

T.C.
İSKENDERUN TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
MÜHENDİSLİK VE FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN MAZAK KIRLANGICI
***Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788) POPULASYONLARININ**
GENETİK ANALİZİ

MEHMET NUR GÜNDÜZ

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HATAY
TEMMUZ-2017

T.C.
İSKENDERUN TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
MÜHENDİSLİK VE FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN MAZAK KIRLANGICI *Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788) POPULASYONLARININ GENETİK ANALİZİ

MEHMET NUR GÜNDÜZ

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Yrd.Doç.Dr. Mevlüt GÜRLEK danışmanlığında hazırlanan bu tez **18/07/2017** tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından **OYBİRLİĞİ** ile kabul edilmiştir.

Yrd.Doç.Dr. Mevlüt GÜRLEK
Başkan

Prof.Dr. Cemal TURAN
Üye

Doç.Dr. Deniz YAĞLIOĞLU
Üye

Kod No:

Doç.Dr. Mustafa DEMİRCİ
Enstitü Müdür V.

Bu çalışma M.K.Ü Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu Tarafından Desteklenmiştir.
Proje No: BAP-15040

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

18.07.2017

TEZ BİLDİRİMİ

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

İmza

ÖZET

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN MAZAK KIRLANGICI *Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788) POPULASYONLARININ GENETİK ANALİZİ

Bu çalışmada, mazak kırlangıç balığının (*Trigloporus lastoviza*) Marmara, Ege ve Akdeniz popülasyonlarının genetik yapısını araştırmak için mitokondriyal DNA 16S rRNA gen dizilimi kullanılmıştır. *T. lastoviza*, Marmara Denizi'ni temsilen Mudanya, Ege Denizi'ni temsilen İzmir Körfezi ve Akdeniz'i temsilen İskenderun Körfezi'nden olmak üzere üç farklı denizden toplanmıştır. Toplam genomik DNA, standart fenol-kloroform ekstraksiyon yöntemi kullanılarak izole edilmiştir. MtDNA'nın 16S rRNA bölgesi, evrensel primerler kullanılarak PCR vasıtasıyla çoğaltılmıştır. İstatistiksel analiz için BioEdit, Mega kullanılmıştır. Analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 757 bc'den oluşmaktadır. Timin (T), sitozin (C), adenin (A) ve guaninin (G) ortalama nükleotid kompozisyonu sırasıyla % 19.8, % 27.7, % 31.2 ve % 21.3 olarak belirlenmiştir. 16S rRNA'nın, 46 bc'lik kısmı değişken bölge iken, 27 bc'lik bölge ise parsimoni anlamlı bölge görevi görmüştür. 16S rRNA'nın dizi analizi sonucu 21 farklı haplotip saptamıştır. Popülasyonlar arasındaki ortalama haplotip çeşitliliği 0.94 bulunmuştur. En düşük genetik çeşitlilik Ege Denizi popülasyonunda (0,054), en yüksek ise (0,0180) Akdeniz popülasyonunda görülmüştür. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılık ise, Marmara ve Akdeniz popülasyonları arasında en düşük (0.007), Marmara Denizi ve Akdeniz popülasyonları arasında en yüksek (0.016) olarak tespit edilmiştir. Komşu katılımlı ağaç analizinde, İskenderun Körfezi popülasyonu diğer popülasyonlardan oldukça farklı; Marmara ve Ege Denizi popülasyonları ise birbirine yakın özellik göstermiştir.

2017, 30 sayfa

Anahtar Kelimeler: Mazak kırlangıcı, *Trigloporus lastoviza*, 16S rRNA, Popülasyon genetiği, Türkiye Denizleri

GENETIC ANALYSES OF STREAKED GURNARD *Trigloporus lastoviza*
(Bonnaterre, 1788) POPULATIONS IN TURKISH MARINE WATERS

ABSTRACT

In this study mitochondrial DNA 16S rRNA gene sequencing was used to investigate genetic structure of three Streaked gurnard *Trigloporus lastoviza* populations from the Marmara, Aegean, Mediterranean Seas. *T. lastoviza* were collected from three different seas, Marmara Sea (Mudanya (MS)), Aegean Sea (İzmir Gulf) (AS) and Mediterranean Sea (İskenderun Bay). Total genomic DNA was isolated using the standard phenol-chloroform extraction method. The 16S rRNA region of mtDNA were amplified via PCR using universal primers. BioEdit, MEGA were used for statistical analysis. After alignment, the partial 16S rRNA gene sequences consisted of 757 bps. The average nucleotide composition of thymine (T), cytosine (C), adenine (A), and guanine (G) were examined as 19.8 %, 27.7 %, 31.2 % and 21.3 %, respectively. The 16S rRNA dataset contained 46 variable sites, of which 27 were parsimony informative. Sequence analysis of 16S rRNA revealed 21 different haplotypes. Average haplotype diversity between populations was found to be 0.94. The lowest genetic diversity was observed in the Aegean Sea (0,054) population, whereas the highest was in the Mediterranean (0,0180) population. For inter-population comparison, the lowest genetic divergence (0.007) was observed between the Marmara and Mediterranean populations, and the highest value (0.016) was detected between the Marmara Sea and Mediterranean populations. In NJ tree analysis, the İskenderun Bay population was highly separated from the other geographic populations, whereas the populations of Marmara and Aegean Sea showed the least differentiation.

2017, 30 pages

Key Words: Streaked gurnard, *Trigloporus lastoviza*, 16S rRNA, Population genetics, Turkish marine waters

TEŐEKKÜR

Yüksek lisans tez konusunun belirlenmesinde, araştırılması ve yazımı sırasında sahip olduđu bilgi birikimi ve tecrübesi ile çalışmayı yönlendiren ve her türlü yardımı esirgemeyen saygıdeđer danışman hocam Yrd. Doç. Mevlüt GÜRLEK'e sonsuz saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmalarım esnasında yardımlarını esirgemeyen hocalarım Prof. Dr. Cemal TURAN ve Prof. Dr. Deniz ERGÜDEN'e, doktora öğrencisi arkadaşlarım Ali UYAN ve Serpil KARAN'a, yüksek lisans öğrencisi arkadaşlarım Servet Ahmet DOĐDU, Recep KURT ve Kamuran Umut YARAŐ'a içten teşekkürlerimi sunarım.

Hayatımın her anında yanımda olup manevi desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen eşim Güneş GÜNDÜZ'e anneme, babama ve kardeşlerime çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	4
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	7
3.1. Materyal	7
3.1.1. Mazak Kırılmaçını Diğer Kırılmaç Türlerinden Ayıran Özellikler	7
3.1.2. Dağılım Alanı.....	8
3.1.3. Örnekleme Bölgeleri	8
3.1.4. Kullanılan Araç ve Gereçler.....	9
3.2. Materyal ve Yöntem	10
3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması	10
3.2.2. Genetik İnceleme	10
3.2.3. Genetik Verilerin Analizi.....	14
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	16
4.1. Populasyonların Genetik Analizi	16
5. SONUÇ ve ÖNERİLER	23
6. KAYNAKLAR	25
7. ÖZGEÇMİŞ	30

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. <i>Trigloporus lastoviza</i> 'nın genel görünüşü.	8
Şekil 3.2. Kırlangıç (<i>T.lastoviza</i>)'ın örnekleme alanları MD: Marmara Denizi (Mudanya), ED: Ege Denizi (İzmir), AD: Akdeniz (İskenderun Körfezi)	9
Şekil 3.3. Ekstrakte edilen total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü.....	12
Şekil 3. 4. PCR Sonrası Elde Edilen PCR Ürününün Agaroz Jel Üzerinde Kontrolü	13
Şekil 3.5. DNA dizin analizi sonucu elde edilen 16S rRNA gen bölgesinin parça kromotografisinden bir örnek.....	14
Şekil 4.1.Komşu katılımlı soyağacı	21

TABLolar DİZİNİ

Tablo 3.1. Kırlangıç (<i>Trigloporus lastoviza</i>)'nın populasyonlara göre örnekleme	9
Tablo 3.2. Kullanılan Cihazların Teknik Özellikleri	10
Tablo 3.3. Kırlangıç Türlerinin MtDNA 16S rRNA Gen Bölgesinin Çoğaltılması İçin Kullanılan Üniversal Primer ve Yapısı.	12
Tablo 4.1. Çalışmada kullanılan 757 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu (%).	17
Tablo 4.2. Substitüsyon matrisi.....	17
Tablo 4.3. Populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik.....	18
Tablo 4.4. <i>T. lastoviza</i> populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı.....	19
Tablo 4.5. <i>T. lastoviza</i> populasyonları için hesaplanan haplotip çeşitlilik değerleri.	20
Tablo 4.6. Populasyonlar arası genetik farklılık düzeyi.....	20
Tablo 4. 7. Tajima nötralite testi (Tajima, 1989).....	21

SİMGELER VE KISALTMALAR

SİMGELER

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

KISALTMALAR

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

1. GİRİŞ

Çevresel baskılar sonucu denizlerimizde türleri oluşturan populasyonlarda genetik yapı değişiklikleri oluşmakta ve populasyonlar çok kırılabilir yapıya dönüşebilmektedir. Bu baskıların devamı sonucu bir türün o denizde çok azalması ve kaybı ile sonuçlanabilmektedir. Canlılar, yaşadıkları ortamda insanların doğayı kötü kullanmasından kaynaklanan bir seleksiyona maruz kalmakta ve bu tip seleksiyon baskılarına sadece genetik olarak güçlü populasyonlar karşı koyabilmektedir. Genetik olarak güçlü populasyonların varlığını sürdürmesi, ancak populasyonların gen havuzlarının korunmasıyla mümkün olabilir. Populasyonlar arasında meydana gelen göç, yani gen alış verişi populasyonlar arasında meydana gelebilecek genetik farklılıkların ortadan kalkmasını sağlar. Bir populasyona göç ile katılan bireyler, bu populasyonun gen havuzuna yeni allellerin katılmasını, var olan allellerin ve genotipin korunmasını sağlar (Turan, 2000).

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

Populasyonlardan sürekli ürün alınabilmesi için populasyonları koruması gereken balıkçılık idarecileri, genellikle avcılığı yapılan balık miktarı ve bunun ekonomiye olan katkısı gibi kısa dönemli planlamalar yapmaktadır. Hâlbuki balıkçılık genetikçileri, stokların gelecekte mevcut olmaları için stokların uzun dönemde adaptasyon kabiliyetleri

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

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

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

Mazak (*Trigloporus lastoviza*), Kuzey Akdeniz, (Colloca ve ark., 2003, Vallisneri ve ark., 2010, 2012), Doęu Atlantik’e kadar ve hatta Adriyatik denizi de dahil olmak üzere dağılım gösteren bir demersal teleost balık türüdür (Marriott ve ark. 2010). *Trigloporus lastoviza* ülkemizde Akdeniz, Ege ve Marmara Denizi’nde dağılım göstermektedir (Turan ve ark. 2007) 20 m’den 300 m derinliğe kadar geniş bir dağılım alanına sahiptir (Quignard ve Tomasini, 2000) ve çamur, kum, çakıl ve kaya gibi bentik substratlar boyunca bulunabilir (Wheeler, 1978).

Ülkemizdeki *Trigloporus lastoviza* türüne ait son 8 yılın avcılık verileri incelendiğinde ise; 2007 yılında 292 ton, (TÜİK,2007); 2008 yılında 24 ton, (TÜİK, 2008); 2009 yılında 47 ton, (TÜİK, 2009); 2010 yılında 92 ton, (TÜİK, 2010); 2011 yılında 55 ton, (TÜİK, 2011); 2012 yılında 38 ton, (TÜİK, 2012); 2013 yılında 27 ton,

(TÜİK, 2013); 2014 yılında 6,5 ton, (TÜİK, 2014); 2015 yılında 2,9 ton olarak karşımıza çıkmaktadır (TÜİK, 2015).

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



2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Tez çalışmasında *Trigloporus lastoviza* türü ile ilgili dünyada şimdiye kadar hiçbir populasyon genetiği çalışmasına rastlanılmamıştır. Dolayısıyla projede, *Trigloporus lastoviza*'nın genetik özellikleri ilk olarak çalışılacak olup özgün bir çalışma özelliği taşımaktadır. Daha önceki yıllarda ülkemiz denizlerinde bazı bölgelerinde *Trigloporus lastoviza* ile ilgili yapılan av miktarı, bazı biyolojik özellikleri gibi çalışmalar mevcut olup, bu çalışmalarda;

Başusta ve Erdem (2000), İskenderun Körfezi'nde bulunan balık türlerini sistematik açıdan incelenmişlerdir. Dip trolü ile yapılan çekimler sonucunda Triglidae familyasına ait *Trigla lucerna* türünden 2 adet, *Trigloporus lastoviza* türünden 3 adet ve *Aspitrigla cuculus* türünden ise 1 adet, Dactylopteridae familyasına ait *Dactylopterus volitans* türünden ise 1 adet örneklenmiştir.

Torcu ve Aka (2000), Edremit Körfezi'nde yaşayan balık türlerini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada, 1996-1997 yıllarında körfez içinde beş istasyondan trol ve çeşitli ağlar ile yakalanan balıkların morfometrik ve meristik karakterleri incelenmişlerdir. Çalışmada Triglidae familyasına ait, Kız Adası istasyonunda *Trigla lucerna* türünden 3 adet, *Trigla lyra* türünden 1 adet, *Trigloporus lastoviza* türünden ise 3 adet yakalanmıştır. Peristedidae familyasına ait *Peristedion cataphractum* türünden yine Kız Adası istasyonunda 1 adet yakalanmıştır.

Torcu Koç ve ark. (2001), Kuzey Kıbrıs Türk Cumhuriyeti sahillerinde yaşayan balıkları belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada saptanan 49 türün, bazı morfometrik, meristik ve ekolojik karakterlerini incelenmişlerdir. Saptanan bu türlerden, *Trigla lyra* ve *Trigloporus lastoviza* türleri Triglidae familyasına ait, *Dactylopterus volitans* türü ise Dactyloptidae familyasına aittir.

Uçkun (2005), Edremit Körfezi'nde aylık trol çekimleri sonucunda gerçekleştirilen çalışması ile Triglidae familyası türlerinin araştırma bölgesindeki boy dağılımları ile yaş ve büyüme özelliklerini incelemiştir. Araştırma periyodu süresince körfezden 858 adet *Eutrigla gurnardus*, 1822 adet *Lepidotrigla cavillone*, 262 adet *Trigla lucerna*; 43 adet *Trigla lyra* ve 572 adet *Trigloporus lastoviza* örneklemiştir.

Karakulak ve ark. (2006), Gökçeada kıyılarındaki 47 balık türünün boy-ağırlık ilişkilerini incelemiştir. Triglidae familyasından *Chelidonichthys lastoviza*, *C.*

lucernus türünden 3 adet ve Dactylopteridae familyasından *Dactylopterus volitans* türünden ise 1 adet yakalamışlardır.

Öztik ve Yılmaz (2006), Gökova Körfezi'nde belirlenen istasyonlardaki balık türlerini taksonomik olarak incelemişlerdir. Çalışmalarında Gökova Körfezi'nde, Triglidae familyasından *Chelidonichthys lucernus*, *C. lastoviza* ve *Trigla lyra*; Peristediidae familyasından *Peristedion cataphractum* ve Dactylopteridae familyasından ise *Dactylopterus volitans* türlerini örneklemiştir.

Beğburs ve Kebapçioğlu (2007), Antalya Boğazkent'te kullanılan demersal fanyalı uzatma ağlarının tür kompozisyonunu belirlemek için yaptıkları çalışmada 15 adet *Trigla lyra*, 2 adet *Trigloporus lastoviza* ve 1 adet de *Aspitrigla cuculus* yakalamışlardır.

Özaydın ve ark. (2007), İzmir Körfezi'ndeki 60 balık türünün boy-ağırlık ilişkilerini inceledikleri çalışmalarında, Triglidae familyasından *Eutrigla gurnardus* türünden 23 adet, *Lepidotrigla cavillone* türünden 1517 adet, *Chelidonichthys lucernus* türünden 85 adet ve *Chelidonichthys lastoviza* türünden 366 adet örneklemiştir.

Sangun ve ark. (2007), Kuzey Doğu Akdeniz'deki 39 balık türünün boy-ağırlık ilişkilerini incelemiştir. Triglidae familyasına ait *Chelidonichthys lucernus* türünden 474 adet, *C. lastoviza* türünden ise 75 adet yakalamışlardır.

İşmen ve ark. (2007), Saros Körfezi'ndeki 63 balık türünün boy-ağırlık ilişkilerini incelemiştir. Çalışmada Triglidae familyasına ait *Chelidonichthys lastoviza* türünden 88 adet, *C. lucernus* türünden 829 adet, *Eutrigla gurnardus* türünden 251 adet, *Lepidotrigla cavillone* türünden 855 adet ve *Trigla lyra* türünden ise 531 adet örneklemiştir.

İlkyaz ve ark. (2008), İzmir Körfezi'ndeki 62 balık türünün boy-ağırlık ilişkilerini araştırmışlardır. Çalışmada Triglidae familyasına ait *Chelidonichthys lastoviza* türünden 67 adet, *C. lucernus* türünden 121 adet, *Eutrigla gurnardus* türünden 7 adet, *Lepidotrigla cavillone* türünden 4284 adet ve *Trigla lyra* türünden ise 26 adet örneklemiştir.

Kınacıgil ve ark. (2008), İzmir Körfezi'ndeki kırlangıç türlerinin ilk ürüme boyları, yaşları ve büyüme parametrelerini incelemiştir. Çalışmada *Lepidotrigla cavillone* türünden 2342 adet, *Chelidonichthys lucernus* türünden 146 adet ve *C. lastoviza* türünden 99 adet yakalamışlardır.

Yeşilçimen ve Kuşat (2011), Antalya Körfezi'nde dip trolü balıkçılığı ile avlanan ekonomik balık türlerinin aylık değişimini incelemiştir. Çalışmanın sonucunda 1 av

sezonu boyunca Triglidae familyasına ait *Trigla lucerna*, *T. lyra*, *Trigloporus lastoviza* ve Dactylopteridae familyasına ait *Dactylopterus volitans* türlerinden toplamda 150 kg yakalanmıştır.

Cengiz ve ark. (2011), çalışmalarında Saroz Körfezi'nin balık faunasını incelemiştir. Triglidae familyasından *Chelidonichthys cuculus*, *C. gurnardus*, *C. lastoviza*, *C. lucernus* *Lepidotrigla cavillone* ve *Trigla lyra* türleri; Peristediidae familyasından ise *Peristedion cataphractum* türü örneklenmiştir.

Akalın ve İlhan (2013), İzmir Körfezi'nde (Ege Denizi) Kırlangıç balığının (*Trigloporus lastoviza*) yaş, büyüme ve ölüm oranlarını tespit etmişlerdir. Çalışmada 392 adet *Trigloporus lastoviza* trol ağlarıyla yakalanmıştır. Örneklerin çatal boyları dişi bireylerde 11.9 cm ile 19.8 cm, erkek bireylerde ise 8.2 cm ile 18.2 cm arasında olduğunu tespit etmişler. Otolitlerden yapılan yaş tayini ile maksimum yaş dişilerde 6, erkeklerde 5 olarak tespit edilmiştir.

Bilecenoğlu ve ark. (2014), Türkiye denizlerinde dağılım gösteren balıkların mevcut durumu inceledikleri çalışmalarında Triglidae familyasına ait, *Chelidonichthys cuculus* türünden Karadeniz'den, Marmara'dan, Ege'den ve Akdeniz'den; *C. gurnardus* türünden Karadeniz'den, Marmara'dan, Ege'den ve Akdeniz'den; *C. lastoviza* türünden Marmara'dan, Ege'den ve Akdeniz'den; *C. lucernus* türünden Karadeniz'den, Marmara'dan, Ege'den ve Akdeniz'den; *C. obscurus* türünden Ege ve Akdeniz'den; *Lepidotrigla cavillone* türünden Marmara, Ege ve Akdeniz'den; *L. dieuzeidei* türünden Marmara'dan, Ege'den ve Akdeniz'den; *Trigla lyra* türünden Marmara'dan, Ege'den ve Akdeniz'den çalışmalar ile dağılım gösterdiklerini belirtmiştir.

Özvarol (2014), Antalya Körfezi'ndeki 14 balık türünün boy-ağırlık ilişkilerini incelemiştir. Triglidae familyasından *Chelidonichthys lastoviza* türünden 28 adet örneklemiştir.

Uyan (2014), Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz'de en bol bulunan ve Triglidae türleri içerisinde ticari açıdan en önemli olan *C. lucerna* popülasyonlarının genetik ve morfolojik olarak incelemiştir. Morfolojik analiz için morfometrik ve meristik karakterler kullanılmış ve dizin analizi için ise mtDNA 16S rRNA geni kullanılmıştır.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Yüksek Lisans Tezi, İskenderun Teknik Üniversitesi Deniz Bilimleri ve Teknolojisi Fakültesi, Moleküler Ekoloji ve Balıkçılık Genetiği Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

3.1. Materyal

Çalışmada kullanılan *Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788)'nin sistematikteki yeri aşağıda verilmiştir.

Taksonomik Sınıflandırma

Alem	:	Animalia
Şube	:	Chordata
Altşube	:	Vertebraa
Sınıf	:	Actinopterygii
Takım	:	Scorpaeniformes
Aile	:	Triglidae
Cins	:	Trigloporus
Tür	:	<i>Trigloporus lastoviza</i> (Bonnaterre, 1788)

3.1.1. Mazak Kırılmaçını Diğer Kırılmaç Türlerinden Ayıran Özellikler

T. lastoviza'nın vücudu kırmızı olup, baş ve sırtta koyu benekler bulunur, karın yüzgeci yüzeyi krem rengi, göğüs yüzgecinin üzeri mavi benekli olup gri renklidir. Baş büyük ve üçgen şeklinde olup, çok sayıda irili ufaklı diken ve kemik plaklarından oluşmaktadır ancak derin bir oksipital (artkafa) oluk yoktur. Gövde pulszdan pulluya değişkenlik gösterir, karın kısmı tamamen pulludur. Maksimum boyları 40 cm'dir. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 9-11, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 15, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı: 14-17, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 9-11, Solungaç Diken Sayısı:4-8, Omur Sayısı: 33-35'dir. Yan çizgi pulları genişlemiştir. Omurgada küçük diken plaklar bulunur. Solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken kısadır. Yanal çizgi boyunca deride uzun, enlemesine kabartı şeklinde şeritler bulunur. Göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. Dünyada Doğu Atlantik'te Norveç'ten

itibaren Ümit Burnu'na kadar, Hint Okyanusu'nda da Mozambik'e kadar sürekli olarak dağılım gösterir. Türkiye de ise Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).



Şekil 3.1. *Trigloporus lastoviza*'nın genel görünüşü.

3.1.2. Dağılım Alanı

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

3.1.3. Örnekleme Bölgeleri

Çalışmada; Akdeniz'i temsilen İskenderun Körfezi (AD), Ege Denizi'ni temsilen İzmir Körfezi (ED) ve Marmara Denizi'ni temsilen Mudanya sahillerinden (MD) elde edilmiş olan örneklerin genetik analizleri yapılmıştır.

İlk aşamada geniş çaplı literatür taraması yapıldıktan sonra, ilgili türlerin örnekleme amacı ile buldukları bölgelere gidilip her bir popülasyonu temsili olarak 10 adet örnek alınmıştır. Örneklerden alınan kas dokuları veya yüzgeç örnekleri % 95'lik etil alkol eklenmiş eppendorf tüpleri içerisinde saklanmış ve sonraki aşamada yapılmış genetik analiz için buzdolabında muhafaza edilmiştir (+4°C).

Tablo 3.1. Kırlangıç (*Trigloporus lastoviza*)'nın popülasyonlara göre örnekleme

Örnekleme Alanları	Örnek Sayısı	Bölgelerin Koordinatları	Avlanma Tarihleri	Avlanma Metotları
Marmara Denizi (Mudanya)	10	40°23'46.14"K 28°53'4.73"D	05.01.2016	Trol
Ege Denizi (İzmir Körfezi)	10	38°23'11.07" K 26°50'26.83"D	20.01.2016	Trol
Akdeniz (İskenderun Körfezi)	10	36°32'43.72"K 35°54'51.07"D	12.01.2016	Trol



Şekil 3.2. Kırlangıç (*T.lastoviza*)'ın örnekleme alanları MD: Marmara Denizi (Mudanya), ED: Ege Denizi (İzmir), AD: Akdeniz (İskenderun Körfezi)

3.1.4. Kullanılan Araç ve Gereçler

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

kullanılmıştır. Kullanılan cihazların teknik özellikleri Tablo 3.2.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.2. Kullanılan Cihazların Teknik Özellikleri

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

3.2. Materyal ve Yöntem

3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması

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

3.2.2. Genetik İnceleme

3.2.2.1. Mitokondrial DNA'nın Ekstrakte Edilmesi

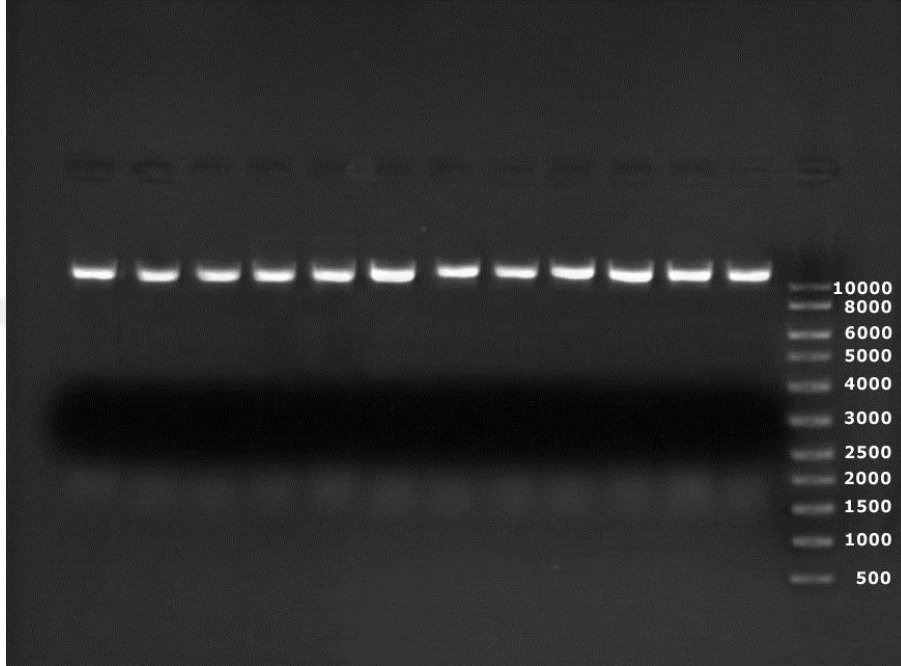
MtDNA'nın elde edilmesinde Blin ve Stafford (1976) tarafından verilen standart fenol kloroform yöntemi uygulanmıştır. Kırlangıç örneklerinin kas dokusundan alınan ve %95'lik etil alkol içerisinde vida kapaklı tüplerde muhafaza edilen dokulardan

yaklaşık 50 mg, otoklavlanan eppendorf tüpler içerisine alındıktan sonra üzerlerine sırasıyla 300 µl CTAB (20 g/l CTAB; 1.4 M NaCl; 100 mM Tris-HCl pH 8.0; 20 mM EDTA) tampon çözeltisi, 50 µl Proteinase K ve 30 µl RNase A ilave edilip cam çubuk aracılığıyla ezilmiştir. Daha sonra örnekler vortekslenip önceden 37,5 °C'ye ayarlanan inkübatörde 1 gece bekletilmiştir. Etüvden alınan örnekler vortekslenip 380 µl fenol kloroform isoamil alkol (25:24:1) ilave edilip 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilen örneklerin üst tabakaları farklı tüplere alınarak üzerlerine 380 µl kloroform isoamil alkol (24:1) ilave edilerek tekrar 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra örnekler 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilerek üst tabakalar yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır. Bu işlemde sonra örneklerin üzerlerine, derin dondurucuda muhafaza edilen %100'lük etanol den 1 ml eklenip derin dondurucuda 2 saat bekletilmiştir. Derin dondurucudan çıkarılan örnekler 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilerek içlerindeki sıvı dikkatle boşaltılarak yine derin dondurucuda muhafaza edilen bu sefer %70'lik etanolden 1 ml eklenip 12000 rpm de 3 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra dikkatlice tüplerdeki sıvı boşaltılarak tüpler peletlerin kuruması için desikatörde bir süre vakumlanmıştır. Daha sonra kuruyan peletlerin üzerine 100 µl TE buffer eklenerek mitokondrial DNA ekstraksiyonu tamamlanmıştır.

3.2.2.2. DNA'nın Kalite Tayini

DNA örneklerinin miktarı belirlendikten sonra kalitesinin tespiti için % 0.7'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bunun için 0.175 gr agarose, 25 ml saf su ile karıştırılıp mikrodalga fırında köpürüp saydamlaşana kadar bekletilmiştir. Saydamlaşan jel üzerine 0.5 ml seyreltilmiş 1x TBE Buffer ve 1.5 µl Ethidium Bromür eklenerek 60°C' ye kadar soğutulan jel 15x6x9 cm ebatlarındaki elektroforez küveti içerisine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Jel soğuduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE tamponu bulunan elektroforez tankına koyulmuş ve 3 µl DNA örneğinden 6 µl'lik yükleme tamponu çözeltisinden karıştırılarak sırasıyla jeldeki kuyucuklara yerleştirilmiştir. Elektrik akımının gerçekleşmesi için, güç kaynağı 10 dk süre ile 25 mA ve 50 V'a ayarlanmıştır. Elektroforetik göç tamamlandıktan jel, elektroforez tankından dikkatlice alınmış ve UV transilluminatör cihazında, UV koruyucu maske ile örneklerin DNA yapıları gözlenmiştir (Şekil 3.3.). Bir sonraki aşamada spektrofotometre ile 260 ve 280 nm absorpsiyon değerleri

kullanılarak DNA konsantrasyonu tespit edilmiştir. Spektrofotometre ölçümü sonucu elde edilen DNA da protein ve RNA kontaminasyonları kontrol edilmiştir. Yüksek RNA veya protein kontaminasyonu gösteren örneklerden tekrar toplam genomik DNA ekstraksiyonu yapılmış ve agaroz jel ve spektrofotometre’de tekrar kontrol edilmiştir.



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

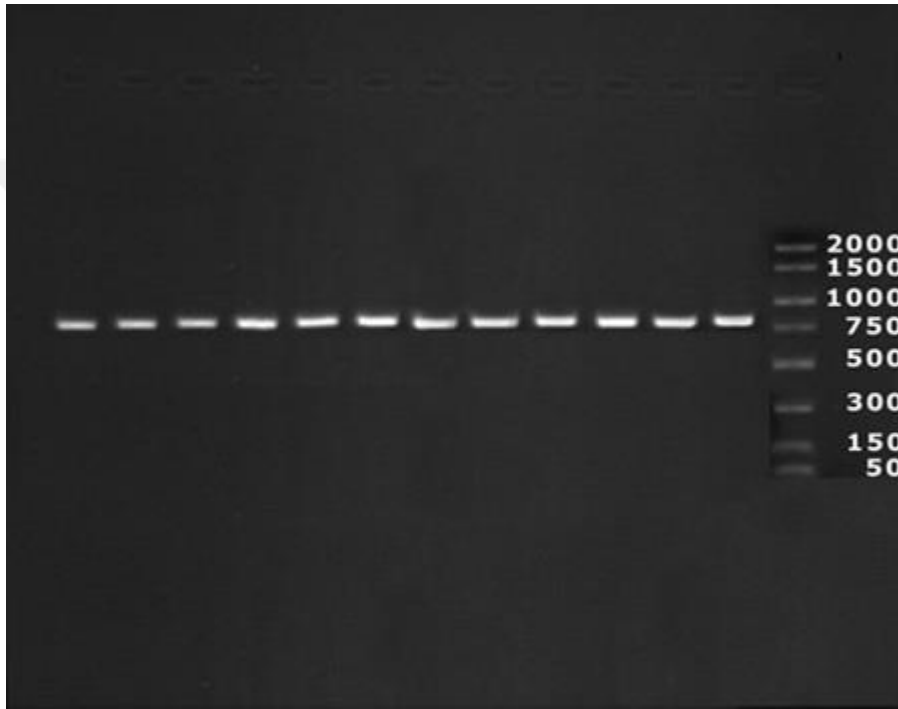
3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle 16S rRNA Geninin Çoğaltılması

Mitokondriyal DNA (mtDNA) gen bölgeleri dizin analizi için, polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ile mtDNA 16S rRNA geni üniversal primerler ile başarılı bir şekilde laboratuvarımızda çoğaltılmıştır (Tablo 3.3., Şekil 3.4.). Primerlerden 16S rRNA için daha önce başarılı sonuçlar alınan Turan vd. (2009) kullanılmıştır.

Tablo 3.3. Kırlangıç Türlerinin MtDNA 16S rRNA Gen Bölgesinin Çoğaltılması İçin Kullanılan Üniversal Primer ve Yapısı.

Gen Bölgesi	Primer yapıları
16S rRNA	F: 5'-CGC TAA GGG AAA CTG CTG AAA-3' R: 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG TAG-3'

DNA ekstraksiyonundan sonra, universal primerler kullanarak PCR Metodu ile mtDNA 16S rRNA genleri çoğaltılmıştır (Saiki ve ark. 1988). PCR ile uygulamasında; ilk önce 94°C’de 5 dakika denatürasyon (1 döngü) ve bunu takiben 94°C’de 1 dakika strand DNA denatürasyonu, 50°C’de 1 dakika primer bağlanma sıcaklığı sıcaklığı, 72°C’de 1.5 dakika ilk uzama (40 döngü) ve 72°C’de 5 dakika (1 döngü) son uzama safhası izlenmiştir. Elde edilen PCR ürünleri ise % 1,5’lik agaroz jel üzerinde kontrol edilmiştir.

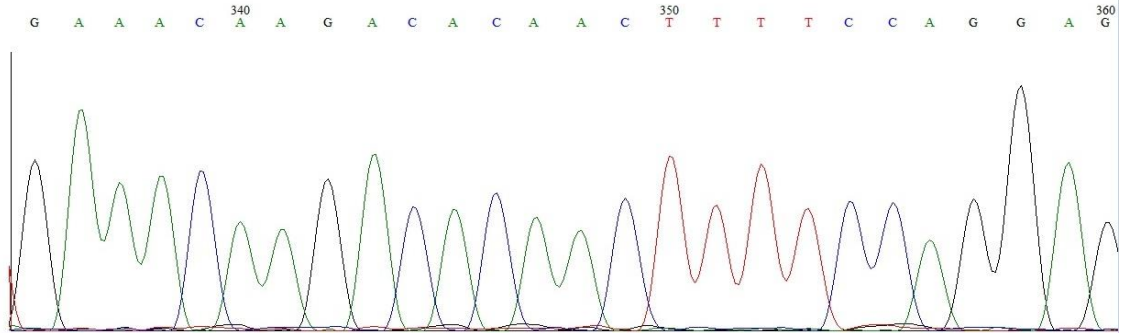


Şekil 3.3. PCR Sonrası Elde Edilen PCR Ürününün Agaroz Jel Üzerinde Kontrolü

3.2.2.4. DNA Dizin Analizi

Genom sekansının belirlenmesinde en yaygın kullanılan yöntem Sanger-Coulson zincir sonlama metodudur. Bu yöntem ile tek seferde dizi analizi yapılamayacak kadar büyük olan DNA’lar önce küçük parçalara bölünür. Elde edilen her bir parça bir plazmite klonlanır. Klonlanan plazmitler tek tek dizilenir. Bu dizilerin biyoinformatik analizlerle bir araya getirilmesiyle uzun DNA parçasının dizisi elde edilir. Bu diziler kapiller jel elektroforezi kullanılarak okunur. Dizi analiz yönteminin hassasiyeti ve verdiği güvenilir sonuçlar bu yöntemin kullanımı oldukça yaygınlaştırmıştır. Artan analiz sayısı, uzun zaman ve yüksek iş gücü gerektirir. Bu gelişmeler sonucunda

otomasyon kaçınılmaz olmuş ve otomatik DNA dizi analizleri uygulamaları yaygınlaşmıştır. Otomatik analizde de Sanger'in enzimatik DNA sentezine dayanan zincir sonlanma yöntemi kullanılmıştır. Otomatik DNA dizi analiz cihazları basit olarak, sabit bilgisayarda yüklü programlar ile bu programların yönettiği elektroforez sistemini içerir. Elektroforetik ünitelerde bulunan lazer ışık kaynağı ile monokromatik bir ışık oluşturulur. Söz konusu DNA'nın bulunduğu jelmatriks bu monokromatik ışık ile taranır. Elektroforez süresince DNA'ya bağlanan floresan boya ışık ile taranan bölgeye geldiğinde uyarılır. Uyarılan boya kendi için karakteristik olan dalga boyunda ışığı geri yansıtır. Yansıyan bu ışık demeti bir detektör tarafından kaydedilir. Kaydedilen veriler bilgisayar programları ile değerlendirilerek sonuçlar grafiksel ya da matematiksel olarak bilgisayar ekranına aktarılır. DNA dizializi cihazlarında 6 bazdan 1000 baza kadar güvenli okuma yapılabilmektedir (Sambrook ve ark., 1989).



Şekil 3.4. DNA dizin analizi sonucu elde edilen 16S rRNA gen bölgesinin parça kromotografisinden bir örnek.

3.2.3. Genetik Verilerin Analizi

Populasyonlar arası genetik farklılıkların tespiti için mitokondriyal DNA analizinde mtDNA gen bölgesi (16S rRNA), DNA dizileme analizi yapılmıştır. Mitokondriyal DNA'nın çalışmada kırılma türleri üzerine yapılmıştır.

Firmadan gelen DNA dizilerinin görsel olarak kontrol edilmesi, kalite düzeyine bakılarak görülen bazı hataların düzeltilmesi ve Clustal W (Thompson vd., 1994) çoklu hizalaması için BioEdit v 7.2.5 (Hall, 2013) programı kullanılmıştır ve çoklu hizalanan dosya MEGA, DNASP gibi programlarda kullanılmak üzere FASTA formatında kaydedilmiştir.

Dizilimler düzenlendikten sonra MEGA 7 programı kullanılarak istatistiksel analizler yapıldı (Kumar vd., 2016). Bu kapsamda; A, T, G ve C oranları, AT ve GC yüzdeleri, nükleotid çeşitlilik, korunmuş bölgeler, anlamlı bölgeler, değişken bölgeler, tekrar bölgeleri, transisyonal ve transversiyonal oranları belirlendi. Ayrıca türler arası ve türler içi genetik farklılık, genetik çeşitlilik değerleri için kullanılmıştır. DNA dizilerimize en uygun olan metodu belirleyebilmek için MEGA 7 de yer alan tahmini model algoritmasından yararlanılmıştır. Filogenetik analizlerde mesafe temelli analizlerden ise komşu katımlı (Neighbour Joining, NJ) soyağacı metoduna göre filogenetik ilişkiler ortaya konulmuştur.



4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

4.1. Populasyonların Genetik Analizi

Dizileri hizalanan *T. lastoviza* populasyonlarının Nei (1978) ve Nei ve Tajima (1981)'ya göre genetik çeşitlilik ve genetik uzaklık verileri kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın derecesi belirlenmiştir. Elde edilen verilerden Neighbor-Joining metodu kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılık belirlenmiştir. Yapılan model test sonucu en iyi model Kimura 2 olarak seçilmiştir (Kimura, 1980).

Analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 757 bp olarak saptanmıştır. Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonu Tablo 4.1'de verilmiştir. Yapılan analizlerde T bazının oranı % 19,8 olarak, C bazının oranı % 27,7 olarak, A bazının oranı % 31.2 olarak, G bazının oranı ise % 21,3 olarak belirlenmiştir.

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

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

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

Ramanadevi ve Thangaraj (2013), Elopsidae familyasına ait 5 türün (*Elops saurus*, *E. affinis*, *E. smithi*, *E. machnata* ve *E. hawaiiensis*) filogenetik analizini mtDNA 16S rRNA geni ile yapmışlardır. Çalışmada 16S rRNA geninin nükleotid kompozisyonunu; A= % 31.63, T= % 13.99, C= % 30.99 ve G= % 23.39 bulmuşlardır. 16S rRNA geni ile yapılan diğer sekans analizi çalışmalarında da görüldüğü gibi adenin bazının diğer bazlara göre yüksek oranda çıkması çalışmamızdaki sonucu desteklemektedir.

Tablo 4.1. Çalışmada kullanılan 757 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu (%).

Bazlar	Ortalama (%)
T	19.8
C	27.7
A	31.2
G	21.3

DNA dizin analizi yapılarında gösterilen 757 bç'lik bölgesi çalışılan 16S rRNA geninin 684 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 46 bç'lik kısmı ise populasyonlar arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 27 bç'lik bölge ise populasyonlar arasında parsimoni anlamlı bölge (belirteç) görevi görmüştür.

Substitüsyon oranlarının maximum likelihood yöntemiyle belirlenmesinde Kimura 2 metodu kullanılmıştır.

Tablo 4.2. Substitüsyon matrisi.

	A	T/U	C	G
A	-	6.08	6.08	12.84
T/U	6.08	-	12.84	6.08
C	6.08	12.84	-	6.08
G	12.84	6.08	6.08	-

Transisyonel substitüsyonlar koyu renkte, transversiyonel substitüsyonları ise italik olarak gösterilmiştir. Substitüsyon oranları bir bazdan diğerine substitüsyon geçiş ihtimalini temsil etmektedir. Transisyonel substitüsyon oranları A/G 12.84, (T/U)/C 12.84, C/(T/U) 12.84, G/A 12.84 olarak bulunmuştur. Nükleotid frekansları; A= %25, T/U= %25, C= %25 ve G= %25 şeklinde görülmektedir.

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

Kimura 2 metoduna göre oluşturulan populasyonlar içi ortalama nükleotid çeşitlilik değerleri Tablo 4.3. 'de gösterilmiştir. Tüm populasyonlar arasındaki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri Kimura 2 metoduna göre 0.0011 bulunmuştur.

Tablo 4.3. Populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik.

Populasyon	Nükleotid Çeşitlilik Değeri
Akdeniz (İskenderun Körfezi)	0.0180
Marmara Denizi (Mudanya)	0.0081
Ege Denizi (İzmir Körfezi)	0.0054

Çizelge 4.3.'a göre en düşük nükleotid çeşitlilik (0,0054) İzmir populasyonunda gözlenmiştir. Bu durumun, İzmir populasyonu üzerindeki avcılık baskısının yoğunluğundan kaynaklanabileceği düşünülmektedir. En yüksek genetik çeşitlilik ise İskenderun populasyonunda ve daha sonra 0.0081 ile Marmara populasyonunda gözlenmiştir.

Ortalama haplotip çeşitliliği 0,94 olarak bulunmuştur. *T.lastoviza* populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı Tablo 4.4.' de verilmiştir.

Tablo 4.4. *T. lastoviza* populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı.

Haplotipler	Akdeniz	Ege	Marmara
Hap 1	1	-	-
Hap 2	2	3	1
Hap 3	1	-	-
Hap 4	1	-	-
Hap 5	2	2	1
Hap 6	1	-	-
Hap 7	1	-	-
Hap 8	1	-	-
Hap 9	-	-	1
Hap 10	-	-	1
Hap 11	-	-	1
Hap 12	-	-	1
Hap 13	-	-	1
Hap 14	-	-	1
Hap 15	-	-	1
Hap 16	-	-	1
Hap 17	-	1	-
Hap 18	-	1	-
Hap 19	-	1	-
Hap 20	-	1	-
Hap 21	-	1	-
Toplam	10	10	10

Tüm populasyonlar için elde edilen haplotip çeşitlilik değerleri Tablo 4.5.'de verilmiştir.

Tablo 4.5. *T. lastoviza* populasyonları için hesaplanan haplotip çeşitlilik değerleri.

Türler	Haplotip Çeşitlilik
Akdeniz	0,9556
Ege Denizi	0,9111
Marmara Denizi	1

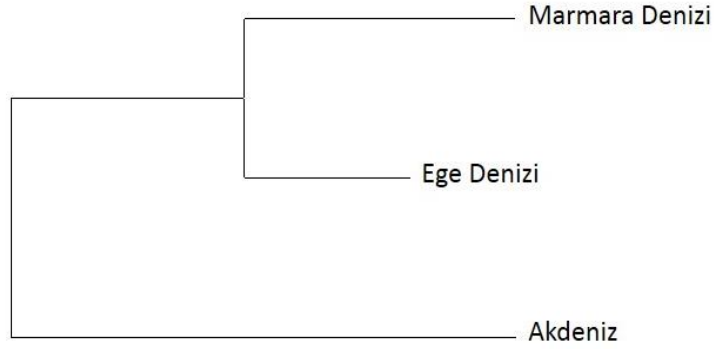
Populasyonlar içerisinde en yüksek haplotip çeşitliliği değeri Marmara populasyonu (1.0), en düşük ise Ege populasyonunda (0,9111) görülmüştür. Elde edilen 21 haplotip çeşitliliği için populasyonlar arasındaki haplotip çeşitlilik değeri Hd: 0.9425 olarak hesaplanmıştır. Haplotip çeşitliliği örnek sayısından kaynaklı yüksek olabileceği düşünülmektedir. Tablo 4.6.'da populasyonlar arasındaki genetik farklılık düzeyleri gösterilmiştir.

Tablo 4.6. Populasyonlar arası genetik farklılık düzeyi.

Populasyonlar	Akdeniz	Ege Denizi	Marmara Denizi
Akdeniz	—		
Ege Denizi	0.014	—	
Marmara Denizi	0.016	0.007	—

Tablo 4.6'ya göre Marmara ve Ege Denizi populasyonları en az farklılaşma düzeyini gösterirken. En yüksek genetik farklılaşma düzeyi Akdeniz populasyonu ile Marmara populasyonun gösterdiği görülmektedir. Akdeniz populasyonun hem Marmara hem de Ege populasyonlarından oldukça uzak mesafede olduğu görülmektedir.

Mesafe temelli analizlerden ise komşu katılımlı (Neighbour Joining, NJ) soyağacı metoduna göre filogenetik ilişkiler ortaya konulmuştur (Şekil 4.1.).



Şekil 4.1.Komşu katılımlı soyağacı

Populasyonlar arasındaki yakınlığın gösterildiği Komşu katılımlı soyağacı soy ağacı ile gösterildiği Şekil 4.1.'e göre Marmara Denizi ve Ege Denizi populasyonları en az farklılaşma düzeyini gösterirken. En yüksek genetik farklılaşma düzeyi Akdeniz populasyonu ile Marmara Denizi populasyonun gösterdiği görülmektedir. Akdeniz populasyonunun hem Marmara Denizi hem de Ege Denizi populasyonlarından oldukça uzak mesafede olduğu görülmektedir.

Tablo 4. 7. Tajima nötralite testi (Tajima, 1989).

m	S	ps	Θ	π	D
30	73	0.096433	0.024342	0.011594	-1.982343

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

Tablo 4.7.'de Tajima, (1989)'nın nötralite testi uygulanmıştır. Bu test ile doğal olarak gelişen bir DNA dizisi ile doğal olmayan süreç kapsamında gelişen DNA dizisi ayırt edilmektedir. Çalışmamızda Tajima nötralite değeri (D) -1.982343 bulunmuştur. Bu sonuç kırlangıç popülasyonlarının avcılık baskısı, kirlilik, deniz suyu sıcaklıklarındaki artış gibi nedenlerden dolayı seleksiyona uğradığına işaret etmiştir.

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



5. SONUÇ ve ÖNERİLER

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

Denizlerimizdeki (Akdeniz, Ege Denizi, Marmara) populasyonları temsilen her bir istasyondan 10 adet toplamda 30 adet örnekleme yapılmıştır. Bu örnekleme sonucunda populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi araştırılmıştır. Türün tanısı ve sistematik ayrımı Cerro, (1997) ile Turan ve ark., (2007)'ye göre yapılmıştır.

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

Genetik analiz sonucunda, analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 757 bp olarak saptanmıştır. 684 bp'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 46 bp'lik kısmı ise populasyonlar arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 27 bp'lik bölge ise populasyonlar arasında parsimoni anlamlı bölge görevi görmüştür.

Populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik en düşük Ege Denizi populasyonunda belirlenmiştir. Bu durum Ege Denizi populasyonu üzerindeki av baskısının sonucu olabileceği ihtimalini ortaya çıkartmıştır. En yüksek genetik çeşitlilik ise Akdeniz populasyonunda bulunmuştur. Bu sonuçlara göre Akdeniz'de *T. lastoviza* populasyonu için yoğun bir av baskısının olmadığı düşünülmektedir. Marmara Denizi populasyonu da Ege Denizi populasyonunda olduğu gibi genetik çeşitlilik değeri düşük çıkmıştır. Son sekiz yılın avcılık istatistiklerini incelediğimiz zaman 2007 senesinde yıllık 292 ton, 2008 senesinde 24 ton, 2009 yılında 47 ton olan avcılık miktarının 2015 yılında 2,9 ton'a kadar dramatik bir şekilde düşmesi de genetik bulguları destekler görünmektedir. Özellikle Ege Denizi ve Marmara Denizi *T. lastoviza* populasyonları için koruma tedbirlerin alınması gerekliliği gözler önündedir.

DNA dizin analizi ile 3 populasyonda toplam 21 haplotip gözlenmiştir. Haplotip çeşitliliği bakımından Akdeniz populasyonunda 7, Marmara populasyonunda 10, Ege populasyonunda 7 haplotip görülmüştür. Haplotip 2 ile Haplotip 5 bütün populasyonlarda ortak haplotiplerdir. Populasyonlar arası ortalama haploid çeşitliliği ise

0,9425 olarak bulunmuştur.

Komşu katımlı soy ağacına (Neighbour Joining tree) göre, komşu populasyonlar olan Marmara Denizi ve Ege Denizi populasyonları birbirlerine yakın populasyonlar olarak karşımıza çıkmıştır. Bu durum bu iki populasyon arasında gen alışverişi olabileceği ihtimalini göstermiştir. Akdeniz populasyonunun Marmara Denizi ve Ege Denizi populasyonlarına uzak çıkması Ege Denizi'nin, bir bariyer oluşturmuş olabileceğini düşündürmüştür. Ayrıyeten elde edilen sonuçlar genetik uzaklık ile coğrafik uzaklık arasında bir paralellik gösterdiği bu durum da beklenilebilen bir durum olduğunu göstermektedir. Deniz ekosistemlerinde görülen farklılıklar doğal olarak yabancı türlerin girişi, aşırı balık avlanması, kirlilik, habitat tahribi gibi sebeplerden de oluşabilmektedir. Akdeniz populasyonunun diğer populasyonlardan göç almadığı veya göçün çok az olduğu düşünülmektedir.

Türkiye denizlerinde *T. lastoviza* populasyonları için daha önce herhangi bir genetik verinin olmaması, bu konuda önemli bir literatür eksikliğine neden olmaktadır. Sonuç olarak, önem arz eden mazak kırlangıcı populasyonlarının ülkemiz denizlerinde yaşadığı çevresel baskılar sonucu genetik yapısında meydana gelen değişimler belirlenerek, türün gelecekte devamlılığı için önemli veriler ve tartışmalar ortaya konmuştur. Mazak kırlangıcı populasyonlarının belirlenmesi, genetik yapılarının göz önünde bulundurularak korunması ve balıkçılık idarecileri tarafından sürdürülebilirliklerinin sağlanması yönünde yönetim stratejileri geliştirilmesinde çok yararlı olacağı düşünülmektedir.

6. KAYNAKLAR

- Akalın S., İlhan D., 2013. Age, Growth and Mortality of Rock Gurnard (*Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788)) (Osteichthyes:Triglidae) in İzmir Bay. **Karadeniz Fen Bilimleri Dergisi / The Black Sea Journal of Sciences** 3(9):47-56, 2013
KFBD ISSN: 1309-4726
- Bañon, R., Pardo, G., Machordom, B., Foresti, A., Porto-Foresti, F., FC Azevedo, M., Sanchez, L. ve Martinez, P., 2005. Phylogenetic analysis of flatfish (Order Pleuronectiformes) based on mitochondrial 16s rDNA sequences. **Scientia Marina**, 69(4): 531-543.
- Başusta N., ve Erdem Ü., 2000. İskenderun Körfezi Balıkları Üzerine Bir Araştırma. **Turk J Zool.** 24 (2000) Ek Sayı, 1-19 © TÜBİTAK
- Beğburs, R.C., Kebapçioğlu, T, 2007. An investigation on catch composition of bottom trammel nets used in Antalya Boğazkent. *EU Su Ürünleri Dergisi* 24: 283–286 (article in Turkish with an abstract in English).
- Bilecenoğlu, M., Kaya, M., Cihangir B., Çiçek B., 2014. An updated checklist of the marine fishes of Turkey. **Turk J Zool** (2014) 38: 901-929 © TÜBİTAK
doi:10.3906/zoo-1405-60
- Blin, N. ve Stafford, D.W., 1976. A general method for isolation of high molecular weight DNA from eukaryotes. **Nucleic acids research**, 3(9): 2303-2308.
- Carvalho, G.R., and Hauser, L., 1994. Molecular-Genetics and the Stock Concept in Fisheries. **Rev. Fish Biol. Fish.** 4:326–350.
- Cerro, L.I., 1997. Revisió taxonòmica mundial de la família Triglidae (Pisces, Scorpaeniformes).. **Fac. Biologia, Univ. Barcelona. Doktora Tezi**, 254 s.
- Colloca, F., Cardinale, M., Marcello, A. Ardizzon, G. D., 2003. Tracing the life history of red gurnard (*Aspitrigla cuculus*) using validated otolith annual rings. **Journal of Applied Ichthyology**, 19:1-9.
- Froukh, T., 2007. Genetic population structure, gene flow, and Evolutionary history of selected ornamental fish in the red sea. **Faculty of Biology and Chemistry University of Bremen. Doktora tezi**

- Hall. T. A., 2013. "BioEdit v 7.2.5. <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/page2>". Last updated 12.11.2013.
- İlkyaz A. T., Metin G., Soykan O., Kinacigil H. T., 2008. Length–weight relationship of 62 fish species from the Central Aegean Sea, Turkey. **Journal of Applied Ichthyology**. 24(6): 699–702, DOI: 10.1111/j.1439-0426.2008.01167.x
- İşmen, A., Özen, Ö., Altınağaç, U., Özekinci, U., Ayaz, A., 2007. Weight–length relationships of 63 fish species in Saros Bay, **Turkey**. **J. Appl. Ichthyol.**, 23: 707-708.
- Karakulak, F.S., Erk, H., Bilgin, B., 2006. Length–weight relationships for 47 coastal fish species from the northern Aegean Sea, Turkey. **Journal of Applied Ichthyology**, 22(4): 274–278, DOI: 10.1111/j.1439-0426.2006.00736.x
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **J. Mol. Evol.** 16, 111–120.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K., 2016. "MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets". **Molecular Biology and Evolution**, 33,1870-1874. Manual, Second ed. Cold Spring Harbor Press, New York.
- Marriott, A. L., Latchford, J. W., Mccarthy, I. D., 2010. Population biology of the red gurnard (*Aspitrigla cuculus* L.; Triglidae) in the inshore waters of Eastern Anglesey and Northwest Wales. **Journal of Applied Ichthyology**, 26: 504–512.
- Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3), 583–590.
- Özaydın, O., Uçkun, D., Akalın, S., Leblebici, S., Tosunoğlu, Z., 2007. Length–weight relationships of fishes captured from Izmir Bay, Central Aegean Sea. **Journal of Applied Ichthyology**, 23(6), 695-696. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-0426.2007.00853.x>
- Cengiz, Ö., İşmen, A., Özekinci, U., Öztekin, A., 2011. Saroz Körfezi (Kuzey Ege Denizi) Balık Faunası Üzerine Bir Araştırma. **Afyon Kocatepe University Journal of Sciences**. 11 (31-37)
- Öztik, F, Yılmaz, F., 2006. An investigation of demersal fishes of Gökova Bay in Aegean Sea. **Ekoloji**, 58: 16-20.

- Özvarol, Y., 2014. Length-weight relationships of 14 fish species from the Gulf of Antalya (northeastern Mediterranean Sea, Turkey). **Turkish Journal of Zoology**, 38(3), 342-346. [http:// 10.3906/zoo-1308-44](http://10.3906/zoo-1308-44)
- Quignard, J.-P. ve Tomasini, J.A., 2000. Mediterranean fish biodiversity. **Biol. Mar. Mediterr.** 7(3):1-66.
- Ramanadevi, V. ve Thangaraj, M., 2013. Comparative Phylogenetic Study of Four Genes of Mitochondrial Genome in Tenpounder Fishes (Order: Elopiformes). **Notulae Scientia Biologicae**, 5(3): 282-289.
- Richards, W.J. and V.P. Saksena, 1990. Triglidae. p. 680-684. In J.C. Quero, J.C. Hureau, C. Karrer, A. Post and L. Saldanha (eds.) Check-list of the fishes of the eastern tropical Atlantic (CLOFETA). JNICT, Lisbon; SEI, Paris; and UNESCO, Paris. Vol. 2.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., 1989. **Molecular Cloning: A Laboratory**
- Sangun, L., Akamca, E., Akar, M., 2007. Weight-length relationships for 39 fish species from north-eastern Mediterranean coast of Turkey. **Turk J Fish Aquat Sc** 7: 37–40.
- Santos, S., Schneider, H. ve Sampaio, I., 2003. Genetic differentiation of *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae, Perciformes) populations in Atlantic coastal waters of South America as revealed by mtDNA analysis. **Genetics and Molecular Biology**, 26(2): 151-161.
- Serena, F., Voliani, A., Auteri, R., 1998. Nursery Areas and Some Biological Information of Tub gurnard (*Trigla lucerna* L., 1758) off Tuscany coast (Italy). **Rapp. Comm. int. Mer. Medit.**, 35: 482-483.
- Singh, N.S., Behera, B.K. ve Sharma, A.P., 2013. Population Structure of *Puntius sophore* Inferred from Variation in Mitochondrial DNA Sequences. **International Journal of Research in Fisheries and Aquaculture**. 3(3): 112-115.
- Tajima, F., 1989. Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*, 123, 585-595.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., Gibson, T. J., 1994. "CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice". **Nucleic Acids Research** 22(22), 4673-4680.

- Torcu, H., ve Aka, Z., 2000. Edremit Körfezi (Ege Denizi) Balıkları Üzerine Bir Araştırma. **Turk J Zool.** 24 (2000): 45–61.
- Torcu, H., Aka, Z., İşbilir, A., 2001. An investigation on Fishes of the Turkish Republic of Northern Cyprus. **Turk. J. Vet. Anim. Sci.**, 25:155-159.
- Turan, C., Öztürk, B., Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Uygur, N. 2007. Atlas of Marine Bony Fishes of Turkey. In: Atlas and Systematic of Marine **Bony Fishes of Turkey** [Editor C. Turan]. (ISBN: 978-9944-73-018-1). Nobel Publishing House, Adana, Turkey.
- Turan, C., 2000. Balıkçılıkta Stok Kavramı ve Genetik Düşüncenin Önemi. IV. Su Ürünleri Sempozyumu, 233-250, Erzurum.
- Turan, C., Gündüz, I., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Ergüden, D. 2009. “Systematics of scorpaeniformes species in the Mediterranean Sea inferred from mitochondrial 16S rDNA sequence and morphological data”. **Folia Biologica**, 57(3-4), 219-226.
- TÜİK, 2007. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2008. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2009. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2010. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2011. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2012. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2013. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2014. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK, 2015. Fishery statistics, <http://www.tuik.gov.tr>.
- Uçkun, D., 2005. Edremit Körfezi’nde Triglidae Familyası (Kırlangıç Balıkları)’na Ait Türlerin Yaş ve Büyüme Özelliklerinin İncelenmesi. **Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 22(3-4): 363-369.
- Uyan A., 2014. Kırlangıç (*Chelidonichthys lucerna* Linnaeus, 1758) Populasyonlarının Genetik ve Morfolojik Yapı Analizi. Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi. 61 s.
- Vallisneri M., Montanini S., Stagoni, M., 2010. Length–weight relationships for the family Triglidae in the Adriatic Sea, northeastern Mediterranean. **Journal of Applied Ichthyology** 26 (3): 460–462. DOI: 10.1111/j.1439-0426.2009.01389.x

- Vallisneri M., Montanini S., Stagioni, M. 2012. Size at maturity of triglid fishes in the Adriatic Sea, northeastern Mediterranean. **Journal of Applied Ichthyology** 28 (1): 123–125. DOI: 10.1111/j.1439-0426.2011.01777.x
- Whitehead, P.J.P., Bauchot, M.L., Hureau, J.C., Nielsen, J. ve Tortonese, E. (Eds),1986. Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean. Paris: UNESCO. 1473 s.
- Yesilçimen, H. Ö. ve Kusat, M., 2011. Antalya Körfezi'nde Dip Trolü Balıkçılığı İle Avlanan Ekonomik Balık Türlerinin Aylık Değişimi. **Journal Of Fisheries sciences**. 5(2011): 115-121.
- Wheeler, A., 1978. Key to the Fishes of Northern Europe. Frederick Warne Ltd, London.



7. ÖZGEÇMİŞ

1986 yılında Diyarbakır'da doğdu. İlkokul, ortaokul ve lise eğitimini Adana'da tamamladı. 2007 yılında girdiği Çukurova Üniversitesi Su Ürünleri bölümünden 2010 yılında Su Ürünleri tekniker unvanı ile mezun oldu. 2011 yılında DGS'ye girerek Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Mühendislik Fakültesini kazandı. 2011 yılında girdiği Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden 2014 yılında Su Ürünleri Mühendisi unvanı ile mezun oldu. 2014 güz döneminde İskenderun Teknik Üniversitesi, Mühendislik ve Fen Bilimleri Enstitüsü'nde yüksek lisans eğitimine hak kazanıp, eğitimine devam etmekte.