

T.C.
ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
2015-DR-007

**TÜRKİYE DENİZLERİNDEKİ TEKİR (*Mullus surmuletus*
L.) TÜRÜNÜN GENETİK STOKLARININ
BELİRLENMESİ**

Doğan TUNCAY

Tez Danışmanı:
Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI

AYDIN

T.C.
ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
AYDIN

Biyoloji Anabilim Dalı **Doktora** Programı öğrencisi **Doğan TUNCAY** tarafından hazırlanan (Türkiye Denizlerindeki Tekir (*Mullus surmuletus* L.) Türünün Genetik Stoklarının Belirlenmesi) başlıklı tez, **24 Temmuz 2015** tarihinde yapılan savunma sonucunda aşağıda isimleri bulunan jüri üyelerince kabul edilmiştir.

	Ünvanı, Adı Soyadı	Kurumu	İmzası
Başkan	: Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI	ADÜ	
Üye	: Prof. Dr. Cemal TURAN	MKÜ	
Üye	: Prof. Dr. Celal ÜLGER	ADÜ	
Üye	: Prof. Dr. Deniz ÇOBAN	ADÜ	
Üye	: Doç. Dr. Tülin ARSLAN	MSKÜ	

Jüri üyeleri tarafından kabul edilen bu **Doktora** Tezi, Enstitü Yönetim KurulununSayılı kararıyla tarihinde onaylanmıştır.

Prof. Dr. Aydın ÜNAY
Enstitü Müdürü

T.C.
ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
AYDIN

Bu tezde sunulan tüm bilgi ve sonuçların, bilimsel yöntemlerle yürütülen gerçek deney ve gözlemler çerçevesinde tarafımdan elde edildiğini, çalışmada bana ait olmayan tüm veri, düşünce, sonuç ve bilgilere bilimsel etik kuralların gereği olarak eksiksiz şekilde uygun atıf yaptığımı ve kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

...../...../2015

Doğan TUNCAY

ÖZET

TÜRKİYE DENİZLERİNDEKİ TEKİR (*Mullus surmuletus* L.) TÜRÜNÜN GENETİK STOKLARININ BELİRLENMESİ

Doğan TUNCA Y

Doktora Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı
Tez Danışmanı: Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI
2015, 84 sayfa

Tekir (*Mullus surmuletus*) balıkçılık açısından ekonomik değere sahip demersal bir türdür. Bu çalışmada, mtDNA kontrol bölgesi dizisi ve çekirdek genomunun 14 adet mikrosatellit lokuslarının genotip verileri kullanılarak, tekir balığının Türkiye denizlerindeki genetik stok yapıları ve genetik çeşitliliğinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Tekir örneklerinin toplandığı lokaliteler, Akdeniz'den Mersin ve Antalya, Ege Denizi'nden Marmaris, Kuşadası, Ayvalık ve Saroz Körfezi ve Marmara Denizi'nden Bandırma kıyılarıdır. Tekir balığında mikrosatellit lokusu alel sayıları ve mtDNA haplotip çeşitliliklerine dayalı olarak, populasyonlar arasında yüksek bir genetik varyasyon olduğu saptanmıştır. Mitokondri DNA analizi sonuçları tekir populasyonlarının 3 klada ayrıldığını göstermiştir. Bu üç mitokondri soyu çalışılan farklı denizlerdeki tekir populasyonları arasında anlamlı bir dağılım sergilememiştir. Mikrosatellit DNA analizleri sonucunda ise tekir populasyonlarının çalışılan denizler arasında homojen olarak dağılım gösteren 3 farklı genetik grup olduğu saptanmıştır. Hem mtDNA hem de mikrosatellit verilerinin analizi sonucuna göre, Saroz Körfezi tekirlerinin Ege Denizi'ndeki diğer lokalitelerden genetik olarak farklı bir grup oldukları bulunmuştur. Akdeniz de ise Mersin ve Antalya tekirleri arasında da farklı bir genetik yapılanma olduğu saptanmıştır. Sonuç olarak, Türkiye denizlerindeki tekir balıklarının belli ölçüde genetik farklılaşma gösterdikleri, bu yüzden bu bilginin yeni sürdürülebilir balıkçılık stratejilerinin geliştirilmesinde dikkate alınması gerekir.

Anahtar sözcükler: Tekir, *Mullus surmuletus*, Türkiye Denizleri, Mikrosatellit, mtDNA, Kontrol Bölgesi

ABSTRACT

GENETIC STOCK IDENTIFICATION OF STRIPED RED MULLET (*Mullus surmuletus* L.) IN THE SEAS OF TURKEY

Doğan TUNCAY

Ph. D. Thesis, Department of Biology
Supervisor: Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI

2015, 84 pages

Striped red mullet (*Mullus surmuletus*) is an economically important demersal species in fisheries. The present study is aimed to determine the genetic stocks and genetic variability of striped red mullet across Turkish seas using sequence data from the control region of mtDNA and genotype data of 14 microsatellite loci of nuclear genome. Striped red mullet samples has been collected from the following localities: Mersin and Antalya from the Mediterranean Sea; Marmaris, Kuşadası, Ayvalık and Saroz Bay from the Aegean Sea; Bandırma from the Marmara Sea. Higher genetic variation has been determined between populations in striped red mullet based on both the allele numbers of microsatellite loci and haplotype diversity of mtDNA. Results of mtDNA analyses have shown that populations of striped red mullet were divided into three clades. These three mtDNA lineages did not displayed a meaningful partition between the populations from the different seas studied. Each three different genetic group displays a homogenous distribution between the populations of striped red mullet. According to the results of both mtDNA and microsatellite data analyses, it has been found that striped red mullets from Saroz Bay were constituted a genetically different group which were different from the other localities in the Aegean Sea. A different genetic structuring has also found between striped red mullets from Mersin and Antalya localities in the Mediterranean. As a result, since striped red mullet from Turkish seas have displayed a different genetic differentiation in a certain degree, these information should be taken into account for a new sustainable fishery management strategies for this species.

Keywords: Red striped Mullet, *Mullus surmuletus*, Turkish Seas, microsatellites, mtDNA, Control region

ÖNSÖZ

Doktora eğitimin süresince ve tez çalışmamın her aşamasında, benden yol gösterici önerilerini ve bilgi birikimini hiçbir zaman esirgemeyen, tez danışmanım Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI'ya saygı ve en içten teşekkürlerimi sunarım.

Tez süresince yaptıkları eleştiri ve yönlendirmelerinden dolayı tez izleme komitesi üyeleri Prof. Dr. Celal ÜLGER ve Prof. Dr. Deniz ÇOBAN'a teşekkür ederim.

Tez çalışmam için gerekli olan örneklerin temininde yardımcı olan Doç. Dr. Kubilay METİN ve Prof. Dr. Süphan KARAYTUĞ'a çok teşekkür ederim.

Bu tez çalışmasının gerçekleşmesi için maddi kaynak sağlayan TÜBİTAK (212T110 no'lu proje) ve Adnan Menderes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (FEF14007)'ne teşekkür ederim.

Yüksek lisans ve doktora eğitimimin her aşamasında desteğiyle her zaman yanımda olan, doktora tezimin yazım aşamasında bıkmadan bana yardımcı olan sevgili eşim Serap ŞENOL TUNCAY'a teşekkürü bir borç bilirim.

Son olarak, tüm eğitimim süresince beni destekleyen, benim bu günlere gelmemi sağlayan değerli annem ve babam, Senem ve Sadık TUNCAY'a sonsuz teşekkür ederim.

Doğan TUNCAY

İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY SAYFASI	iii
BİLİMSEL ETİK BİLDİRİM SAYFASI	v
ÖZET	vii
ABSTRACT	ix
ÖNSÖZ	xi
SİMGELER DİZİNİ.....	xv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xvii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xix
1. GİRİŞ	1
1.1. Mullidae Familyasının Genel Özellikleri.....	1
1.2. Tekir (<i>Mullus surmuletus</i> , L.) Türünün Morfolojisi	1
1.2.1. Türün Taksonomik Durumu.....	2
1.2.2. Tekir Türünün Biyolojisi.....	2
1.3. Tekir Türünün Türkiye’deki Avcılığı	3
1.4. Türkiye Denizlerinin Özellikleri	6
1.4.1. Karadeniz’in Özellikleri.....	6
1.4.2. Marmara Denizi’nin Özellikleri	7
1.4.3. Akdeniz’in Özellikleri	7
1.5. Mitokondriyal DNA (mtDNA)	7
1.6. Mikrosatellitler.....	9
1.7. Balıkçılıkta Genetik Stok Kavramı	10
2. KAYNAK ÖZETLERİ	13
3. MATERYAL VE YÖNTEM	20
3.1. Tekir Örneklerinin Toplanması.....	20
3.2. Total Genomik DNA İzolasyonu	20

3.3. Genomik DNA'nın Miktarının Belirlenmesi ve Görüntülenmesi	22
3.4. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesi.....	22
3.4.1. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması	22
3.4.2. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesinin Dizi Analizi	23
3.4.3. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesinin Veri Analizi	24
3.5. Mikrosatellit Lokusları	26
3.5.1. Mikrosatellit Lokuslarının PCR ile Çoğaltılması	26
3.5.2. Mikrosatellit Lokuslarının Genotiplenmesi	29
3.5.3. Mikrosatellit Lokuslarının Veri Analizi	30
4. BULGULAR	31
4.1. mtDNA Kontrol Bölgesi Dizilerinin Analizi.....	31
4.2. Mikrosatellit Lokuslarının Analizi	44
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	62
KAYNAKLAR.....	71
ÖZGEÇMİŞ.....	83

SİMGELER DİZİNİ

DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
mtDNA	Mitokondriyal Deoksiribo Nükleik Asit
nDNA	Çekirdek Deoksiribo Nükleik Asit
tRNA	Transfer Ribo Nükleik Asit
rRNA	Ribozomal Ribo Nükleik Asit
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RFLP	Restriksiyon Fragment Uzunluk Polimorfizmi
NJ	Neighbour Joining
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean
bç	Baz çifti
kb	Kilobaz
km	Kilometre
m	Metre
nm	Nanometre
m ³	Metre küp
km ²	Kilometre kare
km ³	Kilometre küp
kg	Kilogram
g	Gram
ng	Nanogram
mg	Miligram
pmol	Pikomol
mM	Milimolar
ml	Mililitre

μ l	Mikrolitre
dk	Dakika
sn	Saniye
K	Kuzey
B	Batı
D	Dođu
°C	Santigrad Derece

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. <i>Mullus surmuletus</i> L.....	2
Şekil 1.2. Tekir türünün yayılış alanı.....	3
Şekil 1.3. Türkiye’de türlere göre dip balıklarının av miktarları.....	5
Şekil 1.4. Türkiye’de 2000 ile 2013 yılları arasındaki avlanan tekir miktarı.....	5
Şekil 1.5. Mitokondriyal DNA.....	9
Şekil 3.1. Tekir örneklerinin toplandığı bölgeler.....	20
Şekil 3.2. PCR ile çoğaltılmış mtDNA kontrol bölgesinin yaklaşık 450 bp uzunluğundaki amplikonları.....	23
Şekil 3.3. Bioedit 7.1.3.0 programında DNA dizilerinin görüntülenmesi.....	24
Şekil 3.4. Bioedit 7.1.3.0 programında Clustal W kullanılarak hizalanmış veri seti.....	24
Şekil 3.5. Genemarker 2.2.0 programında mikrosatellit alel büyüklüklerinin görüntülenmesi.....	29
Şekil 3.6. Mikrosatellit lokuslarının Excel dosyasına işlenmiş veri seti.....	29
Şekil 4.1. mtDNA kontrol bölgesi PCA analizi.....	39
Şekil 4.2. mtDNA kontrol bölgesinin Saroz Körfezi örnekleri hariç tutulmuş PCA analizi.....	40
Şekil 4.3. mtDNA kontrol bölgesi dizileri kullanılarak oluşturulmuş köksüz NJ ağacı.....	42
Şekil 4.4. mtDNA kontrol bölgesi için oluşturulan Medyan birleştirme ağı.....	43
Şekil 4.5. Mikrosatellit lokuslarının lokaliteler arasındaki alelik dağılım grafiği.....	45
Şekil 4.6. Türkiye kıyılarından örneklenen 247 tekir bireyi arasındaki ilişkiyi gösteren FCA sonuçları.....	56
Şekil 4.7. Türkiye kıyılarından 7 bölgeden örneklenen tekir popülasyonları arasındaki ilişkiyi gösteren FCA sonuçları.....	57

Şekil 4.8. Saroz Körfezi hariç tutularak yapılmış tekir popülasyonları arasındaki ilişkiyi gösteren FCA.....	58
Şekil 4.9. Nei (1978) uzaklık metoduna dayalı olarak çizilmiş UPGMA ağacı...59	
Şekil 4.10. Türkiye denizlerinde yayılış gösteren tekir türünün mikrosatellit analizi sonucu elde edilen popülasyon yapılanması.....	60
Şekil 5.1. Denizlere göre haplotip kladların dağılım oranlarının harita üzerinde gösterimi.....	66
Şekil 5.2. Ege Denizi derinlik haritası ve genel su sirkülasyonu şeması.....	69

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Niteliklerine göre balıkçılık faaliyetleri yürüten balıkçı gemileri.....	4
Çizelge 1.2. Tekir'in bölgelere göre avcılık miktarları.....	6
Çizelge 3.1. Tekir popülasyonlarına ait örnekleme bölgeleri ve birey sayıları.....	21
Çizelge 3.2. mtDNA kontrol bölgesi primerleri ve özellikleri.....	22
Çizelge 3.3. Mikrosatellit analizinde kullanılan lokuslar, primerlerin dizileri ve Tm.....	27
Çizelge 3.4. Mikrosatellit lokuslarının tekrar motifleri, floresan etiketleri ve dahil oldukları PCR grupları.....	28
Çizelge 3.5. Multipleks PCR reaksiyon karışımları ve sıcaklık döngü koşulları..	28
Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları.....	31
Çizelge 4.2. mtDNA kontrol bölgesi için çalışılan her bir bölgede tespit edilen haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri	36
Çizelge 4.3. mtDNA kontrol bölgesi genetik uzaklık değerleri ile lokalitelerin ikişerli karşılaştırmaları.....	38
Çizelge 4.4. mtDNA kontrol bölgesi analizi sonucunda tekir popülasyonları arasındaki göç oranları.....	38
Çizelge 4.5. mtDNA kontrol bölgesi verileri kullanılarak gerçekleştirilmiş AMOVA analizinde alternatif gruplandırılmalar yapılarak hesaplanmış fiksasyon indeksleri.....	41
Çizelge 4.6. Tajima'nın D ve Fu'nun F_s testi sonuçları.....	41
Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı popülasyon genetiği parametreleri.....	46
Çizelge 4.8. Mikrosatellit DNA genotip verilerinin analizi sonucu elde edilen lokaliteler arasındaki genetik uzaklık karşılaştırması.....	54
Çizelge 4.9. Mikrosatellit DNA genotip verileri kullanılarak gerçekleştirilmiş AMOVA analizinde alternatif gruplandırılmalar yapılarak hesaplanmış fiksasyon indeksleri.....	61

Çizelge 5.1. Farklı demersal balıklarda mtDNA kontrol bölgesi haplotip ve nükleotit çeşitliliği	64
Çizelge 5.2. Farklı denizlerde yayılış gösteren tekirlerde mikrosatellit lokuslarının en düşük ve en yüksek aralıktaki alel büyüklükleri, gözlenen heterozigotluk değerleri ve alel sayıları.....	67

1. GİRİŞ

1.1. Mullidae Familyasının Genel Özellikleri

Mullidae familyasına dahil 6 cinse (Mulloidichthys, Mullus, Parupeneus, Upeneus, Pseudupeneus, Upeneichthys) ait 87 tür bulunmaktadır (Eschmeyer ve Fong, 2015). Bu familyaya ait türler Atlantik Okyanusu, Hint Okyanusu ve Pasifik Okyanusu'nda, nadir olarakta acı sularda yayılış gösterir. Vücutları ince ve uzundur. Birinci dorsal yüzgeçte 6-8 diken ışın; ikinci dorsal yüzgeçte 1 diken, 8-9 yumuşak ışın bulunur. Anal yüzgeçte 1 veya 2 diken ışın ile 5-8 yumuşak ışın bulunur. Kuyruk yüzgeçleri çatal tiptedir. Çenelerinin altında kimyasal duyu organı olarak kullanılan bir çift uzun barbel bulunur. Besinlerini zemindeki bentik omurgasızlar ve küçük balıklar oluşturur. Vücutları parlak renklerden oluşur. Yumurta ve larvaları pelajiktir. Bütün denizlerde avlanan ve ekonomik öneme sahip bir gruptur (Nelson, 2006).

Ülkemiz denizlerinde mullidae familyasına ait 5 tür bulunmaktadır. Bunlar *Mullus barbatus*, *M. surmuletus*, *Upeneus pori*, *U. moluccensis*, *Parupeneus forsskali* (Bilecenoğlu vd., 2014) türleridir. Ayrıca *M. barbatus*'un Karadeniz'de bir alt türü (*M. barbatus ponticus*) (Esipov, 1927) olduğu bilinmektedir. Mullus cinsine dahil diğer türler Arjantin kıyılarında yayılış gösteren *M. argentinae* ve Karayip Denizi'nde bulunan *M. auratus* türleridir (Froese ve Pauly, 2014).

1.2. Tekir (*Mullus surmuletus*, L.) Türünün Morfolojisi

Vücut az çok basık, barbuna göre burun daha uzundur. Maksilla ancak gözün ön hizasına kadar ulaşır. Baş total boyun %25'i kadardır. Çene altında pektoral yüzgeçten daha uzun bir çift barbel vardır. Alt çenede çok küçük kadifemsi dişler vardır, ancak üst çene dişsizdir. Birinci dorsal yüzgecinde 7-8 diken, ikinci dorsal yüzgecinde 1 diken, 7-8 yumuşak ışın bulunur. Yanal çizgide 33-37 adet büyük pul vardır. Birinci dorsal yüzgecindeki sarı leke ve baş profili'nin eğimli olmasıyla *Mullus barbatus* türünden kolaylıkla ayırt edilir. Vücudu sırtta kırmızı veya kahverengi tonlardadır; karın kısmı beyaz renktedir. Gözünün arkasından başlayıp kuyruğa kadar uzanan kırmızımsı bir şerit mevcuttur; ayrıca yanlarda 2-3 adet sarı şeride rastlanır. Kaudal yüzgeci genellikle sarımsı tonlardadır (Şekil 1.1) (Whitehead vd., 1986; Turan, 2007).

1.2.1. Türün Taksonomik Durumu

Phylum:	Chordata
Subphylum:	Craniata
Superclass:	Gnathostomata
Class:	Actinopterygii
Division:	Teleostei
Subdivision:	Euteleostei
Superorder:	Acanthopterygii
Series:	Percomorpha
Order:	Perciformes
Suborder:	Percoidei
Superfamily	Percoidea
Family:	Mullidae
Genus:	Mullus
Species:	<i>Mullus surmuletus</i> L.

(Nelson, 2006)

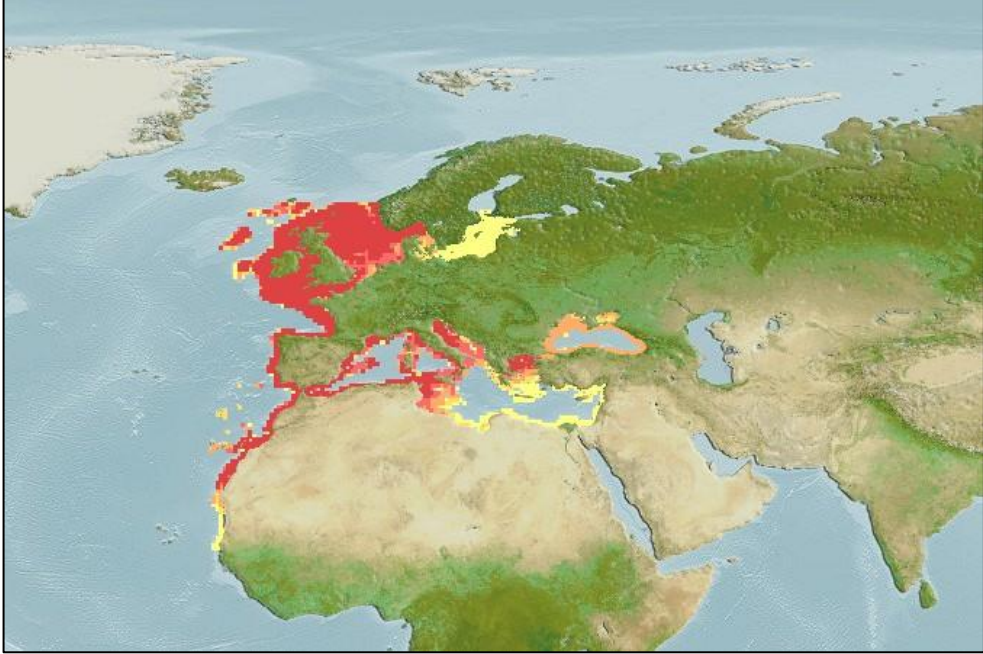


Şekil 1.1. *Mullus surmuletus* L.

1.2.2. Tekir Türünün Biyolojisi

Yaşam alanlarını genellikle 100 m derinliğe kadar kumlu, çamurlu ve kayalık zeminler oluşturur. Besinlerini bentik omurgasızlar ve bentik küçük balıklar oluşturur. Mayıs-Temmuz ayları arasında ürerler, yumurta ve larvaları pelajiktir. İlk eşeyssel olgunluğa 14 cm boy ve 1 yaşta erişir (Whitehead vd., 1986; Fischer vd., 1987).

Bu türün Dünya üzerindeki yayılışı tüm Akdeniz, Ege Denizi, Marmara Denizi, Karadeniz ve Atlantik Okyanusunun İngiliz Kanalı ile Dakar arasında kalan kısımları oluşturur (Şekil 1.2) (Whitehead vd., 1986).



Şekil 1.2. Tekir türünün yayılış alanı (Froese ve Pauly, 2014)

1.3. Tekir Türünün Türkiye'deki Avcılığı

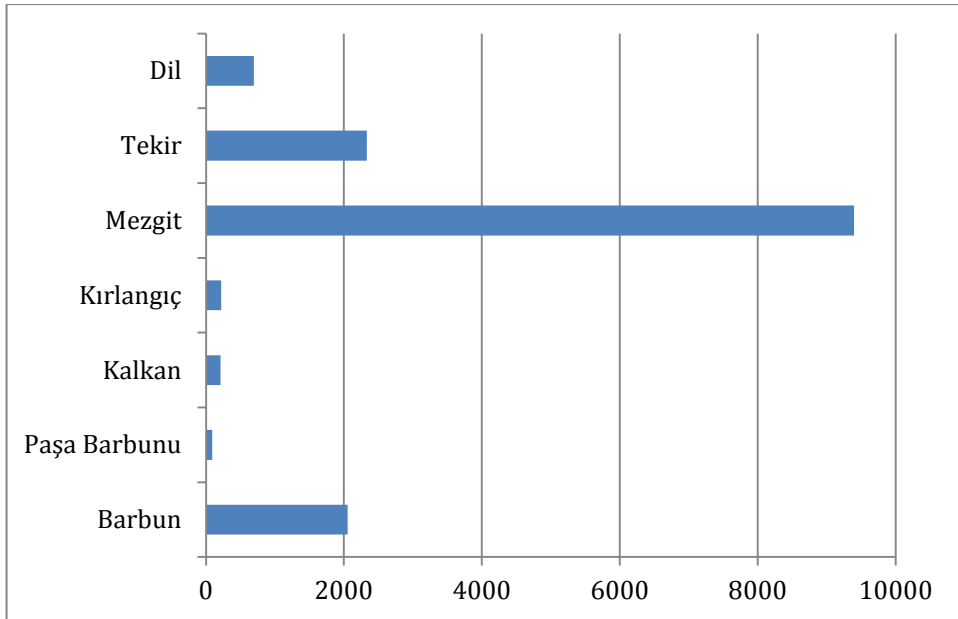
Günümüzde iklim değişikliği, nüfus artışına bağlı olarak artan avcılık ve denizel kirliliğin sonucu olarak ülkemizde yapılan deniz balıklarının avcılığı, 2007 yılında 518 bin ton'dan her geçen yıl azalarak 2013 yılında 295 bin ton seviyelerine gerilemiştir (TÜİK 2013). Bu yıllık dalgalanmalar nedeniyle sürdürülebilir bir balıkçılık sağlamak, balıkçılarımızın kar miktarını arttırabilmek ve ülkemizde deniz balıklarının avcılığı için düzenli balıkçılık stratejileri geliştirilmelidir. Bunun yapılabilmesi için avlanmada kullanılan ağ ölçüleri, gırgır ve trol avı ve tekne sayısı kotaları gibi durumlarda denetim tam olarak sağlanmalıdır. Ülkemiz denizlerinde 2008 ile 2012 yılları arasında balıkçılık faaliyetleri yürüten tekne sayısı ve tonaj kapasiteleri Çizelge 1.1'de gösterilmiştir.

Çizelge 1.1. Niteliklerine göre balıkçılık faaliyetleri yürüten balıkçı gemileri (TÜİK, 2013)

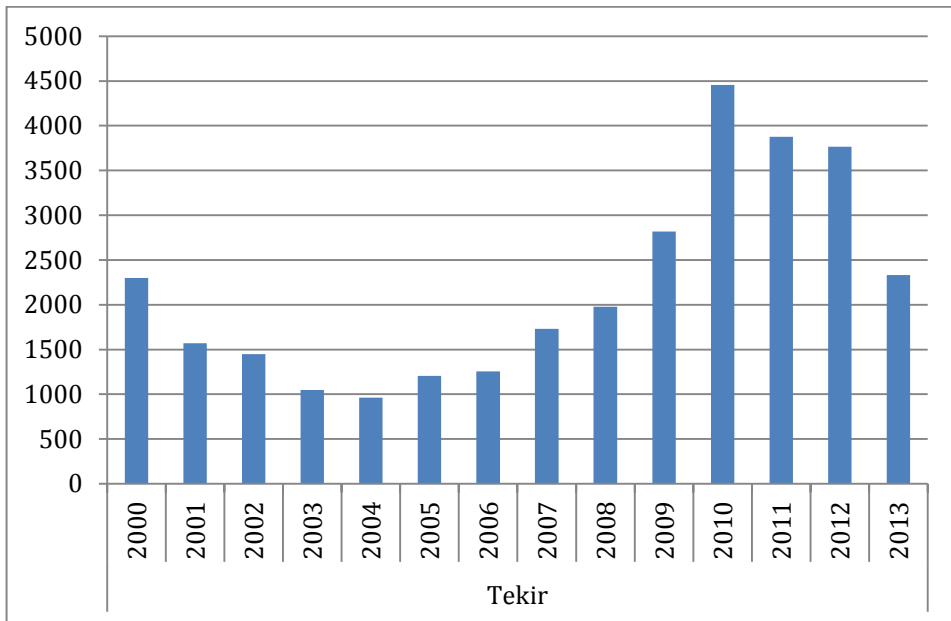
	2008	2009	2010	2011	2012
Kullanım Şekli					
Trol gemisi	543	552	669	700	686
Gırgır gemisi	526	505	485	485	440
Trol-Gırgır gemisi	469	431	337	241	219
Taşıyıcı gemi	213	156	130	201	213
Diğer	15410	15201	15029	12673	12766
Tonaj Grubu					
1-4	13155	12783	12423	10154	10639
5-9	1753	2033	2132	2014	1632
10-29	1054	902	952	1004	985
30-49	393	376	273	372	333
50-99	371	368	413	381	373
100-199	291	272	247	248	234
200-499	127	97	98	113	114
500+	17	14	12	14	14

Türkiye İstatistik Kurumu su ürünleri istatistiklerine göre 2013 yılında avlanan deniz balıklarının %10'luk kısmını demersal balıklar oluşturmaktadır. Avlanan bu demersal balıkların büyük bir kısmı trol avcılığı ile yapılmaktadır. Ülkemiz denizlerinde barbun ve tekir, mezigit'ten sonra avcılığı en fazla yapılan demersal türlerdir (Şekil 1.3) (TÜİK , 2013).

Tekir türü ülkemiz denizlerinde 2000 yılında 2300 ton avlanmış ve 2004 yılına kadar azalarak 1000 ton seviyesine gerilemiştir. Av miktarı 2005 yılından itibaren artışa geçerek 2010 yılında 4500 ton seviyelerine ulaşmıştır. 2013 yılında ise 2400 ton seviyelerine gerilemiştir (Şekil 1.4) (TÜİK, 2015).



Şekil 1.3. Türkiye’de türlere göre dip balıklarının av miktarları



Şekil 1.4. Türkiye’de 2000 ile 2013 yılları arasındaki avlanan tekir miktarı

Denizlere göre av miktarları incelendiğinde en fazla avcılığın Karadeniz’de yapıldığı ve 2000 yılından 2013 yılına doğru arttığı belirlenmiştir (Çizelge 1.2) (TÜİK, 2015). Çizelge 1.2 incelendiğinde Marmara Denizi, Ege Denizi ve Akdeniz’de avlanan tekir miktarının yıllara göre ufak artış ve azalmalar olduğu görülmektedir.

Çizelge 1.2. Tekir’in bölgelere göre avcılık miktarları (Ton) (TÜİK, 2015)

Yıllar	Toplam	Doğu Karadeniz	Batı Karadeniz	Marmara Denizi	Ege Denizi	Akdeniz
2000	2300	24	1421	365	435	55
2001	1570	11	377	291	850	41
2002	1450	19	765	304	288	74
2003	1050	14	553	220	209	54
2004	961	13	506	202	191	49
2005	1207	-	556	306	301	44
2006	1256	38	357	319	489	53
2007	1732	342	568	331	409	82
2008	1978	458	793	304	351	72
2009	2818	352	1438	406	493	129
2010	4455	1064	2309	465	493	124
2011	3877	796	2197	344	395	144
2012	3767	745	2123	345	492	62
2013	2333	382	1361	219	344	27

1.4. Türkiye Denizlerinin Özellikleri

1.4.1. Karadeniz 'in Özellikleri

Karadeniz 40°- 46° K enlemleri, 27°- 41 D boylamları arasında uzanan, kuzeyde Kerçenski Boğazı ile Azak Denizi’ne, güneyde ise İstanbul ve Çanakkale Boğazı ile Akdeniz’e bağlantısı olan 423488 km² alana, 537000 km³ su hacmine sahiptir. Ortalama derinliği 1271 m, en derin yeri ise 2245 m’dir. Yılda 400 km³ tatlı su girdisi olan, tuzluluğu az (%18), yüzey suyu kuzeydeki Kerç Boğazı ile kuzeydoğuya, İstanbul Boğazı ile güneye akan bir denizdir. Karadeniz’in morfolojik yapısından dolayı tuzlusu derinde toplanır. Derinlerdeki su O₂ bakımından fakir, H₂S bakımından zengindir (Zenkevitch, 1963). İstanbul Boğazı’nın altından gelen daha sıcak ve daha tuzlu (%25-30, hatta bazı yerlerde %32-38) su, Karadeniz’e en kuvvetli olarak Rumeli kıyıları boyunca kuzeye doğru ilerleyerek, kuzey batı yönünde kıyı boyunca girer ve 180 km’lik bir alana kadar devam eder. Anadolu tarafından giren akım ise doğuya doğru yönelerek, Türkiye

kıyıları boyunca ilerler, doğuda Gürcistan kıyılarından dönerek kuzeye yönelir (Demirsoy, 2002) .

1.4.2. Marmara Denizi'nin Özellikleri

Marmara Denizi İstanbul Boğazı aracılığıyla Karadeniz'e Çanakkale Boğazı aracılığıyla Ege Denizine bağlanan bir iç denizdir. Boyutu yaklaşık 70 km x 250 km, yüzey alanı 11,500 m²'dir. Maksimum derinliği ise 1390 m'dir (Özsoy vd., 2000). Marmara Denizi suları, İstanbul Boğazı aracılığıyla Karadeniz'den giriş yapan yüzey akıntısı ve Çanakkale Boğazı aracılığıyla Ege Denizi'nden giriş yapan alt akıntısı beslenmektedir. Marmara Denizi'ne giriş yapan bu akıntılar yaklaşık 25 km derinlikte bulunan bir ara yüzey su kütlesi ile ayrılmıştır. Daha yoğun olan Ege Denizi alt akıntıları 4-5 ayda, üst tabaka Karadeniz kaynaklı sular ise 6-7 yılda yenilenmektedir. Üst tabaka suları tuzluluk oranı %20-24 arasında iken, alt tabakada ise tuzluluk % 37-38 değerlerindedir (Beşiktepe vd., 2000).

1.4.3. Akdeniz'in Özellikleri

Akdeniz 30°- 45° K enlemleri ile 06° B - 35° D boylamları arasında 2,5 x 10⁶ km² alan boyunca uzanan yarı büyük yarı kapalı bir denizdir. Atlantik okyanusuna 13 km genişliğinde 300 m derinliğindeki Cebelitarık Boğazı aracılığıyla bağlanmıştır (Drakopoulos ve Lascaratos, 1999). Ortalama derinliği 1,5 km olan Akdeniz'in en derin noktasının ise İyonya Denizi'nde 5,1 km olduğu saptanmıştır (Pinte, 2003). Ülkemizi çevreleyen Doğu Akdeniz; İyonya, Levant, Adriyatik ve Ege Denizi olarak 4 alt deniz havzası barındırmaktadır. Ülkemizin güneyinde bulunan Levant Denizi 2500-3000 m arası ortalama derinliğe, maksimum 4500 m derinliğe sahiptir (Horvat vd., 2003). Ege Denizi ise Rodos, Girit Adası arasından Levant Denizi ile birleşmektedir. Maksimum derinliği 1500 m kadardır (El-Geziry ve Bryden, 2010).

1.5. Mitokondriyal DNA (mtDNA)

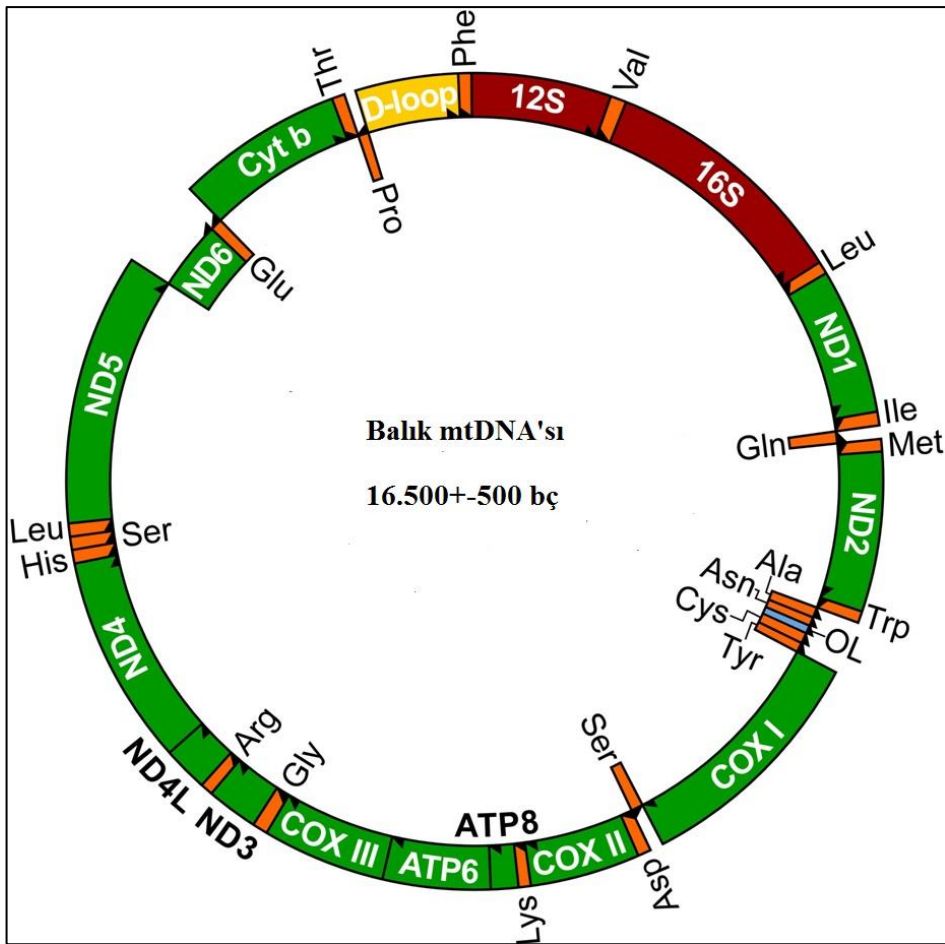
Tipik bir hayvan mitokondri DNA'sı 15-20 kilobaz (kb) uzunluğunda olan kapalı halkasal bir moleküldür. Mitokondri genomu 13 protein kodlayan, 2 ribozomal RNA kodlayan ve 22 tRNA kodlayan gen bölgesinden oluşur (Şekil 1.5) (Wallace, 1986; Meyer, 1993). Bu 37 genin dışında mtDNA'da bulunan ve replikasyon ve transkripsiyonun başlamasında görev alan, 1 kb büyüklüğünde kodlama yapmayan kontrol bölgesi bulunur. Gen düzeninde bazı farklılıklar taşımaya rağmen, mtDNA genleri ve dizilişi oldukça korunmuştur. Bu farklılıklar yüksek hayvan

taksonlarının ayırt edilmesinde kullanılmaktadır (Avise, 1994; Bardakcı ve Karataş, 2005).

Hayvan mtDNA genomu geniş ölçüde intraspesifik dizi varyasyonu içerse de, çoğu birey hemen hemen her zaman homoplaziktir. Yani bireyin tüm hücre ve dokularda tek tip mtDNA bulunmaktadır. Bu olaya homoplazmi denilmektedir. Eğer birey birden çok mtDNA tipine sahipse heteroplaziktir. Bu olaya ise heteroplazmi denilir. Memelilerde mtDNA sadece maternal (anasal) olarak kalıtlanır (homoplazmi). Fakat bazı türlerde, hem maternal hem de paternal (babasal) olarak kalıtıldığı bilinmektedir (Skibinski vd., 1994). Bu durumda oluşan döller hem annenin hem de babanın mtDNA'sına sahip olacaklarından, bu bireyler heteroplaziktir.

Mitokondri DNA etkin bir DNA tamir mekanizmasına sahip olmadığından (Wilson vd., 1985), tek kopya çekirdek DNA'sına göre daha hızlı evrimleşir (Brown vd., 1979). Bu nedenle mtDNA, yakın akraba türler ve bir türün populasyonlarını karşılaştırmada son derece yararlıdır (Harrison, 1989). Özellikle kontrol bölgesindeki bazı dizilerin mutasyon hızı oldukça yüksektir. Kontrol bölgesinin mutasyon hızı kodlama yapan diğer mtDNA protein kodlayan bölgelerine göre iki ila beş kat daha yüksektir (Meyer, 1993) Bu nedenle bu bölge populasyon düzeyinde farklılaşmayı çalışmak için oldukça uygundur (Stoneking vd., 1991).

mtDNA'lar arasında genetik rekombinasyon olmadığından, genetik sürüklenme çekirdek DNA'sına göre mtDNA üzerinde daha güçlü bir evrimsel mekanizma olarak işler. Bu nedenle populasyonlara özgü moleküler belirteç üretmek mümkündür (Başbüyük vd., 2000; Bardakcı ve Karataş, 2005). mtDNA haplotiplerinin populasyon içi varyasyonu, populasyonlar arasına göre daha düşük olması nedeniyle mitokondriyal genom karşılaştırmaları, populasyon düzeyindeki çalışmalar için oldukça uygundur (Avise, 1994).



Şekil 1.5. Mitokondriyal DNA (Bustamante ve Ovenden, 2014)

1.6. Mikrosatellitler

Ökaryotik organizmaların genomları bazı özdeş ya da benzer dizilerin bloklar şeklinde tekrarlarını içerir. Bu bloklar iki ya da binlerce baz uzunluğunda olabilmektedir. En büyük tekrarlı birimlerden (core) oluşan DNA'ya uydu (satellit) DNA adı verilmektedir.

Mikrosatellitler 1–6 bazlık kor dizilerinin 20–200 bç uzunluğunda tekrarlarından oluşan ardıl dizilerdir.

Kısa olmalarından dolayı klonlama, dizi analizi ve PCR işlemleri minisatellitlere göre daha kolaydır. Floresan etiketli primerler kullanılarak otomatik DNA dizi analizi cihazı aracılığıyla mikrosatellit parça uzunluk analizleri kolay ve etkili

olarak yapılmaktadır. Günümüzde insanlarda dahil olmak üzere ökaryotik organizmalarda bağlantı haritaları, ebeveyn testi ve populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan binlerce sayıda mikrosatellit belirteci tanımlanmıştır (Moore vd., 1991; Pepin vd., 1995; Dib vd., 1996).

Mikrosatellit lokusları oldukça polimorfiktir, ancak tekrarlanan birimleri oldukça korunmuştur. Bu nedenle bunlar arasında gözlenen varyasyon sadece tekrar sayılarının farklılığından kaynaklanmaktadır. Bazı ardıl tekrar dizileri milyonlarca yıllık evrim süresince korunmuş olduklarından, farklı zaman periyotları için belirteç olarak kullanılabilir (Avice, 1994).

Omurgalılar arasında balıklarla yapılan çalışmada Atlantik somon balığının (*Salmo salar*) birkaç tekrarlı dizisi kullanılarak, familya, altfamilya ve cinsleri arasındaki akrabalık derecesi ortaya konulmuştur (Goodier ve Davidson, 1998). Yapılan bu ve buna benzer çalışmalarda ardıl DNA tekrarlarının evrimle ilişkili olduğu açıkça ortaya konmuştur.

Mayoz sırasında eşit olmayan parça değişimi, rekombinasyon sırasında oluşan hatalar ve DNA replikasyonu / tamiri sırasında DNA polimeraz kayması (slippage) nedeniyle mikrosatellit DNA'nın mutasyon hızı, tek kopyalı çekirdek DNA'sına göre daha yüksektir (Oliveira vd., 2006). Yüksek evrim hızı nedeniyle günümüzde bir çok tür altı seviyelerde genetik yapının belirlenmesi için kullanılmaktadır (Yang vd., 2013; Egito vd., 2007; Yu vd., 2002; Bagda vd., 2012; Felix-Hackradt vd., 2013).

1.7. Balıkçılıkta Genetik Stok Kavramı

Günümüzde dünyanın en önemli konuların başında doğal besin kaynaklarına zarar vermeden sürdürülebilir bir yararlanmayı sağlamadır. Bunun için doğal kaynaklarımızı tanımlamak ve her biri için yönetim stratejileri geliştirmek önemlidir. Doğal balık populasyonlarına zarar vermeden azami düzeyde yararlanabilmeyi sağlamak için etkili balıkçılık yönetim planlarının geliştirilmesi gerekir. Etkili balıkçılık yönetim stratejilerini geliştirmek için türün farklı lokal grupları arasında biyolojik farklılıklar ve bu farklılıklara etki eden genetik ve ekolojik süreçleri anlamaya gerek vardır.

Türler genellikle kendi içerisinde fenotipsel ve genetiksel olarak farklı gruplara veya populasyonlara bölünmüştür, bunlara da balıkçılık idaresinde stok

denilmektedir (Turan, 2000). Bununla birlikte balıkçılık idarecileri için temel problem stoğun tanımıdır. Literatürde birçok stok tanımlaması bulunmaktadır. Bunlar birbirinden stoklar içerisindeki homojenliğin derecesi, üreme izolasyonunu derecesi ve tüketime olan ilgileriyle birbirlerinden ayrılmaktadır (Gulland, 1969; Larkin, 1972; Jamieson, 1973; Brooke, 1981; Ihssen vd., 1981; Smith vd., 1990).

Turan'a (2000) göre balıkçılıkta stok kavramı 3 kategoriye indirgenebilir. Bunlardan ilki balıkçılık stoğu'dur. Balıkçılık stoğu belli bir coğrafik alanda veya belli yöntemlerle avcılığı yapılan balık grubu olarak tanımlanır (Smith vd., 1990). Diğer stok tanımı olan hasat stok ise bölgesel olarak ulaşılabilen balık kaynaklarından birine yapılan balıkçılık baskısı diğer bölgelerdeki balık kaynağının devamına yani miktarına etki etmediğini belirtir (Gauldie, 1988). Bu iki stok kavramında da stokların biyolojik ve genetik farklılaşmaları göz önüne alınmamıştır.

Genetik stok kavramı ise farklı lokalitelerde gruplanmış, belirli bölgeye yumurtlayan ve birbirinden üreme bakımından az çok izole olmuş, farklı genetik yapıya sahip balık topluluğu anlamına gelmektedir (Carvalho ve Hauser, 1994). Genetik stokların saptanması sonucu doğal popülasyonların genetik çeşitliliği ve diğer popülasyonlardan gen akışı olup olmadığı belirlenebilir. Bu bilgi ışığında türlerin stok durumlarının tespitinde moleküler belirteçler kullanılmaya başlanmıştır. Bu sayede dünyada birçok ülke balık stoklarının genetik yapısını saptayarak, ülkelerinde balıkçılık yönetimlerini ve ileride nesli tehdit altına girebilecek türler için gerekli koruma stratejilerini geliştirmek için önceden bilgi sağlamaktadırlar.

Doğal ve de aşırı avcılık gibi bazı olumsuz çevre koşullarının balık stoklarını ne şekilde etkilediğini ve bunların genetik yapılanmasında ne gibi etkilere sahip olduğunu anlamak, hem sürekliliğin hem de ekolojik dengenin sağlanması açısından önemlidir. Popülasyonların sağlığı, buldukları yaşam koşullarına uyumlarını sağlayacak şekilde, zaman içinde kazanmış oldukları genetik özellikleri ile belirlenmektedir.

Örneğin aşırı avlanma bu popülasyonların sayılarında küçülmeye ve genetik çeşitliliklerinin azalmasına yol açabilir. Yapılan çalışmalarda tekirin Tunus ve Kıbrıs kıyılarında (Leonard, 2005) aşırı avlandığı saptanmıştır. Bunun yanı sıra son 100 yıl içerisinde globalleşme nedeniyle artan deniz kirlilikleri ve de farklı

habitatlardan insan etkisiyle taşınan yabancı türlerin etkisi de doğal populasyonlar üzerinde yıkıcı etki bırakabilmektedir. Farklı lokalitelerden ortama katılan yabancı türlere örnek olarak Akdeniz ekosistemine Süveyş Kanalı vasıtasıyla katılan Kızıldeniz göçmenleri verilebilir. Bunlardan *Upeneus moluccensis* TÜİK verilerine göre 2007 yılından sonra dahil olmuş ve günümüzde 500 ton seviyelerinde avlanmaktadır. 1957 yılında Oren'in İsrail kıyılarında trol teknelerinin av kompozisyonu ile ilgili çalışmasında *U. moluccensis*'in, yerel tür olan barbunu ile tükettikleri besinlerin ortak olması sonucu bu iki tür arasında besin rekabeti olduğunu ve barbut'un *U. moluccensis* ile rekabet edemeyip daha derin sulara göç etmesine neden olduğu belirtilmiştir (Oren, 1957). Bingel ve Avşar'ın 1988 yılında İskenderun Körfezi'nden yakalanan *Saurida undosquamis* türünün mide içeriği çalışmasında, bu türün barbut ile beslendiğini belirtmişlerdir. Bu durum *S. undosquamis* türünün Kızıldeniz'den Süveyş Kanalı ile Akdeniz ekosistemine dahil olması ve yerel türlerin daha önce karşılaşmadıkları bir predatör ile karşı karşıya olduklarını göstermektedir. Her iki örnekte de yabancı türlere karşı rekabet ve baş etme içgüdüleri olmayan kısaca böyle bir genetik yapıda evrilmeyen yerel doğal populasyonların akıbetini tahmin etmek zordur. Bu nedenle, balık populasyon büyüklüğündeki değişimlerin nedeni ne olursa olsun, genetik açıdan düşünüldüğünde, zayıf bir genetik çeşitlilik gösteren bir grup bu olumsuz etkilerden sağ çıkamayabilir. Biliyoruz ki diğer canlılar gibi balıklarda da bazı genler, araştırılan türler ya da tür içi populasyonlar arasındaki genetik uzaklığı ve buna bağlı olarak aralarındaki filogenetik ve coğrafik ilişkisini ortaya koymada oldukça değerli bilgiler taşımaktadırlar. Bir canlının genetik çeşitliliği ne kadar yüksekse, o türün gelecekte olası iklim ve ekolojik değişimlere uyum sağlayarak ayakta kalma olasılığı da o kadar yüksektir. Dolayısıyla genlerdeki değişimler incelenerek, populasyonlar arası genetik çeşitlilik, aralarındaki gen akışı ve türün stok yapısı belirlenebilir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Yaşam kaynağı olarak kullandığımız denizel canlıların mevcut doğal popülasyonlarının durumunun hangi ekolojik ve buna bağlı olarak genetik etkenlere maruz kaldığını araştırmak oldukça önemlidir. Popülasyonlar zaman içinde kazandıkları genetik yapılanmalarının elverdiğince, değişen çevre koşullarına uyum sağlayabilirler. Literatürde Türkiye kıyılarında yayılış gösteren barbun ve tekir balığının genetik yapılanması ortaya koymayı amaçlayan bir çalışma bulunmamaktadır. Günümüze kadar allozim elektroforezi ve mtDNA dizi analizine dayalı olarak bu iki türün arasındaki filogenetik ilişkiyi saptamaya yönelik çalışmalar gerçekleştirilmiştir (Turan, 2006; Keskin ve Can, 2009).

Akdeniz'deki barbun ve tekir türünün popülasyon genetiği ve filogenetik ilişkileri allozim, mitokondriyal DNA (mtDNA), mikrosatellit ve morfolojik karakterler kullanılarak birçok çalışmada belirlenmeye çalışılmıştır.

Basaglia ve Callegarini (1988) Akdeniz ve Atlantik'te yayılış gösteren barbun ve tekir türlerinin enzim sistemlerini elektroforetik ve isoelektrik odaklama metoduyla analiz ederek, iki türü biyokimyasal olarak tanımlamaya çalışmışlardır. Analizler sonucunda laktat dehidrogenaz ve lens proteinlerinin türe özgü profil taşıdıklarını ve bu iki türün ayırımında kullanışlı olduklarını belirtmişlerdir. Benzer bir çalışmada 7 enzim lokusu iki türün ayırt edilmesi için kullanılmıştır. Çalışma sonucunda sadece iki enzim sisteminin türe özgü profil sergilediği belirtilmiştir (Cammarata vd., 1991).

Tursi vd. (1994) İyonya Denizi'nden toplanan 19116 barbun türünün biyolojisini incelemişlerdir. İlkbaharda stokların 50 m az derinlikte dağılım sergilediğini ancak güz aylarında daha derin bölgelerde bulduklarını bildirmişlerdir. Üreme dönemini çoğunlukla Mayıs ve Haziran ayları arasında olduğunu gözlemlemişlerdir. Büyüme performansı ve otolit ölçümleri sonucunda İyonya popülasyonlarının Merkez-Doğu Akdeniz karakteristiğini taşıdıklarını bildirmişler ve İyonya Denizi barbun stokları üzerinde aşırı avcılığın varlığını tespit etmişlerdir.

Mamuris vd. (1998a) Yunanistan'ın yedi farklı noktasından (Thermaikos, Corfu, Allonisos, Amvrakikos, Kavala, Platania, Kymi) elde edilen toplam 275 adet barbun örneğini, morfolojik olarak incelemişlerdir. Barbun örneklerinin 15 farklı

morfolojik karakteri üzerinden yapılan analizlerde, örneklerin farklı ekolojik bölgelerde farklı morfolojik karakterler gösterdikleri sonucuna ulaşılmıştır. İncelenen örneklerden %80'ini 7 farklı bölgede sınıflandırmışlardır. Bu bölgelerdeki populasyonların genetik yapılanmasının, balık göçü ve yumurta/larvaların bir bölgeden diğerine taşınmasıyla belirlendiğini ileri sürmüşlerdir.

Mamuris vd. (1998b) Akdeniz'den elde ettikleri barbun örnekleri ile yaptıkları çalışmada, genetik varyasyonu belirlemede RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) tekniğinden yararlanmışlardır. Çalışmada sekiz farklı lokaliteden (Thermaikos, Corfu, Allonisos, Amvrakikos, Kavala, Platania, Kymi, Trikeri) örnekleme yapılmıştır. Sekiz adet birey üzerinde yirmi dokuz farklı primer kullanarak yapılan deneyler sonucunda, populasyonları ayırmakta kullanılabilecek bir RAPD belirteci bulunamamıştır. Çalışma sonucunda elde edilen veriler, populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin coğrafik mesafeleri ile doğru orantılı olduğu şeklinde yorumlanmıştır.

Mamuris vd. (1998c) Yunanistan kıyılarında bulunan barbun ve tekir populasyonlarının allozim elektroforezi yöntemiyle genetik stok yapılarını belirlemeye çalışmışlardır. Ege Denizi, İyonya Denizi ve Lion Körfezinden elde ettikleri 8 barbun örneği ile Ege Denizi ve Lion Körfezinden yakalanan tekir örneğini 20 enzim kodlayan bölge kullanılarak incelemişlerdir. İki tür arasında da yüksek genetik polimorfizm saptanmıştır. İki adet lokusta türe özgü elektroforez profili saptanmıştır. Araştırmacılar gözlenen genetik varyasyonun büyük bir kısmının farklı coğrafik alanlarda yayılış gösteren populasyonlardan kaynaklandığını belirtmişlerdir. Özellikle Platania bölgesine ait bireyler arasında genetik farklılıkların düşük olduğu saptanmış ve bu durum kurucu etkisiyle açıklamışlardır.

Mamuris vd. (1999a) Yunanistan kıyılarından, RAPD ve allozim analizi ile tekir'in genetik varyasyonunu belirlemeyi amaçlamışlardır. Akdeniz'de 8 farklı bölgeden elde edilen (Trikeri1-2, Kavala, Rodos, Preveza1-2, Corfu) 342 bireyi çalışmalarında dahil etmişlerdir. Çalışmada 20 enzim lokusu ve RAPD analizi için 8 rastgele primer ile çoğaltılmış 154 marker kullanılmıştır. Her iki belirtecin analizi sonucunda 8 farklı lokalite arasından, Yunanistan'a ait örneklere genetik olarak en uzak olan populasyonun, Fransa kıyılarına ait oldukları saptamışlardır. Allozim analizi sonucunda belirlenen varyasyon coğrafik uzaklık ile ilişkili

bulunmamışken, RAPD analizi neticesinde coğrafik alanlar ile genetik benzerlik arasında bir korelasyon olduğu saptanmıştır.

Mamuris vd. (1999b) Mullidae familyasına ait 4 türün (*M. barbatus* Rodos, *M. surmuletus* Rodos, *U. moluccensis* Rodos, *Pseudopeneus prayensis* Senegal) allozim, RAPD ve mtDNA PCR-RFLP metodlarını kullanarak taksonomik ilişkileri açısından incelemiştir. Allozim elektroforezi sonuçlarına göre *Mullus* cinsine ait türler genetik olarak *P. prayensis*'e nazaran *U. moluccensis*'den daha uzak olduğu saptanmıştır. Ancak RAPD ve mtDNA analizlerinin allozim elektroforezi sonuçları arasında bir korelasyon olmadığı saptanmıştır. RAPD analizi sonuçları allozim elektroforezi sonuçları ile karşılaştırıldığında genetik uzaklığın daha düşük olduğunu ve bu sonuçların mtDNA analizi ile tutarlı olduğu belirtilmiştir.

Mamuris vd. (2001) barbun ve tekir popülasyonlarının genetik çeşitliliğini mitokondri DNA RFLP analizi ile incelemiştir. Çalışmada Akdeniz'de 6 farklı lokaliteden (Preveza, Corfu, Rodos, Kavala, Trikeri, Amvrakikos, Alonisos) her iki tür için örnekleme yapılmış ve mitokondriyal DNA kontrol bölgesi, COI ve 12S-16S rDNA bölgeleri PCR tekniği ile çoğaltılarak elde edilen PCR ürünleri 20 farklı restriksiyon endonükleaz ile kesim analizi gerçekleştirmişlerdir. Analizler sonucunda tekir'de 71, barbun'da 30 farklı haplotip saptanmıştır. Popülasyon içi popülasyonlar arası genetik yapılanma tekir'de barbuna göre daha yüksek olduğu belirtilmiştir.

Apostolidis vd. (2001) Mullidae familyasına ait 4 türün (*M. barbatus* Rodos, *M. surmuletus* Rodos, *U. moluccensis* Rodos, *P. prayensis* Senegal) mtDNA sitokrom b ve 16S rRNA bölgelerinin DNA dizi analizi yapılarak aralarındaki filogenetik ilişkilerini belirlemeye çalışmışlardır. Analizler sonucu 3 cins için oluşturulan ağaçların daha önceki taksonomik sınıflandırmayı desteklediğini ortaya koymuşlardır.

Machias ve Labropoulou (2002) yaptıkları bir çalışmada Girit Denizi'nde yayılış gösteren barbun türünün dağılım örüntüsünü ve beslenme alışkanlığını incelemiştir. Bu amaçla barbun'un dağılım gösterdiği habitatlarda sıcaklık, derinlik, tuzluluk ölçümleri alınmış ve bu ölçümler bolluk, biyokütle ve boy ölçümleri gibi biyolojik verilerle kombine edilerek analiz edilmiştir. Çalışma sonucunda farklı boylardaki bireylerin farklı derinlik ve sıcaklıktaki suları tercih

ettiklerini saptamışlardır. Genellikle büyük balıkların daha derin suları, küçük balıkların ise daha sıcak ve sığ suları tercih ettiklerini saptanmıştır. İlbaharda orta tabaka suda bolluğun artmasının, türün üreme davranışı olarak derin tabaka sulara inmesiyle açıklamışlardır. Türün derin sulara inme zamanının bireylerin eşeyssel olgunluğa ulaşmalarıyla belirlendiğini tespit etmişlerdir. Bilhassa genç bireylerin daha sınırlı bir alanda yayılış gösterdiği ve daha derin sularda ve daha geniş bir alanda yayılış gösteren büyük formlardan daha büyük bir nişleri olduğunu tespit etmişlerdir.

Tserpes vd. (2002) Akdeniz'de 1994-1999 yılları arasında her yıl farklı derinliklerden (50-800 m) barbun ve tekir örnekleme yapılarak türlerin bolluğunu ve dağılımını araştırmışlardır. Araştırma sonucunda bolluğun en fazla olduğu derinliğin 200 m olduğunu saptamışlardır. Türler üzerinde yüksek derecede avcılık baskısı olmasına rağmen, çalışma sonucunda türlerin bolluğunun azaldığına dair bir kanıt bulamamışlardır.

Garoi vd. (2004) Adriyatik Denizi'nde bulunan barbun'un genetik yapısını saptamak için 6 polimorfik dinükleotit mikrosatellit lokusu geliştirmişlerdir. Örneklemeler Adriyatik Denizinde 4 farklı alandan (Arnavutluk, Bari, Ortona, Rimini) yapılmıştır. Çalışma sonucunda Adriyatik Denizi'nde bulunan barbunların genetik olarak izole ve lokal popülasyonlar şeklinde gruplandığını belirtmişlerdir. Genetik uzaklık ve coğrafik uzaklık arasında bir korelasyon saptanmamıştır. Buna ek olarak Adriyatik örneklerinin yakın zamanda bir dar boğaz yaşamış olabileceğini ileri sürmüşlerdir.

Turan (2006) ülkemiz denizlerinde yayılış gösteren Mullidae familyasına ait dört türün aralarındaki filogenetik ilişkiyi enzim sistemleri ve morfolojik karakterler kullanarak incelemiştir. Örneklemeler İskenderun, İzmir ve Zonguldak'tan yapılmıştır. Çalışmada birçok lokus türler arasında farklı elektroforetik bant profilleri meydana getirmiştir. Bu nedenle araştırmacı bu profilleri tür ayırımında tanımlayıcı belirteçler olarak kullanılabileceğini belirtmiştir. *Upeneus*'a ait türler arasındaki genetik ve morfolojik farklılıklar *Mullus*'a ait türler arasındaki farklılıklara göre daha yüksek bulunmuştur. *Upeneus pori* türünün familya içinde genetik olarak en farklı tür olduğu bulunmuştur.

Galarza vd. (2007) yaptıkları çalışmada barbun için 10 yeni polimorfik mikrosatellit lokusu izole edilerek karakterizasyonunu yapmışlardır. Alel

değişkenlikleri her iki tür içinde test edilmiş, Batı Akdeniz örneklerinde yüksek alelik varyasyon gösterdiği saptanmıştır.

Apostolidis vd. (2008) bir cinse ait türleri ayırmada türe özgü tanılayıcı mtDNA tek nükleotit polimorfizmlerini (mtSNP'ler) multipleks PCR yöntemi kullanarak tanımlamışlardır. Bunun için *Trachurus* ve iki *Mullus* türü model olarak alınmıştır. Neticede bu yöntemin türleri ve hatta kriptik larva ve juvenil formları ayırmada kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir.

Apostolidis vd. (2009) Yunanistan'ın 3 farklı bölgesinden (Pagasitikos Körfezi, Trikeri Körfezi ve Alonissos Körfezi) barbun, tekir ve *Pagellus erythrinus* türlerinin genetik yapısını allozim, RAPD, mtDNA (Sitokrom b – Kontrol Bölgesi, Sitokrom Oksidaz I ve 12S-16S rRNA) RFLP belirteçleri ile incelemişlerdir. Analizler sonucunda Pagasitikos Körfezi'ndeki üç popülasyonun panmikrik stok olarak homojen bir yapı sergilediğini bulmuşlardır. Ancak Pagasitikos Körfez'inin iç ve dış noktasındaki bölgeler arasında popülasyonlarda genetik alt yapılanmalar olduğunu ortaya koymuşlardır.

Keskin ve Can (2009) ülkemiz denizlerinden 14 farklı lokaliteden (Anamur, Bozyazı, Taşucu, Silifke, Mersin, İskenderun, Çeşme, Urla, İzmir, Çanakkale, İstanbul, Sinop, Samsun, Ordu) Mullidae ailesine ait 4 türün (*M. barbatus*, *M. surmuletus*, *U. moluccensis* ve *U. pori*) mtDNA Sitokrom B, 12S rRNA ve Sitokrom Oksidaz II bölgeleri DNA dizi analizlerini gerçekleştirmişlerdir. Çalışmanın sonucunda, analizi yapılan üç bölgeden de benzer sonuçlar elde edilmiştir. Dört farklı filogenetik yöntem ile elde edilen dendrogramlarda, *Mullus* ve *Upeneus* cinslerine ait türler ayrılarak iki ayrı dal oluşturmuştur. Gösterdiği morfolojik farklılıklar ile alt tür olarak tanımlanan *M. barbatus ponticus* ise, *M. barbatus* örneklerinden, genetik bir farklılık göstermediğini belirtilmiştir.

Maggio vd. (2009) 6 mikrosatellit lokusu kullanarak barbun popülasyonlarının yapılanmasını ortaya koymaya çalışmışlardır. Çalışmada barbuna ait örneklemeler Tyrrhenian Denizi'nden 5 farklı alandan, Sicilya kıyılarından 3 farklı alandan, İyonya Denizi'nden ve Adriyatik Denizi'nden 4 farklı alandan yapılmıştır. AMOVA analizi sonucunda örnekler arasında genetik farklılıklar saptanmıştır. Özellikle Adriyatik Denizi örneklerinin izole popülasyonlar olduğunu ve Lion Körfezi, Tyrrhenian Denizi, Sicilya ve İyonya Denizi popülasyonlarında zayıf alt yapılanmalar olduğunu göstermişlerdir.

Galarza vd. (2009) Adriyatik ve Akdeniz'den aldıkları barbun ve tekir türlerinin alel frekanslarını 10 adet mikrosatellit lokusunu inceleyerek saptamışlardır. Çalışma sonucunda barbun populasyonlarında bağımsız, kendi kendine yetebilen ve aralarında gen akışı olan alt populasyonlardan oluşan, üst populasyon yapılanmaları olduğunu belirtmişlerdir. Tekir de ise genetik heterojenliğin daha az olduğu saptanmış ve Atlantik ile Akdeniz populasyonları arasında daha az gen akışı olduğu bildirmişlerdir.

Vasil'eva (2012) yaptığı bir çalışmada Karadeniz'de yayılış gösteren barbun alttürünün Akdeniz'de yayılış gösteren barbun balığıyla karşılaştırmalı olarak morfolojik analizini gerçekleştirmiştir. Araştırmacı Karadeniz ve Akdeniz barbunları arasındaki ayrımı sağlamak saptamak için, göz ortası hizasından başlayarak burun uzunluğu ve baş derinliğinin ortalama değerleri morfolojik karakter olarak kullanılmıştır. Analiz sonucunda iki deniz arasında morfolojik olarak açık bir ayrım olmadığını saptamış ve Karadeniz barbununun seçilen morfolojik karakter doğrultusunda, alt tür olduğunu desteklemediğini ileri sürmüştür.

Vogiatzi vd. (2012) barbun türü için 18 yeni mikrosatellit belirteci geliştirmişler ve dört Mullidae ailesine ait tür (*M. surmuletus*, *U. moluccensis*, *P. prayensis*, *Mulloidichthys martinicus*) içinde bu belirteçleri kullanmışlardır. Neticede bu lokusların doğal populasyonların genetik yapılarını ortaya koymada ve koruma genetiğinde kullanışlı olduklarını saptamışlardır.

Felix-Hackradt vd. (2013) 10 adet mikrosatellit lokusunu analiz ederek, İspanya'nın Akdeniz kıyılarında yayılış gösteren barbun ve tekir arasındaki populasyon yapılanmalarını ve gen akışını saptamaya çalışmışlardır. Sonuçta barbun balığında tam bir genetik homojenlik saptanmışken tekir balığında mekansal bir genetik farklılık olduğunu saptamışlardır. Bu iki farklı türün habitat kullanımındaki farklılıklarının, habitatların jeomorfolojik özellikleri ve oşinografik yapılarının bu genetik yapıyı oluşturmuş olabileceğini belirtmişlerdir. Ayrıca türlerin yayılım kapasitelerini etkileyen etmenin sadece larval dönem gibi balığın erken formlarının değil juvenil ve ergin hareketleri gibi mekanizmaların da türün dağılımında belirleyici olabileceğini ileri sürmüşlerdir.

Yapılan diğer bir çalışmada (Benzinou vd., 2013) Biskay Körfezi ve Kuzey Denizi'nden örneklenen tekir balığında otolit analizi yapılmıştır. Araştırmacılar

tekir'in bu bölgelerde coğrafik olarak 3 zon ile ayrıldığını ve bunların; birinci zon Biskay Körfezi, ikinci kompozit zon Kelt Denizi ve batı İngiliz Kanalı ve üçüncü kompozit zon doğu İngiliz Kanalı ve Kuzey Denizi olduğunu bildirmişlerdir.

Ivanova vd. (2014) allozim elektroforezi metodu aracılığıyla Batı Karadeniz'den (Varna) örnekledikleri barbun ile Akdeniz'den (Thessaloniki) örnekledikleri tekir arasındaki genetik uzaklığı ve filogenetik ilişkiyi saptamayı amaçlamışlardır. Toplam 15 allozim lokusu ve kas proteinlerini kodlayan 9 adet lokusun elektroforezi sonucunda, sekiz adet lokusun türe özgü bant profili oluşturduğunu, bu nedenle türe özgü belirteçler olarak kullanılabileceğini saptamışlardır. Ayrıca ilk defa bu iki tür arasında hibrit formlar saptadıklarını bildirmişlerdir.

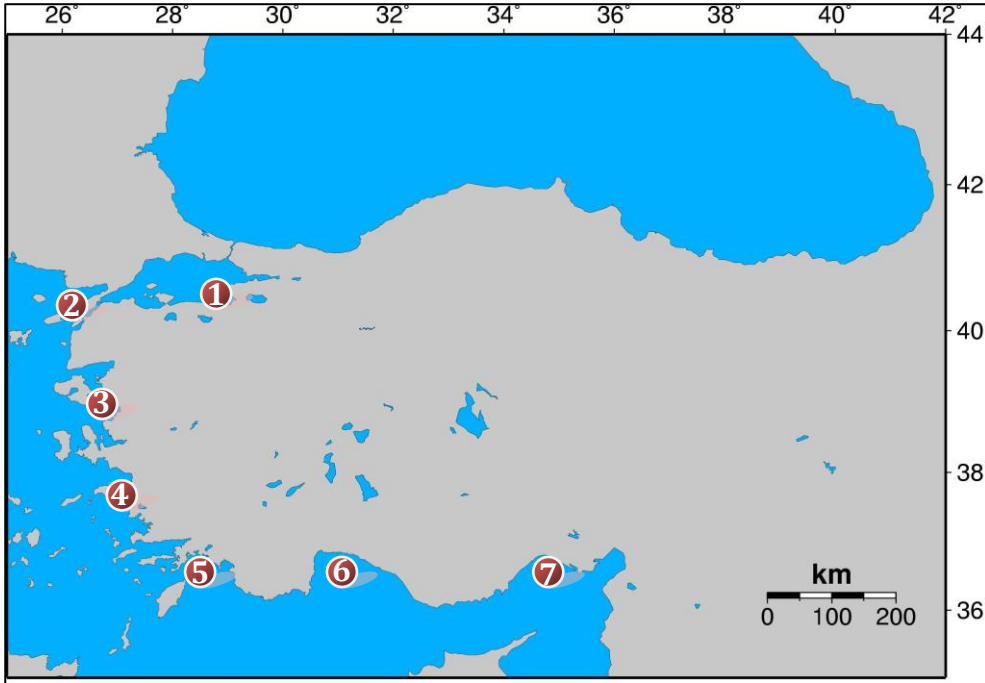
Mahe vd. (2014) yaptığı bir çalışmada doğu İngiliz Kanalı ve Biskay Körfezi'nde yayılış gösteren tekir türünün morfolojik olarak incelemişlerdir. Eşeyssel olgunluk, eşey ve vücut yapısının coğrafik alanlar arasındaki dağılımının etkilerini değerlendirmek için morfolojik ölçümler yapmışlardır. Çalışma sonucunda eşeyssel dimorfizm saptanmamışken, vücut şekline bağlı olarak juvenil ve erginlerin birbirinden ayrılabilirdiğini saptamışlardır. Ayrıca başın morfolojik ölçümlerinin sonucunda doğu İngiliz Kanalı ve Biskay Körfezi tekirlerinin arasında önemli bir farklılık bulunduğunu ve bu farklı iki popülasyonun türün alt popülasyonlarının olabileceğini tespit etmişlerdir.

Yukarıda değinildiği üzere, Türkiye karasularında bu türün popülasyon genetiğini ortaya koymayı amaçlayan herhangi bir çalışma mevcut değildir. Türkiye'de bu türü familia düzeyinde inceleyen iki çalışma mevcuttur. Bunlar Turan (2006) ve Keskin ve Can (2009) tarafından yapılan Mullidae familyasına ait türler arasındaki filogenetik ilişkiyi saptamaya yönelik yapılan çalışmalardır.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Tekir Örneklerinin Toplanması

Tez çalışması kapsamında incelenecek olan tekir örnekleri avlanma sezonu içerisinde ticari balık avlayan trol teknelerinden ve kıyı balıkçılarından temin edildi. Akdeniz’de Mersin ve Antalya; Ege Denizi’nde Marmaris, Kuşadası, Ayvalık ve Saroz Körfezi; Marmara Denizi’nde Bandırma kıyılarından (Şekil 3.1), her bir bölgeden yaklaşık 40’ar adet örnek toplandı ve laboratuvar analizi gerçekleştirilene kadar %96’lık etanolde saklandı (Çizelge 3.1). Karadeniz’de yapılan arazi çalışmaları sonucu tekir türü bulunamamıştır.



Şekil 3.1. Tekir örneklerinin toplandığı bölgeler. (1. Bandırma, 2. Saroz Körfezi, 3. Ayvalık, 4. Kuşadası, 5. Marmaris, 6. Antalya, 7. Mersin)

3.2. Total Genomik DNA İzolasyonu

Total genomik DNA izolasyonu her bir bireyin pektoral ya da kuyruk yüzgecinden alınan doku (~25-50 mg) kullanılarak gerçekleştirildi. Bu amaçla üretici firmanın önermiş olduğu protokol doğrultusunda Purelink Genomik DNA Mini Kit (Invitrogen) kullanıldı. Alkol içerisinde tespit edilmiş doku örneklerinden

alkol uzaklaştırıldı ve mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi. Üzerine 180 µl PureLink™ Genomic Digestion Buffer ve 20 µl Proteinaz K (kit içerisinde) eklendi ve makas yardımıyla doku parçalandı. Dokunun lizis olması için 55 °C’de 4-5 saat kadar inkübe edildi. İnkübasyon tamamlanana kadar arada vorteks yapılarak lizatın homojenizasyonu sağlandı. İnkübasyon sonrasında, lizat oda sıcaklığında 3 dakika maksimum hızda santrifüjlendi ve oluşan süpernatant yeni bir steril mikrosantrifüj tüpe aktarıldı. Süpernatant üzerine 20 µl RNaz A eklenerek vorteks yardımıyla karıştırıldı ve 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edildi. Karışım içine 200 µl PureLink™ Genomik Lizis/Bağlama tamponu (Lysis/Binding Buffer) eklendi ve mikrosantrifüj tüpler vorteks yardımıyla iyice karıştırıldı. Lizatın üzerine 200 µl %96-100 etanol eklenerek 5 saniye vorteks ile karıştırıldı. Spin kolon ve toplama tüplerine PureLink™ Genomik Lysis/Binding Buffer, etanol ve lizat karışımı (yaklaşık 640 µl) eklendi. Tüpler oda sıcaklığında 1 dakika boyunca 10,000 g’de santrifüjlendi. Toplama tüpü atıldı ve spin kolon temiz bir toplama tüpü içine yerleştirildi. Kolona, Wash Buffer 1 (yıkama tamponu) (500 µl) eklendi. Kolon 1 dakika 10000 g’de, oda sıcaklığında santrifüjlendi. Toplama tüpü atıldı ve spin kolon temiz bir toplama tüpüne yerleştirildi. Kolona, 500 µl Wash Buffer 2 eklendi. Kolon oda sıcaklığında 3 dakika maksimum hızda santrifüjlendi ve toplama tüpü atıldı. Spin kolonu steril olan 1,5 ml mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi. Son olarak kolona PureLink™ Genomik Elüsyon Tamponundan (Genomic Elution Buffer) 100 µl eklendi. Daha sonra 1 dakika boyunca oda sıcaklığında inkübe edilerek yine oda sıcaklığında 1 dakika maksimum hızda santrifüjlendi. Spin kolon tüp içerisinden çıkarılarak atıldı. İzole edilmiş DNA’lar PCR reaksiyonu yapılanaya kadar 4°C’de buzdolabında saklandı.

Çizelge 3.1. Tekir populasyonlarına ait örnekleme bölgeleri ve birey sayıları

Bölge Kodu	Populasyon Kodu	Bölge	Deniz	Birey Sayısı
1	BAN	Bandırma	Marmara Denizi	40
2	SAR	Saroz Körfezi	Ege Denizi	10
3	AYV	Ayvalık	Ege Denizi	40
4	KUŞ	Kuşadası	Ege Denizi	40
5	MAR	Marmaris	Ege Denizi	40
6	ANT	Antalya	Akdeniz	37
7	MER	Mersin	Akdeniz	40

3.3. Genomik DNA'nın Miktarının Belirlenmesi ve Görüntülenmesi

İzole edilen genomik DNA'nın kantitesi Nanodrop 2000/2000c marka spektrofotometre aracılığıyla belirlendi. 260 ve 280 nm absorbans değerleri göz önüne alınarak DNA'nın saflığı ve 260 nm absorbans değerleri ile her bir DNA'nın konsantrasyonu belirlendi. DNA'lar 50 ng/μl olacak şekilde seyreltildi. Son olarak genomik DNA %0,8'lik agaroz jelde elektroforez edilip, SafeView™ (NBS Biologicals, UK) DNA boyası ile boyandıktan sonra görüntüleme cihazında fotoğraflandı.

3.4. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesi

3.4.1. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması

mtDNA kontrol bölgesini çoğaltmak için Teske vd., (2003) tarafından oluşturulmuş primer çifti (Çizelge 3.2) ve PCR reaksiyon ve döngü koşulları temel alındı.

Çizelge 3.2. mtDNA kontrol bölgesi primerleri ve özellikleri (T_m; Melting Temperature; Erime sıcaklığı)

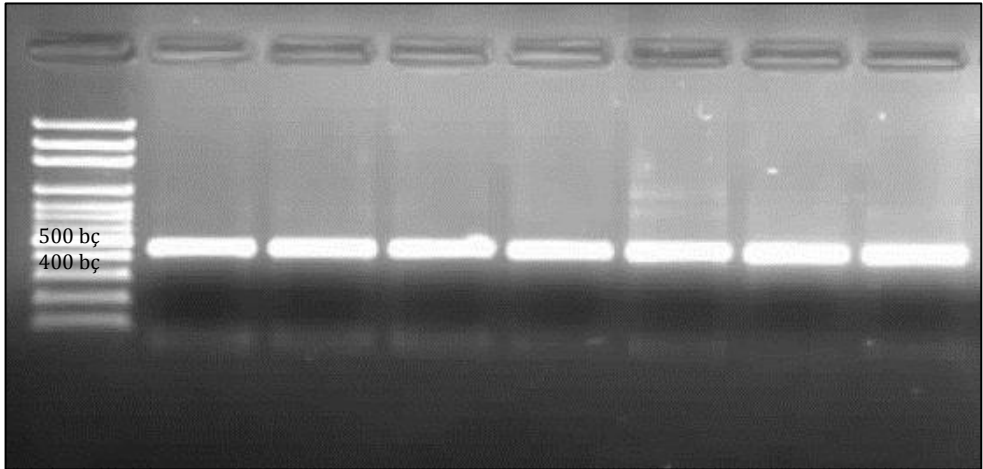
Primer	Primer Dizisi	T _m (°C)
HCAL2 (Forward)	5' CACACTTTCATCGACGCTT 3'	55,2
tRF3 (Reverse)	5' GGGCCCATCTTAACATCTTCAGA 3'	62,1

İncelenmek istenen bölge son hacimde 2 ng/μl kalıp DNA, 1x Taq buffer + KCl tamponu [10x Taq Buffer; 100 mM Tris-HCl (pH 8,8), 2 mM MgCl₂ (25 mM; Fermentas, MBI), 2,5 mM dNTP karışımı (herbir dATP, dTTP, dCTP, dGTP 0,5 mM; Fermentas, MBI), 0,1 U/μl Taq polimeraz (5 U/μl; Fermentas, MBI), 0,4 pmol/μl HCAL2 ve tRF3 oligonükleotitleri (her biri 10 pmol/μl) 25 μl reaksiyon hacminde steril distile su ile tamamlanarak PCR ile çoğaltıldı.

Sıcaklık döngü koşulları başlangıç denatürasyonu 94 °C 5 dk, denatürasyon 94 °C 30 sn, primer bağlanma (annealing) 54 °C 1 dk, uzama (extention) 72 °C 1 dk 35 döngü ve 72 °C 5 dk son uzama olarak belirlendi. Çoğaltılan PCR ürünleri %1,5'lik agaroz jelde görüntülendi (Şekil 3.2).

Agaroz jelde kontrol edilen PCR ürünleri PCR temizleme kiti (Purelink® PCR Purification Kit, Invitrogen corporation, Carlsbad, CA) kullanılarak temizlendi.

Yaklaşık 450 baz çifti uzunluğundaki temizlenmiş PCR ürünleri %1,5'lik agaroz jelde yürütülerek kontrol edildi.

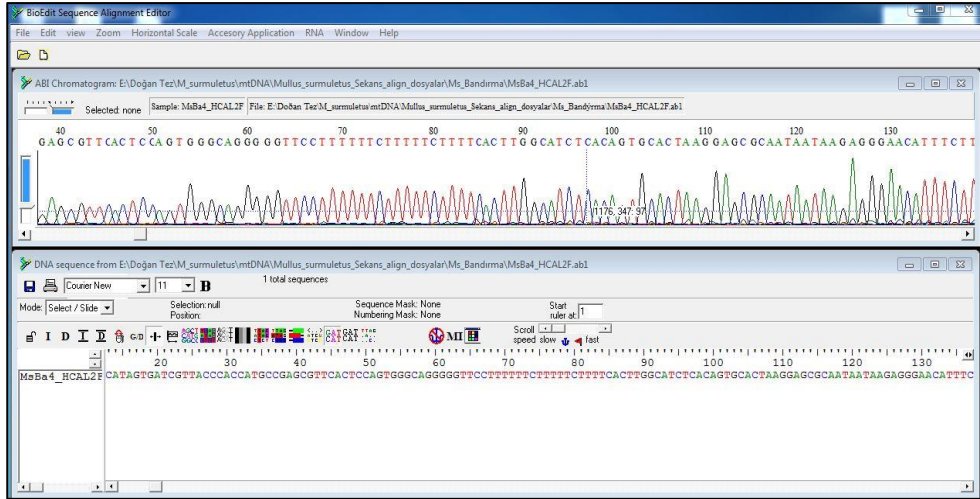


Şekil 3.2. PCR ile çoğaltılmış mtDNA kontrol bölgesinin yaklaşık 450 bç uzunluğundaki amplikonları

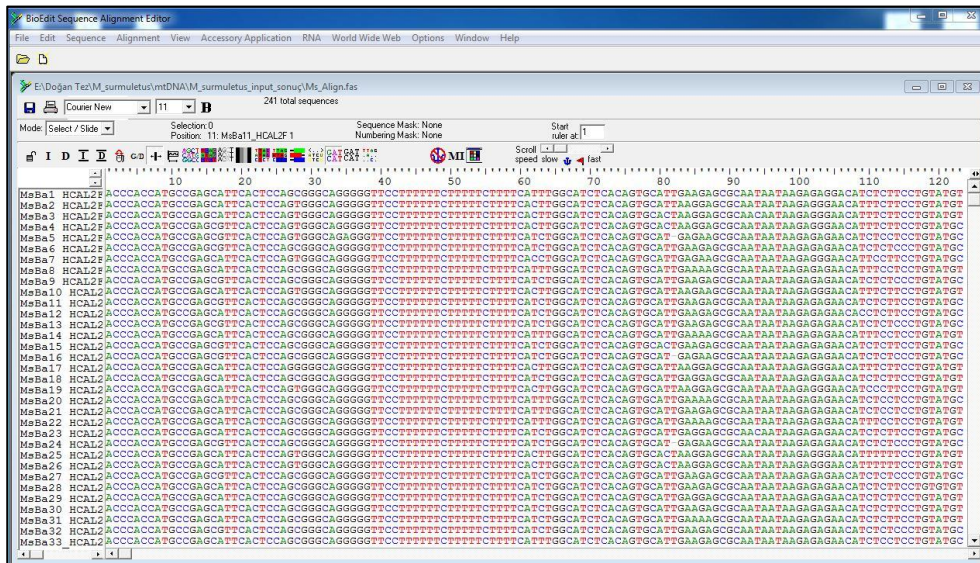
3.4.2. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesinin Dizi Analizi

Kontrol bölgesi dizileri hizmet alımı yoluyla (Macrogen, Hollanda) belirlendi ve bu amaçla Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems) kullanıldı (ABI 3730XL).

BioEdit versiyon 7.1.3.0 (Hall, 1999) bilgisayar programı kullanarak DNA dizileri hizalandı. Bu amaçla her bir DNA dizisinde gözlemlenen polimorfizmlerin her biri kontrol edildi (Şekil 3.3). Bireylere ait dizi verileri BioEdit programında bulunan Clustal W (Multiple sequence alignment, çoklu dizi hizalama) ile hizalanarak istatistiksel analizlere hazır hale getirildi (Şekil 3.4).



Şekil 3.3. BioEdit 7.1.3.0 programında DNA dizilerinin görüntülenmesi



Şekil 3.4. BioEdit 7.1.3.0 programında Clustal W kullanılarak hizalanmış veri seti

3.4.3. Mitokondriyal DNA Kontrol Bölgesinin Veri Analizi

Tez çalışmasında 241 adet bireye ait 407 bç uzunluğunda mtDNA kontrol bölgesi dizileri analiz edilerek, haplotipleri belirlendi. Çalışılan lokalitelerdeki tekiplerin mtDNA kontrol bölgesinin analizi ile haplotip çeşitliliği (h), nükleotid çeşitliliği (π)

ile populasyon çiftleri arasındaki genetik uzaklık (γ_{ST} , Gamma_{ST}) DNAsp ver 5.10 (Rozas vd., 2003) programı kullanılarak hesaplandı.

Populasyonlar arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla, elde edilen genetik uzaklık karşılaştırmaları ve de dizi verileri kullanılarak MEGA 6 (Tamura vd., 2013) programı aracılığıyla Neighbour Joining (NJ) ağacı oluşturuldu. Dizi verileri kullanılarak elde edilen köksüz NJ ağacını oluştururken kullanılan uzaklık metodu yine MEGA 6 programında bulunan model seçimi yapıldı ve T92+G+I metodu uygulandı.

Örnekleme lokaliteleri arasında coğrafik uzaklıklara dayalı lokalite gruplamaları yapılarak, Arlequin ver. 3.5.1.3 (Excoffier ve Lischer, 2010) programı ile gruplara AMOVA (Excoffier vd., 1992) uygulandı. Tekir örneklerinin toplandığı bölgelere göre gruplandırılarak, gruplar arası ve gruplar içindeki genetik varyasyonun dağılımı AMOVA analizi ile test edildi. Bu test sonucunda mtDNA haplotiplerinin sıklıklarına dayanarak, genetik varyasyonun ne kadarının grup içinde, aynı grup içindeki populasyonlar ya da çalışılan populasyonlar arasında olduğunu ve istatistiksel önem dereceleri ortaya konuldu.

Populasyonların birbirlerine olan genetik uzaklıklarını ifade eden F_{ST} değerleri (Nei ve Li, 1979) önemlilik derecesi 10000 permütasyona dayalı olarak Arlequin ver. 3.5.1.3 programı aracılığıyla hesaplandı.

Populasyonlar arasındaki göç oranı (Nm); genetik uzaklık değerleri kullanılarak, $Nm = 0,5 (1 / \gamma_{ST} - 1)$ (Takahata ve Palumbi, 1985) formülü aracılığıyla hesaplandı.

Mutasyonların oluşum sırasını dikkate alarak haplotipler arasındaki ilişkiyi ortaya koymak için Median Birleştirme (Median Joining-MJ) Ağı analizi (Bandelt vd. 1999) gerçekleştirildi. Bu amaçla (epsilon: 0, Ağırlık: 10) NETWORK 4.6.1.3 programı kullanıldı.

Tekir populasyonlarında geçmişte ani bir genişleme veya küçülme olup olmadığını sınamak için Nötralite testleri yapıldı. Tajima'nın D (Tajima, 1989) ve Fu'nun F_s (Fu, 1997) testlerini gerçekleştirmek için Arlequin ver. 3.5.1.3 programından faydalanıldı.

Populasyonlar arasında genetik varyasyonu ortaya koymak için iki eksenle Temel Koordinatlar Analizi (Principal Coordinates Analysis-PCA) GenAlEx 6.5 (Peakall ve Smouse, 2012) programı aracılığıyla gerçekleştirildi.

3.5. Mikrosatellit Lokusları

3.5.1. Mikrosatellit Lokuslarının PCR ile oęaltılması

Mikrosatellit lokusları 14 primer çifti kullanılarak multipleks PCR metoduyla oęaltıldı Bu amaçla tek bir reaksiyonda 2 veya 3 mikrosatellit lokusunun oęaltılması için çiftinden biri floresan etiketli olan primerler kullanıldı (izelge 3.3). Primerlerin erime sıcaklıkları ve floresan etiketleri, referans alıřmalarda belirtilen MgCl₂ deęerleri dikkate alınarak roma rakamıyla I-V arası isimlendirilmiş 5 adet PCR reaksiyonu kuruldu. alıřmada analiz edilen lokuslar, tekrar sayıları, primerlerin etiketlendięi floresan boyalar ve lokusların oęaltılmasında dahil oldukları multipleks PCR grupları izelge 3.4'de verildi. Son olarak optimize edilmiş reaksiyon karışımı ierik miktarları ve sıcaklık dngü kořulları izelge 3.5'de verildi.

Çizelge 3.3. Mikrosatellit analizinde kullanılan lokuslar, primerlerin dizileri ve Tm (melting temperature; erime sıcaklıkları)

Lokus	Primerler	Tm (°C)	
Mbar3	F: GCTCCCCGACACACTGTCT	64,6	
	R: ACCTGGCCCTTCTTACGTC	60,5	
Mbar11	F: TGACTGTCAGCACTTGCATT	56,4	
	R: CTGAGGAGAGTCATGAGT	53,9	
Mbar14	F: GATAGCGAGCCTGAAACCAC	60,5	
	R: CCCTCTGCTTGATATTCTT	55,2	
Mbar46	F: CCCGAGCAGCAGAAAAA	52,4	
	R: CTTGCCCTCTGCCTCTG	57,2	
Mbar55	F: TACACACAAACACTCACCCA	56,4	Galarza vd., 2007
	R: CGCAACCAATAGCACACTAC	58,4	
Mbar63	F: AACCAGCAGGTCTCACA	52,4	
	R: TTCATGCTCCTTTTGTTC	53	
Mbar130	F: GAGGGTAGATTTGGTTGCAG	58,4	
	R: AGAGTATTGCATTTTTCGCC	54,3	
Mbar132	F: GGAGCAAGGAAGAGGAGA	56,1	
	R: CTCTGCAGACCTGCTCAA	56,1	
Mbar133	F: CTCGGCACATCACAGAAAC	57,3	
	R: CCTCCCAAATTACACACATC	56,4	
Mb6	F: TCTCCCATCATAAACAGCAA	55,5	
	R: GGGAAATAGCTCAGGTTCTGT	58,4	
Mb7	F: CATTGTCCCCCTCAGTGTA	58,4	
	R: TTTCTGCTCGGTTAGTGGTC	58,4	
Mb15	F: AGGAGCAGGAGGTCTTCATC	60,5	
	R: TCCTGAGTAAGACACGACCAG	61,3	
Mb31	F: TGCAGTATTTCTCGGATTGC	56,4	Gaoria vd., 2004
	R: TCAAGAGACGTGCCAGAATG	58,4	
Mb39	F: AGCGCCGAGTATAACAGACAAT	60,3	
	R: CTTACTCAACGAGTGTGATCG	61,1	

Çizelge 3.4. Mikrosatellit lokuslarının tekrar motifleri, floresan etiketleri ve dahil oldukları PCR grupları

Lokus	Tekrar Sayısı	Floresan etiket	Multipleks PCR grupları
Mbar3	(CA) ₂₄	FAM	I
Mbar14	(AC) ₄₈ AT(AC) ₄ AT(AC) ₄	TAMRA	I
Mbar63	(AC) ₁₀ AT(AC) ₈	HEX	I
Mbar11	(GT) ₁ GC(GT) ₁₀	HEX	II
Mbar46	(GT) ₁₂	FAM	II
Mbar55	(CA) ₇ CG(CA) ₃ TA(CA) ₆	TAMRA	II
Mbar130	(AC) ₁₀	FAM	III
Mbar132	(GT) ₁₀	HEX	III
Mbar133	(CA) ₁₄ CG(CA) ₅	TAMRA	III
Mb6	(CA) ₃ AA(CA) ₁₀	FAM	IV
Mb7	(AC) ₃ AG(AC) ₉	HEX	IV
Mb39	(CA) ₂₂	TAMRA	IV
Mb15	TG(CA) ₅ TG(CA) ₈ (CA) ₁₆	FAM	V
Mb31	(CA) ₅ TG(CA) ₃	TAMRA	V

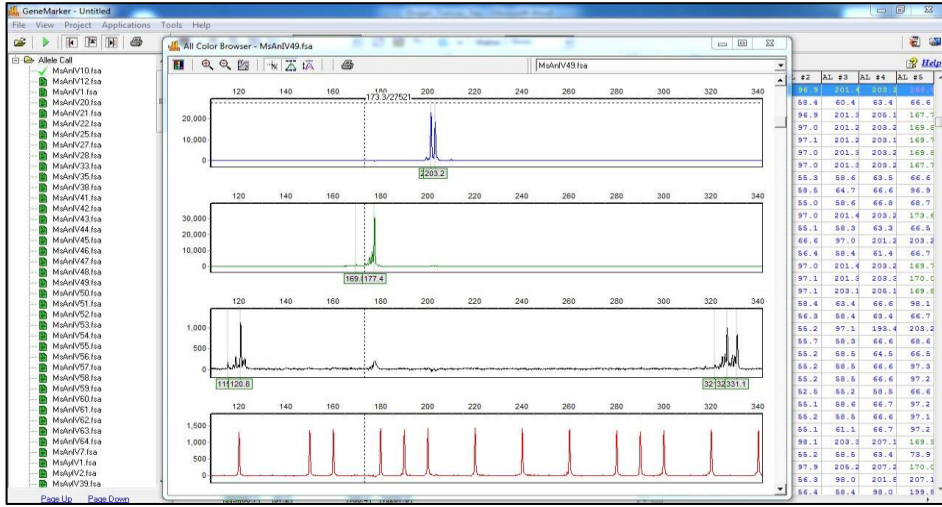
Çizelge 3.5. Multipleks PCR reaksiyon karışımları ve sıcaklık döngü koşulları (M; Multipleks)

Multipleks Reaksiyon Bileşenleri	Son konsantrasyon	Hacim (µL)				
		MI	MII	MIII	MIV	MV
dH ₂ O		10,8	10,8	10,8	11,3	10,3
10XTaq buffer+KCl	1X	2,5	2,5	2,5	2,5	2,5
MgCl ₂	1,5mM	2	2	2	1,5	2,5
dNTP mix	0,2mM	2,5	2,5	2,5	2,5	2,5
Her bir Primer	0,5µM	1	1	1	1	1
Taq DNA polimeraz	1U	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2
Kalıp DNA	50ng/µl	1	1	1	1	1
Toplam hacim		25	25	25	25	25

Multipleks PCR sıcaklık döngü koşulları					
Multipleks I, II ve III	95 °C	5 dk	Multipleks IV ve V	94 °C	2 dk
	92 °C	30 sn		94 °C	1 dk
	56,5 °C	30 sn		52 °C	45 sn
	72 °C	30 sn		72 °C	2 dk
	30 döngü			30 döngü	
72 °C	5 dk	72 °C	10 dk		

3.5.2. Mikrosatellit Lokuslarının Genotiplenmesi

Mikrosatellit alelleri hizmet alımı yoluyla (Macrogen Inc., S. Korea) ABI3730 otomatik DNA analiz cihazı ile saptandı. Tekir bireylerinin mikrosatellit lokuslarının genotipleri, Genemarker v 2.2.0 (Soft Genetics LLC) programı aracılığıyla belirlendi (Şekil 3.5). Genotipler excel dosyasına işlenerek bir veri seti oluşturuldu (Şekil 3.6).



Şekil 3.5. Genemarker 2.2.0 programında mikrosatellit alel büyüklüklerinin görüntülenmesi

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T
1	14	247		40	9	40	42	40	36	40										
2	Mullus surmuletus	BAN	SAR	AYV	KUS	MAR	ANT	MER												
3	CODE	SITE	Mbar3		Mbar11		Mbar14		Mbar46		Mbar63		Mbar152		Mbar130		Mbar132		Mbar133	
4	Ba1	BAN	116	116	186	204	185	209	239	243	268	320	152	154	195	195	128	142	243	245
5	Ba2	BAN	116	118	186	186	203	203	227	241	312	320	152	154	213	213	128	148	243	245
6	Ba3	BAN	116	116	186	208	185	199	239	239	318	320	154	154	211	211	124	132	251	251
7	Ba4	BAN	116	116	184	184	205	219	239	239	320	320	152	152	193	193	126	128	251	251
8	Ba5	BAN	116	116	190	208	201	219	243	243	316	316	152	154	195	195	124	128	245	255
9	Ba6	BAN	118	118	178	188	203	213	239	243	316	320	154	154	193	193	124	128	255	255
10	Ba7	BAN	116	118	186	214	191	213	239	243	302	318	146	152	193	193	124	128	243	243
11	Ba8	BAN	116	118	180	188	199	213	239	243	278	318	152	154	193	193	124	128	243	243
12	Ba9	BAN	116	130	200	200	205	207	243	243	324	324	152	154	195	195	128	130	239	249
13	Ba10	BAN	116	116	196	216	205	207	243	243	318	322	146	150	195	195	136	136	245	245
14	Ba11	BAN	118	122	202	202	197	205	243	243	320	320	144	152	207	207	126	132	243	249
15	Ba12	BAN	116	118	184	186	203	213	239	243	318	324	152	152	195	195	124	124	245	245
16	Ba13	BAN	116	116	184	184	193	219	237	241	316	320	146	154	193	193	124	130	251	255
17	Ba14	BAN	116	122	218	220	205	207	239	243	318	320	144	154	193	195	124	132	239	255
18	Ba15	BAN	116	116	182	206	205	211	239	243	270	320	144	144	181	181	128	128	243	243
19	Ba16	BAN	116	116	196	208	199	219	239	243	312	316	152	154	193	193	136	130	249	249
20	Ba17	BAN	116	118	200	200	219	233	239	243	318	320	144	152	197	197	124	126	243	249
21	Ba18	BAN	116	116	182	182	209	215	239	239	318	320	144	154	195	195	136	140	243	243
22	Ba19	BAN	116	116	180	202	213	223	239	245	316	326	144	156	193	193	128	140	239	245
23	Ba20	BAN	116	116	188	196	199	209	239	243	314	324	154	154	209	215	126	128	243	249
24	Ba21	BAN	116	116	202	202	199	203	239	239	316	316	152	152	181	211	124	140	245	245
25	Ba22	BAN	116	118	194	200	205	221	239	239	316	320	144	144	181	181	124	128	245	245
26	Ba23	BAN	116	116	186	186	203	203	239	243	318	318	154	154	193	193	130	132	251	251
27	Ba24	BAN	116	122	176	186	211	219	239	243	270	312	152	154	193	195	124	128	263	263

Şekil 3.6. Mikrosatellit lokuslarının Excel dosyasına işlenmiş veri seti

3.5.3. Mikrosatellit Lokuslarının Veri Analizi

Tekir türü için toplam 7 lokaliteden elde edilmiş 247 adet bireye ait 14 mikrosatellit lokusunun genotip verileri analiz edildi. Locus başına düşen alel sayıları, gözlenen ve beklenen heterozigotluk (H_o , H_e) değerleri hesaplandı. Populasyonlarda tüm lokusların *Hardy-Weinberg* (HW) dengesinde olup olmadığı yine aynı program aracılığıyla test edildi. Populasyonların genetik bir yapılanma gösterip göstermediğini saptamak için 10000 değişimli moleküler varyans analizi (AMOVA) uygulandı. Ayrıca mikrosatellit verileri “ F_{ST} -like” (Weir ve Cockerham, 1984) ve “ R_{ST} -like” (Slatkin, 1995) metotlarının her ikisi de kullanılarak populasyonlar içi, grup içi populasyonlar arası ve gruplar arası genetik uzaklıklar hesaplandı. Tüm bu işlemler Arlequin ver. 3.5.1.3 (Excoffier ve Lischer, 2010) programı kullanılarak populasyon içi, grup içi populasyonlar arası ve gruplar arası genetik uzaklıklar hesaplandı.

Tekir populasyonları arasındaki F_{IS} (Weir ve Cockerham, 1984) değerleri ve alelik zenginlik değerleri FSTAT v 2.9.3.2 (Goudet, 2001) kullanılarak hesaplandı. GenAlEx v 6.5 (Peakall ve Smouse, 2012) programı kullanılarak populasyonlara özgü (private) alellerin varlığı test edildi.

Populasyonlar arasındaki ilişkiyi ortaya koymak için Nei'nin (1978) genetik uzaklık metoduna dayalı olarak UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) ağacı oluşturuldu. Bu amaçla TFGA v 1.3 (Felsenstein, 1985) programında bootstrap güvenilirlik değeri her bir dal için 10000 değişimli olarak ele alındı.

Tekir bireyleri ve de populasyonları arasındaki genetik farklılıkları, sahip oldukları alellerin lineer kombinasyonları kullanılarak, 3 eksenli Fraksiyonel Uygunluk Analizi (Fractional Correspondance Analyses-FCA) gerçekleştirildi Bu amaçla Genetix 4.05.2 (Belkhir vd., 2004) programı kullanıldı.

Bayesian kümeleme metodu kullanılarak tüm balık örneklerinde farklı bir genetik yapıda sahip populasyonların (bu çalışmada stokların) olasılık olarak sayısını belirlemek için STRUCTURE ver 2.3 (Pritchard vd., 2000) programı kullanıldı. Tahmini populasyon 1-10 arasında ele alınarak 20 tekrarlı analiz sonucunda K değeri analiz edildi. 10000 tekrarlı yazdırma sonrası (burn-in period), 100000 tekrarlı simülasyon (MCMC replicate after burn-in) uygulandı. K değeri olasılık değişimleri arasından en uygun K değerini bulmak için ΔK metodu kullanıldı (Evanno vd., 2005).

4. BULGULAR

4.1. mtDNA Kontrol Bölgesi Dizilerinin Analizi

Çalışmada tüm bölgelere ait toplam 241 tekir bireyinin 407 baz çifti uzunluğunda mtDNA kontrol bölgesi analiz edildi. Analiz sonucunda 302 monomorfik, 95 polimorfik bölge ve 69 adet parsimoni informatif bölge barındıran 170 adet haplotip olduğu saptandı. Tekir popülasyonlarının kontrol bölgesine ait saptanan haplotip dağılımları Çizelge 4.1’de sunuldu.

Kontrol bölgesinde saptanan haplotiplerin sayısının yüksek olduğu tespit edildi. Bunlardan popülasyonlar arasında en çok paylaşılan haplotipin Haplotip 2 (Saroz Körfezi hariç) olduğu saptandı. Toplam 139 haplotipin lokaliteler arasında hiç paylaşılmadığı belirlendi (Çizelge 19).

Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları

Haplotip	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin
N	40	9	38	39	39	37	39
Hap1	1	1					2
Hap2	2		4	2	4	5	2
Hap3	1						
Hap4	1		1				
Hap5	1						
Hap6	3						1
Hap7	1						
Hap8	2						
Hap9	1						
Hap10	1						
Hap11	1						
Hap12	1						
Hap13	1						
Hap14	1					1	
Hap15	1						
Hap16	1						
Hap17	1					1	
Hap18	1						

Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları (devamı)

Hap19	1					
Hap20	1					
Hap21	1					
Hap22	2	1	2			
Hap23	1					1
Hap24	1					
Hap25	1			1		2
Hap26	1			1		
Hap27	1					
Hap28	1		2	1		1
Hap29	1					
Hap30	1					
Hap31	1	1	1		3	1
Hap32	1					
Hap33	1	1	1			
Hap34	1					
Hap35	1					
Hap36		1				
Hap37		1				
Hap38		1				
Hap39		1				
Hap40		1				
Hap41		1				
Hap42		1				
Hap43		1				
Hap44			1			
Hap45			1			
Hap46			1			
Hap47			1			
Hap48			1			
Hap49			1		1	
Hap50			1			
Hap51			1			
Hap52			1			
Hap53			1			

Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları (devamı)

Hap54	1			2
Hap55	1			
Hap56	1			
Hap57	1			
Hap58	1	1		
Hap59	1			
Hap60	1			
Hap61	1			
Hap62	1			
Hap63	1			
Hap64	1			
Hap65	1		1	1
Hap66	1			
Hap67	1			
Hap68	1			1
Hap69	1			
Hap70	1			
Hap71	1	1		
Hap72	1	1		
Hap73	1		1	
Hap74		1		
Hap75		1		
Hap76		1		
Hap77		1	1	2
Hap78		1		
Hap79		1		
Hap80		1		
Hap81		1		
Hap82		1		
Hap83		1		
Hap84		1		
Hap85		1		
Hap86		1		
Hap87		1		
Hap88		1		

Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları (devamı)

Hap89		1	
Hap90		1	
Hap91		1	
Hap92		1	
Hap93		1	1
Hap94		1	
Hap95		1	1
Hap96		1	
Hap97		1	
Hap98		1	
Hap99		1	
Hap100	1		
Hap101	1		
Hap102		2	
Hap103		1	1
Hap104		1	1
Hap105		1	
Hap106		1	
Hap107		1	
Hap108		1	
Hap109		1	
Hap110		1	
Hap111		1	
Hap112		1	
Hap113		1	
Hap114		1	
Hap115		1	
Hap116		1	
Hap117		1	
Hap118		1	
Hap119		1	
Hap120		1	
Hap121		1	
Hap122		1	
Hap123		1	1

Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları (devamı)

Hap124	1		
Hap125	1		
Hap126	1		
Hap127	1		
Hap128		1	
Hap129		1	
Hap130		1	
Hap131		1	
Hap132		1	
Hap133		1	
Hap134		1	
Hap135		1	
Hap136		1	
Hap137		1	
Hap138		1	
Hap139		1	
Hap140		1	
Hap141		1	
Hap142		1	1
Hap143		1	
Hap144		1	
Hap145		1	2
Hap146		1	
Hap147		1	
Hap148		1	
Hap149		1	
Hap150			1
Hap151			1
Hap152			1
Hap153			1
Hap154			1
Hap155			1
Hap156			1
Hap157			1
Hap158			1

Çizelge 4.1. mtDNA kontrol bölgesi haplotip listesi ve örnekleme bölgelerinde gözlenen dağılımları (devamı)

Hap159	1
Hap160	1
Hap161	1
Hap162	1
Hap163	1
Hap164	1
Hap165	1
Hap166	1
Hap167	1
Hap168	1
Hap169	1
Hap170	1

N, Örneklem büyüklüğü; Hap, Haplotip

Gerçekleştirilen çalışmada haplotip (h) ve nükleotit (π) çeşitliliği değerleri hesaplandı (Çizelge 4.2). Tüm popülasyonlarda ortalama haplotip çeşitliliği 0,99077 ve ortalama nükleotit çeşitliliğinin 0,02617 olarak saptandı. Haplotip çeşitlilikleri tüm bölgelerde benzer olduğu saptanmışken, nispeten haplotip çeşitliliğinin Saroz Körfezi'nde (h ; 1,00) diğer bölgelere göre yüksek olduğu tespit edildi. Nükleotit çeşitliliğinde tüm bölgelerde benzer bulunmuşken, nispeten diğer bölgelere göre Saroz Körfezi bölgesinin (π ; 0,02869) en yüksek, Antalya bölgesinin (π ; 0,02492) ise düşük olduğu bulundu.

Çizelge 4.2. mtDNA kontrol bölgesi için çalışılan her bir bölgede tespit edilen haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri

Lokaliteler	N	Nh	h	π
Bandırma	40	35	0,99231	0,02693
Saroz	9	9	1,00000	0,02869
Ayvalık	38	35	0,99147	0,02493
Kuşadası	39	36	0,99595	0,02604
Marmaris	39	35	0,99055	0,02614
Antalya	37	30	0,98898	0,02492
Mersin	39	34	0,99325	0,02632
Toplam	241	170	0,99077	0,02617

N, örnek sayısı; Nh, Haplotip sayısı; h , Haplotip Çeşitliliği; π , Nükleotit çeşitliliği

Örnekleme bölgelerine ait genetik uzaklıklarının ikişerli karşılaştırılmaları (F_{ST} ve γ_{ST}) çizelge 4.3'de verildi. F_{ST} , haplotip çeşitliliği ve γ_{ST} nükleotit çeşitliliği üzerinden hesaplandı. Lokalitelerin ikişerli karşılaştırmaları sonucunda Kuşadası-Marmaris lokalite çiftinin, diğer lokalite çiftlerine göre genetik olarak daha benzer oldukları saptandı (γ_{ST} : 0,00531). Genetik farklılaşmanın en fazla olduğu dolayısıyla gen akışının en az olduğu bölgelerin ise Saroz Körfezi ile Mersin (γ_{ST} : 0,04322; F_{ST} : 0,06563; $p < 0,05$; Nm : 11,07) lokalitelerindeki örnekler arasında olduğu belirlendi (Çizelge 4.3 ve 4.4). Ayrıca istatistiki olarak Antalya ve Mersin örneklerinin anlamlı bir genetik farklılaşma sergilediği söylenebilir (F_{ST} : 0,04288; $p < 0,05$).

Çizelge 4.3. mtDNA kontrol bölgesi genetik uzaklık değerleri ile lokalitelerin ikiyeşerli karşılaştırılmaları (Alt diyagonal F_{ST} ; Üst diyagonal Haplotip frekanslarına dayalı olarak hesaplanmış F_{ST} değerleri)

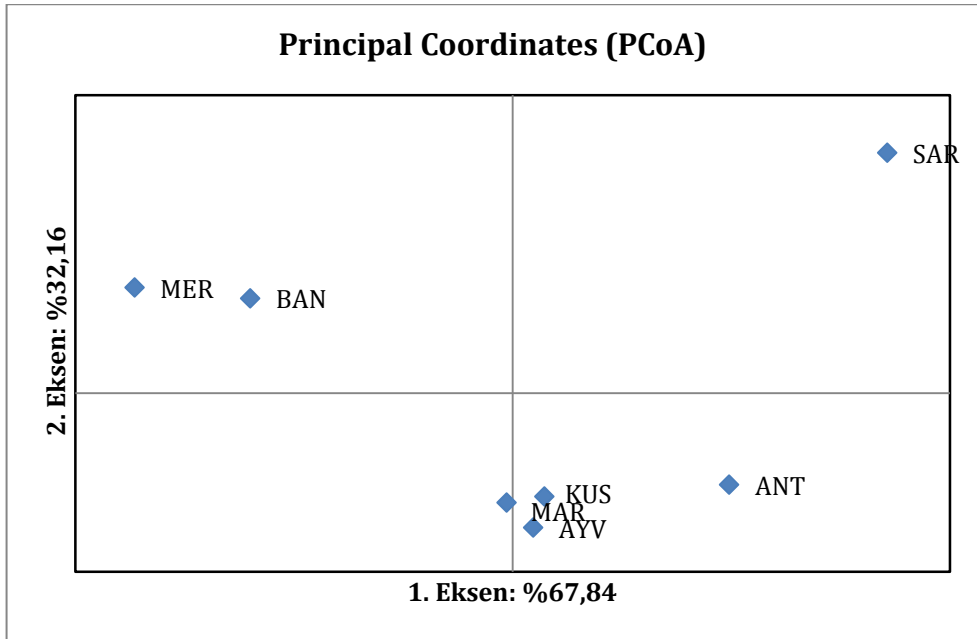
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Antalya	Marmaris	Mersin
Bandırma	-	0,03620	0,01865	0,01691	0,02624	0,01495	0,00832
Saroz	0,04606	-	0,03334	0,03082	0,02742	0,03223	0,04322
Ayvalık	0,01096	0,03451	-	0,00573	0,00991	0,00594	0,02376
Kuşadası	0,00740	0,02799	-0,01482	-	0,00828	0,00531	0,02246
Antalya	0,02474	0,01437	-0,00710	-0,00971	-	0,00859	0,02087
Marmaris	0,00370	0,03273	-0,01421	-0,01505	-0,00972	-	0,03604
Mersin	-0,00916	0,06563	0,02042	0,01812	0,04288	0,01471	-

Koyu rakamlar $p < 0.05$

Çizelge 4.4. mtDNA kontrol bölgesi analizi sonucunda tekir populasyonları arasındaki göç oranları (Nm)

	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya
Saroz	13,31					
Ayvalık	26,31	14,50				
Kuşadası	29,07	15,72	86,76			
Marmaris	18,55	17,73	49,95	59,89		
Antalya	32,94	15,01	83,68	93,66	57,71	
Mersin	59,60	11,07	20,54	21,76	23,46	13,37

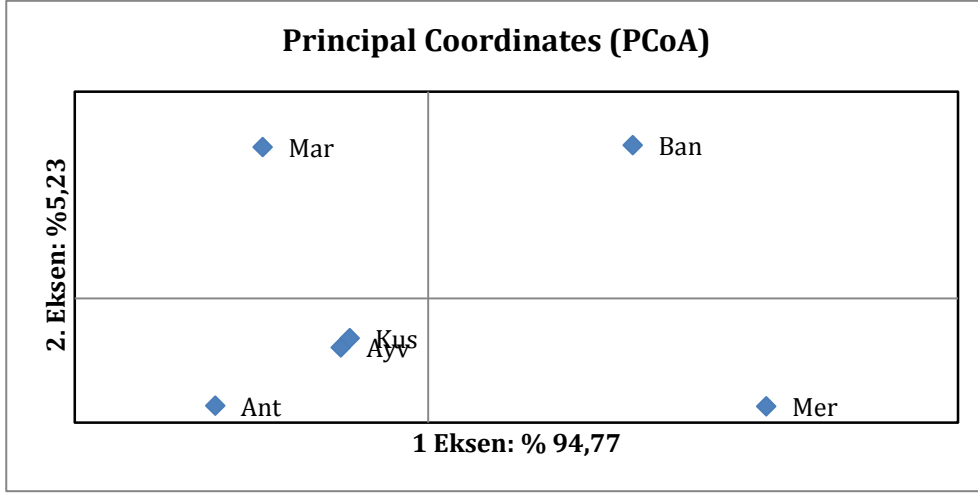
Türkiye kıyılarından 7 bölgeden örneklenen tekir popülasyonları arasındaki genetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla PCA analizi gerçekleştirildi (Şekil 4.1). Analiz sonucunda örneklerinin orta ve güney Ege Denizi (Kuşadası, Ayvalık, Marmaris) örnekleri bir genetik grup olarak saptandı. Marmaris örneklerinin 2. eksene göre Kuşadası ve Ayvalık örneklerinden nispeten farklı oldukları tespit edildi. Saroz Körfezi örnekleri 1. ve 2. eksene göre diğer denizlerden farklı bir genetik yapıda olduğu saptandı. Antalya örnekleri 2. eksene göre Ege Denizi örneklerine yakın bir genetik yapıda olsa da, farklı bir genetik yapılanma gösterdiği saptandı. Her iki eksende Saroz Körfezi'ne ait örneklerin genetik olarak farklı olduğu saptandı. Mersin ve Bandırma örneklerin ise her iki eksene göre diğer popülasyonlardan ayrıştığı, ikinci eksene göre birbirlerinden biraz farklı bir genetik yapı sergiledikleri belirlendi.



Şekil 4.1. mtDNA kontrol bölgesi PCA analizi. Varyasyon yüzdeleri eksenler üzerinde belirtilmiştir.

Örneklem büyüklüğü daha az sayıda olan Saroz Körfezi örnekleri, veri setinden çıkarılarak PCA analizi yeniden gerçekleştirildi. Buna göre varyasyon yüzdeleri dikkate alınacak olunursa şekil 4.1 ile örtüşen bir PCA grafiği elde edildi (Şekil 4.2). Hem birinci hem ikinci eksene göre Marmaris, Bandırma ve Mersin

örneklerinin birbirinden farklı bir genetik yapıda oldukları belirlendi. Kuşadası ve Ayvalık örneklerinin genetik olarak benzer bir grup oluşturduğu saptandı. Şekil 4.1’de olduğu gibi Antalya örnekleri Kuşadası ve Ayvalık örnekleriyle daha benzer bir genetik yapıda oldukları saptandı.



Şekil 4.2. mtDNA kontrol bölgesinin Saroz Körfezi örnekleri hariç tutulmuş PCA analizi. Varyasyon yüzdeleri eksenler üzerinde belirtilmiştir.

Ege Denizi ve Akdeniz'den örneklenen Tekir bireylerinin mtDNA kontrol bölgesi verilerinden elde edilen genetik varyasyonun dağılımını belirlemek amacıyla AMOVA analizi yapıldı. Bu amaçla coğrafik uzaklık derecelerine göre gruplamalar yapılarak genetik farklılığın hangi bölgelerden kaynaklandığı test edildi (Çizelge 4.5). Tekir popülasyonlarının farklılıklarının kaynağını ortaya koymak için yapılan AMOVA sonucunda sadece üçüncü gruplamada, grup içi popülasyonlar arasında varyasyon tespit edildi. PCA analizine göre gruplandırılan 6. gruplandırmada (Ban / Sar / Ayv, Kuş, Mar / Ant / Mer) gruplar arasında ise istatistiki olarak anlamlı bir farklılık saptandı ($p < 0.05$).

mtDNA kontrol bölgesi'nde gerçekleştirilen Tajima'nın D testi sonucunda istatistiki olarak anlamlı olmayan değerler elde edildi. Fu'nun F_S testinde ise Saroz Körfezi popülasyonu hariç tüm popülasyonlarda negatif anlamlı bir sonuç elde edildi. Bu durum popülasyonların yakın zamanda büyüdüğüne işaret etmektedir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.5. mtDNA kontrol bölgesi verileri kullanılarak gerçekleştirilmiş AMOVA analizinde alternatif gruplandırmalar yapılarak hesaplanmış fiksasyon indeksleri

Gruplandırma	Va	Vb	F _{ST}	F _{SC}	F _{CT}
1. Ban / Sar, Ayv / Kuş / Mar / Ant / Mer	-2,62	3,33	0,00711	0,03246	-0,02620
2. Ban / Sar, Ayv / Kuş, Mar / Ant, Mer	-1,11	1,70	0,00600	0,01686	-0,01105
3. Ban, Sar, Ayv / Kuş / Mar / Ant, Mer	-1,20	1,70	0,00495	0,01676	-0,01201
4. Ban, Sar / Ayv, Kuş / Mar, Ant, Mer	-0,51	1,13	0,00618	0,01123	-0,00511
5. Ban / Sar, Ayv, Kuş, Mar / Ant, Mer	-0,24	0,92	0,00681	0,00914	-0,00236
6. Ban / Sar / Ayv, Kuş, Mar / Ant / Mer	2,68	-1,44	-0,01483	0,01234	0,02677

Koyu rakamlar $p < 0,05$. F_{ST}, Populasyon içi; F_{SC}, Grup içi Populasyonlar Arası; F_{CT}, Gruplar arası; Va, Gruplar arası Varyasyon Yüzdesi; Vb, Grup içi Populasyonlar arası Varyasyon Yüzdesi

Çizelge 4.6. Tajima'nın D ve Fu'nun F_S testi sonuçları

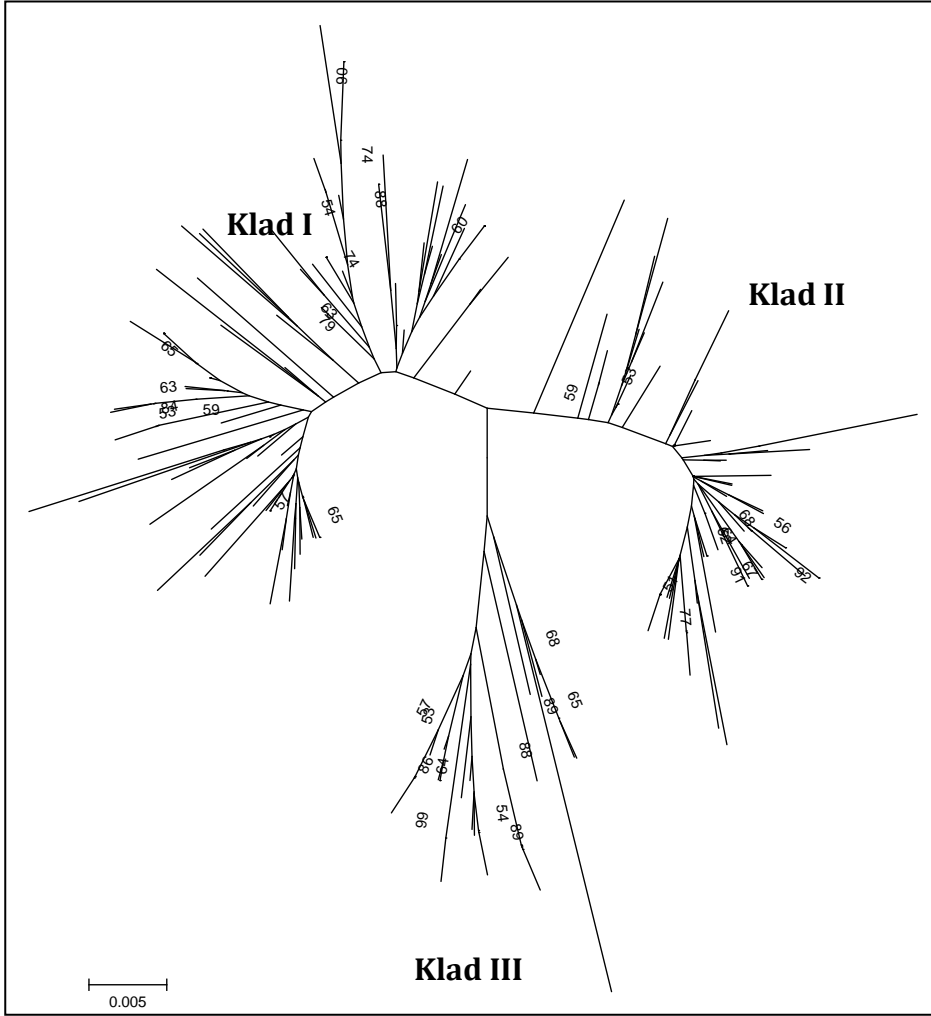
	BAN	SAR	AYV	KUS	MAR	ANT	MER	Mean
D test	-0,189	0,159	-0,527	-0,386	-0,618	-0,659	-0,707	-0,418
F _S test	-21,005*	-2,456	-24,23*	-24,283*	-22,818*	-14,513*	-20,364*	-18,52

Koyu rakamlar, $p < 0,01$; * $p < 0,001$

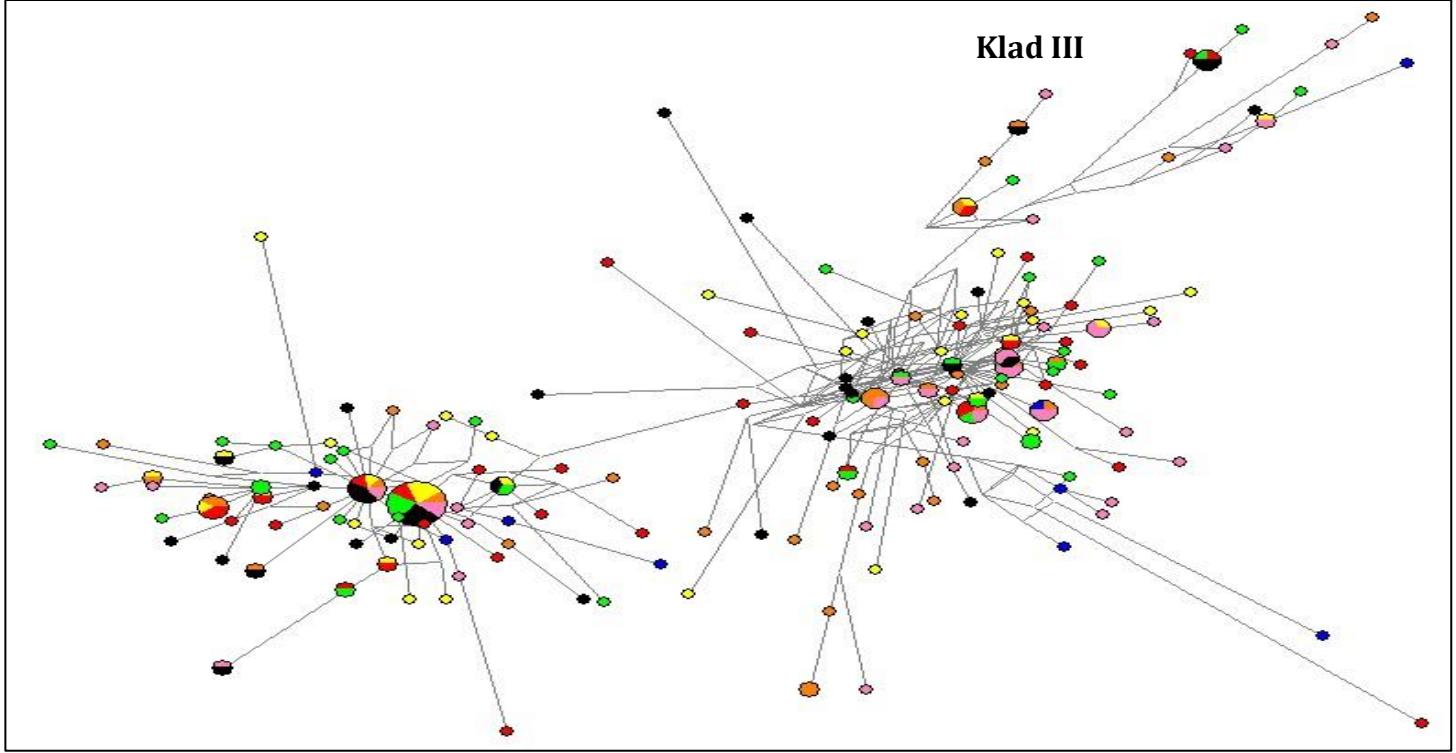
MEGA bilgisayar programı aracılığıyla mtDNA kontrol bölgesi dizi verileri kullanılarak 10000 bootstrap permütasyonu ile oluşturulmuş köksüz NJ ağacı şekil 4.3'de verilmiştir. Bu ağaç Türkiye denizlerinde üç farklı haplotip kladı (Klad I, II ve III) olduğunu gösterdi. Bu kladların içerdikleri haplotiplerin dağılımı türün coğrafik dağılımıyla ilişkili bulunmadı. Marmara Denizi'nde I kladı %55, II kladı %33, III kladı %13, Ege Denizi'nde I kladı %42, II kladı %46, III kladı %12 son olarak Akdeniz'de I kladı %46, II kladı %38, III kladı %16 oranında bulunduğu saptanmıştır.

Toplam 241 tekir bireyinin 407 bp uzunluğunda mtDNA kontrol bölgesinde tanımlanan haplotiplerin dağılımını ve aralarındaki ilişkiyi göstermek için Median-Joining analizi gerçekleştirildi (Şekil 4.4). Neighbor Joining ağacına benzer şekilde 3 ana klad olduğu saptandı. I, II ve III kladları oluşturan haplotip ağı şekil 4.4'de belirtilmiştir. I kladı %20 Marmara, %48 Ege, %32 Akdeniz örneklerine ait haplotipleri kapsamaktadır. II kladı %13 Marmara, %58 Ege, %29 Akdeniz

örneklerine ait haplotipleri barındırırken, III kladı %16 Marmara, %47 Ege, %38 Akdeniz örneklerine ait haplotip oranlarına sahiptir (Şekil 4.4).



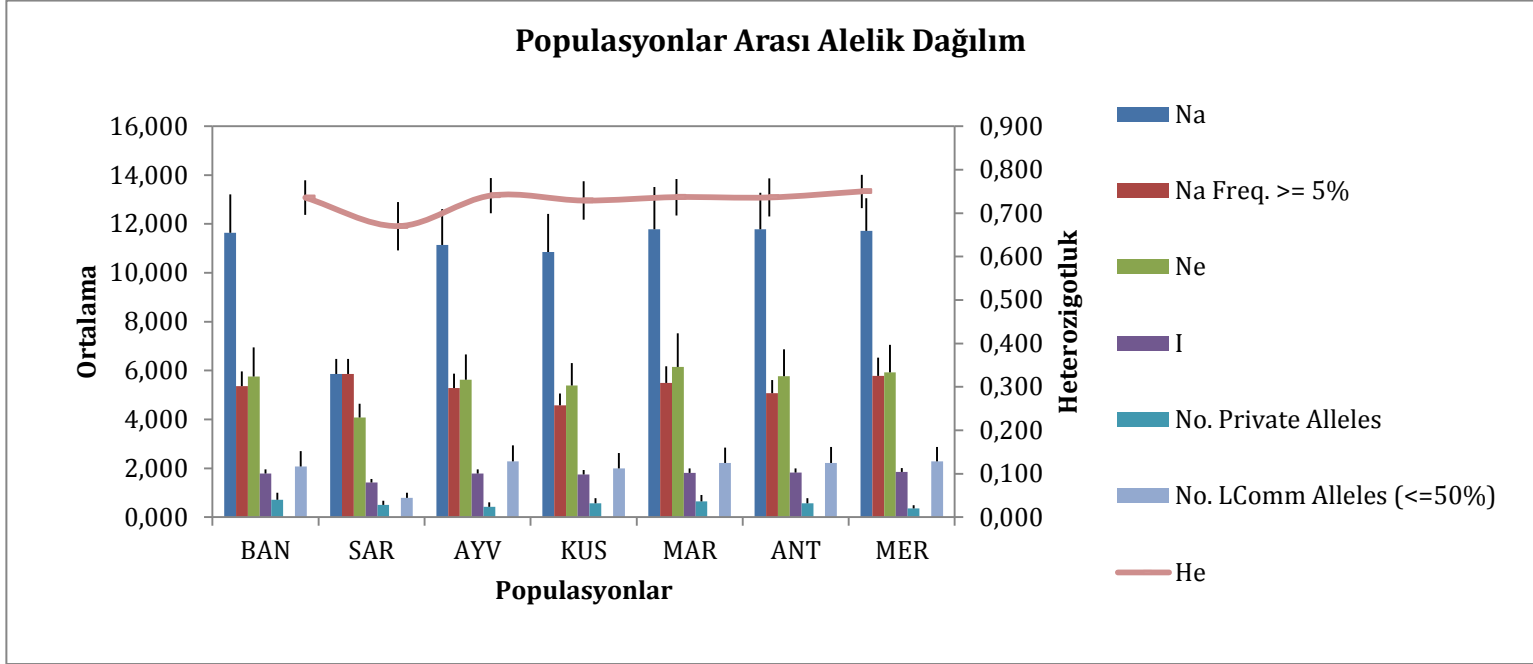
Şekil 4.3. mtDNA kontrol bölgesi dizileri kullanılarak oluşturulmuş köksüz NJ ağacı (10000 Bootstrap permütasyonu, dal güvenilirliği %50 ve üzeri)



Şekil 4.4. mtDNA kontrol bölgesi için oluşturulan Medyan Birleştirme Ağı. Daire büyüklükleri haplotipleri paylaşan örnek büyüklüğüyle doğru orantılıdır. Haplotipleri ifade eden dairelerde bulunan dilimler haplotiplerin paylaşıldığı lokaliteleri temsil etmektedir. Her bir örnekleme bölgesi farklı bir renk ile temsil edilmiştir. Bandırma, Turuncu; Saroz, Mavi; Ayvalık, Sarı; Kuşadası, Kırmızı; Marmaris, Yeşil; Antalya, Siyah; Mersin, Pembe

4.2. Mikrosatellit Lokuslarının Analizi

Toplam 247 tekir örneğinin 14 adet mikrosatellit lokusunun H-W ve temel istatistik analiz sonuçları çizelge 4.7’de gösterildi. Analiz sonucunda alel sayıları lokalitelere göre 3 (Mbar46, Saroz Körfezi) ile 25 (Mbar11, Bandırma) arasında değişmektedir. On dört adet lokus arasından alelik zenginlik ortalamaları en düşük Mbar46 lokusunda 3,075, en yüksek Mbar11 lokusunda 11,141 değerlerinde bulunmuştur. Mbar11 lokusunda alellerin fazlalığına paralel olarak populasyonlarda saptanan null alel sayıları da yüksek çıkmıştır (Ortalama NA: 0,2). Populasyonlar arasındaki farklılaşmanın bir ölçütü olan populasyonlara özgü aleller değerlendirildiğinde, Bandırma örneklerinde 0,714 değerinde en yüksek, Mersin örneklerinde 0,357 değerinde en düşük oranda özgül (private) alel saptandı. Tekir populasyonlarının sahip oldukları alelik ve heterozigotluk dağılımları grafik olarak şekil 4.5’de gösterilmiştir. Mbar11, Mbar130 ve Mbar133 lokuslarının tüm populasyonlarda H-W dengesinden sapma gösterirken, Mbar14 lokusunun H-W dengesinde olduğu tespit edildi. Bunların dışındaki lokus ve populasyonların birçoğu H-W dengesinden sapma göstermektedir ($p < 0,05$). H-W dengesinden sapmanın bir ölçütü olan Fıs değerleri incelendiğinde tek tek tüm populasyonların istatistiki olarak anlamlı ($p < 0,001$) bir sapma sergilediği görülmektedir (Çizelge 4.7). Her bir populasyona ait ortalama gözlenen heterozigotluk değerleri (H_o) en yüksek Bandırma (0,616) ve en düşük Saroz Körfezi (0,529) populasyonlarında görülmüştür. Ortalama beklenen heterozigotluk değerlerinin (H_e) en yüksek Mersin (0,750), en düşük Saroz Körfezi (0,670) populasyonlarında bulunmuştur (Çizelge 4.7).



Şekil 4.5. Mikrosatellit lokuslarının lokaliteler arasındaki alelik dağılım grafiği. (Na = Farklı Alellerin sayısı; Na (Freq >= 5%) = Frekansı %5 ve daha fazla olan aleller; Ne = Etkili Aleller = $1 / (\sum \pi^2)$; I = Shannon's Information Indeks = $-1 * \sum (\pi * \ln(\pi))$; No. Private Alleles = Bir populasyona özgü olan Aleller; No. LComm Alleles (<=50%) = Frekansı %50 ve daha az paylaşılan Aleller; He = Beklenen Heterozigotluk

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mbar3								
N	40	9	40	42	40	36	40	247
AZ	3,079	6,549	3,646	2,689	2,852	3,510	3,649	3,347
AS	6	7	5	4	4	7	8	10
<i>Ho</i>	0,450	0,556	0,575	0,548	0,300	0,333	0,575	0,477
<i>He</i>	0,451	0,739	0,546	0,459	0,490	0,403	0,535	0,506
F _{IS}	0,002	0,259	-0,055	-0,196	0,390	0,176	-0,076	0,041
<i>p</i> (HW)	NS	NS	NS	NS	0,001	NS	NS	0,030
NA	0,0000	0,0587	0,0000	0,0000	0,1131	0,0149	0,0268	
Mbar11								
N	40	9	37	34	38	36	28	222
AZ	11,195	5,771	10,714	10,369	12,010	10,314	10,173	11,141
AS	25	6	21	21	24	21	15	32
<i>Ho</i>	0,650	0,444	0,432	0,500	0,474	0,500	0,464	0,495
<i>He</i>	0,945	0,810	0,940	0,926	0,960	0,924	0,934	0,902
F _{IS}	0,315*	0,467	0,543*	0,464*	0,510*	0,462*	0,508*	0,463
<i>p</i> (HW)	0,000	0,017	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
NA	0,1443	0,1719	0,2579	0,2161	0,2594	0,2202	0,2375	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mbar14								
N	40	9	40	41	40	36	40	246
AZ	9,956	5,876	10,232	9,805	9,846	9,801	10,375	9,963
AS	19	6	20	18	19	18	19	26
<i>Ho</i>	0,950	0,778	0,875	0,878	0,900	0,944	0,900	0,889
<i>He</i>	0,927	0,830	0,931	0,924	0,922	0,923	0,933	0,896
F _{is}	-0,025	0,067	0,061	0,050	0,025	-0,024	0,035	0,023
<i>p</i> (HW)	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
NA	0,0000	0,0000	0,0285	0,0000	0,0000	0,0000	0,0069	
Mbar46								
N	40	9	40	42	40	36	39	246
AZ	3,198	2,778	3,059	2,767	2,889	3,087	3,566	3,075
AS	6	3	5	4	5	5	5	8
<i>Ho</i>	0,625	0,222	0,400	0,357	0,600	0,417	0,462	0,440
<i>He</i>	0,582	0,216	0,441	0,510	0,480	0,545	0,613	0,476
F _{is}	-0,076	-0,032	0,093	0,302	-0,255	0,239	0,250	0,098
<i>p</i> (HW)	0,023	NS	NS	0,037	NS	0,003	0,049	0,001
NA	0,0000	0,0000	0,0374	0,0970	0,0000	0,1113	0,0942	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mbar63								
N	40	9	40	42	40	36	39	246
AZ	7,069	9,431	8,204	7,047	7,901	8,355	7,311	7,748
AS	15	10	13	15	17	15	13	21
<i>Ho</i>	0,750	0,556	0,575	0,571	0,700	0,722	0,667	0,649
<i>He</i>	0,828	0,928	0,882	0,821	0,849	0,876	0,834	0,843
F _{is}	0,095	0,416	0,351*	0,307*	0,177	0,178	0,202	0,228
<i>p</i> (HW)	NS	0,004	0,000	0,000	NS	0,037	NS	0,000
NA	0,0244	0,1758	0,1699	0,1191	0,0913	0,0578	0,0888	
Mbar55								
N	40	9	40	42	40	36	40	247
AZ	4,932	3,889	4,449	4,345	4,724	5,066	4,833	4,758
AS	9	4	8	6	8	8	8	13
<i>Ho</i>	0,675	0,333	0,650	0,786	0,725	0,556	0,775	0,643
<i>He</i>	0,734	0,725	0,734	0,714	0,738	0,749	0,757	0,722
F _{is}	0,082	0,556	0,116	-0,101	0,017	0,261	-0,025	0,070
<i>p</i> (HW)	NS	0,033	NS	NS	NS	0,016	NS	NS
NA	0,0110	0,2017	0,0303	0,0000	0,0015	0,1028	0,0281	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mbar130								
N	39	9	40	41	39	36	39	243
AZ	5,118	5,869	6,031	7,229	5,763	6,831	8,092	6,970
AS	9	6	9	13	11	13	15	21
<i>Ho</i>	0,179	0,333	0,175	0,317	0,205	0,278	0,205	0,242
<i>He</i>	0,689	0,817	0,804	0,825	0,732	0,757	0,820	0,763
F_{IS}	0,742*	0,607*	0,785*	0,619*	0,722*	0,636*	0,752*	0,706
<i>p</i> (HW)	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
NA	0,2998	0,2521	0,3467	0,2945	0,3047	0,2805	0,3349	
Mbar132								
N	40	9	40	42	39	36	38	244
AZ	6,504	6,660	6,645	6,489	7,312	6,792	6,977	6,720
AS	11	7	12	10	12	10	11	17
<i>Ho</i>	0,825	0,889	0,675	0,762	0,692	0,722	0,816	0,769
<i>He</i>	0,818	0,850	0,804	0,822	0,857	0,838	0,836	0,816
F_{IS}	-0,008	-0,049	0,162	0,073	0,194	0,140	0,024	0,093
<i>p</i> (HW)	NS	NS	0,040	NS	0,021	NS	NS	0,000
NA	0,0000	0,0000	0,0753	0,0258	0,0734	0,0702	0,0000	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mbar133								
N	40	9	40	41	39	36	39	244
AZ	6,969	6,765	6,359	7,204	7,997	7,336	7,040	7,253
AS	10	7	9	12	13	11	12	16
<i>Ho</i>	0,375	0,556	0,450	0,439	0,487	0,444	0,333	0,441
<i>He</i>	0,851	0,863	0,829	0,862	0,871	0,861	0,842	0,838
F_{IS}	0,562*	0,370	0,460*	0,494*	0,444*	0,487*	0,607*	0,505
$p(HW)$	0,000	0,039	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
NA	0,2546	0,1398	0,2013	0,2312	0,2480	0,2195	0,2732	
Mb6								
N	40	9	39	42	40	36	40	246
AZ	4,676	3,778	3,671	4,177	3,840	4,128	4,445	4,113
AS	6	4	6	6	6	7	6	9
<i>Ho</i>	0,850	0,556	0,513	0,571	0,550	0,750	0,625	0,631
<i>He</i>	0,721	0,608	0,587	0,613	0,594	0,651	0,668	0,623
F_{IS}	-0,182	0,091	0,128	0,069	0,075	-0,155	0,065	-0,002
$p(HW)$	NS	NS	NS	NS	NS	0,017	NS	NS
NA	0,0000	0,0000	0,0317	0,0309	0,0000	0,0355	0,0224	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mb7								
N	40	9	39	42	40	36	40	246
AZ	4,973	4,882	4,732	5,524	3,933	5,230	4,188	4,973
AS	8	5	8	8	5	7	8	13
<i>Ho</i>	0,375	0,667	0,538	0,357	0,600	0,389	0,225	0,450
<i>He</i>	0,689	0,778	0,719	0,775	0,665	0,752	0,522	0,686
F_{IS}	0,459*	0,150	0,253	0,542*	0,099	0,486*	0,572*	0,392
$p(HW)$	0,000	NS	0,030	0,000	NS	0,000	0,000	0,000
NA	0,1865	0,0795	0,1097	0,2309	0,0357	0,2282	0,2110	
Mb39								
N	39	8	35	39	40	35	40	236
AZ	10,735	10,000	9,793	9,774	10,565	11,148	11,059	10,697
AS	20	10	20	20	22	23	23	29
<i>Ho</i>	0,872	0,625	0,743	0,846	0,825	0,886	0,775	0,796
<i>He</i>	0,940	0,933	0,913	0,917	0,937	0,947	0,945	0,914
F_{IS}	0,073	0,346	0,188*	0,078	0,121	0,066	0,182*	0,125
$p(HW)$	0,005	0,015	0,002	NS	0,012	NS	0,037	0,000
NA	0,0294	0,1269	0,0876	0,0336	0,0419	0,0335	0,0784	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Mb15								
N	40	9	39	42	40	36	40	246
AZ	5,291	4,667	5,967	5,221	5,407	5,317	6,092	5,607
AS	9	5	9	9	9	11	10	18
<i>Ho</i>	0,575	0,556	0,615	0,714	0,600	0,694	0,675	0,633
<i>He</i>	0,709	0,549	0,745	0,706	0,697	0,698	0,781	0,686
F_{IS}	0,192	-0,013	0,176	-0,012	0,141	0,006	0,137	0,106
$p(HW)$	NS	NS	NS	NS	NS	NS	0,025	0,000
NA	0,0724	0,0000	0,0845	0,0216	0,0703	0,0072	0,0727	
Mb31								
N	40	9	39	42	40	36	40	246
AZ	4,862	2,000	5,238	3,840	5,406	4,765	5,311	4,811
AS	10	2	11	6	10	9	11	14
<i>Ho</i>	0,475	0,333	0,564	0,476	0,700	0,500	0,600	0,521
<i>He</i>	0,547	0,294	0,626	0,458	0,655	0,526	0,617	0,524
F_{IS}	0,134	-0,143	0,101	-0,039	-0,069	0,050	0,032	0,031
$p(HW)$	0,013	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
NA	0,0062	0,0000	0,0206	0,0000	0,0078	0,0457	0,0000	

Çizelge 4.7. Mikrosatellit DNA verilerine dayalı populasyon genetiği parametreleri (devamı)

Lokuslar	Populasyonlar							
	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin	Tümü
Tümü								
AS	11,643	5,857	11,143	10,857	11,786	11,786	11,714	
Ho	0,616	0,529	0,556	0,580	0,597	0,581	0,578	
He	0,736	0,670	0,740	0,729	0,737	0,736	0,750	
F _{IS}	0,175*	0,267*	0,261*	0,216*	0,202*	0,224*	0,241*	0,222
p	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
PA	0,714	0,500	0,429	0,571	0,643	0,571	0,357	

N, Örneklem büyüklüğü; AZ, Alelik Zenginlik; AS, Alel Sayısı; Ho, Gözlenen Heterozigotluk; He, Beklenen Heterozigotluk; F_{IS}, Soyüçü üreme katsayısı; NA, Null Aleller; PA, Özgül Aleller, p, Hardy-Weinberg p değeri; Koyu rakamlar p<0,05; * p<0.001; NS; İstatistiki olarak anlamsız p >0,05.

Tekir populasyon çiftleri arasındaki genetik farklılıkları saptamak için F_{ST} ve R_{ST} değerleri hesaplandı (Çizelge 4.8). Populasyonlara ait F_{ST} değerleri incelendiğinde Bonferroni doğrulaması sonrasında istatistiki olarak anlamlı bir genetik farklılaşma taşıyan populasyon çiftlerinin Bandırma-Saroz Körfezi, Kuşadası-Saroz Körfezi ve Mersin-Saroz Körfezi olduğu saptandı (Bonferroni doğrulaması sonrasında, $p<0,05$). R_{ST} değerleri, F_{ST} değerlerinin sergilediği önemlilik derecesinde farklı olan populasyon çiftlerinin aralarındaki genetik uzaklığı destekledi (R_{ST} , $p<0,05$). Bu populasyon çiftlerine ek olarak Bandırma-Ayvalık örnekleri arasında anlamlı bir genetik farklılık olduğu tespit edildi.

Çizelge 4.8. Mikrosatellit DNA genotip verilerinin analizi sonucu elde edilen lokaliteler arasındaki genetik uzaklık karşılaştırması (Alt diyagonal F_{ST} , üst diyagonal R_{ST} değerleridir)

	Bandırma	Saroz	Ayvalık	Kuşadası	Marmaris	Antalya	Mersin
Bandırma	-	0.04878	0.02613	0.00346	-0.00982	-0.00818	-0.00029
Saroz	0.0167*	-	0.04653	0.06378	0.05245	0.04086	0.06057
Ayvalık	0.0074	0.0061	-	0.01695	0.02122	0.01308	0.00611
Kuşadası	-0.0002	0.0105*	-0.0005	-	-0.00139	0.00241	-0.00199
Marmaris	0.0021	0.0091	-0.0024	-0.0017	-	-0.00712	-0.00096
Antalya	-0.0036	0.0020	0.0028	-0.0007	-0.0002	-	-0.00647
Mersin	0.0022	0.0252*	0.0059	0.0056	0.0027	0.0043	-

Koyu rakamlar $p<0.05$, Altı çizili rakamlar $p<0.001$; * Bonferroni doğrulaması sonrasında $*p<0.05$, $**p<0.001$

FCA analizi sonucunda 7 lokaliteye ait 247 bireyin alelleri değerlendirildiğinde, bireyler arasındaki genetik yapılanmanın varlığı test edildi (Şekil 4.6). Grafik üzerinde de belirtilen moleküler varyasyon yüzdeleri eksen 1'de 28,01, eksen 2'de 16,99 ve eksen 3'de 16,29 olarak belirlendi. Analize göre Saroz Körfezi, Mersin ve Ayvalık bölgelerinden örneklenen tekir bireyleri arasında farklı bir genetik yapılanma gözlemlendi.

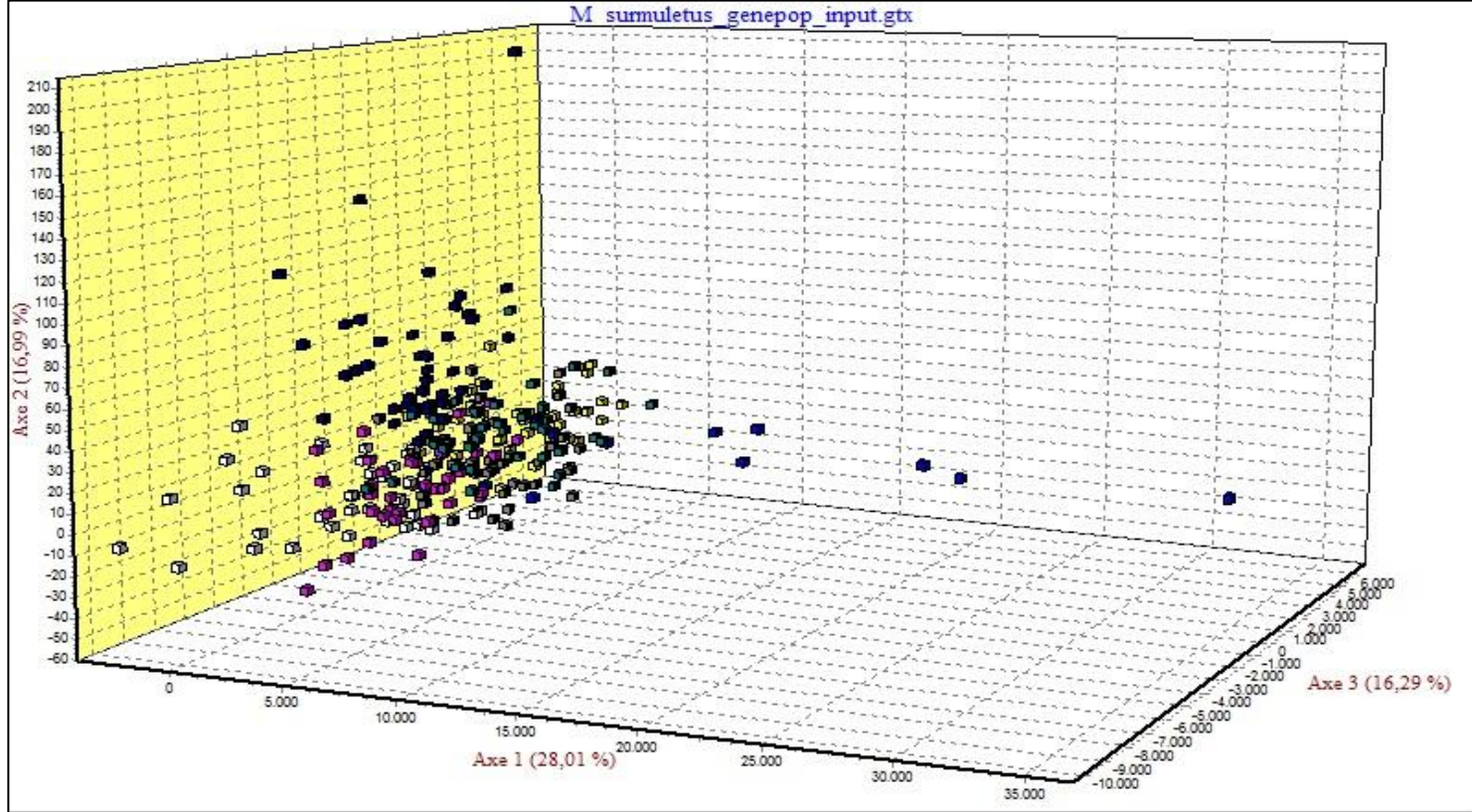
Bireyleri arasındaki alellerin dağılımını test ettikten sonra, populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi göstermek için, populasyonların da FCA grafiği oluşturuldu (Şekil 4.7). Bu grafiğe göre Saroz Körfezi ve Mersin örneklerinin diğer populasyonlardan farklı oldukları tespit edildi. Bunun dışında 1. ve 3. eksene göre Bandırma ve Antalya populasyonları benzer bulunmuşken, 2. eksene göre

aralarında genetik varyasyon olduğu görüldü. Ayvalık, Marmaris ve Kuşadası ise 1. ve 2. eksene göre benzer, 3. eksene göre aralarında genetik varyasyon olduğu belirlendi.

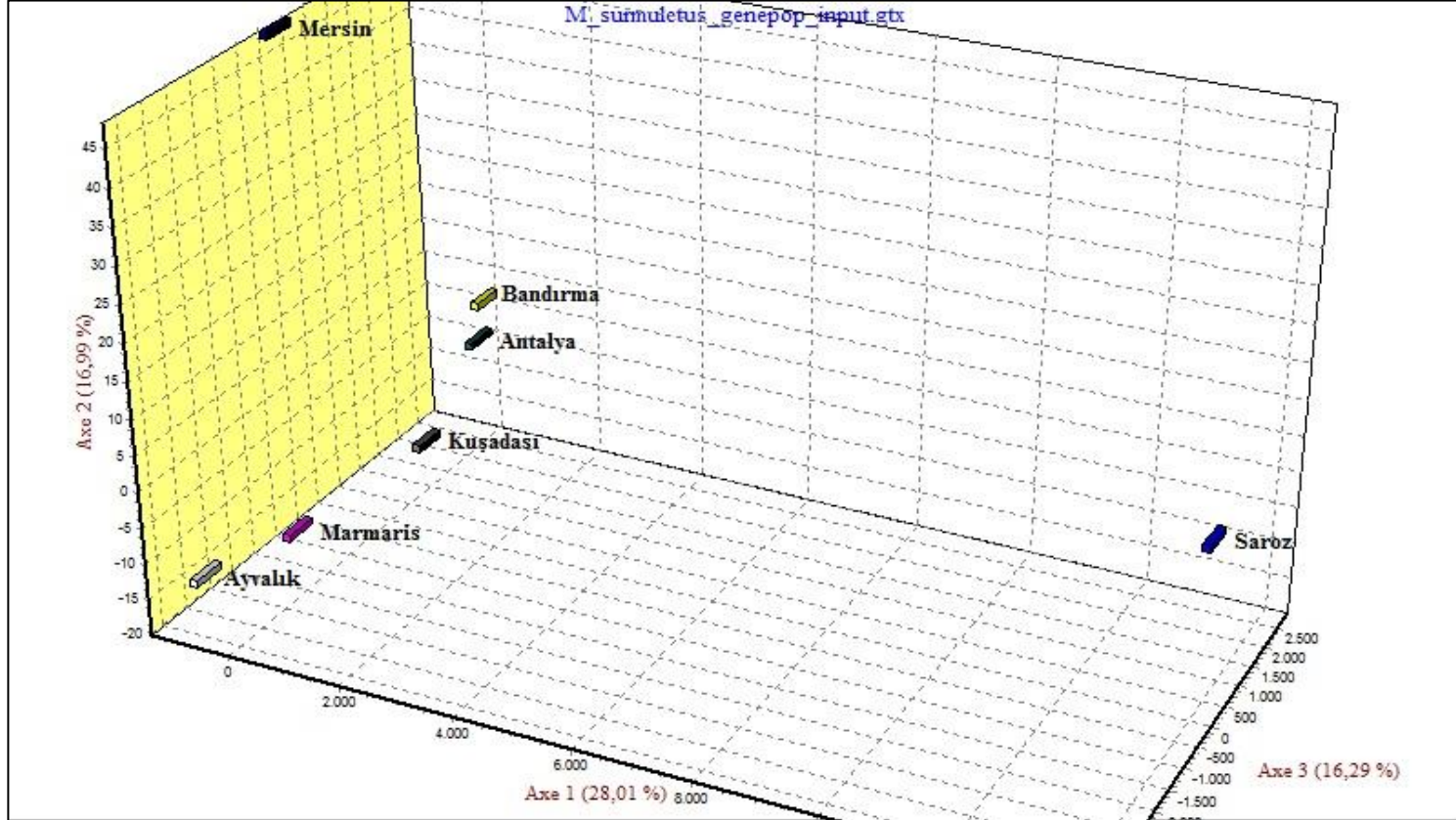
Örnekleme büyüklüğünün FCA analizi sonuçlarına etki edip etmediğini saptamak için Saroz Körfezi örnekleri hariç tutularak FCA analizi gerçekleştirildi (Şekil 4.8). Buna göre yapılmış analiz sonuçlarının, şekil 4.7'nin betimlediği genetik farklılıklarla örtüştüğü saptandı.

Nei'nin (1978) genetik uzaklık metoduna dayalı olarak oluşturulmuş UPGMA ağacı, populasyonların coğrafik yayılışlarıyla tam olarak örtüşmeyen bir topoloji sergilemiştir (Şekil 4.9). Önceki analizlere uygun olarak Saroz Körfezi örneklerinin genetik olarak farklı olduğu %100 dal ayrımıyla belirlendi. Mersin %85 dal ayrımıyla Ege ve Antalya örneklerinden farklı olduğu görülmektedir. Bandırma ve Antalya örnekleri önceki analizlerle örtüşecek şekilde bir kladı, Ayvalık, Kuşadası ve Marmaris örnekleri diğer bir kladı oluşturmaktadır. Populasyonlar arasındaki F_{ST} genetik uzaklık değerleri ve UPGMA ağaç topolojisi populasyonların coğrafik yayılışlarıyla tam olarak örtüşmemektedir.

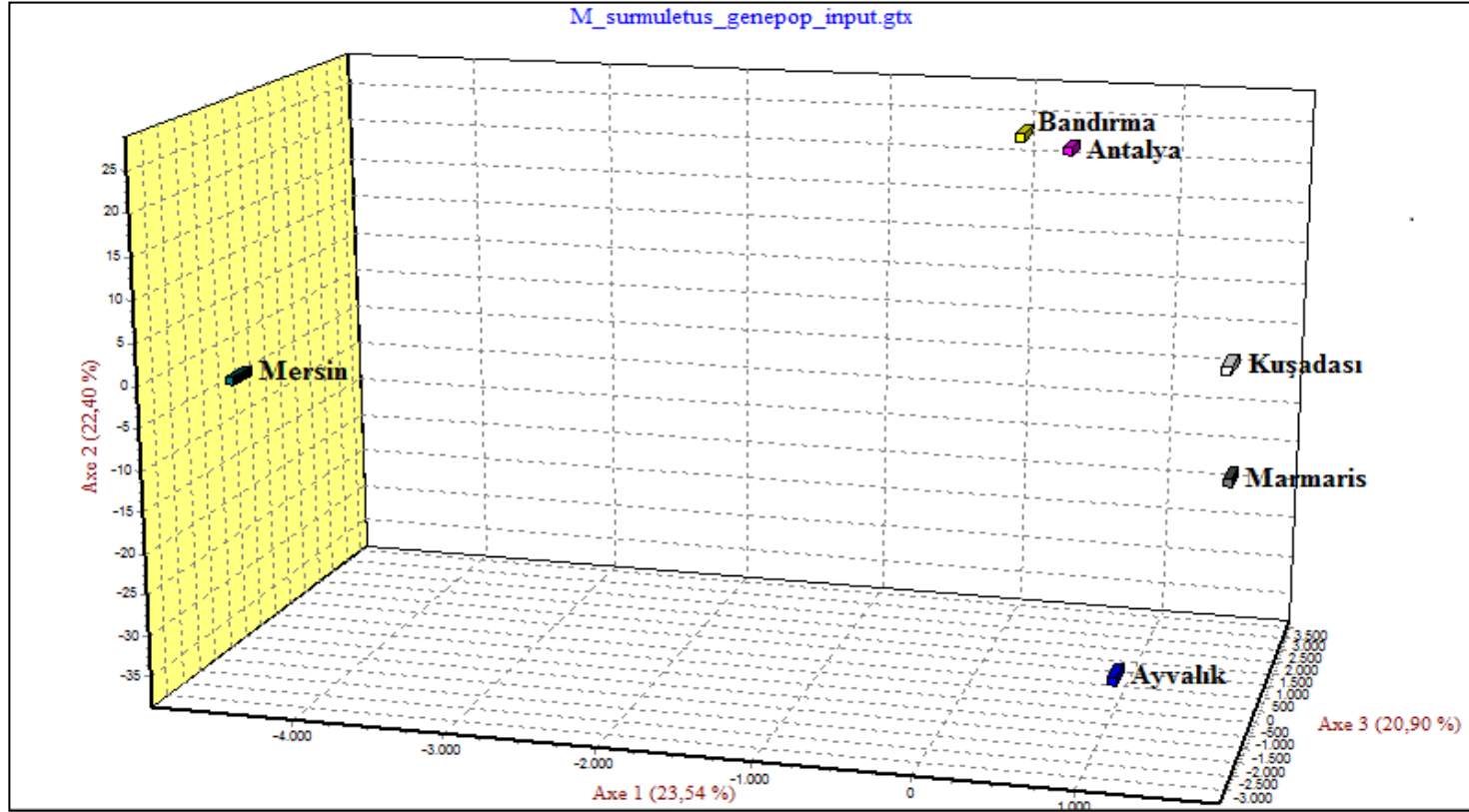
Tekir populasyonları genetik yapılanmalarını ve bu yapılanmanın coğrafik olarak nasıl dağılım sergilediğini ortaya koymak amacıyla Bayesian kümeleme metodu kullanılarak analiz gerçekleştirildi. (Şekil 4.10). Analiz sonucunda K değerinin 3 (1. grup, Kırmızı; 2. grup, Yeşil; 3. grup Mavi) olduğu saptandı ($\Delta K_2= 2,060$; $\Delta K_3=3,67$; $\Delta K_4=2,20$). Tekir bireylerinin ve populasyonlarının 3 grup içerisinde nasıl bir genetik örüntü sergilediği Şekil 4.10'da gösterildi. Bar grafikte dikey eksen bireylerin genotiplerinin hangi genetik kümeyi barındırdığını ve yatay eksen her bir çizgi bir bireyi temsil etmektedir. Analiz sonucunda populasyonların coğrafik dağılımlarıyla ilişkili kesin bir ayrımla gözlenen genetik yapılanma saptanmadı. Ayvalık açıklarından örneklenmiş tekir bireylerinden başlayarak, Ege ve Akdeniz tekirlerinin 2. grubu temsil eden yeşil sütunların bolluğuyla orantılı bir şekilde, genetik yapılarının Marmara Denizi tekirlerinden farklı olduğu görülmektedir. Muhtemelen atasal genotiplerden oluşan 1. grup (kırmızı) tüm örneklerde homojen olarak bulunmaktadır. Akdeniz 3. grup (mavi ile gösterilen) genetik yapı bakımından diğer denizlere oranla daha nadir olduğu söylenebilir.



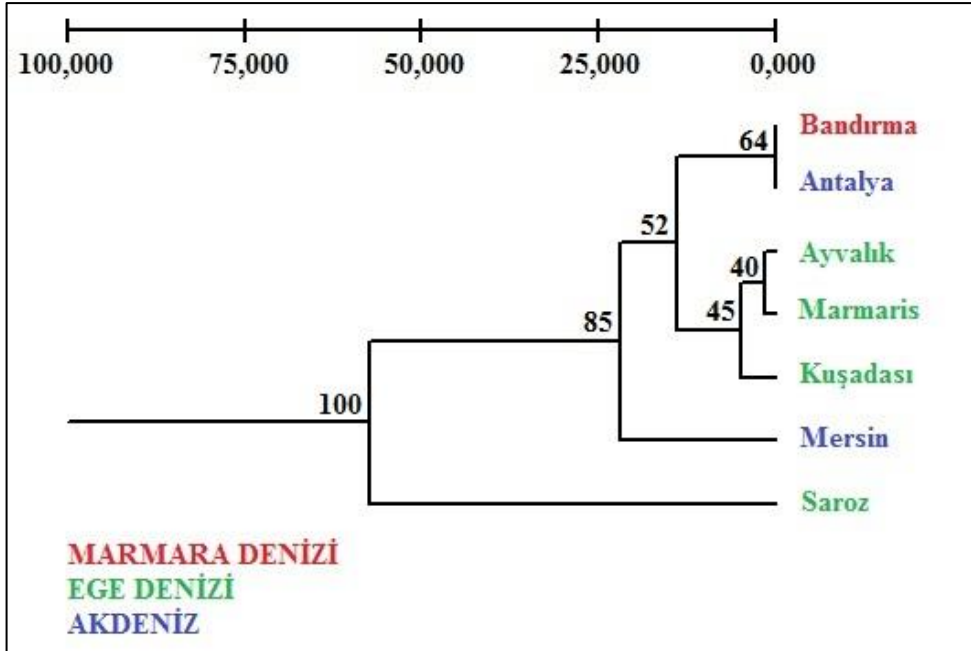
Şekil 4.6. Türkiye kıyılarından örneklenen 247 tekir bireyi arasındaki ilişkiyi gösteren FCA sonuçları. Kuşadası, gri; Antalya, koyu mavi; Saroz, mavi; Mersin, lacivert; Ayvalık, beyaz; Bandırma, sarı; Marmaris, pembe.



Şekil 4.7. Türkiye kıyılarından 7 bölgeden örneklenen tekir populusyonları arasındaki ilişkiyi gösteren FCA sonuçları

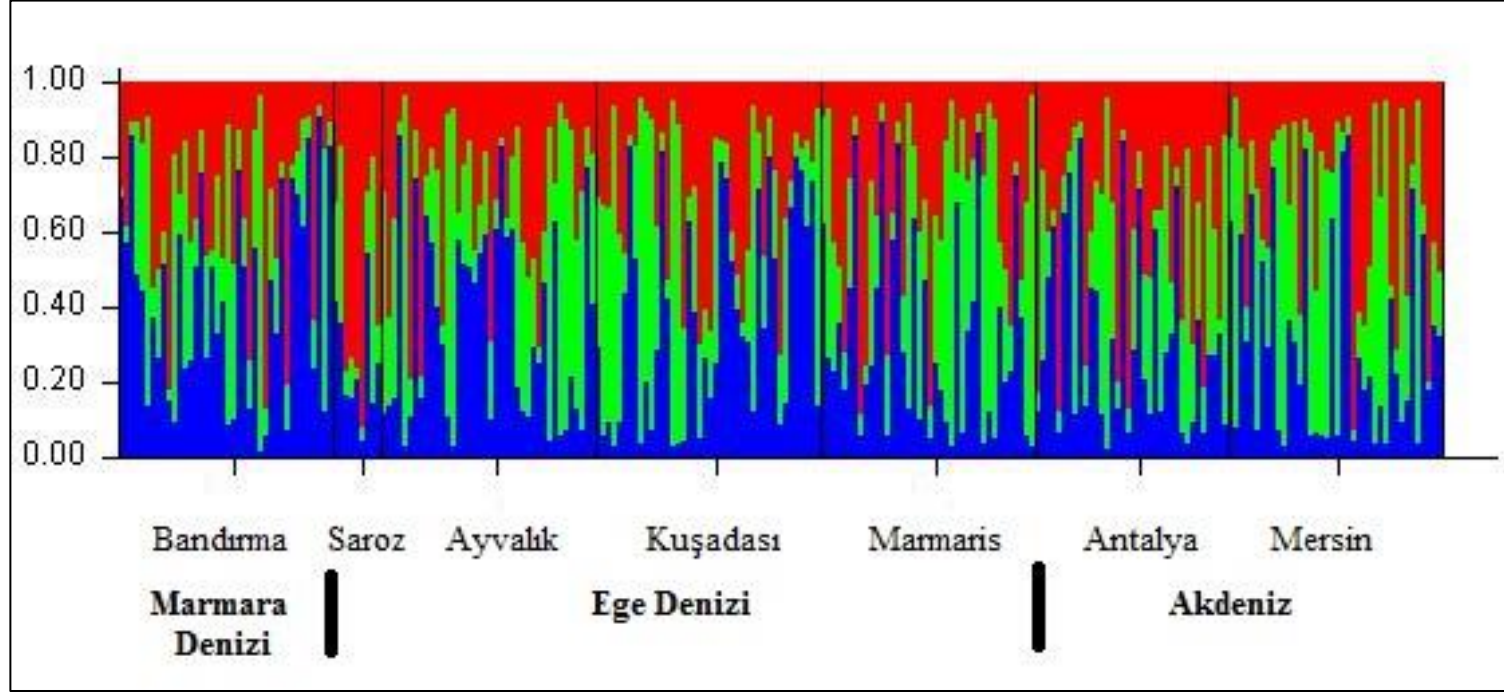


Şekil 4.8. Saroz Körfezi hariç tutularak yapılmış tekir populasyonları arasındaki ilişkiyi gösteren FCA



Şekil 4.9. Nei (1978) uzaklık metoduna dayalı olarak çizilmiş UPGMA ağacı (Bootstrap 10000).

Tespit edilen farklılaşmayı gruplandırmak ya da başka bir ifadeyle farklılığın hangi gruplardan kaynaklandığını anlamak için populasyonlar 8 alternatif gruba ayrılarak AMOVA analizi gerçekleştirildi (Çizelge 4.9). FCA'ya göre gruplandırılmış 6. gruplandırmanın AMOVA analizi (Ban, Ayv, Kuş Mar, Ant / Sar / Mer) dışında hiçbir gruplandırmada gruplar arasında anlamlı bir genetik varyasyon saptanmadı. Bunun yanı sıra yine F_{ST} 'ye dayalı olarak yapılmış 2. 4. ve 5. gruplandırmada populasyonlar arasında çeşitlilik anlamlı bulundu ($p < 0,05$).



Şekil 4.10. Türkiye denizlerinde yayılış gösteren tekir türünün mikrosatellit analizi sonucu elde edilen populasyon yapılanması. Her bir renk bir genetik grubu (Kırmızı, Yeşil, Mavi), dikey eksen benzerlik durumunu, yatay ekseninde her bir çizgi bir bireyi temsil etmektedir.

Çizelge 4.9. Mikrosatellit DNA genotip verileri kullanılarak gerçekleştirilmiş AMOVA analizinde alternatif gruplandırmalar yapılarak hesaplanmış fiksasyon indeksleri

Gruplandırma		Va	Vb	F _{ST}	F _{SC}	F _{CT}
1. Ban / Sar, Ayv, Kuş, Mar / Ant, Mer	FST	0,15	0,38	0,00524	0,00378	0,00146
	RST	-0,59	1,25	0,00657	0,01243	-0,00594
2. Ban, Sar, Ayv / Kuş, Mar / Ant, Mer	FST	-0,23	0,67	0,00433	0,00664	-0,00233
	RST	-0,45	1,18	0,00735	0,01176	-0,00447
3. Ban / Sar, Ayv, Kuş / Mar, Ant / Mer	FST	0,10	0,39	0,00497	0,00394	0,00104
	RST	-0,76	1,48	0,00715	0,01468	-0,00764
4. Ban, Sar, Ayv, Kuş / Mar, Ant, Mer	FST	-0,17	0,58	0,00411	0,00583	-0,00172
	RST	-0,40	1,07	0,00666	0,01062	-0,00400
5. Ban, Sar, Ayv / Kuş, Mar, Ant, Mer	FST	-0,26	0,62	0,00364	0,00623	-0,00261
	RST	-0,15	0,91	0,00762	0,00908	-0,00147
6. Ban, Ayv, Kuş Mar, Ant / Sar / Mer	FST	0,57	0,26	0,00829	0,00257	0,00573
	RST	0,60	0,59	0,01192	0,00593	0,00603
7. Ban / Sar / Ayv, Kuş Mar, Ant / Mer	FST	0,52	0,15	0,00670	0,00149	0,00522
	RST	0,11	0,76	0,00869	0,00757	0,00113
8. Ban / Sar / Ayv, Kuş Mar / Ant, Mer	FST	0,32	0,24	0,00561	0,00242	0,00319
	RST	0,30	0,60	0,00902	0,00606	0,00297

Koyu rakamlar $p < 0.05$; F_{ST}, Populasyon içi; F_{SC}, Grup içi Populasyonlar arası; F_{CT}, Gruplar arası; Va, Gruplar arası varyasyon yüzdesi; Vb, Grup içi Populasyonlar arası varyasyon yüzdesi

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Tez çalışması kapsamında ülkemiz denizlerini temsil eden 7 farklı bölgeden (Marmara Denizi'nden 1, Ege Denizi'nden 4, Akdeniz'den 2 bölgeden) elde edilen tekir türünün mtDNA kontrol bölgesi dizileri ve mikrosatellit genotip verileri analiz edildi. Tez çalışmasının öneri aşamasında Karadeniz'den (Zonguldak, Samsun ve Trabzon) 3 bölgeden örnekleme yapılması planlanmıştı. Ancak tez çalışması kapsamında Karadeniz'i temsil etmek için 2 sezon boyunca arazi çalışması yapılmasına rağmen, Tekir örnekleme yapılamamıştır. Karadeniz'de yapılan arazi çalışmaları sırasında yerel balıkçılarla yapılan görüşmelerde tekir türünün Karadeniz'de olmadığı ifade edilmiştir. TUIK verileri ise Karadeniz'de 2007 yılından bu yana artan tonajlarda tekir avcılığı yapıldığını göstermektedir (Tablo 3). Morfolojik karakterlerinin benzemesinden dolayı tekir türü kardeş türü olan barbun ile sıklıkla karıştırılmaktadır. Barbunun Türkiye'de yasal avlanma boyu 13 cm iken, tekirin 11 cm olarak belirlenmiştir. Bu durum tekir olarak istatistiki verilere işlenen avcılık miktarının büyük bir kısmının aslında barbun olabileceğine işaret etmektedir. Yerel balıkçılar, türlerin taksonomik durumlarına dikkat etmeksizin avlanan küçük balıkları tekir, daha büyük balıkları ise barbun olarak isimlendirmektedir. Literatürde, Karadeniz'de tekir türünün varlığı belirtilmiş olsa da, Karadeniz kıyılarında insan etkisiyle oluşmuş habitat kaybı nedeniyle kayalık alanlarda yaşayan tekir türünün Karadeniz'de çok nadir olduğu ve sayılarının azaldığı sonucu çıkarılabilir.

Tez kapsamında örneklenen 241 adet tekir bireyinin 407 bç uzunluğundaki mtDNA kontrol bölgesinin analizi gerçekleştirildi. Toplam 170 haplotipin temsil ettiği haplotip çeşitliliği 0,99 değeriyle yüksek bulunmuştur. Bu sonuç dünya denizlerinde yaşayan diğer Mullidae ailesinin üyeleriyle karşılaştırılacak olunursa; 2013 yılında yapılan bir çalışmada *Mulloidichthys* cinsi arasındaki filogenetik ilişki, mtDNA ATPase-6, ATPase-8 genlerinin ve kontrol bölgesinin dizi analizi aracılığıyla incelenmiştir (Lessios ve Robertson, 2013). Bu araştırma sonuçlarına göre haplotip sayıları tekir ile benzer bulunmuşken, nükleotit çeşitlilik değerlerinin ise daha düşük olduğu tespit edilmiştir. Araştırmacıların örnekledikleri 186 bireyde kontrol bölgesi için 168 haplotip bulmuşlar ve nükleotit çeşitliliği ise çalışılan 3 gen bölgesi için ortalama yaklaşık 0,01 değerinde olduğunu bildirmişlerdir (Lessios ve Robertson, 2013). Bu tez çalışmasında ise nükleotit çeşitlilik ortalaması 0,02 olarak bulunmuştur.

Nükleotit çeşitliliklerine göre farklı denizlerden örneklenen tekir bireylerinin genetik çeşitlilik seviyeleri değerlendirildiğinde, Marmara Denizi ve Ege Denizi tekirlerinin benzer (π : 0,027) Akdeniz tekirlerinin ise diğer denizlere oranla daha düşük (0,026) bir genetik çeşitlilik barındırdığı saptanmıştır. Akdeniz’de tekir avcılığının diğer denizlere göre daha az yapılmasına karşın (Çizelge 1.2), bu farkın açıklaması egzotik türlerin besin ve habitat rekabeti veya av-avcı baskısı ile ilişkilendirilebilir. Süveyş Kanalı 1869 yılında açılarak Kızıldeniz ile Akdeniz arasında bir bağlantı sağlanmıştır. Bunun sonucunda Kızıldeniz’den Akdeniz’e egzotik türlerin göçü başlamıştır. Bu türlerin %13,2’sini balık türleri oluşturmaktadır (Golani, 1996). Egzotik türlerin bazıları (özellikle demersal türler; Gücü vd., 2010) yeni ortama hızlıca uyum sağlayabilir ve sayıları hızla artabilmektedir. Örneğin diğer bir Mullidae türü olan Kızıldeniz göçmeni *Upeneus pori*, 1957 yılında Akdeniz’de avlanan Mullidae türlerinin % 83’ünü oluşturduğu saptanmıştır (Ben-Yami ve Glaser, 1974). Bu durum yerel türler üzerinde olumsuz etkiler göstermiş olabilir. Örneğin Kızıldeniz göçmeni *U. moluccensis* ve *U. pori*’nin Akdeniz’e yerleşmesinin ardından; yerli barbun ve tekir av miktarlarında değişimlere neden olduğu saptanmıştır. Ayrıca yapılan çalışmalarda Synodontidae familyasına ait olan Kızıldeniz göçmeni demersal tür olan *Saurida undosquamis*’in Mullus türleri üzerinde predatör etkisi olduğu rapor edilmiştir (Ben-Yami ve Glaser, 1974; Mavruk ve Avşar, 2007). Bununla birlikte, yapılan arazi çalışmalarında ülkemizde tekir ve barbunun balıkçılar ve hatta pek çok balıkçılıkla ilgili olan görevliler tarafından iyi ayırt edilemediği ve bu konuda bir karmaşa olduğu gözlenmiştir. Bu nedenle bu karmaşanın TUIK verilerine de yansdığı kanısına varılabilir. Arazi çalışmaları sırasında tekir en fazla Akdeniz ve güney Ege Denizi’nden avlandığı görülmüştür. Her ne kadar TUIK (2015) verileri özellikle Karadeniz bölgesinden önemli miktarda tekir avcılığı yapıldığını gösteriyorsa da, bu çalışma için yapılan arazi çalışmalarında Karadeniz’den tekir örneği bulunamamıştır.

Farklı demersal balıklarda mtDNA kontrol bölgesi için hesaplanan haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri çizelge 5.1’de özetlenmiştir. Buna göre tekir türünün haplotip çeşitliliği *M. barbatus*, *Helicolenus dactylopterus*, *Pagrus pagrus* türleriyle birlikte yüksek bulunmuştur. Nükleotit çeşitlilik değerleri ise diğer farklı familyalardaki demersal balıklara göre yüksek olduğu görülmektedir.

Çizelge 5.1. Farklı demersal balıklarda mtDNA kontrol bölgesi haplotip ve nükleotit çeşitliliği

Tür	<i>h</i>	π	Coğrafik Bölge	Referans
<i>M. barbatus</i>	0,94	0,012	Türkiye denizleri	Mevcut çalışma
<i>M. surmuletus</i>	0,99	0,026	Türkiye denizleri	Mevcut çalışma
<i>Merluccius paradoxus</i>	0,53	0,0014	Güney Afrika	Heyden vd., 2010
<i>Lophius piscatorius</i>	0,77	0,0075	Akdeniz	Charrier vd., 2006
<i>Helicolenus dactylopterus</i>	0,911-1,000	0,006-0,033	Atlantik	Aboim vd., 2005
<i>Solea vulgaris</i>	0,271-0,931	0,002-0,011	İtalya	Guarnieo vd., 2002
<i>Lophius budegassa</i>	0,88	0,0085	Akdeniz	Charrier vd., 2006
<i>Pagrus pagrus</i>	0,99	0,0011	Atlantik	Ball vd., 2007

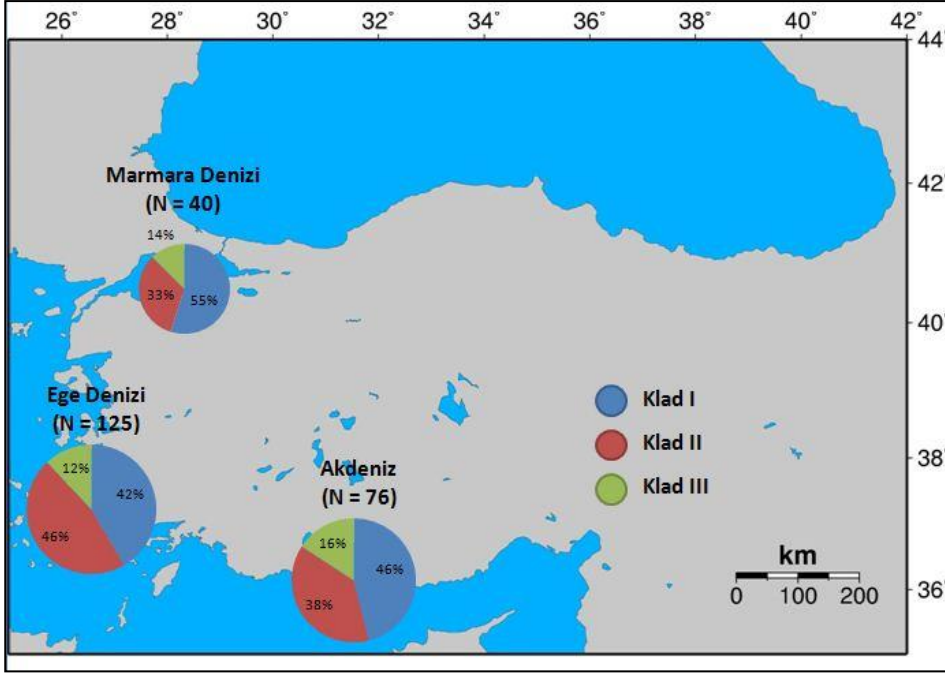
Mitokondri DNA verilerinin analiziyle tekir türünün populasyonlarının arasındaki genetik farklılıklar değerlendirildiğinde F_{ST} değerlerine göre Marmara Denizi, Ege Denizi ve Akdeniz olarak denizler arasında anlamlı bir farklılık bulunmamıştır. Ancak populasyonlar düzeyinde ise Mersin – Saroz Körfezi ve Mersin - Antalya arasında genetik olarak bir farklılık olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.3). Bu sonuçlar PCA analiziyle de doğrulanmıştır (Şekil 4.1). Tekir türünün genetik ilişkisini ortaya koymak için iki eksenli analiz sonucunda, Kuşadası, Marmaris, Ayvalık bir grup, Mersin, Bandırma, Saroz ve Antalya ayrı birer grup olarak ortaya çıkmaktadır.

Ülkemiz denizlerinde tekir türünün genetik yapılanmasını ortaya koyabilmek için, mtDNA kontrol bölgesi dizi verileri kullanılarak AMOVA analizi gerçekleştirilmiştir. Alternatif gruplandırılmalar yapılarak oluşturulmuş analiz sonucunda PCA'ya (Şekil 4.1) göre gerçekleştirilen gruplar arasında istatistiki olarak anlamlı bir varyasyon olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.5; F_{CT} : 0,02677, $p < 0,05$). Ayvalık, Kuşadası ve Marmaris populasyonları genetik olarak benzer bir gruptur. Diğer populasyonların ise belli bir genetik yapılanma sergilediği görülmüştür. Ege Denizi'nde Saroz Körfezi tekirleri genetik olarak diğerlerinden farklılık göstermektedir. Akdeniz'de ise Mersin ve Antalya populasyonları arasında genetik farklılıklar nispeten yüksek bulunmuştur. Marmara Denizi tekirlerinin de genetik olarak farklı bir grup olduğu söylenebilir. Keskin ve Can (2009) yaptıkları çalışmada, mtDNA 12S rDNA, sitokrom b ve sitokrom oksidaz II genlerini kullanarak Türkiye kıyılarında yayılış gösteren barbun ve tekir populasyonlarının ve Akdeniz'den örneklenen *Upeneus pori* ve *U. moluccensis* türlerinin filogenetik ilişkilerini incelemiştir. Çalışma sonucunda oluşturulan filogenetik ağaçta

Akdeniz tekirlerinin diğer denizlere göre farklı oldukları, Ege Denizi, Marmara Denizi ve Karadeniz örneklerinin ise ortak bir klad oluşturduklarını saptamışlardır. Ancak araştırmacıların kullandıkları gen bölgeleri daha çok tür düzeyinde farklılıkları ortaya koymada kullanışlı olmasından dolayı, Marmara Denizi, Ege Denizi ve Karadeniz popülasyonlarının ayırımında yetersiz kaldığı söylenebilir.

mtDNA kontrol bölgesi dizileri kullanılarak NJ ağacı oluşturulmuş ve haplotipler arasındaki mutasyonel ilişkiyi gözlemlemek için network analizi gerçekleştirilmiştir. Bu iki farklı analiz sonucunda da bu projede I, II ve III olarak isimlendirilen 3 ayrı klad olduğu saptanmıştır. Klad I %20 Marmara, %48 Ege, %32 Akdeniz örneklerine ait haplotipleri; Klad II %13 Marmara, %58 Ege, %29 Akdeniz örneklerine ait haplotipleri, Klad III %16 Marmara, %47 Ege, %38 Akdeniz örneklerine ait haplotipleri barındırmaktadır (Şekil 4.4). Bu kladların coğrafik bölgelere göre nasıl bir dağılım sergilediği Şekil 5.1'de harita üzerinde gösterilmiştir. Bu sonuçlara göre Marmara Denizi'nde Klad I %55, Klad II %33, Klad III %14 oranında; Ege Denizi'nde Klad I %42, Klad II %46, Klad III %12 oranında; Akdeniz'de Klad I %46, Klad II %38, Klad III %16 oranında bulunmaktadır. Tekir balığında Klad I ve II haplotiplerinin daha yaygın soylar olduğu görülmektedir. Klad III'ün tüm denizlerde en az oranda bulunan sonradan türemiş bir soy olduğu çıkarılabilir. III Kladının Klad I'den köken alan birden çok mutasyonel adımla oluştuğu saptanmıştır (Şekil 4.4). Belirlenen bu haplotip soylarının coğrafik bölgeler arasında homojen bir dağılım sergilediği söylenebilir.

Nötralite testi sonucunda Tajima D testi sonuçları anlamlı çıkmamıştır. Ancak popülasyon büyümesini ortaya koymada daha etkili yöntem olan Fu'nun F_s testi sonucunda Saroz Körfezi hariç diğer tüm popülasyonlarda ve ortalama F_s değerlerinde negatif anlamlı sonuçlar elde edildi. Bu sonuçlar tekir popülasyonlarının darboğaz sonrasında genişleme gösterdiğine işaret etmektedir (Çizelge 4.6).



Şekil 5.1. Denizlere göre haplotip kladlarının dağılım oranlarının harita üzerinde gösterimi

Gerçekleştirilen çalışmada 247 örneğin 14 adet mikrosatellit lokusunun genotip verileri kullanılarak, Marmara, Ege ve Akdeniz'de yayılış gösteren tekir popülasyonlarının genetik yapısı belirlenmeye çalışılmıştır.

Mikrosatellit genotip verileri ışığında genetik çeşitliliğin yüksek olduğu tespit edilmiştir. Akdeniz ve Atlantik Okyanusu tekirleri üzerinde yapılan diğer çalışmalarda benzer şekilde yüksek derecede genetik varyasyon olduğu saptanmıştır (Felix-Hackradt vd., 2013; Galarza vd., 2009). Türkiye denizlerinden çalışmaya dahil edilen tüm tekir popülasyonlarının varyasyon derecesinin barbuna göre düşük değerde (F_{ST} : 0,005; $p < 0,05$) olduğu saptanmıştır. İtalya ve Sicilya kıyılarından örneklen barbun bireylerinde 6 mikrosatellit lokusu analiz edilmiş ve analiz sonucunda tüm popülasyonlarda gözlenen varyasyonun derecesi (F_{ST} : 0,003; $p < 0,001$) Türkiye tekirlerinden (F_{ST} : 0,005; $p < 0,05$) daha düşük bulunmuştur (Maggio vd. 2009). Felix-Hackradt vd., (2013)'nin yaptıkları çalışmada İspanya kıyılarında yayılış gösteren tekirlerin varyasyon derecesi ise kıyılarımızda bulunan tekirlere göre daha yüksek olduğu görülmektedir (F_{ST} : 0,033; $p < 0,05$). Farklı çalışmalarda ve bu çalışmada kullanılan mikrosatellit verilerinin karşılaştırması Çizelge 5.2'de özetlenmiştir. Farklı denizlerde yayılış gösteren tekirlerin alel

sayıları değerlendirildiğinde, alel sayılarının gerçekleştirilen çalışmayla benzer olduğu bulunmuştur. Heterozigotluk değerleri göz önüne alındığında, Türkiye denizlerinde yayılış gösteren tekirin genetik çeşitlilik değerlerinin diğer denizlere göre düşük olduğu görülmektedir. Mbar133, Mbar130, Mbar55, Mbar63 ve Mbar46 lokuslarının heterozigotluk değerleri, Akdeniz, Atlantik ve İspanya tekirlerine göre düşüktür (Çizelge 5.2). Bunun yanı sıra bu çalışmada kullanılan Mbar14 lokusu İspanya popülasyonları ile benzer, Atlantik ve Akdeniz popülasyonlarına göre yüksek heterozigotluk değerlerine sahipken, Mbar11 lokusu ise yine İspanya tekirleriyle benzer, Atlantik ve Akdeniz popülasyonlarına göre düşük heterozigotluk değerlerinde olduğu görülmektedir (Çizelge 5.2).

Çizelge 5.2. Farklı denizlerde yayılış gösteren tekirlerde mikrosatellit lokuslarının en düşük ve en yüksek aralıktaki alel büyüklükleri, gözlenen heterozigotluk değerleri ve alel sayıları

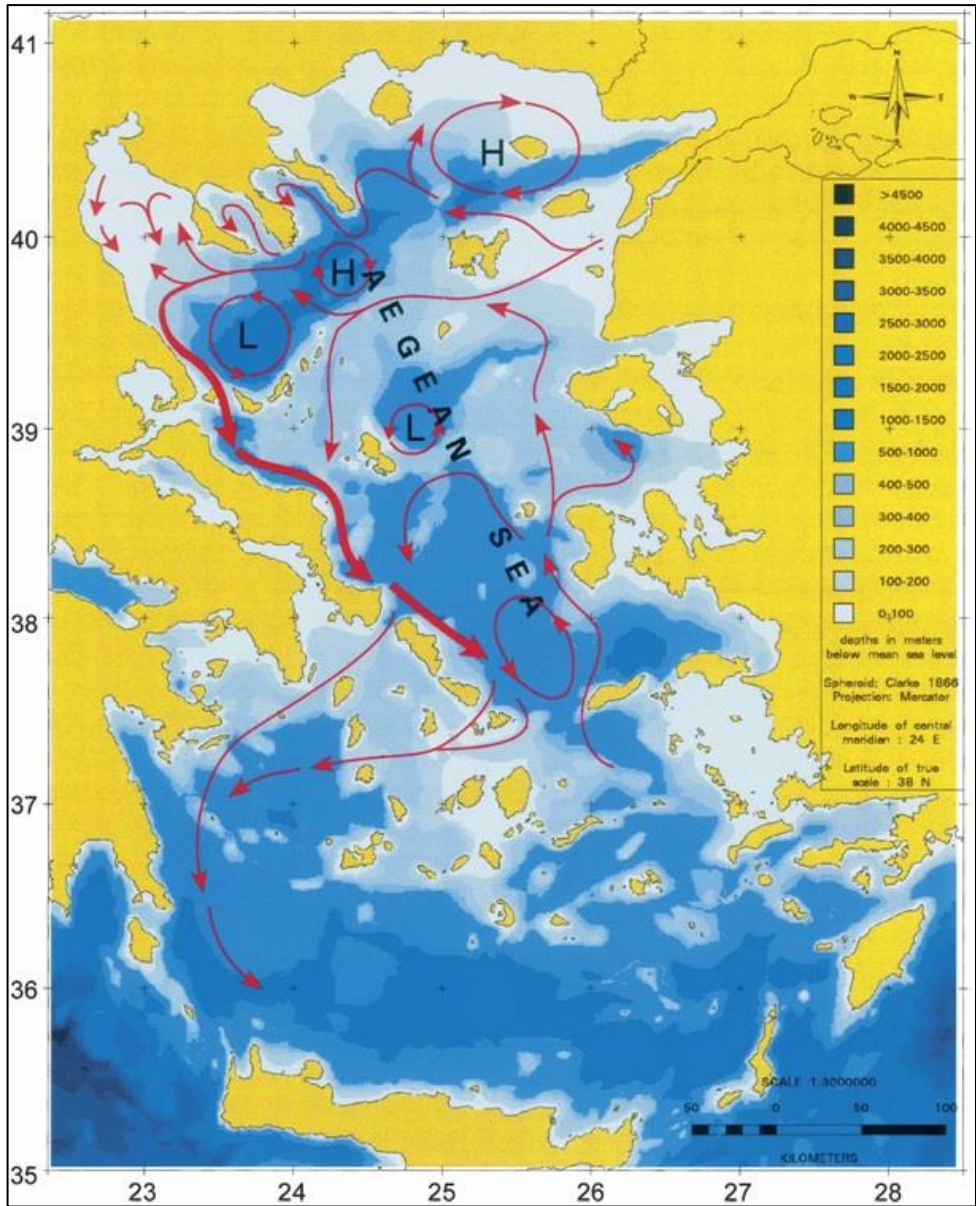
Lokuslar		Mevcut Çalışma	Akdeniz – Atlantik ^{a, b}	İspanya ^c
Mbar3	Ab	112-130	115-145	-
	Ho	0,300-0,575	0,253-0,540	0,265-0,594
	As	4-8	5-8	5-8
Mbar11	Ab	158-228	162-208	-
	Ho	0,432-0,650	0,713-0,889	0,444-0,731
	As	6-25	11-21	9-18
Mbar14	Ab	181-253	193-235	-
	Ho	0,778-0,950	0,278-0,780	0,857-0,970
	As	6-20	3-20	17-24
Mbar46	Ab	227-249	236-244	-
	Ho	0,222-0,625	0,484-0,869	0,429-0,545
	As	3-6	4-6	4-6
Mbar63	Ab	268-330	269-327	-
	Ho	0,556-0,750	0,620-0,909	0,733-0,909
	As	10-17	13-18	11-17
Mbar55	Ab	136-168	142-166	-
	Ho	0,333-0,786	0,653-0,760	0,606-0,765
	As	4-9	6-10	5-8
Mbar130	Ab	181-221	185-217	-
	Ho	0,175-0,333	0,714-0,869	0,524-0,737
	As	6-15	8-19	12-18
Mbar132	Ab	114-150	118-136	-
	Ho	0,675-0,889	0,714-0,846	0,690-0,833
	As	7-12	9-12	9-12
Mbar133	Ab	227-265	230-268	-
	Ho	0,333-0,556	0,780-0,895	0,714-0,767
	As	7-13	10-21	11-14

Ab: Alel Büyüklüğü; Ho: Gözlenen heterozigotluk; As: Alel sayısı; a: alel büyüklükleri Galarza vd., 2007; b: heterozigotluk değerleri ve alel sayıları Galarza vd., 2009; c: Felix-Hackradt vd., 2013; Akdeniz: Kanarya adaları, Conil, Cabo de Gata, Herradura, Mallorca, Blanes, İtalya, Porticello, Syracuse, Yunanistan, Türkiye

Mikrosatellit DNA analizi sonucunda alel sayıları baz alınarak denizlere göre genetik çeşitlilik düzeyleri karşılaştırıldığında Marmara Denizi'ndeki tekir popülasyonunun (11,6) Akdeniz'dekilerle benzer (11,7), Ege Denizi'ne (9,9) göre daha fazla genetik çeşitlilik barındırdığı gözlenmiştir. Tekir erginleri genellikle maksimum 100 m derinlikte kayalık zeminde yaşayan demersal bir türdür. Tekir erginlerin Ege Denizi'nin engebeli dip yapısından dolayı daha kısıtlı bir yayılış alanı olması neticesinde oluşan Wahlund etkisi (Wahlund, 1928), genetik çeşitlilikte azalmaya neden olmuş olabilir. Wahlund etkisi genetik olarak farklı alt popülasyonlar arasında farklı alellerin sıklığının artmasıyla ortalama heterozigotluk değerlerinin düşmesi durumudur (Johnson ve Black, 1984).

Tekir popülasyonları arasındaki genetik uzaklık değerleri Saroz Körfezi örneklerinin Ege Denizi'ndeki diğer popülasyonlara göre farklı bir genetik grup olduğunu göstermiştir. Çanakkale Boğazı çıkışındaki akıntıların Saroz Körfezi ile Güney Ege arasında bir bariyer oluşturması (Şekil 5.2) buradaki popülasyonların izole olarak nispeten farklı bir genetik yapı sergilemesine neden olduğu düşünülebilir. UPGMA ve FCA analizi sonuçları dikkate alınarak yapılan gruplar için AMOVA analizi yapıldı. AMOVA sonucu Saroz ve Mersin örneklerinin genetik olarak farklı popülasyonlar olduğunu desteklemiştir (Çizelge 4.9). FCA analizine göre Marmara Denizi örneklerinin genetik olarak Ege Denizi örneklerinden farklı olduğu görülse de, AMOVA analizi bunu desteklememiştir.

Tekir popülasyonlarının genetik yapılanmasını ortaya koymak için ayrıca bayesian kümeleme metodu kullanılarak STRUCTURE programında analiz gerçekleştirilmiştir. Buna göre ΔK metoduyla saptanan en yüksek K değerinin 3 olduğu belirlendi. (Şekil 4.10). Saptanan genetik örüntü tekirin coğrafik dağılımı ile ilişkili olmadığı görülmüştür. Mikrosatellit verilerine dayanarak tekirdeki bu homojen genetik yapı başka çalışmalarda da saptanmıştır. Felix-Hackradt vd. (2013) İspanya'nın Akdeniz kıyılarından örnekledikleri tekirlerin mikrosatellit genotip verilerini kullanarak yaptıkları STRUCTURE analizi sonucunda $K = 5$ olduğunu saptamışlardır. Araştırmacılar Javea ve Valencia örneklerinin yoğunlukla tek bir genetik grubu barındırdığını, diğer tekir popülasyonlarının ise 5 genetik grubun farklı bölgelerden olan bireylerin oluşturduğu bir karışım olduğunu ileri sürmüşlerdir.



Şekil 5.2. Ege Denizi derinlik haritası ve genel su sirkülasyonu şeması (Olson vd., 2006)

Gerçekleştirilen tez çalışmasında tekirin genetik yapısının incelenmesi ile elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir

1. mtDNA ve mikrosatellit DNA verilerinin analizi sonucunda genetik çeşitlilik seviyesi yüksek bulunmuştur.

2. Ege Denizi'nde mtDNA ve çekirdek DNA verilerinin ışığında Saroz Körfezi örneklerini farklı bir genetik grup, diğer populasyonları ise (Ayvalık, Kuşadası, Marmaris) genetik olarak benzer bir grup oluşturduğu saptanmıştır.

3. Akdeniz tekirleri değerlendirildiğinde, Mersin ve Antalya'dan örneklenen populasyonların hem mtDNA hem de mikrosatellit DNA analizi sonucunda genetik olarak farklı bir yapılanma sergiledikleri saptanmıştır.

4. Genetik çeşitlilik mtDNA verilerine göre en düşük Akdeniz'de bulunmuşken, mikrosatellit DNA verilerine göre ise Ege Denizi'nde düşük bir çeşitlilik olduğu saptanmıştır. Mitokondri DNA ve Mikrosatellit belirteçlerinin farklı hızda evrilmesi ve belirteçler üzerine farklı seçim baskısı oluşabilmesi, bu belirteçler kullanılarak saptanan genetik ilişkinin ve genetik çeşitliliğin farklı olmasında etkilidir.

Gerçekleştirilen tez çalışması sonucunda tekir türünün populasyon genetik yapısıyla ilgili elde edilen veriler, avcılığı yapılan bu türün doğal ortamlarında sürdürülebilir bir şekilde yönetilmeleri açısından yararlı çıktılar sağlamıştır. Ekonomik olarak avcılığı yapılan tüm denizel canlıların sürdürülebilir olarak tüketilmesi için biyolojik, ekolojik ve genetik etmenlerin belirli aralıklarla belirlenmesi önemlidir. Bu çalışma sonuçlarında belirtilen genetik olarak farklılaşmış populasyonların, balıkçılık yönetiminde farklı stoklar olarak değerlendirilmesinin yararlı olacağına işaret etmektedir. Her bir stoğa özgü balıkçılık yönetim stratejilerinin geliştirilmesi, bu türlerin gelecekte sürdürülebilir olarak avlanması ve doğal stoklarının korunması açısından önemlidir.

KAYNAKLAR

- Aboim, M.A., Menezes, G.M., Schlitt, T., Rodgers, A.D., 2005. Genetic structure and history of populations of the deep-sea fish, *Helicolenus dactylopterus* (Delaroche, 1809) inferred from mtDNA sequence analysis. **Molecular Ecology**, 14: 1343–1354.
- Apostolidis, A.P., Mamuris, Z., Triantaphyllidis, C. 2001. Phylogenetic relationships among four species of Mullidae (Perciformes) inferred from DNA sequences of mitochondrial cytochrome b and 16S rRNA genes. **Biochemical Systematics and Ecology**, 29: 901–909.
- Apostolidis, A.P., Georgiadis, A., Karaiskou, N., Sandaltzopoulos, R. 2008. Reliable and rapid discrimination of congeneric species by mtDNA SNP analysis by multiplex PCR: application on three *Trachurus* and two *Mullus* fish species as model cases. **Hydrobiologia**, 614: 401–404.
- Apostolidis, A.P., Moutou, K., Stamatis, C., Mamuris, Z. 2009. Genetic structure of three marine fishes from the Gulf of Pagasitikos (Greece) based on allozymes, RAPD, and mtDNA RFLP markers. **Biologia**, 64: 1005–1010.
- Avise, J.C. 1994. *Molecular Markers. Natural History and Evolution*. New York: Chapman and Hall.
- Bagda, E., Bardakci, F., Turkozan, O. 2012. Lower genetic structuring in mitochondrial DNA than nuclear DNA among the nesting colonies of green turtles (*Chelonia mydas*) in the Mediterranean. **Biochemical Systematics and Ecology**, 43: 192-199.
- Ball, A.O., Beal, M.G., Chapman, R.W., Sedberry, G.R., 2007. Population structure of red porgy, *Pagrus pagrus*, in the Atlantic Ocean. **Marine Biology**, 150: 1321–1332.
- Bandelt H.J., Forster, P., Röhl, A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies, **Molecular Biology and Evolution**, 16: 37-48.

- Basaglia F., Callegarini, C. 1988. Biochemical characteristics of red mullet of the central Mediterranean. **Comparative Biochemistry and Physiology**, 89: 731–736.
- Bardakcı, F., Karataş, M. 2005. Moleküler belirteçler ve sistematikte kullanımı. Balık Biyolojisi Araştırma Yöntemleri. (Mehmet Karataş), Nobel Yayın Dağıtım, pp.421-458, Ankara.
- Başıbüyük, H.H., Bardakcı, F., Belshaw, R., Quicke, D.L.J. 2000. Phylogenetic Systematics, Sivas.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. 2004. Genetix 4.05, logiciel sous Windows pour la genetique des populations. Laboratoire Genome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Universite de Montpellier II, Montpellier, France.
- Ben-Yami, M., Glaser, T. 1974. The invasion of *Saurida undosquamis* (Richardson) into the Levant Basin – an example of biological effect of interoceanic canals. **Fisheries Bulletin**, 72: 359–373.
- Benzinou, A., Carbini, S., Nasreddine, K., Elleboode, R., Mahe, K. 2013. Discriminating stocks of striped red mullet (*Mullus surmuletus*) in the Northwest European seas using three automatic shape classification methods. **Fisheries Research**, 143: 153-160.
- Beşiktepe, Ş., Özsoy, E., Latif, M. A., Oğuz, T. 2000. Marmara Denizi'nin Hidrografisi ve Dolaşımı, **Marmara Denizi 2000 Sempozyumu**, (11-12 Kasım 2000), İstanbul.
- Bilecenoğlu, M., Kaya, M., Cihangir, B., Çiçek, E. 2014. An updated checklist of the marine fishes of Turkey. **Turkish Journal of Zoology**, 38: 901-929.
- Bingel, F., Avşar, D. 1988. Food items of *Saurida undosquamis* in the Northern Cilician Basin (Eastern Mediterranean). **Rapp. Comm. Int. Mer. Medit.**, 31: 9.

- Brooke, H.E. 1981. The conundrum of the stock concept are nature and nurture definable in fisheries sciences? **Canadian Journal of Fisheries Aquatic Science**, 38: 1479-1480.
- Brown, W.M., George, M., Wilson, A.C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 76: 1967-1971.
- Bustamante, C., Ovenden, J.R. 2014. The complete validated mitochondrial genome of the silver gemfish *Rexea solandri* (Cuvier, 1832) (Perciformes, Gempylidae). **Mitochondrial DNA**, Early Online, 1-2.
- Cammarata, M., Parrinello, N., Arculeo, M. 1991. Biochemical taxonomic differentiation between *Mullus barbatus* and *Mullus surmuletus* (Pisces, Mullidae). **Comparative Biochemistry and Physiology**, 99: 719–722.
- Carvalho, G.R., Hauser, L. 1994. Molecular-Genetics and the stock concept in fisheries. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, 4: 326-350.
- Charrier, G., Chenel, T., Durand, J.D., Girard, M., Quiniou, L., Laroche, J., 2006. Discrepancies in phylogeographical patterns of two European anglerfishes (*Lophius budegassa* and *Lophius piscatorius*). **Molecular Phylogenetic and Evolution**, 38: 742–754.
- Demirsoy, A. 2002. Genel Zoocağrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası “Hayvan Coğrafyası”. Genişletilmiş 5. Baskı, METEKSAN, Ankara.
- Dib, C., Fauré, S., Fizames, C., Samson, S., Drouot, N., Vignal, A., Millasseau, P., Marc, S., Kazan, J., Seboun, E., Lathrop, M., Gyapay, G., Morissette, J., Weissenbach, J. 1996. A comprehensive genetic map of the human genome based on 5,264 microsatellites. **Nature**, 380: 152-154.
- Drakopoulos, P.G., Lascaratos, A. 1999. Modelling the Mediterranean Sea: climatological forcing. **Journal of Marine Systems**, 20: 157-173.
- Egito, A.A., Paiva, S.R., Albuquerque, M.S.M., Mariante, A.S., Almeida, L.D., Castro, S.R., Grattapaglia, D. 2007. Microsatellite based genetic diversity

- and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. **BMC Genetics**, 8: 83.
- El-Geziry, T.M., Bryden, I.G. 2010. The circulation pattern in the Mediterranean Sea: issues for modeler consideration. **Journal of Operational Oceanography**, 3: 39-46.
- Eschmeyer, W.N., Fong, J.D. 2015. Species by family/subfamily in the Catalog of Fishes, California Academy of Sciences, [<http://www.calacademy.org/scientists/projects/catalog-of-fishes>], Erişim Tarihi: 01.03. 2015.
- Esipov, V.K. 1927. The Red Mullet (*Mullus barbatus* L.) in Kerch Region. **Tr. Kerch. Nauch. Rybokhoz. St.**, 1: 101–146.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, 14: 2611–2620.
- Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, 131: 479-491.
- Excoffier, L., Lischer, H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**, 10: 564-567.
- Felix-Hackradt, F.C., Hackradt, C.W., Perez-Ruzafa, A., Garcia-Charton, J.A. 2013. Discordant patterns of genetic connectivity between two sympatric species, *Mullus barbatus* (Linnaeus, 1758) and *Mullus surmuletus* (Linnaeus, 1758), in South-western Mediterranean Sea. **Marine Environmental Research**, 92: 23-24.

- Felsenstein, J. 1985. Phylogenies and the comparative method. **The American Midland Naturalist**, 125: 1–15.
- Fischer, W., Bauchot, M.L., Schneider, M. 1987. Fiches FAO d'identification des especes pour les besoins de la peche. Mediterranee et mer Noire. Zone de peche 37, FAO and EEC, Rome.
- Froese, R., Pauly, D. 2014. FishBase. World Wide Web electronic publication. [www.fishbase.org], Eriřim tarihi: 01.03.2015.
- Fu, Y.X. 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. **Genetics**, 147: 915-925.
- Gauldie, R.W. 1988. Tagging and genetically isolated stocjs of fish – a test of one stock hypothesis and the development of another. **Journal of Applied Ichthyology**, 4: 168-173.
- Galarza, J.A., Turner, G.F., Macpherson, E., Carreras-Carbonell, J., Rico, C. 2007. Cross-amplification of 10 new isolated polymorphic microsatellite loci for red mullet (*Mullus barbatus*) in striped red mullet (*Mullus surmuletus*). **Molecular Ecology Notes**, 7: 230–232.
- Galarza, J.A., Turner, G.F., Macpherson, E., Rico, C. 2009. Patterns of genetic differentiation between two co-occurring demersal species: the red mullet (*Mullus barbatus*) and the striped red mullet (*Mullus surmuletus*). **Canadian Journal of Fisheries Aquatic Science**, 66: 1478–1490.
- Garoia, F., Guarniero, I., Piccinetti, C., Tinti, F. 2004. First microsatellite loci of red mullet (*Mullus barbatus*) and their application to genetic structure analysis of Adriatic shared stock. **Marine Biotechnology**, 6: 446–452.
- Golani, D. 1996. The marine ichthyofauna of the eastern Levant—history, inventory and characterization. **Israel Journal of Zoology**, 42: 15–55.
- Goodier, J.L., Davidson, W.S. 1998. Characterization of novel minisatellite repeat loci in Atlantic Salmon (*Salmo salar*) and their phylogenetic distribution. **Journal of Molecular Evolution**, 46: 245–255.

- Goudet, J. 2001. FStat, a Program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices (version 2.9.3.2), [<http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>], Erişim tarihi: 01.02.2015.
- Guarnieo, I., Franzellitti, S., Ungaro, N., Tommasini, S., Picinetti, C., Tinti, F. 2002. Control region haplotype variation in the central Mediterranean common sole indicates geographical isolation and population structuring in Italian stocks. **Journal of Fish Biology**, 60: 1459-1474.
- Gulland, J.A. 1969. Manual of methods of fish stock assessments, Fish population analysis. FAO Man. Fish. Sci., 4: 154p.
- Gücü, A.C., Ok, M., Sakınan, S. 2010. Past and present of fish fauna in the NE Levant Sea and factor facilitating the colonization by Lessepsian fishes. **Report of the Technical Meeting on the Lessepsian Migraton and its Impact on Eastern Mediterranean Fishery**, (7-9 December 2010), pp. 88-108, Nicosia Cyprus.
- Hall, T.A. 1999. Bioedit: a user friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, 41: 95-98.
- Harrison, R.G. 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. **Trends in Ecology and Evolution**, 4: 6-11.
- Heyden, S.V.D., Lipinski, M.R., Matthee, C.A. 2010. Remarkably low mtDNA control region diversity in an abundant demersal fish. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 55: 1183–1188.
- Horvat, M., Kotnik, J., Logar, M., Fajon, V., Zvonaric, T., Pirrone, N. 2003. Speciation of mercury in surface and deep-sea waters in the Mediterranean Sea. **Journal of Atmospheric Environment**, 37: 93-108.
- Ihssen, P.E., Booke, H.E., Casselman, J.M., McGlade, J.M., Payne, N.R., Utter, F.M. 1981. Stock identification: materials and methods. **Canadian Journal of Fisheries Aquatic Science**, 38: 1838-1855.

- Ivanova, P.P., Dobrovolev, I.S., Tsekov, A.G. 2014. Genetic differentiation *Mullus barbatus* from the Western part of the Black Sea and *Mullus surmuletus* (Pisces, Mullidae) from the Mediterranean Sea. **Ecologia Balkanica**, 6: 37-44.
- Jamieson, A. 1973. Genetic “tags” form marine fish stock. **In Sea Fisheries Research**, 91-99.
- Johnson, M.S., Black, R. 1984. The wahlund effect and the geographical scale of variation in the intertidal limpet *Siphonaria* sp. **Marine Biology**, 79: 295-302.
- Keskin, E., Can, A. 2009. Phylogenetic relationships among four species and a sub-species of Mullidae (Actinopterygii; Perciformes) based on mitochondrial cytochrome B, 12S rRNA and cytochrome oxidase II genes. **Biochemical Systematics and Ecology**, 37: 653–661.
- Larkin, P.A. 1972. The stock concept and management of pacific salmon, H.R. MacMillan lectures in fisheries, University of British Columbia, Vancouver.
- Lessios, H.A., Robertson, D.R. 2013. Speciation on a round planet: phylogeography of the goatfish genus *Mulloidichthys*. **Journal of Biogeography**, 1-12.
- Linnaeus, C. 1758. *Systema Naturae Per Regna Tria Naturae, Secundum Classes, Ordines, Genera, Species, Cum Characteribus, Differentiis, Synonymis, Locis*. Tomus I. Editio decima, reformata. Impensis Direct. Laurentii Salvii, Holmiae.
- Leonard, J. 2005. B5 – Mediterranean and Black Sea, FAO statistical area 37 (table D5), “Review of the state of the world marine fishery resources”, FAO Fisheries Technical Paper, No. 457, Marine Resources Service, Fishery Resources Division, FAO, pp: 49-64, Rome.
- Machias, A., Labropoulou, M. 2002. Intra-specific variation in resource use by red mullet, *Mullus barbatus*. **Estuarine Coastal and Shelf Science**, 55: 565-578.

- Maggio, T., Lo Brutto, S., Garoia, F., Tinti, F., Arculeo, M. 2009. Microsatellite analysis of red mullet *Mullus barbatus* (Perciformes, Mullidae) reveals the isolation of the Adriatic Basin in the Mediterranean Sea. **ICES Journal of Marine Science**, 66: 1883–1891.
- Mahe, K., Villanueva, M.C., Vaz, S., Coppin, F., Koubbia, P., Carpentier, A. 2014. Morphological variability of the shape of striped red mullet *Mullus surmuletus* in relation to stock discrimination between the Bay of Biscay and the eastern English Channel. **Journal of Fish Biology**, 84: 1063-1073.
- Mamuris, Z., Apostolidis, A.P., Panagiotaki, P., Theodorou, A.J., Triantaphyllidis, C. 1998a. Morphological variation between red mullet populations in Greece. **Journal of Fish Biology**, 52: 107-117.
- Mamuris, Z., Apostolidis, A.P., Theodorou, A.J., Triantaphyllidis, C. 1998b. Application of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to evaluate intraspecific genetic variation in red mullet (*Mullus barbatus*). **Marine Biology**, 132: 171–178.
- Mamuris, Z., Apostolidis, A.P., Triantaphyllidis, C. 1998c. Genetic protein variation in red mullet (*Mullus barbatus*) and striped red mullet (*M. surmuletus*) populations from the Mediterranean Sea. **Marine Biology**, 130: 353–360.
- Mamuris, Z., Stamatis, C., Triantaphyllidis, C. 1999a. Intraspecific genetic variation of striped red mullet (*Mullus surmuletus* L.) in the Mediterranean Sea assessed by allozyme and random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis. **Heredity**, 83: 30–38.
- Mamuris, Z., Stamatis, C., Bani, M., Triantaphyllidis, C. 1999b. Taxonomic relationships between four species of the Mullidae family revealed by three genetic methods: allozymes, random amplified polymorphic DNA and mitochondrial DNA. **Journal of Fish Biology**, 55: 572–587.
- Mamuris, Z., Stamatis, C., Moutou, K.A., Apostolidis, A.P. 2001. Triantaphyllidis C., RFLP analysis of mitochondrial DNA to evaluate genetic variation in striped red mullet (*Mullus surmuletus* L.) and red mullet (*Mullus barbatus* L.) populations. **Marine Biotechnology**, 3: 264–274.

- Mavruk, S., Avsar, D., 2007. Lesepsiye Balıkların Akdeniz Ekosistemine Etkileri. **Ulusal Su Gunleri**, (16-18 May 2007), pp. 380-386, Antalya.
- Meyer, A. 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. *Biochemistry and molecular biology of fishes*, (Mommsen, T. P., Hochachka, P.), Elsevier Science Publishers, New York.
- Moore, S.S., Sargeant, L.L., King, T.J., Mattick, J.S., Georges, M., Hetzel, D.J.S. 1991. The conservation of dinucleotide microsatellites among mammalian genomes allows the use of heterologous PCR primer pairs in closely related species. **Genomics**, 10: 654-666.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, 89: 583-590.
- Nei, M., Li, W.H. 1979. "Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases". **Proc. Natl. Acad. Sci.**, 76: 5269-5273.
- Nelson, J.S. 2006. *Fishes of the World*, 4th ed. Hoboken, John Wiley & Sons. xix, New Jersey, USA.
- Oliveira, E.J., Pádua, J.G., Zucchi, M.I., Vencovsky, R., Vieira, M.L.C. 2006. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, 29: 294-307.
- Olson, D.B., Kourafalou, V.H., Johns, W.E., Samuels, G., Veneziani, M. 2006. Aegean Surface Circulation from a Satellite-Tracked Drifter Array. **Journal of Physical Oceanography**, 37: 1898-1917.
- Oren, O.H. 1957. Changes in the temperature of the Eastern Mediterranean Sea in relation to the catch of the Israel trawl fishery during the years 1954/55 and 1955/56. **Bulletin de l'Institut Océanographique**, 1102: 1-12.
- Özsoy, E., Beşiktepe, Ş., Latif, M. A. 2000. Türk Boğazlar Sistemi'nin Oşinografisi, **Marmara Denizi 2000 Sempozyumu**, (11-12 Kasım 2000), İstanbul.

- Peakall, R., Smouse, P.E. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. **Bioinformatics**, 28: 2537-2539.
- Pépin, L., Amigues, Y, Lépling, A., Berthier, J.L., Bensaïd, A., Vaiman, D. 1995. Sequence conservation of microsatellites between *Bos taurus* (cattle), *Capra hircus* (goat) and related species. Examples of use in parentage testing and phylogeny analysis. **Heredity**, 74: 1781-1789.
- Pinte, P.P. 2003. Invitation to Oceanography. St Jones & Bartlett Publishers, 3rd Ed.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, 155: 945–959.
- Rozas, J., Sanchez-Del Barrio, J.C., Messeguer, X., Rozas, R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. **Bioinformatics**, 19: 2496-2497.
- Skibinski, D., Gallagher, C., Beynon, C. 1994. Sex-limited mitochondrial DNA transmission in the marine mussel *Mytilus edulis*. **Genetics**, 138: 801-809.
- Slatkin, M. 1995. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. **Genetics**, 139: 457–462.
- Smith, P.J., Jamieson, A., Birley, A.J. 1990. Electrophoretic studies and stock concept in marine teleosts. **J. Cons. int. Explor. Mer.**, 47: 231-245.
- Stoneking, M., Hedgecock, D., Higuchi, L., Vigilant, L., Erlich, H.A. 1991. Population variation of human mtDNA control region sequences detected by enzymatic amplification and sequence-specific oligonucleotide probes. **The American Journal of Human Genetics**, 48: 370-382.
- Tajima, F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. **Genetics**, 123: 585-595.
- Takahata, N., Palumbi, S.R. 1985. Extranuclear differentiation and gene flow in the finite island model. **Genetics**, 109: 441-457.

- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. **Molecular Biology and Evolution**, 30: 2725-2759.
- Teske, P., Cherry, M., Matthee, C. 2003. Population genetics of the endangered Knysna seahorse, *Hippocampus capensis*. **Molecular Ecology**, 12: 1703-1715.
- Tserpes, G., Fiorentino, F., Levi, D., Cau, A., Murenu, M., Zamboni, A., Papaconstantinou, C. 2002. Distribution of *Mullus barbatus* and *M. surmuletus* (Osteichthyes: Perciformes) in the Mediterranean continental shelf: implications for management. **Scientia Marina**, 66: 39-54.
- Turan, C. 2000. Balıkçılıkta stok kavramı ve genetik düşüncenin önemi. **Doğu Anadolu Bölgesi IV. Su Ürünleri Sempozyumu**, (28-30 Haziran 2000), Erzurum.
- Turan, C. 2006. Phylogenetic relationships of Mediterranean Mullidae species (Perciformes) inferred from genetic and morphological data. **Scientia Marina**, 70: 311–318.
- Turan, C. 2007. Türkiye Kemikli Deniz Balıkları Atlası ve Sistematiği. Nobel Kitabevi, ADANA.
- Tursi, A., Matarrese, A., D'Onghia, G., Sion, L. 1994. Population biology of red mullet (*Mullus barbatus* L.) from the Ionian Sea. **Marine Life**, 4: 33-43.
- Türkiye İstatistik Kurumu. 2013. Su Ürünleri İstatistikleri 2012. TÜİK, 4119. 1-59.
- Türkiye İstatistik Kurumu. 2015. İstatistiksel Çizelgeler ve Dinamik Sorgulama Deniz Ürünleri, Avlanan Deniz Balıkları Miktarları [http://www.tuik.gov.tr/PreÇizelge.do?alt_id=1005], Erişim tarihi: 01.03.2015.
- Vasil'eva, E.D. 2012. Morphological Divergence of Goatfishes (Genus *Mullus*, Mullidae, Perciformes) of the Black and Mediterranean Seas and the Problem of Assessment of their Taxonomic Relationships. **Journal of Ichthyology**, 52: 485–491.

- Vogiatzi, E., Hanel, R., Dailianis, T., Lagnel, J., Hassan, M., Magoulas, A., Tsigenopoulos, C.S. 2012. Description of microsatellite markers in four mullids based on the development and cross-species amplification of 18 new markers in red mullet (*Mullus barbatus*). **Biochemical Systematics and Ecology**, 44: 279-285.
- Wahlund, S. 1928. Zusammensetzung von Population und Korrelationserscheinung vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. **Hereditas**, 11: 65–106.
- Wallace, D.C. 1986. Mitochondrial genes and diseases. **Hospital practice**, 21: 77-92.
- Weir, B.S., Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, 38: 1358–1370.
- Whitehead, J.P., Bauchot, M.L., Hureau, J.C., Nielsen, J., Tortonese, E. 1986. Fishes of the North-Eastern Atlantic and the Mediterranean. Paris: Vols, I-III UNESCO.
- Wilson, A.C., Cann, R.L., Carr, S.M., George, M., Gyllensten, U.B., Helmbjochowski, K.M., Higuchi, R.G., Palumbi, S.R., Prager, E.M., Sage, R.D., Stoneking, M. 1985. Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. **Biological Journal of the Linnean Society**, 26: 375-400.
- Yang, J.Q., Tang, W.Q., Sun, Y., Tsai, K.C., Zhou, Z.C., Liu, Z.Z., Liu, D., Lin, H.D. 2013. Microsatellite diversity and population genetic structure of *Squalidus argentatus* (Cyprinidae) on the Island of Hainan and mainland China. **Biochemical Systematics and Ecology**, 50: 7-15.
- Yu, H.T., Lee, Y.J., Huang, S.W., Chiu, T.S. 2002. Genetic Analysis of the Populations of Japanese Anchovy (Engraulidae: *Engraulis japonicus*) Using Microsatellite DNA. **Marine Biotechnology**, 4: 471-479.
- Zenkevitch, L.A. 1963. Biology of the seas of the USSR, Izd. AN SSSR, Moscow.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Doğan TUNCAY

Doğum Yeri ve Tarihi : Tett nang – ALMANYA / 11.01.1982

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi: Adnan Menderes Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü (1999-2004)

Yüksek Lisans Öğrenimi: Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Bölümü (2004-2007)

Bildiği Yabancı Diller: İngilizce

BİLİMSEL FAALİYETLERİ

a) Makaleler

-SCI

Ozen, O., Ayyildiz, H., **Tuncay, D.**, Bilecenoğlu, M. 2009. First record of *Gobius couchi* Miller & El-Tawil, 1974 from the Aegean Sea (Pisces: Gobiidae). **Zoology in the middle east**, 47: 109-110.

-Diğer

b) Bildiriler

-Uluslararası

Tuncay, D., Bardakcı, F. 2014. Population Genetics of red striped mullet (*Mullus surmuletus*) in Turkish Seas Based on Mitochondrial and Nuclear DNA data. International Meeting on Marine Research, 10-11 July 2014, p. 152, Peniche, Portugal.

Tuncay, D., Tuncay, S.S., Yılmaz, C., Bardakçı, F. 2014. Population Genetic Structure of red mullet (*Mullus barbatus* L.) in Turkish Sea Based on Mitochondrial DNA. International Meeting on Marine Research, 10-11 July 2014, p. 152, Peniche, Portugal.

Taşkavak, E., Türkozan, O., Kiremit, F., Türkecan, O., Güçlü, Ö., Akçınar, S.C., Yılmaz, C., **Tuncay, D.** 2006. A Review Of 2005 Marine Turtle Nesting Season On Five Beaches (Dalyan, Fethiye, Patara, Belek, Göksu Delta) In Turkey. Twenty Sixth Annual International Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation Twenty Sixth Annual International Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation, 3-8 April 2006, Crete, Greece.

Türkozan, O., Güçlü, Ö., **Tuncay, D.** 2005. Reproductive ecology of the loggerhead turtle, *Caretta caretta*, on Fethiye beach, Turkey in 2004. The Second Mediterranean Conference on the Marine Turtles, 4-7 May 2005, Antalya-Turkey.

-Ulusal

Tuncay, D., Bardakçı, F. 2014. Ülkemiz Denizlerinde Yayılış Gösteren *Mullus surmuletus* Linnaeus, 1758 Populasyonlarının mtDNA Kontrol Bölgesi DNA Dizi Analizi ile Genetik Yapısının Belirlenmesi. 22. Ulusal Biyoloji Kongresi, 23-27 Haziran 2014, Eskişehir.

İŞ DENEYİMİ

Çalıştığı Kurumlar ve Yıl :

İLETİŞİM

E-posta Adresi : dgntuncay@gmail.com

Tarih :