



MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

**TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN ÇİN ŞAPKASI (*Patella caerulea*
Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ GENETİK İNCELENMESİ**

MEHMET GÜNGÖR

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Antakya/HATAY

EYLÜL-2011

MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN ÇİN ŞAPKASI (*Patella caerulea*
Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ GENETİK İNCELENMESİ

MEHMET GÜNGÖR
YÜKSEK LİSANS TEZİ
SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

Prof. Dr. Cemal TURAN danışmanlığında hazırlanan bu tez 14/09/2011 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Cemal TURAN Prof. Dr. Mahmut ÇALIŞKAN Yrd. Doc. Dr. Tahir Özcan
Başkan Üye Üye

Bu tez Enstitümüz Su Ürünleri Anabilim Dalında hazırlanmıştır.

Kod No:

Prof. Dr. Hüseyin GÖZÜBENLİ
Enstitü Müdürü

Bu çalışma M.K.Ü. Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu tarafından desteklenmiştir.
Proje No: 04 Y 0120

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

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	I
ABSTRACT.....	II
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	III
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	IV
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Patellidae Familyasına Ait Genel Özellikler.....	2
1.1.1. Denizlerimizde Bulunan Patellidae Türleri.....	3
1.2. <i>Patella caerulea</i> 'nın Biyolojisi.....	3
1.3. Coğrafik Dağılım Alanları.....	6
1.4. Populasyon Genetiği Çalışmaları.....	6
1.5. Populasyon Genetiği Çalışmalarında Mitokondrial DNA.....	7
1.6. Populasyon Çalışmalarında Kullanılan Genetik Teknikler.....	9
1.6.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	10
1.6.2. Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi (RFLP).....	10
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	12
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	15
3.1. Materyal.....	15
3.1.1. Çin şapkası (<i>Patella caerulea</i>) 'nın Sistematikteki Yeri.....	15
3.1.2. Çin şapkası (<i>Patella caerulea</i>) 'nın Tür Teşhisinin Yapılması ve Tayin Anahtarı.....	15
3.1.3 Örneklem Bölgeleleri.....	17
3.1.4. Kullanılan Araç ve Gereçler.....	18
3.2. YÖNTEM.....	20
3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması.....	20
3.2.2. Genetik inceleme.....	21
3.2.2.1. Mitokondrial DNA 'nın Ekstrakte Edilmesi.....	21
3.2.2.2. Agaroz Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi.....	21
3.2.2.3 Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile 16S rRNA Geninin Çoğaltılması.....	22
3.2.2.4. RFLP için Akrilamid Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi.....	23
3.2.2.5. RFLP (Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi) ile Genetik Farklılığın Tespiti.....	23
3.2.2.6. Haplotiplerin Tespit Edilmesi.....	24
3.2.2.7. RFLP Tekniği Sonucunda Genetik Verilerin Analizi.....	25
3.3 Morfolojik İnceleme.....	26
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	27
4.1. Bulgular.....	27
4.1.1. Toplam DNA 'nın Elde Edilmesi.....	27
4.1.2. Haplotip Çeşitliliği.....	27
4.1.3. Sınırlama enzimleri.....	32
4.1.3.1. <i>CspI</i> Sınırlama Enzimi.....	32
4.1.3.2. <i>BsuI</i> Sınırlama Enzimi.....	33
4.1.3.3. <i>Hin6I</i> Sınırlama Enzimi.....	33

4.1.3.4. <i>AluI</i> Sınırlama Enzimi.....	34
4.1.4. Genetik Çeşitlilik ve Genetik Farklılık.....	34
5. SONUÇ ve ÖNERİLER.....	38
KAYNAKLAR.....	41
TEŞEKKÜR.....	49
ÖZGEÇMİŞ.....	50

ÖZET

TÜRKİYE DENİZLERİNDE BULUNAN ÇİN ŞAPKASI (*Patella caerulea* Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ İNCELENMESİ

Bu çalışmada Türkiye Denizleri'nde bulunan Çin Şapkası (*Patella caerulea* Linnaeus, 1758) populasyonlarının genetik yapısı mtDNA PCR-RFLP yöntemi kullanılarak analiz edilmiştir. Çalışmada kullanılan örnekler Karadeniz (Şile), Marmara Denizi (Adalar), Ege Denizi (İzmir Körfezi) ve Akdeniz'den (Antalya Körfezi ve İskenderun Körfezi) temin edilmiştir.

MtDNA'nın 16S rRNA geni PCR yöntemi ile çoğaltılarak 4 restriksiyon enzimi (*Csp6I*, *BsurI* (*HaeIII*), *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*) ile kesilmiştir. RFLP sonucunda 8 haplotip saptanmıştır. Populasyonlar arasında azda olsa haplotip paylaşımının olduğu tespit edilmiştir. Haplotipler arasında evrimsel uzaklık değerine bakıldığında en fazla uzaklık değerinin 0.024528 olduğu ve Ege Denizi (İzmir Körfezi) populasyonunda 7, Akdeniz (Antalya Körfezi) populasyonunda 25 birey tespit edilen AABB genotipi ile Karadeniz (Şile) populasyonunda 10 ve Marmara Denizi (Adalar) populasyonunda 5 birey tespit edilen BAAA genotipidir.

Populasyon içi ortalama haplotip çeşitliliği 0.5971, genetik çeşitliliği 0.006760 olarak bulunmuştur. Populasyonlar arası ortalama genetik benzerlik değeri 0.012150, ortalama genetik farklılık değeri ise 0.005390 olarak bulunmuştur.

Populasyonlar arasındaki genetik farklılık değerlerine göre, en yüksek değer Karadeniz (Şile) ve Akdeniz (Antalya körfezi) populasyonları için (0.012867) bulunurken; en düşük değer ise Ege Denizi (İzmir Körfezi) ve Akdeniz (Antalya Körfezi) populasyonları arasında (0.000960) gözlenmiştir. Monte-Carlo (X²) ikili Karşılaştırma Analizi sonucu bütün populasyonlar arasında önemli derecede genetik farklılıklar olduğu belirlenmiştir (P<0.001). UPGMA soy ağacında Akdeniz (Antalya Körfezi) ve Ege Denizi (İzmir Körfezi) populasyonlarının birbirlerine en yakın taksonomik ilişkiyi gösterdiği ve Karadeniz (Şile) populasyonunun da bu populasyonlara en uzak taksonomik ilişkiyi gösterdiği tespit edilmiştir.

2011, 49 sayfa

Anahtar Kelimeler: Türkiye denizleri, Patella, populasyon genetiği, MtDNA, 16S rRNA geni, PCR-RFLP,

ABSTRACT

GENETIC ANALYSE OF THE MEDITERRANEAN LIMPET (*PATELLA CAERULEA* LINNAEUS, 1758) POPULATIONS ON THE TURKISH SEAS

In this study, the genetic structure of Mediterranean limpet (*Patella caerulea*) populations from Turkish Seas were analysed with mtDNA PCR-RFLP method. Samples were collected from Black Sea (Şile), Marmara Sea (Adalar), Aegean Sea (Izmir Bay), Mediterranean Sea (Iskenderun Bay and Antalya Bay).

The complete 16S rRNA gene of mtDNA amplified by PCR were digested with four restriction enzymes, *Csp6I*, *BsurI* (*HaeIII*), *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*. As a result, a total of eight haplotypes were detected from 150 individuals. Haplotypes sharing was observed among populations. The highest evolutionary distance was observed between the AABB and BAAA Haplotypes. AABB haplotype detected in the Izmir Bay sample (Aegean Sea) and Antalya Bay sample (Mediterranean Sea) populations respectively. BAAA haplotype detected in the Black Sea and Marmara Sea populations respectively.

The average haplotype diversity and nucleotid diversity within populations were 0.5971 and 0.006760 respectively. The average nucleotid diversity and nucleotide divergence among to populations were 0.012150 and 0.005390 respectively.

The highest genetic divergence was observed between Şile sample (Black Sea) and Antalya Bay sample (Mediterranean Sea) (0.012867), and the lowest genetic divergence was observed between Izmir Bay sample (Aegean Sea) and Antalya Bay Sample (Mediterranean Sea) (0.000960). In Monte Carlo (X2) pairwise comparisons highly significant differences between all populations ($P < 0.001$) were observed. In UPGMA dendrogram, Antalya Bay sample (Mediterranean Sea) and İzmir Bay sample (Aegean Sea) samples clustered as a closest taxa and Şile sample (Black Sea) clustered as most divergent taxa.

2011, 49 pages

Key Words: Turkish seas, mediterranean limpet, population genetics, MtDNA, 16S rRNA gene, PCR-R

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

bç	Baz Çifti
COI	Sitokrom C oksidaz I geni
DNA	Deoksi ribo nükleik asit
g	Gram
mA	Mili Amper
mg	Miligram
ml	Mililitre
MtDNA	Mitokondrial DNA
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RAPD	Polimorfik DNA'nın Rastgele Çoğaltılması
RFLP	Sınırlama Parçası Uzunluk Polimorfizmi
rRNA	Ribozomal RNA
SSCP	Single Strand Conformation Polymorphism (tek iplik konformasyon polimorfizmi)
TEMED	Tetrametiletildiamin
tRNA	Taşıyıcı RNA
UPGMA	Tartılı Olmayan Çiftleştirilmiş Grup Metodu Aritmetik Ortalaması
V	Volt
µl	Mikrolitre

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Örnekleme yapılan istasyonlar, populasyon kodu, koordinatları ve tarihleri.....	18
Çizelge 3.2. Örneklerin bölgelere göre kabuklarının teknik özellikleri.....	19
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan sınırlama enzimleri ve DNA tanıma dizileri.....	24
Çizelge 3.4. Örneklerin bölgelere göre kabuklarının biyometrik özellikleri.....	26
Çizelge 4.1. Tüm populasyonların 16S rRNA gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları haplotiplerin elde edilmesinde kullanılan enzimler.....	28
Çizelge 4.2. <i>P. caerulea</i> Populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni üzerinde ölçülen haplotiplerin evrimsel uzaklık değerleri (Nei,1987).....	30
Çizelge 4.3. <i>P. caerulea</i> populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar İçi haplotip çeşitlilik değerleri.....	31
Çizelge 4.4 MtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin <i>CspI</i> sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	33
Çizelge 4.5. MtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin <i>BsurI</i> sınırlama enzimi ile elde edilen haplotip ve bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	33
Çizelge 4.6. MtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin <i>Hin6I</i> sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	34
Çizelge 4.7. MtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin <i>AluI</i> sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	34
Çizelge 4.8. <i>P. caerulea</i> populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar içi genetik çeşitlilik değerleri.....	35
Çizelge 4.9. <i>P. caerulea</i> populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar arası genetik benzerlik değerleri (Nei,1987).....	36
Çizelge 4.10. <i>P. caerulea</i> populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar arası genetik farklılık değerleri (Nei,1987)	36

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Patellidae familyasının genel olarak vücut yapısı.....	4
Şekil 1.2. <i>Patella caerulea</i> 'nın dünyadaki dağılım alanları.....	6
Şekil 1.3. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi (Meyer, 1993).....	8
Şekil 1.4. RFLP Tekniği İle Canlılar Arasındaki Genetik Farklılığın Tespiti.....	11
Şekil 3.1. <i>Patella</i> türlerinin radula üzerinde bulunan taksonomide kullanılan dişleri	16
Şekil 3.2. <i>Patella caerulea</i> türüne ait bireylerin çeşitli açılardan görüntüleri.....	17
Şekil 3.3. Örneklerin toplandıkları istasyonlar	18
Şekil 3.4. Araştırmada 16S rRNA geninin çoğaltılmasında kullanılan PCR cihazı.....	19
Şekil 3.5. Populasyonların farklılıklarının belirlenmesinde kullanılan dikey elektroforez cihazı.....	20
Şekil 3.6. Ekstrakte edilen total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü.....	22
Şekil 3.7. PCR sonrası elde edilen PCR ürününün agaroz jel üzerinde kontrolü.....	23
Şekil 3.8. <i>Patella caerulea</i> populasyonlarının 16S rRNA genlerinin sınırlama enzimleri ile kesilmesi sonucu elde edilen PCR-RFLP bant profili.....	25
Şekil 4.1. Haplotiplerin asgari zincir ağı ile görünümü.....	29
Şekil 4.2. Populasyonlar arası genetik uzaklığın UPGMA soy ağacı ile gösterimi.....	40

1.GİRİŞ

Son yıllarda insanoğlunun doğayı bilinçsizce kullanması sonucunda bir çok canlı türü yok olmuş yada yok olmanın eşiğindedir. Doğadaki canlılar yaşadıkları ortamda insanların bilinçsiz sömürsünden kaynaklanan yapay etkilere maruz kalmaktadır. Bu tip baskılara sadece genetik açıdan güçlü populasyonlar direnebilmektedir. Genetik olarak güçlü populasyonların varlığını sürdürmesi, ancak populasyonların gen havuzlarının korunmasıyla mümkün olabilir. Populasyonlar arasındaki gen alış verişi genetik farklılıkların ortadan kalkmasını sağlar. Populasyon genetiği çalışmaları genel olarak populasyonlarda meydana gelen alel frekansı değişiklikleri inceler. Genetik çeşitlilikte meydana gelen azalmalar, bir populasyonun suni veya doğal yolla çevrede meydana gelen değişmelere karşı daha zor adapte olmasına neden olabilmektedir. Bu durum populasyon dalgalanmalarına sebep olabilmekte ve o populasyonun yok olmasıyla sonuçlanabilmektedir. Bu tip durumlarda mevcut olan genetik çeşitlilik, adaptasyona dayanan evrimsel değişiklik için hayati bir rol oynar (Turan, 2000a). Son yıllarda Çin şapkası türlerinin korunması ve yönetimi ile ilgili bazı problemler ortaya çıkmıştır. Atlantik adalarında bulunan *Patella candei* d'Orbigny, 1839 ve *Patella aspera* Röding, 1798 türlerinin azalan stoklarının korunması gerektiği düşünülmektedir (Hawkins ve ark., 2000; Borrell, 2010). Ayrıca *Patella ferruginea* Gmelin, 1791 stokları ciddi tehlike altındadır (Espinosa ve Ozawa, 2006; Borrell, 2010). Doğu pasifikte bulunan *Patella mexicana* (Broderip ve Sowerby, 1829) türünün Meksika ana karasında soyunun tükenmiş olduğu düşünülmektedir (Ridgway ve ark., 1998; Borrell, 2010).

Türkiye denizlerinde bulunan patella populasyonları arasında herhangi bir sebepten genetik yapılarının tespit edilmesi o populasyonların devamlılığının sağlanması için hayati önem taşımaktadır (Carvalho ve Hauser, 1994). Sadece populasyonların genetik yapılarının belirli dönemlerde kontrol edilerek zaman içerisinde meydana gelen değişiklikler gözlemlenip, gerekli durumlarda zaman kaybedilmeden müdahale edilmelidir. Bu uygulamalar sürdürülebilirlikleri için çok önemlidir. Ekolojik dengenin göz ardı edilmeden doğada bulunan canlıların bir bütün olduğu düşünülmelidir. Balıkçılık genetikçileri, stokların gelecekte mevcut olmaları için populasyonların uzun dönemdeki adaptasyon kabiliyetleri ile ilgilenmektedirler.

İdareciler genellikle genetik değişimin çok uzun zaman zarfında gerçekleştiğini zannetmektedirler. Oysa genetik değişim, kuvvetli seleksiyon baskıları ve genetik kayma yolu ile birkaç yıl gibi kısa zaman zarflarında gerçekleşebilmektedir (Turan, 2000a).

Günümüzde gastropodlar, dünyanın her yerinde sömürülebilen önemli bir kaynak olarak dikkati çekmektedir. Bu canlılar büyük ölçüde Japonya, Çin, Portekiz, Fransa, İspanya ve İtalya'da tüketilmektedir. İspanya ve Portekiz gibi ülkelerde Patella türlerinin tüketimi ülke mutfağında bir gelenek haline gelmiş ve çok eskiye dayanmaktadır. Onlarca yıldır ticari sömürü altında olmalarına karşın bu canlılar hakkında yapılan çalışmaların sayısı 1980 yılından bu yana bir miktar artmış ancak hala yetersiz olduğu düşünülmektedir (Miyares, 1980; Ortea, 1980; Borrell, 2010).

Bu çalışmada dünya ülkelerinin büyük bir bölümünde sürekli olarak tüketilen, ayrıca ekonomik olarak önem arz eden, ülkemizde ise şimdiye kadar üzerinde genetik düzeyde herhangi bir populasyon çalışması bulunmayan ve dünya genelinde çok az çalışma olan çin şapkası (*Patella caerulea*) populasyonlarının, mtDNA 16S rRNA geni kullanılarak PCR-RFLP analizi tekniği ile genetik yapılarının incelenmesi ve populasyonlar arası moleküler ilişkinin ortaya konulması amaçlanmıştır.

1.1. Patellidae Familyasına Ait Genel Özellikler

Ülkemizde Çin şapkası veya Taş midyesi olarak adlandırılan patella türleri; kayalık sahillerde deniz içerisinde yada deniz seviyesinin hemen üst kısmında bulunurlar (Öztürk ve Ergen, 1999). Deniz kıyılarındaki kayalık gel-git bölgelerinde, dalgalar tarafından ıslatılan taşlar üzerinde, supralittoral, mediolittoral ve üstinfralittoral zonda bulunurlar (Sella ve ark., 1993; Cretella ve ark., 1990; Öztürk ve Ergen, 1996). Patellidae familyası dünyada 34 tür ile patella cinsi 9 tür ile temsil edilir (Ridgway ve ark., 1998; Nakano ve Ozawa, 2004). Akdeniz' de 6 ülkemizde ise 3 tür ile temsil edildiği rapor edilmektedir (Badino ve Sella, 1980; Öztürk ve Ergen, 1999; Mauro ve ark., 2003; Guerra ve ark., 2004; Espinosa ve ark., 2007; Ayas ve ark., 2008). Patella türleri konik şekle sahip bir kabuk içerisinde bulunan canlılardır. Kabuk şekli olarak güçlü ayak kasları sayesinde kayalara sıkıca tutunarak bu bölgedeki alglerle beslenirler. Patella türlerinde ayak iyi gelişmiştir. Operkulum bulunmaz. Solunum organı olarak görev yapan ktenidyumlar körelmiş ve bunların görevini ayağı çevreleyen paleal oluk

içinde yer alan sekonder solungaçlar (pseudoktenidium) üstlenmiştir. Kalp tek kulakçıklı ve radula docoglossat tipdir (Öztürk, 1998). Bu genus üyeleri ayrı eşeyli olmalarına karşın, bazılarında protandrik hermofroditizm özelliği de görülür (Öztürk, 1998; Bacci ve Sella, 1970).

1.1.1. Denizlerimizde Bulunan Patellidae Türleri

Dünya genelinde 34 tane patellidae türü varken Akdeniz' de 6 tür bulunmaktadır. (Badino ve Sella, 1980; Öztürk ve Ergen, 1999; Mauro ve ark., 2003; Guerra- Garcia ve ark., 2004; Espinosa ve ark., 2007; Ayas ve ark., 2008). Patella genusu ülkemizde 3 tür ile temsil edilmektedir. Ülkemizde bulunan bu türler:

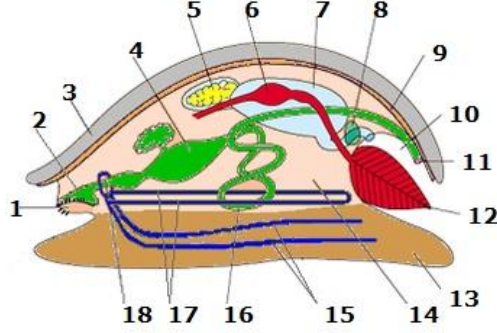
P. caerulea, *P. aspera* ve *Patella rustica* Linnaeus, 1758' dir (Öztürk ve Ergen, 1999; Demir, 2003; Çulha ve ark., 2007; Ayas ve ark., 2008).

Patella türleri Akdeniz, Ege ve Marmara denizinde yaygın olarak görülürken Karadeniz' de bulunan türler *P. aspera* ve *P. caerulea*' dır (Demirci, 2005; Çulha ve ark., 2007). *P. caerulea* endemik bir Akdeniz türü iken, *P.aspera* ve *P. rustica* hem Akdeniz hem de Atlantik kıyılarında yayılım göstermektedir (Mauro ve ark., 2003).

1.2. *Patella caerulea*' nın Biyolojisi

Kabuk tabanı oldukça geniş, basık koni şeklindedir. Apeks anterior konumdadır. Polimorf olan bu türün kabuk yüzeyinde, hemen hemen birbirine benzer veya birbirinden çok farklı olan değişik sayıda kostalar bulunur. Bu kostalar, bazı kabuklarda 5-10 adet olup, yüksek kabartılar şeklinde, bazı kabuklarda ise çok sayıda ve incedir. Kabuğun açıklığı ovalimsi olup, kenarları bazılarında düz, bazılarında kostalar nedeniyle girinti çıkıntı oluşmuştur. Kabuğun iç kısmı genellikle mavimsi veya beyazımsı renkte olup, parlak ve sedef yansımalıdır. Kas izi at nalı şeklindedir. Manto izi belirgin, içi mavimsi kabuklarda açık renkte, beyazımsı olanlarda daha koyu renktedir. Kabuğun iç yüzeyinde kas izinden kabuk kenarına kadar tek tek veya demetler halinde uzanan radier ışınlar uzanır. Ayağın kaidesi koyu renktedir. Radulanın çıkıntılı dişi 3 çıkıntı ihtiva etmekte olup, bunlardan lateral dişler tarafındaki çıkıntı diğerlerinden daha küçüktür. Lateral dişlerin kaideye bağlanma yüzeyi dışbükey çizgi şeklindedir. Marjinal dişler saydam olduklarından görünmesi zordur (Öztürk, 1998).

Şekil 1.1. de Patellidae familyasına ait canlıların genel olarak vücutlarının anatomik yapısı verilmiştir.



1 Radula	10 Manto boşluğu
2 Ağız	11 Anüs
3 Kabuk	12 Solungaç
4 Mide	13 Ayak
5 Gonad	14 Vucut boşluğu
6 Kalp	15 Ayak sinir kordonu
7 Sölm	16 Bağırsak
8 Böbrek	17 Viseral sinir kordonu
9 Manto	18 Sinir halkası

Şekil 1.1. Patellidae familyasının genel olarak vücut yapısı (Ruppert ve ark., 2004)

Patella türlerinde sağ ve sol olmak üzere 2 adet böbrek vardır. Soldaki böbrek sağdakine oranla daha küçüktür. Sağ böbrek viseral kütle boşluğunda anüsün hemen bitişiğinde bulunur. Ayrıca sağ böbrek ile gonad arasında bağlantı vardır (Davis ve Fleure, 1903; Walker, 1968). Bu canlılarda atık maddeler amonyak, üre ve ürik asit şeklinde atılmaktadır (Baribault, 1968).

Patella türlerinde solunum, solungaçlar sayesinde yapılmaktadır. Solungaçlar bir kanal ile başın hemen üzerindeki manto boşluğunda bulunan kalbe bağlanmıştır. Bu canlıların ihtiyacı olan oksijen miktarı vücut büyüklüğü, sıcaklık, mevsimsel etkiler, oksijen basıncı, açlık ve içsel ritimlere bağlıdır (Newell, 1979; Öztürk, 1998).

Patella cinsine ait canlılarda sindirim sistemi üyeleri; ağız ve içinde bulunan radula dişleri, yemek borusu, küçük bir mide, viseral kütle etrafında 3-6 kez kıvrılabilen bağırsak ve atıkların atıldığı anüsten oluşmaktadır. Besinler radula dişleri ile kayalardan kazınarak alınır sonrasında yemek borusunu takip ederek mideye ulaşır sindirim genellikle burada gerçekleşir. Mideden sonra bağırsağa ulaşan besinlerin burada

sindirimi devam eder ve emilim gerçekleşir, atık maddeler ise anüs yolu ile dışarı atılır (Graham, 1932; Fretter ve Graham, 1962).

Patella türlerinde nispeten basit bir üreme sistemi vardır. Patella cinsi üyelerinin cinsi olgunluk yaşı ortalama 1-2 yıldır. Bu canlılar hem erkek hem de dişi üreme hücresi üretebilirler. 9 aylık olan bireyler erkek olarak olgunlaşır ancak bu bireyler 2-3 yaşına geldiğinde dişi olarak dönüşüm gerçekleştirirler (Lindberg, 2004). Patella türlerinde dış döllenme gözlenir (Ankel, 1936). Gonadlar sağ böbreğin bağlı olduğu kanal vasıtasıyla papilaya kadar ulaşır ve dışarı salgılanır. Yumurtlama Eylül ayından Nisan ayına kadar gerçekleşir ancak kışın ortalarında ivme kazanır (Bacci ve Sella, 1970). Yumurta ve sperm denize bırakılır, dalga ve akıntılar sayesinde ise döllenme gerçekleşir. Genellikle yumurta boyutu küçüktür ve yumurta çapı 0.0035 inç (0.09 milimetre) civarındadır (Lindberg, 2004). Patella türlerinde 2 farklı larval aşama vardır; yumurtadan ilk çıkan larvalar suda serbest şekilde hareket eder. Trochophore ve veliger evrelerini tamamladıktan sonra larva, 2 haftalık pelajik ömrünün ardından yaklaşık 0.2 mm kabuk uzunluğu ile kayaya yerleşir (Dodd, 1957; Lindberg, 2004).

Patella türleri ile beslenen canlıların başında deniz yıldızları gelir (Bullock, 1953). Birçok yengeç türü, octophorus cinsine ait üyeler, kuşlar, balıklar ve memeliler de bu canlıların predatörleridir (Chapin, 1968; Branch, 1981). Ayrıca insanların bu canlıları besin olarak görmesinden sonra patella türlerinin en önemli predatörlerinden biriside insanlar olduğu düşünülmektedir.

Bu canlılar predatörlerine karşı bazı savunma mekanizması geliştirmiştir. Geliştirdiği en önemli savunma aracı “mushrooming” adı verilen mekanizmadır. Bu sisteme göre patella türleri predatörlerini hissettikleri anda kasları vasıtasıyla kabuklarını bir miktar yukarı kaldırdıktan sonra hızlı bir şekilde bulunduğu kayaya veya substrata çekerek kabarcık oluştururlar. Hızlı bir şekilde gelen predatör bu kabarcığı takip ederken patella türü oradan uzaklaşır (Bullock, 1953; Clark, 1958; Margolin, 1964; Mackie, 1972; Dayton ve ark., 1977; Branch, 1978). Diğer bir savunma stratejisi ise deniz yıldızı gibi canlılara uygulanan agresif yöntemdir. Bu yöntem ise, patellaların kabuklarını kaldırıp güçlü kaslarıyla kendini kayaya çekerken predatörün arada kalan organlarını ezmesiyle gerçekleşir (Branch, 1979).

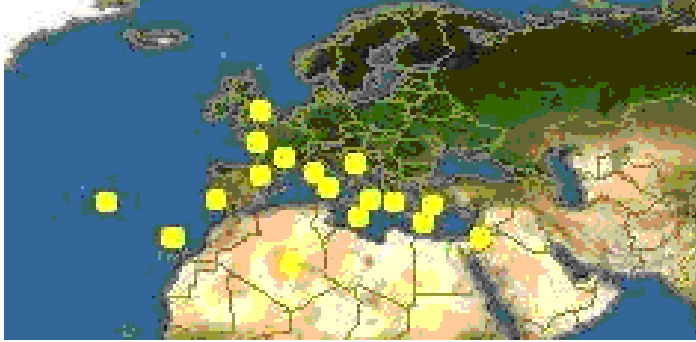
Patella türleri kayalıklar üzerinde bulunan bitkisel organizmaları radula dişleri ile kazıyarak beslenirler. Ana besinlerini bitkisel organizmalar oluşturur yani “herbivor”

beslenme şekli gösterirler. Bu canlıların ana besinini genellikle Cyanophyceae türleri oluşturur. *P. caerulea*, Cyanophyceae türleri yanında ana alg sınıflarının hepsini besin olarak kullanabilmektedir (Santina ve ark., 1993; Ayas ve ark., 2008).

1.3. Coğrafik Dağılım Alanları

Bu tür Akdeniz’ de yaygın olarak bulunması nedeniyle Akdeniz Patella’ sı olarak da bilinmektedir (Öztürk, 1998). Ayrıca bu türe kabuk renginden dolayı Mavi Patella’ da denilmektedir (Orr, 1995). Dünyada Azor Adaları, Madeira, Kanarya Adaları ve Karadeniz’ de dağılım göstermektedir (Christiaens, 1973; Powell, 1973; Gaillard, 1987; Grossu, 1993).

Ülkemizde Patella türleri Akdeniz, Ege ve Marmara denizinde yaygın olarak görülürken Karadeniz’ de bulunan türler *P. aspera* ve *P. caerulea*’ dır (Demirci, 2005; Çulha ve ark. 2007). *P. caerulea* endemik bir Akdeniz türü iken, *P. aspera* ve *P. rustica* hem Akdeniz hem de Atlantik kıyılarında yayılım göstermektedir (Mauro ve ark., 2003).



Şekil 1.2. *Patella caerulea*’nın dünyadaki dağılım alanları

1.4. Populasyon Genetiği Çalışmalarının Önemi

Populasyon genetiği, populasyonu oluşturan canlılar arasında ve populasyonlar arasında görülen benzerlik veya farklılıkları varsa bu farklılık ve benzerliklerin sebebini araştıran bilim dalı olarak tanımlanabilir. Bir populasyondaki benzerlik veya farklılıkların, sürekli değişim gösteren karakterler bakımından farklılıklarının incelenmesinde iki bireyin değil iki grubun veya populasyonun ele alınması ve bu

populasyonlar arasındaki farkın ne derece kalıtsal olduğunun araştırılması populasyon genetiğinin konusudur (Turan, 2002). Populasyonların genetik yapıları incelenip birbirleri ile karşılaştırılması populasyonların birbirleriyle olan ilişkilerini ortaya çıkarır. Populasyonun dengede kalabilmesi o populasyonun yeterince büyük olması, mutasyon, seleksiyon ve göç olaylarının meydana gelmemesi eşit sayıda erkek ve dişi bireylerin bulunması, populasyonda çiftleşmelerin rastgele olması ve bir jenerasyonda doğan bireylerin diğer jenerasyonda doğan bireyler ile çiftleşmemesi koşullarına bağlıdır. Bu koşulların birinin veya birkaçının olmaması halinde populasyonların dengesi bozulur ve dolayısıyla genetik yapı zamana bağlı olarak değişir. Genetik yapının büyüklüğüne ve şekline bağlı olarak yeni türler ortaya çıkabilir (Turan, 2002).

Herhangi bir allelin herhangi bir yerinde sıcaklık, kirlilik, ağır metal etkisi gibi sebeplerden meydana gelen ve meydana geldiği genotipi değiştiren önemli bir olay da mutasyondur (Yağlıoğlu, 2007). Mutasyon populasyonu oluşturan tüm bireylerde görülmemiş, birkaç bireyde görülmüşse buna “genetik çeşitlilik” denir. Genetik çeşitlilik türler için bir avantaj olarak görülebilir. Mutasyon tüm populasyonda görülmüş ise bu olaya “gen kayması” denir. Gen kayması olan aynı türe ait populasyonlar diğer populasyonlardan coğrafik olarak izole olmuş ise bir süre sonra aralarındaki çiftleşme yeteneklerini kaybederek sadece kendi aralarında çiftleşirler. Bunun sonucunda populasyonlar arasında gen alış verişi olmaz ve zamanla yeni türler oluşabilir. Kalıtsal yapı açısından birleşme ve döl meydana getirme yeteneklerini koruyan birçok populasyon, sadece çiftleşme davranışlarında meydana gelen farklılaşmadan dolayı yeni tür özelliği kazanmıştır (Demirsoy, 1998).

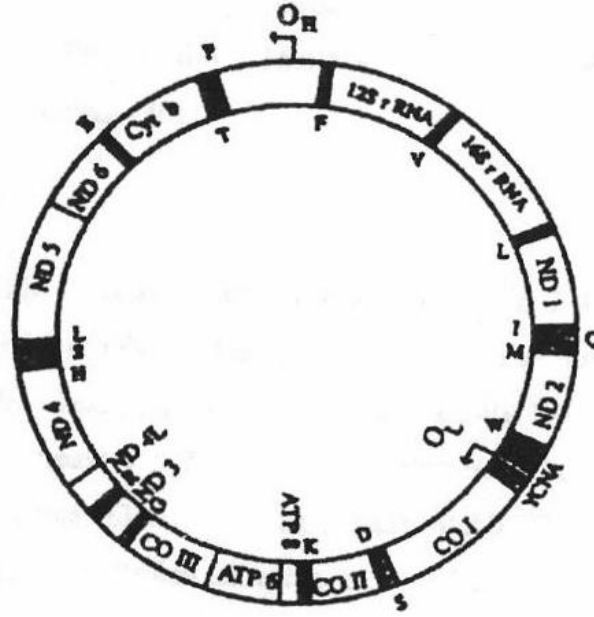
Populasyonlar gen havuzlarında ne kadar fazla genotip barındırırlarsa doğadan ve çevreden gelen baskılara karşı o kadar güçlü olurlar. Genetik çeşitliliği az olan populasyonların yapay seleksiyon, genetik sürüklenme, genetik darboğaz, vb. gibi baskılara karşı koyma şansı yoktur. Ayrıca unutmamak lazımdır ki her genotip canlıya avantaj sağlayan bir özelliği bulundurduğu gibi o canlıya dezavantaj olan durumları da içerisinde barındırabilir (Yağlıoğlu, 2007).

1.5. Populasyon Genetiği Çalışmalarında Mitokondrial DNA

Populasyon çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA’ dır (Wilson ve ark., 1985). mtDNA nispeten yüksek evrimleşme hızından

dolayı, yakın akraba türler ve bir türün populasyonlarını karşılaştırmada son derece yararlı olmuştur (Harrison, 1989). Çekirdek DNA' sını ile karşılaştırıldığında, efektif büyüklüğü dörtte biri kadar olduğundan genetik populasyonların kolayca farklılaşmasına neden olur. Genetik sürüklenme çekirdek DNA' sına göre mitokondriyal genom üzerinde daha etkili mekanizma olarak işlediğinden, populasyonlara özgü mtDNA belirteçleri geliştirmek daha olasıdır (Ergüden, 2007).

Hayvan mtDNA' sını 15-20 kb uzunluğunda. 22 tRNA, 2 rRNA, 13 elektron transferi ve oksidatif fosforilasyonda görev yapan ve 13 mRNA' yı kodlayan toplam 37 genden oluşan kapalı halkasal bir moleküldür (Wallace, 1986); (Şekil 1.3). Yaklaşık 1 kb uzunluğunda olan kontrol bölgesi replikasyonun başladığı bölgedir. mtDNA' da genlerin düzeni genellikle sabittir; ancak gen organizasyonu bazı hayvan taksonlarını ayırabilir (Desjardins ve Morais, 1990).



Şekil 1.3. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi (Meyer, 1993)

mtDNA' nın 16S rRNA bölgesi, populasyon genetiğinde yüksek taksonomik gruplara kadar değişen ilişkileri analiz etmek için kullanılmaktadır (Bermingham ve ark., 1997; Lydeard ve Roe, 1997).

mtDNA analizi, son zamanlarda yaygın olarak kullanılan DNA dizi analizi dışında, Sınırlama (Resktriksiyon) Parçası Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) Metodu ile de yapılmıştır. Bunun için çalışılan populasyonlar için uygun olan mtDNA bölgesi polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltılır ve daha sonra bir sınırlama enzimi ile kesilir. Elde edilen kesim ürünleri poliakrilamid jel elektroforezi ile ayrıştırılarak,

etidyum bromid ya da gümüş boyama ile görüntülenir. Bu yöntem genel olarak PCR-RFLP olarak bilinir. Mitokondri DNA' sı kapalı halkasal bir molekül olduğu için, oluşan parçacıkların sayısı ile sınırlama enzimlerinin kesim yerlerinin sayısı eşittir. Jel üzerinde oluşan bantların kalıbı karşılaştırılarak sınırlama kesim yerleri ya da sınırlama parçası verileri elde edilebilir. Bir popülasyona ait her bireyin belli bir enzimle ilgili mtDNA bölgesinin kesim sonucu oluşan bant kalıbına bir harf verilir. PCR-RFLP için kullanılan tüm sınırlama enzimlerin kalıpları, bu şekilde kullanılan enzim kadar harften oluşan bireyin kompozit genotipi belirlenmiş olur. Bunların her biri bir mtDNA haplotipidirler. Bu şekilde çalışılan popülasyon ya da taksondaki haplotipler, haplotiplerin görülme sıklıkları ve buradan hesaplanan nükleotid farklılıkları (divergence) karşılaştırılabilir (Ergüden, 2007; Yağlıoğlu, 2007).

1.6. Popülasyon Çalışmalarında Kullanılan Genetik Teknikler

Balıklarda ve mollusklarda bulunan morfolojik karakterler, çeşitli sınıflara ayrılmış gruplar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde kullanılmaktadır. Farklı türlerin tanımlanması, stoklar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde, türlerin teşhisinde ayırt edici morfolojik özelliklerinden biri olan meristik karakterler de yaygın olarak kullanılmaktadır (Ihssen ve ark., 1981; Casselman ve ark., 1981; Bookstein, 1982; Bird ve ark., 1986; Friedland ve Reddin, 1994; Turan, 2000a). Bu alanda stok ve tür farklılığını belirlemek üzere yapılmış birçok (Corti ve ark., 1988; Shepherd, 1991; Avşar, 1994; Haddon ve Willis, 1995; Bembo ve ark., 1996; Turan, 1997) çalışmaya rastlanılmaktadır.

Genetik tekniklerin kullanımından önce, morfolojik farklılığın tamamıyla genetik farklılaşmadan kaynaklandığı sanılmakta ve stokların tespiti, genellikle morfolojik özellikler kullanarak yapılmaktaydı (Marr, 1957). Fakat türler içinde meydana gelen fenotipik değişim, sadece genetik kontrol altında olmayıp, aynı zamanda çevresel etmenlerin de etkisi altındadır. Bu nedenle de fenotipik tekniklerin kullanımı sınırlı hale gelmiştir (Allendorf ve ark., 1987). Genetik tekniklerin balıkçılıkta kullanımı ile daha önce fenotipik olarak farklı olan birçok popülasyon veya türün genetik olarak farklı olmadığı ortaya çıkmıştır. Canlılarda görülen fenotipik esneklik, fizyolojilerinde meydana gelen modifikasyonlar sayesinde çevresel değişimlere adapte olmalarını sağlamaktadır. Bu modifikasyonlar, çevresel değişimin etkilerini azaltarak, canlıların

morfoloji, üreme ve yaşam sürelerinde deęişimlere de yol açmaktadır (Stearns, 1983; Meyer, 1987). Bu sebepten populasyon çalışmalarında moleküler genetik tekniklere başvurma ihtiyacı doğmuştur. Bu ihtiyaca karşılık vermek için birçok genetik teknik geliştirilmiştir.

Populasyon genetięi çalışmalarında kullanılan, Protein elektroforezi, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) (Polymerase Chain Reaction), Sınırlama Parçalarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) (Restriction Fragment Length Polymorphism), DNA Dizileme Metodu (sequencing), DNA Parmak izi Metodu (Genetic Fingerprinting), Mikrosatellite ve Polimorfik DNA' nın Rastgele Çoęaltılması (RAPD) (Random Amplification of Polymorphic DNA) gibi teknikler, günümüzde yaygın olarak tercih edilen tekniklerdir.

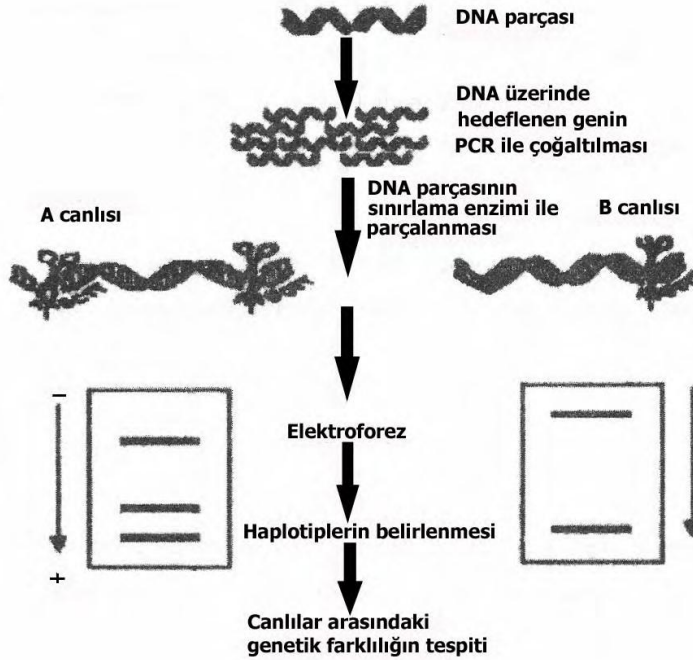
1.6.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), dizisi bilinen miktarda bir DNA bölgesinin çoęaltılmasını sağlayan ve elde edilmesine imkan vererek milyonlarca hatta milyarlarca kopyasını kısa zamanda yapmaya olanak sağlayan bir tekniktir. Bu teknikte ilk basamakta, yüksek sıcaklığın etkisiyle (92-95 °C) çift sarmallı DNA'nın sarmalları birbirinden ayrılır. İkinci basamakta ise, primerler kopyalanmak istenen zincir bölgesine iki taraftan bağlanırlar. Son olarak bir DNA polimeraz olan *Taq* (*Thermus aquaticus*) adlı enzim sentezi gerçekleştirir (Mullis ve Faloona, 1987). Normal olarak bu kopyalama 30 kez gerçekleşmektedir (Turan, 2000a). Reaksiyonun verimlilięinin %100 olması için 109 kat kopyalama gerekmektedir. Kopyalama sonrası özel yöntemlerle çoęaltılan DNA (Agar Jel Elektroforezi, Poliakrilamid Jel Elektroforezi) boyanma işlemini takiben gözlenir. Primerlerin sınırladıęı sekansın uzunluęu bilindięinden, çoęaltılan ürünün hangi uzunlukta (bç) band oluşturduęu DNA büyüklük standardı ile karşılaştırarak belirlenir (Ergüden, 2007).

1.6.2. Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi (RFLP)

Sınırlama (rekstriksiyon) Parçası Uzunluk Polimorfizmi Teknięi geniş ölçüde türler ve populasyonlarının genetik yapılarının belirlenmesinde en çok başvuru alan tekniklerden biridir. Ayrıca bu teknik türler arasındaki filogenetik iliřkinin belirlenmesinde de yaygın olarak kullanılmaktadır. DNA çalışmalarında yaygın olarak

kullanılan bu teknik, DNA' nın restriksiyon enzimi ile reaksiyona sokularak parçalara ayrılmasıdır. RFLP tekniği PCR metodundan yararlanılarak, mtDNA veya nDNA' nın birkaç bölgesi (geni) içinde kullanılabilir. Sınırlama enzimlerin tanıma dizileri 4-6 nükleotidden oluşmakta ve kendi içinde nükleotidlerin dizilimine ve nükleotid üzerindeki kesim noktasının durumuna göre farklılık göstermektedir. Sınırlama enzimleri, DNA üzerinde kendisiyle aynı yapıda olan zincir bölgesini tanımaktadır ve bu spesifik DNA zinciri, "tanınma bölgesi" olarak adlandırılmaktadır. Sınırlama enzimler, DNA üzerinde nerede ve ne kadar tanıma bölgesine rastlarsa, DNA' yı bu noktalardan keserler. Örneğin; *Hind* III enziminin tanıma dizisi, A₁AGGC dir ve DNA üzerinde aynı dizilerin olduğu bir DNA zincirine rastladığında ok işaretinin olduğu bölgeden DNA' yı keser. Enzim muamelesi sonucu oluşan sınırlama (sınırlama) parçaları, Jel Elektrofrez yoluyla jel üzerinde birbirinden ayrılır ve özel boyama metotları ile DNA parçaları arasında fark olup olmadığı tespit edilebilir (Şekil 1.4.). Bu parçalar arasındaki fark, yer değiştirme veya mutasyon sonucu, DNA üzerinde tanıma bölgesinin kazanılması veya kaybedilmesi sonucudur (Turan, 2002; Ergüden, 2007).



Şekil 1.4. RFLP tekniği ile canlılar arasındaki genetik farklılığın tespiti (Turan, 2002).

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Ridgway ve ark. (1998), *Patellidae* familyasında yaptıkları filogeni çalışmasında 37 türün morfolojik karakterlerini ve taksonomik ilişkilerini incelemişlerdir ve patella genusuna ait türlerin akrabalık ilişkilerini ortaya çıkarmışlardır.

Öztürk ve Ergen (1999), Kuzey Ege'de ki Saros körfez' inde dağılım gösteren *Patella* türlerini tespit etmek amacıyla yaptıkları çalışma sonucunda, bu bölgede yer alan türlerin *P. caerulea*, *P. aspera* ve *P. rustica* olduğunu tespit etmişlerdir. *P. rustica*' nın supralittoral zonda, *P. caerulea*' nın mediolittoral ve üstinfralittoral zonda, *P. aspera*' nın sadece üstinfralittoralzonda dağılım gösterdiğini bildirmişlerdir.

Brazao ve ark. (2003), yılında yaptıkları çalışmada Portekiz kıyılarındaki *Patella depressa* türüne ait canlıların cinsiyet oranı ve üreme döngüsünü incelemişlerdir bu türe ait üreme dönemleri belirlemişlerdir.

Mauro ve ark. (2003), Akdeniz' de bulunan *Patella caerulea*, *Patella rustica* ve *Patella aspera* türlerinin tespitinde kabuk morfolojisinin geçerli bir karakter olup olmadığı hakkında bir araştırma yapmışlardır ve kabuğun bulunduğu bölgenin çevresel etkilerinden dolayı değişebildiği için tek başına tür tespitinde kullanılamayacağını öne sürmüşlerdir. Aynı çalışmada mtDNA' nın COI (cytochrome oxidase I) ve Allozyme tekniklerini kullanarak populasyonların genetik yapılarını incelemişler ve popuasyonlar arası genetik bir farklılık bulamamışlardır.

Demir (2003), Türkiye denizlerindeki molluskaların dağılımını incelemiş ve *P. caerulea* nın Karadeniz hariç tüm denizlerimizde, *P. rustica* ve *P. aspera*' nın Akdeniz ile Ege denizinde dağılım gösterdiğini bildirmiştir.

Nakano ve Ozawa (2004), Patellostropoda takımına ait 86 türde ribozomal RNA' nın 12S ve 16S genlerinde DNA sekans çalışması yapmışlardır. Bu çalışmanın sonucunda Patellostropoda takımının soy ağacını belirlemişlerdir.

Çulha ve ark. (2007), çalışmalarında Sinop yarımadasındaki infralittoralzondaki bölgede bulunan molluskaları incelemiş ve *P. caerulea* türünün olduğunu tespit etmişlerdir.

Sa pinto ve ark. (2008), *Patella* cinsine ait 7 türde gen alış verişi ve evrimsel ilişkilerini incelemişlerdir. İber yarım adasının Atlantik, Akdeniz kıyıları ile Kuzey Afrika ve Macaronesia takım adalarından örnekleme yapılmış ve karşılaştırmıştır.

Çalışmada SSCP (single strand conformation Polymorphism) ve Sekans Analizi yöntemlerini kullanmışlardır. Çalışma sonucunda *Patella* cinsine ait 4 türde farklılaşma kaydetmiş 3 türde ise farklılaşma olmadığını bildirmişlerdir.

Ayas ve ark. (2008), Mersin- Karaduvar sahilindeki *Patella* türlerinin tespiti dağılımı ve morfometrik özelliklerini belirlemek için yaptıkları çalışma sonucunda *P. caerulea* ve *P. rustica* olmak üzere 2 patella türü tespit etmişlerdir. Bu türlerden *P. caerulea*'nın *P. rustica*'ya oranla daha fazla olduğunu ve iki türünde farklı litoral zonlarda kolonileştiğini saptamışlardır. Ayrıca morfometrik karakterlerin tür tespitinde kullanılıp kullanılmayacağını değerlendirilmesini yapmışlardır. Morfolojik karakterlerden radula uzunluğunun kabuk uzunluğuna oranının iki türde de farklı ama birbirine yakın olduğunu bulmuşlar ancak değerlerin birbirine yakın olmasından dolayı tek başına tür tespitinde kullanılmamasını önermişlerdir.

Fauvelot ve ark. (2009), *P. caerulea* türüne ait doğal kıyılardaki populasyonlar ile insan yapımı kıyılardaki (dalgakıran, mendirek vb.) populasyonların genetik açıdan farklı olup olmadığını araştırmışlardır. Çalışmalarında microsatellite yöntemi kullanmışlardır. Sonuç olarak, doğal kıyılarda bulunan populasyonlardaki genetik çeşitliliğin yapay kıyılardakine göre büyük ölçüde fazla olduğunu bildirmişlerdir ve yapay kıyıların genetik çeşitlilik kaybına yol açtığını düşünmektedirler.

Mutaf ve ark. (2009), *Patella sp.* mukus salgısına denizel bakterilerin yerleşimi üzerine yaptıkları çalışma sonucunda *Patella sp.* mukus tabakasının kaya üzerinde denizel bakterilerin yerleşimi açısından önemini ve bu bakterilerin diğer organizmalar için uyarıcı etki oluşturabileceğini bildirmişlerdir.

Ayas ve ark. (2009), Mersin Körfezi'nden örneklenen *Patella* türlerindeki (*P. caerulea* ve *P. rustica*) ve yüzey suyunda bulunan Cr, Cd ve Pb düzeylerini belirlemek için yaptıkları çalışmanın sonucunda iki türde de yüksek oranda ağır metal içermesine rağmen metal düzeyinin uluslar arası standartlardan yüksek olmağını tespit etmişlerdir. Ayrıca *P. rustica*'da bulunan ağır metal oranının *P. caerulea*'dan yüksek olduğunu belirtmişlerdir.

Sa Pinto ve ark. (2010), yaptıkları çalışmada *P. rustica*'ya ait Portekiz, Tunus, İtalya, Yunanistan ve Türkiye Kıyılarındaki populasyonları Allozyme ve SSCP yöntemleri ile analiz etmişlerdir. Akdeniz'in en batısı ile İtalya'nın güney kıyıları ve Türkiye kıyılarındaki türlerin genetik olarak farklı olduğunu bildirmişlerdir.

Borrell (2010), Kuzey İspanya' da patella cinsine ait 4 türün farklı popülasyondaki bireylerinin mtDNA COI geninin sekans analizini yapmışlardır. Çalışmalarında *Patella vulgata* türünün genetik çeşitliliğinin düşük olduğunu tespit etmişlerdir.

Akşit ve Mutaf (2011), *P. caerulea*' nın genel solungaç morfolojisini ve fonksiyonunu incelemişlerdir. İnceleme sonucunda ikincil solungaç katmanlarının ana görevinin solunuma katkıda bulunmak olduğunu tespit etmişlerdir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Çin şapkası (*P. caerulea*)' nın Sistematikteki Yeri

Çalışmada kullanılan *P. caerulea*' nın sistematikteki yeri aşağıdaki gibidir (Powell, 1973; Gofas ve ark., 2001; Nakano ve Ozawa, 2007).

Alem : Animalia
 Şube : Mollusca
 Sınıf : Gastropoda
 Takım : Patellogastropoda
 Alt takım : Patellina
 Üst familya : Patelloidea
 Family : Patellidae
 Genus : Patella
 Tür : *Patella caerulea* Linnaeus, 1758

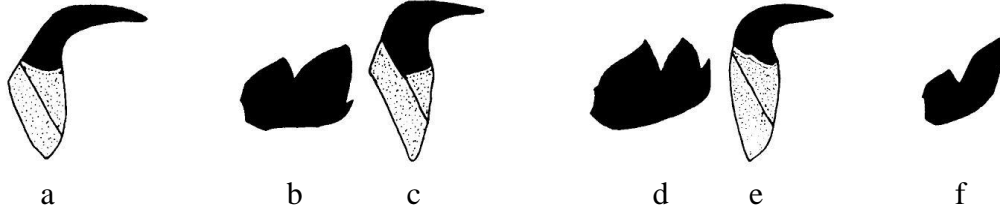
3.1.2. Çin şapkası (*P. caerulea*)' nın Tür Teşhisinin Yapılması ve Tayin Anahtarı

Patella türlerinin tayin anahtarı aşağıdaki gibidir (Öztürk, 1998).

- 1- Kabuk yüksek ve açıklığı yuvarlağımsı koni şeklinde olup, yüzeydeki ince kostalar üzerinde eşit aralıklı siyah noktalar bulunur. Radulanın çıkıntılı dişi iki çıkıntı içermekte olup lateral dişin kaideye bağlandığı yer eğik çizgi şeklindedir..... *P. rustica*
- Kabuk, basık koni şeklinde olup, kostalar üzerinde siyah noktalar bulunmaz. Kabuğun iç yüzeyi mavi yansımali veya beyazdır. Radulanın çıkıntılı dişi 3 çıkıntı içerir. Lateral dişin kaideye bağlanma yeri dış bükey çizgi halinde veya köşelidir.....2
- 2- Kabuk ince ve iç yüzeyi mavi yansımali olup, radulanın lateral dişinin tabana bağlanma yeri dış bükey çizgi şeklindedir*P. caerulea*

3- Kabuk kalın ve iç yüzeyi beyazdır. Radulanın lateral dişinin tabana bağlanma yeri köşelidir.....*P. ulyssiponensis*

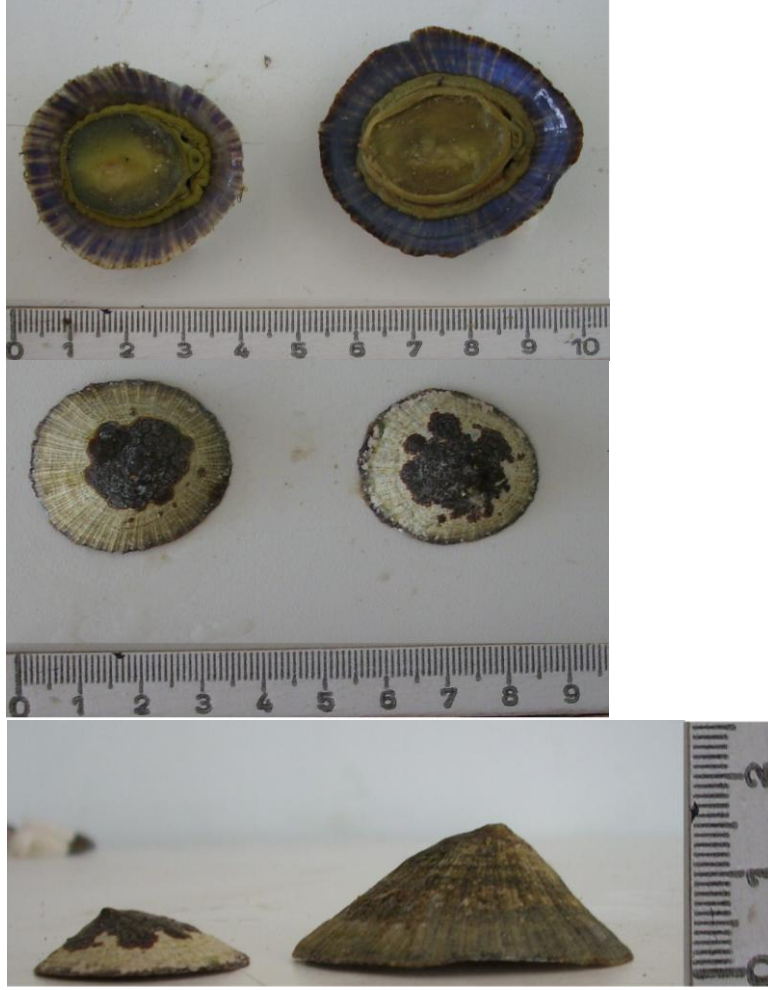
Patella türlerinin taksonomik olarak sınıflandırılması zor sayılabilir. Sınıflandırmada şuan için geçerli yöntem radula dişleri üzerinden yapılan teşhistir. Bu yöntem radula üzerinde orta eksenden itibaren enine sıralar halinde bulunan 2 lateral, 1 çıkıntılı ve 3 marjinal diştten taksonomik özelliğe sahip olan 1. lateral ve çıkıntılı dişlerin incelenmesi ile yapılır. (Fischer-Piette ve Gaillard, 1959; Öztürk ve Ergen, 1999). Şekil. 3.1. de ülkemizde bulunan patella türlerinin taksonomide kullanılan radula dişlerinin yapısı verilmiştir (Öztürk ve Ergen, 1999).



Şekil. 3. 1. Patella türlerinin radula üzerinde bulunan taksonomide kullanılan dişleri
a: *P.caerulea* 'nın Lateral dişi b: çıkıntılı dişi c: *P.aspera* 'nın lateral dişi d: çıkıntılı dişi e: *P. rustica* 'nın lateral dişi f: çıkıntılı dişi (Öztürk ve Ergen, 1999).

Ancak *P.caerulea* türünün teşhisi diğer türlere göre nispeten daha kolaydır. *Caerulea* Latince gök mavisi anlamına gelir, diğer patella türlerine göre alışılmadık olan bu tür kabuğunun iç kısmındaki mavi renkle diğer türlerden kolayca ayrılabilir (Orr, 1995).

Ayrıca yapılan bazı çalışmalarda patella türlerinin su içerisinde ve su dışarısında bulunduğu bölgeye göre farklılık tespit edilmiştir. Bunlardan *P. caerulea* mediolittoral ve üstinfralittoral zonda bulunmasına karşın, *P. rustica* supralittoral zonda, *P. aspera* ise sadece üstinfralittoral zonda dağılım gösterdiği tespit edilmiştir (Öztürk ve Ergen, 1998; Ayas ve ark., 2008).



Şekil 3.2. *Patella caerulea* türüne ait bireylerin çeşitli açılardan görüntüleri

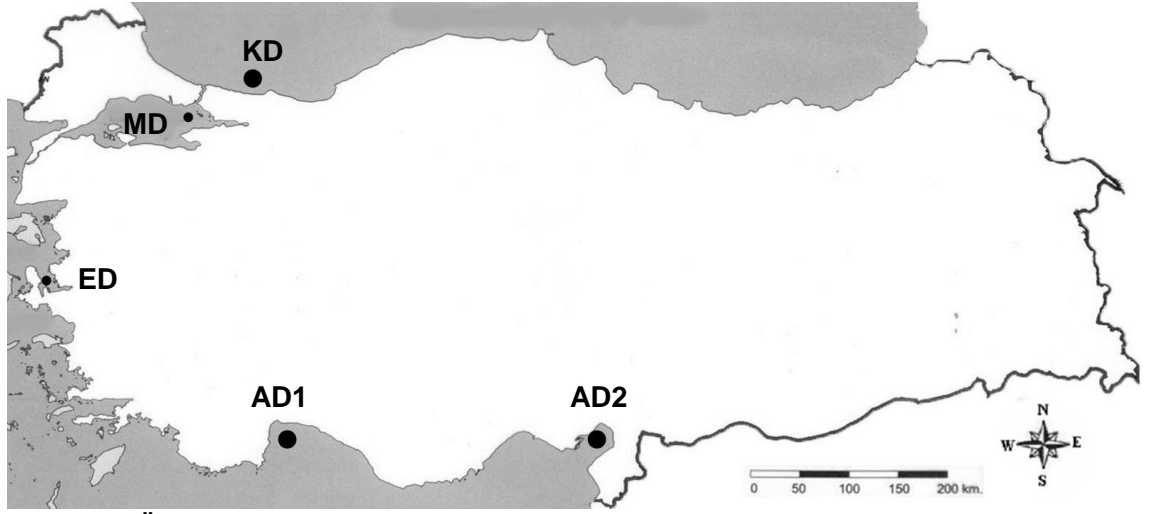
3.1.3. Örnekleme Bölgeleri

P. caerulea örnekleri ülkemizin Akdeniz, Ege, Marmara ve Karadeniz bölgelerinden toplam 5 istasyondan temin edilmiştir. Doğu Akdeniz örnekleri İskenderun Körfezi'nden, Batı Akdeniz örnekleri Antalya Körfezi'nden, Ege Denizi örneklerini İzmir Körfezi'nden, Marmara Denizi örnekleri Adalar bölgesinden, Karadeniz örnekleri ise Şile bölgesinden temin edilmiştir. Populasyonları temsilen her istasyondan 30 adet olmak üzere toplam 150 adet örnekleme yapılmıştır. Örneklerin toplandığı istasyonlar Şekil 3.3.'de verilmiştir.

Örnekleme istasyonları ve koordinatları, populasyon kodu ve örnekleme tarihi Çizelge 3.1.'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Örnekleme yapılan istasyonlar, populasyon kodu, koordinatları ve tarihleri

Örnekleme Bölgeleri	Populasyon Kodu	Bölgelerin Koordinatları	Örnekleme Tarihi
Karadeniz	KD	41°10'24" N 29°37'58" E	31.01.2010
Marmara Denizi	MD	40°54'09" N 23°02'43" E	30.01.2010
Ege Denizi	ED	38°23'05" N 26°56'24" E	20.01.2010
Akdeniz (Antalya)	AD 1	36°49'46" N 30°36'17" E	05.01.2010
Akdeniz (İskenderun)	AD 2	36°34'30" N 36°07'32" E	15.01.2010



Şekil 3.3. Örneklerin toplandıkları istasyonlar

3.1.4. Kullanılan Araç ve Gereçler

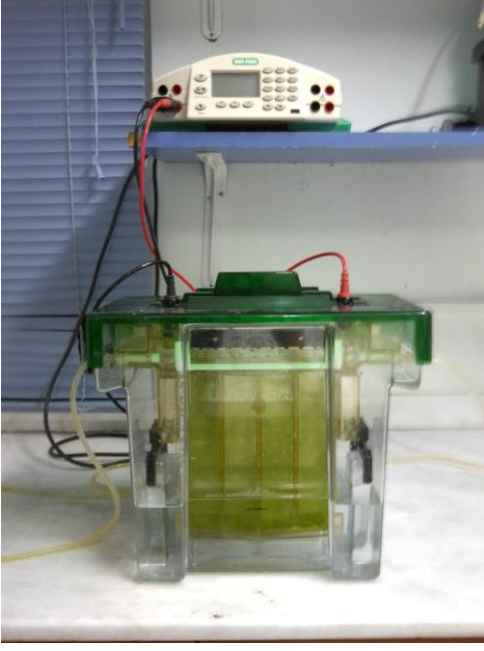
Bu araştırma Mustafa Kemal Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Balıkçılık Genetiği Laboratuvarı'nda yürütülmüştür. Genetik çalışmada DNA elektroforezis tankı, güç kaynağı, UV transilluminator cihazı, vorteks cihazı, inkübatör, mikrosantrifüj cihazı, hassas terazi, PCR cihazı (Şekil 3.4.) ve dikey elektroforez (Şekil 3.5.) kullanılmıştır.

Çizelge 3.2. Kullanılan cihazların teknik özellikleri

Cihaz ismi	Teknik Özellikler
DNA Elektroforezis Tankı	15 x 6 x 9 cm
Dikey Elektoroforez	Biorad Protean II Cell- 20 cm
UV Görüntüleyici	24.1 x 33.7x 12.1 cm
Mikrosantrifüj	Eppendorf 100-15000 rpm 24 tüp
Hassas Terazı	Hassasiyet 0,1 mg
İnkübatör	120lt / 80 OC
PCR Cihazı	Eppendorf Mastercycler 25 Tüp
Otoklav	Max. 120 OC
Mikrodalga	Vestel MD 23
Güç kaynağı	Biorad Powerpac HV Power supply
Saf su cihazı	Miilipore Direct-Q 3 UV With Pump
PH metre	YSI60
Vakum cihazı	Vak:230 HZ:50
Manyetik karıştırıcı / Vortex	Labnet international inc.



Şekil 3.4. Araştırmada 16S rRNA geninin çoğaltılmasında kullanılan PCR cihazı



Şekil 3.5. Populasyonların farklılıklarının belirlenmesinde kullanılan dikey elektoroforez cihazı

3.2. YÖNTEM

3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması

Toplanan Patella örnekleri örnekleme alanlarından yapılarının bozulmaması için ayrı ayrı etiketlenmiş polietilen torbalara yerleştirilip, buza konulmuş, soğuk taşıma kabında (buzda) muhafaza edilerek laboratuara getirilmiş ve derin donduruculara yerleştirilmiştir. Türlerin teşhislerinde Ayas ve ark. (2008) ile Öztürk ve Ergen, (1999)' in çalışmalarında belirtilen, Fischer-Piette ve Gaillard, (1959)' in önerdiği radula üzerinde orta eksenden itibaren enine sıralar halinde bulunan 2 lateral, 1 çıkıntılı ve 3 marjinal dişten taksonomik özelliğe sahip olan, 1. lateral diş ve çıkıntılı dişlerin morfolojik görünümleri esas alınmıştır.

3.2.2. Genetik İnceleme

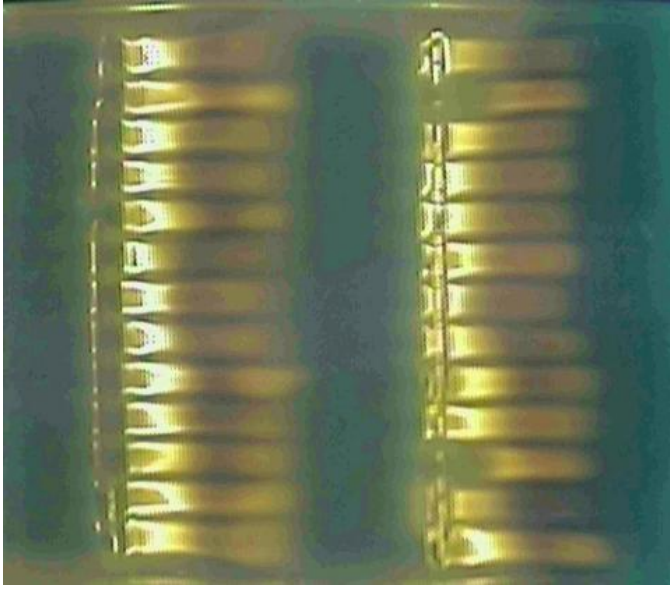
3.2.2.1. Mitokondrial DNA'nın Ekstrakte Edilmesi

mtDNA' nın elde edilmesinde Blin ve Stafford, (1976) tarafından verilen standart fenol kloroform yöntemi uygulanmıştır. Analiz edilecek Patella örneklerinin ayak kaslarından alınan ve %95' lik etil alkolde muhafaza edilen dokulardan yaklaşık 20 mg, otoklavlanan eppendorf tüpler içerisine alındıktan sonra üzerlerine sırasıyla 300 µl C-tab (20 g/l CTAB; 1.4 M NaCl; 100 mM Tris-HCl pH 8.0; 20 mM EDTA) buffer solüsyonu ve 50 µl Proteinase K ilave edilip cam çubuk aracılığıyla ezilmiştir. Daha sonra örnekler önceden 55 °C' ye ayarlanan etüvde 2 saat bekletilmiştir. Örnekler her saat başı 20 dakika vorteksde karıştırıldıktan sonra üzerlerine 350µl fenol kloroform isoamil alkol (25:24:1) ilave edilip 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra 12000 rpm de 10 dakika santrifüj edilen örneklerin üst tabakaları farklı tüplere alınarak üzerlerine 350 µl kloroform isoamil alkol (24:1) ilave edilerek tekrar 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra örnekler 12000 rpm de 10 dakika santrifüj edilerek üst tabakalar yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır. Bu işlemde sonra örneklerin üzerlerine, derin dondurucuda muhafaza edilen %100' lük etanolden 1 ml eklenip derin dondurucuda 2 saat bekletilmiştir. Derin dondurucudan çıkarılan örnekler 12000 rpm de 10 dakika santrifüj edilerek içlerindeki sıvı dikkatle boşaltılarak yine derin dondurucuda muhafaza edilen bu sefer %70' lik etanolden 1 ml eklenip 12000 rpm de 3 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra dikkatlice tüplerdeki sıvı boşaltılarak tüpler peletlerin kuruması için desikatörde bir süre vakumlanmıştır. Daha sonra kuruyan peletlerin üzerine 100 µl TE buffer eklenerek mitokondrial DNA ekstraksiyonu tamamlanmıştır.

3.2.2.2. Agaroz Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi

DNA ekstraksiyonu için % 1' lik agarose jel hazırlanmıştır. Bunun için 0.50 gr agaroz, 50 ml saf su ile karıştırılıp mikrodalga fırında köpürüp saydamlaşana kadar bekletilmiştir. Saydamlaşan jel üzerine 1 ml seyreltilmiş 1x TBE Buffer ve 3 µl Ethidium Bromide eklenerek 60 °C' ye kadar soğutulan jel 15x6x9 cm ebatlarındaki

elektroforezis küveti içerisine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Jel soğuduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE Buffer bulunan elektroforezis tankına konulmuş ve 3 μ l DNA örnekleri 6 μ l' lik loading buffer' la (yükleme çözeltisi) karıştırılarak sırasıyla jeldeki küçük haznelere yerleştirilmiştir. Elektrik akımının gerçekleşmesi için, güç kaynağı 30 dk. süre ile 25 mA ve 50 V' a ayarlanmıştır. Elektroforez tamamlandıktan jel elektroforez tankından uzaklaştırılmış ve UV transilluminatör cihazında, UV koruyucu maske ile örneklerin DNA yapıları gözlenmiştir (Şekil 3.6.).



Şekil 3.6. Ekstrakte edilen total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü

3.2.2.3 Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle 16S rRNA Geninin Çoğaltılması

Patella populasyonları arasındaki genetik farklılığın derecesini belirlemek amacıyla mitokondrial DNA (mtDNA) 16S rRNA geni, DNA ekstraksiyonundan sonra, universal primerler kullanarak PCR Metodu ile mtDNA 16S rRNA geni çoğaltılmıştır (Saiki ve ark. 1988). PCR ile uygulamasında; ilk önce 94 °C' de 4 dakika denatürasyon (35 döngü) ve bunu takiben 94 °C' de 30 saniye strand DNA denatürasyonu, 52 °C' de 30 saniye T_m (tavlama) sıcaklığı, 72 °C' de 1,5 dakika ilk uzama ve 72 °C' de 7 dakika son uzama safhası izlenmiştir. Çoğaltılan genler agaroz jel üzerinde kontrol edilmiştir (Şekil 3.7.).



Şekil 3.7. PCR sonrası elde edilen PCR ürününün agaroz jel üzerinde kontrolü

Bunun için aşağıda dizinleri verilen universal primerlerden yararlanılmıştır. Primerler İONTEK (İstanbul) firmasından sağlanmıştır.

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

16S-b :5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG TAG -3'

3.2.2.4. RFLP için Akrilamid Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi

Poliakrilamid jelin hazırlanmasında önce 3.75 ml 10 x TBE tamponu, 26.75 ml distile su ve 7.5 ml akrilamid nuçe erlenine konularak karıştırılmıştır. Vakum pompası kullanılarak 5 dk. süre ile jelin yoğunlaşması sağlandıktan sonra, jel çözeltinin içerisine 250 µl APS (%10) ve 35 µl TEMED eklenmiştir. Jel dökülmeden önce jel aparatı (18.3x 20 cm düz cam, 0.01 mm 20' lik tarak) çok iyi bir şekilde temizlenmiştir. Jel "Bio Rad Protean Xi" jel aparatı kullanılarak dökülmüştür. Elde edilen PCR ürünü sınırlama enzimi muamelesine tabi tutulduktan sonra akrilamid jel içerisine 70 mA, 200 V elektrik verilerek yaklaşık 3 saat elektroforez ile akıtılmıştır.

3.2.2.5. RFLP (Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi) ile Genetik Farklılığın Tespiti

Elektroforez sonrası jel boyanması üç farklı aşamada gerçekleşmiştir. Birinci aşamada jel tespit çözeltisi %10' luk asetik asit ve %10' luk etil alkol içerisinde iki defa

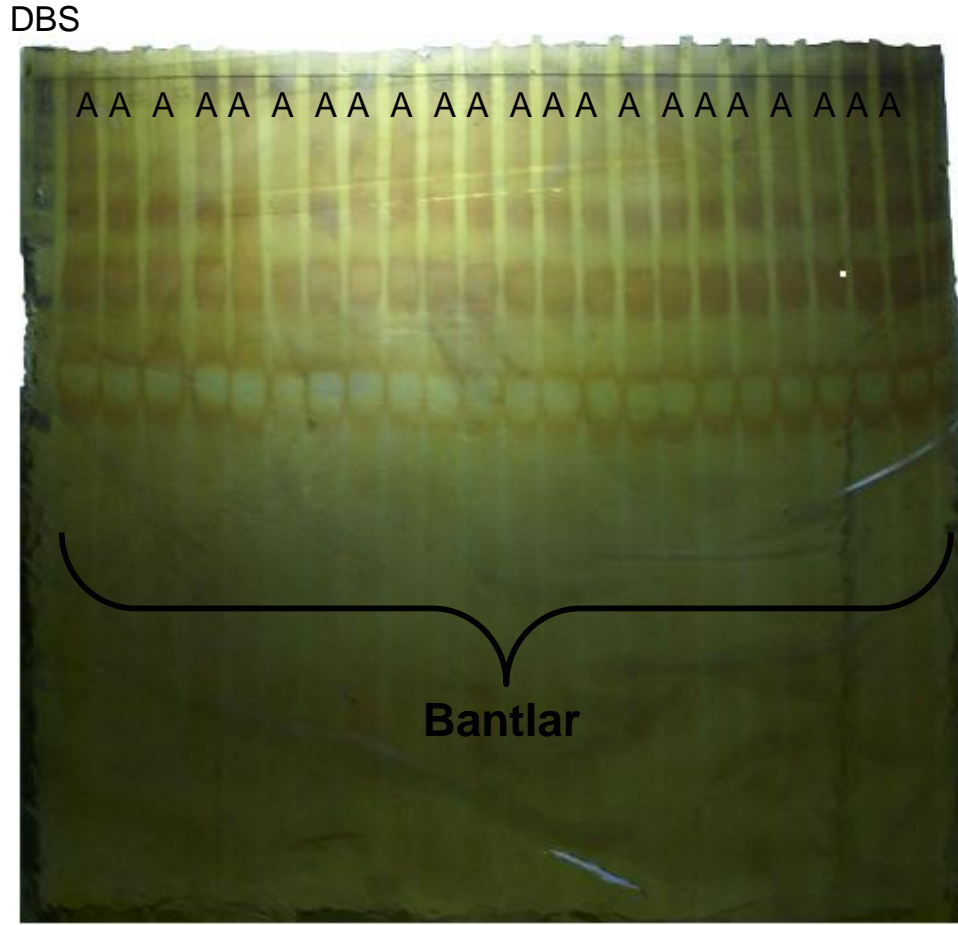
olmak üzere karıştırılarak 12 dk bekletilmiş ve daha sonra çözelti boşaltılmıştır. İkinci aşamada, boyama çözeltisi (% 0.1 AgNO₃) içinde 10 dk karıştırılarak bekletilmiş ve distile su ile 2 kez 2' şer dk karıştırılarak yıkanmıştır. Üçüncü ve son aşamada jel geliştirici çözelti (% 2 NaOH, 15 mg NaBH₄, % 0.6 formaldehit (%37) içerisinde bant gelişimi gözleninceye kadar karıştırılarak bekletilmiştir. Bant oluşumu tamamlandıktan sonra jel içerisindeki çözelti boşaltılarak jel 5 dk distile su ile yıkanıp kurulandıktan sonra, naylon poşetle paketlenerek değerlendirmeye bırakılmıştır. Çalışmada 4 adet sınırlama enzimi (*Csp6I*, *BsurI* (*HaeIII*), *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*) kullanılmıştır. Sınırlama enzimlerinin DNA tanıma dizileri Çizelge 3.3.' de gösterilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan sınırlama enzimleri ve DNA tanıma dizileri

Sınırlama Enzimi	Tanıma Dizisi
<i>Csp6I</i>	5'..... G ↓T A C...3'
<i>BsurI</i> (<i>HaeIII</i>)	5'.....GG↓CC.....3'
<i>Hin6I</i> (<i>HhaI</i>)	5'.....G↓CGC'.....3'
<i>AluI</i>	5'.....AG↓CT.....3'

3.2.2.6. Haplotiplerin Tespit Edilmesi

Elektroforez sonunda jel içerisindeki sınırlama DNA parçaları, boyama çözeltisi ile boyanarak DNA ve DNA büyüklük standartları (Leader) bantları jel üzerinde görüntülenmiştir. Jellerin fotoğrafları çekilip görüntüleri dijital ortama aktarıldıktan sonra Image J (versiyon 1.37) programında DNA ve DNA büyüklük standartları bantlarının uzunlukları cm olarak tespit edilmiştir. Tespit edilen uzunluklar DNA-FRAG (versiyon 3.03) programı kullanılarak DNA uzunluk ölçü birimi olan bç' ye (baz çifti) çevrilmiştir. Elde edilen bu bantların uzunluğu, sayısı ve buldukları yere göre her enzim için referans haplotipler belirlenmiştir. Referans haplotipler belirlenirken kullanılan sınırlama enzimleri, PCR ile çoğaltılan gen bölgesi (mtDNA, 16S rRNA) üzerindeki referans tanıma dizisini bulduğu her bölgeden geni kesmekte, kesilen bu gen bölgesi farklı uzunluklarda (4-5) değişen sayılarda DNA parçalarına ayrılmakta ve bu sınırlama enzimleri, genetik olarak birbirinden farklı olan her örnek için, farklı noktalardan gen bölgesini kestiğinden dolayı, farklı haplotiplerin ortaya çıkmasına sebep olmaktadır. Şekil 3.8.' de PCR-RFLP yöntemiyle elde edilen bantların görünümü verilmiştir.



Şekil 3.8. *Patella caerulea* populasyonlarının 16S rRNA genlerinin sınırlama enzimleri ile kesilmesi sonucu elde edilen PCR-RFLP bant profili (DBS: DNA Büyüklük standartları, A: Haplotip)

3.2.2.7. RFLP Tekniği Sonucunda Genetik Verilerin Analizi

Haplotiplerin yapısına göre populasyonlar arasındaki genetik farklılığın ve ilişkinin derecesi tespit edilmiştir. Elde edilen genetik verilerin analizinde REAP (McElroy ve ark., 1992) ve TFGAv1.3, PHYLIP (Felsenstein, 2002) genetik paket programları kullanılmıştır.

Nei, (1987) ve Nei ve Tajima, (1981)' e göre genetik çeşitlilik ve genetik uzaklık verileri kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın derecesi belirlenmiştir. Populasyonlar arasındaki ilişkiyi göstermek üzere UPGMA (Tartılı Olmayan Çiftleştirilmiş Grup Metodu Aritmetik Ortalaması) soy ağacı (dendogram) oluşturulmuştur.

3.3. Morfolojik İnceleme

Populasyonların morfolojik olarak aralarındaki farklılıkların incelenmesi için kabuk uzunluğu, kabuk genişliği, kabuk yüksekliği gibi morfolojik karakterler kullanılması düşünülmüştür. Ancak Öztürk ve Ergen (1999) ile Ayas ve ark. (2008) deki çalışmalarında belirttiği üzere Patella cinsine ait canlıların buldukları ortama adapte olmasından dolayı morfolojik karakterlerinin değişken olabileceği, hatta aynı türe ait canlıların vertikal dağılımlarına göre kabuk yüksekliği gibi morfolojik karakterleri farklılık gösterdiği için ve çalışmada kullanılan örneklerden alınan değerlerin birbirlerine benzerlik göstermesinden dolayı populasyonlar arasındaki ilişkinin belirlenmesinde kullanılmayacağı tespit edilmiştir (Mauro ve ark., 2003). Çizelge 3.4.' te Elde edilen örneklerin kabuk uzunluğu, kabuk genişliği, kabuk yüksekliği değerlerinin ortalaması, standart sapması, maksimum ve minimum değerleri verilmiştir.

Çizelge 3.4. Örneklerin bölgelere göre kabuklarının biyometrik özellikleri: K.U. – kabuk uzunluğu, K.G. – kabuk genişliği, K.Y. – kabuk yüksekliği

Örnekleme Bölgeleri	K.U. Ort.	K.G. Ort.	K.Y. Ort.	K.U. Std. Sap.	K.G. Std. Sap.	K.Y. Std. Sap.	Mak.	Min.
KD	3,392	2,847	1,072	1,118	0,923	0,527	5,61	1,54
MD	3,321	3,621	1,194	0,767	0,447	0,318	5,71	1,61
ED	2,644	2,264	0,692	0,739	0,673	0,281	4,95	1,26
AD1	3,810	3,266	0,939	0,864	0,825	0,276	5,89	1,45
AD2	3,815	3,217	1,227	0,490	0,421	0,206	5,11	1,75

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Bulgular

4.1.1. Toplam DNA' nın Elde Edilmesi

Türkiye denizlerinde bulunan *P. caerulea* popülasyonlarını (Karadeniz, Marmara Denizi, Ege Denizi, Antalya Körfezi ve İskenderun Körfezi) temsilen her popülasyondan 30' ar örnek sağlanarak, toplam 150 örnek ile popülasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır. DNA izolasyonu sonunda total DNA *P. caerulea* popülasyonlarından başarılı bir şekilde elde edilmiştir (Şekil 4.1.).

4.1.2. Haplotip Çeşitliliği

Çalışmada mtDNA' da bulunan 16S rRNA geni kullanılmıştır. PCR ile 16S rRNA geni çoğaltıldıktan sonra, RFLP yöntemi ile 4 polimorfik sınırlama enzimi (*Csp6I*, *BsuI* (*HaeIII*), *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*) uygulanarak türlerin örneklerinde toplam 8 haplotip belirlenmiştir. Şekil 4.2.' de PCR-RFLP yöntemiyle elde edilen bantların görünümü verilmiştir.

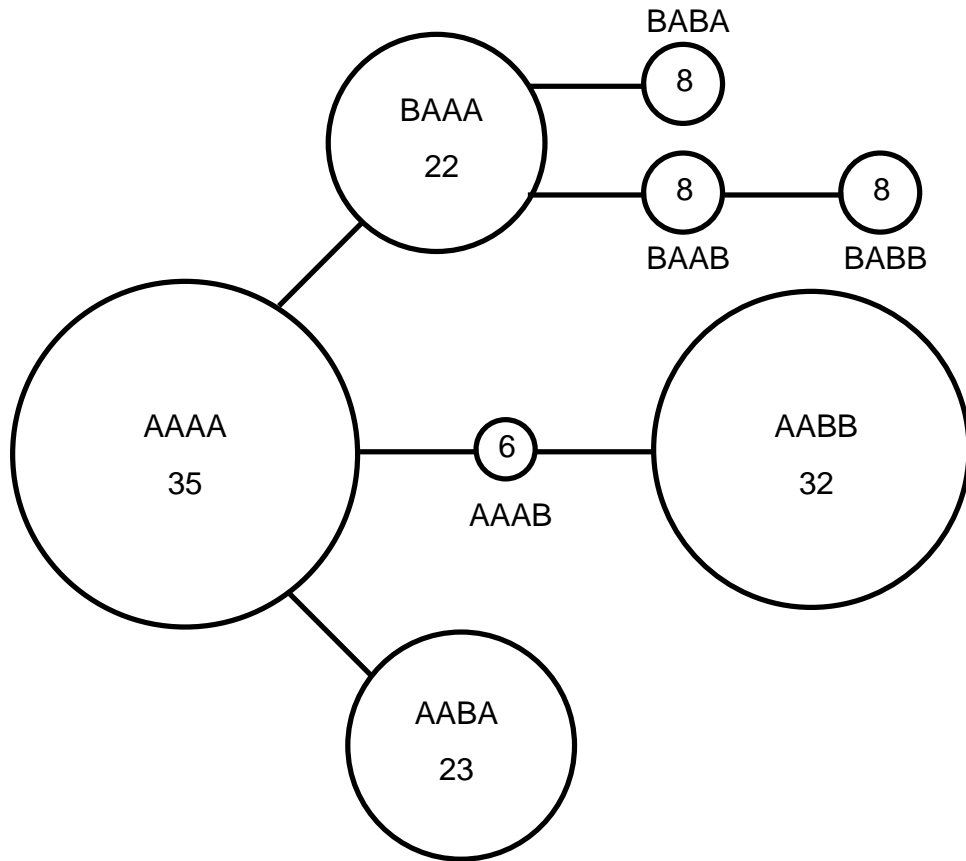
Türkiye denizlerindeki *P. caerulea* popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği ve uzaklığı saptamak için analizler PCR-RFLP yöntemi ile yapılmış ve 4 adet sınırlama enzimi kullanılmıştır. Tüm popülasyonlarda toplam 8 haplotip gözlenmiştir. Çizelge 4.1.' de görüldüğü üzere İskenderun ve Ege popülasyonlarında 5 farklı haplotip, Marmara popülasyonunda 4 farklı haplotip, Karadeniz ve Antalya popülasyonlarında 2 farklı haplotip gözlenmiştir.

Çizelge 4.1. Tüm populasyonların 16S rRNA gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları haplotiplerin elde edilmesinde kullanılan enzimler (soldan sağa): (*Csp6I*, *BsurI* (*HaeIII*), *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*)

Haplotip	KD	MD	ED	AD1	AD2	Toplam
AAAA	20	12	3	0	0	35
BAAA	10	5	0	0	7	22
BAAB	0	10	0	0	6	16
AAAB	0	3	3	0	0	6
AABA	0	0	10	5	8	23
AABB	0	0	7	25	0	32
BABB	0	0	7	0	1	8
BABA	0	0	0	0	8	8
Toplam	30	30	30	30	30	150

Patella populasyonlarında en fazla gözlenen AAAA haplotip yapısı toplam bireylerin %23.3'ünde gözlenmiştir. AAAA haplotip yapısı Karadeniz populasyonundaki 20 bireyde, Marmara Denizi populasyonundaki 12 bireyde ve Ege Denizi populasyonundaki 3 bireyde gözlenmiştir. AABB haplotip yapısı toplam bireylerin % 21.3'ünde gözlenmiştir. AABB haplotip yapısı Ege Denizi populasyonundan 7 ve Antalya Körfezi populasyonundan 25 bireyde gözlenmiştir. AABA haplotip yapısı toplam bireylerin % 15.3'ünde tespit edilmiştir. AABA haplotip yapısı Ege Denizi populasyonundan 10, Antalya Körfezi populasyonundan 5 ve İskenderun Körfezi populasyonundan 8 bireyde tespit edilmiştir. BAAA haplotip yapısı toplam bireylerin % 14.6'ında görülmüştür. BAAA haplotip yapısı Karadeniz populasyonundaki 10, Marmara Denizi populasyonundaki 5 ve İskenderun Körfezi populasyonundaki 7 bireyde görülmüştür. BAAB haplotip yapısı toplam bireylerin % 10.6'ında gözlenmiştir. BAAB haplotip yapısı Marmara Denizi populasyonundan 10 ve İskenderun Körfezi populasyonundan 7 bireyde gözlenmiştir. BABB haplotip yapısı toplam bireylerin % 5.3'ünde tespit edilmiştir. BABB haplotip yapısı Ege Denizi populasyonundan 7, İskenderun populasyonundan 1 bireyde tespit edilmiştir. BABA haplotip yapısı toplam bireylerin % 5.3'ünde gözlenmiştir. BABA haplotip yapısı İskenderun Körfezi populasyonunda 8 bireyde gözlenmiştir. AAAB haplotip yapısı toplam bireylerin % 4'ünde tespit edilmiştir. AAAB haplotip yapısı Marmara Denizi ve Ege Denizi populasyonundan 3'er bireyde tespit edilmiştir.

İncelenen tüm bölgelerdeki 150 örnekten elde edilen sonuçlara göre AAAA haplotip yapısı toplam 35 bireyde gözlenmiştir. Bu sonuca göre AAAA haplotip yapısının merkezde olduğu düşünülebilir. AAAA haplotip yapısının geçirdiği mutasyonlar sonucunda BAAA, AAAB ve AABA haplotiplerine dönüştüğü, AAAB haplotipinin bir mutasyon daha geçirerek AABB haplotipine dönüştüğü, BAAA haplotipinin geçirdiği mutasyon sonucu BAAB ve BABA haplotiplerine dönüştüğü ve BAAB haplotip yapısının bir kez daha mutasyon geçirerek BABB haplotip yapısına dönüştüğü düşünülmektedir Şekil 4.1.' de daire içerisinde *P. caerulea*' nın tüm populasyonlarında gözlenen haplotipler ve sayısal değerleri verilmiştir.



Şekil 4.1. Haplotiplerin asgari zincir ağı ile görünümü (Daire içerisindeki alanlar, oransal haplotip frekanslarını göstermektedir)

Oluşan haplotiplere göre Marmara Denizi, Ege Denizi ve İskenderun Körfezi'ndeki populasyonların genetik çeşitliliğin yüksek olduğu ancak Karadeniz ve Antalya Körfezi'ndeki populasyonlarda diğer bölgelere göre genetik çeşitliliğin az olduğu gözlenmiştir.

P. caerulea populasyonları örneklerinin 16S geni için haplotip frekansları Monte Carlo (X2) analizi sonucunda farklı bulunmuştur. Tüm populasyonların karşılaştırılması

sonucunda Karadeniz, Marmara Denizi, Ege Denizi, Antalya Körfezi ve İskenderun Körfezi populasyonları örneklerinin, haplotip frekanslarının birbirlerinden farklı ve bu farklılığın yüksek derecede önemli olduğu belirlenmiştir ($P < 0.001$).

Çizelge 4.2' de *P. caerulea* populasyonları içerisinde mtDNA düzeyinin 16S rRNA bölgesi değişiminde ölçülen haplotiplerin evrimsel uzaklık değerleri verilmiştir. Bu değerler sonucunda tespit edilen bu sekiz haplotipin aralarında önemli derecede evrimsel fark olduğu Monte-Carlo (X2) İkili Karşılaştırma analizi sonucu tespit edilmiştir ($P < 0.001$). En büyük farklılık değerinin 0.024528 olduğu tespit edilmiştir. En yüksek fark olan genotipler ise Ege Denizi populasyonunda 7, İskenderun populasyonunda 1 birey tespit edilen BABB genotipi ile Karadeniz populasyonunda 20, Marmara Denizi populasyonunda 12, Ege Denizi populasyonunda 3 birey tespit edilen AAAA genotipidir. Arasında istatistiksel olarak en yüksek farklılık olan diğer genotipler ise AABA genotipi ile BAAB genotipi, AABB genotipi ile BAAA genotipi ve AAAB genotipi ile BABA genotipidir. Bu yüksek farklılık şu şekilde açıklanabilir; AAAA haplotip yapısının geçirdiği mutasyonlar sonucunda diğer haplotip yapılarına dönüşmüştür. Oluşan yeni haplotip yapıları arasındaki farklılık bu sonucun çıkmasına yol açmış olabilir. En az farklılığın ise 0.05076 olduğu tespit edilmiştir. Arasında en az fark bulunan genotipler ise Ege Denizi populasyonunun 10 bireyinde, Antalya Körfezi populasyonunun 5 bireyinde, İskenderun Körfezi populasyonunun 8 bireyinde tespit edilen ABAA genotipi ve Karadeniz populasyonunun 20 bireyinde, Marmara Denizi populasyonunun 12 bireyinde, Ege Denizi populasyonunun 3 bireyinde tespit edilen AAAA genotipidir. Bunun nedeninin ise AAAA haplotip yapısının oluşan mutasyon sonucunda AABA haplotip yapısına dönüşmesi ancak mutasyon sonucunda dahi AABA haplotipinin AAAA haplotipine en yakın haplotip olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Çizelge 4.2. *P. caerulea* populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni üzerinde ölçülen haplotiplerin evrimsel uzaklık değerleri (Nei, 1987)

Haplotipler	AAAA	BAAA	BAAB	AAAB	AABA	AABB	BABB	BABA
AAAA	—							
BAAA	0.008003	—						
BAAB	0.017594	0.008551	—					
AAAB	0.008003	0.017594	0.008551	—				
AABA	0.005076	0.013874	0.024528	0.013874	—			
AABB	0.013874	0.024528	0.014866	0.005406	0.008003	—		
BABB	0.024528	0.014866	0.005781	0.014866	0.017594	0.008551	—	
BABA	0.013874	0.005406	0.014866	0.024528	0.008003	0.017594	0.008551	—

Çalışmada *P. caerulea* populasyonları içerisinde haplotip çeşitliliği Karadeniz populasyonunda 0.4520 (+/- 0.04192), Marmara Denizi populasyonunda 0.7028 (+/- 0.02929), Ege Denizi populasyonunda 0.7729 (+/- 0.02349), Antalya Körfezi populasyonunda 0.2825 (+/- 0.06449), İskenderun Körfezi populasyonunda 0.7751 (+/- 0.01555) bulunmuştur.

Bu değerlere göre, en yüksek haplotip çeşitliliği İskenderun Körfezi populasyonunda bulunurken en düşük haplotip çeşitliliği ise Antalya Körfezi populasyonunda bulunmaktadır. Tüm populasyonlar arasındaki haplotip çeşitliliği ise ortalama 0.5971 (+/- 0.00969) olarak saptanmıştır Çizelge 4.3.' de elde edilen değerler verilmiştir.

Çizelge 4.3. *P. caerulea* populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar İçi haplotip çeşitlilik değerleri

MtDNA bölgesi	
Populasyon	16S geni
KD	0.4520 (+/- 0.04192)
MD	0.7028 (+/- 0.02929)
ED	0.7729 (+/- 0.02349)
AD1	0.2825 (+/- 0.06449)
AD2	0.7751 (+/- 0.01555)
Ortalama	0.5971 (+/- 0.00969)

Ribeiro ve ark. (2010), kuzey doğu Atlantik kıyılarında 12 istasyonda yaptıkları *P. rustica* türü örneklemeleri ile mtDNA' nın COI gen bölgesinde yaptıkları sekans çalışması sonucunda, populasyonlar içi haplotip çeşitlilik değerini (Nei, 1987)' ye göre (0.8729 ± 0.0122) bulmuşlardır. Aynı çalışmada microsatellite analizi yönteminde haplotip çeşitlilik değerini (Nei, 1987)' ye göre (0.518) olarak bildirmişlerdir.

Fauvelot ve ark. (2009), İtalya kıyılarında 14 istasyondan temin ettikleri *P. caerulea* örneklerini microsatellite tekniği ile analiz etmişler, populasyonlar içi haplotip çeşitliliği (Nei, 1987)' ye göre (0.836±0.01) olarak tespit etmişlerdir.

Casu ve ark. (2010), *P. caerulea* türünü mtDNA' nın COI bölgesi için sekans analizi yöntemi ile populasyonlar içi haplotip çeşitliliği (Nei, 1987)' ye göre (0.873) olarak bildirmişlerdir.

Borrell ve ark. (2010), mtDNA' nın COI bölgesini sekans analiz yöntemi ile incelemişlerdir. *P. vulgata* için populasyonlar içi haplotip çeşitliliğini (0.4474) olarak,

P. aspera türü için populasyonlar içi haplotip çeşitliliğini (0.8857) olarak bildirmişlerdir.

Çalışmada 16S rRNA geninin PCR ile çoğaltılması sonucu bant uzunluğu 1814 ile 1905 arasında ortalama olarak 1856 bç. (baz çifti) bulunmuştur. Benzer çalışmalarda ise 16S rRNA gen bölgesi için elde edilen sonuçlara yakın sonuçlar bildirilmiştir. Turan ve ark. (2009b), *Trachurus mediterraneus* için 16S rRNA genini yaklaşık 2000 bç. olarak bulmuşlardır.

Çakmak (2008), 16S rRNA geni uzunluğunu *Mastacembelus mastacembelus* (dikenli yılan balığı) ' da 1758 bç. olarak belirlemiştir.

Turan ve ark. (2007), yaptıkları çalışmada *Trachurus trachurus* türü için mtDNA 16S rRNA geninin uzunluğunu, daha uzun olarak yaklaşık 2064 bç. olarak bulmuşlardır. Turan ve ark. (2008), yaptıkları çalışmada Tırsi balığı türleri için 16S rRNA gen uzunluğunu 2094-2278 bç. arasında bulmuşlardır.

4.1.3. Sınırlama Enzimleri

Her enzim ve her haplotip için hesaplanan sınırlama parçası uzunlukları Çizelge 4.4., Çizelge 4.5., Çizelge 4.6., Çizelge 4.7.' de ayrıntılı olarak verilmiştir. Buna göre "1" ile gösterilen değerler sınırlama parçasının var olduğunu "0" ile gösterilen değerler ise sınırlama parçasının var olmadığını belirtmektedir.

4.1.3.1. *CspI* Sınırlama Enzimi

CspI sınırlama enziminin uygulanması sonucunda mtDNA' nın 16S rRNA bölgesi için populasyonların tamamında A,B olmak üzere 2 haplotip gözlenmiştir. *CspI* enzimi için bant uzunluğu 112-808 bç arasında bulunmuştur (Çizelge 4.4.). Toplam bant uzunluğu ise 1905 bç hesaplanmıştır.

Çizelge 4.4 mtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin *CspI* sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri

<i>CspI</i>		
Haplotipler		
Bç	A	B
808	0	1
696	1	0
555	1	1
322	1	1
220	1	1
112	1	0

4.1.3.2. *BsurI* Sınırlama Enzimi

BsurI sınırlama enziminin uygulanması sonucunda mtDNA'nın 16S rRNA bölgesi için populasyonların tamamında A haplotip yapısı gözlenmiştir. *BsurI* enzimi için bant uzunluğu 175-763 bç arasında bulunmuştur (Çizelge 4.5.). Toplam bant uzunluğu ise 1814 bç hesaplanmıştır.

Çizelge 4.5. mtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin *BsurI* sınırlama enzimi ile elde edilen haplotip ve bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri

<i>BsurI</i>	
Haplotip	
Bç	A
763	1
542	1
334	1
175	1

4.1.3.3. *Hin6I* Sınırlama Enzimi

Hin6I sınırlama enziminin uygulanması sonucunda mtDNA'nın 16S rRNA bölgesi için populasyonların tamamında A,B olmak üzere 2 haplotip gözlenmiştir. *Hin6I* enzimi için bant uzunluğu 322-830 bç arasında bulunmuştur (Çizelge 4.6.). Toplam bant uzunluğu ise 1889 bç hesaplanmıştır.

Çizelge 4.6. mtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin *Hin6I* sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri

<i>Hin6I</i>		
Haplotipler		
Bç	A	B
830	1	0
735	0	1
526	1	1
322	1	1
211	1	1
95	0	1

4.1.3.4. *AluI* Sınırlama Enzimi

AluI sınırlama enziminin uygulanması sonucunda mtDNA'nın 16S rRNA bölgesi için popülasyonların tamamında A,B olmak üzere 2 haplotip gözlenmiştir. *AluI* enzimi için bant uzunluğu 97-771 bç arasında bulunmuştur (Çizelge 4.7.). Toplam bant uzunluğu ise 1818 bç hesaplanmıştır.

Çizelge 4.7. mtDNA'nın 16S rRNA bölgesinin *AluI* sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri

<i>AluI</i>		
Haplotipler		
Bç	A	B
771	0	1
674	1	0
535	1	1
291	1	1
221	1	1
97	1	0

4.1.4. Genetik Çeşitlilik ve Genetik Farklılık

Popülasyonlar içerisinde 16S rRNA bölgesi için genetik çeşitliliğin, Karadeniz popülasyonunda 0.003680, Marmara Denizi popülasyonunda 0.008799, Ege Denizi popülasyonunda 0.009388, Antalya Körfezi popülasyonunda 0.002300 ve İskenderun Körfezi popülasyonunda 0.009632 olduğu tespit edilmiştir. Popülasyonlar içi en yüksek genetik çeşitlilik 0.009632 ile İskenderun Körfezi popülasyonunda, en düşük genetik

çeşitlilik ise 0.002300 ile Antalya körfezi popülasyonunda gözlenmiştir. Popülasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik ise 0.006760 (+/- 0.0000024) olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.8. *P. caerulea* popülasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen popülasyonlar içi genetik çeşitlilik değerleri

Popülasyon	MtDNA bölgesi
	16S
KD	0.003680
MD	0.008799
ED	0.009388
AD1	0.002300
AD2	0.009632
Ortalama	0.006760 (+/- 0.0000024)

Ribeiro ve ark. (2010), kuzey doğu Atlantik kıyılarında 12 istasyonda yaptıkları *P. rustica* türü örneklemeleri ile mtDNA' nın COI gen bölgesinde yaptıkları sekans çalışması sonucunda, popülasyonlar içi genetik çeşitlilik değerini (Nei, 1987)' e göre (0.0035 ± 0.0005) bulmuşlardır.

Fauvelot ve ark. (2009), İtalya kıyılarında 14 istasyondan temin ettikleri *P. caerulea* örneklerini microsatellite tekniği ile analiz etmişler ve popülasyonlar içi genetik çeşitliliği (Nei, 1987)' ye göre (0.016, $P < 0.001$) olarak tespit etmişlerdir.

Borrell ve ark. (2010), mtDNA' nın COI bölgesini sekans analiz yöntemi ile incelemişlerdir. *P. vulgata* için popülasyonlar içi genetik çeşitliliğini (0.0007) olarak, *P. aspera* türü için popülasyonlar içi genetik çeşitliliğini (0.0160) olarak bildirmişlerdir.

16S rRNA geni ile elde edilen popülasyonlar arasındaki genetik benzerlik değerlerine göre, en yüksek değer Antalya Körfezi popülasyonu ile Karadeniz popülasyonu (0.015857) için bulunmuştur. En düşük değer ise Ege Denizi popülasyonu ile Antalya Körfezi popülasyonu arasında (0.006804) gözlenmiştir. Popülasyonlar arası genetik benzerlik değerleri Karadeniz ve Marmara Denizi popülasyonları arasında (0.007937), Karadeniz ve Ege Denizi popülasyonları arasında (0.013095), Karadeniz İskenderun Körfezi popülasyonları arasında (0.009954), Marmara Denizi ve Ege Denizi arasında (0.013529), Marmara Denizi ve Antalya Körfezi popülasyonları arasında (0.014930), Marmara Denizi ve İskenderun Körfezi popülasyonları arasında (0.011614), Ege denizi ve İskenderun Körfezi popülasyonları arasında (0.012797), Antalya ve İskenderun Körfezi arasında (0.014984) olarak gözlenmiştir. Ortalama genetik benzerlik

değeri 0.012150 (+/- 0.0000009) olarak hesaplanmıştır. Çizelge 4.9' da 16S rRNA geni ile elde edilen populasyonlar arasındaki nükleotid çeşitlilik değerleri verilmiştir.

Çizelge 4.9. *P. caerulea* populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar arası genetik benzerlik değerleri (Nei,1987)

Populasyonlar	KD	MD	ED	AD1	AD2
KD	_____				
MD	0.007937	_____			
ED	0.013095	0.013529	_____		
AD1	0.015857	0.014930	0.006804	_____	
AD2	0.009954	0.011614	0.012797	0.014984	_____

16S rRNA geni ile elde edilen populasyonlar arasındaki genetik farklılık değerlerine göre, en yüksek değer Karadeniz ve Antalya körfezi populasyonları için (0.012867) bulunurken; en düşük değer ise Ege Denizi ve Antalya Körfezi populasyonları arasında (0.000960) gözlenmiştir. Populasyonlar arası genetik benzerlik değerleri Karadeniz ve Marmara Denizi populasyonları arasında (0.001697), Karadeniz ve Ege Denizi populasyonları arasında (0.006561), Karadeniz İskenderun Körfezi populasyonları arasında (0.003298), Marmara Denizi ve Ege Denizi arasında (0.004436), Marmara Denizi ve Antalya Körfezi populasyonları arasında (0.009380), Marmara Denizi ve İskenderun Körfezi populasyonları arasında (0.002398), Ege denizi ve İskenderun Körfezi populasyonları arasında (0.003287), Antalya ve İskenderun Körfezi arasında (0.009018) olarak gözlenmiştir. Ortalama genetik farklılık değeri 0.005390 (+/- 0.0000015) olarak hesaplanmıştır. Çizelge 4.10.' da 16S rRNA geni ile elde edilen populasyonlar arasındaki nükleotid çeşitlilik değerleri verilmiştir.

Çizelge 4.10. *P. caerulea* populasyonlarının mtDNA 16S rRNA geni için ölçülen populasyonlar arası genetik farklılık değerleri (Nei,1987) (Önemlilik Dereceleri *** = P<0.001)

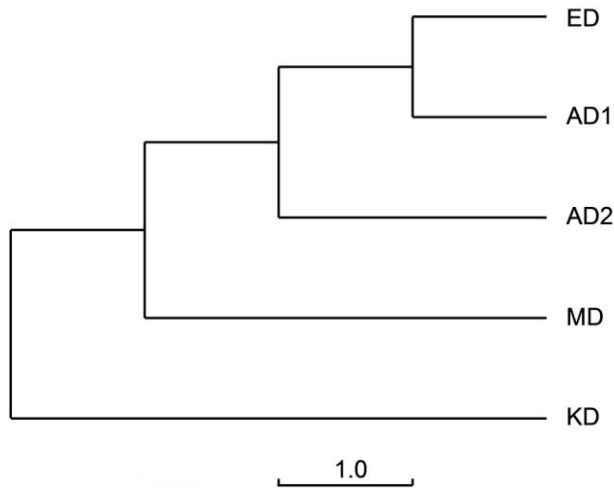
Populasyonlar	KD	MD	ED	AD1	AD2
KD	_____				
MD	0.001697***	_____			
ED	0.006561***	0.004436***	_____		
AD1	0.012867***	0.009380***	0.000960***	_____	
AD2	0.003298***	0.002398***	0.003287***	0.009018***	_____

Ribeiro ve ark. (2010), kuzey dođu Atlantik kıyılarında 12 istasyonda yaptıkları *P. rustica* türü örneklemeleri ile microsatellite çalışması sonucunda, populasyonlar arası genetik farklılık değerini (Nei, 1987)' e göre ($0.007 P > 0.05$) bulmuşlardır.

Fauvelot ve ark. (2009), İtalya kıyılarında 14 istasyondan temin ettikleri *P. caerulea* örneklerini microsatellite tekniđi ile analiz etmişlerdir populasyonlar arası genetik farklılık değerini (Nei, 1987)' ye göre ($0.0094 P < 0.0001$) olarak tespit etmişlerdir.

Mauro ve ark. (2001), *P. caerulea* türünü allozyme yöntemi ile incelemiş populasyonlar arası genetik farklılık değerini (Nei, 1987)' ye göre ($0.007, P > 0.05$) olarak bildirmişlerdir.

Populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacına göre, Antalya populasyonu ve Ege Denizi populasyonunun genetik olarak birbirine en yakın populasyonlar olduđu tespit edilmiştir. Bu iki populasyona en yakın populasyonun da İskenderun Körfezi populasyonu olduđu, bu üç populasyondan genetik olarak en yakın populasyonun Marmara denizi populasyonu olduđu saptanmıştır. Diğer dört populasyona genetik olarak en uzak populasyonun Karadeniz populasyonu olduđu tespit edilmiştir. Populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacı ve genetik mesafe değerleri Şekil 4.2. de verilmiştir. Populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacında belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir.



Şekil 4.2. Populasyonlar arası genetik uzaklığın UPGMA soy ağacı ile gösterimi. Soy ağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soy ağacı yapısını desteklemektedir (Nei ve Tajima, 1981)

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

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

Denizlerimizdeki (Karadeniz, Marmara Denizi, Ege Denizi, Antalya Körfezi, İskenderun körfezi) populasyonları temsilen her bir istasyondan 30 adet toplamda 150 adet örnekleme yapılmıştır. Bu örnekleme sonucunda populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi araştırılmıştır. Tür tespitinde Ayas ve ark (2008) ile Öztürk ve Ergen (1999) un çalışmalarında belirttiği üzere Fischer-Piette, ve Gaillard, (1959) önerdiği; radula üzerinde orta eksenden itibaren enine sıralar halinde bulunan 2 lateral, 1 çıkıntılı ve 3 marjinal dişten taksonomik özelliğe sahip olan 1. lateral ve çıkıntılı dişlerin incelenmesi ile yapılmıştır.

Elde edilen örneklerin genetik incelenmesi mtDNA PCR-RFLP tekniği ile yapılmıştır. Yapılan çalışmada 4 adet sınırlama enzimi (*Csp6I*, *BsurI* (*HaeIII*), *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*) kullanılmış bunun sonucunda toplam 8 haplotip belirlenmiştir. Elde edilen veriler ışığında tüm populasyonların genetik olarak farklı olduğu tespit edilmiştir. (*Csp6I*, *Hin6I* (*HhaI*), *AluI*) sınırlama enzimleri polimorfik bir yapı göstermiştir. Kullanılan sınırlama enzimlerinden sadece *BsurI* (*HaeIII*) enzimi monomorfik bir yapı göstermiştir. Bu bilgiler doğrultusunda *P. caerulea* türü için yapılacak olan populasyon çalışmalarında *Csp6I*, *Hin6I* (*HhaI*), *AluI* sınırlama enzimleri populasyonların farklılıklarının incelenmesinde kullanılabileceği tespit edilmiştir.

Genetik olarak birbirine en uzak iki populasyonun Ege Denizi populasyonu ile Karadeniz populasyonu olduğu tespit edilmiştir. Birbirine en yakın populasyonların ise Ege Denizi ile Antalya Körfezi populasyonu olduğu tespit edilmiştir. Populasyonlar arasında azda olsa gen alış verişi gözlenmiştir. Gen alış verişine yol açan sebebin ise denizsel akıntılar olabileceği düşünülmektedir. Çalışma *P. caerulea* için, coğrafik olarak birbirinden uzaklaşan populasyonların, bu uzaklık nisbetinde genetik olarak da birbirlerinden o kadar uzaklaştıkları sonucunu ortaya koymuştur. Patella türlerinin hareket kabiliyetlerinin düşük olduğu bilinmektedir. Patella türleri planktonik evrelerinde iken daha aktif olarak hareket edebilmektedir. Ancak bu sürenin kısa olduğu bilinmektedir (Laborel- Deguen ve Laborel, 1990; Templado, 2001). Ayrıca larval sürenin 10 günün biraz üstünde olduğu bilinmektedir (Laborel-Deguen ve Laborel,

1991). *P. vulgata* türünde larval sürenin 9 gün civarında olduğu bildirilmiştir (Dodd, 1957). Ridgway ve ark. (1998) tarafından Patellidae familyasına ait türlerin düşük dağılım yeteneği olduğu bildirilmiştir. Ancak Sella ve ark. (1993), yaptıkları çalışma sonucunda bazı patella türlerinin dağılım yeteneğinin yüksek olduğunu belirtmişlerdir. Fauvelot ve ark. (2009) *P. caerulea* türünün planktonik döneminin diğer türlere göre daha uzun olmasından kaynaklı olarak populasyonlar arası genetik farklılığın önemli ancak az olduğunu bildirmişlerdir. Bu bilgiler doğrultusunda Patella türlerinde dağılım yeteneğinin planktonik ve larval dönemin uzunluğuna bağlı olduğu düşünülebilir. Bu tip canlılarda su akıntılarının kısa mesafeli göçlere sebep olduğu düşünülebilir. Akdeniz siklonik kıyısal akıntısı ülkemiz sularında İskenderun Körfezi'nden başlayarak kıyı şeridi boyunca batıya doğru hareket eder Rodos açıklarında Ege Denizi'ne giriş yapar ve buradan kuzey Ege'ye yönelir ancak burada Marmara Denizi akıntısı ile tekrar güneye doğru hareket eder. Bu akıntının balık yumurta ve larvalarını sürüklediği bilinmektedir (Ben-Tuvia, 1966; Avşar, 1999). Bu bilgilerden yola çıkarak Antalya Körfezi populasyonu ile Ege Denizi populasyonlarının genetik olarak birbirine en yakın, İskenderun Körfezi populasyonunun bu iki popülasyona en yakın olmasının sebebi olarak canlıya özgü yayılma şekli ve Akdeniz'de meydana gelen akıntılar olduğu düşünülmektedir. Marmara Denizi populasyonu diğer populasyonlar ile Karadeniz populasyonuna göre daha yakın olduğu tespit edilmiştir bunun sebebinin coğrafik olarak diğer populasyonlara göre daha uzak olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Çalışma sonucunda elde edilen verilerin değerlendirilmesiyle Türkiye denizlerinde (Karadeniz, Marmara Denizi, Ege Denizi ve Akdeniz) bulunan Çin şapkası (*P. Caerulea*) populasyonları arasında az da olsa bir gen alışverişi olduğu, fakat bunun yeterli olmadığı düşünülmektedir.

Tüm bu sonuçlar doğrultusunda mtDNA'nın 16S rRNA gen bölgesinin PCR-RFLP tekniği ile araştırılması sonucunda, Türkiye denizlerindeki (Karadeniz, Marmara Denizi, Ege Denizi ve Akdeniz) *P. caerulea* populasyonları arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi ortaya çıkarılmıştır.

Türkiye denizlerde bulunan diğer Çin şapkası türleri ve populasyonları ile ilgili genetik verilerin olmayışı ve ilgili literatür açığının kapatılması için, diğer Çin şapkası türleri ile populasyonlarının da analiz edilmesi, farklı genlerin incelenmesi, bize bu türler ve populasyonlar hakkında daha ayrıntılı bilgi verecek olması açısından önem arz

etmektedir. Bu nedenle, diđer çin şapkası türlerin populasyonları için farklı genlerin ve farklı genetik yöntemlerin kullanılması, gelecekte yapılacak çalışmalar arasında düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Akşit, D., Mutaf, B. F., 2011. **The external morphology of the gill of *Patella caerulea* L. (Mollusca: Gastropoda).** Turk J. Zool. 2011; 35(4): 603-606. TÜBİTAK.
- Allendorf, F. W., Ryman, N., Utter, F., 1987. **Genetics and fishery management: past, present and future in Pop. Gen. Fish. Man.** (Ryman N. And Utter F., eds.), pp. 1-20. University of Washington Pres, Seattle and London, 1987.
- Ankel, W. E., 1936. **Die Frassspuren von Helcion und die Funktion der Radula.** Verh. Deutsch. Zool. Anz. Suppl. 9: 174-82.
- Avşar, D., 1994. **A Stock Differentiation Study of the Sprat (*Sprattus sprattus phalericus* Risso) off the Southern Coast of the Black Sea.** Fisheries Research, 19: 363-378.
- Avşar, D., 1999. **Yeni Bir Skifomedüz(*Rhopilema nomadica*)'ün Dağılımı ile İlgili Olarak Doğu Akdeniz'in Fiziko-Kimyasal Özellikleri.** Turkish Journal of Zoology, 23 (2): 605-616.
- Ayas, D., Kalay, M., Sangün, M. K., 2007. **Mersin Körfezi' nden örneklenen patella türlerindeki (*Patella caerulea*, *Patella rustica*) Cr, Cd, Pb, ve Hg düzeylerinin belirlenmesi.** XIV. Ulusal Su Ürünleri sempozyumu, 04-07 Eylül 2007, Muğla.
- Ayas, D., Almış, M., Kaya, U. L., 2008. **Mersin- Karaduvar bölgesinde bulunan Patella (Archaeogastropoda) türlerinin dağılımı ve morfometrik özellikleri.** Journal of Fisheries Sciences 2(3):570-575 (2008).
- Bacci, G., Sella, G., 1970. **Correlations between characters and environmental conditions in *Patella* of caerulea group.** Pubbl Staz Zool Napoli 38:1-17
- Badino, G., Sella, G., 1980. **Phosphoglucose isomerase variability in sympatric populations of Mediterranean species of *Patella* (Gastropoda, Prosobranchiata).** Marine Ecology Progress Series, 2: 315-320.
- Baribault, W. H., 1968. **Nitrogen excretory products in the limpet *Atmaea*.** Veliger 11 (Suppl.): 109-12.
- Bembo, D. G., Carvalho, G. R., Cingolani, N., Arneri, E., Glanetti, G., Pitcher, T. J., 1996. **Allozymic and Morphometrics Evidence for Two Stock of the European Anchovies, *Engraulis encrasicolus* in Adriatic Waters,** Marine Biology, 126: 529 p.
- Ben-Tuvia, A., 1966. **Red Sea Fishes Recently Found in the Mediterranean.** Copeia: 2, 254-275
- Bermingham, E., Mccafferty, S. S., Martin, J. C. 1997. **Fish Biogeography and Molecular clocks: Perspectives from the Panamanian Isthmus.** In Molecular Systematics of Fishes (T. D. Kocher and C. A. Stepien, eds.). Academic Press, San Diego.
- Bird, C. J., McLachan, J., Oliveira, E. C., 1986. **Gracilaria chilensis sp. nov; (Rhodophyta, Gigartinales), from Pacific South America.** Can. J. Bot. 64:2928-34.
- Blin, N., Stafford, D. W. 1976. **A general method for isolation of high molecular weight DNA from eukaryotes.** Nucleic Acids Res. 3: 2303-2308.
- Bookstein, F. L., 1982. **Foundation of Morphometrics,** Ann. Rev. Ecol. Syst, 13: 451-470.

- Borrell, Y. J., Romano, F., Vazquez, E., Blanco, G., Prado, J. A. S., 2010. **DNA Barcoding and Phylogeny of Patellids from Asturias (Northern Spain)**. Nimis P.L., vignes Leber R. (eds.) tools for identifying Biodiversity: Progress and problems- pp. 281-287, 2010.
- Branch, G. M., 1978. **The responses of South African patellid limpets to invertebrate predators**. Zool. Afr., 13, 221-232.
- Branch, G. M., 1979. **Aggression by limpets against invertebrate predators**. Anim. Behaviour. 27: 408-410.
- Branch, G. M., 1981. **The biology of limpets: Physical factors, energy flow, and ecological interactions**. Oceanogr. Mar. Biol. 19: 235-380.
- Brazao, S., Boaventura, D., Morais, S., Narciso, L., Re, P., 2003. **Reproduction of Patella depressa Pennant, 1777 on the central Portuguese coast**. Bol. Inst. Esp. Oceanogr. 19 (1-4). 2003.
- Bullock, T. H., 1953. **Contribution from studies of diverse response mechanisms in animals**. J. Nat. Cancer Inst. 13, 1385.
- Carvalho, G. R., Hauser, L., 1994. **Molecular-Genetics And The Stock Concept In Fisheries**. Reviews In Fish Biology And Fisheries 4: 326-350.
- Casselmann, J. M., Collins, J. J., Crossman, P. E., Ihssen, P. E., Spangler, G. R., 1981. **Lake Whitefish (*Coregonus clupeaformis*) Stock of the Ontario Waters of Lake Huron**. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 38: 1775-1789.
- Casu, M., Sana, D., Cristo, B., Lai, T., Dedola, G. L., Galletti, M. C., 2010. **COI sequencing as tool for the taxonomic attribution of Patella spp. (Gastropoda): the case of morphologically undistinguishable juveniles settled on a Patella ferruginea adult**. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, 2010, 90 (7), 1449-1454.
- Chapin, D., 1968. **Some observations of predation on Acmaea species by the crab Pachygrapsus crassipes**. Veliger 11 (suppl.): 67-68.
- Christiaens, J., 1973. **Revision du genre Patella (Mollusca, Gastropoda)**. Bulletin du museum national d'histoire naturelles. 3e serie, no 182, Zoologie 121: 1305-1392, 1973.
- Clark, W., 1958. **Escape responses of herbivorous gastropods when stimulated by carnivorous gastropods**. Nature, Lond., 181, 137-138.
- Corti, M., Thorpe, R. S., Sola, L., Sbordoni, V., Cataudella, S., 1988. **Multivariate Morphometrics in Aquaculture: a Case Study of Six Stocks of the Common Carp (*Cyprinus carpio*) from Italy**, Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 45: 1548-1554.
- Cretella, M., Scillitani, G., Toscano, F., Turella, P., Picariello, O., 1990. **Comparative morphology of soft parts of Patella L., 1758 from the Bay of Naples (Gastropoda: Patellidae)**. Boll. Malac. 26, 205-210.
- Çakmak, E., 2008. **Dikenli Yılan Balığı (*Mastacembelus mastacembelus*)' nın morfolojik ve moleküler özelliklerinin belirlenmesi**. Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, 50s, Kahramanmaraş.
- Çulha, M., Bat, L., Turk Çulha, S., Gargacı, A., 2007. **Sinop Yarımadası (Orta Karadeniz) sert substratlarında yer alan bazı mollusk türleri**. On Dokuz Mayıs Üniversitesi Sinop Su Ürünleri Fakültesi, Temel Bilimler Bölümü, 2007.
- Davis, J. R. A., Fleure, R. J., 1903. **Patella Liverpool Marine**. *Biological Committee Memoir*, 10, 1-76.

- Dayton, P. K., Rosenthal, R. J., Mahen, L. C., Antezana, T., 1977. **Population structure and foraging biology of the predacious Chilean asteroid *Meyenaster gelatinosus* and the escape biology of its prey.** Marine Biology, 39: 361–370.
- Demir, M., 2003. **Shells of Mollusca Collected from the seas of Turkey.** Turk J. Zool. 27(101-140) TÜBİTAK, 2003.
- Demirci, G. G., 2005. **Sinop yarımadasının (Orta Karadeniz) mollusca faunası.** Fırat Üniv. Fen ve Müh. Bil. Der. 17 (3), 565-572, 2005.
- Demirsoy, A., 1998. **Yaşamın Temel Kuralları.** Cilt 3, Kısım 1, 684 s., Ankara.
- Desjardins, P., Morais, R., 1990. **Sequence and Gene Organization of Chicken Mitochondrial Genome.** J. Mol. Biol., 212: 599-634.
- Dodd, J. M., 1957. **Artificial fertilisation, larval development and metamorphosis in *Patella vulgata* L. and *Patella caerulea* L.** Pubblicazione della Stazione Zoologica di Napoli, 29, 172–186.
- Ergüden, D., 2007. **Türkiye denizlerindeki tirsilerin (*Alosa spp.*) moleküler sistematigi.** Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, doktora tezi, 2007, Adana.
- Espinosa, F. Ozawa, T., 2006. **Population genetics of the endangered limpet *Patella ferruginea* (Gastropoda: Patellidae): taxonomic, conservation and evolutionary considerations.** *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 44, 8–16.
- Espinosa, F., Guerra-Garcia, J. M., Carlos Garcia-Gomes, J. C., 2007. **Sewage pollution and extinction risk: an endangered limpet as a bioindicator?**, Biodiversity and Conservation, 16: 377-397.
- Fauvelot, C., Bertozzi, F., Costantini, F., Airoidi, L., Abbiati, M., 2009. **Lower genetic diversity in the limpet *Patella caerulea* on urban coastal structures compared to natural rocky habitats.** Mar. Biol. (2009) 156: 2313- 2323.
- Felsenstein, J., 2002. **PHYLIP (Phylogeny Inference Package) Version 3.6a3. Distributed By the Author.** Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Fischer-Piette, E., Gaillard, J. M., 1959. **Les Patelles au long des cotes atlantiques iberiques et nord-marocaines.** Journal de Conchyliologie, 99: 135-200, 1959. Paris.
- Fretter, V., Graham, A., 1962. **British Prosobranch Molluscs.** Ray Society. p. 755 London.
- Friedlan, K. D., Reddin, D. G., 1994. **Use of Otolith Morphology in Stock Discrimination of Atlantic Salmon (*Salmo salar*).** Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 51: 91-98.
- Gaillard, J. P., 1987. **L'avocatier. Sa culture, ses produits.** Maisonneuve and Larose, Paris.
- Gofas, S., Le Renard, J., Costello, M. J., Emblow, C., 2001. **Mollusca, in European register of marine species: a check-list of the marine species in Europe and a bibliography of guides to their identification.** Collection Patrimoines Naturels, 50: pp. 180-213.
- Graham, A., 1932. **On the structure and function of the alimentary system of the limpet.** Trans. R. Soc. Edinburgh 57: 287-308.
- Grossu, A. V., 1993: **The catalogue of the mollusks from Romania.** Trav. Museum d'Histoire Naturelle Grigore Antipa, vol. XXXIII, Bucharest: 291 – 366.

- Guerra, G. J. M., Corzo, J., Espinosa, F., Carlos Garcia-Gomes, J., 2004. **Assessing habitat use of the endangered marine mollusc *Patella ferruginea* (Gastropoda, Patellidae) in northern Africa: Preliminary results and implications for conservation.** *Biological Conservation*, 116: 319-326.
- Haddon, M., Willis, T. J., 1995. **Morphometric and Meristic Comparison of Orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*, Trachichthidae) from the Puysegur Bank and Lord-Howe-Rise, New Zealand, and Its Implications for Stock Structure,** *Marine Biology*, 123: 19 -27.
- Harrison, R. G., 1989. **Animal Mitochondrial DNA as a Genetic Marker in Population and Evolutionary Biology.** *Trends Ecol. Evol.*, 4: 6-11.
- Hawkins, S. J., Côrte-Real, H. B. S. M., Pannacciulli, F. G., Weber, L. C., Bishop, J. D. D., 2000. **Thoughts on the ecology and evolution of the intertidal biota of the Azores and other Atlantic islands.** *Hydrobiologia*, 440, 3–17.
- Ihssen, P. E., Booke, H. E., Casselman, J. M., McGlade, J. M., Payne, N. R., Utter, F. M., 1981. **Stock identification: materials and methods.** *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 38; 1838-1855,1981.
- Laborel-Deguen, F., Laborel, J., 1990. **Nouvelles donnees sur la *Patelle geante Patella ferruginea* Gmelin en Mediterranee.** *Haliotis* 10, 55– 62.
- Laborel-Deguen, F., Laborel, J., 1991. **Une tentative de reintroduction de *Patella ferruginea* Gmel. (Gasteropoda) dans le Parc National de Port-Cros (Var, France).** In: Boudouresque, C. F.; Avon, M.; Gravez, V. (eds), *Les espe`ces marines aprotoger en Mediterranee.* Marseille: GIS Posidonie Publishers, pp. 129–132.
- Lindberg, D. R., 2004. **Are the living patellogastropods sister taxa? Molluscan megadiversity: Sea, land, and freshwater.** *World Congress of Malacology*, Perth, WA: 86.
- Lydeard, C., Roe, K. J., 1997. **The Phylogenetic Utility of the Mitochondrial Cytochrome b Gene for Inferring Relationship Among Actinopterygian Fishes.** In *Molecular Systematics of Fishes* (T. D. Kocher and C. A. Stepien, eds.). Academic Press, San Diego.
- Mackie, A. M., 1972. **The escape reactions of marine invertebrates to predatory starfish.** *Fifth European Mar. Biol. Symposium*, pp. 269-274.
- Margolin, A. S., 1964. **The mantle response of *Diordora aspersa*.** *Anim. Behav.*, 12, 187-194.
- Marr, J. C., 1957. **The problem of defining and recorgnising supopulations of fishers.** *Fish Wild. Serv. Spec. Sci. Rep.* 208: 1-6, 1957. U.S.
- Mauro, A., Arculeo, M., Parinello, N., 2003. **Morphological and moleculer tools in identifying the mediterranean limpets *Patella caerulea*, *Patella aspera*, *Patella rustica*,** *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 295: 131-143.
- McElroy, D., Moran, P., Bermingham, E., Kornfield, I., 1992. **REAP: An integrated environment for the Mainpulation and Phylogenetic Analysis of Restriction Data.** *Journal of Heredity*, 83: 157-158.
- Meyer, A., 1987. **Phenotypic Plasticity and Heterohrony in *Cichlasoma managuense* (Pisces, Cichlidae) and their Implication for Speciation in Chelid Fishes.** *Evolution*, 41: 1357-1369.
- Miyares, M. P., 1980. **Biologia de *Patella intermedia*, *P vulgata* (Mollusca, Gasteropoda) en el litoral asturiano (N. de España) durante un ciclo anual**

- (Diciembre de 1978 a Noviembre 1979). *Bol. Cienc. Nat. I.D.E.A.*, vol. 26, pp. 173-192, 1980.
- Mullis and Faloona, F., 1987. **Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalyzed chain reaction.** *Methods Enzymol.* 155: 335-350.
- Mutaf, B. F., Akşit, D., Korun, J., 2009. ***Patella sp.* (Gastropoda: Mollusca) mucus salgısına denizel bakterilerin yerleşimi.** *E. Ü. Su Ürünleri Dergisi* 2009. Cilt: 26, sayı: 2: 111-114.
- Nakano, T., Ozawa, T., 2004. **Phylogeny and historical biogeography of limpets of the order Patellogastropoda based on mitochondrial DNA sequences.** *J. Moll. Stud.* 70: 31-41. (2004) London.
- Nakano, T., Ozawa, T., 2007. **Worldwide phylogeography of limpets of the order Patellogastropoda: Molecular, morphological and palaeontological evidence.** *Journal of Molluscan Studies* 73(1) 79-99.
- Nei, M., 1987. **Molecular Evolutionary Genetics.** Columbia University Press, New York.
- Nei, M., Tajima, F., 1981. **DNA Polymorphism Detectable by Restriction Endonucleases.** *Genetics*, 97: 145-163.
- Newell, R. C., 1979. **Biology of intertidal organisms 3 rd ed.** Mar. Ecol. Surv., Ltd., Kent.
- Orr, H. A. 1995. **Somatic mutation favours the evolution of diploidy.** *Genetics* 139: 1441-1447.
- Ortea, J. A., 1980. **“El género *Patella* Linné 1758 en Asturias”.** *Bol. Cienc. Nat. I.D.E.A.*, vol. 26, pp. 57-72, 1980.
- Öztürk, B., Ergen, Z., 1996. **Saros Körfezi'nde (Kuzey Ege Denizi) dağılım gösteren *Patella* (Archaeogastropoda) türleri.** *Turk. J. Zool.* 2: 513- 519.
- Öztürk, B., 1998. **Türkiye'nin Ege Denizi Kiyılarında Archaeogastropoda (Mollusca-Gastropoda)'nin Dağılımı ve Biyoekolojisi.** Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi: 189 s.
- Öztürk, B., Ergen, Z., 1999. **Saros Körfezi'nde (Kuzey Ege Denizi) dağılım gösteren *Patella* (Archeogastropoda) türleri.** *Turkish Journal of Zoology* 23, 2, 513-519.
- Powell, A. W. B., 1973. **The patellid limpets of the world (Patellidae).** *Indo-Pacific Mollusca*, 3 (15): 75-206.
- Ribeiro, P. A., Branco, M., Hawkins, S. J., Santos, A. M., 2010. **Recent changes in the distribution of a marine gastropod, *Patella rustica*, across the Iberian Atlantic coast did not result in diminished genetic diversity or increased connectivity.** *Journal of Biogeography* (2010) 37, 1782-1796
- Ridgway, S. A., Reid, D. G., Taylor, J. D., Branch, G. M., Hodgson, A. N., 1998. **A cladistic phylogeny of the family Patellidae (Mollusca: Gastropoda).** *Phil.Trans. R. Soc. Lond. B* (1998) 353, 1645-1671.
- Ruppert, E. E., Fox, R. S., Barnes, R. D., 2004. **Invertebrate Zoology (7 ed.).** Brooks / Cole. pp. 284–291.
- Santina, P. D., Sonni, C., Sartoni, G., Chelazzi, G., 1993. **Food availability and diet composition of three coexisting Mediterranean limpets (*Patella spp.*),** *Marine Biology*, 116, (1), 87-95.

- Sa pinto, A., Branco, M., Sayanda, D., Alexandrino, P., 2008. **Patterns of colonization, evolution and gene flow in species of the genus *Patella* in the Macaronesian Island.** *Molecular Ecology* 17, 519-532. 2008.
- Sa Pinto, A., Baird, S. J., Pinho, C., Alexandrino, P., Branco, M., 2010. **A three-way contact zone between forms of *Patella rustica* (Mollusca: Patellidae) in the central Mediterranean Sea.** *Biological Journal of the Linnean Society*, 2010, 100, 154-169.
- Saiki, R. K., Gelfand, D. H., Stoffel, S. J., Scharf, S. J., Beddington, J. R., 1988. **Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase.** *Science*, 239, 487-491.
- Sella, G., Robotti, C. A., Biglione V., 1993. **Genetic divergence among three sympatric species of Mediterranean *Patella* (Archaeogastropoda).** *Marine Biology*, 1993, Volume 115, Number 3, Pages 401-405.
- Shepherd, G., 1991. **Meristic and Morphometric Variation in Black Sea Bass North Cape Hatteras, North Carolina,** *American Journal Fisheries Management*, 11: 139-149.
- Stearns, S. C., 1983. **A natural experiment in life-history evolution: field data on the introduction of mosquitofish (*Gambusia affinis*) to Hawaii.** *Evolution* 37; 606-617, 1983.
- Templado, J., 2001. ***Patella ferruginea*.** In: Ramos, M.A.; Bragado, D.; Fernandez, J. (eds), **Los invertebrados no insectos en la Directiva Habitat_ en Espana.** Ministerio de Medio Ambiente. Direccion General de Conservacion de la Naturaleza. Subdireccion General de Conservacion de la Biodiversidad.
- Turan, C., 1997. **Population Structure of Atlantic herring, *Clupea harengus* L., in the Northeast Atlantic Using Phenotypic and Molecular Approaches,** Ph. D. Thesis, University of Hull, U.K., 298 p.
- Turan, C., 2000a. **Balıkçılıkta stok kavramı ve genetik düşüncenin önemi.** Doğu Anadolu Bölgesi IV. Su Ürünleri Sempozyumu, 28-30 Haziran 2000, Erzurum.
- Turan, C., 2000b. **Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler.** IV. Su Ürünleri Sempozyumu, 151-152. Erzurum.
- Turan, C., 2002. **Genetik.** Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı, Yayın No: 2, 169 s. Hatay.
- Turan, C., Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Yeğen, V., 2008. **Isparta ve Kahramanmaraş *Salmo trutta* (L., 1758) populasyonlarının genetik karşılaştırılması.** Süleyman Demirel Üniversitesi Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi dergisi. Cilt: 4 sayı: 1-2, 2008.
- Turan, C., Öztürk B., Düzgünes, E., Çalışkan, M., Turan, F., Gürlek, M., Hazar, D., Sevenler, S., Yağlıoğlu, D., 2007c. **Akdeniz, Ege, Marmara ve Karadeniz’nde bulunan istavrit türleri (*Trachurus Spp.*) populasyonlarının genetik yapı analizi ve filogenetik ilişkilerinin Belirlenmesi.** Tübitak Proje sonuç raporu, Proje No: 106T149, 82s, Hatay.
- Walker, C. G., 1968. **Studies on the jaw, digestive system, and coelomic derivatives in representatives of the genus *Acmaea*, Veliger, Suppl. 11 (1968), pp. 88-97.**
- Wallace, D. C., 1986. **Mitochondrial Genes and Diseases.** *Hospital practice*, 21: 77-92.
- Wilson, A. C., Cann, R. L., Carr, S. M., George, M., Gyllensten, U. B., Helmbjuchowski, K. M., Higuchi, R. G., Palumbi, S. R., Prager, E. M., Sage, R.

- D., Stoneking, M., 1985. **Mitochondrial-DNA and Two Perspectives on Evolutionary Genetics**. Biological Journal of the Linnean Society, 26: 375-400.
- Yađlıođlu, D., 2007. **Türkiye denizlerinde bulunan sübye (*Sepia officinalis* L. 1758) populasyonlarının genetik analizi**. Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı, 2007.

TEŞEKKÜR

Başta tez çalışmamın her aşamasında büyük bir titizlik, sabır ve özveriyle bana destek olan, her anlamda bana yol gösteren, iyiye ve doğruya yönelik her şeyi öğretmeye çalışan ve iyi bir bilimsel çalışma ortamı sağlayan danışman hocam sayın Prof. Dr. Cemal TURAN' a Teşekkürü bir borç bilirim.

Tez çalışmam süresince desteğini gördüğüm değerli bilgi ve görüşlerinden yararlandığım Sayın Ar. Gör. Mevlüt GÜRLEK' e, çalışmamda bana her türlü desteği veren, çok değerli yardımlarından ve bana karşı göstermiş olduğu büyük dostluktan dolayı Sayın Dr. Deniz YAĞLIOĞLU' na, çalışmam sırasında bilgilerinden yararlandığım hocam Sayın Doc.Dr. Deniz ERGÜDEN' e teşekkürlerimi iletmekten büyük sevinç duyarım.

Tez çalışmamda örneklerin temin edilmesinde büyük yardımları olan Sayın Ferhan DÜNDAR ve Oğuz DÜZGÜN' e teşekkürlerimi sunarım.

Akdeniz örneklerimin temininde ve laboratuvar çalışmalarımda desteğini aldığım TAGEM 09/AR-GE/11 nolu projeye teşekkür ederim.

Çalışmam sırasında maddi ve manevi desteğini esirgemeyen Sayın Cuma KABA ve Şemsi KABA' ya teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmamın her aşamasında hiçbir fedakarlıktan kaçınmayarak bana destek olan sevgili eşim Figen GÜNGÖR' e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Hayatım boyunca desteğini esirgemeyen annem Gülizar TEKİN' e, ablam Dilek DURACAK' a ve hayatım boyunca örnek aldığım yaklaşık 10 yıl önce kaybettiğim babam Halil GÜNGÖR' e şükran ve teşekkürlerimi sunarım.

ÖZGEÇMİŞ

1984 yılında İzmir Karşıyaka' da doğdum. İlk, orta ve lise eğitimimi Muğla'nın Fethiye ilçesinde tamamladım. 2004 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi Su ürünleri fakültesinde lisans öğrenimime başladım. 2008 yılında Su Ürünleri Mühendisi ünvanı ile mezun oldum. Aynı yıl Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Su Ürünleri (Temel Bilimler) Anabilim Dalında yüksek lisans öğrenimime başladım. Halen bu öğrenimime devam etmekteyim.