

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI**

**KARADENİZ ALABALIĞI (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811) VE KAYNAK ALABALIĞI (*Salvelinus fontinalis* Mitchill, 1814) HİBRİDLERİNDE (Kaplan Alabalığı) MİKROSATELLİT DNA ANALİZ YÖNTEMİYLE EBEVEYNLERİNDEN GEN AKIŞININ BELİRLENMESİ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bal. Tek. Müh. Dilan ARSLAN**

**ŞUBAT 2016  
TRABZON**



**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünce**

**Unvanı Verilmesi İçin Kabul Edilen Tezdir.**

**Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : / /**

**Tezin Savunma Tarihi : / /**

**Tez Danışmanı :**

**Trabzon**

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı  
Dilan ARSLAN Tarafından Hazırlanan**

**KARADENİZ ALABALIĞI (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811) VE KAYNAK ALABALIĞI (*Salvelinus fontinalis* Mitchiil, 1814) HİBRİDLERİNDE (Kaplan Alabalığı) MİKROSATELLİT DNA ANALİZ YÖNTEMİYLE EBEVEYNLERİNDEN GEN AKIŞININ BELİRLENMESİ**

**başlıklı bu çalışma, Enstitü Yönetim Kurulunun 05.01.2016 gün ve 1635 sayılı kararıyla oluşturulan jüri tarafından yapılan sınavda  
YÜKSEK LİSANS TEZİ  
olarak kabul edilmiştir.**

**Jüri Üyeleri**

**Başkan** : Prof. Dr. İlhan ALTINOK .....

**Üye** : Doç. Dr. Yusuf BEKTAŞ .....

**Üye** : Yrd. Doç. Dr. Şebnem ATASARAL ŞAHİN .....

**Prof. Dr. Sadettin KORKMAZ  
Enstitü Müdür**

## ÖNSÖZ

Bu tez çalışması Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı Yüksek Lisans programında yürütülmüştür.” Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811) ve Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis* Mitchell, 1814) hibridlerinde (Kaplan Alabalığı) mikrosatellit DNA analiz yöntemiyle ebeveynlerinden gen akışının belirlenmesi” adlı bu çalışma, Trabzon Su ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü’ nün Genetik Laboratuvarı’ nda gerçekleştirilmiştir.

Yüksek Lisans çalışmamın bütün aşamalarında yakın ilgi ve hoşgörüsünü her daim hissettiğim, her konuda desteğini hiçbir zaman esirgemeyen, çalışmamın yönlendirilmesi ve sonuçlandırılmasında büyük emeği geçen Karadeniz Teknik Üniversitesi Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi Öğretim Üyesi, değerli hocam, tez danışmanım, Sayın Yrd. Doç. Dr. Şebnem ATASARAL ŞAHİN’ e, tezimin her aşamasıyla yakından ilgilenen ve çalışmamın biçimlenmesinde önemli rol oynayan, engin bilgi ve tecrübelerini sunmaktan kaçınmayan, Trabzon Su ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü’ nün Genetik Laboratuvarı’ nın imkanlarından faydalanmamı sağlayan SUMAE Islah ve Genetik Bölüm Başkanı Ziraat Yüksek Mühendisi Oğuzhan EROĞLU’ na, çalışmamın fikir babası olan Doç. Dr. Nadir BAŞÇINAR’ a ve çalışmada kullanılan balıkların üretiminde öncü olan yine Nadir hocam ve Doç. Dr. Mehmet KOCABAŞ’ a, laboratuvar çalışmalarında yardımcı olan Su Ürünleri Yük. Mühendisi Hayriye TAN MELEK’ e, tecrübeleriyle destek olan SUMAE personellerinden, Uzman Biyolog Zehra Duygu DÜZGÜNEŞ’ e ve Uzman Biyolog Şirin FİRİDİN’ e, akademik tecrübeleriyle yol gösterip yüreklendiren, kıymetli hocam KTÜ Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Moleküler Biyoloji Anabilim Dalı Başkanı Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ’ e,

Gösterdikleri emsalsiz sabır ve hoşgörüsünden dolayı başta annem Remziye ARSLAN olmak üzere babam Adnan ARSLAN ve kardeşlerime, bu süre boyunca tecrübeleriyle maddi manevi beni yalnız bırakmayan, yüreklendiren, güveni ve ilgisiyle desteğini her daim yüreğenden hissettiğim kıymetli nişanlım Balıkçılık Teknolojisi Yüksek Mühendisi Abdullah YILMAZ’ a ve onun nezdinde YILMAZ ailesine,

Bu başarımda katkısı olan herkese teşekkürü bir borç bilirim.

Dilan ARSLAN

Trabzon 2016

## TEZ ETİK BEYANNAMESİ

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduđum “Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811) ve Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis* Mitchill, 1814) hibridlerinde (Kaplan Alabalığı) mikrosatellit DNA analiz yöntemiyle ebeveynlerinden gen akışının belirlenmesi” başlıklı bu çalışmayı baştan sona kadar danışmanım Yrd. Doç. Dr. Şebnem ATASARAL ŞAHİN ‘in sorumluluğunda tamamladığımı, örnekleri kendim topladığımı, analizleri ilgili laboratuarlarda yaptığımı, başka kaynaklardan aldığım bilgileri metinde ve kaynakçada eksiksiz olarak gösterdiğimi, çalışma sürecinde bilimsel araştırma ve etik kurallara uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim. 26/01/2016

Dilan ARSLAN

# İÇİNDEKİLER

## Sayfa No

ÖNSÖZ .....	III
TEZ ETİK BEYANNAMESİ.....	IV
İÇİNDEKİLER.....	V
ÖZET .....	VII
SUMMARY .....	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	IX
TABLolar DİZİNİ.....	X
SEMBOLLER DİZİNİ.....	XI
1. GENEL BİLGİLER.....	1
1.1. Giriş .....	1
1.2. Kaynak Alabalığı ( <i>Salvelinus fontinalis</i> Mitchill, 1814).....	4
1.3. Karadeniz Alabalığı ( <i>Salmo trutta labrax</i> Pallas, 1811) .....	6
1.4. Balıklarda Hibridizasyon.....	9
1.5. Önceki Çalışmalar .....	11
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR.....	17
2.1. Materyal.....	17
2.2. Metod.....	18
2.2.1. Toplam DNA'nın Elde Edilmesi.....	18
2.2.2. Mikrosatellite Lokuslar .....	19
2.2.3. Çoklu PZR Gruplarının Oluşturulması.....	20
2.2.4. DNA Amplifikasyonu .....	21
2.2.5. Jel Elektroforezi Görüntüleri .....	22
2.2.6. Verilerin Değerlendirilmesi .....	23

4.	BULGULAR.....	25
4.	TARTIŞMA .....	34
4.1.	Allel Sayıları, Polimorfizm ve Ürün Fragment Analizi .....	34
4.2.	Gen Akışı .....	38
5.	SONUÇLAR.....	40
6.	ÖNERİLER.....	41
7.	KAYNAKLAR .....	42
	ÖZGEÇMİŞ	

Yüksek Lisans Tezi

## ÖZET

### **KARADENİZ ALABALIĞI (*Salmo trutta labrax* Pallas,1811) ve KAYNAK ALABALIĞI (*Salvelinus fontinalis* Mitchiil, 1814) HİBRİDLERİNDE (Kaplan Alabalığı) MİKROSATELLİT DNA ANALİZ YÖNTEMİYLE EBEVEYNLERİNDEN GEN AKIŞININ BELİRLENMESİ**

Dilan ARSLAN

Karadeniz Teknik Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Şebnem ATASARAL ŞAHİN

2016, 42 Sayfa

Bu çalışmada, mikrosatellit DNA analizi kullanılarak Kaplan Alabalığı'nda (Karadeniz Dişi♀ × Kaynak Erkek♂) gen akışı çalışılmıştır. Karadeniz Alabalığı, Kaynak Alabalığı ve Kaplan Alabalığı için, 8 anaç ve 86 yavru olmak üzere toplam 94 birey, 13 adet mikrosatellit lokus kullanılmıştır. Analiz sonuçlarına göre, lokuslarda toplam 71 farklı allel tespit edilmiştir. Ortalama allel sayısı 5, 462 olup 13 farklı mikrosatellit lokusuna ait allel sayısının 3 ile 9 arasında değiştiği en yüksek ve en düşük polimorfizm gösteren lokusların sırasıyla, T3-13 (9), SSSP2201 (9) ve SSSA410 (3), STR60 (3), STR12 (3) olduğu tespit edilmiştir. DD1xDE1 için anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri 0, 52-1, DD2xDE3 için ve DD3xDE4 için 0-1 aralığında değişmektedir. Hibrit grubu DD1xKE1 için, 0-1 arasında değişmekte ve en yüksek değer STR60 lokusuna aittir. DD2xKE3 grubu için değer, 0-1 arasındadır ve en yüksek değer BS131, STR58, SSA410, OMY7, SSA85, STR73, STR12 lokuslarında gözlenmiştir. DD3xKE4 için değerler ise, 0-1 arasındadır. Değerin en yüksek görüldüğü lokuslar BS131, SSA85 ve STR12' dir. DD1 x KE1 için yavrularda DD2xKE3 ve DD3xKE4' ün yavrularına göre göre gen akışında farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. DD1xKE1 için %41,6 babadan ve aynı oranda anneden, DD2xKE3' de, % 50 anneden, DD3xKE4 için ise, %66,7 anneden gen akışı olduğu görülmüştür. Ancak bütün lokuslar ve bütün gruplara baktığımız zaman gen akışının %52, 78 oranında anneden, %16,67 babadan, % 30,56 anne+babadan olduğu tespit edilmiştir.

**Anahtar Kelimeler :** Mikrosatellit, Karadeniz Alabalığı, Kaynak Alabalığı, Kaplan Alabalığı, Hibrid



Master Thesis

**SUMMARY**

**IDENTIFICATION OF GENE FLOW THROUGH MICROSATELLITE DNA ANALYSIS for BLACK SEA TROUT (*Salmo trutta labrax* PALLAS, 1811) AND BROOK TROUT (*Salvelinus fontinalis* MITCHILL, 1814) in THEIR HYBRIDS (Tiger Trout)**

Dilan ARSLAN

Karadeniz Technical University  
The Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Fisheries Technology Engineering Graduate Program  
Supervisor: Yrd. Doç. Dr. Şebnem ATASARAL ŞAHİN  
2016, 42 Pages

In this study, Tiger trout' (Black Sea trout Female ♀ × Brook trout Male ♂) gene transfer was examined through microsatellite DNA analysis. For Black Sea trout, Brook trout and Tiger trout, on the point of being 94 individuals in total; 8 spawners and 86 larvae, and 13 microsatellite loci were used. According to the analysis results, 71 different alleles were identified. In addition to identifying the average number of alleles as 5,462, the number of alleles pertaining to 13 different microsatellite loci varies between 3 and 9, and respectively T3-13 (9), SSSP2201 (9) and SSSA410 (3), STR60 (3), STR12 (3) were identified as from highest to lowest polymorphism indicative loci. Expected and observed values of spawners' larvae genotypes with frequency values vary between 0, 52-1 for DD1 X DE1, 0-1 for DD2xDE3, 0-1 for DD3xDE4. For our hybrid group DD1xKE1, highest value belongs to STR60 locus. For DD2xKE3 group values vary between 0-1 and highest value was observed in BS131, STR58, SSA410, OMY7, SSA85, STR73, STR12 loci and for DD3xKE4, values vary between 0-1. The highest values were observed in BS131, SSA85 and STR12 loci. Distinctness in gene transfer was identified between DD1xKE1 larvae and DD2xKE3 and DD3xKE4 larvae. 41.6% of gene transfer from father and the same from mother for DD1xKE1, 50% from mother for DD2xKE3, 66.7% from mother for DD3xKE4 were observed. However, looking at the all loci and groups, observations indicates that 52.78% of gene transfer comes from mother, 16.67% from father and 30.56% from mother+father.

**Key Words :** Microsatellite, Black Sea Trout, Brook Trout, Tiger Trout, Hybrid

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa No

Şekil 1. <i>Salvelinus fontinalis</i> . (Fishbase) .....	5
Şekil 2. <i>Salvelinus fontinalis</i> ' in doğal yayılımı. (Fishbase).....	5
Şekil 3. Karadeniz Alabalığının ( <i>Salmo trutta labrax</i> Pallas, 1811). (Kocabaş, 2009).....	7
Şekil 4. Dünya'da kahverengi alabalığının dağılımı (kesik çizgili alanlar doğal yayılım alanları; siyah taralı alanlar sonradan aşıl原因 alanlardır). (Baglinière, 1999).....	8
Şekil 5. Anaç Karadeniz ve Kaynak Alabalığı DNA'sının agaroz jeldeki görüntüsü. ....	23
Şekil 6. Bazı yavru alabalık DNA larının agaroz jeldeki görüntüsü. ....	23
Şekil 7. Str73 lokusuna ait bazı yavru ve anaçların allel boyları .....	31
Şekil 8. Str73 lokusuna ait bazı hibrit ebeveyn ve yavruların fragment analizi.....	33

## TABLULAR DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Tablo 1. Hibrid salmonidler. (Bartley vd., 2001). .....	10
Tablo 2. Kullanılan anaç grupları ve yavru sayıları.....	18
Tablo 3. Kullanılan primerlere ait bilgiler.....	20
Tablo 4. 1., 2. ve 3. Grup primer çoklu PZR için karışımın bileşen miktarları.....	21
Tablo 5. 1., 2. ve 3. Grup için ayarlanan PZR döngü koşulları .....	22
Tablo 6. Anaçlardaki allel sayıları.....	25
Tablo 7. DD1xDE1 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri .....	25
Tablo 8. DD2xDE3 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri .....	27
Tablo 9. DD3xDE4 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri .....	27
Tablo 10. DD1xKE1 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri ve gen akış yüzdeleri.....	28
Tablo 11. DD2xKE3 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri ve gen akış yüzdeleri.....	29
Tablo 12. DD3xKE4 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri ve gen akış yüzdeleri.....	30

## SEMBOLLER DİZİNİ

<b>DNA</b>	Deoksiribo Nükleik Asit
<b>mg</b>	Miligram
<b>ml</b>	Mililitre
<b>mtDNA</b>	Mitokondriyal Deoksiribo Nükleik Asit
<b>nm</b>	Nanometre
<b>°C</b>	Santigrat Derece
<b>PZR</b>	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
<b>UV</b>	Ultraviyole
<b>bç</b>	Baz çifti

## 1.GENEL BİLGİLER

### 1.1.Giriş

Balıkçılık arařtırmalarında moleküler genetik teknikleri uygulamaları 1950’li yıllardan beri giderek artış göstermektedir. Bunun nedeni uygun tekniklerin ve genetik bilgilerin önemi üzerine olan ilginin artmasıdır. Yapılan ilk çalışmalar özellikle morinalar, salmonid ve ton balıklarında kan grubu farklılıkları üzerine olmuş ve populasyon yapısının analizinde kullanılmak üzere genetik olarak kontrol edilen varyasyonların mevcudiyeti başarılı bir şekilde ortaya konulmuştur. Fakat bu serolojik işlemler balıkçılık çalışmalarına tam olarak uygulanamadığı için kısa süre içinde yerini protein polimorfizminin genetik olarak belirlendiği elektroforetik işlemlere bırakmıştır. Kolay, hızlı ve ucuz bir teknik olan protein elektroforezi ile çoğu bitki ve ticari olarak pahalı balık türlerini de içine alan hayvan türlerindeki populasyon farklılıkları hızlı bir şekilde tespit edilmiştir (Çiftci, 2003).

Protein veya alloenzim elektroforezi nükleer DNA’daki farklılıkları dolaylı olarak tahmin etmektedir. Fakat direkt tahminler ancak kesici enzimlerin izolasyonu ile mümkün olmuştur. Bu enzimler DNA’yı özgün baz pozisyonlarından kesmekte ve elektroforez jeli üzerinde dağılabilen farklı büyüklükte parçalar oluşturmaktadır. Bu teknolojinin başlangıçtaki kullanımı çoğunlukla mitokondriyal DNA’lar (mtDNA) üzerinde olmuştur. Çünkü mtDNA’lar küçük boydadır ve elde edilmeleri kolaydır. Bununla birlikte son zamanlarda kesici enzimlerin nükleer DNA’lar üzerine kullanımı giderek artmaktadır. Yakın zamanda ise PZR teknolojisinin gelişimi düşük miktardaki DNA’dan hedef bir bölgenin çoğaltılmasına ve analizine imkan vererek moleküler genetik çalışmalarına geniş ve farklı bir boyut kazandırmıştır (Çiftci, 2003 ).

Genetik belirteçlerin çalışılması özellikle balıkçılıkta üç alanda ana etkiye sahiptir. Bunlar; doğal stok yapılarının analizi, kültür balıkçılığı, taksonomi veya sistematik çalışmalardır. Ayrıca yok olmakta olan türlerin genetikleri, genetik farklılık üzerine kirlenmenin ve balıkçılığın etkisi ve bir ortama sonradan sokulan türlerin genetikleri üzerine çalışmalar yapılmaktadır (Anonim, 2007).

Moleküler tekniklerin kullanımı, populasyon içinde bireyler arasında, aynı türün populasyonları arasında ve taksonomik seviyede farklı türler arasında genetik varyasyonun

tahminini mümkün kılmıştır. Moleküler belirteçler kullanılarak yapılan çalışmalar sonucunda lokal popülasyonların ve sucul türlerin üreme farklılıkları gösteren, izole halde küçük gruplara bölünmüş olduğu gözlenmiştir. Böylece bir veya birden fazla ayrı üreme davranışı gösteren izole grupların kaybolması tür içindeki genetik varyasyon seviyesinin düşmesine neden olmaktadır ve tamamıyla nadir bulunan genetik karakterlerin kaybolmasıyla sonuçlanabilmektedir (Çiftçi ve Okumuş, 2002). Sonuç olarak, üretimin uzun süreli devamlılığını sağlamak için; gen havuzunu belirli bir düzen dahilinde paylaşan ve alt gruplara ayrılmış balık popülasyonları arasındaki ve içindeki genetik farklılığın, gelişen moleküler genetik yöntemlerinin kullanımıyla belirlenmesi, ve genetik varyasyonun korunması gerekmektedir. Balıkçılık yönetiminin temel amacı stoktaki tüm genetik varyasyonu koruyabilecek şekilde hasat etmek ve yalnız kaybolan varyasyonun restorasyonu için balıklandırma yapmak olmalıdır (Okumuş ve Çiftçi, 2003; Çiftçi vd., 2007).

Günümüzde moleküler genetik yöntemler, hayvanların genetik enformasyon yapısını belirlemeyi ve hangi genetik kökenli hastalığın ya da ekonomik öneme sahip verim özelliğinin hangi genler tarafından kontrol edildiğinin anlaşılmasını olası kılmaktadır (Schwerin, 1997). Moleküler genetik alanındaki iki temel gelişim bu durumu mümkün kılmıştır. İlk olarak 1985 yılında Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) aracılığıyla DNA'nın küçük bir parçasının ısı döngüsünde in vitro olarak çoğaltılabileceğinin bulunması ve ikinci olarak, 1989 yılında yine PZR aracılığıyla genom içerisinde ardışık olarak tekrarlanan (tandem repeated) DNA dizilerinin bulunduğu ve bunların polimorf olduğunun ya da yüksek düzeyde allelik varyasyon gösterdiğinin bulunması hayvan ıslahında ve tıp alanında kalıtım hastalıklarına neden olan genlerin bulunması alanında yeni çığır açmıştır (Neitzel, 1989).

Popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik benzerlik ve farklılıkların belirlenmesinde kullanılan önemli araçlardan bir tanesi genetik belirteçlerdir. Salmonid popülasyonlarının genetik karakterizasyonunda yaygın olarak kullanılan iki genetik belirteçlerinden biri olan allozimler, kodominant kalıtım göstermeleri, lokusa özgü direkt gen ürünleri olmaları gibi avantajlara sahiptirler (Thelen ve Allendorf, 2001). Fakat allozimlerin spesifik dokularda ve belli gelişim evrelerinde gözlenmeleri, sayılarının az olması ve tüm genomu tarama özelliklerinin bulunmaması, popülasyonların genetik çeşitliliğini belirlemede DNA belirteçlerinin tercih edilmesine sebep olmaktadır (Tautz,

1989). Birçok türde olduğu gibi salmonidlerde de, genetik benzerlik ve farklılıkların belirlenmesinde, genetik bağlantı çalışmalarında sıkça tercih edilen DNA belirteci mikrosatellitlerdir (Tautz, 1989; Zane vd., 2002). Mikrosatellitler genom içerisinde mono, di, tri ya da tetra nükleotid permutasyonların herhangi biri şeklinde ardışık olarak tekrarlanan kısa DNA sekanslarıdır (Ellegren, 1993). Mikrosatellitler allozimler gibi kodominant kalıtım gösterirler. Bunun yanında, genom boyunca yaygın dağılım göstermeleri, lokusa özgü olmaları, heterozigotluk oranlarının ve polimorfizm düzeylerinin yüksek olması nedeniyle popülasyonların genetik çeşitliliği hakkında daha detaylı bilgiler sağlayabilmektedirler (Wolfus vd., 1997; Liu ve Cordes, 2004). Ayrıca, popülasyon içinde dahi 2-6 bazlık küçük farklılıklar göstermeleri mikrosatellitleri ıslah çalışmalarında ebeveyn tayini için ideal belirteçler konumuna koymaktadır (Ellegren vd., 1997, Fishback vd., 2000).

Su ürünlerinde genetik kaynakların kontrol altında tutulması ve korunması için uygun genetik belirteçlerin kullanımı büyük bir öneme sahiptir (Nelson ve Soule, 1987). Mikrosatellitler, ileri derecede polimorfik DNA belirteçler olup popülasyon yapılarının araştırılmasında en çok kullanılan genetik belirteçlerden birisidir ve gün geçtikçe önemi artmaktadır (Beuzen vd., 2000). Genom içerisinde kodlayıcı ve düzenleyici fonksiyonlarının olduğu düşünülmektedir (Goldstein ve Schlötter, 1998). Hayvan yetiştiriciliğinde, ekonomik özellikleri kontrol eden genlerin haritalanmasında kullanılabilecek etkili bir belirteçtir (Beuzen vd., 2000). Ayrıca hayvanın genetik yapısı daha yaşamının başında analize hazır olduğundan bu yöntemin çok erken yaşta (yaşa bağlı olmaksızın) uygulanabilmesini olası kılmaktadır (Ün vd., 2000).

Modern biyoteknoloji çalışmaları 1973 yılında Cohen vd.'leri tarafından (Diaz ve Neira, 2005), su ürünleri yetiştiriciliğinde ise, 1980'li yılların ortasında, sentetik büyüme hormonları kullanılması ile başlamıştır (Şahin, 2003). Biyoteknolojik kullanımının yaygın şekli, hibridizasyon, tekcins ve steril (triploid) balık üretmede kullanılan genetik manipulasyonlardır (Özden vd., 2003).

## **1.2. Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis* Mitchill, 1814)**

Acı ve tuzlu sularda yaşayabilen, demersal, anadrom bir tür olan Kaynak alabalığı Kuzey Amerika kökenli tipik bir Salmonidae türü olup 1814 yılında Mitchill tarafından *Salvelinus fontinalis* ismi verilmiştir. Mitchill ve diğer araştırmacıların verdikleri farklı

diğer sinonim isimler ise rağbet görmemişlerdir (Froese ve Pauly, 2013 ). Günümüzde bilimsel sınıflandırması aşağıda verildiğı gibidir.

Regnum	: Animalia
Phylum	: Chordata
Subphylum	: Vertebrata
Superclass	: Osteichthyes
Class	: Actinopterygii
Subclass	: Neopterygii
Infraclass	: Teleostei
Superorder	: Protacanthopterygii
Order	: Salmoniformes
Family	: Salmonidae
Genus	: Salvelinus
Species	: <i>Salvelinus fontinalis</i> Mitchill, 1814

Bu türün, sırtı; koyu zeytin rengi üzerinde açık renkli hareler, yanları; daha açık renkte ve sarı-kırmızı karını; beyaz, sarı-kırmızı, kuyruk yüzgecinde birkaç enine koyu şerit, göğüs, karın ve anal yüzgeçlerin ön kenarları siyah ve beyaz bantlarla çevrilidir (Şekil 1). Ağız çok geniş ve çeneleri diğer alabalık türlerine rağmen daha uzundur (Okumuş vd., 1999).



Şekil 1. Kaynak alabalığı (*Salvelinus fontinalis*)(Fishbase)



Doğal olarak Kuzey Amerika (Kanada, Güney Atlantik, Büyük Göller, Mississippi Nehri Havzası) ve Güney Amerika (Arjantin)'nın soğuk ve hızlı akan suların kaynak kısımları anavatanı kabul edilir (Şekil 2) (Froese ve Pauly,1999). 19. Yüzyılın sonlarında, bu tür Avrupa'ya getirilmiş ve bugün hemen hemen her ülkede kültür stokları ve yüksek kesimlerdeki göl ve akarsularda doğal stokları mevcuttur (Çelikkale,1994).



Şekil 2. *Salvelinus fontinalis*' in doğal yayılımı. (Fishbase)

*Salvelinus fontinalis* 1970'li yıllarda yurdumuza getirilmiştir (Tekelioğlu, 2005). Doğu Karadeniz bölgesinde gökkuşağı alabalığı çiftliklerinde ikinci tür olarak yetiştirilmeye başlanmıştır (Başçınar vd., 2003). Kaynak alabalığı, su kalitesindeki değişimlere (kirlilik gibi), hastalıklara ve yüksek su sıcaklığına karşı daha hassas olmaları ve karnivorluğunun yüksekliğinden dolayı gökkuşağı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*) gibi yaygınlaşmamıştır (Okumuş vd., 1999; Tekelioğlu, 2005).

Kaynak alabalıkları, gökkuşağı alabalıkları ile hemen hemen aynı yaşlarda (erkekleri 2, dişileri 3 yaşında) cinsi olgunluğa ulaşırlar; fakat gökkuşağı alabalığından biraz daha erken yumurtlarlar. Dişileri 1kg canlı ağırlığa yaklaşık 2000 yumurta verirler. Kuluçka periyodu 440 gün-derece civarında olup tercih edilen kuluçka suyu sıcaklığı ise 4-12°C'dir (Shepherd ve Bromage, 1988). Rapor edilen maksimum boy 86 cm (standart boy) (Skelton, 1993) ve ağırlık 9.4 kg (IGFA, 1991)'dir. Avrupa ülkelerinde ise 30-50cm. boya ve 1-3kg. ağırlığa ulaştıkları bilinmektedir (Okumuş vd., 1998).

*Salvelinus fontinalis* hem doğal balıkları hem de göl ve akarsuların ekolojisini tehdit ettiği için işgalci bir türdür. Rekabet, predasyon ve hibridizasyon (*Salmo trutta*, *Salvelinus malma*, *Salvelinus namaycush* ile) etkisi, popülasyonların tehlike sınırına kadar azalmasına sebep olabilmektedir. *Salvelinus fontinalis*, endemik türlerin tekrar kendini toparlaması için aşılandığı birçok habitattan uzaklaştırılmıştır (GISD, 2010).

### 1.3. Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811)

Modern isimlendirme sisteminin başlangıcı sayılan 18. yüzyılın ortalarından beri, kahverengi alabalığın farklı formları için, 57 ayrı tür ismi ileri sürülmüştür. Bu biçimde adlandırılmasına rağmen bu balığın büyük miktarda morfolojik ve ekolojik farklılıklardan kaynaklanan yaşam şekillerine sahip olması, günümüze kadar birçok bilim adamı tarafından, çok değişik isim altında karakterize edilmesine neden olmuştur (Ferguson, 2004; Bernatchez, 2001). Kahverengi alabalık yaşam biçimlerine göre; bazı araştırmacılar tarafından alt türler bildirilmiştir (Bagliniere ve Maisse, 1991; Giuffra vd., 1996; Geldiay ve Balık, 1996). Bu alt türlerden deniz formu olan Karadeniz alabalığının (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811) sistematikteki yeri aşağıda verilmiştir.

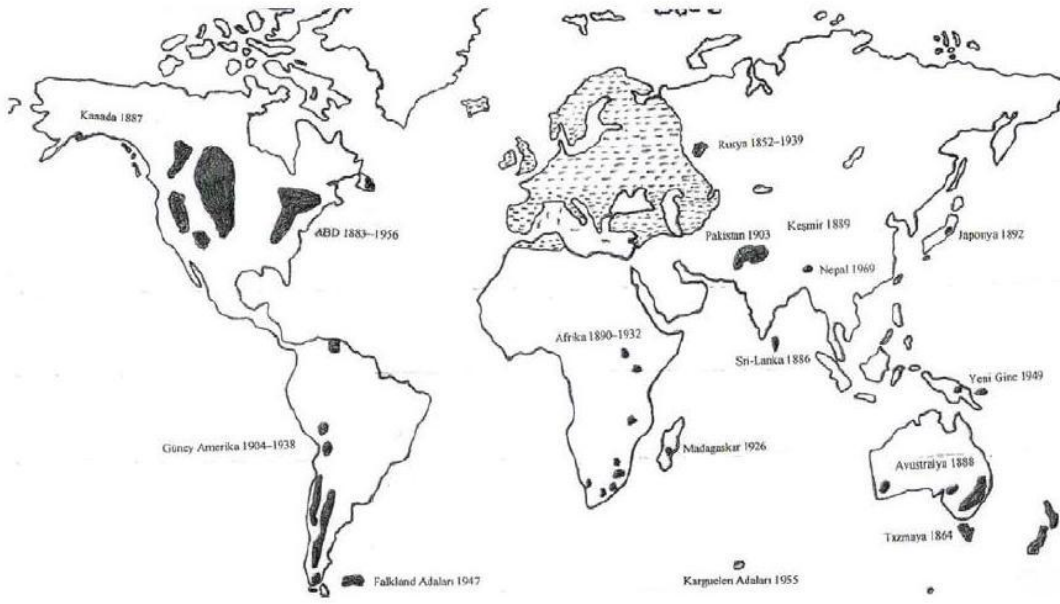
Regnum	: Animalia
Phylum	: Chordata
Subphylum	: Vertebrata
Superclass	: Osteichthyes
Class	: Actinopterygii
Subclass	: Neopterygii
Infraclass	: Teleostei
Superorder	: Protacanthopterygii
Order	: Salmoniformes
Family	: Salmonidae
Genus	: Salmo
Species	: <i>Salmo trutta</i> Linnaeus, 1758
Subspecies	: <i>Salmo trutta labrax</i> Pallas, 1811

Karadeniz alabalığının anatomik vücut yapıları mekik şeklinde olup yanlardan hafifçe yassılaştırmıştır. Solungaç kapağı üzerinde belirgin bir siyah lekenin bulunması, vücutları üzerinde düzensiz siyah beneklerin bulunuşu ve kırmızı beneklerin etrafında belirgin beyaz halkaların olmasıyla diğer alt türlerden ayırt edilebilir (Şekil 3) (Demirsoy, 1988).



Şekil 3. Karadeniz Alabalığının (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811). (Kocabaş, 2009)

Kahverengi alabalıklar (*Salmo trutta*), Avrupa kıtasının tamamında birçok farklı formda yaygın olarak mevcuttur. Doğal olarak çok farklı ve benzer olmayan formları Avrupa, Orta Asya, Batı Asya ve Kuzey Afrika'nın bir kısmında gözlenir. Batıdan doğuya İzlanda'dan Afganistan'daki Aral Denizi'ne dökülen sulara kadar çok geniş bir alana yayılır (Skaala ve Jørstad, 1987; Pakkasmaa vd., 1998). Britanya adalarının güneyinde ve Fransa'nın merkezinde göçmen olmayan ve karada izole olmuş populasyonlar bulunmaktadır. Anadrom olan deniz alabalıklarının dağılımı yerleşik olan formlara göre daha sınırlıdır. Anadrom deniz alabalığı stokları en kuzey ve batıda İzlanda, Beyaz Deniz ve Atlantik sahili boyunca, Baltık ve kuzey sularında, doğu ve güneyde ise; Hazar Denizi ve Karadeniz civarında da bulunmaktadır (Şekil 4) (Baglinière, 1999).



Şekil 4. Dünya’da kahverengi alabalığının dağılımı (kesik çizgili alanlar doğal yayılım alanları; siyah taralı alanlar sonradan aşıl原因 alanlardır). (Baglinière, 1999)

Hayatlarının büyük bir kısmını (özellikle beslenme periyodunu) denizlerde geçirirler. Burada büyür ve gelişirler. Üreme dönemlerinde tatlı sulara göç ederler. Karadeniz’de boyları 100 cm’e ve ağırlıkları 26 kg’a kadar ulaşabilir. Karakteristik özellikleri ebeveynlerinin yumurta bıraktıkları sulara dönmeleridir. Üreme özelliklerinden dolayı bu ekotipler deniz ve tatlı su arasında göç ederler. Bundan dolayı bunlara deniz ekotipi (natio marina) denilmiştir (Geldiay ve Balık, 1996). Bu özellikleri ile stoklar birbirinden ayrılabilir ve sezonsal üreme farklılıkları gösterebilirler. Kış aylarında Karadeniz’e akan tatlı sulara girerek akarsuyun yukarı kısımlarında yumurtalarını kumlara ya da çakıllar arasında açtıkları yuvalara bırakırlar. Yumurtadan çıkan yavruları bir yıl kadar tatlı suda kalırlar daha sonra denizlere göçerler. Yaşam biçimleri ile Pasifik salmonlarına benzeseler de üreme özellikleri ile onlardan farklılık gösterirler. Pasifik somonları ebeveynleri yumurtalarını döktükten sonra ölmekteyken Kahverengi alabalıkları yumurtalarını döktükten sonra tekrar denizlere dönmektedirler. Erkekleri 2-3, dişileri 3-4 yaşlarında cinsi olgunluğa ulaşırlar. Eylül sonlarında akarsulara girerler ve buralarda Ocak ayının başına kadar yumurtalarını dökerler (Tabak vd., 2001).

#### 1.4. Balıklarda Hibridizasyon

Hibridizasyon, farklı cins ve türlerin eşleştirilmesi ile yeni bireyler elde edilmesidir(Bartley vd., 2001). Hibridizasyon yaygın şekilde balıklarda meydana gelir (Hubbs, 1955; Schwartz, 1972; Schwartz, 1981) ve balıklarda diğer omurgalı gruplardan daha yaygın şekilde gözlemlenir (Campton, 1987; Allendorf ve Waples, 1996). Hibridizasyon, doğal veya antropojenik kaynaklı olabilir. Hibridizasyon olaylarının yarısında doğrudan veya dolaylı antropojenik etkilerden bahsedilebilir (Scribner vd.,2001).

Hibridizasyon, büyüme oranını artırmak, cinsiyet oranını değiştirmek, steril (kısır) bireyler üretmek, et kalitesini geliştirmek, hastalıklara direnci artırmak, çevresel toleransı geliştirmek ve balıkların kârlılığını daha da artırmak için çok sayıda balık türünde kullanılmıştır veyaygın olarak yavrular, ebeveynlerine göre daha iyi karakterler göstermektedir (Bartley vd., 2001).

Dünya’da birçok tatlı su balığı ve deniz balığında ebeveynlerine göre daha iyi özellikler sergilemesi içinhibridizasyonçalışmaları yapılmıştır. Hibridizasyon üzerine ilk yapılan çalışmalar çoğunlukla Salmonidler üzerinedir (Bartley vd., 2001). Alabalıklarda uygulanan hibridizasyonlar aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo1 ).

Tablo 1. Hibrid salmonidler (Bartley vd., 2001).

Türler	Açıklama
<i>Salmo trutta x Salvelinus fontinalis</i>	Yaygın olarak Kaplan alabalığı olarak bilinir ve kısırdirler. Doğal ortamda da gerçekleşebilmektedir. Kuluçkada yaşama oranı düşüktür fakat büyüme oranı iyidir. Et verimi yüksektir. Balıklandırma amaçlı kullanılmaktadır.
<i>Salmo salar x Salmo trutta</i>	Triploid yumurtanın yaşama oranı yüksektir. Kısırdır
<i>Salvelinus namaychus</i> <i>x</i> <i>Salvelinus fontinalis</i>	Yaygın adı Splake. Hızlı büyüebilmektedir. Asidik sulara toleranslıdır.
<i>Oncorhynchus mykiss x Salvelinu ssp</i>	Hastalıklara karşı dirençlidir.
<i>Oncorhynchus mykiss x Salmo trutta</i>	

Başçınar vd., (2010b) *Salmo trutta x Salvelinus fontinalis* hibridizasyonu ile elde ettiği Kaplan alabalığı çalışmaları sonucunda hibrid yumurtaların yaşama oranının düşük olduğu, yumurtadan çıkış süresinin kaynak alabalığı ile benzer olduğu tespit etmişlerdir. Yine, Başçınar vd., (2010a) hibrid Kaplan alabalığının net et veriminin kaynak alabalığına oranla yüksek olduğu belirlemişlerdir.

Hibritler morfolojik, sitolojik, biyokimyasal yöntemler vasıtasıyla ve DNA analizi ile teyit edilebilir. Fakat morfolojik karakterler ile hibritlerin ebeveynlerinden ayrımı zor olabilir (Saber vd., 2011). Atlantik somonu (*Salmo salar*) ve kahverengi alabalığın (*Salmo trutta*) hibritlerinin teşhisi özellikle juvenil aşamada problemlidir (L'Abée-Lund, 1988). Ayrıca diğer salmonid türlerinde de bu durum geçerlidir (Youngstonvd., 1992; Beallvd., 1997). Bu durumlarda sadece biyokimyasal genetik belirteçler (Vuorinen ve Piironen, 1984) ya da DNA analizleri (Grossetvd., 1996; Elovd., 1997) hibrid teşhisi için uygundur (Saber vd., 2011). Sonuç olarak, Allozimler, RAPD ve RFLP gibi moleküler belirteçler ile karşılaştırıldığında mikrosatellit belirteçleri kodominanttır; populasyon içi ve arası

farklılıkların tanımlanması ve popülasyon analizi için daha fazla bilgi içerir (Yan vd., 2005) ve bu yüzden daha kullanışlıdır.

### 1.5. Önceki Çalışmalar

Herbinger vd., (1995), bir işletmedeki Gökkuşığı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*) popülasyonunda DNA parmak izi analizi ve mikrosatellit metodları ile seleksiyon çalışması yapmışlardır. Mikrosatellit belirteçlerden elde edilen genetik profil verilerine dayanarak balıkların ebeveynlerinin akrabalık derecelerinin verim üzerine olan etkisini incelemiştir. 10 erkek ve dişi balık ile çaprazlama yapmışlardır. Akrabalık derecesi en yüksek ve düşük olan balıklara ait yavruların bir yıl boyunca yetiştiriciliği yapılarak takip edilmiştir. Çalışma sonunda akrabalık derecesi az olan balıkların çaprazlanmasından elde edilen bireylere göre yakın akraba çaprazlamalarından gelen bireylerin verim dereceleri, hayatta kalma ve büyüme oranları yönünden daha düşük özelliklere sahip olduğu tespit edilmiştir.

Estoup vd., (1998), 8 Kalkan Balığı (*Scophthalmus maxim*) ve Gökkuşığı Alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*) balık çiftliği popülasyonlarından ebeveyn tayini için seçilmişlerdir. Allellerin sayısı, gen çeşitliliği, polimorfizm bilgi içeriği ve bu bölgelerin eksizyonlarının olasılıkları sırasıyla; Kalkan Balığında 8, 0.76, 0.73 ve 0.55 Gökkuşığı Alabalığında 4, 0.65, 0.59 ve 0.39 olarak bulunmuştur. Ebeveyn tayininde mikrosatellit belirteçlerin gücü, onun allel frekansları tarafından ve üç farklı çiftleşme programları varsayarak belirlenen babaların bir popülasyondaki ve eşsiz kararlarının (fgu) sıklığını hesaplayarak değerlendirilmişlerdir. 8 Kalkan Balığı mikrosatellit bölgesi, 8 Gökkuşığı Alabalığı bölgesinden daha fazla eşleşme şemaları vermiştir (bir fgu ile en büyük çiftleşme yapısı; 0.95). 520 erkek (E) 1 dişi (D) ile çiftleştirilmişlerdir. Bölgenin sayısı ile fgu değerlerinin varyasyonu Kalkan balığı mikrosatellit seti ebeveyn tayini için Gökkuşığı Alabalıklarından daha etkili olduğunu doğrulamışlardır.

Norris vd., (2000), hem ebeveyn hem de akrabalık ilişkisinin fiziksel etiketler ve/veya soyağacı bilgi yokluğunda karışık Atlantik salmonu kültür stoğunun nasıl belirlenebileceğini gösteren bir çalışma yapmışlardır. Doğru ebeveyn çiftini belirlenmesi hassasiyeti sadece mikrosatellit belirteçlerin değişkenliği ve sayısı ile değil, aynı zamanda seçilmek için hangi potansiyel çiftleşmelerin sayısı yani, üreme programında ne kadar çok

aile varsa onları aralarında ayırmak için o kadar fazla mikrosatellit markılar gerekmektedir. 8 son derece değişken belirteç kullanımı, olası ebeveyn çift sayısı 12,000'den fazla olduğu zaman bile, bir bireyin değerlendirilmesinde % 95' den daha fazla doğru ebeveynlerin tayini ile sonuçlanmıştır. Bu, aynı mikrosatellit lokus hiçbir soyağacı bilgisi bilinmeyen bir durumda ilgili ve ilgisiz bireyler arasında ayırım yapılabilmesini göstermektedir. Bu sonuçlara dayanarak mikrosatellit belirteçlerin birçoğunun kullanımı bir aile seçim programında fiziksel etiketleme için gerçekçi ve uygun maliyetli bir alternatifi temsil ettiği sonucuna varılmıştır.

Atabeyoğlu (2007), Doğu Anadolu Bölgesi sınırları içerisinde bulunan Aras, Karasu ve Çoruh havzalarındaki 5 istasyondan yakaladığı Anadolu Alası veya Dağ Alası (*Salmo trutta magro stigma*), Anadolu Alası veya Dağ Alası (*Salmo trutta magro stigma*), Kafkas Alası veya Aras Alabalığı (*Salmo trutta caspius*), Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax*), Göl alabalığı (*Salmo trutta lacustris*) türlerinin mtDNA D-loop F1 ile 12S1-H bölgesi arasındaki genetik farklılığın PCR-RFLP ve mikrosatellit yöntemleriyle belirlenmesi amacıyla bir çalışma yapılmıştır. Mitokondriyal DNA'daki genetik farklılıkları bulmak amacıyla mtDNA'nın D-Loop F1 ile 12S1-H bölgesinde 500-750 bp'lik kısmı artırılarak edilerek Hsp92II, RsaI, DdeI, MboI ve Hinfliretriksiyon enzimleri ile kesilmiştir. Nükleer DNA'daki genetik farklılıkları bulmak amacıyla da, DNA'nın yaklaşık 400-500 bp'lik kısmı artırılmıştır. Ardından, *Salmo trutta magro stigma* (Karasu ve Hınıs), *Salmo trutta caspius* (Aras), *Salmo trutta labrax* (Çoruh) ve *Salmo trutta lacustris* (Aras)'in mtDNA D-Loop F1 ile 12S1-H bölgesinin aynı baz dizilişine sahip oldukları, nükdNA'larında ise temelde aynı baz dizilişlerine sahip olsalar da birbirlerinden farklı bazı tekraralama bölgelerine sahip oldukları belirlenmiştir. *Salmo trutta magro stigma*, *Salmo trutta caspius*, *Salmo trutta labrax* ve *Salmo trutta lacustris* alt türlerine ait 5 örnekte nükdNA'larında ana bandın aynı olduğu farklı tekraralama bölgeleri bulunmuştur.

Kayhan (2007), Ataköy Baraj Gölü'nde yaşayan alabalık populasyonunun genetik açıdan değerlendirebilmek amacıyla Tokat ili Almus ilçesinde bulunan Almus barajına ait Ataköy Baraj Gölü'nden 20 adet balık örneği kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslar Str15INRA, Str60INRA, Str73INRA, Ssa85, Ssa197, SsoSL417, Str79INRA ve OmyFgt1TUF'dır. Her bir lokusta bulunan bantların jel üzerinde gözlemlendiği yerler ve mesafeler dikkate alınmıştır. Ssa197 primerinde altı allel ve altı heterozigot birey bulunmuştur. Bant büyüklüğü örnekler arasında 116-165 baz arasında değişmektedir.



OmyFg1TUF primerinde dört allel ve 12 heterozigot birey, (140–190 bp). Ssa85 primerinde üç allel ve dört heterozigot tespit edilmiş (190–325 bp), Str15 primerinde üç allel ve üç heterozigot birey bulunmuştur (159–177 bp). Diğer primerlerde tek allel bulunmuştur. Bu analizler ile doğal kahverengi alabalık popülasyonu içinde polimorfizm saptanmıştır. Bu veriler doğrultusunda, alabalık popülasyonunda genetik benzerlik ve farklılığın belirlenmesinde SSR lokuslarının kullanılmasının oldukça yararlı ve kullanışlı olduğu tespit edilmiştir.

İleride başlatılacak bölgesel ve/veya ulusal ıslah çalışmaları için ülkemiz koşullarına adapte olmuş gökkuşacağı alabalığı popülasyonlarının mevcut genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla, az sayıda lokus içermekle birlikte, ülkemizde üretilen bu türe ait popülasyonların geniş bir kapsamda değerlendirilmesine olanak sağlayan ilk çalışmayı yapan Ağdamar (2010), bu çalışmada; ülkemizin gökkuşacağı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, (1792) yetiştiriciliğinde önemli bir geçmişe sahip 20 farklı işletmeden örneklenen balıkların genetik özellikleri 3 mikrosatellit lokusunda incelemiştir. Her 3 lokusun da 20 popülasyonun tümünde polimorfik olduğu görülmüştür. Genetik mesafe değerleri 20 popülasyondan 16'sının iki büyük grupta toplandığını göstermiştir. Bu çalışma ile ülkemiz gökkuşacağı alabalığı kültür popülasyonlarında gözlenen allel çeşitliliğinin diğer çalışmalara oranla yüksek olduğu, fakat gözlenen heterozigotluk oranının düşük ve homozigot birey sayısının ve kendileşmenin fazla olduğu vurgulanmıştır. Bu durum, Türkiye'de üretilen gökkuşacağı alabalığı popülasyonlarının başlatılacak olası ıslah çalışmalarında kullanılabilecek genetik alt yapıya sahip olduğunu belirlemiştir.

Dubut vd., (2010), Sazanlar Avrupa tatlı su ve kemikli balıklar arasında en bol ve yaygın görülen türlerdir ve oldukça yaygın olarak hibridleştirildikleri bilinmektedir. Bununla birlikte, farklılıklarını karşılaştırmak, evrimsel ve hibridizasyon dinamiği çalışmaları yürütmek için bugüne kadar sınırlı sayıda belirteçlere ulaşılabilmektedir. 5 multipleks PCR seti 15 Avrupa sazan türlerinden 503 birey (440 safkan örnek ve 63 melez) için 41 sazana özel polimorfik mikrosatellit lokus (*Chondrostoma nasus nasus*, *Chondrostoma toxostoma toxostoma* ve *Leuciscus leuciscus*'den izole edilmiş 10 yeni lokus dahil) testi için optimize edilmiştir. Genetik çeşitliliğin seviyesi *Alburnus alburnus*, *Alburnoides bipunctatus*, *C. genei*, *C. n. nasus*, *C. soetta*, *C. t. toxostoma*, *L. idus*, *L. leuciscus*, *Pachychilon pictum*, *Rutilus rutilus*, *Squalius cephalus* ve *Teleostei*'de değerlendirilmiştir. Belirteçlerin uygulanabilirliği *Abramis brama*, *Blicca bjoerknaev* e

*Scardinius erythrophthalmus* türlerinde de test edilmiştir. Genel olarak, bu belirteçlerin 24 ve 37 arasında incelenen türler ve 15 Avrupa sazan türünün tümü ve güçlendirilmiş 23 belirteç için polimorfizm saptanmıştır. Geliştirilen belirteç seti ayrı Avrupa sazan türlerinde performansını göstermiştir. Ayrıca, hibrid bireylerin tespit edilmesi ve özelliklerinin belirlenmesine olanak vermiştir.

Saber vd., (2011), erkek ot sazanı (*Ctenopharyngodon idella*) ve dişi Hazar Kutum (*Rutilus frisii kutum*)'u çaprazlayarak hibridleri üretmişlerdir. 8 larva ve ebeveynlerinin genomları, genetik değerlendirme ve doğrulama için mikrosatellit bölgeler kullanarak çalışmışlardır. Ebeveyn ve yavrulardan DNA eldesinden sonra, iki lokusun hibrid kalıtımını 2 mikrosatellit primer çifti kullanılarak değerlendirmişlerdir. Hibridize yavrular baba genomunun kalıtımı olmadan, annelerine benzer bantlaşma şekli gösterdiği görülmüştür.

Palermo vd., (2012), 6 mikrosatellit DNA lokusu kullanarak Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis*) ve Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta*) popülasyonlarını değerlendirmek ve DNA Kahverengi Alabalık x Kaynak Alabalığı arasında hibridizasyon sonucu kaplan alabalığı (*Salmo trutta* x *Salvelinus fontinalis*) meydana gelip gelmediğini belirlemek amacıyla Champlain Gölü Havzası'nda ve de çeşitli bölgelerde yakaladıkları balıkların kuyruk ve adipoz yüzgeçlerinden doku örnekleri almışlardır. Çalışmanın sonunda farklı bölgelerdeki alabalık popülasyonlarında genetik farklılıkların olduğunu tespit etmişlerdir.

Firidin vd., (2013), Kahverengi Alabalıklar da bulunan 5 soy grubundan Türkiye'de bulunan 2 soy grubu çoklu PZR yöntemi ile belirlemişlerdir. Yapmış oldukları bu çalışmada, Fırat Nehri, Uzun Göl, Seyhan Nehri, Ceyhan Nehri, Aras Nehri kollarından ve bir yetiştiricilik tesisinden (Trabzon) örneklemeler yapmışlardır. Mitokondriyal DNA'nın tRNA<sup>pro</sup>-Dloop bölgesini Kahverengi Alabalıkların 5 soy grubuna ait olan spesifik primer setleri yardımıyla çoğaltmışlardır. Elde edilen jel görüntülerinden Tuna soy grubu için 410 bp ve Adriyatik soy grubu için ise 150 bp'lik ürün boyu belirlemişlerdir.

Ross vd., (2004), Hibrit Çizgili Levrek' te (*Morone saxatilis* ♂ × *Morone chrysops* ♀) mikrosatellit belirteç ile ebeveyn tayini için Hibrit Çizgili Levrek DNA' sının gen kütüphanesinden 9 polimorfik mikrosatellitin geliştirilmesini çalışmıştır. Mikrosatellit gibi moleküler belirteçler, anaç özelliklerinin geliştirilmesi, üretim özelliklerinde kalıtım tahmini ve belirteç destekli seleksiyon yoluyla seçici üretim için kullanışlı araçlar olacağını

tespit etmiştir. Sonuç olarak, 9 polimorfik mikrosatellit, 6 dinükleotit ve 3 kompleks tekrarlı motifler içerdiğini görmüştür. Her bir türün 10 bireyinden oluşan örnekleri arasından seçilen allellerinin sayısının oldukça düşük olduğunu saptamıştır. Ayrıca bütün PZR primer çiftlerinde deniz levreğindeki (*Dicentrarchus labrax*) ürünleri çoğalttığı tespit edilmiştir.

## 2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

### 2.1. Materyal

Çalışma, Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü Moleküler Genetik Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

Araştırmada kullanılan balık materyalleri Karadeniz Teknik Üniversitesi Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Bölümü, Prof. Dr. İbrahim Okumuş Araştırma ve Uygulama Birimi'nden temin edilmiştir. Araştırmada, Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis*), Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax*) ve bu iki türün hibriti olan (*S. trutta labrax* ♀ × *S. fontinalis* ♂) Kaplan Alabalığı'nın larvası kullanılmıştır (Tablo 2).

Anaç Kaynak ve Karadeniz Alabalıklarının kuyruk yüzgeçlerinden yaklaşık 1-1,5 cm doku örneği alınarak alkol içinde muhafaza edilmiştir. Ardından Kasım 2012'de bu 2 tür arasında yapılan sağım sonucu oluşan larvalar örneklenerek aynı şekilde %98 etanol içeren ependorf tüplere konularak DNA eldesi yapılabilece kadar -20 °C'de muhafaza edilmiştir.

Tablo 2. Kullanılan anaç grupları ve yavru sayıları

Sıra No	Anaçlar	Yavru Sayıları
1	DD1×DE1	21
2	DD1×KE1	17
3	DD2×DE3	6
4	DD2×KE3	9
5	DD3×DE4	13
6	DD3×KE4	20
<b>Toplam</b>		<b>86</b>
<b>DD:</b> Karadeniz Alabalığı ( <i>Salmo trutta labrax</i> ) Dişi		
<b>DE:</b> Karadeniz Alabalığı ( <i>Salmo trutta labrax</i> ) Erkek		
<b>KE:</b> Kaynak Alabalığı ( <i>Salvelinus fontinalis</i> ) Erkek		
<i>Salmo trutta labrax</i> ♀ × <i>Salvelinus fontinalis</i> ♂: Hibrit Alabalık		

KE3 bireyinde doku olmadığı için yerine, KE4 bireyinin verileri kullanıldı.

## **2.2. Metod**

Karadeniz Alabalığı, Kaynak Alabalığı ve Kaplan Alabalığı için 13 adet mikrosatellit lokus PZR yardımı ile çoğaltılarak fragment analizleri yapılmıştır.

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

DNA eldesi için yaklaşık olarak 2 mm büyüklüğünde ki 15–20 mg doku örneği, küçük parçalara bölünmüş ve 1,2 ml'lik DNA ekstraksiyon tüpe aktarmadan önce 1–2 dakika bekletilerek dokulardan etanolün uçması sağlanmıştır. Daha sonra QIAGEN firmasının QIAcube DNA izolasyon cihazının protokolü uygulanmıştır. 180 ml ATL, 20 ml Proteinaz K, 4 ml RNase' den oluşan bir solüsyon hazırlanmıştır. Ardından hazırlanan solüsyon örnekler aktarılmış ve sarsaklı inkübatörde 55 °C' de 16 saat inkübe edilmiştir. Tüpler inkübatörden çıkarılarak DNA izolasyon cihazına konulmuştur. Cihaza Buffer AL, 96- 100% ethanol, Buffer AW1, Buffer AW2, Buffer AE konulmuştur. Yaklaşık 45 dk sonra izole DNA alınarak ve %1'lik agaroz jelde kontrol edilmiştir. Bazı DNA örneklerinin konsantrasyonu ve saflığının tahmini UV/visible spektrofotometre (BIO-RAD, The SmartSpec Plus) kullanılarak, 260 ve 280 nm dalga boyunda optik yoğunluğunun okunmasıyla yapılmıştır. Toplam 94 örnekten DNA eldesi gerçekleştirilmiştir.

### **2.2.2. Mikrosatellite Lokuslar**

Mikrosatellit bölgelerin yükseltgenmesi için daha önceden belirlenen 13 primer denenmiştir. Mikrosatellit lokusların PZR optimizasyonunda sıcaklık ve başarılı yükseltgenen lokuslar tek tek 3 primer grup için önceden belirlenmiştir. (52-60-56 °C) Kullanılan primer ile ilgili bilgiler Tablo 3 'te verilmiştir.

Tablo 3. Kullanılan primer ile ilgili bilgiler

No	Lokus Adları	Primer sekansları ('5-3')	Gruplar	Floresant Boya	Tm (°C)	Allel Boyu	
1	BS131-F	CAC ATC ATG TTA CTG CTC C	1	<i>FAM</i>	52	140	180
2	T3-13-F	CCA GTT AGG GTT CAT TGT CC		<i>VIC</i>	55	100	200
3	Ssa85-F	AGG TGG GTC CTC CAA GCT AC		<i>PET</i>	55	172	320
4	Str85INRA-F	GGA AGG AAG GGA GAA AGG T		<i>NED</i>	52	200	300
5	SsoSL438-F	GAC AAC ACA CAA CCA AGG CAC	2	<i>FAM</i>	60	170	240
6	SSsp2201-F	TTT AGA TGG TGG GAT ACT GGG AGG C		<i>FAM</i>	60	90	130
7	Omy7-F	CAA GGA ATG GCA CAG CTT G		<i>VIC</i>	60	80	120
8	Strutta12-F	AAT CTC AAA TCG ATC AGA AG		<i>PET</i>	60	100	170
9	Ssa410Uos-F	GGA AAA TAA TCA ATG CTG CTG GTT	3	<i>FAM</i>	55	140	200
10	Str543INRA-F	ATT CTT CGG CTT TCT CTT GC		<i>FAM</i>	55	100	120
11	Str73INRA-F	CCT GGA GAT CCT CCA GCA GGA		<i>FAM</i>	56	250	380
12	Strutta58-F	AAC AAT GAC TTT CTC TGA C		<i>NED</i>	56	120	220
13	Str60INRA-F	CGG TGT GCT TGT CAG GTT TC		<i>PET</i>	60	140	170

### 2.2.3.Çoklu PZR Gruplarının Oluşturulması

Önceden belirlenmiş uygun koşullardan yola çıkılarak gruplar oluşturulması için; aynı sıcaklıkta çalışan fakat farklı uzunlukta ki ürünler ilk etapta belirlenerek aynı floresan boya ile işaretlenmiş, aynı boydaki ürünler ise farklı boyalar ile işaretlenerek aynı anda maksimum miktarda lokusun çalışılması tasarlanmıştır. Bu aşamada “Multiplex Manager v1.2” programından faydalanılmıştır. Çalışmada kullanılacak primerler ve elde edilen gruplara ait özellikler Tablo 3’ te verilmiştir. Oluşturulan anaç ve bazı yavru grupların PZR optimizasyonuna ait jel görüntüleri Argus × 1 V.2 programında görüntülenmiş ve kayıt altına alınmıştır.

### 2.2.4. DNA Amplifikasyonu

Balık örneklerinden elde edilen nükleer DNA'ların spesifik tekrar bölgeleri için başka araştırmacılar tarafından geliştirilen primer setleri kullanılarak Thermal Cycler (Bio-Rad DNA-ENGINE, PTC 200) yardımıyla çoğaltılmıştır. PZR karışımı, forward ve reverse primerler, 2X PZR Master Mix, (QIAGEN) ve ddH<sub>2</sub>O karışımından oluşan kokteyl solüsyon hazırlanmış ve 0,5-1,5 ml'lik PZR tüplerine dağıtılmıştır (Tablo 4). Daha sonra her bir tüpe DNA eklenerek örneklerin iyi karışması için kısa süreli santrifüj edildikten sonra örnekler ısı dengi cihazına konularak amplifikasyon yapılmıştır (Tablo 5).

Tablo 2. 1., 2. ve 3. Grup primer çoklu PZR için karışımın bileşen miktarları

1. Grup	1×	2. Grup	1×	3. Grup	1×
2×Mastermix	10µl	2×Mastermix	10µl	2×Mastermix	10µl
Primer Forward 1	0.5µl	Primer F5	0.9µl	Primer F13	0.5µl
Reverse1	0.5µl	R5	0.9µl	R13	0.5µl
F2	0.9µl	F6	0.5µl	F14	0.5µl
R2	0.9µl	R6	0.5µl	R14t	0.5µl
F3	0.9µl	F7	0.5µl	F15	0.5µl
R3	0.9µl	R7	0.5µl	R15	0.5µl
F4	0.5µl	F8	0.7µl	F16	0.7µl
R4	0.5µl	R8	0.7µl	R16	0.7µl
F11	0.5µl	F9	0.9µl	F17	0.5µl
R11	0.5µl	R9	0.9µl	R17	0.5µl
DNA	1µl	F10	0.5µl	DNA	1µl
Nuclease free water	2.4µl	R10	0.5µl	Nuclease free water	3.6µl
<b>Toplam</b>	<b>20µl</b>	F12	0.5µl	<b>Toplam</b>	<b>20µl</b>
		R12	0.5µl		
		DNA	1		
		<b>Toplam</b>	<b>20µl</b>		

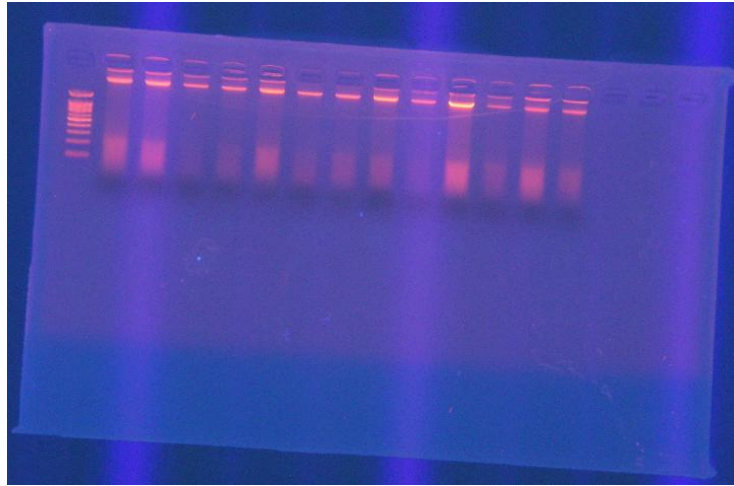
Tablo 3. 1., 2. ve 3. Grup için ayarlanan PZR döngü koşulları

PCR Kondüsyonu	1. 2. ve 3. grup primerler için döngü koşulları		
	Sıcaklık (°C)	Süre	Tekrar Miktarı (Döngü)
Birinci denaturasyon	95	5 dk	1
Denaturasyon	95	30 sn	28
Annealing	*	90 sn	28
Extension	70	30 sn	28
Final extension	60	30 dk	1

\* Annealing sıcaklığı 1. 2. ve 3. grup için sırayla 52°C, 60°C ve 56°C'dir

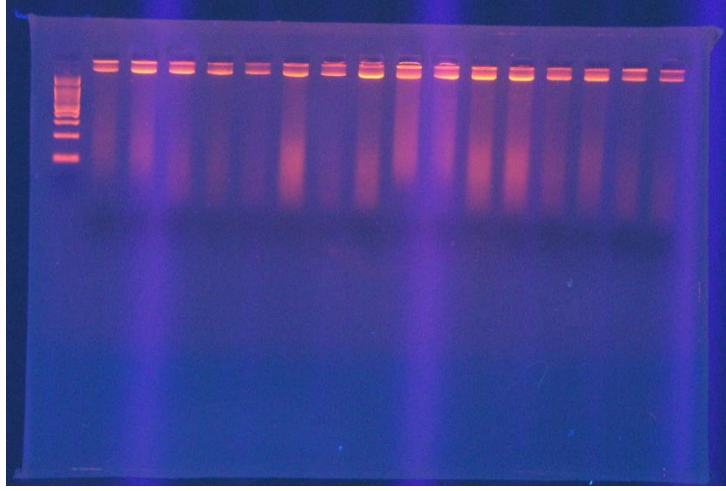
### 2.2.5. Jel Elektroforezi Görüntüleri

PZR yükseltgemesinin sonucu 5µl ürün 1xTBE buffer sistemi ve %1,5'lik agaroz jelde koşturulmuş, ethidium bromitle boyanarak UV görüntüleme sisteminde görüntülenmiş ve kontrol edilmiştir. Moleküler ağırlığa göre boy dağılımı DNA 100 bp belirteç (Bio Basic Inc.) kullanılarak belirlenmiştir. Kontrol sonrası başarılı bulunan PZR ürünleri kullanılmak üzere -20°C'de saklanmıştır. Oluşturulan anaç ve bazı yavru grupların DNA kalibrasyonuna ait jel görüntüleri Şekil 5. ve Şekil 6. 'da görülmektedir. Jel görüntüleri Argus × 1 V.2 programında görüntülenmiş ve kayıt altına alınmıştır.



Şekil 5. Anaç Karadeniz ve Kaynak Alabalığı DNA'sının agaroz jeldeki görüntüsü.





Şekil 6. Bazı yavru alabalık DNA larının agaroz jeldeki görüntüsü.

#### **2.2.6. Verilerin Değerlendirilmesi**

Floresans işaretli primerler ile kullanılarak Thermal Cycler (Bio-Rad DNA-ENGINE, PTC 200) kullanılarak çoğaltılan lokuslar, hizmet alımı (Macrogen Inc., Güney Kore) yolu ile sekans cihazı ABI3370 DNA sekans cihazı (Applied Biosystems) aracılığıyla otomatik ayrıştırıldı. Ayrıştırılan mikrosatellit allellerinin fragment analizi GeneMarker programının V1.95 versiyonu kullanılarak belirlenmiştir.

#### 4.BULGULAR

Çalışmada toplam 8 anaç ile bu anaçların çaprazlanması sonucu elde edilen 86 yavru birey ve toplamda 13 mikrosatellit lokus kullanılmıştır. Çalışılan lokuslarda toplam 71 farklı allel tespit edilmiştir (Tablo 6).

Tablo 6. Anaçlardaki allel sayıları

Mikrosatellit Lokus	DD1	DE1	KE1	DD2	DE3	KE4	DD3	DE4	Allel Sayısı
BS131	142/160	152/156	152/156	160/160	156/160	160/160	160/160	156/156	4
STR58	125/125	125/125	219/271	125/125	125/125	215/215	125/125	125/147	5
SSA410	239/241	239/241	233/241	239/241	241/241	233/241	239/241	239/241	3
STR543	128/178	152/178	128/146	128/134	152/152	128/128	128/134	142/142	6
OMY7	234/238	234/238	242/242	238/238	238/254	-----	238/238	222/278	6
SSA85	116/116	108/108	108/110	108/114	108/114	110/110	114/116	108/108	4
T3-13	177/241	200/215	200/239	177/177	185/200	238/238	198/226	185/200	9
STR60	95/97	95/95	95/95	95/97	95/97	95/95	91/95	97/97	3
SSOSL438	96/100	98/100	88/96	88/106	88/94	88/97	96/100	88/100	7
SSSP2201	242/276	250/270	222/222	230/242	325/325	238/238	230/242	246/276	9
STR73	116/138	124/134	124/134	116/138	190/190	124/134	116/138	138/157	6
STR12	144/148	144/148	144/144	144/148	148/150	144/144	144/148	144/150	3
STR85	147/163	147/167	160/160	160/160	185/185	160/160	158/158	160/160	6
<b>Toplam</b>									<b>71</b>

Ortalama allel sayısı 5,462 olup 13 farklı mikrosatellit lokusuna ait allel sayısının 3 ile 9 arasında değiştiği en yüksek ve en düşük polimorfizm gösteren lokusların sırasıyla, T3-13 (9), SSSP2201 (9) ve SSA410 (3), STR60 (3), STR12 (3) olduğu tespit edilmiştir. Çalışmamızda ise, DD1xDE1 için Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri 0,52-1 (Tablo 7), DD2xDE3 için değer, 0-1 (Tablo 8), DD3xDE4 için değer, 0-1 arasında değişmektedir (Tablo 9). Hibrit grubumuz DD1xKE1 için, 0-1 arasında değişmekte (Tablo 10) ve en yüksek değer STR60 lokusuna aittir. DD2xKE3 grubu için değer, 0-1 arasındadır (Tablo 11) ve en yüksek değer BS131, STR58, SSA410, OMY7, SSA85, STR73, STR12 lokuslarında gözlenmiştir. DD3xKE4 için değerler ise, 0-1 arasındadır (Tablo 13). Değerin en yüksek görüldüğü lokuslar BS131, SSA85 ve STR12' dir.

Tablo 7. DD1xDE1 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri

Mikrosatellit Lokus	Ebeveyn Genotip		Yavru Genotip		Frekans Değeri
	DD1	DE1	Beklenen	Gözlenen	
BS131	AB(142/160)	CD(152/156)	AC:AD:BC:BD	2:2:10:7	1
STR58	AA(125/125)	AA(125/125)	AA	21	1
SSA410	AB(239/241)	AB(239/241)	AA:AB:BB	1:9:11	1
STR543	AB(128/178)	CB(152/178)	AC:AB:BC:BB	5:9:1:1(A0:1)	0,95
OMY7	AB(234/238)	AB(234/238)	AA:AB:BB	0:5:9(CD:6, DD: 1)	0,67
SSA85	AA(116/116)	BB(108/108)	AB	11 (A0:10)	0,52
T3-13	AB(177/241)	CD(200/215)	AC:AD:BC:BD	8:1:5:6	1
STR60	AB(95/97)	AA(95/95)	AA:AB	10:11	1
SSOSL438	AB(96/100)	CB(98/100)	AC:AB:BC:BB	7:4:4:6	1
STR85	AB(147/163)	AC(147/167)	AA:AC:AB:BC	5:3:6:7	1
SSSP2201	AB(242/276)	CD(250/270)	AC:AD:BC:BD	7:5:4:3	1
STR73	AB(116/138)	CD(124/134)	AC:AD:BC:BD	4:8:4:5	1
STR12	AB(144/148)	AB(144/148)	AA:AB:BB	2:15:4	1

Tablo 8. DD2xDE3 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri

Mikrosatellit Lokus	Ebeveyn Genotip		Yavru Genotip		Frekans Değeri
	DD2	DE3	Beklenen	Gözlenen	
BS131	AB(156/160)	AB(156/160)	AA:AB:BB	1:3:2	1
STR58	AA(125/125)	AA(125/125)	AA	5	1
SSA410	AB(239/241)	BB(241/241)	AB:BB	0:6	1
STR543	AB(128/134)	CC(152/152)	AC:BC	0:4(BB:1,DE:1)	0,67
OMY7	AA(238/238)	AB(238/254)	AA:AB	2:4	1
SSA85	AB(108/114)	AB(108/114)	AA:AB:BB	2:4:0	1
T3-13	AA(177/177)	BC(185/200)	AB:AC	1:5	1
STR60	AB(95/97)	AB(95/97)	AA:AB:BB	2:3:1	1
SSOSL438	AB(88/94)	AC(88/106)	AA:AC:AB:BC	0:0:0:6	1
STR85	AA(160/160)	BB(185/185)	AB	0 (BB:3)	0
SSSP2201	AB(230/242)	CC(325/325)	AC:BC	0:0(AA:1, AB:5)	0
STR73	AB(116/138)	CC(190/190)	AC:BC	0:0(BB:2, AA:4)	0
STR12	AB(144/148)	BC(148/150)	AB:AC:BB:BC	1:2:1:2	1

Tablo 9. DD3xDE4 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri

Mikrosatellit Lokus	Ebeveyn Genotip		Yavru Genotip		Frekans Değeri
	DD3	DE4	Beklenen	Gözlenen	
BS131	AB(156/160)	AA(156/156)	AA:AB	1:12	1
STR58	AA(125/125)	AB(125/147)	AA:AB	6:7	1
SSA410	AB(239/241)	AB(239/241)	AA:AB:BB	1:7:5	1
STR543	AB(128/134)	CC(142/142)	AC:BC	5:7:1(A0:1)	0,92
OMY7	AA(238/238)	BC(222/278)	AB:AC	5:6	1
SSA85	AB(114/116)	CC(108/108)	AC: BC	8:0(AA:1, AB:3)	0,67
T3-13	AB(198/226)	CD(185/200)	AC:AD:BC:BD	3:3:5:1	1
STR60	AB(91/95)	CC(97/97)	AC:BC	8:5	1
SSOSL438	AB(96/100)	CB(88/100)	AC:AB:BC:BB	0:6:0:6	1
STR85	AA(158/158)	BB(160/160)	AB	-	0
SSSP2201	AB(230/242)	CD(246/276)	AC:AD:BC:BD	1:4:3:3(AB:1, AA:1)	0,85
STR73	AB(116/138)	BC(138/157)	AB:AC:BB:BC	4:2:4:2(DD:1)	0,92
STR12	AB(144/148)	AC(144/150)	AA:AC:AB:BC	3:4:5:1	1

Tablo 10. DD1xKE1 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri ve gen akış yüzdeleri

Mikrosatellit Lokus	Ebeveyn Genotip		Yavru Genotip			Gen Akışı (%)			
	DD1	KE1	Beklenen	Gözlenen	Frekans Değeri	Anne	Baba	Anne + Baba	Okunmayan /Farklı Allel
BS131	AB(142/160)	CD(152/156)	AC:AD:BC:BD	0:0:0:4(BB:5, DD:5,AA:0)	0, 29	35, 21	29,41	23,53	17,65
STR58	AA(125/125)	BC(219/271)	AB:AC	1:0(AA:4, BB:5, CC:1, BC:2)	0,08	23,53	47,06	5,88	23,53
SSA410	AB(239/241)	CB(233/241)	AC:AB:BC:BB	0:7:0:3(AA:6, CC:1)	0,59	23,53	35,29	41,18	0
STR543	AB(128/178)	AC(128/146)	AA:AC:AB:BC	9:3:0:0(CC:4)	0,75	52,94	23,53	17,65	5,88
OMY7	AB(232/238)	CC(242/242)	AC:BC	3:1(BB:2, AA:5)	0, 36	41,18	0	23,53	35,29
SSA85	AA(116/116)	BC(108/110)	AB:AC	3:0(CC:14)	0,18	0	86,67	13,33	0
T3-13	AA(177/177)	BC(200/239)	AB:AC	1:0(BB:1, CC:9, BC:5,AA:1)	0, 06	5,88	82,55	11,77	0
STR60	AB(95/97)	AA(95/95)	AA:AB	12:5	1	76,47	0	23,53	0
SSOSL438	AB(96/100)	CA(88/96)	AA:AB:BC:AC	0:0:0:0(BB:1)	0	70,59	11,77	17,65	0
SSSP2201	AB(242/276)	CC(222/222)	AC:BC	0:0(AA:3, BB:1, CC:13)	0	23,53	76,47	0	0
STR73	AB(116/138)	CD(124/134)	AC:AD:BC:BD	1:2:0:1(CD:9, DD:4)	0, 23	17,65	76,47	5,88	0
STR12	AB(144/148)	AA(144/144)	AA:AB	14:2(BB:1)	0,94	5,88	0	94,12	0

Tablo 11. DD2xKE3 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri ve gen akış yüzdeleri

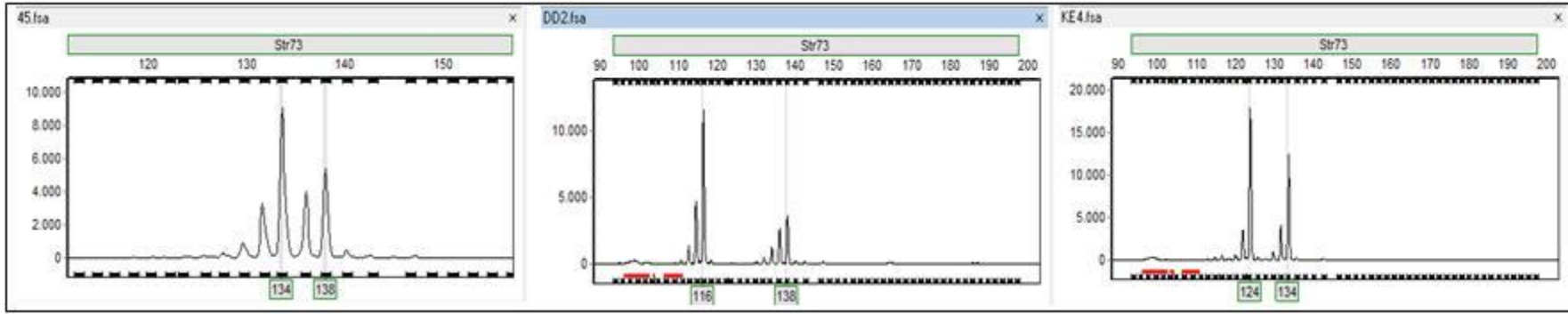
Mikrosatellit Lokus	Ebeveyn Genotip		Yavru Genotip			Gen Akışı (%)			
	DD2	KE3	Beklenen	Gözlenen	Frekans Değeri	Anne	Baba	Anne + Baba	Okunmayan /Farklı Allel
BS131	AA(160/160)	AA(160/160)	AA	9	1	0	0	100	0
STR58	AA(125/125)	BB(215/215)	AB	9	1	100	0	0	0
SSA410	AB(239/241)	CB(233/241)	AC:AB:BC:BB	6:0:0:3	1	66,67	0	33,33	0
STR543	AB(128/134)	AA(128/128)	AA:AB	4:0(BB:5)	0,44	55,56	44,44	0	0
OMY7	AA(238/238)	-----	AA	9	1	100	0	0	0
SSA85	AB(108/114)	CC(110/110)	AC:BC	06:03	1	0	0	100	0
T3-13	AA(177/177)	BB(238/238)	AB	1(AA:8)	0,11	100	0	0	0
STR60	AB(95/97)	AA(95/95)	AA:AB	2:3(BB:4)	0,55	22,22	77,78	0	0
SSOSL438	AB(88/106)	AC(88/96)	AA:AB:AC:BC	0:0:0:7 (BB:1,CC:1)	0,78	11,11	0	88,89	0
SSSP2201	AB(229/242)	CC(238/238)	AC:BC	0:0(AB:8, AA:1)	0	100	0	0	0
STR73	AB(116/138)	CD(124/134)	AC:AD:BC:BD	0:4:0:5	1	0	0	100	0
STR12	AB(144/148)	AA(144/144)	AA:AB	4:5	1	0	0	100	0

Tablo 12. DD3xKE4 Anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri ve gen akış yüzdeleri

Mikrosatellit Lokus	Ebeveyn Genotip		Yavru Genotip			Gen Akışı(%)			
	DD3	KE4	Beklenen	Gözlenen	Frekans Değeri	Anne	Baba	Anne + Baba	Okunmayan /Farklı Allel
BS131	AA(160/160)	AA(160/160)	AA	19	1	60	0	25	15
STR58	AA(125/125)	BB(215/215)	AB	6(AA:14)	0,3	75	0	25	0
SSA410	AB(239/241)	CB(233/241)	AC:AB:BB:BC	0:1:9:0(AA:10)	0,05	55	0	45	0
STR543	AB(134/178)	CC(128/128)	AC:BC	1:6(AB:4, CC:5, AA:4)	0,35	40	25	35	0
OMY7	AA(238/238)	-----	AA	13	0,77	68,42	0	0	31,58
SSA85	AB(114/116)	CC(110/110)	AC:BC	9:9	1	0	0	90	10
T3-13	AB(198/226)	CC(238/238)	AC:BC	0:0(BB:9, AB:2, AA:9)	0	100	0	0	0
STR60	AB(91/95)	BB(95/95)	AB:BB	0:11(AA:9)	0,55	45	0	55	0
SSOSL438	AB(96/100)	CD(88/97)	AC:AD:BC:BD	0:0:0:0 (AA:7, BB:9, AB:2)	0	90	0	0	10
SSSP2201	AB(230/242)	CC(238/238)	AC:BC	0:0(AA:10, BB:7, AB:1)	0	100	0	0	0
STR73	AB(116/138)	CD(124/134)	AC:AD:BC:BD	5:4:4:3 (AA:1, CC:3)	0,80	5	10	85	0
STR12	AB(144/148)	AA(144/144)	AA:AB	8:12	1	0	0	100	0

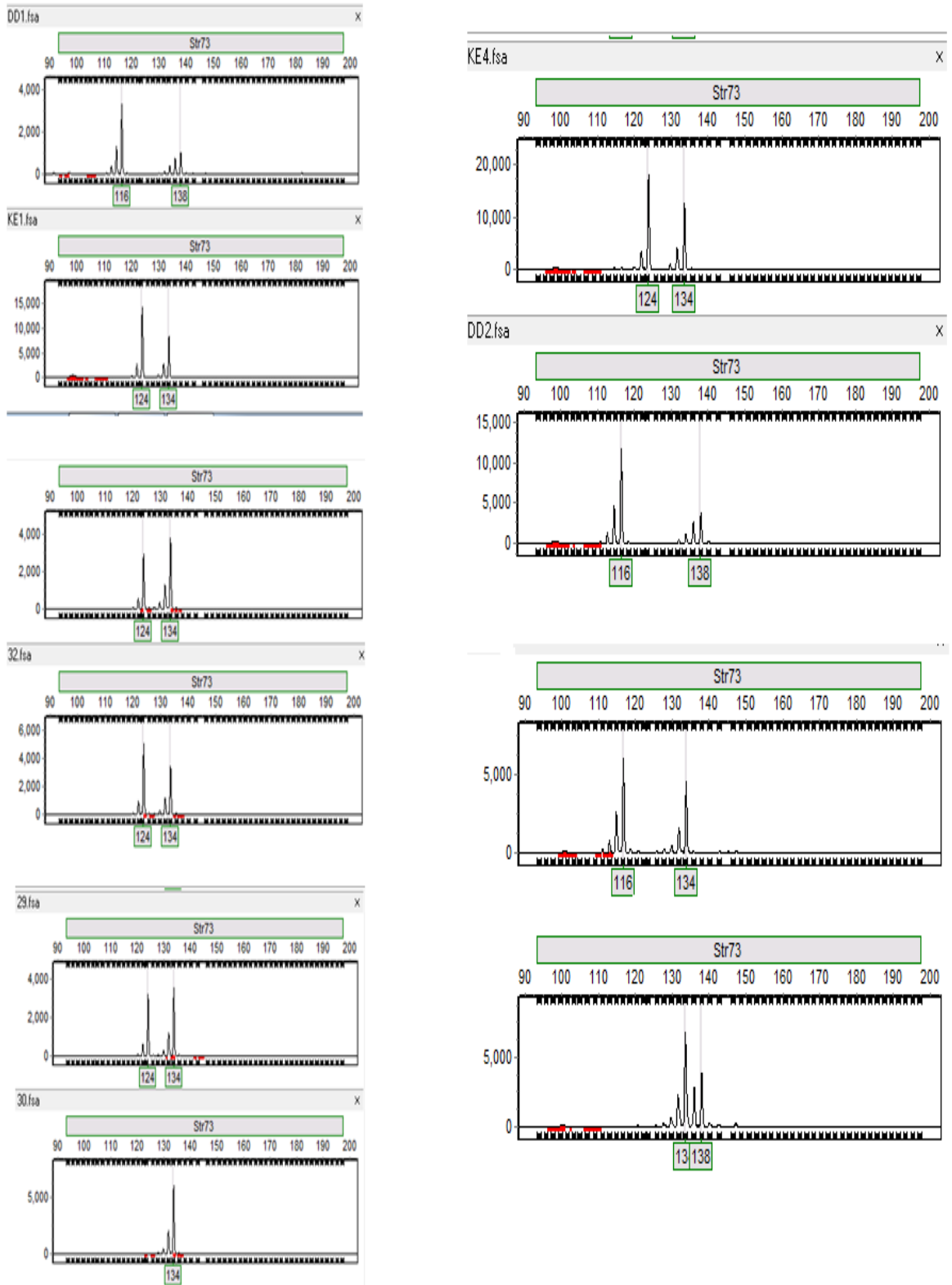
Hibrit oluřturan 3 grupta gen akıřına bakıldıđında (DD1xKE1 (1. Grup), DD2xKE3 (2. grup), DD3xKE4 (3. Grup) ) BS131 lokusunda aktarımının 1. ve 3. grupta anne; 2. grupta ise anne + babadan olduđu gözlemlenmiřtir. Str58' de ise 1. grup babadan, 2 ve 3. grupta anneden olduđu görölmüřtür. Ssa410' da 1 grupta gen akıřının anne + babadan, 2. ve 3. grupta ise anneden olduđu tespit edilmiřtir. Str543 ve Omy7' de 3 grubun tümünde aktarımın anneden olduđu belirlenmiřtir. Ssa85 ve Str73 lokuslarında gen akıřının 1. grupta babadan (řekil 7; řekil 8), 2. ve 3. Grupta ise anne + babadan olduđu tespit edilmiřtir. T3-13 ve SSSP2201' de 1. Grupta babadan; 2. ve 3.de ise anneden, SSOSL438' de aktarım 1. ve 3. Grupta anneden 2. Grupta babadan olmuřtur. Str60' da 1. grupta anneden, 2. grupta babadan 3. grupta ise anne+ babadan olduđu gözlemlenmiřtir. Str12 lokusunda 3 grupta da aktarımın anne + babadan olmuřtur.





Şekil 7. Str73 lokusuna ait bazı yavru ve anaçların allel boyları

Genel olarak 1. Gruptaki bireylerde 2. ve 3. Gruptaki bireylere göre gen akışında farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. 1. Grupta % 41,6 babadan ve aynı oranda anneden, 2. Grupta % 50 anneden, 3. Grupta da % 66,7 anneden gen akışı olduğu görülmüştür. Sonuç olarak bir grupta gen akışı babadan, diğer 2 grupta ise anneden olduğu belirlenmiştir. Ancak bütün lokuslar ve bütün gruplar incelendiğinde gen akışının % 52, 78 oranında anneden, % 16,67 babadan, % 30,56 anne+babadan olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 8. Str73 lokusuna ait bazı hibrit ebeveyn ve yavruların fragment analizi

## 4.TARTIŞMA

Balıklarda hibrit tanımlanması çeşitli metodlarla yapılabilmektedir. Sitolojik ve biyokimyasal hibrit tanımlamada, balığın öldürülmüş olması gereklidir. DNA tekniği ile bir bireyin tanımlanmasında az miktarda gerekli olan doku balığa fiziksel zarar vermeden alınabilmesi için avantajlıdır (Perez vd., 1999).

Mikrosatellit belirteç ile balıklarda birçok alanda, çeşitli çalışmalar yapılmaktadır. Mikrosatellit belirteç, ebeveyn tayini çalışmaları (Estoup vd.,1998; Norris vd., 2000), seleksiyon çalışması (Herbinger vd., 1995; Ağdamar, 2010), balıkların ebeveynlerinin akrabalık derecelerinin verim üzerine olan etkisinin incelenmesi (Herbinger vd., 1995), populasyonlar arası ve içinde, genetik benzerlik ve farklılığın belirlenmesi (Atabeyoğlu 2007; Kayhan 2007; Ağdamar 2010; Dubut vd. 2010; Palermo vd. 2012; Firidin vd. 2013) ebeveyn-yavru arasında gen akışının tespiti (Saber vd., 2011) gibi çalışmalarda yoğun olarak kullanılmaktadır. Fakat Türkiye’ de Karadeniz Alabalığı ve Kaynak Alabalığı ve hibritleri Kaplan Alabalığı üzerinde yapılmış gen akışı, ebeveyn tayini vb. moleküler çalışmalara rastlanmamıştır. Bu çalışmada KTÜ SDBF. Dr. İbrahim Okumuş Araştırma ve Uygulama Birimi’ nden alınarak mikrosatellit belirteç aracılığıyla araştırmalar yapılmış elde edilen sonuçlar neticesinde hem kendi içerisinde, hem de diğer çalışmalar ile karşılaştırmalar yapılmıştır. Karadeniz Alabalığı, Kaynak Alabalığı ve Kaplan Alabalığı için 13 adet mikrosatellit lokus, PZR yardımı ile çoğaltılarak fragment analizleri yapılmıştır. Toplam 94 adet örnekten 8 adet anaç ile bu anaçların çaprazlanması sonucu elde edilen 86 adet yavru birey ve 13 mikrosatellit lokus kullanılarak analizler yapılmıştır.

### 4.1. Allel Sayıları, Polimorfizm ve Ürün Fragment Analizi

Hibrit Kaplan Alabalığı ve ebeveynleri üzerinde çalışma yürüten Palermo vd., (2012), Champlain Gölü Havzası (ABD)’ ndan toplam 26 adet olmak üzere, 12 adet Kahverengi Alabalık, 11 adet Kaynak Alabalığı ve 3 adet Kaplan Alabalığı toplayarak 6 mikrosatellit lokus kullanmışlardır. Toplam 79 allel gözlenmiştir. Ortalama allel sayısı 13, 16 olarak hesaplamışlardır. Allel sayıları 2 ile 15 arasında değişmiş, en yüksek ve en düşük polimorfizm gösteren lokuslar sırasıyla Sfo-292 (31); Sfo-C79 (6) olarak belirlenmiştir. Kullanılan MST-85 lokusunun ise kullanışlı olmadığı görülmüştür. Ancak bu çalışma,

hibritlerin değerlendirilmesi için yeterli değildir. Daha fazla örnekleme ile birlikte Kaplan Alabalığı ve ebeveynlerinin detaylandırılması gerekmektedir. Bu bağlamda, yürütülen araştırmada örnekleri kültür kökenli olması ve bunun neticesinde genetik çeşitliliğin doğal ortama göre daha az olması beklenirken Palermo vd., (2012)' nin Champlain Gölü Havzası (ABD)' ndan elde edilen sonuçlara paralel olarak yüksek düzeyde polimorfizm gözlenmiştir. Beklenenin aksine her iki çalışmanın benzer sonuçlar sergilemesi kültür ortamında yürütülen bu çalışmada daha fazla sayıda lokusun denenmiş olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Kayhan (2007), Ataköy Baraj Gölü'nde (Tokat-Almus) 20 adet balık yakalanmıştır. 8 tane mikrosatellit lokus kullanılmıştır. Ssa197 primerinde altı allel ve altı heterozigot birey bulunmuştur. OmyFg1TUF primerinde dört allel ve 12 heterozigot birey bulunmuştur. Ssa85 primerinde üç allel ve dört heterozigot birey bulunmuştur. Str15 primerinde üç allel ve üç heterozigot birey bulunmuştur. Diğer primerlerde tek allel bulunmuştur. Ssa197 primerinde bant büyüklüğü örnekler arasında 116–165 baz., OmyFg1TUF primerinde 140–190 baz, Ssa85 primerinde 190–325 baz, Str15 primerinde 159–177 baz arasında değişmektedir. Mikrosatellit lokus ve balık materyali sayısı bakımından karşılaştırıldığında yaptığımız çalışmaya göre daha az sayıda olmasına rağmen benzer şekilde polimorfizm saptanmıştır. Bu da, bu şekildeki çalışmalarda lokus sayısı ve balık materyali sayısı için bir standardizasyonun gerekliliğinin önemini ortaya çıkarmaktadır.

Dubut vd., (2010) Avrupa sazan türlerinden 63' ü hibrit olmak üzere 503 birey için 41 sazana özel polimorfik mikrosatellit lokus testi için optimize etmiştir. 15 Avrupa sazan türünün tümü ve güçlendirilmiş 23 belirteç için polimorfizm saptamışlardır. Bu çalışma mikrosatellit lokuslarının hibrit bireylerin tespitine olanak vermesi açısından yürütülen çalışmada kullanılan metodu destekler niteliktedir.

Firidin vd., (2013), Kahverengi Alabalıklarda bulunan 5 soy grubundan Türkiye'de bulunan 2 soy grubu çoklu PZR yöntemi ile belirlemişlerdir. Mitokondriyal DNA'nın tRNA<sup>Pro</sup>-Dloop bölgesini Kahverengi Alabalıkların 5 soy grubuna ait olan spesifik primer setleri yardımıyla çoğaltmışlar ve elde edilen jel görüntülerinden Tuna soy grubu için 410 bp ve Adriyatik soy grubu için ise 150 bp'lik ürün boyu belirlemişlerdir. Yaptığımız çalışmada, Karadeniz Alabalığı, Kaynak Alabalığı ve bunların hibriti olan Kaplan Alabalığı için 88-325 bp arasında değişen ürün boyu tespit edilmiştir.

## 4.2. Gen Akışı

Farklı bir tür için, 2 mikrosatellit primer çifti kullanarak Erkek ot sazani (*Ctenopharyngodo nidella*) ve (*Rutilusfrisii kutum*) ve hibritleri arasındaki gen akışını, Ca5 mikrosatellite lokusunda dişi Hazar sazani (112/132 bç), Erkek ot sazani (144/164 bç) ve Hibrit Sazan (112/132 bç) için şeklinde tespit edilmiştir. 2. lokus olan Ca3 mikrosatellite lokusunda ise dişi Hazar sazani (212/260 bç), Erkek ot sazani (172/196 bç) ve Hibrit Sazan (212/260 bç) için olarak belirlenmiştir. Böylece hibridize yavrular baba genomunun kalıtımı olmadan, annelerine benzer bantlaşma şekli gösterdiğini Saber vd., (2011) tarafından rapor edilmiştir. Yaptığımız çalışmada, hibrit oluşturan 3 grupta gen akışına baktığımızda, genel olarak DD1xKE1 (1. Grup)'deki bireylerde DD2xKE3 (2. Grup) ve DD3xKE4 (3. Grup)'deki bireylere göre gen akışında farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. 1. Grupta % 41,6 babadan ve aynı oranda da anneden; 2. Grupta % 50 anneden, 3. Grupta da % 66,7 anneden gen akışı olduğu görülmüştür. Ancak bütün lokuslar ve bütün gruplar bazında baktığımız zaman gen akışının % 52, 78 oranında anneden, % 16,67 babadan, % 30,56 anne+babadan olduğu tespit edilmiştir. Sonuç olarak bu çalışmadaki gen akışı Saber vd., (2011)'nin çalışmasıyla yüksek oranda benzerlik göstermektedir. Fakat yürütülen bu çalışmalarda gen akışının hangi ebeveynden olduğunu kesin olarak belirleyecek lokus sayısının değişkenlik göstermesi sağlıklı kıyaslamalara engel oluşturmaktadır. Böylece daha sağlıklı sonuca ulaşılabilir.

## 5.SONUÇLAR

Araştırmada, Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis*), Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax*) ve bu iki türün hibriti olan (Karadeniz Dişi♀ × Kaynak Erkek♂) Kaplan Alabalığı arasındaki gen akışının tespiti için mikrosatellit belirteç analizi yapılmıştır.

Karadeniz Alabalığı, Kaynak Alabalığı ve Kaplan Alabalığı için toplam 94 adet örnekten; 8 adet anaç ile bu anaçların çaprazlanması sonucu elde edilen 86 adet yavru birey ve 13 mikrosatellit lokus kullanılarak örnekler genetik açıdan incelenmiştir.

Toplamda 71 farklı allel tespit edilmiştir. Ortalama allel sayısı 5, 462 olarak hesaplanmıştır. 13 farklı mikrosatellit lokusuna ait allel sayısının 3 ile 9 arasında değiştiği; en yüksek ve en düşük polimorfizm gösteren lokusların sırasıyla, T3-13 (9), SSSP2201 (9) ve SSSA410 (3), STR60 (3), STR12 (3) olduğu tespit edilmiştir. Çalışmamızda lokuslarda yüksek düzeyde polimorfizm gözlenmiştir.

Fragment boyları lokuslar arasında farklılıklar göstermiş; BS131' de 142-160, STR60 lokusunda, 125-271, SSA410 için, 233-241, STR543' de, 128-178, SSA85 lokusu için, 108-116, Omy7 lokusunda, 222-278, T313 lokusu için, 177-241, STR60' da 91-97, SSOSL438' de 88-106, STR12' de 144-150, SSSP2201' de 222-325, STR73 için 116-190, STR 85 için ise 147-185 arasında değiştiği tespit edilmiştir.

DD1xDE1 için anaçlarının yavru genotiplerinin beklenen ve gözlenen değerleri ile frekans değerleri 0, 52-1, DD2xDE3 için değer, 0-1, DD3xDE4 için değer, 0-1 arasında değişmektedir. Hibrit grubumuz için DD1xKE1 için, 0-1 arasında değişmekte ve en yüksek değer STR60 lokusunda görülmüştür. DD2xKE3 grubu için değer, 0-1 arasındadır ve en yüksek değer BS131, STR58, SSA410, OMY7, SSA85, STR73, STR12 lokuslarında gözlenmiştir. DD3xKE4 için değerler ise, 0-1 arasındadır ve değerlerin en yüksek görüldüğü lokuslar BS131, SSA85 ve STR12' dir.

Gen akışı, DD1xKE1' de % 41,6 babadan ve yine % 41, 6 anneden, DD2xKE3' te %50 anneden DD3xKE4'te de % 66,6 anneden gen akışı olduğu görülmüştür. Ancak bir bütün olarak baktığımız zaman gen akışının % 52, 78 oranında anneden olduğu tespit edilmiştir.

## 6. ÖNERİLER

Ülkemizde ve dünyada su ürünleri yetiştiriciliğine alternatif ürün olabilecek Hibrit Kaplan Alabalığı yetiştiriciliği, bu sektöre güçlü bir pazar oluşturabilecek durumdadır. Bu yüzden, anneden gen akışının daha fazla olması sebebiyle, mevcut araştırma annenin güçlü özelliklerinin ortaya çıkarılıp zayıf yönlerini elimine edebilecek su ürünleri ıslah çalışmaları ile desteklenmelidir. Böylece gelecekte, Kaplan Alabalığı yetiştiriciliğinin verimli bir şekilde yapılabilmesi için imkân sağlanmış olacaktır.

Hibrit alabalık ve ebeveynlerinin, daha fazla örnekleme yapılarak ve lokus sayısı artırılarak karşılaştırmalarda kullanılması gerekmektedir. Ayrıca bu çalışmalar en uygun örnek ve lokus sayılarında bir standart oluşturmayı hedeflemelidir.

Ayrıca geçmişte muhafazası yapılmış örnekler incelenerek ve bu tez çalışmasının ardından yapılabilecek takip çalışması ile ebeveyn ve hibritlerinin zaman içerisindeki gen akış durumlarındaki değişimi sunulmuş olacaktır.



## 7. KAYNAKLAR

1. Ağdamar, S., Türkiye'de Üretilen Gökkuşuğu Alabalığı (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) Populasyonlarının Mikrosatellit DNA Analizi, Muğla Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Muğla, 2010.
2. Allendorf, F. W. ve Waples, R. S., Conservation and Genetics of Salmonid Fishes. In: Avise J.C. and Hamrick J.L. (eds.), Conservation Genetics: Case Histories from Nature. Chapman and Hall, New York, USA, 1996.
3. Baglinière, J.L., Introduction: The Brown Trout (*Salmo trutta* L.) - Its Origin, Distribution and Economic and Scientific Significance, Biology and Ecology of The Brown and Sea Trout, Praxis publishing, Chichester, 1999.
4. Bartley, D.M., Rana, K. ve Immink, A.J., The Use of Inter-Specific Hybrids in Aquaculture and Fisheries, Reviews in Fish Biology and Fisheries, 10 (2001) 325-337.
5. Başçınar, N., Okumuş, İ. ve Serezli, R., The Development of Brook Trout (*Salvelinus fontinalis* Mitchill, 1814) Embryos During the Yolk Sac Period, Turk. J. Zool., 27(2003) 227-230.
6. Başçınar, N., Kocabaş, M., Şahin, Ş.A. ve Okumuş, İ., Comparison of Hatching Performances and Yolk Sac Absorptions of Black Sea Trout (*Salmo trutta labrax* Pallas, 1811), Brook Trout (*Salvelinus fontinalis* Mitchill, 1814) and Their Hybrids, Kafkas Univ. Vet. Fak. Derg., 16(2010b) 206-210.
7. Başçınar, N., Okumuş, İ., Öğüt, H., Kocabaş, M. ve Şahin, Ş.A., Kaynak Alabalığı (*Salvelinus fontinalis*) ve Doğal Alabalık (*Salmo trutta*) Hibridlerinin Yetiştiricilik Potansiyelinin İrdelenmesi, KTÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi, Proje no: 2006.117.001.06, Trabzon, 2010a (Basılmamış).
8. Bernatchez, L., The Evolutionary History of Brown Trout (*Salmo trutta* L.) Inferred from Phylogeographic, Nested Clade, and Mismatch Analyses of Mitochondrial DNA Variation, Evolution, 55(2001) 351-379.
9. Beuzen, N.D., Stear, M.J. ve Chang, K.C., Molecular Markers and Their Use in Animal Breeding, The Veterinary Journal, 160(2000) 42-52.
10. Campton, D. E., Natural Hybridization and Introgression in Fishes: Methods of Detection and Genetic Interpretations. in: Ryman N. and Utter F. (eds.), Population Genetics and Fishery Management, University of Washington Press, 1987.
11. Çelikkale, M. S., İç Su Balıkları ve Yetiştiriciliği, Cilt 1, İkinci Baskı, KTÜ Deniz Bilimleri Fakültesi Yayınları, Fakülte Yayın No: 2, Trabzon, 1994.

12. Çiftçi, A., Genetic Diversity Of European Black Poplar (*Populus nigra*) Populations from Turkey Assessed by Microsatellite DNA Markers Middle East Technical University, Ankara, 2013.
13. Çiftçi, Y. ve Okumuş, İ., Fish Population Genetics and Applications of Molecular Markers to Fisheries and Aquaculture: I- Basic Principles of Fish Population Genetics, Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2,2(2002) 145-155.
14. Çiftçi, Y., Balıkçılık ve Su Ürünlerinde Kullanılan Genetik Markır Sistemleri, SÜMAE Yunus Araştırma Bülteni, 3(2003) 3.
15. Çiftçi, Y., Eroğlu, O., Firidin Ş. ve Erteken, A., Türkiye Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta* L.) Populasyonlarının Genetik Yapısının Belirlenmesi, Proje No: TAGEM HAYSÜD/2001/09/03/08, Trabzon. 2007.
16. Demirsoy, A., Yaşamın Temel Kuralları. Hacettepe Üni. Yay. Ankara, 1988.
17. Dubut, V., Sinama, M., Martin, J.F., Meglécz, M., Fernandez, J., Chappaz, R., Gilles, A. ve Costedoat, C., Cross-species amplification of 41 microsatellites in European cyprinids: A tool for evolutionary, population genetics and hybridization studies, BMC Research Notes, 3(2010) 135.
18. Ellegren, H., Moore, S., Robinson, N., Byrne, K., Ward, W. ve Sheldon, B.C., Microsatellite Evolutionöa Reciprocal Study of Repeat Lengths at Homologous Loci in Cattle and Sheep. Molecular Biology and Evolution, 14(1997) 854-860.
19. Ellegren, H., Genome Analysis with Microsatellite Markers. Dissertation. Department of Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Science. Uppsala, 1993.
20. Estoup, A., Gharbi, K., SanCristobal, M., Chevalet, C., Haffray, P. ve Guyomard, R., Parentage Assignment Using Microsatellites in Turbot (*Scophthalmus maximus*) and Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Hatchery Populations, Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 57(1998) 715-723.
21. Ferguson, A., Brown Trout Genetic Diversity: Origins, Importance and The İmpacts of Supplemental Stocking, Proceedings of The Institute of Fisheries Management 34th Annual Study Course, 26-43, 2004.
22. Firidin, Ş., Eroğlu, O. ve Bak, Z.D., Kahverengi Alabalıkda Genetik Yaklaşımli Anaç Yönetimi; Türkiye Soy Gruplarının Multipleks PZR ile Belirlenmesi, Yunus Araştırma Bülteni 1 (2013) 1-8
23. Fishback, A.G., Danzmann, R.G. ve Ferguson, M.M., Microsatellite Allelic Heterogeneity among Hatchery Rainbow Trout Maturing in Different Seasons, Journal Of Fish Biology, 57,6 (2000) 1367-1380.

24. Froese, R. ve Pauly, D., FishBase as A Tool for Comparing the Life History Patterns of Flatfish. Netherlands Journal of Sea Research 3,4 (1999) 235-239.
25. Geldiay, R. ve Balık, S., Türkiye Tatlı Su Balıkları, Yayın No: 46, Dizin No: 16, Ege Üniversitesi Basımevi, Bornova, İzmir, 1996.
26. Giuffra, E., Guyomard, R. ve Forneris, G., Phylogenetic Relationships and Introgression Patterns between Incipient Parapatric Species of Italian Brown Trout (*Salmo trutta*), Molecular Ecology, 5(1996) 207-220.
27. Goldstein, D. B. ve Schlötterer, C., Microsatellites: Evolution and Application, Oxford University Press, Oxford and Vienna, 1998.
28. Herbinger, C.M., Doyle, R.W., Pitman, E.R., Paquet, D., Mesa, K.A., Morris, D.B., Wright, J.M. ve Cook, D., DNA Fingerprint Based Analysis of Paternal and Maternal Effects on Offspring Growth and Survival in Communally Reared Rainbow Trout, Aquaculture, 137(1995) 245–256.
29. Hubbs, C.L., Hybridization between Fish Species in Nature. Syst. Zool. 4, 1(1955) 11-20.
30. Kayhan, Z., Ataköy Baraj Gölü Alabalık (*Salmo trutta*) Populasyon Yapılarının Mikrosatellit Dna Analiz Yöntemi İle İncelenmesi, Yüksek Lisans Tezi, Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tokat, 2007.
31. Kocabaş, M., Türkiye Doğal Alabalık (*Salmo trutta*) Ekotiplerinin Kültür Şartlarında Büyüme Performansı ve Morfolojik Özelliklerinin Karşılaştırılması, Doktora Tezi, K.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon, 2009.
32. Liu, Z.J. ve Cordes, J.F., DNA Marker Technologies and Their Applications in Aquaculture Genetics, Aquaculture, 238(2004) 1–37.
33. Neitzel, H., Humangenetik: Aktuelle Möglichkeiten- Zukünftige Perspektiven. Biologie, 1989.
34. Nelson, K. ve Soule, M., Genetical Conservation of Exploited Fishes. Population Genetics and Fishery Management, Ryman, N. and F. Utter (eds.). University of Washington Press, 420 (1987)
35. Norris, A.T., Bradley, D.G. ve Cunningham, E.P., Parentage And Relatedness Determination in Farmed Atlantic Salmon (*Salmo salar*) Using Microsatellite Markers, Aquaculture, 182 (2000) 73-83.
36. Okumuş, İ., Çelikkale, M.S., Kurtoglu, İ. Z. ve Başçınar, N., Saf ve Karışık Olarak Yetiştirilen Gökkuşığı (*Oncorhynchus mykiss*) ve Kaynak Alabalıklarının (*Salvelinus fontinalis*) Büyüme Performansları, Yem Tüketimi ve Yem Değerlendirme Oranları, Tr. J. of Veterinary and Animal Sciences. 23,1(1999) 123-130.

37. Özden, O., Güner, Y. ve Kızak, V., Tatlısu Balık Kültüründe Uygulanan Bazı Biyoteknolojik Yöntemler. Ege Üniversitesi Su Ürünleri Dergisi, 20,4(2003) 563-574.
38. Pakkasmaa, S., Ranta, E. ve Piironen, J.A., Morphometric Study (*Salmo trutta*) Populations. Biological Journal of the Linnean Society, 72(1998) 231–239
39. Palermo, M., Latourelle, S. ve Elwess, N.L., Genetic Analysis of the Brown, Brook, and Tiger Trout Populations in the Lake Champlain Basin, Journal Experimental Secondary Science, 4(2012) 1-3
40. Perez, J., Martinez, J. L., Moran, P., Beall. E. ve Garcia-Vazquez, E., Identification of Atlantic Salmon × Brown Trout Hybrids with A Nuclear Marker Useful for Evolutionary Studies, J Fish Biol 54(1999), 460-464.
41. Ross, K., Wang, X., O'malley, K.G., Gatlin, D.M. ve Gold, J.R., Microsatellite DNA Markers for Parental Assignment in Hybrid Striped Bass ( *Morone saxatilis*×*Morone chrysops* ), Molecular Ecology Notes 4(2004) 156–159.
42. Saber, M.H., Noveiri, S.B., Pourkazemi, M., Nowruzfashkhami, M., Yarmohammadi, M. ve Sabet, A.K., DNA Markers in Hybrids of Female Caspian Kutum *Rutilus Frisii Kutum* and Male Grass Carp *Ctenopharyngodon Idella*: Possible Production of Gynogenic Progeny, Progress in Biological Sciences 2011.
43. Scribner, K.T. ve Avise, J.C., Molecular Evidence for Phylogeographic Structuring and Introgressive Hybridization in Mosquitofish. Mol. Ecol. 2, (1993) 139–149
44. Schwartz, F.J., World Literature to Fish Hybrids, With an Analysis by Family, Species and Hybrid. Publ. Of the Gulf Coast Res. Lab. Mus, 1972.
45. Schwartz, F.J., World Literature to Fish Hybrids, With an Analysis by Family, Species, and Hybrid, U.S. Dept. Comm., 1981.
46. Schwerin, M., Molekulargenetische Grundlagen Funktioneller Merkmale beim Rind. Arch. Tierz. Dummerstorf, Sonderheft Dummerstorf, 1997.
47. Shepherd, C.J. ve Bromage, N.R., Intensive Fish Farming BSP Professional Books. A Division of Blackwell Scientific Publication Ltd. 1988.
48. Skaala, Ø. ve Jørstad, K. E., Fine-Spotted Brown Trout (*Salmo trutta*) Its Phenotypic Description and Biochemical Genetic-Variation, Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 44 (1987) 1775–1779.
49. Skelton, P.H., A Complete Guide to The Freshwater Fishes of Southern Africa. Southern Book Publishers. 1993.

50. Şahin, T., Su ürünleri Yetiştiriciliğinde Biyoteknoloji, SUMAE Yunus Bülteni, 3,1 (2003) 2-5.
51. Tabak, İ., Aksungur, M., Zengin, M., Yılmaz, C., Aksungur, N., Alkan, A., Zengin, B. ve Mısır, D., S., Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax* Palas, 1811)'nın Biyoekolojik Özelliklerinin Tespiti ve Kültüre Alınabilirliğinin Araştırılması Projesi, Sonuç Raporu No: TAGEM/HAYSUD/98/12/01/007 Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, Trabzon, 2001.
52. Tautz, D., Hypervariability of Simple Sequences as A General Source for Polymorphic DNA Markers, Nucleic Acids Research, 17(1989) 6463-6471.
53. Tekelioğlu, N., İç Su Balıkları Yetiştiriciliği (Soğuk ve Sıcak İklim Balıkları), Nobel Kitabevi, Adana, 2005.
54. Thelen, G.C. ve Allendorf, F.W., Heterozygosity-Fitness Correlations in Rainbow Trout: Effects of Allozyme Loci or Associative Overdominance., Evolution, 55 (2001) 1180-1187.
55. Ün, C., Wimmers, K. ve Ponsuksili, S., Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları, Hayvansal Üretim 41 (2000) 9-14.
56. Wolfus, G.M., Garcia, D.K. ve Alcivar-Warren, A., Application of the Microsatellite Technique for Analyzing Genetic Diversity in Shrimp Breeding Programs, Aquaculture, 152 (1997) 35-47.
57. [www.yunus.sumae.gov.tr/2003/03/07.pdf](http://www.yunus.sumae.gov.tr/2003/03/07.pdf), 20.Nisan.2007.
58. [www.fishbase.org/](http://www.fishbase.org/) 1 Mart 2013.
59. <http://www.issg.org/database/>Global Invasive Species Database (GISD).7 Temmuz 2010.
60. Vuorinen, J. ve Piironen, J., Inheritance and Joint Segregation of Biochemical Loci in European Whitefish Genus, *Coregonus*. Hereditas, 101(1984) 97-102.

## ÖZGEÇMİŞ

1989 yılında Muş' un Bulanık ilçesinde doğdu. İlk ve Orta öğrenimini Muş' ta tamamladı. 2007 yılında Ordu Üniversitesi Fatsa Deniz Bilimleri Fakültesi Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği' nde Lisans eğitime başladı ve 2011 yılında bu fakülteden Fakülte/ Bölüm birinciliği derecesiyle mezun oldu. Aynı yıl Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans eğitime başlayarak bir yıl süre ile İngilizce hazırlık programına devam etti. Lisans ve Yüksek Lisans eğitimi süresince Türk Eğitim Vakfı (TEV) başarı bursu aldı.