



**MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**  
**SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI**

**BAZI İNDO-PASİFİK KÖKENLİ BALIK TÜRLERİNİN**  
**AKDENİZ'DE KOLONİ OLUŞTURMASI VE**  
**GENETİK DEĞİŞİMLERİ**

**DENİZ YAĞLIOĞLU**

**DOKTORA TEZİ**

**Antakya/HATAY**  
**Haziran-2011**

MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BAZI İNDO-PASİFİK KÖKENLİ BALIK TÜRLERİNİN AKDENİZ'DE  
KOLONİ OLUŞTURMASI VE GENETİK DEĞİŞİMLERİ**

DENİZ YAĞLIOĞLU

DOKTORA TEZİ

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

Prof. Dr. Cemal TURAN danışmanlığında hazırlanan bu tez 06/06/2011 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Cemal TURAN  
Başkan

Prof. Dr. Bayram ÖZTÜRK  
Üye

Doç. Dr. M. Fatih CAN  
Üye

Doç. Dr. Funda TURAN  
Üye

Yrd. Doç. Dr. Çetin KESKİN  
Üye

Bu tez Enstitümüz Su Ürünleri Anabilim Dalında hazırlanmıştır.

**Kod No:**

Prof. Dr. Necat AĞCA  
Enstitü Müdürü

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

Proje No: 04 D 0103

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

## İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET.....	I
ABSTRACT.....	II
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	III
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	V
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Akdeniz'in Biyoçeşitliliği ve Biyoçeşitliliği Etkileyen Bazı Özellikleri.....	3
1.1.1. Akdeniz'in Biyoçeşitliliği.....	3
1.1.2. Akdeniz'in Ekolojik Özellikleri.....	4
1.1.3. Akdeniz'in Fiziko-Kimyasal Yapısı.....	4
1.1.4. Akdenizin Oşinografik Özellikleri.....	5
1.2. Akdeniz'e Yabancı Türlerin Göçü.....	6
1.2.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Yabancı Türlerin Göçü.....	6
1.2.1.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Göçü Sağlayan Vektörler.....	7
1.2.1.1.1. Küresel İklim Değişikliğinin Etkisi.....	7
1.2.1.1.2. Süveyş Kanalı.....	8
1.2.1.1.3. Gemilerin Balast Suları ile Canlı Taşınımı.....	8
1.2.1.1.4. Gemi Karınalarına Tutunma ile Canlı Taşınımı.....	9
1.2.1.1.5. Akvaryum Faaliyetleri ile Canlı Taşınımı.....	9
1.2.1.1.6. Yetiştiricilik Faaliyetleri Sonucunda Canlı Taşınımı.....	9
1.2.1.1.7. Bilimsel Araştırma Faaliyetleri Sebebi ile Canlı Taşınımı.....	10
1.2.2. Atlantik Okyanusu'ndan Akdeniz'e Yabancı Türlerin Göçü.....	10
1.3. Türkiye Denizlerindeki Yabancı Türler.....	10
1.4. İndo-Pasifik Kökenli Balık Türlerinin Akdeniz'de Koloni Oluşturması.....	11

1.4.1. Akdeniz’de Koloni Oluşturan Leseptiyen Bir Tür: <i>Saurida undosquamis</i> .....	12
1.4.2. İndo-Pasifik ve Akdeniz’de Yaşayan Türler Arasındaki Genetik İlişki	13
1.4.3. Çalışmada Kullanılan Türlerin Tercih Edilme Sebepleri.....	14
1.5. Genetik Değişime Sebep Olan Mikroevrimsel Güçler.....	14
1.5.1. Genetik Mutasyonlar.....	15
1.5.2. Genetik Göç.....	15
1.5.3. Genetik Darboğaz (Genetic Bottleneck).....	16
1.5.4. Genetik Sürüklenme (Genetik Drift).....	16
1.5.5. Seleksiyon.....	16
1.6. Genetik Farklılıkların Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler.....	17
1.6.1. Mitokondrial DNA.....	18
1.6.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	19
1.6.3. Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi (RFLP).....	20
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	21
3. MATERYALVE YÖNTEM.....	31
3.1. Materyal.....	31
3.1.1. Türlerin Taksonomideki Yeri .....	31
3.1.2. Türlerin Coğrafik Dağılım Alanları.....	32
3.1.2.1. Synodontidae.....	32
3.1.2.2. Belonidae.....	33
3.1.2.3. Hemiramphidae.....	33
3.1.2.4. Polyprionidae.....	33
3.1.2.5. Nemipteridae.....	33
3.1.2.6. Haemulidae.....	34

3.1.2.7. Lethrinidae.....	34
3.1.2.8. Mullidae.....	34
3.1.2.9. Sphyraenidae.....	35
3.1.2.10. Scombridae.....	35
3.1.3. Örnekleme Bölgeleri.....	35
3.1.4. Kullanılan Araç ve Gereçler.....	38
3.2. Yöntem.....	39
3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması.....	39
3.2.2. Genetik İnceleme.....	40
3.2.2.1. Mitokondrial DNA'nın Ekstrakte Edilmesi.....	40
3.2.2.2. Agaroz Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi.....	40
3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile 16S ve ND 3/4 Genlerinin Çoğaltılması.....	41
3.2.2.4. RFLP İçin Akrilamid Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi.....	42
3.2.2.5. RFLP İle Genetik Farklılığın Tespiti.....	43
3.2.2.6. Haplotiplerin Tespit Edilmesi.....	44
3.2.2.7. RFLP Tekniği Sonucunda Genetik Verilerin Analizi.....	44
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA.....	46
4.1. Bulgular.....	46
4.1.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Göç-Genetik İlişkisine Ait Bulgular.....	46
4.1.1.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi.....	46
4.1.1.2. Haplotip Çeşitliliği.....	46
4.1.1.3. Sınırlama Enzimleri.....	52
4.1.1.3.1. <i>Bsu</i> I Sınırlama Enzimi.....	52
4.1.1.3.2. <i>Xho</i> I Sınırlama Enzimi.....	52
4.1.1.3.3. <i>Ehe</i> I Sınırlama Enzimi.....	53

4.1.1.3.4. <i>AluI</i> Sınırlama Enzimi.....	53
4.1.1.3.5. <i>MspI</i> Sınırlama Enzimi.....	53
4.1.1.3.6. <i>Hin6I</i> Sınırlama Enzimi.....	54
4.1.1.3.7. <i>BshI236I</i> Sınırlama Enzimi.....	54
4.1.1.3.8. <i>RsaI</i> Sınırlama Enzimi.....	55
4.1.1.4. Genetik Çeşitlilik ve Genetik Farklılık.....	55
4.1.1.4.1. Türler İçi Genetik Çeşitlilik.....	55
4.1.1.4.2. Türler Arası Genetik Benzerlik ve Genetik Farklılık.....	56
4.1.1.5. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Gerçekleşen Göç- Genetik ilişkisi.....	61
4.1.1.6. Filogenetik Bulgular.....	64
4.1.1.6.1. Haemulidae Familyasına Ait Filogenetik Bulgular.....	64
4.1.1.6.2. Mullidae Familyasına Ait Filogenetik Bulgular.....	66
4.1.1.6.3. Sphyraenidae Familyasına Ait Filogenetik Bulgular.....	68
4.1.2. <i>Saurida undosquamis</i> Populasyonlarına Ait Bulgular.....	73
4.1.2.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi.....	73
4.1.2.2. Haplotip Çeşitliliği.....	73
4.1.2.3. Sınırlama Enzimleri.....	80
4.1.2.3.1. <i>EheI</i> Sınırlama Enzimi.....	81
4.1.2.3.2. <i>BsurI</i> Sınırlama Enzimi.....	81
4.1.2.3.3. <i>RsaI</i> Sınırlama Enzimi.....	81
4.1.2.3.4. <i>Hin6I</i> Sınırlama Enzimi.....	81
4.1.2.3.5. <i>XhoI</i> Sınırlama Enzimi.....	82
4.1.2.3.6. <i>AluI</i> Sınırlama Enzimi.....	82
4.1.2.4. Genetik Çeşitlilik Genetik Benzerlik ve Genetik Farklılık.....	82
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	89

5.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Göç-Genetik İlişkisine Ait Sonuç ve Öneriler...	89
5.2. <i>Saurida undosquamis</i> Populasyonlarına Ait Sonuç ve Öneriler.....	92
KAYNAKLAR.....	95
TEŞEKKÜR.....	106
ÖZGEÇMİŞ.....	107
EKLER.....	108
EK 1. Türlerin MtDNA ND 3/4 gen bölgesinin <i>BsuI</i> , <i>XhoI</i> , <i>EheI</i> , <i>AluI</i> sınırlama enzimleri ile elde edilen haplotiplerde, bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	108
EK 2. Türlerin MtDNA ND 3/4 gen bölgesinin <i>MspI</i> , <i>Hin6I</i> , <i>Bsh1236I</i> , <i>RsaI</i> sınırlama enzimleri ile elde edilen haplotiplerde, bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	109
EK 3. <i>Saurida undosquamis</i> 'in MtDNA 16S gen bölgesinin sınırlama enzimleri ile elde edilen haplotiplerde, bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri.....	110
EK 4. Çalışmada Kullanılan Türler.....	111

## ÖZET

**BAZI İNDO-PASİFİK KÖKENLİ BALIK TÜRLERİNİN  
AKDENİZ'DE KOLONİ OLUŞTURMASI ve GENETİK DEĞİŞİMLERİ**

Bu çalışmada, İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e gerçekleşen Lesepsiyeen göçe genetik etkinin varlığının tespit edilmesi ve Iskarmoz balığı *Saurida undosquamis* (Richardson, 1848) populasyonlarının İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e göç yolu üzerinde kolonileşmede gösterdiği genetik değişimin ortaya koyulması amaçlanmıştır.

İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e gerçekleşen Lesepsiyeen göçe genetik etkinin varlığı, Akdeniz'den ve İndo-Pasifik denizlerinden alınan 10 familyadan 21 türün ND 3/4 gen bölgesi için 8 sınırlama enzimi (*BsurI*, *AluI*, *Hin6I*, *RsaI*, *XhoI*, *MspI*, *Bsh1236I*, *EheI*) kullanılarak, PCR-RFLP yöntemiyle araştırılmıştır.

Çalışmada 21 türe ait 210 örnekte toplam 46 haplotip tespit edilmiştir. CAAAAAA haplotipinin sadece Lesepsiyeen göçle Akdeniz'e dahil olan üç türde (*S. undosquamis*, *S. pinguis*, *H. far*) 25 adet bireyle temsil edildiği genetik analizler sonucunda ortaya konulmuştur. BDACBBAA, BFACBBAA, ABABBBAA, AFABBBAA, ADABBBAA, ACABBBAA, BCABBBAA, BCABCBA haplotip yapıları, sadece İndo-Pasifik denizlerinde yaşamayı tercih eden, Akdeniz'de şu ana kadar kaydı bulunmayan türlerde tespit edilmiştir. Sphyaenidae familyasına ait 5 türün incelemesinde, *Bsh1236I* enziminde gözlenen B haplotipinin Akdeniz'in yerel türlerine özgü haplotip yapısı olduğu tespit edilmiştir. Akdeniz'de yüksek yerleşme başarısı gösteren 3 türün (*U. moluccensis*, *P. stridens*, *N. randalli*) birbirlerine genetik olarak diğer türlerden daha yakın genetik ilişki gösterdiği Neighbor joining soyağacı analizi ile ortaya koyulmuştur.

İndo-Pasifik ve Akdeniz'de yaşamını sürdüren Lesepsiyeen Iskarmoz balığı (*S. undosquamis*)'nın, Kızıldeniz'den 1 (Cidde), Akdeniz'den 4 (Suriye, İskenderun Körfezi, Mersin Körfezi, Antalya Körfezi) populasyonunun genetik yapısı, mtDNA'nın 16S gen bölgesi için, 6 sınırlama enzimi (*BsurI*, *AluI*, *Hin6I*, *RsaI*, *XhoI*, *EheI*) kullanılarak tespit edilmiştir. *S. undosquamis* populasyonlarına ait 30'ar adet (toplam 150) bireyinin incelenmesiyle toplam 16 haplotip saptanmıştır. Örneklerde en fazla gözlenen haplotipin, örneklerin %75'inde gözlenen AAAAAA haplotipi olduğu tespit edilmiştir. Populasyonlar içi ortalama haplotip çeşitliliği 0.4579 (+/- 0.01601), populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik 0.009179 olarak bulunmuştur. Populasyonlar arası ortalama genetik benzerlik 0.025294, ortalama genetik farklılık ise 0.016115 olarak hesaplanmıştır. Monte-Carlo ( $X^2$ ) İkili Karşılaştırma Analizi sonucunda, tüm populasyonlar arasında genetik farklılığın önemli olduğu belirlenmiştir ( $P < 0.001$ ). Çalışmada *S. undosquamis*'in mutasyonlar geçirmek suretiyle güneyden kuzeye göçünü sürdürdüğü, Kızıldeniz ve Akdeniz arasında genetik göç mekanizmasının kesildiği tespit edilmiştir.

Sonuç olarak, İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e gerçekleşen Lesepsiyeen göçe genetik etkinin varlığı, Akdeniz ve İndo-Pasifik'te bulunan *S. undosquamis* populasyonlarının göç yolu üzerinde güneyden kuzeye kolonileşmede gösterdiği genetik değişim, yapılan çalışmada ortaya koyulmuştur.

2011, 117 sayfa

**Anahtar Kelimeler:** Akdeniz, İndo-Pasifik, Lesepsiyeen göç, genetik etki, genetik göç yolu, mtDNA ND 3/4 ve 16S genleri, PCR-RFLP



## ABSTRACT

COLONIZATION AND GENETIC CHANGES OF SOME  
INDO-PACIFIC FISH SPECIES IN MEDITERRANEAN SEA

The aim of this study is to elucidate the presence of genetic effect of Lessepsian migration from Indo-Pacific to the Mediterranean and examine genetic pathway of colonization of Lessepsian Lizardfish *Saurida undosquamis* populations on the way from Indo-Pacific to the Mediterranean.

The presence of genetic effect of Lessepsian migration were examined with mtDNA PCR-RFLP method, using 8 restriction enzymes (*BsurI*, *AluI*, *Hin6I*, *RsaI*, *XhoI*, *MspI*, *Bsh1236I*, *EheI*) for mtDNA ND 3/4 gene region for 10 families including 21 species collected from the Indo-Pacific and Mediterranean.

A total of 46 haplotypes were detected from 210 individuals for 21 species. As a result of genetic analysis CAAAAAA haplotype was fixed on the 25 individuals, belonging to three lessepsian migrant species (*S. undosquamis*, *S. pinguis*, *H. far*). Seven haplotypes (BDACBBAA, BFACBBAA, ABABBBAA, AFABBBAA, ADABBBAA, ACABBBAA, BCABBBAA, BCABCBA) were detected in only Indo-pacific species which are not exist in Mediterranean. Haplotype B (found with *Bsh1236I* enzyme) was detected in only five Mediterranean species of Sphyrænidae family and indicates this haplotype is a Mediterranean specific haplotype for this family. In Neighbor joining three, highly successfully colonized species *U. moluccensis*, *P. stridens* and *N. randalli* clustered as a closest taxa in comparison to others.

The genetic structure of lizardfish (*Saurida undosquamis*) populations collected from the Indo-Pacific (Red sea (Ceddah)) and Mediterranean Sea (Syria, Iskenderun Bay, Mersin Bay, Antalya Bay) were analyzed to determine genetic change of populations on the lessepsian pathway, using mtDNA 16S gene region with 6 restriction enzymes (*BsurI*, *AluI*, *Hin6I*, *RsaI*, *XhoI*, *EheI*). A total of 16 haplotypes were detected from 150 individuals. AAAAAA haplotype was the most and common occurred in all sampling sites present in 40% of individuals. The average haplotype diversity and genetic diversity within populations were 0.4579 and 0.009179 respectively. The average genetic diversity and genetic divergence between populations were calculated 0.025294 and 0.016115 respectively. In Monte Carlo ( $X^2$ ) pairwise comparisons highly significant differences ( $P < 0.001$ ) between all populations were detected. *S. undosquamis* showed genetic changes on the pathway of its colonization from south to Northward, and there is a cut off genetic migration between Red Sea and Mediterranean.

As a result there is a presence of genetic effect to lessepsian migration from Indo-Pacific to the Mediterranean, and *S. undosquamis* showed genetic changes on the pathway of its colonization from south to Northward.

2011, 117 pages

**Key Words:** Mediterranean, Indo-Pacific, Lessepsian migration, genetic effect, genetic pathway, mtDNA ND 3/4 and 16S genes, PCR-RFLP.

**SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ**

<b>bç</b>	Baz Çifti
<b>g</b>	Gram
<b>mA</b>	Mili Amper
<b>mg</b>	Miligram
<b>ml</b>	Mililitre
<b>µl</b>	Mikrolitre
<b>MtDNA</b>	Mitokondrial DNA
<b>ND-3/4</b>	Nikotin Amid Adenin Dehidrojenaz-3/4
<b>ND-5/6</b>	Nikotin Amid Adenin Dehidrojenaz-5/6
<b>PCR</b>	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
<b>RAPD</b>	Polimorfik DNA'nın Rastgele Çoğaltılması
<b>RFLP</b>	Sınırlama Parçası Uzunluk Polimorfizmi
<b>TEMED</b>	Tetrametiletildiamin
<b>UPGMA</b>	Tartılı Olmayan Çiftleştirilmiş Grup Metodu Aritmetik Ortalaması
<b>V</b>	Volt

## ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan türlerin örnekleme bölgesine göre örnek sayıları, örneklerin ortalama total boyları ve ortalama total boyların standart hataları.....	36
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan türlerin örnekleme bölgesine göre örnekleme tarihleri.....	37
Çizelge 3.3. Kullanılan cihazların teknik özellikleri.....	39
Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan primerlerin yapısı.....	42
Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan sınırlama enzimleri ve DNA tanıma dizileri...	43
Çizelge 4.1. Tüm türlerin ND 3/4 gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları.....	48
Çizelge 4.2. Türler içerisinde mtDNA düzeyinin ND 3/4 gen bölgesi değişiminde ölçülen haplotip çeşitlilik değerleri.....	51
Çizelge 4.3. Türler içerisinde mtDNA Düzeyinin ND 3/4 gen bölgesi değişiminde ölçülen genetik çeşitlilik değerleri.....	56
Çizelge 4.4. ND 3/4 gen bölgesi için Nei (1978)'ye göre türler arası genetik farklılık değerleri(Önemlilik Dereceleri *** =P<0.001; * = P<0.05)	59
Çizelge 4.5. ND 3/4 gen bölgesi için Nei (1978)'ye göre türler arası genetik benzerlik değerleri.....	60
Çizelge 4.6. Sphyraenidae familyasına ait türlerin ND 3/4 gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları, ölçülen populasyonlar içi genetik ve haplotip çeşitlilik değerleri; (H: Haplotip çeşitlilik; G: Genetik çeşitlilik).....	70
Çizelge 4.7. MtDNA ND 3/4 Geni Sphyraenidae familyasına ait Nei (1978)'ye göre türler arası genetik farklılık değerleri .....	71
Çizelge 4.8. MtDNA ND 3/4 Geni Sphyraenidae familyasına ait Nei (1978)'ye göre türler arası genetik benzerlik değerleri.....	72
Çizelge 4.9. Tüm <i>S. undosquamis</i> populasyonlarının 16S gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları, ölçülen populasyonlar içi genetik ve haplotip çeşitlilik değerleri; Haplotiplerin elde edilmesinde kullanılan enzimler (soldan sağa): EheI, BsurI, RsaI, Hin6I, XhoI, AluI (H: Haplotip çeşitlilik;; S.H. = Standard hata).....	75
Çizelge 4.10. <i>S.undosquamis</i> populasyonları içerisinde mtDNA düzeyinin 16S bölgesi değişiminde ölçülen genetik çeşitlilik değerleri.....	83
Çizelge 4.11. MtDNA 16S Geni Nei (1978)'ye göre <i>S. undosquamis</i> populasyonları arası genetik benzerlik değerleri.....	84
Çizelge 4.12. MtDNA 16S Geni Nei (1978)'ye göre <i>S. undosquamis</i> populasyonları arası genetik farklılık değerleri (** P<0.001).....	86

## ŞEKİLLER DİZİNİ

	<b>Sayfa</b>
Şekil 1.1. Akdeniz’de akıntı sistemleri (Tsimplis ve ark., 2006).....	6
Şekil 1.2. Kızıldeniz’den ve Atlantik Okyanusu’ndan Akdeniz’e göç yolu.....	6
Şekil 1.3. Yıllara göre sıcaklık artışına bağlı Leseptiyen göç durumunun grafik üzerinde gösterimi (Lasram ve Mouillot, 2009).....	7
Şekil 1.4. <i>Saurida undosquamis</i> ’in genel yapısı.....	12
Şekil 1.5. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi.....	18
Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan türlerin örnekleme alanları. AD1: Suriye, AD2: İskenderun Körfezi, AD3: Mersin Körfezi, AD4: Antalya Körfezi, IP1: Kızıldeniz (Cidde), IP2 Umman Denizi (Umman), IP3: Arap Körfezi (Bahreyn).....	38
Şekil 3.2. Ekstrakte edilen total DNA’nın agaroz jel üzerinde kontrolü.....	41
Şekil 3.3. PCR sonrası elde edilen PCR ürününün agaroz jel üzerinde kontrolü.....	42
Şekil 3.4. Gen bölgesinin sınırlama enzimleri ile kesilmesi sonucu elde edilen PCR-RFLP bant profili (DBS: DNA Büyüklük standartları, A-B: Haplotip).....	45
Şekil 4.1. Türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi. Soyağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir (Nei ve Tajima, 1981). (* Akdeniz’in Yerel Türleri, ** Leseptiyen türler, *** İndo-Pasifik türleri).....	62
Şekil 4.2. Haemulidae familyasına ait türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi (Nei ve Tajima, 1981).....	66
Şekil 4.3. Mullidae familyasına ait türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi (Nei ve Tajima, 1981).....	67
Şekil 4.4. Sphyraenidae familyasına ait türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi (Nei ve Tajima, 1981).....	72
Şekil 4.5. Haplotipler arası genetik uzaklığın UPGMA soy ağacı ile gösterimi. Soy ağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir (Nei ve Tajima, 1981).....	80
Şekil 4.6. Populasyonlar arası genetik uzaklığın UPGMA soy ağacı ile gösterimi. Soy ağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir. (Nei ve Tajima, 1981) (AD1: Suriye, AD2: İskenderun Körfezi, AD3: Mersin Körfezi, AD4: Antalya Körfezi, IP1: Kızıldeniz).....	88

## 1. Giriş

Biyolojik işgalin ekonomik ve ekolojik etkileri, hem karasal, hem de denizel ortamda son zamanlarda dikkati çekmeye başlamıştır (Kolar ve Lodge, 2001). Bazı araştırmacılar dünya üzerinde varlık gösteren balıkların dörtte birinin ait olmadıkları bölgeye yerleşmiş işgalci balıklar olduğunu dile getirerek bu işgalin boyutlarını ortaya koymaktadırlar. Denizel ortamda yer değiştirmenin karadakinine nazaran daha hızlı olması, bu işgalin dikkati çeken ekolojik ve ekonomik etkilerinin, denizel ortamda daha net hissedilmesine sebep olabilmektedir (Lockwood ve ark., 2007; Bernardi ve ark., 2010).

Herhangi bir türün ait olmadığı bir ortamda sonradan varlık göstermesi, insan kaynaklı sebeplerden olabildiği gibi çeşitli doğa olayları sonucunda da olabilmektedir. İngiltere sahillerinde, *Laminaria ochroleuca* türü kahverengi yosunun önceleri görülmezken daha sonradan bu sahillere yerleştiği görülmüştür. Bu yerleşmenin sebebinin, bu ülke kıyılarında görülen sıcak su akıntılarının sıcaklıklarındaki birkaç derecelik artış olduğu belirlenmiştir (Farnham, 1980). Dünya üzerinde türler; gemi karinalarına tutunarak, gemilerin balast sularıyla, akvaryum faaliyetleriyle, yetiştiricilik faaliyetleriyle, bilimsel araştırma çalışmaları sebebiyle ve insanlar tarafından çeşitli sebeplerle açılan kanallar vasıtasıyla taşınıp yeni bir ortamda gelişim gösterebilmektedir (Cirik ve Akçalı, 2002). Bu gelişimin temel sebepleri araştırmacılar arasında farklı yaklaşım açılarından incelenebilmekte ve farklı yorumlanabilmektedir. Por (2009), tarihsel süreç içerisinde Akdeniz ortamına canlı taşınımından bahsederken; Akdeniz'in şimdiki şeklini almasından önce, İndo-Pasifik'le Atlantik Okyanusunu şuanki Akdeniz'in olduğu bölgede birleştiren Tetis Denizi'nin, Messina Boğazı'ndan ikiye bölünmesiyle, Batı Akdeniz ekosisteminin Atlantik'ten, Doğu Akdeniz'in ise İndo-Pasifik'ten etkilendiğinden söz etmiştir. Buna ek olarak da insanlığın, Akdeniz'in Tetis'e dönüşüne tanıklık ettiğini dile getirerek, Akdeniz'in artan biyoçeşitliliğinin bu dönüşün sonucu olduğunu ifade etmiştir.

Denizel ortamda canlıların taşınması demekle, tüm canlıların geldikleri yeni ortamda yaşayabilecekleri anlamı düşünülmemelidir. Yeni ortama katılan tüm türler, ortama yerleşmek hususunda başarılı olamamaktadır (Ben-Tuvia, 1977a; Mavruk ve Avşar, 2007). Canlıların geldikleri yeni ortamda yaşayabilmeleri, üreyebilmeleri, istilacı tür olmaları, ya da belli durumlarda biyolojik kirliliğe sebep olmaları, geldikleri ortam

koşullarının bu canlıların genetik yapılarında barındırdıkları adaptasyon sınırları ile doğrudan alakalıdır. Küresel iklim değişikliği nedeniyle deniz sularındaki sıcaklık artışları ve fabrikaların soğutma sularının deniz ortamına sıcak bir şekilde bırakmaları gibi insansal sebeplerden kaynaklı canlıların adaptasyon sınırları içerisinde olmayan denizlerin ve denizlerin bazı bölgelerinin bu adaptasyon sınırları içerisine çekildiği bilinmektedir. Bazı türlerin bu denizlere taşınmalarının ardından başarılı şekilde yerleşmeleri mümkün olmakta, hatta bazı durumlarda istenmeyen biyolojik kirliliklere sebep oldukları görülmektedir.

Günümüzde, Akdeniz'e yeni türlerin girişine en önemli insan kaynaklı etki Süveyş Kanalı'nın açılmasıdır. Bu kanal, Kızıldeniz vasıtası ile İndo-Pasifik Okyanusu'nu Akdeniz'e bağlayan 161 km uzunluğunda yapay bir kanaldır. Bu kanal açıldığı tarihten (15 Ağustos 1869) bu yana Akdeniz'in biyoçeşitliliğini önemli derecede değişikliğe uğratmış ve her geçen günde artırmaya devam etmektedir (Ergüden ve ark. 2010a).

Lesepsiyen göç olarak adlandırılan ve 1869'dan bu yana Kızıldeniz'den Akdeniz'e gerçekleşen bu canlı göçü sonucunda bölgeye dahil olan türlerin genetik yapılarının tespitine yönelik çok sınırlı çalışma yapılmıştır. Tespit edilen Lesepsiyen balık türü sayısının 77 olduğu şu zamanda sadece 7 adet türün (*Siganus rivulatus*, *Upeneus pori*, *Upeneus moluccensis*, *Atherinomorus lacunosus*, *Siganus luridus*, *Fistularia commersonii*, *Lagocephalus sceleratus*) çeşitli genetik çalışmalara konu olması, konuyla ilgili bilimsel açığın ne boyutta olduğunu ortaya koymaktadır (Bernardi ve ark., 2010).

İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e göç eden türlerin popülasyonları arasında sürekli devam eden göç yani gen alışverişi popülasyonlar arasında meydana gelmesi muhtemel genetik farklılıkların ortadan kalkmasına sebep olarak, Lesepsiyen türlerin Akdeniz popülasyonlarının en az geldikleri İndo-Pasifik popülasyonları kadar, Akdeniz ortamında genetik olarak güçlü popülasyonlar oluşturarak varlık göstermesi sonucunu doğurabilecektir. Bu sonuç bir popülasyona göç ile katılan bireylerin, bu popülasyonun gen havuzuna yeni allellerin katılmasını ve var olan allellerin ve genotipin korunmasını sağlayacağından önem arz etmektedir (Turan, 2002). Yüksek genetik çeşitliliğe sahip tür ve popülasyonların, genetik çeşitliği düşük türlere ve popülasyonlara göre ortama yerleşmede daha başarılı olduğu bilinmektedir (Carvalho ve Hauser, 1994; Turan 2000;

Yağlıoğlu 2007). Dünyada balık populasyonlarının taşıdığı genetik çeşitliliğin, türler arası genetik farklılığın, canlıların morfolojilerine ve biyoekolojilerine etki eden genlerin tespit edilmesi ile ilgili çalışmalar, son 30 yılda şuan da geçerliliğini koruyan PCR'a bağlı genetik tekniklerin geliştirilmesiyle yapılabilir olmuş ve ilerleyebilmiştir.

Lesepsiyeen göçün meydana geliş süreci, meydana geliş nedenleriyle ilgili ortaya konan küresel iklim değişikliğinden kaynaklı Akdeniz'in tropikalleşmesi ve buna ek olarak, bu göçe katılan türlerin genetik özelliklerinin de bu göçe sebebiyet verip yönlendirebileceği düşüncesi, bu çalışmanın temel fikrini oluşturmuştur. Akdeniz'de varlık gösteren, Akdeniz'e Lesepsiyeen göçle katılan ve sadece İndo-Pasifik'te yaşayan türlerin birlikte ele alınarak, Lesepsiyeen göçe sebep olan genetik bilginin varlığının olabileceğinin ortaya koyulması, İndo-Pasifik'te varlık gösteren türlerin kendi içlerinde barındırdıkları genetik bilginin, türlerin Akdeniz'e yerleşebilme becerisi gösterip gösteremeyeceğine etki edip etmediği ve dolayısıyla herhangi bir türün Lesepsiyeen göçe katılmasına imkan veren genetik yapının varlığının tespit edilmesi ile Lesepsiyeen göçe katılması muhtemel türlerin önceden tespitine yönelik önemli genetik veriler sağlanması, tezin önemli amaçlarıdır. Çalışmada ayrıca, İndo-Pasifik kökenli türlerin Akdeniz'e geçmelerinin ardından, Akdeniz ortamına adaptasyonda kolonileşmelerinin nasıl bir genetik yapı gösterdiğinin tespitinin, anahtar tür olarak belirlenen Iskarmoz Balığı'nın (*Saurida Undosquamis*) Kızıldeniz ve Akdeniz'den avlanan populasyonları üzerinde araştırılması amaçlanmıştır.

## **1.1. Akdeniz'in Biyoçeşitliliği ve Biyoçeşitliliği Etkileyen Bazı Özellikleri**

### **1.1.1. Akdeniz'in Biyoçeşitliliği**

Dünya evrimi içerisinde Akdeniz incelenirken, Tetis olarak adlandırılan Avrupa Kıtası'nda İtalya'nın Sicilya bölgesiyle Afrika kıtasının bağlı olduğu, Messina Boğazı'nın, doğusunda bulunan bir denizin varlığı dikkati çekmektedir. Akdeniz'in tür çeşitliliği bakımından tarihsel, biyolojik evrimini, Tetis'in öncesi ve sonrası olarak incelemekte yarar vardır. Burada birbirinden farklı yorumlar bulunmaktadır. Bernardi ve ark. (2010) Lesepsiyeen işgali konu aldığı çalışmasında Akdeniz için bulunan İndo-Pasifik kökenli canlıları Lesepsiyeen göçle Süveyş Kanalı'ndan geçti kabul etmek gerekir diye belirtmiş, farklı düşünen araştırmacılardan Por ise bazı türlerin Akdeniz'de, Tetis Denizi'nin bir parçası olduğu dönemden kaldığını söylemektedir (Por, 2009).

Akdeniz bugünkü halini, Avrasya Kıtası'nın Messina Boğazı'ndan (Sicilya adasını İtalya'nın güneyindeki Calabria bölgesinde ayıran boğaz) ayrılmasıyla, Pliyosen olarak adlandırılan dönemden önce almıştır. Bu ayrılma sonrasında Batı Akdeniz florası ve faunası daha çok Atlantik'ten, Doğu Akdeniz'inki ise İndo-Pasifik denizlerden etkilenmiştir(Giaccone ve Geraci, 1989).

Akdeniz'i, yakın zamanda göçle katılan Atlantik ve İndo-Pasifik kökenli balık türleri hariç değerlendirmek gerekirse, 519 yerli balık türü bulunmaktadır. Bu 519 türün 74'nü (%14) Akdeniz endemiği türler oluşturmaktadır (Malak ve ark., 2011).

Akdeniz'deki Atlantik (Atlantik ve Boreal Atlantik) kökenli yabancı türlerin sayısı Oral (2010)'a göre 70, İndo-Pasifik kökenli türlerin sayısı ise Goren ve ark. (2009; 2010)'nın yeni tespit ettikleri iki yeni balık türüyle beraber 77 olmuştur (Golani ve ark., 2008; Goren ve ark., 2008; Zenetos ve ark., 2008; Goren ve ark., 2009; Golani ve ark., 2010).

### **1.1.2. Akdeniz'in Ekolojik Özellikleri**

Akdeniz 2,5 milyon m<sup>2</sup> yüzey alanına sahip en derin yeri Yunanistan'ın güneyinde İyon havzasında 5.121 m olan batısında Atlantik'in, doğusunda İndo-Pasifik'in ekolojik değişimlerinden direk olarak etkilenen ekolojik yapıya sahip bir denizdir. Akdeniz son zamanlarda genellikle 20 °C üstünde su sıcaklıkları ile bildiğimiz tropik denizleri yansıtmaktadır. Aslında Akdeniz subtropikal iklim kuşağında bulunan orta kuşak iklimine sahip bir denizdir. Akdeniz ekolojik özellikleri sürekli değişim gösteren yabancı türlerin katılımıyla biyoçeşitliliği sürekli artan dinamik bir ekosistemdir. Akdeniz ayrıca, sahip olduğu ekolojik durum ve suyun tuzluluğu sıcaklığı ve akıntılar gibi diğer hidrolojik faktörlerden kaynaklı çok yüksek biyoçeşitlilik gösterir. Dünya üzerinde var olan balık türlerinin %7'si Akdeniz'de mevcuttur (Malak ve ark., 2011).

### **1.1.3. Akdeniz'in Fiziko-Kimyasal Yapısı**

Akdeniz, okyanuslara göre tuzlu bir denizdir. Akdeniz'de ortalama tuzluluk oranı ‰38, bu oran okyanuslarda ise ‰35'dir. Akdeniz'de tuzluluk, yağış artışlarının, buharlaşmanın azalmasının ve Atlantik kökenli akıntıların etkisi ile batıya doğru azalır. Cebelitarık Boğazı'nda ‰36 iken, Kıbrıs'ın güneyinde ‰39.5'a ulaşır. Büyük



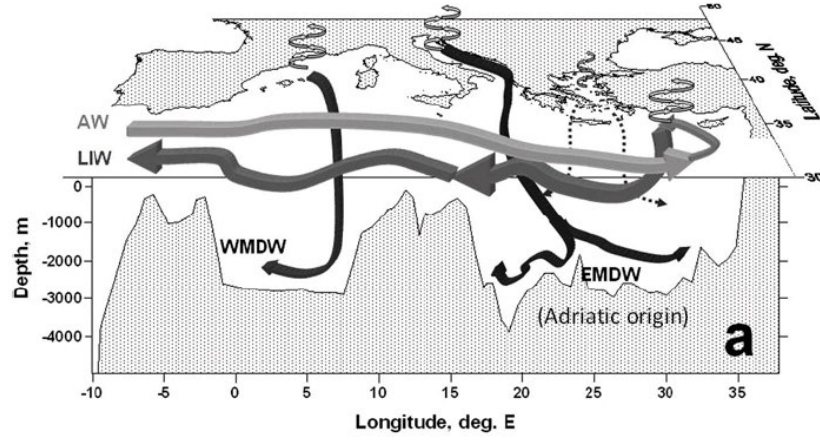
ırmakların ağzında tatlı su tuzlu suya karıştığı için tuzluluk azalır. Yüze katmanının 210m derinliğe kadar olan bölümü tüm Akdeniz'de yüksek oranlı oksijen içerir. Doğuda yüze katmanın çökmesi ile oluşan orta katmanda taze oksijen miktarı yüksektir, ama batıya doğru aktıkça bu katmandaki su oksijenin çoğunu yitirir. Doğu Akdeniz'deki yüze suyunun salinitesi ‰38.5, sıcaklığı ise 16- 27 °C arasında değişim göstermektedir. Bu parametreler Ceyhan, Seyhan ve Nil gibi büyük nehir deltalarında düşüş gösterirken, İskenderun Körfezi gibi alanlarda önemli ölçüde artış gösterir (Avşar, 1999).

Akdeniz'de yaz aylarındaki yüze suyu sıcaklığı 28 – 29 °C'yi bulur. Bu sıcaklıklar kış aylarında 14 °C civarında olması gereken ortamda, 20 °C üstünde olabilmektedir (Anonim, 2011). Küresel iklim değişikliğinin etkisi ile Batı Akdeniz'de dip sularındaki sıcaklığın 1960'dan bu zamana kadar 0.12 °C yükselmesi Akdeniz'deki iklim değişikliğinin boyutlarını ortaya koymaktadır (Anonim, 2011).

İskenderun Körfezi'nde salinite ve sıcaklık değerleri sırasıyla ‰39.5 ve 29.3 °C'lere kadar yükselebilmektedir (İyiduvar, 1986). Bu denli yüksek salinite ve sıcaklık değerlerine sahip olan İskenderun Körfezi, Süveyş Körfezi'nde gözlenen 18.1- 28.3 °C'lik sıcaklık ve ‰33.5-40.3'lük salinite değişimine oldukça yakın benzerlik göstermektedir (Serpın, 2007).

#### **1.1.4. Akdenizin Oşinografik Özellikleri**

Akdeniz buharlaşma sonucu yitirdiği suyun ancak üçte birini akarsularla yeniler. Dolayısıyla, Atlantik Okyanusu'ndan Akdeniz'e sürekli bir yüze suyu akıntısı vardır. Akdeniz'e az miktarda su da Marmara Denizi'nden gelir. Atlantik Okyanusu'ndan gelen su Cebelitarık Boğazı'ndan geçtikten sonra Afrika'nın kuzey kıyısı boyunca ilerler. Doğuda Akdeniz'in kuzeydoğu sahillerine sürüklenen suyun buharlaşma ile tuzluluğu, buna bağlı olarak da yoğunluğu artar ve yoğunlaşan su dibe çöker. Dibe çöken bu su katmanı tekrar Atlantik Okyanusu'na geri döner. Tunus açıklarında ayrılan bir kol Sicilya adasının üzerinden İtalya kıyılarına geçer. Diğer bir kol ise kıyıların biçimine uygun olarak Cenova ve Lion körfezlerinin güneyinden İspanya kıyılarına varır (Şekil 1.1.). Akdeniz'de Türkiye kıyıları boyunca batıya doğru hareket eden bir akıntı vardır. Bunun kökeni büyük güney akıntısıdır (Tsimplis ve ark., 2006).



Şekil 1.1. Akdeniz'de akıntı sistemleri (Tsimplis ve ark., 2006)

## 1.2. Akdeniz'e Yabancı Türlerin Göçü

### 1.2.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Yabancı Türlerin Göçü

Kızıldeniz'den Akdeniz'e geçiş yapan türler genel olarak Akdeniz'in kuzey kıyılarına izleyerek batıya doğru yayılmaktadırlar. Bu yönlü yayılımın sebebi; Akdeniz siklonik kıyasal akıntısının balık yumurta ve larvalarını sürüklemesi ve Nil Nehri'nin tatlı su girdisinin oluşturduğu hidrografik bariyer nedeniyle, kanalı geçen balıkların Akdeniz'in güney kıyıları boyunca batıya doğru yayılmayı tercih etmemeleridir (Şekil 1.2.). Bu sebeple Lesepsiyen göç Doğu Akdeniz'in doğu kıyılarında ve Türkiye'nin güney kıyılarında daha etkili şekilde kendini göstermektedir (Ben-Tuvia, 1966; Avşar, 1999; Mavruk ve Avşar, 2007).



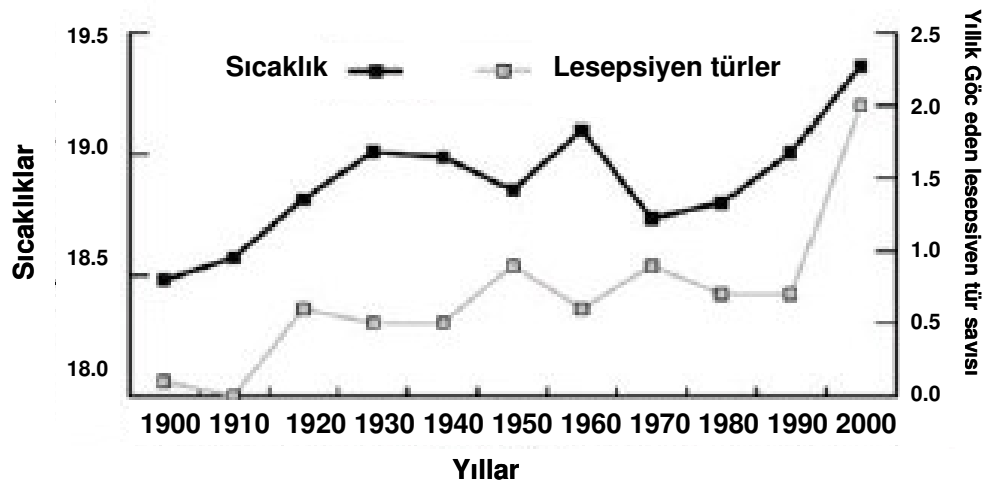
Şekil 1.2. Kızıldeniz'den ve Atlantik Okyanusu'ndan Akdeniz'e göç yolu

### 1.2.1.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Göçü Sağlayan Vektörler

#### 1.2.1.1.1. Küresel İklim Değişikliğinin Etkisi

Küresel iklim değişikliği, İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e göçe katılan türlerin Akdeniz ortamında yerleşmelerine imkan vererek dolaylı yoldan etkileyen ama tüm vektörlerin sonucunu şekillendiren bir unsurdur. Canlıların taşınması demekle, tüm canlıların geldikleri yeni ortamda yaşayabilecekleri anlamı düşünülmemelidir. Yeni ortama katılan tüm türler, ortama yerleşmek hususunda başarılı olamamaktadır (Ben-Tuvia, 1977a; Por, 1990; Mavruk ve Avşar, 2007). Canlıların geldikleri yeni ortamda yaşayabilmeleri, üreyebilmeleri, istilacı tür olmaları, ya da belli durumlarda biyolojik kirliliğe sebep olmaları, geldikleri ortam koşullarının bu canlıların genetik yapılarında barındırdıkları adaptasyon sınırları ile doğrudan alakalıdır.

Küresel iklim değişikliğinin meydana getirdiği Akdeniz'in deniz suyu sıcaklık artışı, bazı canlıların adaptasyon sınırları içerisinde olmayan Akdeniz'i bu sınırlar içerisine çekerek türlerin Akdeniz'e taşınmalarının ardından başarılı şekilde yerleşmelerine ortam sağlamaktadır. Bu sıcaklık artışıyla olan ilişkiyi, son yüz yılın değerlendirmesini yaparak Lasram ve Mouillot (2009) ortaya koymuştur. Çalışmada 1900 yılından günümüze Akdeniz'deki Leseptiyen türlerin, sıcaklıkla bağlantılı olarak, yıllık Akdeniz'e geçen tür sayısını grafikte gösterilmiş ve sıcaklıkla doğru orantılı olarak tür artışını ortaya koymuşlardır (Şekil 1.3.).



Şekil 1.3. Yıllara göre sıcaklık artışına bağlı Leseptiyen göç durumunun grafik üzerinde gösterimi (Lasram ve Mouillot, 2009)

### 1.2.1.1.2. Süveyş Kanalı

Süveyş kanalı, Akdeniz ile Kızıldeniz'i birleştiren 162.5 km uzunluğunda, 200-300 m genişliğe sahip ortalama 10-15 m derinlikte bir kanaldır (Golani, 1998). Kanal açılmasından sonra Mısır tarafından bazı değişikliklere uğratılmış ve her değişimin ardından Akdeniz'e daha fazla sayıda tür geçişi meydana gelmiştir. Por (2009) son yıllarda binlerce tropikal canlı türünün Akdeniz'e dahil olduğundan bahsetmiş, İnsanlığın Akdeniz'in Tetis Denizi'ne geri döndüğüne tanıklık ettiğini söyleyerek Akdeniz'de meydana gelen değişime dikkat çekmek istemiştir.

Milattan önceki devirlerde (MÖ 3032'den sonra), Kızıldeniz'den Akdeniz'e açılan kanallarla *Acanthophora najadiformis*, (Kırmızı yosun) ve *Pinctada radiata* (Mollusca) gibi birçok canlının Akdeniz'e yerleştiğinden bahsedilmektedir (Por, 1978; Cirik ve Akçalı, 2002). 15 Ağustos 1869'da Süveyş Kanalı'nın açılmasından sonra ilk balık türü 1902'de kanalın açılımdan 33 yıl sonra Hayfa'dan (İsrail) bildirilmiştir (Ben-Tuvia, 1985). Bildirilen bu tür gümüş balıklarından olan *Atherinomus lacunosus (forskalii)* tür. Bu türün bildirilmesinin ardından, şimdiye kadar sayısı 77 türe ulaşan (Golani ve ark., 2008; Goren ve ark., 2008; Zenetos ve ark., 2008; Goren ve ark., 2009; Golani ve ark., 2010), Süveyş Kanalı'nın tasarlayıcısı Ferdinand Vicomte de Lesseps anısına 1970 yılında Dov Por tarafından ismi verilen (Mater ve ark., 1995; Başusta ve Erdem, 1998), Lesepsiyen balık göçü başlamıştır.

### 1.2.1.1.3. Gemilerin Balast Suları ile Canlı Taşımını

Denizel ulaşımın çok önemli boyutlarda olduğu günümüzde her gün yüzbinlerce m<sup>3</sup> deniz suyu içindeki mikroskobik organizmalar, balast suyu olarak dünyanın bir yöresinden çok uzak başka yörelere taşınmaktadır (Cirik ve Akçalı 2002). Bu suların içinde bentik ve planktonik bitki ve hayvan türlerinin yumurta ve larvaları bulunmaktadır. Yapılan bir analizde Japonya'dan Amerika'ya giden bir tankerin balast suyu içinde canlı 367 tür tespit edilmiştir. Taraklı medüzlerden *Mnemiopsis leidyi*'nin 1982'de Karadeniz'e bir Amerikan araştırma gemisinin balast suları ile girdiği keza Avrupa kıyılarına pek çok planktonik diatomea türünün (*Biddulphia sinensis*, *Thalassiosira angstii*, *Coscinodiscus walesii*) aynı yolla çeşitli gemiler tarafından taşındığı belirtilmiştir. (Boalch, 1987, Boudouresque & Ribera, 1994; Cirik ve Akçalı 2002).

#### 1.2.1.1.4. Gemi Karinalarına Tutunma ile Canlı Taşınımı

Gemi karinaları üzerinde gelişen yapışıcı ve tutunucu organizmalar (fouling türler) denizel canlıların bir yerden başka bir yere taşınımında önemli yer tutarlar. Bu taşınım çok eski yıllardan beri olduğundan bazı gruplardaki canlıların dünyanın pek çok yerinde yerleşip kozmopolit hale gelmesine neden olmuştur (çeşitli Serpulidae ve Crustacea türleri ile Alglerden Acrochaetiales, Ectocarpales, Cladophorales takımından türler gibi) (Pollard & Hutchines, 1990).

#### 1.2.1.1.5. Akvaryum Faaliyetleri ile Canlı Taşınımı

Avrupa'da, iç sularda gelişen yaklaşık 80 yabancı türün çeşitli akvaryumlardan kaynaklandığı tespit edilmiştir (Welkommer, 1992). Batı Akdeniz'de gelişen ve ekolojik felakete yol açan *Caulerpa taxifolia* türü de Avrupa akvaryumlarına süs bitkisi olarak getirilmiş, 1984'te Monako Akvaryumu'ndan denize karışarak gelişmiştir (Cirik ve Akçalı, 2002). Akvaryoloji ile Avrupaya getirilen alg türünün yüzü aştığı belirtilmektedir (Boudouresque ve Ribera, 1994).

#### 1.2.1.1.6. Yetiştiricilik Faaliyetleri Sonucunda Canlı Taşınımı

Yetiştiricilik faaliyetleri sırasında, yetiştiriciliği yapılan türün yanında diğer başka türlerinde yeni ortama yerleştiğine dair tespitler bilinmektedir (Cirik ve Akçalı, 2001). En tipik örnek olarak Japon istiridyesi (*Crassostrea gigas*) verilebilir. Bu tür daha düşük verimli olan ve daha sonrada viral bir hastalık nedeniyle tükenen Portekiz İstiridyesi'nin (*Crassostrea angulata*) yerini almak üzere 1970'li yıllarda Fransa kıyılarına getirilmiştir (Grizel & Heral 1991). Japonya'dan getirilen 10.000 adet yeni tür istiridye üzerinde yabancı canlıların uzaklaştırılması için karantina amacıyla bir saat tatlı suda bekletilerek üreticiye verilmiştir. Ancak daha sonra yapılan araştırmalar bu yöntemin yetersiz olduğu, istiridye üzerinde bulunan pek çok Actinia, Polychaeta, Turbellaria, Bryozoa, Mollusca, Crustacea grubundan çeşitli türlerin, istiridye kültürü yapılan alanlarda geliştiği belirtilmiştir (Gruety ve ark., 1976). Akdeniz kıyılarındaki Thau lagününde gelişen dokuz yabancı yosun türünün de *Crassostrea gigas* kültürüyle birlikte geldiği belirtilmiştir. (*Laminaria japonica*, *Undaria pinnatifida*, *Sargassum muticum*, *Sphaerotirichia divaricata*, *Antithamnion nipponicum*, *Chrysomenia*

*wrightii*, *Gratelapia doryphora*, *Lomentaria hakodatensis*, *Porphra yeosoensis*) (Benmaiz ve ark., 1987, Cirik ve Akçalı, 2002). Karadeniz'e Ruslar tarafından yetiştiricilik amacıyla getirilen ve doğaya kaçırılan kefal türü *Mugil soiuu* Karadeniz'de 1992'de tespit edilmiştir (Ünsal, 1992).

#### **1.2.1.1.7. Bilimsel Araştırma Faaliyetleri Sebebi ile Canlı Taşınımı**

Yetiştiricilik, fizyoloji, genetik gibi bilimsel faaliyetler sırasında çalışılan yabancı canlı türlerinin kazayla veya dikkatsizlik nedeniyle deniz ortamına karışması sonucu yeni yerleşim bölgesinde geliştikleri tespit edilmiştir. Örnek olarak Filipin kökenli kırmızı yosunlardan *E. spinosum* türü Antil adalarına bu yolla yerleşmiştir (Cirik ve Akçalı, 2002)

#### **1.2.2. Atlantik Okyanusu'ndan Akdeniz'e Yabancı Türlerin Göçü**

Atlantik Okyanusu ile Akdeniz'in bağlantısı, 5.32 milyon yıl önce Pliyosen olarak adlandırılan çağda Cebelitarık Boğazı'nın açılması ile başlamıştır (Sonin ve ark. 2009). Bu tarihten itibaren Atlantik kökenli türlerin Akdeniz'e girişi şu ana kadar devam ederek sürmüştür ve sürmektedir. Golani ve ark. (2002) tarafından Atlantik'ten son zamanlarda yapılan balık kayıtları incelenerek, balık geçişleri genelde bireysel geçişler olarak gözlenmiş ve gelen türlerin sürdürülebilir populasyonlar kuramadığına dikkat çekilmiştir.

Atlantik Okyanusu'ndan Akdeniz'e göç eden türler, Boreal Atlantik ve Atlantik kökenli olarak iki grup altında değerlendirilirler. Oral (2010), yaptığı çalışmada Akdeniz'deki Atlantik kökenli balıkların sayısını 67, Boreal Atlantik kökenli balıkların sayısını 3 olarak belirlemiştir.

#### **1.3. Türkiye Denizlerindeki Yabancı Türler**

Türkiye denizlerinde buluna balıkların, %68 i Atlantik kökenli Akdeniz türlerinden, %14'ü Akdeniz endemiği türlerden, %13'ü kozmopolit türlerden %11'i ise Lesepsiyen türlerden oluşmaktadır (Turan, 2010). Bir başka kaynağa göre de Akdeniz'in balık faunası içerisinde Akdeniz'in yerli türleri %66, Atlantik göçmeni türler %12, İndo-Pasifik göçmeni türler ise %22'lik oranda dağılım göstermektedir (Azzurro, 2008).

Bilecenoglu (2010)'nun tespitine göre 2000 yılına kadar Akdeniz'in Türkiye sahillerine 0,75 yılda 1 tür yabancı balık türünün giriş yaparken 2000 yılından sonra yılda 2.4 yabancı balık türü Akdeniz'in Türkiye sahillerinden bildirilmiştir.

Süveyş Kanalı'nın açılmasının ardından Türkiye sahillerinden ilk balık kaydı 1940'lı yıllardan sonra Erazi (1943) tarafından İskenderun Körfezi'nden yapılmıştır. Bu tür *Leiognathus klunzingeri* (*Equulites klunzingeri* (Steindachner, 1898))'dir. Bu türün ardından 1950 de *Hemiramphus far*, *Atherinomorus forskali*, *Sargocentron rubrum*, *Upeneus moluccensis*, *Upeneus pori*, *Liza carinata*, *Sphyræna chrysotaenia* türlerini bildirmiş (Kosswig, 1950) ve günümüzde Türkiye balık faunası içindeki Lesepsiye türlerin sayısı Turan ve Yaglioglu (2011) tarafından Türkiye sahillerinde ilk defa tespit edilen, balon balıklarının bir türü olan *Tylerius spinosissimus* türü ile birlikte 53, Akamca ve ark. (2010)'nın bildirdiği *Decapterus russelli* türü ile 54 ve yine Akamca ve ark. (2011)'nin bildirdiği *Abudefduf vaigiensis* türü ile 55 tür olarak bilinmektedir.

#### 1.4. İndo-Pasifik Kökenli Balık Türlerinin Akdeniz'de Koloni Oluşturması

*Atherinomorus lacunosus (forskalii)* türünün 1902 senesinde kanalın açılmasından 33 yıl sonra Tillier (1902) tarafından bildirilmesinin ardından (Ben-Tuvia, 1985), şu ana kadar sayısı 77 olan Lesepsiye balık göçü başlamıştır. Doğu Akdeniz ihtiyofaunasının yaklaşık %15'lik kısmının Lesepsiye türlerden oluştuğu bilinmektedir (Mavruk ve Avşar, 2007).

Akdeniz'in küresel iklim değişikliğinden kaynaklı sahip olduğu iklim kuşağının subtropikalden tropikale kayması sebebiyle İndo-Pasifik'le arasında bulunan Fiziko-kimyasal ve hidrocoğrafik bariyerlerin kalkması, İndo-Pasifik kökenli türlerin bazılarının Akdeniz'e yerleşebilmelerine imkan vermiştir. Lasram ve Mouillot (2009) yaptıkları çalışmada, 1900 yılından bu zamana kadar Akdeniz'in sıcaklığının artmasıyla Lesepsiye türlerinde Akdeniz'de artış gösterdiğini ortaya koymuştur (Şekil 1.3.). Akdeniz'in doğusunda Lesepsiye türlerin kolonileşmesi daha yoğundur. Bu kolonileşmenin doğudan Türkiye sahillerine doğru yönelmesinin sebebi, Akdeniz'in sahip olduğu akıntı sistemlerinin etkisiyle Kızıldeniz'den Akdeniz'e giren balık yumurta ve larvalarının bu hat boyunca sürüklenmesidir. Balık yumurta ve larvalarının sürüklendikleri bu bölgelerde yaşamaları ve başarılı koloniler oluşturmaları, türlerin genetik yapılarında barındırdıkları adaptasyon sınırlarıyla bağlantılı olmaktadır. Çünkü

Lesepsiyen göçle ortama dahil olan her tür, ortamda kolonileşme başarısı gösterememektedir.

Doğu Akdeniz'deki yabancı balıklardan bazılarının Akdenizin yerel türlerinden bazılarının oluşturdukları toplulukların ekolojik nişlerini paylaşarak, onların uzaklaşmasına neden oldukları da tespit edilmiştir. Örnek verecek olursak *Upeneus moluccensis*, *Mullus barbatus*'un, *Saurida undosquamis*, *Synodus saurus*'un kendi ortamlarından uzaklaşmasına sebep olmuşlardır (Spanier ve Galil, 1991). Doğu Akdeniz'deki balıkçılığı incelediklerinde yerel türlerin büyük ölçüde azaldığını ve bunların yerine Lesepsiyen türlerin dikkati çekecek şekilde yerleştiğini ve Lesepsiyen türlerin aynı ekolojik niş içerisine girdiği türlere karşı başarılı bir kolonileşme gösterdiği, Oztürk (2010) tarafından açıklanmıştır.

#### 1.4.1. Akdeniz'de Koloni Oluşturan Lesepsiyen Bir Tür: *Saurida undosquamis*

Synodontidae familyasına ait bir tür olan *S. undosquamis* (Richardson, 1848), genel olarak 30–70 metre derinliklerde 300 metre derinliğe kadar bulunabilen, dipte kumlu ve çamurlu zeminlerde varlık gösteren demersal bir balıktır. *S. undosquamis*, İndo-Pasifik'ten; Kızıldeniz, Doğu Hint Okyanusu, Malay Yarımadası, Güney Filipinler, Japonya, Kuzey Java, Arafura Denizi, Avustralya'nın Kuzeyi Güneybatısı, Güney Doğu Akdeniz'den; Mısır, Libya, İsrail, Doğu Akdeniz'den; Lübnan, Suriye ve Türkiye'nin Kuzey Doğu Akdeniz sahillerinde dağılım göstermektedir (Ben-Tuvia, 1953; Serpin, 2007; Turan ve ark., 2007a; Anonymous, 2011a; Anonymous, 2011b).



Şekil 1.4. *Saurida undosquamis*'in genel yapısı

*S. undosquamis*'te vücut silindirik ve fuzi form yapıdadır. Ağız geniş olup çok sayıda dişe sahiptir. Vücudun yan kısımlarında 7-10 arası siyah benek bulunur. Kuyruk



yüzgecinin 1. sert ışını üzerinde siyah benekler bulunur (Şekil 1.4.). 2. dorsal yüzgeç bulunmaktadır, fakat bu yüzgeç yağ yüzgeci olarak adlandırılan ışısız yüzgeçtir.

Meristik özellikleri: D: 11-12, A: 11-12, P: 14-15, V: 7-8, LL: 45-52.

*S. undosquamis*'in tüm yıl boyunca olgunlaşmış gonadlara sahip olduğunu İşmen (2003) ve El-Halfawy ve ark., (2007) tarafından yapılan çalışmalarda ortaya konmuştur. *S. undosquamis*'in Mayıs-Temmuz ve Eylül-Kasım ayları arası olmak üzere iki dönemde yumurta bıraktıklarını İşmen (2003) İskenderun Körfezi'nde tespit etmiş, bunun yanında Yılmaz ve Hoşsucu (2007b) yaptıkları çalışmada ise Antalya Körfezi'nde *S. undosquamis*'in Nisan ve Eylül aylarında yumurtladığını tespit etmişlerdir. Üreme boyu erkekler için 16 cm dişiler için 16.5'cm'dir (İşmen, 2003). *S. undosquamis*'te Maksimum boy 40 cm kadardır. Predatör bir balık olmasından kaynaklı omurgasızlar ve kemikli balıklarla beslenirler (Serpın, 2007).

*S. undosquamis*, ilk olarak 1953 yılında Akdeniz'den tespit edilmiş, yüksek kolonileşme başarısıyla dikkati çeken, 1956'lardan bu yana, Mersin ve İskenderun Körfezi başta olmak üzere Doğu Akdeniz'de dip trol av kompozisyonundaki payı artan, önemli türlerinden biridir (Gücü ve Bingel, 1994; Golani, 1998; İşmen, 2003; Özyurt ve Avşar, 2003; Yılmaz ve Hoşsucu, 2007a). Bu özellikleri çalışmada kullanılan türün *S. undosquamis* olmasına neden olmuştur. Serpın (2007) İskenderun, Mersin ve Antalya körfezlerinde bulunan *S. undosquamis* popülasyonlarından morfolojik, meristik ve otolit mikrokimyası analizlerini yapmış ve popülasyonları karşılaştırmalı olarak tartışmıştır. Bu çalışma verilerinin, elde edilen genetik verilerin tartışılmasına destek olacak olması tür seçiminde etkili olmuştur.

#### **1.4.2. İndo-Pasifik ve Akdeniz'de Yaşayan Türler Arasındaki Genetik İlişki**

Lesepsiyen göçün meydana geliş süreci, meydana geliş nedenleriyle ilgili ortaya konan ve yukarıda bahsedilen sebeplerin yanında, bu göçe katılan türlerin genetik özelliklerinin de bu göçe sebebiyet verip, yönlendirebileceği fikrini düşünmeye sebep olan bazı genetik ve ekolojik sebepler vardır.

Lesepsiyen türlerle Akdeniz'de yapılan genetik çalışmalar, bu türlerin Akdeniz'de türlere göre değişen özelliklerde genetik farklılıklar gösterdiğini ortaya koymaktadır. Kimi türler Akdeniz ortamında genetik darboğaz geçirirken (*F. commersonii*) (Golani ve ark., 2007) kimileri farklı genetik çeşitlilikleri Akdeniz

ortamında ortaya koymaktadırlar (*S. rivulatus*, *S. luridus*) (Shakman, 2008). Bu sonuçla, Akdeniz ortamının türlerin genetik yapıları üzerine etkilerinin bulunduğu yapılan genetik çalışmalarda değinilmiştir (Golani ve Ritte, 1999, Golani ve ark., 2007; Shakman, 2008; Bernardi ve ark., 2010). Akdeniz ortamının türlerin genetik yapıları üzerinde kolonileşme başarısını etkileyen değişimleri benzer bir biçimde gösterebileceği düşüncesi bu temelde şekillenmiştir.

### 1.4.3. Çalışmada Kullanılan Türlerin Tercih Edilme Sebepleri

Çalışmada tercih edilen 10 familyaya ait 21 tür, türlere özgü özel durumlar dikkate alınarak özenle yapılmıştır.

Synodontidae, familyasına ait, *S. undosquamis*, Mullidae familyasına ait *U. mollucensis*, Sphyraenidae familyasına ait *S. pinguis*, Haemulidae familyasına ait *P. stridens*, Akdeniz’de gösterdikleri yerleşme başarısı ve işgalci yapıları sebebiyle seçilen Lesepsiyen göçmen türlerdir. Bu familyaların genetik farklılıklarının ve türler arası genetik farkın daha net ortaya koyulabilmesi için, aynı familya üyelerinin Akdeniz’deki türleri ve İndo-Pasifik denizlerinde bulunan aynı familya üyeleri çalışmaya dahil edilmiştir.

Hemiramphidae familyasına ait *H. far*, Nemipteridae familyasına ait *N. randalli*, Akdeniz’e lessepiyen göçle gelen türlerdir. Bu türlere ait genetik verilerin daha net yorumlanabilmesi için, İndo-Pasifikte varlık gösteren aynı familya üyeleri tercih edilmiştir (*H. archipelagicus*, *N. japonicus*).

*T. choram* ve *R. kanagurta* türleri Akdeniz’den bildirilmesine rağmen Akdeniz’de yerleşme başarısı gösteremeyen türler olduklarından bu grubu temsil edebilmek için seçilmişlerdir.

*L. lentjan* üyesi olduğu familyanın Akdeniz’de türünün bulunmaması, *P. americanus* ise temsil ettiği familyanın İndo-Pasifik’te üyesi bulunmaması sebebiyle tercih edilen iki türdür.

### 1.5. Genetik Değişime Sebep Olan Mikroevrimsel Güçler

Makro evrim, genel olarak tür üstü taksonların evrimini ifade eder. Evrime sebep olan temel faktörler (mutasyon, göç, genetik sürüklenme, seleksiyon) uzun zaman

sürecinde makroevrimsel deęişikliklerle yol açarlar. Mikroevrimsel deęişim tür bazında ve türlerin popülasyonları arasında gözlenen evrimsel mekanizmadır (Bardakçı, 2007).

### **1.5.1. Genetik Mutasyonlar**

Biyoeçşitliliğin kaynağı mikroevrimsel ve makroevrimsel süreçlerle işleyen mutasyonlardır (Bardakçı, 2007). Mutasyon, herhangi bir allelin herhangi bir yerinde sıcaklık, kirlilik, ağır metal etkisi veya genetik yapıyı deęişime uğratması muhtemel sebeplerin birinden kaynaklı meydana gelen ve meydana geldiği genotipi deęiştiren önemli bir olaydır (Başaran ve ark. 2006).

Mutasyon, popülasyonu oluşturan tüm bireylerde aynı deęişim şeklinde görülmediği takdirde, genetik çeşitliliğe sebep olur ve genetik çeşitlilik türler için bir avantajdır. Eğer ki mutasyon, popülasyonu oluşturan tüm canlılar için söz konusu olursa, gen kayması dediğimiz olay olur. Bu olay sonucunda türler, artık alt tür veya deęişim miktarı çok fazla ise farklı tür olmaya kadar giden genetik deęişim sürecini yaşayabilirler. Bu durum popülasyonlar için söz konusu olursa artık o bölgede bu popülasyona rastlanmaz. Bu da dış baskılar sebebiyle bir türün veya popülasyonun neslinin yaşadığı bölgede tükenmesi anlamına gelir.

### **1.5.2. Genetik Göç**

Genlerin bir popülasyondan diğerine her türlü hareketi göç, yani gen akışı olarak adlandırılır. Popülasyonlar arasında meydana gelen göç yani gen alışverişi popülasyonlar arasında meydana gelebilecek deęişikliklerin ortadan kalkmasını sağlar. Bir popülasyona göç ile katılan bireyler, bu popülasyonun gen havuzuna yeni allellerin katılmasını ve var olan allellerin ve genotipin korunmasını sağlar (Turan, 2000). Bu durum, popülasyonlara olumlu yönde etkileri olsa da popülasyonun dengesini bozan bir unsur olarak sonuçlanabilir. Popülasyona dışardan katılacak genetik materyalin o popülasyonun ortam koşullarına adaptasyon sürecinde kazanmış olduğu bazı genetik özelliklerin bozulmasına yol açarak popülasyonun yıkım sürecini de başlatabilir. Aksi durumda popülasyonun gen havuzunu zenginleştirerek, popülasyona dışardan gelecek baskılara daha dirençli genetik yapılarla karşı koyabilme imkanını da verebilir (Turan, 2000).

### **1.5.3. Genetik Darboğaz (Genetic Bottleneck)**

Genetik darboğaz; Populasyonların, buldukları ortam koşullarının doğal veya insansal sebeplerden kaynaklı değişiklikler göstermesi sonucunda, yeni koşullara adapte olamayan genetik yapıya sahip türlerin ortadan kalkması şeklinde sonuçlanabilen bir durumdur. Ayrıca populasyonların gen havuzunda aynı genetik yapının çiftleşmesi sonucunda genetik çeşitliliğin bir sonraki jenerasyonda ani düşüş göstermesi veya populasyonların göç sebebiyle geldikleri yeni ortamda yaşayabilen genetik yapının çeşitlilik göstermemesi durumunda, populasyonların gen havuzunda meydana gelen ani düşüşlerle türün yaşadığı bölgede yok olmasına kadar gidebilecek bir süreçtir.(Nei ve ark., 1975; Glenn, ve ark., 1999; Golani ve ark, 2007).

### **1.5.4. Genetik Sürüklenme (Genetik Drift)**

Populasyonların dengede kalmasını sağlayan koşullardan biride populasyonların büyük olmasıdır. Küçük populasyonların dış etkenlerden kaynaklı sayıca azalmaları, populasyonların genetiksel değişikliklere uğramalarına ve gen frekanslarında bazen geri dönüşümü olmayan değişikliklere uğramalarına sebep olur. Genetik sürüklenme, bir populasyondaki herhangi bir veya birkaç özelliğin tamamen şansa bağlı olarak değişmesi olayıdır (Turan, 2002).

Genetik sürüklenmeye maruz kalan bireylere sahip populasyonların, varlıklarını başarılı bir şekilde sürdürebilmeleri sayısal olarak büyüklüklerini artırmalarıyla mümkün olabilir. Sayıca küçük populasyonların genetik sürüklenmeden etkilenip yok olmaları mümkündür. Bu sonucun ortadan kaldırılması için, populasyonların aşırı avcılık gibi birey sayılarını etkileyecek olumsuz koşullardan uzak tutulması, populasyonların devamlılığının sağlanması açısından çok önemlidir (Turan, 2002). Ortama göç ile gelen türlere ait bireylerin genetik sürüklenmeye maruz kalıp, ortamda yerleşmeden yok olmaları mümkündür.

### **1.5.5. Seleksiyon**

Seleksiyon, populasyon içerisinde bazı genotiplere diğerlerinden daha fazla çoğalma olanağı veren mekanizmadır. Bu tabiat tarafından olursa doğal seleksiyon olarak, insanlar tarafından olursa suni seleksiyon olarak adlandırılır.

Doğal seleksiyon mekanizmasında seleksiyon, ortama adapte olamayan canlıların ortadan kalkması şeklinde olur. Doğal seleksiyona karşı canlıların geliştirdikleri diğer mekanizma ortama adaptasyondur. Ortama adaptasyon ise ancak gen frekanslarında meydana gelen değişimlerin, bu canlıların bulunduğu ortama daha iyi uyum sağlamasına neden olan organların ya da diğer özelliklerin genetik özelliklerine bağlı olarak oluşmasına katkıda bulunduğu ölçüde gerçekleşir. (Turan, 2002). Canlıların hepsi ortama adaptasyon başarısını aynı ölçüde ve aynı ivedilikle gösteremezler. Yeni koşullara sahip ortamda genetik çeşitlilikte azalmalar gösterebilmektedirler. Meydana gelen azalmalar, bir popülasyonun suni veya doğal yolla çevrede meydana gelen değişimlere karşı daha zor adapte olmasına neden olabilmekte, bu da şiddetli popülasyon dalgalanmalarına sebep olarak o popülasyonun yok olmasıyla sonuçlanabilmektedir. Bundan dolayı seleksiyona karşı bir güç olan genetik çeşitlilik, adaptasyona dayanan evrimsel değişiklik için hayati bir rol oynamaktadır (Turan, 2000).

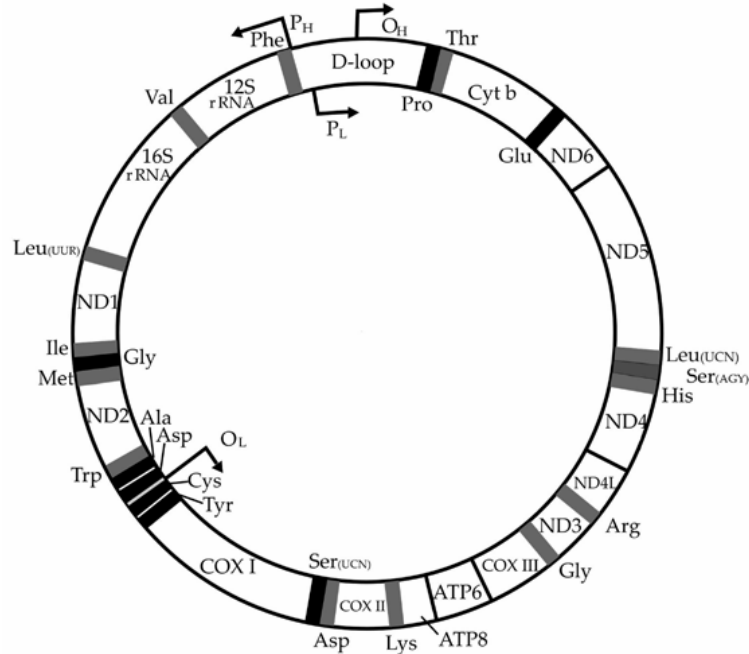
#### **1.6. Genetik Farklılıkların Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler**

Popülasyonlar ve türler arası farklılıkların tespitinde fenotipik teknikler kullanıldığı gibi moleküler genetik teknikler de kullanılmaktadır. Canlıların barındırdığı fenotipik özellikler çevresel faktörlere bağlı olarak değişiklik gösterebildiğinden kullanılan fenotipik teknikler yanıltıcı olabilmektedir. Bu nedenle Popülasyonlar ve türler arası farklılıkların tespitinde moleküler genetik tekniklerin kullanılması kaçınılmaz olmuştur. Bu ihtiyaca karşılık vermek için birçok genetik teknik geliştirilmiştir (Turan, 2000).

Popülasyonlar ve türler arası farklılıkların tespitinde kullanılan, Protein Elektrofrez, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR = Polymerase Chain Reaction), Sınırlama Parçalarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP = Restriction Fragment Length Polymorphism), DNA Dizileme Metodu (Sequencing), DNA Parmak İzi Metodu (Genetic Fingerprinting), Mikrosatellite ve Polimorfik DNA'nın Rasgele Çoğaltılması (RAPD = Random Amplification of Polymorphic DNA) gibi teknikler, bu amaca yönelik olarak günümüzde yaygın olarak kullanılan tekniklerdir (Turan, 2000).

### 1.6.1. Mitokondrial DNA

1898'de Benda, ilk kez tarif ettiği bu organeli, Yunanca "iplik şeklinde granül" anlamına gelen mitokondri terimini kullanmıştır. Mitokondri, ökaryotik hücrelerin enerji üretimi görevini üstlenen ve kendi DNA'sına sahip sitoplazmik bir organeldir. Sayıları enerji ihtiyacına göre, hücreden hücreye değişen mitokondriler, 1-7 mikrometre uzunluğunda çubuk şeklinde veya 2-3 mikrometre çapında küresel yapılardır (Şekil 1.5.). Bu küresel yapı (mitokondrial genom) 37 gen içerir. MtDNA'nın evrim hızı, nükleer DNA (çekirdek DNA'sı)'ya göre 10-20 kat daha fazladır. Bunun nedeni, oksijen radikallerine daha fazla maruz kalması, koruyucu ve tamir sistemlerinin yokluğudur. Bu yüzden mtDNA mutasyonlara daha açıktır. Bu sebeplerle, evrim çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biridir (Wilson, ve ark., 1985). MtDNA yüksek evrilme hızından dolayı, yakın akraba türler ve bir türün populasyonlarını karşılaştırmada son derece yararlı olmuştur (Harrison, 1989). Çekirdek DNA'sı ile karşılaştırıldığında, efektif büyüklüğü dörtte biri kadar olduğundan, populasyonların genetik olarak kolayca farklılaşmasına neden olur. Genetik sürüklenme çekirdek DNA'sına göre mitokondrial genom üzerinde daha etkili bir mekanizma olarak işlediğinden, populasyonlara özgü mtDNA belirteçleri geliştirmek daha olasıdır.



Şekil 1.5. Balık mitokondrisinde (mtDNA) genlerin dizilimi

### 1.6.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

İlk olarak 1985'de bilim dünyasına sunulduktan sonra Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR), araştırma ve klinik çalışmalarda yeni bir çığır açmıştır. Metod basitçe tüpte nükleik asitlerin uygun koşullarda çoğaltılmasıdır. Bu buluşundan dolayı K. Mullis, 1993 yılı Nobel Kimya Ödülüne hak kazanmıştır (Birben, 2006).

PCR reaksiyonu, DNA'nın iki zincirinin yüksek ısı ile birbirinden ayrılmasını (denatürasyonun), daha sonra sentetik oligonükleotidlerin hedef DNA'ya bağlanmasını (hibridizasyon), son aşamada ise polimeraz olan *Taq* (*Thermus aquaticus*) adlı enzimin sentezlemesi (polimerizasyon) (Mullis ve Faloona, 1987) sonucu çift iplikçikli DNA'ların enzimatik olarak sentezi ve bu aşamaların belirli sayıda tekrarlanmasına dayanır. PCR yönteminin gelişmesinde en büyük katkıyı *Taq* Polimeraz enziminin bulunması yapmıştır. Yüksek sıcaklıklarda dahi dayanabilen tek enzim olan bu enzim, ilk olarak Yellowstone Milli Parkı'nda bir kaplıcada yaşayan termofilik bir bakteriden izole edilmiştir.

PCR reaksiyonunda bahsedilen her adım farklı ısılarda ve sürelerde gerçekleşir. Bu denatürasyondan başlayan, DNA'ların senteziyle son bulan döngüye ısı döngüsü (cycle) denir. Bu teknikle, bir DNA hedefini aşağıdaki formülle teorik olarak belirleyebilecek kadar çoğaltabiliriz (Snustad ve Simmons, 2003; Birben, 2006).

$$\text{Teorik verim} = 2^n \times y$$

$$n = \text{Isı döngüsü (cycle) sayısı}$$

$$y = \text{Başlangıçtaki kopya sayısı}$$

Örnek olarak, eğer 10 kopya ile başlarsak 30 döngü sonunda teorik olarak  $2^{30} \times 10 = 10.737.418.240$  sayıda DNA kopyasına ulaşabiliriz

Yöntem temelde çoğaltılmak istenen bölgenin iki ucuna özgü, bu bölgedeki baz dizilerine tamlayıcı bir çift sentetik oligonükleotid primer (18-20 baz uzunluğunda) kullanılarak; bu iki primer ile sınırlandırılan genin enzimatik olarak sentezlenmesine dayanır (Akar, 1999). PCR reaksiyonu sonunda elde edilen PCR ürünü Agaroz jel elektroforezi ile kontrol edilir ve kontaminasyona maruz kalan örnekler tespit edilir.

### 1.6.3. Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi (RFLP)

Sınırlama (restriksiyon) Parçası Uzunluk Polimorfizmi tekniği türlerin ve populasyonlarının genetik yapılarının arasındaki farkların belirlenmesinde en çok kullanılan tekniklerden biridir. DNA çalışmalarında yaygın olarak kullanılan bu teknik, PCR sonrası elde edilen DNA parçasının sınırlama (restriksiyon) enzimi ile reaksiyona sokularak parçalara ayrılması prensibine dayanır.

Sınırlama enzimlerinin 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. Bu spesifik DNA zinciri, “tanınma bölgesi” olarak adlandırılmaktadır. Sınırlama enzimleri, DNA üzerinde nerede ve ne kadar tanınma bölgesine rastlarsa, DNA’yı bu noktalardan keserler. Örneğin; *EheI* (*NarI*) enziminin tanıma dizisi, GGC<sup>▼</sup>GCC dir ve DNA üzerinde aynı dizilerin olduğu bir DNA zincirine rastladığında ok işaretinin olduğu bölgeden DNA’yı keser. Enzim muamelesi sonucu oluşan sınırlama parçaları, Jel Elektroforezi yoluyla jel üzerinde birbirinden ayrılır ve özel boyama metotları ile DNA parçaları arasında fark olup olmadığı tespit edilebilir. Bu parçalar arasındaki fark, yer değiştirme veya mutasyon sonucu, DNA üzerinde tanınma bölgesinin kazanılması veya kaybedilmesi sonucudur (Turan, 2002; Ergüden, 2007).



## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Lin ve Shao (1987a), Taiwan sahillerinde yaşayan Sphyraenidae familyasına ait 7 baraküda türüne ait diyagnostik özellikleri, tür teşhis anahtarını ve türlerin renkli resimlerini yaptıkları çalışmalarında vermişlerdir.

Lin ve Shao (1987b), Sphyraena cinsinin türleri üzerine yaptıkları morfoloji ve genetik çalışmasında, Taiwan bölgesinden 16 istasyondan 1975 ile 1987 tarihleri arasında aldıkları 8 baraküda türünü (*Sphyraena flavicauda*, *Sphyraena barracuda*, *Sphyraena jello*, *Sphyraena forsteri*, *Sphyraena japonica*, *Sphyraena acutipinnis*, *Sphyraena putnamiae*, *Sphyraena nigripinnis*) incelemişlerdir.

Spanier ve Galil (1991), İsrail balıkçılık istatistiklerini inceleyerek yaptıkları çalışmada, toplam trol av kompozisyonunda 1/3'lük kısmı lesepsiyen balık türlerinin oluşturduğunu belirtmişlerdir.

Bentzen ve ark. (1993), Kuzey Amerika ve Avrupa'daki Alosa ve Pomolobus cinsine ait 5 tirsi türü arasındaki moleküler sistematik ilişkinin derecelerini, mtDNA Metodu ile araştırmışlar ve iki grup arasındaki karışımın oldukça düşük olduğunu (Da=0.065) gözlemlemişlerdir.

Mater ve ark. (1995), lesepsiyen balıklar üzerine yapmış oldukları çalışmada, Türkiye denizlerinde lesepsiyen ekonomik türlerin Akdeniz balıkçılığı üzerinde etkili olmaya başladığını, özellikle *Saurida undosquamis* ve *Upeneus moluccensis* türlerinin bu etkiyi öncelikli gösteren türler olduğunu belirtmişlerdir.

Başusta ve ark. (1997), İskenderun Körfezi'nde bulunan lesepsiyen balıklar üzerine yapmış oldukları çalışmada, 22 lesepsiyen türün bulunduğunu belirtmiştir.

Golani (1998) yaptığı çalışmada, Akdeniz'deki 36 familyadan 54 tür lesepsiyen balığın tüm Akdeniz'deki dağılımını incelemiştir.

Taşkavak ve ark. (1998) yaptıkları çalışmada, lesepsiyen balıkların, dip trolü için bütün balık türlerinin yaklaşık %43'ünü, orta su trolü çalışmaları için %35'ini ve uzatma ağları için yaklaşık %19'unu oluşturduğu ve Türkiye deniz balıkları faunasına yeni lesepsiyen türlerin sürekli dahil olacağını belirtmişlerdir.

Turan ve ark. (1998), Atlantik okyanusunda bulunan Clupeidae familyasına ait ringa popülasyonları arasındaki genetik farklılıkları Protein elektroforezi ve mtDNA bölgesinin ND 5/6 genlerini sınırlama parçası uzunluk polimorfizmi (RFLP) tekniklerini kullanarak 6 sınırlama enziminde (AluI, CfoI, HaeIII, HinfI, MspI, RsaI)

incelemişlerdir. İnceleme sonucunda, populasyonların birbirinden farklı olduklarını bulmuşlardır. Sonuç olarak ND genlerinin populasyonlar arasındaki farklılıkların belirlenmesinde iyi sonuçlar verdiğini ve ileride buna benzer yapılacak olan populasyon çalışmalarında kullanılabilceğini belirtmişlerdir.

Golani ve Ritte (1999) yapmış oldukları çalışmada, Kızıldeniz ve Akdeniz'den aldıkları örneklerle bu iki denizde bulunan 9 barbun türü arasındaki genetik akrabalık ilişkilerini allozyme yöntemi kullanarak ortaya koymuşlardır. Çalışma sonuçlarında Kızıldeniz'de yaşayan Akdeniz'de bulunmayan *Upeneus subvittatus* türünün genetik olarak Kızıldeniz'de bulunan türlerden Akdeniz'de bulunan *Mullus surmuletus* türüne daha yakın (0.373) genetik ilişki gösterdiğini tespit etmişlerdir. En yüksek ortalama polimorfizmi gösteren 2 türün Akdeniz'de yaşayan *Upeneus pori* (0.150) ve *Mullus surmuletus* (0.150) populasyonlarının olduğu tespit edilmiştir. Bu iki türden sonra ortalama polimorfizmi en yüksek barbunun ise Kızıldeniz'de yaşayan *P. rubescens* (0.143) türü olduğu tespit edilmiştir.

Shaw ve ark. (1999), *Clupea harengus* ile *Clupea pallasii* arasındaki farklılıkları Mikrosatellite yöntemi ile araştırmışlardır. Pasifik ve Atlantik türleri için genetik yakınlığı ortalama olarak 0.037 ve 0.032 olarak saptamışlardır. Mikrosatellite yöntemiyle elde ettikleri bu sonuçları, aynı örnekleri kullanarak alloenzim ve mtDNA RFLP yöntemleri ile değerlendirmişler ve mikrosatellite yönteminin bu iki tekniğe göre daha hassas sonuçlar verdiğini, fakat türler arasındaki karışımın büyüklüğü hakkında daha az bilgi verdiğini gözlemlemişlerdir.

Başusta ve Erdem (2000) yaptıkları araştırmada, Aralık 1994-Kasım 1996 tarihleri arasında İskenderun Körfezi'nde bulunan balık türleri sistematik açıdan incelenmiş, toplam 67 familyaya ait 111 cins, 145 tür saptanmış, ayrıca, elde edilen türlerin 22'sinin Lesepsiye göçmen balık olduğu tespit edilmiştir.

Torcu ve Mater (2000), Akdeniz ve Güney Ege sahillerinde yaşayan lesepseyen balık türlerinin taksonomik konumları ve biyolojik özelliklerini, incelemişlerdir. Araştırmada, incelenen 22 türden, 8 türün ekonomik öneme sahip olduğunu belirlemişler ve daha önce *Upeneus asymmetricus* olarak tanımlanan türün *Upeneus pori* olduğu tespit etmişlerdir.

Hauser ve ark. (2001), Atlantik Okyanusu'nda bulunan Atlantik ringa balığı (*Clupea harengus*) populasyonları arasındaki farklılığı ayırt etmede mtDNA bölgesinin

ND 3/4 ve ND 5/6 genlerini RFLP tekniğini kullanarak araştırmışlardır. Araştırmalarının sonucunda İzlanda ringa stoklarının Kuzeydoğu Atlantik stoklarından genetik olarak farklı olduklarını ve Baltık Denizi ile İskoç Denizi ringalarının da birbirlerinden genetik olarak farklı olduklarını tespit etmişlerdir.

Miya ve ark. (2001) yaptıkları çalışmada, 24 farklı takımdan 48 balık türünün tüm mtDNA genomunu analiz etmişlerdir. 48 türün 38'inin ilk kez bu çalışma ile tüm mtDNA genomu tespit edilmiştir. Araştırma bulgularına göre *Clupeiformes* ve *Tetraodontiformes* takımları incelenen 24 takım içerisinde birbirlerine genetik olarak en uzak takımlar olarak tespit edilmiştir.

Pallaoro ve Dulcic (2001), Akdeniz'e lesepsiyen göçle dahil olan baraküda türü *Sphyraena chrysotaenia*'yı Adriyatik Denizi'nden ilk kez bulmuşlardır.

Karako ve ark. (2002) tarafından Akdeniz'e lesepsiyen göçe katılarak Kızıldeniz'den gelen denizyıldızı türü olan *Asterina burtoni*'nin Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) yöntemi ile Akdeniz ve Kızıldeniz populasyonları arasındaki genetik ilişki araştırılmıştır.

Yeşilçimen (2002), Antalya Körfezi'nde trol balıkçılığı ile yakalanan ekonomik balık türlerinin aylara göre dağılımı üzerine yaptığı araştırmaya göre, demersal balıkçılık kaynaklarımızın kontrolsüz ve aşırı avcılık sebebiyle gün geçtikçe azalmakta olduğuna dikkat çekmiştir.

Hassan ve ark. (2003) tarafından yapılan çalışmada, Akdeniz'de çevre parametrelerinin Kızıldeniz'den çok farklı olduğunu ve Kızıldeniz'den gelen balıkların yerel türlerle çevreye uyum gösterip, benzer gen akışı gösterip göstermediğini tespit etmişlerdir. Kızıldeniz'in lesepsiyen göçe katılan iki çarpan türünün (*Siganus luridus*, *Siganus rivulatus*) bireylerinin oluşturduğu populasyonlarının genotiplerini karşılaştırılmıştır. Çalışma da farklı moleküler genetik tekniklerin kullanımı ile Süveyş kanalının her iki tarafında iki lesepsiyen çarpan türünde genetik farklılaşma test edilmiştir. Çalışma sonucunda araştırılan türler için koloni oluşturmada baskın bir genetik farklılığın olmadığından, geniş göçmen yayılımdan ve populasyonların oluşumundan beri sürekli bir gen akışının bulunduğundan söz edilmiştir. Bunun yanında çalışmada, her iki türünde Akdeniz ve Kızıldeniz populasyonları arasında genetik farklılığın olmadığı, bu türler için göçün büyük sayılarda olduğu, *S. rivulatus* ve *S.*

*luridus* da bulunan geniş eko fizyolojik plastisitenin onlara yeni çevrede bu kolonileşme başarısını gerçekleştirmeleri için müsaade ettiği sonuçlarını ortaya koymuşlardır.

Dulcic ve Soldo (2004) yaptığı çalışmada, Adriyatik Denizi'nden *Sphyræna viridensis*'i 3 adet bireyle ilk kez bildirmiştir.

Saad (2005), Suriye sahillerinde bulunan tüm kemikli balık türlerini check-list şeklinde bildirdiği çalışmasında, Suriye sahillerinde 18 takıma ait 75 familyadan, 155 cinsin 224 türü bulunduğunu, bu türlerin içerisinde 37 Kızıldeniz göçmeni, 14 Batı Atlantik göçmeni tür olduğunu tespit etmiştir.

Kochzius ve Blohm (2005), *Pterois miles* (Scorpaenidae) üzerine yaptıkları çalışmada, Akaba Körfezi ve Kızıldeniz'in kuzeyinden 13, Hint Okyanusu'ndan 3 populyasyondan aldıkları 94 bireyde 38 farklı haplotip tespit etmişlerdir. Haplotip çeşitliliğinin Hint Okyanusu populyasyonlarından alınan 6 bireyin altısında da farklı haplotip tespit edilmiş, buna bağlı olarak en yüksek haplotip çeşitliliği ise bu bölge populyasyonlarında tespit edilmiştir (1.000 +/- 0.096).

Turan ve ark. (2005), Mugilidae familyasına ait 9 kefal türünün filogenetik ilişkisini 9 enzim kullanarak Allozyme yöntemiyle analiz etmişlerdir. En yüksek genetik farklılığı *Mugil. cephalus* ve *Liza aurata* türleri arasında (1.299), en düşük genetik farklılığı *Liza carinata* ve *Liza saliens* arasında (0.280) bulmuşlardır.

Azzurro ve ark. (2006), Siganidae familyası türlerine yönelik allozyme tekniği kullanılarak yapılan çalışmada, Siganus cinsine ait dört balık türü dizileme analiz kullanılarak demografik ve filocoğrafik olarak karşılaştırılmıştır. Ayrıca *Siganus luridus* türünün Kızıldeniz'den 1, Akdeniz'den 3 populyasyonunun mitokontrial DNA analizi ile genetik yapıları karşılaştırılmış, Akdeniz'de, Kızıldeniz'e göre daha düşük genetik çeşitlilik gösterdiği ortaya konulmuştur. (Akdeniz = haplotip çeşitliliği 0.879, genetik çeşitlilik 0.592, Kızıldeniz = haplotip çeşitliliği 0.978, genetik çeşitlilik 0.958).

Dalyan (2006), İskenderun körfezindeki lesepsiyen balıklar üzerine yapmış olduğu çalışmada, 2002–2005 yılları arasında Hatay ilindeki balıkhanelerden ve 2004–2005 yıllarında trol, manyat ve serpmme ağları ile 30 istasyondan elde edilen 68 familyaya ait 125 balık türünü incelemiş, 19 familyaya ait 24 lesepsiyen balık türü belirlemiştir. İskenderun Körfezi'nde yakalanan lesepsiyen balıkların, miktar olarak büyük kısmını ekonomik öneme sahip 11 tür ile ekonomik öneme sahip olmayan 8

türün oluşturduğunu tespit etmiş ve 5 türün ise bireyce az olan türler grubuna girdiğini belirtmiştir.

Çiftçi (2006), Türkiye alabalık (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 ve *Salmo platycephalus* Behnke, 1968) populasyonlarının genetik yapılarını mtDNA-RFLP analiz yöntemiyle tespit etmiştir. ND1 bölgesini 5, cytochrome b/D-Loop bölgesi 5 ve ND5/6 bölgesini 7 sınırlama enzimiyle keserek Türkiye alabalık populasyonlarında toplam 31 farklı haplotip yapısı gözlemlemiştir. Çalışmada Monte-Carlo simülasyonu ile tüm populasyonlar arası genetik heterojenite test edilmiş ve haplotip frekanslarının dağılımında istatistiki olarak önemli farklılıklar bulunmuştur ( $\chi^2 = 8647.20$ ,  $P < 0.001$ ).

Francisco ve ark. (2006), Portekiz çevresindeki atherina türlerine (*Atherina presbyter*, *Atherina boyeri*) ait deniz ve nehir populasyonlarının genetik yapılarını, mtDNA üzerindeki L-pro1 (50-ACTCT CACCCCTAGC TCCCA AAG-30) ve H-DL1 (50-CCTGA AGTAGGAACC AGATG CCAG-30) genlerinin sekans analizi ile ortaya koyarak karşılaştırmışlardır. *Atherina presbyter*'in 50 bireyinde toplam 36 haplotip, *Atherina boyeri*'nin 50 bireyinde 13 haplotip tespit etmişlerdir.

Streftaris ve Zenetos (2006) yaptıkları çalışmada, Akdeniz ortamına dışardan gelen 100 istilacı türün sonradan girdikleri Akdeniz ortamına verdiği zararları ve sosyoekonomik etkilerini tartışmışlardır.

Doiuchi ve Nakabo (2007) yaptıkları çalışmada, Doğu Asya'da bulunan üç *Sphyraena* türünün (*Sphyraena iburiensis*, *Sphyraena obtusata*, *Sphyraena pinguis*) genetik farklılıklarını mitokondrial cytochrome *b* geni sekans analizi yöntemiyle ortaya koymuşlardır. Çalışmada Genetik olarak *S. pinguis*'in *S. iburiensis*'e *S. obtusata*'dan daha yakın olduğunu ortaya koymuş ve daha önce morfolojik olarak farklı tür olduğunu ortaya koydukları *S. iburiensis*'in farklılığını genetik olarak da ortaya koymuşlardır.

El-Halfawy ve ark. (2007), Süveyş Körfezi'nde (Mısır) *Saurida undosquamis* (Richardson) dişi bireylerinin büyüme ve üremesini inceledikleri çalışmada, Ekim 2004'ten Mayıs 2005'e kadar Süveyş Körfezinden trol ile yakalanan ve Attaka balıkçı limanından çıkarılan 434 bireyi incelemişler. *Saurida undosquamis*'in yumurtlama mevsiminin tüm yıl boyunca sürdüğünü tespit etmişler. Ayrıca Süveyş körfezindeki *Saurida undosquamis* dişi stoklarının tüketilmiş olduğunu bulmuşlardır. Şu anki kullanım oranının yaklaşık %53.1'e kadar azaltılması gerektiğini belirtmişlerdir.

Galil (2007) yaptığı çalışmada, İsrail'in Akdeniz kıyılarında 296 yabancı türler bulunduğunu bu türlerden 284'ünün Süveyş Kanalı aracılığıyla Kızıldeniz / Hint Batı Pasifik ten geldiğini belirtmiştir. Araştırmada İsrail kıyılarındaki yabancı türleri tanıtarak, türlerin ekolojik ve ekonomik etkileri tartışılmıştır.

Golani ve ark. (2007), Akdeniz ve Kızıldeniz'den aldıkları Akdeniz için lesepsiyen tür olan *Fistularia commersonii* populasyonlarının genetik yapılarını sekans analizi yöntemiyle D-loop gen bölgesini çoğaltarak incelemişler ve Akdeniz'e geçen lesepsiyen türün Akdeniz'de genetik darboğaza (genetic bottleneck) uğrayarak genetik çeşitliliğin çok düştüğünü tespit etmişlerdir. Akdeniz'den 7 populasyonu Kızıldeniz'den 2 populasyonu incelemişlerdir. Kızıldeniz'de 44 bireyi inceleyerek 42 farklı haplotip tespit etmişler ve haplotip çeşitliliğini 0.998 olarak bulmuşlar. Akdeniz'de ise inceledikleri 52 bireyde sadece 2 farklı haplotip tespit ederek haplotip çeşitliliğini 0.009 bularak türün Akdeniz'de yaşadığı genetik darboğaza dikkat çekmişlerdir.

Hamner ve ark. (2007), Scorpaenidae familyası türlerinden olan *Pterois volitans* ve *Pterois miles* üzerine yaptıkları çalışmada, mtDNA'nın CYT B gen bölgesini İndo-Pasifik ve Batı Atlantik sahilleri arsından (Afrika, Batı Endonezya, Filipinler, Batı Atlantik) aldıkları örneklerle incelemişlerdir. Çalışmada, *Pterois miles* türünün yerel olduğu bölgelerde 12 haplotiple yüksek haplotip çeşitliliği (0.992) gösterdiği, işgalci olduğu, Batı Atlantik'te ise haplotip çeşitliliği göstermediği tespit edilmiştir. *Pterois volitans*'ın ise yerel olduğu bölgelerde 25 haplotiple yüksek haplotip çeşitliliği (0.904) gösterdiği, işgalci olduğu Batı Atlantik'te ise 3 haplotiple daha düşük haplotip çeşitliliği (0.187) gösterdiği tespit edilmiştir.

Lasram ve ark. (2007) yaptıkları çalışmada, lesepsiyen türlerin Akdeniz'e yerleşme başarıları ile ekolojik ilişkilerini değerlendirmişlerdir. Lesepsiyen türlerin, zamansal ve mekansal ekolojik değişkenlerle, işgal durumları arasındaki bağlantıyı tartışmışlardır. Ayrıca lesepsiyen türlerin %28 inin kolonizasyonda başarı gösterdiğini çalışmalarında belirtmişlerdir. Akdeniz ortamını sıcaklıklara ve ekolojik özelliklerine göre tercih eden türlerin, Akdeniz'deki türlere zararının olabileceği ve günümüzde küresel iklim değişikliğinden kaynaklı bu zararın artmasının daha muhtemel olduğundan söz etmişlerdir.

Serpin (2007) Iskarmoz balığı (*Saurida undosquamis*) populasyonlarının morfometrik ve meristik karakterler ile otolit element kompozisyonlarını incelediği

çalışmasında, İskenderun, Antalya ve Mersin körfezlerinden örnekler almış, sonuç olarak, ilgili türün batıya doğru yayılma alanı boyunca ilk tespit edildiği 1952 yılından bugüne kadar, morfometrik ve meristik karakterler ile otolit element kompozisyonu açısından farklı özelliklere sahip populasyonlar oluşturduğu sonucuna varmıştır.

Shakman ve Kinzelbach (2007) yaptıkları çalışmada, Libya sahilindeki lesepsiyen göçmen balık türlerinin dağılımı ve karakterizasyonunu incelemiştir. Çalışmada Ocak 2005 - Mart 2006 tarihleri arasında inceledikleri 4273 bireyin, 1901'i *Siganus luridus*'a, 1885 bireyi *Siganus rivulatus*'a, kalan 487 birey ise 14 lesepsiyen balık türüne ait bulunmuştur.

Yılmaz ve Hoşsucu (2007a) yaptıkları çalışmada, Antalya Körfezi'ndeki *S. undosquamis* ve *Synodus saurus*'un boy ağırlık ilişkisi ve nispi kondisyon faktörünü saptanmışlardır. *S. undosquamis* için b değerini 3.240, *S. saurus* için 3.169 olarak bulmuşlardır. Aylara göre *S. saurus*'un nispi kondisyon faktörü değerlerinin *S. undosquamis* göre daha düzensiz olduğunu tespit etmişlerdir.

Yılmaz ve Hoşsucu (2007b) yaptıkları çalışmada, Antalya Körfezi'nde *Saurida undosquamis* ve *Synodus saurus*'un yumurtlama sezonlarını araştırmışlar ve *Saurida undosquamis*'in Nisan ve Eylül aylarında, *Synodus saurus*'un Mart ve Ekim aylarında yumurtladığını tespit etmişler.

Çakmak (2008) yapmış olduğu çalışmada, dikenli yılan balığının (*Mastacembelus mastacembelus*) morfolojik ve moleküler yapısını incelemiş, moleküler incelemede mtDNA üzerindeki 12S ve 16S genleri PCR ile çoğaltularak sekans analizi ile genlerin uzunlukları 12S bölgesi için 947 bp., 16S bölgesi için ise 1758 bp. olarak tespit edilmiştir.

Shakman (2008), Libya sahillerindeki lesepsiyen balıkların biyolojisi ve ekolojisi üzerine yaptığı çalışmasında, lesepsiyen balıkların dağılımını ve karakterizasyonunu, Kızıldeniz göçmeni *Siganus rivulatus* ve *S. luridus*'un biyolojik durumlarını üreme ve yumurtlama periyotlarını, beslenme ve habitat ilişkilerini, Ekto-parazite durumlarını ve Akdeniz ve Kızıldeniz'deki *S. rivulatus*'un 10, *S. luridus*'un toplam 13 populasyonun genetik yapılarını incelemiştir. *S. rivulatus*'un 169 bireyinde cytochrome *b* gen bölgesi için toplam 10 haplotip tespit etmiştir. Bu 10 haplotipin 5'i sadece birer adet bireyle temsil edilmiştir. Çalışmada ayrıca 169 bireyin 159'unda sadece 1 haplotipe rastlamıştır. *S. luridus* aynı gen bölgesiyle incelenmiş ve toplam 13

haplotip tespit edilmiştir. İncelenen 153 *S. luridus* bireyinin 95 inde tek bir haplotipe rastlanmış, 3 haplotipte birer adet bireyle temsil edilmiştir. Çalışmada iki türde de cytochrome *b* gen bölgesi için en düşük haplotip çeşitliliğinin Güney Akdeniz ve Kuzey Akdeniz 'e göre Kızıldeniz'de (*S. rivulatus* 0.13, *S. luridus* 0.39) olduğu bulunmuştur.

Theocharis (2008) yaptığı çalışmada tüm Akdeniz'in akıntı sistemlerini incelemiş ve küresel ilkim değişikliği etkisiyle meydana gelen değişikliklere dikkati çekmek istemiştir.

Yoksel (2008), İskenderun Körfezi'ndeki Iskarmoz balığının (*Saurida undosquamis*) bazı biyolojik özelliklerini araştırdığı çalışmasında, Şubat 2006-Ocak 2007 tarihleri arasında yapılan aylık örnekleme ile 478 adet bireyi incelenmiştir. Araştırmada, boy, ağırlık, yaş, eşey dağılımları ve oranları, boy-yaş, ağırlık-yaş, boy-ağırlık ilişkisi, kondisyon faktörü ve gonadosomatik indeks değerleri saptanmış, bireylerin I-IV yaş grupları arasında dağılım gösterdikleri belirlenmiştir. Çalışma sonucunda *S. undosquamis*'in Mart ve Eylül ayları olmak üzere yılda iki kere yumurtladığı saptanmıştır.

Boltachev (2009), Karadeniz'den ilk kez İndo-Pasifik kökenli egzotik balık türünü (*Sphyaena pinguis*) bildirmiştir.

Keskin ve Can (2009) yaptıkları çalışmada, Mullidae familyasına ait dört türün (*M. barbatus*, *M. surmuletus*, *Upeneus moluccensis*, *Upeneus pori*) ve bir alt türün (*M. barbatus ponticus*) filogenetik ilişkisini araştırmışlardır. Araştırmada mitokondrial CYT B, COX - II ve 12S rRNA genlerini sekans analizi yöntemiyle incelemiş, *Upeneus* cinsine ait türlerin birbirlerine *Mullus* türlerinden daha yakın olduğunu ve *M. barbatus ponticus*'un *M. surmuletus*'a genetik olarak *M. barbatus*'tan daha uzak olduğunu ortaya koymuşlardır.

Lasram ve Mouillot (2009) yaptıkları çalışmada, Akdeniz'de endemik ve egzotik türlerin yıllara ve küresel iklim değişikliğinden kaynaklı sıcaklık artışına göre sayılarını tüm Akdeniz basenindeki dağılımlarını 100 yıllık verilerle değerlendirmişlerdir.

Por (2009) yaptığı çalışmada, son yıllarda Akdeniz'e binlerce tropikal türün yerleştiğinden bahsetmiş, Akdeniz'in Tetis Denizi'ne dönüşüne tanıklık ediyoruz diyerek lesepsiye göçle Akdeniz'in eski biyoçeşitliliğine dönüş yaptığını ifade etmiştir.

Turan ve ark. (2009a) yaptıkları çalışmada, Akdeniz'de bulunan *Scorpaeniformes* takımına ait 6 türün morfolojik ilişkisini ve genetik ilişkisini



mtDNA'nın 16S gen bölgesini kullanarak analiz etmişlerdir. Buna göre *H. dactylopterus* ve *S. elongata*'nın genetik olarak birbirine en uzak (0.145) türler olduğu bulunmuştur. Aynı çalışmada *H. dactylopterus* ve *S. porcus*'un morfolojik olarak birbirine en uzak türler olduğu da ortaya konulmuştur.

Turan ve ark. (2009b) yaptıkları çalışmada, Türkiye denizlerinden aldıkları 7 *Trachurus mediterraneus* popülasyonunun genetik ilişkisini mtDNA'nın 16S gen bölgesini kullanarak PCR-RFLP yöntemiyle analiz etmişlerdir. Toplam 6 enzimde 10 farklı haplotip tespit ettikleri çalışmada Ege Denizi Popülasyonu'yla Trabzon Popülasyonu'nun genetik olarak en farklı (0.007055,  $P < 0.001$ ) popülasyonlar olduğu ortaya konulmuştur.

Bernardi ve ark. (2010) yaptıkları çalışmada, geçmişten günümüze lesepseyen göçle Akdeniz'e dahil olan omurgasızlar, bitkiler ve balık türleri ile ilgili yapılan genetik çalışmaları inceleyerek, işgalci lesepseyen türlerin genetik çalışmalar sonucunda Akdeniz'deki genetik durumunu değerlendirmişlerdir. Genetik çalışmalara materyal olan 7 tür balık içerisinde sadece 1 türün Akdeniz'de genetik darboğaza (Genetic bottleneck) uğradığını ortaya koymuşlardır.

Bilecenoğlu (2010) yaptığı çalışmada, 2010 yılı itibarıyla Türkiye sahillerindeki yabancı türleri familyalarına göre son güncelleme ve revizyonlarla beraber bildirmiştir.

Coll ve ark. (2010) yaptıkları çalışmada, Akdeniz'in biyoçeşitliliğini ve Akdeniz'e göçle katılan türlerin durumunu ve risklerini tartışmışlardır. Yaptıkları çalışmada, göçmen türlerin Akdeniz baseninde dağılımlarını ve sıcaklıkla olan ilişkilerini tartışmışlardır.

Ergüden ve ark. (2010a), Kuzeydoğu Akdeniz sahillerine sonradan dahil olan yabancı balık türlerini, bu ortamdaki son durumlarını ve balıkçılığa olan etkilerini, günümüze kadar yayınlanmış birçok eseri inceleyerek ortaya koymuşlardır.

Ergüden ve ark. (2010b), 7 Mugilidae familyasına ait kefal türünün filogenetik ilişkisini mtDNA'nın 16S gen bölgesinin sekans analizi yöntemi ile araştırmışlar ve *M. cephalus*'un diğer türlerden daha farklı bir genetik yapı gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Hsieh ve ark. (2010) tarafından 4 tür balon balığının (*L. gloveri*, *L. wheeleri*, *L. lunaris*, ve *L. sceleratus*) mtDNA CYT B gen bölgesinin PCR-RFLP yöntemiyle genetik analizi yapılmış, türleri tespit edecek bant profilleri 5 sınırlama enzimi kullanılarak ortaya konulmuştur.

Al-Jufaili (2010) yaptığı çalışmada, umman sahillerinde varlık gösteren kırkırdaklı ve kemikli balık türlerinin checklist şeklinde kaydını veren geniş bir çalışma yapmıştır. Bu çalışmada 25 familyadan 90 kırkırdaklı ve 140 familyadan 1089 kemikli balık türünün sistematik durumu ele alınarak listelenmiştir.

Ravago-Gotanco ve ark. (2010), Siganidae familyasına ait 6 türün kimliklendirilmesinde kullanılan primerleri, PCR-RFLP yöntemiyle analiz ederek, mtDNA'nın CYT B ve COX I gen bölgelerine ait, türleri ayırt eden primerleri görüntülemişlerdir.

Turan ve Yaglioglu (2010) yaptıkları çalışmada, Türkiye denizlerinde bulunan Sübye (*Sepia officinalis*) populasyonları genetik, morfolojik ve sübye kemiği kimyasal yapısı analizi ile karşılaştırmışlardır. Genetik çalışmada mtDNA'nın ND 5/6 gen bölgesi PCR-RFLP yöntemiyle analiz edilmiştir. Çalışmada toplam 7 haplotip tespit edilmiştir. Tüm populasyonlar arasında yüksek derecede genetik farklılık tespit edilmiştir ( $P<0.001$ ).

Turan ve Yaglioglu (2011) Akdeniz'in Türkiye sahilleri için ilk kayıt olarak Tetraodontidae familyası üyesi İndo-Pasifik kökenli balon balığı türü olan *Tylerius spinosissimus* İskenderun Körfezi'nden bildirilmiştir. Bu kayıtın Türkiye sahillerine İndo-Pasifik'ten gelen 53. balık türü olduğunu belirtmişlerdir.

Zenetos ve ark.(2011), Yunanistan sahillerindeki yabancı türlerin güncel halini yaptıkları çalışmada ortaya koymuşlardır. Buna göre Yunan sularında 33 makrofit, 131 omurgasız, 42 omurgalı, iki bakteri ve 29 protozoan bulunduğunu bildirmişlerdir.

### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

Araştırma Mustafa Kemal Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Balıkçılık Genetiği Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

#### 3. 1. Materyal

Akdeniz'e İndo-Pasifik denizlerinden gerçekleşen Lesepsiye göçün genetik sebeplerinin araştırıldığı kısmında 10 familyadan 21 tür, yapılan genetik analize materyal olmuştur. Çalışmanın Kızıldeniz'den Akdeniz'e gerçekleşen lesepsiye göçün ardından Akdeniz'de meydana gelen genetik kolonileşme ve populasyon yapısının araştırıldığı kısmında ise *Saurida undosquamis* türü kullanılmıştır.

##### 3.1.1. Türlerin Taksonomideki Yeri

Çalışmada kullanılan türlerin sistematikteki yerleri aşağıda verilmiştir (Nelson, 1994; Turan ve ark., 2007a; Turan ve ark., 2007b)

- ALEM** : Animalia  
**ŞUBE** : Chordata  
**ALT ŞUBE** : Vertebrata  
**ÜST SINIF** : Osteichthyes  
**SINIF** : Actinopterygii
- FAMİLYA** : Synodontidae  
**TÜR** : *Synodus saurus* (Linnaeus, 1758)  
**TÜR** : *Saurida undosquamis* (Richardson, 1848)
- FAMİLYA** : Belonidae  
**TÜR** : *Tylosurus choram* (Rüppell, 1837)
- FAMİLYA** : Hemiramphidae  
**TÜR** : *Hemiramphus far* (Forsskal, 1775)  
**TÜR** : *Hemiramphus archipelagicus* (Collette & Parin, 1978)
- FAMİLYA** : Polyprionidae  
**TÜR** : *Polyprion americanus* (Bloch & Schneider, 1801)
- FAMİLYA** : Nemipteridae  
**TÜR** : *Nemipterus randalli* (Russell, 1986)  
*Nemipterus japonicus* (Bloch, 1791)
- FAMİLYA** : Haemulidae  
**TÜR** : *Pomadasystridens* (Forsskal, 1775)

**TÜR :** *Pomadasyus incisus* (Bowdich, 1825)

**TÜR :** *Diagramma picta* (Thunberg, 1792)

**FAMİLYA :** Lethrinidae

**TÜR :** *Lethrinus lentjan* (Lacepede, 1802)

**FAMİLYA :** Mullidae

**TÜR :** *Parupeneus heptacanthus* (Lacepede, 1802)

**TÜR :** *Upeneus moluccensis* (Bleeker, 1855)

**TÜR :** *Mullus barbatus* (Linnaeus, 1758)

**FAMİLYA :** Sphyraenidae

**TÜR :** *Sphyraena putnamae* (Jordan & Seale, 1905)

**TÜR :** *Sphyraena jello* (Cuvier, 1829)

**TÜR :** *Sphyraena pinguis* (Günther, 1874)

**TÜR :** *Sphyraena sphyraena* (Linnaeus, 1758)

**TÜR :** *Sphyraena viridensis* (Cuvier, 1829)

**FAMİLYA :** Scombridae

**TÜR :** *Rastrelliger kanagurta* (Cuvier, 1816)

### 3.1.2. Türlerin Coğrafik Dağılım Alanları

#### 3.1.2.1. Synodontidae

*Saurida undosquamis* (Iskarmoz balığı), genel olarak 30–70 metre derinliklerde nadiren 100 metre derinliğe kadar bulunabilen, dipte kumlu ve çamurlu zeminlerde varlık gösteren demersal bir balıktır. *S. undosquamis*, İndo-Pasifik'ten; Kızıldeniz, Doğu Hint Okyanusu, Malay Yarımadası, Güney Filipinler, Japonya, Kuzey Java, Arafura Denizi, Avustralya'nın kuzeyi, güneybatısı, Güneydoğu Akdeniz'den; Mısır, Libya, İsrail, Doğu Akdeniz'den; Lübnan, Suriye ve Türkiye'nin kuzey doğu Akdeniz sahillerinde dağılım göstermektedir (Ben-Tuvia, 1953, Turan ve ark., 2007a; Anonymous, 2011a, Anonymous, 2011b).

*Synodus saurus* (Atlantik ıskarmozu) genellikle 20 m'den daha az derinliklerden 400 m derinliğe kadar kumlu ve kumlu-mıcırlı,taşlı zeminlerde bulunur (Soares ve ark., 2003) Bu tür, Doğu Atlantik'te Azor Denizi ve Akdeniz'in de yer aldığı Morocco ile Cape Verde arasında, Batı Atlantik'te Bermuda ve Bahamas adalarından, Lesser Antilles'e kadar dağılım göstermektedir (Sausa ve ark., 2003). Ülkemizde Ege ve Akdeniz'de bulunur (Mater ve ark., 2002).

### 3.1.2.2. Belonidae

*Tylosurus choram*, Belonidae familyasına ait pelajik bir türdür. İndo-Pasifik'ten Batı Hint Okyanusu'nda, Kızıldeniz'de ve Umman Denizi'nde bulunmaktadır. Türün Doğu Akdeniz'den de kaydı bulunmasına rağmen, Akdeniz'de yerleşmiş olduğuna dair bir bulgu yoktur (Anonymous, 2011a).

### 3.1.2.3. Hemiramphidae

*Hemiramphus far*, Hemiramphidae familyasına ait Akdeniz'e Süveyş kanalının açılmasından sonra lesepsiyeen göçle gelmiş, İndo-Pasifik kökenli lesepsiyeen bir türdür. Doğu Afrika, Avustralya, Kızıldeniz ve Akdeniz'de varlık gösterir (Turan ve ark., 2007b; Anonymous, 2011a, Anonymous, 2011b)

*Hemiramphus archipelagicus*, Akdeniz'de varlık göstermeyen, İndo-Pasifik'te, Hindistan ve Sirilanka'nın batı sahilleri'nde, Tayland Körfezi'nde, Filipinler'de ve Yeni Gine sahilleri'nde, Batı Polinezya sahillerinde, Arap Körfezi'nde, Umman Denizi ve Kızıldeniz'de yaşamını sürdüren bir türdür (Anonymous, 2011b).

### 3.1.2.4. Polyprionidae

*Polyprion americanus* (İskorpit hanisi), genel olarak 100–200 m derinliklerde, 40–600 m derinlik aralığına kadar bulunabilen, dip zeminlerde varlık gösteren demersal bir balıktır. Dünya Üzerinde Doğu Atlantik'te Norveç'ten Güney Afrika'ya kadar olan sahillerde Batı Atlantik'te Kanada ve Kuzey Karolayna'da bulunmaktadır (Turan ve ark., 2007a; Anonymous, 2011b).

### 3.1.2.5. Nemipteridae

*Nemipterus randalli* (Uzun kuyruklu mercan), 22–255m derinlik aralığında dağılım gösteren, Dünya üzerinde, Batı Hint Okyanusu'nda Hindistan ve Pakistan sahillerinde, Doğu Afrika sahillerinde, Seyşel ve Madagaskar'da, Kızıldeniz'de ve Doğu Akdeniz'de ve Türkiye'nin Kuzeydoğu Akdeniz sahillerinde bulunan, Akdeniz için lesepsiyeen olan bir türdür. Geçmişte, *Nemipterus mesoprion*, ve *Nemipterus japonicus* olarak yanlış isimlendirildiği (Golani ve Sonin, 2006; Bilecenoglu ve Russell, 2008; Anonymous, 2011b) kayıtlar vardır.

*Nemipterus japonicus* 5 -80m derinlikler arasında dağılım gösteren bir türdür. İndo-Pasifik'te, Kızıldeniz, Avustralya'nın Kuzeybatı Sahilleri, Arap Körfezi ve Umman Denizi'nde bulunur.

### 3.1.2.6. Haemulidae

*Pomadasys stridens* (Arı balığı) Kızıldeniz, Güney Afrika sahilleri ve Batı Hint Okyanusu'nda dağılım gösterir. Akdeniz'e lesepsiyen göçle dahil olan İndo-Pasifik kökenli bir türdür. Genel olarak 18–68 m derinlikler arasında dağılım gösterir (Erguden ve ark., 2010c).

*Pomadasys incisus* (Gargur), 10–100 m derinlikler arasında dağılım gösteren, Akdeniz'de ve Doğu Atlantik'te yaşayan demersal bir türdür (Turan ve ark., 2007a)

*Diagramma picta*, genellikle 1–50 m derinliklerde dağılım gösteren, 1–170 m derinlik aralığına kadar yaşayabilen, resif çevrelerinde yaşamayı tercih eden bir türdür. İndo-Pasifik'te Kızıldeniz, Doğu Afrika, Japonya sahillerinde dağılım gösterir (Anonymous, 2011b).

### 3.1.2.7. Lethrinidae

*Lethrinus lentjan*, Kızıldeniz'de, Arap Körfezi'nde, Doğu Afrika sahillerindeki resif bölgelerinde dağılım gösterir. 20–90 m arasındaki derinliklerde bulunur (Anonymous, 2011b).

### 3.1.2.8. Mullidae

*Parupeneus heptacanthus*, 12–350 m derinlik aralığında dağılım gösteren, Kızıldeniz, Arap Körfezi, Afrika'nın Doğu sahillerinde, Karolin Adaları ve Fiji'de bulunan bir barbun türüdür (Anonymous, 2011b).

*Upeneus moluccensis* (Paşa barbunu), Kızıldeniz, Yeni Kaledonya, Japonya'nın kuzey sahillerinde Avustralya'nın kuzeyinde bulunan 10–120 m derinlik aralığında dağılım gösteren Akdeniz'e lesepsiyen göçle dahil olmuş barbun türüdür (Turan ve ark., 2007b).

*Mullus barbatus* (Barbun) 10–328 m derinlik aralığında yaşayan, Doğu Atlantik İskandinavya, Dakar, Senegal, Kanarya Adaları, Akdeniz, Ege Denizi, Marmara Denizi ve Karadeniz'de dağılım gösteren barbun türüdür (Turan ve ark., 2007a).

### 3.1.2.9. Sphyraenidae

*Sphyraena putnamae*, Batı İndo-Pasifik'te, Arap Körfezi'nde, Kızıldeniz'de Güney Afrika, Yeni Kaledonya, Vanuatu'da ve Japonya sahillerinde bulunan, resif bölgelerini yaşamak için tercih eden baraküda türüdür (Anonymous, 2011b)

*Sphyraena jello*, 20-200 m derinlik aralığında dağılım gösteren Batı İndo-Pasifik'te, Arap Körfezi'nde, Kızıldeniz'de, Güney Afrika, Yeni Kaledonya'nın doğusu ve Tonga sahillerinde bulunan baraküda türüdür (Anonymous, 2011b).

*Sphyraena pinguis* (Sarı çizgili Baraküda) İndo-Pasifik'te, Japonya'nın güneyinde, Çin denizlerinde, Kızıldeniz'de, Akdeniz'de, İtalya, Türkiye, Suriye, Lübnan, İsrail, Mısır ve Libya sahillerinde, Ege Denizi'nde dağılım göstermektedir. Genellikle 3-6 m derinlik aralığında varlık gösteren bu türün Karadeniz'de de bulunduğu dair kayıt vardır (Turan ve ark., 2007; Boltachev, 2009; Anonymous, 2011b).

*Sphyraena sphyraena* (Baraküda), Doğu Atlantik'te, Biskay Körfezi, Angola'da Batı Atlantik'te, Bermuda ve Brezilya'da, tüm Akdeniz'de, Ege Denizi, Marmara Denizi ve Karadeniz'de 100 m derinliğe kadar olan bölgelerde dağılım gösteren pelajik bir baraküda türüdür (Turan ve ark., 2007a).

*Sphyraena viridensis* (Sarı ağız baraküda), Doğu Atlantik'in merkezinde Kanarya Adaları ve Cape Verde'de, Adriyatik Denizi'nde, Türkiye'nin kuzeydoğu Akdeniz sahillerinde, Suriye ve Lübnan'da, Ege Denizi'nde dağılım gösteren pelajik bir türdür (Turan ve ark., 2007a).

### 3.1.2.10. Scombridae

*Rastrelliger kanagurta*, 20-90 m derinliklerde, İndo-Pasifik'te, Kızıldeniz, Doğu Afrika, Endonezya, Ryukyu Adaları, Çin, Güney Avustralya, Malezya ve Samona'da dağılım gösteren pelajik bir türdür. Akdeniz'den 1970 yılında İsrail'de 2 adet bireyle Collette (1970) tarafından bildirilmiştir (Anonymous, 2011a).

### 3.1.3. Örnekleme Bölgeleri

Kızıldeniz'den Akdeniz'e gerçekleşen göçün genetik sebeplerinin araştırılmasında kullanılan balık türlerinin örnekleme bölgeleri, Arap Körfezi'nden (Bahreyn),

Umman Denizi'nden (Umman'ın Mascat kentine Bağlı Sur ilçesi limanından (El Mina Sur)) Kızıldeniz'den, (Cidde limanlarından (El Mina Tuval, El Mina Alvch)), Akdeniz'den Lazkiye (Suriye), İskenderun Körfezi, Mersin ve Antalya Körfezi'nden temin edilmiştir. Türlerin elde edildiği istasyonlar Şekil 3.1.'de harita üzerinde gösterilmiştir. (AD1: Suriye, AD2: İskenderun Körfezi, AD3: Mersin Körfezi, AD4: Antalya Körfezi, IP1: Kızıldeniz (Cidde), IP2 Umman Denizi (Umman), IP3: Arap Körfezi (Bahreyn)) Çalışmada kullanılan türlerin örnek sayıları, örneklerin ortalama total boyları ve ortalama total boyların standart hataları Çizelge 3.1'de, örneklerin avlanma tarihleri Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan türlerin örnekleme bölgesine göre örnek sayıları, örneklerin ortalama total boyları ve ortalama total boyların standart hataları

		Örnekleme Bölgesine Göre Örnek Sayıları							Ort.		
TÜRLER		AD1	AD2	AD3	AD4	IP1	IP2	IP3	Total	Total Boy	Standart Hata (+/-)
İndo-Pasifik Türleri	<i>S. putnamae</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	40.91	3.40373
	<i>S. jello</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	20.9	1.13137
	<i>N. japonicus</i>	-	-	-	-	-	10		10	23.89	2.61850
	<i>P. heptacanthus</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	18.59	1.48571
	<i>L. lentjan</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	22.46	2.32127
	<i>D. picta</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	23.39	2.51018
	<i>H. archipelagicus</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	25.94	1.43742
Lesepsiyen Türler	<i>S. undosquamis</i>	30	30	30	30	30	-	-	150	24.78	7.90249
	<i>S. pinguis</i>	2	3	2	3		-	-	10	18.28	0.61788
	<i>H. far</i>	-	10	-	-	-	-	-	10	28.85	1.83096
	<i>N. randalli</i>	-	3	3	3	-	-	1	10	17.47	2.28212
	<i>U. moluccensis</i>	-	10	-	-	-	-	-	10	14.41	1.47757
	<i>P. stridens</i>	-	10	-	-	-	-	-	10	13.92	1.26209
	<i>T. choram</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	56.13	3.48235
	<i>R. kanagurta</i>	-	-	-	-	-	-	10	10	25.18	3.01110
Akdeniz Türleri	<i>S. sphyraena</i>	-	4	3	3	-	-	-	10	35.87	1.90730
	<i>S. viridensis</i>	-	5	-	5	-	-	-	10	49.24	4.14278
	<i>S. saurus</i>	-	1	-	9	-	-	-	10	31.25	4.77033
	<i>M. barbatus</i>	-	10	-	-	-	-	-	10	11.66	0.35962
	<i>P. incisus</i>	-	10	-	-	-	-	-	10	17.42	1.40380
	<i>P. americanus</i>	-	10	-	-	-	-	-	10	7.32	1.75982

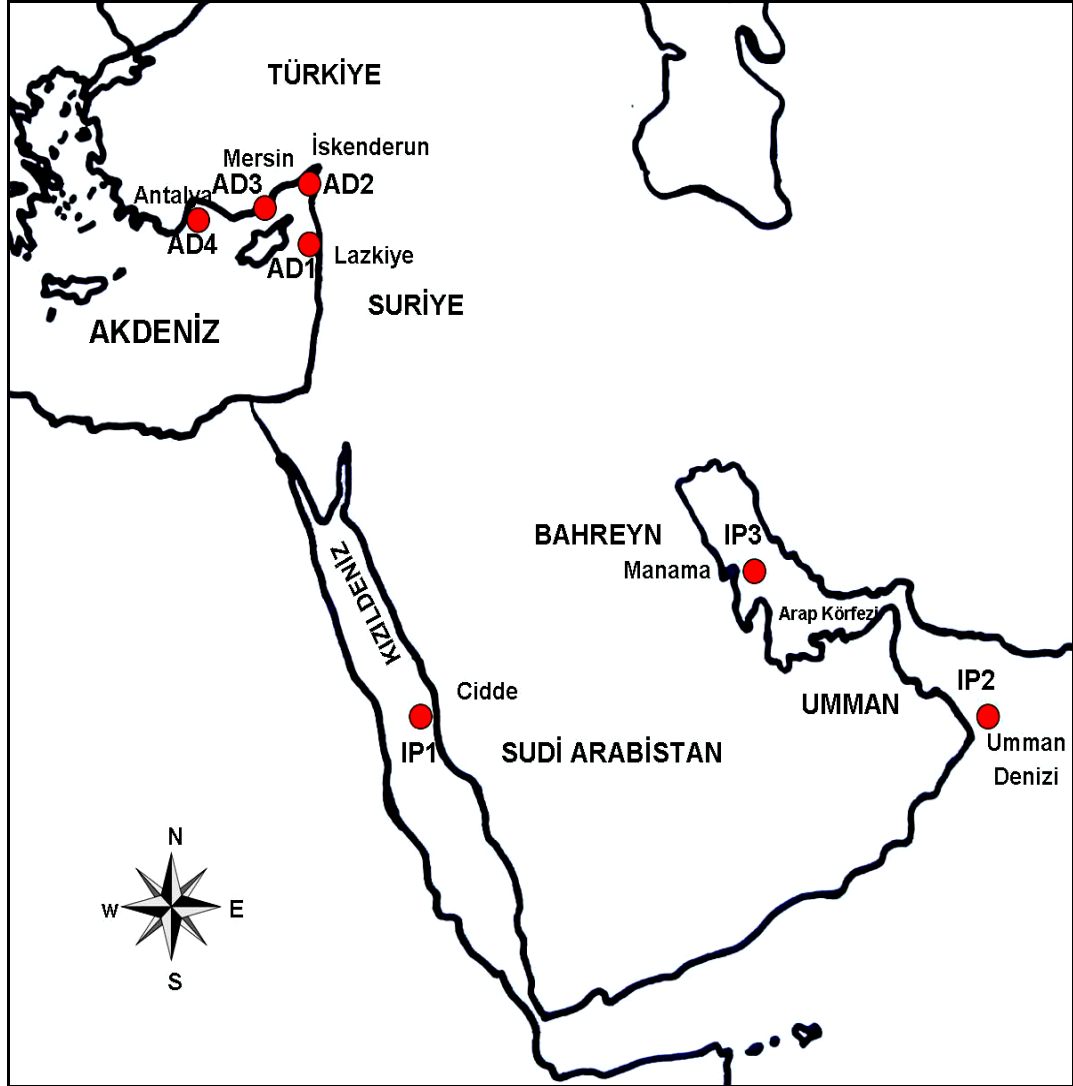


Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan türlerin örnekleme bölgesine göre örnekleme tarihleri

		Örnekleme Bölgesine Göre Örnekleme Tarihleri						
	TÜRLER	AD1	AD2	AD3	AD4	IP1	IP2	IP3
İndo-Pasifik Türleri	<i>S. putnamae</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
	<i>S. jello</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
	<i>N. japonicus</i>	-	-	-	-	-	10.11.10	
	<i>P. heptacanthus</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
	<i>L. lentjan</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
	<i>D. picta</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
	<i>H. archipelagicus</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
Leseptiyen Türler	<i>S. undosquamis</i>	13.11.10	11.01.11	25.01.10	20.01.11	14.12.08	-	-
	<i>S. pinguis</i>	13.11.10	23.12.09	06.02.10	19.12.09	-	-	-
	<i>H. far</i>	-	09.11.10	-	-	-	-	-
	<i>N. randalli</i>	-	09.11.10	06.02.10	19.12.09	-	-	18.08.09
	<i>U. moluccensis</i>	-	09.11.10	-	-	-	-	-
	<i>P. stridens</i>	-	22.10.10	-	-	-	-	-
	<i>T. choram</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
	<i>R. kanagurta</i>	-	-	-	-	-	-	18.08.09
Akdeniz Türleri	<i>S. sphyraena</i>	-	23.12.09	06.02.10	19.12.09	-	-	-
	<i>S. viridensis</i>	-	23.12.09	-	19.12.09	-	-	-
	<i>S. saurus</i>	-	13.11.10	-	20.01.11	-	-	-
	<i>M. barbatus</i>	-	11.01.11	-	-	-	-	-
	<i>P. incisus</i>	-	11.01.11	-	-	-	-	-
	<i>P. americanus</i>	-	25.03.10	-	-	-	-	-

*S. undosquamis* örnekleri Kızıldeniz'i temsilen Sudi Arabistan'ın Cidde Kenti'nin Tuvel ve Elvüch balıkçı limanlarından (El Mina Tuval, El Mina Alvch) Doğu Akdeniz'i temsilen Suriye'nin Laskiye Sahili'nden, Kuzeydoğu Akdeniz'i Temsilen İskenderun Körfezi, Mersin Körfezi ve Antalya Körfezi'nden temin edilmiştir. *S. undosquamis* populasyonlarını temsilen 30'ar adet, toplam 150 adet örnekleme yapılmıştır. Örneklerin toplandığı istasyonlar Şekil 3.1.'de harita üzerinde verilmiştir (AD1: Suriye, AD2: İskenderun Körfezi, AD3: Mersin Körfezi, AD4: Antalya Körfezi, IP1: Kızıldeniz (Cidde)). Çalışmada kullanılan *S. undosquamis* populasyonlarına ait örnek sayıları, örneklerin ortalama total boyları ve ortalama total boyların standart hataları Çizelge 3.1'de, örneklerin avlanma tarihleri Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çalışmada kullanılan türlere ait örnekler, gerek bölgelere gidilmek suretiyle gerek bölgedeki balıkçılarla irtibata geçerek, gerekse tekneyle denize açılmak sureti ile temin edilmiştir.



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan türlerin örnekleme alanları. AD1: Suriye, AD2: İskenderun Körfezi, AD3: Mersin Körfezi, AD4: Antalya Körfezi, IP1: Kızıldeniz (Cidde), IP2 Umman Denizi (Umman), IP3: Arap Körfezi (Bahreyn)

#### 3.1.4. Kullanılan Araç ve Gereçler

Genetik çalışmada DNA elektroforezis tankı, güç kaynağı, UV transilluminator cihazı, vorteks cihazı, inkübatör, mikrosantrifüj cihazı, hassas terazi, PCR cihazı ve dikey elektroforez kullanılmıştır. Kullanılan cihazların teknik özellikleri Çizelge 3.3’de gösterilmiştir.

Çizelge 3.3. Kullanılan cihazların teknik özellikleri

<b>Cihaz ismi</b>	<b>Teknik Özellikler</b>
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 Terazi	Hassasiyet 0,1 mg
İnkübatör	120lt / 80 °C
PCR Cihazı	Eppendorf Mastercycler 25 Tüp
Otoklav	Max. 120 °C
Mikrodalga	Vestel MD 23
Güç kaynağı	Biorad Powerpac HV Power supply
Saf su	Miilipore Direct-Q 3 UV With Pump
PH metre	YSI60
Vakum cihazı	Vak:230 HZ:50
Manyetik karıştırıcı / Vortex	Labnet international inc.

### 3.2. Yöntem

#### 3.2.1. Örneklerin Elde Edilmesi ve Korunması

Toplanan balık örnekleri, örnekleme alanlarından, yapılarının bozulmaması için ayrı ayrı etiketlenmiş polietilen torbalara yerleştirilip, teknede dondurucuya veya buza konulmuş, kıyıya geldikten sonra ise laboratuara ulaşınca kadar soğuk taşıma kabında (buzda) veya derin dondurucuda muhafaza edilerek laboratuara getirilmiş ve derin donduruculara yerleştirilmiştir. *Saurida undosquamis* türünün tanısı Randal (1995)'e göre yapılmıştır. Diğer türlerin sistematik tanısı bölge denizlerde yapılan güncel faunistik bilimsel yayınlardan yapılmıştır (Nelson, 1994; Randal, 1995; Turan ve ark., 2007a; Turan ve ark., 2007b; Ali ve McNoon, 2010; Jufaili ve ark., 2010). Laboratuara getirilen örneklerin tür tayini yapıldıktan sonra genetik analiz için doku örnekleri alınmış ve %95'lik etil alkolde Eppendorf tüpler içerisinde muhafaza edilmiştir.

### **3.2.2. Genetik İnceleme**

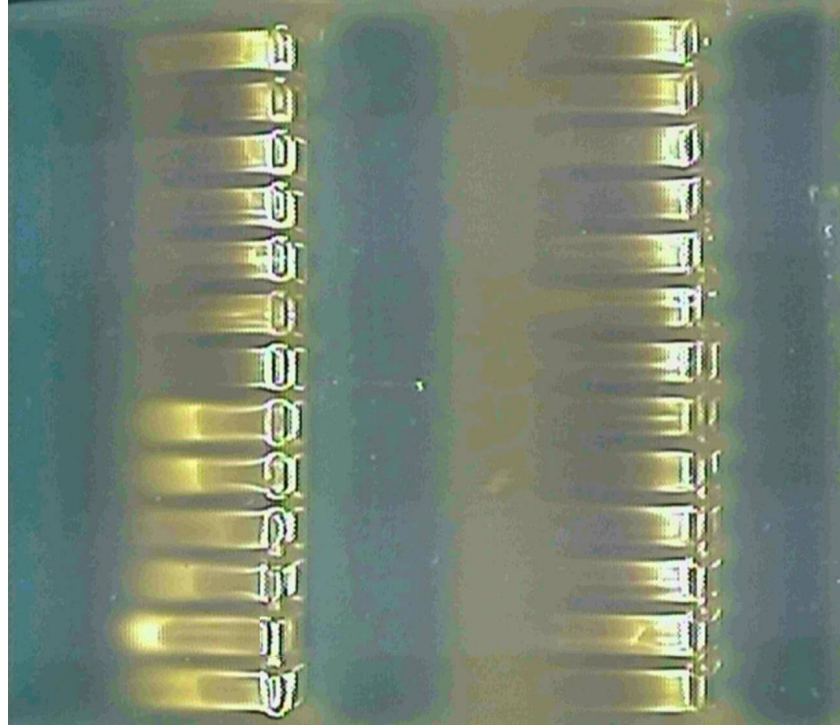
#### **3.2.2.1. Mitokondrial DNA'nın Ekstrakte Edilmesi**

MtDNA'nın elde edilmesinde Blin ve Stafford (1976) tarafından verilen standart fenol kloroform yöntemi uygulanmıştır. Analiz edilecek tüm örneklerinin gövde üzerindeki kas dokusundan alınan ve %95'lik etil alkolde muhafaza edilen dokulardan yaklaşık 50 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 vorteks de 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 350µl kloroform isoamil alkol (24:1) ilave edilerek tekrar 15 dakika ters düz edilmek suretiyle karıştırılmıştır. Daha sonra örnekler 12000 rpm de 10 dakika santrifüj edilerek üst tabakalar yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır. Bu işlemde sonra örneklerin üzerlerine, derin dondurucuda muhafaza edilen %100 lük etanol den 1 ml eklenip derin dondurucuda 2 saat bekletilmiştir. Derin dondurucudan çıkarılan örnekler 12000 rpm de 10 dakika santrifüj edilerek içlerindeki sıvı dikkatle boşaltılarak yine derin dondurucuda muhafaza edilen bu sefer %70'lik etanol den 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 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 elektroferezis küveti içerisine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Jel soğuduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE Buffer bulunan elektroferezis tankına koyulmuş ve 3 µl

DNA örnekleri 6 µl'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 3.2.).



Şekil 3.2. Ekstrakte edilen total DNA'nın agaroz jel üzerinde kontrolü

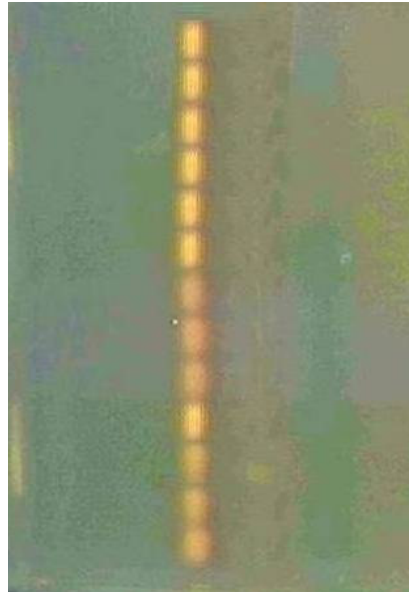
### 3.2.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile 16S ve ND 3/4 Genlerinin Çoğaltılması

*Saurida undosquamis* Populasyonları arasındaki genetik farklılığın derecesini belirlemek amacıyla mitokondrial DNA (mtDNA) 16S geni, İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e gerçekleşen göçün genetik sebeplerinin araştırılmasında kullanılan türler arasındaki genetik farklılığın tespiti için ND 3/4 geni kullanılmıştır. Çalışmada incelenen *S. undosquamis* populasyonları ile ilgili daha önceden herhangi bir mtDNA gen bölgesi üzerine araştırma bulunmadığından, çalışmada, mtDNA üzerinde bulunan diğer gen bölgelerine göre kısmen daha uzun olan (mtDNA) 16S geni kullanılmıştır. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e gerçekleşen göçün genetik sebeplerinin araştırılmasında ise türler arası farklılığın tespitinde belirteç olarak kullanılan mtDNA genlerinden ND 3/4 geni kullanılmıştır.

DNA ekstraksiyonundan sonra, üniversal primerler kullanarak PCR Red Taq per kiti ile *S. Undosquamis* örnekleri için mtDNA 16S geni, diğer türlerin örnekleri için ND 3/4 geni çoğaltılmıştır (Saiki ve ark., 1988). Çoğaltılan genler agaroz jel üzerinde kontrol edilmiştir (Şekil 3.3.). Bunun için Çizelge 3.4'te dizinleri verilen üniversal primerlerden yararlanılmıştır. Primerler İONTEK (İstanbul) firmasından sağlanmıştır.

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan primerlerin yapısı

Genler	Primerlerin Yapısı
ND 3/4	ND 3/4 a : 5'-TAA (C/T)TA GTA CAG (C/T)TG ACT TCC AA-3'
	ND 3/4 b : 5'- TTT TGG TTC CTA AGA CCA A(C/T)G GAT-3'
16S	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'



Şekil 3.3. PCR sonrası elde edilen PCR ürününün agaroz jel üzerinde kontrolü

#### 3.2.2.4. RFLP İçin 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 süreyle 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 temizlenmiştir. Jel "Bio Rad Protean II

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; 180ml saf su, 20ml etil alkol ve 1ml asetik asit karışımı ikiye bölünerek her bir karışımla 6 dakika olmak üzere toplam 12 dakika karıştırılarak bekletilmiş ve daha sonra çözelti boşaltılmıştır. İkinci aşamada, boyama çözeltisi (0.1g/100ml AgNO<sub>3</sub>) 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 NaBH<sub>4</sub>, % 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.

Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan sınırlama enzimleri ve DNA tanıma dizileri

Sınırlama Enzimi	Tanıma Dizisi
<i>Bsu</i> I ( <i>Hae</i> III)	5’.....GG↓CC.....3’
<i>Alu</i> I	5’.....AG↓CT.....3’
<i>Ehe</i> I( <i>Nar</i> I)	5’.....GGC↓GCC.....3’
<i>Hin</i> 6I ( <i>Hha</i> I)	5’.....G↓CGC.....3’
<i>Rsa</i> I	5’.....GT↓AC.....3’
<i>Xho</i> I	5’.....C↓TCGAG.....3’
<i>Msp</i> I	5’.....C↓CGG.....3’
<i>Bsh</i> 1236I	5’.....CG↓CG.....3’

İndo-Pasifik’ten Akdeniz’e gerçekleşen göçün genetik sebeplerinin araştırılmasında kullanılan türlerin genetik karşılaştırılmasında, 8 adet sınırlama

enzimleri (*BsurI* (*HaeIII*), *AluI*, *Hin6I* (*HhaI*), *RsaI*, *XhoI*, *MspI*, *Bsh1236I*, *EheI* (*NarI*)) kullanılmıştır. Sınırlama enzimlerinin DNA tanıma dizileri Çizelge 3.5’de gösterilmiştir. *Saurida undosquamis* populasyonlarının genetik karşılaştırılmasında ise 6 adet sınırlama enzimleri (*BsurI* (*HaeIII*), *AluI*, *Hin6I* (*HhaI*), *RsaI*, *XhoI*, *EheI*(*NarI*)) kullanılmıştır.

### 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 (Şekil 3.4.). 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. (baz çifti)’ne çevrilmiştir. Elde edilen bu bantların uzunluğu, sayısı ve buldukları yere göre her enzim için referans haplotipler belirlemiştir. Referans haplotipler belirlenirken kullanılan sınırlama enzimleri, PCR ile çoğaltılan gen bölgesi (mtDNA 16S / ND 3/4) üzerindeki referans tanıma dizisini bulduğu her bölgeden geni kesmektedir. Kesilen bu gen bölgesi, farklı uzunluklarda değişen sayılarda DNA parçalarına ayrılmaktadır. Bu sınırlama enzimleri, genetik olarak birbirinden farklı olan her örnek için, farklı noktalardan gen bölgesini kestiğinden dolayı, farklı haplotiplerin ortaya çıkmasına sebep olmaktadır (Şekil 3.4.).

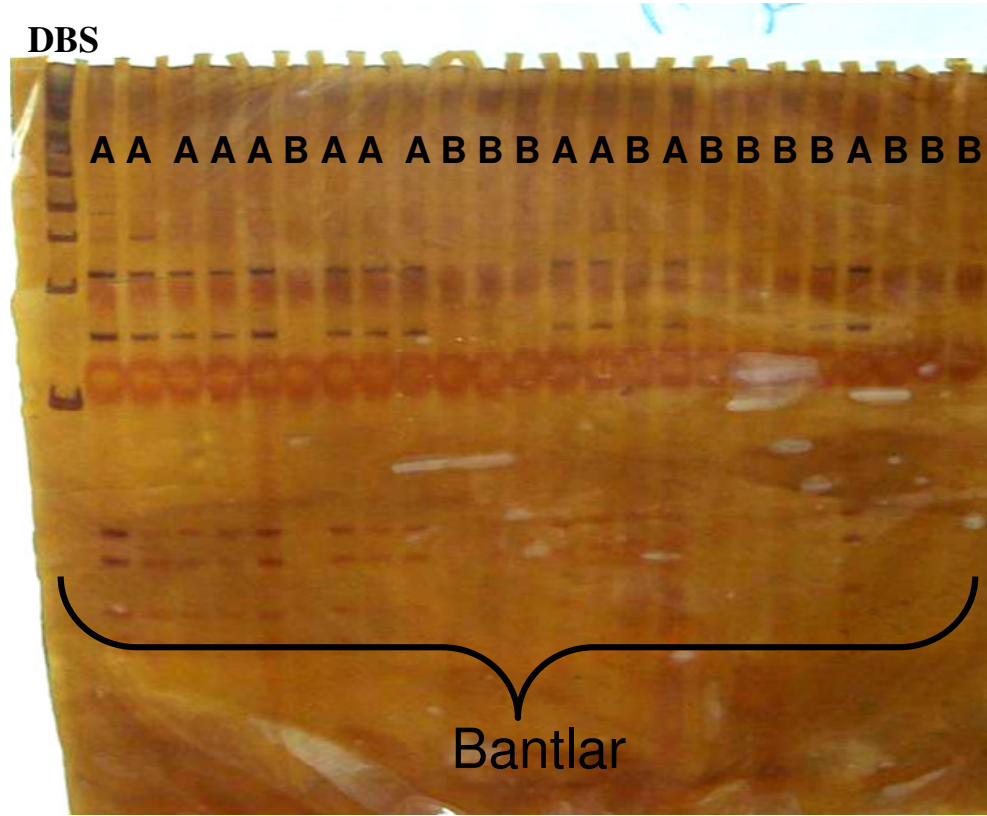
### 3.2.2.7. RFLP Tekniği Sonucunda Genetik Verilerin Analizi

Haplotiplerin yapısına göre *S. undosquamis* populasyonları ve araştırmada kullanılan türler arasındaki genetik farklılığın ve ilişkinin derecesi tespit edilmiştir. Elde edilen genetik verilerin analizinde REAP (Mcelroy ve ark., 1992) ve TFPgAv1.3, PHYLIP (Felsenstein, 2002) genetik paket programları kullanılmıştır.

REAP programı ile Nei (1978) ve Nei ve Tajima (1981)’ya göre genetik benzerlik ve genetik uzaklık verileri (D değerleri) kullanılarak *S. undosquamis* populasyonları arasındaki genetik benzerlik ve farklılaşmanın derecesi ile İndo-Pasifik’ten Akdeniz’e göçün genetik sebeplerinin araştırılmasında kullanılan türler arasındaki genetik ilişkinin şekli belirlenmiştir. Kesilen parçacık verilerinin kullanımı



kesim yeri verilerine göre daha geniş varyansa sahip “d” değerleri verir. Fakat tüm mesafenin küçük olduğu durumlarda güvenilirdir ve ayrıca  $d < 0,25$  (Nei and Tajima, 1981) olduğunda doğrudur. REAP paket programındaki D programı (McElroy vd., 1991), Nei ve Li (1979) metodunu kullanarak kesim parçacıklarından “d” değerinin ikame matriksi hesaplanmıştır. Haplotipler, türler ve populasyonlar arasında Genetik farklılık temeline dayalı dendrogram oluşturmak için hesaplanan matris PHYLIP (Felsenstein, 1993) paket programının NEIGHBOUR seçeneğine girilmiştir. Buradan elde edilen çıktı Consensus alt programında kullanılarak Neighbor joining ağacı oluşturulmuştur.



Şekil 3.4. Gen bölgesinin sınırlama enzimleri ile kesilmesi sonucu elde edilen PCR-RFLP bant profili (DBS: DNA Büyüklük standartları, A-B: Haplotip)

## 4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

### 4.1. Bulgular

#### 4.1.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Göç-Genetik İlişkisine Ait Bulgular

##### 4.1.1.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi

Çalışmada İndo-Pasifik'te bulunan türleri temsilen 7 türden 70 birey, Akdeniz'in yerel türlerini temsilen 6 türden 60 birey, Leseptiyen türleri temsilen 8 türden 80 bireye ait, toplam 210 örnek ile türler arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır. DNA izolasyonu sonunda total DNA tüm örneklerden başarılı bir şekilde elde edilmiştir.

##### 4.1.1.2. Haplotip Çeşitliliği

Çalışmada mtDNA'da bulunan ND 3/4 gen bölgesi kullanılmıştır. PCR ile ND 3/4 geni çoğaltıldıktan sonra, RFLP yöntemi ile 8 polimorfik sınırlama enzimi (*Bsu*RI (*Hae*III), *Alu*I, *Hin*6I (*Hha*I), *Rsa*I, *Xho*I, *Msp*I, *Bsh*1236I, *Ehe*I) uygulanarak, türlerin örneklerinde toplam 46 haplotip belirlenmiştir.

Çizelge 4.1'de görüldüğü gibi PCR-RFLP yöntemi ile türler arasındaki genetik ilişkiyi saptamak için 8 polimorfik sınırlama enzimi kullanılmış ve tüm populasyonlarda toplam 46 haplotip gözlenmiştir. İncelenen türler içerisinde, *S. saurus* 8 haplotiple en yüksek haplotip çeşitliliği (0.9556) gösteren tür olarak bulunmuştur. Bu türü *N. randalli* (0.9111) 7, *S. sphyraena* (0.8222) 5 haplotiple izlemiştir. Çalışmada incelenen 21 türün 9'unda (*P. heptacanthus*, *H. archipelagicus*, *D. picta*, *H. far*, *R. kanagurta*, *T. choram*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus*) haplotip çeşitliliğine rastlanmamış (Çizelge 4.2), bu türlerde tek tip haplotip yapısı gözlenmiştir (Çizelge 4.1). Çalışmada incelenen türlerin ND 3/4 gen bölgesi için ortalama haplotip çeşitliliği 0.3746 (+/- 0.00679) olarak çok düşük bulunmuştur. Ayrıca çalışmada gözlenen 46 haplotipin 26'sı sadece 1'er adet bireyle temsil edilmiştir.

Golani ve ark. (2007), Akdeniz ve Kızıldeniz'den aldıkları, Akdeniz için leseptiyen tür olan *Fistularia commersonii* populasyonlarının genetik yapılarını sekans analizi yöntemiyle D-loop gen bölgesini çoğaltarak, Akdeniz'den 7 populasyonu, Kızıldeniz'den 2 populasyonu incelemiştirlerdir. Kızıldeniz'de 44 bireyi inceleyerek 42

farklı haplotip tespit etmişler ve ortalama haplotip çeşitliliğini 0.998 olarak bulmuşlar. Akdeniz’de ise inceledikleri 52 bireyde sadece 2 farklı haplotip tespit ederek haplotip çeşitliliğini çok düşük bulmuşlardır (0.009).

Shakman (2008), Libya sahillerindeki lesepsiyen balıkların biyolojisi ve ekolojisi üzerine yaptığı çalışmasında, Akdeniz ve Kızıldeniz’deki *S. rivulatus*’un 10, *S. luridus*’un toplam 13 popülasyonun genetik yapılarını incelemiştir. *S. rivulatus*’un 169 bireyinde cytochrome *b* gen bölgesi için toplam 10 haplotip tespit etmiştir. Bu 10 haplotipin 5’i sadece birer adet bireyle temsil edilmiştir. Çalışmada ayrıca 169 bireyin 159’unda sadece 1 haplotipe rastlamıştır. *S. luridus* aynı gen bölgesiyle incelenmiş ve toplam 13 haplotip tespit edilmiştir. İncelenen 153 *S. luridus* bireyinin 95 inde tek bir haplotipe rastlanmış 3 haplotipte birer adet bireyle temsil edilmiştir. Çalışmada iki türde de cytochrome *b* gen bölgesi için en düşük haplotip çeşitliliğinin Güney Akdeniz ve Kuzey Akdeniz ’e göre, Kızıldeniz’de (*S. rivulatus* 0.13, *S. luridus* 0.39) olduğu bulunmuştur.

Kochzius ve Blohm (2005), *Pterois miles* (Scorpaenidae) üzerine yaptıkları çalışmada, Akaba Körfezi ve Kızıldeniz’in Kuzeyi’nden 13, Hint okyanusundan 3 popülasyondan aldıkları 94 bireyde 38 farklı haplotip tespit etmişlerdir. Haplotip çeşitliliğinin Hint Okyanusu popülasyonlarından alınan 6 bireyin altısında da farklı olduğu, buna bağlı olarak en yüksek haplotip çeşitliliğinin ise, bu bölge popülasyonlarında tespit edilmiştir (1.000 +/- 0.096).

Papasotiropoulos ve ark. (2002) 12S rRNA, 16S rRNA ve COI genleriyle 5 kefal türünde (*M. cephalus*, *L. aurata*, *L. ramada*, *L. saliens*, *C. labrosus*) 7 farklı haplotip gözlemlemişler ve türler içerisindeki ortalama haplotip çeşitliliğini 0.09 olarak oldukça düşük bir değerde bulmuşlardır.

Carvalho ve ark. (1994), 104 *Sardina pilchardus* bireyinde 41 haplotip saptamış ve haplotip çeşitliliğini 0.76 olarak bulmuşlardır.

Bardakçı ve ark. (2006), alabalıklarda ND 5/6, sitokrom *b* genleri ve D-loop tanınma bölgesi ile yaptıkları çalışmalarında, 27 haplotip saptamışlar ve ortalama haplotip çeşitliliğini 0.1397 olarak bulmuşlardır.

Hauser ve ark. (2001), Atlantik ringası (*Clupea harengus*) ile yaptıkları çalışmada ND 3/4 genleri için 447 bireyde 53 haplotip tespit etmişlerdir. Ortalama haplotip çeşitliliğini ise 0,97 ile yüksek bulmuşlardır.





Yapılan genetik çalışmada kullanılan 210 birey içerisinde en fazla görülen haplotipin BCABBBAA haplotipi olduğu, bu haplotipin sadece İndo-Pasifik kökenli 4 türün (*N. japonicus* *P. heptacanthus* *L. lentjan*, *R. kanagurta*) 26 bireyinde gözleendiği tespit edilmiştir (Çizelge 4.1). Bu haplotipe sahip bireylerden *R. kanagurta* Akdeniz’den 1970 yılında sadece 2 adet bireyle İsrail’den bildirilmiş (Collette, 1970), fakat bu tarihten sonra türe ait herhangi bir kayıta rastlanmamıştır. Bu türün Akdeniz’de yerleşmemesinin Akdeniz’e yerleşmeyi tercih etmeyen türlerin (*N. japonicus* *P. heptacanthus* *L. lentjan* ) genetik yapılarında tespit edilen BCABBBAA genetik yapısına sahip olması olabileceği düşünülmektedir. Buna ek olarak BCABBBAA haplotipinin, türlerin Akdeniz’e yerleşmelerine engel teşkil eden etkili bir genetik unsur olabileceği de düşünülmektedir.

BCABBBAA haplotip yapısına ek olarak, yapılan analizler sonucunda 3. olarak en fazla görülen ACABBBAA haplotip yapısının, Akdeniz’de bulunmayan 3 türün (*N. japonicus*, *L. lentjan* *D. picta*) 23 bireyinde gözleendiği (Çizelge 4.1) ve 8 farklı haplotipin (BDACBBAA, BFACBBAA, ABABBBAA, AFABBBAA, ADABBBAA, ACABBBAA, BCABBBAA, BCABCBA) sadece İndo-Pasifik denizlerinde yaşamayı tercih eden, Akdeniz’de şu ana kadar kaydı bulunmayan türlerde tespit edilmiş olması da dikkati çekmektedir.

İkinci sırada en fazla sayıda gözlenen CAAAAAAA haplotipinin sadece lesepsiyele göçle Akdeniz’e dahil olan üç türde (*S. undosquamis*, *S. pinguis*, *H. far*), 25 adet bireyle temsil edildiği genetik analizler sonucunda ortaya konulmuştur (Çizelge 4.1). Bu sonuç İndo-Pasifik’te yaşayan CAAAAAAA haplotip yapısına sahip bireyleri olan türlerin, Akdeniz’e gelmeleri durumunda Akdeniz ekosistemine yerleşmede daha başarılı olabilecekleri sonucunu düşündürmektedir. *S. undosquamis* (1953), *S. pinguis* (1930), *H. far* (1927)’ın diğer türlere nazaran uzun süredir (1953’den önce) (Golani, 1998) Akdeniz’de varlık göstermelerinin ve Akdeniz’e yerleşmede diğer türlere nazaran daha başarılı olmalarının, bu sonucu güçlendirdiği düşünülmektedir.

Çalışmada elde edilen haplotip çeşitliliği sonuçlarının incelenmesinde, Akdenizin yerel türleri olan *S. viridensis*, *M. barbatus*, *P. incisus* ve familyasına ait İndo-Pasifikte türü bulunmayan, Akdeniz’de Polypronidae familyasını temsil eden tek tür olan *P. Americanus’un* İndo-Pasifik’te yaşayan ve İndo-Pasifik kökenli olup Akdeniz’e lesepsiyele göçle dahil olan türlerle ortak haplotip paylaşımı göstermediği

tespit edilmiştir. Bu sonuçla Akdeniz’de varlık gösteren türlerin, İndo-Pasifik’teki türlerden farklı, Akdeniz’e özgü genetik değişimleri, zaman içerisinde ortam koşullarındaki farklılıkların da etkisi ile göstermiş olabileceği sanılmaktadır. Buna ek olarak canlıların yaşadıkları çevre koşullarının etkisi ile, barındırdıkları genetik yapılarında mutasyonlar olabileceği bilinmektedir (Turan, 2002).

Çizelge 4.2. Türler içerisinde mtDNA düzeyinin ND 3/4 gen bölgesi değişiminde ölçülen haplotip çeşitlilik değerleri

<b>Tür</b>	<b>ND 3/4</b>
<i>S. putnamae</i>	0.5556 (+/- 0.07454)
<i>S. jello</i>	0.7111 (+/- 0.08600)
<i>N. japonicus</i>	0.6444 (+/- 0.10124)
<i>P. heptacanthus</i>	—
<i>L. lentjan</i>	0.2000 (+/- 0.15414)
<i>D. picta</i>	—
<i>H. archipelagicus</i>	—
<i>S. undosquamis</i>	0.2000 (+/- 0.15414)
<i>S. pinguis</i>	0.6444 (+/- 0.15182)
<i>H. far</i>	—
<i>N. randalli</i>	0.9111 (+/- 0.07734)
<i>U. moluccensis</i>	0.6667 (+/- 0.16330)
<i>P. stridens</i>	0.7778 (+/- 0.13744)
<i>T. choram</i>	—
<i>R. kanagurta</i>	—
<i>S. sphyraena</i>	0.8222 (+/- 0.09693)
<i>S. viridensis</i>	0.7778 (+/- 0.09068)
<i>S. saurus</i>	0.9556 (+/- 0.05940)
<i>M. barbatus</i>	—
<i>P. incisus</i>	—
<i>P. americanus</i>	—
<b>Ortalama</b>	<b>0.3746 (+/- 0.00679)</b>

#### 4.1.1.3. Sınırlama Enzimleri

Her enzim ve her haplotip için hesaplanan sınırlama parçası uzunlukları Ek 1 ve Ek 2’de ayrıntılı olarak verilmiştir. Buna göre, “1” ile gösterilen değerler sınırlama parçasının var olduğunu “0” ile gösterilen değerler ise sınırlama parçasının var olmadığını belirtmektedir.

##### 4.1.1.3.1. *Bsu*I Sınırlama Enzimi

*Bsu*I enziminde, mtDNA’nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde, A, B, C, D, E ve F olmak üzere 6 haplotip gözlenmiştir.

*S. jello*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *N.randalli*, *P. sitridens* türlerine ait örneklerde sadece A haplotipine rastlanmıştır. *S. putnamae*, *H.archipelagicus*, *R. kanagurta*, *U. mollucensis* ve *S. viridensis* türlerine ait örneklerde sadece B haplotipine, *S. undosquamis*, *H. far*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus*, *T. choam* türlerine ait örneklerde sadece C haplotipine rastlanmıştır. *N. japonicus* ve *S. sphyraena* türlerinde A ve B haplotipinin ikisine birden rastlanmıştır. *S. saurus* türünde A, D, E, *S. pinguis* türünde ise B, C, F haplotip yapılarına rastlanmıştır.

*Bsu*I enzimi için bant uzunluğu ise 47-2002 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2002 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 1).

##### 4.1.1.3.2. *Xho*I Sınırlama Enzimi

*Xho*I enziminde mtDNA’nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B, C, D, E, F, G ve H olmak üzere 8 haplotip gözlenmiştir.

*S. pinguis* ve *H. far* türlerine ait örneklerde, sadece A haplotipine, *S. sphyraena*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus* türlerine ait örneklerde sadece B haplotipine, *T. choam*, *R. kanagurta*, *D. picta*, *L. lentjan*, *N. japonicus*, *P. heptacanthus* ve *H. archipelagicus* türlerinin tüm bireylerinde C haplotipine rastlanmıştır. *S. undosquamis*, *U. mollucensis*, *P. sitridens* türlerinin bireylerinde A ve E, *S. putnamae* türüne ait bireylerde D ve F, *S. jello* türünün bireylerinde B,D,F, *S. saurus* türüne ait bireylerde B,D,H, *N. randalli* ve *S. viridensis* türlerine ait bireylerde ise A,E,G haplotiplerine rastlanmıştır.



*XhoI* enzimi için bant uzunluğu ise 26-1626 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2058 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 1).

#### 4.1.1.3.3. *EheI* Sınırlama Enzimi

*EheI* enziminde mtDNA'nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B, C ve D olmak üzere 4 haplotip gözlenmiştir.

*S. putnamae*, *S. jello*, *H. archipelagicus*, *N. japonicus*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *R. kanagurta*, *S. pinguis*, *S. undosquamis*, *H. far*, *S. sphyraena*, *S. viridensis*, *S. saurus*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus*, *T. choam*, türlerine ait bireylerin tümünde A haplotipi tespit edilmiştir. *P. sitridens* türünün bireylerinde A ve B, *U. mollucensis*, türünün bireylerinde A ve D, *N. randalli* türünün bireylerinde, A, B, ve C haplotipi gözlenmiştir.

*EheI* enzimi için bant uzunluğu ise 67-1027 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 1992 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 1).

#### 4.1.1.3.4. *AluI* Sınırlama Enzimi

*AluI* enziminde mtDNA'nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B, C, D ve E olmak üzere 5 haplotip gözlenmiştir.

*S. pinguis*, *S. undosquamis*, *H. far*, *P. incisus* türlerine ait örneklerde sadece A haplotipine *S. jello*, *H. archipelagicus*, *N. japonicus*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *R. kanagurta*, *S. sphyraena*, *T. choam* türlerine ait örneklerde sadece B haplotipine rastlanmıştır. *S. putnamae*, *M. barbatus*, *P. americanus*, türlerine ait örneklerde sadece C haplotipine, *P. sitridens* ve *S. viridensis* türlerine ait örneklerde B ve C haplotipine, *U. mollucensis*'de C ve E, *N. randalli*'de B ve E, *S. saurus* türüne ait örneklerde ise B, C, D haplotip yapılarına rastlanmıştır.

*AluI* enzimi için bant uzunluğu ise 65-680 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2037 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 1).

#### 4.1.1.3.5. *MspI* Sınırlama Enzimi

*MspI* enziminde mtDNA'nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B, C olmak üzere 3 haplotip gözlenmiştir.

*S. putnamae*, *S. jello*, *H. archipelagicus*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *R. kanagurta*, *U. mollucensis*, *S. viridensis* türlerine ait örneklerde sadece A haplotipine, *M. barbatus*, *P. americanus*, *H. far*, *P. incisus*, *T. choam*, *S. undosquamis* türlerine ait örneklerde sadece B haplotipine rastlanmıştır. *N. japonicus* ve *S. saurus* türlerine ait örneklerde B ve C haplotipine, *S. pinguis*, *P. sitridens*, *N. randalli* ve *S. sphyraena* türlerine ait örneklerde ise A ve B haplotipine rastlanmıştır.

*MspI* enzimi için bant uzunluğu ise 68–640 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2011 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 2).

#### 4.1.1.3.6. *Hin6I* Sınırlama Enzimi

*Hin6I* enziminde mtDNA'nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B, C olmak üzere 3 haplotip gözlenmiştir.

*S. pinguis*, *S. undosquamis*, *H. far*, *M. barbatus*, *P. americanus*, *P. incisus*, *T. choam*, türlerine ait örneklerde sadece A haplotipine, *S. putnamae*, *S. jello*, *H. archipelagicus*, *N. japonicus*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *R. kanagurta*, *S. viridensis*, türlerine ait örneklerde sadece B haplotipine, *N. randalli*, *U. mollucensis*, *P. sitridens*, *S. sphyraena*, türlerine ait örneklerde ise A ve B haplotipine, *S. saurus* türlerine ait örneklerde A, B ve C haplotipine rastlanmıştır.

*Hin6I* enzimi için bant uzunluğu ise 26–551 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2030 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 2).

#### 4.1.1.3.7. *Bsh1236I* Sınırlama Enzimi

*Bsh1236I* enziminde mtDNA'nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B olmak üzere 2 haplotip gözlenmiştir.

*S. putnamae*, *S. jello*, *H. archipelagicus*, *N. japonicus*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *R. kanagurta*, *S. pinguis*, *S. undosquamis*, *H. far*, *M. barbatus*, *P. americanus*, *P. incisus*, *T. choam*, türlerine ait örneklerde sadece A haplotipine, *S. viridensis* ve *P. sitridens* türlerine ait örneklerde sadece B haplotipine, *N. randalli*, *U. mollucensis*, *S. sphyraena*, *S. saurus* türlerine ait örneklerde ise A ve B haplotipine rastlanmıştır.

*Bsh1236I* enzimi için bant uzunluğu ise 109–720 bç. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2020 bç. olarak hesaplanmıştır (Ek 2).

#### 4.1.1.3.8. *RsaI* Sınırlama Enzimi

*RsaI* enziminde mtDNA'nın ND 3/4 bölgesi için tüm türlere ait örneklerde A, B, C olmak üzere 3 haplotip gözlenmiştir.

*S. putnamae*, *S. jello*, *H. archipelagicus*, *N. japonicus*, *P. heptacanthus*, *L. lentjan*, *D. picta*, *R. kanagurta*, *S. saurus*, *S. pinguis*, *S. undosquamis*, *H. far*, *M. barbatus*, *P. americanus*, *P. incisus*, *T. choam*, *S. viridensis*, *S. sphyraena* türlerine ait bireylerde A haplotipine rastlanmıştır. *N. randalli*, *U. mollucensis* türlerine ait örneklerde A ve B haplotipine, *P. sitridens* türüne ait örneklerde ise A, B ve C haplotipine rastlanmıştır.

*RsaI* enzimi için bant uzunluğu ise 74–578 bp. arasında bulunmuştur. Toplam bant uzunluğu ise 2061 bp. olarak hesaplanmıştır (Ek 2).

#### 4.1.1.4. Genetik Çeşitlilik ve Genetik Farklılık

##### 4.1.1.4.1. Türler İçi Genetik Çeşitlilik

Türler içerisinde ND 3/4 bölgesi için genetik çeşitliliğe bakıldığında, *P. heptacanthus*, *D. picta*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus*, *H. far*, *T. choram*, *R. kanagurta*, *H. archipelagicus* türlerinde genetik çeşitliliğin olmadığı gözlenmiştir.

Türler içerisinde en yüksek genetik çeşitlilik 0.015972 değeriyle *S. saurus*'ta, en düşük genetik çeşitlilik de 0.000485 değeriyle *L. lentjan* türünde gözlemlenmiştir. Türler içi ortalama genetik çeşitlilik ise 0.003190 (+/-0.0000010) olarak saptanmıştır (Çizelge 4.3).

Bu değerlere oldukça yakın ve benzer genetik çeşitlilik değerlerini Clupeidae familyasından ringalarda Turan (1997), ND 3/4 bölgesi için 0.008114, ND 5/6 bölgesi için ortalama 0.005344 olarak bulmuştur. Hauser ve ark. (2001), bu değerleri ringalarda ND 3/4 bölgesi için 0.0053 ( $\pm$  0.0004), ND 5/6 bölgesi için 0.0081 ( $\pm$  0.00018) olarak hesaplamışlardır. Gharret ve ark. (2001), kayabalıkları türleri (*Sebastes* spp.) ile ND 3/4 gen bölgeleriyle yaptıkları çalışmalarında türler içerisindeki genetik çeşitlilik değerini ortalama 0.0024 olarak tespit etmiştir.

Çizelge 4.3. Türler içerisinde mtDNA Düzeyinin ND 3/4 gen bölgesi değişiminde ölçülen genetik çeşitlilik değerleri

<b>Tür</b>	<b>ND 3/4</b>
<i>S. putnamae</i>	0.002685
<i>S. jello</i>	0.003485
<i>N. japonicus</i>	0.002039
<i>P. heptacanthus</i>	—
<i>L. lentjan</i>	0.000485
<i>D. picta</i>	—
<i>H. archipelagicus</i>	—
<i>S. undosquamis</i>	0.001121
<i>S. pinguis</i>	0.003627
<i>H. far</i>	—
<i>N. randalli</i>	0.012950
<i>U. moluccensis</i>	0.007792
<i>P. stridens</i>	0.008733
<i>T. choram</i>	—
<i>R. kanagurta</i>	—
<i>S. sphyraena</i>	0.003775
<i>S. viridensis</i>	0.004322
<i>S. saurus</i>	0.015972
<i>M. barbatus</i>	—
<i>P. incisus</i>	—
<i>P. americanus</i>	—
<b>Ortalama</b>	0.003190 +/-0.0000010

#### 4.1.1.4.2. Türler Arası Genetik Benzerlik ve Genetik Farklılık

Çalışmada, 21 türün yapılan ND 3/4 gen bölgesi analizi ile türler arası genetik farklılıklar incelendiğinde, İndo-Pasifik türlerinden *L. lentjan* ve *D. picta*, *P. heptacanthus* ve *R. kanagurta*, Akdeniz’de yaşayan lesepsiye türlerden *H. far* ve *S. undosquamis*, Akdeniz’in yerel türlerinden *M. barbatus* ve *P. americanus* arasında genetik farklılığa rastlanmamıştır. Bunların dışında kalan, *N. randalli* ve *P. stridens* arasında Monte Carlo ( $X^2$ ) analizi sonucunda düşük önemlilikte farklılık bulunmuştur ( $P<0.05$ ). Diğer tüm örnekler, Monte Carlo ( $X^2$ ) analizi sonucunda birbirlerinden farklı ve bu farklılığın yüksek derecede önemli olduğu belirlenmiştir ( $P<0.001$ ) (Çizelge 4.4).

Tespit edilen en yüksek genetik farklılık değeri (0.081742) *H. far* ve *S. putnamae* türleri arasında bulunmuştur. Tespit edilen en düşük genetik farklılık değeri

(0.000259) Akdeniz'e lesepsiyen göçle dahil olan iki tür, *N. randalli* ve *P. stridens* arasında bulunmuştur (Çizelge 4.4).

Türler arası ortalama genetik farklılık 0.031002 (+/- 0.0000018) olarak bulunmuştur. mtDNA'nın ND3/4 geni ve farklı gen bölgeleri kullanılarak deniz balıkları ile yapılan benzer çalışmalarda türler arasındaki genetik farklılık değerleri aşağıda verilmiştir. Bu değerler ile değerlendirildiğinde bulunan türler arası ortalama genetik farklılık değerinin yüksek olduğu söylenebilir.

Billington ve Hebert (1991), deniz balıkları için genetik farklılık değerlerini en düşük 0.0031 ve en yüksek 0.0133 arasında belirtmiştir.

Turan (1997) ND 3/4 genleri ile *Clupea harengus* ve *Clupea pallasii* türleri için genetik farklılık değerlerini en düşük 0.000013 en yüksek 0.018318 olarak, ND 5/6 genleri için ise genetik farklılık değerlerini 0.00009 ile 0.034862 arasında tespit etmiştir.

Erguden (2007), *Alosa* cinsine ait türlerle yaptığı çalışmada, türler arasındaki genetik farklılık değerini en düşük 0.000007 en yüksek 0.009599 olarak bulunmuştur.

Gharret ve ark. (2001), *Sebastes* cinsi kayabalıkları türlerinin ND 3/4 ve 12S/16S rRNA gen bölgelerini incelemiş ve türler arasındaki genetik farklılık değerini ortalama 0.0249 olarak tespit etmişlerdir.

Mamuris ve ark. (2001), *M. surmuletus* ve *M. barbatus* arasındaki genetik uzaklığı COI ve 12S-16S rRNA gen bölgeleri ile araştırmış ve genetik farklılığı 0.020-0.008 arasında bulmuşlardır.

Karaiskou ve ark. (2003), Cyt B gen bölgesini kullanarak istavrit türlerini karşılaştırmış ve türler arasındaki genetik farklılığı 0.0213 ile 0.0525 arasında tespit etmişlerdir.

Grant ve ark. (2005), hamsi türleri arasındaki farklılığı Cyt B geni ile araştırarak, genetik farklılık değerini 0.015 olarak bulmuşlardır.

Papasotiropoulous ve ark. (2002), 12S rRNA geni ile kefal türlerini analiz etmiş ve genetik farklılık değerlerini kefal türleri arasında en düşük 0.0032 en yüksek 0.015 olarak bulmuşlardır.

Poulin ve ark. (2004) mtDNA'nın D-loop bölgesi ile istavrit türlerini incelemişler ve türler arasındaki genetik farklılık değerini en düşük 0.017 en yüksek 0.024 olarak bulmuşlardır.

Turan ve ark. (2009a), Scorpaenidae familyasına ait iskorpit türlerini mtDNA'nın 16S gen bölgesini kullanarak karşılaştırmışlar ve genetik farklılık değerlerini 0.145-0.007 arasında bulmuşlardır.

Bu çalışma da elde edilen türler arası genetik farklılık değeri, diğer deniz balıkları ile yapılan çalışmaların sonuçları ile değerlendirildiğinde, diğer deniz balıkları ile yapılan çalışmaların sonuçlarının, çalışmayı destekler durumda olduğu gözlenmiştir.

ND 3/4 gen bölgesi analizi ile türler arası genetik benzerlik sonuçları incelendiğinde, *P. heptacanthus* ve *R. kanagurta*, ve Akdeniz'in yerel türlerinden *M. barbatus* ve *P. americanus* arasında genetik benzerliğe rastlanmamıştır. Tespit edilen en yüksek genetik benzerlik değeri (0.083728) *S. pinguis* ve *S. putnamae* türleri arasında bulunmuştur (Çizelge 4.5). Tespit edilen en düşük genetik benzerlik değeri (0.000243) İndo-Pasifik türlerinden *L. lentjan* ve *D. picta* arasında tespit edilmiştir. Türler arası ortalama genetik benzerlik ise 0.034192 (+/- 0.0000018) olarak bulunmuştur.

Alexandrino ve ark. (2006), *Alosa* cinsine ait türleri karşılaştırdıkları çalışmalarında, genetik benzerlik değerini ortalama 0.0021 olarak, Magoulas ve ark. (1996), mtDNA'nın 12S, 16S Cyt B ve D loop gen bölgelerini hamsiler üzerinde inceledikleri çalışmada, ortalama genetik çeşitliliği 0.0017 olarak, Papatotiroopoulos ve ark. (2002), mtDNA'nın 12S, 16S, COI gen bölgelerini kefal türleri üzerinde inceledikleri çalışmada, ortalama genetik çeşitliliği 0.003 olarak bulmuşlardır.

Ergüden (2007), *Alosa* cinsine ait türlerde ortalama genetik çeşitliliği 0.008024 ( $\pm 0.0000006$ ) olarak düşük bir seviyede bulmuşlardır. Aynı çalışmada en yüksek değeri 0.012762, en düşük değer ise 0.003988 olarak tespit etmiştir.

Yapılan bu çalışmada diğer çalışmalara göre ortalama genetik benzerlik yüksek bulunmuştur. Bunu sebebinin, bu çalışmada farklı familyalardan çok sayıda türün kullanılması olduğu düşünülmektedir.

Çizelge 4.4. ND 3/4 gen bölgesi için Nei (1978)'ye göre türler arası genetik farklılık değerleri (Nei,1978) (Önemlilik Dereceleri \*\*\* = P<0.001; \* = P<0.05)

	<i>S. putnamae</i>	<i>S. jello</i>	<i>N. japonicus</i>	<i>P. heptacanthus</i>	<i>L. lentjan</i>	<i>D. picta</i>	<i>H. archipelagicus</i>
<i>S. putnamae</i>	—						
<i>S. jello</i>	0.005817***	—					
<i>N. japonicus</i>	0.043840***	0.039090***	—				
<i>P. heptacanthus</i>	0.044037***	0.041179***	0.000324***	—			
<i>L. lentjan</i>	0.044917***	0.037844***	0.000517***	0.001941***	—		
<i>D. picta</i>	0.045284***	0.037743***	0.000808***	0.002426***	—	—	
<i>H. archipelagicus</i>	0.007939***	0.004902***	0.044087***	0.044366***	0.045124***	0.045477***	—
<i>S. undosquamis</i>	0.080088***	0.068398***	0.031006***	0.031987***	0.030890***	0.031038***	0.033237***
<i>S. pinguis</i>	0.080572***	0.068757***	0.030721***	0.031215***	0.031210***	0.031479***	0.027340***
<i>H. far</i>	0.081742***	0.068903***	0.032010***	0.032996***	0.031892***	0.032039***	0.029169***
<i>N. randalli</i>	0.069596***	0.053856***	0.020016***	0.022033***	0.018667***	0.018563***	0.034463***
<i>U. moluccensis</i>	0.068249***	0.062612***	0.022508***	0.022318***	0.023915***	0.024362***	0.028914***
<i>P. stridens</i>	0.073525***	0.056128***	0.020189***	0.022165***	0.018906***	0.018813***	0.028649***
<i>T. choram</i>	0.059628***	0.052821***	0.015299***	0.016086***	0.015387***	0.015578***	0.058576***
<i>R. kanagurta</i>	0.044037***	0.041179***	0.000324***	—	0.001941***	0.002426***	0.044366***
<i>S. sphyraena</i>	0.010724***	0.005914***	0.046212***	0.047058***	0.046495***	0.046702***	0.002374***
<i>S. viridensis</i>	0.007339***	0.007015***	0.045086***	0.045281***	0.046152***	0.046519***	0.004473***
<i>S. saurus</i>	0.007471***	0.003150***	0.042216***	0.043893***	0.041604***	0.041619***	0.002854***
<i>M. barbatus</i>	0.015753***	0.017585***	0.058959***	0.060293***	0.058505***	0.058576***	0.015281***
<i>P. incisus</i>	0.022724***	0.021589***	0.062650***	0.064013***	0.062120***	0.062179***	0.019453***
<i>P. americanus</i>	0.015753***	0.017585***	0.058959***	0.060293***	0.058505***	0.058576***	0.015281***
	<i>S. undosquamis</i>	<i>S. pinguis</i>	<i>H. far</i>	<i>N. randalli</i>	<i>U. moluccensis</i>	<i>P. stridens</i>	<i>T. choram</i>
<i>S. undosquamis</i>	—						
<i>S. pinguis</i>	0.000531***	—					
<i>H. far</i>	—	0.000515***	—				
<i>N. randalli</i>	0.020320***	0.020485***	0.020522***	—			
<i>U. moluccensis</i>	0.018099***	0.016331***	0.018240***	0.007823***	—		
<i>P. stridens</i>	0.023242***	0.023079***	0.023375***	0.000259*	0.007048***	—	
<i>T. choram</i>	0.022769***	0.025291***	0.023803***	0.021860***	0.024083***	0.024445***	—
<i>R. kanagurta</i>	0.031987***	0.031215***	0.032996***	0.022033***	0.022318***	0.022165***	0.016086***
<i>S. sphyraena</i>	0.034219***	0.028808***	0.030126***	0.029504***	0.026827***	0.023407***	0.059594***
<i>S. viridensis</i>	0.054649***	0.051297***	0.052808***	0.044548***	0.041118***	0.040008***	0.061221***
<i>S. saurus</i>	0.037319***	0.033558***	0.034861***	0.033276***	0.030812***	0.028755***	0.054079***
<i>M. barbatus</i>	0.020083***	0.017176***	0.016067***	0.041282***	0.031244***	0.037865***	0.050400***
<i>P. incisus</i>	0.014264***	0.011059***	0.010332***	0.044606***	0.037378***	0.042261***	0.053609***
<i>P. americanus</i>	0.020083***	0.017176***	0.016067***	0.041282***	0.031244***	0.037865***	0.050400***
	<i>R. kanagurta</i>	<i>S. sphyraena</i>	<i>S. viridensis</i>	<i>S. saurus</i>	<i>M. barbatus</i>	<i>P. incisus</i>	<i>P. americanus</i>
<i>R. kanagurta</i>	—						
<i>S. sphyraena</i>	0.047058***	—					
<i>S. viridensis</i>	0.045281***	0.001133***	—				
<i>S. saurus</i>	0.043893***	0.001318***	0.002616***	—			
<i>M. barbatus</i>	0.060293***	0.016159***	0.018715***	0.011736***	—		
<i>P. incisus</i>	0.064013***	0.020497***	0.024152***	0.016876***	0.005827***	—	
<i>P. americanus</i>	0.060293***	0.016159***	0.018715***	0.011736***	—	0.005827***	—

Çizelge 4.5. ND 3/4 gen bölgesi için Nei (1978)'ye göre türler arası genetik benzerlik değerleri.

	<i>S. putnamae</i>	<i>S. jello</i>	<i>N. japonicus</i>	<i>P. heptacanthus</i>	<i>L. lentjan</i>	<i>D. picta</i>	<i>H. archipelagicus</i>
<i>S. putnamae</i>	—						
<i>S. jello</i>	0.008902	—					
<i>N. japonicus</i>	0.046202	0.041852	—				
<i>P. heptacanthus</i>	0.045380	0.042922	0.001343	—			
<i>L. lentjan</i>	0.046502	0.039829	0.001779	0.002184	—		
<i>D. picta</i>	0.046626	0.039486	0.001828	0.002426	0.000243	—	
<i>H. archipelagicus</i>	0.009282	0.006644	0.045106	0.044366	0.045366	0.045477	—
<i>S. undosquamis</i>	0.081991	0.070701	0.032586	0.032548	0.031694	0.031599	0.033797
<i>S. pinguis</i>	0.083728	0.072313	0.033554	0.033028	0.033266	0.033292	0.029153
<i>H. far</i>	0.083084	0.070646	0.033029	0.032996	0.032135	0.032039	0.029169
<i>N. randalli</i>	0.077413	0.062074	0.027510	0.028508	0.025385	0.025038	0.040938
<i>U. moluccensis</i>	0.073488	0.068251	0.027424	0.026214	0.028053	0.028258	0.032810
<i>P. stridens</i>	0.079234	0.062238	0.025575	0.026532	0.023515	0.023180	0.033016
<i>T. choram</i>	0.060971	0.054563	0.016319	0.016086	0.015629	0.015578	0.058576
<i>R. kanagurta</i>	0.045380	0.042922	0.001343	—	0.002184	0.002426	0.044366
<i>S. sphyraena</i>	0.013954	0.009544	0.049119	0.048945	0.048625	0.048589	0.004262
<i>S. viridensis</i>	0.010843	0.010919	0.048266	0.047442	0.048556	0.048680	0.006634
<i>S. saurus</i>	0.016800	0.012878	0.051221	0.051879	0.049832	0.049605	0.010840
<i>M. barbatus</i>	0.017095	0.019327	0.059978	0.060293	0.058748	0.058576	0.015281
<i>P. incisus</i>	0.024067	0.023331	0.063670	0.064013	0.062362	0.062179	0.019453
<i>P. americanus</i>	0.017095	0.019327	0.059978	0.060293	0.058748	0.058576	0.015281

	<i>S. undosquamis</i>	<i>S. pinguis</i>	<i>H. far</i>	<i>N. randalli</i>	<i>U. moluccensis</i>	<i>P. stridens</i>	<i>T. choram</i>
<i>S. undosquamis</i>	—						
<i>S. pinguis</i>	0.002904	—					
<i>H. far</i>	0.000561	0.002328	—				
<i>N. randalli</i>	0.027355	0.028773	0.026997	—			
<i>U. moluccensis</i>	0.022556	0.022040	0.022136	0.018194	—		
<i>P. stridens</i>	0.028169	0.029259	0.027741	0.010583	0.015311	—	
<i>T. choram</i>	0.023329	0.027104	0.023803	0.028335	0.027979	0.028811	—
<i>R. kanagurta</i>	0.032548	0.033028	0.032996	0.028508	0.026214	0.026532	0.016086
<i>S. sphyraena</i>	0.036667	0.032509	0.032014	0.037866	0.032610	0.029661	0.061481
<i>S. viridensis</i>	0.057370	0.055271	0.054969	0.053184	0.047175	0.046536	0.063382
<i>S. saurus</i>	0.045865	0.043357	0.042847	0.047737	0.042694	0.041107	0.062065
<i>M. barbatus</i>	0.020643	0.018989	0.016067	0.047757	0.035140	0.042232	0.050400
<i>P. incisus</i>	0.014825	0.012873	0.010332	0.051081	0.041274	0.046628	0.053609
<i>P. americanus</i>	0.020643	0.018989	0.016067	0.047757	0.035140	0.042232	0.050400

	<i>R. kanagurta</i>	<i>S. sphyraena</i>	<i>S. viridensis</i>	<i>S. saurus</i>	<i>M. barbatus</i>	<i>P. incisus</i>	<i>P. americanus</i>
<i>R. kanagurta</i>	—						
<i>S. sphyraena</i>	0.048945	—					
<i>S. viridensis</i>	0.047442	0.005181	—				
<i>S. saurus</i>	0.051879	0.011191	0.012763	—			
<i>M. barbatus</i>	0.060293	0.018046	0.020876	0.019722	—		
<i>P. incisus</i>	0.064013	0.022384	0.026313	0.024862	0.005827	—	
<i>P. americanus</i>	0.060293	0.018046	0.020876	0.019722	—	0.005827	—



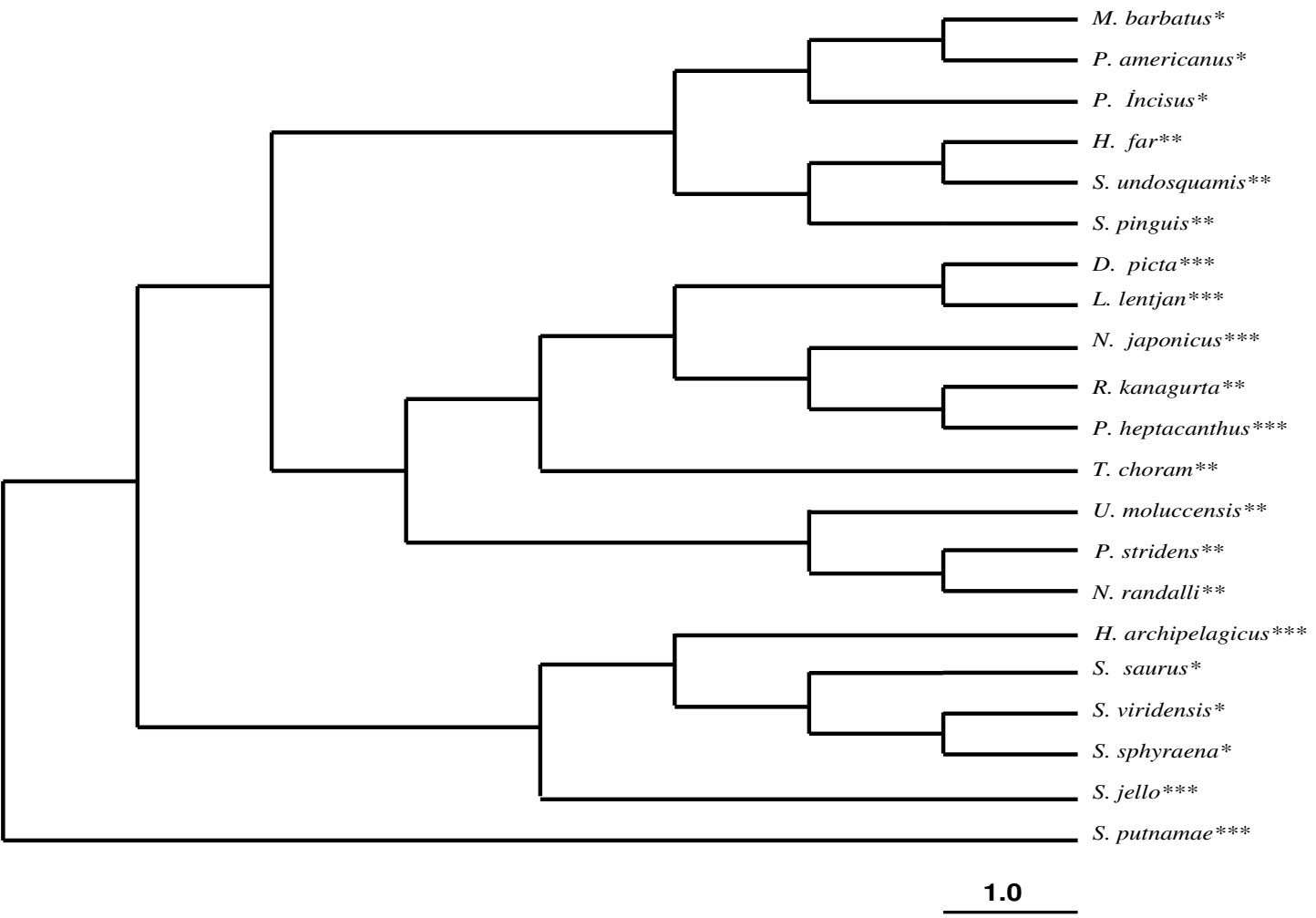
#### 4.1.1.5. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Gerçekleşen Göç - Genetik İlişkisi

Akdeniz'in yerel türleri, Akdeniz'in lesepsiyen türleri ve İndo-Pasifik denizlerinde yaşayan türleri temsil eden 21 balık türüne ait genetik ilişki, genetik analiz sonucunda elde edilen veriler kullanılarak, Neighbor joining soyağacı analizi yapıldıktan sonra, Consensus soyağacı programı (Phylip 3.67: Consense) kullanılarak çizilip ortaya koyulmuştur. Bu analizler sonucunda, İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e gerçekleşen göçe sebep olan faktörlerin içerisinde, genetiğin de dahil olduğu gözlenmiştir. Şekil 4.1.'de soyağacı üzerinde belirtildiği gibi Akdeniz'i temsilen 6 tür, İndo-Pasifik türlerini temsilen 7 tür ve lesepsiyen türleri temsilen 8 tür kullanılmıştır. Fakat lesepsiyen türler içerisinde değerlendirilen *Tylosurus chorum* ve *Rastrelliger kanagurta* Akdeniz'den birer kez 30 yıldan fazla süre önce bildirilmiş ve Akdeniz'e yerleşme başarısı gösterememiş İndo-Pasifik türleridir.

Yapılan soyağacı analizinde, İndo-Pasifik'te varlık gösteren *Sphyraena putnamae* türü, diğer 20 türden daha farklı bir ayrılma göstermiştir. Diğer 20 türe ait bulgular, soyağacında 3 farklı gruplaşma şeklinde gözlenmiştir.

Akdeniz'e lesepsiyen göçle katılan, *Hemiramphus far*, *Sphyraena pinguis* ve *Saurida undosquamis*'in Akdeniz'in yerel türleri olan *Mullus barbatus*, *Polyprion americanus* ve *Pomadasyus incisus*'a çalışmada incelenen İndo-Pasifik türlerinden daha yakın bir genetik ilişki gösterdiği tespit edilmiştir (Şekil 4.1.). Bu sonuç, bu üç lesepsiyen türün Akdeniz'de gösterdiği kolonileşme başarısının, bu genetik özelliklerinden kaynaklandığını düşündürmektedir.

Çalışmada incelenen haplotiplere bakıldığında, İkinci sırada en fazla sayıda gözlenen CAAAAAA haplotipinin sadece lesepsiyen göçle Akdeniz'e dahil olan bu üç türde (*S. undosquamis*, *S. pinguis*, *H. far*) 25 adet bireyle temsil edildiği genetik analizler sonucunda ortaya konulmuştur (Çizelge 4.1). Bu haplotip yapısının soyağacında tespit edilen bu yakınlığı destekler durumda olduğu gözlenmiştir. Bu sonuç İndo-Pasifik'te yaşayan CAAAAAA haplotip yapısına sahip bireyleri olan türlerin, Akdeniz'e gelmeleri durumunda, Akdeniz ekosistemine yerleşmede daha başarılı olabilecekleri sonucunu düşündürmektedir. *S. undosquamis* (1953), *S. pinguis* (1930), *H. far* (1927)'in diğer türlere nazaran daha uzun süredir (1953'den önce) (Golani, 1998) Akdeniz'de varlık göstermelerinin ve Akdeniz'e yerleşmede diğer türlere nazaran daha başarılı olmalarının da bu sonucu güçlendirdiği düşünülmektedir.



Şekil 4.1. Türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soy ağacı ile gösterimi. Soy ağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soy ağacı yapısını desteklemektedir (Nei ve Tajima, 1981) (\* Akdeniz'in Yerel Türleri, \*\* Lesepsiye türler, \*\*\* İndo-Pasifik türleri)

Birbirlerine diğer türlerden daha yakın genetik ilişki gösterdiği tespit edilen 9 türün (*Diagramma picta*, *Lethrinus lentja*, *Nemipterus japonicus*, *Rastrelliger kanagurta*, *Parupeneus heptacanthus*, *Tylosurus choram*, *Upeneus moluccensis*, *Pomadasys stridens*, *Nemipterus randalli*) tümünün İndo-Pasifik'te yaşamını sürdüren türler olduğu tespit edilmiştir. Bu 9 türe Akdeniz'in yerel türlerinden hiçbirinin genetik yakınlık göstermemesi dikkati çekerek İndo-Pasifik kökenli türlerin Akdeniz'in yerel türlerinden genetik olarak farklı olduğu sonucu ortaya koyulmuştur (Şekil 4.1.).

Bu grup içerisinde Akdeniz'e yerleşme başarısı gösteren 3 türün birbirine daha yakın genetik ilişki gösterdiği (*Upeneus moluccensis*, *Pomadasys stridens*, *Nemipterus randalli*) bu yakınlıkla diğer 5 türden ayrıldığı görülmüştür. Bu üç tür dışında kalan türlerin İndo-Pasifik türleri ve Akdeniz'e bir şekilde göç etmiş fakat bu ortamda yerleşme başarısı gösterememiş iki türden (*Rastrelliger kanagurta*, *Tylosurus choram*) oluştuğu gözlenmiştir. Bu sonuçla, bu iki türün Akdeniz'e yerleşme başarısı göstermesine engel olan genetik faktörler bulunduğu düşünülmektedir. Genetik özellikler bakımından bu iki türün sadece İndo-Pasifik'te yaşamını sürdüren türlere, lesepsiyen türlerden daha yakın genetik ilişki göstermesi bu sonucu güçlendirmektedir.

Akdeniz'e yerleşme başarısı gösteren 3 türün (*Upeneus moluccensis*, *Pomadasys stridens*, *Nemipterus randalli*) yakın ilişki göstermesinin Akdeniz'e göç eden türlerin genetik özelliklerinin bu göçü teşvik ettiğinin göstergesi olduğu düşünülmektedir.

Aynı gruplaşma içerisinde diğer türlerden genetik olarak farklı ilişki gösteren (*Hemiramphus archipelagicus*, *Synodus saurus*, *Sphyraena sphyraena*, *Sphyraena viridensis*, *Sphyraena jello*) 5 tür gözlenmiştir.

Genetik olarak yakınlığı ortaya koyulan bu 5 türün içerisinde, Akdeniz'in yerel türlerinin (*Synodus saurus*, *Sphyraena sphyraena*, *Sphyraena viridensis*) birbirlerine genetik olarak yakınlığı dikkati çekmiştir. Bu üç türe yakınlık gösteren diğer iki türün (*Hemiramphus archipelagicus*, *Sphyraena jello*) çalışmada tespit edilen bu yakınlığından kaynaklı gelecekte Akdeniz ortamına lesepsiyen göçle katılmasının diğer İndo-Pasifik türlerinden daha muhtemel olduğu düşünülmektedir.

Yapılan genetik incelemede bazı türlerin (*H. far*, *S. pinguis*, *P. incisus*, *N. randalli*, *N. japonicus*, *H. archipelagicus*) mtDNA, ND 3/4 gen bölgesi için kendi cinsinden farklı olarak, diğer cinslere daha yakın olduğu dikkati çekmiştir. Benzer sonuç Hsieh ve ark. (2010) tarafından mtDNA Cytochrome B gen bölgesi için balon

balıklarında tespit edilmiştir. 10 farklı enzim kullanarak PCR-RFLP yöntemi ile yapılan çalışmada, *Lagocephalus sceleratus*, türünün çalışmada incelenen türler içerisinde kendi cinsinden türlerden (*Lagocephalus lunaris*, *Lagocephalus gloveri*, *Lagocephalus wheeleri*, *Lagocephalus inermis*) daha fazla olarak *Arothron stellatus* ve *Sphoeroides pachygaster* türlerine daha yakın genetik ilişki gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Genler, taşıdıkları genetik bilgi itibariyle kimi zaman türlerin fenotipik özelliklerine, kimi zaman taşıdıkları bir özelliğe etki edebilmektedirler. Örnek olarak, türlerin renk yapıları gibi özellikler çok az sayıda gen tarafından (1-3) kontrol edilmektedir. Bu durumda her genin türlerin yapısındaki tüm genetik varyasyonu temsil ettiği söylenemez. Bu tip genetik karakterler çok rahat takip edilebilir olmasına rağmen genetik varyasyon hakkında yanlış yönlendirmelere sebep olabilmektedirler (FAO, 1981, Çiftçi, 2006). Yapılan çalışmada da mtDNA'nın ND 3/4 geninin belirtilen 8 enzimle kontrol edilen bölgelerinin, türlerin farklı tür bazında genetik varyasyonuna sebep olmasından daha çok, yaşadıkları bölge denizlerine özgü ekolojik özelliklerinin türlere kazandırdığı genetik kazanımlar olduğu düşünülmektedir. Yapılan çalışmada bazı türlerin kendi cinsi, hatta familyasından daha çok yaşadığı bölge denizlerindeki türlere yakın ilişki göstermesi de bu düşünceyi güçlendirmektedir. Ayrıca yapılan diğer bir çalışmada, ND 3/4 gen bölgesi 6 sınırlama enzimiyle kontrol edilmiş ve Akdeniz'de bulunan tırsi türleri arasında aynı genetik yapının tespit edildiği görülmüştür (Turan ve ark. 2008).

#### **4.1.1.6. Filogenetik Bulgular**

MtDNA'nın ND 3/4 gen bölgesi ile elde edilen genetik veriler kullanılarak çalışmada incelenen 21 türün içerisinde, incelenen tür sayısı 2'den fazla olan familyalara ait türlerin, familyalar bazında, filogenetik analizleri yapılmıştır.

##### **4.1.1.6.1. Haemulidae Familyasına Ait Filogenetik Bulgular**

Yapılan çalışmada, Haemulidae familyasına ait üç tür kullanılmıştır. Bu türlerden *Pomadasys incisus* halk arasında Gargur olarak bilinen Akdeniz'in yerel türüdür. *Pomadasys stridens*, Akdeniz'de ilk kez 1968 de görülen (Ben-Tuvia, 1977b) Akdeniz'e lesepsiyen göçle katılan türdür. *Diagramma picta* ise İndo-Pasifik

denizlerindeki resif bölgelerinde yaşayan Akdeniz'den şimdiye kadar bildirilmemiş Haemulidae familyası türüdür.

Yapılan çalışmada, *P. incisus* ve *D. picta* türlerinin kendi içerisinde haplotip çeşitliliği göstermediği tespit edilmiştir. Bu iki türün kendine özgü tek tip haplotip yapısı gösterdiği gözlenmiştir. *D. picta*' da ACABBBAA, *P. incisus*' da CBAAAAAA haplotip yapısı, yapılan analizler sonucunda tespit edilmiştir (Çizelge 4.1). *P. stridens*'te 6 farklı haplotip gözlenmiştir. Bu haplotipler AABBABBB, ABBBBBB, AEACBABA, AAABBBBB, AEABBABC ve AABBAABB haplotip yapılarıdır. *P. stridens*'in Türler içerisinde mtDNA düzeyinin ND 3/4 gen bölgesi değişiminde ölçülen haplotip çeşitlilik değeri 0.7778 olarak (Çizelge 4.2), genetik benzerlik değeri ise 0.008733 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.3).

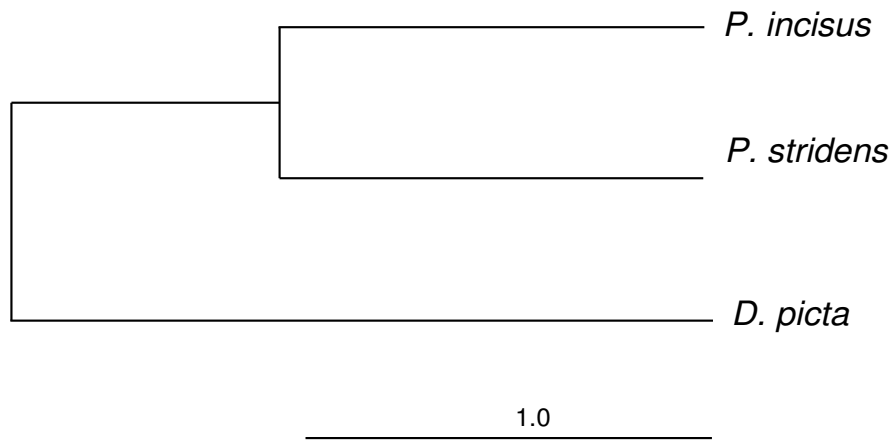
Bu familya üyesi üç tür arasında en yüksek farklılık (0.062179) ve en yüksek genetik benzerlik (0.062179) *P. incisus* ile *D. picta* türü arasında gözlenmiştir. En düşük genetik farklılık (0.018813) ve genetik benzerlik (0.023180) ise *P. stridens* ile *D. picta* türü arasında tespit edilmiştir (Çizelge 4.4, Çizelge 4.5)

Yapılan Neighbor joining soyağacı analizi sonucunda, lesepsiyen tür olan *P. stridens*'in Akdeniz'in yerel türü olan *P. incisus*'a yakınlığı dikkati çekmiştir (Şekil 4.2.). Bu yakınlığın *P. stridens*'in Akdeniz ortamına adaptasyon ve yerleşme başarısını bu türe kazandırmış olabileceği düşünülmektedir. Yapılan analizler sonucunda, *P. stridens*'in diğer iki türden farklı olarak genetik çeşitliliğinin fazla olmasının da, Akdeniz'de gösterdiği yerleşme başarısını destekler bir unsur olduğu düşünülmektedir. Bilindiği üzere türler ve populasyonların kolonileşme başarısı, doğada karşılaştıkları aşırı avcılık, kirlilik gibi olumsuz koşullara karşı koyabilme gücü ile de doğrudan alakalıdır. Genetik çeşitliliği yüksek türler ve populasyonlarında bu tip olumsuz koşullara karşı daha dirençli olduğu bilinmektedir.

*P. stridens*'in genetik çeşitliliğinin bu kadar fazla olması, bu türün doğada karşılaştıkları mutajenlere karşı hassas bir yapı gösterdiğinden de kaynaklanabilmektedir. Bu tür için böyle bir hassasiyet söz konusu ise gelecekte bu türün varlığını olumsuz yönde etkileyecek mutasyonlarında oluşabileceği ve türün bölgeden kaybolmasına kadar gidecek sonuçların ortaya çıkması kaçınılmaz olacaktır. Bu sebeple, türün Akdeniz'deki populasyonlarının genetik çeşitlilik düzeylerinin

devamlı kontrol edilmesi ve gerektiği durumlarda bu türe genetik koruma uygulanması gerekebilecektir.

Çalışmada Haemulidae familyasına ait türlerde bulunan genetik sonuçlar, farklı familyalara ait türlerde, aynı ve farklı gen bölgeleri ile yapılan çalışmalarda bulunan sonuçlarla benzer bulunmuştur (Billington ve Hebert, 1991; Gharret ve ark., 2001; Mamuris ve ark., 2001; Papatropoulous ve ark., 2002; Karaiskou ve ark., 2003; Poulin ve ark., 2004; Grant ve ark., 2005; Ergüden, 2007).



Şekil 4.2. Haemulidae familyasına ait türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi. (Nei ve Tajima, 1981).

#### 4.1.1.6.2. Mullidae Familyasına Ait Filogenetik Bulgular

Yapılan çalışmada Mullidae familyasından üç türe ait 10'ar adet, toplam 30 adet birey kullanılmıştır. Bu türlerden *Mullus barbatus* halk arasında Barbunya Balığı olarak bilinen Akdeniz'in yerel türüdür. *Upeneus moluccensis*, Akdeniz'de ilk kez 1947'de görülen (Golani, 2008) Akdeniz'e lesepsiyen göçle katılan türdür. *Parupeneus heptacanthus* ise İndo-Pasifik denizlerindeki resif bölgelerinde yaşayan, Akdeniz'den şimdiye kadar bildirilmemiş Mullidae familyasının bir türüdür.

Çalışmada *M. barbatus* ve *P. heptacanthus* türlerinin kendi içerisinde haplotip çeşitliliği göstermediği tespit edilmiştir. Bu iki türün kendine özgü tek tip haplotip yapısı gösterdiği gözlenmiştir. *P. heptacanthus*'da BCABBBAA haplotip yapısının tüm bireylerde gözlendiği, *M. barbatus*'da CBACAAA haplotip yapısının tüm bireylerde gözlendiği yapılan analizler sonucunda tespit edilmiştir (Çizelge 4.1). *U. moluccensis*'te

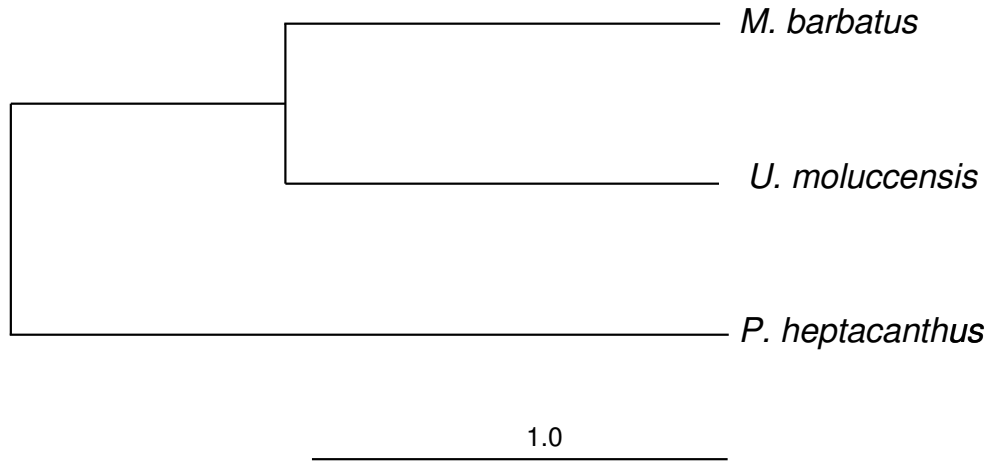
5 farklı haplotip gözlenmiştir. Bu haplotipler BAACBABB, BEACBAAB, BEACBAAA, BADCBAB, BAAEBBBB haplotipleridir.

*U. moluccensis*'in türler içerisinde mtDNA düzeyinin ND 3/4 gen bölgesi değişiminde ölçülen haplotip çeşitlilik değeri 0.6667 olarak (Çizelge 4.2), genetik çeşitlilik değeri ise 0.007792 olarak bulunmuştur Çizelge (4.16).

Bu familya üyesi üç tür arasında en yüksek genetik farklılık (0.060293) ve en yüksek genetik benzerlik (0.060293) *M. barbatus* ile *P. heptacanthus*' türü arasında gözlenmiştir. En düşük genetik farklılık (0.022318) ve genetik benzerlik (0.026214) ise *U. moluccensis* ile *P. heptacanthus* türü arasında tespit edilmiştir (Çizelge 4.4; Çizelge 4.5)

Yapılan Neighbor joining soyağacı analizi sonucunda lesepsiye tür olan *U. moluccensis*'in Akdeniz'in yerel türü olan *M. barbatus*'a yakınlığı dikkati çekmiştir (Şekil 4.3.). Bu yakınlıktan kaynaklı *U. moluccensis*'in Akdeniz ortamına adaptasyon ve yerleşme başarısını gösterdiği düşünülmektedir.

Yapılan analizler sonucunda *U. moluccensis*'in diğer iki türden farklı olarak genetik çeşitliliğinin fazla olmasının, Akdeniz'de gösterdiği yerleşme başarısına destek olduğu düşünülmektedir.



Şekil 4.3. Mullidae familyasına ait türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi (Nei ve Tajima, 1981).

Golani ve Ritte (1999), yaptıkları çalışmada *M. barbatus* ile *U. mollucensis* arasındaki genetik farklılığı 0,461 olarak oldukça yüksek bulmuşlardır. Yaptıkları çalışmada, Kızıldeniz ve Akdeniz'den aldıkları örneklerle bu iki denizde

bulunan 9 barbun türü arasındaki genetik akrabalık ilişkilerini allozyme yöntemi kullanarak ortaya koymuşlardır. Çalışma sonuçlarında Kızıldeniz’de yaşayan Akdeniz’de bulunmayan *Upeneus subvittatus* türünün genetik olarak Kızıldeniz’de bulunan türlerden Akdeniz’de bulunan *Mullus surmuletus* türüne daha yakın (0.373) genetik ilişki gösterdiğini tespit etmişlerdir. En yüksek ortalama polimorfizmi gösteren 2 türün Akdeniz’de yaşayan *Upeneus pori* (0.150) ve *Mullus surmuletus* (0.150) populasyonlarının olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmada, yüksek polimorfizm tespit edilen türün yapılan çalışmada genetik çeşitliliği yüksek bulunan *U. mollucensis* gibi Akdeniz’e lesepsiyen göçle gelen İndo-Pasifik kökenli barbun türü *U. pori* olması dikkati çekmektedir.

Turan (2006), yaptığı çalışmada Türkiye denizlerinde bulunan 4 tür ve 1 alt tür barbunu filogenetik olarak karşılaştırmış bulduğu genetik farklılık sonuçlarında *U. mollucensis*’in *Mullus Barbatius Ponticus* türüne *M. Barbatius*’tan daha yakın genetik ilişki gösterdiği dikkati çekmiştir.

Çalışmada, Mullidae familyası türlerine ait genetik bulguları diğer türlerle farklı gen bölgeleri ile yapılan çalışmalarda bulunan genetik çalışmalar destekler durumdadır. (Billington ve Hebert, 1991; Gharret ve ark., 2001; Papasotiropoulous ve ark., 2002; Mamuris ve ark., 2001; Karaiskou ve ark., 2003; Poulin ve ark., 2004; Grant ve ark., 2005; Ergüden, 2007).

#### **4.1.1.6.3. Sphyaenidae Familyasına Ait Filogenetik Bulgular**

Çalışmada, İndo-Pasifik’te bulunan 2 baraküda türü *S. putnamae*, *S. jello*, Akdeniz’in 2 yerel baraküda türü *S. sphyraena*, *S. viridensis* ve Akdeniz’e lesepsiyen göçle gelen, İndo-Pasifik kökenli *S. pinguis* ile Sphyaenidae familyasına ait türler arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır. Yapılan genetik analizde her türü temsilen 10’ar adet, toplam 50 adet örnek kullanılmıştır.

Çalışmada mtDNA’da bulunan ND 3/4 gen bölgesine 8 polimorfik sınırlama enzimi (*BsurI* (*HaeIII*), *AluI*, *Hin6I* (*HhaI*), *RsaI*, *XhoI*, *MspI*, *Bsh1236I*, *EheI*) uygulanarak türlerin örneklerinde toplam 17 haplotip belirlenmiştir.

İncelenen türler içerisinde, *S. sphyraena* 5 haplotiple en yüksek haplotip çeşitliliği (0.8222) gösteren tür olarak bulunmuştur. Bu türü Akdeniz’in diğer yerel baraküda türü *S. viridensis* (0.7778) 4 haplotiple izlemiştir. En düşük haplotip çeşitliliği



2 haplotiple *S. putnamae*'de gözlenmiştir (Çizelge 4.6). Çalışmada incelenen türlerin ND 3/4 gen bölgesi için ortalama haplotip çeşitliliği 0.70222 olarak yüksek bulunmuştur. Ayrıca çalışmada gözlenen 17 haplotipin 5'i, sadece 1'er adet bireyle temsil edilmiştir.

Hauser ve ark. (2001), *Clupea harengus*'da ND 3/4 genleri için 447 bireyde 53 haplotip tespit etmiş ortalama haplotip çeşitliliğini ise 0,97 ile yüksek bulmuşlardır. Carvalho ve ark. (1994), 104 *Sardina pilchardus* bireyinde 41 haplotip saptamış ve haplotip çeşitliliğini 0.76 olarak yapılan çalışmayla benzer bulmuşlardır.

Yapılan genetik çalışmada kullanılan 50 birey içerisinde en fazla görülen haplotipin BBABBBBA haplotipi olduğu, bu haplotipin sadece Akdeniz'in yerel türlerinde (*S. sphyraena*, *S. viridensis*) gözlemlendiği tespit edilmiştir (Çizelge 4.6).

Çalışmada İndo-Pasifik kökenli türlerle Akdeniz'in yerel türleri arasında haplotip paylaşımı olmayışı dikkat çekmiştir. Çalışmada haplotip paylaşımı sadece Akdeniz'in yerel baraküda türleri arasında, tek bir haplotiple (BBABBBBA) olduğu tespit edilmiştir.

Çalışmada *BsurI* enziminde görülen F ve C haplotiplerinin lesepsiye olan tür *S. pinguis*'e, *BshI236I* enziminde gözlenen B haplotipinin de Akdeniz'e özgü genetik yapılar olduğu ortaya koyulmuştur.

*Sphyraenidae* familyasına ait türler içerisinde ND 3/4 bölgesi için genetik çeşitliliğe bakıldığında, en yüksek genetik çeşitlilik 0.004322 değeriyle *S. viridensis*'te en düşük genetik çeşitlilik ise 0.002685 değeriyle *S. putnamae* türünde gözlemlenmiştir. Türler içi ortalama genetik çeşitlilik ise 0.0035788 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.6).

Bu değerlere oldukça yakın ve benzer genetik çeşitlilik değerlerini Clupeidae familyasından ringalarda Turan (1997), ND 3/4 bölgesi için ortalama 0.008114 olarak bulmuştur. Hauser ve ark. (2001), bu değerleri ringalarda ND 3/4 bölgesi için 0.0053, olarak hesaplamışlardır. Gharret ve ark. (2001) kayabalıkları türleri (*Sebastes* spp.) ile ND 3/4 gen bölgeleriyle yaptıkları çalışmalarında türler içerisindeki genetik çeşitlilik değerini ortalama 0.0024 olarak tespit etmiştir.

Çizelge 4.6. Sphyraenidae familyasına ait türlerin ND 3/4 gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları, ölçülen populasyonlar içi genetik ve haplotip çeşitlilik değerleri; (*H*: Haplotip çeşitlilik; *G*: Genetik çeşitlilik)

	Sınırlama Enzimleri								Türler					Toplam	
	<i>Bsur I</i>	<i>Xho I</i>	<i>Hha I</i>	<i>Alu I</i>	<i>Msp I</i>	<i>Hin6 I</i>	<i>Bsh1236 I</i>	<i>Rsa I</i>	<i>S. putnamae</i>	<i>S. jello</i>	<i>S. pinguis</i>	<i>S. sphyraena</i>	<i>S. viridensis</i>		
1	B	D	A	C	B	B	A	A	5					5	
2	B	F	A	C	B	B	A	A	5					5	
3	A	B	A	B	B	B	A	A		2				2	
4	A	F	A	B	B	B	A	A		4				4	
5	A	D	A	B	B	B	A	A		4				4	
6	B	B	A	B	B	B	A	A				2		2	
7	C	A	A	A	A	A	A	A			6			6	
8	B	A	A	A	A	A	A	A			1			1	
9	F	A	A	A	B	A	A	A			1			1	
10	F	A	A	A	A	A	A	A			2			2	
11	B	B	A	B	A	B	B	A				1		1	
12	A	B	A	B	B	A	B	A				1		1	
13	A	B	A	B	B	B	B	A				2		2	
14	B	B	A	B	B	B	B	A				4		4	
15	B	D	A	C	B	B	B	A					1	1	
16	B	B	A	C	B	B	B	A					2	2	
17	B	D	A	B	B	B	B	A					3	3	
									<b>Toplam</b>	10	10	10	10	10	50
														<b>Ortalama</b>	
									<i>H</i>	0.5556	0.7111	0.6444	0.8222	0.7778	0.70222
									<i>G</i>	0.002685	0.003485	0.003627	0.003775	0.004322	0.0035788

Sphyraenidae familyasına ait 5 baraküda türünün, yapılan ND 3/4 gen bölgesi analizi ile türler arası genetik farklılıklar incelendiğinde tespit edilen en yüksek genetik farklılık değeri (0.080572) *S. pinguis* ve *S. putnamae* türleri arasında bulunmuştur. Tespit edilen en düşük genetik farklılık değeri (0.00113) Akdeniz'in yerel türleri olan *S. sphyraena* ve *S. viridensis* arasında bulunmuştur (Çizelge 4.7).

Türler arası ortalama genetik farklılık ise 0,02673 olarak yüksek değerde bulunmuştur. mtDNA'nın ND3/4 geni ve farklı gen bölgeleri kullanılarak deniz balıkları ile yapılan benzer çalışmalarda türler arasındaki genetik farklılık değerleri incelendiğinde;

Turan (1997), ND 3/4 genleri ile *Clupea harengus* ve *Clupea pallasii* türleri için genetik farklılık değerlerini en düşük 0.000013, en yüksek 0.018318 olarak, ND 5/6 genleri için ise genetik farklılık değerlerini, 0.00009 ile 0.034862 arasında tespit etmiştir.

Çizelge 4.7. MtDNA ND 3/4 Geni; Sphyraenidae familyasına ait, Nei (1978)'ye göre türler arası genetik farklılık değerleri.

	<i>S. putnamae</i>	<i>S. jello</i>	<i>S. pinguis</i>	<i>S. sphyraena</i>	<i>S. viridensis</i>
<i>S. putnamae</i>	—				
<i>S. jello</i>	0.005817	—			
<i>S. pinguis</i>	0.080572	0.068757	—		
<i>S. sphyraena</i>	0.010723	0.005913	0.028808	—	
<i>S. viridensis</i>	0.007338	0.007014	0.051297	0.00113	—

Ergüden (2007), *Alosa* cinsine ait türlerle yaptığı çalışmada türler arasındaki genetik farklılık değerini en düşük 0.000007, en yüksek 0.009599 olarak bulmuştur.

Mamuris ve ark. (2001), *M. surmuletus* ve *M. barbatus* arasındaki genetik uzaklığı COI ve 12S-16S rRNA gen bölgeleri ile araştırmış ve genetik farklılığı 0.020-0.008 arasında bulmuşlardır.

Papasotiropoulos ve ark. (2002), 12S rRNA geni ile kefal türlerini analiz etmiş ve genetik farklılık değerlerini kefal türleri arasında en düşük 0.0032 en yüksek 0.015 olarak bulmuşlardır.

Karaiskou ve ark. (2003), Cyt B gen bölgesini kullanarak istavrit türlerini karşılaştırmış ve türler arasındaki genetik farklılığı 0.0213 ile 0.0525 arasında tespit etmişlerdir.

Poulin ve ark. (2004), mtDNA'nın D-loop bölgesi ile istavrit türlerini incelemişler ve türler arasındaki genetik farklılık değerini en düşük 0.017 en yüksek 0.024 olarak bulmuşlardır.

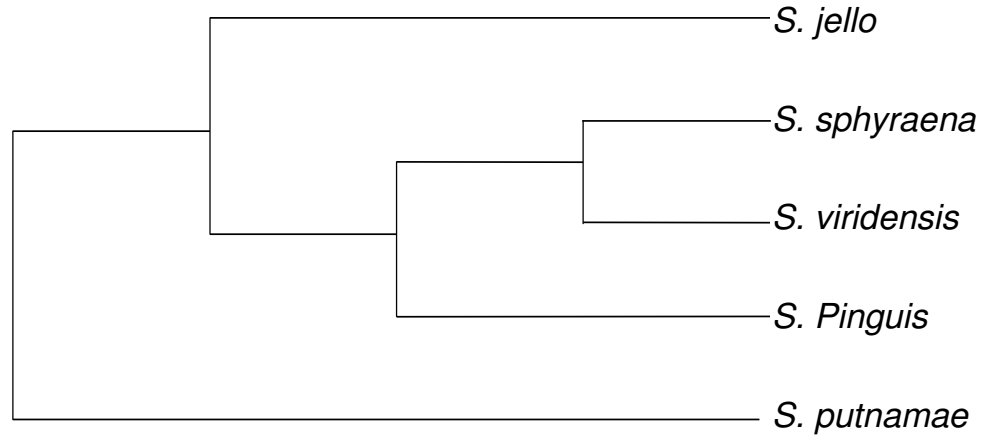
Turan ve ark. (2009a), Scorpaenidae familyasına ait iskorpit türlerini mtDNA'nın 16S gen bölgesini kullanarak karşılaştırmışlar ve genetik farklılık değerlerini 0.145-0.007 arasında bulmuşlardır.

Sphyraenidae familyası türlerinin, türler arası genetik farklılık değerinin, diğer deniz balıkları ile yapılan çalışmaların sonuçları ile benzer olduğu gözlenmiştir.

ND 3/4 gen bölgesi analizi ile baraküda türleri arasındaki genetik benzerlik sonuçları incelendiğinde, tespit edilen en yüksek genetik benzerlik değeri (0.083728) *S. pinguis* ve *S. putnamae* türleri arasında bulunmuştur (Çizelge 4.8). Tespit edilen en düşük genetik benzerlik değeri (0.005181) Akdeniz'in yerel türleri (*S. sphyraena*, *S. viridensis*) arasında tespit edilmiştir. Türler arası ortalama genetik benzerlik ise 0.03032 olarak yüksek değerde bulunmuştur. Sphyraenidae familyası türleri ile yapılmış genetik çalışma bulunmadığından, diğer familyalara ait türlerle yapılan çalışmalara göre ortalama genetik benzerlik değeri yüksek bulunmuştur.

Çizelge 4.8. MtDNA ND 3/4 Geni, Sphyraenidae familyasına ait Nei (1978)'ye göre türler arası genetik benzerlik değerleri.

	<i>S. putnamae</i>	<i>S. jello</i>	<i>S. pinguis</i>	<i>S. sphyraena</i>	<i>S. viridensis</i>
<i>S. putnamae</i>	—				
<i>S. jello</i>	0.008902	—			
<i>S. pinguis</i>	0.083728	0.072313	—		
<i>S. sphyraena</i>	0.013954	0.009544	0.032509	—	
<i>S. viridensis</i>	0.010843	0.010919	0.055271	0.005181	—



Şekil 4.4. Sphyraenidae familyasına ait türler arası genetik uzaklığın Neighbor joining soyağacı ile gösterimi (Nei ve Tajima, 1981).

Alexandrino ve ark. (2006) Alosa cinsine ait türleri karşılaştırdıkları çalışmalarında genetik benzerlik değerini ortalama 0.0021 olarak, Magoulas ve ark. (1996) mtDNA'nın 12S, 16S, Cyt B, ve D loop gen bölgelerini hamsiler üzerinde inceledikleri çalışmada ortalama genetik çeşitliliğini 0.0017 olarak, Papatotiroopoulos ve ark. (2002) mtDNA'nın 12S, 16S, COI gen bölgelerini kefal türleri üzerinde inceledikleri çalışmada ortalama genetik çeşitliliğini 0.003 olarak bulmuşlardır. Ergüden (2007) Alosa cinsine ait türlerde ortalama genetik çeşitliliğini 0.008024 ( $\pm 0.0000006$ ) olarak düşük bir seviyede bulmuşlardır. Aynı çalışmada en yüksek değeri 0.012762 en düşük değer ise 0.003988 olarak tespit etmiştir.

Yapılan Neighbor joining soyağacı analizi sonucunda, Akdeniz'in yerel türlerinin genetik olarak yakın bulunmasının yanında, bu türlere yakın ilişkiyi, lesepsiyen göçle Akdeniz'e katılan *S. pinguis*'in göstermesi dikkat çekmektedir (Şekil 4.4.). *S. pinguis*'in bu genetik özelliğinden kaynaklı Akdeniz'de başarılı bir şekilde yerleşmiş olabileceği ve bu genetik özelliklerinin bu türe Akdeniz ortamı için adaptasyon kabiliyeti kazandırdığı düşünülmektedir.

Soyağacı üzerinde görüntülenen genetik sonuçlardan, lesepsiyen göçle Akdeniz'e geçmesi daha muhtemel olan türün *S. jello* olduğu, *S. putnamae*'nin ise bu göçe genetik sebeplerden kaynaklı katılmasının güç olduğu düşünülmektedir.

#### **4.1.2. *Saurida undosquamis* Populasyonlarına Ait Bulgular**

##### **4.1.2.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi**

Kızıldeniz ve Akdeniz'de bulunan *S. undosquamis* populasyonlarını temsilen her populasyondan 30'ar örnek sağlanarak, toplam 150 örnek ile populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır. DNA izolasyonu sonunda total DNA *S. undosquamis* populasyonlarından başarılı bir şekilde elde edilmiştir.

##### **4.1.2.2. Haplotip Çeşitliliği**

Çalışmada mtDNA'da bulunan 16S gen bölgesi kullanılmıştır. PCR ile 16S geni çoğaltıldıktan sonra, RFLP yöntemi ile 6 polimorfik sınırlama enzimi (*BsuI*, *AluI*, *EheI*, *Hin6I*, *RsaI*, *XhoI*) uygulanarak türlerin örneklerinde toplam 16 haplotip

belirlenmiştir. Şekil 3.4.'te PCR-RFLP yöntemiyle elde edilen bantların görünümü verilmiştir (Çizelge 4.9).

Haplotip çeşitliliği bakımından; Kızıldeniz Populasyonu'nda (IP1) 3, Akdeniz'den Suriye Populasyonu'nda (AD1) 4, İskenderun Körfezi Populasyonu'nda (AD2) 1, Mersin Körfezi Populasyonu'nda (AD3) 8, Antalya Körfezi Populasyonu'nda (AD4) 3 çeşit haplotip gözlenmiştir (Çizelge 4.9).

*S. undosquamis* populasyonlarında AAAAAA haplotipinin Akdeniz populasyonlarının tümünde ortak olan tek haplotip olarak tespit edildiği görülmektedir. Bu haplotip, Suriye Populasyonu'nun (AD1) 23 bireyinde, İskenderun Körfezi Populasyonu'nun (AD2) tüm bireylerinde, Mersin Körfezi Populasyonu'nun (AD3) 5 ve Antalya Körfezi Populasyonu'nun (AD4) 2 bireyinde tespit edilmiştir.

Kızıldeniz Populasyonu'nun (IP1) 14 bireyinde CCAAAA haplotip yapısı, 13 bireyinde CCBAAA haplotip yapısı, 3 bireyinde ise CCBABA haplotip yapısı tespit edilmiştir. Suriye Populasyonu'nun (AD1) 23 bireyinde AAAAAA, 3 bireyinde AADBAA, 3 bireyinde DADBAA, 1 bireyinde de DAEBAA haplotip yapısı gözlenmiştir. Mersin Körfezi Populasyonu'nun (AD3) 14 bireyinde DBCBBB, 5 bireyinde AAAAAA, 4 bireyinde AABAAA, 2 bireyinde DABCBB, 2 bireyinde DABBAB, birer bireyinde ise ABCBBB, DACABB, DBCBBA haplotip yapıları gözlenmiştir. Antalya Körfezi Populasyonu'nun (AD4) 16 bireyinde BAAAAA haplotip yapısı, 12 bireyinde BAAAAB haplotip yapısı 2 bireyinde ise AAAAAA haplotip yapısı gözlenmiştir.

Mevcut haplotip yapılarından yola çıkarak, Antalya Körfezi Populasyonu'nun AAAAAA haplotip yapısının geçirdiği mutasyonlar sonucunda BAAAAA ve BAAAAB yapılarına dönüştüğü düşünülmektedir. Kızıldeniz Populasyonu'nun (IP1) 14 bireyinde bulunan CCAAAA haplotip yapısının da geçirdiği mutasyon sonucu CCBAAA ve daha sonrada CCBABA yapısına dönüştüğü düşünülmektedir. Suriye Populasyonu'nun (AD1) AAAAAA haplotip yapısı, önce AADBAA, daha sonra sırasıyla DADBAA ve DAEBAA haplotip yapısına dönüştüğü düşünülmektedir. Mersin Körfezi Populasyonu'nun (AD3) AAAAAA haplotip yapısının mutasyonlar sonucunda AABAAA yapısına dönüşmüş olabileceği düşünülmektedir.

Çizelge 4.9. Tüm *S. undosquamis* populasyonlarının 16S gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları, ölçülen populasyonlar içi haplotip çeşitlilik değerleri; Haplotiplerin elde edilmesinde kullanılan enzimler (soldan sağa): *EheI*, *BsurI*, *RsaI*, *Hin6I*, *XhoI*, *AluI* (*H*: Haplotip çeşitlilik; *S.H.* = Standard hata).

	Sınırlama Enzimleri						Örnekleme Bölgeleri					
	<i>EheI</i>	<i>BsurI</i>	<i>RsaI</i>	<i>Hin6I</i>	<i>XhoI</i>	<i>AluI</i>	IP1	AD1	AD2	AD3	AD4	Toplam
1	A	A	A	A	A	A		23	30	5	2	60
2	B	A	A	A	A	A					16	16
3	C	C	A	A	A	A	14					14
4	D	B	C	B	B	B			14			14
5	C	C	B	A	A	A	13					13
6	B	A	A	A	A	B				12		12
7	A	A	B	A	A	A			4			4
8	C	C	B	A	B	A	3					3
9	A	A	D	B	A	A		3				3
10	D	A	D	B	A	A		3				3
11	D	A	B	C	B	B				2		2
12	D	A	B	B	A	B				2		2
13	D	A	E	B	A	A		1				1
14	A	B	C	B	B	B				1		1
15	D	A	C	A	B	B				1		1
16	D	B	C	B	B	A				1		1
	<b>Toplam</b>						30	30	30	30	30	150
												<b>Ortalama</b>
	<b>H</b>						0.5944	0.3977	0.0000	0.7367	0.5605	0.4579
	<b>S.H. (+/-)</b>						0.02964	0.07418	0.0000	0.04798	0.03301	0.01601

Serpin (2007), Akdeniz'deki *Saurida undosquamis* populasyonlarını morfolojik karakterler ve otolit elemen analizi yöntemiyle karşılaştırmış, Morfometrik karakter yönünden Antalya ve İskenderun populasyonlarının birbirinden tamamen ayrıldıkları, Mersin populasyonunun ise her iki populasyonun ortak özelliklerini taşıdığını tespit etmiştir. Ayrıca Meristik karakterler ve otolit element kompozisyonu yönünden Antalya Populasyonu, İskenderun ve Mersin populasyonlarına göre tamamen farklı özellikler gösterdiğini de yaptığı bu çalışmada tespit etmiştir. Bu sonuçlar genetik çalışmayı destekler durumdadır. Çalışmada tespit edilen 16 haplotipten sadece birine (AAAAAA) tüm populasyonlarda rastlanmış diğer haplotipler populasyonlara arasında herhangi bir paylaşım göstermemiştir. Turan (2004) yaptığı çalışmada meristik karakterlerin çevresel

faktörlerden etkilenirken, morfometrik karakterlerin bunun yanında genetik faktörlerden de etkilenebileceğini belirtmiştir.

İskenderun Körfezi Populasyonu'nda (AD2) genetik çeşitliliğin görülmemesinin sebebi olarak, sadece AAAAAA haplotip yapısına sahip bireylerin bu bölgeyi yaşamak için tercih etmesi, diğer genotiplerin İskenderun Körfezi'nde yaşamayı tercih etmemesi olabileceği düşünülmektedir. Ayrıca haplotip çeşitliliğinin görülmemesi, yakın geçmişte bu populasyonun genetik darboğaz (Genetic bottleneck) geçirmiş olabileceği, yoğun avcılık baskısına maruz kaldığını ya da çevresel faktörlerden etkilenerek sadece bu genotipin yaşama imkanı bulmuş olabileceği ihtimalini vermektedir. Bu sebeple populasyonlar içerisinde gelecekte sürdürülebilir avcılık anlamında en hassas populasyonun İskenderun Körfezi Populasyonu'nun olduğu düşünülmektedir. Türkmen ve Aras (2011), İskenderun Körfezi'nden aldıkları su ve sediment örneklerini analiz etmişler ve körfezde Cd, Cu, Pb, Zn, Cr ve Al ağır metalleri tarafından kirliliğe maruz kaldığını ortaya koymuşlardır. Bu kirliliğe sebep olan ağır metallerin İskenderun Körfezi'ndeki *S. undosquamis* populasyonunda tek tip genetik yapı görülmesinin sebebi olabileceği düşünülmektedir. Diğer genotiplere sahip bireylerin bu bölgede yaşamayı tercih etmemelerinin bu ağır metal kirliliğinden kaynaklı olabileceği düşünülmektedir. Diğer yaklaşımla, İskenderun Körfezi Populasyonu'nun genetik çeşitlilik göstermemesinin sebebi olarak İskenderun Körfezi'nde aşırı avcılıktan kaynaklı genetik darboğaz geçirmiş olabileceği düşünülmektedir. Çiçek (2006) yaptığı çalışmada İskenderun Körfezi'ndeki *S. undosquamis*'in hem biyokütlesel ve hem de oransal olarak gerileme gösterdiği sonucunu ortaya koymuş, bu durumu Gücü (2000) tarafından bildirilen, bölgede yürütülen aşırı avcılık baskısından kaynaklanmış olma ihtimaline bağlamıştır.

AAAAAA haplotip yapısının Kızıldeniz'den Akdeniz'e lesepriyen göçle gelen CCAAAA haplotip yapısından mutasyonlar sonucunda değişerek Akdeniz ortamına adaptasyon sağladığı düşünülmektedir. Akdeniz'e geçtiği düşünülen diğer genotiplerle birlikte AAAAAA haplotip yapısının tüm Akdeniz populasyonlarına baskın olduğu gözlenmiştir. İskenderun Körfezi'ne *S. undosquamis* girişinin meydana gelen bu mutasyonlardan sonra mümkün olabildiği düşünülmektedir.

*S. undosquamis* populasyonlarında dikkati çeken bir diğer durumda AAAAAA haplotip yapısı dışında kalan 15 haplotip yapısının tümünün farklı bölgelerde izole



olduğudur. Bu durum *S. undosquamis* populasyonlarının yerleşeceği ortamın sıcaklık, tuzluluk, PH, zemin ve ortamdaki besin türleri gibi farklılıklara, genetik yapısına bağlı olarak daha özel bir hassasiyet gösterdiğini düşündürmektedir.

Elde edilen sonuçlara göre *S. undosquamis* bireylerinin genetik “pathway” üzerinde yol alırken, türün doğudan batıya doğru ilerlemeye, geçirdiği mutasyonlarla imkan bulduğu düşünülmektedir. AAAAAA genotipinin batıya ilerledikçe populasyonlar içerisindeki yüzdesinin azaldığı (İskenderun Körfezi’nde %100, Mersin Körfezi’nde %16.6, Antalya Körfezi’nde %6.6) ve türün yaşadığı bölgelerde farklı mutasyonlara maruz kaldığı görülmüştür. İskenderun Körfezi’nde Cd, Cu, Pb, Zn, Cr ve Al ağır metallerinin kirliliğe sebep olduğu, Mersin Körfezi’nde ise Pb düzeyinin normalden yüksek seviyelerde ölçüldüğü yapılan çalışmada (Ayas ve ark. 2009) ortaya koyulmuştur. Antalya Körfezi’nde suyun fiziksel ve kimyasal özelliklerinin diğer körfezlere göre farklı olduğuna Serpin (2007) yaptığı çalışmada değinmiş ve Antalya Körfezi’ne dökülen çoğu akarsuyun (Dümen, Aksu, Manavgat vb.) traverten yapının içerisinde geçtiği ve bölgedeki toprak yapısında potasyum seviyesinin yüksek oluşu sebebiyle körfezdeki suyun kimyasal yapısının diğer körfezlerden farklı olduğunu belirtmiştir. Antalya Körfezi’ndeki *S. undosquamis* populasyonlarının maruz kaldıkları mutasyonların diğer bölgelerden az oluşu ve Antalya Körfezi’ndeki mutajen ağır metallere çok, elementlerin (Ba, K, Mg, Mn, Na, P, Ca) etkisi (Serpin, 2007) ile ortamda yaşamayı tercih eden genotiplerin farklılık gösterdiği düşünülmektedir.

Ayrıca çalışmada *S. undosquamis*’in Akdeniz’e yerleşmede gösterdiği başarıda, genetik faktörlerin de bu türe özel bir güç kazandırdığı, populasyonların bu gücü geçirdikleri mutasyonların etkisiyle bulunduğu ve batıya yayılım gösterdiği düşünülmektedir. *S. undosquamis*’in çevresel etkenlere karşı yüksek adaptasyon yeteneği gösterdiği Serpin (2007) tarafından yapılan çalışma sonucunda da ortaya koyulmuştur.

Çalışmada *S. undosquamis* populasyonları içerisinde haplotip çeşitliliği Kızıldeniz Populasyonu’nda (IP1) 0.5944 (+/- 0.02964), Suriye Populasyonu’nda (AD1), 0.3977 (+/- 0.07418), Mersin Körfezi Populasyonu’nda (AD3), 0.7367 (+/- 0.04798), Antalya Körfezi Populasyonu’nda (AD4), 0.5605 (+/- 0.03301), olarak tespit edilmiş, İskenderun Körfezi Populasyonu’nda (AD2) ise populasyon içerisinde haplotip bakımından bir çeşitlilik gözlemlenmemiştir. En yüksek haplotip çeşitliliği Mersin

Körfezi Populasyonu'nda (AD3), 0.7367 (+/- 0.04798) gözlenmiştir. Populasyonlar içi ortalama haplotip çeşitliliği ise 0.4579 (+/- 0.01601) olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.9).

Shakman (2008), İndo-Pasifik göçmeni, *S. luridus* ve *S. rivulatus*'un Kızıldeniz Populasyonu'nun Akdeniz'dekilere göre daha düşük haplotip çeşitliliği (0.39158, 0.13379) gösterdiğini tespit etmiştir.

Golani ve ark. (2007) Kızıldeniz göçmeni *Fistularia commersonii* türünün, Akdeniz ve Kızıldeniz populasyonlarının genetik yapılarını karşılaştırdıkları çalışmalarında, Kızıldeniz populasyonlarının Akdeniz'e göre daha yüksek (0.998) populasyonlar içi haplotip çeşitliliği gösterdiğini bulmuşlardır. Aynı çalışmada Kızıldeniz Populasyonu'nda 42 farklı haplotip tespit edilmesine rağmen Akdeniz populasyonlarında 2 haplotip gözlenmiştir.

Turan ve ark. (2009b) yaptıkları çalışmada *Trachurus mediterraneus* türünün Türkiye denizlerindeki populasyonları için populasyonlar içi haplotip çeşitliliğini ortalama 0.38 olarak bulmuştur. En yüksek populasyon içi haplotip çeşitliliği (0.8244) İskenderun Körfezi Populasyonu'nda bulmuşlardır.

Turan ve ark. (2007c) *Trachurus trachurus* türünün Türkiye denizlerindeki populasyonları için populasyonlar içi haplotip çeşitliliğini ortalama 0.7311 olarak yüksek bulmuştur. Aynı çalışmada Türkiye denizlerindeki populasyonlardan en yüksek populasyonlar içi haplotip çeşitliliği değerinin, tespit edilen 14 haplotipin 6'sına sahip olan İskenderun Körfezi Populasyonu'nda (0.7859) olduğu ortaya konulmuştur. Çalışmada Mersin Körfezi Populasyonu'nda ise populasyonlar içi haplotip çeşitliliği 0.7781 bulunmuştur.

Yapılan çalışmada 16 haplotip tespit edilmesine rağmen 150 bireyin 60 adetinde tek bir (AAAAAA) haplotipe rastlanmıştır, 4 haplotipte sadece 1'er adet bireyle temsil edilmiştir.

Shakman (2008) yaptığı doktora tez çalışmasında Akdeniz için lesepsiyen tür olan *Siganus rivulatus*'un Akdeniz ve Kızıldeniz populasyonlarından 169 bireyin genetik yapılarını sitokrom *b* gen bölgesi ile incelemiş ve toplam 10 haplotip tespit etmiştir. Bu 10 haplotipin 5'i sadece birer adet bireyle temsil edilmiştir. Çalışmada ayrıca 169 bireyin 159'unda sadece 1 haplotipe rastlamıştır. Yine aynı çalışmada diğer bir lesepsiyen çarpan türü olan *Siganus luridus* aynı gen bölgesiyle incelenmiş ve

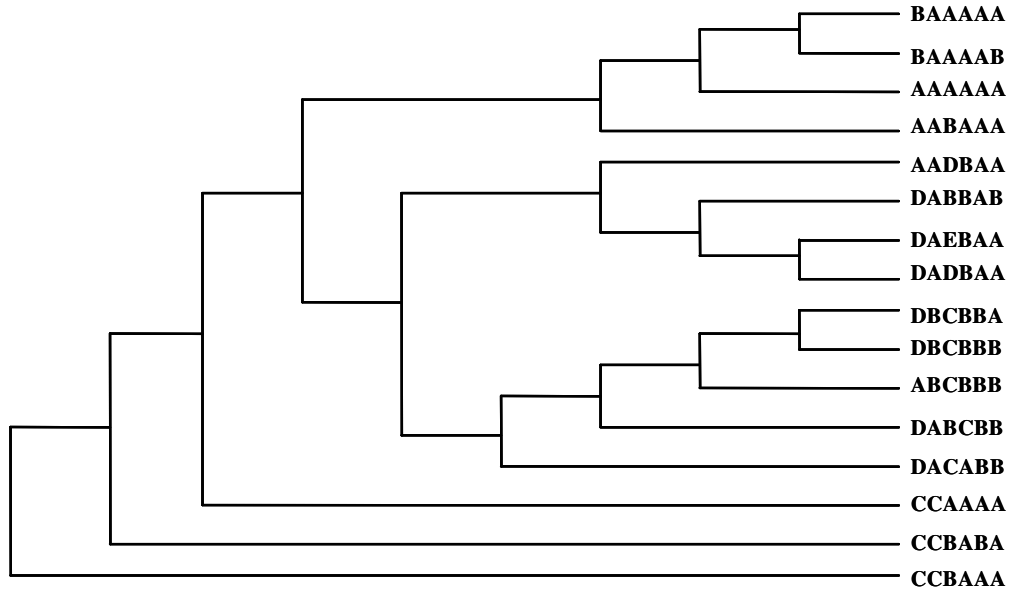
toplam 13 haplotip tespit edilmiştir. İncelenen 153 *S. luridus* bireyinin 95 inde tek bir haplotipe rastlanmış, 3 haplotipte birer adet bireyle temsil edilmiştir. Çalışmada iki türde de sitokrom b gen bölgesi için en düşük haplotip çeşitliliğinin Kızıldeniz ve Güney Akdeniz'e göre Kuzey Akdeniz'de olduğu bulunmuştur.

El Halfawy ve ark. (2007), Süveyş Körfezi'nde (Mısır) lokum balığı *Saurida undosquamis* dişi bireylerinin büyüme ve üremesi konulu çalışmada Süveyş körfezinde aşırı avcılıktan söz etmişler, verim ve biyomas analizleri sonucunda aşırı avcılıktan kaynaklı dişi stoklarının tükenmiş olduğu sonucunu ortaya koymuşlardır. Aynı çalışmada şu anki tüketimin % 53,1 e kadar azaltılması gerektiği sonucunu ortaya koymuşlardır. *Saurida undosquamis*'in Akdeniz ve Kızıldeniz popülasyonları arasında ortak haplotip bulunmamasının sebebinin ise aşırı avcılıktan kaynaklı Süveyş Körfezi'nin genetik bariyer yaratarak Akdeniz'le Kızıldeniz arasında bulunan genetik göçü kesmiş bulunması olabileceği düşünülmektedir.

Lesepsiyen türler üzerine yapılan PCR-RFLP yöntemiyle araştırmalar çok sınırlı sayıda bulunduğundan, diğer yöntemlerle ve türlerle yapılan çalışmaların vermiş olduğu sonuçlarla yapılan değerlendirmeler çalışmayı destekler durumda bulunmuştur.

Çalışmada 16S geninin PCR ile çoğaltılması sonucu bant uzunluğu 1801 ile 1895 arasında ortalama olarak 1848 bç. (baz çifti) bulunmuştur. 16S gen bölgesi için benzer çalışmalarda da bant uzunluğuna yakın sonuçların rapor edildiği görülmektedir. Turan ve ark.(2009b) *Trachurus mediterraneus* için 16S genini yaklaşık 2000 bç. olarak bulmuştur. Çakmak (2008) 16S geni uzunluğunu *Mastacembelus mastacembelus* (dikenli yılan balığı )'da 1758 bç. olarak belirlemiştir.

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



Şekil 4.5. Haplotipler arası genetik uzaklığın UPGMA soy ağacı ile gösterimi. Soy ağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir (Nei ve Tajima, 1981).

Haplotipler arası arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacına göre Kızıldeniz Populasyonu'nda gözlenen 3 haplotipin de (CCAAAA, CCBABA, CCBAAA) diğer populasyonlarda gözlenen haplotiplerden ayrıldığı gözlenmiştir. Sadece Suriye Populasyonu'nda gözlenen AADBAA, DAEBAA, DADBAA haplotiplerinin Mersin Populasyonu'nda gözlenen DABBAB haplotipiyle diğer haplotiplere göre daha yakın ilişki gösterdiği, sadece Mersin Körfezi Populasyonu'nda rastlanan 5 haplotipin de (DBCBBB, DBCBBB, ABCBBB, DABCBB, BACABB) diğer haplotiplerden farklı bir ayrılma gösterdiği gözlenmiştir (Şekil 4.5.). Haplotipler arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacında belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir.

#### 4.1.2.3. Sınırlama Enzimleri

Her enzim ve her haplotip için hesaplanan sınırlama parçası uzunlukları Ek 3'de ayrıntılı olarak verilmiştir. Buna göre "1" ile gösterilen değerler sınırlama parçasının var olduğunu, "0" ile gösterilen değerler ise sınırlama parçasının var olmadığını belirtmektedir.

#### 4.1.2.3.1. *EheI* Sınırlama Enzimi

*EheI* enziminde de mtDNA'nın 16S gen bölgesi için tüm türlerin örneklerinde A,B,C,D olmak üzere 4 haplotip görülmüştür. Suriye ve Mersin Körfezi Populasyonları örneklerinde A ve D haplotipine; Antalya Körfezi Populasyonu'nda A ve B; Kızıldeniz Populasyonu'nda C; İskenderun Körfezi Populasyonu'nda A haplotipine rastlanmıştır. Bant uzunluğunun 67-1312 bç. arasında değiştiği görülürken; toplam bant uzunluğu ise 1801 bç. olarak ölçülmüştür (Ek 3).

#### 4.1.2.3.2. *BsurI* Sınırlama Enzimi

*BsurI* enziminde de mtDNA'nın 16S gen bölgesi için tüm türlerin örneklerinde A,B,C olmak üzere 3 haplotip görülmüştür. Suriye, İskenderun ve Antalya Körfezi Populasyonu'nda sadece A haplotipine; Mersin Körfezi Populasyonu örneklerinde A ve B haplotipine; Kızıldeniz Populasyonu'nda C haplotipine rastlanmıştır. Bant uzunluğunun 40-661 bç. arasında değiştiği görülürken; toplam bant uzunluğu ise 1885 bç. olarak ölçülmüştür (Ek 3).

#### 4.1.2.3.3. *RsaI* Sınırlama Enzimi

*RsaI* enziminde de mtDNA'nın 16S gen bölgesi için tüm bölge populasyonlarında A,B,C,D ve E olmak üzere 5 haplotip görülmüştür. İskenderun Körfezi örneklerinde ve Antalya Körfezi örneklerinde sadece A haplotipi; Suriye Populasyonu örneklerinde A,D,E; Mersin Körfezi Populasyonu örneklerinde A,B,C haplotipi Kızıldeniz Populasyonu'nda A ve B Haplotipleri bulunmaktadır. Bant uzunluklarının 43-897 bç. arasında olduğu görülmüştür (Ek 3). Toplam bant uzunluğunun ise 1894 bç. olduğu hesaplanmıştır.

#### 4.1.2.3.4. *Hin6I* Sınırlama Enzimi

*Hin6I* enziminde de mtDNA'nın 16S gen bölgesi için tüm türlerin örneklerinde A,B,C olmak üzere 3 haplotip görülmüştür. Kızıldeniz, İskenderun Körfezi ve Antalya Körfezi Populasyonu'nda sadece A haplotipine; Mersin Körfezi Populasyonu örneklerinde A, B, C haplotipine; Suriye Populasyonu'nda ise A ve B haplotipine

rastlanmıştır. Bant uzunluğunun 153-1135 bç. arasında değiştiği görülürken; toplam bant uzunluğu ise 1871 bç. olarak ölçülmüştür (Ek 3).

#### **4.1.2.3.5. *XhoI* Sınırlama Enzimi**

*XhoI* enziminde de mtDNA'nın 16S gen bölgesi için tüm türlerin örneklerinde A ve B olmak üzere 2 haplotip görülmüştür. Suriye, İskenderun Körfezi ve Antalya Körfezi Populasyonu'nda sadece A haplotipine; Mersin Körfezi Populasyonu ve Kızıldeniz örneklerinde A ve B haplotipine rastlanmıştır. Bant uzunluğunun 80-932 bç. arasında değiştiği görülürken; toplam bant uzunluğu ise 1867 bç. olarak ölçülmüştür (Ek 3).

#### **4.1.2.3.6. *AluI* Sınırlama Enzimi**

*AluI* enziminde de mtDNA'nın 16S gen bölgesi için tüm türlerin örneklerinde A ve B olmak üzere 2 haplotip görülmüştür. Suriye, İskenderun Körfezi ve Kızıldeniz Populasyonu'nda sadece A haplotipine; Antalya Körfezi ve Mersin Körfezi Populasyonu örneklerinde A ve B haplotipine rastlanmıştır. Bant uzunluğunun 150-1088 bç. arasında değiştiği görülürken; toplam bant uzunluğu ise 1843 bç. olarak ölçülmüştür (Ek 3).

#### **4.1.2.4. Genetik Çeşitlilik, Genetik Benzerlik ve Genetik Farklılık**

*S. undosquamis* populasyonları içerisinde 16S Gen bölgesi için genetik çeşitliliğine bakıldığında, İskenderun Körfezi Populasyonu'nda (AD2) genetik çeşitliliğin olmadığı görülmektedir. En yüksek populasyon içi genetik çeşitlilik 0.029476 değeriyle Mersin Körfezi (AD3) Populasyonu'nda gözlemlenmiştir. Populasyonlar içi ortalama genetik çeşitlilik ise 0.009179 (+/- 0.0000288) olarak saptanmıştır (Çizelge 4.10).

Çalışmada Kızıldeniz Populasyonu'nun, Suriye Populasyonu dışındaki populasyonlardan daha yüksek genetik çeşitlilik gösterdiği tespit edilmiştir (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.10. *S.undosquamis* populasyonları içerisinde mtDNA düzeyinin 16S bölgesi değişiminde ölçülen genetik çeşitlilik değerleri

TÜR	16S
IP1	0.002948
AD1	0.010608
AD2	0.000000
AD3	0.029476
AD4	0.002864
<b>Ortalama</b>	0.009179

Golani ve ark. (2007) Kızıldeniz göçmeni *Fistularia commersonii* türünün Kızıldeniz ve Akdeniz populasyonlarını incelediği çalışmasında, bu tür için ortalama genetik çeşitliliği 0.0534 olarak yüksek bulmuştur. Fakat bu yüksekliğin sebebinin Kızıldeniz populasyonlarından aldığı 44 bireyde 42 farklı genetik yapı tespit etmesinin olduğu, Akdeniz populasyonlarında ortalama haplotip çeşitliliği değerinin 0.0098 olarak daha düşük bulunduğu görülmüştür.

Golani ve Ritte (1999), lesepsiyeen barbun türü olan *Upeneus pori*'nin, yaptığı genetik çalışmada Akdeniz örneklerinin Kızıldeniz'dekilere göre daha yüksek polimorfizm gösterdiğini bulmuştur.

Turan ve ark. (2007c), *Trachurus trachurus* türü istavrit için Türkiye denizlerinde populasyonlar için ortalama genetik çeşitliliği 0.0071 olarak bulmuşlardır. Turan ve ark. (2009b), ise *Trachurus mediterraneus* için bu değeri daha yüksek olarak 0.0171 bulmuştur. Bu iki çalışmada da Akdeniz populasyonları diğer deniz populasyonlarına göre daha yüksek genetik çeşitlilik göstermiştir.

İskenderun Körfezi Populasyonu'nda düşük genetik çeşitliliğin görülmesi, hatta genetik çeşitliliğin görülmemesi, populasyonun gelecekteki sürdürülebilirliğini olumsuz yönde etkileyebilecektir. Yüksek seleksiyon baskıları doğada zayıf olan genetik yapıya yaşama şansı vermemekte, dolayısıyla populasyonun sahip olduğu genetik yapının hassas olduğu herhangi bir seleksiyon baskısına karşı koyamaması sonucunda populasyonun o bölgede yok olmasıyla sonuçlanabilmektedir. Bunun aksine Mersin Körfezi Populasyonu gibi genetik çeşitliliğin fazla olduğu populasyonların, seleksiyon, genetik sürüklenme (genetic drift), mutasyon, aşırı avcılık gibi türün gelecekteki devamlılığını doğrudan etkileyen olaylardan etkilenmeleri daha zor olacaktır. Bu

çalışmada özellikle İskenderun Körfezi ve daha sonra Suriye Populasyonu'na genetik koruma uygulanmasının gerekli olduğu düşünülmektedir. Çünkü genetik koruma, mevcut olan tür sayısını korumak olduğu kadar populasyonu oluşturan bireyler arasındaki ve populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin devamını sağlamakla da ilgilidir (Turan, 2000). İskenderun Körfezi ve Suriye populasyonlarındaki aşırı avcılık ve kirlilik gibi dış baskılar sonucunda az sayıda genetik yapının bu bölgelerde barınabildiği ve diğer genetik yapıların Mersin Körfezi Populasyonu'na doğru sürüklendiği bu durumun türün batıya göçünü hızlandırdığı düşünülmektedir.

16S geni ile elde edilen populasyonlar arasındaki genetik benzerlik değerlerine göre, en yüksek değer Kızıldeniz (IP1) ve Mersin Körfezi (AD3) populasyonları (0.045415 ) için bulunurken; en düşük değer ise Suriye (AD1) ve İskenderun Körfezi (AD2) populasyonları (0.004704) arasında gözlenmiştir. Kızıldeniz ve Suriye populasyonları arasında (0.019885), genetik benzerlik değerlerinin Kızıldeniz ile Mersin Populasyonları arasında (0.045415 ) ölçülen değerlerden daha düşük olduğu gözlenmiştir. Antalya Körfezi Populasyonu'nun (AD4), diğer populasyonlardan daha yüksek genetik benzerliği, Mersin Körfezi Populasyonu (AD3) ile gösterdiği tespit edilmiştir. Genetik benzerlik bulguları sonucunda, Suriye Populasyonu'nun (AD1) da en yüksek genetik benzerliği Mersin Populasyonu'yla (AD3) gösterdiği ortaya koyulmuştur. Ortalama genetik benzerlik değeri ise, 0.025294 (+/- 0.0000273 ) olarak bulunmuştur. Çizelge 4.11'de 16S geni ile elde edilen populasyonlar arasındaki genetik benzerlik değerleri verilmiştir.

Çizelge 4.11. MtDNA 16S Geni, Nei (1978)'ye göre *S. undosquamis* populasyonları arasındaki genetik benzerlik değerleri

Populasyonlar	IP1	AD1	AD2	AD3	AD4
IP1	_____				
AD1	0.019885	_____			
AD2	0.014387	0.006442	_____		
AD3	0.045415	0.041854	0.043732	_____	
AD4	0.017762	0.012685	0.006487	0.044296	_____



16S genleriyle elde edilen populasyonlar arasındaki genetik farklılık değerlerine göre, en yüksek değer, populasyonlar arasındaki genetik benzerlikte olduğu gibi Kızıldeniz ve Mersin Körfezi populasyonları (0.029203) için bulunurken, en düşük değer ise Suriye ve İskenderun Körfezi populasyonları (0.001138) arasında gözlenmiştir. Kızıldeniz Populasyonu'nun genetik farklılık olarak en yakın olduğu populasyonun İskenderun Körfezi Populasyonu olduğu (0.012914) ve Suriye populasyonu ile arasında olan (0.013107) genetik farklılık değerlerinin, İskenderun Körfezi Populasyonu ile olandan (0.012914) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Antalya Körfezi Populasyonu'nun, diğer populasyonlardan daha yüksek genetik farklılığı Mersin Körfezi Populasyonu ile (0.028126), en düşük genetik farklılığı ise İskenderun Körfezi Populasyonu ile (0.005055) gösterdiği tespit edilmiştir. Çizelge 4.12'de 16S geni ile elde edilen populasyonlar arasındaki genetik farklılık değerleri verilmiştir.

*S. undosquamis* populasyonları örneklerinin 16S gen bölgesi için haplotip frekansları Monte Carlo ( $X^2$ ) analizi sonucunda farklı bulunmuştur ( $P < 0.001$ ). Tüm populasyonların karşılaştırılması sonucunda, tüm populasyonların haplotip frekanslarının birbirlerinden farklı ve bu farklılığın yüksek derecede önemli olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.12).

Genetik farklılık ve genetik benzerlik bulgularının, en yüksek Kızıldeniz ve Mersin populasyonları arasında bulunmasının sebebinin, Mersin bölgesinde *S. undosquamis*'in diğer bölgelere göre daha geniş yaşam alanlarına sahip olması olduğu düşünülmektedir. Türün Mersin Körfezi'nde, demersal balık türlerinin tercih ettiği uygun zemin yapısı itibarıyla daha bol besin bulduğu ve trol av sahalarının genişliği sebebiyle Akdeniz'in diğer bölgelerine göre daha az avcılık baskısına maruz kaldığı düşünülmektedir. Bu bölgeye lesepsiyen göçle gelen *S. undosquamis*'in diğer bölgelere göre daha yerleşik bir yapı göstererek, bölge populasyonunun karşılaştığı baskılara bölgeden uzaklaşmak yerine genetik çeşitliliğini artırmak suretiyle karşılık vermiş olabileceği düşünülmektedir. Bu durumun İskenderun ve Antalya körfezlerinde farklı olmasının sebebinin, aşırı avcılık baskısından kaynaklı trol avcılığına imkan vermeyen kayalık bölgelere balığın yönelerek, daha izole genetik yapılarla varlığını sürdürmesi olduğu sanılmaktadır. Yeşilçimen (2002) Antalya ve İskenderun körfezlerinde demersal balık türleri üzerine kontrolsüz ve aşırı trol avcılığının bulunduğu bahsetmiştir.

Çizelge 4.12. MtDNA 16S Geni, Nei (1978)'ye göre *S. undosquamis* populasyonları arasındaki genetik farklılık değerleri (\*\*\*) =  $P < 0.001$ )

Populasyonlar	IP1	AD1	AD2	AD3	AD4
<b>IP1</b>	_____				
<b>AD1</b>	0.013107***	_____			
<b>AD2</b>	0.012914***	0.001138***	_____		
<b>AD3</b>	0.029203***	0.021812***	0.028994***	_____	
<b>AD4</b>	0.014856***	0.005948***	0.005055***	0.028126***	_____

Suriye, İskenderun Körfezi ve Mersin Körfezi populasyonlarının diğer populasyonlara göre en fazla genetik benzerlik ve genetik farklılığı Kızıldeniz Populasyonu ile gösterdiği dikkati çekmektedir (Çizelge 4.11, Çizelge 4.12). Süveyş Körfezi'nde yapılan avlama çalışmasına göre (Halfawy ve ark., 2007), Kızıldeniz'den Akdeniz'e göçün başlangıç noktasını oluşturan bu bölgede *S. undosquamis* dişi stoklarının tükenmiş olduğu sonucunu ortaya koyulmuştur. Kızıldeniz ve diğer populasyonlar arasında tespit edilen bu genetik benzerlik ve genetik farklılık değerlerinin yüksekliğinin sebebinin, aşırı avcılıktan kaynaklı Süveyş Körfezi'nin genetik bariyer yaratarak, Akdeniz'le Kızıldeniz arasında bulunan *S. undosquamis* genetik göçünü kesmiş olduğu düşünülmektedir.

Golani ve ark. (2007) Kızıldeniz göçmeni *Fistularia commersonii*, türünün Akdeniz ve Kızıldeniz populasyonlarının genetik yapılarını karşılaştırdıkları çalışmalarında, Kızıldeniz ve Akdeniz populasyonları arasında yüksek derecede önemli genetik farklılık tespit etmişlerdir ( $X^2$  testi,  $P < 0.001$ ).

Golani ve Ritte (1999) yaptıkları çalışmada, *Upeneus mollucensis* türünün Kızıldeniz ve Akdeniz arasında düşük önemlilikte genetik farklılığa sahip olduğunu tespit etmişlerdir.

Shaw ve ark. (1999) yaptıkları çalışmada, *Clupea harengus*'un Atlantik'teki 4 populasyonunu incelemiş ve tüm populasyonlar arasında önemli derecede genetik farklılıklar tespit etmişlerdir ( $P < 0.001$ ;  $P < 0.01$ ;  $P < 0.05$ ).

Turan ve ark. (2009b) yaptıkları çalışmada *Trachurus mediterraneus*'un İskenderun Körfezi ve Antalya populasyonları arasında yüksek derecede önemli ( $P <$

0.001) genetik benzerlik (0.002962) ve genetik farklılık (0.002962) bulunduğunu tespit etmişlerdir.

Turan ve ark (2009c), *Trachurus trachurus* türü istavritin İskenderun Körfezi ve Mersin Körfezi popülasyonları arasında önemli derecede genetik farklılık olmadığını fakat bu iki popülasyonunda Antalya Körfezi Popülasyonu'yla önemli derecede genetik farklılık gösterdiğini tespit etmişlerdir.

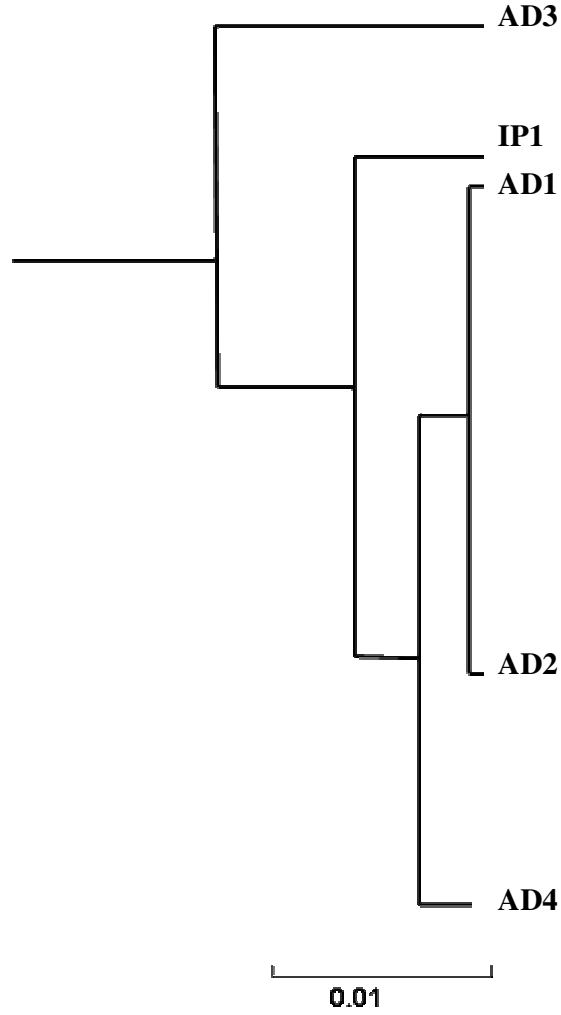
Turan ve ark. (2008) yaptıkları çalışmada, *Alosa fallax nilotica* türünün mtDNA CytB gen bölgesi için, Mersin ve Antalya popülasyonları arasında önemli derecede genetik farklılık 0.001353 ( $P < 0.001$ ) ve genetik benzerlik 0.011060 bulmuşlardır.

*Saurida undosquamis* popülasyonları arası ortalama genetik farklılığı 0.016115 (+/- 0.0000109) olarak bulunmuştur. Yine popülasyonlar arası ortalama genetik farklılığı diğer deniz balığı türü olan *Mullus surmuletus*'ta 0.00055 (Mamuris ve ark. 2001), *Macruronus magellanicus*'da 0.00027 (D'amato ve Carvalho, 2004), *Sardina pilchardus*'da 0.000038 (Carvalho ve ark., 1994), *T. mediterraneus*'ta 0.0028 (Turan ve ark., 2009b), *Trachurus trachurus*'ta 0.0027 (Turan ve ark., 2007c) olarak rapor edilmiştir. Bu çalışmada *Saurida undosquamis* popülasyonları arası gözlenen yüksek genetik farklılık popülasyonlar arası düşük gen akışı olduğunu işaret etmektedir.

Popülasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacına göre, Suriye Popülasyonu (AD1) ile İskenderun Körfezi Popülasyonu'nun (AD2) genetik olarak birbirine en yakın popülasyonlar olduğu tespit edilmiştir. Bu iki popülasyona en yakın popülasyonun da Antalya Körfezi Popülasyonu (AD4) olduğu, bu üç popülasyondan genetik olarak en uzak popülasyonun Mersin Körfezi Popülasyonu olduğu tespit edilmiştir.

Mersin Popülasyonu'nun farklı olma sebebinin, Mersin Sahili'nin diğer bölgelere göre daha sığ ve *Saurida undosquamis* türünün daha çok tercih ettiği kumluk zeminlere sahip olması sebebiyle, bu bölgede geniş bir dağılım gösterebilmesinden kaynaklı avcılık baskılarına daha az maruz kaldığı ve genetik çeşitliliğini koruyarak artırabildiğinden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Antalya ve İskenderun körfezlerinde kayalık zeminlerin bulunması, bu türün trol av sahası içine girmeyen bu bölgelere kendini hapsetmesi sebebiyle aşırı avcılıktan kaynaklı Mersin Popülasyonu'na göre daha izole bir genetik yapı göstermesinin, bu popülasyonların benzer olmasının sebebi olabileceği düşünülmektedir.



Şekil 4.6. Populasyonlar arası genetik uzaklığın UPGMA soy ağacı ile gösterimi. Soy ağacı üzerinde belirtilen değerler % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir (Nei ve Tajima, 1981) (AD1: Suriye, AD2: İskenderun Körfezi, AD3: Mersin Körfezi, AD4: Antalya Körfezi, IP1: Kızıldeniz)

Populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacı ve genetik mesafe değerleri, Şekil 4.6.'da verilmiştir. Populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi gösteren UPGMA soy ağacında belirtilen değerler, % 100 olarak belirtilen soyağacı yapısını desteklemektedir

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

### 5.1. İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e Göç-Genetik İlişkinine Ait Sonuç ve Öneriler

Lelepsiyeu göçün meydana geliş süreci, meydana geliş nedenleriyle ilgili ortaya konan küresel iklim değışikliğinden kaynaklı Akdeniz'in tropikalleşmesinin yanında, bu göçe katılan türlerin genetik özelliklerinin de bu göçe sebebiyet verip, yönlendirebileceği düşüncesi, bu çalışmanın temel fikrini oluşturmuştur. Bu fikir doğrultusunda yapılan çalışmada, Akdeniz'i, İndo-Pasifik denizlerini ve Akdeniz'e lelepsiyeu göçe katılan türleri temsilen, toplam 21 türden 210 örnekle, İndo-Pasifik'ten Akdeniz'e lelepsiyeu göç ve genetik ilişkisini tespit etmek için türlerin genetik yapıları ve türler arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Akdeniz ve İndo-Pasifik denizlerinden elde edilen bu örneklerde, son yıllarda yaygın olarak kullanılan ve daha güvenilir sonuçlar veren mtDNA PCR-RFLP teknikleri kullanılarak ND 3/4 gen bölgesi incelenmiş ve 8 polimorfik sınırlama enzimi ile 46 haplotip belirlenmiştir.

Çalışmada incelenen 21 türün 9'unda (*P. heptacanthus*, *H. archipelagicus*, *D. picta*, *H. far*, *R. kanagurta*, *T. choram*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus*) tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamış bu türlerde tek tip haplotip yapısı gözlenmiştir.

CAAAAAAA haplotipinin ise sadece lelepsiyeu göçe Akdeniz'e dahil olan üç türde (*S. undosquamis*, *S. pinguis*, *H. far*), 25 adet bireyle temsil edildiği genetik analizler sonucunda ortaya konulmuştur.

BDACBBAA, BFACBBAA, ABABBBAA, AFABBBAA, ADABBBAA, ACABBBAA, BCABBBAA, BCABCBA A haplotip yapıları, sadece İndo-Pasifik denizlerinde yaşamayı tercih eden, Akdeniz'de şu ana kadar kaydı bulunmayan türlerde tespit edilmiştir.

Çalışmada elde edilen haplotip çeşitliliği sonuçlarının incelenmesinde, Akdeniz'in yerel türleri olan *S. viridensis*, *M. barbatus*, *P. incisus* ve familyasına ait İndo-Pasifik'te türü bulunmayan, Akdeniz'de Polypronidae familyasını tek türle temsil eden *P. americanus* türünün, İndo-Pasifik'te yaşayan ve İndo-Pasifik kökenli olup Akdeniz'e lelepsiyeu göçe dahil olan türlerle ortak haplotip paylaşımı göstermediği tespit edilmiştir.

Türler içerisinde ND 3/4 bölgesi için genetik çeşitliliğine bakıldığında, *P. heptacanthus*, *D. picta*, *M. barbatus*, *P. incisus*, *P. americanus*, *H. far*, *T. choram*, *R. kanagurta*, *H. archipelagicus* türlerinde genetik çeşitliliğinin olmadığı tespit edilmiştir.

Akdeniz'e lesepsiyen göçle katılan *Hemiramphus far*, *Sphyaena pinguis* ve *Saurida undosquamis*'in, Akdenizin yerel türleri olan *Mullus barbatus*, *Polyprion americanus* ve *Pomadasys incisus*'a, çalışmada incelenen İndo-Pasifik türlerinden daha yakın bir genetik ilişki gösterdiği tespit edilmiştir.

Diğer taraftan birbirlerine yakın genetik ilişki gösterdiği tespit edilen dokuz türün (*Diagramma picta*, *Lethrinus lentjan*, *Nemipterus japonicus*, *Rastrelliger kanagurta*, *Parupeneus heptacanthus*, *Tylosurus choram*, *Upeneus moluccensis*, *Pomadasys stridens*, *Nemipterus randalli*) tümünün İndo-Pasifik'te yaşamını sürdüren türler olduğu tespit edilmiştir. Bu 9 türe Akdeniz'in yerel türlerinden hiçbirinin genetik yakınlık göstermemesi dikkati çekerek İndo-Pasifik kökenli türlerin Akdeniz'in yerel türlerinden genetik olarak farklı olduğu sonucu ortaya koyulmuştur.

Akdeniz'e yerleşme başarısı gösteren 3 türün birbirine daha yakın genetik ilişki gösterdiği (*Upeneus moluccensis*, *Pomadasys stridens*, *Nemipterus randalli*) tespit edilmiştir. Ayrıca Akdeniz ortamına lesepsiyen göçle dahil olan fakat ortamda yerleşme başarısı gösteremeyen *Tylosurus choram* ve *Rastrelliger kanagurta* türlerinin Akdeniz'in yerel türlerine uzak, İndo-Pasifik türlerine yakın ilişki gösterdiği tespit edilmiştir.

Genetik olarak yakınlığı ortaya koyulan 5 türün içerisinde, Akdeniz'in yerel türlerinin (*Synodus saurus*, *Sphyaena sphyraena*, *Sphyaena viridensis*) birbirlerine genetik olarak yakınlığı dikkati çekmiştir. Bu üç türe yakınlık gösteren diğer iki türün (*Hemiramphus archipelagicus*, *Sphyaena jello*) çalışmada tespit edilen bu yakınlığından kaynaklı, gelecekte Akdeniz ortamına lesepsiyen göçle katılmasının, diğer İndo-Pasifik türlerinden daha muhtemel olduğu düşünülmektedir.

Lelepsiyen tür olan *U. moluccensis*'in Akdeniz'in yerel türü olan *M. barbatus*'a yakınlığı aynı aile üyesi olan İndo-Pasifik'te yaşamını sürdüren *P. heptacanthus*'a daha uzak genetik ilişki gösterdiği tespit edilmiştir. Bu yakınlığın, *U. moluccensis*'in Akdeniz ortamında gösterdiği yüksek adaptasyon ve yerleşme başarısını desteklediği düşünülmektedir.

Çalışmada İndo-Pasifik'te bulunan 2 baraküda türü, *S. putnamae*, *S. jello*, Akdeniz'in 2 yerel baraküda türü *S. sphyraena*, *S. viridensis* ve Akdeniz'e lesepsiyen göçle gelen, İndo-Pasifik kökenli *S. pinguis* ile Sphyraenidae familyasına ait türler arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenerek türlerin örneklerinde toplam 17 haplotip belirlenmiştir. İncelenen türler içerisinde, *S. sphyraena* 5 haplotiple en yüksek haplotip çeşitliliği (0.8222) gösteren tür olarak bulunmuştur.

Çalışmada, İndo-Pasifik kökenli türlerle Akdeniz'in yerel türleri arasında haplotip paylaşımı olmadığı ve haplotip paylaşımının sadece Akdeniz'in yerel baraküda türleri arasında, tek bir haplotiple (BBABBBBA) olduğu tespit edilmiştir.

Çalışmada, *BsurI* enziminde görülen F ve C haplotiplerinin, lesepsiyen olan tür *S. pinguis*'e, *Bsh1236I* enziminde gözlenen B haplotipinin de Akdeniz'de yaşayan türlere özgü genetik yapılar olduğu tespit edilmiştir.

Yapılan soyağacı analizi sonucunda, Akdeniz'in yerel baraküda türlerinin birbirlerine genetik olarak yakın bulunmasının yanında, bu türlere yakın ilişkiyi, lesepsiyen göçle Akdeniz'e katılan *S. pinguis*'in göstermesi dikkat çekmektedir. *S. pinguis*'in bu genetik özelliğinden kaynaklı Akdeniz'de başarılı bir şekilde yerleşmiş olabileceği ve bu genetik özelliklerinin bu türe Akdeniz ortamı için adaptasyon kabiliyeti kazandırmış olabileceği düşünülmektedir. Soyağacı üzerinde görüntülenen genetik sonuçlardan, lesepsiyen göçle Akdeniz'e geçmesi daha muhtemel olan türün *S. jello* olduğu, *S. putnamae*'nin ise bu göçe genetik sebeplerden kaynaklı katılmasının güç olduğu düşünülmektedir.

Akdeniz'de bulunan diğer lesepsiyen türler ile ilgili genetik verilerin azlığı ve ilgili literatür açığının kapatılması için, diğer lesepsiyen türlerin analiz edilmesi, farklı genlerin incelenmesi, önem arz etmektedir. Bu sebeple diğer lesepsiyen türlerin farklı genlerin ve farklı genetik yöntemlerin kullanılması gelecekte yapılacak çalışmalar arasındadır.

Çalışmada ND 3/4 geninin PCR ile çoğaltılması sonucu bant uzunluğu 1992 ile 2061 arasında ortalama olarak 2026 bç. (baz çifti) bulunmuştur.

Çalışmada Akdeniz'e gerçekleşen Lelepsiyen göçün sonucunda türlerin yüksek yerleşme başarısı göstermelerine, Akdeniz'de yaşayan türlerle olan genetik yakınlıklarının sebep olabileceği düşüncesini destekler sonuçlar tespit edilmiştir. Ayrıca gelecekte Akdeniz'e lesepsiyen göçle katılan türlerin yerleşme başarısı göstermelerine

imkan veren genetik bilginin yapılacak ayrıntılı genom incelemeleri ile ortaya koyulabileceği düşüncesi desteklenmektedir.

Günümüzde küresel iklim değişikliğinin ekosistemlere olan etkilerinin açıklanmasında, ekosistemlerde meydana gelecek değişimlerle ilgili geleceğe yönelik tahminler yapılabilmesinde artık ekosistemi oluşturan türlerin genetik yapılarının da incelenmesinin gerekli olduğu düşünülmektedir. İklimsel değişimlerin türlerde fenolojik değişmelere ve türlerin evrilmesine yol açtığını gösteren çalışmalar karasal canlılarda yapılmıştır (Berteaux ve ark. 2004). Bu çalışmaların denizel türler üzerinde de yapılmasının küresel iklim değişikliğinin denizel türler, populasyonlar ve ekosistemler üzerine etkilerinin ortaya koyulmasında önem arz ettiği düşünülmektedir.

Gelecekte çalışmada kullanılan türlere ek olarak, daha çok sayıda lesepsiyen türlerin, Akdenizin yerel türlerinin ve İndo-Pasifik denizlerinden alınacak türlerin katılımıyla, sekans analizi gibi daha gelişmiş teknikler kullanılarak türlerin genetik yapıları ile lesepsiyen göç ilişkisinin ve bu ilişkiye sebep olan genlerin ortaya koyulması amaçlanmaktadır.

## **5.2. *Saurida undosquamis* Populasyonlarına Ait Sonuç ve Öneriler**

Çalışmada, avcılığın yoğun olarak yapıldığı Akdeniz'den, Suriye'nin Lazkiye sahillerinden, İskenderun Körfezi'nden, Mersin Körfezi'nden, Antalya Körfezi'nden ve Kızıldeniz'den (Cidde) *S. undosquamis* populasyonlarını temsilen her populasyondan 30'ar örnek sağlanarak, toplam 150 örnek ile populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır.

Akdeniz ve Kızıldeniz'den elde edilen bu örneklerde, son yıllarda yaygın olarak kullanılan ve daha güvenilir sonuçlar veren mtDNA PCR-RFLP teknikleri kullanılarak 16S gen bölgesi incelenmiş ve uygulanan 6 polimorfik sınırlama enzimi ile 16 haplotip belirlenmiştir.

Çalışma sonucunda elde edilen bulguların değerlendirilmesiyle, tüm populasyonların birbirinden önemli derecede farklı oldukları tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre *S. undosquamis* bireylerinin genetik göç yolu (pathway) üzerinde yol alırken, türün doğudan batıya doğru ilerlediği bölgelerde farklı mutasyonlar geçirerek her populasyonun farklı genetik yapılar geliştirdiği tespit edilmiştir. *S.*



*undosquamis*'in Akdeniz'e yerleşmede gösterdiği başarıda bu mutasyonların etkisinin türe özel bir güç kazandırdığı düşünülmektedir..

*S. undosquamis*'in İskenderun Körfezi Populasyonu'nda (AD2) genetik çeşitliliğin görülmediği tespit edilmiştir. Yakın geçmişte türün bu bölgede aşırı avcılık ve kirlilik gibi etkilerden genetik darboğaz (genetic bottleneck) geçirmiş olabileceği düşünülmektedir. Genetik çeşitlilik sonuçlarından, özellikle İskenderun Körfezi Populasyonu'na genetik koruma uygulanmasının gerekli olduğu düşünülmektedir..

*S. undosquamis* populasyonları örneklerinin 16S bölgesi için haplotip frekansları Monte Carlo ( $X^2$ ) analizi sonucunda farklı bulunmuştur ( $P<0.001$ ). Tüm populasyonların karşılaştırılması sonucunda, tüm populasyonların haplotip frekanslarının birbirlerinden farklı ve bu farklılığın önemli olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada 16S geninin PCR ile çoğaltılması sonucu bant uzunluğu 1801 ile 1895 arasında ortalama olarak 1848 bp. (baz çifti) bulunmuştur.

Çalışmada Süveyş Körfezi'nde yapılan aşırı avcılıktan kaynaklı, *S. undosquamis* türünün Akdeniz ve Kızıldeniz arasındaki genetik göç mekanizmasının ortadan kalktığı sonucu ortaya konulmuştur.

*S. undosquamis* türüne ait Akdeniz populasyonlarının birbirlerinden farklı mutajenlere sahip ortam koşullarında yaşadığı ve bu sebeple farklı genetik gelişimleri zaman içerisinde gösterdiği düşünülmektedir. Mersin Körfezi örneklerinin diğer bölge örneklerinden fazla genetik çeşitlilik göstermesinin sebebi olarak, ortamda İskenderun Körfezi'nden daha az ağır metal kirliliği görülmesi sebebi ile latel etki meydana getirmesi muhtemel mutasyonlara daha az maruz kalması olabileceği düşünülmektedir. Bir populasyonun, ortamda mutasyon olayına sebep olan mutajenlerin fazla bulunması ve latel (öldürücü) etkiye sebep olabilecek mutasyonlara daha sık maruz kalması sebebiyle genetik çeşitliliğinde aşırı düşüş meydana gelebilir. İskenderun Körfezi'nde genetik çeşitliliğin olmayışının bu sebepten kaynaklanabileceği düşünülmektedir. Bu bölgede mutasyona sebep olabilecek sudaki mutajenlerin (ağır metaller, evsel ve kimyasal atıklar...) miktarlarının düzenli tespit edilip kontrol edilmesi, yüksek bulunan mutajenler varsa ve sudaki miktarlarının gerekli önlemler alınarak canlıları etkilemeyecek düzeye çekilmesinin önemli olduğu düşünülmektedir.

Tüm bu sonuçlar ışığında mtDNA'nın 16S gen bölgesinin PCR-RFLP tekniği ile araştırılması sonucunda, Kızıldeniz ve Akdeniz Iskarmoz balığı (*Saurida undosquamis*) populasyonları arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi ortaya çıkarılmıştır.

Akdeniz'de bulunan diğer lesepsiyen türler ve populasyonlar ile ilgili genetik verilerin azlığı ve ilgili literatür açığının kapatılması için, diğer lesepsiyen türlerin populasyonlarının da analiz edilmesi, farklı genlerin incelenmesi, bize bu türler ve populasyonlar hakkında daha ayrıntılı bilgi verecek olması açısından önem arz etmektedir. Bu sebeple, diğer lesepsiyen türlerin populasyonları için farklı genlerin ve farklı genetik yöntemlerin kullanılması, gelecekte yapılacak çalışmalar arasında düşünülmektedir.

**KAYNAKLAR**

- Akamca, E., **Mavruk, S.**, Özyurt, C. E., Kiyaga, V. B. and Manaşırılı, M., 2010. Two New Lessepsian Species Found in the North–Eastern Levantine Basin: Broadbanded Cardinalfish (*Apogon fasciatus* (White, 1790)) and Indian Scad (*Decapterus russelli* (Rüpell, 1830)) (Osteichthyes). **Zoology in the Middle East**, 51: 116–118.
- Akamca, E., **Mavruk, S.**, Özyurt, C. E., Kiyaga, V. B., 2011 First record of the Indo-Pacific burrowing goby *Trypauchen vagina* (Bloch and Schneider, 1801) in the North-Eastern Mediterranean Sea. **Aquatic Invasions**, 6, (1): 19– 21
- Akar, N., 1999. **Klinik Moleküler Patolojiye Giriş (2.Baskı)**. PCR reaksiyonu, www.medicine.ankara.edu.tr
- Alexandrino, P., Faria, R., Linhares, D., Castro, F., Le Corre, M., Sabatie, R., Bagliniere, J.L. and Weiss, S., 2006. Interspecific Differentiation and Intraspecific Substructure in Two Closely Related Clupeids with Extensive Hybridization, *Alosa alosa* and *Alosa fallax*. **Journal of Fish Biology**, 69: 242-259.
- Ali, A. M. and McNoon, A. H., 2010. Additions to Benthopelagic Fish Fauna of the Aden Gulf-Arabian Sea(Actinopterygii: Bramidae and Sternoptychidae). **Journal of Fisheries an Aquatic Science**, 5 (1): 23-32.
- Al-Jufaili, S. M., Hermosa, G., Al-Shuaili S. S. and Mujaini, A. A., 2010. Oman Fish Biodiversity, **JKAU: Marine Science**, 21 (1): 3-51.
- Anonim, 2011. Küresel Isınma ve İklim değişikliği Raporu. TÜDAV. www.tudav.org
- Anonymous, 2011a. **CIESM Atlas of Exotic Fishes in the Mediterranean Sea**. <http://www.ciesm.org/atlas/appendix1.html>. ciesm (Mediterranean Science Commision) Monaco.
- Anonymous, 2011b. www.fishbase.org
- 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.
- Ayaş, D., Kalay, M., Sangün, M. K., 2009. Mersin Körfezi'nden örneklenen yüzeys ve Patella türlerindeki (*Patella caerulea*, *Patella rustica*) Cr, Cd ve Pb düzeylerinin belirlenmesi. **Ekoloji** 18(70): 32-37.
- Azzurro, E., Golani, D., Bucciarelli G. and Bernardi, G., 2006. Genetics of the early stages of invasion of the Lessepsian rabbitfish *Siganus luridus*, Advertisement, **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, 333: 190-201
- Bardakçi F., Degerli, N., Ozdemir O. and Basibuyuk, H.H., 2006. Phylogeography of the Turkish brown trout *Salmo trutta* L.: mitochondrial DNA PCR-RFLP Variation. **Journal of Fish Biology**, 68 (Supp., A): 36–55.
- Bardakçi F., 2007. Evrim ve İşlevsellik: Evrim Bilinmeden Küresel Değişimlerin Etkileri Anlaşılamaz. **Biyoloji Eğitiminde Evrim Sempozyumu**, 93-103, Malatya.
- Başaran, A., Güneş, H.V., Solak, M., Başaran, N., 2006. **Tıbbi biyoloji ve genetik**. (A. D. Güler Editör) Anadolu Üniversitesi Yayınları, 164 s, Eskişehir.
- Başusta, N. ve Erdem, Ü., 2000. İskenderun Körfezi balıkları üzerine bir araştırma, **Turkish Journal of Zoology**, 24 (Ek Sayı): 1-19.
- Başusta, N. ve Erdem, Ü., 1998. İskenderun Körfezi Balıkları Üzerine Bir Araştırma. **Turkish Journal of Zoology**, 24: 1-19.

- Başusta, N., Erdem, Ü. ve Sarihan, E., 1997. İskenderun Körfezi'nde bulunan lesepsiyen göçmen balıklar. **IX. Ulusal Su Ürünleri Sempozyumu**, 1: 140-151, Eğirdir, Isparta.
- Berteaux, D., Reale, D., McAdam, A.G. and Boutin, S., 2004. Keeping pace with fast climatechange: can arctic life count on evolution. **Integrative and Comparative Biology**, 44:140-151.
- Ben-Tuvia A., 1953. New Erythrean fishes from the Mediterranean coast of Israel. **Nature**, 172: 464-465.
- Ben-Tuvia, A., 1966. Red Sea fishes recently found in the Mediterranean, **Copeia**, 2, 254-275.
- Ben-Tuvia, A., 1977a. Immigration of Fishes Through the Suez Canal. **Fishery Bulletin**. 76: 249-255.
- Ben-Tuvia, A.,1977b. New records of Red Sea Immigrants in the Eastern Mediterranean.**Cybium**, (1987).1: 95-102.
- Ben-Tuvia, A., 1985. The Impact of the Lessepsian (Suez Canal) Fish Migration on the Eastern Mediterranean Ecosystem. **In: Mediterranean Marine Ecosystem**, (M. Moraitou-Apostolopoulo, V. Kiortsis, Editors.). Plenum Pres, 367-375.
- Benmaiz N., Boudouresque, C. F., Riouall, R., Lauret, M.,1987. Flore algale de l'étang de Thau (France, Méditerranée) : sur la présence d'une Rhodyméniale d'origine japonaise, *Chrysymenia wrightii* (Rhodophyta). **Botanica marina**, 30: 357-364.
- Bentzen, P., Leggett, W. C. and Brown, G. C., 1993. Genetic Relationships among the shads (*Alosa*) revealed by mitochondrial DNA analysis, **Journal of Fish Biology**, 43 (6): 909–917.
- Bernardi, G., Golani, D. and Azzurro, E., 2010. The Genetics of lessepsian bioinvasions. (D. Golani ve B.Appelbaum-Golani, Editör). **In: Fish invasions of the Mediterranean Sea: Change and Renewal**. Pensoft Publishers, 71-84, Sofia–Moscow.
- Bilecenoğlu, M., 2010. Alien marine fishes of Turkey – an updated review. (D. Golani ve B.Appelbaum-Golani, Editör). **In: Fish invasions of the Mediterranean Sea: Change and Renewal**. Pensoft Publishers, 189-217, Sofia–Moscow.
- Bilecenoğlu M. and Russell B., 2008. Record of *Nemipterus randalli* Russell, 1986 (*Nemipteridae*) from Iskenderun Bay, Turkey. **Cybium**, 32 :(3) 279-280.
- Blin, N., Stafford, D.W., 1976. A general method for isolation of high molecular weight DNA from eukaryotes. **Nucleic Acids Research**. 3: 2303–2308.
- Billington, N. and Hebert, P. D. N., 1991. Mitochondrial DNA Diversity in Fishes and Its Implications for Introductions. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science**, 48: 80-94.
- Birben, E., 2006. Polimeraz Zincir Reaksiyonu [Polymerase Chain Reaction (PCR)], **Astım Allerji İmmünoloji**; 4(2):92-94.
- Boalch, G. T., 1987. Changes in the Phytoplankton of the western English Channel in recent years. **British Phycological Journal**, 22: 225-235.
- Boltachev, A. R., 2009. Specifying species belonging of Barracuda of Group *Sphyraena obtusata* (Pisces: Sphyraenidae) found in the Black Sea, **Journal of Ichthyology**, 49 (1): 128–131.
- Boudouresque, C. F., Ribera, M. A., 1994. Les introductions d'espèces végétales et animales en milieu marin - conséquences écologiques et économiques et problèmes législatifs. (Boudouresque C.F., Meinesz A., Gravez V. Editors)

- First international workshop on *Caulerpa taxifolia***. GIS Posidonie publications, 29-102, France.
- Carvalho, G. R. and Hauser, L., 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, 4, 326–350.
- Carvalho, G. R. Bembo, D. G., Carone, A., Giesbrecht, G., Cingolani, N. and Pitcher, T. J., 1994. Stock Discrimination in Relation to the Assessment of Adriatic Anchovy and Sardine Fisheries. **Final Project Report to the Commission of the European Community**, EC XIV-1/MED/91001/A.
- Cirik, Ş. ve Akçalı, B., 2002. Denizel ortama yabancı türlerin taşınıp yerleşmesi: Biyolojik işgalin kontrolü, hukuksal, ekolojik ve ekonomik yönleri, **E.U. Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 19 (3-4): 507–527.
- Coll, M, Piroddi, C., Steenbeek, J., Kaschner, K., Lasram B. R. F, et al., 2010 The Biodiversity of the Mediterranean Sea: Estimates, Patterns, and Threats. **Plos One**, 5 (8): e11842.
- Collette B.B., 1970. *Rastrelliger kanagaruta*, another Red Sea immigrant into the Mediterranean Sea, with a key to the Mediterranean species of Scombridae. **Bulletin of Sea Fisheries Research Station Haifa**, 53: 3-6.
- Çakmak, E., 2008. **Dikenli Yılan Balığı (*Mastacembelus mastacembelus*)’nın morfolojik ve moleküler özelliklerinin belirlenmesi**. Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, 50s, Kahramanmaraş.
- Çiçek, E., 2006. Karatas (Adana) açıklarında dip trolleriyle Avlanan Ekonomik potansiyele sahip türlerin incelenmesi. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi, 146s, Adana.
- Çiftci, Y., 2006. **Türkiye alabalık (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 ve *Salmo platycephalus* Behnke, 1968) populasyonlarının genetik yapısının mtDNA-RFLP analiz yöntemiyle belirlenmesi**. Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, 179s, Trabzon.
- Dalyan, C., 2006. **İskenderun Körfezi’ndeki lesepsiye balıklar üzerine bir araştırma**. Yüksek Lisans Tezi, İstanbul Üniversitesi 88s, İstanbul.
- Damato, M. E. and Carvalho, G. R., 2005. Population Genetic Structure and History of the Long-tailed Hake, *Macruronus magellenicus*, in the SW Atlantic as Revealed by MtDNA RFLP Analysis. **ICES Journal of Marine Science**, 62: 247-255.
- Doiuchi, R. and Nakabo. T., 2007. Molecular evidence for the taxonomic status of three species of the *Sphyraena obtusata* group (Perciformes: Sphyraenidae) from East Asia, **Ichthyological Research**, 54 (3): 313-316.
- Dulcic, J. and Soldo, A., 2004. On the occurrence of the yelowmouth barracuda *Sphyraena viridensis* Cuvier, 1829 (Pisces: Sphyraenidae) in the Adriatic Sea, **Annales : analiza istrske in mediteranske studije. Series historia naturalis**, 14 (2): 225-230.
- Erazi, R.A.R., 1943. *Leiognathus mediterraneus* nov. sp. **Comptes Rendus Society Turk Science Physique**, 10: 49-53.
- El-Halfawy, M. M., Amin, A. M. and Ramadan, A. M., 2007. Growth and reproduction of female brushtooth Lizardfish *Saurida undosquamis* (Richardson) from the Gulf of Suez, Egypt, **E.U. Journal of Fisheries & Aquatic Sciences**, 24 (1-2): 143–148.
- Ergüden, D., 2007. **Türkiye Denizlerindeki Tirsilerin (*Alosa* Spp.) Moleküler Sistematığı**. Doktora tezi, Çukurova Üniversitesi, 83s Adana.

- Ergüden, D., Turan, C., Gürlek, M., ve Yağlıoğlu, D. 2010a. Kuzeydoğu Akdeniz'deki yabancı balık türlerinin son durumları ve balıkçılığa etkileri. **14. Sualtı Bilim ve Teknoloji Toplantısı**, 1: 67–75, Antalya.
- Ergüden, D., Gurlek, M., Yaglioglu, D. and Turan, C., 2010b. Genetic identification and taxonomic relationship of Mediterranean Mugillid species based on mitokondrial 16S rDNA sequence data, **Journal of Animal and Veterinary Advances**, 9 (2): 336-341.
- Ergüden, D., Gurlek, M., Yaglioglu, D., Gungur, M., Ozbalçilar, B. and Turan, C., 2010c. Geographical distribution and spreading of striped piggy *Pomadasys stridens* (Forsskal, 1775) along the eastern Mediterranean Sea. **INOC-International conference on Biodiversity of the Aquatic Environment, Tischreen University**, 41-44 p, Latkiye.
- Farnham, W. F., 1980. Studies on aliens in the marine flora of southern England. The shore environment, **Volume 2: Ecosystems**. (W.F. Farnham, Éditor). , Academic Press Publ., 875- 914, London.
- Felsenstein, J., 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. **Evolution** 39: 783–791.
- Francisco, S. M., Cabral, H., Vieira, M. N. and Almada, V. C., 2006. Contrasts in genetic structure and historical demography of marine and riverine populations of *Atherina* at similar geographical scales, **Estuarine, Coastal and Shelf Science** 69: 655-661.
- Galil, B. S., 2007. Seeing red-marine alien species along the Mediterranean coast of Israel, **Aquatic Invasions**, 2: 281-312.
- Gharrett, A.J., Gray, A.K. and Heifetz, J., 2001. Identification of Rockfish by Restriction site Analysis of the Mitochondrial ND-3/ND-4 and 12S/16S rRNA Gene Regions -*Sebastes* spp- Statistical data included. **Fishery Bulletin**, 99 (1): 49-62.
- Giaccone, G., Geraci, R. M., 1989. Biogeographia delle alghe del Mediterraneo. **Anales del Jardín Botánico** 46: 27-34
- Glenn, T.C., Stephan, W., Braun, M.J., 1999. Effects of a population bottleneck on whooping crane mitochondrial DNA variation. **Conservation Biology**, 13: 1097-1107.
- Golani, D., 1998. Impact of Red Sea Fish Migrants Trough the Suez Canal on the Aquatic Environment of the Eastern Mediterranean. **Yale F and S Bulletin**. 375-387.
- Golani, D., Orsi-Relini, L., Massuti, E., Quignard, J.P., 2002. CIESM atlas of exotic species in the Mediterranean. (Briand F. editor ) **Vol. 1. Fishes** CIESM Publications, Monaco.
- Golani D. and Sonin O., 2006. The Japanese threadfin bream *Nemipterus japonicus*, a new Indo-Pacific fish in the Mediterranean Sea. **Journal of Fish Biology**, 68: 940-943.
- Golani, D. and Ritte, U., 1999. Genetic relationship in goatfishes (Mullidae: Perciformes) of the Red Sea and the Mediterranean, with remarks on Suez Canal migrants, **Scientia Marina**, 63: 129–135.
- Golani, D., Appelbaum-Golani, B. and Gon, O., 2008. *Apogon smithi* (Kotthaus, 1970) (Teleostei: Apogonidae), a Red Sea cardinalfish colonizing the Mediterranean Sea. **Journal of Fish Biology**, 72 (6): 1534-1538.

- Golani, D., Azzurro, E., Corsini-Foka, M., Falautano, M. andaloro, F. and Bernardi, G., 2007 Genetic bottlenecks and successful biological invasions: the case of a recent Lessepsian migrant, **Biology Letter**, 3 (5): 541–545.
- Golani, D., Salamah, B. and Sonin, O., 2010. First record of the Emperor Angelfish, *Pomacanthus imperator* (Teleostei: Pomacanthidae) and the second record of the Spotbase Burrfish *Cylichthys spilostylus* (Teleostei: Diodontidae) in the Mediterranean. **Aquatic Invasions**, 5 (1): 41-43.
- Goren, M., Gayer, K. and Lazarus, N., 2009. First record of the Far East chameleon goby *Tridentiger trionocephalus* (Gill, 1859) in the Mediterranean Sea. **Aquatic Invasions**, 4 (2): 413-415.
- Goren, M., Stern, N., Galil, B.S. and Diamant, A., 2010. First record of the Indo-Pacific Arrow bulleye *Priacanthus sagittarius* Starnes, 1988 in the Mediterranean Sea. **Aquatic Invasions**, 5 (1): 45-47.
- Goren, M., Yokes, M.B., Galil B.S. and Diamant, A., 2008. Indo-Pacific cardinal fishes in the Mediterranean Sea – new records of *Apogon smithi* from Turkey and *A. queketti* from Israel. **JMBA2 – Biodiversity Records**, 6417: 1-5.
- Grant, W. S., Leslie, R. W. and Bowen, B. W., 2005. Molecular Genetic Assessment of Bipolarity in the Anchovy Genus *Engraulis*. **Journal of Fish Biology**, 67: 1242–1265.
- Grizel, H., Heral, M., 1991. Introduction into France of the Japanese oyster (*Crassostrea gigas*). **Conseil International Pour L'exploration De La Mer**, 47: 399-403.
- Gruety, H., Heral, M., Robert, J. M., 1976. Premières observations sur l'introduction de la faune associée au naissain d'huîtres japonaises *Crassostrea gigas* (Thunberg), importé sur la côte atlantique française. **Cahiers de Biologie Marine**, 17 : 173-184.
- Gücü, A. C., 2000. Kuzeydogu Akdeniz Balık Stokları-20 Yıllık Zaman Serisi-. **1. Ulusal Deniz Bilimleri Konferansı**, 160-164, Ankara.
- Gücü, A.C. and Bingel, F., 1994. Trawlable Species Assemblages On The Continental Shelf Of The Northeastern Levant Sea (Mediterranean) With An Emphasis On Lessepsian Migration. **Acta Adriatica**, 35 (1/2): 83-100.
- Hamner, R. M., Freshwater D. W. and Whitfield P. E., 2007. Mitochondrial cytochrome b analysis reveals two invasive lionfish species with strong founder effects in the western Atlantic, **Journal of Fish Biology**, 71 (B): 214–222.
- Harrison, R.G., 1989. Animal Mitochondrial DNA as a Genetic Marker in Population and Evolutionary Biology. **Trends in Ecology & Evolution**, 4: 6-11.
- Hassan, M., Harmelin-Vivien, M. and Bonhomme, F., 2003. Lessepsian invasion without bottleneck: example of two rabbitfish species (*Siganus rivulatus* and *Siganus luridus*), **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, 291: 219-232.
- Hauser, L., Turan, C. and Carvalho, G. R., 2001. Haplotype frequency distribution and discriminatory power of two mtDNA fragments in a marine pelagic teleost (Atlantic herring, *Clupea harengus*). **Heredity**, 87: 1–10.
- Hsieh C. H., Chang W. T., Chang H. C., Hsieh, H.S., Chung, Y. L. and Hwang D. F., 2010. Puffer fish-based commercial fraud identification in a segment of cytochrome b region by PCR RFLP analysis, **Food Chemistry**, 121: 1305–1311.

- İşmen, A., 2003. Maturity and Fecundity of Lizardfish (*Saurida undosquamis* Richardson, 1848) in İskenderun Bay (Eastern Mediterranean), **Turkish Journal of Zoology**, 27: 231-238.
- İyiduvar, Ö., 1986. **Hyprograptic Characteristics of İskenderun Bay**. MSc. Thesis, Institute of Marine Sciences, Middle East Technical University, 157p, Mersin
- Karaiskou, N., Apostolidis, A. P., Triantafyllidis, A., Kouvatsi, A. and Triantaphyllidis, C., 2003. Genetic Identification and Phylogeny of Three Species of the Genus *Trachurus* Based on Mitochondrial DNA Analysis. **Marine Biotechnology**, 5: 493-504.
- Karako, S., Achituv, Y., Perl-Treves, R. and Katcoff, D., 2002. *Asterina burtoni* (Asteroidea; Echinodermata) in the Mediterranean and the Red Sea: Does asexual reproduction facilitate colonization?, **Marine Ecology Progress Series**, 234: 139- 145.
- Keskin, E. and Can, A., 2009. Phylogenetic relationships among four species and a subspecies of Mullidae (Actinopterygii; Perciformes) based on mitochondrial cytochrome B, 12S rRNA and cytochrome oxidase II genes, **Biochemical Systematics and Ecology**, 37: 653–661.
- Kochzius, M. and Blohm, D., 2005. Genetic population structure of the lionfish *Pterois miles* (Scorpaenidae, Pteroinae) in the Gulf of Aqaba and northern Red Sea, **Gene**, 347: 295–301.
- Kolar, C. S. and Lodge, D. M., 2001. Progress in invasion biology: predicting invaders. **Trends in Ecology and Evolution**, 16:199–204.
- Kosswig, C., 1950. Erythraische fische im Mittelmeer und an der grenze der Agais. **Syllogomena Biologica, Festschrift Kleinschmidt**, 203-212.
- Lasram, F. B. R., and Mouillot, D., 2009. Increasing Southern Invasion Enhances Congruence Between Endemic and Exotic Mediterranean Fish Fauna. **Biological Invasions**, 11: 697-711.
- Lasram F. B. R., Tomasini, J. A., Romdhane, M. S., DoChi, T. and Mouillot, D., 2007. Ecological correlates of establishment success in lessepsian fishes, **Rapp. Comm. int. Mer. Medit. 38th CIESM (The Mediterranean Science Commission) congress**, 38: 434.
- Lin, L. and Shao, K. T., 1987a. Fishes of the family Sphyraenidae of Taiwan. **Journal of Taiwan Museum**, 40 (2): 73-89.
- Lin, L. and Shao, K. T., 1987b. Intraspecific and interspecific relationships of Sphyraenidae from Taiwan via morphometric and electrophoretic studies, **Acta Oceanographica Taiwanica**, 18: 24-38.
- Lockwood, J. L., Hoopes, M. F. and Marchetti, M. P., 2007. *Invasion Ecology*, Madlen, **Blackwell Publishing**. 304 pp.
- Magoulas, A., Tsimenides, N. and Zouros, E., 1996. Mitochondrial DNA Phylogeny and the Reconstruction of the Population History of a Species: The Case of the European Anchovy (*Engraulis encrasicolus*). **Molecular Biology Evolution**, 13 (1): 178-190.
- Malak, A. D., Livingstone, S. R., Pollard, D., Polidoro, B.A., Cuttelod, A., Bariche, M., Bilecenoglu, M., Carpenter, K. E., Collette, B. B., Francour, P., Goren, M., Kara, M.H., Massutí, E., Papaconstantinou, C., and Tunesi, L., 2011. **Overview of the Conservation Status of the Marine Fishes of the Mediterranean Sea**. Gland, Switzerland and Malaga, Spain: IUCN. vii + 61pp.



- Mamuris, Z., Stamatis, C., Moutou, K.A., Apostolidis, A.P. and Triantaphylidis, C., 2001. RFLP Analysis of Mitochondrial DNA to Evaluate Genetic Variation in Striped Red Mullet (*Mullus surmuletus* L.) and Red Mullet (*Mullus barbatus* L.) Populations. **Marine Biotechnology**, 3: 264-274
- Mater S., Kaya M. ve M. Bilecenoğlu, 2002. **Türkiye Deniz Balıkları Atlası**. Ege Üniversitesi Yayınları, 47 s., Bornova-İzmir.
- Mater, S., Toğulga, M. ve Kaya, M., 1995. Lessepsian Balık Türleri'nin Türkiye Denizleri'nde Dağılımı ve Ekonomik Önemi. **II. Ulusal Ekoloji ve Çevre Kongresi Bildirileri**, 453-462, Ankara.
- Mavruk, S., Avşar, D., 2007. Lesepsiyen Balıkların Akdeniz Ekosistemine Etkileri **Turkish Journal of Aquatic Life**, 5-8: 528-537.
- Mcelroy, D., Moran, P., Bermingham, E. and Kornfield, I., 1992. REAP: An integrated environment for the Manipulation and Phylogenetic Analysis of Restriction Data. **Journal of Heredity**, 83: 157-158.
- Miya, M., Kawaguchi, A. and Nishida, M., 2001. Mitogenomic Exploration of Higher Teleostean Phylogenies: A Case Study for Moderate-Scale Evolutionary Genomics with 38 Newly Determined Complete Mitochondrial DNA Sequences, **Molecular Biology Evolution**, 18 (11): 1993-2009.
- Moretti, I ve Gargani, J., 2008. **Multi-Surface restoration and petroleum system evaluation in the Gulf of Suez**. AAPG Annual Convention, San Antonio, Texas.
- Mullis and Faloona, F., 1987. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalyzed chain reaction. **Methods Enzymol**, 155: 335-350.
- Nei, M., Maruyama, T., and Chakraborty, R., 1975 The bottleneck effect and genetic variability in populations. **Evolution**, 29:1-10.
- Nei, M., 1978. **Molecular Evolutionary Genetics**. Columbia University Press, New York.
- Nei, M and Li, W.H., 1979 Mathematical model for studying genetical variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 76 (10): 5269-5273.
- Nei, M., and Tajima, F., 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. **Genetics**, 97: 145-163.
- Nelson, 1994. **Fishes of the World**. John Wiley and Sons Inc., 600 p, New York.
- Oral, M., 2010. Alien fish species in the Mediterranean – Black Sea Basin. **Journal of Black Sea/Mediterranean Environment**, 16(1): 87-132.
- Ozturk, B., 2010. Draft document on the alien species in the Mediterranean and the Black sea. **General fisheries commission for the Mediterranean, scientific advisory committee**, twelfth session, GFCM:SAC12/2010/Dma.1
- Özyurt C.E. and Avşar D., 2003. Determination of the selectivity parameters for 22 mm cod-end mesh size of lizardfish (*Saurida undosquamis*) in Babadil limanı Bight. In: **Regional Workshop on Fisheries, Aquaculture and Environment**. (S. Khorfan editor). pp 11. Latkiye
- Palloro, A. and Dulcic, C., 2001. First record of the *Sphyræna chrysotaenia* (Klunzinger, 1884) (Pisces, Sphyrænidae) from the Adriatic Sea, **Journal of Fish Biology**, 59: 179-182.
- Papasotiropoulos, V., Klossa-Killa, E., Kiliyas, G. and Alahiotis, S., 2002. Genetic Divergence and Phylogenetic Relationships in Grey Mullets (Teleostei:

- Mugilidae) Based on PCR-RFLP Analysis of mtDNA Segment. **Biochemical Genetics**, 3 (4): 71-86.
- Pollard, D. A., Hutchings, P. A., 1990. A review of exotic marine organisms introduced to the Australian region. II. Invertebrates and algae. **Asian Fisheries Science**, 3: 223-250.
- Por, F.D., 1978. Lessepsian migration – **the influx of Red Sea biota into the Mediterranean by way of the Suez Canal**, 228 pp. Berlin
- Por F. D., 1990. Lessepsian migrations. An appraisal and new data. **Bulletin. Institut Oceanographique. Monaco**, 7: 1-10.
- Por, F. D., 2009. Tethys returns to the Mediterranean: Success and limits of tropical recolonization, **BioRisk** 3: 5–19.
- Poulin, E. Cardenas, L., Herna´ Ndez, C. E., Kornfield, I. and Ojeda, F. P., 2004. Resolution of the Taxonomic Status of Chilean and Californian Jack Mackerels Using Mitochondrial DNA Sequence. **Journal of Fish Biology**, 65, 1160–1164.
- Randal, E.J., 1995. **Fishes of Oman**. Published in the United States of America by University of Hawai’i press. ISBN 08248-1808-3, pp.251, USA
- Ravago-Gotanco, R. G., Manglicmot, M. T. and Pante, M. J. R., 2010 Multiplex PCR and RFLP approaches for identification of rabbitfish (*Siganus*) species using mitochondrial gene regions, **Molecular Ecology Resources**, 10: 741–743.
- Saad A., 2005. Check – list of Bony Fish Collected from the Coast of Syria, **Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 5: 99-106.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S.J. and Beddington, J.R., 1988. Primer-directed Enzymatic Amplification of DNA with a Thermostable DNA Polymerase. **Science**, 239, 487-491.
- Serpin. D., 2007. **Iskarmoz balığı (*Saurida undosquamis* Richardson, 1848) populasyonlarının morfolojik ve meristik karakterler ile otolit element kompozisyonları arasındaki farklılıklar**. Yüksek Lisans Tezi, Mustafa Kemal Üniversitesi, 36s, Antakya, Hatay.
- Shakman, E. A., 2008 **Lessepsian migrant fish species of the coastal waters of Libya: Status, biology, ecology**. Phd Thesis, Universitat Rostock, 125s Rostock.
- Shakman E. A. and Kinzelbach, R., 2007. Distribution and characterization of Lessepsian migrant fish along the coast of Libya, **Acta Ichthyologica et Piscatoria**, 37 (1): 7-15.
- Shaw, P., Turan, C., Wrigth, J., O’Connell, M. and Carvalho, G. R., 1999. Microsatellite DNA analysis of population structure in Atlantic herring (*Clupea harengus*), with direct comparison to allozyme and mtDNA RFLP analyses, **Heredity**, 83: 490-499.
- Snustad, D. P. and Simmons, M. J., 2003. **Principles Of Genetics, Third Edition**. John Wiley & Sons, Inc., New York.
- Soares, M. S. C., Sousa, L. and Barreiros, J. P., 2003. Feeding habits of the lizardfish *Synodus saurus* (Linnaeus, 1758) (Actinopterygii: Synodontidae) from the Azores. **Aqua. Journal of Ichthyology and Aquatic Biology**, 7(1): 29-38.
- Sonin, O., Salameh, P., Golani, D., 2009. First record of the lesser amberjack, *Seriola Fasciata* (Actinopterygii: Perciformes: Carangidae), In The Levant. **Acta Ichthyologica Et Piscatoria**, 39 (1): 71–73

- Sousa, L., Barreiros, J. P., Soares, M. S.C., Hostim-Silva, M. and Santos, R. S., 2003. Preliminary Notes on The Reproductive Biology of the Lizardfish, *Synodus saurus* (Actynopterygii: Synodontidae) in the Azores. **Cybium**, 27 (1): 41-45.
- Spainer, E. and Galil, S. B., 1991. Lessepsian migration: A continuous Biogeographical Process, **Endeavour, New Series**, 15 (3): 103-106.
- Streftaris, N. and Zenetos, A., 2006. Alien marine species in the Mediterranean - the 100 'Worst invasives' and their impact, **Mediterranean Marine Science**, 7 (1): 87-118.
- Taşkavak, E., Mater, S. ve Bilecenoğlu, M., 1998. Kızıldeniz göçmeni balıkların Doğu Akdeniz kıyılarındaki (Mersin-Samandağ) dağılımı ve bölge balıkçılığına etkileri. **Doğu Anadolu Bölgesi III. Su Ürünleri Sempozyumu**, 3: 151-160, Erzurum.
- Theocharis, A., 2008. Do we expect significant changes in the Thermohaline Circulation in the Mediterranean in relation to the observed surface layers warming? (F. Briand, Editor), **Climate warming and related changes in Mediterranean marine biota**. 35 in CIESM Workshop Monographs 152 p, Monaco.
- Tillier, J.E., 1902. Le Canal de Suez et sa faune ichthyologique. *Memoires Societe Zoologique de France*, 15: 279-318.
- Torcu, H. and Mater, S., 2000. Lessepsian Fishes Spreading Along the Coasts of the Mediterranean and the Southern Aegean of Turkey, **Turkish Journal of Zoology**, 24: 139-148.
- Tsimplis, M., Zervakis, V., Josey, S., Peneva, E., Struglia, M. V., Stanev, E., Lionello, P., Artale, V., Theocharis, A., Tragou, E., Rennell, J., 2006. Variability of the Mediterranean Sea Level and Oceanic circulation and their relation to climate. (P. Lionello, P. Malanotte-Rizzoli, R. Boscolo, Editors) In: **Mediterranean 49 Climate Variability**, Elsevier. Netherlands.
- 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, 298 p, U.K.
- Turan, C., 2000. Balıkçılıkta Stok Kavramı ve Genetik Düşüncenin Önemi. **IV. Su Ürünleri Sempozyumu**, 233-250, Erzurum.
- Turan, C., 2002. **Genetik**. Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı, Yayın No: 2, 169s Hatay.
- Turan, C., 2006. Phylogenetic relationships of Mediterranean Mullidae species (Perciformes) inferred from genetic and morphologic data. **Scientia Marina** 70 (2): 311-318.
- Turan, C., 2010. Status and trend of Lessepsian species in marine waters of Turkey. in: **Report of the Sub-Regional Technical meeting on the Lessepsian migration and its impact on Eastern Mediterranean fishery, EastMed 2010**. GCP/INT/041/EC – GRE – ITA/TD-04 109-114.
- Turan, C. and Yaglioglu, D., 2010. Population identification of common cuttlefish (*Sepia officinalis*) inferred from genetic, morphometric and cuttlebone chemistry data in the NE Mediterranean, **Scientia Marina**, 74 (1): 77-86.
- Turan, C. and Yaglioglu, D., 2011. First Record of The Spiny blaasop *Tylerius spinosissimus* (Regan, 1908) from Turkish Coasts, **Mediterranean Marine Science**, 12 (1): 247-252.

- Turan, C., Carvalho, G. R. and Mork, J., 1998. Molecular genetic analysis of Atlanto-Scandian Herring (*Clupea harengus*) populations using allozymes and mitochondrial DNA markers, **Journal of Marine Biological Assosiation of UK**, 78: 269-283.
- Turan, C., Ozturk, B., Erguden, D., Gurlek, M., **Yaglioglu D.**, Uygur, N., 2007a. Türkiye Kemikli Deniz Balıkları Atlası ve Sistematığı. (C. Turan, Editör) In: **Türkiye Kemikli Deniz Balıkları Atlası**. Nobel Yayınevi, 4: 80–485, Adana.
- Turan C., Erguden D., Gurlek M., **Yaglioglu D.**, Keskin, Ç., 2007b. Türkiye Kemikli Deniz Balıkları Atlası ve Sistematığı. (C. Turan, Editör) In: **Türkiye Kızıldeniz Göçmen (Lesepsiyen) Balıkları**. Nobel Yayınevi, 4: 80–485, Adana.
- Turan, C., Öztürk B., Düzgüneş, E., Çalışkan, M., Turan, F., Gürlek, M., Hazar, D., Sevenler, S. ve Yağlıoğlu, D., 2007c. Akdeniz, Ege, Marmara ve Karadenizi'nde Bulunan İstavrit Türleri (*Trachurus* Spp.) Populasyonlarının Genetik Yapı Analizi ve Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesi. **Tübitak Proje sonuç raporu**, Proje No: 106T149, 82s, Hatay.
- Turan, C., Çalışkan, M. and Kucuktas, H., 2004. Phylogenetic relationships of nine mullet species (*Mugilidae*) in the Mediterranean Sea, **Hydrobiologia**, 532: 45-51.
- Turan, C., Öztürk B., Turan, F., Ergüden, D., Gürlek, Yağlıoğlu, D. ve Gezer., A., 2008. Türkiye denizlerinde bulunan clupeidae familyasına ait tırsi türleri (*Alosa* Spp.) populasyonlarının genetik yapı analizi ve moleküler sistematığı. **Tübitak Proje sonuç raporu**, Proje No: 104Y256, 96s, Hatay.
- Turan, C., Gunduz, I, Gurlek, M., Yaglioglu, D. and Erguden, D., 2009a. Systematics of Scorpaenidae species in the Mediterranean Sea inferred from mitochondrial 16S rDNA sequence and morphological data, **Folia Biologica (Krakow)**, 57: 219-226.
- Turan, C., Gurlek, M., Yaglioglu, D. and Ozturk, B., 2009b. Genetic differentiation of Mediterranean Horse Mackerel (*Trachurus mediterraneus*) populations as revealed by mtDNA PCR-RFLP analysis, **Journal of Applied Ichthyology**, 25: 142-147.
- Türkmen, A., Aras, S., 2011. İskenderun Körfezi'nde deniz suyu ve sedimentte oluşan ağır metal birikiminin incelenmesi. **The Black Sea Journal of Sciences**, 1(3): 1-23
- Ünsal, S., 1992. A new mullet species for Turkish seas: *Mugil soiyu* Basilevsky. **DOĞA, Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, 16, 427-432.
- Welkommer L., 1992. A history of international introductions of inland aquatic species. **ICES Marine Science Symposia**, 194: 3-14.
- Wilson, A.C., Cann, R.L., Carr, S.M., George, M., Gyllensten, U. B., Helmychowski, K.M., Higuchi, R.G., Palumbi, S.R., Prager, E.M., Sage, R.D. and Stoneking, M., 1985. Mitochondrial-DNA and Two Perspectives on Evolutionary Genetics. **Biological Journal of the Linnean Society**, 26: 375-400.
- Wright, S., 1938. Size of population and breeding structure in relation to evolution. **Science** 87: 430–431
- Yağlıoğlu D., 2007. **Türkiye denizlerinde bulunan sübye (*Sepia officinalis* L. 1758) populasyonlarının genetik analizi**. Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Yüksek Lisans Tezi. 48s, Hatay.

- Yeşilçimen, H. Ö., 2002. **Antalya Körfezi'nde trol balıkçılığı ile yakalanan ekonomik balık türlerinin aylara göre dağılımı**. Yüksek Lisans Tezi, 65s, Isparta.
- Yılmaz, R. ve Hoşşucu, B., 2007a. Antalya Körfezi'nde dağılım gösteren lokum balıklarının, *Saurida undosquamis* (Linnaeus, 1758) ve *Synodus saurus* (Richardson, 1848) boy-ağırlık ilişkisi ve nispi kondisyon faktörü değerleri, **Turkish Journal Of Aquatic Life**, 5-8: 306-312.
- Yılmaz, R. ve Hoşşucu, B., 2007b. Spawning Season of The Lizardfish *Saurida undosquamis* (Richardson, 1848) and *Synodus saurus* (Linnaeus, 1758) in Antalya Bay on the Eastern Mediterranean coast of Turkey, **Rapp. Comm. int. Mer. Medit. 38th CIESM (The Mediterranean Science Commission) congress**, 38: 635.
- Yoksel, H., 2008. **İskenderun Körfezi Iskarmoz Balığı (*Saurida Undosquamis* (Richardson, 1848)) 'in biyolojisi üzerine çalışmalar**. Yüksek Lisans Tezi, Balıkesir Üniversitesi, 41s, Balıkesir.
- Zenetos, A., Katsanevakis, S., Poursanidis, D., Crocetta, F., Damalas, D., Apostolopoulos, G., Gravili, C., Vardala-Theodorou E. and Malaquias M., 2011. Marine alien species in Greek Seas: Additions and amendments by 2010, **Mediterranean Marine Science**, 12 (1): 95–120.
- Zenetos, A., Meri, E., Verlaque, M., Galli, P., Boudouresque, C.F., Giangrande, A., Çınar, M. and Bilecenoglu, M., 2008. Additions to the annotated list of marine alien biota in the Mediterranean with special emphasis on Foraminifera and Parasites. **Mediterranean Marine Science**, 9 (1): 119-165.

## TEŞEKKÜR

Başta, hiçbir konuda yardımlarını esirgemedi, bana her anlamda yol gösteren ve iyi bir bilimsel çalışma ortamı sağlayan değerli danışman hocam Sayın Prof. Dr. Cemal TURAN'a, sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmamın her aşamasında yardımlarını gördüğüm dostluğuyla bana her zaman destek olan Sayın Ar. Gör. Mevlüt GÜRLEK'e, laboratuvar çalışmalarında değerli yardımlarını gördüğüm Yüksek lisans Öğrencisi Burcu ÖZBALCILAR'a ve lisans öğrencisi Cemal ALPTEKİN'e teşekkürlerimi iletmekten mutluluk duyarım.

Tez çalışmamda Arap Körfezi'nden, Bahreyn örneklemelerimde gösterdiği yardımlarından dolayı Sayın İsa BOZKURT'a, Umman Denizi örneklememde yardımlarını gördüğüm Sayın Hıdır YAŞAR'a, Kızıldeniz örneklerimin temininde verdiği desteklerinden dolayı Sayın Uğur DOĞRU'ya teşekkürlerimi sunarım.

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

Bu süreçte özverili desteğini her zaman gösteren sevgili eşim Sinem YAĞLIOĞLU'na sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Hayatımın her aşamasında bana destek olan Annem Selma YAĞLIOĞLU'na, Babam Mehmet Ömer YAĞLIOĞLU'na ve Kardeşim Engin YAĞLIOĞLU'na teşekkürlerimi iletmekten büyük mutluluk duyarım.

## ÖZGEÇMİŞ

1981 yılında Bolu'nun Kıbrısçık ilçesinde doğdum. İlk, orta ve lise öğrenimimi Bolu'da tamamladım. 2001 senesinde başladığım Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nden 2005 yılında Su Ürünleri Mühendisi unvanıyla mezun oldum. 2005 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Su Ürünleri (Temel Bilimler) Anabilim Dalında yüksek lisans öğrenimime başladım. 2007 Yılında yüksek lisans öğrenimimi tamamlayarak aynı yıl Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Su Ürünleri (Temel Bilimler) Anabilim Dalında doktora öğrenimime başladım. Halen bu öğrenimime devam etmekteyim.





## Ek 2

Türlerin MtDNA ND 3/4 gen bölgesinin *MspI*, *Hin6I*, *Bsh1236I*, *RsaI* sınırlama enzimleri ile elde edilen haplotiplerde, bant genişliklerine göre sınırlama parçası uzunluk değerleri

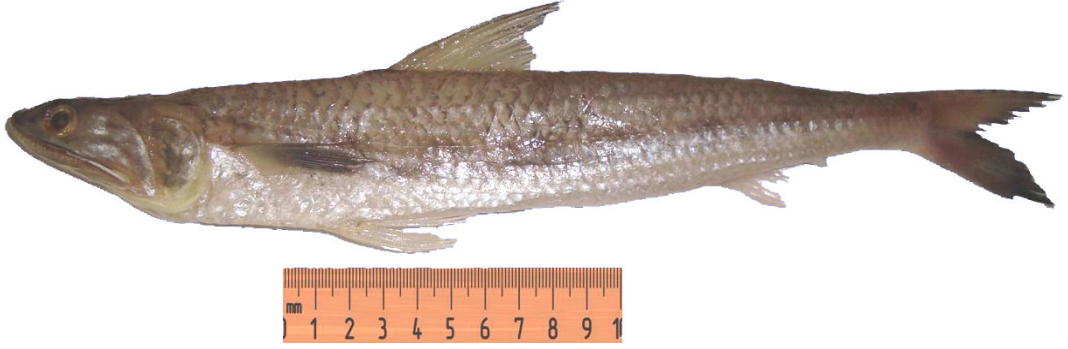
Bantlar (bç)	<i>Msp I</i>			<i>Hin6 I</i>			<i>Bsh1236 I</i>		<i>Rsa I</i>		
	A	B	C	A	B	C	A	B	A	B	C
720	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
640	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
611	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
578	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
592	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
551	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
531	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
525	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
506	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
504	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
502	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
468	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
458	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
434	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
423	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
406	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
403	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
346	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
345	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
335	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0
277	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
276	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
270	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
109	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
93	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
90	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
74	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
68	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
45	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
26	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0



## Çalıřmada Kullanılan Türler



*Synodus saurus* (Linnaeus, 1758)



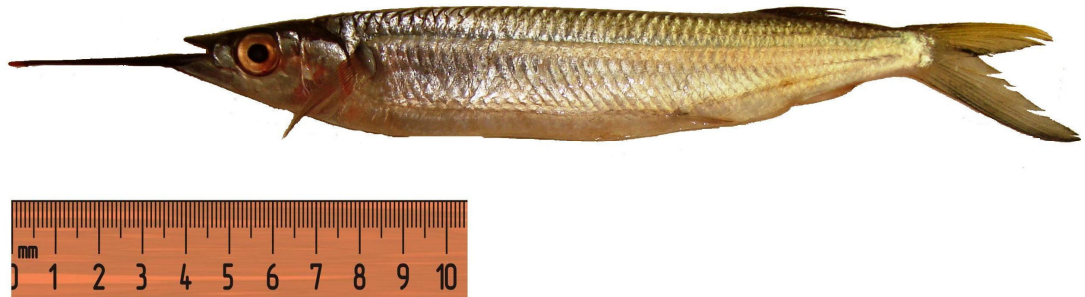
*Saurida undosquamis* (Richardson, 1848)



*Tylosurus choram* (Rüppell, 1837)



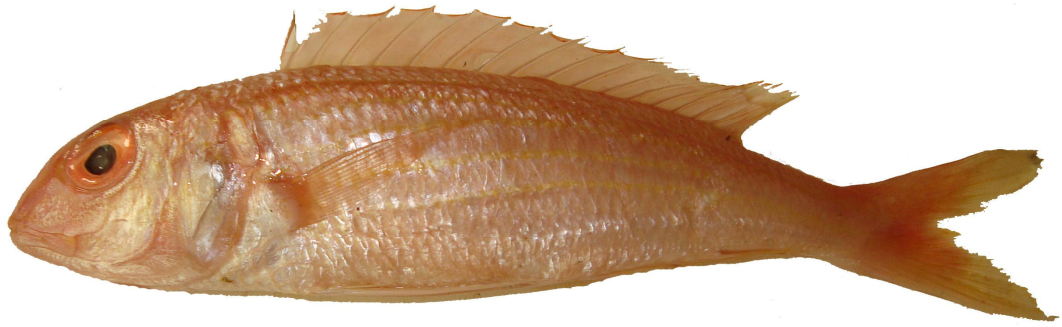
*Hemiramphus far* (Forsskal, 1775)



*Hemiramphus archipelagicus* (Collette & Parin, 1978)



*Polyprion americanus* (Bloch & Schneider, 1801)



*Nemipterus randalli* (Russell, 1986)



*Nemipterus japonicus* (Bloch, 1791)



*Pomadasys stridens* (Forsskal, 1775)



*Pomadasys incisus* (Bowdich, 1825)



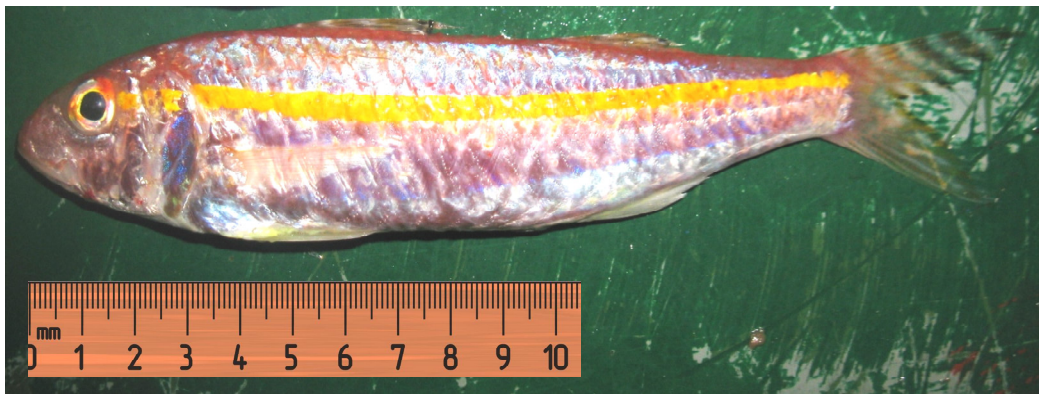
*Diagramma picta* (Thunberg, 1792)



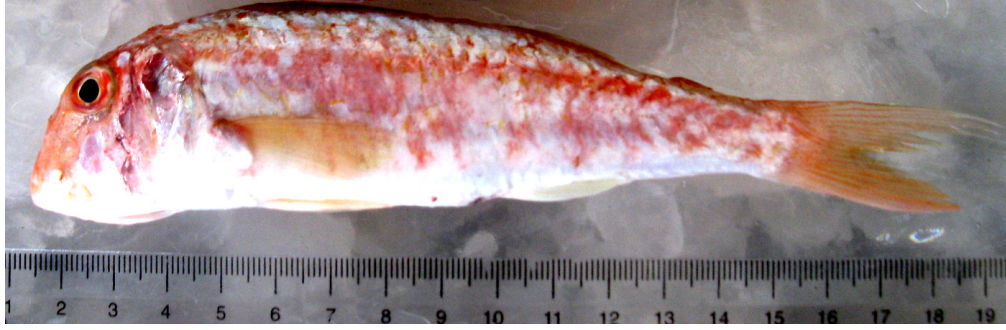
*Lethrinus lentjan* (Lacepede, 1802)



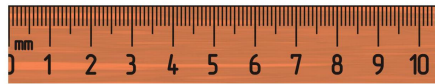
*Parupeneus heptacanthus* (Lacepede, 1802)



*Upeneus moluccensis* (Bleeker, 1855)



*Mullus barbatus* (Linnaeus, 1758)



*Rastrelliger kanagurta* (Cuvier, 1816)



*Sphyraena putnamae* (Jordan & Seale, 1905)





*Sphyraena jello* (Cuvier, 1829)



*Sphyraena pinguis* (Günther, 1874)



*Sphyraena sphyraena* (Linnaeus, 1758)



*Sphyraena viridensis* (Cuvier, 1829)