) ataların sekanslarını tahmin etmede kullanılabilir. Nükleotid, aminoasit sekansları ve diğer data tiplerine uygulanabilir (Şahin, 2011; Tez, 2011).

3.2.2.5.3. Bayes Metodu

Bayes metodu, temelde maximum likelihood metoduna benzemektedir, ancak sonraki (posterior) olasılık kullanımı nedeniyle bu yöntemden ayrılır. Mevcut gözlemlere dayanarak gözlenmeyen bir durum hakkında sonuç çıkarma prensibine dayanır. Bu metotta baz alınan “önceki olasılık” kavramı analiz öncesinde tüm olası ağaç topolojileri için geçerli olan olasılığı ifade eder. Bu metod günümüzde çok yaygın olarak kullanılmaktadır (Şahin, 2011; Tez, 2011).

3.2.2.5.4. UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages) Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Grup Metodu

Bir takson için uzaklık matriksi gözden geçirilirken, en küçük uzaklık matriksi baz alınır. Hızlı bir yöntemdir ve geniş data setlerini çabukça analiz edebilir fakat karakter analizinde kullanılamazlar. Bir atanın iki yavrusunun aynı miktarda değişime uğradığını (dalların eşit uzunlukta olduğunu) savunması gerçekçi değildir (Sahin, 2011;Tez, 2011).

3.2.2.5.5. Neighbour Joining-Komşu Birleştirme Metodu

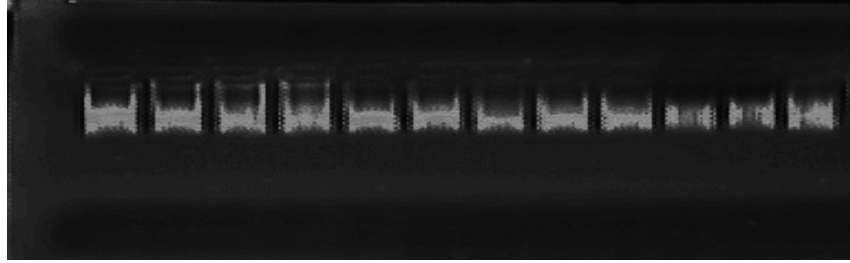
Bu metod içerik olarak “cluster” analizle alakalıdır. Ancak, dallar boyunca moleküler değişikliklerin eşit olmayan oranları için metot izin verir. Analizin her adımında uzaklık matriksi, düğümlerin her çifti arasında ayarlanan dal uzunluklarının net etkisine sahiptir. Bunun anlamı; tüm diğer düğümlerden farklılıktır. Bu yöntemde bir tane ağaç oluşturulur ve geniş veri kümelerinin analizi yapılabilir. Fakat tüm olası ağaç topolojileri değerlendirilmez (Şahin, 2011; Tez, 2011).

4.BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Bulgular

4.1.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi

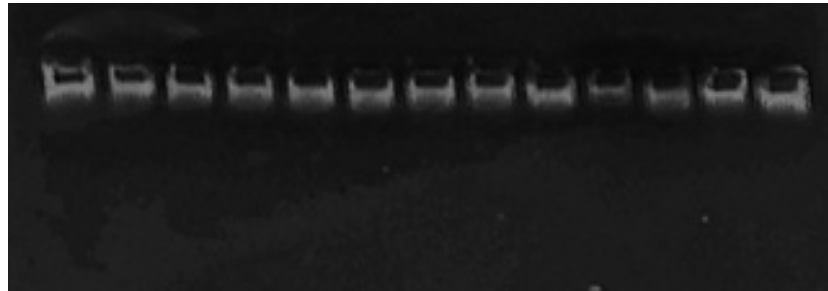
Türkiye denizlerinde bulunan ve bu çalışmada kullanılan *Auxis rochei rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus* ve *Scomberomorus commerson* türlerinden 5'şer adet örnek sağlanarak türler arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır. İzolasyon sonunda total DNA *Scombrid* türlerinden başarılı bir şekilde elde edilmiştir (Şekil 4.1)



Şekil 4.1. Ekstraksiyonu yapılan total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü.

4.1.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle *COI* Bölgesinin Çoğaltılması

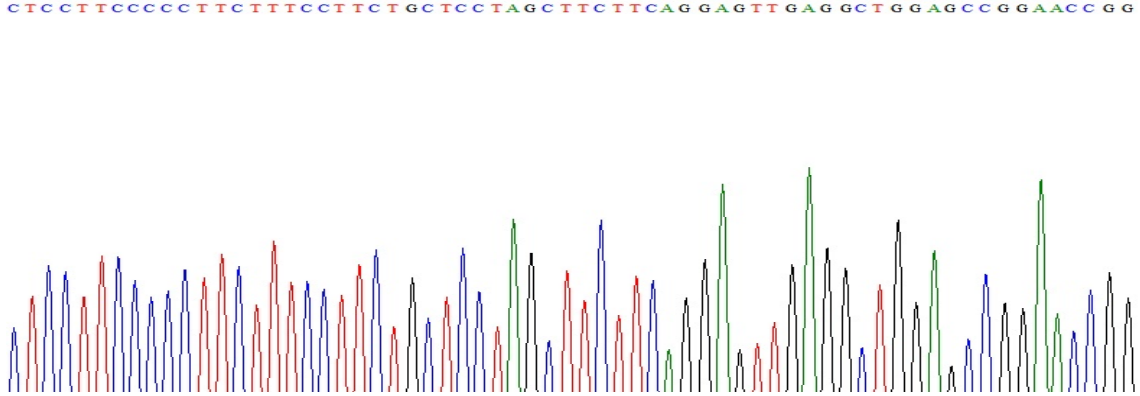
DNA ekstraksiyonundan sonra, mitokondriyal *COI* bölgesinin 634 bp'lık parçası polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltılmış, elde edilen ürün ise %1'lik agaroz jelde kontrol edilmiştir (Şekil 4.2).



Şekil 4.2. mtDNA *COI* bölgesinin PCR ile çoğaltıldıktan sonra agaroz jel üzerinde kontrolü.

4.1.3. COI Gen Bölgesinin DNA Dizilerinin Belirlenmesi

DNA dizilerinin belirlenmesi amacıyla PCR ürünlerine DNA dizileme analizi uygulanmıştır. Analiz sonucu elde edilen DNA dizilimlerinde düzeltme işlemi uygulanmış ve DNA dizileri belirlenmiştir. DNA dizileme analizi sonucunda elde edilen DNA dizilimlerinin kromotografisinin bir örneği Şekil 4.3’de gösterilmiştir.



Şekil 4.3. DNA dizileme analizi sonucu elde edilen COI gen bölgesinin parça kromotografisinden bir örnek.

4.1.4. DNA Dizileme Analizi

Çalışmamızda, çoğaltılan gen bölgelerinin DNA dizi analizi reaksiyolarının yapılabilmesi için PCR ürünleri Ankara’da bulunan Refgen firmasına gönderildi. Dizileme analizi Bigdey Cycle Sequencing Kit V3.1 ile yapıldı ve ABI 3130 XL genetik analiz cihazında yürütülmüştür. DNA dizilerinin görsel olarak gözden geçirilmesi için BioEdit (Hall, 1999) programı kullanıldı. Kopyalanan diziler Clustal W (Thompson ve ark.,1994) programına kopyalanarak dizi hizalaması gerçekleştirildi.

4.1.5. Filogenetik Analiz

Dizileri hizalanan Scombridae familyasına ait türlerin akrabalık derecelerini öğrenebilmek için filogenetik ağaç oluşturmada MEGA 5 (Tamura ve ark., 2011) programları kullanılmıştır. Elde edilen verilerden Neighbor Joining (NJ), Minimum Evolution (ME) ve Max. Parsimony Method (MP) yöntemleri kullanılarak bireyler arasındaki filogenetik ilişki belirlenmiştir. Filogenetik ağaçların oluşturulmasında

güvenilirliği sağlamak için 1000 tekrarlı bootstrap (seç-bağla) testleri yapılmıştır. Analiz edilen *COI* bölgesinin uzunluğu 634 bp olarak tespit edilmiştir.

Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonu Çizelge 4.1’de verilmiştir. Yapılan analizlerde T bazının oranı % 28,4 ile % 29,8 oranında değişirken ortalama oranı % 27 olarak, A bazının oranı % 23 ile % 24,4 arasında bulunup ortalama 23,6 olarak saptanmıştır. C bazının oranı % 28,1 ile % 30 oranında değişirken ortalama %28,7 olarak ve son olarak G bazının oranları % 17,7 ile % 19,4 arasında değişirken ortalama %18,8 olarak belirlenmiştir.

G-C bazlarının oranlarına bakıldığında (Çizelge 4.1) değerlerin % 49,4-45,9 arasında değişkenlik gösterdiği saptanmış ve ortalama oranın % 47,5 olarak belirlenmiştir. A-T bazlarının oranı ise % 54,1 ile % 50,6 arasında değişkenlik göstermiş iken ortalama oran % 52,6 olarak bulunmuştur.

Mudumala ve ark., (2011)’de *A. rochei*, *A. thazard*, *E. affinis*, *T. tonggol* türlerinin filogenetik ilişkilerini incelemek amacıyla yaptıkları çalışmada *COI* genini kullanmışlar ve nükleotid kompozisyonunu “A” 24,0%, “T” 30,2%, “G” 18,4% ve “C” 27,4% olarak bulmuşlardır ve ‘AT’(54,2%) oranının ‘GC’(45,8 %) oranından fazla olduğunu ve bununla birlikte *A. rochei* türündeki “AT” oranını %53,4 olarak bildirmişlerdir. Çalışmamızda ise nükleotid kompozisyonu “T” % 28,7, “A” %23 iken “C” %28,7 ve “G”%18,8 , “AT” oranı ise % 52,6 olarak elde edilmiştir. *A. rochei* türünün “AT” oranı ise % 52,86 olarak saptanmıştır. Mudumala ve ark. (2011) de yaptıkları çalışmada elde ettikleri değerlerin çalışmamızda elde edilen değerlerden az da olsa yüksek olduğu gözlenmiştir. Bunun nedenin, Mudumala ve ark. (2011) çalışmalarında kullandıkları türlerin (*Thunnus tonggol*, *Euthynnus affinis*, *Auxis thazard* ve *Auxis rochei*) çalışmamızda kullanılan türlerle aynı olmaması ve ortak olan tek tür *A. rochei* türünün ise elde edildiği ekolojik bölgenin (Hint Okyanusu) farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Keskin (2010) Türkiye sularından elde ettiği dokuz *Scombrid* türünün (*Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus*, *Scomberomorus commerson*) filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yaptığı çalışmada DNA barkodu olarak kullanılan *COI* gen bölgesini PCR-DNA dizileme analizi yöntemini kullanmıştır. Kimura-2 parameter yöntemi ile yaptığı filogenetik analizlerde ise

ortalama Timin bazı oranını 30,4, ortalama Sitozin bazı oranını 29,1, ortalama Adenin bazı oranını 23,3 ve ortalama Guanin bazı oranını ise 17,2 olarak bildirmiştir. Keskin (2010)'da yaptığı çalışmada elde ettiği sonuçlarla çalışmamızda elde edilen sonuçların oldukça yakın olduğu gözlenmiştir.

Çizelge 4.1. Türler için nükleotid kompozisyonu (%).

	T	C	A	G	G-C	A-T	Toplam
<i>T. thynnus-1</i>	28,9	28,1	24,1	18,9	47	53	634
<i>T. thynnus-2</i>	29,2	27,8	24,1	18,9	46,7	53,3	634
<i>T. thynnus-3</i>	28,9	28,1	24,1	18,9	47	53	634
<i>T. thynnus-4</i>	28,9	28,1	24	19,1	47,2	52,9	634
<i>K. pelamis-1</i>	28,4	28,5	24,1	18,9	47,4	52,5	634
<i>K. pelamis-2</i>	28,4	28,5	24,1	18,9	47,4	52,5	634
<i>T. alalunga-1</i>	28,7	28,2	24,3	18,8	47	53	634
<i>T. alalunga-2</i>	28,9	28,4	24	18,8	47,2	52,9	634
<i>T. alalunga-3</i>	28,7	28,2	24,1	18,9	47,1	52,8	634
<i>S. commerson-1</i>	29,5	28,4	24,1	18	46,4	53,6	634
<i>S. commerson-2</i>	29,7	28,2	24,4	17,7	45,9	54,1	634
<i>S. scombrus-1</i>	29,3	29	23,5	18,1	47,1	52,8	634
<i>S. scombrus-2</i>	29,3	29	23,7	18	47	53	634
<i>S. scombrus-3</i>	29,5	28,9	23,5	18,1	47	53	634
<i>S. scombrus-4</i>	29,3	29	23,7	18	47	53	634
<i>S. japonicus-1</i>	27,8	30	23	19,2	49,2	50,8	634
<i>S. japonicus-2</i>	27,8	30	23	19,2	49,2	50,8	634
<i>S. japonicus-3</i>	27,9	29,8	22,7	19,6	49,4	50,6	634
<i>S. japonicus-4</i>	27,6	30	23	19,4	49,4	50,6	634
<i>S. japonicus-5</i>	27,8	30	23	19,2	49,2	50,8	634
<i>A. rochei-1</i>	29	28,5	23,7	18,8	47,3	52,7	634
<i>A. rochei-2</i>	29,2	28,4	23,7	18,8	47,2	52,9	634
<i>A. rochei-3</i>	29,3	28,2	23,7	18,8	47	53	634
<i>A. rochei-4</i>	29,3	28,4	23,5	18,8	47,2	52,8	634
<i>A. rochei-5</i>	29,2	28,4	23,7	18,8	47,2	52,9	634
<i>E. alletteratus-1</i>	29	28,7	23	19,2	47,9	52	634
<i>E. alletteratus-2</i>	29	28,7	23	19,2	47,9	52	634
<i>E. alletteratus-3</i>	29	28,7	23	19,2	47,9	52	634
<i>E. alletteratus-4</i>	29	28,7	23	19,2	47,9	52	634
<i>E. alletteratus-5</i>	29	28,7	23	19,2	47,9	52	634
<i>S. sarda-1</i>	29,7	28,5	23,3	18,5	47	53	634
<i>S. sarda-2</i>	29,8	28,4	23,3	18,5	46,9	53,1	634
<i>S. sarda-3</i>	29,8	28,4	23,3	18,5	46,9	53,1	634
<i>S. sarda-4</i>	29,8	28,4	23,3	18,5	46,9	53,1	634
<i>S. sarda-5</i>	29,8	28,4	23,3	18,5	46,9	53,1	634
Ortalama	29	28,7	23,6	18,8	47,5	52,6	634

Değişken bölgeler, korunmuş bölgeler ve parsimoni anlamlı bölgeler Çizelge 4.2’da verilmiştir.

Çizelge 4.2. Nükleotid çifti frekansları.

Korunmuş Bölgeler	457/634
Değişken Bölgeler	177/634
Parsinomi Anlamlı Bölgeleri	175/634
R (si/sv)	2.94

634 bç’lik bölgesi çalışılan *COI* geninin 457 bç’lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 177 bç’lik bölge ise türler arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 175 bç’lik bölge ise türler arasında belirteç görevi görmüştür.

Infante ve ark. (2007)’de 5S rDNA geni kullanarak *Scomber japonicus*, *Scomber colias* türleri üzerinde yaptıkları çalışmada 766 bç olarak belirlenen bölgenin 91 tanesinin türler arasında belirteç görevi gördüğünü bildirmişlerdir.

Paine ve ark. (2007)’de *COI* geni kullanarak *Acanthocybium solandri*, *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber colias*, *Scomber scombrus*, *Scomberomorus brasiliensis*, *Scomberomorus cavalla*, *Scomberomorus maculatus*, *Scomberomorus regalis*, *Thunnus alalunga*, *Thunnus albacares*, *Thunnus atlanticus*, *Thunnus obesus* ve *Thunnus thynnus* türleri ile yaptıkları çalışmada uzun zincir ve kısa zincir olmak üzere 2 adet amplifikasyon yürütmüşler ve değişken bölgeleri sırasıyla 279/ 945 ve 64/264 olarak bildirmişlerdir.

Paine ve ark. (2007)’nin yaptıkları çalışmada saptadıkları değişken bölge sayısının fazla olmasının sebebinin çalıştıkları tür sayısının fazla olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Çalışmamızda belirlenen değişken bölgelerin sayısının fazla olması da, analiz edilen tür sayısı arttıkça gözlemlenen değişken bölge sayısının arttığını desteklemektedir.

Çalışmamızda filogenetik ağaçların oluşturulmasından önce türlerin birbiriyle olan genetik ilişkileri hesaplanmıştır. Tüm filogenetik analizler hesaplanırken Kimura-2

parameter modeli (Kimura, 1980) kullanılmıştır. Buna göre tüm türler arası genetik farklılaşma katsayısı 0,983 olarak gözlenmiştir. Türler arası ortalama genetik çeşitlilik 0,117 olarak hesaplanırken, tür içi ortalama genetik çeşitlilik ise 0,002 olarak gözlenmiştir. Türler arası ortalama genetik çeşitliliğe benzer olarak DNA dizilerindeki genetik farklılık ortalaması da 0,117 olarak hesaplanmıştır.

Keskin (2010) Türkiye sularından elde ettiği dokuz *Scombrid* türünün (*Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus*, *Scomberomorus commerson*) filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yaptığı çalışmada türler arası ortalama genetik uzaklık değerini 0,118 olarak tespit edilmiştir. Keskin (2010)'in yaptığı çalışmada elde ettiği sonuçlar ile çalışmamızda elde edilen değerlerin oldukça benzer olduğu gözlenmiştir. Keskin (2010) yaptığı bu çalışmada ayrıca korunmuş bölgeleri %71, değişken bölgeleri %29 ve parsimoni anlamları bölgeleri ise çalışılan bölgenin %20'sini oluşturduğunu bildirmiştir. Çalışmamızda ise korunmuş bölgeler %72, değişken bölgeler %28, parsimoni bölgeleri ise çalışılan bölgenin %27'si olarak saptanmıştır.

Mudumala ve ark. (2011)'de *A. rochei*, *A. thazard*, *E. affinis*, *T. tonggol* türlerinin filogenetik ilişkilerini incelemek amacıyla yaptıkları çalışmada *COI* genini kullanmışlar ve *A. rochei* türleri için türler içi ortalama genetik çeşitlilik değerini 0.003 olarak bildirmişlerdir.

COI geninin türler içi ortalama genetik çeşitlilik oranı Çizelge 4.3.'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. *COI* geni türler içi ortalama çeşitlilik oranı

<i>T. thynnus</i>	0.002
<i>K.pelamis</i>	0.000
<i>T. alalunga</i>	0.004
<i>S. commerson</i>	0.005
<i>S. scombrus</i>	0.002
<i>S. japonicus</i>	0.003
<i>A. rochei</i>	0.002
<i>E. alletteratus</i>	0.000
<i>S. sarda</i>	0.001

Çalışmamızda elde ettiğimiz türler içi genetik çeşitlilik oranlarında *K. pelamis*, ve *E. alletteratus* türlerindeki oranın sıfır olduğu saptanmıştır. Bunun nedeninin bu türlerin yakın bir zamanda genetik dar boğazına girmiş olabileceğinden kaynaklandığı ve bu türlerin genetik dar boğaza girme sebebinin de üzerlerindeki yoğun av baskısından ileri geldiği düşünülmektedir.

Çizelge 4.4' de Türler arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri verilmiştir. En düşük genetik uzaklık *T. alalunga* ve *T. thynnus* türleri arasında (0,005) bulunurken *S. japonicus* ile İndopasifik kökenli *S. commerson* türleri arasındaki genetik uzaklık 0,201 ile en yüksek olarak hesaplanmıştır.

Chow ve ark. (2006)'da *T. albacares*, *T. atlanticus*, *T. tonggol*, *Thunnus maccoyii*, *Thunnus obesus* türleri ile ve rDNA ITS1 bölgesi ile yaptıkları çalışmada *T. alalunga* ile *T. thynnus* türleri arasındaki genetik uzaklığı 0,029; *T. thynnus* türü ile *K. pelamis* türü arasındaki genetik uzaklığı 0,013 ve *T. alalunga* ile *K. pelamis* türleri arasındaki genetik uzaklığı ise 0,014 olarak bildirmişlerdir.

Çalışmamızda ise *T. thynnus* ve *T. alalunga* türleri arasındaki genetik uzaklık 0,005; *T. thynnus* ve *K. pelamis* türleri arasındaki genetik uzaklık 0,016; *K. pelamis* ve *T. alalunga* türleri arasındaki genetik uzaklık ise 0,013 olarak gözlenmiştir. Çalışmamız ile Chow ve ark. (2006)'nın yaptığı çalışmada *T. thynnus* ve *T. alalunga* türleri arasında saptanan genetik uzaklık değerlerinin (0,029) birbirlerinden oldukça farklı olduğu ancak *T. thynnus* türü ile *K. pelamis* türleri arasında saptanan genetik uzaklık değeri (0,013) ve *T. alalunga* ile *K. pelamis* türleri arasında saptanan genetik uzaklık değerleri (0,014) arasında çok küçük farklılıklar olduğu gözlenmektedir. Bunu nedenin ise rDNA ITS1 bölgesinin aksine COI geninin *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerini ayırt etmede yetersiz kalmış olmasından kaynaklanabileceği düşünülmektedir.

Keskin (2010) 'da COI kullanarak yaptığı çalışmada *Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus*, *Scomberomorus commerson* türlerini kullanmıştır. Türler arasındaki genetik uzaklık mesafelerinin hesaplanmasında Kimura 2 parameter modelini kullanmıştır. Elde ettiği sonuçlarda ise *T. thynnus* ve *T. alalunga* türleri arasındaki genetik mesafeyi 0,002 olarak saptamış ve bu iki türün genetik olarak birbirine en yakın türler olduğunu bildirmiştir. Keskin (2010) aynı zamanda türler arası ortalama genetik uzaklık değerini ise 0,118 olarak bildirmiştir. Keskin (2010)'ın yaptığı

çalışmada elde ettiği sonuçlar ile çalışmamızdan elde edilen sonuçların oldukça yakın olduğu belirlenmiştir.

Mudumala ve ark. (2011)'de COI kullanarak yaptıkları çalışmada türler arasındaki genetik uzaklık mesafelerinin hesaplanmasında Kimura 2 parametre modelini kullanmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda *E. affinis* ve *A. rochei* arasındaki genetik uzaklık değerini 0,177; *E. affinis* ve *T. tonggol* arasındaki genetik mesafe oranını ise 0,086 olarak bildirmişlerdir.

Çalışmamızda *A. rochei* türü ile çalışmamızda kullanılan diğer *Scombrid* türleriyle olan ortalama genetik uzaklık değerlerine bakıldığında, *A. rochei* türünün *T. thynnus*, *K. pelamis* ve *T. alalunga* türleri ile arasındaki genetik uzaklık değerinin 0,092 ile en düşük; *Scomber Scombrus* türü ile arasındaki genetik uzaklık değerinin 0,168 ile en büyük farklılığı gösterdiği gözlenmiştir.

Bu sonuçlara bakıldığında elde ettiğimiz genetik uzaklık değerlerinin diğer çalışmalardan (Mudumala ve ark., 2011) biraz düşük olmasına rağmen benzer olduğu görülmektedir.

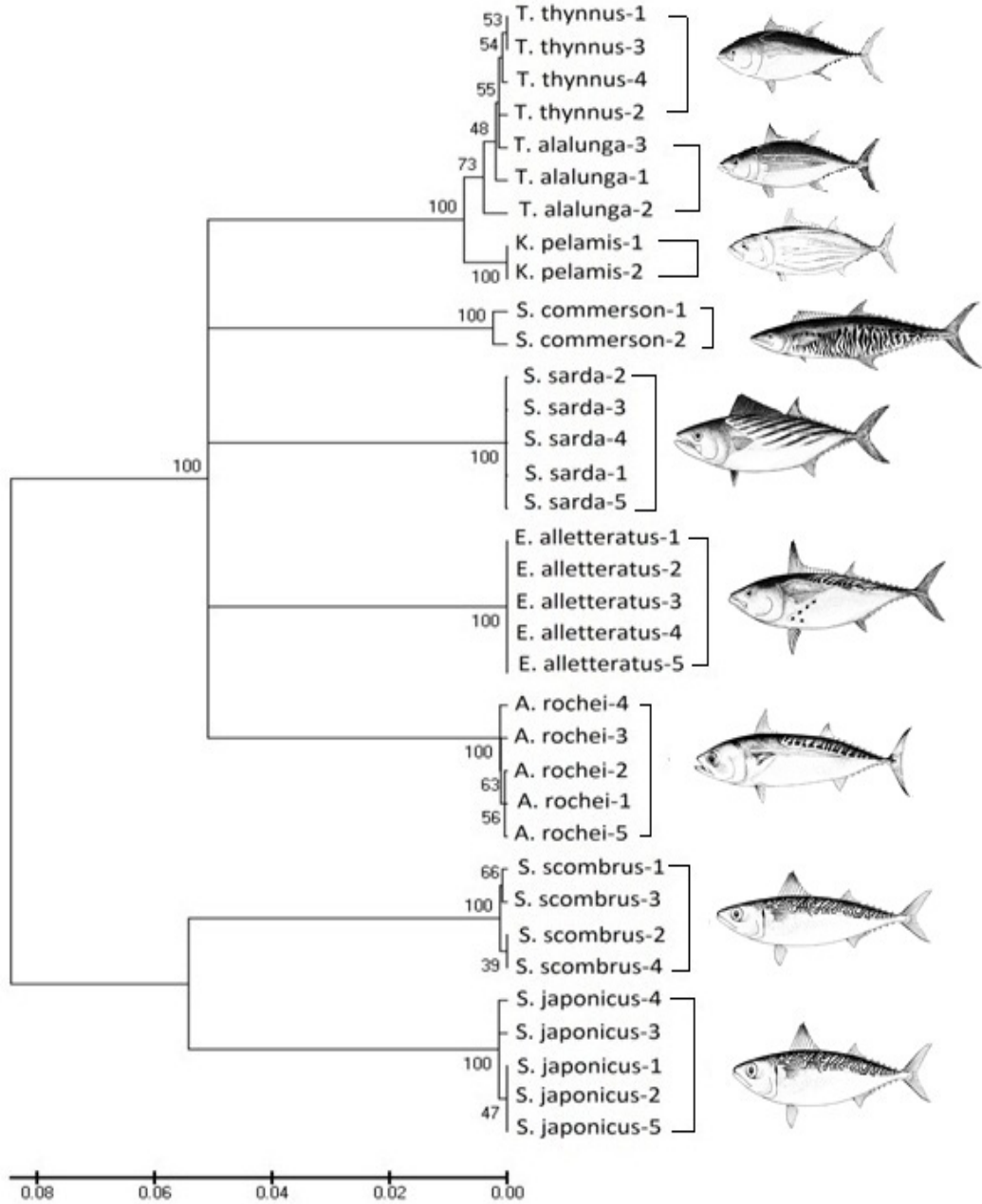
Keskin ve Atar (2013) Türkiye denizleri ve içsularında bulunan ve ekonomik değeri yüksek olan ve *T. thynnus*, *T. alalunga*, *S. japonicus*, *S. scombrus*, *S. commerson*, *S. sarda* , *E. alletteratus*, ve *A. thazard* türlerininde yer aldığı 89 türün DNA barkodlama çalışmasını yürütmüşlerdir. Elde ettikleri sonuçlarda *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerini çalışılan tüm türler arasından genetik olarak birbirine en yakın türler (0.012) olduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.4' de türler arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri verilmiştir. Çizelge 4.5'de ise örneklerin birbiriyle olan genetik uzaklık indeksleri (Pairwise Distance) verilmiştir.

Çizelge 4.4. Türler arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri.

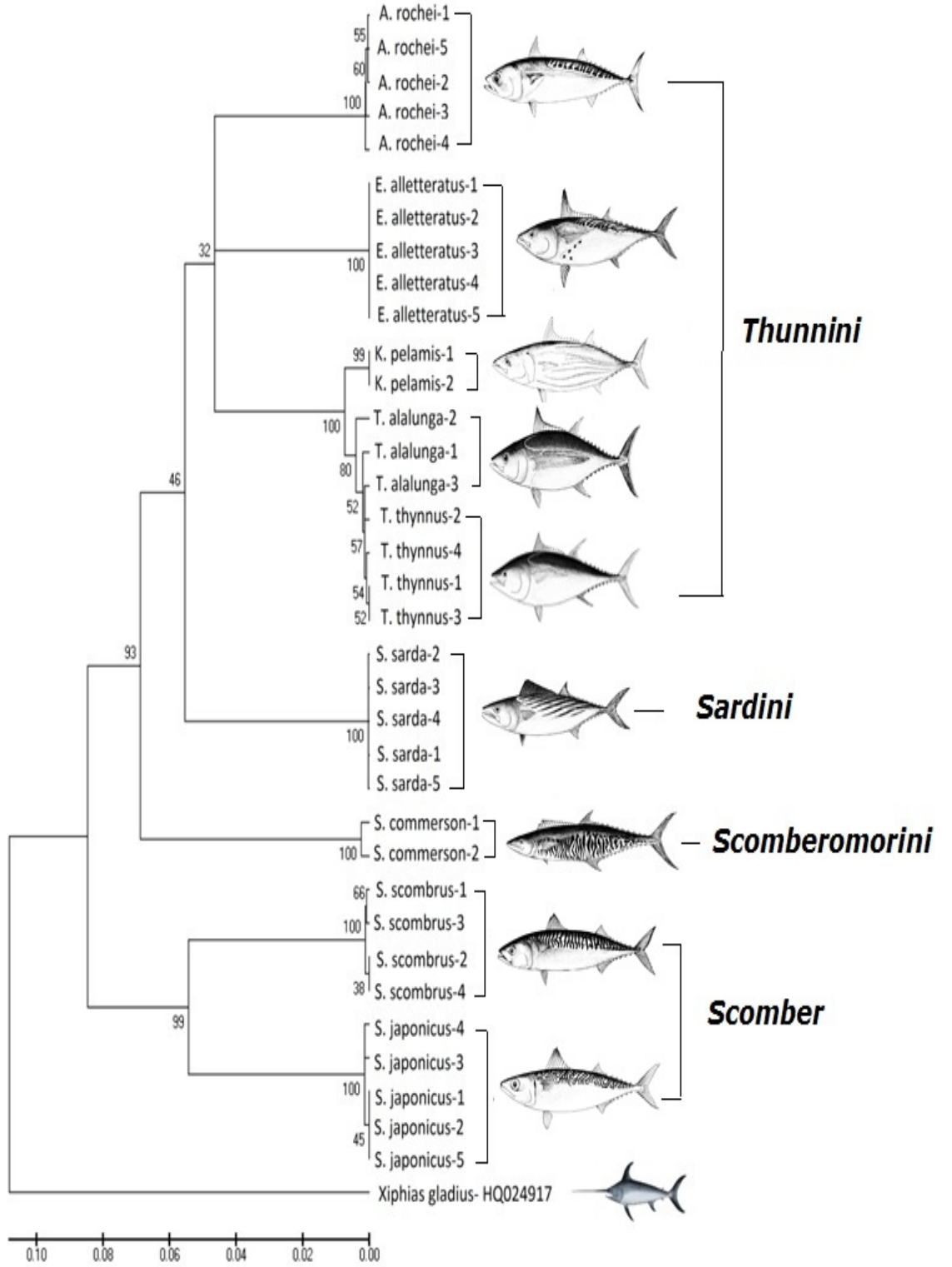
	<i>T. thynnus</i>	<i>Kpelamis</i>	<i>T. alalunga</i>	<i>S. commerson</i>	<i>S. scombrus</i>	<i>S. japonicus</i>	<i>A. rochei</i>	<i>E. alletteratus</i>	<i>S. sarda</i>
<i>T. thynnus</i>	-								
<i>Kpelamis</i>	0.016	-							
<i>T. alalunga</i>	0.005	0.013	-						
<i>S. commerson</i>	0.124	0.131	0.128	-					
<i>S. scombrus</i>	0.159	0.163	0.160	0.190	-				
<i>S. japonicus</i>	0.170	0.166	0.169	0.201	0.108	-			
<i>A. rochei</i>	0.092	0.092	0.092	0.145	0.168	0.142	-		
<i>E. alletteratus</i>	0.095	0.089	0.094	0.147	0.174	0.165	0.095	-	
<i>S. sarda</i>	0.108	0.108	0.109	0.138	0.183	0.178	0.109	0.116	-

Türler arasındaki moleküler filogenetik ilişkiyi göstermek amacıyla ve Neighbor Joining (NJ), Minimum Evolution (ME) ve Max. Parsimony (MP) Metodları kullanılarak filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. Şekil 4.4’de Neighbor Joining (NJ) yöntemi kullanılarak oluşturulan ağaç gösterilmiştir.



Şekil 4.4. Neighbour Joining (NJ) metoduna göre COI dizileme analizi sonucu oluşturulan filogenetik ağaç.

Şekil 4.5’da Neighbour Joining (NJ) metoduna göre oluşturulan dış gruplu ağaç gösterilmiştir.



Şekil 4.5. Neighbour Joining (NJ) metoduna göre COI dizileme analizi sonucu oluşturulan dış gruplu filogenetik ağaç.

Filogenetik ağaçların oluşturulmasında güvenilirliği sağlamak için her bir ağaca 1000 tekrarlı bootstrap (seç-bağla) testleri yapılmıştır. Bootstrap yöntemiyle köksüz ağaçlar elde edilebilmektedir. Her bir dalın yüzdelik oranı o dalın hangi oranda desteklendiğini göstermektedir. Dalın güvenilirlik oranı %50'nin altında ise bu dal çok zayıf olarak değerlendirilir ve o dal çökertilir, çöken dal sonucunda oluşan boş dallanma ise politomi olarak isimlendirilir.

Şekil 4.4 ve 4.5'da gösterilen ve NJ metoduyla elde edilen filogenetik ağaç 2 ana dala ayrılmaktadır. Birinci dal kendi içerisinde ikiye bölünmekte ve bu iki dalı *S. japonicus* ve *S. scombrus* türleri oluşturmaktadır. İkinci ana dal ise yine kendi içinde 5 dala ayrılmaktadır. Bunlardan ilkinin *A. rochei*, ikinci dalı *E. alletteratus*, üçüncü dalı *S. sarda*, dördüncü dalı *Scomberomoroni* soy hattına ait İndopasifik kökenli *S. commerson* oluştururken beşinci dalda kendi içinde yine ikiye bölünmüştür. İkiye bölünen bu dallardan ilkinin *K. pelamis* oluştururken diğer dalı *T. thynnus* ve *T. alalunga*, oluşturmakta ve bu türler birbirleriyle oldukça yakın gözükmektedir.

Collette ve Nauen (1983) ve Collette (1999) *Scombrid*'lerin sistematik sınıflandırmasında morfolojik ve ekolojik karakterleri belirleyici olarak kullanmışlar ve oluşturdukları filogenetik ağaçlarda Scombrinae alt ailesi iki ana dala ayrılmaktadır. Bunlardan ilkinin Scombrini soy hattına ait *Scomber* cinsleri ve *Rastrelliger* cinsleri oluşturmaktadır. İkinci ana dal ise kendi içerisinde ikiye ayrılmakta ilkinin tek tür içeren *Grammatorcynus* cinsi oluştururken ikinci dalı üç ayrı dala daha ayrılmaktadır. Bu dalları ise sırasıyla *Scomberomoroni* (*Scomberomorus* türleri), *Sardini* (*Sarda* türleri) ve *Thunnini* (*Thunnus* türleri, *Katsuwonus* türleri, *Euthynnus* türleri, *Auxis* türleri) soy hatları oluşturmaktadır.

Collette ve Nauen (1983) ve Collette (1999)'in morfolojik karakterler esas alınarak yapılan bu çalışma ile çalışmamız arasında bazı farklılıklar olduğu gözlenmektedir. Çalışmamızda Neighbour Joinig metoduyla elde edilen filogenetik ağaç 2 ana dala ayrılmaktadır. Birinci dal kendi içerisinde ikiye bölünmekte ve bu iki dalı *S. japonicus* ve *S. scombrus* türleri oluşturmaktadır. İkinci ana dal ise yine kendi içinde 5 dala ayrılmaktadır. Bunlardan ilkinin *A. rochei*, ikinci dalı *E. alletteratus*, üçüncü dalı *S. sarda*, dördüncü dalı *Scomberomoroni* soy hattına ait İndopasifik kökenli *S. commerson* oluştururken beşinci dalda kendi içinde yine ikiye bölünmüştür. İkiye bölünen bu dallardan ilkinin *K. pelamis* oluştururken diğer dalı *T. thynnus* ve *T. alalunga*,

oluşturmakta ve bu türler birbirleriyle oldukça yakın gözükmetedir. Çalışmamızda Collette ve Nauen (1983) ve Collette (1999)'dan farklı olarak *Scomberomorini* soy hattına ait olan *S. commerson* türünün ve *Sardini* soy hattına ait olan *S. sarda* türünün de *Scomber* türleri (*S. japonicus* ve *S. scombrus*) gibi ayrı dallarda olması yerine *Thunnini* soy hattına ait türlerle aynı dal içerisinde bulunması olarak kendini göstermiştir. *Thunnini* soy hattına ait olan türler ise (*T. thynnus*, *T. alalunga*, *K. pelamis*, *A. rochei* ve *E. alletteratus*) Collette ve Nauen (1983) ve Collette (1999)'da olduğu gibi aynı ana dal üzerinde kümelandikleri gözlenmiştir.

Collette ve Naen, (1983)'in yaptıkları çalışma ile çalışmamız arasında gözlenen farklılıkların en büyük etkeninin, çevresel şartların altında değişebilen morfolojik karakterlerin analizinden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Vinas ve Tudela (2009) yaptıkları çalışmada 8 *Scombrid* türünün (*T. atlanticus*, *T. tonggol*, *T. albacares*, *T. obesus*, *T. maccoyii*, *T. alalunga*, *T. orientalis* ve *T. thynnus*) genetik olarak tanımlanmasını mtDNA kontrol bölgesi olan D-Loop, mtDNA *COI* geni ve nükleer DNA ITS1 bölgeleri kullanarak çalışmışlardır. Elde ettikleri filogenetik ağaçlarda mtDNA kontrol bölgesi kullanılan analizlerde *COI* kullanılarak yapılan analizlere göre daha tutarlı sonuçlar elde ettiklerini ve bootstrap analizlerinin minimum %70 oranında desteklendiğini bildirmişlerdir. Vinas ve Tudela, (2009) yaptıkları bu çalışma ile D-Loop geninin *T. thynnus*, *T. alalunga* ve *T. orientalis* türlerini genetik tanımlanmasında yetersiz kaldığını ve bu türler arasında çok sayıda ortak haplotipin bulunduğunu gözlemlemişlerdir. Bunun yanı sıra analizlerde daha az tutarlık gösteren *COI* geninin ise *T. alalunga* ve *T. orientalis* türlerini genetik ayrımında başarısız olduğunu bildirmişlerdir.

Keskin (2010) 'da *COI* kullanarak yaptığı çalışmada *Auxis rochei*, *Euthynnus alletteratus*, *Katsuwonus pelamis*, *Sarda sarda*, *Scomber japonicus*, *Scomber scombrus*, *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus*, *Scomberomorus commerson* türlerini kullanmıştır. Türler arasındaki genetik uzaklık mesafelerinin hesaplanmasında Kimura 2 parameter modelini kullanmıştır. Elde ettiği sonuçlarda ise *T. thynnus* ve *T. alalunga* türleri arasındaki genetik mesafeyi 0,002 olarak saptamış ve bu iki türün genetik olarak birbirine en yakın türler olduğunu bildirmiştir.

Keskin ve Atar (2013) Türkiye denizleri ve içsularında bulunan ve ekonomik değeri yüksek olan ve *T. thynnus*, *T. alalunga*, *S. japonicus*, *S. scombrus*, *S. commerson*,

S. sarda, *E. alletteratus*, ve *A. thazard* türlerinin yer aldığı 89 türün DNA barkodlama çalışmasını yürütmüşlerdir. Elde ettikleri sonuçlarda *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerini çalışılan tüm bu 89 türün arasından genetik olarak birbirine en yakın türler (0.012) olduğunu bildirmişlerdir. Keskin ve Atar (2013) Neighbour joining metodu ile elde ettikleri filogenetik ağaçlarda ise *Thunnini* soy hattına ait olan *A. thazard*, *E. alletteratus*, *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerin tek bir ana dalda kollara ayrılığını, *Scomber* soy hattına ait *S. scombrus* ve *S. japonicus* türlerinin ayrı bir dalda kümelendiğini ve lessepsiye tür olan *S. commerson* türünün ise başka bir dalda bulunduğunu gözlemlemişlerdir.

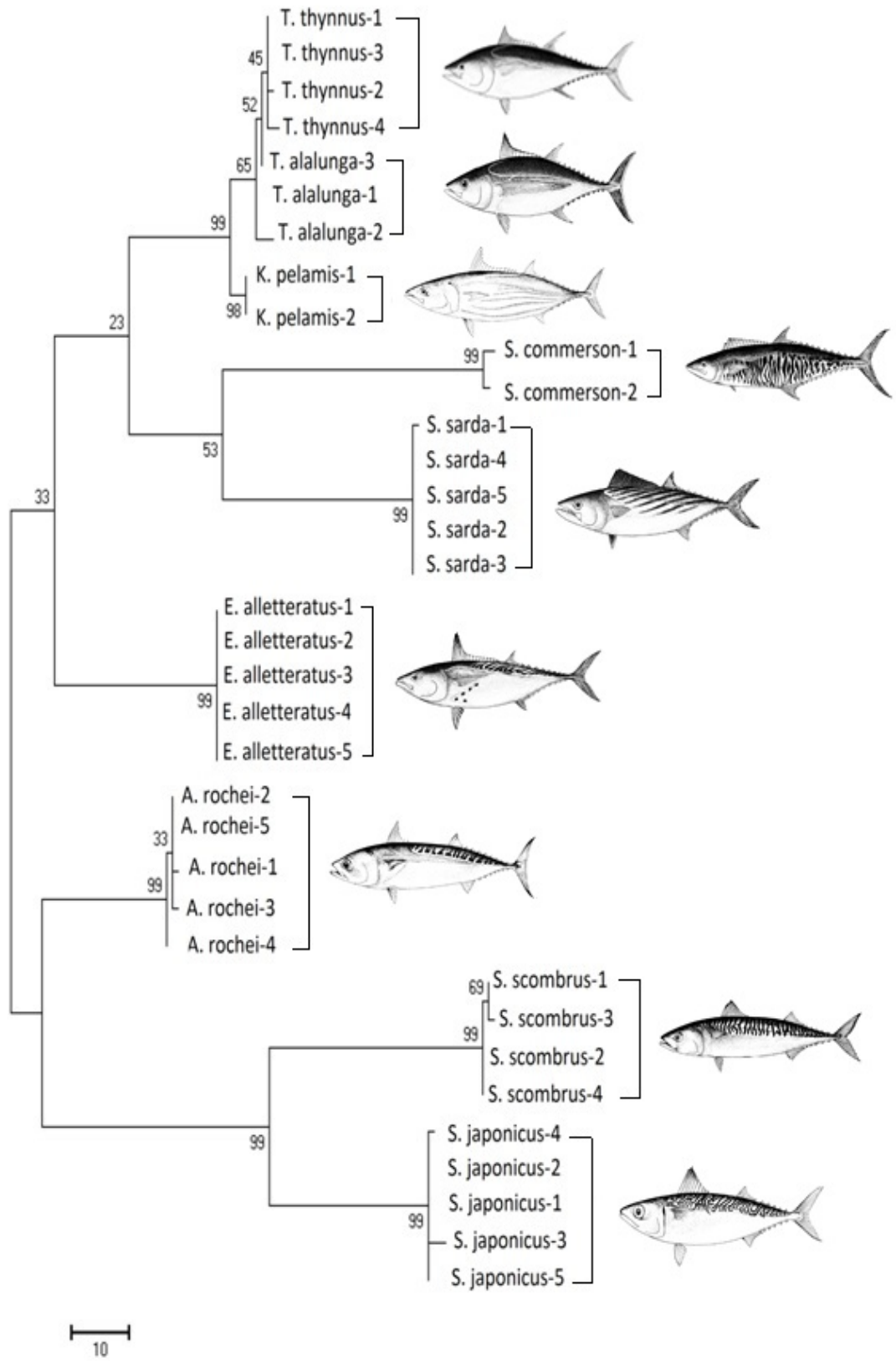
Çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçlarda ise *T. thynnus*, *T. alalunga* ve *K. pelamis* türleri arasında da Vinas ve Tudela (2009), Keskin (2010) ve Keskin ve Atar (2013) çalışmalarındakine benzer olarak türlerin birbirlerine oldukça yakın olduğu ve *COI* geninin bu türlerin ayrımında yetersiz kalmış olabileceği gözlenmiştir. *T. thynnus* ve *T. alalunga* türleri arasındaki genetik mesafenin yapılan filogenetik analizlerde bu denli az çıkması (0,005) bu iki tür arasında introgression olarak isimlendirilen ve türler arasındaki yoğun gen alışverişinden kaynaklı olduğu düşünülmektedir. Belirli habitatlarda yaşayan iki farklı türün birbirleriyle olan etkileşimleri sonucu kendilerine ait gen havuzlarında bulunan genleri birbirlerine aktarmaları olayı introgression olarak tanımlanır ve bu durum *T. thynnus* ile *T. alalunga* türleri arasında sıklıkla görülmektedir (Alvaro ve ark., 1997, 2005; Chow ve ark., 2006; Tudela ve Vinas, 2009).

Maksimum parsimony (MP) metoduyla oluşturan filogenetik ağaçlar şekil 4.6 ve şekil 4.7’de gösterilmiştir. Bu metodla elde edilen iki filogenetik ağaçta iki ana dala ayrılmaktadır ve dallanmaların *Scomber* cinslerini ayrı grupta tutacak şekilde olduğu gözlenmiştir. Ancak bootstrap tekrarlarındaki başarı oranının %50’nin altında kalan kısımları bu methodla elde edilen filogenetik ağaç hakkında yorum yapılmasını engellemektedir.

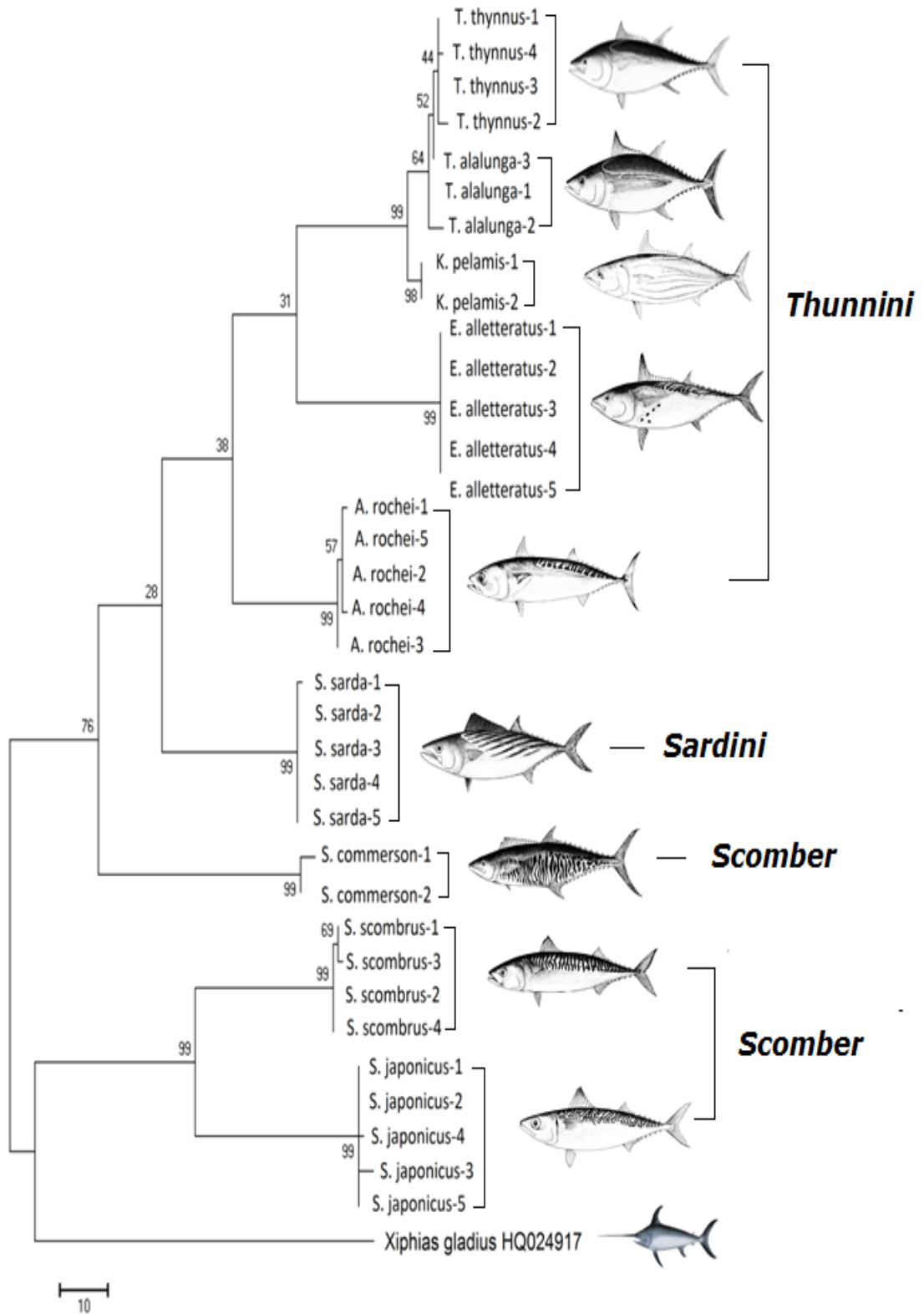
Şekil 4.6 ve 4.7’de gösterilen ve MP metoduyla elde edilen filogenetik ağaç 2 ana dala ayrılmaktadır. İlk ana dal kendi içerisinde yine 2 dala ayrılmakta ve bunlardan ilkinin *S. japonicus* ve *S. scombrus* türleri oluştururken ikinci dalı *A. rochei* oluşturmaktadır. İkinci ana dal ise yine iki dala ayrılmakta ve bunlardan ilkinin tek başına *E. alletteratus* türü oluşturmaktadır. Diğer dalda kendi içerisinde iki dala ayrılmakta, bunlardan ilkinin *T. thynnus*, *T. alalunga* ve *K. pelamis* oluştururken diğer

dal da kendi içerisinde ikiye bölünerek *S. commerson* ile *S. sarda* türlerinden oluşmaktadır.

MP metoduyla elde edilen filogenetik ağaçlarda cinslerin ayrımı % 99 oranında desteklendiği gözlenmiştir. NJ metoduyla elde edilen ağaçlarda olduğu gibi *T. tyhnnus* ve *T. alalunga* ve *K. pelamis* türlerinin birbiriyle oldukça yakın olduğu görünmektedir.

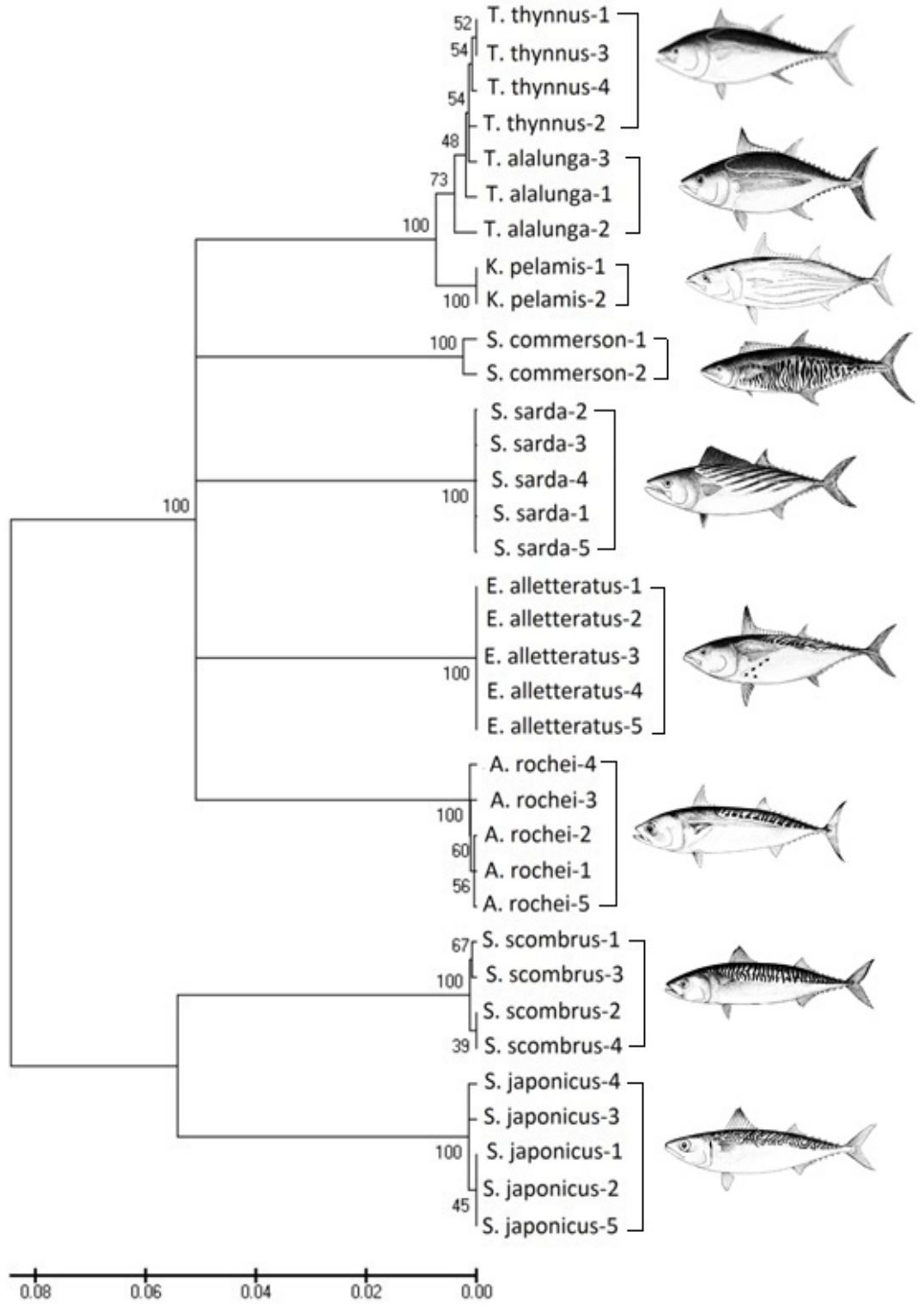


Şekil 4.6. Maximum parsimony metoduna göre *COI* dizileme analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç.

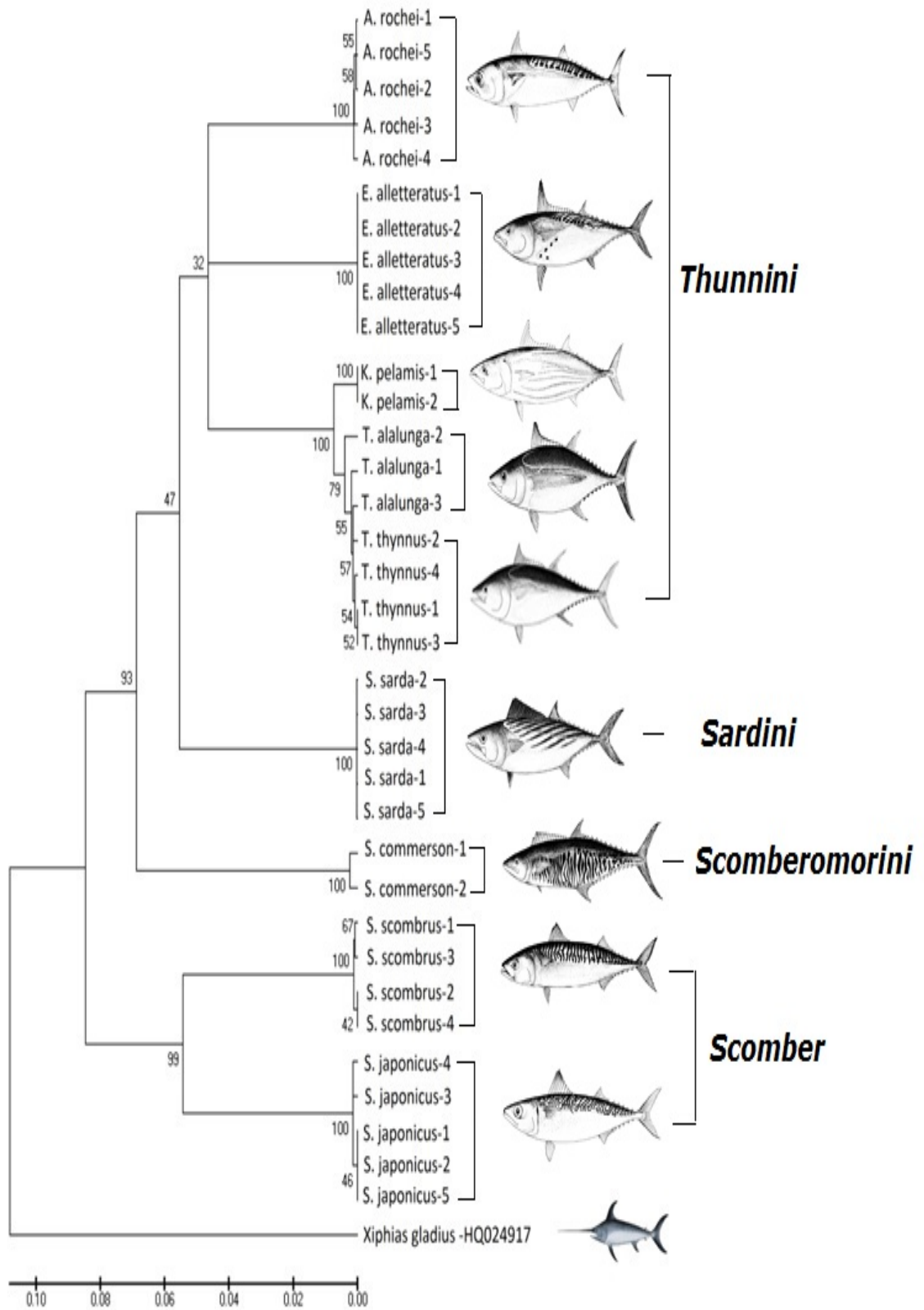


Şekil 4.7. Maximum parsimony metoduna göre *COI* dizileme analizi sonucu elde edilen dış gruplu filogenetik ağaç.

Min. Evolution metodu ile elde edilen filogenetik ağaçlar Şekil 4.8 ve Şekil 4.9'da gösterilmiştir.



Şekil 4.8. Min. Evolution (ME) metoduna göre COI dizileme analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç.



Şekil 4.9. Min. evolution (ME) metoduna göre COI dizileme analizi sonucu elde edilen dış gruplu filogenetik ağaç

Minumum Evolution metoduna göre elde edilen ağaçlar ile Neighbor Joining metoduna göre elde edilen ağaçların birbirleriyle hemen hemen aynı olduğu görülmektedir. Neighbor Joining metoduyla elde edilen ağaçlarda olduğu gibi Minumum Evolution metoduyla elde edilen ağaçlarda da 2 ana dallanma mevcuttur. Birinci dal kendi içerisinde ikiye bölünmekte ve bu iki dalı *Scomber* türleri (*S. scombrus* ve *S. japonicus*) oluşturmaktadır. İkinci ana dal ise yine kendi içinde iki dala ayrılmaktadır. Bunlardan ilkinin *Scomberomoroni* soy hattına ait İndopasifik kökenli *S. commerson* oluştururken diğer dalda kendi içinde yine iki bölünmüştür. İkiye bölünen bu dallardan ilkinin *Sardini* soy hattına ait olan *S. sarda* diğer dalı ise *Thunnini* soy hattına ait *T. thynnus*, *T. alalunga*, *K. pelamis*, *E. alletteratus* ve *A. rochei* oluşturmaktadır.

Çalışmamızda analizi yapılan 10 türün sinonimleri de araştırılmıştır. Buna göre *Auxis rochei* için “*Scomber bisus* (Rafinesque, 1810); *Thunnus rocheanus* (Risso, 1826); *Auxis bisus* (Bonaparte, 1845) ve *Auxis maru* (Kishinouye, 1915)” türleri *Auxis rochei* türünün sinonimleri olarak bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983). *Euthynnus alletteratus* türü için bildirilen bazı sinonimler ise “*Scomber quadripunctatus* (Geoffrey St. Hilaire, 1817); *Thynnus leachianus* (Risso, 1826) ve *Euthynnus quadripunctatus* (Postel, 1973)” olarak sıralanmaktadır (Collette ve Nauen, 1983). *Katsuwonus pelamis* türü için bildirilen bazı sinonimler ise, “*Scomber pelamides* (Lacépède, 1800) ve *Gymnosarda pelamys* (Barnard, 1927)” olarak bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983).

Çalışmamızda örnekleme aşamasında elde edemediğimiz *Orcynopsis unicolor* türü için “*Sarda unicolor* (Smitt, 1892) ve *Pelamys unicolor* (Günther, 1860)” gibi sinonimler bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983). *Sarda sarda* türü için bildirilen sinonimler “*Scomber mediterraneus* (Bloch & Schneider, 1801) ve *Sarda mediterranea* (Jordan & Gilbert, 1882)” olarak sıralanmaktadır (Collette ve Nauen, 1983). Scombridae familyasının en kalabalık soy hattı olan *Scomber* cinslerinden *Scomber japonicus*’un sinonimi olarak bilinen *Scomber colias* (Gmelin, 1789)’ın birbirinden ayrı türler olduğu bildirilmiştir (Collette, 2003; Espiñeira ve ark., 2009; Catanese ve ark., 2010; Infante ve ark., 2007). *Scomber scombrus* türü için bildirilen sinonimler ise “*Scomber scomber* (Brünnich, 1768) ve *Scomber vernalis* (Mitchill, 1815)” olarak bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983). İndopasifik kökenli *Scomberomorus commerson* için bildirilen bazı sinonimler, “*Scomber commersonii* (Shaw, 1803) ve *Scomber maculosus* (Shaw, 1803)”

olarak sıralanmaktadır (Collette ve Nauen, 1983). Son olarak *Thunnus alalunga* bildirilen sinonimler “*Scomber alalunga* (Gmelin, 1789); *Scomber germon* (Lacepède, 1800) ve *Germo germon steadi* (Whitley, 1933) olarak sıralanırken, *Thunnus thynnus* için bildirilen bazı sinonimler ise “*Thunnus orientalis* (Jordan & Snyder, 1900) ve *Thunnus thynnus thynnus* (Serventy, 1956) olarak bildirilmiştir (Collette ve Nauen, 1983).

Morfolojik olarak birbirlerine çok benzeyen ve bu yüzden birbirlerinin sinonimleri olarak ya da aynı türün farklı populasyonları olarak algılanabilen mavi yüzgeç orkinos’un üç türü olan *Thunnus orientalis*, *T. maccoyii*, ve *T. thynnus* türleri üzerinde pek çok genetik çalışma yapılmış ve bu çalışmalar sonucunda ise bu türlerin farklı türler oldukları bildirilmiştir (Collette, 1999; Vinas ve Tudela, 2009; Mei-Chen Tseng ve ark., 2011)

Scombrid türleri gibi taksonomik sınıflandırmasında günümüze kadar pek çok sıkıntı yaşanan kılıçbalığı türleri de birçok genetik çalışmanın konusunu oluşturmaktadır. Yakın geçmişe kadar Scombridae familyasına ait türler ile kılıçbalığı türlerinin aynı familyaya ait türler olabileceği bildirilmiştir (Johnson, 1986; Finnerty ve Block, 1995). Son yapılan moleküler çalışmalarla bu durum açıklığa kavuşturulmuş ve *Scombrid* türleri ile Kılıçbalığı türlerin hem morfolojik olarak hemde moleküler olarak birbirlerinden oldukça farklı türler oldukları bildirilmiştir (Orrell, 2006).

Scombrid türleri ile Kılıçbalığı türleri arasındaki karmaşık durum her ne kadar açığa çıkartılmış olsada bu türlerin kendi aralarındaki ilişkiler hala tam olarak açıklanabilmiş değildir (Collette ve ark., 2006). Shivji ve ark., (2006) Istiophoridae familyasına ait 3 türün (*Tetrapturus albidus*, *Tetrapturus pfluegeri* ve *Tetrapturus georgii*) diğer kılıçbalığı türleri ile ilişkisini incelemek için mitokondriyal ND4 ve ND4-L genini kullanarak PCR ve DNA dizileme metodunu gerçekleştirmişlerdir. Elde ettikleri pairwise genetik uzaklık indekslerinde göre birbirine genetik olarak en yakın olan türleri *Tetrapturus albidus* ile *Tetrapturus audax* olarak bildirmişlerdir (ND4L: 0,003; ND4:0,005). Yine pairwise genetik uzaklık indekslerinde göre birbirine genetik olarak en uzak olan türleri ise *Istiophorus albicans* ile *Tetrapturus belone* olarak bildirmişlerdir (ND4L: 0,073; ND4:0,068).

Turan ve ark., (2010) *Alosa maeotica*, *Alosa tanaica*, *Alosa immaculata*, *Alosa caspia* ve *Alosa fallax nilotica* türlerinin filogenetik ilişkisini ortaya çıkarmak için

yaptıkları çalışmada mitokondiryal ND5/6 genlerini kullanarak DNA dizi analizi metodunu gerçekleştirmişlerdir. Elde ettikleri sonuçlarda en yüksek genetik farklılığı (Kimura two parameter) *A. caspia* ve *A. tanaica* (0.691) türleri arasında, en düşük genetik farklılığı ise *A. maeotica* ve *A. tanaica* (0.491) türleri arasında olduğunu bildirmişlerdir. Turan ve ark., (2010) elde ettiği bu sonuçların *Alosa* Türleri arasındaki genetik mesafenin Scombrid türlerinde gözlenen genetik mesafelerden oldukça fazla olduğunu göstermektedir.

Gürlek, (2012) *Caranx* cinsine ait türlerle yaptığı çalışmada D-loop geni ve DNA dizi analizi metodunu kullanarak *Caranx crysos*, *Caranx rhoncus* ve *Caranx hippos* türlerinin moleküler filogenetik ilişkisini incelemiş (Tamura 3 modeli) ve türler arası net ortalama genetik uzaklık değerini 0.244 olarak; genetik uzaklık değerlerinin ise 0,148 ile 0,461 arasında değiştiğini bildirmiştir. Gürlek (2012), yaptığı çalışmada aynı zamanda *Caranx* türleri ile *Trachurus* türleri arasındaki genetik ilişkiyi de incelemiştir. Elde ettiği verilerde türler arasındaki genetik mesafenin 0,243 ile 0,257 arasında değiştiğini bildirmiştir. Gürlek, (2012)'in elde ettiği bu sonuçlara bakıldığında *Carangidae* familyasına ait olan bu türlerdeki genetik uzaklık değerlerinin *Scombridae* familyasında görülen genetik uzaklık değerleri ile küçük farklılıklarla benzerlik gösterdiği gözlenmiştir.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Bu çalışmada Türkiye’de yayılış gösteren Scombridae familyasına ait türlerin akrabalık ilişkilerini ortaya koymak amacıyla mtDNA’nın *COI* gen bölgesi çalışılmıştır. Yapılan literatür taramasına göre ülkemizde Scombridae familyası türlerine ait daha önce yapılmış böyle bir filogenetik çalışma bulunmamaktadır. Bu çalışmada ilk olarak *Scombrid* türlerinden DNA’ları izole edilmiş, daha sonra mtDNA’nın *COI* gen bölgesi PCR yöntemi ile çoğaltılmıştır. Çalışma sonucunda *Scombrid* türlerinin mtDNA *COI* bölgelerinin DNA dizi analizleri ve filogenetik analizler yapılarak ülkemizde ilk kez DNA dizilerine dayalı akrabalık dereceleri belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar hem DNA barkodu olarak kullanılan *COI* gen bölgesi kullanılması bakımından, hem de ekonomik değeri yüksek bu türlerin moleküler ayırımına yönelik ülkemizde ki ilk çalışma olması bakımından önem taşımaktadır.

Kimura 2 metodu kullanılarak yapılan analizlerde *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerinin analiz edilen 9 tür içerisinde birbirine en yakın olan türler olduğu tespit edilmiştir. Chow ve ark. (2006)’de *Thunnus* cinsine ait türler için morfolojik karakterler ve moleküler markırlarla yaptıkları çalışmada *Cyt b* ve *ATPase* genlerini kullanmışlar ve *T. thynnus* ile *T. alalunga* türlerinin mtDNA dizilimlerinin birbirlerine oldukça yakın olduklarını bildirmelerine rağmen bu iki türün oluşturdukları filogenetik ağaçlardaki türleşme farkını oldukça net belirtilmiştir. Çalışmamızdaki filogenetik ağaçlarda bu iki türün birbirine oldukça yakın çıkmasının sebebinin kullanılan *COI* geniyle alakalı olduğu düşünülmektedir.

Maksimum ağaç sayısı 1000 seçilerek elde edilen bootstrap ağacı, değerlendirildiğinde ise genetik uzaklık analizleriyle uyumlu bir şekilde *Scombrini* soy hattına ait *Scomber* cinsleri (*S. scombrus* ve *S. japonicus*) ile *Thunnini* soy hattına ait (*Thunnus*, *Euthynnus*, *Katsuwonus* ve *Auxis*) türleri ile *Sardini* ve *Scomberomorini* soy hattına ait *S. sarda* ve *S. commerson* türleri ile ayrıldığı gözlenmiştir.

Çalışmada elde edilen sonuçların değerlendirildiğinde, İndopasifik kökenli *S. commerson* türünün *S. scombrus* ile *S. japonicus* türlerinden uzak olduğu ve ayrıca *Sardini* (*S. sarda*) ve *Thunnini* (*Thunnus*, *Euthynnus*, *Katsuwonus* ve *Auxis* türleri) soy hattından ayrı olduğu gözlenmiştir.

Neighbour joining, Minumum Evolution metodlarına göre oluşturulan filogenetik ağaçların benzer sonuçları yansıttıkları görülmektedir. Elde ettiğimiz bu sonuçlar Collette ve Chao, (1975)'da Uskumrular ve Tunaların morfolojik karakterler kullanarak oluşturduğu sistematik sınıflandırmaya ve Collette ve Nauen, (1983)'de Scombridae familyasına ait 49 türü yine morfolojik karakterler esas alarak yaptığı çalışmaların sonuçları ile bazı farklılıklar olsada benzerlik göstermektedir.

Çalışmada elde edilen sonuçlara göre, mitokondriyal *COI* geninin aminoasit dizilerinin Scombridae familyasına ait türlerin arasındaki filogenetik ilişkiyi tespit etmede genel olarak başarılı olduğunu ancak *T. thynnus* ve *T. alalunga* türlerinin arasındaki genetik uzaklık değerlerini ilişkilendirmede DNA barkodu olarak kullanılan bu genin yeterli olduğundan şüphe edilmektedir.

Vinas ve Tudela (2009)'da yaptıkları çalışmada *T. thynnus*, *T. orientalis*, *T. alalunga*, *T. albacares*, *T. atlanticus*, *T. tonggol*, *T. maccoyii* ve *T. obesus* türlerinin genetik ayrımı için *COI*, D-Loop ve ITS1 genlerini kullanmışlar elde ettikleri sonuçlarda D-Loop ve ITS1 genleri türler arasında tam bir genetik ayırım sağlarken DNA barkodu olarak kullanılan *COI* geninin tüm türleri etkin bir şekilde ayıramadığı ve *COI* geninin *Thunnus* türlerinin genetik ayrımındaki güvenilir olmadığını bildirmişlerdir.

Mitokondriyal *COI* geninin dizileme analizi yanı sıra farklı genlerin ve farklı genetik tekniklerin kullanılması ile bu farklılığın derecesinin tespit edilmesi gerektiği düşünülmektedir. Çalışmamızda morfolojik ve morfometrik karakterler incelenmemiştir. Ancak filogenetik çalışmalarda morfolojik yöntemlerin moleküler çalışmalarla desteklenerek kullanılması çalışmaların güvenilirliği ve daha dayanıklı taksonomik pozisyon oluşturmak amacıyla önerilmektedir.

KAYNAKLAR

- Aksam, 2007. Turkish Fisheries, Tkb. **Institute of Mediterranean Fishery Research Manager in Turkey**, 24 p. Antalya, Turkey.
- Alemaný, F., 1997. **Ictioplancton Del Mar Balear. Ph. D. Thesis**, Univ. Illes Balears.
- Allen, M.J., Wolotira, R.J., Sample, Jr., Noel, T.M.S.F., Iten, C.R., 1990. West coast of North America coastal and oceanic zones strategic assessment: data atlas. Noaa. Seattle, Wa. **Invertebrate and Fish**. 145p. Seattle, U.S.A.
- Allendorf, F.W., Ryman, N. and Utter, F., 1987. **Genetics and fishery fanagement: past, pesent and future in population genetic fisheries management** (Ryman N. and Uttter F., eds.), University of Washington Press, Seattle and London, 1-20.
- Alonso, C., Arrizabalaga, H., Restrepo, V.R., 2005. Contribution of a chapter on Albacore Tuna for the revised Iccat Field Manual. **Col. Vol. Sci. Pap. ICCAT**, 58(5): 1646-1661.
- Alvarado Bremer J.R, Naseri I., Ely B., 1997. Orthodox and unorthodox phylogenetic relationships among tunas revealed by the nucleotide sequence analysis of the mitochondrial control region. **J. Fish Biol.**, 50: 540–554.
- Alvarado Bremer JR, Vin~as J, Mejuto J, Ely B, Pla C (2005) Comparative phylogeography of Atlantic bluefin tuna and swordfish: the combined effects of vicariance, secondary contact, introgression, and population expansion on theregional phylogenies of two highly migratory pelagic fishes. **Mol. Phylogenet Evol.**, 36: 169–187.
- Anbar, N., 2002. **Personel Communication**, (In Turkish). İzmir
- Anderson, E.D. and Paciorkowski, A.J., 1980. A review of the Northwest Atlantic mackerel fishery. **Rapp. P.-V. Reun. Ciesm**. 177:175-211
- Anonymous, 2005. **F.A.O- Figis 2005**. A world overview of species of interest to fisheries. chapter: *Scomber scombrus*. Retrieved on 05 May 2005, From www.Fao.Org/Figis/Servlet/Species?Fid=2473. 3p. Figis Species Fact Sheets. Species Identification And Data Programme-Sidp, Fao-Figis (Ref. 54254).
- Anonymous, 2011. **F.A.O, Species Fact Sheets**. [http:// www.fao.org /figis/ servlet/ SQServlet?ds =Capture&k1=SPECIES&k1v=1&k1s=2496&outtype=html](http://www.fao.org/figis/servlet/SQServlet?ds=Capture&k1=SPECIES&k1v=1&k1s=2496&outtype=html).

- Aravind, K., Ravikanth, G., Shaanker, R.U., Chandrashekara, K., Kumar, A.R.V., Ganeshaiah, K.N., 2007. DNA Barcoding: An exercise in futility or utility? **Current Science**, 92(9): 1213-1216.
- Arrizabalaga, H., Rodas, V.D., Zárata, V.C., Costas, V.E., Garcés A.G., 2002. Study on the migrations and stock structure of Albacore (*Thunnus Alalunga*) from the Atlantic Ocean and The Mediterranean Sea based on conventional tag release - recapture experiences. **Col.Vol.Sci.Pap. ICCAT**, 54(5): 1479-1494.
- Asahida, T., Kobayashi, T., Saitoh, K., Nakayama, I., 1996. Tissue preservation and total DNA extraction from fish stored at ambient temperature using buffers containing of urea. **Fisheries Science.**, 62: 727-730.
- Awise, J.C., 2004. **Molecular Markers, Natural History and Evolution**. 2nd Ed., Chapman and Hall, 684 p., New York.
- Barnard, K.H., 1927. A monograph of the marine fishes of South Africa. **Ann.S.Afr.Mus.**, 21(2): 419-1065.
- Banford, H.M., Bermingham, E., Collette, B.B., McCafferty, S.S., 1999. Phylogenetic systematics of the *Scomberomorus regalis* (Teleostei : Scombridae) species group: molecules, morphology and biogeography of spanish mackerels. **Copeia**, 3: 596-613.
- Bard, F.X., Yen, S., Stein, A., 1999. Habitat of deep swimming tuna (*Thunnus obesus*, *T. albacares*, *T. alalunga*) in the central South Pacific. **Iccat Col. Vol. Sci. Pap.**, XlIX (3): 309-317.
- Bartlett, S.E. and Davidson, W.S., 1991. Identification of *Thunnus* tuna species by the polymerase chain-reaction and direct sequence-analysis of their mitochondrial Cytochrome-b genes. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 48(2): 309-317.
- Bermingham, E., Mccafferty, S.S., Martin, J.C. 1997. Fish biogeography and molecular clocks: perspectives from the Panamanian isthmus. **Molecular Systematics of Fishes**, (T.D. Kocher and C.A. Stepien, eds.). Academic Press, San Diego.
- Bianchi, G., Carpenter, K.E.J., 1999. **Marine Resources of Namibia. Fao Species Identification Guide for Fishery Purposes**, Rome, Fao. 265 P.
- Bloch, M.E. and J.G. Schneider, 1801. *Systema ichthyologiae, iconibus ex illustratum*. Berolini, 584 p

- Block, B.A., Booth, D. 1992. direct measurement of swimming speeds and depth of blue marlin. **J. Exp. Biol.** 166,267-284
- Block, B.A., Teo, S.L.H., Walli A., Boustany, A., Stokesbury, M.J, Farwell, C.J., Weng, K.C., 2005. Electronic tagging and population structure of atlantic bluefin tuna. **Nature**, 434: 1121-112.
- Bogenhagen D.F., 1999. Repair of mtDNA in vertebrates. **Am.J.Hum.Genet.**, 64: 1276-1281.
- Boore, J.L., 1999. Animal mitochondrial genomes. **Nucleic Acid Research**, 27: 1767-1780.
- Bremer, J.R.A., Vinas, J., Mejuto, J., Ely, B., Pla, C., 2005. Comparative phylogeography of atlantic bluefin tuna and swordfish: The combined effects of vicariance, secondary contact, introgression, and population expansion on the regional phylogenies of two highly migratory pelagic fishes. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 36: 169–187.
- Bucklin A., Steinke D., Blanco-Bercial L., 2011. DNA barcoding of marine metazoa. **Annual Reviews of Marine Science**, 3: 471-508.
- Buhan, E., Yılmaz, H., Morkan, Y.,Büke, E., Yüksek, A., 1997. Güllük ve Gökova Körfezleri için yeni bir av potansiyeli: *Scomberomorus commerson* (Lacepède, 1800) (Pisces-Teleostei). **Mediterranean Fisheries Congress**, İzmir: 937-944.
- Campo, D., Mostarda, E., Castriota, L., Scarabello, M.P., Andaloro, F., 2006. Feeding habits of the Atlantic Bonito, *Sarda Sarda* (Bloch, 1793) in the Southern Tyrrhenian Sea. **Fisheries Research**, 81 (2006): 169–175.
- Carey, F.G., 1971. Warm bodied fish. **American Zoology**, 11: 135-43.
- Carlsson, J., Mcdowell, J.R., Díaz-James, P., Carlsson, J.E.L., Boles, S.B., Gold, J.R., Graves.,E.J., 2004. Microsatellite and mitochondrial DNA analyses of Atlantic Bluefin Tuna (*Thunnus thynnus thynnus*) population structure in the Mediterranean Sea. **Molecular Ecology**, 13: 3345–3356.
- Catanese, G., Manchado, M., Infante, C., 2010. Evolutionary relatedness of mackerels of the genus *Scomber* based on complete mitochondrial genomes: Strong support to the recognition of Atlantic *Scomber colias* and Pacific *Scomber japonicus* as distinct species. **Gene**, 452: 35–43.

- Cayre, P., Farrugio, H., 1986. Biologie de la reproduction du listao (*Katsuwonus Pelamis*) De L'ocean Atlantique. In: **Proceedings of The Iccat Conference on The International Skipjack Year Program**. Madrid, 252-272 p.
- Cayré, P.M., Diouf, T., 1983. Estimating age and growth of little Tunny, *Euthynnus Alleteratus*, off the coast of Senegal, using dorsal fin spine sections. U. S. department of commerce, **Noaa Technical Report**, 8: 105-110.
- Cengiz, E. 2012. Age, growth, mortality and reproduction of the chub mackerel (*Scomber japonicus* Houttuyn, 1782) from Saros Bay (Northern Aegean Sea, Turkey). **Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 12: 799-809.
- Cheng, J., Gao, T., Miao, Z., Yanagimoto, T., 2011. Molecular phylogeny and evolution of *Scomber* (Teleostei: Scombridae) based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. **Chinese Journal of Oceanology and Limnology**, 29(2): 297-310.
- Cho-Chen Wua, G., Chianga, H.C., Choua, Y.W., Wongb, Z.R., Hsuc, C.C., Chend, C.Y., Yanga, H.Y., 2010. Phylogeography of Yellowfin Tuna (*Thunnus albacares*) in the Western Pacific and the Western Indian Oceans inferred from mitochondrial DNA. **Fisheries Research**, 105: 248–253.
- Chow, S and Kishino, H., 1995. Phylogenetic relationships between tuna species of the genus *Thunnus* (Scombridae: Teleostei): Inconsistent implications from morphology, nuclear and mitochondrial genomes. **Journal Of Molecular Evolution**, 41(6): 741-748.
- Chow, S. and Ushiama, H., 1995. Global population structure of Albacore (*Thunnus alalunga*) inferred by RFLP analysis of the mitochondrial ATPase gene. **Marine Biology**, 123: 39–45.
- Chow, S., Tsuzuki, H., Matsunaga, T., 2003. Mitochondrial DNA sequence variation within and between *Thunnus* species and its application to species identification. **Journal of Fish Biology**, 58: 1646-1657.
- Chow, S., Nakagawa, T., Suzuki, N., Takeyama, H., Matsunaga, T., 2006. Phylogenetic relationships among *Thunnus* species inferred from rDNA ITS1 sequence. **Journal of Fish Biology**, 68: 24–35.
- Chuang, P.S., Chen, M.I., Shiao, J.C., 2012. Identification of Tuna Species by a real-time polymerase chain reaction technique. **Food Chemistry**, 133: 1055–1061.

- Collette, B.B., 1970. *Rastrelliger kanagurta*, another Red Sea immigrant into the Mediterranean Sea, with a key to the Mediterranean species of Scombridae. **Bulletin Sea Fisheries Research Station**, 54: 3-6.
- Collette, B.B. and Chao, L.N., 1975. Systematics and morphology of the Bonitos (*Sarda*) and their relatives. **Fish. Bull. NOAA/NMFS**, 73(3): 516-625.
- Collette, B.B., 1979. Adaptations and systematics of the mackerels and Tunas. In: **The physiological ecology of Tunas** (Sharp, G. D. and Dizon, A. E., Eds), p. 7-39. Newyork: Academic Press.
- Collette, B.B. and Russo, J.L., 1979. An introduction to the spanish mackerels, genus *Scomberomorus*. In Proceedings of 1979. **Colloquium on The Spanish and King Mackerel Resources of The Gulf of Mexico**, Edited By E.L. Nakamura & H.R. Bullis, Jr. Publ.Gulf States Mar.Fish.Comm., (4): 3-16.
- Collette, B.B. and Nauen, C.E., 1983. **F.A.O. Species Catalogue. Vol. 2. Scombrids of The World**. An annotated and illustrated catalogue of Tunas, Mackerels, Bonitos and related species known to date. F.A.O. Fisheries Synopsis 125(2): 137 p.
- Collette, B.B., 1999. Mackerels, Molecules And Morphology. 149-164. In Se´ Ret, B. And Sire, J.-Y. (Eds). **Proceedings of the 5th Indo-Pacific Fish Conference**, Noume´A, New Caledonia, 3-8 November 1997. Socie´te´ Franc,Aise D'ichthyologie, Paris, Xx + 866 pp.
- Collette, B.B., 2001. Scombridae. Tunas (Albacore, Bonitos, Mackerels, Seerfishes, and Wahoo). P. 3721-3756. In K.E. Carpenter And V. Niem (Eds.) **F.A.O. Species Identification Guide for Fishery Purposes**. The Living Marine Resources Of The Western Central Pacific. Vol. 6. Bony Fishes Part 4 (Labridae To Latimeriidae), Estuarine Crocodiles. Fao, Rome.
- Collette, B.B., Reeb, C., Block, B.A., 2001. Systematics of the Tunas and Mackerels (Scombridae). In Tuna Physiology, **Ecology And Evolution** (Block, B. A. & Stevens, E. D., Eds), pp. 1-33. San Diego, Ca: Academic Press.
- Collette, B.B., McDowell, J.R., Graves, J.E., 2006. Phylogeny of recent billfishes (Xiphioidae). **Bull. Mar. Sci.**, 79: 455-468.
- Demir, M., 1963. Synopsis of biological data on Bonito *Sarda Sarda* (Bloch) 1793. **F.A.O Fisheries Report**, 6: 101-129.

- Espiñeira, M., González-Lavín, N., Vieites, J. M., Santaclara, F. J., 2009. Development of a method for the identification of *Scombroid* and common substitute species in seafood products by FINS. **Food Chemistry**, 117: 698–704.
- F.A.O, 1993. Fonteneau, A., Marcille, J. (eds). Resources, fishing and biology of the tropical tunas of the Eastern Central Atlantic. **F.A.O. Fisheries Document Paper**. No. 292. Rome, 354p.
- Finnerty, J.R., Block, B.A., 1995. Evolution of Cytochrome *b* in the Scombroidei (Teleostei): molecular insights into billfish (Istiophoridae and Xiphiidae) relationships. **Fisheries Bulletin**, 93: 78–96.
- Frimodt, C., 1995. Multilingual illustrated guide to the world's commercial coldwater fish. **Fishing News Books, Osney Mead**, Oxford, England. 215 p.
- Galil, B.S., 2007. Seeing Red: Alien species along the Mediterranean coast of Israel. **Aquatic Invasions**, 2(4): 281-312.
- Gibbs, R.H., Collette, B.B., 1967. Comparative anatomy and systematics of the Tunas, Genus *Thunnus*. **Fish.Bull.U.S.Fish.Wildl.Serv.**, 66: 65-130.
- Golani, D., Orsi–Relini, L., Massuti E., Quignard, J. P., 2002. Atlas of exotic species in the Mediterranean. Vol. 1. **CIESM**. In: Fishes (F. Briand, Ed.). CIESM publishers, Monaco.
- Graham, J.B., 1973. Heat exchange in the black skipjack and the blood-gas relationship of warm-bodied fishes. **Proc. Natl. Acad. Sci.**, Usa. 70(7): 1964-7.
- Graham, J.B., 1975. Heat exchange in The Yellowfin Tuna, *Thunnus albacares*, and Skipjack Tuna, *Katsuwonus pelamis*, and the adaptive significance of elevated body temperatures in Scombrid fishes. **Fish. Bull. NOAA/ NMFS.**, 73: 219-29.
- Graham, J.B., Dickson, K.A., 1981. Physiological thermoregulation in the Albacore *Thunnus alalunga*. **Physiol. Zool.**, 54(4): 470-486
- Graybeal, A., 1993. The phylogenetic utility of *Cytochrome b*: Lessons from bufonid frogs. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 2: 256-269.
- Gürlek, M., 2012. **Doğu Akdeniz'deki Caranx (Carangidae) Cinsine ait Türlerinin Moleküler Filogenetiği**. Doktora Tezi. (Basılmamış) 64 sf. Mustafa Kemal Üniversitesi.
- 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.

- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., deWaard, J.R., 2003. Biological identifications through DNA Barcodes. *Proceedings of The Royal Society B: Biological Sciences*, 270: 313-321.
- Hebert, P.D.N., Gregory, T.R., 2005. The promise of DNA Barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*, 54(5): 852-859.
- Iccat, 2006. **Report For Biennial Period, 2004-05 Part II** (2005), Vol. 2-Scrs., Executive Summaries On Species: Small Tunas.
- Iccat, 2013. **Report For Biennial Period, 2012-13 PART I (2012)** - Vol. 2. Madrid, Spain.
- Infante, C., Blanco, E., Zuasti, E., Crespo, A., Manchado, M., 2006. Phylogenetic differentiation between Atlantic *Scomber Colias* and Pacific *Scomber Japonicus* based on nuclear DNA sequences. *Genetica*, 130: 1-8.
- Johnson, G.D., 1986. *Scombroid* phylogeny: an alternative hypothesis. *Bull. Mar. Sci.*, 39: 1-41.
- Kahraman, A.E., 1999. The Determination of age and growth parameters of Atlantic Little Tunny (*Euthynnus alleteratus* Raf., 1810) caught in Turkish waters, Istanbul University, **Institute of Science, Fisheries** Program, Phd Thesis, Istanbul.
- Kahraman, A.E., Göktürk, D., Bozkurt, E.R., Akaylı, T., Karakulak, F.S., 2010. Some reproductive aspects of female Bullet Tuna, *Auxis rochei* from the Turkish Mediterranean Coasts. *African Journal of Biotechnology*, 9(40): 6813-6818.
- Karakulak F.S., Bilgin B., Gökoğlu M. 2007. Albacore (*Thunnus alalunga* Bonnaterre, 1788) fishery in Antalya Bay (Levantine Basin). **Rapports De La Commission Int ernationale De La Mer M diterran e**. 38: 512.
- Karakulak, F. S., 2007. Catch and effort data of the Turkish Bluefin Tuna fishery (2002-2005). **Coll. Vol. Sci. Pap. Iccat**, 60(3): 906- 912.
- Karakulak, F. S.,  zg r E., G koğlu, M., Emecan,  .T., Bařkaya, A., 2011. Age and growth of Albacore (*Thunnus Alalunga* Bonnaterre, 1788) from the Eastern Mediterranean. **Turkish Journal of Zoology**, 35(6): 801-810.
- Kaymaram, F., Hossainy, S.A., Darvishi, M., Talebzadeh, S.A., Sadeghi, M. S. 2010. Reproduction and spawning patterns of the *Scomberomorus commerson* in the

- Iranian coastal waters of the Persian Gulf & Oman Sea. **Iranian Journal of Fisheries Sciences**, 9(2): 233-244.
- Keskin, E., 2010. Determining phylogenetic relationship among the species of Scombridae family from Turkish ichthyofauna using DNA barcodes. **20. Ulusal Biyoloji Kongresi**, 21-25 Haziran, Denizli (Poster).
- Keskin, E. ve Atar, H.H., 2013. DNA barkodlama: Mitokondriyal *COI* geni kullanılarak moleküler tanımlama. **Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi**, 6 (2): 1-8.
- Kimura, M., 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **Journal of Molecular Evolution** 16:111-120.
- Klawe, W.L., 1977. What is a tuna? **Marine Fisheries Review**, 11(39): 1-5.
- Laurs, R.M., Lynn, R.J., 1991. North Pacific Albacore ecology and oceanography. **Noaa Tech. Rep. Nmfs**, 105: 69-87.
- Lee, R.E.K.D., 1982. Fishing for Tuna. **A Report Prepared For The Pole-And-Line Fishing in Southern Thailand**. Project. F.A.O.. Fr: Dp/Tha/77/008:65 s. Thailand.
- Lewin, B. 2004. Genes VIII. **Pearson Education**, Inc. USA.
- Lightowlers, R.N., Chinnery, P.F., Turnbull, D.M., Howell, N., 1997. Mammalian mitochondrial genetics: Heredity, heteroplasmy and disease. **TIG** (13): 450-455.
- Lin, W.F., Hwang, D.F., 2006. Application of PCR-RFLP analysis on species identification of canned tuna. **Food Control**. 18: 1050-1057.
- Lin, W.F., Shiau, C.Y., Hwang, D.W., 2005. Identification of four *Thunnus* Tuna species using mitochondrial Cytochrome *b* gene sequence and PCR-RFLP Analysis. **Journal of Food and Drug Analysis**, 13 (4): 382-387.
- Lydeard, C., Roe, K.J., 1997. The phylogenetic utility of the mitochondrial *Cytochrome b* gene for inferring relationship among Actinopterygian fishes. **In Molecular Systematics of Fishes** (T.D. Kocher and C.A. Stepien, eds.). Academic Press, San Diego.
- Macías, D., Gómez-Vives, M.J., García S., Ortiz, J.M., De Urbina. 2005. Reproductive characteristics of Atlantic Bonito (*Sarda sarda*) from the South Western Spanish Mediterranean. **Col. Vol. Sci. Pap. Iccat**, 58(2): 470-483.

- Macías, D., M.J. Gómez-Vives, J.M. De La Serna. 2005. Some reproductive aspects of Bullet Tuna (*Auxis rochei*) from the South Western Spanish Mediterranean. **Collect. Vol. Sci. Pap. Iccat**, 58(2): 484-495.
- Macías, D., L. Lema, M.J. Gómez-Vives, J.M. Ortiz De Urbina, And J.M. De La Serna. 2006. Some biological aspects of small Tunas (*Euthynnus alletteratus*, *Sarda sarda* & *Auxis rochei*) from The South Western Spanish Mediterranean Traps. **Collect. Vol. Sci. Pap. Iccat**, 59(2): 579-589.
- Martin, A.P., Kessing, B.D., Palumbi, S.R., 1990. Accuracy of estimating genetic distance between species from short sequences of mitochondrial DNA. **Molecular Biology and Evolution**, 7: 485-488.
- Mbc Applied Environmental Sciences, 1987.** Ecology of important fisheries species offshore California. Ocs-Study,. 252 p.
- Mcpherson, G.R., 1992. Age and growth of the narrow-barred spanish mackerel (*Scomberomorus commerson* Lacepède, 1800) in North-Eastern Queensland Waters. **Aust. J. Mar. Freshw. Res.** 43(5):1269-1282.
- Megalofonu, P., Platis, K., DeMetrio, G., Santamaria, N., 2002. Age estimation of juvenile Bluefin Tuna, *Thunnus thynnus*, from the Mediterranean Sea, **First International Symposium DOTT**. Book of Abstracts.
- Meyer, A., Wilson, C., 1990. Origin of tetrapods inferred from their mitochondrial DNA affiliation to lungfish. **J. Mol Evol.**, 31: 359–364.
- Moore, W.S., 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variation; Mitochondrial Gene trees versus nuclear gene trees. **Evolution**, 49: 718-726.
- Mudumala, V.K., Somvanshi, V.S., Lakra, W.S., 2011. phylogenetic relationships of coastal tunas inferred from mitochondrial DNA sequences in the Cytochrome C Oxidase I (*COI*) Gene - A study on DNA barcoding.
- Mullis And Faloona, F., 1987. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalyzed chain reaction. **Methods Enzymol.** 155: 335-350.
- Muus, B.J. And Nielsen, J.G., 1999. Sea fish. **Scandinavian Fishing Year Book**, Hedeusene, Denmark. 340 p.
- Orrell, T. M., Collette, B. B., Johnson, G. D., 2006. Molecular data support separate clades for Scombroidei (tunas and relatives) and Xiphioidae (billfishes). **Bull. Mar. Sci.**, 79: 505–519.

- Ortiz, M., Prince, E.D., Serafy, J.E., Holts, D.B., Dary, K.B., Pepperell, J.G., Lowry M.B., J.C., Holdsworth, 2003. Global overview of the major constituent-based billfish tagging programs and their results since 1954. **Mar. Freshwater Res.**, 54: 489-507.
- Özdemir, M., Doğru, Ü., 2007. Genetik karakterizasyonda mitokondriyal DNA kullanımı. **Atatürk Üniv. Ziraat Fak. Derg.**, 38:(1), 105-111.
- Paine, M.A., McDowell, J.R., Graves, J.E., 2007. Specific identification of Western Atlantic Ocean Scombrids using mitochondrial DNA *Cytochrome c* Oxidase Subunit I (*COI*) gene region sequences. **Bulletin Of Marine Science**, 80(2): 353–367, 2007.
- Paine, M.A., McDowell, J.R., Graves, J.E. 2008. Specific identification using COI sequence analysis of Scombrid larvae collected off the Kona coast of Hawaii Island. **Ichthyol Res.**, (2008) 55: 7–16.
- 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. Biotec.**, 2: 362-379.
- Parrish, R.H.Y., Maccall A. 1978. Climatic variation and exploitation in the Pacific mackerel fishery. **Fishery Bulletin**, 167: 109p.
- Perçin, F., O. Akyol. 2009. Length–weight and length–length relationships of the Bluefin Tuna, *Thunnus Thynnus* in the Turkish part of the Eastern Mediterranean Sea. **Journal Of Applied Ichthyology**, (25) 6: 782-784.
- Piccinetti, C., Piccinetti, G., Soro, S., 1996. Larve di. Tunnidi **Mediterranean. Biol. Mar.**, Medit., 3: 303-309.
- Pujolar, J.M., Roldan, M.I., Pla, C., 2001. Allozyme differentiation of bonito in the Mediterranean Sea. **Journal of Fish Biology**, 59: 169–174.
- Richter, C., 1988. Do mitochondrial DNA fragments promote cancer and aging. **FEBS lett**, 241:1-5.
- Rodriguez-Roda J., 1966. Estudio de la bacoreta, *Euthynnus alletteratus* (Raf.), Bonito, *Sarda sarda* (Bloch), Melva, *Auxis thazard* (Lac.), **Capturados Por Las Almadras Españolas**, 30: 247-92.
- Rodríguez-Roda, J. 1983. Edad y crecimiento de la melva, *Auxis Rochei* (Risso), **Del Sur De España. Invest. Pesq.**, 47 (3): 397-402.

- Romeo, T., Azzurro, E., Mostarda, E., 2005. Record of *Acanthocybium solandri* in the Central Mediterranean Sea, with notes on parassites. **Journal of Marine Biol.**, 85: 1295–1296.
- Sabat'Es, A. and Recasens, L., 2001. Seasonal distribution and spawning of small Tunas (*Auxis rochei* and *Sarda sarda*) In The Northwestern Mediterranean. **Sci. Mar.** 65 (2) : 95–100.
- Saccone, C., Pesole, G., Sbisà, E., 1991. The main regulatory region of mammalian mitochondrial DNA: Structure-function model and evolutionary pattern. **J. Mol. Evol.** 33: 83–91
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., 1989. **Molecular Cloning: a Laboratory Manual**, Second ed. Cold Spring Harbor Press, New York.
- Sanger, F., Nicklen, S., Coulson, A.R., 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors., **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 74, 5463-7.
- Seret, B., Opic, P., 1981. Poissons de mer de l'ouest Africain tropical init. **Doc. Tech. Orstom**, Paris, (49):416 p.
- Shaw, G., Pisces. **In General Zoology**, 4(2):187-632, G. Kearsley, London 1803.
- Shivji, M.S., Magnussen, J.E., Beerkircher, L.R., Hinteregger, G., Lee, D. W., Serafy, J.E., Prince, E.D., 2006. Validity, identification and distribution of the roundscale spearfish, *Tetrapturus georgii* (Teleostei: Istiophoridae): morphological and molecular evidence. **Bulletin of Marine Science**, 79(3):483-491.
- Smitt, F.A. (ed.), 1982. **History of Scandinavian fishes by B. Fries**, C.U. Ekström & C. Sundevall. Stockholm, P.A.Norstedt and Söner, 2 parts: 566 p.
- Sunnuck, P., 2000. Efficient genetic markers for population biology. **Trends in Ecology and Evolution**, 15:199-203.
- Suzuki, Z., Warashina, Y., Kishida, M., 1977. The comparison of catches by regular and deep longline gears in the Western and Central Equatorial Pacific. **Bull. Far Seas Res. Lab.**, 15: 51-90.
- Şahin, N., 2011. **Türkiye’de Yetişen Serratula l. (asteraceae) cinsine ait taksonların ITS nrDNA ve trnl-f cpDNA dizileriyle moleküler sistematik analizi.** Yüksek Lisans Tezi (Basılmamış). Balıkesir Üniversitesi, 72 s, Balıkesir.

- Takeyama, H., Chow, H., S., Tsuzuki, H., Matunag, T., 2001. Mitochondrial DNA sequence variation within and between *Thunnus* tuna species and its application to Species Identification. **Journal of Fish Biology**, 58 (6): 1646–1657.
- Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., 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.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. And Higgins, D.G. 1997. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic. Acids Res.* 24: 4876-4882.
- Tez, C., 2011. **Türkiye’de yayılış gösteren Sideritis l. (lamiaceae) Cinsinin Empedoclia seksiyonuna ait taksonların ITS Çekirdek Ribozomal DNA dizilerine dayalı filogenetik analizi.** Yüksek Lisans Tezi. (Basılmamış) Balıkesir Üniversitesi, 113 s, Balıkesir.
- Tseng, M.C., Shiao, J.C., Hung, Y.H., 2011. Genetic identification of *Thunnus orientalis*, *T. thynnus*, and *T. maccoyii* by a cytochrome b gene analysis. **Environ Biol Fish.** 91: 103–115.
- Turan, C. (Ed.), Öztürk, B., Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Keskin, Ç., Uygur, N., 2007. **Türkiye kemikli deniz balıkları atlası ve sistematigi.** (ISBN: 978-9944-73-018-1). Nobel Yayınevi, Adana, Turkey.
- Turan, C., Ergüden, D., Turan, F., 2010. Phylogenetic relationship among the Black Sea *Alosa* Species from MtDNA ND5/6 sequences. **39th CIESM International Congress**, 10-14 May 2010, Venice, Italy. 687 p.
- Turan, C., Gündüz, I., Gürlek, M., Yaglıoglu, D., Ergüden, D., 2009. Systematics of Scorpaeniformes species in the Mediterranean Sea inferred from mitochondrial 16S rDNA sequence and morphological data. **Folia Biologica (Kraków)**, 3-4 (57): 219-226.
- Turan, C., 2000. Stok ve tür tespitinde kullanılan moleküler genetik teknikler. **IV. Su Ürünleri Sempozyumu, Erzurum**, 151-152.
- Valeiras, J., Abad, E., 2007. **Iccat Manual.** Chapter 2. Description Of Species. 2.1 Species Directly Covered By The Convention. 2.1.11. Small Tuna.

- Valeiras, X., Macías, D., Gómez, M.J., Lema, L., García-Barcelona, S., J.M. Ortiz De Urbina, J.M De La Serna., 2008. Age and growth of Bullet Tuna (*Auxis rochei*) in the Western Mediterranean Sea. **Collect. Vol. Sci. Pap. Iccat**, 62(5): 1629-1637.
- Valeiras, X., Macías, D., Gómez, M.J., Lema, L., Godoy, D., Ortiz M. J., Urbina J.M. De., Serna De La J.M., 2008. Age and growth of atlantic little Tuna (*Euthynnus alletteratus*) in the Western Mediterranean Sea. **Collect. Vol. Sci. Pap. Iccat**, 62(5): 1638-1648.
- Villamor, B., Abaunza, P., Lucio, P., Porteioro, C., 1997. Distribution and age structure of mackerel (*Scomber scombrus*, L.) and horse mackerel (*Trachurus trachurus*, L.) in the northern coast of Spain, 1989-1994. **SCI. MAR.**, 61(3): 345-366.
- Vinas, J., Pla, C., Tawil, M.Y., Hattour, A., Farrugia, A.F., de la Serna, J.M. 2003. mitochondrial genetic characterization of Bluefin Tuna (*Thunnus thynnus*) from three Mediterranean (Libya, Malta, Tunisia); and one Atlantic locations (Gulf Of Cadiz). **ICCAT, Collective Volume Of Scientific Papers**, 55(3). p. 1282-1288.
- Vinas, J., Tudela, S., 2009. A validated methodology for genetic identification of Tuna species (Genus: *Thunnus*). **PLoS ONE**, 4(10): 1371.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M. van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. and Zabeau, M. 1995. AFLP: A new technique for DNA Fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, 23 (21); 4407-4414.
- Wallace, D. C., 1986. Mitochondrial genes and diseases. **Hospital practice**, 21: 77-92.
- Walters, V. and Fierstine, H., 1964. Measurements of swimming speeds of yellowfin tuna and wahoo. **Nature**, 208-209.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B.H., 1, Last, P.R. and Hebert, P.D.N., 2005. DNA barcoding Australia's fish species. **Phil. Trans. R. Soc. B.**, 360: 1847-1857.
- Wilson, A.C., Cann, R.L., Carr, S.M., George, M., Gyllensten, U. B., Helmbjuchowski, K.M., Higuchi, R.G., Palumbi, S.R., Prager, E.M., Sage, R.D. And Stoneking, M., 1985. Mitochondrial-DNA and two perspectives on evolutionary genetics. **Biological Journal of the Linnean Society**, 26: 375-400.
- Yıldırım, Ş., 2004. Türkiye'deki Orkinos (*Thunnus thynnus* Linnaeus, 1758) çiftliklerinin bazı saha, sistem ve faaliyet özellikleri üzerine bir çalışma. **E.U. Journal Of Fisheries & Aquatic Sciences** 2004, 21 (3-4): 301-305.

- Zaboukas, N., Miliou H., Megalofonou, P., Moraitou-Apostolopoulou, M., 2006. Biochemical composition of the Atlantic Bonito *Sarda sarda* from the Aegean Sea (Eastern Mediterranean Sea) in different stages of sexual maturity. **Journal Of Fish Biology** 69: 347–362.

TEŞEKKÜR

Yüksek Lisans tez çalışmamın planlanmasında ve yürütülmesinde deneyim ve katkılarını esirgemeyen danışman hocam Sayın Prof. Dr. Cemal TURAN'a teşekkürlerimi sunarım.

Manevi desteklerini her daim hissettiğim sevgili Aileme, Su Ürünleri Yüksek Mühendisi arkadaşım Burcu ÖZBALCILAR'a ve değerli arkadaşım Tefvîk GÜNDÖĞ'â teşekkürlerimi borç bilirim.

Tez çalışmamın yürütülmesi sırasında katkılarda bulunan ekip arkadaşlarım, Ar. Gör. Dr. Mevlüt GÜRLEK, Yüksek lisans öğrencileri Ali UYAN ve Asıl Nadir REYHANİYE' ye teşekkürlerimi sunarım.

111T481 numaralı (TÜBİTAK) ve 8420 numaralı (BAP) projeleriyle, gerekli teçhizatı, kimyasalları ve malzemeleri temin etmemizi sağlayan TÜBİTAK ve BAP'a teşekkürlerimi sunarım.

ÖZGEÇMİŞ

1989 yılında Samsun ilinde doğdum. İlköğretim ve lise eğitimimi İzmir’de tamamladım. 2007 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Su Ürünleri Bölümünün lisans programına başladım. Bu lisans programından 2011 yılında birincilikle mezun oldum. 2011 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı’nda Yüksek Lisans öğrenimime başladım. Bu öğrenimime hala devam etmekteyim.