

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
SU ÜRÜNLERİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

**VAN İLİ GÖKKUŞAĞI ALABALIĞI (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum, 1792)
ANAÇ POPULASYONLARININ BÜYÜME HORMONU (GH) GEN
EKSPRESYON SEVİYELERİ, GENETİK POLİMORFİZM İLE BAZI
FENOTİPİK PARAMETRELERE GÖRE DEĞERLENDİRİLMESİ VE
YÖNETİMİNE YÖNELİK BİR ARAŞTIRMA**

DOKTORA TEZİ

HAZIRLAYAN: Boran KARATAŞ
DANIŞMAN : Prof. Dr. Muhammed ARABACI

VAN-2019

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
SU ÜRÜNLERİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

**VAN İLİ GÖKKUŞAĞI ALABALIĞI (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum, 1792)
ANAÇ POPULASYONLARININ BÜYÜME HORMONU (GH) GEN
EKSPRESYON SEVİYELERİ, GENETİK POLİMORFİZM İLE BAZI
FENOTİPİK PARAMETRELERE GÖRE DEĞERLENDİRİLMESİ VE
YÖNETİMİNE YÖNELİK BİR ARAŞTIRMA**

DOKTORA TEZİ

HAZIRLAYAN: Boran KARATAŞ

Bu çalışma YYÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığı tarafından FDK-2017-6345
No'lu proje olarak desteklenmiştir

VAN-2019

KABUL VE ONAY SAYFASI

Su Ürünleri Mühendisliği Anabilim Dalı'nda Prof. Dr. Muhammed ARABACI danışmanlığında, Araş. Gör. Boran KARATAŞ tarafından sunulan "Van İli Gökkuşuğu Alabalığı (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) Anaç Populasyonlarının, Büyüme Hormonu (GH) Gen Ekspresyon Seviyeleri, Genetik Polimorfizm ile Bazı Fenotipik Parametrelere Göre Değerlendirilmesi ve Yönetimine Yönelik Bir Araştırma" isimli bu çalışma Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği'nin ilgili hükümleri gereğince 15/11/2019 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği / ~~oy çokluğu~~ ile başarılı bulunmuş ve doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Prof. Dr. İbrahim DİLER

İmza:

Üye: Prof. Dr. Mustafa SARI

İmza:

Üye: Prof. Dr. Muhammed ARABACI

İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Mustafa USTA

İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Mustafa AKKUŞ

İmza:

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun 22/11/2019 tarih ve 2019/61-T sayılı kararı ile onaylanmıştır.

İmza: 



TEZ BİLDİRİMİ

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

Boran KARATAŞ

ÖZET

VAN İLİ GÖKKUŞAĞI ALABALIĞI (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum, 1792) ANAÇ POPULASYONLARININ, BÜYÜME HORMONU (GH) GEN EKSPRESYON SEVİYELERİ, GENETİK POLİMORFİZM İLE BAZI FENOTİPİK PARAMETRELERE GÖRE DEĞERLENDİRİLMESİ VE YÖNETİMİNE YÖNELİK BİR ARAŞTIRMA

KARATAŞ, Boran
Doktora Tezi, Su Ürünleri Mühendisliği Anabilim Dalı
Tez Danışmanı: Prof. Dr. Muhammed ARABACI
Kasım 2019, 232 sayfa

Bu çalışmada Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç populasyonlarının bazı fenotipik özellikleri, mitokondrial DNA'dan (mtDNA) genotipik polimorfizmleri ve büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan gökkuşığı alabalığı anaçları (*Oncorhynchus mykiss*) Van ilinde bulunan ve resmi olarak faaliyet gösteren 6 adet gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinden temin edilmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik özellikleri göz önüne alındığında gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların 7 adet farklı gökkuşığı alabalığı hattı oluşturduğu bulunmuştur. Ayrıca kuluçkahanelerin genotipik durumlarının “çok iyi”, “iyi” ve “orta” seviyede olduğu görülmüştür. Çalışmada kuluçkahanelerin F_{IS} değeri (-0.34) – (0.21) arasında F_{IT} değerleri ise (-0.05) – (0.38) arasında bulunmuştur. Ayrıca F_{ST} değeri 0.21 bulunmuştur.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerdeki büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerine göre en yüksek büyüme hormonu (GH-I) nispi gen ifade seviyesinin sırası ile OCK ve SFA kuluçkahanelerindeki anaçlarda olduğu bulunmuştur.

Sonuç olarak bu çalışmada Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerdeki anaçlardan elde edilen genotipik ve fenotipik verilerin ayrı ayrı ve birlikte değerlendirilmesi ile sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için kıyaslanabilir, değerlendirilebilir yönetim parametreleri elde edilmiştir.

Anahtar kelimeler: Fenotip, Gen ifadesi, Genetik polimorfizm, Gökkuşığı alabalığı, *Oncorhynchus mykiss*.



ABSTRACT

A RESEARCH ON THE EVALUATION AND MANAGEMENT OF RAINBOW TROUT (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum, 1792) IN VAN PROVINCE ACCORDING TO GROWTH HORMONE (GH) GENE EXPRESSION LEVELS, GENETIC POLYMORPHISM AND SOME PHENOTYPIC PARAMETERS

KARATAŞ, Boran
Ph.D Thesis Aquaculture Engineering
Supervisor : Prof. Dr. Muhammed ARABACI
November 2019, 232 pages

In this study, some phenotypic characteristics, genotypic polymorphisms from mitochondrial DNA (mtDNA) and growth hormone (GH-I) gene expression levels of rainbow trout hatcheries in Van province were determined. The rainbow trout broodstocks (*Oncorhynchus mykiss*) used in the present study were obtained from officially operating six rainbow trout hatcheries in Van province.

Considering the genotypic characteristics of rainbow trout hatcheries, it was found that broodstocks in rainbow trout hatcheries formed 7 different rainbow trout lines. In addition, the genotypic status of hatcheries were found as “very good”, “good” and “moderate”. In this study, F_{IS} values of hatcheries were found between (-0.34)–(0.21) and whereas F_{IT} values were found between (-0.05)–(0.38). Furthermore, the F_{ST} value found to be 0.21.

According to the growth hormone relative gene expression levels in rainbow trout hatcheries, the highest level of growth hormone (GH-I) relative gene expression was found in the broodstocks of OCK and SFA hatcheries, respectively.

As a result, the genotypic and phenotypic data obtained from the broodstocks of rainbow trout hatcheries in Van province were evaluated separately and together, and comparable and evaluable management parameters were obtained for a healthy hatchery and broodstock management in the present study.

Key words: Gene expression, Genetic polymorphism, Phenotype, *Oncorhynchus mykiss*, Rainbow trout.



ÖN SÖZ

Bu tez çalışmasında, her türlü ilgi ve yardımlarını esirgemeyen danışmanım Sayın Prof. Dr. Muhammed ARABACI 'ya teşekkür ederim. Ayrıca desteklerini ve yardımlarını esirgemeyen Doç. Dr. Çeknas ERDİNÇ'e, Doç. Dr. Gazel SER'e, Dr. Öğr. Üyesi Mustafa USTA'ya, Dr. Öğr. Üyesi Mustafa AKKUŞ'a ve Öğr. Gör. Dr. Sadi ELASAN'a teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmasında işletmesinde deneme ortamı sağlayan Van İç Su Ürünleri Yetiştiricileri Üretici Birliği Başkanı ve Kırkçeşme gökkuşağı alabalığı kuluçkahanesi sahibi Sayın Sait ÖZTUNÇ'a teşekkür ederim.

Ayrıca tez materyalinin sağlanmasında yardımcı olan Sayın Selim MANTAŞ'a (Yeşilsu Alabalık Tesisi), Sayın Medeni SARBAN'a (Beyazsu Alabalık Tesisi), Sayın Faruk ELİTAŞ'a (ELFA Alabalık Tesisi), Sayın Tayyar ESEN'e (Özçatak Alabalık Tesisi) ve Sayın Abdullah ARVAS'a (Şifa Alabalık Tesisi) teşekkür ederim.

Özellikle, sevgi ve ilgilerini benden esirgemeyen sevgili eşim Araş. Gör. Merve Dilek KARATAŞ'a ve aileme teşekkürlerimi sunarım.

Ayrıca tez çalışmasının finansını üstlenen Yükseköğretim Kurulu ÖYP Koordinatörlüğü'ne ve Van YYÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığı'na teşekkürlerimi sunarım.

2019

Boran KARATAŞ



İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖN SÖZ.....	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
ÇİZELGELER LİSTESİ	xi
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	xv
SİMGELER VE KISALTMALAR	xvii
EKLER DİZİNİ.....	xxi
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ	5
2.1. Gökkuşuğu Alabalığı ve Özellikleri	5
2.2. Gökkuşuğu Alabalığı Populasyonlarını Değerlendirmek için Kullanılan Moleküler Genetik Çalışmalar.....	7
2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)	9
2.4. Genotipik Polimorfizm	10
2.5. Kantitatif Polimeraz Zincir Reaksiyonu (QPCR)	16
2.6. Gen İfadesi.....	16
2.7. Büyüme Hormonu (GH).....	17
2.8. Etkin Anaç Sayısı	21
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	23
3.1. Materyal.....	23
3.1.1. Balık materyali	23
3.1.2. Kan materyali	23
3.1.3. Yumurta materyali	23
3.1.4. Çalışma alanları	24
3.1.5. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler	26
3.2. Yöntem	26
3.2.2. Anaçlarının genotipik özelliklerinin belirlenmesi	26
3.2.2.1. Anaçların mtDNA gen bölgesinden genotipik farklılıkların (polimorfizm) hesaplanması	27
3.2.2.1.1. Anaçlardan kan örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu	27
3.2.2.1.2. Anaçların mtDNA gen bölgesine spesifik primerlerin dizaynı	27

3.2.2.1.3. PCR amplifikasyonu.....	30
3.2.2.1.4. Kapiller elektroforez ile alellerin belirlenmesi.....	31
3.2.2.1.5. Verilerin değerlendirilmesi.....	31
3.2.2.2. Anaçlardan alınan larvaların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin hesaplanması.....	43
3.2.2.2.1. Anaçlardan yumurta örneklerinin alınması, inkübe edilmesi ve açılan larvalardan RNA izolasyonu.....	44
3.2.2.2.2. cDNA kütüphanesinin oluşturulması.....	45
3.2.2.2.3. Anaçların büyüme hormon (GH-I) genine spesifik primer dizaynı.....	46
3.2.2.2.4. Anaçların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirlemek için referans genin seçilmesi ve spesifik primer dizaynı.....	46
3.2.2.2.5. Kantitatif PCR (QPCR).....	47
3.2.2.2.6. Gen ifade hesaplamaları.....	49
3.2.1. Anaçların fenotipik özelliklerinin belirlenmesi.....	51
4. BULGULAR.....	55
4.1. Anaçlarının Genotipik Özelliklerinin Belirlenmesi.....	55
4.1.1. Anaçların mtDNA gen bölgesinden genotipik farklılıkların (polimorfizm) hesaplanması.....	55
4.1.1.1. Anaç bazında kuluçkahane içi değerlendirmeler.....	55
4.1.1.2. Tüm kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki değerlendirmeler.....	59
4.1.1.2.1. Her bir anacının diğer anaçlara göre GBO (Genetik benzerlik oranı) ve GFO (Genetik farklılık oranı) değerleri.....	59
4.1.1.2.2. Her bir anacının diğer anaçlara olan ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO).....	61
4.1.1.3. Anaçların genetik benzerlik oranlarına (GBO) göre dendrogram elde edilmesi ve hatların belirlenmesi.....	62
4.1.1.3.1. Anaç hatlarının frekansları.....	64
4.1.1.3.2. Hatların ortalama genetik benzerlik oranları.....	65
4.1.1.3.3. Kuluçkahanelere göre belirlenen farklı hatlar ve anaç sayıları.....	65
4.1.1.4. Kuluçkahanelerin genetik yakınlık oranına (GYO) ve genetik mesafe oranına (GMO) göre değerlendirilmesi.....	66
4.1.1.4.1. Kuluçkahanelerinin birbirlerine göre GYO ve GMO değerleri.....	67
4.1.1.4.2. Kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre dendrogram eldesi.....	67
4.1.1.4.3. Kuluçkahanelerin genotipik çeşitlilik değerleri.....	69

4.1.1.5. Kuluçkahanelerin genotipik farklılıklar (polimorfizm) bakımından genel olarak değerlendirmesi.....	71
4.1.1.5.1. Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) ve ortalama genetik farklılık oranları (OGFO).....	72
4.1.1.5.2. Kuluçkahaneler arası OGYO ve OGMO değerleri.....	73
4.1.2. Anaçlardan alınan larvaların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin hesaplanması	74
4.1.2.1. Hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre değerlendirilmesi	78
4.1.2.2. Kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre değerlendirilmesi.....	80
4.2. Anaçların Fenotipik Özellikleri	82
4.2.1. Kuluçkahanelere ait bazı çevresel parametreler	82
4.2.2. Anaçların beslenmesi.....	84
4.2.3. Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve besin içerikleri	85
4.2.4. Anaçların yemleme şekli ve metodu.....	85
4.2.5. Anaçların beslenme davranışları.....	86
4.2.6. Anaçların kökeni.....	87
4.2.7. Anaçların yetiştirilme şekli.....	88
4.2.8. Anaç sayısı.....	89
4.2.9. Yumurta alınan, yumurtlamaya katılmayan veya kısır anaç sayısı	90
4.2.10. Anaçların yumurtlama aralığı.....	91
4.2.11. Anaçların yumurtlama profili	92
4.2.12. Dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı	94
4.2.13. Anaçların genel özellikleri (Yaş, boy, ağırlık vb.)	95
5. TARTIŞMA SONUÇ	99
5.1. Genotipik Farklılıklar	99
5.1.1. Anaçlarının mtDNA gen bölgesindeki bazı genotipik farklılıkların (polimorfizmin) değerlendirilmesi	100
5.1.1.1. Kuluçkahanelerde belirlenen hatlar ve hatlar arasındaki farklılıkların (polimorfizmin) ortalama genetik benzerlik oranlarına (OGBO) göre değerlendirilmesi	100
5.1.1.2. Anaç bazında kuluçkahane içi farklılıkların (polimorfizmin) değerlendirilmesi	105
5.1.1.3. Tüm kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki farklılıkların (polimorfizmin) değerlendirilmesi	106

5.1.1.4. Kuluçkahane içi farklılıkların (polimorfizmin) genel değerlendirilmesi	109
5.1.1.5. Kuluçkahanelerin birbirlerine göre farklılıklarının (polimorfizmin) değerlendirilmesi	114
5.1.1.6. Kuluçkahaneler arası farklılıkların (polimorfizmin) genel değerlendirilmesi	117
5.1.1.7. Kuluçkahanelerdeki genotipik farklılıkların (polimorfizmin) diğer genotipik çeşitlilik kriterleri ile değerlendirilmesi	122
5.1.2. Kuluçkahanelerin ve hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri açısından değerlendirilmesi.....	142
5.1.2.1. Hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri açısından değerlendirilmesi	144
5.1.2.2. Kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri açısından değerlendirilmesi	147
5.2. Çevresel Parametreler	159
5.2.1. Su kalite kriterleri	159
5.2.2. Çevreyi etkileyen kuluçkahane yönetim parametreleri	162
5.3. Fenotipik Farklılıklar	169
5.4. Fenotipik ve Genotipik Farklılıkların Birlikte Değerlendirmesi	171
5.5. Sonuç ve Öneriler	185
KAYNAKLAR	191
EKLER	199
ÖZ GEÇMİŞ	231

ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge	Sayfa
Çizelge 3.1. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri, buldukları ilçeler ve çalışmada kullanılan kan, yumurta ve larva örneklerinin toplama zamanı	25
Çizelge 3.2. Gökkuşığı alabalığı mtDNA sekanslarından dizayn edilen primerler	29
Çizelge 3.3. Genotipik polimorfizm belirlenmesi amacıyla PCR’da kullanılan karışımının bileşenleri ve miktarları	30
Çizelge 3.4. Genotipik polimorfizm belirlenmesi amacıyla uygulanan PCR sıcaklık ve süreleri	31
Çizelge 3.5. Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik ve genetik farklılık oranları değerlendirme çizelgesi	34
Çizelge 3.6. Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık ve genetik mesafe oranlarını değerlendirme çizelgesi	36
Çizelge 3.7. Gökkuşığı alabalığı büyüme hormon (GH-I) genine spesifik dizayn edilen primerler	46
Çizelge 3.8. Gökkuşığı alabalığı 18S rRNA gen bölgesine spesifik dizayn edilen primerler	47
Çizelge 3.9. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla kantitatif PCR’da kullanılan karışımının bileşenleri ve miktarları	48
Çizelge 3.10. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla uygulanan kantitatif PCR sıcaklık ve süreleri ile erime eğrisi programı	49
Çizelge 4.1. Yeşil su alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	56
Çizelge 4.2. Beyaz su alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	56
Çizelge 4.3. Kırkçeşme alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	57
Çizelge 4.4. Elfa alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	57

Çizelge	Sayfa
Çizelge 4. 5. Özçatak alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	58
Çizelge 4. 6. Şifa alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	59
Çizelge 4. 7. Bütün kuluçkahanelerde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri	60
Çizelge 4. 8. Her bir gökkuşığı alabalığı anacının diğer gökkuşığı alabalığı anaçlarına olan ortalama genetik benzerlik oranları	62
Çizelge 4. 9. Hatlarının ortalama genetik benzerlik oranları ve frekansları	65
Çizelge 4. 10. Kuluçkahanelere göre belirlenen farklı hatlar ve anaç sayıları (n)	66
Çizelge 4. 11. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre GYO ve GMO değerleri.....	67
Çizelge 4. 12. Kuluçkahanelerin birbirlerine göre genetik mesafeleri	68
Çizelge 4. 13. Kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası genotipik polimorfizmin diğer genotipik çeşitlilik kriterleri ile değerlendirilmesi.....	70
Çizelge 4. 14. Kuluçkahane içi OGBO, OGFO değerleri	72
Çizelge 4. 15. Kuluçkahaneler arası OGMO, OGYO değerleri	73
Çizelge 4. 16. Hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri	78
Çizelge 4. 17. Hatları oluşturan anaçların sayısı ve buldukları kuluçkahaneler.....	80
Çizelge 4. 18. Kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri.....	80
Çizelge 4. 19. Kuluçkahanelere ait bazı çevresel parametreler*	83
Çizelge 4. 20. Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve numaraları	84
Çizelge 4. 21. Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve besin içerikleri.....	85
Çizelge 4. 22. Anaçların yemleme şekli ve metodu	86
Çizelge 4. 23. Anaçların beslenme davranışları	87
Çizelge 4. 24. Anaçların kökeni	88

Çizelge	Sayfa
Çizelge 4. 25. Anaçların yetiştirilme şekli	89
Çizelge 4. 26. Toplam dişi anaç sayısı ve dişi/erkek anaç oranları	90
Çizelge 4. 27. Yumurta alınan, yumurtlamaya katılmayan veya kısır anaç sayısı	90
Çizelge 4. 28. Anaçların yumurtlama aralığı.....	91
Çizelge 4. 29. Dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı	94
Çizelge 4. 30. Anaçların genel özellikleri (yaş, boy, ağırlık vb.).....	95
Çizelge 5.1. Gökkuşığı alabalığı hatlarını oluşturan anaçların sayısı ve buldukları kuluçkahaneler	101
Çizelge 5.2. Gökkuşığı alabalığı hatlarının ortalama genetik benzerlik oranları, frekansları ve genotipik durumları	104
Çizelge 5. 3. Kuluçkahane içi OGBO, OGFO değerleri ve genotipik durumları.....	109
Çizelge 5. 4. Kuluçkahaneler arası OGMO, OGYO değerleri ve genotipik durumları	118
Çizelge 5. 5. Gökkuşığı alabalıklarında yapılan farklı çalışmalarda elde edilen F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerleri.....	130
Çizelge 5. 6. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatlar ve anaç sayıları	143
Çizelge 5. 7. Farklı rakım ve sıcaklıklarda suyun doymuşluk düzeyinde çözünmüş oksijen konsantrasyonları (mg/l) (Stickney, 1991).	161
Çizelge 5. 8. Gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliğinde çevreyi etkileyen kuluçkahane yönetim parametreleri	162
Çizelge 5. 9. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin fenotipik ve genotipik polimorfizm parametreleri ile GH-I gen ifade seviyelerine göre değerlendirilmesi.....	173



ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil	Sayfa
Şekil 4. 1. Anaçlardan elde edilen dendrogram ve hatlar.....	63
Şekil 4. 2. Hatları oluşturan anaç sayıları.....	64
Şekil 4. 3. Kuluçkahanelerinin birbirlerine göre genetik mesafeleri ile elde edilen dendrogram (Çizelge 4.12'deki değerlere göre yeniden elle çizilmiştir).....	68
Şekil 4. 4. SFA kuluçkahanesine ait üssel eğrilerin ekran görüntüsü.	75
Şekil 4. 5. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi sonucunda elde edilen Melting Curve analiz sonucu ekran görüntüsü.....	76
Şekil 4. 6. Büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için elde edilen ortak eşik seviye değeri ekran görüntüsü.....	77
Şekil 4. 7. Büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için elde edilen Ct değerleri ekran görüntüsü.....	77
Şekil 4. 8. Hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması.	79
Şekil 4. 9. Kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması.	82
Şekil 4. 10. Yeşilsu alabalık tesisi yumurtlama profili.....	92
Şekil 4. 11. Beyazsu alabalık tesisi yumurtlama profili.	92
Şekil 4. 12. Kırkçeşme alabalık tesisi yumurtlama profili.	93
Şekil 4. 13. EL-FA alabalık tesisi yumurtlama profili.	93
Şekil 4. 14. Özçatak alabalık tesisi yumurtlama profili.....	93
Şekil 4. 15. Şifa alabalık tesisi yumurtlama profili.	94
Şekil 5. 1. Gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerindeki gökkuşacağı alabalığı hatları, geldikleri yerler ve büyüme hormonu (GH-I) nispi gen ifade seviyeleri.	148
Şekil 5. 2. Tüm gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerinin yumurtlama profili.	167



SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış bazı simgeler ve kısaltmalar, açıklamaları ile birlikte aşağıda sunulmuştur.

Simgeler

Açıklama

cm	Santimetre
g	Gram
kg	Kilogram
lt	Litre
m	Metre
mg	Miligram
ml	Mililitre
mm	Milimetre
ng	Nanogram
sn	Saniye
°C	Santigrad Derece
µl	Mikrolitre

Kısaltmalar

Açıklama

bç	Baz Çifti
BSU	Beyazsu Alabalık Tesisi
cDNA	Komplementer Deoksiribonükleik Asit
Ct	Eşik Seviyesi Döngü Değeri
DNA	Deoksiribonükleik Asit
dNTP	Deoksiribonükleotid Trifosfat
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
ELF	EL-FA Alabalık Tesisi

F_{IS}	Kuluçkahane İçi Akrabalı Yetiştirme Katsayısı
F_{IT}	Kuluçkahaneler Arası Akrabalı Yetiştirme Katsayısı
F_{ST}	Kuluçkahaneler Arası Genetik Farklılaşma Katsayısı
GBO	Genetik Benzerlik Oranı
GFO	Genetik Farklılık Oranı
GH-I	Büyüme Hormonu Geni
GMO	Genetik Mesafe Oranı
G_{ST}	Genetik Farklılaşma Katsayısı
GYO	Genetik Yakınlık Oranı
H_o	Kuluçkahane İçi Gözlenen Heterozigotluk
H_s	Kuluçkahaneler İçi Ortalama Heterozigotluk
H_t	Kuluçkahaneler Arası Toplam Heterozigotluk
I	Shannon Genetik Çeşitlilik İndeksi
KCM	Kırkçeşme Alabalık Tesisi
mRNA	Messenger Ribonükleik Asit
mtDNA	Mitokondrial Deoksiribonükleik Asit
N	Populasyondaki Anaç Sayısı
Na	Ortalama Allel Sayısı
NCBI	National Center for Biotechnology Information
Ne	Etkili Allel Sayısı
Nm	Gen Akışı
OCK	Özçatak Alabalık Tesisi
OGBO	Ortalama genetik benzerlik oranı
OGFO	Ortalama genetik farklılık oranı
OGMO	Ortalama genetik mesafe oranı
OGYO	Ortalama genetik yakınlık oranı
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PIC	Polimorfik Lokus Oranı
QPCR	Kantitatif Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RAPD	Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
RFLP	Restriksiyon Parçacık Uzunluk Polimorfizmi

RNA	Ribonükleik Asit
rRNA	Ribosomal Ribonükleik Asit
SFA	Şifa Alabalık Tesisi
SNP	Tek Nükleotid Polimorfizmleri
YSU	Yeşilsu Alabalık Tesisi





EKLER DİZİNİ

	Sayfa
Ek 1. Gökkuşuğu alabalığı kanlarından DNA izolasyon protokolü	199
Ek 2. Çalışmada kullanılan gökkuşuğu alabalıklarından elde edilen DNA'ların absorbans oranlarının ölçülmesi.....	200
Ek 3. Çalışmada kullanılan gökkuşuğu alabalıklarından elde edilen DNA'ların izolasyon sonuçları	201
Ek 4. Primer dizaynında dikkat edilen genel kurallar	202
Ek 5. Gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik primer dizaynı için sekans bilgilerinin eldesi.....	203
Ek 6. Snapgene program formatına uygun veri dosyası oluşturma.....	208
Ek 7. Snapgene programı ile gökkuşuğu alabalığı mtdna bölgesine ait sekansların hizalanması	213
Ek 8. Primer3 programı ile gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine ait primerlerin dizaynı.....	217
Ek 9. Gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik dizayn edilen primerlerin blast edilmesi	220
Ek 10. Kapiller jel elektroforez cihazı ile bantların elde edilmesi	223
Ek 11. Kapillar jel elektroforez sonunda elde edilen bantlardan yararlanılarak binomial veri matrisleri oluşturulması.....	227



1. GİRİŞ

Son yıllarda su ürünleri yetiştiriciliği tüm dünyada ve ülkemizde hızlı bir artış göstererek önemli bir üretim sektörü haline gelmiştir. Hızla büyüyen su ürünleri yetiştiriciliğinin artan kapasitesine bağlı olarak, bu konuda yapılan çalışmalar ve araştırmalar artmaya başlamıştır. Bununla paralel olarak ülkemizde, su ürünleri alanında yapılan yatırımlar önemli düzeyde artmıştır.

Tüm yetiştiricilik alanlarında olduğu gibi su ürünleri yetiştiriciliğinde de temel amaç, en az masrafla birim alandan maksimum ürün elde etmektir. Anaç ve yavruların su kaynaklarından toplanmasıyla başlayan su ürünleri yetiştiricilik çalışmaları zamanla (bazı balık türleri için) kültür hatları oluşturularak yavrudan anaca kadar uzanan “Su Ürünleri Kültürü” şekline dönüşmüştür.

Balıklar yumurta verimleri (fekondite) yüksek canlılar olduğundan tek bir çiftten bile anaç stoku oluşturmak mümkün olabilmektedir. Gökkuşuğu alabalığı yetiştiriciliğinde akraba olmayan yeterli sayıda anaç kullanılmadığı durumlarda veya akrabalı yetiştiricilik yapıldığında, popülasyondaki bireyler arasındaki akrabalık zamanla artabilmektedir. Akrabalığın artması, popülasyondaki homozigotluğu artırmaktadır. Bu ise popülasyondaki nadir ancak kıymetli gen allellerinin kısa, orta ve uzun dönemde kaybolmasına, dolayısıyla popülasyonun çevresel şartlardaki değişimlere karşı hassas hale gelmesine sebebiyet vermektedir. Bu nadir ancak sigorta görevi gören gen allellerini koruyabilmek ve oluşabilecek “akrabalık depresyonunu” minimize etmek için sağında “etkin anaç sayısına” dikkat ederek yeterli anaç kullanılması gerekmektedir (Arabacı, 2007).

Gökkuşuğu alabalığı yetiştiriciliğinde az sayıda anaçla üretim yapılmasının yanında, kullanılan hatalı eşleştirmeler de akrabalık depresyonunu arttırmaktadır. Akrabalık depresyonunun arttığı popülasyonlarda heterozigotluğun (bireyler arası genotipik çeşitliliğin) azalmasının yanı sıra, çevresel şartlara adaptasyonda da birtakım problemler ortaya çıkabilmekte; aynı zamanda üretim verimliliğinde düşüşler, deformasyonlar gibi nedenlerden dolayı ekonomik kayıplar görülebilmektedir.

Genotipik çeşitliliği azaltan akrabalık depresyonu, gelecekte planlanan seleksiyon programlarında elde edilecek genetik ilerleme potansiyelinin de düşmesine

neden olabilmektedir. Bu problemler nedeniyle hem yetiştiricilikte hem de sucul ekosistemlerdeki stoklarda genotipik çeşitliliğin ne seviyede olduğu ile ilgili çalışmalara ağırlık verilmiştir.

Gökkuşuğu alabalığı yetiştiriciliği yapan birçok işletme gökkuşuğu alabalığının gen kaynağı ülkemizde olmadığı için (Kuzey Amerika) ithal yumurta getirerek veya farklı balık çiftliklerinden yumurta, yavru, porsiyonluk, anaç balık temin ederek “kan tazeleme” olarak bilinen uygulamayı yapmaktadırlar.

Akrabalık çok ilerlemediğinde akrabalıktan gelen zararları minimize etmek için, özellikleri bilinen ve hastalık taşımayan başka popülasyonlardan kan tazelemesi yapılabilir. Ancak akrabalık ilerlediğinde ve homozigotluk arttığında etkin anaç sayısına dikkat etmek veya kan tazelemek sağlıklı bir yaklaşım değildir (Arabacı, 2007).

Bu yüzden bir işletmedeki anaç yönetimi planlanırken elde tutulan anaç popülasyonunun genetik yapısının bilinmesi, o işletmede uygulanacak herhangi bir ıslah çalışması için gerekli bir konudur. Üretimin arttırılabilmesi ve yaşama oranı yüksek yavrular elde edilebilmesi; bunların elde edileceği anaç stokunun özelliklerine, bakım-beslenmesine ve en önemlisi anaç stokunun genotipik çeşitliliğine bağlıdır. Yavru üretiminde kullanılacak anaç stokun genetik olarak ilerletilebilmesi yani ıslahı, primer anaç stokundaki genotipik çeşitliliğin yüksek olmasına ve kullanılacak etkin anaç sayısına bağlıdır. Islah çalışmaları uzun zaman almakta ve tam anlamıyla istenilen sonuçta her zaman elde edilememektedir. Çünkü klasik ıslahta genotip tayini, fenotipe dayalı yapılmaktadır. Ayrıca verim özellikleri çevre şartlarından büyük ölçüde etkilenmektedir. Bu sebeple, ıslah amaçlı bir seleksiyon çalışması yapılmadan önce var olan genotipik çeşitliliğin ne düzeyde olduğunun belirlenmesi ilk basamaktır (Arabacı, 2007).

Genotipik farklılıklar (polimorfizm), DNA düzeyinde yapılan tanımlamalarla daha sağlıklı bir şekilde ortaya konulabilmektedir. Son 20 yıl içerisinde su ürünleri alanında genotipik çeşitliliğin belirlenmesi için birçok çalışma yapılmıştır. Genotipik polimorfizm çalışmaları, balık stok yapılarının analizi, taksonomik çalışmalar ve kültür balıkçılığında seleksiyon ve ıslah gibi amaçlar için gerçekleştirilmiştir.

Ancak şimdiye kadar yapılan çalışmalarda kullanılan genotipik belirteçlerin (marker) birbirinden çok farklılık arz etmesi ve ilgilenilen hedef türün farklı hayat

safhalarına, farklı populasyonlarına (kültürüne veya avcılığına) yönelik olması, daha da önemlisi belirlenen polimorfizmler ile fenotip ve genotip arasında ilişki kurulmaması ya da kurulsu bile elde edilen verilerin ayrı ayrı yayınlanması (örneğin sadece fenotipik özellikler ile ilgili veya genotipik polimorfizm ile ilgili) sonuçların birlikte değerlendirilme gücünü beraberinde getirmiştir.

Bu çalışmada Van ilinde faaliyet gösteren altı adet gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde;

- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların fenotipik ve genotipik özellikleri belirlenerek farklılıklarının ortaya konulması,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların mtDNA'ya göre genotipik polimorfizmin seviyeleri belirlenerek kuluçkahanelerdeki anaç populasyonlarının akrabalık düzeylerinin belirlenmesi ve bu özelliğe göre derecelendirilmesi,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların genotipik polimorfizmini belirlemek için genetik benzerlik dışında farklı genotipik çeşitlilik kriterleri (F_{ST} , H_t , N_m vb..) kullanarak anaçlardaki genotipik çeşitliliğinin belirlenmesi,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların kaç adet farklı gökkuşığı alabalığı hattı oluşturduğunun belirlenmesi,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların oluşturduğu gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının frekanslarının ve ortalama genetik benzerlik oranlarının belirlenmesi,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların büyüme hormonu gen ifade seviyelerinin belirlenmesi ve kuluçkahanelerdeki anaçlardan elde edilen büyüme hormonu gen ifade seviyesine göre kuluçkahanelerin büyüme açısından derecelendirilmesi,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının büyüme hormonu gen ifade seviyelerini belirlemek ve gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının büyüme açısından derecelendirilmesi,

- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerdeki anaçların, büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri, genotipik polimorfizm ile fenotipik özelliklerinin birlikte değerlendirilmesi,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçlar için kan tazelemenin gerekli olup olmadığı ya da kan tazeleme amacıyla yararlanılacak hedef kuluçkahanelerdeki anaçların kullanılıp kullanılmayacağını belirlemek ve elde edilen genotipik ve fenotipik verilerin birlikte değerlendirilmesi ile sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için kıyaslanabilir, değerlendirilebilir yönetim parametrelerinin elde edilmesi amaçlanmıştır.



2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ

2.1. Gökkuşığı Alabalığı ve Özellikleri

Su ürünleri yetiştiriciliği kapsamında; özellikle soğuk su balığı olan gökkuşığı alabalığı, dünyanın birçok ülkesinde geniş çevresel koşullar altında yetiştirilmektedir. Kültür koşullarına uygun niteliklerinden dolayı gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliği hızlı bir artış göstermiş ve günümüzde önemli bir üretim dalı haline gelmiştir.

Türkiye’de gökkuşığı alabalığı üretimi, 1970’li yıllarda dışarıdan getirilen yumurtalarla başlamıştır ve zaman içerisinde üreticiler yavru ihtiyaçlarını, kendi anaçlarını yetiştirerek karşılamışlardır. Şüphesiz, üreticiler anaç seçimini yaparken üstün verime sahip bireyleri tercih etmişlerdir (Canyurt, 1985). Dünya genelindeki kültür balıkçılığının gelişimine koşul olarak ülkemizde de özellikle üstün yetiştirme avantajları nedeniyle gökkuşığı alabalığı üretimi büyük aşamalar kat etmiştir (Çelikkale, 1988; Çelikkale ve ark., 1999). Ülkemizde 2000’li yıllarda 42.572 ton olan alabalık üretim miktarı, Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) 2018 verilerine göre 114.497 tona ulaşmıştır (TÜİK, 2018). Günümüzde alabalık üretimi yetiştiricilik yoluyla elde edilen içsu balıkları istihsalinin en önemli kısmını oluşturmaktadır.

Gökkuşığı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*) *Salmonidae* familyasının *Oncorhynchus* genusuna mensup Kuzey Amerika orijinli bir balıktır. Salmonid balıkların vücutları ince uzun olup ışınlı dorsal yüzgeci ile kuyruk yüzgeci arasında ışınsız adipoz yüzgeci bulunur. Gökkuşığı alabalığı, diğer alabalık türlerine nazaran tamamen farklı desenlere sahiptir. Vücudun dorsal kısmında yer alan ve kuyruk yüzgecine kadar uzanan benekler ile diğer alabalık türleri arasından kolaylıkla ayırt edilebilir (Stevenson, 1987; Çelikkale, 1994; Geldiay ve Balık, 2002). Sırt yüzgeci 10-12, anal yüzgeci ise 8-12 yumuşak ışına sahiptir. Pulları, sikloit ve küçüktür. Yanal çizgi tam, az öne doğru 100 ile 150 adet pulla kaplanmıştır. Bıyıkları yoktur. Pulları küçüktür. Kafanın üst kısmı ve arkası çelik mavisi, mavi-yeşil, sarı-yeşil ve hemen hemen kahverengidir. Vücut kenarları gümüşü, beyaz veya soluk sarı-yeşilden griye eğilimli olan bir renktir. Karın kısmı gümüşü beyaz veya sarıdır. Kuyruk yüzgeci çatallıdır, kuyruk ve yağ yüzgeçlerinde çok sayıda siyah benek vardır. Yine vücut

kenarlarında bulanık pembe, mavimsi veya geniş açık bir pembe bant ile çok sayıda küçük lekeler mevcuttur. Anaçlarda yumurtlama zamanı renk koyulaşırken, yanal çizgi üzerinde kırmızı bir bant oluşur (Muus ve Dahlstrom, 1971; Emre, 2004; Purser ve Forteath, 2005).

Gökkuşığı alabalığı türünde çok farklı fenotip ve genotipler bulunmaktadır. Bu farklılıklar hat olarak tanımlanmıştır. Bu hatların bir kısmı sucul ekosistemlerde iken bir kısmı da kültür hattıdır. Bu hatların her biri farklı özelliklere sahiptir. Her bir hattın kullanım amacına göre istenen veya istenmeyen özellikleri bulunabilir. Gökkuşığı alabalıklarının götürüldükleri ülkelerde o ülkenin ismiyle anılan hatları da vardır. Örneğin Tazmania, Yeni Zelanda hattı gibi. Yine seleksiyonla ilettilerek oluşturulmuş bazı hatlar da vardır. Örneğin Japonya'da seleksiyonla elde edilen ve yüksek sıcaklığa karşı toleranslı olan bir hat, 24 °C su sıcaklığında yetiştirilebilmektedir. Ülkemize ithal yumurta yoluyla giren gökkuşığı alabalıkları ise büyük çoğunlukla Kamloops hattıdır (Arabacı, 2007)

Gökkuşığı alabalığı hatları arasında üreme özellikleri bakımından farklılıklar görülebilmektedir. Örneğin çoğu alabalık hatları senede bir kez yumurta verirken, senede iki kez yumurta veren bir hat da bulunmaktadır. Buna karşın büyüme özellikleri zayıf olan bu hattın yetiştiriciliği revaç bulmamıştır (Arabacı, 2007). Gökkuşığı alabalıkları genotipe göre oldukça değişmekle birlikte cinsi olgunluğa genellikle erkekler 2 yaşında, dişiler 3 yaşında erişirler (Stickney, 2000). Kültür koşullarında ise hatlara ve su sıcaklığına göre değişmekle beraber erkek alabalıklar 9. aydan itibaren sperm vermeye başlarken, dişi alabalıklar yaklaşık 2. yıldan itibaren yumurta vermeye başlarlar. İlk yumurta veren anaçlar, genotip ve çevresel şartlara göre değişmekle birlikte yaklaşık 1/2 kg ağırlığında olabilirler. Ülkemizde bulunan gökkuşığı alabalıklarında yumurtlama zamanı genotipe bağlı olarak genelde Kasım ayı sonlarından Nisan'a ayına kadardır. Bunların dışında erken veya geç yumurtlayan hatlar da az sıklıkta bulunmaktadır. Ancak yumurtlama zamanı üzerine sadece genotip değil çevre şartları da (ışık ve su sıcaklığı gibi) etkilidir (Arabacı, 2007). Erkek balığın renkleri daha koyu ve canlı olurken, dişi balığın renkleri daha solgun, cüsseleri erkeklere oranla daha iri ve toplu olmaktadır (Kurtoğlu ve ark., 1998). Gökkuşığı alabalıkları karnivor olup, hayvansal kökenli gıdalarla beslenirler. Gökkuşığı

alabalığının yaşam süresi, yaşadığı koşullara ve genotipe bağlı olarak ortalama 5 ile 6 yıl arasında değişmekle birlikte, Kaliforniya’da 11 yaşında olanlarına da rastlanmıştır (Stickney, 2000).

Kuzey Amerika kökenli bir balık olan gökkuşaağı alabalığının ilk yetiştiricilik çalışmaları Kaliforniya’daki McCloud adlı bir nehirde başlamış daha sonra 1800’lü yılların sonlarına doğru Avrupa’ya getirilmiştir (Gall ve Crandel, 1992). Gökkuşaağı alabalığının yetiştiricilik türü olarak tercih edilmesinin çok sayıda sebebi vardır. Gözlü yumurta naklinin kolaylığı sebebiyle dünyanın birçok bölgesine taşınabilmesi en önemli özelliklerindedir. Başlıca tercih sebepleri, adaptasyon ve yemden yararlanma kabiliyetinin iyi olması, yüksek su sıcaklığını (26 °C) ve sudaki düşük çözünmüş oksijeni iyi tolere etmesidir. Ayrıca gökkuşaağı alabalığının çoğu kültür hatları normal yumurtlama kabiliyetini sürekli seleksiyondan dolayı kaybetmiş olmakla beraber, sağımla kolaylıkla yumurtaları alınabilmekte ve yumurtaların kuluçka süreleri de diğer alabalıklara göre daha kısa olmaktadır. Alabalık yetiştiricilerinin büyük sorunu olan furunkulozis (kanlı çıban) hastalığına karşı da genetik olarak dayanıklıdır. Bütün bu özelliklerinden dolayı alabalıklar içinde bütün dünyada en çok tercih edilen kültür türüdür.

Gökkuşaağı alabalığı anaç popülasyonları ile ilgili birçok çalışma yapılmıştır. Gökkuşaağı alabalığı anaç popülasyonlarını değerlendirmek için diğer canlılarda da kullanılan moleküler genetik çalışmalar aşağıda özet şeklinde verilmiştir.

2.2. Gökkuşaağı Alabalığı Popülasyonlarını Değerlendirmek için Kullanılan Moleküler Genetik Çalışmalar

Canlılarda ele alınan özellik / özellikler bakımından fenotipik farklılıklar, çevre ve genotip olmak üzere başlıca iki sebepten etkilenmektedir. Son zamanlarda moleküler biyolojideki yeni tekniklerin gelişimi, DNA’daki farklılıkların incelenmesini mümkün kılmıştır. Genotipik çeşitliliğin seviyesi, türün devamı ve kültür hatlarında uygulanacak ıslah programları için çok önemlidir. Herhangi bir canlı popülasyonunu etkin olarak yönetmek için, mevcut popülasyonların genetik varyasyon düzeyi mutlaka belirlenmelidir.

Balık populasyonları ile ilgili genetik çalışmalar yıllardan beri devam etmektedir. Balıklarda genetik çalışmaların ilk önemli uygulamaları denizlerde gözlenen davranış ve göç modellerinin araştırılmasıyla ilgilidir. Moleküler ilk çalışmalar, genetik olarak uzak balık populasyonları arasında hemoglobin polimorfizminin araştırılmasıyla başlamıştır (Sick, 1961; Ward ve Grewe., 1994). Örneklerin ayırımındaki problemleri çözmek için özel histokimyasal boyama yöntemleri kullanılmıştır (Hunter ve Markert., 1957). Özgül proteinlerin boyanmasında nişasta jel elektroforezi kullanılarak allozim varyasyonunun belirlenmesi sağlanmıştır (Harris ve Hopkinson., 1976; Arslan, 2006). Ancak protein elektroforezi ile yapılan çalışmaların hızlı, ucuz olması ve çok fazla laboratuvar malzemesi istememesi gibi büyük avantajları olmasına rağmen kullanılan örneklerin taze olma zorunluluğu, DNA çalışmalarına göre çok sayıda örneğe ihtiyaç duyulması ve bu örneklerin genellikle öldürme yoluyla elde edilmesi gibi sınırlayıcı özellikleri bulunmaktadır.

Bu nedenle genotipik belirteçlerin çeşitliliğini sayıca artırabilmek için araştırmacılar 1980'lerin başında DNA'dan yararlanmaya başlamışlardır. Farklı moleküler tekniklerin geliştirilmesiyle birlikte Mitokondriyal DNA (mtDNA), Restriksiyon Parçacık Uzunluk Polimorfizmi (RFLP), Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD), Çoğaltılmış Parçacık Uzunluk Polimorfizmleri (AFLP), DNA dizilerinin belirlenmesi (Sekanslama), Tek Nükleotid Polimorfizmleri (SNP), mikrosatelitler ve makrosatelitler su ürünlerinde yaygın bir şekilde kullanılmaya başlamıştır (Liu ve Cordesb, 2004).

Bu alanda yapılan ilk çalışmalar mitokondriyal DNA (mtDNA) temelli olup, RFLP tekniği kullanılmıştır (Lansman ve ark., 1981). Bununla birlikte 1985 yılında Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) tekniğinin Kary Mullis tarafından geliştirilmesiyle birlikte moleküler genetik alanında ciddi ilerlemeler kat edilmiştir (Innis ve ark., 1990). Ayrıca çalışmalarda PCR tekniğinin canlıyı öldürmeden çok az miktarda doku parçasıyla çalışma imkânı vermesi önemli bir avantajdır.

2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

1985 yılında Kary Mullis tarafından temelleri atılan Polimeraz Zincir Reaksiyonu uygun koşullarda DNA'nın belirli bir bölgesini çoğaltmak için yaygın olarak kullanılan in vitro (bir tüp içerisinde) bir yöntemdir. Bu yöntem kısa süre içerisinde DNA dizisinin birçok kopyasının elde edilmesini sağlayan bir tekniktir. Yöntemin temeli; çoğaltılmak istenen DNA bölgesinin iki ucuna özgü, bu bölgedeki nükleotid dizilerini tamamlayıcı bir çift sentetik DNA parçası (primer) kullanılarak, özel sıcaklıklarda bu iki primerle sınırlandırılan bölgenin enzimatik olarak çoğaltılmasına dayanır (Innis ve ark., 1990).

PCR, hücre içinde (in vivo) DNA'nın transkripsiyon mekanizmasını model alır. Çift zincirli DNA dizisi uygun sıcaklıklarda tek zincirli DNA biçimine ayrılır, kopyalanarak çoğaltılır ve tekrar bağlanır. Bu adımların tekrarıyla DNA'nın birçok kopyası oluşturulur.

PCR tekniği, temel olarak üç basamaktan oluşmaktadır (Innis ve ark., 1990). Bunlar;

- Ayrılma (Denatürasyon): Çoğaltılacak DNA molekülünün çift zincirli yapısının yüksek sıcaklık (sıklıkla 94°C- 97°C arasında) yardımıyla denatüre edilerek tek zincirli hale getirilmesi,
- Bağlanma (Annealing): Çoğaltılacak DNA molekülünün tek zincirli hale gelmesinden sonra spesifik primerlerin kendilerine özel uygun sıcaklıkta (sıklıkla 45°C- 65°C arasında) tek zincirli DNA üzerinde kendi karşılıkları olan bölgelere bağlanması,
- Uzama (Extension): Uygun sıcaklıkta (72°C) Taq DNA polimeraz enziminin yardımıyla DNA zincirinin uzamasıdır (Innis ve ark., 1990).

Bu üç basamaktan oluşan her bir işlem DNA miktarının (şartlar uygun ise) iki katına çıkmasını sağlar ve bu durum bir PCR döngüsünü temsil eder. Bu işlem, genel olarak 25 ile 40 defa tekrar edilerek başlangıçtaki DNA dizisi içinden hedeflenen birçok yeni DNA dizisi çoğaltılır. Çoğaltılan DNA'nın miktarı bu adımların tekrarlanma

sayıları ve ilk koyulan DNA miktarı ve gerekli sarfların (Mg, dNTP, Taq DNA polimeraz) miktarı ile sınırlıdır.

2.4. Genotipik Polimorfizm

Polimorfizm temel anlamıyla kişiler ve populasyonlar arası DNA dizisindeki farklılıklar demektir. Her bireyin ayrı olmasını sağlayan, kişiye özgü genomların aslında %99.9'u özdeştir (Aksoy ve Soydemir, 2017). Genomdaki DNA dizilerinin bir kısmı, yaşam için çok önemli olduklarından dolayı sürekli korunur. Ancak çeşitli nedenlerden dolayı DNA dizisinde bir takım değişiklikler oluşmaktadır. Bu tip değişikliklerin olduğu DNA'daki bu bölgeler Polimorfik bölge, o bölgedeki DNA dizisi ise Polimorfizm olarak adlandırılır.

Populasyonda DNA dizisindeki tek nükleotid farklılıkları bile polimorfizm olarak nitelendirilebilir. Zira kültürel anlamda bir tek nükleotiddeki farklılık türün fenotipinde farklılığa neden olabileceği gibi yine insanlarda bir tek nükleotid farklılığı bir hastalık etmeni olarak karşımıza çıkabilir.

Polimorfizmler genlerin protein kodlayan ya da kodlamayan bölgelerinde meydana gelebilirler. Bazı durumda genin kodladığı proteinin fonksiyonu ya da enzim aktivitesi bu değişikliklerden önemli ölçüde etkilenebilir. Hücre metabolizması için kritik önem taşıyan proteinlerin fonksiyonunun bozulması çeşitli hastalıklara yol açmakta veya bazı hastalıklar için riski artırmaktadır (Deligezer, 2004). Polimorfizmler, nesilden nesile aktarılabildiklerinden görülme sıklıkları fazladır (Gonzalez, 1999). Farklı populasyonlarda polimorfizm görülme sıklığı değişkenlik gösterebilir.

Kısacası genotipik polimorfizm bir türün üyeleri arasındaki farklılıkların sonucudur. Genomda çoğunluğu tek nükleotid düzeyinde olmak üzere, ikili, üçlü nükleotid tekrar sayılarında değişiklikler ve kromozom düzeyinde genotipik polimorfizmler görülebilmektedir (Ekmekçi, 2008).

Kültürü yapılan gökkuşuğu alabalıklarındaki genotipik polimorfizmle ilgili çok sayıda çalışma yapılmıştır. Türkiye'de gökkuşuğu alabalığı populasyonlarının genetik yapısı üzerine şimdiye kadar yapılan çalışmalardan bazıları şu şekildedir.

Akhan ve Canyurt (2005), Ege Bölgesi'nde üretim yapan üç farklı kuluçkahanenin anaç stokları arasındaki genotipik çeşitliliği araştırmışlardır. İzmir ilinde yaptıkları çalışmada, Türkiye'nin üç farklı ilindeki (Denizli (Çameli), Muğla (Fethiye), Burdur (Göhlisar)) üç farklı kuluçkahanedeki gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki genotipik çeşitliliği RAPD-PCR yöntemi ile 10 adet RAPD primeri kullanarak belirlemişlerdir. Çalışmada üç popülasyonda hesaplanan genetik benzerlik değerleri oldukça düşük bulunmuştur. Fethiye popülasyonu içinde ortalama 0.429, Çameli popülasyonu içinde 0.311 ve Göhlisar popülasyonda 0.348 olarak hesaplanmıştır. Popülasyonlar arası genetik farklılık değeri ise oldukça yüksek bulunmuştur. En yüksek genetik farklılık değeri Fethiye-Göhlisar popülasyonları arasında 0.752 olarak, en düşük ise 0.659 olarak Fethiye-Çameli popülasyonları arasında olduğunu bildirilmişlerdir.

Aksakal (2009), Erzurum ilinde yaptığı çalışmada, aynı yetiştirme koşullarında bulunan 8 aylık gökkuşığı alabalığı gruplarında yüksek ve düşük canlı ağırlığa sahip bireyler arasındaki genetik varyasyonu, 13 adet mikrosatelit primer kullanılarak araştırmıştır. Çalışmada gözlenen heterozigotluk oranını (H_o) 0.78-0.94 arasında, gruplar içi fiksasyon indeks değerini (F_{IS}) ise 0.076 bulmuştur. Tüm gruplar arasındaki genetik çeşitlilik değerinin (F_{ST}) ise 0.056 olduğunu ve grupların Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu bildirmiştir.

Ağdamar (2010), Türkiye'de Muğla ilinde yaptığı çalışmada, Türkiye'de üretilen gökkuşığı alabalığı popülasyonlarının genotipik çeşitliliğini 20 farklı işletmede (Kastamonu, Denizli, Isparta, Rize, Muğla, Gümüşhane, Sivas, Çanakkale, Burdur, Bilecik, Antalya, Artvin, Trabzon, Kayseri, Kahramanmaraş) 3 adet mikrosatelit primer kullanarak araştırmıştır. Çalışmada gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.61, popülasyon içi çeşitliliği gösteren F_{IS} değeri 0.22 ve popülasyonlar arası farklılaşmayı gösteren F_{ST} değeri ise 0.06 bulunmuştur. Çalışma sonuçlarına göre, gözlenen heterozigotluk oranının düşük ve homozigot birey sayısının ve kendileşmenin fazla olduğunu bildirmiştir.

Diğer bir çalışmada ülkemizde yüksek kapasite ile üretim yapan ve/veya uzun süredir kendi anaç stokuyla çalışan farklı illerde bulunan 20 farklı işletmeden örneklenen gökkuşığı alabalığı popülasyonlarının genetik yapısı 7 adet mikrosatelit

primer kullanılarak incelenmiştir. Çalışılan 7 adet mikrosatelit primerin 20 popülasyonun tümünde polimorfik olduğunu bildirmiştir. Çalışma sonucunda gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.69, popülasyon içi çeşitliliği gösteren F_{IS} değeri 0.052, popülasyonlar arası farklılaşmayı belirten F_{ST} değeri ise 0.061 olarak bildirilmiştir (Oral, 2011).

Gökkuşuğu alabalığı popülasyonlarının genetik yapısı üzerine diğer ülkelerde şimdiye kadar yapılan bazı çalışmalara bakıldığında, Ferguson ve ark. (1993), Kanada'nın Ontario eyaletinde faaliyet gösteren 7 farklı gökkuşuğu alabalığı çiftliğinden örnekledikleri 17 popülasyonu 37 allozim lokusunda değerlendirdikleri çalışmada, 37 lokustan 15'inin polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca 3 gruba ayrılan popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın düşük olduğunu ($F_{ST} = 0.06$) bildirmişlerdir.

Şili'de gökkuşuğu alabalıkları üzerinde yapılan bir çalışmada, 3 farklı çiftlik popülasyonunda 32 allozim lokusu incelenmiştir. İncelenen popülasyonların 2 gruba ayrıldığı, fakat gruplar arasındaki genetik farklılaşmanın düşük olduğu ($F_{ST} = 0.05$) bildirilmiştir (Gajardo ve ark., 1998).

Amerika Birleşik Devletleri'nde gerçekleştirilen bir çalışmada beş farklı gökkuşuğu alabalığı hattı 9 adet mikrosatelit primer ile karşılaştırılmıştır. Çalışma sonucunda gökkuşuğu alabalığı hatları arasındaki F_{ST} değerlerinin 0.03 ile 0.20 arasında değiştiği bildirilmiştir (Overturf ve ark., 2003).

Ward ve ark. (2003), Batı Avustralya'da dört gökkuşuğu alabalığı popülasyonunu 10 adet mikrosatelit primer kullanarak karşılaştırmıştır. Çalışmada gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.56 -0.75 arasında bulunmuştur. F_{IS} değerinin -0.33 ile 0.35 arasında değiştiğini, F_{ST} değerinin ise 0.19 olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada, popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın ihmal edilemeyecek düzeyde yüksek olduğunu rapor etmişlerdir.

Diğer bir çalışmada Silverstein ve ark. (2004), Amerika Birleşik Devletleri'nin Kearneysville eyaletinde üç ayrı gökkuşuğu alabalığı hattını 9 adet mikrosatelit primer kullanarak karşılaştırmışlardır. Çalışmada gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.69 ile 0.76 arasında bulunmuştur. Çalışmada popülasyon içi çeşitliliği gösteren F_{IS} değerinin -0.108

ile 0.385, arasında deęiřtięini, 3 hat arasındaki F_{ST} deęerinin ise 0.089 olduęunu bildirmişlerdir.

Danimarka, Finlandiya ve Norveç'teki 8 farklı gökkuřaęı alabalıęı kültür popülasyonunun 10 adet mikrosatelit primer kullanılarak deęerlendirildięi bir çalıřmada, popülasyonlar arasındaki genetik farklılařmanın ihmal edilemeyecek düzeyde yüksek ($F_{ST}=0.10$) olduęu bildirilmiştir (Lulla ve ark., 2006).

Amerika Birleřik Devletleri'nde, Johnson ve ark. (2007), National Center for Cool and Coldwater Aquaculture (NCCCWA) tarafından farklı yıllarda (2002-2005) yetiřtirilen 4 farklı gökkuřaęı alabalıęı anaç hattını 12 adet mikrosatelit primer kullanarak karřılařtırmışlardır. Çalıřmada polimorfik lokus oranlarının (PIC) % 46 ile % 88 arasında deęiřtięini, F_{ST} deęerlerinin ise 0.006 ile 0.023 arasında deęiřtięini rapor etmişlerdir.

Gross ve ark. (2007), Kuzey ve Doęu Avrupa'daki gökkuřaęı alabalıklarındaki genotipik çeřitlilięi ve farklılařmayı belirlemek için yaptıkları çalıřmada, Finlandiya, Danimarka, İsveç, Norveç, Estonya ve Polonya' da yetiřtirilen 12 gökkuřaęı alabalıęı kültür hattını, Kanada ve Amerika'dan (Shasta) getirdikleri hatlarla karřılařtırmışlardır. 10 adet mikrosatalit kullandıkları çalıřma sonunda Polonya'dan getirilen ve akrabalık dereceleri artmış iki hat hariç geri kalan hatların heterozigotluk seviyesi ve ortalama allel sayılarının Amerika'dan getirilen stoęa benzer olduęunu bildirmişlerdir. 15 hattın kendi içlerinde gözlenen heterozigotluęunun (H_o) 0.38 ile 0.80 arasında olduęu, hatların grup içi benzerlik ortalamalarının % 62 - % 100 arasında olduęunu bildirmişlerdir. F_{IS} deęerinin -0.15 ile 0.11 arasında deęiřtięini ve 15 hat arasındaki F_{ST} deęerinin ise 0.14 olduęunu rapor etmişlerdir.

Norveç'in Bergen eyaletinde Deniz Arařtırmaları Enstitüsü'nde (Institute of Marine Research) yapılan çalıřmada çiftliklerden kaçan gökkuřaęı alabalıkları ve 6 adet gökkuřaęı alabalıęı çiftliğindeki alabalıklar 12 adet mikrosatelit primer kullanılarak karřılařtırılmıştır. Her bir popülasyonda gözlemlenen allel varyasyonunun % 48-76 arasında deęiřtięi, gözlemlenen heterozigotluk (H_o) deęerinin ise 0.65-0.79 arasında olduęu belirtilmiştir. 7 popülasyon arasındaki F_{ST} deęerlerini ise 0.127 olduęu bildirilmiştir (Glover, 2008).

Rusya'da 3 gökkuşuğu alabalığı hattı (Amber Wild Color, Kamloops, and Donaldson) 10 adet mikrosatelit primer kullanılarak karşılaştırılmıştır. Hatlar içerisindeki genetik benzerliğin 0.89-0.94 arasında değiştiği, hatlar arasında ise bu değerlerin 0.89- 0.92 arasında olduğu belirtilmiştir. Ayrıca allel sayısının 1.09 ile 1.55 arasında olduğu ve hatlar arasındaki genetik mesafenin ise (genetic distance) 0.010 – 0.024 arasında değiştiği bildirilmiştir (Sekste ve ark., 2008).

Yousefian ve ark. (2012), İran'ın kuzeyinde farklı orijinli (Norveç Fransa ve Türkiye) 3 gökkuşuğu alabalığı hattını 5 adet mikrosatelit primer karşılaştırmışlardır. Çalışmada gözlenen heterozigotluğun (H_o) 0.28 ile 0.38 arasında olduğunu, allel sayısının 3.0 ile 3.1 arasında değiştiğini ve etkili allel sayısının ise 1.6 ile 1.9 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Ayrıca gen akışı (N_m) değerinin 2.88 ile 3.78 birey/kuşak sayısı (N_m) arasında değiştiğini belirtmişlerdir. F_{IS} değerinin ise 0.008 ile 0.215 arasında olduğu ve 3 hat arasındaki F_{ST} değeri ise 0.072 olduğunu bildirmişlerdir. Hatlar arasındaki genetik mesafenin (genetic distance) ise 0.105 – 0.120 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir.

Diğer bir çalışmada, Afzali ve ark. (2013), İran'da Mazandaran eyaletinde kültür hatlarının genotipik çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada İran, Fransa ve Norveç menşeli 3 gökkuşuğu alabalığı anaç hattını 12 adet RAPD primeri kullanarak karşılaştırmışlardır. Çalışmada gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.09 ile 0.015 arasında bulunmuştur. H_t ve H_s değerleri sırası ile 0.16 ve 0.11 olduğunu bildirmişlerdir. Shannon çeşitlilik indeks değerlerinin 0.17 olduğunu, allel sayısının 1.26 ile 1.29 arasında değiştiğini ve etkili allel sayısının ise 1.14 ile 1.25 arasında olduğunu rapor etmişlerdir. Ayrıca polimorfik lokus oranının (PIC) % 25.3 ile % 37.7 arasında değiştiğini, F_{ST} (G_{ST}) ve N_m değerlerinin ise sırası ile 0.29 ile 0.17 birey/kuşak sayısı (N_m) olduğunu bildirmişlerdir. Populasyonlar arasında genetik mesafenin ise 0.049 – 0.104 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir.

Yunanistan'ın farklı bölgelerindeki 10 adet gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanesi 10 adet kesim enzimi kullanılarak karşılaştırılmıştır. Populasyonlar arasındaki ortalama F_{ST} değerinin 0.056 olduğu bildirilmiştir (Martsikalis ve ark., 2014).

Barat ve ark. (2015), Hindistan'da Bhimtal eyaletinde Hindistan'daki beş farklı bölgeden toplanan 5 farklı gökkuşuğu alabalığı hattını 15 adet mikrosatelit primer

kullanarak karşılaştırmışlardır. Çalışmada gözlenen heterozigotluk (H_o) değerinin 0.47 ile 0.53 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Polimorfik lokus oranını ise (PIC) % 80 olarak belirtmişlerdir. Çalışmada populasyon içi çeşitliliği gösteren F_{IS} değerinin -0.26 ile 0.94 arasında olduğunu, 5 hat arasındaki ortalama F_{ST} değerinin ise 0.12 olduğunu belirtmişlerdir.

Benavente ve ark. (2015), Güney Amerika'dan Patagonya eyaletinden 20. yüzyılın başlarında Şili'ye getirilen ve Llanquihue Gölü' ne aşıl原因 gökkuşuğu alabalıklarını karşılaştırmışlardır. Göle dökülen farklı beş nehirlerdeki populasyonlar arasındaki genotipik çeşitlilik 96 adet tek nokta polimorfizmi (SNP) ile karşılaştırmışlardır. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerinin 0.31 ile 0.36, arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Populasyonlar içindeki ortalama genetik varyasyonun %1, F_{ST} değeri ise 0.027 olduğunu belirtmişlerdir. Populasyonlar arasında ise ortalama genetik varyasyonun %2, F_{ST} değeri ise 0.021 olarak rapor edilmiştir. Hatlar arasındaki genetik mesafenin (genetic distance) ise 0.014 – 0.09 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Şili'deki gökkuşuğu alabalıklarındaki genotipik çeşitliliği belirlemek için yapılan çalışmada, iki farklı nehirde bulunan stoklar ile altı adet farklı çiftlikte bulunan stoklar, 20 adet kesim enzimi kullanarak incelenmiştir. Çalışmada populasyonlar arası polimorfizmin % 13.9 olduğu, allel sayısının 1.15 ile 1.21 arasında değiştiğini ve gözlenen heterozigotluğun (H_o) 0.20 ile 0.67 arasında olduğu bildirilmiştir. Populasyonlar içi genotipik çeşitlilik % 77.8 olarak belirtilmiştir. Ayrıca 8 populasyon arasındaki F_{ST} değeri ise 0.222 olarak rapor edilmiştir (Carcamo ve ark., 2015).

Liu ve ark. (2017), Amerika Birleşik Devletleri'nde gökkuşuğu alabalığı yumurta üreticilerinden biri olan Troutlodge Inc. adındaki şirket bünyesinde bulunan sekiz gökkuşuğu alabalığı populasyonunun genetik farklılaşmasını 96 adet tek nokta polimorfizmi (SNP) ile karşılaştırmışlardır. Çalışmada bu sekiz populasyonun iki gruba ayrıldığını ve genetik olarak % 97.1 benzer olduğunu rapor etmişlerdir. Ayrıca populasyonlar arasındaki F_{ST} değerlerinin 0.056 ile 0.195 arasında değiştiğini ve ortalama 0.13 olduğunu bildirilmişlerdir.

İtalya'nın Trentino eyaletindeki 13 farklı gökkuşuğu alabalığı çiftliğinde bulunan 23 hat 8 adet mikrosatelit primer kullanılarak karşılaştırılmıştır. Çalışmada gözlenen

heterozigotluk (H_o) deęerinin 0.55 –0.85 arasında deęiřtięi belirtilmiřtir. Ayrıca F_{IS} deęerinin -0.137 ile 0.0762 arasında olduęu rapor edilmiřtir. Üç hat arasındaki ortalama F_{ST} deęerinin ise 0.077 olduęu bildirilmiřtir (Faccenda ve ark., 2018).

Winans ve ark. (2018), Amerika Birleřik Devletler’inde ařaęı Columbia nehrine baęlantılı üç nehirde (White Salmon nehri, Sandy nehri ve Lewis nehri) bulunan gökkuřaęı alabalıęı populusyonlarını 13 adet mikrosatelit primer kullanarak karřılařtırmıřlardır. Çalıřmada gözlenen heterozigotluk (H_o) deęerinin 0.47 ile 0.83 arasında olduęunu bildirilmiřlerdir. Ayrıca F_{IS} deęerinin -0.03 ile 0.11 arasında olduęunu rapor etmiřlerdir. Üç populusyon arasındaki F_{ST} deęerinin ise 0.129 olduęunu bildirmiřlerdir.

2.5. Kantitatif Polimeraz Zincir Reaksiyonu (QPCR)

Kantitatif Polimeraz Zincir Reaksiyonu (QPCR), nükleik asit amplifikasyonunun eř zamanlı olarak gözlenmesini saęlayan ve günümüzde yaygın olarak kullanılan bir PCR metodudur. QPCR analizlerinde normal PCR’da kullanılan primerlere ek olarak, çift diziye özgü floresans boyalar veya diziye özgü probler kullanılmaktadır. Floresan ışımaya yapan bu özel boylarla (SYBR Green, SYTO9 gibi) veya yıkıma baęlı sinyal oluřturan prob diziler aracılıęı ile DNA sentezlenmesi eř zamanlı ve grafiksel olarak izlenebilir ve sonrasında DNA miktarı hesaplamalar ile tespit edilir (Ma ve ark., 2006).

QPCR analizlerinde geleneksel PCR teknięinde kullanılan agaroz jel elektroforezi, poliakrilamid jel elektroforezi (PAGE), ultraviyole (UV) görüntüleme gibi uzun zaman alan iřlemler uygulanmamaktadır (Kubista ve ark., 2006). Bu iřlemlerin yerine çoęaltılan DNA’nın hedef bölge olduęunu kesinleřtirmek amacıyla kullanılan “Melting Curve” veya “High-resolution melting; HRM” analizleri kullanılmaktadır.

2.6. Gen İfadesi

Gen ekspresyonu ya da gen ifadesi, DNA dizisi halindeki genlerin, fonksiyonel protein yapılarına dönüşme süreci için kullanılan bir terimdir. DNA’da bulunan genetik bilgilerin bir RNA molekülü (mRNA) sentezi suretiyle kopyalanması (transkripsiyon)

ve kopyalanan genetik bilgilerin bir protein molekülü haline çevrilmesi (translasyon) işlemlerinin tamamı gen ifadesi (ekspresyonu) olarak tanımlanmaktadır (Ulutaş, 2015).

Gen ifadesinin en genel ölçüm amacı karşılaştırmadır. Farklı hücrelerdeki genlerin mRNA düzeylerini karşılaştırma, örneğin bir organdaki tümör hücresiyle normal bir hücredeki gen ifadelerinin karşılaştırılması, farklı sürede ilaç uygulaması yapılan veya toksik maddelere maruz kalan canlıların genlerindeki ifade değişimlerinin karşılaştırılması gibi amaçlarla gerçekleştirilmektedir (Suter ve ark., 2004).

2.7. Büyüme Hormonu (GH)

Büyüme hormonu (Growth Hormone - GH), hipofiz ön lobundaki eozinofilik hücrelerden salgılanan, protein yapıda bir hormondur. Hipofiz bezi çıkartılmış olan hayvanlarda büyümenin durduğunun ve dışardan GH verilmesi ile büyümenin devam ettiğinin tespit edilmesi ile büyüme hormonunun büyüme üzerinde esas görevi olduğu belirlenmiştir (Mete, 2016).

Hipofiz bezinden salınan büyüme hormonunun, vücutta kemik, kas, yağ dokusu üzerine etki ederek; glikoz, protein, lipit metabolizmaları, azot ve mineral dengesi üzerinde de görevlere sahip olduğu belirlenmiştir. Büyüme hormonu sentez ve salınımı yaş, cinsiyet, fizyolojik kondisyona göre değiştiği bilinmektedir (Moller ve ark., 2009). Büyüme hormonu seviyesinin hayvanın yaşına, cinsiyetine, fizyolojik durumuna bağlı olmakta ve bazen gün içerisinde bile değişiklik gösterebilmektedir.

Gökkuşuğu alabalıklarında iki büyüme hormon geni (GH-I, GH-II) tanımlanmıştır (Agellon ve ark., 1988a). Bu iki gen özellikle promotör bölgede farklılık göstermektedir. Ancak kodlama bölgesinde yüksek homoloji sergilemektedir (Agellon ve ark., 1988b).

İki GH geninin (GH-I ve GH-II) ifade biçimi, gökkuşuğu alabalıklarının embriyonik gelişimi sırasında incelenmiştir. GH-I ve GH-II genlerinin benzer olmasına rağmen genlerin farklı bir işleyişi olduğu ve hipofiz oluşumundan sonra farklı dönemlerde gelişim gösterdiği ancak iki GH geninin ifadesi arasında fark gözlenmediği bildirilmiştir (Gabillard ve ark., 2003).

Gen ifadesiyle ilgili olarak balıklarda yapılan arařtırmaların çoęu GH-I ve IGF-I (İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü-I) içine alan çalışmalara odaklanmıştır. GH-I ve IGF-I birbiriyile ilintilidir. GH-I, hipofiz bezinde sentezlenmekte ve karaciğerde IGF-I salınımını uyarmaktadır. Balıklarda ve memelilerde somatotropik sistemin hormonları GH-I ve modülatörü olan IGF-1, memelilerin ve balıkların fizyolojik mekanizmalarının geniş bir yelpazesinde yer alan somatotropik yolaęa ait ana bileşenlerdir (Sharif ve ark., 2015).

Balıklarda, somatotropik sistemin hormonları, iyonik denge, ozmotik denge, lipid metabolizması, protein ve karbonhidrat metabolizması, iskelet gelişimi, yumuşak doku gelişimi, üreme ve bağışıklık fonksiyonunun düzenlenmesi başta olmak üzere vücuttaki hemen hemen bütün ana fizyolojik işlemlere katılmaktadır. Balıklarda ve memelilerde GH-I hormonu kodlayan genler birçok dokuda eksprese edilir (Li ve ark., 2006)

Son yıllarda balıkların, yumurta, larva, yavru ve yetişkin evrelerini kapsayan gelişme dönemlerinde GH yolaęının fizyolojik rolünün ne olduęu üzerine ilgi sürekli artmıştır. Bu konu üzerine şimdiye kadar yapılan çalışmalardan bazıları řu şekildedir.

Jones ve ark. (2001), yaptıkları çalışmada kadmiyumun, gökkuşaağı alabalıklarında büyüme hormonu (GH-I) üzerine etkilerini yumurta ve larva dönemlerinde (ilk beslemeye kadar) arařtırmışlardır. Gen ifadesini belirledikleri büyüme hormonu (GH-I), çalışmada kontrol grubunda ilk defa organogenez sırasında (29. günde) tespit edilirken, kadmiyuma maruz bırakılan grupta ilk defa 31. günde tespit edilmiştir. Daha sonraki dönemlerde gen ifade seviyeleri farklı olarak her iki grupta da büyüme hormonu görülmüştür. Arařtırma sonunda kadmiyumun gökkuşaağı alabalıklarında büyüme hormonu gen ifadesini baskıladığını bildirmişlerdir.

Dięer bir çalışmada aç bırakılan gökkuşaağı alabalıklarının hipofizinde GH-I ve GH-II genlerinin ifadesini arařtırılmıştır. Çalışmada GH-I gen ifade seviyesinin GH-II den önemli derecede yüksek olduęu belirtilmiştir. Ayrıca gün boyunca GH-I seviyesinin aynı kaldığını gece yarısı azaldığını, GH-II seviyesinde ise anlamlı bir deęişiklięin olmadığı bildirilmiştir (Mori ve ark., 2001)

Ryynanen ve Primmer (2004), yaptıkları çalışmada Avrupa ve Kuzey Amerika Atlantik salmon popülasyonlarında GH-I gen sekansındaki genetik yapısal farklılıkları

araştırmışlardır. Çalışmalarında 9 adet populasyonun tüm sekanslarını incelemişler ve 17 tane polimorfik bölge bildirmişlerdir.

Yada ve ark. (2005), yaptıkları çalışmada kortizolun in vitro olarak gökkuşağı alabalıklarının lökositlerindeki büyüme hormonu gen ifadesine etkilerini araştırmışlardır. Kandan izole edilen lökositlerde GH geni (GH-I ve GH-II) için mRNA seviyelerine bakılmış ve hipofiz hücrelerine oranla daha düşük olduklarını belirtmişlerdir. Lökositlerdeki GH-I seviyesinin GH-II den daha fazla olduğunu, hipofizde ise GH-I ve GH-II seviyeleri arasında bir fark görmemişlerdir. Lökositlere kortizol uyguladıklarında ise GH-I ve GH-II seviyelerinde belirgin bir yükselme olduğunu bildirmişlerdir.

Düşük su sıcaklıklarında inkübe edilen (6°C ve 8.5°C) gökkuşağı alabalığı yumurtalarında IGF-I, IGF-II, GH-I, GH-II hormonlarına ait genlerin mRNA seviyelerinin belirlendiği bir çalışmada ilk 24 saat içerisinde GH-I, GH-II genlerinin ifade seviyesinin düştüğü ve daha sonraki 17 saat içerisinde önemli bir biçimde arttığı belirlenmiştir. Ancak IGF-I ve IGF-II mRNA seviyeleri döllenmeyi takip eden ilk 24 saatte değişmemiş, IGF-II mRNA seviyesinin IGF-I'den daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu durum embriyonik gelişim süresince IGF-II'nin dominant olduğu ortaya konmuştur. GH-II ve GH-I mRNA seviyelerinde bir farklılığın ortaya çıktığı, GH-II mRNA kopyalarının sayısının GH-I'e göre çok daha yüksek olduğu rapor edilmiştir (Li ve ark., 2006).

Li ve ark. (2007), yaptıkları çalışmada, gökkuşağı alabalığı embriyolarını iki farklı inkübasyon sıcaklığında (6.0 ° C ve 8.5 ° C) inkübe etmiş ve büyüme ile ilişkili genlerin ifade seviyelerini karşılaştırmışlardır. Çalışmada örnek embriyolar döllenmeden hemen sonra, döllenmeden bir saat sonra ve 1, 2, 5, 7, 10 ve 13'üncü günlerin sonunda alınmış ve GH-I, GH-II, IGF-I, IGF-II genleri ve reseptör izoformları incelenmiştir. İncelenen genlerin çoğunda, ifade oranlarının döllenmeden sonraki ilk saat içinde azalmaya başladığı ve bu azalmanın yedinci günün sonuna kadar devam ederek daha düşük seviyelere geldiğini belirtmişlerdir. Yedinci günden sonra genlerin ifade oranlarının artış gösterdiğini bildirmişlerdir.

Gökkuşağı alabalıklarının deltametrine maruz bırakıldıkları bir çalışmada, GH-I, IGF-I ve IGF-II genlerinin ifade seviyeleri üzerine deltametrinin etkileri araştırılmıştır.

Farklı zamanlarda (6, 12, 24, 48, 72. saat ve 30.gün) GH-I, IGF-I ve IGF-II gen ifade seviyeleri belirlemiş ve sonuç olarak deltametrine maruz kalan balıklarda GH-I, IGF-I ve IGF-II gen ifade seviyelerinin azaldığı bildirilmiştir (Aksakal ve ark., 2010)

Ekinci ve ark. (2011), yapmış oldukları çalışmada gökkuşuğu alabalıklarının mikromolar seviyede kobalt ve çinkoya maruz bırakmışlar ve bu durumun GH-1 ve IGF-I üzerine etkilerini araştırmışlardır. 6, 12, 24 ve 48 saat sonra GH-1 ve IGF-I gen ifade seviyelerinde düşüş olduğunu ve bu düşüşün 48 saat sonra daha da arttığını bildirmişlerdir.

Hanson ve ark. (2012), gökkuşuğu alabalıklarında yaptıkları bir çalışmada 17 β -estradiol, 4-nonilfenol ve β -sitosterol'ün GH-IGF sistemi üzerindeki etkilerini ve artan tuzluluğa uyumlarını değerlendirmişlerdir. Düşük (10 μ g/l) ve yüksek (100 μ g/l) konsantrasyonlarda β -sitosterol, 4-n-nonilfenol (NP) ve 17 β -estradiol (E2) 'ye maruz bırakılan gökkuşuğu alabalıkları (yaklaşık 30 gram), tatlı suda 28 gün bekletildikten sonra %20 tuzlulukta deniz suyuna transfer edilmiştir. Deniz suyuna transfer edilen balıklarda kontrol grubunda, ilk 6- 12 saat sonra GH-I, GH-II, IGF-I, IGF-II gen ifade seviyelerinde artış olduğu, β -sitosterol, 4-n-nonilfenol (NP) ve 17 β -estradiol (E2) 'ye maruz bırakılan balıklarda ise GH-I, GH-II, IGF-I, IGF-II gen ifade seviyelerinde ve tuzluluk adaptasyonlarında azalma olduğunu belirtmişlerdir.

Gen ifade seviyesini belirlemek için yapılan diğer bir çalışmada triploid ve diploid sazanlarda GH-I, IGF-I ve büyüme hormonu reseptörü (GHR) gen ifade seviyeleri karşılaştırılmıştır. Farklı sıcaklıklarda (22, 26 ve 30 °C) diploidler ve triploidler arasında GH-I, GHR ve IGF I gen ifade seviyeleri arasında anlamlı bir fark bulunmasa da triploidler her sıcaklıkta diploidlerden daha yüksek ifade seviyesi gösterdiği bildirilmiştir (Zhong ve ark., 2012).

Başka bir çalışmada Aksakal İçoğlu (2013), gökkuşuğu alabalıkları üzerinde yaptığı bir çalışmada balıkları beş farklı diyetle sekiz hafta boyunca beslemiş, kas ve karaciğer dokularında IGF-I, IGF-II, GH-I ve dönüştürücü büyüme faktörü beta (TGF- β) mRNA seviyelerini araştırmıştır. Çalışma sonunda gökkuşuğu alabalığında farklı yağ kaynaklarının TGF- β gen ifadesini, IGF-I, IGF-II ve GH-I genlerini önemli derecede etkilediğini bildirmiştir.

Sharif ve ark. (2015), yaptıkları çalışmada hazar alabalıklarının (*Salmo trutta caspius*) göç sırasındaki tuzluluk değişiminin GH-I ve IGF-I gen ifade seviyeleri karaciğer ve hipofizden alınan örneklerde incelenmiştir. Yavru hazar alabalıkları tatlı suda 15 -20 gram ağırlığa getirildikten sonra hazar denizine transfer edilmiştir. Balıklardan transferden sonra 1, 3, 5 ve 28. günlerde örnekler alınmış gen ifade seviyelerine bakılmıştır. Hazar denizine transfer olduktan sonra balıklardaki hem spesifik büyüme oranı hem de GH-I ve IGF-I seviyelerinin tatlı suda kalanlara göre artış gösterdiğini bildirmişlerdir.

Gen ifade seviyesini belirlemek için yapılan diğer bir çalışmada Velez ve ark. (2016), orta dereceli yüzme hızına sabit tutulan çipura balıklarında GH-I ve IGF-I seviyelerini nasıl etkilediğini araştırmışlardır. Beş hafta süreyle orta dereceli yüzme hızına sabit tutulan balıklarda büyüme, GH-I ve IGF-I seviyeleri karşılaştırıldığında kontrol grubuna kıyasla egzersize tabi tutulan grubun daha iyi büyüdüğünü, GH-I ve IGF-I gen ifade seviyelerinin daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir.

Parlak ve Erdoğan (2018), yaptıkları çalışmada DDVP (2.2- Diklorovin Dimetil Fosfat)'nin gökkuşağı alabalıklarında büyüme ile ilgili olan; GH-I, IGF-I ve IGF-II gen ifadesi üzerine olan etkisini araştırmışlardır. Kas dokusunda yaptıkları incelemelerde IGF-I ve IGF-II gen ifade seviyelerinde azalmalar olduğunu ve DDVP'nin alabalıklarda kas dokularında büyüme hormonu salınımını azalttığını bildirmişlerdir.

2.8. Etkin Anaç Sayısı

Gökkuşağı alabalığı yetiştiriciliğinde her ne kadar moleküler yöntemler ilerlese de kuluçkahane ve anaç yönetimindeki temel esasların dikkate alınması önem arz etmektedir. Kuluçkahaneler primer anaç stoku oluştururken veya kan tazelerken etkin anaç sayısına dikkat edilmesi ve kullanılacak kaynağın yeterince heterozigot olması kuluçkahane ve anaç yönetiminin temel esaslarındandır. Bu nedenle kuluçkahanelerde primer anaç stoku oluştururken kullanılan kaynağın yeterince heterozigot olması gerekmektedir. Ayrıca bu heterozigot kaynağı temsil edecek yumurtlamaya etkin ve aktif bir şekilde katılacak anaç sayısının yeterli sayıda olması gerekmektedir.

Gökkuşağı alabalığı yetiştiriciliğinde yeterli anaç kullanılmadığı durumlarda veya akrabalı yetiştiricilik yapıldığında, popülasyondaki bireyler arasındaki akrabalık

zamanla artabilmektedir. Akrabalığın artması, populyasyondaki homozigotluęu artırmaktadır. Bu ise, populyasyondaki nadir ancak kıymetli gen allellerinin kısa, orta ve uzun donemde kaybolmasına, dolayısıyla populyasyonun evresel Őartlardaki deęişimlere karşı daha hassas hale gelmesine sebebiyet vermektedir.

Bu nadir ancak sigorta gorevi goren nadir genleri koruyabilmek ve gen allel kayıplarını minimize etmek iin saęımda etkin ana sayısına dikkat ederek yeterli sayıda ana kullanılması gerekmektedir (Tave, 1986).



3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Balık materyali

Çalışmada gökkuşığı alabalığı anaçları (*Oncorhynchus mykiss*) kullanılmıştır. Anaçlar Van ilinde bulunan Tarım ve Orman Bakanlığı'na kayıtlı 6 adet gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinden temin edilmiştir (Çizelge 3.1).

3.1.2. Kan materyali

Gökkuşığı alabalığı anaçlarındaki genotipik polimorfizmi belirlemek için her bir gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinden 6 adet olmak üzere aktif yumurta veren toplam 36 adet dişi anaçtan kan örneği alınmıştır. Tüm gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlar aynı dönemde yumurta vermedikleri için kan örnekleri genotipik polimorfizm analizleri için farklı dönemlerde alınmıştır (Çizelge 3.1). Alınan kan örnekleri EDTA'lı tüplere konularak soğuk zincir ile Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Su Ürünleri Yetiştiriciliği Bölüm Laboratuvarına getirilerek aynı gün DNA'lar izole edilmiştir. Elde edilen DNA örnekleri PCR işlemine kadar -20 °C'de muhafaza edilmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç popülasyonlarının mtDNA'dan genotipik polimorfizmlerini belirlenmek amacıyla kullanılacak örneklerin toplama zamanı Çizelge 3.1'de verilmiştir.

3.1.3. Yumurta materyali

Genotipik polimorfizm için kan alınan aynı gökkuşığı alabalığı anaçlarının yumurtaları, büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi için de kullanılmıştır. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerdeki anaç popülasyonların ve gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini geniş aralıkta taramak ve tam olarak

belirlemek için kan örneği alınan 36 adet dişi anaç balığın her biri, yedi adet erkek anaçla döllenmiştir. Her bir anaca ait döllenmiş yumurtalardan rastgele 100 adet yumurta alınarak aynı gün içinde sabit sıcaklıkta (10 °C), kaynak suyu kullanılan ve su sıcaklığı yıl boyunca 10.1 ± 0.14 arasında değişen Kırkçeşme Alabalık Tesisine (Gevaş/Van) getirilerek kuluçka dolaplarına yerleştirilmiştir. Tüm gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlar aynı dönemde yumurta vermedikleri için yumurta örnekleri gen ifade analizi için farklı dönemlerde alınmıştır. Ancak yumurta örneklerinin inkübasyonda geçirdikleri süre tüm örneklerde senkronizasyonu sağlamak ve aynı dönemde örnekleyebilmek için 350 gün derece (10 °C su sıcaklığında 35 gün) diğer bir ifade ile 8400 derece saat (10 °C su sıcaklığında 840 saat) olacak şekilde ayarlanmıştır (Çizelge 3.1). Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç popülasyonlarının ve gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlenmek amacıyla kullanılacak örneklerin toplama zamanı Çizelge 3.1’de verilmiştir.

3.1.4. Çalışma alanları

Çalışma Van il sınırları içinde bulunan Tarım ve Orman Bakanlığına kayıtlı 6 adet gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde gerçekleştirilmiştir. Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri ve buldukları ilçe konumları aşağıda Çizelge 3.1’de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Gökkuşuğu alabalığı kuluçkahaneleri, buldukları ilçeler ve çalışmada kullanılan kan, yumurta ve larva örneklerinin toplama zamanı

Kuluçkahaneler/ Parametreler	Yeşilsu Alabalık Tesis (YSU)	Beyazsu Alabalık Tesis (BSU)	Kırkçeşme Alabalık Tesis (KCM)	EL-FA Alabalık Tesis (ELF)	Özçatak Alabalık Tesis (OCK)	Şifa Alabalık Tesis (SFA)
İlçe	Çatak	Çatak	Gevaş	Çatak	Çatak	Gürpınar
Kan Örneğinin Alım Tarihi	25.12.2017	27.12.2017	28.12.2017	28.12.2017	31.12.2017	02.01.2018
Kan Örneğinin Alım Saati	14:30	12:30	12:15	14:30	13:00	12:00
Yumurta Örneğinin Alım Tarihi	25.12.2017	27.12.2017	28.12.2017	28.12.2017	31.12.2017	02.01.2018
Yumurta Örneğinin Alım Saati	14:30	12:30	12:15	14:30	13:00	12:00
Yumurta Örneğinin Kuluçka Dolabına Yerleştirme Tarihi	25.12.2017	27.12.2017	28.12.2017	28.12.2017	31.12.2017	02.01.2018
Yumurta Örneğinin Kuluçka Dolabına Yerleştirme Saati	16:00	14:30	12:40	15:45	14:30	13:00
Larva Örneğinin Kuluçka Dolabından Alım Tarihi	29.01.2018	31.01.2018	01.02.2018	01.02.2018	04.02.2018	06.02.2018
Larva Örneğinin Kuluçka Dolabından Alım Saati	16:00	14:30	12:40	15:45	14:30	13:00
İnkübasyon Süresi	350 derece gün veya 8400 derece saat					
Su Sıcaklığı (°C)	10.1±0.14					

Diğer çalışma alanlarını ise büyüme hormonu gen ifade seviyesini belirlemek amacıyla deneme düzeneğinin kurulduğu ve yumurta örneklerinin inkübe edildiği sabit çevresel şartlara sahip Kırkçeşme Alabalık Tesisi (Gevaş/Van) ve genotipik polimorfizm ile büyüme hormonu (GH-I) gen ifadesi analizlerinin yapıldığı Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Su Ürünleri Yetiştiriciliği Bölüm Laboratuvarı oluşturmaktadır.

3.1.5. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler

Çalışmada Kırkçeşme Alabalık Tesisinde kurulan denemede gökkuşığı alabalığı yumurtalarının inkübasyonun gerçekleştirildiği 10 raflı kuluçka dolabı kullanılmıştır. Ayrıca yumurta örneklerinin getirilmesinde taşıma kabı (Rubbermaid), denemede kullanılan suyun çözünmüş oksijen miktarını ve sıcaklığını ölçmek için dijital oksijenmetre (YSI Pro 20) kullanılmıştır.

Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Su Ürünleri Yetiştiriciliği Bölüm Laboratuvarı'nda yürütülen çalışmada; mikro santrifüj (BioSan), cold plate (MastroGen), tissue lyser (Qiagen), dry bath (Qiagen), soğutmalı santrifüj (Inovia), RT-PCR (Qiagen), kapiller jel elektroforez (Qiagen), otomatik pipet takımı (Eppendorf ve Discovery), derin dondurucu (Uğur) ve buzdolabı (Ariston) cihazları kullanılmıştır.

3.2. Yöntem

3.2.2. Anaçlarının genotipik özelliklerinin belirlenmesi

Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç popülasyonlarının genotipik özelliklerinin belirlenmesi Aralık 2017 – Mayıs 2019 tarihleri arasında yapılmıştır. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç popülasyonlarının genotipik özelliklerinin ortaya koymak için;

1. Kan örneklerinde mtDNA'dan genotipik polimorfizm ile ilgili değerlendirmeler yapılmış ve

2. Larva örneklerinde büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri belirlenmiştir.

3.2.2.1. Anaçların mtDNA gen bölgesinden genotipik farklılıkların (polimorfizm) hesaplanması

Van ilinde bulunan 6 adet gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanesinde bulunan gökkuşuğu alabalığı anaç populasyonlarının mtDNA'dan genotipik polimorfizm ile ilgili değerlendirmeler aşağıdaki yöntemlere göre yapılmıştır.

3.2.2.1.1. Anaçlardan kan örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu

Van ilinde bulunan gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç populasyonlarının mtDNA'dan genotipik polimorfizmin seviyelerini belirlemek amacıyla her bir gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanesinden 6 adet anaç balık, karanfıl tozu ile (180 ppm, Arabacı, 2007) anestezi uygulanarak bayıltılmıştır. Bayıltılan anaçlardan 10 ml'lik enjektör ile kaudal venadan 45 °'lik açı ile 1 ml kan alınarak EDTA'lı tüplere aktarılmıştır. Daha sonra bu örnekler taşıma kabı ile soğuk zincir şeklinde laboratuvara getirilerek aynı gün DNA'lar izole edilmiştir.

DNA izolasyon işlemi yapılırken öncelikle EDTA'lı tüplerden kan örnekleri alınarak ependorf tüplere aktarılmıştır. Daha sonra DNA'lar PureLink Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen) ile üretici firmanın talimatına göre ve Arabacı ve Karataş'a (2018) göre modifiye edilerek ekstrakte edilmiştir (Ek 1).

Elde edilen DNA'ların absorbans oranlarına 230/260/280 nm'de NanoDrop 2000/2000c (Thermo Scientific) cihazında bakılmıştır (Ek 2). Elde edilen DNA'lar (Ek 3) PCR işlemine kadar -20 °C'de muhafaza edilmiştir.

3.2.2.1.2. Anaçların mtDNA gen bölgesine spesifik primerlerin dizaynı

Primer dizayn edilirken genel kurallara dikkat edilmiştir (Ek 4). Primerleri dizayn etmek için gökkuşuğu alabalığı mtDNA sekans bilgileri www.ncbi.nlm.nih.gov adresli biyoinformatik veri tabanından diğer bir ifadeyle NCBI (National Center for Biotechnology Information) gen bankasından elde edilmiştir. Primerler, NCBI veri

tabanında bulunan farklı gökkuşuğu alabalığı hatlarının mtDNA sekanslarından gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik olarak dizayn edilmiştir. Gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik primer dizaynı için sekans bilgileri NCBI veri tabanından elde edilmiştir (Ek 5, Ek 6). Gökkuşuğu alabalığı mtDNA sekanslarından dizayn edilen primerler Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Farklı gökkuşuğu alabalığı hatlarına ait mtDNA’ların hizalamaları (Alignment) SnapGene 4.1.3 (www.snapgene.com) yazılımı kullanılarak yapılmış (Ek 7) ve polimorfik bölgeler belirlenmiştir. Ardından Primer3 (<http://primer3.ut.ee/>) programı ile primerler dizayn edilmiştir (Ek 8). Elde edilen primerlerin kıyaslanması (Blast) NCBI veri tabanında yapılmıştır. Yani dizayn edilen primerlerin gökkuşuğu alabalığına spesifik olup olmadığı belirlenmiştir (Ek 9). Çalışmada gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik toplam 10 adet primer kullanılmıştır. Gökkuşuğu alabalığı anaçlarından elde edilen total DNA’lar ve gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik olarak dizayn edilen ve hizmet alımı yoluyla sentezlettilen 10 adet primer çifti ile PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve sonuçlar genotipik polimorfizm için gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinde kullanılmıştır.

Çizelge 3.2. Gökkuşığı alabalığı mtDNA sekanslarından dizayn edilen primerler

Primer Adı	Primer Dizilimi	Primer Baz Uzunluğu (bp)	Primer Erime Sıcaklığı (Tm)	Primer GC Oranı (%)	Primerin Kendine Bağlanma Oranı (%)	Hedef Amplikon Uzunluğu (bp)	PCR İşleminde Uygulanan Yapışma Sıcaklığı
NC17 ve L71 *Sol primer	5' ACCACAAGCTAGCCTTCCTCC 3'	20	59.02	55	0.00	155 bp	58
NC17 ve L71 *Sağ primer	5' GGCAAGAGGATGTAGAGGGG 3'	20	59.24	60	0.00		
MF50 Sol primer	5' CCCACATTATTAATCCACTGGCA 3'	23	58.79	43.48	0.00	201 bp	
MF50 Sağ primer	5' GTGAAGAGGTGGAAGGTCGA 3'	20	59.03	55	0.00		
KP84 Sol primer	5' ATGATTACCCTAGTTACCCACGT 3'	23	58.71	43.48	0.00	217 bp	
KP84 Sağ primer	5' GTGAAGAGGTGGAAGGTCGA 3'	20	59.03	55.00	0.00		
DQ68 Sol primer	5' TCCACTAGCATAATTGTACCCA 3'	23	58.97	43.48	0.00	188 bp	
DQ68 Sağ primer	5' GTGAAGAGGTGGAAGGTCGA 3'	20	59.03	55.00	0.00		
DQ69 Sol primer	5' ACCACAAGCTAGCCTTCCTCC 3'	20	59.02	55.00	0.00	155 bp	
DQ69 Sağ primer	5' GGCAACAGGAAGTAAAGGGG 3'	20	58.45	55.00	0.00		
DQ70 Sol primer	5' GCCATTTATAGCCTCCGAATCA 3'	22	58.33	45.45	0.00	227 bp	
DQ70 Sağ primer	5' ATAGTAACCAGGAGAGCGGC 3'	20	58.96	55.00	0.00		
DQ71(P1) Sol primer	5' GCCGCTCTCCTGGTACTAT 3'	20	58.96	55.00	0.00	226 bp	
DQ71(P1) Sağ primer	5' GGCCTACTTTCTCAAATCATGTT 3'	23	57.10	39.13	0.00		
DQ71(P2) Sol primer	5' TCCTTTCAACAACCTAGCTGT 3'	22	57.31	40.91	0.00	248 bp	
DQ71(P2) Sağ primer	5' ATTCTGGGGTGGGTGGTATG 3'	20	59.07	55.00	0.00		
DQ71(P3) Sol primer	5' TCTAATCGCCATCTTATTCCTCC 3'	23	57.59	43.48	0.00	193 bp	
DQ71(P3) Sağ primer	5' TGGACTAACTGCCTACTCGG 3'	20	58.53	55.00	0.00		
DQ71(P4) Sol primer	5' CGTCATAACATCTTCAGCTTCC 3'	23	57.85	43.48	0.00	215 bp	
DQ71(P4) Sağ primer	5' GTGTGGCAGATAGTGGGAGT 3'	20	59.09	55.00	0.00		

*Çizelgede forward primeri “sol primer” reverse primeri ise “sağ primer” olarak kullanılmıştır

3.2.2.1.3. PCR amplifikasyonu

PCR işlemi, gökkuşuğu alabalığı anaçlarının kan örneklerinden elde edilen DNA'lar ve gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine spesifik olarak dizayn edilen primer çiftleri ile gerçekleştirilmiştir. PCR bileşenleri ve karışım miktarları için uygun prosedür deneme yanılma yöntemiyle bulunmuştur. Bunun için PCR işlemi için gerekli malzemelerin miktarı her denemede değiştirilerek uygun optimizasyon sağlanmaya çalışılmıştır. PCR işlemi için içerisinde sırasıyla; DNaz ve RNaz bulundurmeyen su, sağ ve sol primerler, PCR karışımı (Master mix) ve genomik DNA bulunan karışım hazırlanmıştır. Hazırlanan karışım 0.5 ml'lik PCR tüplerine dağıtılmış ve toplam hacim 25 µl olarak ayarlanmıştır. Genotipik polimorfizm belirlenmesi amacıyla PCR'da kullanılan karışımın bileşenleri ve miktarları Çizelge 3.3'de verilmiştir.

Çizelge 3. Genotipik polimorfizm belirlenmesi amacıyla PCR'da kullanılan karışımın bileşenleri ve miktarları

PCR Bileşenleri	Miktar
PCR Karışımı (Master Mix)	7 µl
DNaz, RNaz İçermeyen Su	11 µl
Sağ Primer	2 µl
Sol Primer	2 µl
Kalıp DNA	3 µl
Toplam Hacim	25 µl

Örneklerin mtDNA spesifik gen bölgelerinin çoğaltılması RotorGene 6000 (Qiagen) PCR cihazı ile gerçekleştirilmiştir. İlk adımda 94 °C'de 10 dakikalık bir ön denatürasyon işlemi uygulanmış daha sonrasında ise döngülere geçilmiştir. Döngü içerisinde 94 °C'de 40 saniye süreyle denatürasyon (ayrılma), 58 °C'de 40 saniye süreyle annealing (bağlanma) ve 72 °C'de 40 saniye süreyle extension (uzama) işlemi uygulanmıştır. 45 döngü sonrasında 72 °C'de 10 dakika beklenerek son uzama ile real-time PCR işlemi tamamlanmıştır. Genotipik polimorfizm belirlenmesi amacıyla uygulanan PCR sıcaklık ve süreleri Çizelge 3.4'de verilmiştir.

Çizelge 3.4. Genotipik polimorfizm belirlenmesi amacıyla uygulanan PCR sıcaklık ve süreleri

		Sıcaklık	Süre
<u>Ön Denatürasyon</u>		94 °C	10 dakika
<u>Döngü (45)</u>	Denaturasyon (ayırılma)	94 °C	40 saniye
	Annealing (bağlanma)	58 °C	40 saniye
	Extension (uzama)	72 °C	40 saniye
<u>Son Uzama</u>		72 °C	10 dakika

3.2.2.1.4. Kapiller elektroforez ile alellerin belirlenmesi

PCR ürünlerinin boyutunun belirlenmesi için QIAxcel Screen Gel Elektroforez (QIAGEN) cihazı kullanılmıştır. PCR işleminden sonra PCR cihazından çıkarılan PCR ürünleri (eluatları) QIAxcel Screen Gel Elektroforez cihazına yerleştirilerek polimorfizm hesaplamasında kullanılacak bantlar elde edilmiştir (Ek 10).

Çalışmada QIAxcel Screen Gel Elektroforez (QIAGEN) cihazına özgü 1200 örnek kapasiteli DNA High Resolution Kiti (Cat No./ID: 929002) kullanılmıştır. Hedeflenen ampliconlara (155-248 bp) göre size marker, alignment marker belirlenmiştir. Size marker olarak QX DNA Size Marker 25 bp – 500 bp (50µl) (Cat No./ID: 929560), Alignment marker olarak da QX Alignment Marker 15 bp/600 bp (1.5ml) (Cat No./ID: 929530) kullanılmıştır. QIAxcel Screen Gel Elektroforez cihazında bant büyüklüğünün belirlenmesi için OM400 metodu kullanılmıştır. Ayrıca QIAxcel Screen Gel Elektroforez cihazının kalibrasyonu QIAxcel Screen Gel 1.4 yazılımı ile gerçekleştirilmiştir. Yazılımdaki enjeksiyon zamanı 15 saniye olarak ayarlanmıştır.

3.2.2.1.5. Verilerin değerlendirilmesi

Kapillar Jel Elektroforez sonunda elde edilen bantlardan yararlanılarak binomial (0/1) veri matrisleri oluşturulmuştur (Ek 11). Elde edilen bantlardan veri matrisleri oluşturulurken mtDNA'dan genotipik polimorfizmin belirlenmesinde kullanılacak bantlar baz büyüklüğüne göre Excell programına (Microsoft) aktarılmıştır. Bu aktarma işleminde aynı satırda ve aynı baz büyüklüğüne sahip PCR ürünlerinin verdiği bantlar

(1) olarak değerlendirilirken, aynı satırda baz büyüklüğü görünmeyen PCR ürünlerinin verdiği bantlar ise (0) olarak değerlendirilmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin populasyon içi (Kuluçkahane içi) genotipik polimorfizm (genetik benzerlik ve genetik farklılık) hesaplamaları yapılırken NTSYSpc-2.1 hazır paket programı kullanılmıştır. Populasyonlar arası (Kuluçkahaneler arası) genotipik polimorfizm (genetik yakınlık, genetik mesafe ve genotipik çeşitlilik kriterleri) hesaplamalarında ise POPGENE hazır paket programı kullanılmıştır.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç populasyonlarının mtDNA'dan kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası genotipik polimorfizm seviyeleri belirlenirken terimlerde karışıklık olmaması amacıyla çalışmada kullanılan paket programlarının (NTSYSpc-2.1, POPGENE) tanımlamaları kullanılmıştır. Kuluçkahane içi hesaplamalarda genetik benzerlik (genetic similarity) ve genetik farklılık (genetic dissimilarity) terimleri, Kuluçkahaneler arası hesaplamalarda ise genetik yakınlık (genetic identity) ve genetik mesafe (genetic distance) terimleri kullanılmıştır.

Elde edilen veri matrislerinden yararlanarak;

1. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaç bazında kuluçkahane içi değerlendirilmeler yapılmıştır. Bu amaçla kuluçkahane içinde bulunan herhangi bir anacın, içinde bulunduğu kuluçkahanedeki diğer anaçlara göre; Kuluçkahane içi;
 - Genetik benzerlik oranları (GBO)
 - Genetik farklılık oranları (GFO) hesaplanmıştır.

Anaçların genetik benzerlik oranları NTSYSpc-2.1 programı ile Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak hesaplanmıştır (Rohlf, 2000). Anaçların genetik farklılık oranları ise genetik benzerlik oranının 1'den çıkarılması ile hesaplanmıştır.

$$GFO = 1 - GBO$$

2. Tüm kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki değerlendirilmeler yapılmıştır. Bu amaçla Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki bütün anaçların, içinde bulunduğu kuluçkahanedeki ve diğer kuluçkahanelerdeki anaçlara göre GBO ve GFO değerleri hesaplanmıştır. Ayrıca bu değerlerden

yola çıkarak her bir gökkuşuğu alabalığı anacının diğer gökkuşuğu alabalığı anaçlarına olan;

- Ortalama genetik benzerlik oranı (OGBO)
- Ortalama genetik farklılık oranı (OGFO) hesaplanmıştır.

3. Gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik olarak “Kuluçkahane içi genel durumları” değerlendirilmiştir. Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) ve ortalama genetik farklılık oranları (OGFO) her bir kuluçkahane için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Kuluçkahane içi genetik benzerlik ve genetik farklılık ortalamaları hesaplanırken her bir kuluçkahane kendi içinde değerlendirilmiştir. Wright’a (1978) göre genetik farklılık için kullanılan yöntem burada genetik benzerlik ve genetik farklılık için modifiye edilerek Çizelge 3.5 oluşturulmuştur. Wright, (1978) “0” ile “0,25” arasında genetik farklılıkları (GFO) 4’e bölerken bu çalışmada genetik benzerlik oranı (GBO) “0” ile “1” arasında 4’e bölünerek değerlendirilmiştir. Bu amaçla gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin polimorfizm parametreleri Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranı (OGBO) ve Kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranı (OGFO), çok iyi (++++), iyi (+++), orta (++) ve dikkatli olunmalı (+) olarak kodlanmıştır (Çizelge 3.5). Elde edilen sonuçlar doğrultusunda Çizelge 3.5’e göre tüm kuluçkahanelerin “Kuluçkahane içi genel durumları” değerlendirilmiş ve birbirleri ile karşılaştırılarak anaç ve kuluçkahane yönetim parametreleri kapsamında kıyaslanmışlardır.

Çizelge 3.5. Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik ve genetik farklılık oranları değerlendirme çizelgesi

Ortalama genetik benzerlik oranı (OGBO)	Ortalama genetik farklılık oranı (OGFO)	Genotipik durum	Ne yapılmalı? Çözüm önerisi;
0.25 - 0	0.75 - 1	++++ (Çok iyi)	Bu kuluçkahane çok iyi durumdadır. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için öncelikli kullanılabilir
0.50 - 0.25	0.50 - 0.75	+++ (İyi)	Bu kuluçkahane iyi durumdadır. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için 2. tercih olarak kullanılabilir
0.75 - 0.50	0.25 - 0.50	++ (Orta)	Bu kuluçkahane kan tazelemesi yapılmalıdır. Çizelge 4.26'dan hangi stoktan kan tazeleme yapılabileceği değerlendirilebilir.
1 - 0.75	0 - 0.25	+ (Dikkatli olunmalı)	Bu kuluçkahane tamamen yenilenmelidir. Çizelge 4.26'dan hangi stoktan primer anaç stoku kurulabileceği değerlendirilebilir.

4. Binomial verilerden elde edilen gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki gökkuşağı alabalığı anaçlarının Jaccard benzerlik indeksleri kullanılarak, NTSYSpc-2.1 paket programında UPGMA metoduna (Ağırlıklı olmayan aritmetik ortalama eş grup metodu/Unweighted pair group method using arithmetic average) göre kümeleme (cluster) analizi yapılarak bütün gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlar için “Dendrogram” elde edilmiştir. Ayrıca elde edilen dendrogram değerlendirilerek “Hatlar (Gruplar/Genotipler)” belirlenmiştir (Romesburg, 1984)

5. Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre yani kuluçkahane bazında değerlendirilmeleri yapılmıştır. Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre değerlendirilmesi POPGENE hazır paket programı kullanılarak yapılmıştır. Bu amaçla POPGENE hazır paket programı aracılığıyla;

Kuluçkahaneler arası;

- Genetik yakınlık oranları (GYO) ve
- Genetik mesafe oranları (GMO) hesaplanmıştır (Yeh ve ark., 1997).

Kuluçkahaneler arası genetik mesafe oranları ise genetik yakınlık oranının 1'den çıkarılması ile hesaplanmıştır.

$$GMO = 1 - GYO$$

Ayrıca kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre dendogram elde edilmiştir (Felsenstein, 1993).

Kuluçkahaneler arası değerlendirmeleri yapmak için POPGENE hazır paket programı aracılığıyla elde edilen GYO ve GMO değerlerinden yararlanılarak;

- Ortalama genetik yakınlık oranı (OGYO)
- Ortalama genetik mesafe oranı (OGMO) hesaplanmıştır.

6. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik olarak “Kuluçkahaneler arası genel durumları” değerlendirilmiştir. Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık oranı (OGYO), Kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı (OGMO) her bir kuluçkahane için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Kuluçkahaneler arası genetik yakınlık ve genetik mesafe ortalamaları hesaplanırken kuluçkahaneler kendi aralarında değerlendirilmiştir. Wright’a (1978) göre genetik farklılık için kullanılan yöntem burada genetik yakınlık ve genetik mesafe için modifiye edilerek Çizelge 3.6 oluşturulmuştur. Wright, (1978) “0” ile “0,25” arasında genetik farklılıkları (GFO) 4’e bölerken bu çalışmada genetik mesafe oranı (GMO) “0” ile “0,20” arasında 4’e bölünerek değerlendirilmiştir. Bu amaçla gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin polimorfizm parametreleri Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık oranı (OGYO), Kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı (OGMO), çok iyi (++++), iyi (+++), orta (++) ve dikkatli olunmalı (+) olarak kodlanmıştır (Çizelge 3.6). Elde edilen sonuçlar doğrultusunda Çizelge 3.6’ya göre tüm kuluçkahanelerin “Kuluçkahaneler arası genel durumları” değerlendirilmiş ve birbirleri ile karşılaştırılarak anaç ve kuluçkahane yönetim parametreleri kapsamında kıyaslanmışlardır.

Çizelge 3.6. Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık ve genetik mesafe oranlarını değerlendirme çizelgesi

Ortalama genetik mesafe oranı (OGMO)	Ortalama genetik yakınlık oranı (OGYO)	Genotipik durum	Ne yapılmalı? Çözüm önerisi;
0.20 – 0.15	0.80 – 0.85	++++ (Çok iyi)	Bu kuluçkahane karşılık geldiği ve genetik farklılığı en yüksek olan kuluçkahane için kan tazelemede kullanılabilir ve primer anaç stoku edinmek için birinci öncelikli kullanılabilir
0.15 – 0.10	0.85 – 0.90	+++ (İyi)	Bu kuluçkahane karşılık geldiği genetik farklılığı en yüksek olan kuluçkahane için kan tazelemede kullanılabilir ve primer anaç stoku edinmek için ikinci öncelikli kullanılabilir
0.10 – 0.05	0.90 – 0.95	++ (Orta)	Bu kuluçkahane kan tazeleme ve primer anaç stoku oluşturmak için kullanılmaz. Bilakis bu durumdaki kuluçkahanelerin kan tazelemesi gerekmektedir.
0.05 – 0	0.95 – 1	+ (Dikkatli olunmalı)	Bu kuluçkahane kan tazeleme ve primer anaç stoku oluşturmak için kesinlikle kullanılmaz. Anaç stoku tamamen yenilenmelidir.

7. Ayrıca genotipik çeşitlilik; gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arasındaki genotipik farklılıkları tam olarak ortaya çıkarmak için GBO, GFO, GYO ve GMO dışında POPGENE paket programı aracılığı ile aşağıdaki kriterlerle de incelenmiştir.

Bu kriterler;

- Ortalama allel sayısı (N_a),
- Etkili allel sayısı (N_e),
- Kuluçkahaneleinin heterozigotluk düzeyleri (H_o , H_s ve H_t),
- Shannon genetik çeşitlilik indeksi (I), ve
- Polimorfik lokus oranı (% Pol ya da PIC)
- Gen akışı (N_m),
- Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})
- Fiksasyon (homozigotlaşma) indeksleri (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST})'dir

Allel sayısı (Na)

Ortalama allel sayısı genotipik çeşitliliğin tanımlanmasında kullanılan bir unsurdur. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı (Na; Allel number) popülasyon büyüklüğünden etkilenmektedir. Çalışılan popülasyonlar (kuluçkahaneler) içerisinde bir lokus içinde allelik farklılıkların olması yani farklı uzunluklarda allellerin görülmesi demek bu popülasyonlar (kuluçkahaneler) içerisinde genotipik çeşitliliğin olması demektir. Bir lokustaki allel sayısı ne kadar fazla ise o lokus bakımından genetik varyasyonun belirlenme ihtimalinin o kadar yüksek olması beklenir (Nei, 1987; Kaya 2008). Ortalama allel sayısı Nei (1987)' ye göre aşağıdaki eşitlik ile hesaplanmış olup, bu istatistiğin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$n_A = \frac{\sum n_{Ai}}{r} \quad (3.1)$$

*Formülde, n_A = her bir lokus için ortalama allel sayısını, r = lokus sayısını, $\sum n_{Ai}$ = i.ci lokustaki toplam allel sayısını ifade etmektedir.

Etkili allel sayısı (Ne)

Etkili allel sayısı (Ne; Effective allel number) bir lokusta var olan allellerin ne kadarının o lokustaki genetik varyasyona katkı sağladığının belirlenmesinde kullanılan bir istatistiktir (Kaya, 2008). Etkili allel sayısı Kimura ve Crow (1964)'a göre aşağıdaki eşitlik ile hesaplanmış olup, bu istatistiğin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$Ne = \sum_i (1 / \sum_i P_i^2) / r \quad (3.2)$$

*Formülde P_i , i. allelin frekansı; r , lokus sayısını ifade etmektedir.

Heterozigotluk (H)

Kuluçkahanelerin (popülasyonların) heterozigotluk düzeylerinin belirlenmesi için kullanılan yöntemdir. Diğer bir deyişle kuluçkahanelerin içindeki veya arasındaki genetik farklılığın objektif olarak karşılaştırılmasında kullanılan bir değerdir. Bu değer,

kuluçkahanelerin içindeki veya arasındaki çeşitliliği izlemek ve ilişkileri belirlemek için kullanılabilir. Heterozigotluk değeri, çalışılan lokuslar açısından, kuluçkahaneler içerisinde tespit edilen heterozigot bireylerin ortalama yüzdesini ifade etmektedir veya heterozigotluk 0 ile 1 arasında bir değer almakta ve bu değerlere göre değerlendirilmektedir. Bu değer 1'e yakınlığı türler arasındaki heterozigotluğun yüksek olduğunu göstermektedir (Nei, 1987; Bodur, 2012). Bir lokustaki heterozigotluğun hesaplanmasında aşağıdaki formül kullanılmaktadır. Nei tarafından 1987'de formüle edilen bu matematiksel hesaplamada popülasyonların büyüklüklerinden kaynaklanabilecek etkinin indirgenildiği bildirilmektedir (Nei, 1987).

Heterozigotluk değeri Nei (1987)'ye göre aşağıdaki eşitlikler ile hesaplanmış olup, gözlenen heterozigotluk (H_o), kuluçkahane içi ortalama heterozigotluk (H_s) ve kuluçkahaneler arası heterozigotluk (H_t) değerlerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$\hat{h} = \frac{2n(1 - \sum \bar{X}^2 i)}{(2n - 1)} \quad (3.3)$$

*Formülde, \hat{h} : bir popülasyon için heterozigotluk, n : popülasyondaki birey sayısı, X_i : A_i alelinin frekansını ifade etmektedir.

$$H_s = 1/k \sum_{s=1}^k H_s = 1/k \sum_{s=1}^k [1 - q_s^2 - (1 - q_s)^2] \quad (3.4)$$

*Formülde, k = toplam lokus sayısı, $H_s = 1 - q_s^2 - (1 - q_s)^2$ ve $q_s = s$. diallel lokustaki iki allelden birinin tekrarlanma oranıdır.

Shannon genetik çeşitlilik indeksi (I)

Shannon çeşitlilik indeksi (I), ekolojik literatürde popüler bir çeşitlilik indeksidir. Ekolojide tür çeşitliliğini karakterize etmek için yaygın olarak kullanılmaktadır. Genotipik çalışmalarda ise genotipik çeşitlilik göstergesi olarak kullanılmaktadır. Shannon çeşitlilik indeksi de 0 ile 1 arasında bir değer almakta ve bu değerlere göre değerlendirilmektedir. Shannon çeşitlilik indeksi değerinin yüksek olması

(1.00'a yakın) populasyondaki (kuluçkahanedeki) genotipik çeşitliliğinin de yüksek olduğunu göstermektedir. Shannon çeşitlilik indeksi (I), Shannon ve Weaver, (1949)'a göre aşağıdaki eşitlik ile hesaplanmış olup, bu istatistiğin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$I = \sum_{i=1}^s \pi_i \log \pi_i \quad (3.5)$$

*Ekolojik çalışmalarda formüldeki, s= tür sayısı ve $\pi_i = i.$ ise türün bireylerinin toplam örnekler içerisindeki oranıdır.

Polimorfik lokus oranı (% Pol) ya da Polimorfizm bilgi içeriği (PIC)

Polimorfik lokus oranı (% Pol) ya da Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri bir genetik marker veya primerin ne kadar polimorfik yapıda olduğunu belirlemede kullanılan bir indekstir. Çalışılan lokuslardaki varyasyonun hangi seviyelerde olduğunu ve buna bağlı olarak da o lokusun marker veya seleksiyon kriteri olarak kullanılma etkinliğini belirleyen bir katsayı olarak kullanılmaktadır. Bu temelde PIC değerleri herhangi bir lokusu tanımlayan ve o lokus hakkında daha duyarlı bilgi elde edilmesi amacıyla kullanılan iyi bir ölçüt olarak değerlendirilmektedir (Botstein ve ark., 1980; Kaya, 2008).

Herhangi bir lokusta tespit edilebilecek PIC değerleri şu şekilde yorumlanmaktadır.

- PIC > 0.50 ise, yüksek seviyede bilgi sağlayan bir marker,
- 0.50 > PIC > 0.25 ise, orta seviyede bilgi sağlayan bir marker,
- 0.25 > PIC ise, çok az bilgi sağlayan bir marker olarak değerlendirilir.

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^n P_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2P_i^2 P_j^2 \quad (3.6)$$

*Formülde, n = allel sayısı, $P_i = i$ nci allelin frekansı, $P_j = j$ nci allelin frekansını ifade etmektedir.

PIC deęerlerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıřtır.

Gen akıřı (Nm)

Farklı kuluękahaneler (populasyonlar) arasında her generasyondaki g eden bireylerin gerek sayısı, gen akıřı (Nm, gene flow) ile ifade edilmektedir. Kuluękahaneler arasında meydana gelen gen akıřı (Nm) deęerleri řu řekilde aıklanmaktadır (Kaya, 2008):

- Nm = 0.25 ise, Kuluękahaneler arasında her drt generasyonda bir birey g etmektedir.
- Nm = 0.50 ise, Kuluękahaneler arasında her iki generasyonda bir birey g etmektedir.
- Nm = 1.00 ise, Kuluękahaneler arasında her generasyon bir birey g etmektedir.
- Nm = 2.00 ise, Kuluękahaneler arasında her generasyon iki birey g etmektedir.

Gen akıřı (Nm) deęerlerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıřtır.

Genetik farklılařma katsayısı (G_{ST})

oklu allelik yapının var olduęu alt populasyonlar (kuluękahaneler) arasındaki genetik farklılıęın tanımlanmasında F_{ST}' nin G_{ST} ile gsterilebileceęi belirtilmektedir. Bu durumda G_{ST}, F_{ST}' nin tartılı ortalaması olarak deęerlendirilmekte ve genetik farklılařma katsayısı (coefficient of gene differentiation) olarak ifade edilmektedir (Nei, 1987; Hartl ve Clark 2007; Kaya 2008)

Genetik farklılařma katsayısı (G_{ST}) deęerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılmıřtır.

F-istatistikleri

F istatistikleri populasyonların (kuluękahanelerin) yapılarının tanımlanmasında nemli bilgiler veren parametrelerdir. Wright (1965) tarafından geliřtirilen F istatistikleri F_{IT}, F_{IS} ve F_{ST} olmak zere  alt parametreden oluřmakta ve Fiksasyon (homozigotlařma) indeksleri olarak bilinmektedir. Fiksasyon (homozigotlařma)

indeksleri (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST}) kuluçkahanelerdeki akrabalı yetiştirme sonucu Hardy-Weinberg dengesinden sapmaları ifade etmektedir (Nei, 1987; Hartl ve Clark 2007; Kaya 2008).

Bu parametreler arasında $(1-F_{IT}) = (1-F_{IS}) (1-F_{ST})$ şeklinde bir ilişki bulunmaktadır. Nei, (1987) F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} indekslerinin heterozigotluk değerlerine (H_o , H_s , H_t) göre belirlenebileceğini bildirmiştir. Nei (1987)'ye göre F-istatistikleri ırk (tür) farklılığı dikkate alınmaksızın ırklara (balıklara) ait populasyonlar (kuluçkahaneler) tek bir populasyon (kuluçkahane) olarak ele alındığında;

- Kuluçkahanenin gözlenen heterozigotluğuna (H_o),
- Irkların Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu varsayımıyla bu kuluçkahanelerin ortalama heterozigotluğuna (H_s) ve
- Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu varsayımıyla tüm kuluçkahanelerin heterozigotluğuna (H_t) bağlı olarak hesaplanmaktadır.

F_{IS} ; Kuluçkahane içi akrabalı yetiştirme katsayısı olup, kuluçkahane içindeki herhangi bir anacın müşterek atadan dolayı benzeme ihtimalidir. Yani bir bireyi oluşturan gametler arasındaki korelasyonun kuluçkahane içindeki diğer gametler arasındaki korelasyona oranıdır. F_{IS} değeri populasyonlarda (kuluçkahanelerde) akrabalı yetiştiricilikten ya da yakın akrabalı yetiştiricilikten (inbreeding) kaynaklanan Hardy-Weinberg dengesinden sapmaları tespit eder. Bu indeks değeri, kuluçkahaneler içi akrabalı yetiştirme katsayısı veya Hardy-Weinberg dengesinden sapma olarak ifade edilmekte olup, $F_{IS} = (H_s - H_o) / H_s$ eşitliğiyle hesaplanmaktadır (Nei, 1987)

F_{IT} , Kuluçkahaneler arası akrabalı yetiştirme katsayısı olup, kuluçkahaneler arasındaki herhangi bir anacın müşterek atadan dolayı benzeme ihtimalidir. Yani bir bireyi oluşturan gametler arasındaki korelasyonun kuluçkahaneler arasındaki diğer gametler arasındaki korelasyona oranıdır. F_{IT} değeri hem yakın akrabalı yetiştiricilikten (inbreeding) hem de populasyonlar (kuluçkahaneler) arası farktan kaynaklanan Hardy-Weinberg dengesinden sapmaları tespit eder. Bu indeks değeri, kuluçkahaneler arası akrabalı yetiştirme katsayısı ya da Hardy-Weinberg dengesinden sapma olarak değerlendirilmekte olup, $F_{IT} = (H_t - H_o) / H_t$ eşitliğiyle hesaplanmaktadır (Nei, 1987).

F_{ST} ; Kuluçkahane içindeki herhangi bir anacı oluşturan gametler arasındaki korelasyonun kuluçkahaneler arasındaki herhangi bir anacı oluşturan gametler arasındaki korelasyona oranıdır. F_{ST} değeri populasyonlar (kuluçkahaneler) arası farklılaşmayı belirlemek için kullanılır. Ayrıca F_{ST} değeri G_{ST} ile eşittir. Çoklu allelik yapının var olduğu populasyonlar (kuluçkahaneler) arasındaki genetik farklılığın tanımlanmasında F_{ST} değeri G_{ST} ile gösterilebilir. Ayrıca Bu indeks değeri, kuluçkahaneler arasındaki genetik farklılığın bir ölçüsü olup, $F_{ST} = (H_t - H_s) / H_t$ eşitliğiyle hesaplanmaktadır (Nei, 1987).

Populasyonların (kuluçkahanelerin) genetik yapılarının analiz edilmesinde Wright (1978)'in F-istatistikleri yaygın olarak kullanılmakla birlikte, sonraki yıllarda bu istatistiklerin tekrar formüle edilmesi ve parametre tahmin yöntemlerinin geliştirilmesine yönelik birçok çalışma yapılmış ve yapılmaktadır (Kaya 2008). Bu amaçla, geliştirilen ve diğer modellere oranla daha yaygın olarak kullanılan Weir ve Cockerham (1984) tarafından geliştirilen modelde Wright (1978)'in teorisinde yer alan tüm varsayımlar kabul edilmekte birlikte modelin tenkit edilen yönlerine tamamlayıcı yeni yaklaşımlar getirilmektedir (Kaya, 2008). Wright (1978)'in F-istatistik modelindeki F_{IS} ve F_{IT} parametreleri genellikle homozigotlaşma indeksleri olarak adlandırılır ve negatif ve pozitif değerler alabilmektedir. F_{IS} ve F_{IT} değerleri teorik olarak 0 ile 1 arasında değişmekte olup;

- Negatif bulunması heterozigotluğun arttığını,
- Sıfır değerine yakın bulunması Hardy-Weinberg dengesinin varlığını,
- Pozitif olarak bulunması ise homozigotluğun arttığını ifade etmektedir (Kaya, 2008).

F-istatistik modeli, sonsuz sayıda alt populasyonun (kuluçkahanelerin) var olduğu varsayımına dayanan bir populasyon (kuluçkahane) üzerine kurulduğu için modeldeki F_{ST} 'nin değeri pozitif olmak zorundadır. Ancak uygulamada sınırlı sayıda alt populasyon (kuluçkahane) üzerinde çalışıldığı için F_{ST} 'nin değeri de değişebilmektedir. Bu durumda F_{ST} , bir parametre yerine bir istatistik olarak değerlendirilmektedir (Weir ve Cockerham 1984; Kaya, 2008). F_{ST} bir istatistik olarak ele alındığında nadiren de olsa negatif değerler alabilmektedir. Long (1986), negatif olarak tahmin edilen F_{ST}

değerinin sıfır ($F_{ST} = 0$) olarak kabul edilebileceğini ve istatistik olarak tahmin edilen F_{ST} 'nin simgesinin de F^*_{ST} olarak gösterilmesi gerektiğini bildirmektedir.

Populasyonlar (kuluçkahaneler) arasındaki genetik farklılığın tanımlanmasında G_{ST} 'nin F_{ST} yerine kullanılabileceği belirtilmektedir (Nei, 1987). Ancak birey-kuluçkahane-kuluçkahaneler arası akrabalı yetiştirme katsayısı ve Hardy-Weinberg dengesi ile ilgili kıymetli bilgiler verdiği için bu çalışmada G_{ST} dışında F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} parametreleri de hesaplanmıştır.

Hartl ve Clark (2007)'a göre, populasyonlar (kuluçkahaneler) arasındaki genetik farklılık seviyeleri 4 farklı grupta sınıflandırılmaktadır. Wright (1978)'a göre, populasyonlar (kuluçkahaneler) arasındaki genetik farklılıklar (F_{ST}) 0.05'ten daha küçük ise bu farklılıkların biyolojik olarak herhangi bir anlam taşımadığı bildirilmektedir (Hartl ve Clark 2007). Buna göre F_{ST} ;

- $0.00 < F_{ST} < 0.05$ ise, kuluçkahaneler arasındaki genetik farklılıkların düşük,
- $0.05 < F_{ST} < 0.15$ ise, kuluçkahaneler arasındaki genetik farklılıkların orta,
- $0.15 < F_{ST} < 0.25$ ise, kuluçkahaneler arasındaki genetik farklılıkların yüksek
- $0.25 < F_{ST}$ ise, kuluçkahaneler arasındaki genetik farklılıkların çok yüksek seviyede olduğunu göstermektedir (Hartl ve Clark 2007; Kaya, 2008).

Fiksasyon (homozigotlaşma) indeks (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST}) değerlerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh ve ark., 1997) paket programından yararlanılarak elde edilen gözlenen heterozigotluk (H_o), kuluçkahane içi ortalama heterozigotluk (H_s) ve kuluçkahaneler arası heterozigotluk (H_t) değerleri kullanılmıştır.

3.2.2.2. Anaçlardan alınan larvaların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin hesaplanması

Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç populasyonlarının ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri aşağıdaki yöntemlere göre belirlenmiştir.

3.2.2.2.1. Anaçlardan yumurta örneklerinin alınması, inkübe edilmesi ve açılan larvalardan RNA izolasyonu

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç popülasyonlarının ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek amacıyla genotipik polimorfizm için kan alınan gökkuşığı alabalığı anaçlarının yumurtaları inkübe edilmiş ve açılan larvalardan alınan örnekler büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek için kullanılmıştır.

Gökkuşığı alabalığı larvalarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek amacıyla kan örneği alınan 36 adet dişi anaç balığın her biri, kuluçkahanedeki popülasyonun büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini geniş aralıkta taramak ve tam olarak ortaya çıkarmak için yedi adet erkek anaç ile döllenmiştir. Her kuluçkahane 42 erkek anaç olmak üzere toplamda 252 erkek anaç kullanılmıştır. Döllenmiş yumurtalardan her bir anaca ait rastgele 100 adet yumurta alınmıştır. Yumurtalar alınırken 0.25 ml'lik kapaklı kaplar kullanılmıştır. Kaplara, yumurtaların oksijen almasını engellemek için yumurta boyutlarından küçük delikler açılmıştır. Taşıma işleminden önce taşıma kabı yarıya kadar su ile doldurulmuş ve şarjlı hava motoru ile havalandırılması sağlanmıştır. Daha sonra kapların içine alınan yumurtalar taşıma kabına yerleştirilerek aynı gün içinde sabit sıcaklıkta (10 °C), ortam şartları sabit olan, kaynak suyu kullanılan ve su sıcaklığı yıl boyunca 10.1 ± 0.14 arasında değişen Kırkçeşme Alabalık Tesisinde çalışma için daha önceden ayarlanan kuluçka dolabına getirilerek yerleştirilmiştir (Çalışmada ortam şartlarının sabit olmasının istenmesindeki amaç, balıkların en önemli hayat safhalarından olan embriyo gelişimi ve larval aşamada, çevrenin etkisi eşitlenerek genotipteki farklılıkların çevreden etkilenmesini minimize etmektir. Yani çevrenin etkisi eşitlenerek genotipteki farklılıkların ortaya çıkmasının sağlanmasıdır).

Döllenmiş olarak alınan yumurta örnekleri Kırkçeşme Alabalık Tesisine getirilerek kuluçka dolaplarına yerleştirirken her bir tavaya tek bir kuluçkahane örnekleri konulmuştur. Kuluçka tavaları örnekler getirilmeden önce altı eşit parçaya bölünmüştür. Bu amaçla tava boyutlarına uygun camlar kestirilmiş ve kestirilen camlar kuluçka tavasını altı eşit parçaya bölecek şekilde sıcak silikon ile yapıştırılmıştır.

Getirilen örnekler ortam şartları sabit olan kuluçka dolaplarına yerleştirilmiş ve yumurtaların inkübasyonu gerçekleştirilmiştir.

Gökkuşığı alabalığı larvalarından total RNA izolasyonu tüm larvalar yumurtadan çıktıktan sonra yapılmıştır. Örnekleri aynı gelişim sürecinde alabilmek için farklı kuluçkahane ve anaçlardan gelen yumurtalar döllenenmeden itibaren 350 günderece sonunda (10 °C su sıcaklığında 35 gün) diğer bir ifade ile 8400 derece saat sonunda (10 °C su sıcaklığında 840 saat) alınmıştır. Dolayısıyla genotipteki farklılık için kullanılacak olan büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviye sonuçları daha sağlıklı bir şekilde yorumlanabilmiştir.

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirlemek için her bir anaçtan alınan 100 yumurtadan 350 gün-derece sonunda, larva halinde iken rastgele 3 örnek seçilmiştir. Her kuluçkahane için 18 larva örneği kullanılmıştır. Dolayısı ile toplamda 108 larva örneği ile çalışılmıştır (6 kuluçkahane x 6 anaç x 3 larva = 108 larva örneği). Yumurtadan çıkan larvalar steril bir şekilde ependorf tüplere yerleştirilmiş ve üstlerine 0.25 ml RNA Later (Invitrogen) ilave edilerek Su Ürünleri Yetiştiriciliği Bölüm Laboratuvarı'na getirilmiştir. Su Ürünleri Yetiştiriciliği Bölüm Laboratuvarı'na getirilen örnekler RNA izolasyon işlemine kadar (6 ay) -20 °C'de saklanmıştır. Larva örneklerinde total RNA izolasyonu Trizol ile yapılmıştır. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirlemek için larvalar bütün halde total RNA ekstraksiyonu için kullanılmıştır. Elde edilen RNA'ların absorbans oranlarına 230/260/280 nm'de NanoDrop 2000/2000c (Thermo Scientific) cihazında bakılmıştır. Elde edilen RNA'larla cDNA kiti (Applied Biosystems) kullanılarak aynı gün içerisinde cDNA kütüphanesi oluşturulmuştur.

3.2.2.2.2. cDNA kütüphanesinin oluşturulması

Gökkuşığı alabalığı larvalarından elde edilen total RNA örneklerinden cDNA kütüphanesi oluşturmak için High-Capacity cDNA Reverse Transcription Kiti (Applied Biosystems) kullanılmıştır. Kit, üretici firmanın talimatlarına göre kullanılmıştır. Elde edilen cDNA'ların absorbans oranlarına 230/260/280 nm'de NanoDrop 2000/2000c (Thermo Scientific) cihazında kontrol edilmiştir. Elde edilen cDNA'lar kantitatif PCR işlemine kadar -20 °C'de saklanmıştır.

3.2.2.2.3. Anaçların büyüme hormon (GH-I) genine spesifik primer dizaynı

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirleme çalışmasında kullanılan hedef gene (GH-I) ait primerleri dizayn etmek için gökkuşağı alabalığı büyüme hormonu (GH-I) genine ait sekans bilgileri www.ncbi.nlm.nih.gov adresli biyoinformatik veri tabanından diğer bir ifadeyle NCBI (National Center for Biotechnology Information) gen bankasından elde edilmiştir. Primerler, NCBI veri tabanında bulunan gökkuşağı alabalığı büyüme hormonu (GH-I) genine spesifik olarak dizayn edilmiştir. Gökkuşağı alabalığı büyüme hormonu (GH-I) genine spesifik dizayn edilen primerler Çizelge 3.7’de verilmiştir.

Çizelge 3.7. Gökkuşağı alabalığı büyüme hormon (GH-I) genine spesifik dizayn edilen primerler

Primer Adı	Primer Dizilimi	Primer Baz Uzunluğu (bp)	Primer Erime Sıcaklığı (Tm)	Primer GC Oranı (%)	Primerin Kendine Bağlanma Oranı (%)	Hedef Amplikon Uzunluğu (bp)	PCR İşleminde Uygulanan Yapışma Sıcaklığı
GH-I Geni Sol* Primer	5' CGTACTGAGCCTGGATGACA 3'	20	59.18	55.00	0.00		
GH-I Geni Sağ* Primer	5' GTCTCGACCTGTGCATGTC 3'	20	58.93	55.00	0.00	141 bp	58

*Çizelgede forward primeri “sol primer” reverse primeri ise “sağ primer” olarak kullanılmıştır

3.2.2.2.4. Anaçların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirlemek için referans genin seçilmesi ve spesifik primer dizaynı

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi ve yorumlanabilmesi için nispeten stabil ifade seviyelerine sahip referans genlerin kullanılması gerekmektedir. Bu nedenle büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirlenmesinde referans gen olarak gökkuşağı alabalığı kimlik geni olan 18S rRNA gen bölgesi kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan referans gene ait primerleri dizayn etmek için gökkuşağı alabalığı 18S rRNA gen bölgesine ait sekans bilgileri www.ncbi.nlm.nih.gov adresli biyoinformatik veri tabanından diğer bir ifadeyle NCBI (National Center for Biotechnology Information) gen bankasından elde edilmiştir. Primerler, NCBI veri tabanında bulunan gökkuşağı alabalığı 18S rRNA gen

bölgesine spesifik olarak dizayn edilmiştir. Gökkuşığı alabalığı 18S rRNA gen bölgesine spesifik dizayn edilen primerler Çizelge 3.8’de verilmiştir.

Çizelge 3.8. Gökkuşığı alabalığı 18S rRNA gen bölgesine spesifik dizayn edilen primerler

Primer Adı	Primer Dizilimi	Primer Baz Uzunluğu (bp)	Primer Erime Sıcaklığı (Tm)	Primer GC Oranı (%)	Primerin Kendine Bağlanma Oranı (%)	Hedef Amplikon Uzunluğu (bp)	PCR İşleminde Uygulanan Yapışma Sıcaklığı
18S rRNA Sol* Primer	5' GGACACGGAAAGGATTGACAG 3'	21	58.92	52.38	0.00	171 bp	58
18S rRNA Sağ* Primer	5' TCTAAGAAGTTGGACGCCGA 3'	20	58.75	50.00	0.00		

*Çizelgede forward primeri “sol primer” reverse primeri ise “sağ primer” olarak kullanılmıştır

3.2.2.2.5. Kantitatif PCR (QPCR)

Gökkuşığı alabalığı larvalarından izole edilen RNA’lardan elde edilen cDNA kütüphanesi üzerinde ilgili genlerin kantitatif tayini QPCR cihazı ile belirlenmiştir. Tüm örneklerin cDNA konsantrasyonları 50 ng/ml olacak şekilde eşitlenmiştir. Çalışmada aynı larva örneği iki tekerrür ile çalışılmıştır (108 larva örneği x 2 tekerrür = 216 larva örneğinde GH-I gen ifade analizi).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç popülasyonlarının ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin belirlenmesi için Syber Green tekniği kullanılmıştır. Syber green DNA çift zincirine spesifik olup hedef amplikon sentezlendikçe ışımaya neden olmaktadır. Bu ışımaya değerleri hedef gen (GH-I) ve referans gen (18S rRNA) için kantitatif PCR vasıtası ile algılanıp toplanmakta ve kümülatif olarak grafize edilmektedir.

Elde edilen üssel eğriler ve Ct değerleri gen ifadesinin hesaplanmasında kullanılmıştır. Ayrıca erime eğrisi (Melting curve) analizleri, analiz ve sonuçların değerlendirilmesinde kullanılmıştır. Erime eğrisi (Melting curve) analizleri, SYBR-Green gibi floresan boyaların kullanıldığı analizlerde, çoğalan DNA’nın hedef bölge olduğunu kesinleştirmek amacıyla kullanılır. Erime eğrisi (Melting curve) analizinde, sıcaklık yavaş yavaş artırılarak floresan sinyalin sıcaklığa bağlı düşmesini gösteren bir

grafik oluşturulur. Çift zincirin bozulmasından ve floresan sinyalin ani düşüşünden kaynaklanan tepelikler aracılığıyla, DNA iplikçiklerinin birbirlerinden ayrılmaları gözlemlenir ve bir algoritma ile erime tepeleri elde edilir. Elde edilen erime noktası ile hedef ampikonun erime noktası uyumlu ise kantitatif PCR işlemi sorunsuz gerçekleşmiştir diye değerlendirilir.

Kantitatif PCR işlemi için içerisinde sırasıyla; sağ ve sol primerler, PCR karışımı (Master mix) ve cDNA bulunan karışım hazırlanmıştır. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla kantitatif PCR'da kullanılan karışımının bileşenleri ve miktarları belirlenirken deneme yanılma ile bulunan 4/2/1/1 (PCR karışımı (Master mix)/cDNA/Sağ primerler/Sol primerler) oranları son hacim 20 µl olacak şekilde ayarlanmış ve su kullanılmamıştır. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla kantitatif PCR'da kullanılan karışımının bileşenleri ve miktarları Çizelge 3.9'da verilmiştir.

Çizelge 3.9. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla kantitatif PCR'da kullanılan karışımının bileşenleri ve miktarları

Kantitatif-PCR Bileşenleri	Oranlar	Miktar
PCR Karışımı (Master Mix)	4 Kat	10 µl
Sağ Primer	1 Kat	2.5 µl
Sol Primer	1 Kat	2.5 µl
cDNA	2 Kat	5 µl
Toplam Hacim		20 µl

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla uygulanan kantitatif PCR sıcaklık ve süreleri hesaplama ve deneme yanılma ile bulunmuştur. Örneklerin spesifik gen bölgelerinin çoğaltılması RotorGene 6000 (Qiagen) PCR cihazı ile gerçekleştirilmiştir. İlk adımda 94 °C'de 10 dakikalık bir ön denatürasyon işlemi uygulanmış daha sonrasında ise döngülere geçilmiştir. Döngü içerisinde 94 °C'de 35 saniye süreyle denatürasyon (ayırılma), 58 °C'de 35 saniye süreyle annealing (bağlanma) ve 72 °C'de 35 saniye süreyle extension (uzama) işlemi uygulanmıştır. 45 döngü sonrasında 72 °C'de 10 dakika beklenerek son uzama işlemi uygulanmıştır. Bu döngülerin sonuna erime eğrisi (Melting curve) analizi eklenerek kantitatif PCR işlemi tamamlanmıştır. Erime eğrisi (Melting curve) analizi için; PCR sona erdikten sonra son PCR ürünleri her 5 saniyede 1 °C sıcaklık artışı ile 50°C'den

99°C'ye ulaştırılmıştır. Kantitatif PCR sıcaklık ve süreleri ile erime eğrisi programı Çizelge 3.10'da verilmiştir.

Çizelge 3.10. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin belirlenmesi amacıyla uygulanan kantitatif PCR sıcaklık ve süreleri ile erime eğrisi programı

	Sıcaklık	Süre
Ön Denatürasyon	94 °C	10 dakika
Döngü (45)	Denaturasyon (ayrılma)	94 °C
	Annealing (bağlanma)	58 °C
	Extension (uzama)	72 °C
Son Uzama	72 °C	10 dakika
Erime Eğrisi (Melting curve)	Son PCR ürünleri her 5 saniyede 1 °C sıcaklık artışı ile 50°C'den 99°C'ye ulaştırılır.	

3.2.2.2.6. Gen ifade hesaplamaları

Gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinin ve gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri gökkuşluğu alabalığı yetiştiriciliği açısından hem kalite parametresi olarak hem de OGBO, F_{IS} ve F_{IT} değerleri ile birlikte hatların tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kalıp kalmadıklarını belirlemek için kullanılmıştır.

Gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşluğu alabalığı anaç popülasyonlarının ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşluğu alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin belirlenmek için yapılan analizler sonucunda yapılan her bir kantitatif PCR (QPCR) işlemi için elde edilen üssel eğrilerin PCR yazılımı aracılığıyla minimum “Eşik Seviyeleri (Treshold)” belirlenmiştir. Elde edilen minimum eşik seviyelerinden maksimum değere göre “ortak eşik seviye değeri” belirlenmiştir. Böylece elde edilen Ct değerleri hem hedef gen (GH-I) hem de referans gen (18S rRNA) için tüm örnekleri kapsamıştır. Ayrıca, kantitatif PCR reaksiyonun düzgün çalışıp çalışmadığının bir göstergesi olarak amplifikasyon etkinlik değeri (E) hesaplanmıştır. Bu amaçla elde edilen değerler yardımıyla standart eğri oluşturulmuş ve eğrinin eğimi belirlenerek $(10^{(-1/eğim)} - 1)$ formülünde yerine yazılarak amplifikasyon etkinlik değeri belirlenmiştir. Reaksiyonun düzgün bir şekilde çalışması için teorik olarak %100 olan amplifikasyon etkinlik değerinin verimi %90 ile %110 aralığında olmalıdır. Kantitatif PCR reaksiyonunun amplifikasyon etkinliğinin bu değerler dışında hesaplanması durumunda, hatanın kaynağı tespit edilerek reaksiyon yenilenmelidir.

Amplifikasyon etkinlik değeri (E) bu çalışmada uygun olduğu için gen ifadesi analizinde “2” olarak kullanılmıştır.

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi hesaplamaları relatif kantifikasyon yöntemleri ile (Pfaffl, 2001/ Livak ve Schmittgen 2001) karşılaştırılmalı olarak hesaplanmıştır. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi hesaplamalarında aşağıdaki formül kullanılmıştır.

$$\Delta Ct = \text{Hedef Gen Ct} - \text{Referans Gen Ct}$$

$$\text{Gen İfadesi} = E^{-\Delta Ct} = 2^{-\Delta Ct}$$

*Formülde, E,2: Amplifikasyon etkinlik değerini, Hedef Gen Ct: Hedef genin (Büyüme Hormonu) ortalama Ct değerini, Referans Gen Ct: Referans genin (18S rRNA) ortalama Ct değerini ifade etmektedir.

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi sonucunda yapılan her bir kantitatif PCR (QPCR) işlemi için elde edilen üssel eğrilerin eşik seviyeleri her bir kantitatif PCR işlemi için yazılımda çizilmiş ve “Eşik seviyesi döngü değerleri (Ct)” hesaplanmıştır. Hesaplanan eşik seviyesi döngü değerleri (Ct) kullanılarak “ ΔCt ” değerleri hesaplanmıştır. “ ΔCt ” değerlerini hesaplamak için büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genlerine ait Ct değerleri birbirlerinden çıkarılarak farklar bulunmuş ve gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşuğu alabalığı hatlarının ΔCt ortalamaları hesaplanmıştır. Elde edilen ΔCt ortalamalarının 2 üzeri değerleri hesaplanmış ($=2^{\Delta Ct}$) ve gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşuğu alabalığı hatlarının hedef gen ifade seviyeleri belirlenmiştir.

Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi sonuçlarının değerlendirilmesinde SPSS 23.0 istatistik paket programından yararlanılmıştır. Gruplar arasındaki farklılığı test etmek amacıyla öncelikle SPSS 23.0 istatistik paket programından “Tanımlayıcı İstatistik” testlerinden gökkuşuğu alabalığı kuluçkahaneleri için ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşuğu alabalığı hatları için elde edilen verilerin ($=2^{\Delta Ct}$) normal dağılım gösterip göstermediğine normalite testi ile bakılmıştır. Elde edilen veriler normal dağılım göstermediği için ortalama değerlerin dışında kuluçkahaneler ve gökkuşuğu alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini sıralamak için

kuluçkahanelere ve hatlara ait medyan değeri kullanılmıştır. Çünkü elde edilen veriler normal dağılım göstermediğinden medyan değeri, aritmetik ortalamadan daha uygun bir ölçüt olarak değerlendirilmiştir.

Çalışmada elde edilen veriler normal dağılım göstermediğinden Non-Parametrik test olan Kruskal-Wallis çoklu karşılaştırma testinden yararlanılmıştır. Sonuçlar $P < 0.05$ önem seviyesinde anlamlı kabul edilmiştir. Gruplar arasındaki farklılığın istatistiki olarak önemli çıkması durumunda bu farklılığın hangi gruplardan kaynaklandığını anlamak için çoklu karşılaştırma testi Bonferroni düzeltmesine göre gruplar arası farklılıklar değerlendirilmiş ve farklar a, b, c olarak gösterilmiştir.

Ayrıca medyan değerine göre gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin ve belirlenen gökkuşağı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri nispi olarak sıralanmıştır. Bu amaçla en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesine sahip grubun (kuluçkahaneler ve hatlar için ayrı ayrı) gen ifade seviyesi kendine bölünmüş “1 (Bir)” değeri elde edilmiştir. Sonra diğer grupların (kuluçkahaneler ve hatlar için ayrı ayrı) büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri de en düşük değere bölünerek nispi olarak büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri belirlenmiş ve bu değerlerle grafik çizilmiştir.

3.2.1. Anaçların fenotipik özelliklerinin belirlenmesi

Van ilinde bulunan gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç popülasyonlarının bazı fenotipik özelliklerinin belirlenmesi amacıyla kuluçkahane ziyaretleri Ekim 2017 – Mart 2018 tarihleri arasında yapılmıştır. Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç popülasyonlarının bazı fenotipik özellikleri aşağıda belirtilen parametrelere göre belirlenmiştir (Arabacı, 2000; Arabacı, 2007). Bu parametreler;

- Yumurta alınan anaç sayısı
- Kısır birey veya yumurtlamaya katılmayan anaç sayısı
- Erkek anaç seçimi (Anaçlar yetiştiriliyor mu? Yoksa doğrudan porsiyonluk balıklardan mı seçiliyor veya doğrudan anaç temini mi yapılıyor?)
- Anaçların kökeni

- Anaçların yetiştirilme şekli (Anaçlar yumurtadan itibaren anaç olana kadar yetiştiriliyor mu? Anaçlar larvadan itibaren anaç olana kadar yetiştiriliyor mu veya doğrudan anaç temini mi yapılıyor?)
- Toplam anaç sayısı
- Anaçların yaşları
- Anaçların ağırlıkları
- Kuluçkahanedeki dişi/erkek anaç oranı
- Dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı
- Anaçların yumurtlama aralığı (yani yumurtlamanın başlangıç ve bitiş zamanı)
- Anaçların yumurtlama profili (yumurtlama dönemi boyunca her gün yumurta alınan anaç sayısı)
- Anaçların fekondite oranı (total ve nispi fekondite)

Gökkuşluğu alabalığı anaçlarından sağılan yumurtaların sayısı belirlenirken Von Bayer sayım kartından faydalanılmıştır. Bu amaçla birbirine 90° açı ile birleştirilmiş 30 cm uzunluğundaki iki tahta parçasından oluşan alete yumurtalar tek sıra halinde konulmuştur. 30 cm'e sığan yumurta sayısından yumurtanın çapı, litredeki yumurta sayısı ve 30 gramdaki yumurta sayısı Von Bayer sayım kartından bulunmuştur (Arabacı, 2007). Elde edilen değerlerden toplam fekondite ve nispi fekondite hesaplanmıştır.

$$\text{Toplam fekondite} = (\text{Toplam yumurta ağırlığı} \times 30 \text{ gramdaki yumurta sayısı}) / 30$$

$$\text{Nispi fekondite} = 1000 * (\text{Toplam yumurta sayısı} / \text{Anaç ağırlığı (gram)})$$

Ayrıca çalışmada kuluçkahanelerdeki bazı çevresel parametreler de belirlenmiştir.

Bunlar;

- Kuluçkahane suyunun sıcaklığı (°C)
- Anaç havuzlarındaki giriş suyunun çözülmüş oksijen miktarı (mg/l)
- Kuluçkahane suyunun pH' ı
- Kuluçkahanenin rakımı (m)
- Kuluçkahane suyunun sertliği (mg/l)
- Kuluçkahane suyunun debisi (lt/sn)
- Anaç stok yoğunluğu (adet/m³)

- Anaçların beslenmesinde kullanılan ticari yemler ve içeriđi
- Anaçların yemleme řekli ve metodu (Anaçlar *ad libitum* mu yoksa tablo yöntemiyle mi besleniyor, Günde kaç kez yemleme yapılıyor)
- Anaçların beslenme davranışları (Uçan omurgasızlarla beslenme, Su yüzeyinde zıplama hareketi, Anaçlar arası kavga)

Bu parametreler, genotipik bulguların deđerlendirilmesinde kullanılmıştır.





4. BULGULAR

Bu çalışmada gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç populasyonlarının bazı fenotipik özellikleri, kandan izole edilen total DNA ile mitokondrial DNA'dan genotipik polimorfizmleri ve örneklenen larvalardan büyüme hormonu gen ifade seviyeleri belirlenmiştir. Çalışmada elde edilen bulgular şekil ve çizelgeler halinde verilmiştir.

4.1. Anaçlarının Genotipik Özelliklerinin Belirlenmesi

Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç populasyonlarının genotipik özelliklerinin ortaya koymak için;

- Kandan izole edilen total DNA ile mitokondrial DNA'dan genotipik polimorfizmleri ile ilgili değerlendirmeler yapılmış ve
- Örneklenen larvalardan büyüme hormonu gen ifade seviyeleri belirlenmiştir.

4.1.1. Anaçların mtDNA gen bölgesinden genotipik farklılıkların (polimorfizm) hesaplanması

Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç populasyonlarının genotipik polimorfizm seviyeleri mtDNA'dan belirlenmiştir. Genotipik polimorfizm belirlenerek kuluçkahanelerdeki anaç populasyonlarının genetik benzerlik düzeyleri belirlenmiş ve bu özelliklere göre derecelendirilmişlerdir.

4.1.1.1. Anaç bazında kuluçkahane içi değerlendirmeler

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaç bazında kuluçkahane içi değerlendirilmeler yapılmıştır. Bu amaçla kuluçkahane içinde bulunan herhangi bir anacın, içinde bulunduğu kuluçkahanedeki diğer anaçlara göre GBO ve GFO değerleri hesaplanmış ve çizelge şeklinde verilmiştir (Çizelge 4.1, 4.2, 4.3, 4.4, 4.5, 4.6).

Yeşil Su Alabalık Kuluçkahanesinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri hesaplanıp Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4. 1. Yeşil su alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri

	YSU1	YSU2	YSU3	YSU4	YSU5	YSU6
YSU1	****	0.20	0.50	0.56	0.20	0.44
YSU2	0.80	****	0.60	0.67	0	0.56
YSU3	0.50	0.40	****	0.20	0.60	0.10
YSU4	0.44	0.33	0.80	****	0.67	0.30
YSU5	0.80	1.00	0.40	0.33	****	0.56
YSU6	0.56	0.44	0.90	0.70	0.44	****

*Çizelgenin üst kısmı GFO alt kısmı ise GBO değerlerini vermektedir

** Çizelgede “****” GBO değerinin “1.00” GFO değerinin ise “0” olduğunu ifade etmektedir.

Yeşil su alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasında genetik benzerliği en yüksek olan anaçların “1.00” GBO değeri ile YSU2 - YSU5 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan anaçların ise “0.33” GBO değeri ile YSU2 -YSU4 numaralı ve YSU4 -YSU5 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur.

Beyaz Su Alabalık Kuluçkahanesinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri hesaplanıp Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4. 2. Beyaz su alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri

	BSU1	BSU2	BSU3	BSU4	BSU5	BSU6
BSU1	****	0.22	0.30	0.37	0.12	0.50
BSU2	0.78	****	0.10	0.50	0.11	0.30
BSU3	0.70	0.90	****	0.40	0.20	0.20
BSU4	0.63	0.50	0.60	****	0.44	0.25
BSU5	0.88	0.89	0.80	0.56	****	0.40
BSU6	0.50	0.70	0.80	0.75	0.60	****

*Çizelgenin üst kısmı GFO alt kısmı ise GBO değerlerini vermektedir

Çizelgede “**” GBO değerinin “1.00” GFO değerinin ise “0” olduğunu ifade etmektedir.

Beyaz su alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasında genetik benzerliği en yüksek olan anaçların “0.90” GBO değeri ile BSU2 - BSU3 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan

anaçların ise “0.50” GBO değeri ile BSU1 - BSU6 numaralı ve BSU2 - YSU4 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur.

Kırkçeşme Alabalık Kuluçkahanesinde bulunan gökkuşuğu alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri hesaplanıp Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4. 3. Kırkçeşme alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşuğu alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri

	KCM1	KCM2	KCM3	KCM4	KCM5	KCM6
KCM1	****	0.30	0.60	0.30	0.50	0.10
KCM2	0.70	****	0.43	0	0.29	0.22
KCM3	0.40	0.57	****	0.43	0.50	0.56
KCM4	0.70	1.00	0.57	****	0.29	0.22
KCM5	0.50	0.71	0.50	0.71	****	0.44
KCM6	0.90	0.78	0.44	0.78	0.56	****

*Çizelgenin üst kısmı GFO alt kısmı ise GBO değerlerini vermektedir

** Çizelgede “****” GBO değerinin “1.00” GFO değerinin ise “0” olduğunu ifade etmektedir.

Kırkçeşme alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşuğu alabalığı anaçları arasında genetik benzerliği en yüksek olan anaçların “1.00” GBO değeri ile KCM2 - KCM4 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan anaçların ise “0.40” GBO değeri ile KCM1- KCM3 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur.

Elfa Alabalık Kuluçkahanesinde bulunan gökkuşuğu alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri hesaplanıp Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4. 4. Elfa alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşuğu alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri

	ELF1	ELF2	ELF3	ELF4	ELF5	ELF6
ELF1	****	0.67	0.70	0	0.62	0.62
ELF2	0.33	****	0.10	0.67	0.11	0.30
ELF3	0.30	0.90	****	0.70	0.20	0.20
ELF4	1.00	0.33	0.30	****	0.62	0.62
ELF5	0.38	0.89	0.80	0.38	****	0.22
ELF6	0.38	0.70	0.80	0.38	0.78	****

*Çizelgenin üst kısmı GFO alt kısmı ise GBO değerlerini vermektedir

** Çizelgede “****” GBO değerinin “1.00” GFO değerinin ise “0” olduğunu ifade etmektedir.

Elfa alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasında genetik benzerliği en yüksek olan anaçların “1.00” GBO değeri ile ELF1 - ELF 4 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan anaçların ise “0.30” GBO değeri ile ELF1 - ELF3 numaralı ve ELF3 - ELF4 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur.

Özçatak Alabalık Kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri hesaplanıp Çizelge 4. 5’de verilmiştir

Çizelge 4. 5. Özçatak alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri

	OCK1	OCK2	OCK3	OCK4	OCK5	OCK6
OCK1	****	0.60	0.67	0.27	0.20	0.37
OCK2	0.40	****	0.75	0.67	0.50	0.75
OCK3	0.33	0.25	****	0.71	0.60	0.62
OCK4	0.83	0.33	0.29	****	0.33	0.25
OCK5	0.80	0.50	0.40	0.67	****	0.50
OCK6	0.63	0.25	0.38	0.75	0.50	****

*Çizelgenin üst kısmı GFO alt kısmı ise GBO değerlerini vermektedir

** Çizelgede “****” GBO değerinin “1.00” GFO değerinin ise “0” olduğunu ifade etmektedir.

Özçatak alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasında genetik benzerliği en yüksek olan anaçların “0.83” GBO değeri ile OCK1 - OCK4 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan anaçların ise “0.25” GBO değeri ile OCK2 - OCK3 numaralı ve OCK2 - OCK6 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur.

Şifa Alabalık Kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri hesaplanıp Çizelge 4.6’da verilmiştir.

Çizelge 4. 6. Şifa alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasındaki GBO ve GFO değerleri

	SFA1	SFA2	SFA3	SFA4	SFA5	SFA6
SFA1	****	1.00	0.89	0.67	1.00	0.75
SFA2	0.00	****	0.67	0.80	1.00	0.83
SFA3	0.11	0.33	****	0.80	0.89	0.56
SFA4	0.33	0.20	0.20	****	1.00	0.83
SFA5	0.00	0.00	0.11	0.00	****	0.75
SFA6	0.25	0.17	0.44	0.17	0.25	****

*Çizelgenin üst kısmı GFO alt kısmı ise GBO değerlerini vermektedir

** Çizelgede "****" GBO değerinin "1.00" GFO değerinin ise "0" olduğunu ifade etmektedir.

Şifa alabalık kuluçkahanesinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçları arasında genetik benzerliği en yüksek olan anaçların "0.44" GBO değeri ile SFA3 - SFA6 numaralı anaç çifti olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan anaçların ise "0.00" GBO değeri ile SFA1 - SFA2 numaralı, SFA1 - SFA5 numaralı, SFA2 - SFA5 numaralı ve SFA4 - SFA5 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur.

4.1.1.2. Tüm kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki değerlendirmeler

Tüm gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlar arasındaki değerlendirilmeler yapılmıştır. Bu anaçla Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki bütün anaçların, içinde bulunduğu kuluçkahanedeki ve diğer kuluçkahanelerdeki anaçlara göre GBO ve GFO değerleri hesaplanmış ve çizelge şeklinde verilmiştir (Çizelge 4.7). Ayrıca bu değerlerden yola çıkarak her bir gökkuşığı alabalığı anacının diğer gökkuşığı alabalığı anaçlarına olan Ortalama Genetik Benzerlik Oranları (OGBO) hesaplanmıştır (Çizelge 4.8).

4.1.1.2.1. Her bir anacının diğer anaçlara göre GBO (Genetik benzerlik oranı) ve GFO (Genetik farklılık oranı) değerleri

Her bir gökkuşığı alabalığı anacının diğer gökkuşığı alabalığı anaçlarına göre GBO ve GFO değerleri Çizelge 4.7’de verilmiştir.

Tüm kuluçkahanelerde bulunan 36 adet gökkuşığı alabalığı anacından genetik benzerliği en yüksek olan 17 adet anacın “1.00” GBO değeri ile YSU2-YSU5, YSU3-BSU3, YSU4-BSU5, YSU3-KCM1, BSU3-KCM1, BSU1-KCM2, BSU1-KCM4, KCM2-KCM4, YSU6-KCM6, YSU3-ELF3, BSU3-ELF3, KCM1-ELF3, ELF1-ELF4, YSU4-ELF5, BSU5-ELF5, ELF6- OCK6 ve BSU2-SFA3 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük olan 5 adet anacın ise “0.00” GBO değeri ile SFA1-SFA2, OCK2-SFA5, OCK3-SFA5, SFA1-SFA5 ve SFA2-SFA5 numaralı anaç çiftleri olduğu bulunmuştur.

4.1.1.2.2. Her bir anacının diğer anaçlara olan ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO)

Gökkuşığı alabalıklarının ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) hesaplanırken, NTSYSpc-2.1 paket programı kullanılarak elde edilen Jaccard benzerlik indeksleri kullanılmıştır. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki herhangi bir gökkuşığı alabalığı anacının diğer gökkuşığı alabalığı anaçlarına olan ortalama genetik benzerlik oranlarını bulmak amacıyla her bir gökkuşığı alabalığı anacının diğer gökkuşığı alabalığı anaçlarına olan genetik benzerlik oranları toplanarak ortalamaları alınmıştır. Her bir gökkuşığı alabalığı anacı için elde edilen ortalama genetik benzerlik oranları (Çizelge 4.8) sonraki bölümde elde edilen “Hatların” benzerlik ortalamalarını (Çizelge 4.9) hesaplamak için kullanılmıştır. Her bir gökkuşığı alabalığı anacının diğer gökkuşığı alabalığı anaçlarına olan ortalama genetik benzerlik oranları aşağıdaki Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4. 8. Her bir gökkuşağı alabalığı anacının diğer gökkuşağı alabalığı anaçlarına olan ortalama genetik benzerlik oranları

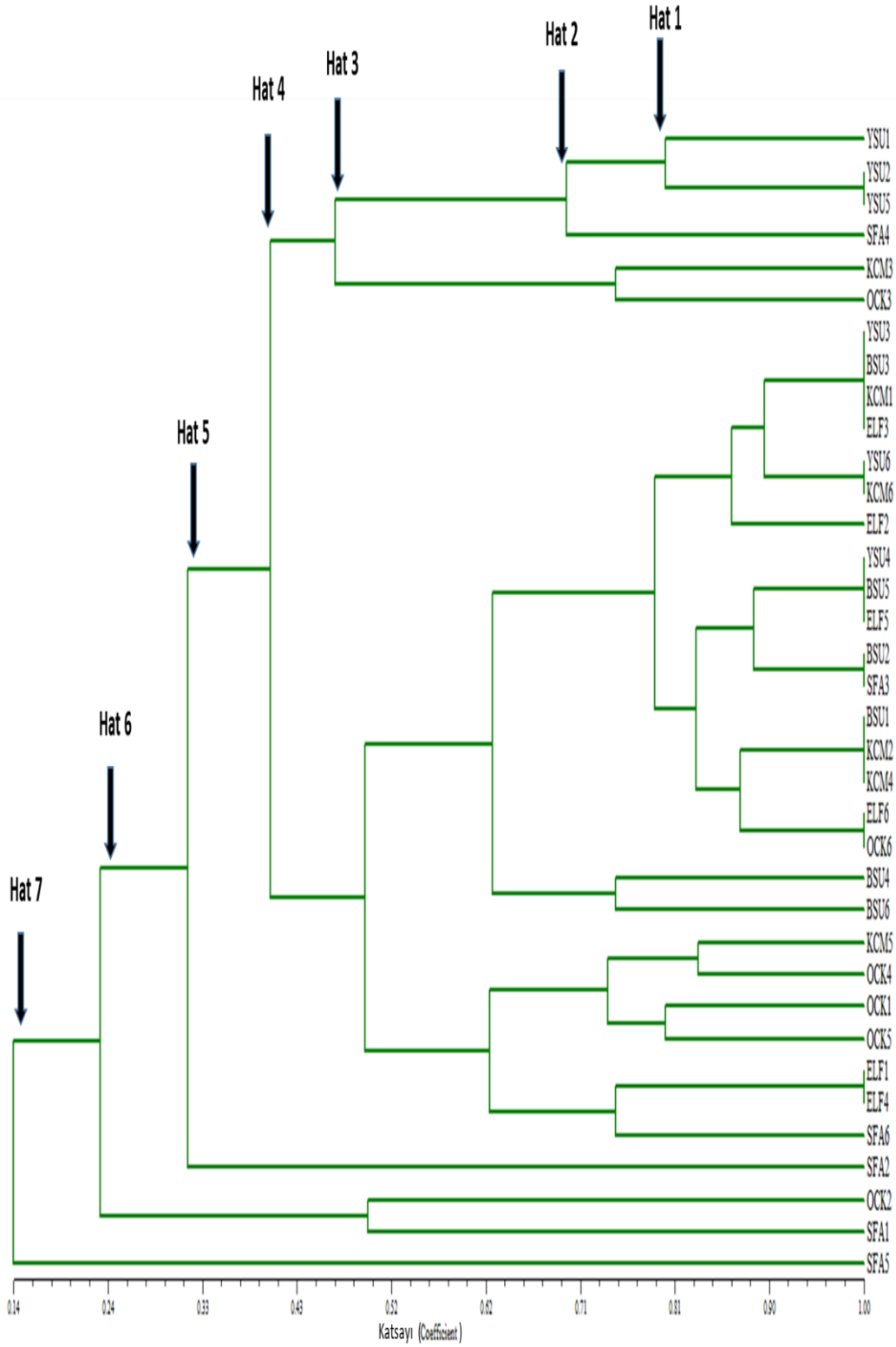
	Anaçlar					
YSU	YSU1	YSU2	YSU3	YSU4	YSU5	YSU6
Ortalaması genetik benzerlik oranı	0.507	0.430	0.6	0.614	0.430	0.606
BSU	BSU1	BSU2	BSU3	BSU4	BSU5	BSU6
Ortalaması genetik benzerlik oranı	<u>0.629</u>	0.601	0.6	0.515	0.614	0.498
KCM	KCM1	KCM2	KCM3	KCM4	KCM5	KCM6
Ortalaması genetik benzerlik oranı	0.6	<u>0.629</u>	0.447	<u>0.629</u>	0.552	0.606
ELF	ELF1	ELF2	ELF3	ELF4	ELF5	ELF6
Ortalaması genetik benzerlik oranı	0.413	0.606	0.6	0.413	0.614	0.613
OCK	OCK1	OCK2	OCK3	OCK4	OCK5	OCK6
Ortalaması genetik benzerlik oranı	0.552	0.285	0.332	0.598	0.512	0.613
SFA	SFA1	SFA2	SFA3	SFA4	SFA5	SFA6
Ortalaması genetik benzerlik oranı	0.176	0.298	0.601	0.314	<u>0.142</u>	0.452

Bütün kuluçkahanelerde bulunan gökkuşağı alabalığı anaçları arasındaki ortalama genetik benzerlik oranları dikkate alındığında diğer anaçlara genetik benzerliği en yüksek olan anaçların “0.629” genetik benzerlik ortalamasıyla KCM4, KCM2 ve BSU1 numaralı anaçlar olduğu bulunmuştur. Genetik benzerliği en düşük anacın ise “0.142” genetik benzerlik ortalamasıyla SFA5 numaralı anaç olduğu bulunmuştur.

4.1.1.3. Anaçların genetik benzerlik oranlarına (GBO) göre dendrogram elde edilmesi ve hatların belirlenmesi

Bütün gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlar için dendrogram eldesi, Jaccard benzerlik indeksleri kullanılarak, NTSYSpc-2.1 paket programında UPGMA metoduna (Ağırlıklı olmayan aritmetik ortalama eş grup metodu/Unweighted pair group method using arithmetic average) göre kümeleme (cluster) analizi yapılarak bulunmuştur.

Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlardan elde edilen dendrogram değerlendirilerek “Hatlar (Genotipler)” oluşturulmuştur. Elde edilen dendrogram ve hatlar Şekil 4.1’de verilmiştir.



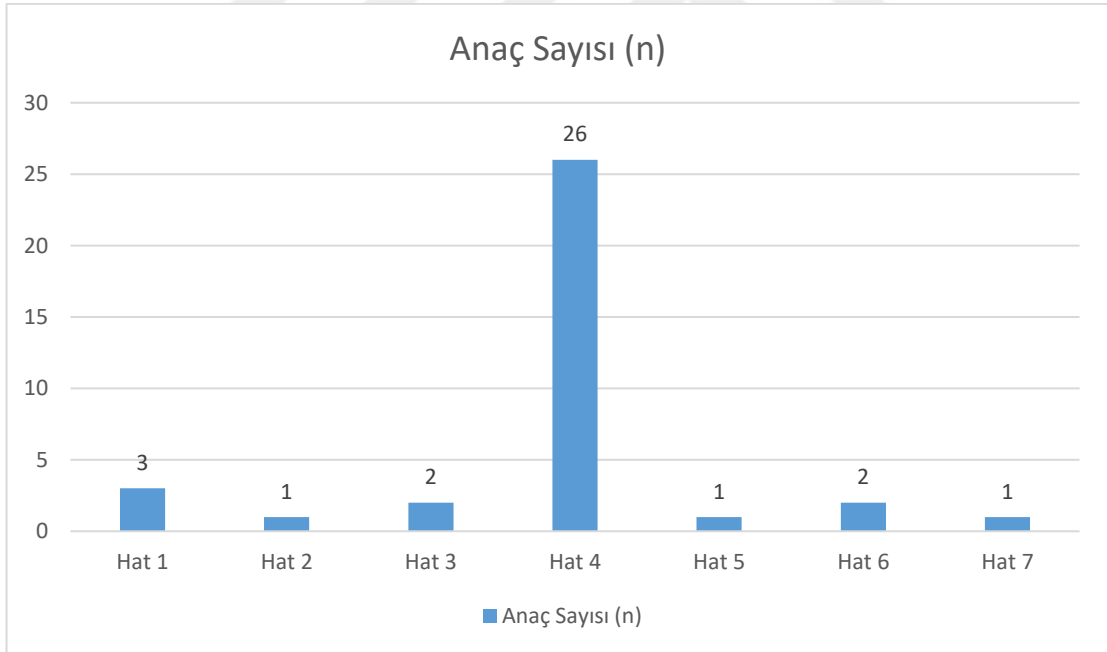
Şekil 4. 1. Anaçlardan elde edilen dendrogram ve hatlar.

Bütün kuluçkahanelerdeki gökkuşığı alabalığı anaçları, elde edilen dendrogram ile incelendiğinde SFA5 numaralı anaç, genotipik olarak diğer bütün anaçlardan farklı görülmektedir. SFA5 numaralı anaç genotipik olarak en yakın anaçların ise SFA1 ve OCK2 numaralı anaçlar olduğu görülmektedir. Genotipik olarak en uzak anaç ise YSU1 numaralı anaç olduğu görülmektedir.

Dendrogram değerlendirildiğinde, bütün kuluçkahanelerdeki gökkuşığı alabalığı anaçlarının, 7 (yedi) adet “Hat” oluşturduğu görülmektedir. Şekil 4.1’de yedi adet farklı hat ve bu hatları oluşturan anaçlar görülmektedir.

4.1.1.3.1. Anaç hatlarının frekansları

Gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının frekansları yani hatların kaç adet gökkuşığı alabalığı anaç tarafından temsil edildiği Şekil 4.2’de verilmiştir.



Şekil 4. 2. Hatları oluşturan anaç sayıları.

Hatların frekansları incelendiğinde anaçların 26 tanesinin Hat 4’de olduğu gözlenmiştir. Hat 4’den sonra en fazla anaçın Hat 1’de olduğu geriye kalan 7 tane anaçta diğer hatları oluşturduğu gözlenmiştir.

4.1.1.3.2. Hatların ortalama genetik benzerlik oranları

Gökkuşığı alabalığı hatlarının ortalama genetik benzerlik oranlarını hesaplamak için Çizelge 4.8’de bulunan anaçların ortalama genetik benzerlik oranları kullanılmıştır. Her bir hattı oluşturan anaçların, ortalama genetik benzerlik oranları Çizelge 4.8’den yararlanılarak bulunmuş ve toplanarak hattı oluşturan anaç sayısına bölünmüştür. Hatların, hesaplamalar sonucunda elde edilen ortalama genetik benzerlik oranları ve frekansları Çizelge 4.9’ da verilmiştir.

Çizelge 4. 9. Hatlarının ortalama genetik benzerlik oranları ve frekansları

Hatlar	Ortalama Genetik Benzerlik Oranları (Min - Max)	Frekanslar
Hat 1	0.456 (0.430 - 0.507)	3
Hat 2	0.314*	1
Hat 3	0.389 (0.332 - 0.447)	2
Hat 4	0.572 (0.413 - 0.629)	26
Hat 5	0.298*	1
Hat 6	0.230 (0.176 - 0.285)	2
Hat 7	0.142*	1

*Tek bireyle temsil edilen hatlar için minimum ve maksimum değerler verilmemiştir.

Gökkuşığı alabalığı hatlarının ortalama genetik benzerlik oranları incelendiğinde en fazla anacı içeren (26 anaç) Hat 4’ün ortalama genetik benzerlik oranının diğer hatlara oranla daha yüksek olduğu bulunmuştur. Tek bir anaçtan oluşan Hat 7’nin ise ortalama genetik benzerlik oranının en düşük olduğu belirlenmiştir.

4.1.1.3.3. Kuluçkahanelere göre belirlenen farklı hatlar ve anaç sayıları

Elde edilen hatlara bakılarak her bir gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde kaç adet farklı “Hattın” bulunduğu belirlenmiştir. Bunun için hattı oluşturan anaçların hangi gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesine ait olduğuna bakılmıştır (Şekil 4.1). Her bir gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde belirlenen hat ve anaç sayısı Çizelge 4.10’da verilmiştir.

Çizelge 4. 10. Kuluçkahanelere göre belirlenen farklı hatlar ve anaç sayıları (n)

Hatlar	Kuluçkahaneler					
	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Hat 1 (Anaç Sayısı)	+ (3)	-	-	-	-	-
Hat 2 (Anaç Sayısı)	-	-	-	-	-	+ (1)
Hat 3 (Anaç Sayısı)	-	-	+ (1)	-	+ (1)	-
Hat 4 (Anaç Sayısı)	+ (3)	+ (6)	+ (5)	+ (6)	+ (4)	+ (2)
Hat 5 (Anaç Sayısı)	-	-	-	-	-	+ (1)
Hat 6 (Anaç Sayısı)	-	-	-	-	+ (1)	+ (1)
Hat 7 (Anaç Sayısı)	-	-	-	-	-	+ (1)

*(n): Anaç Sayısı

Çizelge 4.10'a göre gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri değerlendirildiğinde BSU ve ELF kuluçkahanelerindeki anaçlar 1 (bir) adet hattan (Hat 4) oluşmaktayken SFA kuluçkahanesindeki anaçlar 7 (yedi) adet hattan 5 (beş) tanesini bünyesinde barındırmaktadır.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen bu gökkuşığı alabalığı hatları büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin sonuçlarını açıklamak ve birlikte değerlendirmek için kullanılmıştır.

4.1.1.4. Kuluçkahanelerin genetik yakınlık oranına (GYO) ve genetik mesafe oranına (GMO) göre değerlendirilmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre değerlendirilmesi POPGENE hazır paket programı kullanılarak yapılmıştır. POPGENE hazır paket programı aracılığıyla kuluçkahaneler arası genetik yakınlık oranı (GYO) ve genetik mesafe oranları (GMO) hesaplanmış ve kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre dendrogram elde edilmiştir. Ayrıca genotipik çeşitliliği tam olarak ortaya çıkarmak için ortalama allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), kuluçkahane içi gözlenen heterozigotluk (Ho), kuluçkahaneler içi ortalama heterozigotluk (Hs), kuluçkahaneler arası heterozigotluk (Ht), shannon genetik çeşitlilik indeksi (I), polimorfik lokus oranı (% Pol ya da PIC), gen akışı (Nm), genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) değerleri bulunmuştur. Ayrıca kuluçkahanelerin heterozigotluk

düzeylerinden (H_o , H_s ve H_t) yararlanılarak fiksasyon (homozigotlaşma) indekslerinin (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST}) değerleri bulunmuştur.

4.1.1.4.1. Kuluçkahanelerinin birbirlerine göre GYO ve GMO değerleri

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre GYO ve GMO değerleri Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4. 11. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre GYO ve GMO değerleri

Kuluçkahaneler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
YSU	****	0.926	0.957	0.954	0.884	0.842
BSU	0.076	****	0.961	0.962	0.787	0.707
KCM	0.043	0.039	****	0.994	0.916	0.807
ELF	0.046	0.038	0.005	****	0.921	0.846
OCK	0.122	0.239	0.086	0.081	****	0.979
SFA	0.171	0.345	0.213	0.167	0.021	****

*Çizelgenin üst kısmı genetik yakınlığı alt kısmı ise genetik mesafeyi vermektedir

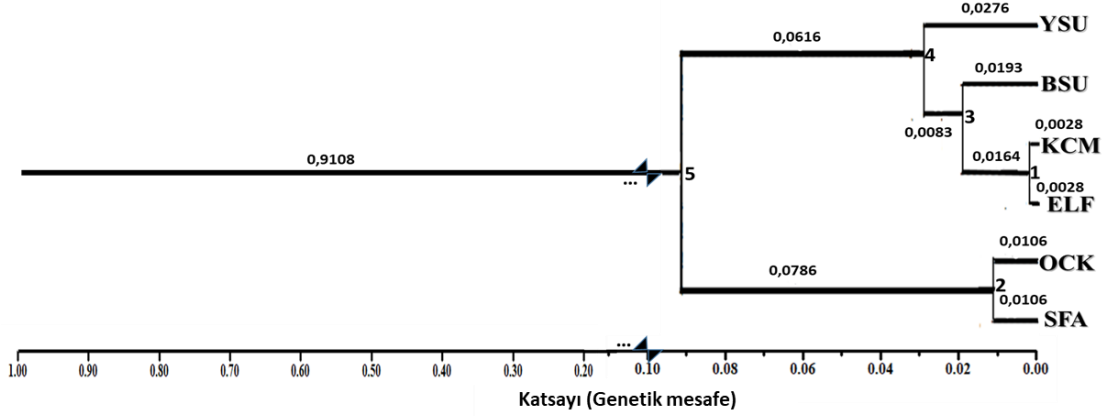
** Çizelgede “****” GYO değerinin “1.00” GMO değerinin ise “0” olduğunu ifade etmektedir.

Tüm gökkuşığı alabalık kuluçkahaneleri arasında ELF kuluçkahanesi ve KCM kuluçkahanesi “0.9943” GYO değeri ile genetik olarak birbirlerine en yakın kuluçkahaneler olduğu bulunmuştur.

Birbirine genetik yakınlığı en uzak olan kuluçkahanelerin ise “0.7076” GYO değeri ile BSU kuluçkahanesi ile SFA kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

4.1.1.4.2. Kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre dendrogram eldesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre genetik mesafe hesaplamaları POPGENE hazır paket programı aracılığıyla UPGMA metoduna göre dendrogram çıkarılarak incelenmiştir. Elde edilen dendrogram Şekil 4.3’de verilmiştir.



Şekil 4. 3. Kuluçkahanelerinin birbirlerine göre genetik mesafeleri ile elde edilen dendrogram (Çizelge 4.12'deki değerlere göre yeniden elle çizilmiştir).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre elde edilen dendrogram incelendiğinde kuluçkahanelerin iki ana grup altında toplandığı görülmektedir. Graplardan birini OCK ve SFA kuluçkahanelerinin oluşturduğu belirlenmiştir. Diğer grubu ise YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin oluşturduğu ve genetik mesafelerinin birbirlerine çok yakın olduğu belirlenmiştir. Ayrıca YSU ve SFA kuluçkahanelerinin genetik mesafelerinin birbirlerine en uzak olduğu bulunmuştur.

Kuluçkahanelerin birbirlerine göre dendrogram kol uzunlukları (genetik mesafe) Çizelge 4.12'de verilmiştir.

Çizelge 4. 12. Kuluçkahanelerin birbirlerine göre genetik mesafeleri

Dendrogram Kol Numarası	Kuluçkahaneler	Genetik mesafe
5	4	0.0616
4	YSU	0.0276
4	3	0.0083
3	BSU	0.0193
3	1	0.0164
1	KCM	0.0028
1	ELF	0.0028
5	2	0.0786
2	OCK	0.0106
2	SFA	0.0106

4.1.1.4.3. Kuluçkahanelerin genotipik çeşitlilik değerleri

Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arasındaki genotipik farklılıkları tam olarak ortaya çıkarmak için genotipik farklılık; GBO, GFO, GYO ve GMO dışında farklı kriterlerle de incelenmiştir.

Bu kriterler;

- Ortalama allel sayısı (N_a),
- Etkili allel sayısı (N_e),
- Kuluçkahanelerin heterozigotluk düzeyleri (H_o , H_s ve H_t),
- Shannon genetik çeşitlilik indeksi (I), ve
- Polimorfik lokus oranı (% Pol ya da PIC)
- Gen akışı (N_m),
- Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})
- Fiksasyon (homozigotlaşma) indeksleri (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST})'dir

Kuluçkahanelerin genotipik çeşitliliğini belirlemek için kullanılan bu kriterler POPGENE hazır paket programı ile incelenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin genetik durumları yukarıda belirtilen genotipik çeşitlilik kriterleri kullanılarak belirlenmiş ve kuluçkahaneler arasında belirgin bir genotipik çeşitliliğin mevcut olduğu görülmüştür (Çizelge 4.13).

Çizelge 4. 13. Kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası genotipik polimorfizmin diğer genotipik çeşitlilik kriterleri ile değerlendirilmesi

Parametreler	Kuluçkahaneler						Tüm Kuluçkahaneler
	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA	
N	6	6	6	6	6	6	36
Na	1.7	1.5	1.7	1.7	1.7	2.0	2.0
Ne	1.57	1.44	1.39	1.58	1.45	1.69	1.65
Ho	0.31	0.23	0.24	0.31	0.26	0.39	0.37
I	0.44	0.32	0.37	0.45	0.39	0.57	0.55
% Pol (PIC)	70	50	70	70	70	100	100
Hs							0.29
Ht							0.37
G _{ST}							0.21
Nm							1.81
F _{IS}	-0.07	0.21	0.17	-0.07	0.1	-0.34	
F _{IT}	0.16	0.38	0.35	0.16	0.29	-0.05	
F _{ST}							0.21

N: Populasyondaki anaç sayısı,

Na: Ortalama allel sayısı,

Ne: Etkili allel sayısı,

Ho: Kuluçkahane içi gözlenen heterozigotluk,

I: Shannon genetik çeşitlilik indeksi,

% Pol (PIC); Polimorfik lokus oranı,

Hs: Kuluçkahaneler içi ortalama heterozigotluk,

Ht: Kuluçkahaneler arası toplam heterozigotluk,

G_{ST}: Genetik farklılaşma katsayısı,

Nm: Gen akışı,

F_{IS}: Kuluçkahane içi akrabalı yetiştirme katsayısı / Akrabalı yetiştiricilikten dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapma,

F_{IT}: Kuluçkahaneler arası akrabalı yetiştirme katsayısı / Akrabalı yetiştiricilikten dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapma,

F_{ST}: Kuluçkahaneler arası genetik farklılaşma katsayısı

Çizelge 4.13 incelendiğinde genotipik çeşitlilik bulgularının birbirleri ile paralellik gösterdikleri görülmektedir. Genotipik çeşitlilik indeksleri incelendiğinde gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerinden farklı oldukları bulunmuştur. BSU, KCM ve OCK gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerindeki genotipik çeşitlik iyi olmakla birlikte diğer gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerindeki genotipik çeşitliliğe kıyasla daha düşük olduğu bulunmuştur. YSU ve ELF gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerindeki genotipik çeşitlilik BSU, KCM ve OCK gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanelerindeki genotipik çeşitlilikten daha iyi olmasına rağmen SFA gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanesindeki genotipik çeşitlilikten düşük bulunmuştur. SFA gökkuşacağı alabalığı kuluçkahanesinde ise genotipik çeşitlilik diğer kuluçkahanelere oranla daha yüksek bulunmuştur.

Kuluçkahanelerdeki Na ve Ne değerlerine bakıldığında bu değerlerin Na değeri için 1.5 ile 2.0 arasında değiştiği, Ne değerinin ise 1.39 ile 1.69 arasında değiştiği bulunmuştur. Tüm kuluçkahanelerde ise Na ve Ne değerleri sırası ile 2.0 ile 1.65 bulunmuştur.

Kuluçkahanelerdeki % Pol (PIC) değerlerine bakıldığında bu değerlerin %70 ile %100 arasında değiştiği ortalama ise % 72 olduğu bulunmuştur. Tüm kuluçkahanelerde ise bu değer %100 bulunmuştur.

Kuluçkahanelerdeki I değerlerine bakıldığında bu değerlerin 0.32 ile 0.57 arasında değiştiği bulunmuştur. Tüm kuluçkahanelerde ise bu değer 0.55 bulunmuştur.

Kuluçkahanelerdeki Ho değerlerine bakıldığında bu değerlerin 0.23 ile 0.39 arasında değiştiği bulunmuştur. Tüm kuluçkahanelerde ise bu değer 0.37 bulunmuştur. Tüm kuluçkahanelerdeki heterozigotluğu gösteren diğer heterozigotluk kriterleri olan Ht ve Hs değerleri sırası ise 0.37 ve 0.29 bulunmuştur. Ayrıca G_{ST} ve N_m değerleri sırası ise 0.21 ve 1.81 bulunmuştur.

Kuluçkahanelerdeki Fiksasyon (homozigotlaşma) indekslerinden F_{IT} ve F_{IS} değerlerine bakıldığında F_{IS} değerinin -0.34 ile 0.21 arasında değiştiği, F_{IT} değerinin ise -0.05 ile 0.38 arasında değiştiği bulunmuştur.

Tüm kuluçkahaneler arasındaki genetik farklılaşmanın belirlenmesinde kullanılan F_{ST} değeri “0.21” bulunmuştur.

4.1.1.5. Kuluçkahanelerin genotipik farklılıklar (polimorfizm) bakımından genel olarak değerlendirmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik olarak genel durumları elde edilen genotipik çeşitlilik değerlerine göre değerlendirilmiştir. Ancak anaç ve kuluçkahane yönetim planı oluşturmak için kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik ve genetik farklılık oranları kullanılmıştır. Ho, Hs ve Ht değerleri anaç ve kuluçkahane yönetim planı oluşturmak için değerlendirmeye katılmamış sadece F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} değerlerinin hesaplanmasında kullanılmıştır.

Bu amaçla gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin polimorfizm parametreleri (Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranı (OGBO), Kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranı (OGFO), Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık oranı (OGYO), Kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı (OGMO)) belirlenmiştir. Tüm kuluçkahaneler, “Kuluçkahane içi” ve “Kuluçkahaneler arası” olarak değerlendirilip ve birbirleri ile karşılaştırılarak kuluçkahane ve anaç yönetim parametreleri kapsamında kıyaslanmışlardır.

4.1.1.5.1. Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) ve ortalama genetik farklılık oranları (OGFO)

Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) ve ortalama genetik farklılık oranları (OGFO) her bir kuluçkahane için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Kuluçkahane içi genetik benzerlik ve genetik farklılık ortalamaları hesaplanırken her bir kuluçkahane kendi içinde değerlendirilmiştir. Kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları ve ortalama genetik farklılık oranları hesaplanırken kuluçkahanede bulunan anaçların her birinin genetik benzerlik ve genetik farklılık ortalamaları hesaplanmış ve tüm anaçların değerleri toplanarak kuluçkahanede bulunan anaç sayısına bölünerek bulunmuştur.

Aşağıda Çizelge 4.14’te tüm gökkuşuğu alabalıklarının kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) ve kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranları (OGFO) verilmiştir.

Çizelge 4. 14. Kuluçkahane içi OGBO, OGFO değerleri

Kuluçkahaneler	Kuluçkahane içi OGBO	Kuluçkahane içi OGFO
YSU	0.590	0.410
BSU	0.706	0.294
KCM	0.659	0.341
ELF	0.577	0.423
OCK	0.488	0.512
SFA	0.171	0.829
Ortalama	0.532	0.468

Çizelge 4.14 incelendiğinde BSU ve KCM kuluçkahanelerinde OGBO değeri diğer kuluçkahanelere göre yüksek bulunmuştur. Diğer yandan YSU ve ELF

kuluçkahanelerinin OGBO değerine bakıldığında bu kuluçkahanelerin OGBO değerinin BSU ve KCM kuluçkahanelerine oranla daha düşük olduğu belirlenmiştir.

OCK kuluçkahanesinin OGBO değerine bakıldığında bu kuluçkahanesinin OGBO değerinin “iyi” durumda olduğu bulunmuştur. SFA kuluçkahanesinin ise diğer kuluçkahanelere göre “çok iyi” durumda olduğu belirlenmiştir. OGBO değeri diğer kuluçkahanelere oranla çok düşük bulunmuştur (OGBO; 0.171).

Genel olarak Van ilindeki kuluçkahanelerin hepsi OGBO değerine göre değerlendirildiğinde genotipik çeşitliliğin “iyi” durumda olduğu belirlenmiştir (OGBO; 0.532).

4.1.1.5.2. Kuluçkahaneler arası OGYO ve OGMO değerleri

Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık oranları (OGYO) ve ortalama genetik mesafe oranları (OGMO) her bir kuluçkahane için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Kuluçkahaneler arası genetik yakınlık ve genetik mesafe ortalamaları hesaplanırken kuluçkahaneler kendi aralarında değerlendirilmiştir. Kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık oranları ve ortalama genetik mesafe oranları hesaplanırken her bir kuluçkahanesinin diğer kuluçkahanelere olan genetik yakınlık ve genetik mesafe ortalamaları hesaplanmış ve hesaplanan bu değerler toplanarak kuluçkahane sayısına bölünerek bulunmuştur.

Aşağıda Çizelge 4.15’de kuluçkahaneler arası ortalama genetik yakınlık oranları (OGYO) ve ortalama genetik mesafe oranları (OGMO) verilmiştir.

Çizelge 4. 15. Kuluçkahaneler arası OGMO, OGYO değerleri

Kuluçkahaneler	Kuluçkahaneler arası OGMO	Kuluçkahaneler arası OGYO
YSU	0.087	0.913
BSU	0.130	0.870
KCM	0.072	0.928
ELF	0.064	0.936
OCK	0.102	0.898
SFA	0.163	0.837
Ortalama	0.103	0.897

Çizelge 4.15 incelendiğinde YSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinde OGMO değerine göre değerlendirildiğinde genotipik çeşitliliğin diğer kuluçkahanelere göre düşük olmakla birlikte normal düzeyde olduğu bulunmuştur.

BSU kuluçkahanesi OGMO değerine göre değerlendirildiğinde genotipik çeşitliliğin “iyi” düzeyde olduğu bulunmuştur.

OCK kuluçkahanesi OGMO değerine göre değerlendirildiğinde genotipik çeşitliliğin “iyi” düzeyde olduğu belirlenmiştir.

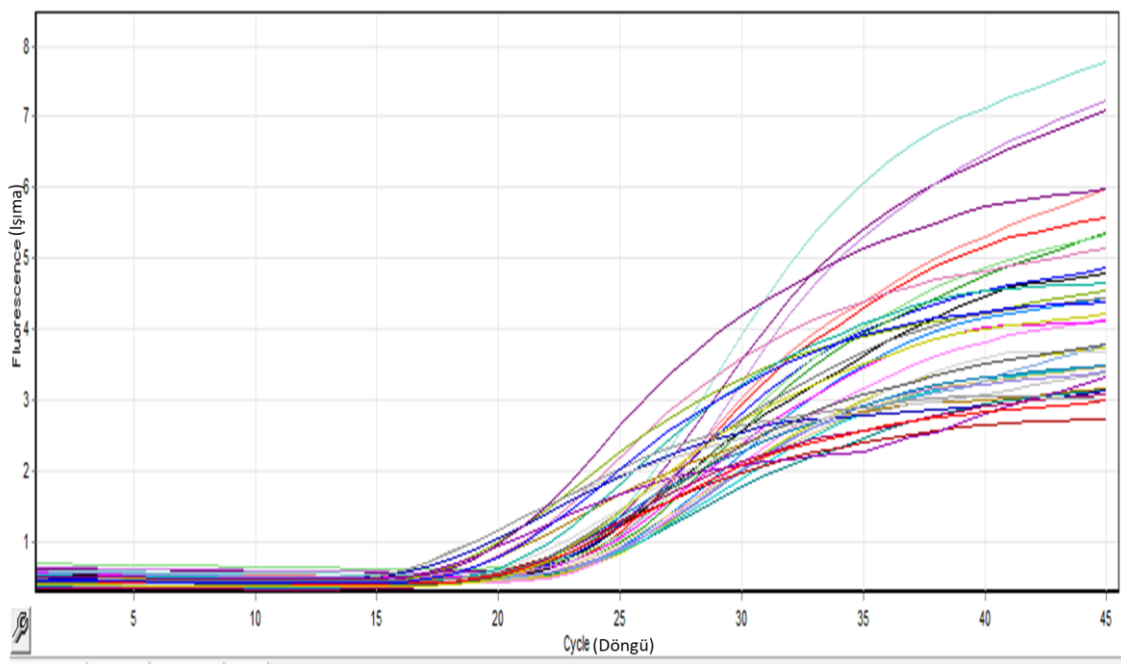
SFA kuluçkahanesinin ise OGMO değerine göre değerlendirildiğinde genotipik çeşitliliğin “çok iyi” durumda olduğu bulunmuştur.

Genel olarak Van ilindeki kuluçkahanelerin hepsi OGMO değerine göre değerlendirildiğinde genotipik çeşitliliğin “iyi” durumda olduğu belirlenmiştir (OGMO; 0.103).

4.1.2. Anaçlardan alınan larvaların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin hesaplanması

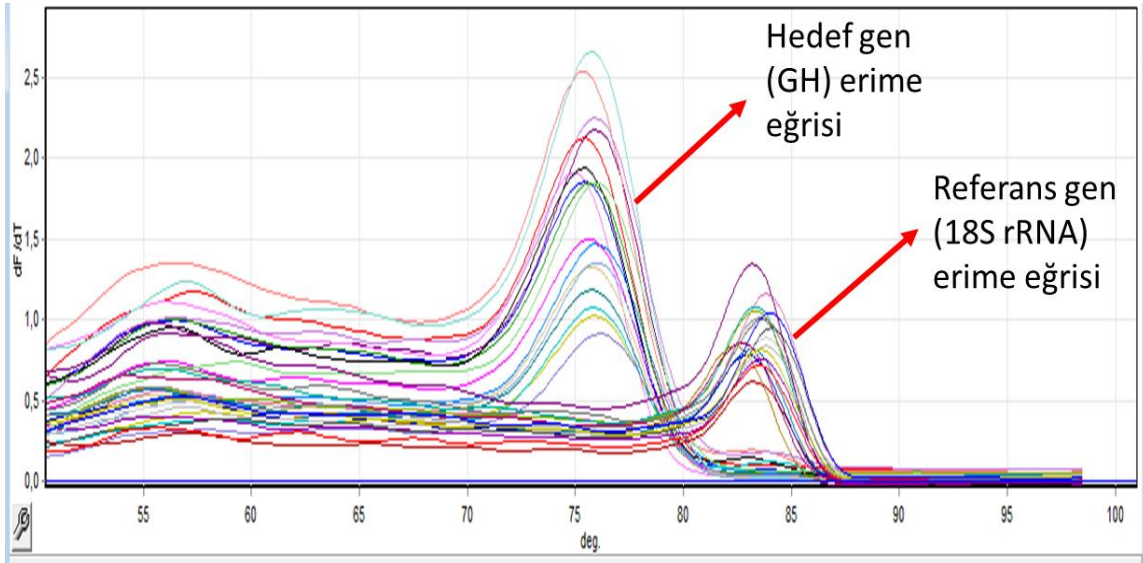
Gökkuşuğu alabalığı larvalarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek amacıyla genotipik polimorfizm için kan alınan gökkuşuğu alabalığı anaçlarının yumurtaları inkübe edilmiş ve açılan larvalardan alınan örnekler büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek için kullanılmıştır.

Aşağıdaki şekilde (Şekil 4.4) büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesini belirlemek için yapılan PCR işlemi sonucunda SFA kuluçkahanesindeki larva örneklerinin bir kısmından elde edilen üssel eğriler örnek olarak verilmiştir.



Şekil 4. 4. SFA kuluçkahanesine ait üssel eğrilerin ekran görüntüsü.

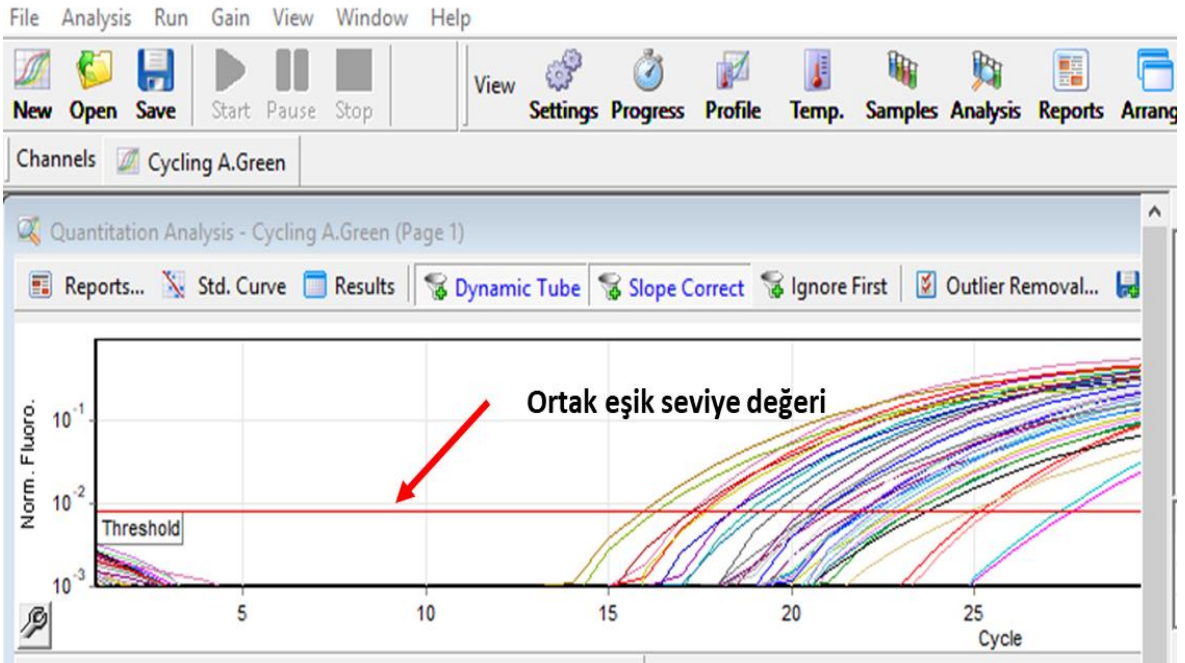
Elde edilen kantitatif PCR sonucu incelendiğinde tüm sonuçların hem hedef gen (GH-I) hem de referans gen (18S rRNA) için istenilen bölgelerin çoğaldığı görülmüştür. Ancak kantitatif PCR sonucunda istenilen bölgelerin çoğaldığı görülmüş olmasına rağmen çoğaltılan bölgenin istenilen bölge olduğunu kesinleştirmek için kullanılan erime eğrisi (Melting curve) analizleri de PCR işleminden sonra yapılarak değerlendirilmiştir. Aşağıdaki şekilde (Şekil 4.5) erime eğrisi (Melting curve) analiz sonucu örnek olarak verilmiştir.



Şekil 4. 5. Büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi sonucunda elde edilen Melting Curve analiz sonucu ekran görüntüsü.

Erime eğrisi (Melting curve) analiz sonuçları incelendiğinde çoğaltılan bölgelerin istenilen bölge olduğu yani tüm hedef gen (GH-I) bölgelerinin aynı sıcaklıkta eridiği ve tüm referans gen (18S rRNA) bölgelerinin de farklı bir sıcaklıkta benzer şekilde aynı noktada erime gösterdiği görülmüştür.

Çoğaltılan bölgelerin istenilen bölgeler olduğu bulunduktan sonra büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analizi sonucunda yapılan her bir kantitatif PCR işlemi için elde edilen üssel eğrilerin PCR yazılımı aracılığıyla minimum “Eşik Seviyeleri (Threshold)” belirlenmiştir. Her bir PCR sonucunu içerecek şekilde elde edilen minimum eşik seviyelerinden maksimum değere göre “ortak eşik seviye değeri” belirlenmiştir. Böylece elde edilen Ct değerleri hem hedef gen (GH-I) hem de referans gen (18S rRNA) için tüm örnekleri kapsamıştır. Büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için hesaplanan ortak eşik seviye değeri Şekil 4.6’da verilmiştir.



Şekil 4. 6. Büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için elde edilen ortak eşik seviye değeri ekran görüntüsü.

Gen ifade analizi için büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için hesaplanan eşik seviyesi döngü değerleri (Ct) kullanılarak “ ΔCt ” değerleri hesaplanmıştır. Büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için hesaplanan eşik seviyesi döngü değerleri (Ct) Şekil 4.7’de verilmiştir.

No.	Name	Type	Ct	Ct Comment	Given Conc (Cop)	Calc Conc (Copie	% Var	Rep. Ct	Rep. Ct Stc	Rep. Ct (95% CI)	Rep. Calc. Conc.	Rep. Calc. Conc. (95%
1	GH1	Unknown	25,16					24,03	1,60			
2	GH1	Unknown	22,90					21,83	0,07			
3	GH2	Unknown	21,88									
4	GH2	Unknown	21,78									
5	GH3	Unknown	23,01					22,57	0,63			
6	GH3	Unknown	22,12									
7	GH4	Unknown	23,29					24,35	1,50			
8	GH4	Unknown	25,42									
9	GH5	Unknown	23,29					25,47	3,08			
10	GH5	Unknown	27,65					25,49	2,57			
11	GH6	Unknown	23,67									
12	GH6	Unknown	27,31									
13	GH7	Unknown	24,85					23,33	2,15			
14	GH7	Unknown	21,81									
15	GH8	Unknown	22,44					22,54	0,14			
16	GH8	Unknown	22,64									
17	GH9	Unknown	22,25					22,04	0,30			
18	GH9	Unknown	21,82									
19	18S1	Unknown	17,21					17,24	0,04			
20	18S1	Unknown	17,27									
21	18S2	Unknown	15,91					16,10	0,27			
22	18S2	Unknown	16,29									
23	18S3	Unknown	18,82					18,97	0,21			
24	18S3	Unknown	19,13									
25	18S4	Unknown	18,36					18,36	0,00			
26	18S4	Unknown	18,35									
27	18S5	Unknown	21,08					21,23	0,21			
28	18S5	Unknown	21,37									
29	18S6	Unknown	20,71					20,65	0,08			
30	18S6	Unknown	20,59									
31	18S7	Unknown	20,70					20,14	0,80			
32	18S7	Unknown	19,58									
33	18S8	Unknown	17,51					17,58	0,10			
34	18S8	Unknown	17,65									
35	18S9	Unknown	20,80					20,55	0,35			

Şekil 4. 7. Büyüme hormonu (GH-I) ve 18S rRNA genleri için elde edilen Ct değerleri ekran görüntüsü.

4.1.2.1. Hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre değerlendirilmesi

Gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen gökkuşluğu alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre değerlendirilmesi yapılmış ve medyan değerlerine göre hatlar sıralanmıştır.

Gökkuşluğu alabalığı büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre gökkuşluğu alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri Çizelge 4.16'da verilmiştir.

Çizelge 4. 16. Hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri

Hatlar	Medyan (Ortanca)	Ortalama	Standart Sapma	Standart Hata	*p.
Hat 1	41.168	45.235 ^{bc}	48.00	16.00	
Hat 2	11.986	13.118 ^{bc}	8.86	5.11	
Hat 3	5.590	8.576 ^c	7.94	3.24	
Hat 4	10.760	39.063 ^{bc}	89.04	10.08	.029
Hat 5	134.522	117.961 ^a	51.91	29.97	
Hat 6	64.412	100.196 ^{ab}	110.80	45.24	
Hat 7	12.908	10.508 ^{bc}	6.04	3.49	

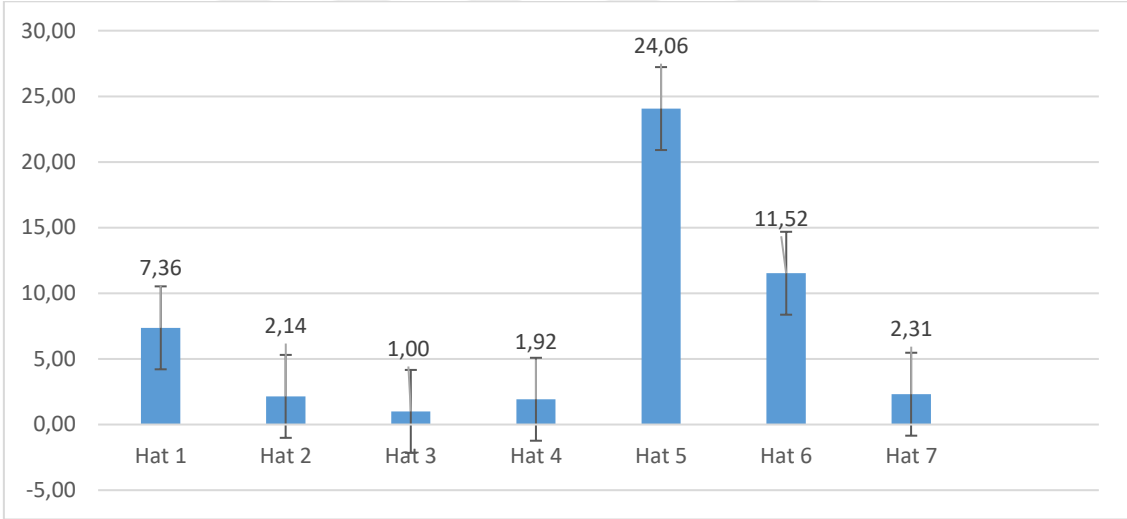
*Kruskal-Wallis Testine göre anlamlılık düzeyi; a,b,c: Çoklu karşılaştırma testi Bonferroni düzeltilmesine göre gruplara arası farkı gösterir ($P<0.05$).

Analiz sonuçlarına göre gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen gökkuşluğu alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri arasındaki fark istatistik olarak önemli çıkmıştır ($P<0.05$). Bu farklılığın hangi kuluçkahanelerden kaynaklandığını anlamak için Non-Parametrik test olan Kruskal-Wallis çoklu karşılaştırma testinden kuluçkahaneler arası farklılıklar değerlendirilmiş ve farklar a, b, c olarak gösterilmiştir.

Gökkuşluğu alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri incelendiğinde en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin KCM ve OCK kuluçkahanelerinde belirlenen Hat 3'de olduğu en yüksek büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin ise SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 5'de olduğu bulunmuştur. Hat 5'in büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesi Hat 1, Hat 2, Hat 3, Hat 4 ve Hat 7'nin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinden önemli derecede yüksek tespit edilmiştir ($P<0.05$). Bununla birlikte SFA ve OCK kuluçkahanelerinde

belirlenen Hat 6'nın büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesi Hat 3'ün büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinden önemli derecede yüksek bulunmasına rağmen kuluçkahanelerde belirlenen diğer bütün hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ile benzerlik göstermiştir ($p>0.05$).

Ayrıca gökkuşığı alabalığı hatları büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri medyan değerlerine göre nispi olarak sıralanmıştır. Bu amaçla en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesine sahip hattın gen ifade seviyesi kendine bölünmüş "1 (Bir)" değeri elde edilmiştir. Sonra diğer hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri de en düşük değere bölünerek görece büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri belirlenmiş ve bu değerlerle grafik çizilmiştir. Gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması Şekil 4.8'de verilmiştir.



Şekil 4. 8. Hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması.

Gökkuşığı alabalığı hatlarını oluşturan anaçların sayısı ve buldukları kuluçkahaneler Çizelge 4.17'de verilmiştir.

Çizelge 4. 17. Hatları oluşturan anaçların sayısı ve buldukları kuluçkahaneler

Hatlar	Anaç Sayısı*	Kuluçkahaneler (n)*
Hat 1	3	YSU
Hat 2	1	SFA
Hat 3	2	KCM (1), OCK (1)
Hat 4	26	YSU (3), BSU (6), KCM (5), ELF (6), OCK (4), SFA (2)
Hat 5	1	SFA
Hat 6	2	OCK (1), SFA (1)
Hat 7	1	SFA

*(n): Anaç Sayısı

4.1.2.2. Kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre değerlendirilmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerine göre değerlendirilmesi yapılmış ve medyan değerlerine göre kuluçkahaneler sıralanmıştır.

Gökkuşığı alabalığı büyüme hormonu (GH-I) gen ifade analiz sonuçlarına göre kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri Çizelge 4.18'de verilmiştir.

Çizelge 4. 18. Kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri

	Kuluçkahaneler	Medyan (Ortanca)	Ortalama	Standart Sapma	Standart Hata	*p.
Gökkuşığı Alabalığı Kuluçkahanelerinin Büyüme Hormonu Gen İfade Seviyeleri	YSU	12.16	28.955 ^{ab}	37.90	8.93	.009
	BSU	11.95	35.213 ^{ab}	53.10	12.51	
	KCM	7.354	13.486 ^b	21.28	5.02	
	ELF	6.38	22.181 ^b	45.35	10.69	
	OCK	22.77	80.957 ^a	125.79	29.65	
	SFA	19.74	70.955 ^a	131.68	31.04	

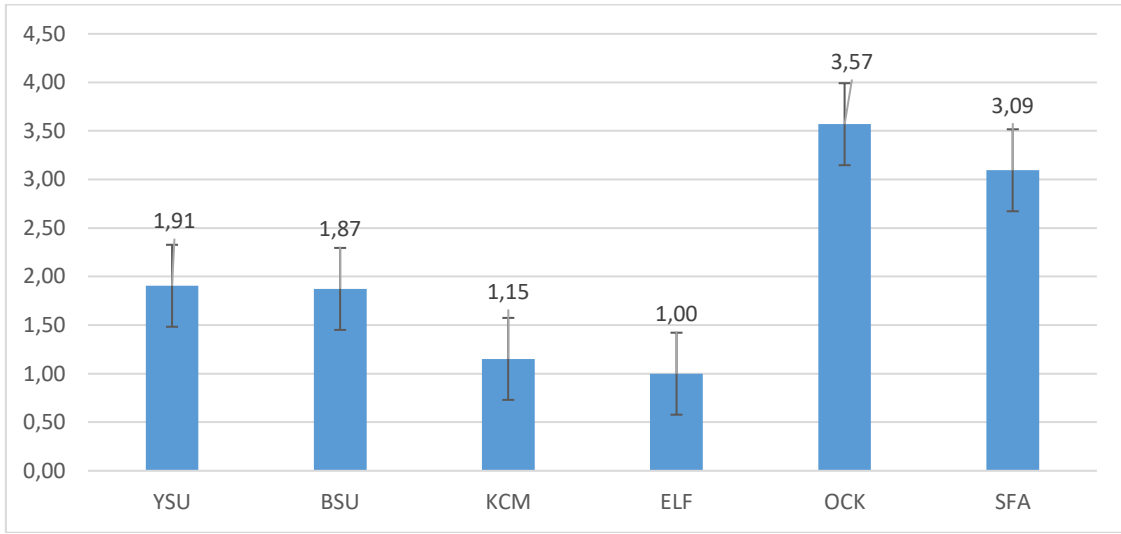
*Kruskal-Wallis Testine göre anlamlılık düzeyi; a,b,c: Çoklu karşılaştırma testi Bonferroni düzeltmesine göre gruplara arası farkı gösterir ($P < 0.05$).

Analiz sonuçlarına göre gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri arasındaki fark istatistik olarak önemli bulunmuştur ($P < 0.05$). Bu farklılığın hangi kuluçkahanelerden kaynaklandığını

anlamak için Non-Parametrik test olan Kruskal-Wallis çoklu karşılaştırma testinden kuluçkahaneler arası farklılıklar değerlendirilmiş ve farklar a, b, c olarak gösterilmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri incelendiğinde en yüksek büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin OCK ve SFA kuluçkahanelerinde olduğu en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin ise ELF ve KCM kuluçkahanelerinde olduğu bulunmuştur. YSU ve BSU kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ise diğer bütün kuluçkahanelerle benzer bulunmuştur. Bununla birlikte OCK ve SFA kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ELF ve KCM kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinden önemli derecede yüksek tespit edilmiştir ($P<0.05$).

Ayrıca gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri medyan değerlerine göre nispi olarak sıralanmıştır. Bu amaçla en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesine sahip kuluçkahanelerin gen ifade seviyesi kendine bölünmüş “1 (Bir)” değeri elde edilmiştir. Sonra diğer kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri de en düşük değere bölünerek görece büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri belirlenmiş ve bu değerlerle grafik çizilmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması Şekil 4.9’da verilmiştir.



Şekil 4. 9. Kuluçkahanelerin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması.

4.2. Anaçların Fenotipik Özellikleri

Van ilinde bulunan gökkuşaağı alabalığı kuluçkahanelerine ait bazı çevresel parametreler ve gökkuşaağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç popülasyonlarının bazı fenotipik özellikleri, Ekim 2017 – Mart 2018 tarihleri arasında kuluçkahanelere yapılan örnek toplama ve ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir.

4.2.1. Kuluçkahanelere ait bazı çevresel parametreler

Çalışmada örnek toplama ve ölçüm ziyaretlerinde kuluçkahanelerin çözünmüş oksijen miktarı, su sıcaklığı, su pH'sı ve kuluçkahane rakımı yerinde yapılan ölçümler ile belirlenirken su sertliği ve su debisi değerleri Tarım ve Orman Bakanlığı Van İl Müdürlüğü'nden temin edilmiştir. Gökkuşaağı alabalığı kuluçkahanelerine ait bazı çevresel parametreler Çizelge 4.19'da verilmiştir.

Çizelge 4. 19. Kuluçkahanelere ait bazı çevresel parametreler*

Kuluçkahaneler/ Parametreler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Havuz Çıkış Suyu Çözünmüş Oksijen (mg/l)	7.2±0.91	7.9±0.40	8.2±0.42	7.1±0.55	7.5±0.28	8.5±1.03
Su Sıcaklığı (°C)	8.7±0.43	8.5±0.35	10.1±0.14	7.5±0.17	8.5±0.23	6.9±0.46
pH	8.45	8.3	7.9	7.7	7.78	7.7
Su Sertliği (mg/l)	164	148	340	148	220	396
Rakım (m)	1626	1672	1664	1804	1628	1751
Su Debisi (lt/sn)	517	320	1201	1019	480	1000
Anaç Stok Yoğunluğu (adet/m ³)	2.33	5.4	5.18	2.02	2.72	2.94

* 2017-2018 yılı Ekim-Mart ayı ortalamaları (± standart sapma)

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaç havuzlarının çıkışlarındaki çözünmüş oksijen miktarı incelendiğinde en düşük çözünmüş oksijen yoğunluğunun ELF kuluçkahanesine, en yüksek çözünmüş oksijen yoğunluğunun ise SFA kuluçkahanesine ait olduğu bulunmuştur.

Anaç havuzlarının su sıcaklığına bakıldığında ise en düşük su sıcaklığının SFA kuluçkahanesinde olduğu, en yüksek su sıcaklığının ise KCM kuluçkahanesinde olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaç havuzlarında kullanılan suyun pH değerleri incelendiğinde en düşük pH değerinin ELF ve SFA kuluçkahanelerinde olduğu en yüksek pH değerinin ise YSU kuluçkahanesinde olduğu bulunmuştur.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin su sertlikleri karşılaştırıldığında en düşük su sertliği BSU ve ELF kuluçkahanelerinde iken en yüksek su sertliği SFA kuluçkahanesinde bulunmuştur.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin rakımlarına bakıldığında en düşük rakıma YSU kuluçkahanesi en yüksek rakıma ise ELF kuluçkahanesinin sahip olduğu belirlenmiştir.

Kuluçkahanelerin su debisi incelendiğinde en düşük su debisine BSU kuluçkahanesi en yüksek su debisine ise KCM kuluçkahanesinin sahip olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların stoklama yoğunlukları incelendiğinde anaç stok yoğunluğu en fazla olan kuluçkahanenin BSU kuluçkahanesi olduğu en az stoklama yoğunluğuna sahip olan kuluçkahanenin ise ELF kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

4.2.2. Anaçların beslenmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve numaraları işletme sahiplerinden alınan bilgiler ve yapılan gözlemler ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve numaraları Çizelge 4.20’de verilmiştir.

Çizelge 4. 20. Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve numaraları

Kuluçkahaneler/ Parametreler	Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve numaraları
YSU	A yemi (12 numara)
BSU	A ve B yemi (10 numara)
KCM	A yemi (10 numara)
ELF	A yemi (10 numara) ve D yemi (8 numara)
OCK	C yemi (10 numara)
SFA	C yemi (8 numara) ve D yemi (8 numara)

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde genellikle üç farklı yemin kullanıldığı belirlenmiştir. Her zaman kullanılmamakla beraber bazı dönemlerde kullanılan D yemini ise fiyatının diğer yemlere oranla daha düşük olmasından dolayı kullanıldığı anlaşılmıştır.

4.2.3. Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve besin içerikleri

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde kullanılan yemlerin besin içerikleri işletme sahiplerinden alınan bilgiler ve yapılan gözlemler ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde kullanılan yemlerin besin içerikleri Çizelge 4.21’de verilmiştir.

Çizelge 4. 21. Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve besin içerikleri

Besin içeriği	A Yemi	B Yemi	C Yemi	D Yemi
Ham protein (%)	43-45	42-44	42-45	42-45
Ham yağ (%)	18-20	16-20	18-20	14-16
Ham selüloz (%)	1-3	1-3	2-3	1-3
Ham kül (%)	9-10	8-11	10-12	7-11

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde kullanılan yemlerin besin içeriklerine bakıldığında anaçların beslenmesinde kullanılan yemlerin besin içeriklerinin birbirlerine yakın olduğu belirlenmiştir.

4.2.4. Anaçların yemleme şekli ve metodu

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yemleme şekli ve metodu işletme sahiplerinden alınan bilgiler ve yapılan gözlemler ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yemleme şekli ve metodu Çizelge 4.22’de verilmiştir.

Çizelge 4. 22. Anaçların yemleme şekli ve metodu

Parametreler/ Kuluçkahaneler	Anaçların Yemleme Şekli Ve Metodu			
	Yemleme şekli	Yıl boyunca besleme	Günlük besleme sayısı	Günlük verilen yem miktarı (kg)
YSU	<i>Ad libitum</i>	Kesilmiyor	Yazları günde 3 Kışları günde 2	Kışın 15 kg, yazın 25 kg
BSU	<i>Ad libitum</i>	Kesilmiyor	Yaz/Kış günde 2	50-75 kg arası
KCM	Besleme tablosu	Kesilmiyor	Yazın günde 2. Kışın günde 1	Toplam anaç ağırlığının % 4'ü
ELF	Besleme tablosu	Kesilmiyor	Yaz/Kış günde 2	Toplam anaç ağırlığının % 2'si
OCK	<i>Ad libitum</i>	Kesilmiyor	Yazın günde 2. Kışın günde 1	Kışın 15 kg, yazın 25 kg
SFA	<i>Ad libitum</i>	Kesilmiyor	Yazları günde 3 Kışları günde 2	35 kg

Bütün gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaçların beslenmesi yıl boyunca kesilmeden yapıldığı ve günlük yemleme sayılarının kuluçkahanelere göre değişiklik gösterdiği belirlenmiştir. Kuluçkahanelerden dört tanesinin anaçlarını *ad libitum* şekilde beslediği, iki tanesinin ise besleme tablosundan yararlanarak yemleme yaptığı bulunmuştur. Bu nedenle gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaçların beslenmesinde kullanılan günlük yem miktarı her bir kuluçkahane için farklılık göstermiştir.

4.2.5. Anaçların beslenme davranışları

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenme davranışları işletme sahiplerinden alınan bilgiler ve yapılan gözlemler ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenme davranışları Çizelge 4.23'de verilmiştir.

Çizelge 4. 23. Anaçların beslenme davranışları

Parametreler/ Kuluçkahaneler	Anaçların Beslenme Davranışları		
	Uçan Omurgasızlarla Beslenme	Su Yüzeyinde Zıplama Hareketi	Anaçlar Arası Kavga
YSU	Var	Var	Var
BSU	Var	Var	Yok
KCM	Var	Var	Var
ELF	Var	Var	Var
OCK	Var	Var	Yok
SFA	Var	Var	Yok

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenme davranışları incelendiğinde anaçların beslenme davranışlarında benzerlik olmakla birlikte bazı kuluçkahanelerde anaçlar arasında kavga gözlenirken bazılarında kavga gözlenmemiştir.

4.2.6. Anaçların kökeni

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların kökeni yani kuluçkahanede kullanılan anaçların nereden sağlandığı işletme sahiplerinden alınan bilgiler ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların kökeni Çizelge 4.24'de verilmiştir.

Çizelge 4. 24. Anaçların kökeni

Parametreler/ Kuluçkahaneler	Anaçların Kökeni
YSU	Kale işletmesi/Van, Özçatak Alabalık Tesisi/Van, Şavşat/Artvin
BSU	Özçatak Alabalık Tesisi/Van, Ahlal/Bitlis Muş
KCM	Özçatak Alabalık Tesisi/Van,
ELF	Özçatak Alabalık Tesisi/Van,
OCK	Kale işletmesi/Van, Yüzüncü Yıl Üniversitesi/Van, Kayseri
SFA	Yüzüncü Yıl Üniversitesi/Van, Kemal Papila/Eskişehir

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların kökeni incelendiğinde kuluçkahanelerin çoğunun üretime başladıkları dönemlerde anaçlarını yakın çevrelerden temin ettikleri daha sonra birbirlerinden ve yakın çevrelerden almakla beraber farklı illerden de anaç temin ettikleri anlaşılmıştır. Yakın çevrelerden alınan anaçların büyük çoğunluğunun Tarım ve Orman Bakanlığı, Van Su Ürünleri Bölge Müdürlüğü'nce Van Kalesi yanında kurulan ve şu anda faaliyet göstermeyen bir gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinden yani Kale işletmesinden ve Özçatak Alabalık Tesisinden temin ettikleri belirlenmiştir. İlave olarak Van ilinde iki tesisin anaç ihtiyaçlarının bir kısmını 2005 yılında Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi öğretim üyelerinden Prof. Dr. Muhammed ARABACI tarafından bölgenin anaç ihtiyaçlarını karşılamak için yapılan çalışma ile belirlenen gelişim ve büyüme parametreleri iyi olan yavrulardan alıp (YYÜ Döner Sermaye İşletmesi aracılığıyla) anaç yetiştirmek suretiyle temin ettikleri belirlenmiştir.

4.2.7. Anaçların yetiştirilme şekli

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yetiştirilme şekli işletme sahiplerinden alınan bilgiler ve yapılan gözlemler ile belirlenmiştir. Gökkuşığı

alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yetiştirilme şekli Çizelge 4.25’de verilmiştir.

Çizelge 4. 25. Anaçların yetiştirilme şekli

Parametreler/ Kuluçkahaneler	Anaçların Yetiştirilme Şekli		
	Anaçlar satın alınmış daha sonra yumurtadan itibaren yetiştirilmiş	Dişi Anaç	Erkek Anaç
YSU	Evet	Yetiştiriliyor	Yetiştiriliyor
BSU	Evet	Yetiştiriliyor	Yetiştiriliyor
KCM	Evet	Yetiştiriliyor	Yetiştiriliyor
ELF	Evet	Yetiştiriliyor	Hem yetiştiriliyor hem de porsiyonluk balıklardan seçiliyor
OCK	Evet	Yetiştiriliyor	Yetiştiriliyor
SFA	Evet	Yetiştiriliyor	Hem yetiştiriliyor hem de porsiyonluk balıklardan seçiliyor

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yetiştirilme şekli incelendiğinde kuluçkahaneler ilk faaliyete başladıklarında başka işletmelerden anaç ve yumurta temin etmiş ve bu anaçların larvalarından kendi anaç stoklarını oluşturdukları belirlenmiştir. Tüm kuluçkahanelerin dişi anaç stoklarını kendilerinin yetiştirdiği ve belli sayılarda her zaman sabit tuttukları, erkek anaç stoklarını ise bazı kuluçkahanelerin (YSU, BSU, KCM, OCK) kendi erkek anaç stoklarını oluşturdukları, bazılarının ise erkek anaç stoklarını düşük sayılarda tutarak porsiyonluk erkek alabalıklardan sağım döneminde anaç olarak yararlandıkları belirlenmiştir.

4.2.8. Anaç sayısı

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan toplam dişi anaç sayısı ve dişi/erkek anaç oranları ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Yapılan hesaplamalar ile belirlenen gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan toplam dişi anaç sayısı ve dişi/erkek anaç oranları Çizelge 4.26’da verilmiştir.

Çizelge 4. 26. Toplam dişi anaç sayısı ve dişi/erkek anaç oranları

Kuluçkahaneler/ Parametreler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Toplam Dişi Anaç Sayısı	636	324	700	555	540	543
Dişi/Erkek Anaç Oranı	2/1	1/2	3/1	9/1	1/1	2/1

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan toplam dişi anaç sayısı incelendiğinde KCM kuluçkahanesinin en fazla dişi anaca sahip olduğu, en az dişi anaca ise BSU kuluçkahanesinin sahip olduğu diğer kuluçkahanelerin ise dişi anaç sayılarının birbirlerine yakın olduğu belirlenmiştir. Dişi/erkek anaç oranlarına bakıldığında ise elinde en az erkek anaç olan kuluçkahanesinin ELF kuluçkahanesi olduğu en fazla erkek anacın ise BSU kuluçkahanesinde olduğu görülmüştür.

4.2.9. Yumurta alınan, yumurtlamaya katılmayan veya kısır anaç sayısı

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde yumurta alınan, yumurtlamaya katılmayan veya kısır olan anaç sayısı ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde yumurta alınan, yumurtlamaya katılmayan veya kısır anaç sayısı Çizelge 4.27’de verilmiştir.

Çizelge 4. 27. Yumurta alınan, yumurtlamaya katılmayan veya kısır anaç sayısı

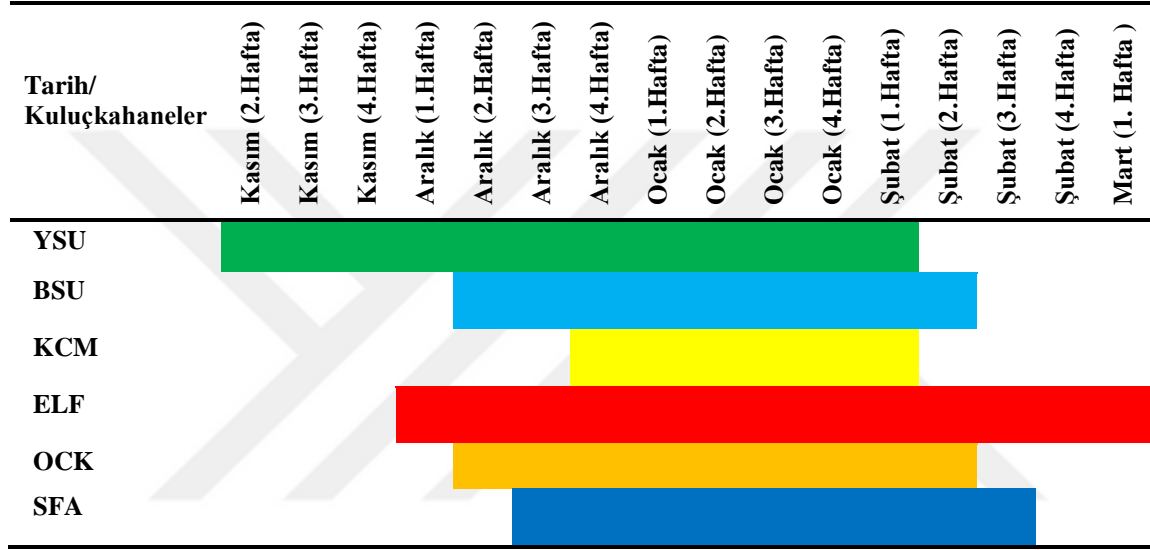
Kuluçkahaneler/ Parametreler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Yumurta Alınan Anaç Sayısı	627	311	693	530	529	533
Yumurtlamaya Katılmayan Veya Kısır Anaç Sayısı (%)	9 (%1.4)	13 (%4)	7 (%1)	25 (%4.5)	11 (%2)	10 (%1.8)

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların büyük çoğunluğundan yumurta alındığı görülmüştür. Yumurtlamaya katılmayan veya kısır olan anaçların ise sayısal ve yüzdesel olarak en fazla ELF kuluçkahanesinde en az ise KCM kuluçkahanesinde olduğu belirlenmiştir.

4.2.10. Anaçların yumurtlama aralığı

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama aralığı yani kuluçkahanelerde yumurtlamanın başlangıç ve bitiş zamanları ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama aralığı Çizelge 4.28’de verilmiştir.

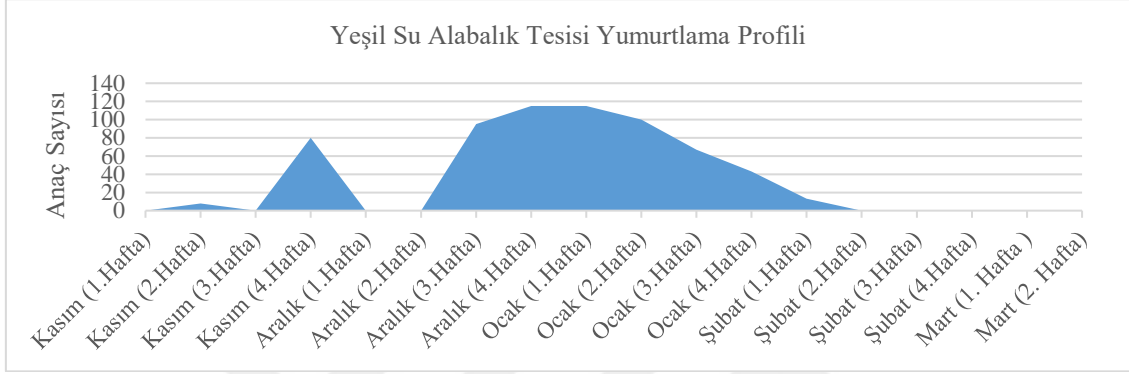
Çizelge 4. 28. Anaçların yumurtlama aralığı



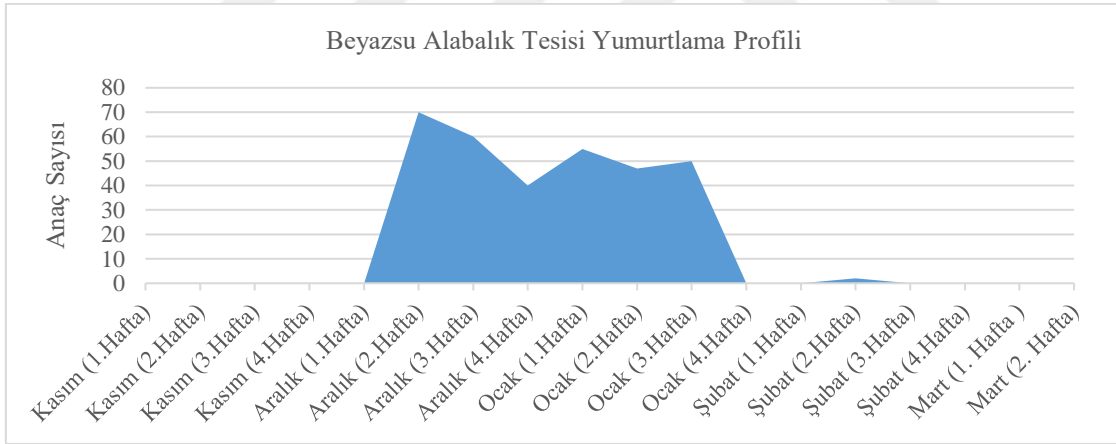
Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama aralığı yani kuluçkahanelerde yumurtlamanın başlangıç ve bitiş zamanları incelendiğinde kuluçkahanelere göre bu tarihler değişmekle birlikte yumurtlama başlangıcının Kasım ayının ikinci haftasında olduğu bitişinin ise Mart ayının birinci haftasında olduğu belirlenmiştir. Anaçları en erken yumurtlayan kuluçkahanenin YSU kuluçkahanesi olduğu en geç yumurtlayan kuluçkahanenin ise KCM kuluçkahanesi olduğu bulunmuştur. Yumurtlama aralığı en kısa olan kuluçkahanenin KCM kuluçkahanesi en uzun kuluçkahanenin ise ELF kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir. Tarih olarak en geç (Mart’ın ilk haftası) yumurta veren kuluçkahanenin ise ELF kuluçkahanesi olduğu en erken (Kasım’ın ikinci haftası) yumurta veren kuluçkahanenin ise YSU kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

4.2.11. Anaçların yumurtlama profili

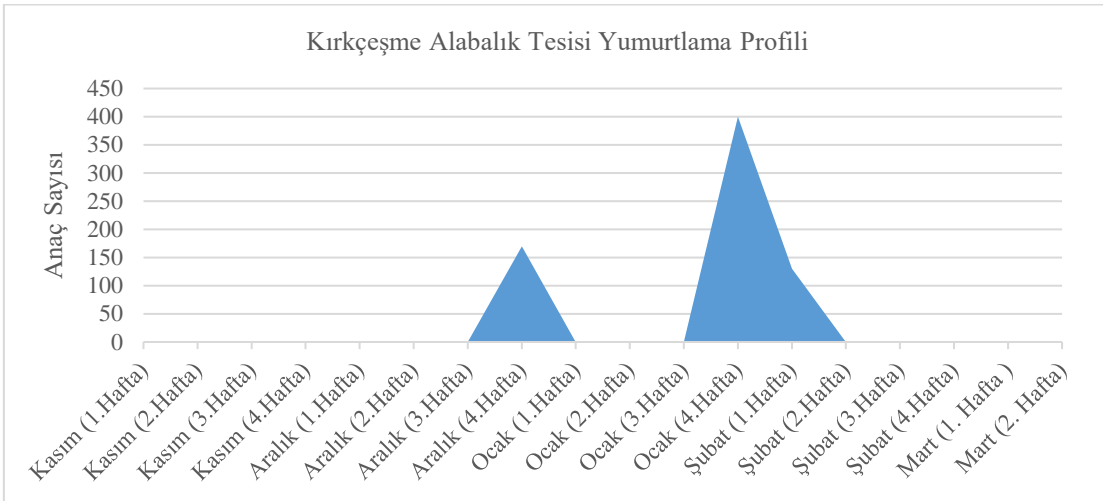
Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama profili yani yumurtlama dönemi boyunca her hafta yumurta alınan anaç sayısı ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama profili Şekil 4.10, 4.11, 4.12, 4.13, 4.14 ve 4.15’de verilmiştir.



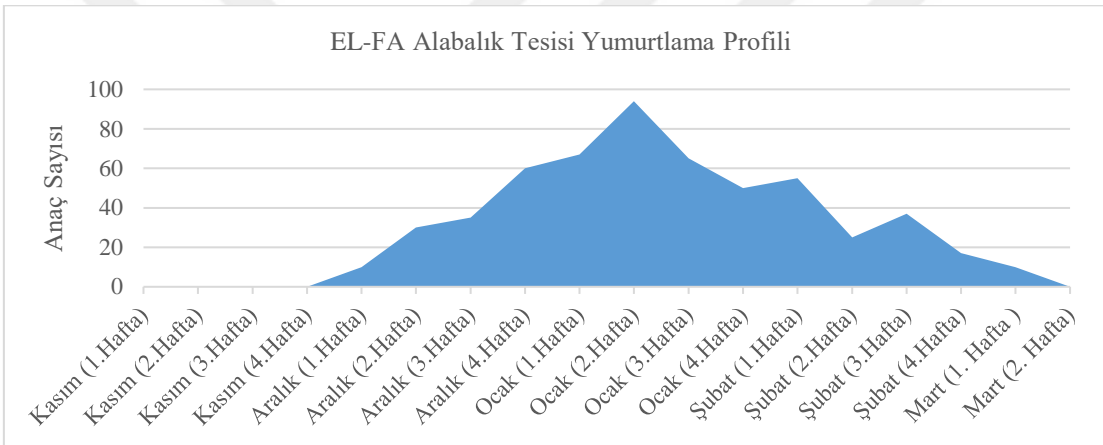
Şekil 4. 10. Yeşilsu alabalık tesisi yumurtlama profili.



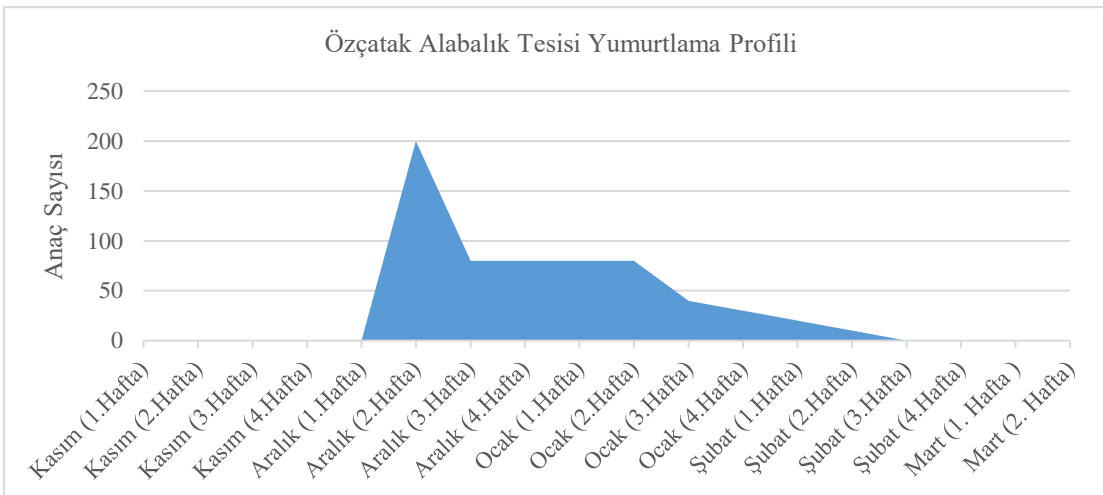
Şekil 4. 11. Beyazsu alabalık tesisi yumurtlama profili.



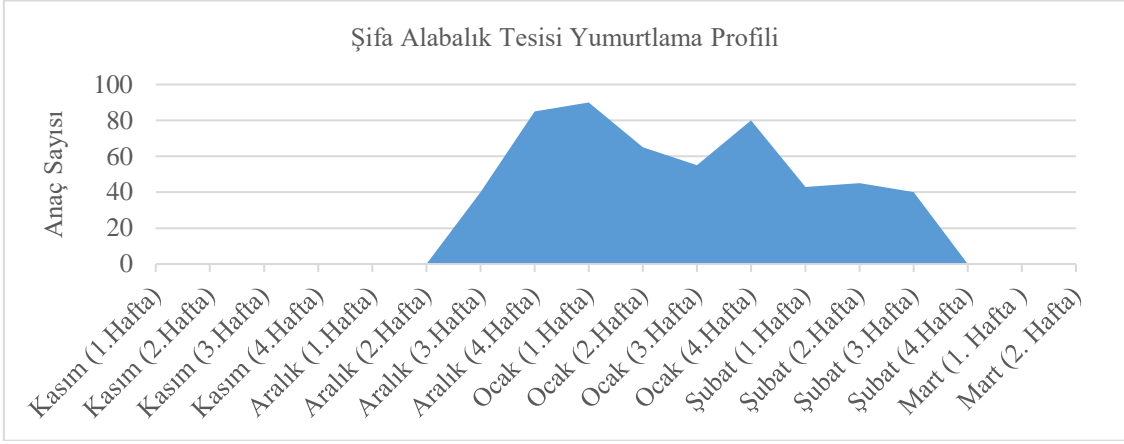
Şekil 4. 12. Kırkçeşme alabalık tesisi yumurtlama profili.



Şekil 4. 13. EL-FA alabalık tesisi yumurtlama profili.



Şekil 4. 14. Özçatak alabalık tesisi yumurtlama profili.



Şekil 4. 15. Şifa alabalık tesisi yumurtlama profili.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama profili yani yumurtlama dönemi boyunca her hafta yumurta alınan anaç sayısı kuluçkahaneler arasında farklılık göstermekle beraber Aralık ayının son haftası ve Ocak ayı boyunca kuluçkahanelerdeki anaçların büyük çoğunluğunun sağıldığı belirlenmiştir.

4.2.12. Dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı Çizelge 4.29'da verilmiştir.

Çizelge 4. 29. Dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı

Kuluçkahaneler/ Parametreler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Dölleme İçin Kullanılan Dişi/Erkek Anaç Oranı	2 / 1	1 / 2	1 / 3	3 / 1	2 / 3	1 / 2

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı alınan yumurta ve sperm miktarına göre değişmekle beraber YSU ve ELF kuluçkahanelerindeki anaçlardan alınan yumurtalar yumurta alınan dişi anaç sayısından daha az erkek anaç ile döllendirken BSU, KCM, OCK ve SFA

kuluçkahanelerinde anaçlardan alınan yumurtalar yumurta alınan dişi anaç sayısından daha fazla erkek anaç ile döllendiği belirlenmiştir.

4.2.13. Anaçların genel özellikleri (Yaş, boy, ağırlık vb.)

Gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların genel özellikleri ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Yapılan hesaplamalar ile belirlenen gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların genel özellikleri Çizelge 4.30'da verilmiştir.

Çizelge 4. 30. Anaçların genel özellikleri (yaş, boy, ağırlık vb.)

Kuluçkahaneler/ Parametreler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Ortalama erkek anaç yaşı (yıl)	3+	1+ veya 2	3	1+ veya 2	4	1+ veya 2
Ortalama dişi anaç yaşı (yıl)	3+ veya 4	2+ veya 3	1+ veya 2	2+ veya 3	4	1+ veya 2
Erkek anaç boyu (cm)	53±6.79	42±2.4	52±3.34	41±4.22	55±5.5	48±4.96
Dişi anaç boyu (cm)	58.6±5.01	51±7.36	48±7	53±6.9	56±5.9	46±6.34
Erkek anaç ağırlığı (g)	2255±743	1480±171	1922±283	973±273	2714±529	1740±525
Dişi anaç ağırlığı (g)	3391±845	2658±902	1889±859	2267±868	3436±904	1616±566
Ortalama yumurta büyüklüğü (mm)	5±0.35	4.7±0.41	4.9±0.17	4.9±0.3	5.1±0.34	4.5±0.47
30 cm'deki ortalama yumurta sayısı (adet)	60±4	64±6	62±2	62±4	59±4	67±7
Toplam fekondite (adet)	4861±1003	4802±1248	3811±401	3859±833	4707±878	3232±1104
Nispi fekondite (yum/kg)	1433±0.29	1806±0.46	2017±0.21	1702±0.36	1370±0.25	2000±0.68
Ortalama sperm miktarı (g)	28.07±13.5	39.6±26.8	44±22.7	26.6±13.5	34±25.01	37.27±27.4
Döllenme oranı (%)	78.2±12.9	93.5±3.2	96.1±1.9	92.4±2.9	86.9±6.4	82.4±27
Yumurtadan çıkış oranı (%)	78.8±5.1	91.1±6.2	89.1±8.6	90.6±8.45	74±20.5	84.3±21.02

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yaş bilgileri işletme sahipleri ile yapılan kişisel görüşme ile işletme sahiplerinin anaçlar için belirttikleri yaşlara göre belirlenmiş bu amaçla herhangi bir ölçüm yapılmamıştır. Anaçlar için belirtilen yaşlar incelendiğinde sağım döneminde kullanılan erkek ve dişi anaçların yaşlarının ortalama 1 ile 4 yıl arasında değiştiği bulunmuştur. Ortalama erkek anaç yaşları incelendiğinde ise en genç erkek anaçlara sahip kuluçkahanelerin BSU, ELF ve SFA kuluçkahaneleri olduğu en yaşlı anaçlara ise OCK kuluçkahanesinin sahip olduğu anlaşılmıştır. Ortalama dişi anaç yaşları incelendiğinde en genç dişi anaçlara sahip kuluçkahanelerin KCM ve SFA kuluçkahaneleri olduğu en yaşlı anaçlara ise YSU ve OCK kuluçkahanesinin sahip olduğu bulunmuştur.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların boyları ve ağırlıkları işletmelere yapılan ölçüm ziyaretleri ile belirlenmiştir. Anaçların boyları incelendiğinde erkek anaç boylarının ortalama 41 ile 55 cm arasında olduğu dişi anaçların ise boylarının ortalama 46 ile 58 cm arasında olduğu belirlenmiştir. Erkek anaçların ortalama boyları incelendiğinde boy olarak en kısa erkek anaçlara sahip kuluçkahanesinin KCM kuluçkahanesi olduğu boy olarak en uzun anaçlara ise OCK kuluçkahanesinin sahip olduğu anlaşılmıştır. Dişi anaçların ortalama boyları incelendiğinde boy olarak en kısa dişi anaçlara sahip kuluçkahanesinin SFA kuluçkahanesi olduğu boy olarak en uzun anaçlara ise YSU kuluçkahanesinin sahip olduğu bulunmuştur.

Anaçların ağırlıkları incelendiğinde erkek anaçların ağırlıklarının ortalama 973 ile 2714 gram arasında olduğu dişi anaçların ağırlıklarının ise ortalama 1616 ile 3436 gram arasında olduğu belirlenmiştir. Erkek anaçların ortalama ağırlıkları incelendiğinde ağırlığı en az olan erkek anaçların KCM kuluçkahanesinde olduğu ağırlığı en fazla olan anaçların ise OCK kuluçkahanesinde olduğu anlaşılmıştır. Dişi anaçların ortalama ağırlıkları incelendiğinde ağırlığı en az olan dişi anaçların SFA kuluçkahanesi olduğu ağırlığı en fazla olan anaçların ise OCK kuluçkahanesinde olduğu belirlenmiştir.

Anaçların ortalama yumurta büyüklüğü incelendiğinde yumurta çaplarının 4.5 ile 5.1 mm arasında değiştiği en küçük yumurta çapına sahip olan kuluçkahanesinin

SFA kuluçkahanesi olduğu en büyük yumurta çapına sahip kuluçkahanenin ise OCK kuluçkahanesi olduğu bulunmuştur.

Von Bayer yöntemine göre anaçların 30 cm'deki ortalama yumurta sayısı incelendiğinde yumurta sayısının 59 ile 67 adet arasında değiştiği en az yumurta sayısına sahip olan kuluçkahanenin yumurta çapı en büyük olan OCK kuluçkahanesi olduğu en fazla yumurta sayısına sahip kuluçkahanenin ise yumurta çapı en küçük olan SFA kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların toplam fekonditeleri incelendiğinde anaçlardan alınan ortalama yumurta sayısının 3232 ile 4861 adet arasında olduğu toplam fekonditesi en az olan kuluçkahanenin SFA kuluçkahanesi en fazla olanın ise YSU kuluçkahanesi olduğu bulunmuştur.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların nispi fekonditeleri incelendiğinde 1 kg canlı ağırlığa düşen yumurta miktarının 1370 ile 2017 yum/kg arasında olduğu nispi fekonditesi en az olan kuluçkahanenin OCK kuluçkahanesi en fazla olanın ise KCM kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların sperm miktarı incelendiğinde ortalama sperm miktarının 26 ile 44 gram arasında olduğu, sperm miktarı en az olan kuluçkahanenin ELF kuluçkahanesi en fazla olanın ise KCM kuluçkahanesi olduğu bulunmuştur.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçlardan alınan yumurtaların dölleme oranı incelendiğinde döllemenin %78 ile %96 arasında değiştiği, en düşük dölleme yüzdesine sahip kuluçkahanenin YSU kuluçkahanesi olduğu en fazla dölleme yüzdesine sahip kuluçkahanenin ise KCM kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlardan alınan yumurtalardan, larvaların çıkış oranı incelendiğinde çıkış oranının %74 ile %91 arasında değiştiği yumurtadan en az larva çıkışının OCK kuluçkahanesinden alınan yumurtalarda olduğu en fazla çıkışın ise BSU kuluçkahanesinden alınan yumurtalarda olduğu bulunmuştur.



5. TARTIŞMA SONUÇ

Gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliği yapan işletmelerde kuluçkahane ve anaç yönetimi, üretimle ilgili birçok noktayı ve planlamayı etkileyeceği için ilk olarak ele alınması gereken konulardandır. Hızla artan gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliğine paralel olarak, bu konuda yapılan çalışmalar ve araştırmalar da artmaya başlamıştır. Ancak gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliğinde gözlenen gelişmeye rağmen özel sektör ya da kamu kurumlarınca fenotipik ve genotipik özellikleri birlikte değerlendiren kuluçkahane ve anaç yönetim programına yönelik çalışmalar sınırlı sayıdadır.

Gökkuşığı alabalığı işletmelerindeki elde tutulan anaç popülasyonunun fenotipik ve genotipik yapısının bilinmesi, o işletmede uygulanacak kuluçkahane ve anaç yönetim planlaması için gerekli bir konudur.

Bu çalışmada sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için ticari olarak faaliyet gösteren gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri hedef seçilerek; kıyaslanabilir, değerlendirilebilir genotipik ve fenotipik veriler; ayrı ayrı ve birlikte değerlendirilerek kuluçkahane ve anaç yönetim parametreleri olarak elde edilmiştir.

5.1. Genotipik Farklılıklar

Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç popülasyonlarının genotipik farklılıklarını ortaya koymak için;

- Gökkuşığı alabalığı anaçlarının kanlarından izole edilen total DNA ile mitokondrial DNA'dan genotipik polimorfizmleri ile ilgili değerlendirmeler yapılmış ve kuluçkahanelerde bulunan hatlar (genotipler) tespit edilmiş,
- Bu anaçlardan (kan alınan) örneklenen larvalar kullanılarak kuluçkahanelerin ve belirlenen hatların büyüme hormonu gen ifade seviyeleri belirlenmiş,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri ve belirlenen gökkuşığı alabalığı hatları, genotipik polimorfizm kriterlerine ve büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerine göre derecelendirilerek değerlendirilmiştir.

5.1.1. Anaçlarının mtDNA gen bölgesindeki bazı genotipik farklılıkların (polimorfizmin) değerlendirilmesi

Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçlarının mtDNA'sındaki bazı genotipik farklılıklar belirlenerek kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası değerlendirilmesi yapılmıştır. Bu amaçla;

Bütün gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların genetik benzerlik oranları (GBO) kullanılarak "Dendrogram" elde edilmiş ve elde edilen dendrogram değerlendirilerek kuluçkahanelerdeki "Hatlar (Genotipler)" belirlenmiştir.

Kuluçkahane içi değerlendirmeleri yapmak için genetik benzerlik oranları (GBO) ile genetik farklılık oranları (GFO) ve kuluçkahaneler arası değerlendirmeleri yapmak için genetik yakınlık oranları (GYO) ve genetik mesafe oranları (GMO) belirlenmiştir.

Ayrıca Van ilinde bulunan gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası genotipik farklılıklarını ortaya koymak için GBO, GFO, GYO ve GMO dışında F_{ST} , F_{IS} , H_t , N_m gibi farklı kriterler de değerlendirilmede kullanılmıştır.

Tüm bu polimorfizm kriterleri kullanılarak Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası farklılıklarının genel değerlendirilmesi yapılmıştır.

5.1.1.1. Kuluçkahanelerde belirlenen hatlar ve hatlar arasındaki farklılıkların (polimorfizmin) ortalama genetik benzerlik oranlarına (OGBO) göre değerlendirilmesi

Çalışma sonucunda elde edilen dendrograma göre bütün kuluçkahanelerdeki gökkuşığı alabalığı anaçlarının, 7 (yedi) adet farklı "Hat (Genotip)" oluşturduğu görülmüştür (Şekil 4.1). Hatların frekansları incelendiğinde Hat 4'ün 26 adet anaçtan oluştuğu ve bu hattaki anaçların her kuluçkahane mevcut olduğu göze çarpmaktadır. Hat 4'den sonra en fazla anacın Hat 1'de olduğu geriye kalan 7 adet anacın da diğer hatları oluşturduğu Çizelge 5.1'de görülmektedir.

Çizelge 5.1. Gökkuşığı alabalığı hatlarını oluşturan anaçların sayısı ve buldukları kuluçkahaneler

Hatlar	Anaç Sayısı*	Kuluçkahaneler (n)*
Hat 1	3	YSU
Hat 2	1	SFA
Hat 3	2	KCM (1), OCK (1)
Hat 4	26	YSU (3), BSU (6), KCM (5), ELF (6), OCK (4), SFA (2)
Hat 5	1	SFA
Hat 6	2	OCK (1), SFA (1)
Hat 7	1	SFA

*(n): Anaç Sayısı

Van ilindeki her bir gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde kaç adet farklı “Hattın” bulunduğu bakıldığında BSU ve ELF kuluçkahanelerinde tek bir hat (Hat 4) olduğu, YSU kuluçkahanesinde 2 adet hat (Hat 1 ve Hat 4) olduğu KCM kuluçkahanesinde 2 adet hat (Hat 3 ve Hat 4) olduğu, OCK kuluçkahanesinde 3 adet hat (Hat 3, Hat 4 ve Hat 6) olduğu, SFA kuluçkahanesinde ise Van ilindeki kuluçkahanelerde belirlenen 7 adet Hattan 5 tanesinin (Hat 2, Hat 4, Hat 5, Hat 6 ve Hat 7) olduğu görülmektedir. (Şekil 4.1).

Kuluçkahanelerde farklı hatların bulunması, kuluçkahanelerin farklı stoklardan primer anaç stoku oluşturduklarının veya geçmiş dönemlerde kan tazelediklerinin bir göstergesidir.

Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin primer anaç stoklarını nasıl oluşturdukları ve geçen süre zarfında kan tazeleyip tazelemedikleri işletmeci beyanları ve belirlenen hatlar ile belirlenmeye çalışılmıştır. Çizelge 5.1’de kuluçkahanelerde belirlenen hatlar görülmektedir. İşletmeci beyanları ve kuluçkahanelerde belirlenen hatlar değerlendirildiğinde kuluçkahanelerde genotipik olarak belirlenen hatlar ile kuluçkahanelerin primer anaç stoku oluşturma hikayelerinin uyum içerisinde olduğu anlaşılmıştır.

Kuluçkahanelerde belirlenen hatlar ile kuluçkahanelerin primer anaç stoku oluşturma hikayelerini örtüştürecek olursak; Tarım ve Orman Bakanlığı, Van Su Ürünleri Bölge Müdürlüğü tarafından Van Kalesi yanında kurulan ve şu anda faaliyet

göstermeyen “Kale işletmesi” geçmiş dönemde bölgedeki çoğu işletme tarafından primer anaç stoku oluşturmak için kullanılmıştır. Çizelge 5.1’e bakıldığında Hat 4’ün Van ilindeki bütün kuluçkahanelerde mevcut olduğu hatta BSU ve ELF kuluçkahanelerinde bütün anaçların Hat 4’den oluştuğu görülmektedir. Bu nedenle Hat 4’ün bütün kuluçkahanelerde mevcut olması ve bölgedeki çoğu işletmenin birbirlerinden balık temin etmeleri nedeniyle Hat 4’ün Kale kuluçkahanesinden bölgeye yayıldığı fikrini akla getirmektedir. BSU ve ELF kuluçkahanelerinin tek hatta sahip olması ve bu hattın bölgede yaygın olan Hat 4 olması, bu kuluçkahanelerin doğrudan Kale işletmesinden veya başka işletmelerden temin ettikleri Kale hattı (Hat 4) ile yetiştiriciliğe devam ettiklerini ve bu süre zarfında da kapalı yetiştiricilik yaptıklarını yani kan tazelemediklerini göstermektedir. Bu durum işletmecilerin beyanları ile de örtüşmektedir. Diğer yandan geri kalan dört kuluçkahane (YSU, KCM, OCK ve SFA) Hat 4’den anaçların olması ve buna ilaveten farklı hatların da olması bu kuluçkahanelerin il dışından kan tazelediklerini göstermektedir. Bölgedeki işletmecilerin beyanları da bu doğrultudadır.

Bölgedeki kuluçkahaneler arasında hat zenginliği en fazla olan SFA kuluçkahanesi, Türkiye’de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünü yürüten bir işletmeden (Liman Balıkçılık) yıllardır kan tazelemektedir. Dolayısı ile SFA kuluçkahanesinin bölgedeki hat çeşitliliği en fazla olan kuluçkahane olmasının sebebi bu olabilir. SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 2, Hat 5 ve Hat 7’nin bölgedeki diğer kuluçkahanelerde bulunmaması ve SFA kuluçkahanesinin yıllardır aynı işletmeden kan tazelemesi bu hatların SFA kuluçkahanesinin sürekli olarak kan tazelemek için yararlandığı işletmeye ait hatlar olduğunu göstermektedir. SFA kuluçkahanesinde ayrıca Hat 4 ve Hat 6’ya ait anaçlar da mevcuttur. SFA kuluçkahanesinde bölgede en yaygın olan Hat 4’ün bulunması bu kuluçkahanesinin doğrudan Kale işletmesinden veya başka işletmelerden de Hat 4’ü temin ettiklerini göstermektedir.

Diğer yandan Hat 6, SFA kuluçkahanesi dışında sadece OCK kuluçkahanesinde mevcuttur. OCK ve SFA kuluçkahanelerinde bulunan Hat 6’nın Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi’nden alınıp anaç yapılan yavrular olma ihtimali yüksektir. Çünkü sadece bu

iki kuluçkahane geçmiş dönemde Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden anaç olarak kullanılmak üzere yavru temin etmiştir (Çizelge 4.23).

SFA kuluçkahanesi kadar olmasa da OCK kuluçkahanesinin de hat çeşitliliğinin fazla olduğu görülmektedir (Çizelge 5.1). Hat 4 ve Hat 6 dışında ayrıca OCK kuluçkahanesinde Hat 3'ün olduğu da görülmektedir. İşletmeci beyanına göre geçmiş dönemde OCK kuluçkahanesi Kayseri'deki bir işletmeden yavru getirmiş ve anaç olarak yetiştirmiştir. OCK kuluçkahanesindeki Hat 4'ün Kale işletmesinden geldiği ve Hat 6'nın ise Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden geldiği düşünülecek olursa Hat 3'ün Kayseri'den getirilen ve anaç olarak yetiştirilen yavrular olduğu görülmektedir. Bu durum işletmecilerin beyanlarıyla da örtüşmektedir.

Diğer yandan Hat 3, OCK kuluçkahanesi dışında KCM kuluçkahanesinde de belirlenmiştir (Çizelge 5.1). KCM kuluçkahanesi primer anaç stokunu OCK kuluçkahanesinden oluşturduğundan Hat 3'ün KCM kuluçkahanesinde de görülmesi normal bir durumdur. Ayrıca KCM kuluçkahanesinde bölgede en yaygın olan Hat 4'ün bulunması bu kuluçkahanelerin OCK kuluçkahanesinden Hat 4'ü temin ettiğini göstermektedir. KCM kuluçkahanesinin primer anaç stokunu OCK kuluçkahanesinden oluşturduğu işletmeci beyanıyla da örtüşmektedir.

Benzer şekilde YSU kuluçkahanesinde de bölgede en yaygın olan Hat 4'ün bulunması bu kuluçkahanelerin doğrudan Kale işletmesinden veya başka işletmelerden Hat 4'ü temin ettiklerini göstermektedir. Ayrıca sadece YSU kuluçkahanesinde bulunan Hat 1'in (Çizelge 5.1) YSU kuluçkahanesinin Artvin'den getirip anaç olarak yetiştirdikleri yavrular olma ihtimali işletmeci beyanı ile örtüşmektedir.

Bölgedeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde farklı hatlar bulunması rağmen bazı kuluçkahanelerin (BSU ve ELF) tek hatta sahip olması ve bu hattın bölgede yaygın olan Hat 4 olması ayrıca Hat 4'ün bütün kuluçkahanelerde bulunması bu kuluçkahanelerde polimorfizm ne durumda olduğu ile ilgili soruları akla getirmektedir. Çizelge 5.2'de gökkuşığı alabalığı hatlarının ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO), frekansları (anaç sayıları) ve genotipik durumları verilmiştir.

Çizelge 5.2. Gökkuşığı alabalığı hatlarının ortalama genetik benzerlik oranları, frekansları ve genotipik durumları

Hatlar	Ortalama Genetik Benzerlik Oranları (Min - Max)	Frekanslar	Genotipik durum
Hat 1	0.456 (0.430 - 0.507)	3	+++ (İyi)
Hat 2	0.314*	1	+++ (İyi)
Hat 3	0.389 (0.332 - 0.447)	2	+++ (İyi)
Hat 4	0.572 (0.413 - 0.629)	26	++ (Orta)
Hat 5	0.298*	1	+++ (İyi)
Hat 6	0.230 (0.176 - 0.285)	2	++++ (Çok iyi)
Hat 7	0.142*	1	++++ (Çok iyi)
Ortalama	0.343		+++ (İyi)

*Tek bireyle temsil edilen hatlar için minimum ve maksimum değerler verilmemiştir.

Bu çizelgeye göre Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatların ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) incelendiğinde kuluçkahanelerdeki hatların OGBO değerinin “iyi” durumda olduğu görülmektedir.

Ancak bütün kuluçkahanelerde bulunan ve iki kuluçkahanenin (BSU, ELF) tüm anaçlarını oluşturan Hat 4’ün ortalama genetik benzerliğinin yüksek (OGBO; 0.572) olduğu yani polimorfizm oranının düşük olduğu görülmektedir. Buna rağmen Hat 4’ün genotipik seviyesinin “orta” seviyede olduğu görülmektedir (Çizelge 5.2). Dolayısıyla anaçları tamamen Hat 4’den oluşan iki kuluçkahanenin (BSU, ELF) ve özellikle de bunlardan BSU’nun orta ve uzun vadede homozigotluğu artırmamak için kaynağı iyi olan bir işletmeden kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşımdır. Çünkü aynı ırka mensup başka bir populasyondan kan tazelemek populasyon içerisindeki genetik varyasyonu genişletebilir (Emsen, 2003). Ayrıca bu kuluçkahaneler “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalıdır. Çünkü bir populasyonda uzun süre akrabalı yetiştirme yapılması halinde populasyonda akrabalı yetiştirilmeden kaynaklı olarak homozigotluk artacaktır (Düzgüneş ve ark., 1996; Tave, 1999; Emsen, 2003).

Diğer yandan OCK ve SFA kuluçkahanesinde bulunan Hat 6’nın ve SFA kuluçkahanesinde bulunan Hat 7’nin ortalama genetik benzerlik oranları diğer hatlara oranla düşük olduğu görülmektedir. Dolayısıyla bu iki hattın (Hat 6, Hat 7) genotipik durumları “çok iyi” durumdadır. Ayrıca Hat 6 ve Hat 7 kuluçkahane ve anaç yönetimi açısından “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için öncelikli olarak kullanılabilir. Nitekim farklı populasyonlardan yapılan kan tazelemenin gelecek

generasyonlarda heterozigotluğu arttırdığı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996; Emsen, 2003).

5.1.1.2. Anaç bazında kuluçkahane içi farklılıkların (polimorfizmin) değerlendirilmesi

Kuluçkahane içinde bulunan herhangi bir anacın, içinde bulunduğu kuluçkahanedeki diğer anaçlara göre genetik benzerlik oranları (GBO) incelendiğinde anaçların genetik benzerlik oranları arasında farklar olduğu ve bu durumun tüm kuluçkahanelerde mevcut olduğu görülmüştür. Genetik benzerlik oranına göre birbirlerine genetik olarak en çok benzeyen anaçların YSU (1 çift anaç, GBO=1.00), KCM (1 çift anaç, GBO=1.00) ve ELF (1 çift anaç, GBO=1.00) kuluçkahanelerinde olduğu, en az benzeyen anaçların ise SFA (4 çift anaç, GBO=0.00) kuluçkahanesinde olduğu belirlenmiştir.

Bu durum kuluçkahanelerde belirlenen hatlardan kaynaklanabilir. Çünkü YSU kuluçkahanesindeki anaçların kuluçkahane içi GBO değerini içeren Çizelge 4.1 incelendiğinde GBO değeri 1.00 olan anaç çiftinin YSU2-YSU5 anaç çifti olduğu belirlenmiştir. Diğer yandan bu anaç çiftinin hangi hat içinde olduğunu belirlemek için Şekil 4.1'e bakıldığında GBO değeri 1.00 olan bu iki anacın aynı hat (Hat 1) içinde olduğu görülmektedir. Diğer kuluçkahanelerdeki genetik benzerlik oranı 1.00 olan diğer iki anaç çiftine bakıldığında da benzer şekilde anaç çiftlerinin aynı hat içinde yer aldıkları görülmektedir. KCM kuluçkahanesindeki anaçların kuluçkahane içi GBO değerini içeren Çizelge 4.3 incelendiğinde GBO değeri 1.00 olan anaç çiftinin KCM2-KCM4 anaç çifti olduğu belirlenmiştir. Şekil 4.1'e bakıldığında ise GBO değeri 1.00 olan bu iki anacın aynı hat (Hat 4) içinde olduğu görülmektedir. Benzer şekilde ELF kuluçkahanesindeki anaçların kuluçkahane içi GBO değerini içeren Çizelge 4.4 incelendiğinde GBO değeri 1.00 olan anaç çiftinin ELF1-ELF4 anaç çifti olduğu belirlenmiştir. Bu anaç çiftinin hangi hat içinde olduğunu belirlemek için Şekil 4.1'e bakıldığında ise GBO değeri 1.00 olan bu iki anacın aynı hat içinde (Hat 4) olduğu görülmektedir.

Diğer yandan SFA kuluçkahanesine bakıldığında ise genetik benzerlik oranı 0.00 olan dört anaç çifti göze çarpmaktadır (Çizelge 4.6). Şekil 4.1'e bakıldığında GBO

değeri 0.00 olan anaçların farklı hatlardan olduğu görülmektedir. Bu durumun SFA kuluçkahanesinde belirlen 5 farklı hattan kaynaklandığı söylenebilir. SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi GBO değerlerini içeren Çizelge 4. 6'ya bakıldığında GBO değeri 0.00 olan anaç çiftlerinin SFA1-SFA2, SFA1-SFA5, SFA2-SFA5 ve SFA4-SFA5 olduğu belirlenmiştir. Bu anaç çiftinin hangi hat içinde olduğunu belirlemek için Şekil 4.1'e bakıldığında ise GBO değeri 0.00 olan bu anaçların farklı hatlar içinde oldukları görülmektedir. Şekil 4.1'e göre SFA1 nolu anaç Hat 6 içinde, SFA2 nolu anaç Hat 5 içinde, SFA4 nolu anaç Hat 2 içinde ve SFA 5 nolu anaç Hat 7 içinde yer almaktadır. GBO değerlerine (GBO=0.00) bakıldığında hatlar arasındaki farklılıklar bariz olarak görülmektedir. Sonuç olarak Şekil 4.1'de kuluçkahanelerde belirlenen hatlara bakıldığında kuluçkahane içi GBO değeri 1.00 olan anaç çiftlerinin aynı hat içinde oldukları, GBO değeri 0.00 olan anaç çiftlerinin ise farklı hatlar içinde olduğu görülmektedir.

Dolayısıyla Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde kan tazelemede farklı hatların kullanılması kuluçkahane içi GBO değerini düşüren yani heterozigotluğu arttıran, homozigotluğu ise düşüren bir neden gibi görülmektedir. Ayrıca kan tazelemenin farklı hatlardan yapılması Van ilindeki GBO değerini düşüren bir durum olarak değerlendirilmiştir. Nitekim Düzgüneş ve ark., (1996), farklı populasyonlardan yapılan kan tazelemenin gelecek generasyonlarda heterozigotluğu arttırdığını belirtmişlerdir.

5.1.1.3. Tüm kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki farklılıkların (polimorfizmin) değerlendirilmesi

Van ilindeki tüm kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki genetik benzerlik oranlarına (GBO) bakıldığında 17 adet anaç çiftinin genetik benzerlik oranının 1.00 olduğu 5 adet anaç çiftinin ise genetik benzerlik oranının ise 0.00 olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.7). Genel anlamıyla bakıldığında tüm kuluçkahaneler genetik benzerlik oranı en yüksek (1.00) olan anaç çiftlerini içermektedir (YSU3-KCM1, ELF6- OCK6, BSU2-SFA3 anaç çiftleri gibi). Ancak genetik benzerlik oranı 0.00 olan anaç çiftleri, ikiden fazla hat içeren OCK (3 farklı hat) ve SFA (5 farklı hat) kuluçkahanelerindeki anaçlar arasında görülmüştür.

Bu durum kuluçkahanelerde belirlenen hatlardan kaynaklanabilir. Çünkü gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde 7 adet farklı hat belirlenmiştir (Şekil 4.1). Bazı kuluçkahanelerde tek hat bulunurken bazılarında ise birden fazla hat olduğu görülmüştür. Kuluçkahanelerdeki anaçlar arasındaki genetik benzerlik oranının çok yüksek olması (1.00) anaçların aynı hat içinde olmalarına ve/veya bu hat içindeki anaçların genotipik farklılıklarının düşük olmasına bağlanabilir. Genetik benzerlik oranının çok düşük (0.00) olması anaçların farklı hatlar içinde olmasından kaynaklanabilir. Nitekim Ertuğrul ve ark., (2011) populasyonu oluşturan bireylerin genetik benzerlikleri azaldıkça populasyondaki genetik varyansın arttığını bildirmişlerdir.

Çizelge 4.7 incelendiğinde genetik benzerlik oranı 1.00 olan 17 adet anaç çifti olduğu görülmektedir. Bu anaç çiftlerinin hangi hatlar içinde olduğunu belirlemek için Şekil 4.1'e bakıldığında 1 çiftin Hat 1 içindeki anaçlardan olduğu diğer 16 çiftin ise Hat 4 içinde olduğu görülmüştür. GBO değeri 1.00 olan anaç çiftlerinin yaklaşık % 95'inin aynı hat içinde (Hat 4) bulunması bu hat içindeki anaçların genotipik farklılıklarının düşük olmasından kaynaklanabilir. GBO değerinin yüksek olması homozigotluğun bir göstergesi olup Düzgüneş ve ark., (1996) homozigotluğun arttığı populasyonlarda genotipik varyasyonun düştüğünü bildirmişlerdir.

Çizelge 4.7 incelendiğinde 5 adet anaç çiftinin genetik benzerlik oranının 0.00 olduğu görülmektedir. Şekil 4.1'e bakıldığında GBO değeri 0.00 olan anaçların farklı hatlarda (Hat 3, Hat 5, Hat 6 ve Hat 7) olduğu görülmektedir. Bu hatlar da OCK ve SFA kuluçkahanelerinde yoğunlaşmıştır. Anaç çiftleri arasında genetik benzerlik oranının 0.00 olmasının sebebi OCK ve SFA kuluçkahanelerinde kan tazeleme için kullanılan stoklardaki hat çeşitliliğinin fazla olması ve bu hatlardaki heterozigotluğun yüksek olması olabilir. Kuluçkahanelerde belirlenen hatların OGBO değerleri de bunu göstermektedir (Çizelge 5.2). Nitekim Ertuğrul ve ark., (2011) populasyonu oluşturan bireylerin genetik benzerlikleri azaldıkça populasyondaki genetik varyansın arttığını bildirmişlerdir.

Kuluçkahanelerde belirlenen hatların OGBO değerleri yani homozigotluk, herhangi bir kuluçkahane bulunan bir anacın diğer kuluçkahanelerde bulunan diğer

anaçlara olan ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) dikkate alınarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.8’de verilen herhangi bir kuluçkahane de bulunan bir anacın diğer kuluçkahanelerde bulunan diğer anaçlara olan ortalama genetik benzerlik oranları (OGBO) dikkate alındığında en yüksek ortalama genetik benzerlik oranına (0.629) sahip olan anaçların KCM (KCM2 ve KCM4 numaralı anaçlar) ve BSU (BSU1 numaralı anaç) kuluçkahanelerinde olduğu görülmüştür. En yüksek ortalama genetik benzerlik oranının KCM ve BSU kuluçkahanelerinde görülmesi Hat 4’ün bu kuluçkahanelerde baskın ve/veya bu hat içindeki anaçların genotipik farklılıklarının daha düşük olmasından (Kuluçkahane içi OGBO sırasıyla 0.659 ve 0.706) dolayı olabilir.

Diğer anaçlara olan ortalama genetik benzerlik oranı en düşük (sırası ile 0.176 ve 0.142) olan anaçların ise SFA (SFA1 ve SFA5 numaralı anaçlar) kuluçkahanesinde olduğu görülmüştür. SFA kuluçkahanesinin ortalama genetik benzerlik oranının düşük olması, SFA kuluçkahanesindeki anaçların farklı hatlar içinde olmasından kaynaklanabilir. Nitekim populasyonu oluşturan bireylerin genetik benzerlikleri azaldıkça populasyondaki genetik varyansın arttığı bilinmektedir (Ertuğrul ve ark., 2011). Çizelge 5.1’e bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında hat zenginliği en fazla olan kuluçkahane SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. SFA kuluçkahanesinin heterozigotluğunun yüksek olması, SFA kuluçkahanesinin kan tazeleme için kullandıkları stokların hat çeşitliliğinin fazla olmasından ve bu hatlardaki heterozigotluğun yüksek olmasından kaynaklanabilir. Çizelge 5.2’de hatlar ortalama genetik benzerlik oranı açısından değerlendirildiğinde tüm hatların genotipik durumlarının “çok iyi” ve “iyi” seviyede olduğu görülmektedir.

Ancak Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde primer anaç stoku oluşturmak için kullanılan Kale hattı (Hat 4) ve bu hattın anaç yönetimi şekillerindeki hatalar genetik benzerliğin artmasına sebep olan bir durum olabilir. Çünkü GBO değerinin yüksek olması homozigotluğun bir göstergesi olup Emsen, (2003) homozigotluğun arttığı populasyonlarda genetik benzerliğin arttığını ve genotipik çeşitliliğin düştüğünü bildirmiştir. Primer anaç stoku oluşturma ve anaç yönetimi ile ilgili değerlendirmeler ilave olarak aşağıdaki başlıklarda diğer kriterlerle değerlendirilmiştir.

5.1.1.4. Kuluçkahane içi farklılıkların (polimorfizmin) genel değerlendirilmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik olarak “Kuluçkahane içi genel durumlarına” bakıldığında Van ilindeki kuluçkahanelerin genotipik çeşitliliğin “orta” düzeyde (OGBO; 0.532) olduğu ve kuluçkahanelerde genotipik açıdan kısa vadede homozigotluğun artmasının muhtemel olmadığı görülmektedir (Çizelge 5.3). Hatta SFA kuluçkahanesinin genotipik durumunun diğer kuluçkahanelere kıyasla “çok iyi” seviyede olduğu belirlenmiştir. Çünkü OGBO değeri diğer kuluçkahanelere oranla çok düşük bulunmuştur (OGBO; 0.171).

Çizelge 5. 3. Kuluçkahane içi OGBO, OGFO değerleri ve genotipik durumları

Kuluçkahaneler	Kuluçkahane içi OGBO	Kuluçkahane içi OGFO	Genotipik durum
YSU	0.590	0.410	++ (Orta)
BSU	0.706	0.294	++ (Orta)
KCM	0.659	0.341	++ (Orta)
ELF	0.577	0.423	++ (Orta)
OCK	0.488	0.512	+++ (İyi)
SFA	0.171	0.829	++++ (Çok iyi)
Ortalama	0.532	0.468	++ (Orta)

SFA kuluçkahanesinin heterozigotluğunun yüksek olması, heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan sürekli kan tazelemesinden kaynaklanabilir (Düzgüneş ve ark., 1996). Çizelge 5.1’e bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında hat zenginliği en fazla olan kuluçkahanesinin SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 2, Hat 5 ve Hat 7’nin bölgedeki diğer kuluçkahanelerde bulunmaması ve SFA kuluçkahanesinin yıllardır aynı işletmeden kan tazelemesi, bu hatların SFA kuluçkahanesinin sürekli olarak kan tazelemek için yararlandığı işletmeye ait hatlar olduğunu göstermektedir.

Çizelge 5.2’de bu hatların ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında hatların genotipik durumlarının “çok iyi” (Hat 7) ve “iyi” (Hat 2, Hat5) seviyede olduğu görülmektedir. Bu durum SFA kuluçkahanesinin sürekli olarak kan tazelediği kuluçkahanesinin heterozigotluğunun yüksek olduğunu göstermektedir. Ayrıca SFA kuluçkahanesinin Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi’nden temin ettikleri

Hat 6'nın da OGBO değeri "çok iyi" seviyededir (Çizelge 5.2). Dolayısıyla SFA kuluçkahanesinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük olması, kuluçkahanenin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranını arttırmış olabilir. Çünkü popülasyonu oluşturan bireylerin genetik benzerlikleri azaldıkça popülasyondaki genetik çeşitliliğin arttığını bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996; Ertuğrul ve ark., 2011). SFA kuluçkahanesinin bünyesinde bulunan OGBO değeri "orta" seviyede olan Hat 4 ise kuluçkahanenin OGBO değerini çok etkilememiştir. Çünkü SFA kuluçkahanenin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranının "çok iyi" durumdadır.

SFA kuluçkahanenin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranının "çok iyi" durumda olması ve kan tazelemesi için kullandığı kaynağın genotipik farklılık açısından iyi durumda olduğunu ve bünyesinde heterozigotluğu yüksek (OGBO değeri düşük) 4 farklı hat barındırması diğer kuluçkahaneler için kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için birinci tercih olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

Van ilinde bulunan diğer kuluçkahanelerin kuluçkahane içi genel durumları değerlendirildiğinde OCK kuluçkahanesinin OGBO değerinin "iyi" durumda olduğu görülmektedir (Çizelge 5.3). SFA kuluçkahanesindeki kadar fazla olmasa da OCK kuluçkahanesi bünyesinde üç adet farklı hat barındırmaktadır (Çizelge 5.1). OGBO değerlerine göre OCK kuluçkahanesi SFA kuluçkahanesinden sonra Van ilindeki genetik çeşitliliği en iyi olan ikinci kuluçkahanedir. Ancak OCK kuluçkahanesinin OGBO değerine göre genotipik durumunun "iyi" olmasına rağmen "orta" seviyeye çok yakındır.

Bu durumun nedeni OCK kuluçkahanesinde bulunan Hat 4'den kaynaklandığı düşünülebilir. Çünkü kuluçkahanedeki anaçların % 66'sı Hat 4'den oluşmaktadır. Çizelge 5.2'de Hat 4'ün ortalama genetik benzerlik oranına bakıldığında genotipik durumlarının "orta" seviyede olduğu görülmektedir. Ancak Hat 4'ün kuluçkahanedeki baskın olmasına rağmen heterozigotluğun düşmemiş olması OCK kuluçkahanesinin zamanında kan tazelediğinin göstergesi olabilir. Çünkü OCK kuluçkahanesinde Hat 4 dışında farklı 2 hat daha bulunmaktadır. OCK kuluçkahanesinin farklı dönemlerde kan tazelediği işletmeci beyanı ile de örtüşmektedir. Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden temin ettikleri Hat 6'nın ve Kayseri'deki bir işletmeden temin

ettikleri Hat 3'ün ortalama genetik benzerlik oranları (Çizelge 5.2) dikkate alındığında bu hatların kuluçkahanelerin genetik çeşitliliğini arttırdığını düşünmek yanlış olmaz. Çünkü OCK kuluçkahanesinde bulunan özellikle Hat 6'nın (Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi) OGBO değeri 0.230 olarak bulunmuş ve genotipik durumunun "çok iyi" seviyede olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan Hat 3'ün (Kayseri) ise OGBO değeri 0.389 olarak bulunmuş ve genotipik durumunun "iyi" seviyede olduğu belirlenmiştir (Çizelge 5.2). Dolayısıyla OCK kuluçkahanesinde zamanında kan tazelemenin yapılmış olması ve kuluçkahane içinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük olması kuluçkahane içindeki ortalama genetik farklılık oranını arttırmış olabilir. Çünkü aynı ırka mensup başka bir popülasyondan kan tazelemek popülasyon içindeki genetik varyasyonu artırabilir (Emsen, 2003).

OCK kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranının "iyi" durumda olması ve bünyesinde heterozigotluğu yüksek (OGBO değeri düşük) 2 farklı hat barındırması diğer kuluçkahaneler için kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için ikinci tercih olarak kullanılabileceğini göstermektedir. Ancak kuluçkahanelerin primer anaç stoku oluşturacakları ve kan tazeleyecekleri kaynakların durumları ilerleyen bölümlerde diğer kriterlerle daha ayrıntılı değerlendirilecektir.

Diğer yandan YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinde OGBO değerleri açısından kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmasa da OCK ve SFA kuluçkahanelerine göre OGBO değerleri yüksek olduğu görülmektedir. Ayrıca YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin hepsinin genotipik durumları "orta" seviyede olmasına rağmen kuluçkahanelerin kuluçkahane içi OGBO değerleri arasında farklar bulunmaktadır (Çizelge 5.3). Hem BSU hem de ELF kuluçkahanelerinde tek ve aynı hat (Hat 4) olmasına rağmen OGBO değerleri arasında farklar olması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetim şekillerinin farklı olmasından kaynaklanabilir. Nitekim Hat 4'ün görece OGBO değerinin daha yüksek çıkması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetimi ile ilgili olabilir. Bunun nedeni primer anaç stoku kurulurken yumurtlamaya etkin bir şekilde katılan etkin anaç sayısının düşük tutularak işe başlanması ve üretime düşük etkin anaç sayısı ile devam edilmesi olabilir. Nitekim popülasyonların uzun süre kapalı kalması ve az sayıda

ebeveynle idame ettirilmesi hayvanların birbirleri ile akrabalığını arttırdığı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996; Tave, 1999).

BSU kuluçkahanesine bakıldığında kuluçkahanedeki 324 anacın olduğu ve 311 anacın etkin bir şekilde yumurtlamaya katıldığı görülmüştür (Çizelge 4. 25). Kuluçkahanedeki etkin anaç sayısı yeterli olmakla birlikte kuluçkahane içi OGBO değeri (0.706) kuluçkahaneler arasında en yüksek durumdadır (Çizelge 5.3). Bu durum primer anaç stoku oluşturulurken düşük etkin anaç sayısı ile başlanıldığının göstergesi olabilir. Benzer şekilde KCM kuluçkahanesine bakıldığında etkin anaç sayısı (700 anaç) yeterli olmakla birlikte kuluçkahaneler arasındaki kuluçkahane içi OGBO değeri (0.659) en yüksek olan ikinci kuluçkahanedir. Bu durum BSU kuluçkahanesinde olduğu gibi KCM kuluçkahanesinin primer anaç stoku oluştururken düşük etkin anaç sayısı ile başlanıldığının göstergesi olabilir. Nitekim Tave, (1986) populasyon büyüklüğü ve akrabalık arasındaki ilişkiye değinmiş ve anaç populasyon büyüklüğünü düşük tutmanın akrabalığı arttırdığını bildirmiştir.

Dolayısıyla OGBO değerlerine göre genotipik durumları “orta” seviyede olan YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Nitekim Düzgüneş ve ark., (1996), farklı populasyonlardan yapılan kan tazelemenin gelecek generasyonlarda heterozigotluğu arttırdığını belirtmişlerdir Ayrıca bu kuluçkahanelerdeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalıdır. Çünkü bir populasyonda uzun süre akrabalı yetiştirme yapılması halinde populasyonda akrabalı yetiştirmeden kaynaklı olarak homozigotluk artacağı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996; Tave, 1999; Emsen, 2003).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde kuluçkahane içi OGBO değerleri değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arasında farklılıklar olduğu gözle çarpılmaktadır. Nitekim önceki çalışmalar da değerlendirildiğinde kuluçkahane içi OGBO ile ilgili benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Önceki bildirişlere bakıldığında İzmir’de yapılan ve Denizli (Çameli), Muğla (Fethiye), Burdur (Göhlisar) illerinde bulunan üç farklı gökkuşığı alabalığı

kuluçkahanesinde bulunan anaçlar arasındaki genotipik çeşitliliğin karşılaştırıldığı bir çalışmada (Akhan ve Canyurt 2005), kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları Fethiye popülasyonu için 0.429, Çameli popülasyonu için 0.311 ve Gölhisar popülasyonu için ise 0.348 olarak bildirilmiştir. Akhan ve Canyurt (2005)'un bildirişlerine göre kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranları iyi durumdadır. Araştırmacıların yaptıkları çalışma, bu çalışma sonuçları (Çizelge 5.3) ile karşılaştırıldığında Akhan ve Canyurt'un (2005) bildirdikleri OGBO değerleri YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin OGBO değerlerinden düşük OCK kuluçkahanesinin OGBO değerine yakın SFA kuluçkahanesinin OGBO değerinden ise yüksek olduğu görülmüştür.

Benzer şekilde yapılan başka bir çalışmada Amerika Birleşik Devletleri'nde beş farklı gökkuşığı alabalığı hattı karşılaştırılmış ve hatlar içindeki ortalama genetik benzerlik oranının 0.17 ile 0.35 arasında olduğu rapor edilmiştir (Overturf ve ark., 2003). Amerika Birleşik Devletleri'nde yapılan çalışma ile bu çalışma karşılaştırıldığında sonuçlar SFA kuluçkahanesinin OGBO değerlerine yakın iken diğer kuluçkahanelerin OGBO değerlerinden düşük olduğu görülmüştür. SFA kuluçkahanesindeki ortalama genetik benzerlik oranının Amerika Birleşik Devletleri'ndeki hatlarla yakın olması SFA kuluçkahanesinin kan tazelemek için yumurta aldığı kuluçkahanenin Türkiye'de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünden kaynaklanmaktadır. Gökkuşığı alabalığı Avrupa'ya has bir balık olmadığından Kuzey Amerika'ya endemik bir tür olduğundan yani gen kaynağı kuzey Amerika olduğundan kültür hatlarında heterozigotluğu düşürmemek ve homozigotluluğu artırmamak için heterozigotluğu yüksek kaynaklardan kan tazelemeye dikkat edilmelidir (Arabacı, 2007).

Gökkuşığı alabalıklarında yapılan diğer çalışmalara bakıldığında Gross ve ark. (2007), Kuzey ve Doğu Avrupa'daki farklı ülkelerde bulunan gökkuşığı alabalığı kültür hatlarındaki genotipik çeşitliliği ve farklılaşmayı Amerika Birleşik Devletleri'nden getirdikleri kültür hattı ile karşılaştırdıkları çalışmada hat içi ortalama genetik benzerlik değerinin 0.63 ile 1.00 arasında değiştiğini ve ortalama 0.92 olduğunu bildirmişlerdir. Benzer şekilde Rusya'da yapılan başka çalışmada üç gökkuşığı alabalığı kültür hattı karşılaştırılmış ve hat içi ortalama genetik benzerlik değerinin 0.89 ile 0.94 arasında

değiştirdiği rapor edilmiştir (Sekste ve ark., 2008). Liu ve ark. (2017), Amerika Birleşik Devletleri'nde gökkuşağı alabalığı yumurta üreticisi olan bir şirkette bulunan sekiz gökkuşağı alabalığı populasyonunun genetik farklılaşmasını karşılaştırmış ve ortalama genetik benzerlik oranını 0.971 olarak bildirmişlerdir. Önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu birlikte değerlendirildiğinde Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin ortalama genetik benzerlik oranlarının yapılan bu çalışmalardan daha iyi düzeyde olduğu söylenebilir.

5.1.1.5. Kuluçkahanelerin birbirlerine göre farklılıklarının (polimorfizmin) değerlendirilmesi

Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre farklılıkları kuluçkahanelerin genetik yakınlık oranları (GYO) ve genetik mesafe oranları (GMO) açısından incelendiğinde genetik olarak birbirlerine en yakın kuluçkahanelerin ELF ve KCM kuluçkahaneleri olduğu görülmüştür (GYO = 0.994). ELF ve KCM kuluçkahanelerinden sonra birbirlerine en yakın olan kuluçkahanelerin sırasıyla BSU ve ELF kuluçkahaneleri (GYO = 0.962), BSU ve KCM kuluçkahaneleri (GYO = 0.961) ile YSU ve KCM (GYO = 0.957) kuluçkahaneleri olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.11).

Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre elde edilen dendrogram incelendiğinde ise kuluçkahanelerin iki ana grup altında toplandığı görülmüştür. Ayrıca YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin genetik mesafelerinin birbirlerine çok yakın olduğu görülmektedir (Şekil 4.3).

YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin genetik olarak birbirlerine çok yakın olmalarının nedeni her dört kuluçkahanelenin de büyük oranda aynı hatta (Hat 4) bulunan anaçları kullanmaları olabilir. Çünkü BSU ve ELF kuluçkahanelerindeki anaçların hepsi KCM kuluçkahanesindeki anaçların % 84'ü (5/6) ve YSU kuluçkahanesindeki anaçların ise % 50'si Hat 4'den oluşmaktadır (Çizelge 5.1). YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi OGBO değerleri açısından genotipik durumları "orta" seviyede olduğu görülmektedir (Çizelge 5.3). Ancak Hat 4'ün OGBO oranı "orta" seviyede olmasına rağmen diğer hatlardan görece daha yüksektir. Ayrıca bu kuluçkahanelerde Hat 4'ün baskın olduğu görülmektedir. Bu nedenle YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerde bulunan Hat 4'ün OGBO

değerlerinin yüksek olması, kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranlarını arttırmış ve dolayısıyla da diğer kuluçkahanelere olan genetik uzaklıklarını yani GMO değerlerini arttırmış olabilir. Bu nedenle genetik olarak birbirlerine çok yakın olan ve anaçları büyük oranda Hat 4'den oluşan bu dört kuluçkahanelerin (YSU, BSU, ELF, KCM) orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca bu kuluçkahaneler “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalıdır. Çünkü GYO değerinin yüksek olması homozigotluğun bir göstergesi olup Tave, (1986) homozigotluğun arttığı popülasyonlarda genetik yakınlığın arttığını ve genotipik çeşitliliğin düştüğünü bildirmiştir.

Çizelge 4.11'e bakıldığında genetik olarak birbirlerine en uzak olan kuluçkahanelerin ise “0.7076” GYO değeri ile BSU ve SFA kuluçkahaneleri olduğu görülmüştür. BSU ve SFA kuluçkahanelerinden sonra birbirlerine genetik olarak en uzak olan kuluçkahanelerin BSU ve OCK kuluçkahaneleri (GYO = 0.787) olduğu belirlenmiştir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine olan genetik mesafelerine göre elde edilen dendrogram incelendiğinde ise YSU ve SFA kuluçkahanelerinin genetik mesafelerinin birbirlerine çok uzak olduğu görülmüştür (Şekil 4.3).

GYO değerlerine göre BSU kuluçkahanesinin OCK ve SFA kuluçkahanelerine en uzak kuluçkahane olduğu görülmektedir (Çizelge 4.11). Ancak tek hattan oluşan ve BSU kuluçkahanesi ile aynı hattı içeren ELF kuluçkahanesinin BSU kuluçkahanesine oranla OCK ve SFA kuluçkahanelerine GYO değerlerine göre daha yakın olduğu görülmektedir.

BSU ve ELF kuluçkahanelerinin aynı hattan oluşmalarına rağmen genetik mesafelerinin farklı olması kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranlarının farklı olmasından kaynaklanabilir (Çizelge 5.3). Çünkü her iki kuluçkahanelerin de “orta” seviyede olmasına rağmen kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında BSU kuluçkahanesinin OGBO değerinin daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu durum ise BSU kuluçkahanesinde homozigotluğun arttığının ve diğer kuluçkahanelerden uzaklaştığının göstergesi olabilir. Bu da kuluçkahanelerin

kuluçkahane ve anaç yönetimi stratejilerindeki farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Nitekim Düzgüneş ve ark., (1996) homozigotluğun arttığı populasyonlarda genotipik varyasyonun düştüğünü bildirmişlerdir.

GYO değerlerine göre OCK ve SFA kuluçkahanelerinin diğer kuluçkahanelere genetik olarak uzak olmasının nedeni ise OCK ve SFA kuluçkahanesinde bulunan hatların OGBO değerlerinin düşük olmasından dolayı olabilir (Çizelge 5.2). Özellikle SFA kuluçkahanesinde bulunan 5 farklı hattın 3 tanesi diğer kuluçkahanelerin hiçbirinde bulunmamaktadır (Çizelge 5.1). Çizelge 5.2’de bu hatların ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında hatların genotipik durumlarının “çok iyi” (Hat 7) ve “iyi” (Hat 2, Hat5) seviyede olduğu görülmektedir. Ayrıca SFA kuluçkahanesinin Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi’nden temin ettikleri Hat 6’nın da OGBO değeri “çok iyi” seviyededir (Çizelge 5.2). Dolayısıyla SFA kuluçkahanesinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük olması, kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranını arttırmış ve de diğer kuluçkahanelere olan genetik uzaklığını yani GMO değerini arttırmış olabilir. Bu durum kuluçkahanelerin kan tazelemeyi zamanında yapmalarının ve kan tazeleme için kullandıkları stokların heterozigotluğunun yüksek olmasının kuluçkahane ve anaç yönetimi açısından önemli olduğunu göstermektedir. Nitekim Ertuğrul ve ark., (2011) populasyonu oluşturan bireylerin genetik benzerlikleri azaldıkça populasyondaki genetik varyansın arttığını bildirmişlerdir. Ayrıca populasyonlarda genetik varyansı arttırmak için kan tazelemeyi önermişlerdir.

Gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerine göre farklılıkları Çizelge 4.11’de verilen GYO ve GMO değerleri ve Şekil 4.3’de verilen dendrogram ile birlikte değerlendirildiğinde, SFA ve OCK kuluçkahanelerinin diğer kuluçkahaneler için “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için sırasıyla birinci ve ikinci öncelikli olarak kullanılabilceğini göstermektedir.

Gökkuşluğu alabalığı kuluçkahanelerinin genetik yakınlık oranlarına göre kuluçkahaneler değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arasında farklılıklar olduğu gözle çarpılmaktadır. Nitekim önceki çalışmalarda da GYO ile ilgili benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Önceki bildirişlere bakıldığında Türkiye’de 20 farklı işletmede üretilen gökkuşığı alabalığı popülasyonlarının genotipik çeşitliliğinin karşılaştırıldığı iki çalışmada (Ağdamar, 2010; Oral 2011) elde edilen dendrogram sonucunda işletmelerin iki gruba ayrıldığı bildirilmiştir. Çalışmalarda gruplar arasındaki genotipik farklılığın nedeni ise bazı işletmelerin yurt dışındaki ticari bir firmadan (Troutlodge) aldığı gözlü yumurtalarla üretim yapmasından dolayı kaynaklandığı belirtilmiştir.

Bu çalışma yapılan önceki çalışmalarla birlikte değerlendirildiğinde benzer sonuçlar göze çarpmaktadır. Çünkü çalışma sonucunda elde edilen dendrograma göre Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde iki ayrı grup belirlenmiş ve gruplardan birini SFA ve OCK kuluçkahaneleri oluşturmuştur. SFA kuluçkahanesi yukarıda bahsedilen çalışmalarda farklı grubu oluşturan işletmeler gibi direk olarak yurt dışından yumurta getirmese de Türkiye’de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünü yapan bir işletmeden sürekli yumurta temin etmektedir. Bu durum ise diğer kuluçkahaneler ile arasında fark oluşmasına neden olmuş olabilir. Ancak OCK kuluçkahanesinin SFA kuluçkahanesine yaklaşım aynı grup oluşturarak diğer kuluçkahanelerden farklılaşmasıyla ilgili olarak elde yeterli veri olmamakla birlikte benzer stokları kullanan kaynakları kan tazelemek veya primer anaç stoku edinmek için kullanmış olabilir. Gökkuşığı alabalıklarının genotipik çeşitliliği ile ilgili yapılan diğer çalışmalarda gökkuşığı alabalıklarının iki ayrı grup oluşturduğuna dair paralel bildirişler de yapılmıştır. İzmir’de yapılan bir çalışmada (Akhan ve Canyurt 2005), Kuzey ve Doğu Avrupa’da yapılan bir çalışmada (Gross ve ark., 2007), İran’da yapılan bir çalışmada (Afzali ve ark., 2013), Hindistan’da yapılan bir çalışmada (Barat ve ark., 2015) ve Amerika Birleşik Devletleri’nde yapılan bir çalışmada (Liu ve ark.,2017) elde edilen dendrogram sonuçlarına göre popülasyonların iki ana gruba ayrıldığını bildirilmişlerdir.

5.1.1.6. Kuluçkahaneler arası farklılıkların (polimorfizmin) genel değerlendirilmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik olarak “Kuluçkahaneler arası genel durumları” ortalama genetik mesafe oranına (OGMO) göre incelendiğinde genel

olarak Van ilindeki kuluçkahaneler arası genotipik çeşitliliğin “iyi” düzeyde olduğu görülmektedir (OGMO; 0.103).

Çizelge 5. 4. Kuluçkahaneler arası OGMO, OGYO değerleri ve genotipik durumları

Kuluçkahaneler	Kuluçkahaneler arası OGMO	Kuluçkahaneler arası OGYO	Genotipik durum
YSU	0.087	0.913	++ (Orta)
BSU	0.130	0.870	+++ (İyi)
KCM	0.072	0.928	++ (Orta)
ELF	0.064	0.936	++ (Orta)
OCK	0.102	0.898	+++ (İyi)
SFA	0.163	0.837	++++ (Çok iyi)
Ortalama	0.103	0.897	+++ (İyi)

Van ilinde bulunan kuluçkahanelerin kuluçkahaneler arası genetik yakınlık ve genetik mesafe ortalamalarına göre kuluçkahaneler arası genel durumları değerlendirildiğinde özellikle SFA kuluçkahanesinin diğer kuluçkahanelere göre genotipik durumunun “çok iyi” durumda olduğu görülmektedir. Çizelge 5.4’e bakıldığında SFA kuluçkahanesinin OGMO değerinin diğer kuluçkahanelere oranla çok düşük olduğu görülmektedir (OGMO; 0.163). SFA kuluçkahanesinin heterozigotluğunun yüksek olması, heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan sürekli kan tazelemesinden kaynaklanabilir. Çizelge 5.1’e bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında hat zenginliği en fazla olan (5 hat) kuluçkahanesinin SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. Çünkü SFA gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanesi farklı farklı dönemlerde sürekli kan tazelediğinden kuluçkahanesinde heterozigotluğu yüksek farklı hatlar bulundurması kuluçkahanesinin ortalama genetik mesafe oranını arttırmış olabilir. Özellikle SFA kuluçkahanesinde bulunan 5 farklı hattın 3 tanesi diğer kuluçkahanelerin hiçbirinde bulunmamaktadır (Çizelge 5.1). Çizelge 5.2’de bu hatların ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında hatların genotipik durumlarının “çok iyi” (Hat 7) ve “iyi” (Hat 2, Hat 5) seviyede olduğu görülmektedir. Ayrıca SFA kuluçkahanesinin Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi’nden temin ettikleri Hat 6’nın da OGBO değeri “çok iyi” seviyededir (Çizelge 5.2). Dolayısıyla SFA kuluçkahanesinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük olması yani heterozigotluklarının yüksek olması kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranını arttırmış olabilir. Nitekim popülasyonu oluşturan bireylerin

genetik benzerlikleri azaldıkça populasyondaki heterozigotluğun arttığı bilinmektedir (Tave, 1986; Düzgüneş ve ark., 1996; Ertuğrul ve ark., 2011).

SFA kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranının “çok iyi” durumda olması ve kan tazelemesi için kullandığı kaynağın genotipik farklılık açısından “iyi” durumda olduğunu ve bünyesinde heterozigotluğu yüksek (OGBO değeri düşük) 4 farklı hat barındırması diğer kuluçkahaneler için “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için birinci tercih olarak kullanılabileceğini göstermektedir. Ayrıca önceki bölümlerde ele alınan SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin düşük olması da bu durumu desteklemektedir (Çizelge 5.3).

Van ilinde bulunan diğer kuluçkahanelerin kuluçkahaneler arası genel durumları değerlendirildiğinde BSU ve OCK kuluçkahaneleri OGMO değerine göre SFA kuluçkahanesinden sonra Van ilindeki genetik çeşitliliği en iyi olan ikinci kuluçkahaneler olduğu görülmektedir (Çizelge 5.4). OGMO değerine göre bu kuluçkahanelerin kan tazelemede ve primer anaç stoku edinmek için ikinci tercih olarak kullanılabilmesini göstermektedir. Ancak BSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranı OGBO; 0.706 (orta) yüksek olduğundan ve BSU kuluçkahanesindeki anaçların tamamı Hat 4’den oluştuğundan bu kuluçkahanesinin kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için kullanılmaması daha uygun olabilir. Çünkü BSU kuluçkahanesinde OGMO değerine (Çizelge 5.4) göre diğer kuluçkahanelerden daha uzak görünmesi önceki bölümlerde bahsedildiği gibi bu kuluçkahane homozigotluğun arttığı ve diğer kuluçkahanelerden uzaklaştığının göstergesi olabilir.

Diğer taraftan OCK kuluçkahanesi SFA kuluçkahanesindeki kadar fazla olmasa da kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranı “iyi” durumdadır (Çizelge 5.3). Ancak OCK kuluçkahanesinin OGBO değerine göre genotipik durumunun “iyi” olmasına rağmen “orta” seviyeye çok yakındır.

Bu durumun nedeni OCK kuluçkahanesinde bulunan Hat 4’den kaynaklandığı düşünülebilir. Çünkü kuluçkahanedeki anaçların % 66’sı Hat 4’den oluşmaktadır. Çizelge 5.2’de Hat 4’ün ortalama genetik benzerlik oranına bakıldığında genotipik durumlarının “orta” seviyede olduğu görülmektedir. Ancak Hat 4’ün kuluçkahane baskın olmasına rağmen heterozigotluğun düşmemiş olması OCK kuluçkahanesinin

zamanında kan tazelediğinin göstergesi olabilir. Çünkü OCK kuluçkahanesinde Hat 4 dışında farklı heterozigotluğu yüksek 2 hat daha bulunmaktadır (Çizelge 5.2). OCK kuluçkahanesinde zamanında kan tazelenmenin yapılmış olması ve kuluçkahanede bulunan farklı hatların (Hat 3, Hat 6) OGBO değerlerinin düşük olması kuluçkahanenin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranını arttırmış dolayısıyla da OGMO değerini de arttırmış olabilir.

BSU kuluçkahanesine oranla OCK kuluçkahanenin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranının “iyi” durumda olması ve bünyesinde heterozigotluğu yüksek (OGBO değeri düşük) 2 farklı hat barındırması diğer kuluçkahaneler için kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için ikinci tercih olarak kullanılabileceğini göstermektedir. Ancak kuluçkahanelerin primer anaç stoku oluşturacakları ve kan tazeleyecekleri kaynakların durumları ilerleyen bölümlerde diğer kriterlerle daha ayrıntılı değerlendirilecektir.

Diğer yandan YSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinde ortalama genetik mesafe oranları açısından sıkıntı olmamakla birlikte BSU, OCK ve SFA kuluçkahanelerine göre OGMO değerleri düşük bulunmuştur (Çizelge 5.4). YSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin genetik olarak birbirlerine çok yakın olmalarının nedeni her üç kuluçkahanenin de büyük oranda aynı hatta (Hat 4) bulunan anaçları kullanmaları olabilir (Çizelge 5.1).

YSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinde baskın olan Hat 4’ün OGBO değerine bakıldığında genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu ancak Hat 4’ün OGBO değerinin diğer hatlardan daha yüksek olduğu görülmektedir (Çizelge 5.2).

Bu nedenle YSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerde bulunan Hat 4’ün baskın olması ve OGBO değerlerinin yüksek olması, kuluçkahanelerin birbirlerine olan ortalama genetik yakınlık oranlarını arttırmış ve dolayısıyla da diğer kuluçkahanelere olan genetik uzaklıklarını yani OGMO değerlerini arttırmış olabilir. Bu nedenle genetik olarak birbirlerine çok yakın olan ve anaçları büyük oranda Hat 4’den oluşan bu üç kuluçkahanenin (YSU, ELF, KCM) orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Bu kuluçkahanelerdeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalı, büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek

seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır. Nitekim bir populasyonda uzun süre akrabalı yetiştirme yapılması halinde populasyonda akrabalı yetiştirmeden kaynaklı olarak homozigotluk artacağından, aynı ırka mensup başka bir sürüden kan tazelemek populasyon içerisindeki genetik varyasyonu genişletebilir (Düzgüneş ve ark., 1996; Tave, 1999; Emsen, 2003).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı değerlendirildiğinde OGMO değerinin 0.06 ile 0.16 arasında değiştiği ve kuluçkahaneler arasında farklılıklar olduğu göze çarpmaktadır. Nitekim önceki çalışmalar da değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı ile ilgili benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Gökkuşığı alabalıklarıyla ilgili yapılan önceki bildirişlere bakıldığında Yousefian ve ark. (2012), İran'da yaptıkları çalışmada 3 gökkuşığı alabalığı hattını karşılaştırmış ve hatlar arasında genetik mesafenin 0.105 – 0.12 arasında değiştiği bildirmişlerdir. İran'da yapılan diğer bir çalışmada (Afzali ve ark., 2013) 3 gökkuşığı alabalığı hattını karşılaştırmış ve hatlar arasında genetik mesafenin 0.049 – 0.104 arasında değiştiği rapor edilmiştir. Yapılan önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu ortalama genetik mesafe oranı açısından birlikte değerlendirildiğinde elde edilen sonuçların İran'da yapılan önceki bildirişler ile benzer olduğu görülmüştür.

Diğer çalışmalara bakıldığında Sekste ve arkadaşları, (2008) Rusya'da yaptıkları çalışmada 3 gökkuşığı alabalığı hattını karşılaştırmış ve hatlar arasında genetik mesafenin 0.010 – 0.024 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Benzer şekilde yapılan başka bir çalışmada Benavente ve ark. (2015), Şili'de yaptıkları çalışmada aynı göle dökülen farklı nehirlerdeki 5 gökkuşığı alabalığı hattını karşılaştırmış ve hatlar arasında genetik mesafenin 0.014 – 0.09 arasında değiştiği rapor etmişlerdir. Önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu birlikte değerlendirildiğinde Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin ortalama genetik mesafe oranlarının yapılan bu çalışmalardan daha iyi düzeyde olduğu görülmüştür.

5.1.1.7. Kuluçkahanelerdeki genotipik farklılıkların (polimorfizmin) diğer genotipik çeşitlilik kriterleri ile değerlendirilmesi

Van ilinde bulunan gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası genotipik farklılıkları ortaya koymak için genotipik farklılıklar (GBO, GFO, GYO ve GMO dışında) F_{ST} , F_{IS} , H_t , N_m gibi farklı kriterlerle değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arasında belirgin bir genotipik farklılığın mevcut olduğu ve gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin birbirlerinden genotipik olarak farklı oldukları görülmüştür. (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13'de verilen gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin genotipik farklılıklarına bakıldığında gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde farklı allellerin olduğu görülmektedir. Ortalama allel sayısı (N_a) en az olan kuluçkahanelerin BSU kuluçkahanesi en fazla olan kuluçkahanelerin ise SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. Diğer yandan etkili allel sayısına (N_e) bakıldığında ise tüm kuluçkahanelerde farklı ama yakın sonuçlar elde edilmesine rağmen en yüksek sayıda etkili allele sahip olan kuluçkahanelerin ortalama allel sayısı en fazla olan SFA kuluçkahanesinde olduğu görülmektedir (Çizelge 4.13).

Çalışılan populasyonlar içerisinde bir lokus içinde allelik farklılıkların olması yani farklı uzunluklarda allellerin görülmesi, bu populasyonların içerisinde genotipik çeşitliliğin varlığına işaret eder (Nei, 1987). Bu nedenle Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde farklı allellerin olması kuluçkahaneler arasında genotipik çeşitliliğin mevcut olduğunun bir göstergesi olabilir.

Gökkuşağı alabalığı kuluçkahaneleri ortalama allel sayılarına ve etkili allel sayılarına göre değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arasında farklılıklar olduğu gözle çarpmaktadır.

Çalışmada kuluçkahanelerin;

- Ortalama allel sayıları (N_a) 1.7 ile 2.0 arasında,
- Etkili allel sayıları (N_e) ise 1.39 ile 1.69 arasında değiştiği bulunmuştur.

Bu durum çalışmada kullanılan primerlerin isabetli olduğunu ve elde edilen allel sayısının kuluçkahaneleri genotipik olarak taramak ve bilgi edinmek için iyi seviyede ve etkili olduğunu göstermektedir. Nitekim önceki çalışmalardan da allel sayısı ile ilgili benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Allel sayısı ile ilgili yapılan önceki bildirişlere bakıldığında Sekste ve ark. (2008), Rusya'da yaptıkları çalışmada üç gökkuşağı alabalığı hattını karşılaştırılmış ve allel sayısının (N_e) 1.09 ile 1.55 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Benzer şekilde yapılan başka bir çalışmada İran'da kültür hatlarının genotipik çeşitliliği karşılaştırılmış (Afzali ve ark., 2013) ve ortalama allel sayısının (N_a) 1.26 ile 1.29 arasında değiştiği etkili allel sayısının (N_e) ise 1.14 ile 1.25 arasında değiştiği rapor edilmiştir. Şili'de gökkuşağı alabalıklarında genotipik çeşitliliği belirlemek için iki farklı nehirde bulunan stoklar ile altı adet farklı çiftlikte bulunan stokların karşılaştırıldığı diğer bir çalışmada, allel sayısının (N_e) 1.15 ile 1.21 arasında değiştiği bildirilmiştir (Carcamo ve ark.,2015).

Önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu ortalama allel sayılarına ve etkili allel sayılarına göre birlikte değerlendirildiğinde elde edilen sonuçların diğer çalışmalardan yüksek olduğu görülmektedir. Ancak diğer bir çalışmada Yousefian ve ark. (2012), İran'ın kuzeyinde farklı orijinli (Norveç Fransa ve Türkiye) 3 gökkuşağı alabalığı hattını karşılaştırmışlar ve bu çalışmadan daha yüksek sonuçlar (allel sayısı, N_a ; 3.0 ile 3.1 arasında) elde etmişlerdir. Ancak araştırmacılar primer kalitesini değerlendirmek için kullanılan başka bir kriter olan % Pol (PIC) değerini vermemişlerdir.

Primerlerin kalitesini gösteren başka bir kriter de % Pol (PIC) değeridir. % Pol (PIC) değeri yüksek olan primerler yüksek bilgi sağlayan primerler olarak değerlendirilir. % Pol (PIC) değeri yüksek olan primerlerle yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçların güvenilirliği yüksektir. Ancak % Pol (PIC) değeri düşük primerler ile popülasyonları taramak elde edilen sonuçların güvenilirliğini düşürecektir. Çalışılan popülasyonda genetik primerlerin ne kadar polimorfik yapıda olduğunu gösteren polimorfik lokus oranı yani % Pol (PIC) değerleri 0.50 (%50)'den büyük ise, yüksek seviyede bilgi sağlayan bir primer olarak değerlendirilmektedir (Botstein ve ark., 1980).

Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde genotipik polimorfizm belirlemek için kullanılan primerlerin % Pol (PIC) değerlerinin çalışılan kuluçkahanelerde farklılık gösterdiği görülmüştür. Çalışmada kullanılan primerlerin % Pol (PIC) değerlerine (Çizelge 4.13) bakıldığında % Pol (PIC) değerlerinin % 50 ile % 100 arasında değiştiği görülmektedir. Bu durum çalışmada kullanılan primerlerin yüksek seviyede bilgi sağlayan primerler olduğunu ve elde edilen sonuçların güvenilirliğinin yüksek olduğunu

göstermektedir. Polimorfik lokus oranı ile ilgili yapılan önceki bildirişlere bakıldığında benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Polimorfik lokus oranı ile ilgili yapılan önceki bildirişlere bakıldığında Johnson ve ark. (2007), Amerika Birleşik Devletleri'nde 4 farklı gökkuşuğu alabalığı anaç hattını 12 adet mikrosatelit primer kullanarak karşılaştırmış ve polimorfik lokus oranının % 46 ile % 88 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Benzer şekilde yapılmış başka bir çalışmada Hindistan'da beş farklı bölgeden toplanan 5 farklı gökkuşuğu alabalığı hattı 15 adet mikrosatelit primer kullanılarak karşılaştırıldığı çalışmada polimorfik lokus oranı % 80 olarak rapor edilmiştir (Barat ve ark., 2015). Önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu polimorfik lokus oranı açısından birlikte değerlendirildiğinde Amerika Birleşik Devletleri'nde ve Hindistan'da yapılan çalışmalarla benzer sonuçlar elde edildiği görülmüştür.

Diğer bir çalışmada, Afzali ve ark. (2013), İran'da Mazandaran eyaletinde kültür hatlarının genotipik çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada İran, Fransa ve Norveç menşeli 3 gökkuşuğu alabalığı anaç hattını 12 adet RAPD primeri kullanarak karşılaştırmış ve polimorfik lokus oranının % 25.3 ile % 37.7 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. İran'dan yapılan bu bildiriş ile bu çalışma karşılaştırıldığında polimorfik lokus oranı İran'da yapılan çalışmadan daha yüksek olduğu görülmüştür.

Sonuç olarak çalışmada kullanılan primerlerin % Pol (PIC) değerlerine bakıldığında tüm primerlerin yüksek seviyede bilgi sağlayan primerler olduğu ve primerlerin kalite kriterlerinin iyi olduğu görülmektedir. Çünkü çalışmada kullanılan farklı gökkuşuğu alabalığı hatlarının mtDNA gen bölgesinden sağlanan primerler, kalıtımda önemli olan mtDNA'daki polimorfizm esas alınarak elde edilmiştir. Genetik farklılıkların tespiti için mtDNA iyi bir kaynaktır. Ayrıca haploid (n kromozom) ve maternal (anasal) olduğu için allozimler veya mikrosatelit gibi markırlardan daha fazla bilgi içerir. Önceki çalışmalarda ise popülasyonlardaki genetik farklılıkların tespiti için genellikle mikrosatelit primerler veya RAPD primerler kullanılmıştır.

Shannon çeşitlilik indeks değerinin yüksek olması (1.00'a yakın) popülasyondaki genotipik çeşitliliğinin yüksek olduğunu göstermektedir (Shannon ve Weaver 1949) Gökkuşuğu alabalığı kuluçkahaneleri Shannon çeşitlilik indeks değerlerine göre değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arasında farklar olduğu göze

çarpmaktadır. Çalışmada elde edilen Shannon çeşitlilik indeks değerlerine bakıldığında Shannon çeşitlilik indeks değerlerinin 0.32 ile 0.57 arasında değiştiği ve kuluçkahanelerdeki genotipik çeşitliliğin yüksek olduğu görülmüştür (Çizelge 4.13).

Önceki bildirişlere bakıldığında İran'da Mazandaran eyaletinde kültür hatlarının genotipik çeşitliliğini belirlemek için yapılan bir çalışmada (Afzali ve ark., 2013), Shannon çeşitlilik indeks değerlerinin ortalama 0.17 olduğunu ve bu değer 0.16 ile 0.22 arasında değiştiğini bildirilmiştir. Afzali ve ark. (2013), tarafından yapılan çalışma ile bu çalışma sonuçları karşılaştırıldığında elde edilen sonuçların İran'da yapılan çalışmadan daha yüksek olduğu görülmüştür.

Farklı kuluçkahaneler (populasyonlar) arasında her generasyondaki göç eden bireylerin gerçek sayısı, gen akışı (Nm, gene flow) ile ifade edilmektedir. Gen akışı ile halihazırda var olan gen frekanslarında artış veya azalışlar meydana gelebilir. Örneğin önceden populasyonda bulunmayan bir gen, göç yoluyla populasyona dahil olabilir. Ya da populasyon dahilinde belli genetik özelliklere sahip olan bireyler göç ederek o populasyonda, kendilerinde bulunan genlerin kalmamasına sebep olabilirler. Farklı kuluçkahaneler arasındaki anaç ya da anaç adaylarının alışverişi göç eden bireylerin göstergesidir. Kuluçkahanelerde belirlenen gen akışı (Nm) değerinin 1.00 olması, kuluçkahaneler arasında her generasyonda bir bireyin göç ettiğini göstermektedir (Hartl ve Clark 2007).

Kuluçkahanelerin gen akışına bakıldığında kuluçkahaneler arasında her generasyon 1.81 bireyin göç ettiği görülmüştür (Çizelge 4.13). Gen akışı ile ilgili önceki çalışmalarda da benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Önceki bildirişlere bakıldığında Yousefian ve ark. (2012), İran'ın kuzeyinde farklı orijinli (Norveç Fransa ve Türkiye) 3 gökkuşuğu alabalığı hattını karşılaştırmış ve her generasyonda 2.88 ile 3.78 arasında bireyin göç ettiğini bildirmişlerdir. Benzer şekilde İran'da kültür hatlarının genotipik çeşitliliğinin karşılaştırıldığı başka bir çalışmada (Afzali ve ark., 2013), her generasyonda 0.17 bireyin göç ettiği bildirilmiştir. Önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu birlikte değerlendirildiğinde elde edilen sonuçların Afzali ve ark. (2013), tarafından yapılan çalışmadan yüksek olduğu, Yousefian ve ark. (2012), tarafından yapılan çalışmadan ise düşük olduğu görülmüştür.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi ve kuluçkahaneler arası genotipik farklılıkları ortaya koymak için hesaplanan H_o , H_s ve H_t değerleri tartışılmamıştır. Çünkü bu değerler Fiksasyon (homozigotlaşma) indekslerini (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST}) elde etmek için kullanılmıştır.

Fiksasyon (homozigotlaşma) indekslerinden F_{IS} ve F_{IT} parametreleri genellikle homozigotlaşma indeksleri olarak adlandırılmakta olup negatif veya pozitif değerler alabilmektedirler. F_{IS} ve F_{IT} değerleri teorik olarak 0 ile 1 arasında değişmekte olup, negatif bulunması heterozigotluğun arttığını, sıfır değerine yakın bulunması Hardy-Weinberg dengesinin varlığını, pozitif olarak bulunması ise homozigotluğun arttığını ifade etmektedir (Wright 1978).

F_{IS} değeri kuluçkahane içi OGBO değerine benzer şekilde bir anacın diğer anaçlara olan durumunu (heterozigotluk ve homozigotluk) değerlendirmek için kullanılırken, F_{IT} değeri de bir anacın tüm diğer (kuluçkahanelerdeki) anaçlarla olan ve yine OGBO değerine benzer şekilde heterozigotluk ve homozigotluk hakkında bilgi veren bir kriterdir. Ancak F_{IS} ve F_{IT} değerleri ekstradan populasyonun Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığı hakkında da kıymetli bilgiler içermektedir. Yine F_{IS} ve F_{IT} değerleri birlikte değerlendirildiğinde anaçların hem kuluçkahane içindeki diğer anaçlara hem de diğer kuluçkahanelerdeki bütün anaçlarla kıyaslaması yapılarak kuluçkahane içindeki durumları (heterozigotluk, homozigotluk ve Hardy-Weinberg dengesi) ve diğer kuluçkahanelere kıyasla ne durumda oldukları hakkında süratli ve keskin bilgilere ulaşabilmek mümkün olmaktadır.

Ayrıca F_{ST} ile elde edilen tek değer ile de tüm kuluçkahaneler hakkında bir değerlendirme yapabilmek mümkün olabilmektedir. Örneğin SFA kuluçkahanesi hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından en düşük negatif değere sahiptir (-0.34/-0.05). Bu durum SFA kuluçkahanesinde heterozigotluğun en iyi durumda olduğunu gösterirken değerlerin sıfıra yakın olması kuluçkahanelenin Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir. Nitekim F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin negatif bulunması heterozigotluğun arttığını, sıfır değerine yakın bulunması ise Hardy-Weinberg dengesinin varlığını ifade etmektedir (Wright 1978).

YSU ve ELF kuluçkahaneleri ise negatif F_{IS} değerine (-0.07) sahip olup pozitif F_{IT} değerine (0.16) sahiptirler ve bu iki değer de diğer kuluçkahanelere oranla sıfıra en

çok yakın olan değerlerdir (Çizelge 4.13). Bu durum kuluçkahanelerin kendi içinde heterozigot olduğunu ancak diğer kuluçkahanelerle de benzeşmekle birlikte homozigotluğun düşük olduğunu ayrıca her iki kuluçkahanelenin de Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir.

Diğer yandan 0.21 F_{IS} değeri ve 0.38 F_{IT} değeri ile BSU kuluçkahanesinin homozigotluğunun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında en yüksek durumda olduğunu göstermektedir. Bunu sırası ile KCM (0.17/0.35) ve OCK (0.1/0.29) kuluçkahaneleri takip etmektedir (Çizelge 4.13). BSU, KCM ve OCK kuluçkahanelerinde hem F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması hem de görece daha yüksek olması diğer üç kuluçkahaneye (YSU, ELF, SFA) kıyasla kuluçkahane ve anaç yönetimi noktasında farklı uygulamalar yapıldığının göstergesi olabilir. Nitekim daha önceki kriterlerle de (kuluçkahane içi OGBO) değerlendirildiğinde heterozigotluğun en düşük olduğu ve homozigotluğun arttığı kuluçkahanelerin BSU kuluçkahanesi olduğu görülmüştür. Ayrıca F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olarak bulunması homozigotluğun arttığını ifade etmektedir (Wright 1978).

Ancak F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin dezavantajı ise GBO ve GFO değerleri gibi kuluçkahanelerdeki hatları belirlemek için kullanılamamasıdır. GBO ve GFO değerleri ile belirlediğimiz hatlarla, F_{IS} ve F_{IT} değerleri sırasıyla en yüksek olan BSU, KCM ve OCK kuluçkahanelerindeki homozigotluğu ve SFA kuluçkahanesinde görülen en yüksek heterozigotluğu açıklayabiliriz.

SFA kuluçkahanesinin hem F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin hem de kuluçkahane içi OGBO oranının “çok iyi” olması yani kuluçkahanedeki heterozigotluğunun yüksek olması, heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan sürekli kan tazelemesinden kaynaklanabilir. Çizelge 5.1’e bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında hat zenginliği en fazla olan kuluçkahanelerin SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. Çizelge 5.2’de bu hatların ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında hatların genotipik durumlarının “çok iyi” ve “iyi” seviyede olduğu görülmektedir. SFA kuluçkahanesinin bünyesinde bulunan OGBO değeri “orta” seviyede tek hat olan Hat 4 ise kuluçkahanelerin OGBO değerini çok etkilememiştir. Çünkü SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranı “çok iyi” durumdadır (Çizelge 5.3). Dolayısıyla SFA kuluçkahanesinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük

olması, kuluçkahanein kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranını yani kuluçkahanein heterozigotluğunu arttırmış olabilir. Nitekim popülasyonu oluşturan bireylerin genetik benzerlikleri azaldıkça popülasyon içersindeki genetik varyasyonun artabileceği bilinmektedir (Emsen, 2003; Ertuğrul ve ark., 2011).

Kuluçkahane içi OGBO değerlerine göre OCK kuluçkahanesi SFA kuluçkahanesinden sonra Van ilindeki genetik çeşitliliği en iyi olan ikinci kuluçkahanedir Ancak OCK kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerine göre genotipik durumunun “iyi” olmasına rağmen “orta” seviyeye çok yakındır (Çizelge 5.3). Ayrıca OCK kuluçkahanesinin F_{IS} ve F_{IT} değerleri (Çizelge 4.13) her ne kadar sıfıra yakın ve Hardy-Weinberg dengesinde olmasına rağmen tüm değerler (F_{IS} , F_{IT} ve kuluçkahane içi OGBO) birlikte değerlendirildiğinde OCK kuluçkahanesinde homozigotluğu arttıran bir durum görülmektedir. Bu durumun nedeni OCK kuluçkahanesinde bulunan Hat 4'den kaynaklandığı düşünülebilir. Çünkü kuluçkahanedeki anaçların % 66'sı Hat 4'den oluşmaktadır (Çizelge 5.1). Çizelge 5.2'de Hat 4'ün ortalama genetik benzerlik oranına bakıldığında genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu görülmektedir. Ancak Hat 4'ün kuluçkahanedeki baskın olmasına rağmen heterozigotluğun düşmemiş olması OCK kuluçkahanesinin zamanında kan tazelediğinin göstergesi olabilir. Kuluçkahanedeki içindeki homozigotluğun artmaması kuluçkahanelerin kan tazelemek için yararlandıkları hatların OGBO değerlerinin “çok iyi” (Hat 6) ve “iyi” (Hat 3) seviyede olmasından kaynaklanabilir (Çizelge 5.2). Ancak OCK kuluçkahanesinin F_{IS} , F_{IT} ve kuluçkahane içi OGBO değerlerine birlikte bakıldığında kan tazelemenin kısa vadede yararlı olduğu ancak orta ve uzun vadede tekrardan kan tazelemeye ihtiyaç duyulabileceğini göstermektedir. Bu nedenle OCK kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Nitekim Ertuğrul ve ark., (2011) popülasyonlarda genetik varyansı arttırmak için kan tazelemeyi önermişlerdir. Ayrıca OCK kuluçkahanesi büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınmalıdırlar.

Diğer yandan BSU ve KCM kuluçkahanelerinin F_{IS} ve F_{IT} değerleri sıfıra yakın olmakla beraber kuluçkahanelerin Hardy-Weinberg dengesinde olduğu görülmektedir

(Çizelge 4.13). Kuluçkahane içi OGBO değerleri açısından bakıldığında ise kuluçkahanelerin genotipik durumlarının “orta” seviyede olduğu görülmektedir (Çizelge 5.3). Ancak her iki kuluçkahane de Hat 4’ün baskın olması (Çizelge 5.1) ve Hat 4’ün OGBO değerinin diğer hatlara oranla yüksek olması (Çizelge 5.2) orta ve uzun vadede kan tazelemeyi gerektirebilir. Çünkü kuluçkahaneler arasında F_{IS} ve F_{IT} değerleri (Çizelge 4.13) ve kuluçkahane içi OGBO değerleri (Çizelge 5.3) en yüksek olan kuluçkahaneler bu ikisidir. Bu kuluçkahanelerin F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin ve OGBO değerinin diğer kuluçkahanelere oranla daha yüksek çıkması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetimi ile ilgili olabilir. Bunun nedeni primer anaç stoku kurulurken yumurtlamaya etkin bir şekilde katılan etkin anaç sayısının düşük tutularak işe başlanması ve üretime düşük etkin anaç sayısı ile devam edilmesi olabilir.

Dolayısıyla BSU ve KCM kuluçkahanelerinin F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması ve OGBO değerlerinin diğer kuluçkahanelere oranla görece daha yüksek olması BSU ve KCM kuluçkahanelerinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca bu kuluçkahanelerdeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalıdır. Bu kuluçkahaneler ayrıyeten büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılmalıdırlar. Nitekim F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması ve GBO değerinin yüksek olması homozigotluğun bir göstergesi olup Tave, (1986) homozigotluğun arttığı populasyonlarda genotipik çeşitliliğin düştüğünü bildirmiştir.

Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki F_{IS} ve F_{IT} değerlerine (Çizelge 4.13) bakıldığında değerlerin sifıra yakın olmasından dolayı kuluçkahanelerin Hardy-Weinberg dengesinde olduğu görülmüştür. Nitekim önceki çalışmalarda da F_{IS} ve F_{IT} değerleri ile ilgili benzer sonuçları içeren bildirişler vardır.

Önceki bildirişlerde ve bu çalışmada belirtilen F_{IS} ve F_{IT} değerleri aşağıda Çizelge 5.5’ de verilmiştir.

Çizelge 5. 5. Gökkuşuğu alabalıklarında yapılan farklı çalışmalarda elde edilen F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerleri

Çalışma yapıldığı ülke	Çalışmayı yapan araştırmacılar	F_{IS} değerleri*	F_{IT} değerleri*	F_{ST} değeri	Hartl ve Clark (2007)'a göre genotipik çeşitlilik
İran (Mazandaran)	Afzali ve ark., 2013	—	—	0.299	Çok Yüksek
Türkiye (Van)	Bu Çalışma	(-0.34) – (0.21)	(-0.05) – (0.38)	0.21	Yüksek
Şili	Carcamo ve ark., 2015	—	—	0.222	Yüksek
Amerika	Overturf ve ark., 2003	—	—	(0.03) – (0.20)	Yüksek
Batı Avustralya	Ward ve ark., 2003	(-0.33) – (0.35)	—	0.19	Yüksek
Kuzey ve Doğu Avrupa'da bazı ülkeler	Gross ve ark., 2007	(-0.15) – (0.11)	—	0.14	Orta
Amerika	Liu ve ark., 2017	—	—	0.13	Orta
Amerika	Winans ve ark., 2018	(-0.03) – (0.11)	—	0.129	Orta
Norveç (Bergen)	Glover, 2008	—	—	0.127	Orta
Hindistan (Bhimtal)	Barat ve ark., 2015	(-0.26) – (0.94)	—	0.12	Orta
Danimarka, Finlandiya ve Norveç	Lulla ve ark., 2006	—	—	0.10	Orta
Amerika (Kearneysville)	Silverstein ve ark., 2004	(-0.108) – (0.38)	0.154	0.089	Orta
İtalya (Trentino)	Faccenda ve ark., 2018	(-0.13) – (0.076)	—	0.077	Orta
Kuzey İran	Yousefian ve ark., 2012	(0.008) – (0.215)	—	0.072	Orta
Türkiye (Muğla)	Oral, 2011	(0.052)	—	0.061	Orta
Türkiye (Muğla)	Ağdamar, 2010	(0.22)	—	0.06	Orta
Kanada (Ontario)	Ferguson ve ark., 1993	—	—	0.06	Orta
Yunanistan	Martsikalis ve ark., 2014	—	—	0.056	Orta
Türkiye (Erzurum)	Aksakal, 2009	(0.076)	0.012	0.056	Orta
Amerika	Johnson ve ark., 2007	—	—	0.023	Düşük
Güney Amerika (Patagonya)	Benavente ve ark., 2015	—	—	0.021	Düşük

*Temsil edilen populasyonlar için minimum ve maksimum değerler.

Çizelge 5.5’de belirtilen önceki bildirişler ve bu çalışma sonucu F_{IS} değeri açısından birlikte değerlendirildiğinde elde edilen sonuçların Yousefian ve ark. (2012), tarafından yapılan bildirişten daha iyi seviyede olduğu, diğer bildirişlerle ise benzer sonuçlar verdiği ve sonuçların sıfır değerine yakın olduğundan dolayı bu çalışmada olduğu gibi çalışılan populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu görülmektedir.

Ancak Aksakal (2009), Ağdamar (2010) ve Oral (2011) tarafından yapılan bildirişlerde F_{IS} değeri tek değer olarak verildiğinden ayrıca Aksakal (2009) ile Silverstein ve ark. (2004), tarafından yapılan bildirişlerde F_{IT} değeri tek değer olarak verildiğinden bildirdikleri sonuçları bu çalışma sonuçları ile karşılaştırma imkanı bulunamamıştır.

Tüm kuluçkahanelerdeki populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın belirlenmesinde kullanılan F_{ST} değerine (0.21) bakıldığında kuluçkahaneler arasında genetik farklılaşmanın yüksek olduğu görülmüştür (Çizelge 5.5). Bu durum kuluçkahanelerdeki heterozigotluk yüzdesinin dolayısı ile kuluçkahanelerdeki genotipik çeşitliliğin iyi durumda olduğunu göstermektedir. Ayrıca F_{ST} değeri Hartl ve Clark (2007)’a göre yapılan sınıflandırılma ile değerlendirildiğinde de gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerindeki genotipik çeşitliliğin yüksek durumda olduğu belirlenmiştir ($0.15 < F_{ST}(0.21) < 0.25$).

Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde genetik farklılaşmanın belirlenmesinde kullanılan F_{ST} oranı değerlendirildiğinde kuluçkahaneler arasında genetik farklılaşmanın olduğu göze çarpmaktadır. Ancak populasyonları sadece F_{ST} değeri ile değerlendirmek akıllıca bir yaklaşım olmayabilir. Faraza incelenen kuluçkahanelerden birisinde heterozigotluğun yüksek olması heterozigotluğu arttıracığından F_{ST} değerini de arttırır. Ama bu durum diğer kuluçkahanelerin iyi durumda olduğunu göstermez. Nitekim bu çalışmada F_{ST} değeri 0.21 olarak bulunmuştur. Buraya kadar elde edilen sonuçlara bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında SFA kuluçkahanesi heterozigotluğu ve hat çeşitliliği en yüksek olan kuluçkahane olduğu görülmektedir. Ancak F_{ST} değeri SFA kuluçkahanesi dahil edilmeden hesaplanacak olursa bu değer % 32 oranında azaldığı ve F_{ST} değerinin 0.144’e düştüğü görülmüştür. Bu nedenle kuluçkahaneler değerlendirilirken tüm genetik kriterler (OGBO, OGBO’ya göre kuluçkahanelerdeki hatların belirlenmesi, F_{ST} , F_{IS} ve F_{IT}) birlikte değerlendirilmelidir.

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşma ile ilgili yapılan önceki çalışmalarda elde edilen F_{ST} oranı değerlendirildiğinde populasyonlarda genetik farklılaşmanın olduğu ile ilgili benzer sonuçları içeren bildirişler vardır. Önceki bildirişlerde belirtilen F_{ST} değerleri yukarıda Çizelge 5.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.13’de belirtilen önceki bildirişlere bakıldığında; Afzali ve ark. (2013), İran’da Mazandaran eyaletinde kültür hatlarının genotipik çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada İran, Fransa ve Norveç menşeli 3 gökkuşağı alabalığı anaç hattını karşılaştırmış ve F_{ST} (G_{ST}) değerini 0.299 olarak bildirmişlerdir. Afzali ve ark. (2013), tarafından yapılan çalışma ile bu çalışma sonuçları karşılaştırıldığında elde edilen sonuçların İran’da yapılan çalışmadan daha düşük olduğu ancak bu çalışmada elde edilen değer de ihmal edilemeyecek düzeyde yüksek olduğu görülmektedir. Ancak Afzali ve ark. (2013), tarafından yapılan çalışmada hesapladıkları Shannon çeşitlilik indeks değerine (I) bakıldığında bu değer düşük olduğu (0.17) görülmektedir. Bir populyonda Shannon çeşitlilik indeks değerinin (I) yüksek olması populyondaki genotipik çeşitliliğinin yüksek olduğunu göstermektedir. Ancak bu çalışmada I değeri yüksek olmamasına rağmen F_{ST} (G_{ST}) değeri (0.299) çok yüksek bildirilmiştir. F_{ST} (G_{ST}) değerinin yüksek, Shannon çeşitlilik indeks değerinin düşük olması beklenen durumla örtüşmemektedir. Ayrıca OGBO, OGBO’ya göre kuluçkahanelerdeki hatların belirlenmesi, F_{IS} ve F_{IT} gibi kriterlerin verilmemesi nedeni ile Afzali ve ark. (2013), tarafından elde edilen sonuçlar ile bu çalışma sonuçlarını kıyaslamak doğru olmayabilir.

F_{ST} değeri ile ilgili önceki benzer bildirişlere bakıldığında; Şili’de gökkuşağı alabalıklarındaki genotipik çeşitliliği belirlemek için iki farklı nehirde bulunan stoklar ile altı adet farklı çiftlikte bulunan stoklar karşılaştırılmış ve 8 populyon arasındaki F_{ST} değeri 0.222 olarak rapor edilmiştir (Carcamo ve ark., 2015). Diğer bir çalışmada Amerika Birleşik Devletleri’nde beş farklı gökkuşağı alabalığı hattı karşılaştırılmış ve gökkuşağı alabalığı hatları arasındaki F_{ST} değerlerinin 0.03 ile 0.20 arasında değiştiği bildirilmiştir (Overturf ve ark., 2003). Benzer şekilde yapılan başka bir çalışmada Ward ve ark. (2003), Batı Avustralya’da dört gökkuşağı alabalığı populyonunu karşılaştırmış ve F_{ST} değeri 0.19 olduğunu bildirmişlerdir.

Gökkuşağı alabalıklarının gen kaynağı ülkemizde olmamasına rağmen çalışmada elde edilen F_{ST} değerinin iyi düzeyde olduğu görülmektedir (Çizelge 5.5). Diğer yandan gökkuşağı alabalığı Kuzey Amerika’dan Pasifik Okyanusu’na dökülen ırmaklara

endemiktir. Bu nedenle Amerika'da yapılan çalışmalarda F_{ST} değeri gökkuşağı alabalıklarının gen kaynağının Kuzey Amerika olmasından dolayı yüksek olması beklenmektedir. Ancak Amerika'da yapılan çalışmalara bakıldığında F_{ST} değeri orta düzeyde hatta bazı çalışmalarda düşük düzeyde bulunmuştur. Amerika'da yapılan çalışmalarda F_{ST} değerinin beklenen seviyelerde olmaması çalışmaların kültür hatlarına yoğunlaşmasından ötürü olabilir.

Overturf ve ark. (2003), Ward ve ark. (2003), ve Carcamo ve ark. (2015), tarafından yapılan bildirişlerle ve bu çalışmanın sonuçları birlikte değerlendirildiğinde F_{ST} değerinin bu çalışmada olduğu gibi yüksek olduğu görülmüştür. Ancak Çizelge 5.5'de diğer araştırmacıların bildirişlerine bakıldığında Gross ve ark. (2007), Liu ve ark. (2017), Winans ve ark. (2018), Glover (2008), Barat ve ark. (2015), Lulla ve ark. (2006), Silverstein ve ark. (2004), Faccenda ve ark. (2018), Yousefian ve ark. (2012), Oral (2011), Ağdamar (2010), Ferguson ve ark. (1993), Martsikalis ve ark. (2014), Aksakal (2009), Johnson ve ark. (2007), Benavente ve ark. (2015) tarafından yapılan çalışmalarda bildirilen F_{ST} değerlerinin 0.021 ile 0.14 arasında değiştiği ve Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen F_{ST} değerinden düşük olduğu görülmüştür. Ancak araştırmacılar F_{ST} değerini böyle bildirmelerine rağmen OGBO, OGBO'ya göre kuluçkahanelerdeki hatların belirlenmesi, F_{IS} ve F_{IT} gibi kriterlerin hepsini birlikte değerlendirmeye katmadıkları için (Bazı araştırmacılar sadece F_{IS} değerini katmışlardır) bu bildirişler ile yapılan bu çalışma sonuçlarını karşılaştırmak doğru olmayabilir.

Çalışmada elde edilen F_{ST} değerine bakıldığında Van ilindeki kuluçkahaneler arasında genetik farklılaşmanın yüksek olduğu ve kuluçkahaneler arasında genotipik çeşitliliğin iyi durumda olduğu görülmektedir. Ancak F_{ST} değeri tek başına kuluçkahanelerin genotipik durumlarını belirlemek için yeterli olmayıp OGBO, OGBO'ya göre kuluçkahanelerdeki hatların belirlenmesi, F_{IS} ve F_{IT} gibi kriterlerle kuluçkahaneler değerlendirilmelidir.

SFA gökkuşağı alabalığı kuluçkahanesinin farklı farklı dönemlerde sürekli kan tazelemesi diğer kuluçkahanelere kıyasla genotipik çeşitliliğinin daha yüksek olmasına neden olmuş olabilir. Ayrıca SFA kuluçkahanesinin heterozigotluğu ve hat çeşitliliği yüksek bir kaynaktan (Troutlodge) sürekli kan tazelemesi kuluçkahanesinin heterozigotluğunu arttırdığından bu durum Van ilindeki kuluçkahanelerin F_{ST} değerini

de arttırmış olabilir. Ancak sadece bu yüksek F_{ST} değeri ile bölgedeki kuluçkahaneleri değerlendirmek yeterli değildir. Ayrıca bu çalışmada 0.21 olarak bulunan F_{ST} değeri SFA kuluçkahanesi dahil edilmeden hesaplanacak olursa bu değer % 32 oranında azaldığı ve F_{ST} değerinin 0.144'e düştüğü görülmektedir. Bu nedenle diğer kuluçkahaneleri değerlendirebilmek için OGBO, F_{IS} ve F_{IT} gibi değerlere göre de kuluçkahanelerin birlikte değerlendirilmesi gerekmektedir. Çünkü F_{ST} değeri yüksek olsa da bazı kuluçkahanelerin homozigotluğu yüksek olabilir. F_{ST} değerinin yüksek olması tüm kuluçkahaneler için orta ve uzun vadede homozigotluk sorunu olmayacağı anlamına gelmez. Bu nedenle bu gibi durumları tam olarak ortaya koymak için OGBO, OGBO'ya göre kuluçkahanelerdeki hatların belirlenmesi, F_{ST} , F_{IS} ve F_{IT} değerleri birlikte değerlendirilmelidir.

Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahaneleri çalışmada belirlenen ve buraya kadar olan önceki tüm kriterlerle birlikte değerlendirildiğinde;

SFA kuluçkahanesi, kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri, OGBO değerine göre belirlenen hatlar, F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde bölgedeki kuluçkahaneler arasında genotipik durumu en iyi olan kuluçkahane olduğu görülmektedir. SFA kuluçkahanesinin heterozigotluğunun yüksek olması, heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan (Troutlodge) sürekli kan tazelemesinden kaynaklanabilir.

Çizelge 5.1'e bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında hat zenginliği en fazla olan (5 hat) kuluçkahanesinin SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. Çizelge 5.2'de bu hatların ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında hatların genotipik durumlarının “çok iyi” (Hat 7, Hat 6), “iyi” (Hat 2, Hat5) ve “orta” (Hat 4) seviyede olduğu görülmektedir. SFA kuluçkahanesinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük olması, kuluçkahanesinin heterozigotluğunu arttırmış olabilir. SFA kuluçkahanesinin % 33 (2/6) oranında bünyesinde bulunan ve OGBO değeri “orta” seviyede olan Hat 4 ise kuluçkahanesinin F_{IS} ve F_{IT} değerlerini, kuluçkahane içi OGBO değerini ve kuluçkahaneler arası OGMO değerini çok etkilememiştir. Çünkü SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değeri (0.171) ve kuluçkahaneler arası OGMO değeri (0.163) “çok iyi” durumdadır. Ayrıca SFA kuluçkahanesi hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından en düşük negatif değere sahiptir (-0.34/-0.05). Bu durum SFA kuluçkahanesinde heterozigotluğun en iyi durumda olduğunu gösterirken değerlerin

sıfıra yakın olması kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir.

SFA kuluçkahanesinin;

- Kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değerinin “çok iyi” durumda olması,
- Hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından en düşük negatif değere sahip olması
- Kan tazelemesi için kullandığı kaynağın genotipik farklılık açısından iyi durumda olması ve
- Bünyesinde heterozigotluğu yüksek (OGBO değeri düşük) 4 farklı hat barındırması

SFA kuluçkahanesinin diğer kuluçkahaneler için “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için birinci tercih olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

OCK kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri, OGBO değerine göre belirlenen hatlar açısından bölgedeki diğer kuluçkahanelerden (YSU, BSU, KCM, ELF) iyi olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde OCK kuluçkahanesinde hem F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması hem de diğer üç kuluçkahaneye (YSU, ELF, SFA) kıyasla daha yüksek olması kuluçkahane ve anaç yönetimi noktasında farklı uygulamalar yapıldığının göstergesi olabilir. Ayrıca OCK kuluçkahanesinin OGBO değerine göre genotipik durumu “iyi” olmasına (0.488) rağmen “orta” seviyeye çok yakındır.

Bu durumun nedeni OCK kuluçkahanesinde bulunan Hat 4’den kaynaklandığı düşünülebilir. Çünkü kuluçkahanedeki anaçların % 66’sı Hat 4’den oluşmaktadır. Çizelge 5.2’de Hat 4’ün ortalama genetik benzerlik oranına bakıldığında genotipik durumlarının “orta” seviyede olduğu görülmektedir. Ancak Hat 4’ün kuluçkahanede baskın olmasına rağmen heterozigotluğun düşmemiş olması OCK kuluçkahanesinin zamanında kan tazelediğinin göstergesi olabilir. Çünkü OCK kuluçkahanesinde Hat 4 dışında heterozigotluğu yüksek 2 farklı hat daha bulunmaktadır (Çizelge 5.2). OCK kuluçkahanesinde zamanında kan tazelemenin yapılmış olması ve kuluçkahanede bulunan farklı hatların (Hat 3, Hat 6) OGBO değerlerinin düşük olması kuluçkahanesinin

kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranını arttırmış dolayısıyla da OGMO değerini arttırmış olabilir.

Ancak OCK kuluçkahanesinde 0.1 F_{IS} değeri ve 0.29 F_{IT} değeri homozigotluğun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında yüksek durumda olduğunu göstermektedir. Kuluçkahane içi OGBO değerine ve kuluçkahaneler arası OGMO değerine göre homozigotluğun artmaması kuluçkahanelerin kan tazelemek için yararlandıkları hatların OGBO değerlerinin “çok iyi” (Hat 6) ve “iyi” (Hat 3) seviyede olmasından ötürü olabilir (Çizelge 5.2). OCK kuluçkahanesinin F_{IS} ve F_{IT} değerleri (Çizelge 4.13) her ne kadar sıfıra yakın ve Hardy-Weinberg dengesinde olmasına rağmen tüm değerler (F_{IS} , F_{IT} ve kuluçkahane içi OGBO) birlikte değerlendirildiğinde OCK kuluçkahanesinde homozigotluğu arttıran bir durum görülmektedir.

Bu durumun nedeni OCK kuluçkahanesinin geçmiş dönemlerde yaptığı kan tazelemenin yeterli olmamasından kaynaklanabilir. Çünkü OCK kuluçkahanesinin F_{IS} , F_{IT} ve kuluçkahane içi OGBO değerlerine birlikte bakıldığında kan tazelemenin kısa vadede yararlı olduğu ancak orta ve uzun vadede tekrardan kan tazelemeye ihtiyaç duyulabileceğini göstermektedir. Bu nedenle OCK kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca OCK kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılmalıdır.

YSU kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri açısından “orta” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde YSU kuluçkahanesinin F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olduğu F_{IT} değerine (0.16) ise pozitif olduğu görülmektedir. Bu durum YSU kuluçkahanesinin kendi içinde heterozigot olduğunu ancak diğer kuluçkahanelerle de benzeşmekle birlikte homozigotluğun çok yüksek olmadığı ayrıca kuluçkahanesinin de Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir. YSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değeri “orta” seviyede olması ve F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olup F_{IT} değerine (0.16) ise pozitif olması kuluçkahanedeki belirlenen ve sayıları yüzdesel olarak eşit olan Hat 1 ve Hat 4’den kaynaklanabilir. Çünkü YSU kuluçkahanesinde belirlenen Hat 4’ün OGBO

değerine bakıldığında genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu ancak Hat 4’ün OGBO değerinin diğer hatlardan daha yüksek olduğu görülmektedir.

Bu durum yani Hat 4’ün OGBO değerlerinin yüksek olması, YSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerini arttırmış ve dolayısıyla da diğer kuluçkahanelere (OCK, SFA) olan genetik uzaklığını yani OGMO ve F_{IT} değerini değerlerini arttırmış olabilir. F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olup YSU kuluçkahanesinin kendi içinde heterozigot olmasının nedeni ise sadece bu kuluçkahane bulunan ve belirlenen hatların OGBO değerine göre genotipik durumu “iyi” seviyede olan Hat 1’den kaynaklanmış olabilir. Ancak Hat 1’in OGBO değerine göre genotipik durumu “iyi” seviyede olmasına rağmen “orta” seviyeye çok yakındır. Bu nedenle şu aşamada kuluçkahane içi OGBO değerine ve F_{IS} değerine göre kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmasa da YSU kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca YSU kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılmalıdır.

ELF kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri açısından “orta” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde ELF kuluçkahanesinin F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olduğu F_{IT} değerine (0.16) ise pozitif olduğu görülmektedir.

Bu durum ELF kuluçkahanesinin kendi içinde heterozigot olduğunu ancak diğer kuluçkahanelerle de benzeşmekle birlikte homozigotluğun çok yüksek olmadığı ayrıca kuluçkahanesinin de Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir. ELF kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değeri “orta” seviyede olması ve F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olup F_{IT} değerine (0.16) ise pozitif olması kuluçkahane belirlenen ve tek hat olan Hat 4’den ve kuluçkahane uygulanan kuluçkahane ve anaç yönetim şeklinin farklı olmasından kaynaklanabilir. Çünkü YSU kuluçkahanesinde belirlenen Hat 4’ün OGBO değerine bakıldığında genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu ancak Hat 4’ün OGBO değerinin diğer hatlardan daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu durum yani Hat 4’ün OGBO değerlerinin yüksek olması, ELF kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerini arttırmış ve dolayısıyla da diğer kuluçkahanelere (OCK, SFA) olan genetik uzaklığını

yani OGMO ve F_{IT} değerlerini arttırmış olabilir. F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olup ELF kuluçkahanesinin kendi içinde heterozigot olmasının nedeni ise kuluçkahane uygulanan kuluçkahane ve anaç yönetim şeklinin farklı olmasından kaynaklanabilir. Çünkü YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin hepsinin genotipik durumları “orta” seviyede olmasına rağmen kuluçkahanelerin kuluçkahane içi OGBO değerleri arasında farklar olduğu görülmektedir (Çizelge 5.3).

Ayrıca hem BSU hem de ELF kuluçkahanelerinde tek ve aynı hat (Hat 4) olmasına rağmen OGBO değerleri arasında farklar olması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetim şekillerinin farklı olmasından kaynaklanabilir. Nitekim tüm kuluçkahanelerdeki Hat 4’ün görece OGBO değerinin daha yüksek çıkması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetimi ile ilgili olabilir. Bunun nedeni primer anaç stoku kurulurken yumurtlamaya etkin bir şekilde katılan etkin anaç sayısının düşük tutularak işe başlanması ve üretime düşük etkin anaç sayısı ile devam edilmesi olabilir.

BSU kuluçkahanesine bakıldığında kuluçkahane 324 anacın olduğu ve 311 anacın etkin bir şekilde yumurtlamaya katıldığı görülmüştür (Çizelge 4. 25). Kuluçkahane etkin anaç sayısı yeterli olmakla birlikte kuluçkahane içi OGBO değeri (0.706) kuluçkahaneler arasında en yüksek durumdadır (Çizelge 5.3). Bu durum primer anaç stoku oluşturulurken düşük etkin anaç sayısı ile başlanıldığının göstergesi olabilir. Nitekim Tave, (1986) populasyon büyüklüğü ve akrabalık arasındaki ilişkiye değinmiştir. Anaç populasyon büyüklüğünü düşük tutmanın akrabalığı arttırdığını bildirmiştir. Diğer taraftan ELF kuluçkahanesine bakıldığında etkin anaç sayısı (555 anaç) yeterli olmakla birlikte kuluçkahaneler arasındaki kuluçkahane içi OGBO değeri (0.577) en düşük olan üçüncü kuluçkahanedir.

Bu durum, BSU kuluçkahanesinden farklı olarak ELF kuluçkahanesinin primer anaç stoku oluştururken etkin anaç sayısına dikkat ederek üretime başlandığının göstergesi olabilir. Ancak şu aşamada kuluçkahane içi OGBO değerine ve F_{IS} değerine göre kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmasa da kuluçkahane tek hattın bulunması (Hat 4) ve hattın OGBO oranının “orta” seviyede olmasından dolayı ELF kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca ELF kuluçkahanesinde büyümeye

yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılmalıdır.

KCM kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri açısından “orta” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde KCM kuluçkahanesinin 0.17 F_{IS} değeri ve 0.35 F_{IT} değeri ile homozigotluğun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında yüksek durumda olduğunu görülmektedir. KCM kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değeri “orta” seviyede olması ve F_{IS} değeri ile F_{IT} değerinin pozitif olması kuluçkahanede belirlenen hatlardan ve kuluçkahanede uygulanan kuluçkahane ve anaç yönetim şeklinin farklı olmasından kaynaklanabilir. Çünkü KCM kuluçkahanesinde belirlenen ve baskın olan Hat 4’ün (% 84) OGBO değerine bakıldığında genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu ancak Hat 4’ün OGBO değerinin diğer hatlardan daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu durum yani Hat 4’ün OGBO değerlerinin yüksek olması, KCM kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerini arttırmış ve dolayısıyla da diğer kuluçkahanelere olan genetik uzaklığını yani OGMO ve F_{IT} değerlerini arttırmış olabilir. Nitekim F_{IT} değerinin pozitif olması ve GBO değerinin yüksek olması homozigotluğun bir göstergesi olup Düzgüneş ve ark., (1996) homozigotluğun arttığı popülasyonlarda genotipik varyasyonun düştüğünü bildirmişlerdir.

Diğer yandan KCM kuluçkahanesinde belirlenen Hat 3’e (% 16) bakıldığında OGBO değerine göre genotipik durumu “iyi” olmasına (0.389) rağmen bu durum kuluçkahanesinin heterozigotluğunu arttırmaya yetmemiş olabilir. Çünkü her iki hattın (Hat 3, Hat 4) OGBO değerleri arasında farklar olması ve heterozigotluğun artmayarak homozigotluğun yükselmesi kuluçkahanedeki kuluçkahane ve anaç yönetim şeklinin farklı olmasından ve KCM kuluçkahanesinde belirlenen Hat 3’deki anaçların sayısının görece az olmasından kaynaklanabilir. Nitekim kuluçkahanede Hat 4’ün baskın olması ve Hat 4’ün görece OGBO değerinin diğer hatlara kıyasla daha yüksek çıkması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetimi ile ilgili olabilir. Bunun nedeni primer anaç stoku kurulurken yumurtlamaya etkin bir şekilde katılan etkin anaç sayısının düşük tutularak işe başlanması ve üretime düşük etkin anaç sayısı ile devam edilmesi olabilir. Nitekim popülasyonların uzun süre kapalı kalması ve az sayıda ebeveynle idame ettirilmesi hayvanların birbirleri ile akrabalığını arttırdığı

bilinmektedir (Tave, 1986; Düzgüneş ve ark., 1996). KCM kuluçkahanesine bakıldığında etkin anaç sayısı (700 anaç) yeterli olmakla birlikte kuluçkahaneler arasındaki kuluçkahane içi OGBO değeri (0.659) en yüksek olan ikinci kuluçkahanedir. Bu durum KCM kuluçkahanesinin primer anaç stoku oluştururken düşük etkin anaç sayısı ile başlanıldığının göstergesi olabilir. KCM kuluçkahanesi primer anaç stokunu, OCK kuluçkahanesinden aldıkları porsiyonluk balıklardan oluşturmuştur. OCK kuluçkahanesinden aldıkları porsiyonluk balıkların büyük bir kısmını satmış ve geriye kalan düşük sayıdaki balıkları da anaç olarak yetiştirmiştir. Dolayısıyla primer anaç stoku oluşturulurken etkin anaç sayısı düşük tutulmuştur. Bu durum işletmeci beyanıyla da örtüşmektedir.

Bu nedenle kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değerinin “orta” durumda olması ve hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından sıfıra yakın ama pozitif değere sahip olması KCM kuluçkahanesinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Bu kuluçkahanedeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalı, büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır.

BSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin “orta” seviyede olmasına ve kuluçkahaneler arası OGMO değerinin “iyi” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde BSU kuluçkahanesinin 0.21 F_{IS} değeri ve 0.38 F_{IT} değeri ile homozigotluğunun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında en yüksek durumda olduğunu görülmektedir.

BSU kuluçkahanesinde hem F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması hem de diğer beş kuluçkahaneye (YSU, KCM, ELF, OCK, SFA) görece kıyasla daha yüksek olması kuluçkahane ve anaç yönetimi noktasında farklı uygulamalar yapıldığının göstergesi olabilir. Nitekim daha önceki kriterlerle de (kuluçkahane içi OGBO) değerlendirildiğinde heterozigotluğun en düşük olduğu ve homozigotluğun arttığı kuluçkahanesinin BSU kuluçkahanesi olduğu görülmüştür. Çünkü BSU kuluçkahanesinde belirlenen tek hat olan Hat 4’ün OGBO değerine bakıldığında genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu ancak Hat 4’ün OGBO değerinin diğer hatlardan daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu durum yani Hat 4’ün OGBO

değerlerinin yüksek olması BSU kuluçkahanesinin homozigotluğunu arttırmış olabilir. Nitekim Hat 4'ün görece OGBO değerinin daha yüksek çıkması kuluçkahanelerdeki kuluçkahane ve anaç yönetimi ile ilgili olabilir.

Ayrıca BSU kuluçkahanesi gibi tamamen Hat 4'den oluşan ELF kuluçkahanesi ve aynı hattı yüksek oranda içeren (% 84) KCM kuluçkahanesinin BSU kuluçkahanesi ile genetik mesafelerinin farklı olması kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranlarının farklı olmasından kaynaklanabilir (Çizelge 5.3). Çünkü her üç kuluçkahanede “orta” seviyede olmasına rağmen kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında BSU kuluçkahanesinin OGBO değerinin daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu durum ise BSU kuluçkahanesinde homozigotluğun arttığının ve diğer kuluçkahanelerden uzaklaştığının göstergesi olabilir. Bu da kuluçkahanelerin kuluçkahane ve anaç yönetimi stratejilerindeki farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Bunun nedeni primer anaç stoku kurulurken yumurtlamaya etkin bir şekilde katılan etkin anaç sayısının düşük tutularak işe başlanması ve üretime düşük etkin anaç sayısı ile devam edilmesi olabilir.

BSU kuluçkahanesine bakıldığında kuluçkahanede 324 anacın olduğu ve 311 anacın etkin bir şekilde yumurtlamaya katıldığı görülmüştür (Çizelge 4. 25). Kuluçkahanede etkin anaç sayısı yeterli olmakla birlikte kuluçkahane içi OGBO değeri (0.706) kuluçkahaneler arasında en yüksek durumdadır (Çizelge 5.3). Bu durum primer anaç stoku oluşturulurken düşük etkin anaç sayısı ile başlanıldığının göstergesi olabilir. BSU kuluçkahanesi primer anaç stokunu, OCK kuluçkahanesinden aldıkları porsiyonluk balıklardan oluşturmuştur. OCK kuluçkahanesinden aldıkları porsiyonluk balıkların büyük bir kısmını satmış ve geriye kalan düşük sayıdaki balıkları da anaç olarak yetiştirmiştir. Dolayısıyla primer anaç stoku oluşturulurken etkin anaç sayısı düşük tutulmuştur. Bu durum işletmeci beyanıyla da örtüşmektedir.

Bu nedenle tüm kriterlere göre homozigotluğu, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında en yüksek durumda olan BSU kuluçkahanesinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Bu kuluçkahanedeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalı,

büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır.

Sonuç olarak tüm kuluçkahanelerdeki OGBO, OGFO, OGMO ve OGYO değerlerine ve genotipik çeşitlilik kriterler değerlerine (F_{ST} , F_{IS} , Ht, Nm vb.) birlikte bakıldığında Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerdeki genotipik çeşitliliğin SFA kuluçkahanesinde “çok iyi” durumda olduğu diğer kuluçkahanelerde ise kısa vadede homozigotluğun artmasının muhtemel olmadığı görülmektedir.

Ancak önceki bölümlerde incelenen F_{IS} ve F_{IT} değerleri, kuluçkahane içi OGBO değerleri ve Hat 4’ün bazı kuluçkahanelerdeki baskınlığı dikkate alındığında ve dikkatli bir anaç ve kuluçkahane yönetimi yapılmazsa orta ve uzun vadede kuluçkahanelerdeki genotipik çeşitlilik zamanla düşerek homozigotluk artabilir. Bu nedenle bu kuluçkahanelerin (YSU, BSU, KCM, ELF, OCK) özellikle BSU ve KCM kuluçkahanelerinin orta ve uzun vadede oluşabilecek homozigotluk sorununa karşı dikkatli olmaları ve gerekli durumlarda homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemeleri önem arz etmektedir. Ayrıca bu kuluçkahaneler büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısı uygulamaktan kaçınmalıdırlar.

5.1.2. Kuluçkahanelerin ve hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri açısından değerlendirilmesi

Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşağı alabalığı anaç popülasyonlarının ve kuluçkahanelerde belirlenen gökkuşağı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek amacıyla genotipik polimorfizm için kan alınan gökkuşağı alabalığı anaçlarının yumurtaları inkübe edilmiş ve açılan larvalardan alınan örnekler büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini belirlemek için kullanılmıştır.

Farklı kuluçkahane ve anaçlardan gelen örnekleri aynı gelişim sürecinde alabilmek için eşit çevresel şartlarda tutulan yumurtalar döllenmeden itibaren 350 günderece sonunda (10 °C su sıcaklığında 35 gün) larva halinde iken alınmıştır.

Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaçlarından örneklenen larvaların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri kullanılarak Çizelge 5.9’da verilen;

- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin ve
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen 7 farklı hattın büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviye ortalamaları ve medyanları belirlenmiştir.

Ayrıca gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin ve gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri, gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliği açısından hem kalite parametresi olarak hem de OGBO, F_{1S} ve F_{1T} değerleri ile birlikte hatların tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kalıp kalmadıklarını belirlemek için kullanılmıştır.

Çizelge 5. 6. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatlar ve anaç sayıları

Kuluçkahaneler	Hatlar (n)*
YSU	Hat 1 (3), Hat 4 (3)
BSU	Hat 4 (6)
ELF	Hat 4 (6)
KCM	Hat 3 (1), Hat 4 (5)
OCK	Hat 3 (1), Hat 4 (4), Hat 6 (1)
SFA	Hat 2 (1), Hat 4 (2), Hat 5 (1), Hat 6 (1), Hat 7 (1)

(n)*: Anaç Sayısı

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri ve gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri arasındaki farklılıkların değerlendirilmesinde Non-Parametrik test olan Kruskal-Wallis çoklu karşılaştırma testinden yararlanılmıştır. Ayrıca medyan değerine göre gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin ve belirlenen gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri nispi olarak sıralanmıştır.

5.1.2.1. Hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri açısından değerlendirilmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatların büyüme hormonu (GH-I) ortalama gen ifade seviyeleri Çizelge 4.16'da görülmektedir. Çizelge 4.16'da verilen gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri karşılaştırıldığında hatlar arasındaki farkın istatistiksel olarak önemli olduğu görülmektedir ($P<0.05$).

Gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviye ortalamaları incelendiğinde en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin KCM ve OCK kuluçkahanelerinde belirlenen Hat 3'de olduğu en yüksek büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin ise SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 5'de olduğu görülmektedir (Çizelge 4.16).

Çizelge 4.16'ya bakıldığında Hat 5'in büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesi Hat 1, Hat 2, Hat 3, Hat 4 ve Hat 7'nin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinden önemli derecede yüksek olduğu görülmüştür ($P<0.05$). Bununla birlikte SFA ve OCK kuluçkahanelerinde belirlenen Hat 6'nın büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesi Hat 3'ün büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinden önemli derecede yüksek bulunmasına rağmen kuluçkahanelerde belirlenen diğer bütün hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ile benzerlik gösterdiği görülmüştür ($p>0.05$).

Gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri medyan değerlerine göre Şekil 4.8'de nispi olarak sıralanmıştır.

Nispi medyan değerleri dikkate alınarak gökkuşığı alabalığı hatlarının büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri incelendiğinde görece en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin KCM ve OCK kuluçkahanelerinde belirlenen Hat 3'deki anaçlara ait olduğu en yüksek büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin ise görece SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 5'deki anaçlara ait olduğu görülmüştür. Ayrıca Şekil 4.8'de kuluçkahanelerde belirlenen hatlar arasında büyüme hormonu gen ifade seviyesi en yüksek olan ikinci hattın Hat 6 olduğu görülmüştür.

SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 5'deki anaçların büyüme hormonu geni, Hat 3'deki anaçların büyüme hormonu geninden görece 24.06 kat daha fazla ifade (ekspres) olduğu görülmüştür. Ayrıca OCK ve SFA kuluçkahanelerinde belirlenen Hat

6'daki anaçların büyüme hormonu geninin ise Hat 3'deki anaçların büyüme hormonu geninden görece 11.52 kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmüştür.

Bu durum yani büyüme hormonu geninin daha fazla ifade (eksprese) olması, SFA kuluçkahanesinin Türkiye'de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünü yapan bir işletmeden (Liman Balıkçılık) getirip anaç olarak yetiştirdikleri Hat 5 ile OCK ve SFA kuluçkahanelerinin Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden temin ettikleri Hat 6'nın diğer hatlardan genotipik olarak büyüme kapasitelerinin daha iyi olduğunu göstermektedir. Ayrıca bu hatların (Hat 5 ve Hat 6) OGBO değerlerine göre genotipik durumları sırasıyla "iyi" ve "çok iyi" durumdadır. Çizelge 5.2'e bakıldığında Hat 5'in OGBO değerinin 0.298 olduğu Hat 6'nın OGBO değerinin ise 0.230 olduğu görülmektedir. Bu nedenle büyüme hızı yüksek hatlar isteyen kuluçkahaneler için Hat 5 ve Hat 6 önem arz edebilir.

OCK ve SFA kuluçkahanelerinde belirlenen büyüme hormonu gen ifade seviyeleri ve OGBO değerleri "çok iyi" olan Hat 5 ve Hat 6, OCK ve SFA kuluçkahanelerinde bulunan diğer hatlardan ayrıştırılabilirse "primer anaç stoku oluşturmak" veya "kan tazeleme" için kullanılabilir. Nitekim Düzgüneş ve ark., (1996), farklı populasyonlardan yapılan kan tazelemenin gelecek generasyonlarda heterozigotluğu arttırdığını belirtmişlerdir. Ancak bu hatların (Hat 5 ve Hat 6) primer anaç stoku oluşturmak veya kan tazeleme için kullanımında etkin anaç sayısı yüksek tutularak elde edilecek yumurta ve yavrular anaç adayları olarak kullanılmalıdır. Ayrıca bu hatların (Hat 5 ve Hat 6) heterozigotluğu muhafaza edilmeli, hatlar büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarına ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır. Nitekim populasyonların uzun süre kapalı kalması ve az sayıda ebeveynle idame ettirilmesi hayvanların birbirleri ile akrabalığını arttırdığı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996; Tave, 1999).

YSU kuluçkahanesinin Artvin'deki bir işletmeden getirip anaç olarak yetiştirdikleri Hat 1'in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında Hat 5 ve Hat 6 kadar yüksek olmasa da (24.06 ve 11.52) kuluçkahanelerde belirlenen hatlar arasında büyüme hormonu görece gen ifade seviyesi en yüksek olan üçüncü hattın Hat 1 (7.36) olduğu görülmektedir. Şekil 4.8'e bakıldığında YSU kuluçkahanesinde belirlenen Hat 1'deki anaçların büyüme hormonu geni Hat 3'deki anaçların büyüme hormonu geninden görece 7.36 kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmüştür. Ayrıca YSU

kuluçkahanesinde Hat 1'in dışında YSU kuluçkahanesinin primer anaç stokunu oluşturmak için Kale işletmesinden temin ettiği Hat 4 de bulunmaktadır.

YSU kuluçkahanesinde bulunan hatların büyüme hormonu nispi gen ifade seviyeleri karşılaştırıldığında Hat 1'in Hat 4'den yaklaşık 3.83 kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmektedir (Şekil 4.8). Bu durum yani YSU kuluçkahanesinde belirlenen Hat 1'in büyüme hormonu geninin görece daha fazla ifade (eksprese) olması Hat 1'in, Hat 5 ve Hat 6 kadar yüksek olmasa da diğer hatlardan genotipik olarak büyüme kapasitesinin daha iyi olduğunu göstermektedir. Ayrıca Hat 1'in OGBO değerine göre genotipik durumu "iyi" seviyededir. Çizelge 5.2'e bakıldığında Hat 1'in OGBO değerinin 0.456 olduğu görülmektedir. Bu nedenle büyüme hızı yüksek hatlar isteyen kuluçkahaneler için Hat 5 ve Hat 6'dan sonra Hat 1, YSU kuluçkahanesinde bulunan diğer hatlardan ayrıştırılabilirse "primer anaç stoku oluşturmak" veya "kan tazeleme" için üçüncü tercih olarak kullanılabilir. Çünkü aynı ırka mensup başka bir popülasyondan kan tazelemek popülasyon içerisindeki genetik varyasyonu genişletebilir (Emsen, 2003).

OCK kuluçkahanesinin Kayseri'deki bir işletmeden getirip anaç olarak yetiştirdikleri Hat 3'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında kuluçkahanelerde belirlenen hatlar arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan hat olduğu görülmektedir. Kuluçkahanelerde belirlenen hatlar arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi Hat 3'den sonra en düşük olan ikinci hattın ise bölgedeki kuluçkahanelerin primer anaç stokunu oluşturmak için Tarım ve Orman Bakanlığı, Van Su Ürünleri Bölge Müdürlüğü'nce Van kalesi yanında kurulan ve şu anda faaliyet göstermeyen Kale işletmesinden temin ettikleri Hat 4 olduğu görülmektedir (Şekil 4.8). Bu durum yani Hat 3 ve Hat 4'ün büyüme hormonu geninin daha az ifade (eksprese) olması diğer hatlardan genotipik olarak büyüme kapasitelerinin daha düşük seviyede olduğunu göstermektedir.

Bu nedenle anaçları yüksek oranda Hat 3 ve Hat 4'den oluşan kuluçkahanelerin performans özelliği bilinen, büyüme özellikleri iyi ve heterozigotluğu yüksek popülasyonlardan kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşım olabilir. Nitekim Ertuğrul ve ark., (2011) popülasyonlarda genetik çeşitliliği arttırmak için kan tazelemeyi önermişlerdir. Ayrıca yüksek oranda bu iki hattan oluşan (Hat 3, Hat 4) kuluçkahanelerdeki balıklar "primer anaç stoku oluşturmak" veya "kan tazeleme" için

kullanılmamalı, büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarına ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır. Çünkü tek yönlü seleksiyon yapılırken seleksiyon baskısının yüksek tutulması sonucu populasyonda var olan varyasyonun azaldığı bilinmektedir (Aygün ve Mert 2007).

5.1.2.2. Kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri açısından değerlendirilmesi

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) ortalama gen ifade seviyeleri Çizelge 4.18'de görülmektedir. Çizelge 4.18'de verilen gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri karşılaştırıldığında kuluçkahaneler arasındaki farkın istatistiksel olarak önemli olduğu görülmektedir ($P<0.05$).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviye ortalamaları incelendiğinde en yüksek büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin OCK ve SFA kuluçkahanelerinde olduğu en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin ise ELF ve KCM kuluçkahanelerinde olduğu görülmüştür. YSU ve BSU kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ise diğer bütün kuluçkahanelerle benzer olduğu görülmektedir (Çizelge 4.18). Bununla birlikte OCK ve SFA kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ELF ve KCM kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinden önemli derecede yüksek olduğu görülmüştür ($P<0.05$).

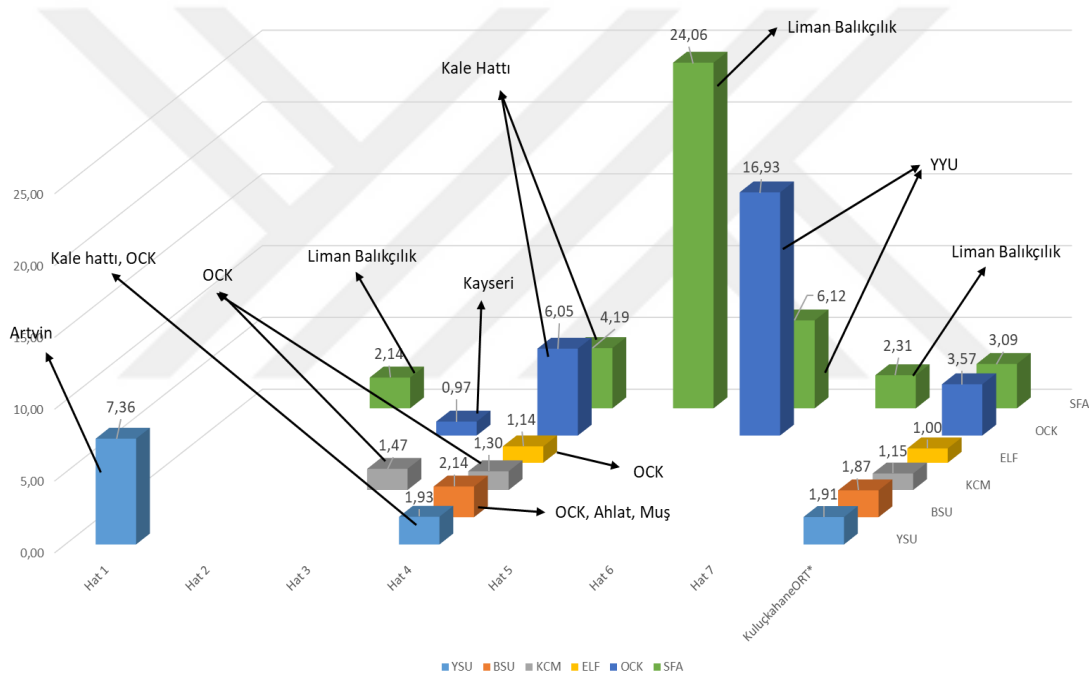
Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri medyan değerlerine göre Şekil 4.9'da nispi olarak sıralanmıştır.

Nispi medyan değerleri dikkate alınarak gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri incelendiğinde görece en düşük büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin KCM ve ELF kuluçkahanelerinde olduğu en yüksek büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin ise görece OCK ve SFA kuluçkahanelerinde olduğu görülmüştür. YSU ve BSU kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin ise görece orta seviyede olduğu görülmüştür.

OCK kuluçkahanesindeki anaçların büyüme hormonu geni ELF kuluçkahanesindeki anaçların büyüme hormonu geninden görece 3.57 kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmüştür. Ayrıca SFA kuluçkahanesindeki anaçların büyüme

hormonu geninin ise ELF kuluçkahanesindeki anaçların büyüme hormonu geninden görece 3.09 kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmüştür (Şekil 4.9). Bu durum yani büyüme hormonu geninin daha fazla ifade (eksprese) olması SFA kuluçkahanesindeki ve OCK kuluçkahanesindeki anaçların diğer kuluçkahanelerdeki anaçlardan genotipik olarak büyüme kapasitelerinin daha iyi olduğunu göstermektedir.

Ancak hatların gen ifade seviyelerine bakıldığında görece gen ifade seviyesi en yüksek hat olan Hat 5'in SFA kuluçkahanesinde olmasına rağmen nispi medyan değerleri açısından büyüme hormonu görece gen ifade seviyesi en yüksek olan kuluçkahane OCK kuluçkahanesi olduğu görülmektedir (Şekil 5.1).



*Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin medyan değerine göre nispi olarak sıralanması

Şekil 5. 1. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki gökkuşığı alabalığı hatları, geldikleri yerler ve büyüme hormonu (GH-I) nispi gen ifade seviyeleri.

Ahlat: Bitlis ili Ahlat ilçesinde bir işletme

Artvin: Artvin ilinde bir işletme

Kale hattı: Van ilinde Tarım ve Orman Bakanlığı, Su Ürünleri Bölge Müdürlüğü tarafından kurulan ve şu an faaliyet göstermeyen bir işletme

Kayseri: Kayseri ilinde bir işletme

Liman Balıkçılık: Türkiye'de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünü yapan bir işletme

Muş: Muş ilinde bir işletme

OCK: Van ili Çatak ilçesinde bir kuluçkahane

YYU: Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden temin edilen

Bunun nedeni kuluçkahanelerdeki hatları temsil eden anaçların kuluçkahane bulunma yüzdeleri ile ilgilidir. Örneğin Hat 5'in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi çok iyi olmasına rağmen (24.06) SFA kuluçkahanesindeki anaçların % 16'sını oluşturmaktadır. Aynı durum ikinci en yüksek büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine sahip (16.93) OCK kuluçkahanesindeki Hat 6 için de (% 16) geçerlidir. Ancak OCK kuluçkahanesindeki anaçların % 66'sı beşinci en yüksek nispi gen ifade seviyesine sahip Hat 4'den (6.05) oluşmaktadır. Bu da OCK kuluçkahanesinin nispi büyüme hormonu gen ifade seviyesinin en yüksek olmasına neden olmuştur. Yani OCK kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesini, bünyesinde % 16 (1/6) oranında bulunan Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden temin ettikleri Hat 6'nın ve bünyesinde % 66 (4/6) oranında bulunan Kale işletmesinden temin ettikleri Hat 4'ün arttırdığı söylenebilir.

Şekil 5.1'e bakıldığında tüm kuluçkahanelerde belirlenen Hat 4'lerin nispi büyüme hormonu gen ifade seviyeleri arasında farklar olduğu görülmektedir. Normalde Hat 4, büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi açısından yedi hat arasında altıncı sırada olmasına rağmen (Şekil 4.8) OCK kuluçkahanesindeki Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi oldukça yüksek çıkmıştır. Hat 4'ü temsil eden anaçların altı kuluçkahanelerin tamamında olduğu dikkate alındığında OCK kuluçkahanesindeki Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi diğer kuluçkahanelere göre çok iyi seviyededir (Şekil 5.1).

Van ilinde şu an faaliyet gösteren kuluçkahaneler içinde ilk kurulan kuluçkahane olan OCK kuluçkahanesi primer anaç stokunu şu an faaliyet göstermeyen Kale işletmesinden temin etmiştir (Kale hattı/Hat 4). OCK kuluçkahanesindeki Hat 4'deki anaçların diğer kuluçkahanelerdeki Hat 4'deki anaçlara göre büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin yüksek olmasının sebebi, OCK kuluçkahanesi primer anaç stokunu oluştururken Kale işletmesinden iyi büyüyen bireylerden ve etkin anaç sayısını da yüksek tutarak primer anaç stoku oluşturması olabilir. Kuluçkahane içi OGBO değerinin çok yükselmemesi de (0.488) etkin anaç sayısının geniş tutulduğunun göstergesi olabilir. Nitekim Tave, (1999) etkin anaç sayısını yüksek tutmanın akrabalığı azaltabileceğini bildirmiştir. Ya da OCK kuluçkahanesindeki Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi diğer kuluçkahanelere göre çok iyi seviyede olması Hat 4'ün büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına

maruz kaldığını gösterebilir. Nitekim tek yönlü seleksiyon uygulanan populasyonlarda seleksiyon baskısının yüksek tutulması etkileşim halinde olan genlerin frekansını arttırdığı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996). SFA kuluçkahanesinde bulunan Hat 4 için de bu durum benzer olabilir.

OCK ve SFA kuluçkahanesi dışında Hat 4'ün bulunduğu diğer kuluçkahanelere bakıldığında ise (YSU, BSU, KCM, ELF) Hat 4'ün bu kuluçkahanelerde baskın olduğu ve kuluçkahanelerindeki Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin OCK ve SFA kuluçkahanesinden daha düşük olduğu görülmektedir (Şekil 5.1). Bu durumun nedeni bu kuluçkahanelerin OCK kuluçkahanesinden sofralık balık satın almaları ve büyüyen sofralık balıkları satıp geri kalan ufak boyutlardaki sofralık balıkları anaç olarak kullanmaları olabilir. Çünkü bu durumda kuluçkahaneler farkında olmadan anaçlara bir nevi tek yönlü negatif seleksiyon uygulamışlardır. Bu durum işletmecilerin beyanlarıyla da örtüşmektedir. Bu da YSU, BSU, KCM, ELF kuluçkahanelerindeki Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin düşmesine neden olabilir.

Diğer yandan OCK ve SFA kuluçkahanelerinde belirlenen Hat 6'ların büyüme hormonu nispi gen ifade seviyeleri arasında da farklılıklar olduğu görülmektedir. OCK kuluçkahanesindeki Hat 6'nın büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada iken SFA kuluçkahanesindeki Hat 6'nın büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi dördüncü sıradadır (Şekil 5.1). Bu durumun nedeni SFA kuluçkahanesinin Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi'nden temin ettikleri Hat 6'nın hızlı büyüyen bireylerini önce satmaları ve daha sonra kalanlardan anaç olarak yararlanmaları olabilir. Bu durumda SFA kuluçkahanesi farkında olmadan anaçlara bir nevi tek yönlü negatif seleksiyon uygulamış olabilir. Bu da SFA kuluçkahanesindeki Hat 6'nın büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin OCK kuluçkahanesindeki Hat 6'dan daha düşük olmasına neden olmuş olabilir. Nitekim Aygün ve Mert (2007) tek yönlü seleksiyon uygulanan populasyonlarda seleksiyon baskısının yüksek tutulmasının popülasyonda var olan varyasyonu azalttığını bildirmişlerdir.

Sonuç olarak OCK kuluçkahanesinin diğer kuluçkahanelerden büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin yüksek olmasının nedeninin Hat 4 ve Hat 6 olduğu söylenebilir.

OCK kuluçkahanesinde belirlenen hatların OGBO oranlarına ve büyüme hormonu gen ifade seviyelerine bakıldığında OCK kuluçkahanesinde bazı hatlar için

büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulandığı ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğu söylenebilir. Nitekim OCK kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin diğer kuluçkahanelerden yüksek olması ve OCK kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerine göre genotipik durumunun “iyi” olmasına (0.488) rağmen “orta” seviyeye çok yakın olması (Çizelge 5.3) ve OCK kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde olmasına rağmen F_{IS} değeri ile F_{IT} değerinin pozitif olması OCK kuluçkahanesinde büyüme yönelik tek yönlü seleksiyon uygulandığı ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğu yönünde fikir vermektedir.

OCK kuluçkahanedeki belirlenen hatlara bakıldığında ise Hat 6'nın büyüme yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kaldığını söylemek mümkün değildir. Çünkü OCK kuluçkahanesinde belirlenen hatlar arasında (Hat 3, Hat 4, Hat 6) büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan hattın Hat 6 olduğu görülmektedir (Şekil 5.1). Ancak Hat 6'nın OGBO değerine bakıldığında, OGBO değerine göre genotipik durumunun “çok iyi” seviyede olduğu görülmektedir (Çizelge 5.2). OCK kuluçkahanesindeki Hat 6 büyüme yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kalmış olsaydı bu hattın OGBO değerinin de (diğer kuluçkahanelerdeki Hat 6'ya göre artması beklenirdi. Ancak böyle bir durum görülmemektedir.

Diğer yandan OCK kuluçkahanesinde belirlenen Hat 3'e bakıldığında da Hat 3'ün de büyüme yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kaldığını söylemek mümkün değildir. Çünkü OCK kuluçkahanesinde belirlenen hatlar arasında (Hat 3, Hat 4, Hat 6) büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan hattın Hat 3 olduğu görülmektedir. Ayrıca Hat 3'ün OGBO değerine bakıldığında OGBO değerine göre genotipik durumunun “iyi” seviyede olduğu görülmektedir. OCK kuluçkahanesinde Hat 3 büyüme yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kalmış olsaydı bu hattın OGBO değerinin ve büyüme hormonu gen ifade seviyesinin artması beklenirdi. Ancak böyle bir durum da görülmemektedir.

Ancak OCK kuluçkahanesinde belirlenen Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında diğer kuluçkahanelerde belirlenen hatlardan çok yüksek olduğu görülmektedir. Ayrıca Hat 4'ün OGBO değerine bakıldığında ise OGBO değerine göre (0.572) genotipik durumunun “orta” seviyede olduğu görülmektedir (Çizelge 5.2). Diğer yandan OCK kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde

olmasına rağmen F_{IS} değeri ile F_{IT} değerinin pozitif olması homozigotluğun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında yüksek durumda olduğunu göstermektedir. Hat 4'ün OGBO değerinin "orta" seviyede olması ve büyüme hormonu gen ifade seviyesinin diğer kuluçkahanelerdeki Hat 4'lerden yüksek olması Hat 4'ün tek yönlü seleksiyon için kullanıldığını gösterebilir.

OCK kuluçkahanesi belirlenen hatlar (Hat 3, Hat 4, Hat 6) kuluçkahane ayrı havuzlarda tutulmaktadır. Populasyonun çoğunluğunu oluşturan Hat 4'e uygulanan yoğun seleksiyon baskısı Hat 4'ün hem büyüme hormonu gen ifade seviyesini attırmış hem de Hat 4'ün OGBO değerini arttırmıştır. Ancak OCK kuluçkahanesinde bulunan diğer iki hat olan Hat 3 ve Hat 6 için böyle bir durum görülmemektedir. OCK kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulanması ve seleksiyon baskısının yüksek tutulması, nispi büyüme hormonu gen ifade seviyesinde artışa neden olurken kuluçkahane genel OGBO değerini de arttırmıştır. Yine OCK kuluçkahanesinin F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması bunu desteklemektedir.

Bu nedenle OCK kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan etkin anaç sayısını yüksek tutarak kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca OCK kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılmalıdır.

SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin diğer kuluçkahanelere oranla (YSU, BSU, KCM, ELF) yüksek olması, bünyesinde bulundurduğu hatlardan bazılarının (özellikle Hat 4, Hat 5 ve Hat 6) genotipik olarak büyüme kapasitelerinin daha iyi olmasından kaynaklandığı söylenebilir. Çünkü Şekil 5.1'de hatların büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerine bakıldığında en yüksek büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine sahip Hat 5'in sadece SFA kuluçkahanesinde olduğu görülmektedir. Bu durum yani Hat 5'in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin diğer hatlara göre çok yüksek olması SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu ortalama ve nispi gen ifade seviyesini arttırmış olabilir.

SFA kuluçkahanesinde % 16 (1/6) oranında bulunan Hat 5'in SFA kuluçkahanesinin sürekli olarak kan tazelediği işletmeden (Liman Balıkçılık) geldiği dikkate alınırsa Hat 5'in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi yüksek olduğundan

sürekli kan tazelemek için yararlanılan işletmenin de büyüme hormonu gen ifade seviyesinin yüksek olduğu düşünülebilir. Ancak SFA kuluçkahanesinde belirlenen ve kökeninin bu işletme (Liman Balıkçılık) olduğu düşünülen ve SFA kuluçkahanesinde % 16 (1/6) oranında bulunan Hat 2 ve Hat 7'nin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyeleri göz ardı edilmemelidir. Çünkü bu iki hattın büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi bölgede belirlenen bazı hatlardan (Hat 3) yüksek olmasına rağmen Hat 5'den çok düşüktürler (Şekil 5.1).

Ayrıca büyüme hormonu nispi gen ifade seviyeleri Hat 5 kadar yüksek olmasa da SFA kuluçkahanesinin Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden temin ettiği ve SFA kuluçkahanesinde % 16 (1/6) oranında bulunan Hat 6'nın ve Kale işletmesinden temin ettiği Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyeleri sırası ile dördüncü ve altıncı sırada olduğu görülmektedir. Bu nedenle bu üç hattın (Hat 4, Hat 5, Hat 6) SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesini arttırdığı söylenebilir.

SFA kuluçkahanesinde belirlenen diğer iki hatta (Hat 2, Hat 7) bakıldığında bu hatların büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerinin Hat 4, Hat 5 ve Hat 6 kadar yüksek olmadıkları, bu nedenle de SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesini çok fazla etkilemedikleri düşünülebilir. Çünkü Şekil 5.1'de hatların büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerine bakıldığında Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin Hat 2 ve Hat 7'den yaklaşık iki kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu, Hat 6'nın büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin Hat 2 ve Hat 7'den yaklaşık üç kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu, Hat 5'in ise büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin bu iki hattan yaklaşık on kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmektedir.

Diğer yandan SFA kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısının yapılmadığı görülmektedir. Çünkü kuluçkahanelerde tek yönlü seleksiyon yapıldığında homozigotluk orta ve uzun vadede artmakta ve popülasyon zamanla daralarak homozigotluk sorunu ortaya çıkmaktadır. Nitekim bir özellik bakımından tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılan popülasyonlarda akrabalık artmaktadır (Tave, 1986; Düzgüneş ve ark., 1996). Ancak SFA kuluçkahanesinde böyle bir sorun görülmemektedir. SFA kuluçkahanesinde belirlenen hatların ortalama genetik benzerlik oranlarına bakıldığında hatların genotipik

durumlarının “çok iyi” (Hat 7, Hat 6), “iyi” (Hat 2, Hat5) ve “orta” (Hat 4) seviyede olduğu görülmektedir. SFA kuluçkahanesinde bulunan farklı hatların OGBO değerlerinin düşük olması, kuluçkahane heterozigotluğunu arttırmış olabilir. SFA kuluçkahanesinin % 33 (2/6) oranında bünyesinde bulunan ve OGBO değeri “orta” seviyede olan Hat 4 ise kuluçkahane F_{IS} ve F_{IT} değerlerini, kuluçkahane içi OGBO değerini ve kuluçkahaneler arası OGMO değerini çok etkilememiştir. Çünkü SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değeri (0.171) ve kuluçkahaneler arası OGMO değeri (0.163) “çok iyi” durumdadır. Ayrıca farklı anaç hatlarını karışık olarak aynı havuzlarda tutan SFA kuluçkahanesi hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından en düşük negatif değere sahiptir (-0.34/-0.05). Bu durum SFA kuluçkahanesinde heterozigotluğun en iyi durumda olduğunu gösterirken değerlerin sifıra yakın olması kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir. Nitekim F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin negatif bulunması heterozigotluğun arttığını, sıfır değerine yakın bulunması ise Hardy-Weinberg dengesinin varlığını ifade etmektedir (Wright 1978).

SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değerinin “çok iyi” durumda olması, hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından en düşük negatif değere sahip olması ve büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan ikinci kuluçkahane olması SFA kuluçkahanesinin diğer kuluçkahaneler için “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için birinci tercih olarak kullanılabilceğini göstermektedir.

YSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan üçüncü kuluçkahane olduğu görülmektedir. Bu durum YSU kuluçkahanesinin Artvin’den getirip anaç olarak yetiştirdikleri ve YSU kuluçkahanesinde % 50 (3/6) oranında bulunan Hat 1’den kaynaklanabilir. Çünkü Şekil 5.1’de sadece YSU kuluçkahanesinde bulunan Hat 1’in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek üçüncü hat olduğu görülmektedir. Diğer yandan YSU kuluçkahanesinde Hat 1 dışında belirlenen ve kuluçkahane % 50 (3/6) oranında bulunan Hat 4’ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında tüm kuluçkahanelerde belirlenen Hat 4’ler arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan üçüncü hat olduğu görülmektedir (Şekil 5.1). Bu nedenle de YSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesini

Kale işletmesinden ve OCK kuluçkahanesinden temin ettikleri Hat 4'ün çok fazla etkilemediği asıl nedenin Hat 1'in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi olduğu düşünülebilir. Çünkü Şekil 5.1'de hatların büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerine bakıldığında Hat 1'in büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin Hat 4'den yaklaşık görece 3.81 kat daha fazla ifade (eksprese) olduğu görülmektedir.

Diğer yandan YSU kuluçkahanesinde büyümeye yönelik seleksiyon yapılmadığı görülmektedir. Çünkü YSU kuluçkahanesinde belirlen Hat 1 büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan üçüncü hat olmasına rağmen Hat 1'in OGBO değerine göre genotipik durumu "iyi" seviyededir. Kuluçkahanelerde tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısı yapıldığında homozigotluk orta ve uzun vadede artmakta ve populasyon zamanla daralarak homozigotluk sorunu ortaya çıkmaktadır. Nitekim bir özellik bakımından tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılan populasyonlarda akrabalığın arttırdığı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996). Ancak YSU kuluçkahanesinde böyle bir durum görülmemektedir. Kuluçkahanenin F_{IS} değerinin negatif olması da bunu desteklemektedir. Nitekim F_{IS} değerlerinin negatif bulunması heterozigotluğun arttığını ifade etmektedir (Wright 1978). Diğer yandan YSU kuluçkahanesinde belirlen Hat 4'ün de büyümeye yönelik seleksiyona maruz kalmadığı görülmektedir. Çünkü Hat 4 büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan hatlardan bir tanesidir. Ayrıca Hat 4'ün OGBO değerine göre genotipik durumu "orta" seviyede olduğu görülmektedir. Ancak Hat 4'ün OGBO değerine bakıldığında genotipik durumunun "orta" seviyede olmasına rağmen Hat 4'ün OGBO değerinin diğer hatlardan daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu durum yani Hat 4'ün OGBO değerlerinin yüksek olması, YSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerini arttırmış ve dolayısıyla da diğer kuluçkahanelere (OCK, SFA) OGMO değerini arttırmış olabilir. Kuluçkahanenin F_{IT} değerinin pozitif olması da bunu desteklemektedir. Nitekim F_{IT} değerlerinin pozitif bulunması homozigotluğun arttığını ifade etmektedir (Wright 1978).

Bu nedenle şu aşamada kuluçkahane içi OGBO değerine ve F_{IS} değerine göre kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmasa da YSU kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir

yaklaşım olacaktır. Ayrıca YSU kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılmalıdır.

BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında bölgedeki kuluçkahaneler arasında en yüksek dördüncü kuluçkahane olduğu görülmüştür (Şekil 5.1). BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin diğer kuluçkahanelerden (ELF, KCM) daha yüksek olması BSU kuluçkahanesinin bu kuluçkahanelerden farklı olarak Muş ilindeki bir işletmeden ve Bitlis ili Ahlat ilçesindeki bir işletmeden kan tazelemesi olabilir. BSU kuluçkahanesinin farklı işletmelerden kan tazelediği işletmeci beyanları ile de örtüşmektedir. Çünkü bu üç kuluçkahane (BSU, KCM, ELF) OCK kuluçkahanesinden sofralık balık satın almış ve büyüyen sofralık balıkları satıp geri kalan sofralık balıkları anaç olarak kullanmışlar ve farkında olmadan anaçlara büyümeye yönelik bir nevi tek yönlü negatif seleksiyon uygulamışlardır.

Bu nedenle de BSU, KCM, ELF kuluçkahanelerindeki büyüme hormonu gen ifade seviyesinin düşük olması beklenir. Nitekim BSU kuluçkahanesi gibi tek hattan (Hat 4) oluşan ELF kuluçkahanesinde ve anaçlarının % 84 'ü (5/6) Hat 4, % 16'sı (1/6) Hat 3 olan KCM kuluçkahanelerinde büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi düşüktür (Şekil 5.1). Ancak BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin KCM ve ELF kuluçkahanelerinden yüksek olduğu görülmektedir. Bu üç kuluçkahanesinin hepsinde Hat 4 baskın olmasına ve anaç temin etme şekilleri benzer olmasına rağmen KCM, ELF kuluçkahanelerindeki büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin düşük olması, BSU kuluçkahanesinin kan tazelediği işletmelerden (Muş, Ahlat/Bitlis) getirip anaç yaptığı balıkların büyüme kapasitelerinin daha iyi olmasından kaynaklanabilir. Ayrıca BSU kuluçkahanesinin kan tazelemesine rağmen tek hattan oluşuyor olması (Hat 4) kan tazelemek için kullandığı işletmelerin (Muş, Ahlat/Bitlis) primer anaç stoklarını Kale işletmesinden ya da bölgede Hat 4'ü içeren diğer işletmelerden temin etmesi olabilir.

Diğer yandan BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin diğer kuluçkahanelerden (ELF, KCM) daha yüksek olması, BSU kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon yapıldığını ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğunu gösterebilir. Çünkü BSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerine göre genotipik durumunun "orta" olmasına (0.706) rağmen diğer

kuluçkahanelerden yüksek olması (Çizelge 5.3) ve BSU kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde olmasına rağmen F_{IS} değeri ile F_{IT} değerinin pozitif olması (0.21/0.38) büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyonu ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğunu göstermektedir. Çünkü kuluçkahanelerde tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısı uygulandığında homozigotluk orta ve uzun vadede artmakta ve populasyon zamanla daralarak homozigotluk sorunu ortaya çıkmaktadır. Nitekim bir özellik bakımından tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılan populasyonlarda akrabalığın arttığı bilinmektedir (Tave, 1986; Düzgüneş ve ark., 1996). Ayrıca BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin kendisi gibi Hat 4'den oluşan ELF ve KCM kuluçkahanelerinden yaklaşık iki kat daha fazla ifade (ekspres) olması, BSU kuluçkahanesinde tek yönlü seleksiyon uygulandığını ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğunu; yani Hat 4 içindeki büyüme özellikleri iyi olan bireylerin anaç olarak ayrıldığını göstermektedir.

BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifadesi ELF ve KCM kuluçkahanelerinden fazladır. Ancak yine de OCK ve SFA kuluçkahanelerindeki Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine ulaşmamıştır.

Bu nedenle BSU kuluçkahanesi büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve seleksiyon baskısını yüksek tutmaktan kaçınmalıdır. BSU kuluçkahanesi gibi dar populasyonlarda performans özelliği bilinen, büyüme özellikleri iyi ve heterozigotluğu yüksek populasyonlardan kan tazelemesi yapmak sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi açısından önemlidir. Ayrıca bu kuluçkahanedeki balıklar "primer anaç stoku oluşturmak" veya "kan tazeleme" için kullanılmamalıdır.

KCM ve ELF kuluçkahanelerinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerine bakıldığında kuluçkahaneler arasında en düşük büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin KCM ve ELF kuluçkahanelerindeki anaçlarda olduğu görülmüştür (Şekil 5.1). KCM ve ELF kuluçkahanelerinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerinin bölgedeki diğer kuluçkahanelerden daha düşük olması bünyelerinde buldukları hatların büyüme hormonu gen ifade seviyelerinin düşük olmasından kaynaklanabilir. Çünkü ELF kuluçkahanesinde belirlenen tek hat olan Hat 4'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında tüm hatlar arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan ikinci hat olduğu görülmektedir. KCM kuluçkahanesindeki anaçların büyük çoğunluğu da (% 84) Hat 4'den oluşmaktadır. Ayrıca KCM

kuluçkahanesinde % 16 oranında bulunan Hat 3'ün büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine bakıldığında Hat 3'ün tüm hatlar arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük hat olduğu görülmektedir (Şekil 5.1).

Bu nedenle en düşük büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine sahip KCM ve ELF kuluçkahanelerinin performans özelliği bilinen büyümesi iyi ve heterozigotluğu yüksek olan populasyonlardan etkin anaç sayısını yüksek tutarak kan tazelemeleri sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca KCM ve ELF kuluçkahanelerdeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalı, büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır.

Sonuç olarak gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin ve kuluçkahanelerde belirlenen hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri, gökkuşağı alabalığı yetiştiriciliği açısından hem kalite parametresi olarak hem de OGBO, F_{IS} ve F_{IT} değerleri ile birlikte hatların tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kalıp kalmadıklarını belirlemek için kullanılmıştır. Ancak çalışmada kuluçkahanelerinin ve hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerini önceki çalışmalar ile kıyaslamak mümkün olmamıştır. Çünkü populasyonların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ile değerlendirildiği başka bir çalışmaya rastlanılmamıştır.

Van ilindeki bütün gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerine bakıldığında;

- Gökkuşağı alabalığı kuluçkahaneleri arasındaki büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyelerinin farklı olması kuluçkahanelerin genotipik olarak büyüme kapasiteleri farklı hatlar barındırıyor olmasından ve/veya
- Hatların tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz kalmasından kaynaklanabilir.

Nitekim 6 kuluçkahane 7 adet farklı gökkuşağı alabalığı hattı olduğu ve bu hatların büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri arasında farklılıklar olduğu gözlenmiştir.

- Ayrıca bazı kuluçkahanelerde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısı yapılması ve/veya kuluçkahanelerde belirlenen

hatların genotipik olarak büyüme kapasitelerinin yüksek olması kuluçkahanelerin büyüme hormonu gen ifade seviyesini olumlu yönde etkilemiştir. Ancak kuluçkahanelerde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulanması ve seleksiyon baskısının yüksek tutulması kuluçkahanelerin OGBO, F_{IS} ve F_{IT} değerlerini arttırmış bu da homozigotluğun artmasına neden olmuştur.

- Ancak bazı kuluçkahaneler yoğun bir seleksiyon baskısı uygulayarak büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamasına rağmen başlangıç materyali yani primer anaç stoku oluşturmak için kullandığı etkin anaç sayısı düşük olduğundan büyüme hormonu gen ifade seviyesi düşük kalmıştır.
- Diğer yandan bazı kuluçkahanelerin sofralık balık satın alıp ve büyüyen sofralık balıkları satıp geri kalan sofralık balıkları anaç olarak kullanmaları, farkında olmadan anaçlara büyümeye yönelik bir nevi tek yönlü negatif seleksiyon uygulamalarına neden olmuştur. Bu durum kuluçkahanelerin büyüme hormonu gen ifade seviyesinin düşmesine neden olmuştur.

5.2. Çevresel Parametreler

Gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliği yapan kuluçkahanelerde fenotipik ve genotipik verileri birlikte değerlendirebilmek için çevresel parametrelerin bilinmesi ve izlenmesi önemlidir. Van ilinde gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliği yapan kuluçkahanelerdeki;

- Su kalite kriterleri ve
- Kuluçkahane yönetim parametreleri aşağıdaki başlıklarda değerlendirilmiştir.

5.2.1. Su kalite kriterleri

Çizelge 4.19'a bakıldığında Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerine ait bazı su kalite kriterleri verilmiştir.

Gökkuşığı alabalıkları oksijen ihtiyacı yüksek canlılar olduğundan oksijence zengin suları tercih ederler. Gökkuşığı alabalığı yetiştiriciliğinde anaç ve yumurtaların ihtiyacını karşılamak için havuz çıkış suyundaki çözülmüş oksijen miktarının 7 mg/l'ten yüksek olması gerekmektedir (Okumuş, 2002; Arabacı, 2007). Çizelge 4.19'da gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin çözülmüş oksijen değerlerine bakıldığında kuluçkahanelerdeki anaç havuzlarının su çıkışlarındaki çözülmüş oksijen değerlerinin 7.1 mg/l ile 8.5 mg/l arasında değiştiği görülmektedir. Tüm gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaç havuz çıkışlarındaki çözülmüş oksijen miktarlarının 7 mg/l'ten yüksek olması Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde çözülmüş oksijen miktarının alabalık yetiştiriciliği açısından sorun oluşturmayacak seviyelerde olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.19).

Anaçlarda özellikle yumurtlama sezonuna doğru veya yumurtlama sezonunda su sıcaklığı 13 °C'yi aştığında yumurtaların gelişimi negatif yönde etkilenir. Bu yüzden anaçlar ve yumurtalar 13 °C'nin altındaki sularda muhafaza edilmelidir (Arabacı 2007). Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin su sıcaklıklarına bakıldığında su sıcaklığının 6.9 °C ile 10.1 °C arasında değiştiği ve gökkuşığı alabalığı anaç, yumurta ve yavru yetiştiriciliği için sorun teşkil etmediği gözlenmiştir (Çizelge 4.19).

MacIntyre ve ark. (2008), gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri için uygun pH değerini 6.5-8.5 arasında bildirmişlerdir. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerin de eğer suyun pH'sı düşük ise (örneğin; 6.5-7) bu suyun birden fazla havuzda kullanımı mümkündür. Ancak pH yüksek ise (örneğin 8 veya yukarısı ise) suyun birden fazla havuzda kullanımı zordur. Çünkü balıkların metabolik artıklarından olan amonyak (NH₃) düşük pH'da toksik seviyeye daha geç sürelerde ulaşırken yüksek pH'da çok daha kısa sürelerde ulaşır (Arabacı, 2007). Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin pH değerleri ideal aralıkta olmakla beraber değerlerin 7.7 ile 8.45 arasında değiştiği görülmektedir.

Wedemeyer (1996a) tarafından suların sertlik dereceleri; yumuşak sular, orta sertlikteki sular, sert sular ve çok sert sular olarak dört farklı şekilde sınıflandırılmıştır. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde kullanılan suyun sertliği büyümeyi ve stresi etkileyen parametrelerdendir. Kuluçkahanelerdeki su sertliği çok yumuşak olduğunda balıklarda stres daha kolay şekillenmekte ve büyüme düşebilmektedir (Arabacı 2007). Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin su sertliklerine bakıldığında KCM

ve SFA kuluçkahanelerinin sularının çok sert, diğer kuluçkahanelerin sularının ise orta sert olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.19).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin bulunduğu rakım sudaki çözünmüş oksijen miktarını dolayısı ile de stok yoğunluğunu etkilediği için dikkat edilmesi gereken konulardandır. Çünkü rakım yükseldikçe suyun tam doygun halde taşıyabileceği oksijen miktarı düşer (Çizelge 5.7). Bu nedenle yüksek rakımdaki kuluçkahaneler daha düşük rakımdaki kuluçkahanelere oranla havuzlarına daha düşük yoğunlukta balık stoklamaları gerekmektedir (Arabacı, 2007).

Çizelge 5. 7. Farklı rakım ve sıcaklıklarda suyun doymuşluk düzeyinde çözünmüş oksijen konsantrasyonları (mg/l) (Stickney, 1991).

Sıcaklık(°C)	Yükseklik (m)				
	0	300	600	900	1200
5	12.8	12.3	11.9	11.5	11.1
10	11.3	10.9	10.5	10.1	9.8
15	10.1	9.7	9.4	9	8.7
20	9.2	8.8	8.4	8.1	7.8

Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin rakımlarına bakıldığında dört kuluçkahanelerin rakımlarının birbirlerine yakın olduğu ve 1626 metre ile 1672 metre arasında değiştiği ancak ELF ve SFA kuluçkahanelerinin rakımlarının diğer dört kuluçkahanelere göre daha yüksek olduğu ve sırasıyla 1804 metre ile 1751 metre olduğu görülmüştür. Kuluçkahaneler için çözünmüş oksijen miktarı ve su sıcaklığı parametreleri kadar kuluçkahanelerde kullanılan su miktarındaki ani değişimler de suyun mevcut kalite değerlerini olumsuz veya olumlu yönde etkileyeceği için önem arz etmektedir. Ayrıca kuluçkahanelerdeki anaçların stoklama yoğunluğunun ve üretim miktarının belirlenmesinde su kalite kriterleri ile beraber kullanılan suyun debi miktarı da anaç refahı ve üretim kapasitesi için dikkate alınmalıdır. Çalışmada elde edilen debi miktarlarına bakıldığında kuluçkahanelerde kullanılan su debisinin anaç refahını ve kuluçkahanelerin mevcut üretim kapasitesini olumsuz yönde etkilemeyecek seviyede olduğu görülmüştür (Çizelge 4.19).

Kuluçkahanelerdeki anaç havuz çıkışlarındaki çözünmüş oksijen miktarı referans alınarak anaçların su kalite kriterleri değerlendirildiğinde birçok noktada anaçların ortam koşullarının birbirlerine benzer ve çok iyi durumda olduğu ayrıca anaç

refahını olumsuz yönde etkileyecek bir durum olmadığı görülmüştür (Çizelge 4.19). Yukarıda bahsedilen gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerine ait bazı su kalite kriterleri gökkuşuğu alabalığı anaçlarında büyümeyi direk ya da indirek olarak etkileyebilir. Ancak bu çalışmada kuluçkahanelerin çevresel parametrelerinin anaç yetiştiriciliği için uygun ve değerlerin birbirlerine çok yakın veya aralarındaki farkın çok az olduğu görülmektedir.

5.2.2. Çevreyi etkileyen kuluçkahane yönetim parametreleri

Gökkuşuğu alabalığı yetiştiriciliğinde çevreyi etkileyen kuluçkahane yönetim parametreleri de önemli çevresel parametrelerden birisidir.

Çizelge 5.8'e bakıldığında Van ilindeki gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerine ait çevreyi etkileyen bazı kuluçkahane yönetim parametreleri verilmiştir.

Çizelge 5. 8. Gökkuşuğu alabalığı yetiştiriciliğinde çevreyi etkileyen kuluçkahane yönetim parametreleri

Kuluçkahaneler/ Parametreler	YSU	BSU	KCM	ELF	OCK	SFA
Anaç Stok Yoğunluğu (adet/m ³)	2.33	5.4	5.18	2.02	2.72	2.94
Anaçların Beslenmesinde Kullanılan Yemler	A yemi	A ve B yemi	A yemi	A ve D yemi	C yemi	C ve D yemi
Anaçların Besleme şekli	<i>Ad libitum</i>	<i>Ad libitum</i>	Besleme tablosu ile	Besleme tablosu ile	<i>Ad libitum</i>	<i>Ad libitum</i>
Toplam Dişi Anaç Sayısı	636	324	700	555	540	543
Yumurta Alınan Anaç Sayısı	627	311	693	530	529	533
Yumurtlamaya Katılmayan Veya Kısır Anaç Sayısı (%)	9 (%1.4)	13 (%4)	7 (%1)	25 (%4.5)	11 (%2)	10 (%1.8)
Dişi/Erkek Anaç Oranı	2/1	1/2	3/1	9/1	1/1	2/1
Dölleme İçin Kullanılan Dişi/Erkek Anaç Oranı	2 / 1	1 / 2	1 / 3	3 / 1	2 / 3	1 / 2

Gökkuşığı alabalığı anaçları için stoklama yoğunluğu esas olarak su sıcaklığı ve çözünmüş oksijene bağlı olmakla beraber kuluçkahane rakımı ve suyun pH'ı da önemlidir. Bilindiği üzere anaç balıkların stoklama yoğunluğu sofralık balık yetiştiriciliğinden daha düşük olmalıdır. Kuluçkahanelerin anaç stok yoğunluklarına bakıldığında anaç refahını olumsuz yönde etkileyecek herhangi bir problem görülmemiştir (Çizelge 5.8). Çünkü anaç havuz çıkışlarındaki çözünmüş oksijen miktarı 7 mg/l'nin üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde genellikle üç farklı yemin kullanıldığı görülmüştür (Çizelge 5.8). Her zaman kullanılmamakla beraber bazı dönemlerde kullanılan D yemi ise fiyatının diğer yemlere oranla daha düşük olmasından dolayı bazı kuluçkahanelerde kullanıldığı belirlenmiştir. Kuluçkahanelerde kullanılan yem numaralarına bakıldığında SFA kuluçkahanesi en düşük numaralı yemi kullanırken en büyük numaralı yemi YSU kuluçkahanesinin kullandığı görülmüştür. Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenmesinde kullanılan yem sayısının az olmasının nedeni bölgede balık yemi fabrikasının olmamasından ve yem bayilerinin sadece bu yemleri satmasından dolayı olabilir. Ancak bölgeye gelen ve satılan yemlerin yol masrafları, kargo ücretleri gibi nedenlerden ötürü diğer bölgelere oranla daha yüksek fiyatlardan satılması işletmelerin daha ucuz olan D yemini tercih etmelerine sebep olmuş olabilir.

Anaçların beslenmesinde kullanılan yemler anaçların gelişimini etkileyebilir ve bu durum yumurta üretimini ve yumurta kalitesi üzerinde direk ve indirek etkilere sahiptir. Bu nedenle anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ve yem içeriği anaçlardan alınan larvaların büyüme hormonu gen ifade seviyesini etkileyebilir. Ancak anaçların beslenmesinde kullanılan yemler ile büyüme hormonu gen ifade seviyeleri ilişkilendirilememiştir. Çünkü anaçların aynı yemleri kullanmalarına rağmen büyüme hormonu gen ifade seviyeleri arasında farklılıklar görülmektedir. Örnek verilecek olursa D yemini bölgede sadece SFA ve ELF kuluçkahanelerinin kullandığı belirlenmiştir. Bu iki kuluçkahanelerin büyüme hormonu gen ifade seviyelerinin bakıldığında SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesi ikinci sırada iken ELF kuluçkahanesi sonuncu sıradadır. Benzer şekilde Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin dört tanesi A yemini kullanmalarına rağmen büyüme hormonu gen

ifade seviyeleri arasında farklılıklar görülmektedir. Bu nedenle kullanılan yemler ile büyüme hormonu gen ifade seviyesi irtibatlandırılmamıştır.

Gökkuşığı alabalığı anaçlarında yemleme ve yemin kalitesi yumurta üretimi ve yumurta kalitesi üzerinde direkt ve indirek etkilere sahiptir. Çünkü bir anaçtan elde edilecek yumurta miktarı alabalıklarda ovaryum gelişiminin erken safhalarında belli olmaktadır. Dolayısı ile ovaryum gelişiminin başlangıcında yemin kısılması veya verilmemesi alınacak yumurta miktarını ve yumurtlamaya katılacak anaç sayısını düşürecektir. Bu nedenle kuluçkahanelerde beslenmenin yıl boyunca devam etmesi gerekmektedir (Arabacı, 2007). Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yemleme şekli ve metotları karşılaştırıldığında tüm gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaçların beslenmesinin yıl boyunca kesilmeden yapıldığı ve günlük yemleme sayılarının kuluçkahanelere göre değişiklik gösterdiği görülmüştür.

Kuluçkahanelerden dört tanesinin anaçlarını *ad libitum* şekilde yemlendiği, iki tanesinin ise (KCM ve ELF) besleme tablosundan yararlanarak yemleme yaptığı görülmüştür (Çizelge 5.8). Bu nedenle gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde anaçların beslenmesinde kullanılan günlük yem miktarının her bir kuluçkahane için farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Ancak BSU kuluçkahanesinin her ne kadar *ad libitum* yemleme yapılsa da toplam anaç sayısı ve anaçların ortalama ağırlıkları (Çizelge 5.8 ve Çizelge 4.29) dikkate alındığında anaçlara verilen yem miktarının normalden fazla olduğu görülmüştür. İşletmelerin en büyük girdilerinden olan yemin fazla kullanılması maliyeti artıracığından ve ayrıyeten anaçlara fazla yem verilmesi anaçlarda yağlanmaya ve cinsiyet ürünlerinden özellikle yumurtalarda yağ dejenerasyonlarına neden olacağından BSU kuluçkahanesinin bu durumu göz önünde bulundurarak ve gerekli önlemleri alması daha sağlıklı bir üretim yapabilmesi açısından önemlidir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yetiştirilme şekli incelendiğinde kuluçkahaneler ilk faaliyete başladıklarında başka işletmelerden anaç ve yumurta temin ettikleri ve bu anaçların larvalarından veya getirdikleri yumurtalardan kendi anaç stoklarını oluşturdukları görülmüştür. Tüm kuluçkahanelerin dişi anaç stoklarını kendilerinin yetiştirdiği ve belli sayılarda her zaman sabit tuttukları, erkek anaç stoklarını ise bazı kuluçkahanelerin erkek anaç stokları oluşturarak (YSU, BSU, KCM, OCK) diğerlerinin ise erkek anaç stoklarını düşük sayılarda tutarak porsiyonluk erkek alabalıklardan sağım döneminde yararlandıkları görülmüştür.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan toplam dişi anaç sayısına bakıldığında KCM kuluçkahanesinin en fazla dişi anaca sahip olduğu (700), en az dişi anaca ise BSU kuluçkahanesinin sahip olduğu (324) diğer kuluçkahanelerin ise dişi anaç sayılarının birbirlerine yakın olduğu (543 ile 636 arası) belirlenmiştir. Dişi/erkek anaç oranlarına bakıldığında ise elinde en az erkek anaç olan kuluçkahanesinin ELF kuluçkahanesi olduğu (Dişi/erkek oranı; 9/1) en fazla erkek anacın ise BSU kuluçkahanesinde olduğu (Dişi/erkek oranı; 1/2) görülmüştür. OCK kuluçkahanesindeki Dişi/erkek anaç oranını hariç diğer kuluçkahanelerin hepsinde Dişi/erkek anaç oranının eşit olmadığı belirlenmiştir (Çizelge 5.8). Ancak anaçlarda dişi/erkek oranı elde edilen döllerde akrabalığın ve homozigotluğun artmasını önlemek için eşit tutulması önemlidir (Okumuş, 2002; Arabacı, 2007).

Bu nedenle OCK kuluçkahanesi dışındaki kuluçkahanelerinde dişi/erkek anaç oranlarını döllerde akrabalığın ve homozigotluğun artmasını önlemek için eşitlemeleri sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmaları açısından önemli olabilir. Erkek ya da dişi anacın fazla kullanılması döllerde ana bir baba bir kardeş olma ihtimalini artırır. Bu da akrabalığı arttıracığından homozigotluğu arttıran bir faktör olabilir.

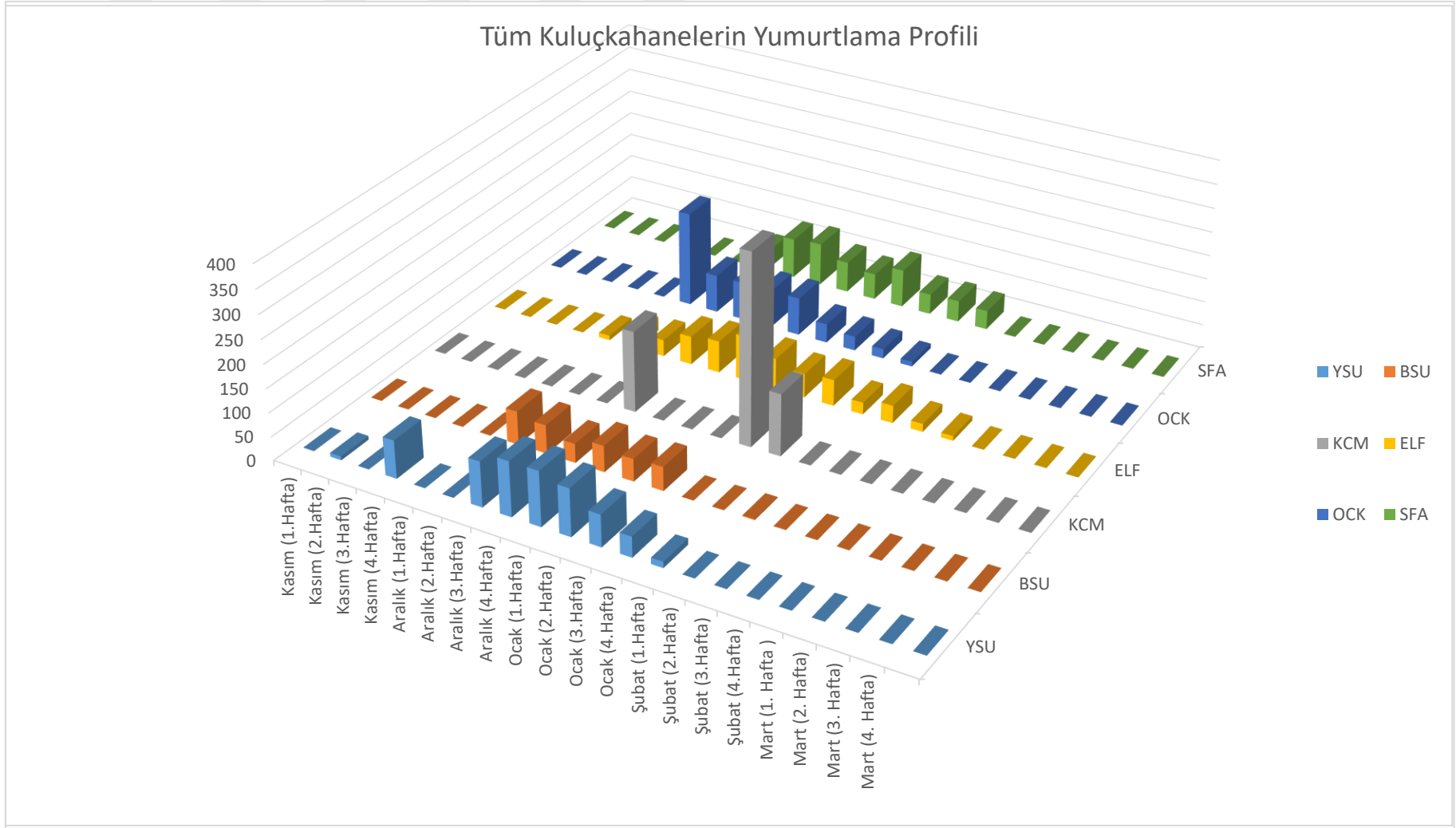
Kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik benzerlik oranlarına (OGBO) bakıldığında da bu durum daha net olarak görülmektedir. OCK kuluçkahanesi seleksiyon uygulayan kuluçkahanelerden biri olmasına rağmen dişi/erkek anaç oranlarına bakıldığında dişi/erkek anaç oranları eşit olan OCK kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değeri “iyi” seviyedeysen dişi/erkek anaç oranları farklı olan YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi OGBO değerlerinin “orta” seviyede olduğu görülmektedir (Çizelge 5.3). Diğer taraftan dişi/erkek anaç oranlarını eşit olmada SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin “çok iyi” seviyede olması ve bu durumdan etkilenmemesinin nedeni ise Türkiye’de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünü yapan bir işletmeden sürekli olarak kan tazeleme amacıyla yavru temin etmesi olabilir. Nitekim farklı popülasyonlardan yapılan kan tazelenimin gelecek generasyonlarda heterozigotluğu arttırdığı bilinmektedir (Düzgüneş ve ark., 1996; Emsen, 2003).

Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların büyük çoğunluğundan sağım döneminde yumurta alındığı görülmüştür. Yumurtlamaya katılmayan veya kısır olan anaçların tüm kuluçkahanelerde minimal düzeyde olduğu

görülmüştür. Sayısal ve yüzdesel olarak en fazla ELF kuluçkahanesinde (% 4.5) en az ise KCM kuluçkahanesinde (% 1) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 5.8).

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama aralığı yani kuluçkahanelerde yumurtlamanın başlangıç ve bitiş zamanları incelendiğinde kuluçkahanelerde belirlenen farklı hatlardan ve kuluçkahanelerin çevresel parametrelerinin (su sıcaklığı) farklı olmasından dolayı yumurtlama aralığının kuluçkahaneler arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Yumurtlama başlangıcının en erken (Kasım 2. Hafta) YSU kuluçkahanesinde en geç ise (Aralık 4. Hafta) KCM kuluçkahanesinde bulunan anaçlarda başladığı, yumurtlama bitişinin ise en erken (Şubat 1. Hafta) KCM kuluçkahanesinde en geç ise (Mart 1. Hafta) ELF kuluçkahanesinde bulunan anaçlarda bittiği belirlenmiştir. Yumurtlama aralığı en kısa olan kuluçkahanenin KCM kuluçkahanesi en uzun kuluçkahanenin ise ELF kuluçkahanesi olduğu görülmüştür.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama profili yani yumurtlama dönemi boyunca her hafta yumurta alınan anaç sayısı kuluçkahaneler arasında farklılık göstermekle beraber Aralık ayının son haftası ve Ocak ayı boyunca kuluçkahanelerdeki anaçların büyük çoğunluğunun sağıldığı görülmüştür (Şekil 5.2).



Şekil 5. 2. Tüm gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin yumurtlama profili.

Şekil 5.2’de gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yumurtlama profiline bakıldığında YSU ve KCM kuluçkahaneleri hariç diğer kuluçkahanelerde yumurtlamanın başladığı andan itibaren her hafta sağım gerçekleştiği belirlenmiştir. Ancak YSU ve KCM kuluçkahanelerinde bazı haftalar hiç sağım yapılmadığı görülmüştür. Bu durum kuluçkahanelerdeki anaçların farklı hatlara ait olmasından ve sağım zamanlarının farklı olmasından ya da işletmelerin anaçları bekleterek belirli bir sayıya ulaştıktan sonra sağım yapmalarından kaynaklanabilir. Çünkü çalışmada belirlenen hatlar ile bu durum değerlendirildiğinde YSU ve KCM kuluçkahanelerinde farklı iki hat olması ve YSU ve KCM kuluçkahanelerinde bazı haftalar hiç sağım yapılmaması bu duruma örnek olabilir. Ancak anaçların bekletilerek belirli bir sayıya ulaştıktan sonra sağılma olasılığı da dikkate alınmalıdır. Gökkuşağı alabalığında dişi anaçlarda yumurtalar önce vücut boşluğuna dökülür. Yumurtaların vücut boşluğuna bırakılması yani ovulasyon, sağım zamanının belirlenmesinde ve yumurta kalitesini etkileyen önemli faktörlerdendir. Yumurtalar vücut boşluğuna bırakıldıktan sonra burada bir müddet sağlam bir şekilde kalır. Yumurtaların vücut boşluğunda kalma süresi yani ovulasyon süresi su sıcaklığına bağlı olarak değişmektedir. Örneğin 10 °C su sıcaklığında balıklarda ovulasyon gerçekleştikten sonra 4-10 gün içinde balıklar sağılırlarsa dölleme oranı maksimum olur. Bu nedenle yumurtaların vücut boşluğunda kalma süresi yani ovulasyon süresi yetiştiricilerin anaçları bekleterek sağmalarına olanak sağlamaktadır (Arabacı, 2007). Anaçların bekletilerek belirli bir sayıya ulaştıktan sonra sağılma olasılığı dikkate alındığında YSU ve KCM kuluçkahanelerin dışında farklı hatlar barındıran diğer kuluçkahanelerde bu durum net bir şekilde görülmemektedir. Ayrıca KCM kuluçkahanesinde belirlenen Hat 3 ve Hat 4 OCK kuluçkahanesinde de mevcuttur. Ancak OCK kuluçkahanesinde de farklı hatlar bulunmasına rağmen böyle bir durum yani bazı haftalar hiç sağım yapılmadığı görülmemiştir. Çünkü Şekil 5.2’ye bakıldığında OCK kuluçkahanesinde her hafta sağım yapıldığı görülmektedir. Bu nedenle KCM kuluçkahanesinin anaçları bekleterek belirli bir sayıya ulaştıktan sonra sağdıkları düşünülmektedir. Bu durum işletmeci beyanı ile de örtüşmektedir.

Diğer yandan yumurtlamanın en erken YSU kuluçkahanesinde başlaması ve bazı haftalar arasında sağım yapılmaması bilhassa bu durumun yani bazı haftalar sağım yapılmamasının yumurtlamanın başladığı ilk dönemlerde görülmesi YSU

kuluçkahanesindeki Hat 1'in diğer hatlara göre erken yumurtlayan bir hat olduğunun göstergesi olabilir. Çünkü YSU kuluçkahanesinde bulunan hatlar (Hat 1 ve Hat 4) dikkatlice incelendiğinde Hat 1'in sadece bu kuluçkahane de olduğu görülmüştür (Çizelge 5.1). Bu durum erken yumurta almak isteyen kuluçkahaneler ve kış şartlarının ağır geçtiği bölgelerde olan kuluçkahaneler için önem arz edebilir. Ayrıca Hat 1'in OGBO değerine göre genotipik durumunun "iyi" seviyede olduğu ve büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesinin diğer hatlara göre en yüksek üçüncü hat olduğu önceki bölümlerde bahsedilmiştir. Bu nedenle büyüme hızı yüksek hatlar isteyen ve daha erken yumurta almak isteyen kuluçkahaneler için Hat 1 YSU kuluçkahanesinde bulunan diğer hatlardan ayrıştırılabilirse diğer kuluçkahaneler Hat 1 ile kan tazelemesi yaparak kuluçkahane ve anaç yönetim planlarını buna göre oluşturabilirler.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde dölleme için kullanılan dişi/erkek anaç oranı alınan yumurta ve sperm miktarına göre değişmekle beraber YSU ve ELF kuluçkahanelerindeki anaçlardan alınan yumurtalar, yumurta alınan dişi anaç sayısından daha az erkek anaç ile döllenirken BSU, KCM, OCK ve SFA kuluçkahanelerinde anaçlardan alınan yumurtalar yumurta alınan dişi anaç sayısından daha fazla erkek anaç ile döllendiği belirlenmiştir. Özellikle ELF kuluçkahanesi elinde fazla erkek anaç bulundurmaması ve dölleme işlemi için çoğunlukla porsiyonluk balıkları kullanması homozigotluğu orta ve uzun vadede artırabilir. ELF kuluçkahanesinde OGBO değeri ve F_{1S} değeri açısından kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmamakla birlikte bu eşleştirme yöntemi homozigotluğu artırabilir. Nitekim ELF kuluçkahanesinde homozigotlaşma indekslerinden olan F_{IT} değerinin pozitif olması da bunu göstermektedir.

5.3. Fenotipik Farklılıklar

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaç populasyonlarının bazı fenotipik özellikleri belirlenerek kuluçkahanelerdeki gökkuşığı alabalığı anaçlarının fenotipik farklılıkları ortaya konulmuştur

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların bazı fenotipik özellikleri Çizelge 4.30'da verilmiştir.

Çizelge 4.30'da gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların yaşlarına ve ağırlıklarına bakıldığında ağırlığı en az olan anaçların SFA kuluçkahanesinde olduğu ağırlığı en fazla olan anaçların ise OCK kuluçkahanesinde olduğu görülmüştür. Ayrıca yaşları en genç olan anaçların SFA kuluçkahanesinde olduğu en yaşlı anaçların ise OCK kuluçkahanesinde olduğu görülmektedir.

Gökkuşağı alabalıklarında yumurta çapı ve anaçların yaşları doğru orantılı olarak artmaktadır. Yani yaşı küçük olan anaçların yumurta çapları daha küçükken yaşı büyük olan anaçların yumurta çapları daha büyüktür. Çizelge 4.30'da gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların ortalama yumurta büyüklüğüne bakıldığında yumurta çaplarının 4.5 ile 5.1 mm arasında değiştiği en küçük yumurta çapına sahip olan kuluçkahanenin anaç yaşı en düşük olan SFA kuluçkahanesi olduğu en büyük yumurta çapına sahip kuluçkahanenin ise anaç yaşı en büyük olan OCK kuluçkahanesi olduğu görülmüştür. Ayrıca gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların 30 cm'deki ortalama yumurta sayılarına bakıldığında da en az yumurta sayısına sahip olan kuluçkahanenin yumurta çapı en büyük olan OCK kuluçkahanesi olduğu en fazla yumurta sayısına sahip kuluçkahanenin ise yumurta çapı en küçük olan SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir.

Diğer yandan gökkuşağı alabalıklarında toplam fekondite de anaçların yaşları ile doğru orantılı olarak artmaktadır. Yani yaşı küçük olan anaçların toplam fekonditeleri düşük iken yaşı büyük olan anaçların toplam fekonditeleri daha fazladır. Ancak nispi fekondite için bu durumu söylemek uygun değildir. Çünkü nispi fekondite 1 kg canlı ağırlığa düşen yumurta miktarını belirttiği için anaç yaşı ile ters orantılıdır. Yani yaşı küçük olan anaçların nispi fekonditeleri yüksek iken yaşı büyük olan anaçların nispi fekonditeleri daha azdır (Arabacı, 2007). Nitekim Çizelge 4.30'da gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların toplam fekonditelerine bakıldığında toplam fekonditesi en az olan kuluçkahanenin yaşları en küçük olan anaçlara sahip olan SFA kuluçkahanesi iken toplam fekonditesi en fazla olan kuluçkahanenin ise YSU kuluçkahanesi olduğu görülmüştür. Gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların nispi fekonditeleri incelendiğinde nispi fekonditesi en az olan kuluçkahanelerin anaç yaşı en fazla olan YSU ve OCK kuluçkahaneleri olduğu nispi fekonditesi en fazla olan kuluçkahanenin ise anaç yaşı birbirine yakın ve en az olan KCM ve SFA kuluçkahaneleri olduğu görülmüştür.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların sperm miktarı incelendiğinde ortalama sperm miktarının 26 ile 44 gram arasında olduğu sperm miktarı en az olan kuluçkahanenin ELF kuluçkahanesi en fazla olanın ise KCM kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçlardan alınan yumurtaların dölleme oranı incelendiğinde döllemenin %78 ile %96 arasında değiştiği en düşük dölleme yüzdesine sahip kuluçkahanenin YSU kuluçkahanesi olduğu en fazla dölleme yüzdesine sahip kuluçkahanenin ise KCM kuluçkahanesi olduğu görülmüştür.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlardan alınan yumurtalardan, larvaların çıkış oranı incelendiğinde çıkış oranının %74 ile %91 arasında değiştiği yumurtadan en az larva çıkışının OCK kuluçkahanesinden alınan yumurtalarda olduğu en fazla çıkışın ise BSU kuluçkahanesinden alınan yumurtalarda olduğu belirlenmiştir.

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan anaçların beslenme davranışları incelendiğinde anaçların beslenme davranışlarında (Uçan omurgasızlarla beslenme, su yüzeyinde zıplama hareketi) benzerlik olmakla birlikte bazı kuluçkahanelerde anaçlar arasında kavga gözlenirken bazılarında kavga gözlenmemiştir. Anaçlar arasında kavga gözlenen kuluçkahanelerin YSU, KCM ve ELF kuluçkahaneleri olduğu belirlenmiştir. Ancak genotiple anaçlar arasındaki kavga irtibatlandırılmamıştır.

Sonuç olarak fenotipik özellikler incelendiğinde Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri arasında fenotipik farklılıklar olduğu görülmektedir. Bu durumun nedeni kuluçkahanelerin kuluçkahane ve anaç yönetim parametrelerinin farklı olması, kuluçkahanelerin bünyelerinde farklı anaç hatları bulundurmaları ve anaçlar arasında olan genotipik farklılıklar olabilir.

5.4. Fenotipik ve Genotipik Farklılıkların Birlikte Değerlendirmesi

Gökkuşığı alabalıkları ile ilgili şimdiye kadar yapılan çalışmalarda kullanılan genotipik belirteçlerin (marker) birbirinden çok farklılık arz etmesi ve ilgilenilen hedef türün farklı hayat safhalarına, farklı populasyonlarına (kültürüne veya avcılığına) yönelik olması, daha da önemlisi belirlenen polimorfizmler ile fenotip ve genotip arasında ilişki kurulmaması ya da kurulsaydı elde edilen verilerin ayrı ayrı yayınlanması (örneğin sadece fenotipik özellikler ile ilgili veya genotipik polimorfizm

ile ilgili) sonuçların birlikte değerlendirilme güçlüğüne beraberinde getirmiştir. Bu nedenle bu çalışmada Van ilinde faaliyet gösteren altı adet gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için bazı genotipik özellikler ile fenotipik özellikler birlikte değerlendirilmiştir.

Yapılan değerlendirmeler ile Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri, hem kendi anaçlarının fenotipik ve genotipik özellikleri hakkında bilgi sahibi olmaları hem de istedikleri fenotipik ve genotipik özelliklere sahip anaçların hangi kuluçkahanelerde mevcut olduğu hakkında bilgi sahibi olmaları amaçlanmıştır. Bu amaçla elde edilen veriler doğrultusunda anaçların fenotipik özellikleri, genotipik polimorfizm parametreleri ve büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri Çizelge 5.9'da belirtilerek kuluçkahanelerin fenotipik ve genotipik özellikleri karşılaştırılmalı olarak değerlendirilmiştir.

Aşağıda Çizelge 5.9'da Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin bazı fenotipik ve genotipik özellikleri görülmektedir.

Çizelge 5. 9. Gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerinin fenotipik ve genotipik polimorfizm parametreleri ile GH-I gen ifade seviyelerine göre değerlendirilmesi

GH-I gen ifade seviyesi	Genotipik polimorfizm parametreleri						Fenotipik özellikler	Öneriler
	Kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranı			Kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranları				
OCK (3.57)	+++	İyi	(0.512)	+++	İyi	(0.102)	Düşük fekondite, Düşük larva çıkışı	Kuluçkahane iyi durumda olmasına rağmen kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için kullanılmaması daha uygundur.
SFA (3.09)	++++	Çok İyi	(0.829)	++++	Çok iyi	(0.163)	Yüksek fekondite, Düşük döllenme oranı	Kuluçkahane çok iyi durumdadır. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için 1. tercih olarak kullanılabilir
YSU (1.91)	++	Orta	(0.410)	++	Orta	(0.087)	Erken yumurtlama, Düşük fekondite, Geniş yumurtlama profili, Düşük sperm miktarı, Düşük döllenme oranı	Kuluçkahanenin kan tazelemesi gerekmektedir. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için kullanılamaz
BSU (1.87)	++	Orta	(0.294)	+++	İyi	(0.130)	Yüksek döllenme oranı, Yüksek sperm miktarı	Kuluçkahanenin kan tazelemesi gerekmektedir. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için kullanılamaz
KCM (1.15)	++	Orta	(0.341)	++	Orta	(0.072)	Yüksek fekondite, Dar yumurtlama profili, Yüksek döllenme oranı, Yüksek sperm miktarı, Geç yumurtlama	Kuluçkahanenin kan tazelemesi gerekmektedir. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için kullanılamaz
ELF (1.00)	++	Orta	(0.423)	++	Orta	(0.064)	Geniş yumurtlama profili, Düşük sperm miktarı	Kuluçkahanenin kan tazelemesi gerekmektedir. Kan tazeleme ve primer anaç stoku edinmek için kullanılamaz

* Kuluçkahaneler yukarıdan aşağı doğru en yüksek GH-I gen ifade seviyelerine göre sıralanmıştır.

Çizelge 5.9 incelendiğinde;

- Çizelgenin birinci sütununda gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin büyüme hormonu (GH-I) nispi gen ifade seviyeleri en yüksekten en düşüğe doğru sıralanmıştır.
- Çizelgenin ikinci ve üçüncü sütunlarında genotipik polimorfizm parametreleri verilmiştir.
- İkinci sütunda kuluçkahanelerin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranları Çizelge 5.3’de elde edilen bulgular da belirtildiği gibi çok iyi (++++), iyi (+++), orta (++) ve dikkatli olunmalı (+) şeklinde doldurulmuştur.
- Üçüncü sütunda ise kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranları Çizelge 5.4’de elde edilen bulgular da belirtildiği gibi çok iyi (++++), iyi (+++), orta (++) ve dikkatli olunmalı (+) şeklinde sıralanmıştır.
- Ayrıca tabloda fenotipik özellikleri dördüncü sütunda belirtilmiştir.
- Beşinci sütunda ise kuluçkahaneler için öneriler bulunmaktadır.

Van ilinde faaliyet gösteren altı adet gökkuşığı alabalığı kuluçkahanesinde sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için elde edilen bazı genotipik özellikler ile fenotipik özellikler birlikte değerlendirildiğinde Van ilindeki gökkuşığı alabalığı yetiştiricileri kendi kuluçkahanelerindeki ve diğer kuluçkahanelerdeki anaç popülasyonları ile ilgili olarak;

- Kuluçkahanelerin büyüme hormonu gen ifade seviyeleri hakkında,
- Kuluçkahanelerin ortalama genetik farklılık oranı (OGFO) hakkında,
- Kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı (OGMO) hakkında,
- Kuluçkahanelerde kan tazelemenin yapılıp yapılmaması gerektiği hakkında,
- Hangi kuluçkahanelerin primer anaç stoku oluşma ve kan tazeleme için kullanılıp kullanılmayacağı hakkında ve

- Kuluçkahanelerin fenotip özellikleri hakkında fikir sahibi olabileceklerdir.

Çalışma sonuçlarına göre Van ilindeki gökkuşağı alabalığı kuluçkahanelerinin bazı fenotipik ve genotipik özellikleri birlikte değerlendirildiğinde;

Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan kuluçkahanenin OCK kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. Kuluçkahanenin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranına (OGBO) bakıldığında (0.512) kuluçkahanenin genotipik olarak “iyi” durumda olduğu görülmüştür. Ayrıca OCK kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı (OGMO) da (0.102) kuluçkahanenin “iyi” durumda olduğunu göstermektedir. (Çizelge 5.9). Ancak OCK kuluçkahanesinde 0.1 F_{IS} değeri ve 0.29 F_{IT} değeri homozigotluğun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında yüksek durumda olduğunu göstermektedir. OCK kuluçkahanesinin F_{IS} ve F_{IT} değerleri her ne kadar sıfıra yakın ve Hardy-Weinberg dengesinde olmasına rağmen tüm değerler (F_{IS} , F_{IT} ve kuluçkahane içi OGBO) birlikte değerlendirildiğinde OCK kuluçkahanesinde homozigotluğu arttıran bir durum görülmektedir. Bu durumun nedeni OCK kuluçkahanesinde anaçlarda büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulanması ve seleksiyon baskısının yüksek tutulması olabilir.

OCK kuluçkahanesinin fenotipik özelliklerine bakıldığında düşük larva çıkışı ve anaçların düşük fekonditeye sahip olmaları dışında her hangi bir dezavantaj görülmemektedir (Çizelge 5.9). OCK kuluçkahanesinde fekonditenin düşük olması anaçların yaşlarının yüksek olmasından kaynaklanmaktadır. Kuluçkahanelerde anaçların uzun süre kullanımı homozigotluğu arttırmamak için önemlidir. Ancak en yaşlı anaçlar OCK kuluçkahanesinde bulunmasına rağmen anaçların süt kalitesinin düşük olduğu görülmektedir. Çünkü larva çıkış oranının en düşük olduğu kuluçkahane OCK kuluçkahanesidir. Bu durum akrabalık depresyonunun erken belirtisi olabilir.

Bu nedenle OCK kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca OCK kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısı uygulamalarından kaçınılmalıdır.

OCK kuluçkahanesi Çizelge 5.9' dan yararlanarak kan tazelemek ister ise yüksek fekonditeye sahip SFA ve KCM kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ayrıca ortalama genetik farklılık oranını ve ortalama genetik mesafe oranını artırmak ister ise SFA ve BSU kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ancak öncelikli olarak SFA kuluçkahanesini tercih etmesi daha uygun olabilir. Çünkü KCM kuluçkahanesinin fekonditesi yüksek olmasına rağmen ortalama genetik benzerlik oranı ve büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında en düşük olan ikinci kuluçkahanedir. BSU kuluçkahanesi ise kuluçkahaneler arası ortalama genetik farklılık oranı yüksek olmasına rağmen büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında en düşük olan üçüncü kuluçkahanedir. Ayrıca BSU kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri kuluçkahaneler arasında en yüksek olan kuluçkahanedir.

Bu nedenle hem büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan hem de ortalama genetik farklılık oranı ve ortalama genetik mesafe oranı “çok iyi” olan yüksek fekonditeli anaçlara sahip SFA kuluçkahanesinden kan tazelemesi, OCK kuluçkahanesinin fekonditesini, ortalama genetik farklılık oranını ve ortalama genetik mesafe oranını arttıracaktır. Bu durum büyüme hormonu gen ifade seviyesini de etkilemeyecektir. Çünkü SFA kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesi OCK kuluçkahanesinden sonra ikinci sırada gelmektedir ve aralarındaki fark istatistiksel olarak önemsizdir ($p>0.05$). Ayrıca OCK kuluçkahanesi SFA kuluçkahanesi dışında farklı illerdeki performans özelliği bilinen, büyüme özellikleri iyi ve heterozigotluğu yüksek popülasyonlardan etkin anaç sayısını yüksek tutarak kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olabilir.

Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan ikinci kuluçkahanenin SFA kuluçkahanesi olduğu görülmektedir. Ayrıca sayısal olarak ikinci sırada olan SFA kuluçkahanesi ile büyüme hormonu gen ifade seviyesi birinci sırada olan OCK kuluçkahanesi arasında istatistiksel bir fark olmadığı görülmektedir ($p>0.05$). SFA kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranına (0.829) bakıldığında kuluçkahanenin diğer kuluçkahanelere oranla “çok iyi” durumda olduğu görülmüştür. Ayrıca bu kuluçkahanenin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı (0.163) da kuluçkahanenin “çok iyi” durumda olduğunun belirtisidir (Çizelge 5.9).

Ayrıca SFA kuluçkahanesi hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından en düşük negatif değere sahiptir (-0.34/-0.05). Bu durum SFA kuluçkahanesinde heterozigotluğun en iyi durumda olduğunu gösterirken değerlerin sıfıra yakın olması kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir.

SFA kuluçkahanesinin fenotipik özelliklerine bakıldığında anaçların yüksek fekonditeye sahip oldukları görülmüştür. Ancak kuluçkahanesinin dölleme oranı diğer kuluçkahanelere göre daha düşük olduğu görülmektedir (Çizelge 5.9). Bunun nedeni genetik faktörlerin yanında kuluçkahanelerde kullanılan dölleme metotlarındaki farklılıklar olabilir.

SFA kuluçkahanesi, kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri, OGBO değerine göre belirlenen hatlar, F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler ve fenotipik özellikler açısından değerlendirildiğinde SFA kuluçkahanesinin büyüme özelliklerinin iyi olması ve heterozigotluğunun yüksek olması SFA kuluçkahanesinin diğer kuluçkahaneler için “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için birinci tercih olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

SFA kuluçkahanesi Çizelge 5.9’ dan yararlanarak kan tazelemek ve büyüme hormonu gen ifade seviyesini yükseltmek ister ise OCK kuluçkahanesinden kan tazelemek amacıyla anaç temin edebilir. Bu durum büyüme hormonu gen ifade seviyesini etkilemeyecektir. Çünkü OCK kuluçkahanesi kuluçkahaneler arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan kuluçkahanedir. Ancak SFA kuluçkahanesinin OCK kuluçkahanesinden kan tazelemesi SFA kuluçkahanesinin ortalama genetik farklılık oranını ve ortalama genetik mesafe oranını düşürebilir. Ayrıca negatif olan F_{IS} ve F_{IT} değerlerini de yükseltebilir. Çünkü SFA kuluçkahanesinin F_{IS} ve F_{IT} değerleri, ortalama genetik farklılık oranını ve ortalama genetik mesafe oranını OCK kuluçkahanesinden daha iyi durumdadır. Bu nedenle SFA kuluçkahanesinin OCK kuluçkahanesinden kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olmayabilir. Ayrıca F_{IS} ve F_{IT} değerleri, ortalama genetik farklılık oranını ve ortalama genetik mesafe oranı açısından tüm kuluçkahaneler değerlendirildiğinde SFA kuluçkahanesi bölgedeki tüm kuluçkahaneler arasında genotipik olarak en iyi olan kuluçkahanedir.

Bu nedenle Çizelge 5.9’daki diğer kuluçkahanelerden kan tazeleme yapması sağlıklı bir yaklaşım olmayacaktır. Zaten halihazırda SFA kuluçkahanesi

heterozigotluğu yüksek olan bir işletmeden (Liman Balıkçılık) farklı dönemlerde sürekli kan tazelemektedir. Ayrıca bu işletme Türkiye’de bir Amerikan yumurta şirketinin (Troutlodge) distribütörlüğünü yürütmektedir. Bu nedenle bölgedeki diğer kuluçkahanelerdense halihazırda kan tazelemek için yararlandığı kuluçkahaneden kan tazelemeye devam etmesi SFA kuluçkahanesi için daha sağlıklı bir yaklaşım olacaktır.

Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan üçüncü kuluçkahanesinin YSU kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir. YSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranına (0.410) bakıldığında homozigotluğun artması muhtemel olmamakla beraber “orta” durumda olduğu görülmüştür. Ayrıca bu kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranının (0.087) da “orta” durumda olduğu belirlenmiştir (Çizelge 5.9). YSU kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri açısından “orta” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde YSU kuluçkahanesinin F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olduğu F_{IT} değerine (0.16) ise pozitif olduğu görülmektedir. Bu durum YSU kuluçkahanesinin kendi içinde heterozigot olduğunu ancak diğer kuluçkahanelerle de benzeşmekle birlikte homozigotluğun çok yüksek olmadığı ayrıca kuluçkahanesinin de Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir.

YSU kuluçkahanesinin fenotipik özelliklerine bakıldığında anaçların düşük fekonditeye ve düşük sperm miktarına sahip oldukları görülmüştür. YSU kuluçkahanesinin dölleme oranı da diğer kuluçkahanelere göre daha düşüktür (Çizelge 5.9). Bunun ana nedeni genetik faktörlerin yanında kuluçkahanelerde kullanılan dölleme metodlarındaki farklılıklar olabilir. YSU kuluçkahanesindeki anaçların sperm miktarının düşük olması da dölleme oranını düşürebilir. Ayrıca kuluçkahanesinin geniş bir yumurtlama profili olduğu ve diğer kuluçkahanelere oranla anaçların erken yumurtladığı bulunmuştur (Şekil 5.1) Normal şartlarda herhangi bir kuluçkahanesinin geniş bir yumurtlama profiline sahip olması sağım döneminin uzun sürmesine neden olmaktadır. Bu durum iş yükünü arttırmaktadır. Ancak YSU kuluçkahanesindeki anaç sayısı çok olmadığından kuluçkahane çok zorlanmadan anaçlarını rahat bir şekilde sağlamaktadır. Hatta geniş bir yumurtlama profiline sahip olmaları yumurtaların farklı dönemde açılmasını ve bu durumda erken ve geç dönemde ellerinde porsiyonluk balık

ve yumurta bulundurmalarına olanak sağlamaktadır. Ayrıca diğer kuluçkahanelere oranlara bünyesinde bulundurduğu Hat 1'den dolayı anaçlarının erken yumurtlaması da pazara daha erken balık ve yumurta sunmasını sağlamaktadır. Bu nedenle erken yumurta almak isteyen kuluçkahanelerin YSU kuluçkahanesindeki Hat 1'den yararlanmaları avantajlarına bir durum oluşturabilir.

Şu aşamada YSU kuluçkahanesinde kuluçkahane içi OGBO değerine ve F_{IS} değerine göre kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmasa da YSU kuluçkahanesi F_{IT} gibi farklı kriterler açısından değerlendirildiğinde YSU kuluçkahanesinin orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için heterozigotluğu yüksek olan iyi bir kaynaktan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca YSU kuluçkahanesinde büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısı uygulamalarından kaçınılmalıdır.

YSU kuluçkahanesi Çizelge 5.9' dan yararlanarak kan tazelemek ve büyüme hormonu gen ifade seviyesi ile ortalama genetik farklılık oranını artırmak ister ise OCK ve SFA kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ayrıca ortalama genetik mesafe oranını artırmak ister ise SFA, BSU ve OCK kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ancak öncelikli olarak SFA kuluçkahanesini tercih etmesi daha uygun olabilir. Çünkü BSU kuluçkahanesinin diğer kuluçkahanelere olan ortalama genetik mesafe oranı "iyi" olmasına rağmen ortalama genetik farklılık oranı "orta" düzeyde ve büyüme hormonu gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında sondan üçüncü sıradadır. OCK kuluçkahanesinin ise büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi yüksek olmasına rağmen kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı SFA ve BSU kuluçkahanelerinden sonra gelmektedir. Ayrıca anaçlarının fekonditesi SFA kuluçkahanesine göre daha düşüktür.

Bu nedenle hem büyüme hormonu gen ifade seviyesi ikinci sırada olan hem de ortalama genetik farklılık oranı ve ortalama genetik mesafe oranı "çok iyi" olan yüksek fekonditeli anaçlara sahip SFA kuluçkahanesinden kan tazelemesi, YSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesini, fekonditesini, ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranını arttıracaktır.

Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan dördüncü kuluçkahanesinin BSU kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir. BSU kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranının (0.130) “iyi” durumda olmasına rağmen kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranına (0.294) bakıldığında “orta” durumda olduğu görülmüştür. (Çizelge 5.9). BSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin “orta” seviyede olmasına ve kuluçkahaneler arası OGMO değerinin “iyi” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde BSU kuluçkahanesinin 0.21 F_{IS} değeri ve 0.38 F_{IT} değeri ile homozigotluğunun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında en yüksek durumda olduğunu görülmektedir.

BSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerine göre genotipik durumunun “orta” olmasına (0.706) rağmen diğer kuluçkahanelerden yüksek olması ve BSU kuluçkahanesinin Hardy-Weinberg dengesinde olmasına rağmen F_{IS} değeri ile F_{IT} değerinin pozitif olması büyüme yönelik tek yönlü seleksiyon uygulandığını ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğunu gösterebilir. Ayrıca BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesinin kendisi gibi Hat 4’den oluşan ELF ve KCM kuluçkahanelerinden yaklaşık iki kat daha fazla ifade (ekspres) olması, BSU kuluçkahanesinde tek yönlü seleksiyon uygulandığını ve seleksiyon baskısının yüksek tutulduğunu yani Hat 4 içindeki büyüme özellikleri iyi olan bireylerin anaç olarak ayrıldığını göstermektedir. Bu durum, BSU kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO arttırdığından (OGBO; 0,706) kuluçkahanede orta ve uzun vadede homozigotluk sorunu oluşacaktır. Bu nedenle BSU kuluçkahanesi, büyüme yönelik tek yönlü seleksiyon ve yüksek seleksiyon baskısı uygulamalarından kaçınmalıdır.

BSU kuluçkahanesinin fenotipik özelliklerine bakıldığında BSU kuluçkahanesinin dölleme oranının diğer kuluçkahanelere (KCM hariç) oranla daha yüksek olduğu görülmüştür (Çizelge 5.9). Bunun ana nedeni genetik faktörlerin yanında kuluçkahanelerde kullanılan dölleme metotlarındaki farklılıklar olabilir. Ayrıca kuluçkahanedeki erkek anaçların sperm miktarının diğer kuluçkahanelerdeki (KCM hariç) erkek anaçlardan daha fazla olduğu görülmüştür (Çizelge 5.9).

BSU kuluçkahanesi, kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri, OGBO değerine göre belirlenen hatlar, F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler ve

fenotipik özellikler açısından değerlendirildiğinde, BSU kuluçkahanesinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için performans özelliği bilinen, büyüme özellikleri iyi ve heterozigotluğu yüksek popülasyonlardan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca bu kuluçkahanedeki balıklar “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalıdır.

BSU kuluçkahanesi Çizelge 5.9’ dan yararlanarak kan tazelemek ve büyüme hormonu gen ifade seviyesi ile ortalama genetik farklılık oranını arttırmak ister ise OCK ve SFA kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ancak öncelikli olarak SFA kuluçkahanesini tercih etmesi daha uygun olabilir. Çünkü OCK kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında yüksek olmasına rağmen kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranı “iyi” durumdadır. SFA kuluçkahanesinin ise ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranı “çok iyi” durumdadır. Diğer yandan büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan SFA kuluçkahanesi ile büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan OCK kuluçkahanesi arasında büyüme hormonu gen ifade seviyeleri açısından istatistiksel bir fark söz konusu değildir ($p>0.05$).

Bu nedenle hem büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan hem de ortalama genetik farklılık oranı “çok iyi” olan anaçlara sahip SFA kuluçkahanesinden kan tazelemesi, BSU kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesini, ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranını arttıracaktır.

Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan beşinci kuluçkahanesinin KCM kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir. KCM kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranına (0.341) bakıldığında “orta” durumda olduğu görülmüştür. Ayrıca bu kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranının (0.072) da “orta” durumda olduğu belirlenmiştir (Çizelge 5.9). KCM kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri açısından “orta” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde KCM kuluçkahanesinin 0.17 F_{IS} değeri ve

0.35 F_{IT} değeri ile homozigotluğun, hem kuluçkahane içinde hem de diğer kuluçkahanelerle kıyaslandığında yüksek durumda olduğunu görülmektedir.

Bu durum KCM kuluçkahanesinin primer anaç stoku oluştururken düşük etkin anaç sayısı ile başlanıldığının göstergesi olabilir. Diğer yandan KCM kuluçkahanesinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin bölgedeki diğer kuluçkahanelerden (OCK, SFA, YSU, BSU) daha düşük olması bünyesinde bulundurduğu hatların büyüme hormonu gen ifade seviyelerinin düşük olmasından kaynaklanabilir.

KCM kuluçkahanesinin fenotipik özelliklerine bakıldığında anaçların yüksek fekonditeye sahip oldukları görülmüştür. Ayrıca kuluçkahanenin dölleme oranının diğer kuluçkahanelere oranla daha yüksek olduğu görülmüştür (Çizelge 5.9). Bunun ana nedeni genetik faktörlerin yanında kuluçkahanelerde kullanılan dölleme metotlarındaki farklılıklar olabilir. Kuluçkahanedeki erkek anaçların sperm miktarının diğer kuluçkahanelerdeki erkek anaçlardan daha fazla olduğu görülmüştür (Çizelge 5.9). Ayrıca kuluçkahanenin dar bir yumurtlama profili olduğu ve diğer kuluçkahanelere oranla anaçların daha geç yumurtladığı bulunmuştur (Şekil 5.2) KCM kuluçkahanesinin dar bir yumurtlama profiline sahip olması sağım döneminin kısa sürmesine neden olmaktadır. Bu durum yani yumurta bırakma aralığının dar olması, anaç sayısının fazla olduğu işletmelerde işletmeleri zor durumlara sokarken, anaç sayısı az olan işletmeler için idealdir. KCM kuluçkahanesindeki anaç sayısı çok olmadığından kuluçkahane çok zorlanmadan anaçlarını rahat bir şekilde sağlamaktadır. Ayrıca diğer kuluçkahanelere oranla anaçlarının daha geç yumurtlaması geç dönemde ellerinde porsiyonluk balık ve yumurta buldurmalarına olanak sağlamaktadır.

KCM kuluçkahanesinin kuluçkahane içi OGBO değerinin ve kuluçkahaneler arası OGMO değerinin “orta” durumda olması ve hem F_{IS} hem de F_{IT} değerleri bakımından sıfıra yakın ama pozitif değere sahip olması KCM kuluçkahanesinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için performans özelliği bilinen, büyüme özellikleri iyi ve heterozigotluğu yüksek popülasyonlardan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca bu kuluçkahanedeki balıklar “primer anaç stoku

oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalı, büyüme yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır.

KCM kuluçkahanesi Çizelge 5.9’ dan yararlanarak kan tazelemek ve büyüme hormonu gen ifade seviyesi ile ortalama genetik farklılık oranını arttırmak ister ise OCK ve SFA kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ortalama genetik mesafe oranı arttırmak ister ise de SFA, BSU ve OCK kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ancak öncelikli olarak SFA kuluçkahanesini tercih etmesi daha uygun olabilir. Çünkü BSU kuluçkahanesinin diğer kuluçkahanelere olan ortalama genetik mesafe oranı “iyi” olmasına rağmen ortalama genetik farklılık oranı “orta” düzeyde ve büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında sondan üçüncü sıradadır. Diğer yandan OCK kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında yüksek olmasına rağmen kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranı “iyi” durumdadır. SFA kuluçkahanesinin ise ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranı “çok iyi” durumdadır. Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan SFA kuluçkahanesi ile büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan OCK kuluçkahanesi arasında büyüme hormonu gen ifade seviyeleri açısından istatistiksel bir fark söz konusu değildir ($p>0.05$).

Bu nedenle hem büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan hem de ortalama genetik farklılık oranı ve ortalama genetik mesafe oranı “çok iyi” olan anaçlara sahip SFA kuluçkahanesinden kan tazelemesi, KCM kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesini, ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranını arttıracaktır.

Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan kuluçkahanesinin ELF kuluçkahanesi olduğu belirlenmiştir. ELF kuluçkahanesinin kuluçkahane içi ortalama genetik farklılık oranına (0.423) bakıldığında “orta” durumda olduğu görülmüştür. Ayrıca bu kuluçkahanesinin kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranının (0.064) da “orta” durumda olduğu belirlenmiştir (Çizelge 5.9). ELF kuluçkahanesi kuluçkahane içi OGBO değeri, kuluçkahaneler arası OGMO değeri açısından “orta” seviyede olmasına rağmen F_{IS} ve F_{IT} , gibi farklı kriterler açısından da değerlendirildiğinde ELF kuluçkahanesinin F_{IS} değerinin (-0.07) negatif olduğu F_{IT}

değerine (0.16) ise pozitif olduğu görülmektedir. Bu durum ELF kuluçkahanesinin kendi içinde heterozigot olduğunu ancak diğer kuluçkahanelerle de benzeşmekle birlikte homozigotluğun çok yüksek olmadığı ayrıca kuluçkahanesinin de Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu göstermektedir. Bunun durumun nedeni primer anaç stoku kurulurken yumurtlamaya etkin bir şekilde katılan etkin anaç sayısının düşük tutularak işe başlanması ve üretime düşük etkin anaç sayısı ile devam edilmesi olabilir.

Diğer yandan ELF kuluçkahanesinin büyüme hormonu (GH-I) gen ifade seviyesinin bölgedeki diğer kuluçkahanelerden (OCK, SFA, YSU, BSU, KCM) daha düşük olması bünyesinde bulundurduğu hatların büyüme hormonu gen ifade seviyelerinin düşük olmasından kaynaklanabilir.

ELF kuluçkahanesinin fenotipik özelliklerine bakıldığında kuluçkahanedeki erkek anaçların sperm miktarının diğer kuluçkahanelerdeki erkek anaçlara oranla daha düşük olduğu bulunmuştur (Çizelge 5.9). Ayrıca kuluçkahanesinin geniş bir yumurtlama profili olduğu bulunmuştur (Şekil 5.2) Normal şartlarda herhangi bir kuluçkahanesinin geniş bir yumurtlama profiline sahip olması sağım döneminin uzun sürmesine neden olmaktadır. Bu durum iş yükünü arttırmaktadır. Ancak ELF kuluçkahanesinin anaç sayısı çok olmadığından kuluçkahane çok zorlanmadan anaçlarını rahat bir şekilde sağlamaktadır. Hatta geniş bir yumurtlama profiline sahip olmaları yumurtaların farklı dönemde açılmasını ve bu durumda erken ve geç dönemde ellerinde porsiyonluk balık ve yumurta bulundurmalarına olanak sağlamaktadır.

Şu aşamada ELF kuluçkahanesinde kuluçkahane içi OGBO değerine ve F_{IS} değerine göre kısa vadede homozigotluğun artması muhtemel olmasa da ELF kuluçkahanesinin F_{IT} değerinin pozitif olması, kuluçkahanede tek hattın bulunması (Hat 4) ve hattın OGBO oranının “orta” seviyede olmasından dolayı ayrıca ELF kuluçkahanesinin bölgedeki diğer kuluçkahaneler arasında büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en düşük olan kuluçkahane olması, ELF kuluçkahanesinin etkin anaç sayısını da dikkate alarak orta ve uzun vadede homozigotluğu arttırmamak ve sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi oluşturmak için performans özelliği bilinen, büyüme özellikleri iyi ve heterozigotluğu yüksek popülasyonlardan kan tazelemesi sağlıklı bir yaklaşım olacaktır. Ayrıca bu kuluçkahanedeki balıklar “primer anaç stoku

oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılmamalı, büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmamalıdır.

ELF kuluçkahanesi Çizelge 5.9’ dan yararlanarak kan tazelemek ve büyüme hormonu gen ifade seviyesi ile ortalama genetik farklılık oranını arttırmak ister ise OCK ve SFA kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ortalama genetik mesafe oranını arttırmak ister ise de SFA, BSU ve OCK kuluçkahanelerinden anaç temin edebilir. Ancak öncelikli olarak SFA kuluçkahanesini tercih etmesi daha uygun olabilir. Çünkü BSU kuluçkahanesinin diğer kuluçkahanelere olan ortalama genetik mesafe oranı “iyi” olmasına rağmen ortalama genetik farklılık oranı “orta” düzeyde ve büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında sondan üçüncü sıradadır. Diğer yandan OCK kuluçkahanesinin büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi kuluçkahaneler arasında yüksek olmasına rağmen kuluçkahaneler arası ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranı “iyi” durumdadır. SFA kuluçkahanesinin ise ortalama genetik mesafe oranı ve ortalama genetik farklılık oranı “çok iyi” durumdadır. Büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan SFA kuluçkahanesi ile büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi en yüksek olan OCK kuluçkahanesi arasında büyüme hormonu gen ifade seviyeleri açısından istatistiksel bir fark söz konusu değildir ($p>0.05$).

Bu nedenle hem büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi ikinci sırada olan hem de ortalama genetik farklılık oranı ve ortalama genetik mesafe oranı “çok iyi” olan anaçlara sahip SFA kuluçkahanesinden kan tazelemesi, ELF kuluçkahanesinin büyüme hormonu gen ifade seviyesini, ortalama genetik mesafe oranını ve ortalama genetik farklılık oranını arttıracaktır.

5.5. Sonuç ve Öneriler

Van ilindeki gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde bulunan gökkuşığı alabalığı anaç populasyonlarının bazı fenotipik özellikleri, kandan izole edilen total DNA ile mitokondrial DNA’dan hesaplanan genotipik polimorfizm kriterleri ve örneklenen larvalardan belirlenen büyüme hormonu gen ifade seviyeleri birlikte değerlendirildiğinde;

- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde 7 farklı gökkuşığı alabalığı hattının olduğu ve bazı kuluçkahanelerdeki farklı hatların genotipik çeşitliliği arttırdığı,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin kuluçkahane içi OGBO ve OGFO değerleri ile kuluçkahaneler arası OGMO ve OGYO değerlerine göre kuluçkahanelerin genotipik durumlarının “çok iyi”, “iyi” ve “orta” seviyede olduğu,
- Aynı hatların farklı kuluçkahanelerde, kuluçkahane ve anaç yönetiminden kaynaklanan farklı GBO veya OGBO değerlerine sahip olduğu,
- Hat 4’ün OGBO değeri “orta” seviyede olmakla beraber, bazı kuluçkahanelerdeki frekansının fazla olması (BSU, KCM, ELF) nedeniyle dikkatli bir anaç ve kuluçkahane yönetimi yapılmazsa bu kuluçkahanelerde orta ve uzun vadede genotipik varyasyonun düşmesine sebep olabileceği,
- Genotipik çeşitlilik kriterlerine göre kuluçkahanelerdeki genotipik çeşitliliğin iyi durumda olduğu (özellikle SFA kuluçkahanesinde “çok iyi” durumda) ancak bazı kuluçkahanelerin (BSU, KCM, OCK) F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin her ne kadar sıfıra yakın ve Hardy-Weinberg dengesinde olsa da F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin pozitif olması nedeniyle bu kuluçkahanelerde homozigotluğun görece arttığı ve dikkatli bir anaç ve kuluçkahane yönetimi yapılmazsa orta ve uzun vadede genotipik varyasyonun düşmesine sebep olabileceği,
- Populasyonlar arasındaki genetik farklılığın tanımlanmasında kullanılan F_{ST} değerine göre kuluçkahanelerdeki genotipik çeşitliliğin iyi durumda görünmesine rağmen, OGBO değeri ile birlikte değerlendirildiğinde bazı kuluçkahanelerde (BSU, KCM) kuluçkahane içi OGBO değerlerinin yüksek olması nedeniyle bu kuluçkahanelerde dikkatli bir kuluçkahane ve anaç yönetimi yapılmazsa orta ve uzun vadede genetik varyasyonun düşebileceği,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinin ve hatlarının büyüme hormonu gen ifade seviyeleri arasında istatistiksel olarak farkın önemli olduğu ($p < 0.05$),

- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerdeki büyüme hormonu nispi gen ifade seviyelerine göre en yüksek büyüme hormonu (GH-I) nispi gen ifade seviyesinin sırası ile OCK ve SFA kuluçkahanelerindeki anaçlarda olduğu,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde belirlenen gökkuşığı alabalığı anaç hatlarının büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesine göre en yüksek büyüme hormonu (GH-I) nispi gen ifade seviyesinin SFA kuluçkahanesinde belirlenen Hat 5'deki anaca ait olduğu,
- OCK ve SFA kuluçkahanelerinde belirlenen büyüme hormonu nispi gen ifade seviyeleri sırasıyla birinci ve ikinci sırada olan ayrıca OGBO değerleri “çok iyi” olan Hat 5 ve Hat 6'nın OCK ve SFA kuluçkahanelerinde bulunan diğer hatlardan ayrıştırılabilirse “primer anaç stoku oluşturmak” veya “kan tazeleme” için kullanılabilmesi,
- Ancak Hat 5 ve Hat 6'nın primer anaç stoku oluşturmak veya kan tazeleme için kullanımında etkin anaç sayısı yüksek tutularak elde edilecek yumurta ve yavruların anaç aday olarak kullanılması gerektiği,
- Ayrıca bu hatların (Hat 5 ve Hat 6) heterozigotluğunun muhafaza edilmesi gerektiği ve hatların büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmaması gerektiği,
- Kuluçkahanelerin orta ve uzun vadede homozigotluk sorunu ile karşılaşmaması için büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınmaları gerektiği,
- YSU, BSU, KCM ve ELF kuluçkahanelerinde bulunan anaçların kan tazeleme ve primer anaç stoku oluşturmak için kullanılmamasının daha uygun olacağı ve bu kuluçkahanelerin heterozigotluğu yüksek bir kaynaktan etkin anaç sayısını yüksek tutarak kan tazelemelerinin kendileri açısından sağlıklı bir yaklaşım olabileceği,
- OCK kuluçkahanesinin heterozigotluğu yüksek bir kaynaktan etkin anaç sayısını yüksek tutarak kan tazelemesinin sağlıklı bir yaklaşım olabileceği
- SFA kuluçkahanesinin düşük GBO ve OGBO değerinden ve negatif F_{IS} ve F_{IT} değerlerinden dolayı şu an için kan tazelemeye ihtiyacın olmadığı ancak orta ve uzun vadede bu durumun değişebileceği,

- Kan tazeleme ve primer anaç stoku oluşturmak için GBO ve OGBO değeri en düşük olan ve negatif F_{IS} ve F_{IT} değerlerine sahip SFA kuluçkahanesinin birinci tercih olarak diğer kuluçkahaneler tarafından kullanılması ve bu yapılırken etkin anaç sayısı yüksek tutulması gerektiği,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahaneleri arasında fenotipik ve genotipik farklılıklarının bulunduğu,
- Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde homozigotluğu arttırmamak için anaçların olabildiğince uzun süre kullanılması gerektiği,
- Fenotipik özelliklere bakıldığında YSU kuluçkahanesinde bulunan Hat 1'in erken yumurtlayan bir hat olduğu,
- YSU kuluçkahanesinde belirlenen büyüme hormonu nispi gen ifade seviyesi üçüncü sırada olan ayrıca OGBO değerleri "iyi" olan ve erken yumurtlayan Hat 1'in YSU kuluçkahanesinde bulunan diğer hatlardan ayrıştırılabilirse "primer anaç stoku oluşturmak" veya "kan tazeleme" için kullanılabilirdiği,
- Ancak erken yumurtlayan Hat 1'in primer anaç stoku oluşturmak veya kan tazeleme için kullanımında etkin anaç sayısı yüksek tutularak elde edilecek yumurta ve yavrular anaç adayları olarak kullanılması gerektiği,
- Ayrıca erken yumurtlayan Hat 1'in heterozigotluğunun muhafaza edilmesi gerektiği ve hatların büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyona ve yüksek seleksiyon baskısına maruz bırakılmaması gerektiği,
- Gen kaynağı ülkemizde olmayan gökkuşığı alabalıklarında genetik çeşitliliğin azalmasını önlemek için bu türün yetiştiriciliğinde akrabalık depresyonuna girmeksizin genetik varyasyonun yüksek tutulması gerektiği,
- Bu nedenle gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerinde sağlıklı bir kuluçkahane ve anaç yönetimi için düzenli olarak kan tazeleme yapılması ve büyümeye yönelik tek yönlü seleksiyon uygulamalarından ve yüksek seleksiyon baskısından kaçınılması gerektiği görülmüştür.

Bu çalışma sonuçları metodolojik olarak değerlendirildiğinde popülasyonları değerlendirmek için sadece ortalama genetik benzerlik (OGBO) veya sadece F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerlerini hesaplamak ya da sadece F_{ST} değerini kullanmak yeterli değildir.

Populasyonları sađlıklı bir Őekilde inceleyebilmek iŐin GBO, OGBO, GMO, OGMO, FIS, FIT ve FST deđerlerinin birlikte deđerlendirilmesi gerektiđi g r lm Őt r. Ayrıca ilave olarak populasyonların b y me hormonu (GH-I) gen ifade seviyeni belirlemek, k lt r  yapılan populasyonlar hakkında daha detaylı ve deđerli bilgilere ulaŐmaya imkan tanımaktadır.

Bu  alıŐma sonuŐlarından da anlaŐılacađı gibi populasyonların OGBO, OGMO, FIS, FIT, FST, b y me hormonu (GH-I) gen ifade seviyeleri ile birlikte deđerlendirilmesi sayesinde populasyonlar hakkında detaylı ve y netim kriterleri olarak deđerlendirilebilecek parametreler elde etmek m mk nd r.

SonuŐ olarak bu  alıŐmada Van ilindeki g kkuŐađı alabalıđı kuluŐkahanelerdeki anaŐlardan elde edilen genotipik ve fenotipik verilerin ayrı ayrı ve birlikte deđerlendirilmesi ile sađlıklı bir kuluŐkahane ve anaŐ y netimi iŐin kıyaslanabilir, deđerlendirilebilir y netim parametreleri elde edilmiŐtir. Bu  alıŐma sonuŐları ile Van ilindeki g kkuŐađı alabalıđı yetiŐtiricileri sađlıklı bir kuluŐkahane ve anaŐ y netim planı oluŐturabilir ve ilerleyen yıllarda karŐılaŐabilecekleri muhtemel problemlere karŐı proaktif tedbirler alınabilir. Bu durum su  r nleri yetiŐtiriciliđi iŐin  nemli yararlar sađlayabilir.



KAYNAKLAR

- Afzali, M., Rahimi-Mianji, G., Gholizadeh, M., 2013. Genetic variability of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) cultured in Iran using molecular RAPD markers. ***Iranian Journal of Fisheries Sciences* 12(3): 511-521**
- Agellon, L.B., Davies, S.L., Chen, T.T., Powers, D.A., 1988a. Structure of a fish (rainbow trout) growth hormone gene and its evolutionary implications. ***Proceedings National Academy of Sciences*. 85: USA 5136-5140.**
- Agellon, L. B., Davies, S. L., Lin, C. M., Chen, T. T., Powers, D. A., 1988b. Rainbow trout has two genes for growth hormone. ***Mol. Reprod. Dev.* (1):11-17.**
- Ağdamar, S. 2010. ***Türkiye’de Üretilen Gökkuşığı Alabalığı (Oncorhynchus mykiss Walbaum, 1792) Populasyonlarının Mikrosatellit DNA Analizi*** (Yüksek lisans tezi, basılmamış). Muğla Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Muğla.
- Akhan, S., Canyurt, M. A., 2005. Üç farklı kuluçkahanedeki damızlık gökkuşığı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) stokları arasında genetik çeşitliliğin RAPD-PCR yöntemiyle belirlenmesi üzerine bir araştırma. ***Ege Üniversitesi Su Ürünleri Dergisi*, 22 (1-2): 25-30.**
- Aksakal, E., 2009. ***Düşük ve Yüksek Canlı Ağırlığa Sahip Gökkuşığı Alabalıkları (Oncorhynchus mykiss Walbaum, 1792) arasındaki genetik varyasyonun mikrosatelit markırlar kullanılarak belirlenmesi*** (Doktora tezi, basılmamış). Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Erzurum.
- Aksakal, E., Ceyhun, S. B., Erdoğan, O., Ekinci, D., 2010. Acute and long-term genotoxicity of deltamethrin to insulin-like growth factors and growth hormone in rainbow trout. ***Comparative Biochemistry and Physiology, Part C* 152: 451-455**
- Aksakal-İçoğlu, F., 2013. ***Farklı Yağ Kaynağı İçeren Diyetlerin Gökkuşığı Alabalıklarında (Oncorhynchus mykiss) Bazı Büyüme (Gh-I), (Igf-I), (Igf-II) ve İmmün Sistem (Tgf-B) Genleri Ekspresyonu Üzerine Etkileri*** (Yüksek lisans tezi, basılmamış). Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Erzurum.
- Aksoy, Z. B., Soydemir, E., 2017. Polimorfizm ***Güncel Gastroenteroloji Dergisi* 21: (1).**
- Arabacı, M., 2000. ***Çipura (Sparus aurata) ve Levrek (Dicentrarchus labrax) Anaçlarında Depo Hormon Kullanarak Üremenin Uyarılması, Sentranizasyonu ve Yumurta Kalitesinin Arttırılması*** (doktora tezi, basılmamış). EÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bornova, İzmir.
- Arabacı, M., 2007. ***Gökkuşığı Alabalığı Yetiştiriciliği Ders Kitabı***, Van 112s,
- Arabacı, M., Karataş, B., 2018. A solution suggestion for the DNA purity problem in DNA isolation from anticoagulated blood samples in rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). ***I. International Agricultural Science Congress*. 09-12 Mayıs 2018, Van. 212-212.**
- Arslan, S., 2006. ***Türkiye Doğal Alabalık (Salmo trutta L., 1758) Populasyonlarında Mikrocoğrafik ve Makrocoğrafik Mikrosatelit DNA Varyasyonu*** (Doktora tezi, basılmamış). Cumhuriyet Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Sivas.

- Aygün, T., Mert, N., 2007. Norduz keçilerinde kan proteinleri polimorfizmi ile kimi süt verim özellikleri arasındaki ilişkiler. ***Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarım Bilimleri Dergisi***, **17**(1): 45-53
- Barat A., Sahoo P. K., Kumar R., Mir J. I., Ali S., Patiyal R. S., Singh A. K., 2015. Molecular characterization of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792) stocks in India. ***Journal of Genetics*** **94**:8-13.
- Benavente, J. N., Seeb, L. W., Seeb J. E., Arismendi, I., Hernández, C. E., Gajardo, G., Galleguillos, R., Cádiz, M., Musleh, S. S., Gomez-Uchida, D., 2015. Temporal genetic variance and propagule-driven genetic structure characterize naturalized rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) from a patagonian lake impacted by trout farming. ***PLoS ONE*** **10** (11): 0142040.
- Bodur, T., 2012. ***Türkiye’de Damızlık Temin Edilen Bazı Bölgelerdeki Levrek (Dicentrarchus labrax L. 1758) Balıklarında Genetik Varyasyonların Mikrosatelit Markırlar ile Belirlenmesi ve Bazı Avrupa Popülasyonları ile Karşılaştırılması*** (Doktora tezi, basılmamış). Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya
- Botstein, D., White R. L., Skolnik, M., Davis, R. W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, ***American Journal of Human Genetics***, **32**: 314-331.
- Canyurt, M. A., 1985. ***Alabalık Üretimi***. Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Haber Bülteni. 43: 4-6.
- Carcamo, C. B., Diaz, N. F., Winkler, F. M., 2015. Genetic diversity in Chilean populations of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* ***Latin American Journal of Aquatic Research***, **43** (1): 59-70,
- Çelikkale, M. S., 1988. ***İçsu Balıkları ve Yetiştiriciliği***. Cilt 1, K.T.Ü. Yayın, No:124 Trabzon.
- Çelikkale, M. S., Düzgüneş, E., Okumuş, İ., 1999. ***Türkiye Su Ürünleri Sektörü: Potansiyeli, Mevcut Durumu, Sorunları ve Çözüm Önerileri***. İstanbul Ticaret Odası Yayın No: 2, İstanbul.
- Çelikkale, M. S., 1994. ***İçsu Balıkları ve Yetiştiriciliği***. Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi Yayınları, 1 (2): 419.
- Deligezer, U., Akışık, E. E., Dalay, N., 2004. Gen Polimorfizm Analizinde LightCycler Floresan PCR Tekniğinin Kullanılması. ***Türk Onkoloji Dergisi***, Cilt 19: 4
- Düzgüneş, O., Eliçin, A., Akman, N., 1996. ***Hayvan Islahı*** (III Baskı). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları. Ankara. 295s.
- Ekinci, D., Ceyhun, S. B., Aksakal, E., Erdoğan, O., 2011. IGF and GH mRNA levels are suppressed upon exposure to micromolar concentrations of cobalt and zinc in rainbow trout white muscle. ***Comparative Biochemistry and Physiology, Part C*** **153**: 336–341
- Ekmekçi, A., Konaç, E., Önen, H. İ., 2008. Gen polimorfizmi ve kansere yatkınlık. ***Marmara Medical Journal*** **21** (3): 282-295
- Emre, Y., 2004. ***Alabalık Yetiştiriciliği***. T.C Başbakanlık Güneydoğu Anadolu Projesi Bölge Kalkınma İdaresi Başkanlığı, 1-17.
- Emsen, H., 2003. ***Hayvan Yetiştirme İlkeleri***. Atatürk Üniversitesi Yayınları. Erzurum. 272s.

- Ertuğrul M., Cedden, F., Dellal, G., Akman, N., Yener, S. M., Türkoğlu, M., Elibol, O., Gençer, H. V., Fıratlı, Ç., 2011. *Hayvan Yetiştirme*. AÖF Yayın Evi, Eskişehir. 200s
- Faccenda, F., Lunelli, F., Gandolfi, A., Bozzi, R., 2018. Microsatellite-based genetic diversity and admixture history of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss* – Walbaum, 1792) stocks in Trentino (Italy). *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, **18**: 881-889.
- Felsenstein, J., 1993. *PHYLIP (Phylogeny Inference Package)*, version 3.5 c.
- Ferguson, M. M., Danzmann, R. G., Arndt, S. K. A., 1993. Mitochondrial DNA and allozyme variation in Ontario cultured rainbow trout spawning in different seasons. *Aquaculture* **117**: 237-259.
- Gabillard, J., Duval, H., Cauty, C., Rescan, P., Weil, C., Bail P., 2003. Differential expression of the two GH genes during embryonic development of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* in relation with the IGFs system. *Molecular Reproduction and Development* **64**: 32–40
- Gajardo, G., Diaz, O., Crespo, J. E., 1998. Allozymic variation and differentiation in naturalized populations of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum), from southern Chile. *Aquaculture Research* **29**: 785-790.
- Gall, G.A.E., Crandel, P. A., 1992. The Rainbow Trout, *Aquaculture*. **100**: 1-10.
- Geldiay, R., Balık, S., 2002. *Freshwater Fishes of Turkey*. Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Yayınları, 46 (2): 532.
- Glover, K. A., 2008. Genetic characterisation of farmed rainbow trout in Norway: intra- and inter-strain variation reveals potential for identification of escapees. *BMC Genetics* **9**: 87.
- Gonzalez, F. J., 1999. Polymorphisms in xenobiotic metabolism. In Molecular and Applied Aspects of Oxidative Drug Metabolizing Enzymes. *Life Sciences Pharmacogenetics*. **303**: 91-110.
- Gross, R., Lulla, P., Paaver, T., 2007. Genetic variability and differentiation of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains in northern and Eastern Europe. *Aquaculture* **272**: 139–146.
- Hanson, A. M., Kittilson, J. D., McCormick, S. D., Sheridan, M. A., 2012. Effects of 17 β -estradiol, 4-nonylphenol, and β -sitosterol on the growth hormone-insulin-like growth factor system and seawater adaptation of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* **362–363**: 241–247.
- Harris, H., Hopkinson, D., 1976. *Handbook of Enzyme Electrophoresis in Human Genetics*. New York: American Elsevier.
- Hartl, D. L., Clark, A. G., 2007. *Principles of Population Genetics*, Fourth Edition, Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA.
- Hunter, R. L., Markert, C. L., 1957. Histochemical demonstration of enzymes separated by zone electrophoresis in starch gels. *Science*, **125**: 1294-1295.
- Innis, M. A., Gelfand, D. H., Sninsky, J. J., White, T. J., 1990. *PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications*. Academic Press, INC. San Diego, California. 481.
- Johnson, N, A., Rexroad III, C. E., Hallerman, E. M., Vallejo, R. L., Palti, Y., 2007. Development and evaluation of a new microsatellite multiplex system for parental allocation and management of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) broodstocks. *Aquaculture*, **53**: –62.

- Jones, I., Kille, P., Sweeney, G., 2001. Cadmium delays growth hormone expression during rainbow trout development. *Journal of Fish Biology* **59**:1015–1022
- Kaya, M., 2008. *Denizli ve Gerze Tavuk Populasyonlarındaki Genetik Çeşitliliğin Bazı Mikrosatelit Markörler Kullanılarak Belirlenmesi* (Doktora tezi, basılmamış). Ankara Üniversitesi Fen Bil. Enstitüsü, Ankara.
- Kimura, M., Crow, J. F., 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population, *Genetics*, **49** (4): 725-738.
- Kubista, M., Andrade, J.M., Bengtsson, M., Forootan, A., Jonák, J., Lind, K., Sindelka, R., Sjöback, B., Strömbom, L., Stahlberg, A., Zoric, N., 2006. The real-time polymerase chain reaction *Mol. Aspects of Med.* **27**: 95- 125.
- Kurtoğlu, İ. Z., Okumuş, İ., Çelikkale, M., 1998. Determination of growth performance of fingerlings and egg production features of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) broodstocks in a commercial fish farm in the eastern black sea region. *Türk Veterinerlik ve Hayvancılık Dergisi*, **22** (6): 489-496.
- Lansman, R.A., Shade, R. O., Shapira, J. F., Avise, J. C., 1981. The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. III. Techniques and potential applications. *Journal of Molecular Evolution*, **17**: 214-226.
- Li, M., Greenaway, J., Raine, J., Petrik, J., Hahnel, A., Leatherland, J., 2006. Growth hormone and insulin-like growth factor gene expression prior to the development of the pituitary gland in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) embryos reared at two temperatures. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part A*, **143**: 514–522
- Li, M., Raine, J. C., Leatherland, J. F., 2007. Expression profiles of growth-related genes during the very early development of rainbow trout embryos reared at two incubation temperatures. *General and Comparative Endocrinology*, **153**: 302–310.
- Liu, S., Palti, Y., Martin, K. E., Parsons, J. E., Rexroad III, C. E., 2017. Assessment of genetic differentiation and genetic assignment commercial rainbow trout strains using a SNP panel *Aquaculture*, **468**: 120–125.
- Liu, Z. J., Cordesb, J. F., 2004. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, **238**: 1 –37.
- Livak, K. J., Schmittgen, T. D., 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ Method. *Methods* **25** (4): 402-408.
- Long, J. C., 1986. The allelic correlation structure of gainj- and kalam-speaking people, the estimation and interpretation of Wright's F-statistics, *Genetics*, **112**: 629-647.
- Lulla, P., Gross, R., Naver, T., 2006. Genetic variability and differentiation of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains in northern and Eastern Europe. *Aquaculture*, **272**: 139-146.
- Ma, H., Shieh, K.J., Chen, G., Qiao, X.T., Chuang, M.Y., 2006. application of realtime polymerase chain reaction (RT-PCR). *The Journal of American Science*, **2**(3): 1-5.

- MacIntyre, C. M. P., Ellis, T. P., North, B. P., Turnbull, J. F., 2008. *The influences of water quality on the welfare of farmed rainbow trout: a review*. Published as Chapter 10 in 'Fish Welfare'. (ed. by Edward J Branson). Blackwell Publishing, 150–184.
- Martsikalis, P., Gkafas, G. A., Apostolidis, A. P., Exadactylos, A., 2014. Genetic structure profile of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) farmed strains in Greece. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* **14**: 749-757
- Mete, Ö. S., 2016. *Yerli Kıl Keçilerinde Büyüme Hormonu Gen Polimorfizmi ve Büyüme Özellikleri ile İlişkisi* (Yüksek lisans tezi, basılmamış). Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Aydın.
- Moller, N., Jorgensen, J. O., 2009. Effects of growth hormone on glucose, lipid, and protein metabolism in human subjects. *Endocrine Reviews* **77**: 152.
- Mori, T., Deguchi, F., Ueno, K., 2001. Differential expression of GH1 and GH2 genes by competitive RT-PCR in rainbow trout pituitary. *General and Comparative Endocrinology* **123**: 137–143
- Muus, B., Dahlstrom, P., 1971. *The Freshwater Fish of Britain and Europe*. W M. Collins Sons and Co. Ltd., London, 0-00-212056-9.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*, Columbia University Press, NY
- Okumuş, İ. 2002. Rainbow Trout Broodstock Management and Seed Production in Turkey: Present Practices, Constraints and the Future. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* **2** (1): 41-56
- Oral, M., 2011. *Türkiye’de Üretimi Yapılan Gökkuşluğu Alabalığı (Oncorhynchus mykiss Walbaum, 1792) Populasyonlarının Genetik Karakterizasyonu* (Yüksek lisans tezi, basılmamış) Muğla Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Muğla.
- Overturf, K., Casten, M. T., LaPatra, S. L., Rexroad III, C. E., Hardy, R. W., 2003. Comparison of growth performance, immunological response and genetic diversity of five strains of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*, **93**: 106
- Parlak, V., Erdoğan, O., 2018. DDVP (2,2- diklorovin dimetil fosfat)’nin gökkuşluğu alabalığında (*Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1972)) GH-I, IGF-I ve IGF-II gen ekspresyonları üzerine etkisi. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi* **5**(3): 253–260.
- Pfaffl, M. W., 2001. A new mathematical model for relative quantification in real time RT-PCR. *Nucleic Acids Research*, **29** (9): 2003-2007.
- Purser, J., Forreath, N., 2005. Salmonids. In Lucas, J. S., Southgate P. C., (eds.), *Aquaculture: Farming Aquatic Animals and Plants*. Blackwell Publishing, Oxford, England.
- Rohlf, F. J., 2000. *NTSYSpc (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) Version 2.1*, Department of Ecology and Evolution State University of New York Stony Brook, NY 11794-5245
- Romesburg, H. C., 1984. *Cluster Analysis for Researchers*. Lifetime Learning Publications. Belmont, California. 334 pp.
- Ryynanen, H. J., Primmer, C. R., 2004. Distribution of genetic variation in the growth hormone 1 gene in Atlantic salmon (*Salmo salar*) populations from Europe and North America. *Molecular Ecology* **13**: 3857–3869

- Sekste, E. A., Dement'eva, N. V., Terletskii, V. P., Tyshchenko, V. I., Shindavina, N. I., Yakovlev, A. F., 2008. Molecular genetic analysis of heterogeneity of rainbow trout breeds. *Russian Agricultural Sciences*, **34**, No. 1: pp. 49–51.
- Shannon, C. E., Weaver, W., 1949. *The Mathematical Theory of Communication*. Univ. of Illinois Press, Urbana.
- Sharif, S., Shoaie, A., Amiri, B. M., Farahmand, H., 2015. The effects of brackishwater on growth hormone/insulin-like growth factor-1 gene expression of the caspian trout, *salmo trutta caspius* (kessler, 1877), during the early stage of smoltification. *Journal of the World Aquaculture Society* Vol. 46: No. 2
- Sick, K. 1961. *Haemoglobin Polymorphism in Fishes*. Nature, London. 192: 894-896.
- Silverstein, J. T., Rexroad, C. E., King, T. L., 2004. Genetic variation measured by microsatellites among three strains of domesticated rainbow trout. *Aquaculture Research* **35**: 40-48.
- Stevenson, J. P., 1987. *Trout Farming Manual*. Fishing News Books Limited, England, 257 s.
- Stickney, R. R., 1991. *Culture of Salmonid Fishes*, CRC Pres. Inc., USA. 189p.,
- Stickney, R. R., 2000. *Encyclopedia of Aquaculture*. John Wiley and Sons, New York.
- Suter, L., Babiss, L.E. and Wheeldon, E. B., 2004. Toxicogenomics in predictive toxicology in drug development. *Chemistry & Biology*, **11**: 161-171.
- Tave, D., 1986. *Genetics for Fish Hatchery Managers*. AVI publishing Company, Inc. Westport, Connecticut. 229p.
- Tave, D., 1999. *Inbreeding and Broodstock Management*. FAO. Fisheries Technical Paper, vol. 392
- TÜİK, 2018. Su Ürünleri İstatistikleri, <http://www.tuik.gov.tr/UstMenu.do?metod=temelist>. Türkiye İstatistik Kurumu, Ankara. Erişim tarihi: 12.06.2019.
- Ulutaş, G., 2015. *Çinko Oksit (Zno) Nanopartiküllerin Zebra Balığı (Danio rerio) Larvaları Üzerine Genotoksik Etkileri ve Gen Ekspresyon Değişimlerinin Belirlenmesi* (Yüksek lisans tezi, basılmamış). Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Rize.
- Vélez, E. J., Azizi, S., Millán-Cubillo, A., Fernández-Borras, J., Blasco, J., Chan, S. J., Calduch-Giner, J. A., Pérez-Sánchez, J., Navarro, I., Capilla, E., Gutiérrez, J., 2016. Effects of sustained exercise on GH-IGFs axis in gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Am J Physiol Regul Integr Comp Physiol* **310**: 313–322,
- Ward, R. D., Grewe, P. 1994. Appraisal of molecular genetic techniques in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* **4**: 300-325.
- Ward, R. D., Jorstad, K. E., Maguire, G. B., 2003. Microsatellite diversity in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) introduced to Western Australia. *Aquaculture*, **219**: 169 – 179.
- Wedemeyer, G. A., 1996a. *Effects of rearing conditions on the health and physiological quality of fish in intensive culture*. In Iwama, G. K., Pickering, A. D., Sumpter, J. P. (Eds.). *Fish Stress and Health in Aquaculture*, (38-71), Cambridge University Press, UK. 290p,
- Weir, B. S., Cockerham, C. C., 1984. Estimating F-statistics for the Analysis of Population. *Evolution*, **38**: 1358-1370.
- Winans, G. A., Allen, M. B., Baker, J., Lesko, E., Shrier, F., Strobel, B., Myers, J., 2018. Dam trout: Genetic variability in *Oncorhynchus mykiss* above and below

- barriers in three Columbia River systems prior to restoring migrational access. *PLoS ONE* **13** (5): e0197571.
- Wright, S., 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to system of mating. *Evolution* **19**: 395–420.
- Wright, S., 1978. *Variability Within and Among Natural Populations*, The Univ. of Chicago Pres, Chicago. Vol:4.
- Yada, T., Muto, K., Azuma, T., Hyodo, S., Schreck, C. B., 2005. Cortisol stimulates growth hormone gene expression in rainbow trout leucocytes in vitro. *General and Comparative Endocrinology* **142**: 248–255
- Yeh, F. C., Yang, R. C., Boyle, T. B. J., Ye, Z. H., Mao, J. X., 1997. *POPGENE, The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis*. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.
- Yousefian, M., Laloei, F., Hedayatifard, M., Bahrekazemi, M., Tagavi, M. J., Irani, M., Azizifar, V., Khasaesi, E., 2012. Microsatellite diversity in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) stocks of different origin *Middle-East Journal of Scientific Research* **11** (9): 1196-1201.
- Zhong, H., Zhou, Y., Liu, S., Tao, M., Long, Y., Liu, Z., Zhang, C., Duan, W., Hu, J., Song, C., Liu, Y., 2012. Elevated expressions of GH/IGF axis genes in triploid crucian carp. *General and Comparative Endocrinology* **178**: 291–300



EKLER

Ek 1. Gökkuşığı alabalığı kanlarından DNA izolasyon protokolü

Gökkuşığı alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlardan alınan kan örneklerinden DNA'lar PureLink Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen) ile üretici firmanın talimatına göre ekstrakte edilmiştir.

1. Gökkuşığı alabalığı anaçlarından alınan ve EDTA'lı tüplere aktarılan kanlardan 0,2 ml kan örneği alınarak 1.5-2.0 ml'lik ependorf tüplere konulmuştur.
2. Ependorf tüplere konulan kan örneklerinin üzerine 20 µl proteinaz K ve 20 µl RNaseA ilave edilmiştir. Ardından kan örnekleri karıştırılmış ve oda sıcaklığında iki dakika inkübe edilmiştir.
3. İnkübe işleminin ardından kan örneklerinin üzerine 200 µl lysis buffer ilave edilmiş ve vortekslenmiştir.
4. Ardından kan örnekleri 56 °C'de 30 dk inkübe edilmiştir.
5. İnkübe işleminden sonra kan örneklerinin üzerine 200 µl %96'lık etanol ilave edilmiş ve 5 saniye vortekslenmiştir.
6. Ardından kan örnekleri spin kolona aktarılmıştır.
7. Kan örneklerinin aktarıldığı spin kolon oda sıcaklığında 10000G 1 dakika santrifüj edilmiştir.
8. Santrifüj işleminden sonra alttaki tüp atılmış ve spin kolon yeni boş bir tüpe yerleştirilmiştir.
9. Ardından 500 µl yıkama tamponu-I ilave edilmiş ve örnekler 10000G 1 dakika santrifüj edilmiştir.
10. Santrifüj işleminden sonra alttaki tüp atılmış ve spin kolon yeni boş bir tüpe yerleştirilmiştir.
11. Ardından 500 µl yıkama tamponu-II ilave edilmiş ve örnekler 16000G (Maksimum hızda) 3 dakika santrifüj edilmiştir.
12. Santrifüj işleminden sonra spin kolon 1.5 ml'lik steril tüpe aktarılmış ve üzerine 75 µl elüsyon buffer ilave edilmiştir. Daha sonra örnekler oda sıcaklığında 2 dakika bekletilmiştir.

13. Bekleme işleminden sonra örnekler maksimum hızda 1 dakika santrifüj edilmiş ve DNA'ların spin kolondan süzülerek ependorf tüpe geçmeleri sağlanmıştır.
14. Santrifüj işleminden sonra spin kolon atılarak 1,5 ml lik ependorf tüplerine DNA örnek isimleri yazılmıştır.
15. Ardından elde edilen DNA örneklerinin absorbans oranı spektrofotometrede 260/280 nm'de ölçülmüştür.
16. Elde edilen örnekler -20 °C'de genetik polimorfizm belirleme aşamasına kadar muhafaza edilmiştir.

Ek 2. Çalışmada kullanılan gökkuşuğu alabalıklarından elde edilen DNA'ların absorbans oranlarının ölçülmesi

Çalışmada elde edilen DNA'ların absorbans oranlarına spektrofotometrede 230/260/280 nm'de NanoDrop 2000/2000c (Thermo Scientific) cihazında bakılmıştır.

1. Çalışmada kullanılan gökkuşuğu alabalıklarına ait DNA'lar Ek-1'de verilen protokole uygun olarak izole edilmişlerdir.
2. İzolasyon işleminin ardından gökkuşuğu alabalıklarına ait DNA'ların her birinden 1 µl alınarak nanodrop cihazında absorbans oranlarına bakılmıştır.
3. Gökkuşuğu alabalıklarına ait DNA'ların 260 nm'de verdikleri absorbans değerinin 280 nm'deki absorbans değerine oranlarının 1,8 ile 2,0 arasında olup olmadıklarına bakılmıştır. Saf bir DNA'da 260/280 oranı 1,8 ile 2.0 arasında olması gerekirken bu değer; 1,8'in altında olması durumunda RNA kontaminasyonu olarak değerlendirilirken, 2,0'ın üzerinde olması ise protein kontaminasyonu olarak değerlendirilmiştir.
4. Gökkuşuğu alabalıklarına ait DNA'ların 260/230 değerinin ise 2 ile 2,20 arasında olması gerekmektedir. Bu değerlerin istenilen aralıktan yüksek veya düşük çıkması kirlilik kontaminasyonunu göstermektedir. Böyle bir durumda DNA izolasyonu yeniden yapılmıştır. . Ancak öncelikli olarak 260/280 oranına bakılmıştır. Bu değer uygun değil ise 260/230 oranına bakılmaksızın izolasyon yeniden yapılmıştır. Ancak 260/280 oranı uygun 260/230 oranının uygun

olmadığı durumlarda cihazın verdiği pikler değerlendirilerek yakın değerlerde kabul edilmiştir.

Ek 3. Çalışmada kullanılan gökkuşuğu alabalıklarından elde edilen DNA'ların izolasyon sonuçları

Gökkuşuğu alabalığı kuluçkahanelerindeki anaçlardan alınan kan örneklerinden DNA'lar PureLink Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen) ile üretici firmanın talimatına göre ekstrakte edilmiştir. Gökkuşuğu alabalıklarının DNA izolasyonları için uygulanan protokol Ek-1'da verilmiştir. Elde edilen DNA'ların absorbans oranlarına spektrofotometrede 230/260/280 nm'de NanoDrop 2000/2000c (Thermo Scientific) cihazında bakılmıştır. İzole edilen mevcut 75 µl DNA'lardan 1'er µl alınarak Nanodrop spektrofotometre cihazında DNA'nın 230 nm, 260 nm ve 280 nm'de absorbans değerleri ölçülerek birbirine olan oranlarına bakılmıştır. Elde edilen gökkuşuğu alabalığı DNA'larının absorbans oranları aşağıda verilmiştir (Çizelge 1). Çalışmada kullanılan gökkuşuğu alabalıklarından elde edilen DNA'ların saflık kontrolü için uygulanan basamaklar Ek-2'de verilmiştir.

Çizelge 1. Gökkuşuğu Alabalığı DNA'larının Absorbans Oranları

Kuluçkahaneler	Örnek Numarası	Nükleik Asit Konsantrasyonu (ng/µl)	260/280 Oranı	260/230 Oranı
Yeşil Su Alabalık Tesisi	1-1	1487,8	1,89	2,32
	1-2	1295,4	1,89	2,33
	1-3	178,7	1,89	2,22
	1-4	196,1	1,91	2,27
	1-5	648,8	1,88	2,37
	1-6	180,4	1,90	2,23
Beyazsu Alabalık Tesisi	2-1	437,3	1,87	2,15
	2-2	273	1,89	2,31
	2-3	140,2	1,89	2,19
	2-4	1436,7	1,89	2,35
	2-5	786,4	1,86	2,32
	2-6	892,8	1,89	2,35
Kırkçeşme Alabalık Tesisi	3-1	178,9	1,87	2,07
	3-2	330,9	1,86	2,1
	3-3	239,3	1,84	2
	3-4	1293	1,83	2,05
	3-5	777	1,87	2,31
	3-6	237,1	1,88	2,33
EL-FA Alabalık Tesisi	4-1	303,5	1,86	2,18
	4-2	73,1	1,88	2,29
	4-3	309,8	1,87	2,24
	4-4	260	1,85	2,26
	4-5	261	1,86	2,2
	4-6	241,7	1,85	2,1
Özçatak Alabalık Tesisi	5-1	241,5	1,83	1,96
	5-2	578,9	1,81	1,92
	5-3	1410,9	1,87	2,2
	5-4	509,8	1,86	2,14
	5-5	518,8	1,86	2,19
	5-6	230,9	1,88	2,15
Şifa Alabalık Tesisi	6-1	315,3	1,86	2,05
	6-2	320,7	1,88	2,22
	6-3	121,5	1,87	2,25
	6-4	582,9	1,85	2,22
	6-5	278,8	1,88	2,1
	6-6	259,3	1,88	2,15

Ek 4. Primer dizaynında dikkat edilen genel kurallar

Primer dizayn edilirken genel kurallara dikkat edilmiştir. Primer dizaynında genel kural olarak;

- A. Primer erime sıcaklığı (T_m) değerlerinin optimum 50-60 °C arasında olması gerekmektedir. Primerlerin bağlanması esnasında yüksek sıcaklık

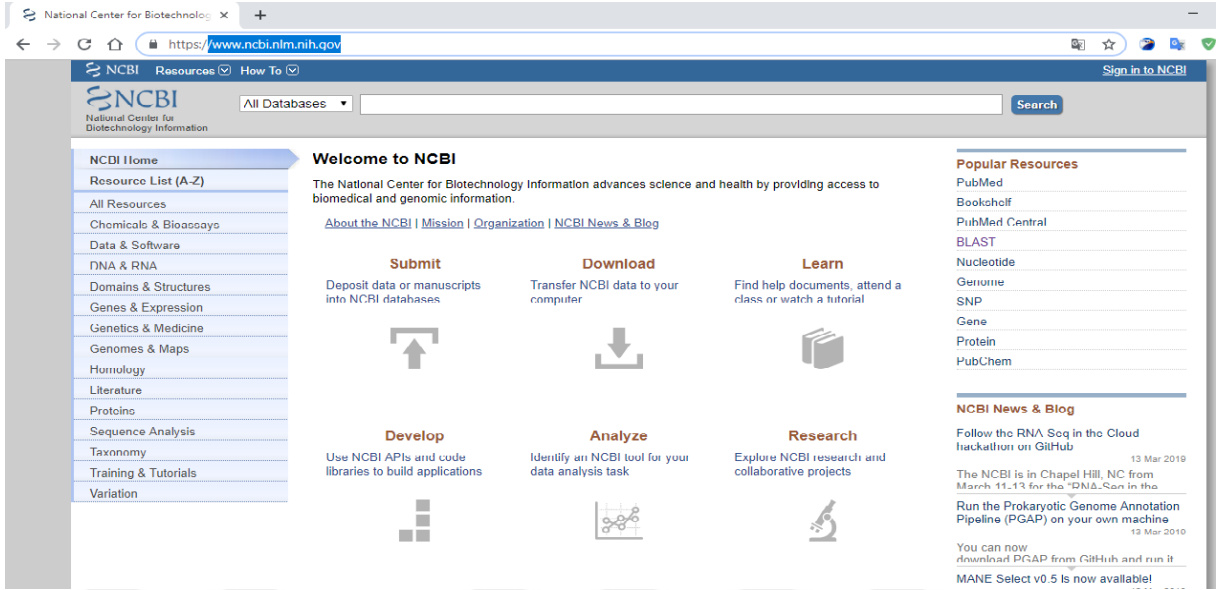
farklılıklarının olmaması için forward ve reverse arasındaki T_m farklılığının en fazla 5 °C olmalıdır.

- B. Guanin-Sitozin oranının (G/C) oranının % 50'ye yakın olması, gen için dizayn edilen primerlerin genomdaki hedef bölgeye bağlanması açısından uygun olduğunu göstermektedir.
- C. Dizayn edilen primer baz büyüklüklerinin 18 - 22 baz uzunluğunda olması gerekmektedir.
- D. Primerlerin yanlış yapışması ile ilgili oranların "0,00" olması idealdir.

Ek 5. Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine spesifik primer dizaynı için sekans bilgilerinin eldesi

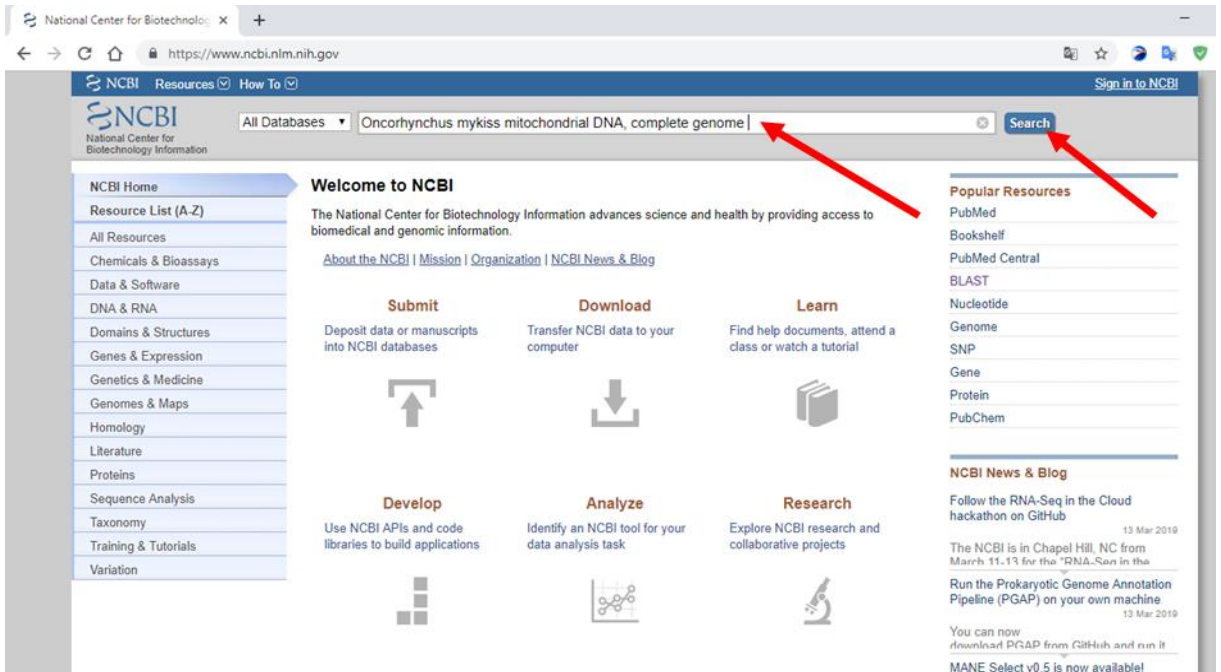
Primerleri dizayn etmek için gökkuşığı alabalığı mtDNA sekans bilgileri www.ncbi.nlm.nih.gov adresli biyoinformatik veri tabanından diğer bir ifadeyle NCBI (National Center for Biotechnology Information) gen bankasından elde edilmiştir. Primerler NCBI gen bankasında bulunan farklı gökkuşığı alabalığı hatlarının mtDNA sekanslarından gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine spesifik olarak dizayn edilmiştir. mtDNA sekansları ve dizayn edilen primerler Çizelge 3.2'de verilmiştir. Farklı gökkuşığı alabalığı hatlarına ait mtDNA'ların SnapGene 4.1.3 (www.snapgene.com) yazılımı ile önce hizalamaları yapılmış ve polimorfik bölgeler belirlenmiştir (Ek 6). Ardından Primer3 (<http://primer3.ut.ee/>) programı ile primerler dizayn edilmiştir (Ek 7).

Öncelikle gökkuşığı alabalığı mtDNA'na ait sekans bilgilerini bulmak için NCBI sitesine giriş yapılmıştır (www.ncbi.nlm.nih.gov)



Şekil 1. NCBI sitesine giriş

Daha sonra gökkuşağı alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgilerini bulmak için arama butonuna “*Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome” yazılarak search butonuna tıkanılmıştır.



Şekil 2. NCBI sitesinde “*Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome” aramasının yapılması

Arama sonucunda açılan sayfada “Genomes” bölümünden “Nucleotide” seçilerek seçenekler görülmüştür.

NCBI Databases
Results found in 7 databases for: **Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome**

Literature	Genes	Genetics
Bookshelf 0	Gene 0	ClinVar 5
MeSH 0	GEO DataSets 0	dbGaP 0
NLM Catalog 0	GEO Profiles 0	dbSNP 0
PubMed 7	HomoloGene 0	dbVar 0
PubMed Central 592	PopSet 0	GTR 0
	UniGene 0	MedGen 0
		OMIM 100

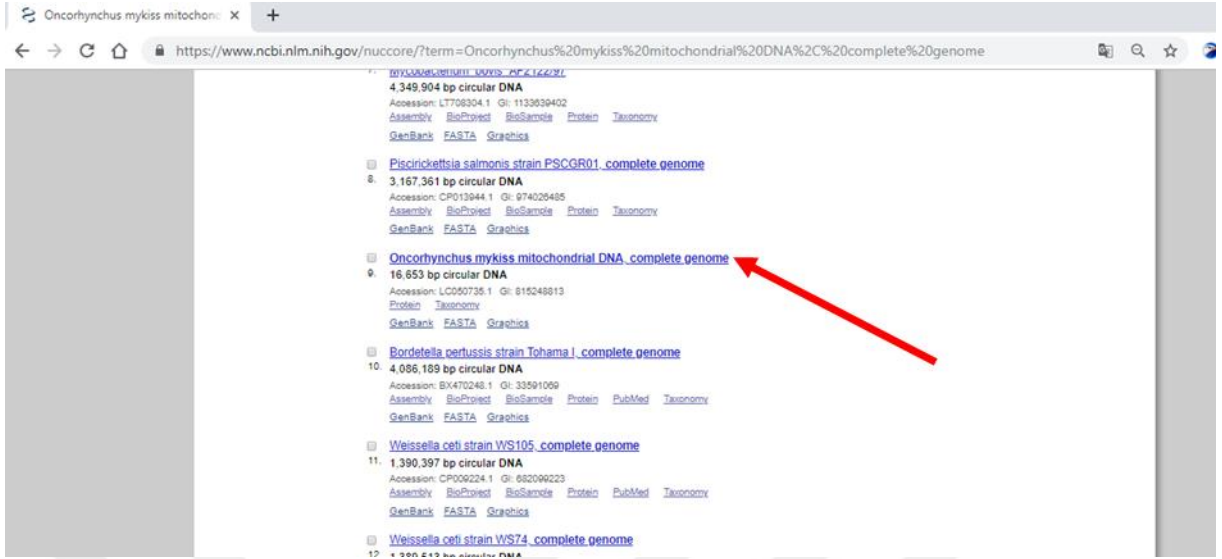
Proteins	Genomes	Chemicals
Conserved Domains 0	Assembly 0	BioSystems 115
Identical Protein Groups 0	BioCollections 0	PubChem BioAssay 0
Protein 120	BioProject 0	PubChem Compound 0
Protein Clusters 0	BioSample 0	PubChem Substance 0
Sparcle 0	Genome 0	
Structure 0	Nucleotide 109	
	Probe 0	
	SRA 0	

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/?term=Oncorhynchus%20mykiss%20mitochondrial%20DNA%20complete%20genome%20

Şekil 3. NCBI sitesinde “Genomes” başlığından “Nucleotide” bölümünün seçilmesi

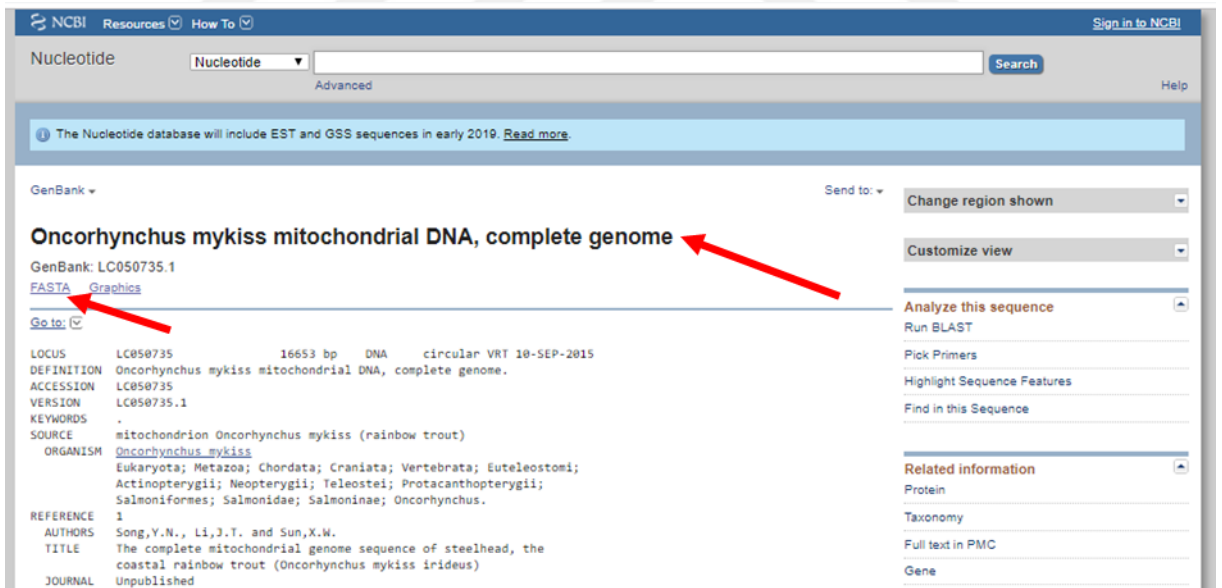
Bu işlemten sonra açılan sayfadan gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgileri bulunmuştur.

Önemli Not: Açılan sayfada aşağıya doğru inilerek gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine ait ve NCBI gen bankası sitesine sekans bilgileri yüklenmiş olan farklı bütün sekanslar bulunmuştur.



Şekil 4. Gökkuşluğu alabalığı mtDNA bölgesine ait bütün sekans sonuçları

Daha sonra yukarıda görülen “*Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome” ile belirtilen sekans tıklanarak sekans bilgileri açılmıştır.



Şekil 5. Gökkuşluğu alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgileri

Açılan sayfada sol üst tarafta yer alan “FASTA” seçeneğine tıklanarak primer dizaynı için gerekli baz dizisine ulaşılmıştır.

The screenshot shows the NCBI Nucleotide database interface. The search bar contains "Nucleotide" and "Advanced". The main content area displays the FASTA sequence for "Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome" (GenBank: LC050735.1). The sequence is shown in a monospaced font. A red arrow points to a specific region of the sequence, which is highlighted in blue. The right sidebar contains various options for analyzing and viewing the sequence, including "Analyze this sequence", "Run BLAST", "Pick Primers", "Highlight Sequence Features", "Find in this Sequence", "Related information", and "LinkOut to external resources".

Şekil 6. Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgilerinin FASTA şekli

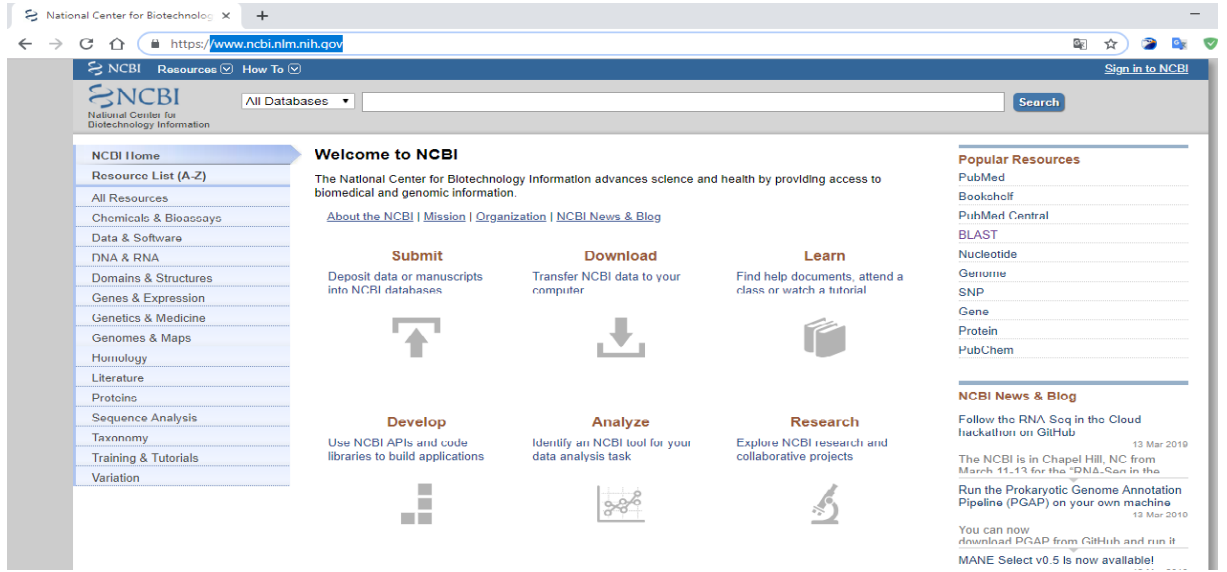
Daha sonra açılan sayfadan tüm bazları içeren bölge seçilerek kopyalanır. Daha sonra kopyalanan bölge primer3 (<http://primer3.ut.ee/>) sitesine gidilerek oraya yapıştırılır.

Önemli Not: Fasta işleminden sonra kopyalanan tüm bölge Primer3 sitesine yapıştırılmamıştır. NCBI sitesinde bulunan tüm gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgelerinin SnapGene program formatına uygun veri dosyası oluşturulmuş (Ek 6) ve SnapGene programı yardımı ile hizalaması yapılmıştır (Ek 7). Yaklaşık olarak “16000” bazdan oluşan tüm gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgeleri alt alta getirilerek yapılan hizalama sonucunda baz farklılığı gösteren polimorfik bölgeler belirlenmiştir. “16000” bazdan oluşan gökkuşığı alabalığı mtDNA’sından bu polimorfik bölgeleri içeren yaklaşık 1000 baz (seçilen 1000 bazlık bölge polimorfik olan ve polimorfik olmayan bölgeleri içermektedir) seçilerek Primer3 programına yapıştırılmıştır. Bu 1000 bazlık bölge kullanılarak polimorfik bölgenin forward ya da reverse primerlerinden birisi ile örtüşmesi sağlanarak Primer3 (<http://primer3.ut.ee/>) programına aracılığı ile primerler

dizayn edilmiştir. Forward ya da reverse primerin polimorfik bölgeyi nasıl içereceği Ek 8’de anlatılmıştır.

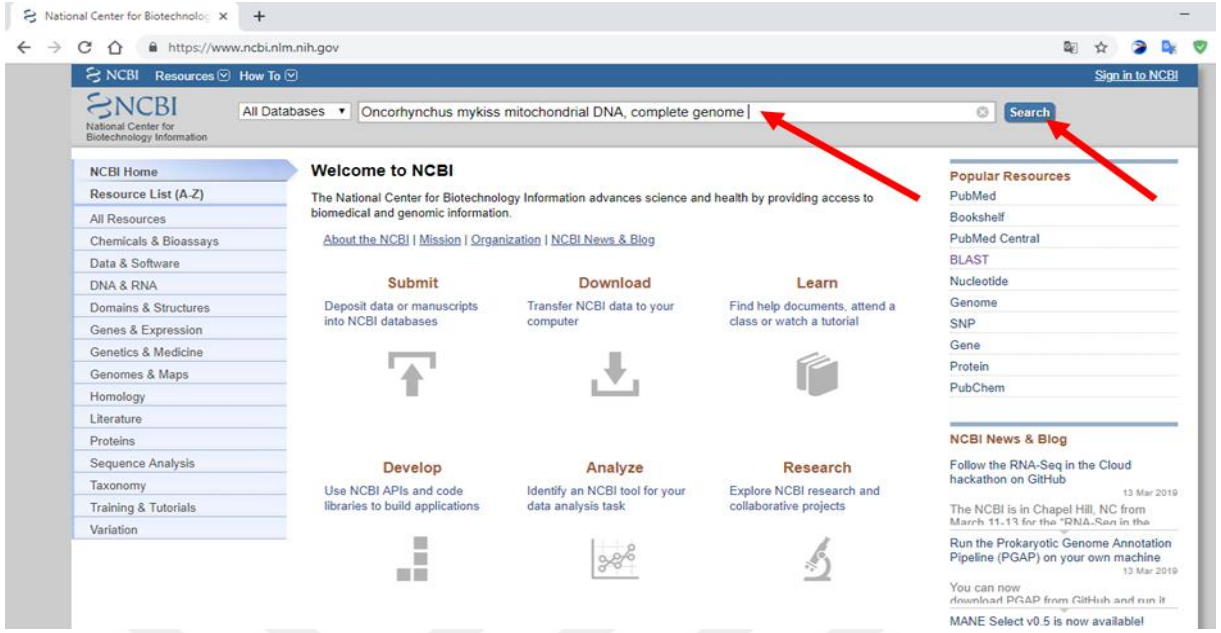
Ek 6. Snapgene program formatına uygun veri dosyası oluşturma

SnapGene program formatına uygun veri dosyası oluşturmak için öncelikle gökkuşağı alabalığı mtDNA’sına ait sekans bilgilerini bulmak için NCBI sitesine giriş yapılmıştır (www.ncbi.nlm.nih.gov)



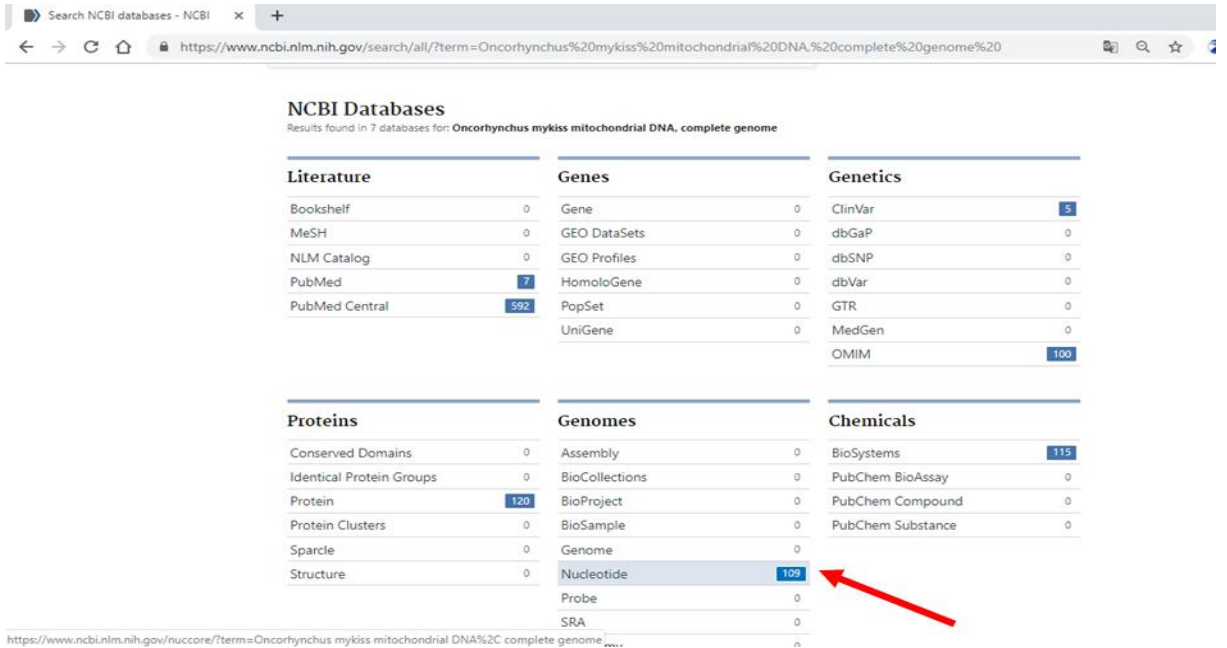
Şekil 7. NCBI sitesine giriş

Daha sonra gökkuşağı alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgilerini bulmak için arama butonuna “*Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome” yazılarak search butonuna tıklanılmıştır.



Şekil 8. NCBI sitesinde “*Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome” aramasının yapılması

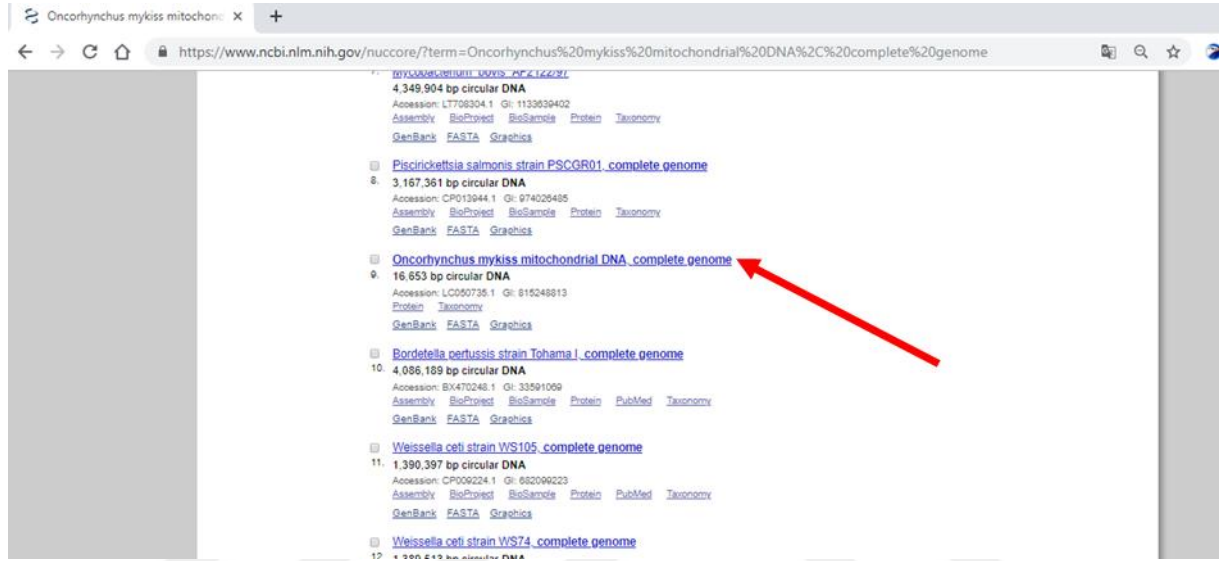
Arama sonucunda açılan sayfada “Genomes” bölümünden “Nucleotide” seçilerek seçenekler görülmüştür.



Şekil 9. NCBI sitesinde “Genomes” başlığından “Nucleotide” bölümünün seçilmesi

Bu işlemten sonra açılan sayfadan gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgileri bulunmuştur.

Önemli Not: Açılan sayfada aşağıya doğru inilerek gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine ait ve NCBI gen bankası sitesine sekans bilgileri yüklenmiş olan farklı bütün sekanslar bulunmuştur.



Şekil 10. Gökkuşuğu alabalığı mtDNA bölgesine ait bütün sekans sonuçları

Daha sonra yukarıda görülen “*Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome” ile belirtilen sekans tıklanarak sekans bilgileri açılmıştır.

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Advanced Search Help

The Nucleotide database will include EST and GSS sequences in early 2019. [Read more](#)

GenBank Send to: ▾ Change region shown ▾

Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome ←

GenBank: LC050735.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: ▾ Customize view ▾

LOCUS LC050735 16653 bp DNA circular VRT 10-SEP-2015

DEFINITION Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome.

ACCESSION LC050735

VERSION LC050735.1

KEYWORDS .

SOURCE mitochondrion *Oncorhynchus mykiss* (rainbow trout)

ORGANISM [Oncorhynchus mykiss](#)
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Protacanthopterygii;
Salmoniformes; Salmonidae; Salmoninae; Oncorhynchus.

REFERENCE 1

AUTHORS Song,Y.N., Li,J.T. and Sun,X.W.

TITLE The complete mitochondrial genome sequence of steelhead, the coastal rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss irideus*)

JOURNAL Unpublished

Analyze this sequence ▾
Run BLAST
Pick Primers
Highlight Sequence Features
Find in this Sequence

Related information ▾
Protein
Taxonomy
Full text in PMC
Gene

Şekil 11. Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgileri

Açılan sayfada sol üst tarafta yer alan “FASTA” seçeneğine tıklanarak primer dizaynı için gerekli baz dizisine ulaşılmıştır.

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Advanced Search Help

The Nucleotide database will include EST and GSS sequences in early 2019. [Read more](#)

FASTA Send to: ▾ Change region shown ▾

Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome

GenBank: LC050735.1

[GenBank](#) [Graphics](#)

[FASTA](#) [Graphics](#)

LC050735.1 *Oncorhynchus mykiss* mitochondrial DNA, complete genome
GCTGACGTAGCTTAACTAAGCATAACTGAAGCTGTAAAGCGGACCCTAGAAGTCCCGCTAGCACA
AAGGCTTGGTCTGACTTACTATCAGCTCACTAACTGAACTTACACATGCAAGTCTCCGATTCTCTGGAG
GATGCCCTTAATCCCTTGGCCCGGGACGGAGGCGGCATCAGGGAGGCCAAGGCAAGCCAGCGCTT
GCTAAGCCACACCCCAAGGAACTCAGAGTGAATAATTAAGCATAAGCGGAAGCTGACTTACTGTT
AAGGTTAAGAGGCGCGTAAACTCGTCCAGCCACCGCGTTTACBAGAGGCCCTAGTTGATACCTAC
CGGCTAAGAGTGGTATGGAAATAATTAATAAAGCGGAACCCCTCAGCCGTCATACGCACTG
GGAGCACGAAGACTACTGCAAGAGCTTTAACTATGCTGACCCACGACAGCTAAGAAACAATC
GGATTAGATACCCCACTAGCTAGCCGTAACCTTATGATGAATAACAATTGATATCCGCCAGGGAAC
TACAGCGCCAGCTTAAACCACAAAGGACTTGGCGTGCCTCAGACCACCTAGAGGAGCCGTTCTAGA
ACCGATAACCCCGCTCAACCTCACCCCTTGTTTACCCGCTATATACACCGCTCGTCAAGCTTAC
CCTGTGAAGGCCCATAGTAAGCAAAATGGGCAAAACC CAAAACGTCAGGTGAGGTGATGSCATGAGG
TGGGAAGAAATGGGCTACATTTCTTAAATTAGAGCACTACGAAACACGCTGTGAATCAGGCTCCGAAGG
TGGATTAGGAGTAAAGCAAAACAGAGGTTCTCTGAACTGGCTCTGGGGGGGCAACACAGCCCG
TCACTCTCCCAAGTTCACCTGTCTTCTACTAAGAGTAAACGAAACAAAGGGAGGCAAGTCGTAA
CACGGTAAGTGTACCGAAGGTGCTTGGAAATACCAAGTGTAGCTAAAATAGGAAAGCACCTCCCTT
ACACGAGAAGACATCCGTGCAATCGGGTCAACCTGAGCTGACTAGCTAGCAACATATTTGGTCCAAC
ACCACAATACATACCCCAATAAACTTAGAATTAAGTCAACAAACCTTTTCCACCTTAGTAGGGGC
GACCGAAAAGGAGATAATTGAGCAACAGAAAAGTACCBAAGGAAAGCTGAAAGAGAAATTGAAATAC
CCATTTAAGCTAGAGAAAGCAGAGATTAACTCGTACCTTTGTCATCATGATTAGCCAGCACACCTGA
GCAAGAGAACCTTAGTTTGGGCCCCGAAACTAGACGAGCTACTCCGGGACAGCTATTGTAGGGCCAA
CCCGTCTCTGTGGCAAAAGAGTGGGACGAGCCCGGAGTAGAGTGAATAACCTATCGAGCCTAGTTATAG
CTGGTTGCTTAGSAAATGAAATAGAAGTTCAGCCCCCGGCTTTCTTAGGACCTTAGGTAACAATAAT
TGTCCCAAGGAACCGAGAGTGTAGCTCAAGGGGTAGAGCTCCTTGGAAAGGACACAACTTACAA
GGCGCTAAGGATCATGTTACCAAGGTAACTGTTACAGTGGGCTTAGAGAGCACCTGGACAGAAA
KCGTTAAAGCTCAGACAGATAACAACCTCTTATCTGATAAGAAATCCACCCCTAACGCTACTAAGC
CGTTCATGCCCAATGGAAGAGATTGCTAGAAATGAGTAATAGAGAGTACAACCTCTTCCAGCAC
ATGTTAAGTGGACCGACCCCAACGCAAAATACGAACCAAAACCAAGAGGGAACCTAGGCGCAG
AACAAACCAAGAAAACCTACACCAACAATCTTACCCCAACAGGAGTCCCAAGGGAAGAAC
CAAGGAAGAGAGGAACTCGGCAACACAAAGCTCGCTGTTTACCAAAAACATCGCTCTTGCAATC
AAAACATAAGAGTCCCGCTGCCGTTGACTATGGGTTAACGGCCGCGTATTTGACCGTGGGAAGG
AAGGCTATGCTTCTTAAAGAGGCTGATGATGATGAGGATGAGGAGGCTTGGGCTGCTGCTGCTG

Analyze this sequence ▾
Run BLAST
Pick Primers
Highlight Sequence Features
Find in this Sequence

Related information ▾
Protein
Taxonomy
Full text in PMC
Gene
PubMed (Weighted)
RefSeq Genome Sequences

LinkOut to external resources ▾
Order ND5 cDNA clone/Protein/Antibody/RNAi
[OnGene]
Order ND6 cDNA clone/Protein/Antibody/RNAi
[OnGene]

Şekil 12. Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait sekans bilgilerinin FASTA şekli

SnapGene program formatına uygun veri dosyası oluşturmak için açılan sayfada sağ üst tarafta yer alan “Send to” bölümü seçilerek oluşturulacak dosya formatları görüntülenmiştir.

The screenshot shows the NCBI Nucleotide database search results for the query 'Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome'. The page displays the FASTA format of the sequence. A 'Send to' dropdown menu is open, showing options for 'Complete Record', 'Coding Sequences', and 'Gene Features'. Under 'Choose Destination', the 'File' option is selected, indicated by a red arrow. Other options include 'Clipboard', 'Analysis Tool', 'Collections', and 'File'.

Şekil 13. SnapGene program formatına uygun veri dosyası oluşturmak için dosya formatlarının seçilmesi

Seçimden sonra açılan kutucukta “Choose Destination” bölümünden “File” kısmı işaretlenir. Ardından “Create File” işaretlenerek dosya oluşturulur.

NCBI Resources How To

Nucleotide Nucleotide Search

Advanced

The Nucleotide database will include EST and GSS sequences in early 2019. [Read more.](#)

FASTA

Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome

GenBank: LC050735.1

[GenBank](#) [Graphics](#)

>LC050735.1 Oncorhynchus mykiss mitochondrial DNA, complete genome
 GCTGACGTAGCTTAACTAAAGCATAAACAAGCTGTTAAGACGGACCC TAGAAAGTCCCGCTAGCACA
 AAGGCTTGGTCTGACTTTACTATCAGCTCTAAC TGAAC TTACACATGCAAGTCTCCGCATTCTGTGAG
 GATGCCCTTAACTCCCTGCCCGGGGACGAGGAGCCGGCATCAGGCACGCC CAGGCAGCCACGACGCCCTT
 GCTAAGCCACACCCCAAGGAACTCAGCAGTGAATAATTAAGCCATAAGCGAAAGCTTGACTTAACTT
 AAGGTAAAGAGGGCCGTTAAACTCGTCCAGCCACCGCGTTATACGAGAGGCCCTAGTTGATAAATAC
 CGGGTAAAGAGTGGTTATGGAAAAATTTAATAAAGCCGAACACCCCTCAGCCGTCATACGCACCTG
 GGAGCACGAAGACTACTGCGAAAGCAGCTTAACTATGCC TGACCCACGACAGCTAAGAAACAAACTG
 GGATTAGATACCCCACTATGCC TAGCGTAAACCTTGATAGAAATATAAATGATATCGCCAGGGAAAC
 TACAAGCGCAGCTTAAACCCAAAGGACTTGGCGGTGCCCTCAGACCCACCTAGAGGAGCCGTGTTCTAGA
 ACCGATAACCCCGTCAACCTCACACCCCTTGT TTTACCCGCTATATACCACCGTCTGTCAGCTTAC
 CCTGTGAAGGCCCATAGTAAGCAAAATGGGCAAAACCAAAACCTCAGGTGAGGTGTAGCGCATGAGG
 TGGGAAGAAATGGCTACAT TCTCTAAATTAGAGCACTACGAACACCGCTGTGAAATCAGGTC CGAAGG
 TGATTTAGCAGTAAACAGAAAACAGAGAGTCTCTTGAAC TGGCTC TGAGGC GCGCACACACCGCCG
 TCACTCTCCCAAGTTCACCTGCTCTTAAC TAAGAAGTAAACGAACAAGGGAGGCAAGTGTAA
 CACGGTAAGTACCCGAAGGTGCGCTTGGAA TAAACAGAGTGTAGCTAAAATAGGAAAGCACCCTCCCT
 ACACCGAAGACATCCGTGCAAAATCGGGTCAACCTGAGCTGACTAGCTAGCAACATATTTGGTCCAAC
 ACCACAACATACATACCCTCAATAAAACTTAGAATTAAGTCAACAACCATTTTTCCACCTTAGTAGGGGC
 GACCGAAAAGGAGATAATTGAGCAACAGAAAAGTACCGCAAGGAAAGCTGAAAAGAAATTTGAAATAAC
 CCATTTAAGCTTAGAAGACAGAGATTAATCTGTAACCTTTTGATCATGATTTAGCCAGCACACTGA
 GCAAGAGAACTTTAGTTTAGGCCCGGAACTAGACGAGCTACTCCGGACAGCTATTTGATGGGCCAA
 CCGTCTCTGTGGCAAAAGAGTGGGACGAGCCCGAGTAGAGGTGATAAACCTATCGAGCTAGTATATAG
 CTGTTGCTTAGGAAATGAATAGAAAGTTCAGCCCGCCGCTTCTTAGGACCTAAGGTAACCTAAT

Send to: Change region shown

Complete Record
 Coding Sequences
 Gene Features

Choose Destination

File Clipboard
 Collections Analysis Tool

Download 1 item.

Format: FASTA

Show GI

Create File

Taxonomy
 Full text in PMC
 Gene
 PubMed (Weighted)
 RefSeq Genome Sequences

Şekil 14. SnapGene program formatına uygun veri dosyasının oluşturulması

Önemli Not: Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait ve NCBI gen bankası sitesine sekans bilgileri yüklenmiş olan farklı bütün sekans bilgileri için bu işlem ayrı ayrı yapılmıştır. Oluşturulan dosyalar (8 dosya) daha sonra SnapGene programı yardımı ile yapılacak olan hizalama işlemi (Ek 7) için gerekli olduğundan yeni bir klasör oluşturularak buraya kaydedilmiştir.

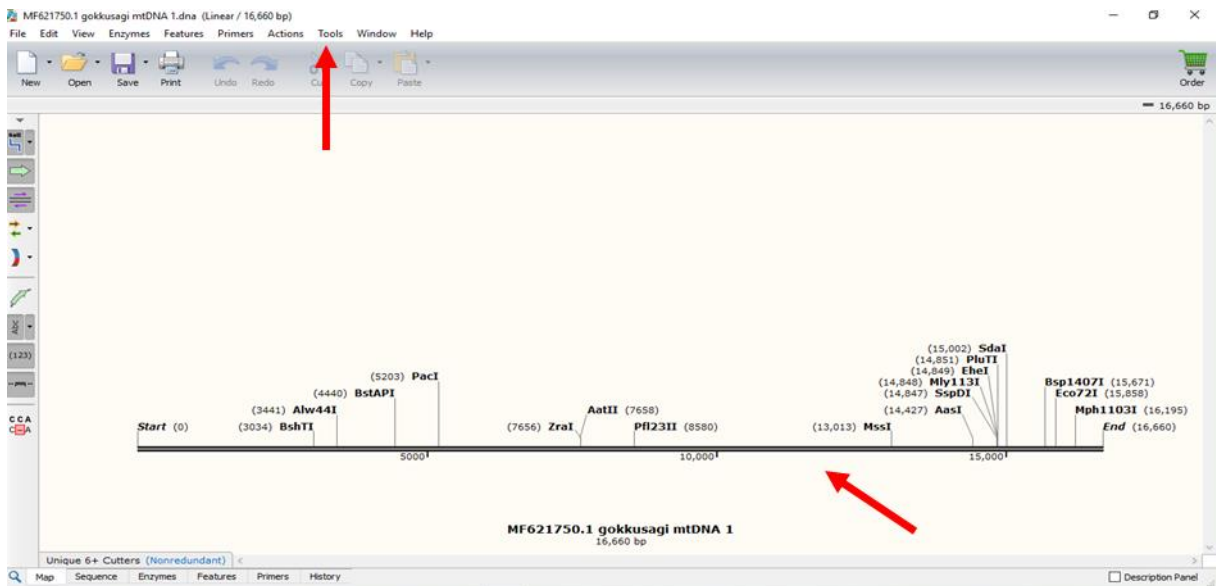
Ek 7. Snapgene programı ile gökkuşığı alabalığı mtdna bölgesine ait sekansların hizalanması

Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait sekansların hizalanması için öncelikle “SnapGene” programı açılmıştır.



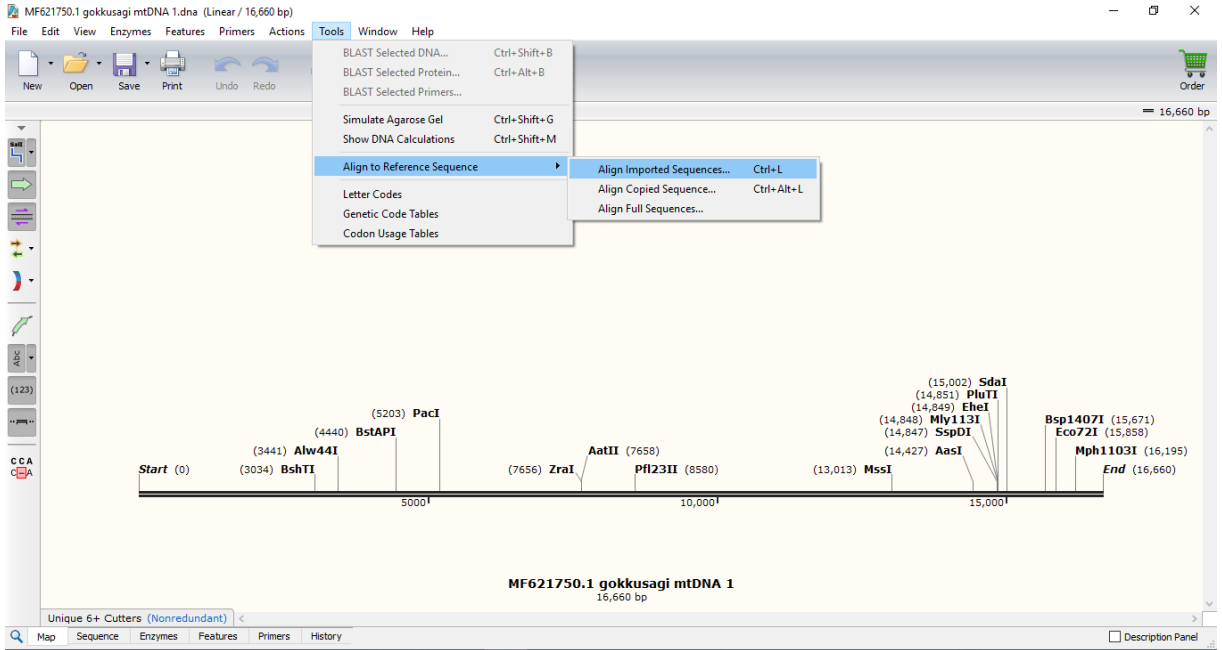
Şekil 15. SnapGene programına giriş

SnapGene programı açıldıktan sonra “Open” bölümü seçilerek daha önce oluşturulan SnapGene veri dosyalarından biri olan (Ek 6) “MF621750.1” “Lineer” seçilerek açılmıştır (Ek 6’ da oluşturulan 8 farklı SnapGene veri dosyasından herhangi bir tanesi ile başlanılabilir).



Şekil 16. SnapGene program formatına uygun veri dosyasının açılması

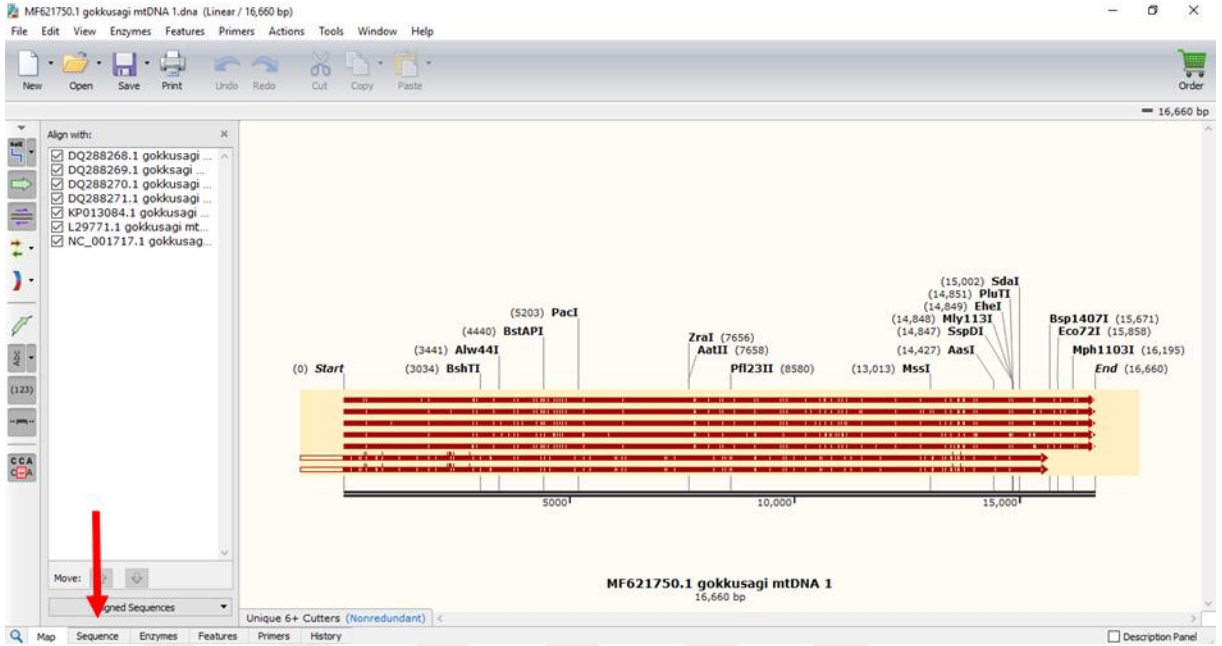
SnapGene veri dosyası açıldıktan sonra şekildeki görüntü elde edilmiştir.



Şekil 17. SnapGene program formatına uygun bütün veri dosyalarının açılması

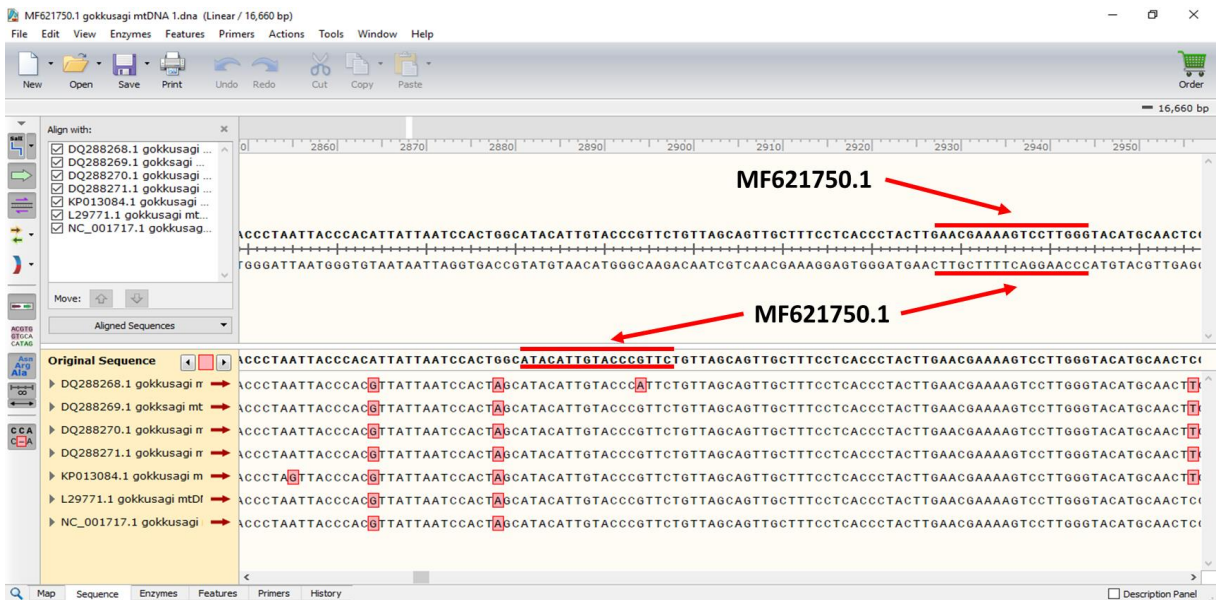
Daha sonra üst tarafta yer alan “Tools” bölümü açılarak çıkan bölümlerden “Aling to Reference Sequence” seçilmiş oradan da açılan kısımdan ”Aling Imported Sequences” seçilerek oluşturulan diğer veri dosyaları (“MF621750.1” sekans dosyası hariç diğer gökkuşağı alabalığı mtDNA’sına ait 7 farklı sekans dosyası Ek 6) açılmıştır.

SnapGene veri dosyaları açıldıktan sonra aşağıdaki şekildeki görüntü elde edilmiştir.



Şekil 18. SnapGene program formatına uygun bütün veri dosyalarının alt alta hizalanması

Bu işlemden sonra yukarıdaki şekilde alt kısımda yer alan “Sequence” bölümü tıklanarak bölgelerin alt alta hizalanmış sekans bilgilerine erişilmiştir.



Şekil 19. SnapGene program formatına uygun bütün veri dosyalarının sekans bilgilerinin alt alta hizalanması

Gökkuşığı alabalığı mtDNA'larına ait sekans bilgilerinin hizalaması yapıldıktan sonra şekilde görüldüğü gibi polimorfik bölgeler belirlenmiş ve bu bölgelere spesifik primerler dizayn edilmiştir.

Önemli Not: Tüm gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgelerinin SnapGene programı yardımı ile hizalaması yapılmıştır (Ek 7). Yaklaşık olarak "16000" bazdan oluşan tüm gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgelerine ait dosyalar alt alta getirilerek yapılan hizalama sonucunda baz farklılığı gösteren polimorfik bölgeler belirlenmiştir. "16000" bazdan oluşan gökkuşığı alabalığı mtDNA'sından bu polimorfik bölgeleri içeren yaklaşık 1000 baz (seçilen 1000 bazlık bölge polimorfik olan ve polimorfik olmayan bölgeleri içermektedir) seçilerek Primer3 programına yapıştırılmıştır. Bu 1000 bazlık bölge kullanılarak polimorfik bölgenin forward ya da reverse primerlerinden birisi ile örtüşmesi sağlanarak Primer3 programına aracılığı ile primerler dizayn edilmiştir. Forward ya da reverse primerin polimorfik bölgeyi nasıl içereceği Ek 8'de anlatılmıştır.

Ek 8. Primer3 programı ile gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait primerlerin dizaynı

Primer3 programı ile gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine ait primerlerin dizaynı için öncelikle Primer3 Programı açılmıştır (<http://primer3.ut.ee/>).

The screenshot shows the Primer3web interface. The browser address bar shows 'primer3.ut.ee'. The page title is 'Primer3web version 4.1.0 - Pick primers from a DNA sequence.' There are links for 'disclaimer' and 'cautions'. The 'Task' is set to 'generic'. The 'Template masking' section is expanded, showing options for 'Select species' (Example: Mus musculus), 'Primer failure rate cutoff' (< 0.1), 'Nucleotides to mask in 5' direction' (1), and 'Nucleotides to mask in 3' direction' (0). Below this is a text area for 'Paste source sequence below (5'→3', string of ACGTnacgtn -- other letters treated as N -- numbers and blanks ignored). FASTA format ok. Please N-out undesirable sequence (vector, ALUs, LI) use a Mispriming Library. (repeat library) NONE'. A red arrow points to this text area. Below the text area are three checkboxes: 'Pick left primer, or use left primer below' (checked), 'Pick hybridization probe (internal oligo), or use oligo below' (unchecked), and 'Pick right primer, or use right primer below (5' to 3' on opposite strand)' (checked). There are buttons for 'Pick Primers', 'Download Settings', and 'Reset Form'. At the bottom, there are sections for 'Sequence Id', 'Targets', 'Overlap Junction List', and 'Excluded Regions' with corresponding input fields and instructions.

Şekil 20. Primer3 programına giriş

Primer3 programı açıldıktan sonra hizalama sonucunda elde edilen polimorfik bölgeleri içeren yaklaşık 1000 baz, Primer3 programındaki yukarıdaki şekilde ok ile gösterilen kutucuğa yapıştırılmıştır.

The screenshot shows the Primer3web interface (version 4.1.0) with the following elements:

- Header:** Primer3web version 4.1.0 - Pick primers from a DNA sequence.
- Task Selection:** A dropdown menu set to 'generic'.
- Template Masking:** A section with fields for 'Select species' (Example: Mus musculus), 'Nucleotides to mask in 5' direction' (1), 'Primer failure rate cutoff' (< 0.1), and 'Nucleotides to mask in 3' direction' (0).
- Paste Source:** A text area containing a DNA sequence: GCTGACGTAGCTTAACTAAAGCATAA... (truncated).
- Buttons:** 'Pick Primers', 'Download Settings', and 'Reset Form'. A red arrow points to the 'Pick Primers' button.
- Context Menu:** A right-click menu is open over the 'Pick Primers' button, showing options like 'Geri al', 'Yinele', 'Kes', 'Kopyala', 'Yapıştır', etc.
- Input Fields:** Below the 'Pick Primers' button, there are input fields for 'Sequence Id', 'Targets', 'Overlap Junction List', and 'Excluded Regions'.

Şekil 21. Primer3 programı ile primerlerin eldesi

Bu işlemden sonra aşağı kısımında yer alan “Pick Primers” kısmı tıklanarak primerler elde edilmiştir.

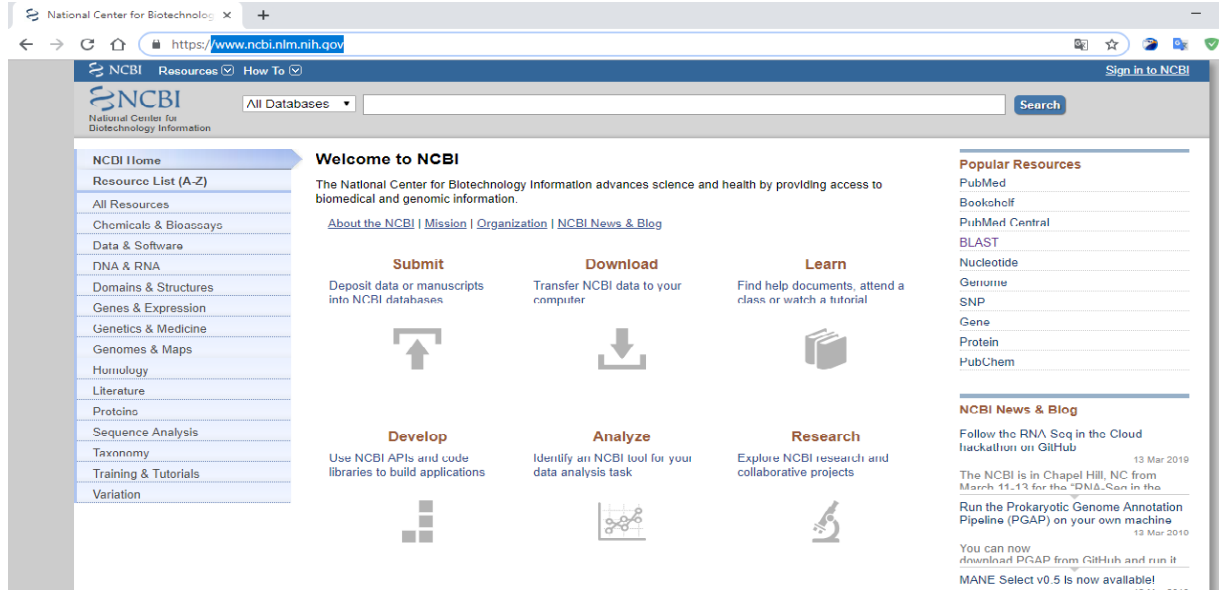
Önemli Not: İstenilen primerlerin polimorfik bölgeleri içermesi için “Overlap Junction List” bölümüne polimorfik bölge kaçınıcı baz numarasında ise bu baz sırasını gösteren numara veya sayı bu bölüme yazılmıştır. Örnek ile açıklayacak olursak 1000 bazlık bir bölge seçtik ve polimorfik bölge 150 ile 160 inci bazlar arasında yer alıyor diyelim. “Overlap Junction List” kısmına 150 yazılır ve primer buna göre dizayn edilir. Yani primerin bu bazı içermesi istenir. Eğer primer elde edilemez ise sırasıyla bu bölüme 151, 152....160 şeklinde hepsi tek tek yazılarak primer elde edilmeye çalışılır.

C. Dizayn edilen primer baz büyüklüklerinin 18 - 22 baz uzunluğunda olması gerekmektedir.

D. Primerlerin yanlış yapışması ile ilgili oranların “0,00” olması idealdir.

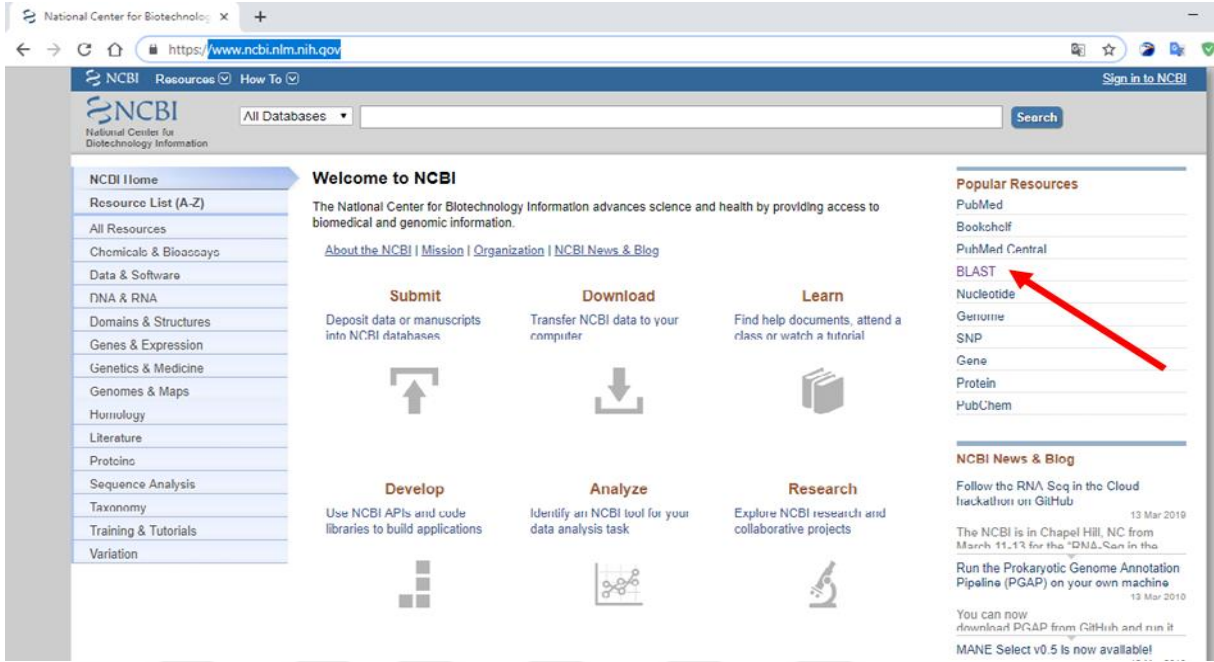
Ek 9. Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine spesifik dizayn edilen primerlerin blast edilmesi

Gökkuşığı alabalığı mtDNA bölgesine spesifik dizayn edilen primerlerin blast edilebilmesi için öncelikle NCBI sitesine giriş yapılmıştır (www.ncbi.nlm.nih.gov)



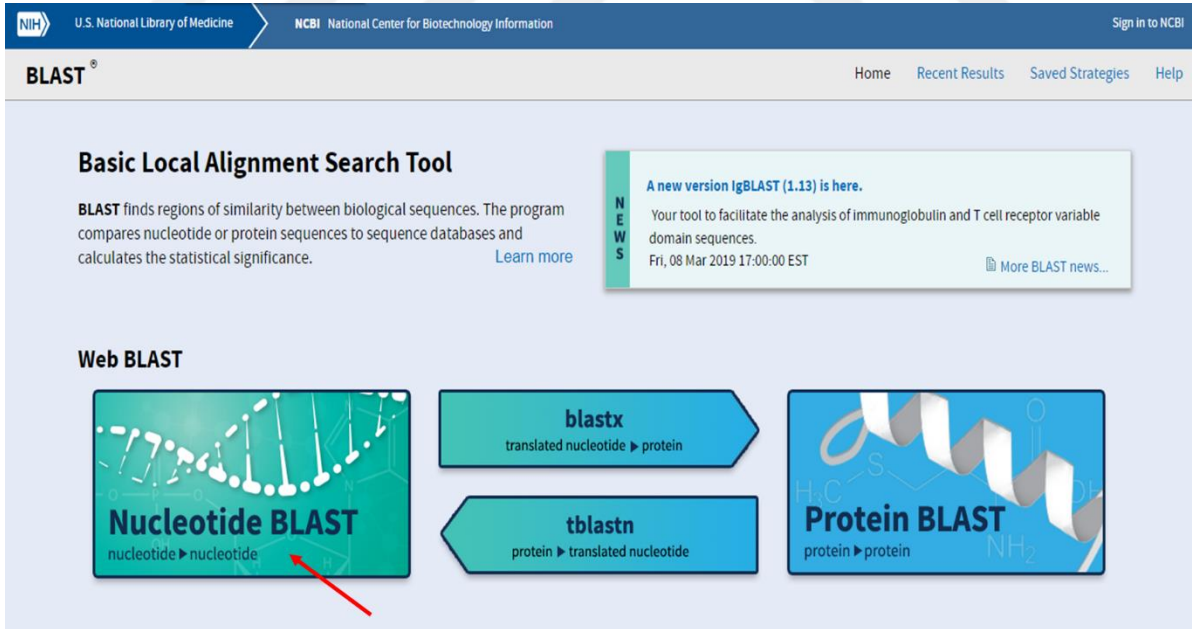
Şekil 23. NCBI sitesine giriş

Daha sonra sağ tarafta yer alan “BLAST” bölümü tıklanarak açılmıştır.



Şekil 24. NCBI sitesinden “Blast” bölümüne erişim

Açılan sayfada “Nucleotide Blast” kutucuğu tıklanarak işleme devam edilmiştir.



Şekil 25. Blast bölümünden “Nucleotide Blast” kutucuğunun seçilmesi

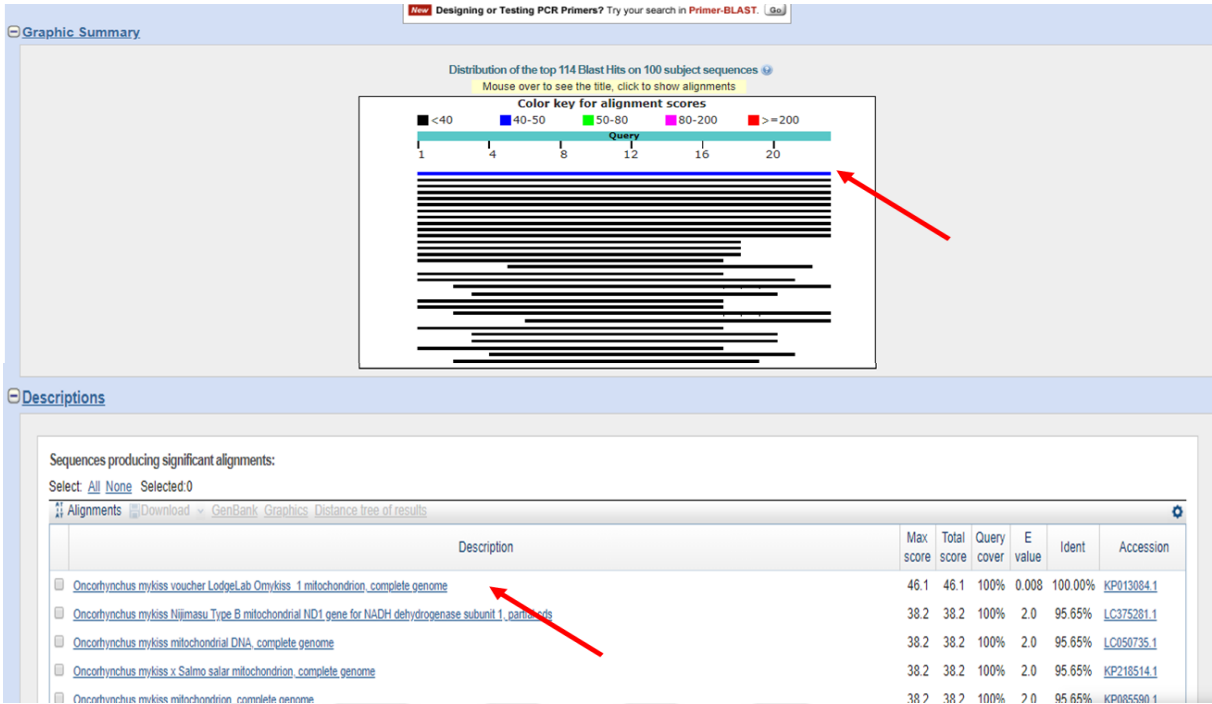
Daha sonra açılan pencerede “Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)” bölümüne dizayn edilen primerler yapıştırılmıştır.

Önemli Not: Bu işlem forward ve reverse primerleri için ayrı ayrı yapılmıştır.

The screenshot shows the NCBI BLAST Standard Nucleotide BLAST interface. The 'Enter Query Sequence' field contains the sequence 'ATGATACCCCTAGTTACCCAGCT'. The 'Choose Search Set' section is configured with 'Database: Nucleotide collection (nr/nt)', 'Organism: Optional', 'Exclude: Optional', and 'Limit to: Optional'. The 'Program Selection' section is set to 'Optimize for: Highly similar sequences (megablast)'. The 'BLAST' button is highlighted with a red arrow.

Şekil 26. Elde edilen primerlerin blast edilmesi

Daha sonra sayfanın en alt kısmında bulunan “BLAST” kısmına tıklanarak primerin kontrol edilmesi sağlanmıştır.



Şekil 27. Primerlerin blast sonucu

Sonuç olarak yukarıdaki şekildeki görüntü elde edilmiştir. Şekildeki görüntüde kırmızı oklarla ile gösterilen bölüme bakılarak dizayn edilen primerin gökkuşağı alabalığı mtDNA bölgesine ait olup olmadığına bakılmıştır.

Ek 10. Kapiller jel elektroforez cihazı ile bantların elde edilmesi

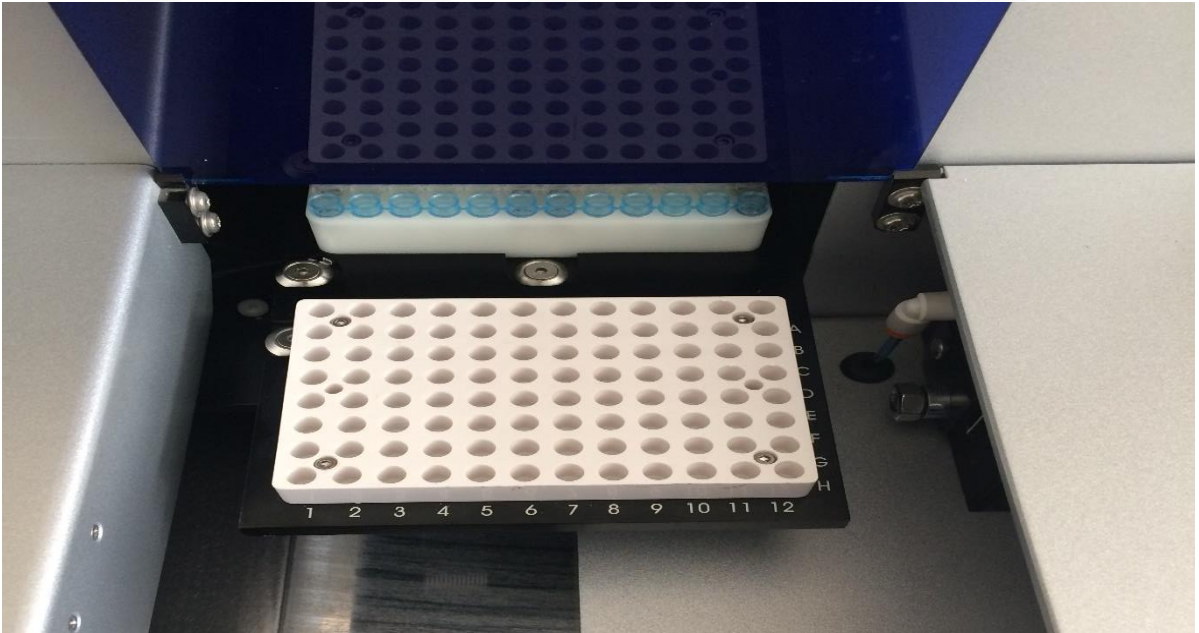
PCR ürünlerinin boyutunun belirlenmesi için QIAxcel Screen Gel Elektroforez (QIAGEN) cihazı kullanılmıştır. PCR işleminden sonra PCR cihazından çıkarılan PCR ürünleri (eluatları) QIAxcel Screen Gel Elektroforez cihazına yerleştirilerek bantlar elde edilmiştir.

Öncelikle kartuş (DNA High Resolution Kiti) cihaza yerleştirilerek cihaz açılmıştır.



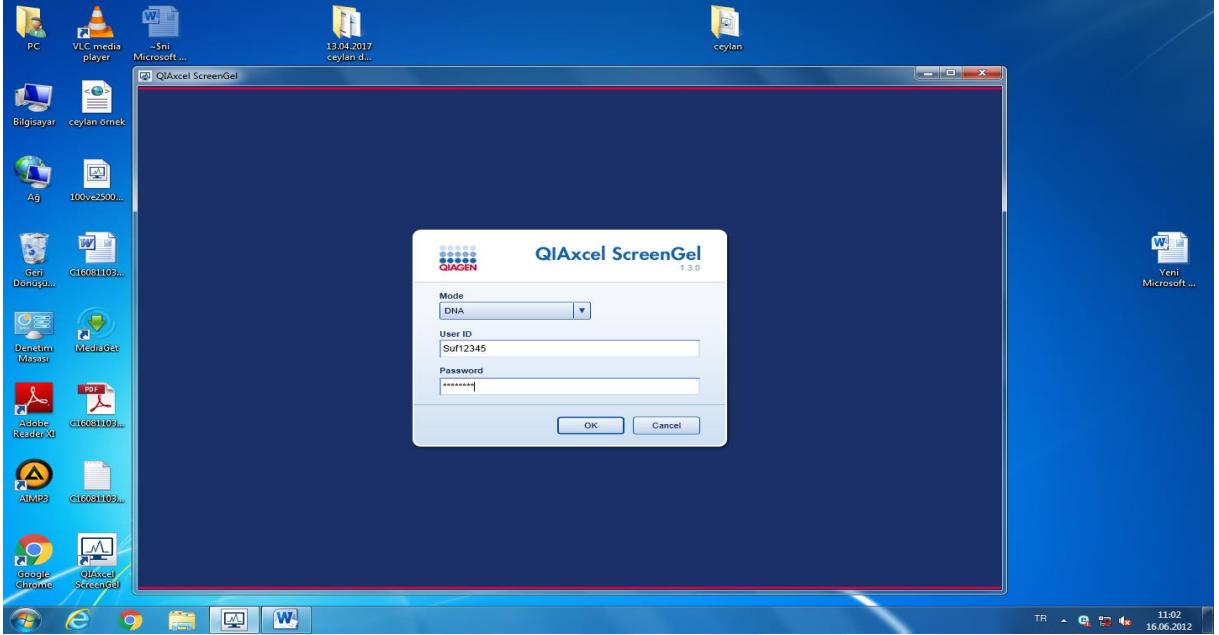
Şekil 28. DNA High Resolution Kiti'nin cihaza yerleştirilmesi

Ardından QIAxcel Screen Gel Elektroforez (QIAGEN) cihazının ön kısmında bulunan kapak açılarak PCR cihazından çıkarılan PCR ürünleri bu kısma yerleştirilmiştir.



Şekil 29. PCR ürünlerinin cihazda yerleştirilmesi gereken bölüm

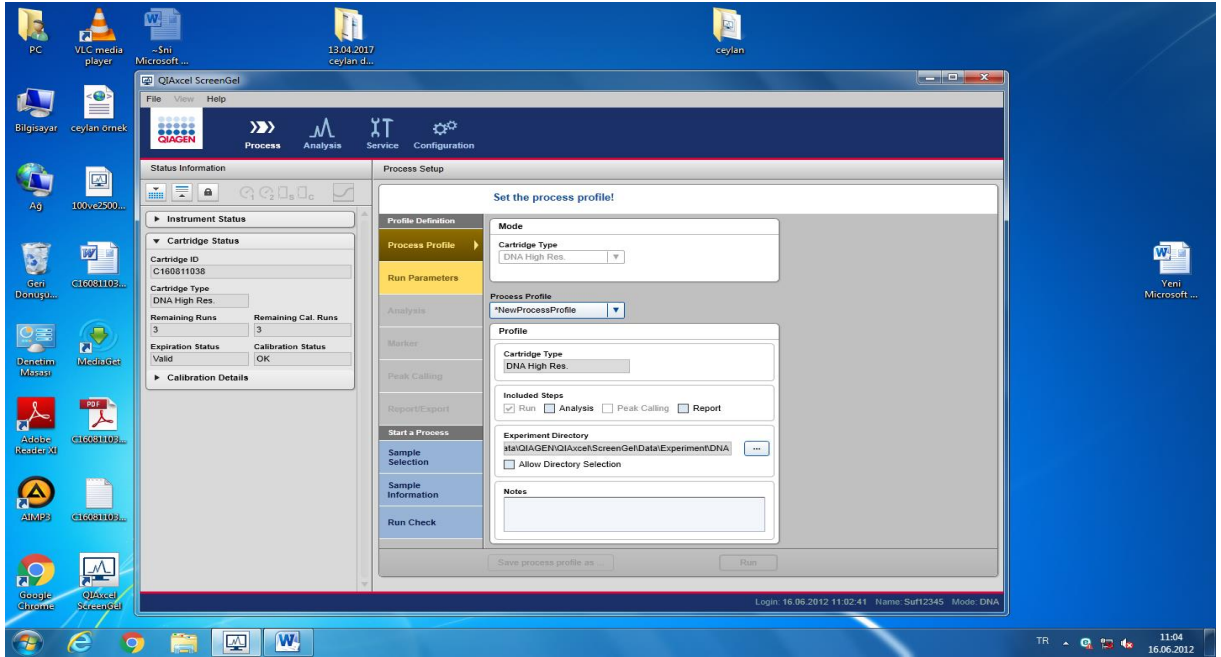
Daha sonra bilgisayardan Qiaxcel ScreenGel programı açılmıştır.



Şekil 30. Qiaxcel ScreenGel programının açılması

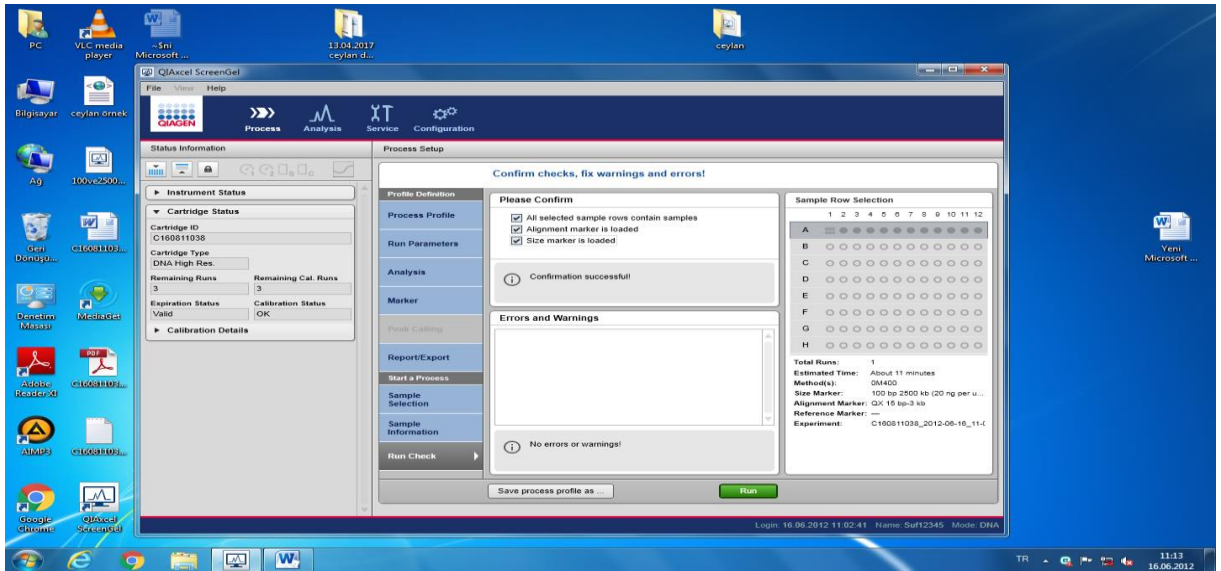
Program açıldıktan sonra “Process” bölümünde sol tarafta yer alan gerekli alanlar doldurularak işleme devam edilmiştir.

Önemli Not: Sol tarafta yer alan bölüm; çalışmada kullanılacak metot, kullanılacak size ve alignment marker, sonuç raporunda neler olması gerektiği, örnek isimleri gibi bölümlerden oluşmaktadır. Bunlar sırasıyla teker teker doldurulmalıdır.



Şekil 31. Qiaxcel ScreenGel programının ana ekran görüntüsü

Tüm alanlar doldurulduktan sonra en alt bölümde yer alan “Run Check” bölümünde kontroller yapılmıştır ve alt taraftaki Run butonu tıklanarak işlem başlatılmıştır.

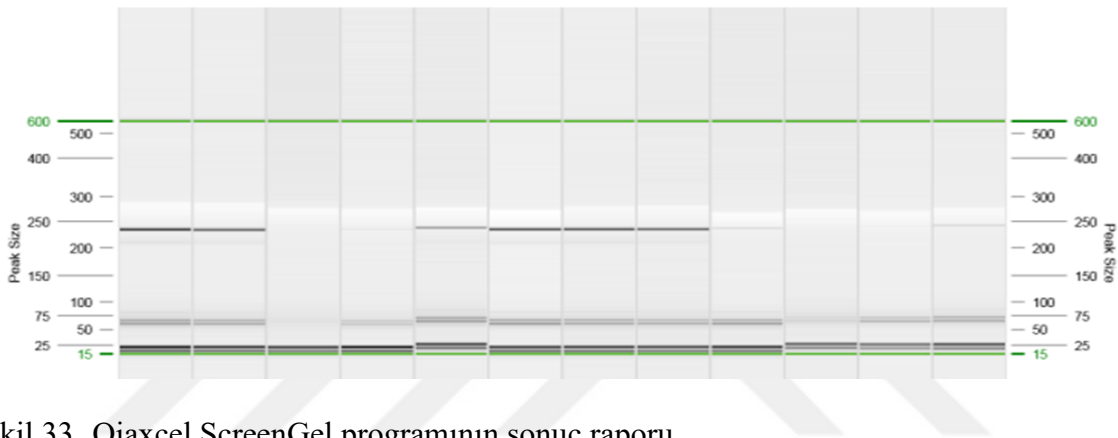


Şekil 32. Qiaxcel ScreenGel programının “Run check” bölümü

İşlem bittikten sonra bantların büyüklüklerini içeren bir rapor QIAxcel Screen Gel Elektroforez (QIAGEN) cihazı tarafından otomatik olarak pdf formatında vermiştir.



Report Overview	
Report Date:	13.02.2017 11:12:18
Experiment Name:	C160622033_2017-02-13_11-02-04
Cartridge ID:	C160622033
Instrument ID:	6114



Şekil 33. Qiaxcel ScreenGel programının sonuç raporu

Ek 11. Kapillar jel elektroforez sonunda elde edilen bantlardan yararlanılarak binomial veri matrisleri oluşturulması

PCR işleminden sonra PCR cihazından çıkarılan PCR ürünleri (eluatları) Kapillar Jel Elektroforez'e yerleştirilerek bantlar elde edilmiştir. Kapillar Jel Elektroforez sonunda elde edilen bantların görüntüsü aşağıdaki şekilde verilmiştir.



Şekil 34. Kapillar Jel Elektroforez sonucunda alınan bant görüntüsü

Yukarıdaki şekilde 6 adet örneğin Kapillar Jel Elektroforez sonucunda verdiği bantlar görülmektedir. Sol taraftaki marker referans alınarak şekil incelendiğinde A2, A4, A6 numaralı örneklerin aynı hizada da bant verdiği, A1, A4, A5 numaralı örneklerin farklı bir yerde gene aynı hizada bant verdiği, A3 numaralı örneğin ise hiç bant vermediği görülmektedir.

Elde edilen bantlardan veri matrisleri oluşturulurken mtDNA'dan genetik polimorfizmin belirlenmesinde kullanılacak bantlar baz büyüklüğüne göre Excel programına (Microsoft) aktarılmıştır. Bu durum Excel tablosuna aktarıldığında aşağıdaki gibi bir görüntü elde edilmiştir.

Çizelge 2. Kapillar Jel Elektroforez sonucunda elde edilen bantların baz büyüklükleri

Örnekler	A1	A2	A3	A4	A5	A6
Bant	150	0	0	150	150	0
Büyüklükleri (BÇ*)	0	250	0	250	0	250

*BÇ: Baz Çifti

Daha sonra yukarıdaki şekildeki sonuçlardan edilen bantlardan yararlanılarak binomial (0/1) veri matrisleri oluşturulmuştur. Binomial veriler oluşturulurken aynı

satırda ve aynı baz büyüklüğüne sahip PCR ürünlerinin verdiği bantlar (1) olarak değerlendirilirken, aynı satırda baz büyüklüğü görünmeyen PCR ürünlerinin verdiği bantlar ise (0) olarak değerlendirilmiştir. Sonuç olarak aşağıdaki şekilde binomial verileri içeren bir tablo elde edilmiştir.

Çizelge 3. Elde edilen bantlardan yararlanılarak binomial (0/1) veri matrislerinin oluşturulması

Bant Büyüklükleri (BÇ*)	Örnekler					
	A1	A2	A3	A4	A5	A6
150 BÇ*	1	0	0	1	1	0
250 BÇ*	0	1	0	1	0	1

*BÇ: Baz Çifti



ÖZ GEÇMİŞ

Ankara'da 1986 yılında doğdu. İlkokul, ortaokul ve lise eğitimlerini Ankara'da tamamladıktan sonra 2006 yılında Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nde lisans eğitimine başladı. Ege Üniversitesi'nde bir yıl yabancı dil hazırlık olmak üzere 5 yıl eğitim aldıktan sonra 2011 yılında mezun oldu. Araştırma Görevlisi olarak 2012 yılında Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nde göreve başladı. 2012-2015 yılları arasında Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı'nda yüksek lisans eğitimini tamamladı. Aynı üniversitede 2015 yılında doktora eğitimine başladı. Araştırma Görevlisi olarak aynı kurumda çalışmaya devam etmektedir.



T.C
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
LİSANSÜSTÜ TEZ ORJİNALLİK RAPORU

Tarih: 21/11/2019

Tez Başlığı / Konusu: Van İli Gökkuşuğu Alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum, 1792) Anaç Populasyonlarının, Büyüme Hormonu (GH) Gen Ekspresyon Seviyeleri, Genetik Polimorfizm ile Bazı Fenotipik Parametrelere Göre Değerlendirilmesi ve Yönetimine Yönelik Bir Araştırma

Yukarıda başlığı/konusu belirlenen tez çalışmamın Kapak sayfası, Giriş, Ana bölümler ve Sonuç bölümlerinden oluşan toplam 134 sayfalık kısmına ilişkin, 21/11/2019 tarihinde şahsım/tez danışmanım tarafından turnitin intihal tespit programından aşağıda belirtilen filtreleme uygulanarak alınmış olan orijinallik raporuna göre, tezimin benzerlik oranı % 2 (iki) dir.

Uygulanan filtreler aşağıda verilmiştir:

- Kabul ve onay sayfası hariç,
- Teşekkür hariç,
- İçindekiler hariç,
- Simge ve kısaltmalar hariç,
- Gereç ve yöntemler hariç,
- Kaynakça hariç,
- Alıntılar hariç,
- Tezden çıkan yayınlar hariç,
- 7 kelimededen daha az örtüşme içeren metin kısımları hariç (Limit inatch size to 7 words)

Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Lisansüstü Tez Orijinallik Raporu Alınması ve Kullanılmasına İlişkin Yönergeyi inceledim ve bu yönergede belirtilen azami benzerlik oranlarına göre tez çalışmamın herhangi bir intihal içermediğini; aksinin tespit edileceği muhtemel durumda doğabilecek her türlü hukuki sorumluluğu kabul ettiğimi ve yukarıda vermiş olduğum bilgilerin doğru olduğunu beyan ederim.

Gereğini bilgilerinize arz ederim.


21.11.2019

Adı Soyadı: Boran KARATAŞ

Öğrenci No: 1491101277

Anabilim Dalı: Su Ürünleri Mühendisliği

Programı: Su Ürünleri

Statüsü: Doktora

DANIŞMAN ONAYI
UYGUNDUR



Prof. Dr. Muhammed ARABACI

ENSTİTÜ ONAYI
UYGUNDUR

