

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

**BEYAZ KUM MİDYESİ (*Chamelea gallina*, Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ
GENETİK YAPISININ BELİRLENMESİ**

DOKTORA TEZİ

Bal. Tek. Müh. Rafet Çağrı ÖZTÜRK

**EYLÜL - 2018
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**

başlıklı bu çalışma, Enstitü Yönetim Kurulunun / / gün ve sayılı
kararıyla oluşturulan jüri tarafından yapılan sınavda
DOKTORA TEZİ
olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

Başkan :

Üye :

Üye :

Üye :

Üye :

Prof. Dr. Sadettin KORKMAZ

Enstitü Müdürü

ÖNSÖZ

“Beyaz kum midyesi (*Chamelea gallina*, Linnaeus, 1758) popülasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi” adlı bu çalışma, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı’nda “Doktora Tezi” olarak hazırlanmıştır. Çalışma giderleri Karadeniz Teknik Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından desteklenen FBA-2017-5635 No’lu, “Beyaz kum midyesi, *Chamelea gallina*, Popülasyonlarının Genetik Yapısının Belirlenmesi” başlıklı projeden karşılanmış ve çalışma Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi, Moleküler Biyoloji Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

Tez çalışmam boyunca bilgi ve birikimlerini paylaşarak destek olan, akademik gelişimim için çaba sarf eden, gerek iş hayatında gerek sosyal hayatta desteğini her zaman hissettiğim danışmanım Prof. Dr. İlhan ALTINOK’a teşekkürlerimi sunarım. Tez izleme komitesinde yer alıp desteğini esirgemeyen Prof. Dr. Erol ÇAPKIN ve Prof. Dr. Bilal KUTRUP’a, örneklerin toplanmasında yardımcı olan, Dr. Öğr. Üyesi Nejdet GÜLTEPE, Dr. Öğr. Üyesi Şebnem ATASARAL, Muhammet ERDEM, Ogün TUNCA, Mustafa BAKACAK, Stefania KLYAN, Dr. Daniel Gacria SOUTO, Dr. Nikolai Revkov ve Erdal DURMUŞ’a ayrıca mtDNA veri analizinde yardımcı olan Dr. Öğr. Üyesi Gökhan KALAYCI’ya teşekkür ederim. 2015 Yılı 2214-A Yurt Dışı Doktora Sırası Araştırma Bursu ile araştırmacı olarak Amerika Birleşik Devletleri, Southern Mississippi Üniversitesine gitmeme ve tez çalışmamda kullandığım genetik analiz yöntemleri öğrenmeme vesile olan TÜBİTAK’a teşekkürlerimi bir borç bilirim.

Tez çalışma dönemi başta olmak üzere benim için her türlü fedakarlığı yaparak, bana destek veren eşim Ebru DURMUŞ ve kardeşim Abdurrahman Kaan ÖZTÜRK’e, bugünlere gelmemi sağlayan, üzerimde hak ve emeği olan, bana her daim inanan ve destekleyen anne ve babama sonsuz şükranlarımı sunarım.

Rafet Çağrı ÖZTÜRK

Trabzon, 2018

TEZ ETİK BEYANNAMESİ

Doktora Tezi olarak sunduđum “Beyaz kum midyesi (*Chamelea gallina*, Linnaeus, 1758) populasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi” başlıklı bu çalışmayı baştan sona kadar danışmanım Prof. Dr. İlhan ALTINOK’un sorumluluğunda tamamladığımı, verileri ve örnekleri kendim topladığımı, analizleri ilgili laboratuvarlarda 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. 28.09.2018

Rafet Çağrı ÖZTÜRK

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
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. <i>Chamelea gallina</i> 'nın Dağılımı ve Yaşam Alanı	2
1.3. Hayat Döngüsü	3
1.4. Morfoloji	5
1.5. Avcılık.....	6
1.6. Taksonomik Durum.....	7
1.7. Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesinde Kullanılan Belirteçler.....	9
1.7.1. Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi.....	10
1.7.2. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA.....	11
1.7.3. Minisatelitler	11
1.7.4. Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi	11
1.7.5. Tek Nükleotit Polimorfizm	12
1.7.6. Mitokondriyal DNA	12
1.7.7. Mikrosatelitler	14
1.8. Önceki Çalışmalar	15
2. Yapılan Çalışmalar	20
2.1. Materyal.....	20
2.2. Genomik DNA'nın Saflaştırılması	21
2.3. mtDNA Gen Bölgelerinin Çoğaltılması	22
2.4. mtDNA Dizi Analizi	23

2.5.	mtDNA Veri Analizi	23
2.6.	Mikrosatelit Bölgelerinin Çoğaltılması	25
2.7.	Fragment Analizi	27
2.8.	Mikrosatelit Veri Analizi.....	27
3.	BULGULAR	30
3.1.	Örnekleme	30
3.2.	MtDNA Analizi.....	31
3.2.1.	16S rRNA Gen Bölgesinin Dizi Analizi	31
3.2.2.	COI Veri Analizi	35
3.2.3.	Mikrosatelit Veri Analizi.....	39
4.	TARTIŞMA.....	47
5.	SONUÇ	57
6.	ÖNERİLER	60
7.	KAYNAKLAR.....	61
8.	EKLER.....	76
	ÖZGEÇMİŞ	

Doktora Tezi

ÖZET

BEYAZ KUM MİDYESİ (*Chamelea gallina*, Linnaeus, 1758) POPULASYONLARININ
GENETİK YAPISININ BELİRLENMESİ

Rafet Çağrı ÖZTÜRK

Karadeniz Teknik Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı
Danışman: Prof. Dr. İlhan ALTINOK
2018, 75 Sayfa, 6 Sayfa Ek

Beyaz kum midyesi, *Chamelea gallina*, ekonomik değere sahip *Veneridae* familyasına mensup çift kabuklu bir yumuşakça türüdür. Bu çalışmada 13 farklı kıyısal bölgeden örneklenen *Chamelea gallina* populasyonlarının genetik yapısı iki mtDNA belirteç (16S rRNA ve COI) ve 14 mikrosatelit belirteç kullanılarak incelenmiştir. 16S rRNA bölgesinde sekiz haplotip, COI gen bölgesinde ise ondört haplotip belirlenmiştir. Bütün olarak düşünüldüğünde orta seviyede haplotip çeşitliliği (16S rRNA: 0,6028; COI: 0,6410) ve düşük seviyede nükleotit çeşitliliği (16S rRNA: 0,00405; COI: 0,00405) belirlenmiştir. Mikrosatelit veri analizi sonucunda 14 lokusun yedisinin yüksek oranda null allel varlığından dolayı Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlenmiştir. Populasyon çiftleri arasındaki genetik farklılık değerleri (F_{ST}), *Chamelea gallina* populasyonları arasında gen akışının olduğunu göstermiştir. Mekansal varyasyon analizleri sonucunda populasyonların mekânsal homojenite gösterdiği ve coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasında anlamlı bir ilişki olmadığı belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: *Chamelea gallina*, mikrosatelit, populasyon genetiği, mtDNA, COI, 16S rRNA

PhD. Thesis

SUMMARY

DETERMINATION OF GENETIC STRUCTURE OF
STRIPED VENUS CLAM (*Chamelea gallina*, Linnaeus, 1758) POPULATIONS

Rafet Çağrı ÖZTÜRK

Karadeniz Technical University
The Graduate School of Natural and Applied Sciences
Fisheries Technology Engineering Graduate Program
Supervisor: Prof. Dr. İlhan ALTINOK
2018, 75 Pages, 6 Pages Appendix

Striped venus clam, *Chamelea gallina*, is economically valuable bivalve mollusk species belonging to family *Veneridae*. In this study, two mtDNA markers (16S rRNA and COI) and 14 microsatellite markers were used to investigate the genetic structure of *Chamelea gallina* populations from 13 different coastal localities. Based on 16S rRNA fragment analysis, eight haplotypes were identified meanwhile 14 haplotypes were identified from COI fragment. In the overall, moderate haplotype diversity (16S rRNA: 0,6028; COI: 0,6410) and low nucleotide diversity (16S rRNA: 0,00405; COI: 0,00405) were detected. Based on microsatellite data analysis, seven out of 14 loci were deviated from Hardy-Weinberg equilibrium due to the presence of high frequencies of null-alleles. Pair-wise genetic differentiation values (F_{ST}) revealed extant gene flow among *Chamelea gallina* populations. Spatial variation analysis revealed spatially broad and persistent genetic homogeneity of the species and a lack of genetic structuring.

Key Words: *Chamelea gallina*, microsatellite, population genetic, mtDNA, COI, 16S rRNA

ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 1. <i>Chamelea gallina</i> (Bordo) ve <i>C. striatula</i> 'nın (Kırmızı) dağılım alanı.....	3
Şekil 2. <i>Chamelea gallina</i> kabuğunun dış görünümü	5
Şekil 3. Örneklem sahası	20
Şekil 4. 16S rRNA haplotip ağı.....	32
Şekil 5. 16S rRNA haplotiplerin coğrafik dağılımı.....	33
Şekil 6. <i>Chamelea gallina</i> ve <i>C. striatula</i> 'nın 16S rRNA genine dayalı çizilen filogenetik ağacı (Maksimum Benzerlik seç bağla değerleri %50 den yüksek olanlar gösterilmiştir).....	33
Şekil 7. COI haplotip ağı.....	36
Şekil 8. COI haplotiplerin coğrafik dağılımı.....	37
Şekil 9. <i>Chamelea gallina</i> ve <i>C. striatula</i> 'nın COI genine dayalı filogenetik ağacı(Maksimum Benzerlik seç bağla değerleri %50 den yüksek olanlar gösterilmiştir).....	37
Şekil 10. Populasyonlar arası alel dağılım grafiği.....	40
Şekil 11. Alel frekansı.....	41
Şekil 12. Mikrosatelit lokusuna ait verilerin tamamı kullanılarak oluşturulan Structure bar grafiği.....	42
Şekil 13. Hardy-Weinberg dengesinde olan altı mikrosatelit lokusuna ait veriler ile oluşturulan Structure bar grafiği	42
Şekil 14. Temel koordinat analizi (PCoA).....	43
Şekil 15. Genetik mesafe ile coğrafik mesafe arasındaki ilişki.....	43
Şekil 16. Genetik darboğazın olmadığını gösteren L-biçimli mode-shift grafiği	45

TABLolar DİZİNİ

Sayfa No

Tablo 1. <i>Chamelea gallina</i> ve <i>C. striatula</i> 'nın sistematik durumu.....	9
Tablo 2. 16S rRNA ve COI primerlerinin baz dizilimi.....	23
Tablo 3. Çalışmada kullanılan mikrosatelit bölgeleri ve baz dizilimleri	26
Tablo 4. Oluşturulan mikrosatelit grupları.....	27
Tablo 5. Mikrosatelit ve mtDNA gen bölgelerinin analizinde kullanılan birey sayıları...	30
Tablo 6. 16S rRNA gen bölgesi haplotip dağılımı.....	32
Tablo 7. 16S rRNA gen bölgesine göre gruplar arası ikili genetik mesafe (F_{ST}) değerleri. Örnekleme sahası; Rize (Riz), Trabzon (Trb), Samsun (Sam), Sinop (Snp), İstanbul (İst), Bulgaristan (Bul), Kırım (Kır), Balıkesir (Bal), Antalya (Ant), Adriyatik (Adr), Cadiz (Cdz), Pontevedra (Pon)	34
Tablo 8. 16S rRNA gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri.....	35
Tablo 9. COI gen bölgesi haplotip dağılımı.....	36
Tablo 10. COI gen bölgesine göre gruplar arası ikili genetik mesafe (F_{ST}) değerleri. Örnekleme sahası; Rize (Riz), Trabzon (Trb), Samsun (Sam), Sinop (Snp), Kastamonu (Kas), İstanbul (İst), Bulgaristan (Bul), Kırım (Kır), Balıkesir (Bal), Adriyatik (Adr), Cadiz (Cdz), Pontevedra (Pon).....	38
Tablo 11. COI gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri.....	38
Tablo 12. Mikrosatelit lokuslarına ait istatistiksel veriler. Birey sayısı (n), Allel sayısı (N_A), Allelik zenginlik (A_R), Gözlenen heterozigosite (H_O), Beklenen heterozigosite (H_E), Polimorfizm bilgi içeriği (PIC), Null allel frekansı ($F(\text{null})$). *- Hardy-Weinberg dengesinden sapan lokuslar	40
Tablo 13. F_{ST} (Weir ve Cockerham) (Alt diagonal) ve populasyonlar arası allel dağılımının karşılaştırılmasında $F_{ST}=0$ olma olasılığı (Üst). Olasılık değerlerinin istatistiksel olarak 0'dan farklı olduğu ($P<0,05$) değerler koyu verilmiştir.	41
Tablo 14. Populasyonlar arası varyasyon değerleri	44
Tablo 15. Beyaz kum midyesi populasyonlarının beklenen ve gözlenen heterozigot fazlalık değerleri (Sign Testi) ve populasyonların mutasyon-drift eşitliğine dair olasılık değerleri (Wilcoxon Testi).....	44
Tablo 16. Etkin populasyon büyüklükleri	46

SEMBOLLER DİZİNİ

A	Adenin
AFLP	Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi
AMOVA	Moleküler varyans analizi
A _R	Alelik zenginlik
B _ç	Baz çifti
BLAST	Temel bölgesel hizalama arama aracı
C	Sitozin
COI	Sitokrom oksidaz altbirim I
DNA	Deoksiribonükleik asit
DUI	Çift ebevenysel kalıtım
EDTA	Etilen diamin tetra asetik asit
FAO	Gıda ve Tarım Örgütü
F _{IS}	Soyluluk katsayısı
F _{ST}	Fiksasyon indeksi
G	Guanin
H _d	Haplotip çeşitliliği
H _E	Beklenen heterozigosite
H _O	Gözlenen heterozigosite
HPLC	Yüksek performans sıvı kromatografisi
HW	Hardy-Weinberg
K _b	Kilo baz
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
mtDNA	Mitakondriyal deoksiribonükleik asit
ml	Mililitre
mM	Mikro molar
N _A	Allel sayısı
NCBI	Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
NE	Etkin populasyon büyüklüğü
PCoA	Temel koordinat analizi
PIC	Polimorfizm bilgi içeriği

P değeri	Olasılık değeri
PAGE	Poliakrilamid jel elektroforezi
Pi	Nükleotit çeşitliliği
PZR	Polimeraz zincir reaksiyonu
MPZR	Çoklu polimeraz zincir reaksiyonu
RAPD	Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA
RFLP	Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi
RNA	Ribonükleik asit
SNP	Tek nükleotit polimorfizm
T	Timin
TPM	Çift fazlı model
TAE	Tris base asetik asit
T _M	Erime sıcaklığı
u	Ünite
μl	Mikrolitre

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Giriş

Son 30 yılda ticari olarak işletilen balık stoklarında %83'lük bir düşüş gözlenmiştir (Hutching ve Reynolds, 2004). Sucul ortamda av miktarını tam olarak belirlemek çok zor olduğundan stoklar yaygın olarak birim çabadaki av miktarı ile belirlenmektedir. Ekonomik değere sahip bütün sucul canlıların birim çabadaki av miktarında gözlenen düşüş, sürdürülebilir balıkçılığın gidişatının iyi olmadığını göstermektedir. Birleşmiş Milletler, Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) verilerine göre yılda ortalama 93 milyon ton su ürünü avlanmaktadır. 2014 yılında ilk defa su ürünleri yetiştiriciliğinde üretilen ürün miktarı avlanan su ürünleri miktarını geçmiştir (FAO, 2016).

Çift kabuklu yumuşakçalar tür çeşitliliği yüksek olan bir canlı gurubudur. Birçok türü dünya genelinde avlanılmakta ve yetiştirilmektedir. Dünya genelinde çift kabuklu yumuşakça yetiştiriciliği ve avcılığı geçtiğimiz son 60 yılda artmış ve 1950'li yıllarda 0,9 milyon ton olan toplam üretim, 2000'li yıllarda 14 milyon tona ulaşmıştır (Espineira vd., 2009).

Stok yönetimi çalışmalarının en önemli amacı, ekonomik değeri olan türlerin sürdürülebilir şekilde avcılığını sağlamak iken, doğal kaynakları koruma ile ilgili yapılan çalışmaların birincil önceliği türlerin devamını sağlamaktır (Kahilainen vd., 2014). Stok, belirli bir türün birbiriyle ilişkili bireylerinin oluşturduğu ve diğer popülasyonlardan genetik olarak farklı olan panmiktik popülasyonlar olarak tanımlanmaktadır (Shaklee vd., 1999). Popülasyon içi genetik çeşitlilik popülasyonunun uzun süre var olabilmesi için elzemdir. Popülasyon içerisindeki mevcut olan genetik çeşitlilik sayesinde bazı bireyler, değişen ortam şartlarına uygun allellere sahip olmaktadır. Bu bireylerin aynı allelleri yavrulara aktararak hayatta kalma olasılıkları diğer bireyler ile karşılaştırıldığında çok daha yüksektir ve başarılı olmaları durumunda popülasyon daha fazla nesil ile var olmaya devam edecektir (Mace ve Purvis, 2008). Aşırı av baskısına maruz kalan ya da farklı sebeplerden ötürü azalan ve izole olan popülasyonlar için genetik daralma ve soydaş bireylerin çiftleşmesi (inbreeding) kaçınılmazdır. Soydaş bireylerin çiftleşmesi sonucu üretkenliğin, hayatta kalma oranının ve genetik çeşitliliğin azalması, popülasyonu oluşturan bireylerin değişen çevre şartlarına adapte olmasını zorlaştırmaktadır (Keller ve Waller, 2002; Barrett ve Schluter, 2008; Abdul-

Muneer, 2014). Populasyonunun aşırı birey kaybı (genetik kayıplar) ile birlikte tür aynı zamanda belirli bir habitata uyum sağlamış bireylerini de kaybetmiş olur. Bundan dolayı her türün stoklarına özgü koruma ve balıkçılık yönetimi stratejileri geliştirilmelidir. Canlı populasyonlarının ekonomik ve ekolojik önemlerinden dolayı sürekliliklerinin sağlanması için, populasyon içi genetik çeşitliliğin korunması önceliklerimiz arasında olmalıdır.

Son yıllarda denizlerimizde iç tüketimde tercih edilmeyen bazı sucül türler dış pazarlarda iyi alıcı bulunduğundan, işlenerek veya canlı olarak ihraç edilmeye başlanmıştır. Bu türlerden bir tanesi de beyaz kum midyesi olarak bilinen *Chamelea gallina*'dır (Linnaeus, 1758). Ülkemiz karasularında bol miktarda bulunan ve ihracatı ile ülkemiz ekonomisine katkı sağlayan beyaz kum midyesi populasyonlarının genetik yapısı ile ilgili herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Türün genetik çeşitliliğinin ortaya konulması populasyon içi ve populasyonlar arası ilişkilerin derecelerinin belirlenmesi, türün korunması ve sürdürülebilir avcılığın sağlanması açısından önem arz etmektedir.

1.2. *Chamelea gallina*'nın Dağılımı ve Yaşam Alanı

Beyaz kum midyesi, *Chamelea gallina* (Linnaeus, 1758) infralitoral ve sirkalitoral bölgelerin, kumlu ve çamurlu olan zeminlerinde yaşayan infaunal (zemin içinde yaşayan bentik organizma), suyu filtre ederek beslenen bir Venerid türüdür (*Veneridae* familyasına mensup türlere verilen genel isim). Çok geniş bir yayılım alanına sahip olan beyaz kum midyesi, Akdeniz Havzası'nda özellikle Adriyatik Denizi, Fransa, İspanya, Mısır ve Fas Kıyılarında, Kanarya Adası'nı çevreleyen sığ sularda, Karadeniz'in hemen hemen bütün kıyı kesiminde dağılım göstermektedir. Kuzey Denizi'nin Norveç, Almanya, Hollanda ve İngiltere kıyılarında, Atlantik Okyanusu'nun ise İspanya ve Portekiz kıyılarında dağılım gösteren ve günümüze kadar *C. gallina* olarak bilinen tür ise esasen *Chamelea striatula* (da Costa, 1778)'dır. Cebelitarık Boğazı'nın Atlantik Okyanusu ve Akdeniz kıyılarında her iki türe de rastlamak mümkündür (Şekil 1).

Ülkemizi çevreleyen bütün denizlerin sığ derinliklerindeki kumlu zeminlerde *C. gallina*'ya rastlamak mümkündür. Fakat en geniş populasyonlarına Karadeniz ve Marmara Denizi çevresinde rastlanmakta, ticari avcılığı ise özellikle Batı Karadeniz Bölgesi'nde yapılmaktadır (Şekil 1).



Şekil 1. *Chamelea gallina* (Bordo) ve *C. striatula*'nın (Kırmızı) dağılım alanı

1.3. Hayat Döngüsü

Gonokoristik (ayrı eşeyli) bir canlı olan beyaz kum midyesi gonadları üzerinde yürütülen mikroskopik ve histolojik çalışmalar sayesinde türün üreme döngüsü belirlenmiştir (Poggiani vd., 1973). Cinsi olgunluğa ulaşma boyu ve yaşı su sıcaklığı ile ilişkili olup ortalama 20-25 mm boyunda cinsi olgunluğa ulaştığı bilinmesine rağmen (Frogliia, 1989a), 10-15 mm boyları arasında cinsi olgunluğa ulaşan bireylere de rastlamak mümkündür (Corni vd., 1980; Cordisco vd., 2005). Populasyon çalışmalarında örneklenen bireylerin cinsiyet oranları (erkek: dişi) birbirine yakın çıkmaktadır (Valli ve Zecchini Pinesichi 1982; Frogliia 1989a). Fekondite (yumurta verimi) midyenin büyüklüğü ile ilişkilidir. 30 mm'lik bir midye 20 mm'lik bir midyenin yaklaşık 4,5 katı daha fazla yumurta verebilmektedir.

Üreme dönemi yaşadığı bölgenin sıcaklığına göre farklılık göstermektedir. Üreme dönemi nispeten uzun olup, dişi bireyler Nisan ve Ekim ayları arasında yumurtlamaktadır. Akdeniz ve Adriyatik Denizi'nde yaz ve sonbahar aylarında planktonik beyaz kum midyelerine rastlanmaktadır (Carlucci vd., 2015). Karadeniz'de ise beyaz kum midyeleri su sıcaklığının 20°C'ye ulaştığı Haziran-Temmuz ayları arasında üremeye başlamaktadır (Erkan, 2009). Olgun bireylerin su kolonuna bıraktıkları yumurta ve spermilerin dalgalar ve

su hareketleri sonucu birbirleriyle rastgele karşılaşması ile döllenme gerçekleşir. Yumurtadan çıkan larvalar planktonik bir evre geçirir. Bu evrede akıntılar ile geniş bir coğrafyaya dağılırlar ve bunun sonucunda yüksek oranda homogenetik populasyonların oluşması beklenmektedir. Fakat yapılan filocoğrafya ve populasyon genetiği çalışmaları ile planktonik larval evre geçiren türlerin populasyonları arasında genetik kırılmalar oluşabildiği ortaya koyulmuştur.

Populasyonlar arasında oluşan bu genetik kırılmaların; deniz seviyelerinde meydana gelen değişimler, boğazlar gibi doğal bariyerlerin varoluşu ve okyanus akıntı rejimlerinden kaynaklandığı ileri sürülmektedir (Cordeo vd., 2014). Genetik kırılmaları oluşturan bir diğer etmen ise su sıcaklığıdır. Embriyo ve larva aşamalarındaki sıcaklık değişimine karşı tolerans yelpazesi yetişkinlik dönemine nazaran çok daha dardır (Ziadi vd., 2015). Dolayısı ile sıcaklık küresel bazda türlerin dağılımlarını sınırlayabilmektedir. Planktonik *C. gallina* larvaları çoğu midye türünde olduğu gibi 20-30 gün içinde metamorfoz geçirir ve yerleşmeye başlar (Frogli, 1989b). Çoğu midyenin aksine beyaz kum midyeleri kendilerini belirli bir substrata bağlamazlar, kumluk ve çamurlu zeminlerde aktif olarak yatay ve dikey hareket edebilirler. Yatay hareket dikey harekete göre nispeten sınırlıdır.

Chamelea gallina maksimum 50 mm boya ulaşmakta (Arneri vd., 1995) ve 6 yıldan fazla yaşayabilmektedir. Büyüme hızı yaşamının ilk yılında daha hızlıdır ve ticari olarak en çok rağbet gören boy olan 25 mm'ye ortalama 2 yılda ulaşır. Büyüme hızı çevresel şartlara ve populasyonun yoğunluğuna bağlı olarak değişkenlik göstermektedir. Suyu filtre ederek beslenen bu canlıların büyüme hızı özellikle ortamdaki fitoplankton bolluğuna bağlıdır. Frogli (1989b), 10°C'nin altında büyümenin sınırlandığını bildirmiştir. Adriyatik Denizi'nde su sıcaklığında mevsimsel dalgalanmalar olmakta, kışın 7-8°C'ye düşen su sıcaklıklarında büyümenin durduğu, bahar ve yaz aylarında su sıcaklığının 24-25°C'lere yükselmesine paralel olarak fitoplankton miktarının artmasıyla büyümenin devam ettiği ifade edilmektedir. 28°C üzeri sıcaklıklarda ise solunum için harcanan enerjinin artması sonucu büyümenin yavaşladığı bildirilmiştir (Ramon vd., 1992).

Büyüme hızını etkileyen bir diğer faktör ise av baskısıdır. Karadeniz'de beyaz kum midyesi avcılığının hidrolik direç ile yapıldığı bölgelerdeki bireylerin büyüme hızlarının, avcılık yapılmayan bölgelerdeki bireylere göre daha yavaş olduğu bildirilmiştir (Dalgıç vd., 2010).

1.4. Morfoloji

Beyaz kum midyelerinin kabukları genellikle grimsi veya açık kahverengimsi renktedir (Şekil 2). Kabuklarının üzerinde beyazdan menekşeye kadar değişen ışınal bantlar ve çok sayıda spiral çizgiler bulunur. Kabuklarının iç kısmında, mor, sarımsı beyaz ve beyaz renkler görülür. Kabuk iç yüzeyinin bazı bölümlerinde menekşe renginde lekeler görmek mümkündür. Kabukları üçgenimsi ve oval bir yapıdadır (Artüz, 1994). Kabukların kenar kısımları ise ince ve keskindir. Yetişkinlerin ortalama boyu 25-35 mm aralığında olup, 50 mm'ye kadar büyüeyebilen bireylerin varlığı tespit edilmiştir. Ortalama ömürleri 6-8 yıl olup, 12'yle kadar yaşayabilmektedirler (Çolakoğlu ve Tokaç, 2010; Dalgıç, 2006). Kabuk menteşesinde üç kardinal diş bulunur. Bu kardinal dişler aynı zamanda *Veneridae* familyasına mensup bireylerin karakteristik özelliğidir (Mikkelsen vd., 2006). Birkaç istisna dışında aynı cinse veya alt aileye mensup diğer türler ile benzer mikro kabuk yapılarına sahiptirler. Diğer birçok kabuk özelliği tür içi ve türler arasında farklılık göstermektedir (Mikkelsen vd., 2006). Kabuk biometrisinde gözlenen farklılıkların temel nedeni ise çevresel faktörlerdir (Fuiman vd., 1999; Watson vd., 2012). Farklı habitatlara adapte olmuş olsalar da yumuşak dokuları morfolojik olarak birbirleri ile kıyaslandığında farklılığın çok az olduğu görülmektedir (Canapa vd., 2003). Beyaz kum midyelerinin kabukları CaCO_3 'dan oluşmaktadır. Tür içi kabuk morfolojisi zemin topografisine, sedimentin özelliğine, suyun pH ve sıcaklığına göre değişiklik gösterebilmektedir (Gizzi vd., 2016).



Şekil 2. *Chamelea gallina* kabuğunun dış görünümü

1.5. Avcılık

Beyaz kum midyesinin dünya geneli üretim miktarları diğer su ürünlerine nazaran az olmasına rağmen, İtalya, İspanya ve Portekiz başta olmak üzere Avrupa ülkelerinde rağbet gören, ekonomik değeri yüksek bir deniz ürünüdür. 2001-2015 yılları arasında Avrupa’da toplam 393.000 ton civarı beyaz kum midyesi avlanmıştır. Avcılığı en çok İtalya, İspanya ve Portekiz tarafından yapılmaktadır. İtalya’nın 1980’li yılların başlarında yıllık 100.000 ton olan beyaz kum midyesi avcılığı (Frogli, 1989), artan av baskısı ile git gide azalmıştır. Son verilere göre yıllık yaklaşık 14.000 ton kum midyesi avlanmakta ve toplam değeri 32 milyon Euro olarak belirtilmektedir (Scarcella ve Cabanelas, 2016). Avrupa’da en yoğun beyaz kum midyesi avcılığı Adriyatik Denizi’nde yapılmaktadır. Avrupa ülkelerinde beyaz kum midyesi için yasal av boyu minimum 25 mm’dir. (Gizzi vd., 2016).

Ülkemizde halk arasında “cik cik” olarak adlandırılan beyaz kum midyesi avcılığının en yoğun yapıldığı bölge Batı Karadeniz Bölgesi’dir. 4/1 Numaralı Ticari Amaçlı Su Ürünlerini Düzenleyen Tebliğ’e göre (Tebliğ No: 2016/35) Marmara Denizi, Boğazlar ve Ordu-Gürcistan sınırı arasında kalan karasularımızda ve 0-5 metre derinlikleri arasında avcılığı yasaktır.

Beyaz kum midyesi stoklarının yönetiminde, iki yıl avcılık yapılan sahanın avcılığa kapatılıp, farklı bir sahanın avcılığa açılması şeklinde bir uygulama mevcuttur. Minimum avlanabilir boy ise 17 mm olarak belirlenmiştir. Avcılığı genel olarak hidrolik direç ile yapılmaktadır. Beyaz kum midyeleri 17 mm boya yaklaşık 1 senede, en çok rağbet gören boy olan 25 mm’ye ise yaklaşık 2 senede ulaşmaktadır. Ülkemizde üretilen ürünün neredeyse tamamı İtalya, İspanya ve Portekiz başta olmak üzere Avrupa ülkelerine, taze, dondurulmuş veya işlenmiş olarak ihraç edilmektedir.

2010 yılında ülkemizdeki beyaz kum midyesi avcılığı 26.931 ton ile dünya beyaz kum midyesi avcılığında İtalya’dan sonra ikinci sırada yer alırken, 2013 yılında avlanan 28.000 ton ile en fazla üretim yapan ülke olmuştur. Ayrıca bu türün avcılığı ülkemiz kabuklu deniz canlıları üretiminin yaklaşık %64’ünü oluşturmaktadır (TUİK, 2013). FAO verilerine göre 2004-2013 yılları arasında dünya genelinde yıllık ortalama 60.000 ton beyaz kum midyesi avlanmıştır. Avcılığı ise en fazla Türkiye (33.000 ton) ve İtalya (22.000 ton) tarafından yapılmıştır.

1.6. Taksonomik Durum

Beyaz Kum Midyesi (*Chamelea gallina*) *Veneridae* familyasına mensup çift kabuklu (Bivalvia) bir yumuşakçadır (Mollusca). *Veneridae*, okyanus ve denizlerin kıyısal bölgelerinde dağılım gösteren, yaklaşık 170 cinse ait 800'den fazla tür ile temsil edilen çift kabuklu yumuşakçaların en zengin familyalarından bir tanesidir. Veneridler birçok farklı habitata uyum sağlamış kozmopolit canlılardır (Mikkelsen, 2006). Genel olarak ılıman ve tropik denizlerin sığ, kumlu ve/veya çamurlu kıyı kesimlerinde dağılım gösterebilirler de resiflerde, lagünlerde, mangrov ormanlarında, acı sularda ve derin denizlerde yaşayan türleri de mevcuttur (Kondo, 1998). Kabuk boyları genel olarak 4 ile 100 mm arasında değişmektedir. Bu familyaya mensup bazı türler yüksek ticari değere sahiptir.

Tarihsel sürece bakıldığında Venerid türlerinin sınıflandırılmasındaki karışıklık dikkat çekmektedir. Zaman içerisinde birçok familya-grup taksonu eklenmiş ve çeşitli sınıflandırma şemalarında kullanılmıştır. Çift kabuklular üzerine yapılan modern filogenetik çalışmalar morfolojik özelliklerin sistematik sınıflandırmada yetersiz kaldığını göstermiş, bunun neticesinde birçok taksonomik değişiklik ve düzenleme yapılmıştır (Graf, 2000; Lydeard vd., 2000). Örneğin *Venus* (Linnaeus, 1758) cinsi içerisinde geçmişte 34 tür tanımlanmışken, yapılan revizyon çalışmaları ile beyaz kum midyesinin de dâhil olduğu sadece 24 *Venus* cinsine ait tür Modern *Veneridae* (Dodge, 1952) familyanın içine dahil edilmiştir (Palmer vd., 2004). Carl Linnaeus *Venus* cinsinin çok kapsamlı olduğunu düşünerek bazı türleri ayırıp, kitabının sonraki baskısında buna yer vermek istemişse de, bu kitap hiç yazılmamıştır. Keen (1969), günümüzde de kullanılan en geniş kapsamlı sınıflandırmayı yapmış, 12 alt familya ile *Veneridae*'yi *Veneroidea* üstfamilyası altında tanımlamıştır. "Treatise on invertebrate paleontology" kitabında yer verdiği bu çalışmada 12 venerid alt türünü morfolojik özelliklerini dikkate alarak sınıflandırmıştır. Günümüzde kabul gören en geniş sınıflandırma olmuştur. Bazı alternatif altfamilya düzenlemeleri de birkaç günümüz bilim adamı tarafından gerçekleştirilmiş fakat pek fazla kabul görmemiştir (Hikida, 1996; Shimamoto, 1996). Farklı çift kabuklu taksonlarında yapılan modern filogenetik çalışmalar, morfolojik özelliklerin her zaman geniş kabul gören sınıflandırmaları desteklemediğini gözler önüne sermiştir (Graf, 2000; Lydeard vd., 2000).

Veneridae familyası mensubu türler, morfolojik farklılıkların canlıların sınıflandırılmasında yetersiz kaldığının en güzel göstergelerinden bir tanesidir. Türler arasında belirgin bir morfolojik farklılığın olmadığı durumlar için önerilebilecek en iyi

çözüm moleküler analizlerdir. Harte (1998), morfolojik farklılıklara göre venerid altfamilyalarını desenliler (*Chioninae*, *Gemminae*, *Samarangiinae*, *Veneriae*) ve silik desenliler (*Clementiinae*, *Dosiniinae*, *Metetricinae*, *Pitarinae*, *Sunnettinae*) olmak üzere ikiye ayırmıştır. Desenliler grubunda bulunanlarda belirgin yüzey desenleri, tırtıklı kabuk kenarları, hafifçe belirgin ya da belirgin olmayan anterior dişler gibi ortak özellikler olduğunu savunurken zayıf desenlilerde ise silik yüzey desenleri, pürüzsüz kabuk kenarları ve belirgin anterior lateral diş gibi ortak özelliklerin bulunduğunu belirtmiştir. Yapılan bu çatalanma için gösterilebilecek birçok istisnai durum söz konusudur. Örneğin *Gemminae* alt familyasına mensup canlılarının kabukları pürüzsüz, *Sunnettinae*'lerin kabuk kenarları tırtıklı, *Dosiniinae* ve *Clementiinae*'lerin ise hafifi belirgin ya da belirgin olmayan lateral dişleri vardır. *Cyclininae*, *Gouldiinae* ve *Tapetinae* alt familyaları ise Harte (1998), tarafından kategorize edilen özelliklerin bir karışımını sergilemekte ve ortaya atılan iki gruba da uymamaktadır. Belki bahsedilen özellikler, bu canlıların doğal avcılarına karşı kazanılan bir ekofenotipik adaptasyondur ve bu sayede bu denli farklı özellikler ortaya çıkmaktadır. İyi gelişmiş bir yalial boşlukla sedimentin daha derin kısımlarına inilebilir, kabarık kabuk yüzey desenleri ile daha sabit kalınabilir ve tırtıklı kabuk kenarları ile çift kabuk çok daha iyi kapanabilir. Morfolojik çakışmalar veneridlerin filogenetik yapısının ortaya çıkarılmasının önündeki en önemli engellerden biridir. Belirgin bir morfolojik sinapomorfinin olmadığı durumlar için tek çözüm moleküler analizlerdir (Garcia-Souto vd., 2017).

Beyaz kum midyesi ilk olarak Akdeniz'de tanımlanıp *Venus gallina* olarak isimlendirilmiş, fakat daha sonra *Chamelea gallina* (Linnaeus, 1758) olarak değiştirilmiştir. *C. gallina* (Linnaeus, 1758) ve *C. striatula* (da Costa, 1778) *Chamelea* cinsine (Mörch, 1853) dahil olan yegane türlerdir. Bu taksonların yüksek ekonomik değer ve ticaret hacmine sahip olmalarına rağmen taksonomik durumları uzun yıllar tartışma konusu olmuştur. Taksonomik kargaşanın başlıca nedeni kısmen farklı kabuk ve sifon karakterlerinin tür tayininde kullanılmaya çalışılmasıdır. *Chamelea striatula*, sivri ve kabarık kabuk yapısı ve uzun sifon karakteri ile *C. gallina*'dan ayırt edilmektedir (Backeljau vd., 1994). Ayrıca *C. striatula* yalnızca Atlantik Okyanusu'nda dağılım göstermektedir (Rufino vd., 2006). Kabuk ve sifon morfolojisine dayanılarak, *C. striatula* ve *C. gallina* tek bir polimotfik türün, coğrafik olarak izole edilmiş iki alttürü veya iki farklı türün üyeleri olarak düşünülmüştür. Geometrik yöntemler (Rufino vd., 2006) ve kabuk şekil analizleri (Palmer vd., 2004) bazı *C. gallina* örneklerinin orijinini doğru olarak tahmin edebiliyor *C. gallina*'nın *C. striatula*'dan

ayırt edilmesinde yardımcı olsa da tür ayırımında kullanılabilir morfolojik farklılıkların yetersizliğinden dolayı çift kabuklular sınıfının bireyleri arasındaki taksonomik sınırların morfolojik yöntemlerle belirlenmesi çok zordur (Chen vd., 2011).

Chamelea striatula ve *C. gallina*'yı ayırt etmek için uygulanan genetik çalışmaların eksikliği de var olan belirsizlik durumuna katkıda bulunmuştur. Portekiz'in güney kıyılarında hem *C. gallina*, hem de *C. striatula*'nın bulunduğu midye yataklarından toplanan örneklerde, yedi polimorfik enzim kullanılarak taksonlar arası genetik mesafe belirlenmiş ve iki farklı tür oldukları ilk defa genetik analiz ile desteklenmiştir. Çalışma sonucunda ayrıca *C. gallina* ve *C. striatula*'nın arasında gen akışı olmadığı, yani üreme izolasyonuna sahip olduğu ve biyolojik tür tanımına göre de bu iki canlının farklı iki tür olduğu ileri sürülmüştür (Backeljau vd., 1994). Benzer şekilde Garcia-Souto vd. (2017), yürüttükleri sitogenetik ve moleküler analizler ile *C. gallina* ile *C. striatula*'nın farklı türler olduklarını belirlemiştir. *C. gallina* ve *C. striatula*'nın güncel taksonomik durumu Tablo 1'de belirtilmiştir.

Tablo 1. *Chamelea gallina* ve *C. striatula*'nın sistematik durumu

Şube	Mollusca
Sınıf	Bivalvia
Alt sınıf	Heterodonta
İnfrac sınıf	Euheterodonta
Üst takım	Imparidentia
Takım	Veneroidea
Üst familya	Veneroidea
Familya	Veneridae
Cins	<i>Chamelea</i>
Tür	<i>Chamelea gallina</i> (Linnaeus, 1758)
Tür	<i>Chamelea striatula</i> (da Costa, 1778)

1.7. Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesinde Kullanılan Belirteçler

Genetik çeşitlilik, 1960'lı yılların öncesinde canlıların üreme özelliklerinin ve fenotipik varyasyonların incelenmesi ile ya da saflaştırılmış proteinlerin tavşanlara enjekte edilip antijen-antikor reaksiyonlarının incelenmesi ile belirlenmekteydi. Yabancı popülasyonların genetik varyasyonlarının belirlenmesi ve takibinde her iki yöntem de yetersizdi. 1960'lı yıllarda protein elektroforez yönteminin geliştirilmesi ile birlikte ilk defa doğrudan ve kolay bir şekilde genetik çeşitlilik ölçülebilmeye başlandı. Bu yöntemin en

büyük dezavantajlarından birisi analiz için hedef türün protein bakımından zengin dokularına ihtiyaç duyulmasından dolayı, doku eldesi için canlının öldürülmesinin gerekmesidir. Moleküler biyolojide asıl devrimsel gelişim 1980'li yıllarda geliştirilen, DNA'nın doğrudan analiz edildiği polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) oldu. PZR için gerekli olan genetik örnekler yabani hayvanları öldürmeden ve yaşamsal faaliyetlerini olumsuz etkilemeden alınabilmektedir.

DNA tabanlı yöntemlerin kullanılmasının önemli bir avantajı, bireylerin ve popülasyonların tanımlanabilmesidir. Bir diğer avantaj ise PZR'nin düşük kalitedeki veya az miktardaki örnekler ile bile genetik özellikleri belirleyebilecek kadar hassas olmasıdır. Bu sayede antik müze materyallerinin, hatta fosil örneklerinin bile analizi yapılabilmektedir (Cano vd., 1993). Ayrıca DNA saç, tüy, dışkı, idrar, kan, kulak kiri, tırnak, yumurta kabuğu gibi örneklerden kolaylıkla saflaştırılabilmektedir (Morin ve Woodruff, 1996; Taberlet vd., 1996).

Genetik varyasyonun belirlenmesinde yaygın olarak kullanılan temel moleküler belirteçler arasında minisatelitler, restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP), rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD), çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP), tek nükleotit polimorfizm (SNP), mitokondriyal DNA (mtDNA) ve mikrosatelitler bulunmaktadır.

1.7.1. Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi

Restriksiyon parça uzunluk polimorfizm (RFLP) belirteçleri kesim enzimlerinin DNA üzerindeki tanıdığı 4-8 baz çiftinden (Bç) oluşan kalıp DNA'yı kesmesi ile oluşturulur. Bireylerin DNA dizilerindeki farklılıklardan dolayı DNA kesim enzimi ile kesildiklerinde farklı parçalar elde edilebilir. Aynı DNA segmentinde bazı bireylerin tek kesim bölgesi (restriction site) varken diğerlerinin iki veya üç kesim bölgesi olabilir. mtDNA gibi dairesel DNA molekülü tek bir kesim bölgesinden kesildiğinde bir DNA parçası oluşur. DNA'nın kesim enzimi ile kesilmesinden sonra oluşan DNA parçalarına fragment denilmektedir. Fragmentler jel elektroforezinde yürütülerek boylarına göre ayrılır; kısa fragmentler jel üzerinde daha hızlı, uzun fragmentler ise daha yavaş ilerler. Belirli bir enzimle elde edilen DNA fragmentleri eğer bir tür için karakteristik ise, tür bazında tanımlama yapmak için kullanılabilir. RFLP fragment sayısındaki varyasyon yalnızca kesim bölgesindeki

mutasyondan kaynaklıdır. Kesim bölgesi dışında kalan dizi üzerindeki türler arası olası bir farklılık bu yöntem ile belirlenemez.

1.7.2. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA

Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD) yöntemi genellikle 10 bazdan oluşan primer çifti kullanılarak PZR ile rastgele DNA'nın çoğaltıldığı bir yöntemdir. Bu yöntemde ne hedef DNA bölgesi ne de hedef gen bölgesi vardır (Bardakçı, 2001). PZR sonucu oluşan fragment yapısının, DNA kalitesine, uygulanan PZR protokolüne, kullanılan polimeraz enzimine bağlı olarak değişim göstermesi bu teknik açısından önemli bir sorun oluşturmaktadır. Genetik haritalama ve populasyonlar arası farklılıkların belirlenmesinde kullanılmaktadır.

1.7.3. Minisatelitler

Minisatelitler yirmi ile birkaç yüz baz uzunluğundaki tekrar dizilerinden oluşurlar. Minisatelitlerin varlığı Jeffreys vd. (1985) tarafından keşfedilmiş ve adli tıp vakalarında DNA parmak izi analizlerinde kullanılmaya başlanmıştır. Mikrosatelitler yaygınlaşmadan önce minisatelitler farklı hayvan türleri üzerine yürütülen ebeveyn analizleri ve tür teşhisinde kullanılmıştır.

1.7.4. Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi

Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP) yöntemi kesim enzimleri ile kesilmiş DNA fragmentlerinin PZR ile çoğaltılmasıdır. Bu yöntemin en büyük avantajı türün DNA dizisi ile ilgili bilgiye gerek duymadan hızlı bir şekilde birçok polimorfik belirtecin geliştirilmesine olanak sağlamasıdır. AFLP sistematik, populasyon genetiği, ebeveyn analizi ve genetik haritalandırma için kullanıma uygundur.

1.7.5. Tek Nükleotit Polimorfizm

Tek nükleotit polimorfizmi (SNP) genom üzerinde en çok bulunan polimorfizm tipi olup, birçok canlı türünde her 200-500 baz çiftinde bir meydana gelmektedir (Brumfield vd., 2003; Morin vd., 2004). SNP bir primidin (C ve T) nükleotitinin diğer bir primidin nükleotiti ile değişimi ya da bir pürin nükleotitinin (A ve G) diğer bir pürin nükleotiti ile değişimi (transition) olabileceği gibi, bir purin nükleotitinin primidin nükleotitine veya bir primidin nükleotitinin bir primidin nükleotiti ile değişimi (transversiyon) şeklinde de oluşabilmektedir. SNP belirteçlerinin çoğu nötr (neutral) belirteçler olup canlının fenotipik özelliklerini ve yaşamsal faaliyetlerini etkilemezler fakat bireyler arası genetik ilişkinin, gen akışının ve populasyon yapısının belirlenmesi için kullanışlıdır.

1.7.6. Mitokondriyal DNA

Mitokondri ökaryotik hücrelerin enerji ileten organeli olup metabolitlerin oksidatif fosforilasyon ile ATP'ye dönüştüğü, kullanılabilir enerjiyi üreten organelidir. Mitokondrinin kendine özgü DNA'sı vardır ve mitokondriyal DNA (mtDNA) olarak isimlendirilir. Ökaryotların çoğundaki mtDNA; çift zincirli, halkasal yapıdadır ve yarı korunumlu (semikonservatif) olarak kendini eşler. mtDNA'nın haploid olmasından dolayı heterozigotluk ölçülemez. Nükleer DNA'nın aksine mitokondri içerisinde birbirinin aynı olan birçok mtDNA kopyası bulunmaktadır (Taanman, 1999). Ayrıca genel olarak birkaç istisna hariç ökaryotlarda mtDNA anneden gelmektedir. Pek çok hayvanda mtDNA yaklaşık 17000 baz çifti (16-18kb) büyüklüğündedir ve hücre içerisinde kopyaları bulunmaktadır. Baz çifti uzunluğu olarak kısa olması ve hücrede çoklu kopyalar halinde bulunmasından dolayı az miktarda veya düşük kalitedeki örneklerden bile mtDNA kolaylıkla saflaştırılabilmektedir. Bu özelliğinden dolayı ilk yapılan genom dizileme projelerinde kullanılmış ve günümüzde birçok canlının mtDNA nükleotit dizi analizi yapılmıştır. mtDNA'nın yapısı ve üzerindeki genlerin organizasyonu korunumludur (Wolstenholme, 1992).

mtDNA, tüm canlılarda ortak kökenli olmasına rağmen genom boyutu, gen içeriği ve dizilimi canlılar arasında değişiklik göstermektedir. Memelilerin mtDNA'sı ortalama 16,6 kb uzunluğunda olup, 13 protein, 22 transfer RNA (tRNA) ve 2 ribozomal RNA (rRNA; 12S ve 16S) kodlayan genler, DNA replikasyonu ve RNA transkripsiyonu için başlangıç kabul

edilen kodlama yapmayan gen bölgelerini içerir (Beaumont, 2010). DNA zincirlerin barındırdığı G+T bazlarının oranına göre zincirler arasında yoğunluk farkı olup, zincirler “ağır” ve “hafif” olarak isimlendirilmektedir (Kasamatsu ve Vinograd, 1974).

Nükleer DNA’ya kıyasla çok daha kısa oluşu, sadece mutasyonla değişim gösteriyor olması, mayoz bölünme geçirmemiş olması ve mutasyonların takip edilip filogenetik soy ağacı oluşturmaya imkân sağlamasından dolayı mtDNA taksonomik çalışmalar için kullanıma uygundur. Ayrıca soy takibi, hibridizasyon ve populasyondaki azalmaları belirlemek için kullanışlı, hassas bir belirteçtir.

Uzun süre boyunca mtDNA’nın yalnızca anneden yavruya aktarıldığı kabul görmüştür. Bir memeli sperm hücresinde mtDNA kopya sayısı çok düşük iken (50-75), oositte ise aşırı derecede fazladır (>105) (Michaels vd., 1982) Dolayısıyla genetik analiz yöntemlerinin yetersizliğinden dolayı atasal mtDNA kalıtımı tespit edilememiştir. Teknolojik ilerlemeler ve PZR yönteminin keşfi ile düşük seviyede olan atasal mtDNA’nın varlığı meyve sinekleri ve farelerde pronükleus aşamasında tespit edilmiştir. Ökaryotik canlıların, özellikle de memelilerin çoğunda spermde bulunan mtDNA dölleme esnasında oosite aktarılsa da fare ve inek üzerinde yapılan çalışmalarda spermden geçen mtDNA’nın embriyogenesis basamağının başlangıcında kaybolduğu belirlenmiştir (Kaneda vd., 1995; Sutovsky vd., 1996). Fakat bazı midye türlerinde daha kompleks bir mtDNA aktarımı gözlenmiştir (Zouros vd., 1994). Dişi midyeler normalde mtDNA bakımından homoplasmik bir yapı göstermektedir ve bu dişi tipi (F-tipi) mtDNA hem dişi yavruya hem de erkek yavruya aktarılmaktadır. Bunun aksine erkek bireyler ise iki tip mtDNA (M-tipi ve F-tipi) barındıran heteroplasmik bir yapıdadır. Erkek bireyler kalıtsal olarak F-tipi mtDNA’yı annelerinden alıp yavrularına aktarmazken, babalarından aldıkları M-tipi mtDNA’yı sperm ile yavrularına aktarırlar. Tipik bir yetişkin erkeğin somatik hücreleri F-tipi mtDNA barındırırken, gonadlarında ise M-tipi mtDNA baskındır. Bunun dışında bazı istisnai durumlar da mevcuttur. Nadir olarak erkek bireylerin anasal ve atasal genomlarının her ikisinde de F-tipi mtDNA olduğu gözlenmiştir. Ayrıca bazı yetişkin dişi bireylerin çeşitli organlarında da nadiren M-tipi mtDNA tespit edilmiştir. Anasal ve atasal mtDNA’nın her birinin ayrı ayrı oluşan bireylere aktarımı cinsiyetle ilişkili olarak iki farklı mtDNA soyunun oluşmasına sebep olmakta ve bu durum *Mytilus* türü midyelerde %10-20’lik dizi uyumsuzluğuna sebep olmaktadır. Midyelerde, mtDNA’nın farklı iki soyun ilerlemesine sebep olacak şekilde aktarımına çift ebeveynsel kalıtım (Doubly uniparental inheritance, DUI) denmektedir (Zouros vd., 1994). Bu durumun varlığı *Veneridae* familyası da dahil

birkaç çift kabuklu familyasına mensup türlerde kanıtlanmıştır. *C. gallina* ve *C. striatula* türlerinde ise çift ebeveynsel katılım olduğuna dair bir bilgi yoktur.

1.7.7. Mikrosatelitler

Mikrosatelitler dünya genelinde yaygın olarak kullanılan DNA belirteçlerinden biri olup, genom haritalandırması, moleküler ekoloji ve canlı kaynakların korunması ile ilgili çalışmalarda kullanılmaktadır. Mikrosatelit belirteçlerin varlığı 1980’li yılların sonunda keşfedilmiştir (Schlötterer 1998). Basit dizi tekrarları (Simple sequence repeats) olarak da bilinen mikrosatelitlerin tekrar eden dizileri genellikle çok basit olup, çoğunlukla iki, üç veya dört nükleotit tekrarından oluşur. Bunlara sırasıyla di-, tri-, ve tetranükleotit tekrarları denilmektedir. Örneğin; “ATGATGATGATGATG” dizilimi kısaca (ATG)_n olarak ifade edilir ve “n” sayısı kesintisiz ve sıralı olan tekrar miktarını gösterir. Polimorfik bir lokustaki tekrar sayısı genellikle 5-100 tekrar arasındadır.

Günümüze kadar üzerinde çalışılan bütün ökaryotik canlılarda mikrosatelit bölgelerinin varlığı kanıtlanmıştır. Balıkların genomları üzerinde her 10 kb’da en az bir mikrosatelit bölgesi bulunduğu tespit edilmiştir (Wright, 1993). Mikrosatelitler bütün kromozomlarda eşit şekilde dağılmış halde, gen kodlayan ve kodlamayan bölgelerde bulunur (Liu ve Cordes, 2004). Mikrosatelit belirteçler hem bir canlı türünün farklı bireyleri arasında, hem de farklı türler arasında yüksek derecede polimorfizm (çok biçimlilik) gösterirler. Ayrıca nesli tehlikede olan veya popülasyon sayısı çok düşük olan türlerde bile çoğu zaman yüksek derecede polimorfizm gösterebilmektedir. Yüksek seviyedeki polimorfizm, temel olarak DNA çoğalması sırasındaki kaymalardan dolayı oluşan mutasyondan kaynaklanmaktadır (Ellegren, 2000). Mikrosatelit bölgelerinde oluşan mutasyonlar genel olarak tekrar sayısında değişime neden olmaktadır. Mutasyon oranı ise 1000-10000 mayoz bölünmede bir, farklı bir deyişle her nesilde 10^{-3} - 10^{-4} oranındadır. Yüksek mutasyon oranının mikrosatelitlerde heterozigotluk ve allel çeşitliliğinin, alloenzimler gibi diğer belirteçlere göre daha yüksek olmasına neden olduğu bilinmektedir.

Mikrosatelitler mtDNA gen bölgelerinin aksine, kalıtım bakımından eş baskınlık göstermektedir. Mikrosatelit bölgesinde diğer bütün DNA belirteçlerinden daha fazla miktarda allel bulunmaktadır. Bu yüzden mikrosatelitler sucul canlı türleri üzerine yapılan genom haritası çıkarma, ebeveyn tayini, akrabalık, stok yapısı ve popülasyon genetiği ile ilgili çalışmalarda en yaygın olarak kullanılan DNA belirteçlerinden bir tanesi olmuştur (Liu

and Cordes, 2004). Populasyon genetiği çalışmalarında özellikle birbirleriyle ilişkili olan populasyonlar veya belirli bir coğrafik alanda dağılım gösteren populasyonlar üzerine yapılan çalışmalarda mikrosatelit kullanılmaktadır (Wright ve Bentzen, 1994; Estoup vd., 1998).

Mikrosatelit lokusları PZR ile çoğaltılır ve jel elektroforezi ile görüntülenir. Elde edilen PZR fragmentleri, tekrar motif sayısının farklılığından kaynaklı değişen dizi uzunluklarına göre birbirlerinden ayırt edilir. PZR ürünlerinin dizi uzunlukları lokusa ve primerlerin pozisyonuna bağlı olup, genellikle 75-300 bp uzunluğundadır. Birden fazla mikrosatelit lokusu tek bir tüp içerisinde çoklu PZR (Multiplex PZR, MPZR) ile aynı anda çoğaltılabilmektedir. Bu yöntemde her bir primer çiftinden ileri veya geri yönlü primer floresan boya ile işaretlenir ve bu işaretleme fragment analiz cihazı ile her bir lokusu tanımlamaya olanak sağlar. Lakin uygun MPZR şartlarını ayarlamak zaman gerektiren bir süreçtir. Çoğu zaman PZR primerlerinin tekrar tasarlanması gerekir.

Primer bağlanma bölgeleri korunumlu bölgeler olduğundan, bir canlı türü için tasarlanan primer çifti, o canlıya genetik olarak yakın farklı bir türde de kullanılabilir. Örneğin ineklerde kullanılmak için tasarlanan mikrosatelit primerlerinin yaklaşık %50'si yaban keçisi ve yaban koyunlarına da uyumludur (Maudet vd., 2001). İneklerde yaklaşık 3.500 farklı mikrosatelit bölgesinin varlığı belirlenmiştir. Dolayısıyla, bu bölgelerden diğer toynaklı hayvanlar için kullanılacak polimorfik mikrosatelit belirteçler elde edilebilmektedir. Bir diğer deyişle her bir tür için genom haritası yaparak hem para hem de zaman harcamanın önüne geçilebilmektedir. Benzer belirteç transferi salmonidlerde, primatlarda ve çift kabuklu yumuşakçalarda da uygulanabilir.

1.8. Önceki Çalışmalar

Veneridae, yumuşakçalar şubesinin okyanus ve denizlerin kıyısal bölgelerinde dağılım gösteren, 800'den fazla tür ile temsil edilen çift kabuklu yumuşakçaların en zengin familyalarından bir tanesidir. Bu familyaya dahil olan türlere Venerid türler denilmektedir. Ilıman ve tropik sularda dağılım gösteren bu kozmopolit canlıların, beyaz kum midyesinin de dâhil olduğu, bazı türleri yüksek ticari değere sahiptir (Kappner ve Bieler, 2006). Genel olarak kumlu ve çamurlu habitatlarda yaşasalar da resiflerde, lagünlerde mangrov ormanlarında ve derin denizlerde yaşayan türleri de mevcuttur. Birçok farklı habitata uyum sağlayıp geniş bir dağılım göstermelerine rağmen *Veneridae* familyasındaki türler birbirleri

ile karşılaştırıldığında özellikle yumuşak dokuları arasında çok az morfolojik farklılıklar bulunmaktadır. Bu da morfolojik olarak türleri birbirinden ayırmayı zorlaştırmaktadır (Palmer vd., 2004).

Canapa vd. (2003) 16S rRNA geninin analizi ile *Veneridae* familyasındaki türlerin ilk ve en kapsamlı filogenetik analizini yapmıştır. Yapılan çalışmada *C. gallina*'da dahil olmak üzere 14 venerid taksonuna yer verilmiştir. Çalışma neticesinde morfolojik sınıflandırmaya göre 11 alt familyaya ayrılan taksonların 6'sında farklılık belirlenmiş ve filogenetik durum güncellemesi yapılmıştır. Kappner ve Bieler (2006)'da benzer şekilde *Veneridae* familyasına mensup taksonların nükleer ve mitokondriyal belirteçler ile filogenetik yapısını incelemiştir. Moleküler bulgular ışığında bazı taksonların filogenetik durum güncellemesi yapılmıştır.

Mikkelsen vd. (2006) *C. gallina*'nın da dahil olduğu *Veneridae* familyasının morfolojik ve moleküler filogenetik analizini yapmıştır. 800'den fazla türle temsil edilen bu familyanın çoğunluğunu kapsayabilmek adına, farklı türler doğadan örneklenmiş, ayrıca müze materyallerinden ve GenBank veri tabanındaki dizilerden de faydalanılmıştır. Moleküler filogenetik analizde mtDNA'nın 16S, COI, 28S ve H3 gen bölgeleri kullanılmış ve filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. Morfolojik analizlerde ise 23 farklı morfometrik ve meristik karakter incelenmiştir. Morfolojik analizler sonucunda *Veneridae* familyasındaki türler arasında yeterli düzeyde morfolojik farklılık olmadığından tür tayini için morfolojik karakterlerin yetersiz olduğu belirtilmiştir.

Ekonomik olarak önemli bir tür olmasından dolayı *C. gallina* birçok araştırmaya konu olmuştur. Palmer vd. (2004) Akdeniz ve Adriyatik Denizi'nin farklı coğrafik bölgelerinden örnekledikleri *C. gallina* bireylerinin kabuk şekillerinin varyasyon gösterip göstermediklerini incelemiş ve İspanya ile İtalya'dan örneklenen bireylerin farklı kabuk şekillerine sahip olduğunu belirtmiştir.

Espineira vd. (2009), ticari değeri olan çift kabuklu yumuşakçaların genetik tür teşhisi için yöntem geliştirmiştir. Çalışmada dünyanın farklı yerlerinden örneklenen toplam 53 farklı türün 18S rRNA gen bölgesinin dizi analizi yapılmıştır.

Chamelea gallina ve *C. striatula*'nın sistematik durumu, dağılım alanları ve popülasyonlarının genetik yapısı ile ilgili öncül nitelikte kapsamlı bir çalışma Backeljau vd. (1994) tarafından yapılmıştır. Dikey poliakrilamid jel elektroforez yöntemi (PAGE) ile müze materyallerde ve kendi örneklemeleri ile temin ettikleri bireylerdeki yedi polimorfik enzimi incelenmiştir. Çalışma sonunda Güney Portekiz kıyılarında iki türün karışım popülasyonu olduğu ifade edilmiştir. Karışım popülasyonunun genotipik frekansların Hardy-Weinberg

dengesinden saptığı belirlenmiş ve sebebi Wahlund etkisine atfedilmiştir. Oluşturulan UPGMA dendrogramında *C. gallina* ve *C. striatula*'nın kendi içlerinde kümelendiği ve aralarındaki genetik mesafenin yüksek olduğu belirlenmiştir (D=1.138). Bulgular ışığında *C. gallina* ve *C. striatula* arasında üreme izolasyonu olduğu ve biyolojik olarak farklı türler oldukları belirlenmiş, ayrıca iki türün dağılım haritası oluşturulmuştur.

Chamelea gallina ve *C. striatula*'nın taksonomik durumu ile ilgili belirsizlikleri ortadan kaldıracak bir çalışma ise Garcia-Souto vd. (2017) tarafından moleküler sitogenetik ve filogenetik yaklaşımlar kullanılarak yürütülmüştür. Atlantik Okyanusu, Batı Akdeniz ve Adriyatik Denizi'ndeki toplam 4 farklı istasyondan toplanan bireylerin 5S ve 28S rRNA ve H3 histon gen problemleri oluşturularak kromozom üzerindeki bölgeleri belirlenmiştir. Ayrıca COI, 16S rRNA ve ITS2 belirteçleri ile populasyonlar arası nükleotit farklılıklar ve genetik mesafe belirlenerek filogenetik ağaç çizilmiştir. Çalışma sonucunda *C. gallina* ve *C. striatula* bireylerinin kromozom üzerindeki gen bölgelerinde farklılık olduğu ve filogenetik analiz sonucunda da iki türün farklı şekilde kümelendiği ve iki farklı tür oldukları tespit edilmiştir. Ek olarak, Atlantik Okyanusu'nda yaşayan bireylerin tamamının *C. striatula* türüne ait olduğunu, Cebelitarık Boğazı'nın her iki yakasında iki türe ait karışık populasyonların bulunduğunu, Akdeniz, Adriyatik Denizi ve Karadeniz'de yaşayan türün ise *C. gallina* olduğunu belirtmiştir.

Araştırmacılar sucul canlıların (balık, eklem bacaklı, kabuklu, yumuşakça) korunması ve ekonomik değeri olan türlerinin stoklarının nesillerinin tehlikeye atılmadan verimli olarak işletilebilmesi için mikrosatelit dizilerini tanımlamış ve bunları canlıların genetik çeşitliliği ve populasyonların genetik yapılarının belirlenmesinde kullanmışlardır (Chauhan vd., 2007; Abdul-Muneer vd., 2009; Xu vd., 2010; Abdul-Muneer vd., 2014). Yu vd. (2015), Çin'in doğu kıyılarında dağılım gösteren kırmızı midyelerin populasyon yapısını belirlemek için Li ve Li, (2008) tarafından geliştirilen 7 farklı polimorfik mikrosatelit belirteç kullanmış ve populasyonlar arasında genetik ayrılmaları belirlemiştir. Gross vd. (2007) Avrupa ve Amerika'da yetiştirilen gökkuşağı alabalıkları ile doğada yaşayan populasyonları arasında genetik farklılıkları belirlemek için 10 farklı mikrosatelit belirteci kullanmış ve balıkların genetik olarak birbirlerine yakın olduğunu tespit etmiştir. Benzer şekilde Ward vd. (2003) tarafından aynı türün Avustralya'da yetiştiriciliği yapılan bireylerinin 10 mikrosatelit bölgesini incelemiştir. Davies vd. (2011), son yıllarda yoğun av baskısına maruz kalan orkinoslar için 12 mikrosatelit bölgesini tanımlamış ve türün Kuzey Atlantik Okyanusu ile Akdeniz'de dağılım gösteren populasyonlarının genetik yapısını incelemiştir. Ayrıca

ekonomik değere sahip tilapya (Nyingi vd., 2009), Mekong dev kedi balığı (Sripairoj vd., 2009), Adriyatik mersinbalığı (Boscari vd., 2011), turna balığı (Lucentini vd., 2006), siyah marlin (Williams vd., 2015), hamsi (Zheng vd., 2015), istavrit (Kasapidis ve Magoulas, 2008) gibi birçok türün stoklarının daha verimli şekilde işletilebilmesi için popülasyonlarının genetik yapısının belirlenmesinde kullanılan türlere özgü mikrosatelit belirteçler geliştirilmiştir. Ülkemizde de mikrosatelit belirteçler kullanılarak özellikle ekonomik değere sahip sucül türlerin popülasyonlarının genetik çeşitliliği, popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik ilişkiler incelenmiştir. Castilho ve Çiftçi (2005) Doğu Akdeniz'deki bazı levrek (*Dicentrarchus labrax*) popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği mikrosatelit belirteçler kullanarak incelemiştir. Telli ve Kence (2015), sazangillerin *Pseudophoxinus* cinsi 4 farklı türün 6 mikrosatelit ve 4 alloenzim bölgesinin analizi ile toplamda 39 alloenzim alleli ve 103 mikrosatelit alleli tespit etmiş, beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerini belirlemiştir.

Coppe vd. (2012), 454 GS FLX DNA dizileme platformu kullanarak *C. gallina*'nın transkriptom kütüphanesini oluşturmuş ve elde edilen ham veride 111 farklı mikrosatelit bölgesi tespit edilmiştir. Bu mikrosatelit bölgelerinden 46 tanesi primer dizaynı için seçilmiştir. Seçilen bölgeler 12 tane *C. gallina* bireyinin DNA'sı kullanılarak çoğaltılmış ve 13 mikrosatelit bölgesinin polimorfik ve popülasyon genetiği çalışmalarına uygun olduğu belirtilmiştir. Bu 13 bölgeden yedi tanesinin Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirtilmiştir. Hardy-Weinberg dengesinden sapmalar genel olarak bireylerin allellerindeki homozigot baskınlıktan kaynaklanmaktadır. Araştırmacılar bu yedi bölgenin Hardy-Weinberg dengesinden sapmasını, kullanılan birey sayısındaki azlığa bağlamış (toplam 12 birey) ve örnek sayısı artırıldığı takdirde bu durumun ortadan kalkabileceğini öne sürmüştür.

Batı Karadeniz'de avcılığı yapılan ve yurtdışına ihracatı ile ülkemiz ekonomisine önemli katkıda bulunan beyaz kum midyesinin genetik çeşitliliği ve popülasyonlarının genetik yapılarının ortaya konulmasıyla ilgili günümüze kadar bir araştırma yapılmadığı literatür taraması ile belirlenmiştir. Ülkemizde beyaz kum midyesi üzerine yapılan çalışmalar genel olarak stok tahmini (Deval vd., 1992; Dalgıç ve Karayücel, 2007; Dağtekin, 2013) ve popülasyon dinamiği (Deval, 2009; Çolakoğlu ve Tokaç, 2010; Dalgıç ve Ceylan, 2012) üzerine yoğunlaşmıştır. Ayrıca, türün kabuk yapısı, üreme periyodu, üreme sıcaklığı, yumurta sayısı, yaş tayini, büyüme performansı gibi temel özellikleri ile ilgili çalışmalar yapılmış (Tunçer ve Erdemir, 2002; Dalgıç ve Okumuş, 2006; Dalgıç vd., 2010) ve canlıların ülkemiz denizlerindeki yayılım alanları genel olarak belirtilmiştir (Deval ve Oray, 1992;

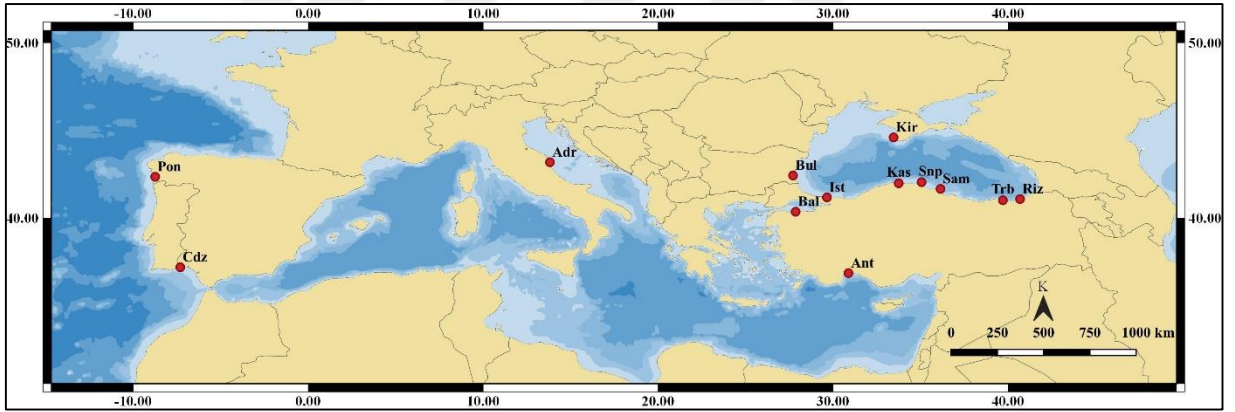
Artüz, 1994; Palaz ve Berber, 2005). Beyaz kum midyesinin korunması, sürdürülebilir avcılığının sağlanması ve önemli literatür eksikliğini giderilmesi için populasyonların genetik yapısının ve genetik çeşitliliğinin bilinmesi önem arz etmektedir. Bu bağlamda yapılan tez çalışması ile, *C. gallina*'nın ülkemiz karasularında yayılım gösteren populasyonlarının genetik yapısı araştırılarak, genetik çeşitliliği ve yayılış alanlarının belirlenmesi amaçlanmıştır.



2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

2.1. Materyal

Bu çalışmada *C. gallina* ve *C. striatula* olmak üzere 2 beyaz kum midyesi türü kullanılmıştır. Çalışmada, Karadeniz (Rize, Trabzon, Samsun, Sinop, Kastamonu, Şile, Bulgaristan ve Kırım), Marmara Denizi (Balıkesir), Akdeniz (Antalya), Adriyatik Denizi (Porto San Giorgio), Atlantik Okyanusu (Cadiz) kıyılarından *C. gallina*, Atlantik Okyanusu (Pontevedra) kıyısından ise *C. striatula*'ya ait popülasyondan Mayıs- Eylül 2017 tarihleri arasında 15 mm ve üzeri boya sahip kum midyesi örnekleri toplanmıştır (Şekil 3). Her bir örnekleme istasyonundan sadece 1 defa örnekleme yapıp en az 40 birey örneklendirilmiştir. Pontevedra, Cadiz ve Adriyatik'ten ise sadece 20'şer birey örneklendirilmiştir.



Şekil 3. Örnekleme sahası

Karadeniz örnekleme *C. gallina*'nın dağılımını temsil edebilecek şekilde planlanıp, farklı olabileceği düşünülen popülasyonlardan örnekleme yapılmıştır. Midyeler yaklaşık 200 µm boya erişene kadar ilk yaşam evresini planktonik olarak geçirmekte ve akıntılarla sürüklenip, kumluk alana yerleşmektedirler. Bu süre su sıcaklığına bağlı olarak yaklaşık 3-4 hafta kadar sürmektedir. Bu bağlamda Karadeniz Bölgesi'ndeki örnekleme istasyonları akıntı rejimleri ve gyro oluşum yerleri dikkate alınarak belirlenmiştir.

Türkiye karasularındaki istasyonlardan örnekler serbest dalış ve tüplü dalış yöntemi ile 2-20 m derinlikleri arasından toplanmıştır. Adriyatik, Cadiz ve Pontevedra örnekleme istasyonları Dr. Daniel Gacia SOUTO (Vigo Üniversitesi, İtalya), Kırım örnekleme istasyonu Dr. Nikolai K.

REVKOV (Deniz Biyolojik Arařtırmalar Enstitüsü, Rusya) ve Bulgaristan örnekleme Stefano KLYAN (Biyoeçeitlilik ve Ekosistem Arařtırmaları Enstitüsü, Bulgaristan) tarafından koordine edilmiştir. Örneklenen bireyler içerisinde %96'lik alkol bulunan sızdırmaz kaplarda muhafaza edilerek, soğuk zincir ile laboratuvara taşınıp DNA saflaştırılınca kadar -20°C'de muhafaza edilmiştir. Yurtdışından gelen örnekler ise kurutularak muhafaza edilip gönderilmiştir.

2.2. Genomik DNA'nın Saflaştırılması

Genomik DNA'nın saflaştırılmasında Promega Wizard SV Genomik DNA saflaştırma kiti kullanılmıştır. DNA'nın saflaştırılmasında izlenen yöntem aşağıda verilmiştir.

1. Öncelikle midyelerin manto dokusundan 10-20 mg örnek alınıp, küçük parçalara ayrıldı ve oda sıcaklığında etanolün uçması için 5-10 dakika bekletildi.
2. Her bir örnek için 1,5 mililitre'lik tüp içerisine; 200 µl Nüklei Liziz Solüsyonu, 50 µl 0,5 M EDTA (pH 8,0), 20 µl Proteinaz K (20mg/ml) ve 5 µl RNase A (4mg/ml) eklenip karıştırıldı ve örnekler tüpe aktarıldı.
3. Tüpler 100 rpm hızda çalkalanarak 55°C'de bir gece (16-18 saat) inkübe edildi.
4. İnkübasyondan sonra her bir tüpe 250 µl SV Lysis buffer eklenip, tüp sertçe 5-10 saniye karıştırıldı.
5. 1.000 x g'de 30 saniye santrifüj edilerek filtreden geçemeyecek boyutta olan doku parçaları çöktürölüp süpernatant toplama tüpü içerisine yerleştirilen spin kolona aktarıldı.
6. Spin kolon 13.000 x g'de 3 dakika santrifüj edildi.
7. Toplama tüpünde biriken sıvı uzaklaştırdı ve spin kolon tekrar toplama tüpü içerisine yerleştirildi.
8. Spin kolona 500 µl yıkama solüsyonu eklendi ve 13.000 x g'de 1 dakika santrifüj edilerek örnek yıkandı.
9. Toplama tüpünde biriken sıvı uzaklaştırıldı ve yıkama işlemleri 4 kez tekrar edildi.
10. Yıkma işlemleri bittikten sonra spin kolona yıkama solüsyonu eklemeyen, kalan yıkama solüsyonu kalıntılarını uzaklaştırmak ve örneği kurutmak için 13.000 x g'de 2 dakika santrifüj edildi.
11. Spin kolon temiz 1,5 mililitrelik ependorf tüpün içine konur ve içerisinde 65°C'ye kadar önceden ısıtılan 250 µl ultra saf su eklenip oda sıcaklığında 2 dakika bekletildi.

12. 13.000 x g'de 1 dakika santrifüj edilerek içerisinde DNA bulunan sıvı 1,5 mililitrelik tüp içerisine geçmesi sağlandı.

13. İçerisinde DNA bulunan tüp kullanılıncaya kadar -20°C'de muhafaza edildi.

Saflaştırılan DNA'ların kalitesini belirlemek için 10 µl DNA + 1 µl 10X yükleme boyası (Takara Bio Inc., Japonya), 100 bç DNA markörü ile birlikte (Biomatik, ABD), 3 µl Red Safe (20000x) Nükleik Asit Boyama Solüsyonu (Intron Bio Inc., Kore) ile boyanarak hazırlanan %1'lik agaroz jel üzerinde 1X TAE tampon sisteminde koşturulup, Jel Görüntüleme Sistemi (Gel Logic 200, Kodak) ile görüntülenerek kaliteleri kontrol edilmiştir. Ayrıca, DNA konsantrasyonları nanodrop (Nano-200, Allsheng) ile ölçülüp, konsantrasyonları 50-100 ng/µl olacak şekilde ayarlanmıştır. Düşük kalite ve/veya konsantrasyona sahip örnekler için DNA saflaştırılma işlemi tekrarlanmıştır.

2.3. mtDNA Gen Bölgelerinin Çoğaltılması

Örneklenen kum midyelerinin temsil ettikleri populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların derecesini belirlemek ve genetik olarak tür teşhisi yapmak için mtDNA'nın 16S rRNA ve COI bölgelerinin dizi analizi yapılmıştır. 16S rRNA'nın çoğaltılmasında Palumbi (1996), COI'nın çoğaltılmasında ise Folmer vd. (1994) tarafından geliştirilen primerler kullanılmıştır (Tablo 2). Toplam 50 µl hacminde hazırlanan PZR karışımında; 10 µl GoTaq Tamponu (5X), 5 µl MgCl₂ solüsyonu (25 mM), 1 µl nükleotit karışımı (her birinden 10 mM), 1'er µM ileri ve geri yönlü primer, 0,25 µl DNA Polimeraz (GoTaq, Promega) (5u/µl), 2 µl kalıp DNA ve ultra saf su bulunmaktadır. 16S rRNA için uygulanan PZR protokolü; 95°C'de 2 dakika ön denaturasyon, 32 döngü olacak şekilde; 95°C'de 20 saniye denaturasyon, 54 °C'de 30 saniye tutunma, 72°C'de 30 saniye uzama ve son olarak 72°C'de 5 dakika son uzama. COI için uygulanan PZR protokolü ise; 95°C'de 2 dakika ön denaturasyon, 32 döngü olacak şekilde; 95°C'de 20 saniye denaturasyon, 47°C'de 40 saniye tutunma, 72°C'de 40 saniye uzama ve son olarak 72°C'de 5 dakika son uzama. Çoğaltılan mtDNA bölgelerin kontrolü için her bir örnekten 5 µl PZR ürünü + 0,5 µl 10X yükleme boyası, 100 bç DNA markörü ile birlikte, 2 µl Red Safe 20000x nükleik asit boyama solüsyonu ile boyanarak hazırlanan %1'lik agaroz jel üzerinde 1X TAE tampon sisteminde koşturulup, Jel görüntüleme sistemi ile görüntülenmiştir. Jel görüntüleri ayrıca jel dokümantasyon sistemine kaydedilmiştir.

Tablo 2. 16S rRNA ve COI primerlerinin baz dizilimi

Gen	Primer	Baz Dizilimi	Referans
16S rRNA	16sbr-H	5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT -3'	Palumbi, (1996)
	16sar-L	5'- CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3'	
COI	HCO2198	5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'	Folmer vd. (1994)
	LCO1490	5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'	

2.4. mtDNA Dizi Analizi

Ürün kaliteleri kontrol edilen örnekler 35°C'de gece boyu (15 saat) inkübe edilerek kurutulmuştur. Ardından örnekler dizi analizi için Macrogen Inc. (Korea) şirketine gönderilip, ABI 3730XL otomatik dizi analiz sistemi ile 16S rRNA ve COI gen bölgeleri için sırasıyla 16-sar-L ve LCO1490 primerleri kullanılarak tek yönlü dizi analizi yaptırılmıştır.

Elde edilen *ab1 formatındaki mtDNA (COI ve 16S rRNA) ham verilerinin elektroferogramları kontrol edilip, kalitesi düşük olanlar ayıklanmıştır. Diziler daha sonra NCBI BLAST (National Center for Biotechnology Information, Basic Local Alignment Search Tool) veri tabanına girilip, hangi türe ne oranda benzedikleri belirlenmiştir. Diziler çoklu hizalama programı olan BioEdit 7.2.6. (Hall, 1999) ile hizalanıp dizilerin uzunlukları belirlenmiştir.

2.5. mtDNA Veri Analizi

Mitokondriyal gen bölgelerinin %A-T analizi, nükleotit oran analizi, korunmuş bölgelerin, değişken bölgelerin, parsimonik bilgi içeren bölgelerin ve tekil değişken bölgelerin analizi, Mega 7 (Tamura, 2013) programı ile gerçekleştirilmiştir.

Mitokondriyal gen bölgelerinin Haplotip sayısı, Haplotip çeşitliliği (Hd), ve Nükleotit çeşitliliği (Pi) DnaSP v.6 (Rozas vd., 2017) programı ile belirlenmiştir. Populasyonları temsil eden haplotipler arası ilişki ve mutasyon miktarı Median Joining yöntemi kullanılarak Network programı (Bandelt vd., 1999) ile oluşturulmuştur.

Filogenetik ilişkileri inceleyen ağaçların oluşturulmasında ve genetik yapının ortaya çıkarılmasında her iki mtDNA gen bölgesinden elde edilen verilerden yararlanılmıştır. En uygun baz değişim modelini tespit etmek amacıyla Mega 7.0 programı kullanılmıştır.

Filogenetik ağaç dendogramları Maksimum Likelihood (Maksimum Benzerlik) yöntemi kullanılarak 500 tekrarlı seç bağla tekniği ile Mega 7 (Tamura, 2013) programında çizilmiştir. Filogenetik ağaçlar oluşturulurken dış grup olarak *Veneridae* familyasına mensup *Ruditapes philippinarum* (GenBank Erişim Kodu: DQ399394, COI ve DQ356383, 16S rRNA) ve *Donacidae* familyasına mensup *Donax trunculus* (GenBank Erişim Kodu: KC429143, COI ve EF417553, 16S r RNA) türü midyelerin dizileri kullanılmıştır. Ayrıca *C. gallina*'nın farklı araştırmacılar tarafından ilgili gen bölgeleri için belirlenen dizileri de filogenetik ağaçlar oluşturulurken kullanılmıştır (GenBank Erişim Kodu: 16S rRNA; KX713203, DQ280041, JF808193, AJ548762 ve AJ294946) (GenBank Erişim Kodu: COI; KR084939, DQ458474 ve DQ184835). Türlerle ait sekans dizileri NCBI veri tabanından temin edilmiştir.

Populasyonlar arası ikili genetik mesafe (F_{ST}) 500 tekrarlı seç-bağla tekniği ile MEGA 6 programında hesaplanmıştır. Gruplar arası ve grup içi genetik farklılığı hesaplamak için moleküler varyans analizi (AMOVA) Arlequin v3.5.2.2. (Excoffier ve Lischer, 2010) programında 10000 permutasyon ile belirlenmiştir. Bazı populasyonlara ait birey sayısının az olmasından dolayı moleküler varyans analizi için populasyonlar haplotip ağındaki dağılımları ve coğrafik konumları dikkate alınarak gruplandırılmıştır. 16S rRNA'nın veri analizi için Grup 1 (Adriyatik), Grup 2 (Cadiz), Grup 3 (Antalya), Grup 4 (Samsun, Rize ve Trabzon), Grup 5 (Bulgaristan), Grup 6 (Kırım), Grup 7 (Sinop) ve Grup 8 (İstanbul ve Balıkesir) olmak üzere 8 grup, COI'nın veri analizi için Grup 1 (Adriyatik), Grup 2 (Cadiz), Grup 3 (Kastamonu), Grup 4 (Samsun, Rize ve Trabzon), Grup 5 (Bulgaristan), Grup 6 (Kırım), Grup 7 (Sinop) ve Grup 8 (İstanbul ve Balıkesir) olmak üzere 8 grup oluşturulmuştur. Pontevedra'dan örneklenen *C. striatula* türüne ait bireyler AMOVA analizine dahil edilmemiştir.

2.6. Mikrosatelit Bölgelerinin Çoğaltılması

Mikrosatelit bölgelerinin çoğaltılmasında Coppe vd. (2012)'nin tasarladığı primerler kullanılmıştır (Tablo 3). Primerlerin çalışıp çalışmadıklarını tespit etmek ve optimum erime sıcaklıklarını belirlemek için termal döngü cihazının, cihazdaki blok sıralarının sıcaklık değerlerinin diğerlerinden bağımsız olarak ayarlanabilmesine imkan tanıyan gradient özelliği kullanılarak PZR gerçekleştirilmiştir. Multipleks PZR grupları oluşturulurken; primerlerin erime sıcaklıkları ve çoğaltılacak mikrosatelit bölgelerinin baz uzunlukları dikkate alınmıştır. Multipleks gruplarında bir arada çalışacak primerleri ve multipleks primer setlerinin optimum erime sıcaklığını belirlemek için de PZR yapılmıştır. Multipleks denemelerinde gruplar önce ikili sonra üçlü ve dördü primer setleri karışımı teker teker denenerek oluşturulmuştur. PZR karışımı toplam 20 µl hacimde 2X Master karışım kullanılarak (OneTaq 2XMM, BioLabs Inc, Kanada) hazırlanmıştır. Reaksiyon karışımı; 10 µl Master karışım, her primer çiftinden 1µl (10µM), 2 µl kalıp DNA ve ultra saf su ile oluşturulmuştur. PZR, BioRad T-100 Termal döngü cihazı ile gerçekleştirilmiştir. Uygulanan PZR protokolü ise; 94°C'de 30 saniye ön denaturasyon, 30 döngü olacak şekilde; 94°C'de 20 saniye denaturasyon, 60-50°C'de (primerlerin optimum erime sıcaklığını bulmak için gradient sıcaklık aralığı) 30 saniye tutunma, 68°C'de 30 saniye uzama ve son olarak 68°C'de 5 dakika son uzama ile tamamlanmıştır.

PZR ile çoğaltılan mikrosatelit lokuslarının tahmini baz uzunluklarının belirlenmesi için 10 µl PZR ürünü + 1 µl 10X yükleme boyası, 100 bç DNA markörü ile birlikte, 4 µl Red Safe (20000x) nükleik asit boyama solüsyonu ile boyanarak hazırlanan %2'lik agaroz jel üzerinde 1X TAE tampon sisteminde koşturulup, jel görüntüleme sistemi ile görüntülenmiştir. Jel görüntüleri jel dokümantasyon sistemine kaydedilmiştir.

Multipleks gruplar oluşturulduktan sonra her bir mikrosatelit bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan ileri yönlü primerler floresan boya ile işaretlenmiş (10 nmol), geri yönlü primerler ise yüksek performans sıvı kromatografisi (HPLC) saflaştırması yapılmış olarak (7 nmol) hizmet alımı yöntemiyle tekrar sentezletilmiştir. Oluşturulan multipleks grupları ve uygulanan erime sıcaklıkları Tablo 4'de verilmiştir.

Tablo 3. Çalışmada kullanılan mikrosatelit bölgeleri ve baz dizilimleri

Primer	Lokus	T _M	Fragment boyu (bç)	Tekrar Motifi	Florasın boya	Primerler (5'-3')
M1	260	54	92-96	(TA) ₆	6-FAM	F: TGCTCATAACGGCAAAGTACA R: TGGAGTTGACGATGTAACCCA
M2	1088	56	143-166	(TA) ₆	HEX	F: ATCGGAAGACGACGATGCATG R: GCAACTTCCGACATAATGGGA
M3	1243	54	107-118	(TGTT) ₅	NED	F: AGTTATGGAACAGGCATAGCA R: GTAGAAGGAAGCCAGACTCAC
M4	3263	57	103-110	(AT) ₆	6-FAM	F: TCGCACGATTTACTCTTCCGT R: ATGTTGTTGTCTCGCTAGCCA
M5	9969	56	132-135	(TCT) ₆	HEX	F: TGGAACCAAAATTCACAGGTGA R: TGCATTCTCATTACTGTCTCA
M6	10343	55	244-250	(GTT) ₇	ROX	F: AGCAAATTGGCACTTGTGAGC R: AACGTTACACCTGTGATTCTT
M7	18241	56	116-134	(TCA) ₆	6-FAM	F: ACTAGGTGTTATCCAGCCATCA R: GAGTTGGGAGAAGGGTGACAC
M8	20070	54	172-184	(AG) ₆	ROX	F: AGCAGTTCCTTGTCATAACCA R: TTAGTGGCGTCGCTATTTTGT
M9	20447	56	230-232	(GT) ₆	NED	F: TGCCCTTTAGCACATTGAGCT R: GTAAGGCCCAAAGCGGTGTGT
M10	20467	56	96-109	(ATTA) ₅	6-FAM	F: GGGGACCAGAACTATTTGGCT R: CGTCCATCCTAACTGTAACACT
M11	26069	57	184-190	(ATG) ₆	HEX	F: CTGAACAACCTGTCTGCATGAC R: CGCCCAAAGAAGTCTTGATGA
M12	33835	55	247-327	(ATTG) ₁₀	NED	F: CATGATTATGGACCCCTTAC R: CCGACTATATCAGACGTTCAAG
M13	41629	55	241-286	(AT) ₆	NED	F: TGCCTTTGTTCTGAAAGCAGT R: ACCTTGAGCAAGTTAGCTGGCT
M14	41630	56	178	(TA) ₆	ROX	F: CGCTCTCTACCAATGCATCCA R: TGCTCCTTAGCATCACAGAAC

PZR, 5X Hot FirePol Blend Master Karışımı (Solis BioDyne, Estonya) kullanılarak hazırlanmıştır. Toplam 50 µl hacminde hazırlanan PZR karışımında; 10 µl master karışım, primer çiftlerinin her birinden 1 µl (10 µM), 2 µl DNA ve ultra saf su bulunmaktadır. PZR, BioRad T-100 Termal döngü cihazı kullanılarak yapılmıştır. PZR protokolü ise; 95°C'de 12 dakika ön denaturasyon, 32 döngü olacak şekilde; 95°C'de 20 saniye denaturasyon, 55-56°C'de 20 saniye tutunma (multipleks grupların tutunma sıcaklıkları farklılık göstermekte olup, Tablo 4'de verilmiştir), 72°C'de 20 saniye uzama ve son olarak 72°C'de 5 dakika son uzama ile tamamlanmıştır.

Çoğaltılan mikrosatelit bölgelerin kontrolü için 5 µl PZR ürünü + 0,5 µl 10X yükleme boyası, 100 bç DNA markörü ile birlikte, 4 µl Red Safe 20000x nükleik asit boyama solüsyonu ile boyanarak hazırlanan %2'lik agaroz jel üzerinde 1X TAE tampon sisteminde

koşturulup, Jel görüntüleme sistemi ile görüntülenmiştir. Jel görüntüleri jel dokümantasyon sistemine kaydedilmiştir.

Tablo 4. Oluşturulan mikrosatelit grupları

Grup	Primer	Lokus	Primer Erime Sıcaklığı
G1	M1-M4-M5-M11	260-3263-9969-26069	55°C
G2	M2-M8-M9	1088-20070-20447	55°C
G3	M6-M7-M13	10343-18241-41629	56°C
G4	M3-M14+M12	1243-41630+33835	55°C
Simpleks	M10	20467	56°C

2.7. Fragment Analizi

Ürün kaliteleri kontrol edilen örnekler 35°C’de gece boyu (15-18 saat) inkübe edilerek kurutulup fragment analizi için Macrogen Inc. (Korea) şirketine gönderilmiştir. Her bir mikrosatelit lokusuna ait veri ABI3730 XL cihazında 500 LIZ internal standart markör kullanılarak okunmuştur. Her bir birey ve lokus için allel uzunlukları ve frekansları Genemarker (Soft Genetics, ABD) programı ile belirlenmiştir.

2.8. Mikrosatelit Veri Analizi

Fragment analizi ile elde edilen ham veri setinin mikrosatelit analizinde kullanılan programların girdi formatlarına dönüştürülmesinde Convert (Glaubitz, 2004) ve PGDSpider (Licher ve Excoffier, 2012) programları kullanılmıştır.

Fragment analizi ile elde edilecek allelerdeki; null-allel, allel çakışması (stuttering) ve allel kaybı (large allele dropout) Microchecker v2.2.3 (Van Oosterhout vd., 2004) ile sınanmıştır. Null allel frekansları maksimum benzerlik yöntemi ile ML-NULLFREQ (Kalinowski ve Taper, 2006) programı kullanılarak belirlenmiştir.

Genotipik oranlarının Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumu GENEPOP v.4.2 (Rousset, 2008) programında “exact test” yöntemi ile değerlendirilmiştir. Olasılık değerleri (P değeri) 10.000 dememorizasyon, 500 kümelenme (batch) ve her bir küme için 5.000 tekrara dayalı olarak belirlenmiştir. Yanlış keşif değeri (False Discovery Rate-FDR) kontrolü için yeni olasılık eşik değerleri (Treshold P) hesaplanıp, Bonferroni metodu ile düzenleme yapılmıştır (Benjamini ve Hochberg, 1995). Genotipik oranlar Hardy-Weinberg

dengesinde ise gensel karşılaştırma, eğer Hardy-Weinberg dengesinde değil ise genotipik karşılaştırma yapılmıştır. Genotipik ikili karşılaştırmalar exact test ile GENEPOP v 4.2 programında değerlendirilmiştir. Olasılık değerleri (P değeri) 10.000 dememorizasyon, 500 kümelene (batch) ve her bir küme için 5.000 tekrara dayalı olarak belirlenmiştir.

Her bir lokus için toplam allel sayısı (N_A), beklenen heterozigotluk (H_e), gözlenen heterozigotluk (H_o) ve Polimorfik bilgi içeriği (PIC) Cervus 3.0.7 (Kalinowski vd., 2007) programı ile hesaplanmıştır. Soyluluk katsayısı (F_{IS}) ve Allelik Zenginlik (A_R) değerleri ise FSTAT v.2.9.3 (Goudet, 1995) programı ile belirlenmiştir. Populasyonlara ait özgün allellerin (private allele) varlığı ve allel frekansı GenALEX 6.5 programı ile belirlenmiştir.

Populasyonlar arası genetik farklılıkları belirlemek için, lokusların allel frekans varyasyonuna dayalı populasyonlar arası fiksasyon indeksleri (F_{ST}) (Weir ve Cockerham, 1984) GENEPOP 4.2. programında hesaplanmıştır. Muhtemel null allel varlığından dolayı F_{ST} ve null allel frekansı FreeNA (Chapuis ve Estoup, 2007) programında 25.000 tekrar ile tekrar hesaplanmıştır. FreeNA programı ENA (excluding null allele) düzeltme yöntemi kullanarak yüksek null allel frekansının F_{ST} değeri üzerine etkisini minimize etmektedir.

Mikrosatelit lokuslarında heterozigotluk eksikliği (heterozygote deficiency) ve heterozigot fazlalığını (heterozygote excess) test ederek populasyonlardaki muhtemel genetik darboğaz varlığının belirlenmesi amacıyla Bottleneck (Piry vd., 1999) programı kullanılmıştır. Etkin populasyon büyüklüğünde yakın bir geçmişte düşüş olan populasyonlarda allel çeşitliliğinde ve heterozigositede düşüş olmaktadır. Fakat allel çeşitliliği heterozigositeden daha hızlı düşüş gösterir. Dolayısıyla populasyonlarda gözlenen heterozigot fazlalığı muhtemel bir darboğazı işaret edebilir (Cornuet ve Luikart, 1996). Populasyonların darboğaza uğrayıp uğramadıklarını ise allel frekans dağılım biçimi ile (mode-shift) sınanmıştır (Luikart vd., 1998). Gözlenen allel sayısı ve beklenen heterozigotluk dağılımından yola çıkılarak lokusların mutasyon-drift eşitliğine uyumu iki safhalı mutasyon modeli (Two Phase model, TPM) ile %95 basamak mutasyon modeli, %5 çoklu basamak mutasyonu ve basamaklar arası 12 varyasyon kriteri ile sınanmıştır. TPM modeli mikrosatelit belirteçlerin kullanıldığı çalışmalar için kullanılması önerilen modeldir. (Rienzo vd., 1994; Piry vd., 1999). Populasyonlarda gözlenen heterozigot fazlalığının istatistiksel olarak önemliliği Wilcoxon testi ile sınanmıştır.

Elde edilen veri setindeki genetik olarak birbirinden farklı populasyonların varlığı STRUCTURE v.2.3.4 (Falush vd. 2003) programında Bayesian çoklu-lokus kümelene metodeyle incelenmiştir. STRUCTURE programı kısaca; elde edilen çoklu lokus verilerini

kullanarak Hardy-Weinberg dengesinin gerçekliğini varsayıp genetik yapılarına göre bireyleri farklı kümelere yerleştirmeye ve örnekler içindeki kümelenmeleri (genetik farklılık kaynaklı) belirlemeye olanak sağlamaktadır. Örneklerin farklı kümelere yerleştirilmesi Markov Chain Monte Carlo (MCMC) aramaları ile yapılmaktadır. En uygun kümelenme sayısının belirlenmesi için 2-7 arası varsayılan kümelenmeler birbirinden bağımsız beş tekrar olacak şekilde sınanmıştır. MCMC aramaları 10^7 adımı yanma (burning) olmak üzere toplam 10^8 adım ile oluşturulmuştur. Muhtemel K değeri delta K (ΔK) istatistiği ile çevrimiçi bir yazılım olan Structure Harvester ile belirlenmiştir.

Coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasındaki ilişki GenAlEx 6.5 programında uygulanan Mantel testi ile sınanmıştır (Mantel, 1967). Coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasındaki ilişkinin istatistiksel önemliliği ise permütasyon testi ile sınanmıştır. Ayrıca aynı program ile populasyonlar arasındaki ilişkiye dair daha fazla bilgi elde etmek için Temel Koordinat Analizi (Principal Coordinate Analysis, PCoA) yapılmıştır (Liu ve Muse, 2005).

Örneklenen her bir populasyon için etkin populasyon büyüklüğü (Effective population size, N_e) bağlantı dengesizliği yöntemi (linkage disequilibrium) ile belirlenmiştir. Bu yöntem her bir nesildeki genetik kaymadan oluşan rastgele bağlantı dengesizliğinden çıkarım yapmaktadır. Etkin populasyon büyüklüğünün belirlenmesinde LDNe (Waples ve Do, 2008) programı kullanılmıştır.

3. BULGULAR

3.1. Örnekleme

Çalışmada her bir örnekleme sahasından en az 40'ar birey örneklenmesi amaçlansa da Ege Denizi'nden ekipman yetersizliği ve olumsuz çevre şartlarından dolayı örnekleme yapılamamıştır. Antalya'dan örneklenen bireylerin ise COI gen bölgeleri bütün denemelere rağmen çoğaltılamamıştır. Mikrosatelit ve mtDNA gen bölgelerinin analizinde kullanılan birey sayıları ve örnekleme yapılan bölgeler Tablo 5'de verilmiştir.

Tablo 5. Mikrosatelit ve mtDNA gen bölgelerinin analizinde kullanılan birey sayıları (n)

Örnekleme İstasyonları	Mikrosatelit (n)	16S rRNA (n)	COI (n)
Rize (Çayeli)	22	2	2
Trabzon (Salacık)	26	3	3
Samsun (Bafra)	12	2	3
Sinop (Hamsilos)	20	5	5
Kastamonu (İnebolu)	20	-	4
İstanbul (Şile)	20	5	5
Bulgaristan (Sozopol)	26	5	5
Kırım (Sivastopol)	30	5	5
Balıkesir (Edincik)	22	2	2
Antalya (Konyaaltı)	30	5	-
Adriyatik	20	5	5
Cadiz	20	5	5
Pontevedra	20	5	5

3.2. MtDNA Analizi

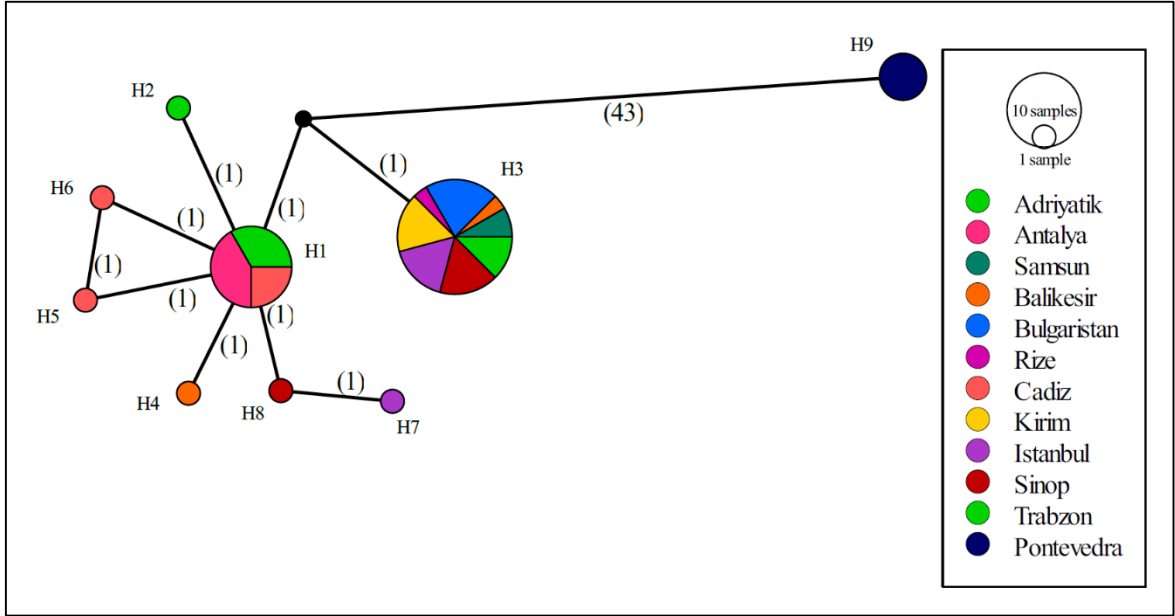
3.2.1. 16S rRNA Gen Bölgesinin Dizi Analizi

Toplam 11 *C. gallina* ve bir *C. striatula* popülasyonuna ait 49 midyenin (Tablo 5) 46'sının 16S rRNA gen bölgesinin 441 bp uzunluğundaki kısmı analiz edilmiştir. Yapılan analizde dokuz Haplotip, 391 adet korunmuş ve 50 adet değişken bölge varlığı tespit edilmiştir. Değişken bölgelerden dördü tutumluluk bilgi verici bölge diğer 46'sı ise tekil değişken bölgedir. Analiz edilen örneklerin haplotip dağılımları Tablo 6'da verilmiştir. *C. striatula* türünü temsil eden H9 haplotipi ile *C. gallina* türünü temsil eden haplotipler arasında en az 44 baz farklılığı olduğu belirlenmiştir.

Network analizi sonuçlarına göre Antalya, Adriyatik ve Cadiz'e ait örneklerin haplotipleri (H1, H2, H5 ve H6) bir grup oluştururken Karadeniz ve Marmara Denizi popülasyonlarına ait örneklerin haplotipleri ise (H3, H4, H7 ve H8) farklı bir grup oluşturmuştur. *C. striatula* türünü temsil eden H9 haplotipi ile diğer haplotipler arasında en az 43 baz değişimi gözlenmiştir (Şekil 4). Dairenin içinde yazan rakamlar haplotipin temsil ettiği örnek sayısını belirtmektedir. Çizgilerin üzerindeki rakamlar ise haplotipler arası baz farklılıklarını belirtmektedir. Haplotiplerin coğrafik dağılımı ise Şekil 5'de verilmiştir.

Sadece *C. gallina*'ya ait bireylerin (n=42) dahil edildiği analizde ise sekiz haplotip, 434 adet korunmuş bölge ve yedi adet değişken bölge belirlenmiştir (Ek Tablo 1). Değişken bölgelerden üçü tutumluluk bilgi verici, kalan dördü ise tekil değişken bölgedir. Haplotip çeşitlilik (Hd) ve nükleotit çeşitlilik (Pi) değerlerinin ise sırasıyla 0,6028 ve 0,00405 olduğu belirlenmiştir. 16S rRNA gen bölgesinin ortalama nükleotit kompozisyon oranları T; 31,9-C; 13 – A; 32,2 – G; 22,9 olarak belirlenmiştir.

Elde edilen DNA dizileri ile birlikte NCBI GenBank veri tabanındaki kayıtlar da kullanılarak 16S rRNA gen bölgesi elde edilen veri setine AIC ve BIC kriterlerine göre en uygun nükleotit değişim modeli olarak T92 seçilmiştir. Bootstrap yöntemi ile çizilen Maksimum Benzerlik ağacında *C. gallina* ve *C. striatula* türleri farklı dallarda kümelenemiştir. *Chamelea gallina*'ya ait 16S rRNA dizileri ile İspanya (Gen Bank erişim kodu: JF808193,1) ve İtalya (Gen Bank erişim kodu: AJ548762,1 ve AJ294946,1) dizileri ile yüksek oranda (%98) benzerlik göstermiştir. *Chamelea striatula*'ya ait diziler de İngiltere (Gen Bank erişim kodu: KX713203,1 ve DQ280041,1) örnekleri ile yüksek oranda (%99) benzerlik göstermiştir (Şekil 6).



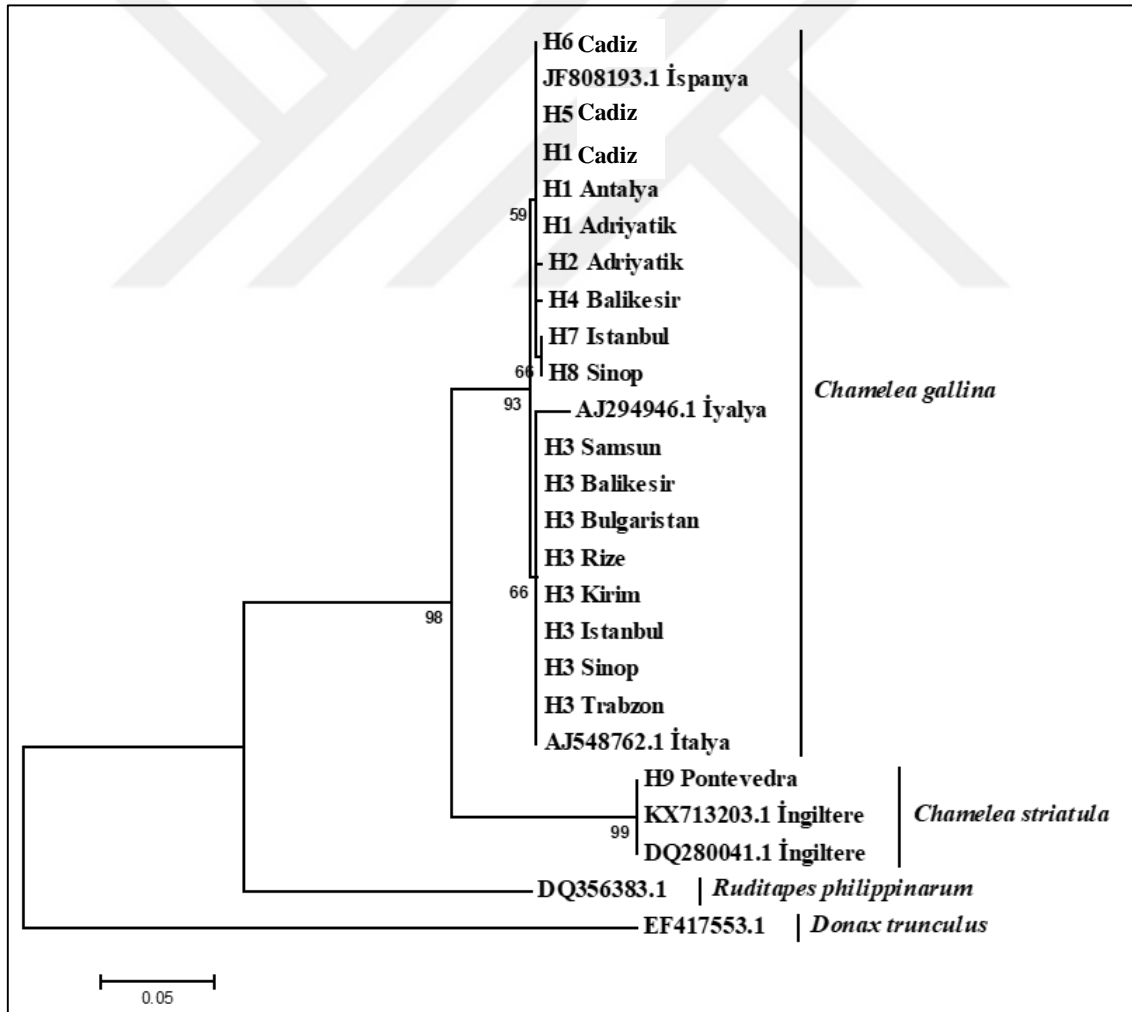
Şekil 4. 16S rRNA haplotip ağı

Tablo 6. 16S rRNA gen bölgesi haplotip dağılımı

Lokalte	Haplotip
Rize (Çayeli)	H3
Trabzon (Salacık)	H3
Samsun (Bafra)	H3
Sinop (Hamsilos)	H3, H8
İstanbul (Şile)	H3, H7
Bulgaristan (Sozopol)	H3
Kırım (Sivastopol)	H3
Balıkesir (Edincik)	H3, H4
Antalya (Konyaaltı)	H1
Adriyatik	H1, H2
Cadiz	H1, H5, H6
Pontevedra	H9



Şekil 5. 16S rRNA haplotiplerin coğrafik dağılımı



Şekil 6. *Chamelea gallina* ve *C. striatula*'nın 16S rRNA genine dayalı çizilen filogenetik ağacı (Maksimum Benzerlik seç bağla değerleri %50 den yüksek olanlar gösterilmiştir)

Populasyonlar arası genetik mesafe derecesini ifade eden F_{ST} değerleri Tablo 7’de verilmiştir. Pontevedra’dan örneklenen populasyonun (*C. striatula*) diğer populasyonlarla ikili karşılaştırılması ile elde edilen F_{ST} değerlerinin ortalama %10 farklı olduğu belirlenmiştir. Diğer populasyonlar arası genetik farklılık ise %0-%0,7 arasında değişmektedir.

Tablo 7. 16S rRNA gen bölgesine göre gruplar arası ikili genetik mesafe (F_{ST}) değerleri. Örneklem sahası; Rize (Riz), Trabzon (Trb), Samsun (Sam), Sinop (Snp), İstanbul (İst), Bulgaristan (Bul), Kırım (Kır), Balıkesir (Bal), Antalya (Ant), Adriyatik (Adr), Cadiz (Cdz), Pontevedra (Pon)

	Riz	Trb	Sam	Snp	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
Riz	0,000											
Trb	0,000	0,000										
Sam	0,000	0,000	0,000									
Snp	0,000	0,000	0,000	0,000								
İst	0,001	0,001	0,001	0,001	0,000							
Bul	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000						
Kır	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000					
Bal	0,001	0,001	0,001	0,002	0,002	0,001	0,001	0,000				
Ant	0,005	0,005	0,005	0,005	0,005	0,005	0,005	0,006	0,000			
Adr	0,005	0,005	0,005	0,005	0,006	0,005	0,005	0,006	0,000	0,000		
Cdz	0,005	0,005	0,005	0,006	0,006	0,005	0,005	0,007	0,001	0,001	0,000	
Pon	0,100	0,100	0,100	0,100	0,101	0,100	0,100	0,101	0,100	0,100	0,101	0,000

16S rRNA gen bölgesinin analizinden elde edilen genetik çeşitliliğin dağılımını belirlemek için yapılan AMOVA analizinde gruplar arası, grupları oluşturan populasyonlar arası ve populasyon içi olmak üzere 3 farklı düzeyde çeşitlilik değerleri elde edilmiştir. Gruplar arası varyasyon %69,87, grup içi populasyonlar arası varyasyon %13,87 ve populasyon içi varyasyon ise %74,05 olarak tespit edilmiştir (Tablo 8). AMOVA analizinde farklı tür olduğu düşünülen *C. striatula*’ya ait populasyon, gruplar arası varyasyonu etkileyeceğinden AMOVA analizine dahil edilmemiştir.

Tablo 8. 16S rRNA gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri

	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon indeksi
Gruplar arasında	1,9352	69,87	0,69871 F _{CT}
Grup içi popülasyonlar arasında	0,17556	4,18	0,13872 F _{SC}
Popülasyonlar içinde	1,0901	25,95	0,74053 F _{ST}

3.2.2. COI Veri Analizi

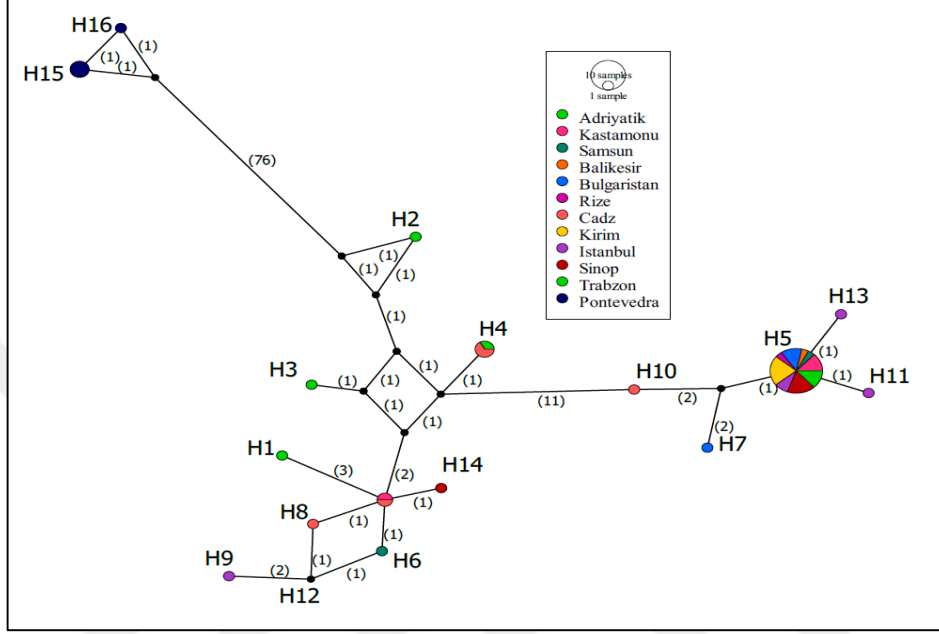
Toplam 11 *C. gallina* ve bir *C. striatula* popülasyonuna ait 49 midyenin (Tablo 5) 44'ünün 16S rRNA gen bölgesinin 579 bç uzunluğundaki kısmı analiz edilmiştir. Yapılan analizde 16 haplotip, 486 adet korunmuş ve 93 adet değişken bölge varlığı tespit edilmiştir. Değişken bölgelerden 90'ı tutumluluk bilgi verici bölge, diğer üçü ise tekil değişken bölgedir. Analiz edilen örneklerin haplotip dağılımları Tablo 9'da verilmiştir. *Chamelea striatula* türünü temsil eden H15 ve H16 haplotipleri ile *C. gallina* türünü temsil eden haplotipler arasında en az 82 baz farklılığı olduğu belirlenmiştir.

Network analizi sonuçlarına göre Karadeniz popülasyonlarına ait örneklerin haplotiplerinin çoğu (H5, H7 H11, H13) bir grup oluştururken Adriyatik ve Cadiz popülasyonlarına ait belirgin bir kümelenme oluşmamıştır. *C. striatula* türünü temsil eden H15 ve H16 haplotipleri ile diğer haplotipler arasında en az 78 baz değişimi gözlenmiştir (Şekil 7). Haplotiplerin coğrafik dağılımı Şekil 8'de verilmiştir.

Sadece *C. gallina*'ya ait bireylerin (n=43) dahil edildiği analizde ise 14 haplotip, 551 adet korunmuş bölge ve 28 adet değişken bölge belirlenmiştir (Ek Tablo 2). Değişken bölgelerden 20'si tutumluluk bilgi verici, kalan sekizi ise tekil değişken bölgedir. Haplotip çeşitlilik (Hd) ve nükleotit çeşitlilik (Pi) değerlerinin ise sırasıyla 0,6410 ve 0,01338 olduğu belirlenmiştir. 16S rRNA gen bölgesinin ortalama nükleotit kompozisyon oranları T; 38,8-C; 16,9 – A; 23,8 – G; 20,5 olarak belirlenmiştir.

Elde ettiğimiz DNA dizileri ile birlikte GenBank veri tabanındaki kayıtlar da eklenerek COI gen bölgesi için elde edilen veri setine AIC ve BIC kriterlerine göre en uygun nükleotit değişim modeli olarak HKY+G seçilmiştir. Bootstrap yöntemi ile çizilen Maksimum Benzerlik ağacında *C. gallina* ve *C. striatula* türleri farklı dallarda kümelenmiştir. *Chamelea gallina*'ya ait COI dizileri ile Hırvatistan (Gen Bank erişim kodu: DQ458474,1) ve Kanarya

Adaları (Gen Bank erişim kodu: DQ184835,1) dizileri ile yüksek oranda (%99) benzerlik göstermiştir. *Chamelea striatula*'ya ait diziler ise Kuzey Denizi *C. gallina* örmeği ile (Gen Bank erişim kodu: KR0984939,1) yüksek oranda (%100) benzerlik göstermiştir (Şekil 9).



Şekil 7. COI haplotip ağı

Tablo 9. COI gen bölgesi haplotip dağılımı

Lokalite	Haplotip
Rize (Çayeli)	H5
Trabzon (Salacık)	H5
Samsun (Bafra)	H5, H6
Sinop (Hamsilos)	H5, H14
Kastamonu (İnebolu)	H5, H9
İstanbul (Şile)	H5, H11, H12, H13
Bulgaristan (Sozopol)	H5, H7
Kırım (Sivastopol)	H5
Balıkesir (Edincik)	H5
Adriyatik	H1, H2, H3, H4
Cadz	H4, H8, H9, H10
Pontevedra	H15, H16



Şekil 8. COI haplotiplerin coğrafik dağılımı



Şekil 9. *Chamelea gallina* ve *C. striatula*'nın COI genine dayalı filogenetik ağacı (Maksimum Benzerlik seç bağla değerleri %50 den yüksek olanlar gösterilmiştir)

Populasyonlar arası genetik mesafe derecesini ifade eden F_{ST} değerleri Tablo 10'da verilmiştir. *Chamelea striatula*'ya ait populasyonun diğer populasyonlar ile ikili karşılaştırılması ile elde edilen F_{ST} değerleri ortalama %13,7-%14,3 arasında değişmektedir. Diğer populasyonlar arası genetik farklılığın ise en fazla %2,3 olduğu belirlenmiştir.

Tablo 10. COI gen bölgesine göre gruplar arası ikili genetik mesafe (F_{ST}) değerleri. Örneklem sahası; Rize (Riz), Trabzon (Trb), Samsun (Sam), Sinop (Snp), Kastamonu (Kas), İstanbul (İst), Bulgaristan (Bul), Kırım (Kır), Balıkesir (Bal), Adriyatik (Adr), Cadiz (Cdz), Pontevedra (Pon)

	Riz	Trb	Sam	Snp	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
Riz	0,000											
Trb	0,000	0,000										
Sam	0,010	0,010	0,000									
Snp	0,006	0,006	0,012	0,000								
Kas	0,007	0,007	0,013	0,010	0,000							
İst	0,007	0,007	0,013	0,010	0,011	0,000						
Bul	0,001	0,001	0,011	0,007	0,008	0,007	0,000					
Kır	0,000	0,000	0,010	0,006	0,007	0,007	0,001	0,000				
Bal	0,000	0,000	0,010	0,006	0,007	0,007	0,001	0,000	0,000			
Adr	0,030	0,030	0,023	0,026	0,024	0,026	0,029	0,030	0,030	0,000		
Cdz	0,023	0,023	0,018	0,020	0,019	0,021	0,023	0,023	0,023	0,011	0,000	
Pon	0,143	0,143	0,142	0,143	0,142	0,143	0,143	0,143	0,143	0,137	0,138	0,000

COI gen bölgesinin analizinden elde edilen genetik çeşitliliğin dağılımını belirlemek için yapılan AMOVA analizinde gruplar arası, grupları oluşturan populasyonlar arası ve populasyon içi olmak üzere 3 farklı düzeyde çeşitlilik değerleri elde edilmiştir. Gruplar arası varyasyon %55,41, grup içi populasyonlar arası varyasyon %6,78 ve populasyon içi varyasyon ise %37,81 olarak tespit edilmiştir (Tablo 11). *Chamelea striatula* farklı tür olduğundan ve gruplar arası varyasyonu etkileyeceğinden AMOVA analizine dahil edilmemiştir.

Tablo 11. COI gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri

	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon indeksi
Gruplar arasında	12,5962	55,41	0,55411 F_{CT}
Grup içi populasyonlar arasında	1,5413	6,78	0,15208 F_{SC}
Populasyonlar arasında	8,5944	37,81	0,62193 F_{ST}

3.2.3. Mikrosatelit Veri Analizi

Çalışmada 13 popülasyona ait toplam 288, örneğin 14 mikrosatelit lokusuna ait genotipleri değerlendirilmiştir. Mikrosatelit analizlerinde kullanılan bireylerin sayısı Tablo 5’de verilmiştir. Lokus 41630’un PZR ile çoğaltılan bölgesi incelendiğinde, tüm örnekler için aynı fragment boyu elde edildiği, yani polimorfik bir lokus olmadığı belirlenmiş ve çalışmadan çıkarılmıştır. Veri analizi kalan 13 lokus ile yapılmıştır.

Genotipik oranların Hardy-Weinberg dengesine uyumu test edildiğinde yapılan 169 testin 100’ünde Hardy-Weinberg dengesinden sapma tespit edilmiş, yanlış keşif değeri düzeltilmesi yapıldıktan sonra 86 testte görülen sapmanın istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir. Analiz edilen 13 lokusun 7’sinde Hardy-Weinberg dengesinden yüksek oranda istatistiksel sapma gözlenmiştir. Ayrıca bu lokusların nul allel varlığından etkilendiği belirlenmiştir. Hardy-Weinberg dengesinden sapan lokuslardaki nul allel frekansı %21 (Lokus 33835) ile %54 (Lokus 20467) arasında değişirken, Hardy-Weinberg dengesinde olan lokuslarda ise nul allel frekansı %1,6 (Lokus 10343) ile %15,6 (Lokus 9969) arasında değişim göstermiştir. Mikrosatelit lokuslarına ait temel istatistiksel veriler Tablo 12’de verilmiştir.

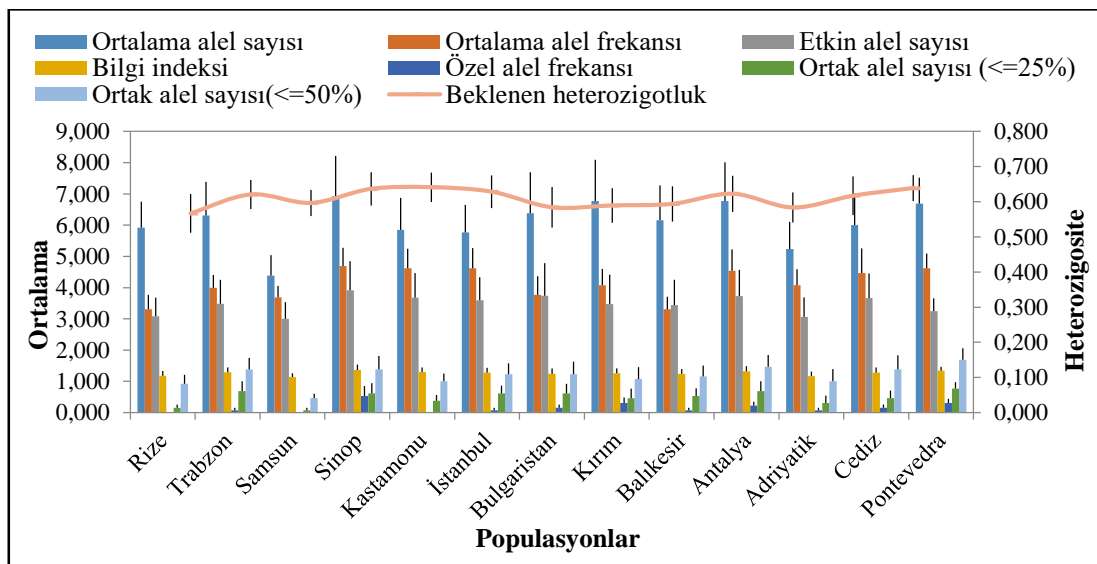
13 popülasyonun 13 mikrosatelit belirteç ile analizi sonucunda elde edilen detaylı istatistiksel veriler Ek Tablo 3’de verilmiştir. Lokuslara göre gözlenen allel sayısı 4 (Lokus 9969) ile 34 (Lokus 33835) arasında değişim gösterirken, allelik zenginlik (AR) değerleri (6 diploit bireye göre hesaplanmıştır), 2,860 (Lokus 9969) ile 9,045 (Lokus 33835, Kırım) arasında değişim göstermiştir. Gen çeşitliliği ise 0,175 (Lokus 20467) ile 0,617 (Lokus 33835) arasında değişim göstermiştir.

Popülasyonlar arası allel dağılım grafiği Şekil 10, allel frekans grafiği ise Şekil 11’de verilmiştir. Popülasyona özgün allellerin sayısının genel olarak az olduğu (≤ 4) belirlenmiştir. *C. gallina*’nın Karadeniz’de dağılım gösteren popülasyonlardaki toplam özgün allel sayısı 12, Akdeniz (Antalya) popülasyonunda üç, Adriyatik popülasyonunda bir, Atlantik popülasyonunda (Cadiz) ve *C. striatula* popülasyonunda ise (Atlantik Okyanusu-Pontevedra) dört olarak belirlenmiştir. Rize, Samsun ve Kastamonu popülasyonlarında ise özgün allele rastlanmamıştır.

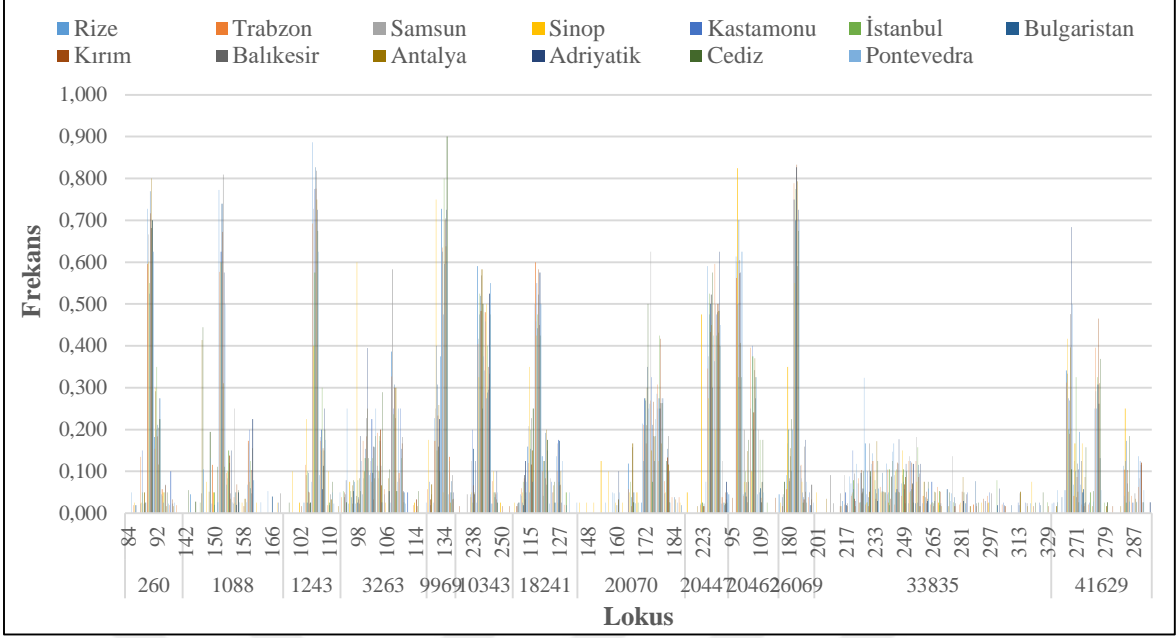
Tablo 12. Mikrosatelit lokuslarına ait istatistiksel veriler. Birey sayısı (n), Allel sayısı (N_A), Allelik zenginlik (A_R), Gözlenen heterozigosite (H_O), Beklenen heterozigosite (H_E), Polimorfizm bilgi içeriği (PIC), Null allel frekansı (F(null)). *- Hardy-Weinberg dengesinden sapan lokuslar

Lokus Adı	n	N_A	A_R	H_O	H_E	PIC	F(null)
260	288	8	3,047	0,427	0,496	0,448	0,0726
1088*	281	14	4,557	0,249	0,639	0,617	0,4354
1243*	286	8	2,998	0,185	0,452	0,417	0,4231
3263*	285	12	6,279	0,358	0,859	0,842	0,4119
9969	287	4	2,860	0,376	0,522	0,457	0,1578
10343	288	8	3,178	0,594	0,614	0,537	0,0159
18241	287	9	4,493	0,603	0,692	0,660	0,0732
20070*	283	15	5,052	0,375	0,792	0,760	0,3584
20447	288	6	2,889	0,462	0,585	0,496	0,1114
20467*	275	7	3,322	0,175	0,599	0,538	0,5463
26069	287	5	2,898	0,317	0,431	0,399	0,1423
33835*	274	33	9,045	0,617	0,945	0,940	0,2095
41629*	265	14	5,153	0,347	0,779	0,747	0,3843
41630	280	1	-	-	-	-	-

Populasyonlar arası F_{ST} değerleri incelendiğinde genetik çeşitliliğin genel olarak düşük olduğu belirlenmiştir. En yüksek F_{ST} değerleri Sinop populasyonunun diğer populasyonlar ile ikili karşılaştırılmasında hesaplanmıştır (Tablo 13). Populasyonlar için hesaplanan ortalama F_{ST} değeri 0,03065, ENA yöntemi kullanılarak hesaplanan F_{ST} değerleri ise 0,0288 olarak tespit edilmiştir. Populasyonlar arası genetik farklılık genel olarak düşük olsa da bazı populasyonlar için istatistiksel olarak önemli bulunmuştur ($p < 0,05$).



Şekil 10. Populasyonlar arası alel dağılım grafiği



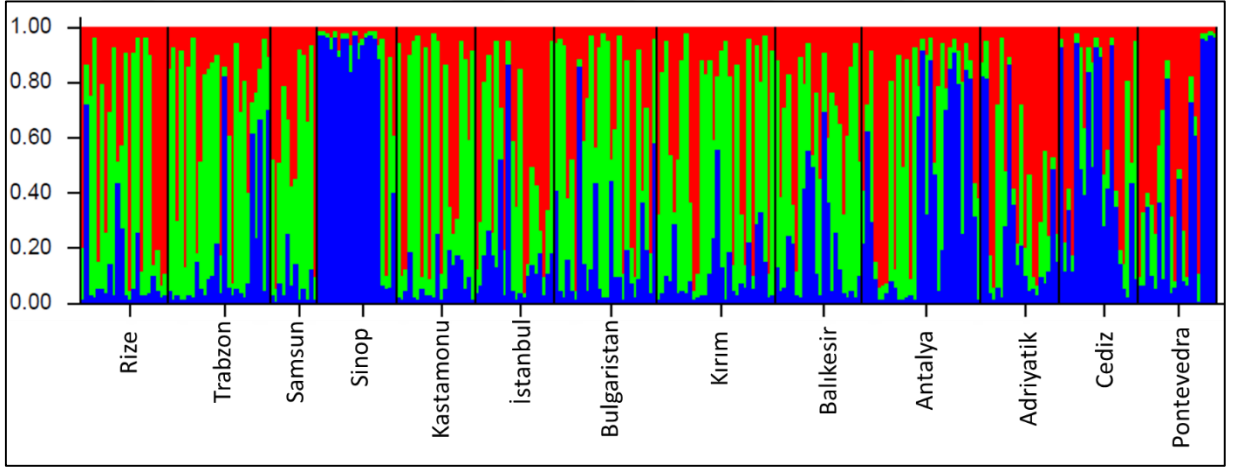
Şekil 11. Alel frekansı

Tablo 13. F_{ST} (Weir ve Cockerham) (Alt diagonal) ve populasyonlar arası allel dağılımının karşılaştırılmasında $F_{ST}=0$ olma olasılığı (Üst). Olasılık değerlerinin istatistiksel olarak 0'dan farklı olduğu ($P<0,05$) değerler koyu verilmiştir.

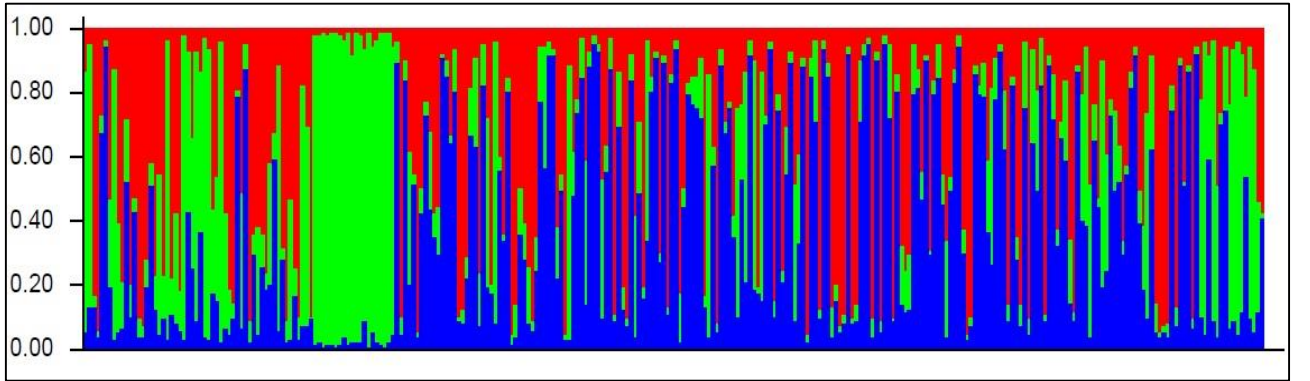
	Riz	Trb	Sam	Snp	Kas	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
Riz		0,606	0,573	0,001	0,585	0,343	0,977	0,905	0,997	0,046	0,001	0,001	0,018
Trb	0,012		0,165	0,001	0,529	0,421	0,523	0,890	0,833	0,019	0,017	0,001	0,009
Sam	0,010	0,010		0,001	0,326	0,199	0,414	0,789	0,103	0,004	0,007	0,000	0,001
Snp	0,101	0,091	0,090		0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,000
Kas	0,003	0,003	0,010	0,073		0,068	0,263	0,527	0,447	0,011	0,001	0,001	0,017
İst	0,015	0,008	0,017	0,099	0,013		0,082	0,424	0,576	0,057	0,033	0,002	0,019
Bul	-0,008	0,008	0,011	0,087	0,000	0,016		0,866	0,690	0,007	0,001	0,001	0,005
Kır	0,002	0,001	0,011	0,106	0,007	0,005	0,001		0,736	0,001	0,001	0,001	0,000
Bal	-0,010	0,007	0,018	0,096	0,006	0,009	0,005	0,005		0,046	0,058	0,001	0,072
Ant	0,022	0,016	0,026	0,100	0,016	0,017	0,010	0,016	0,019		0,001	0,052	0,009
Adr	0,033	0,016	0,032	0,088	0,027	0,029	0,032	0,027	0,017	0,031		0,001	0,049
Cdz	0,048	0,043	0,050	0,128	0,049	0,017	0,051	0,033	0,044	0,012	0,053		0,000
Pon	0,024	0,012	0,023	0,057	0,010	0,017	0,022	0,020	0,018	0,020	0,008	0,038	

Structure programında yapılan Bayesian kümeleme analizinde iki farklı veri seti kullanılmıştır. I. Deneme: Her bir örnekleme istasyonunun farklı bir popülasyonu temsil ettiği varsayımı ile 13 mikrosatelit lokusuna ait verilerin tamamı, II. Deneme: Her bir örnekleme istasyonunun farklı bir popülasyonu temsil ettiği varsayımı ile Hardy-Weinberg dengesinden sapan lokusların çıkartılıp geriye kalan altı mikrosatelit lokusuna ait veriler ile

oluşturulan veri seti sınanmıştır. Her iki denemede de Sinop popülasyonu ve diğer popülasyonlar arasında genetik bir farklılık olabileceği saptanmıştır. Muhtemel kümeleme denemelerinde olası kümeleme sayısı her iki denemede de $K=3$ olarak belirlenmiştir (Şekil 12 ve 13). I. ve II. denemelerde K değeri için hesaplanan ortalama LnP değerleri sırasıyla -10190,45 ve -3908,53 olarak belirlenmiştir. Oluşturulan kümeleme grafiği her bir popülasyona ait bireyin üç küme içinde nasıl bir dağılım sergilediğini göstermektedir. Yatay eksen bireyleri, dikey eksen ise bireylerin genotiplerinin hangi kümede olduğunu göstermektedir. Popülasyonlar arasında genel olarak düşük seviyede olan uzaklık, Bayesian kümeleme analizinin Sinop dışındaki diğer popülasyonları genetik olarak birbirinden ayıramamasını açıklamaktadır.

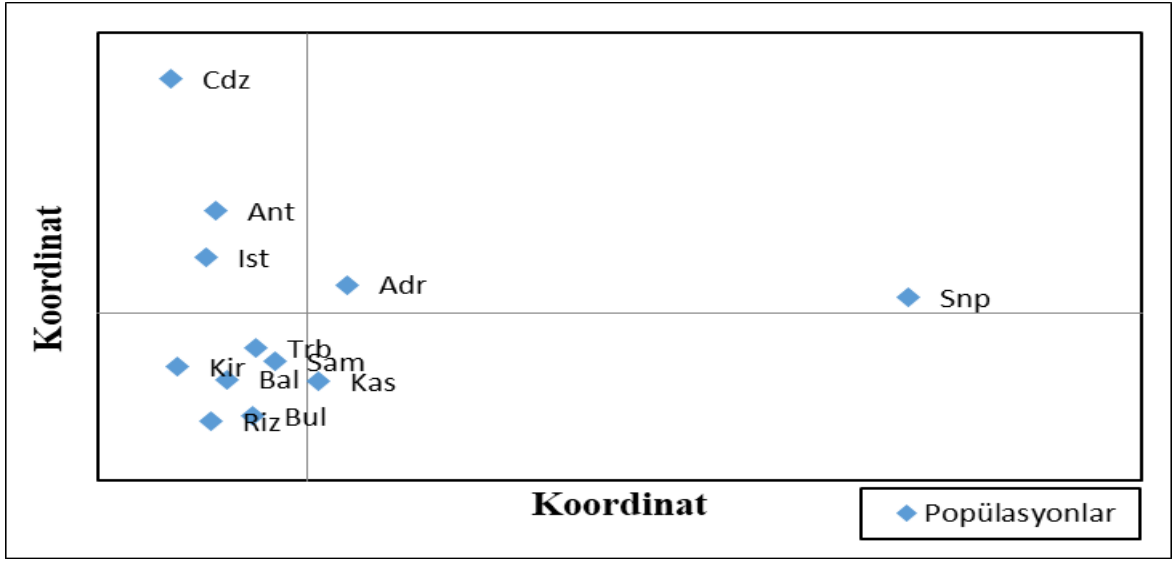


Şekil 12. Mikrosatelit lokusuna ait verilerin tamamı kullanılarak oluşturulan Structure bar grafiği

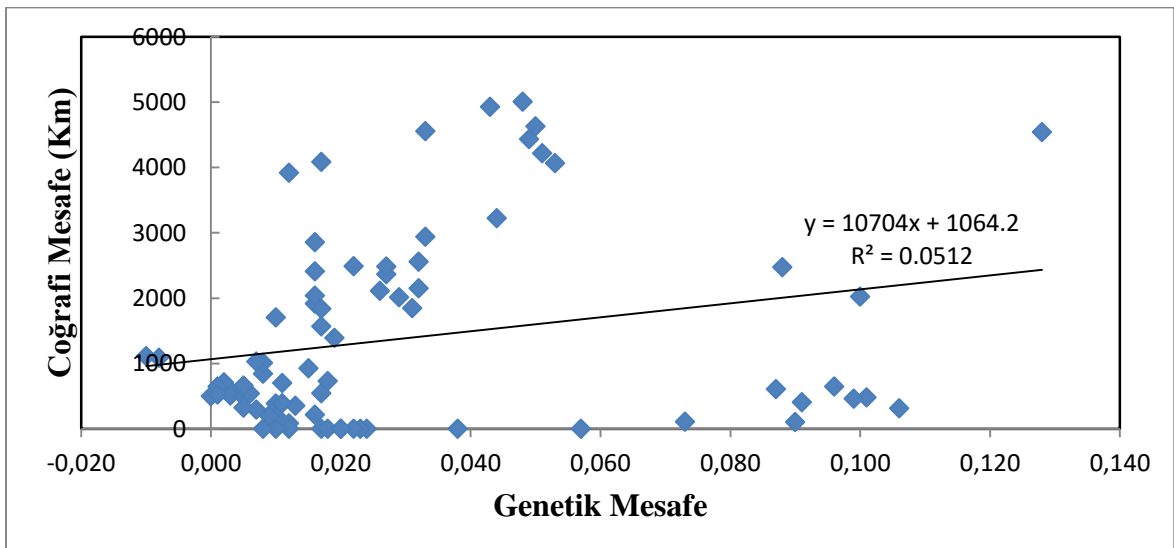


Şekil 13. Hardy-Weinberg dengesinde olan altı mikrosatelit lokusuna ait veriler ile oluşturulan Structure bar grafiği

Temel Koordinat analizi (PCoA) ile Sinop hariç geriye kalan Karadeniz popülasyonları, birlikte kümelenmiştir (Şekil 14). Cadiz, Adriyatik, Sinop, Antalya ve İstanbul örnekleri ise diğerlerinden ayrılmıştır. Mantel testi sonucuna göre ise coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasında istatistiksel olarak önemli bir ilişki belirlenmemiştir ($p=0,134$). Genetik ve coğrafik mesafe arasındaki regresyon eğiminin düşük oluşu ($R^2=0,0512$) mesafe ile izolasyon olmadığını göstermektedir (Şekil 15). Mantel test ve PCoA analizine *C. striatula* türüne ait örnekler (Pontevedra) dahil edilmemiştir.



Şekil 14. Temel koordinat analizi (PCoA)



Şekil 15. Genetik mesafe ile coğrafik mesafe arasındaki ilişki

Genetik farklılaşmanın nerden kaynaklandığını göstermek için yapılan AMOVA analizi sonucunda genetik farklılaşmanın yüksek oranda grup içi varyasyondan (%63,11) kaynaklandığı belirlenmiştir Populasyonlar arası farklılık %3,04, populasyon içi bireyler arasındaki farklılık ise %33,85 olarak belirlenmiştir (Tablo 14).

Tablo 14. Populasyonlar arası varyasyon değerleri

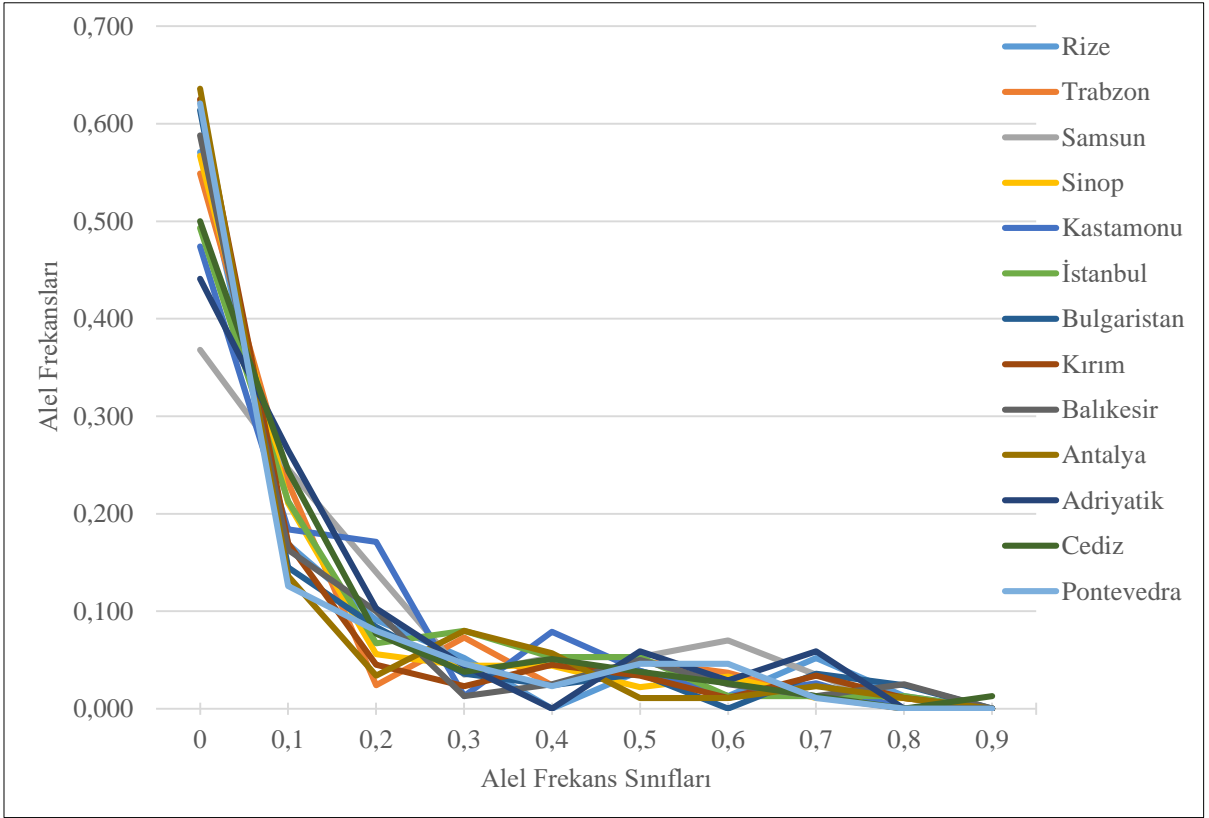
	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon indeksi
Populasyonlar arasında	0,11282	3,04	0,03045 F _{ST}
Populasyon içi bireyler arasında	1,25423	33,85	0,34910 F _{IS}
Bireyler arasında	2,33854	63,11	0,36891 F _{IT}

Bütün populasyonlar için gözlenen heterozigot fazlalığı beklenenden daha düşük çıkmıştır. Wilcoxon testi sonucuna göre bütün populasyonların mutasyon-drift dengesinde olduğu belirlenmiştir (Tablo 15).

Tablo 15. Beyaz kum midyesi populasyonlarının beklenen ve gözlenen heterozigot fazlalık değerleri (Sign Testi) ve populasyonların mutasyon-drift eşitliğine dair olasılık değerleri (Wilcoxon Testi)

Populasyon	Sign Testi		Wilcoxon Testi
	H _E Fazlalığı	H _O Fazlalığı	Olasılık Değeri (p)
Rize	7,72	2	0,9993
Trabzon	7,77	5	0,9836
Samsun	7,83	8	0,3177
Sinop	7,66	4	0,9760
Kastamonu	7,72	5	0,7725
İstanbul	7,68	3	0,8780
Bulgaristan	7,69	6	0,8632
Kırım	7,69	2	0,9991
Balıkesir	7,76	2	0,9957
Antalya	7,71	4	0,9598
Adriyatik	7,74	4	0,8780
Cadiz	7,55	4	0,9045
Pontevedra	7,72	3	0,9991

Ek Tablo 4’de her bir lokusun mutasyon-drift dengesine uyum için hesaplanan olasılık değerleri verilmiştir. Lokusların çoğunun mutasyon-drift dengesine uyduğu belirlenmiş, uymayan lokuslar ise “*” ile belirtilmiştir. Bütün populusyonların allel frekans dağılım grafikleri “L” biçiminde dağılım göstermiştir. Ayrıca allel frekanslarının en yoğun olarak 0,0-0,1 (%54) ve 0,1-0,2 (%19) frekans sınıfı arasında dağıldığı belirlenmiştir (Şekil 16). Elde edilen sonuçlar populusyonların genetik darboğaza uğramadığını ve yakın geçmişte etkin populusyon büyüklüğünde bir azalma olmadığını göstermektedir.



Şekil 16. Genetik darboğazın olmadığını gösteren L-biçimli mode-shift grafiği

LDNe programı ile bağlantı eşitsizliğine (linkage disequilibrium) dayalı hesaplanan etkin populusyon büyüklük değerleri (N_e) 41,1-14759 arasında değişim göstermektedir (Tablo 16). Belirlenen sonuçlara göre Samsun, İstanbul, Adriyatik ve Pontevedra populusyonları için etkin populusyon büyüklüğüne erişilemediği tespit edilmiştir. Fakat Pontevedra hariç hesaplanan bütün etkin populusyon güven aralıklarının (%95) geniş olması verinin güvenilirliğini düşürmektedir.

Tablo 16. Etkin populasyon büyüklükleri

Populasyon	n	Ne	Güven Aralığı (%95)
Rize	22	-144,2	96- ∞
Trabzon	26	14759,0	76- ∞
Samsun	12	98,2	16,8- ∞
Sinop	20	-232,3	75,1- ∞
Kastamonu	20	480,8	56,1- ∞
İstanbul	20	81,4	33,6- ∞
Bulgaristan	26	-93,9	966- ∞
Kırım	30	2782,9	91,1- ∞
Balıkesir	22	-57	122- ∞
Antalya	30	127,7	53,5- ∞
Adriyatik	20	91,3	29,7- ∞
Cadiz	20	-153,0	110,8- ∞
Pontevedra	20	41,1	22,8 -127,3

n- örneklenen birey miktarı, Ne-etkin populasyon büyüklüğü

4. TARTIŞMA

Veneridae familyasına mensup kum midyeleri üzerine günümüze değin yapılan taksonomik çalışmaların çoğunluğu morfometrik ve meristik özelliklerdeki farklılıklara dayanmaktadır. Dünyada yayılım gösteren kum midyesi türlerinin çoğu morfolojik olarak birbirine benzer olduğundan, bu familyadaki türlerin taksonomik olarak sınıflandırılmasında morfolojik özelliklerinin yetersiz olduğu belirtilmiştir (Graf, 2000; Lydeard vd., 2000). Moleküler tekniklerin gelişmesi ile birlikte familyadaki türlerin taksonomik durumları defalarca düzenlenmiştir (Canapa vd., 2003; Mikkelsen vd., 2006; Kappner ve Bieler, 2006).

Venerid kum midyelerinden olan *C. gallina* ve *C. striatula*'nın taksonomik durumu son 10 yıldır tartışmalara konu olmuştur (Bouchet vd., 2006). World Register of Marine Species (WoRMS) 2004 yılından beri iki taksonu farklı türler olarak kabul etse de dağılım alanları örtüşmektedir (Gofas, 2018). Yakın bir geçmişte Kuzey Denizi'nden örneklenen *C. striatula*'ya ait COI gen dizisi *C. gallina* ismi altında Gen Bank'a yüklenmiştir (Barco vd., 2016). Bacheljau vd. (1994) yedi polimorfik enzimin analizi sonucunda Güney Portekiz kıyılarından örneklediği iki türe ait bireyler arasındaki genetik mesafeyi hesaplamış ve genetik olarak farklı türler olduklarını ileri sürmüştür. Moleküler sitogenetik, mtDNA ve nükleer DNA belirteçler kullanılarak yapılan analizler ile de bu iki taksonun farklı türler oldukları desteklenmiştir (Garcia-Souto, 2017). Yürüttüğümüz bu çalışmada da benzer şekilde 16S rRNA ve COI gen bölgelerinin analizi ile Pontevedra'dan (İspanya'nın Atlantik Okyanusu Kıyısı) örneklenen bireyler ile diğer istasyonlardan örneklenen bireyler arasında genetik farklılık olduğu ve farklı türlere ait taksonlar oldukları belirlenmiştir. Karadeniz ve Akdeniz'deki istasyonlardan örneklenip analiz edilen bireylerin hepsinin *C. gallina* türüne mensup olduğu belirlenmiştir. Akdeniz havzası ve ülkemiz karasularında *C. striatula* türüne ait birey tespit edilmemiştir.

Chamelea gallina türüne ait popülasyonların genetik yapısının belirlenmesi için çalışmamızda 14 farklı mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan mikrosatelit bölgeleri Coppe vd. (2012) tarafından 454-pirosekanlama ile belirlenip karakterize edilen mikrosatelit bölgeleridir. Elde edilen ham verilerde toplam 111 farklı mikrosatelit bölgesinin varlığı belirlenmiş, polimorfik olduğu düşünülen 14 mikrosatelit lokusu İtalya'dan örneklenen 12 *C. gallina* bireyi kullanılarak değerlendirilmiştir. Lokuslardan birisi hariç (Lokus 41630) diğerlerinin polimorfik olduğu tespit edilmiştir. Geriye kalan 13 lokusun

sekizinde ise Hardy-Weinberg dengesinden sapma olduğu ve bu sekiz lokusun tamamında null allel varlığı tespit edilmiştir. Lokuslarda gözlenen ortalama allel sayısı 5,2 olup, iki ile 14 arasında değişim göstermiştir. Gözlenen (H_O) ve Beklenen (H_E) heterozigosite değerleri sırasıyla 0-0,7500 ve 0,1594-0,9275 arasında değişim göstermiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri ise sırasıyla 0,36 ($SS \pm 0,23$) ve 0,61 ($SS \pm 0,25$) olarak belirlenmiştir. Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın nedeni sınırlı sayıda olan örnek sayısına ($n=12$) atfedilmiş ve örnek sayısı arttırıldığı takdirde sonuçlarının değişebileceği ve monomorfik olan lokus için farklı allellerin de belirlenebileceği belirtilmiştir. Papetti vd. (2018), Kuzey Adriyatik Denizi'nde birbirine yakın üç farklı istasyondan farklı yıllarda örneklediği 239 bireyi kullandığı çalışmasında Coppe vd. (2012) tarafından geliştirilen 14 mikrosatelit belirtecin 11 tanesini kullanarak populasyonlar arası genetik çeşitliliği belirlemiştir. Kullanılan 11 lokusun beşinin Hardy-Weinberg dengesinden saptığını belirtmiştir. Bu sapmaların nedeni heterozigot eksikliğinden kaynaklanmış, bu durumun ise null allel varlığından ya da biyolojik faktörlerden kaynaklandığını öne sürmüştür. Lokuslardaki allel sayılarının 2-23 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısını 5,26 olduğunu belirlemiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri ise sırasıyla 0,42 ve 0,56 olarak belirlenmiştir. Mevcut çalışmamızda mikrosatelit analizlerinde ise toplamda 288 birey kullanılmış olmasına rağmen 13 lokusun yedisinin neredeyse her populasyon için Hardy-Weinberg dengesinden saptığı ve yüksek null allel frekansına sahip olduğu belirlenmiştir. Ayrıca monomorfik olan lokusda (Lokus41630) farklı bir allel varlığı belirlenmemiştir. Lokuslarda gözlenen allel sayısı 2 ile 33 arasında değişim göstermiştir. Gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri sırasıyla 0,175-0,603 ve 0,431-0,969 arasında değişim göstermiştir. Örnek sayısındaki artışa rağmen çalışmamızdaki bulgular Coppe vd. (2012) ve Papetti vd. (2018) ile benzerlik göstermiştir.

Son zamanlardaki çalışmalarda çift kabuklu yumuşakça türlerinin mikrosatelit bölgelerinde null allel olarak da bilinen yüksek oranda çoğaltılamayan allel varlığı bildirilmiştir (Arias-Perez vd., 2012; Marin vd., 2012; Nanton vd., 2014; Hargrove vd., 2015; Chiesa vd., 2016a). Çoğaltılması hedeflenen DNA dizisinin primer tutunma bölgesinde meydana gelen mutasyon, allelin PZR ile çoğaltılmasını engelleyerek null allel oluşumuna sebep olmaktadır. Homozigot lokusda null allel oluşması durumunda amplifikasyon olmazken, heterozigot lokusda oluşması durumunda ise lokus homozigot olarak gözükmektedir. Nanton vd. (2014) *Donacidae* familyasına mensup bir midye türü olan *Donax trunculus* için 19 polimorfik mikrosatelit belirteç tanımlamıştır. Tanımlanan bu

belirteçlerin 10 tanesinde %10-27 oranında null allel varlığı belirlenmiştir. Benzer şekilde *Ruditapes philippinarum* için tanımlanan 10 mikrosatelit lokusunun yedisinde benzer oranlarda null allel varlığı tespit edilmiştir (Kim vd., 2014). Aynı tür için geliştirilen farklı mikrosatelit belirteçlerinde de null allel varlığı belirlenmiştir (Chiesa vd., 2016a). Doğal ve kültüre alınmış *Mervenaria mercenarian* populasyonlarının genetik çeşitliliğini belirlemeye yönelik yapılan bir çalışmada, kullanılan mikrosatelit lokuslarındaki null allel frekansının %1,5-29 aralığında değiştiği belirlenmiştir. Bu lokuslardan özellikle 4'ünde null allel frekansının %14'den fazla olduğu tespit edilmiştir (Hargrove vd., 2015). Çalışmamızda Coppe (2012) tarafından tasarlanıp karakterize edilen mikrosatelit belirteçler kullanılmış olup, lokuslardaki null allel frekansları %1,5-43 aralığında olduğu belirlenmiştir. Aynı mikrosatelit primerlerinin kullanıldığı farklı bir çalışmada da aynı lokuslarda null allel olduğu tespit edilmiş fakat null allel frekansları paylaşılmamıştır (Papetti vd. 2018). Yüksek null allel frekansının genetik populasyon yapısı üzerine etkileri farklı araştırmalara konu olmuştur (Dabrowski vd., 2015; Rico vd., 2017). Simülasyon çalışmaları %5-8 aralığındaki null allel varlığının populasyonlar arası genetik farklılıkların belirlenmesinde kayda değer bir etkisinin olmadığını, fakat null allel frekansının daha yüksek olması durumunda etkisinin artabildiğini göstermiştir (Chapuis ve Estoup, 2007). Yüksek null allel frekansı heterozigot eksikliğine (heterozygote deficiency) sebep olup, lokusların Hardy-Weinberg dengesinden sapmasına neden olmaktadır. Çalışmamızda kullanılan belirteçlerin yedisinin yüksek null allel frekansından dolayı (>%41) Hardy-Weinberg dengesinden saptığı gözlenmiştir. Geriye kalan altı lokusda ise null allel frekansı %1,6-15,6 arasında değişmektedir. Çalışmada belirlenen yüksek null allel frekansı diğer çift kabuklu türler ile yapılan çalışmaların sonuçlarına benzemektedir (Launey vd., 2002; Nanton vd., 2014; Chiesa vd., 2016a). Lokuslarda gözlenen düşük heterozigosite de null allel varlığına atfedilmektedir. Midyeler suyu filtre ederek beslendiklerinden zenobiotik maddeler vücutlarında birikme eğilimindedir (Bouzas vd., 2011; Company vd., 2011). Ağır metal gibi bazı kirleticilerin mutajenik etkisi (Wong, 1988; Gedik ve Öztürk, 2018) midyelerde gözlenen yüksek mutasyonun ardındaki sebeplerden biri olabilir.

Karasal habitatlarda canlı yayılımını sınırlandıran su kütleleri (nehir, göl) ve dağlık alanlar gibi doğal bariyerleri tanımlamak kolaydır. Okyanus ve Deniz ortamında ise benzeri bariyerler nispeten daha seyrek. İstiridye, midye, denizyıldızı, denizkestanesi ve benzeri planktonik larval evre geçiren türler geniş alanlara yayılma potansiyeline sahip türlerdir. Planktonik evre larvaların yayılım alanını ve populasyonlar arası gen akışını etkilediğinden

evrimsel süreç açısından önem arz etmektedir (McQuaid ve Philips, 2010). Bazı türlerin geçirdiği planktonik larval dönemi günler ile ifade edilirken, bazı türlerde ise bu dönem aylarla ifade edilmektedir. Bu bilgi ışığında planktonik dönemi uzun olan türlerin, kısa planktonik evre geçiren türlere göre yayılım potansiyelinin daha fazla olması beklenmektedir (Palumbi, 1995; Hoskin, 1997). Türlerin geçirdiği planktonik evrenin süresi ile yayılım alanı arasındaki ilişkiyi belirlemek için 19 farklı bentik tür üzerinde yapılan yayılım (dispersal) modelleme çalışmasında planktonik evrenin süresi ile yayılım alanı arasında istatistiksel olarak önemli bir ilişki olduğu belirlenmiş, 3-4 hafta planktonik evre geçiren bir türün bireylerinin akıntılar ile 100-200 km kadar uzağa taşınabildiği belirtilmiştir (Siegel vd., 2003). Ye vd. (2018) midye türlerinin pelajik larva yayılım özelliklerinin gen akışı üzerine olan etkilerini incelemiş, kısa larval dönem geçiren (10 gün) *Gomphina aequilatera* türü midyelerin popülasyonları arasında istatistiksel olarak önemli genetik farklılıklar olduğunu belirlemiştir. *Heliocidaris tuberculata* türü denizkestanelerinin planktonik evresi 3-4 hafta sürmektedir ve aralarında 1.000 km'lik mesafe olan popülasyonlar arasında bile genetik farklılığın çok düşük seviyelerde olduğu belirlenmiştir. Diğer yandan *H. erythrogramma* türü deniz kestanelerinin ise planktonik evresi 3-4 gün sürmektedir ve popülasyonları arası benzeri coğrafik mesafelerde daha yüksek oranda genetik farklılık göstermektedirler (McMillan vd., 1992). Ortalama 10 gün planktonik larval dönem geçiren *Macridiscus multifarius* türü midyelerin Çin Denizi'nde yayılım gösteren popülasyonlarının genetik yapısı mitokondriyal DNA (COI, 12S rRNA ve ND1) belirteçleri kullanılarak değerlendirilmiştir. Popülasyonlar arası hesaplanan F_{ST} değerleri (COI; 0,100–0,444, $p < 0,05$, 12S rRNA; 0,199–0,742, $p < 0,05$) popülasyonlar arasında ciddi bir genetik farklılığın olduğunu göstermektedir (Ye vd., 2015).

Li vd. (2013), Çin Denizi'nde dağılım gösteren *Mytillus coruscus* türü midyelerin COI gen bölgesini kullanarak popülasyonlarının genetik yapısını belirlemek için yürüttükleri çalışmada popülasyonlar arası genetik farklılık olmadığı ($F_{ST} = -0,0362-0,0978$) tespit edilmiştir. Düşük genetik farklılığın temel sebebi türün geçirdiği planktonik larval evrenin bir aydan fazla olması (Gu, 2010) ve larvaların potansiyel yayılım alanının geniş olmasından kaynaklanmaktadır. Benzer şekilde Çin Denizi'nde yayılım gösteren *Mytillus galloprovincialis* türü midyelerin COI gen bölgesinin analizi ile de popülasyonlar arası genetik çeşitliliğin düşük olduğu ($F_{ST} = -0,0469-0,0509$) belirlenmiştir (Shen vd., 2011).

Chiesa vd. (2016b) tarafından, *Veneridae* familyasına mensup bir kum midyesi türü olan *Ruditapes philippinarum*'un Doğu Atlantik Okyanusu kıyılarında yayılım gösteren

populasyonlarının 16S rRNA ve mikrosatelit belirteçler kullanılarak genetik yapısı belirlenmiştir. 16S rRNA dizi analizi ile 12 farklı haplotip belirlenmiş ve bu haplotipler beş haplogrupta toplanmıştır. Mikrosatelit bölgelerinin analizinde ise bütün lokuslarda null allel varlığı tespit edilmiş ve null allel frekansı %5-45 arasında değişim göstermiştir. Populasyonlar arası hesaplanan F_{ST} değerlerinin 0,02 ile 0,093 arasında oluşu populasyonlar arası genetik çeşitliliğin az olduğunu göstermektedir. Structure programı ile yapılan kümeleme analizi ile de düşük seviyede olan genetik farklılıktan dolayı genetik olarak farklı bir kümelenmenin varlığı belirlenememiştir.

Wang (2009), *Coelomactra antiquata* türü midyelerin COI gen bölgesinin analizi ile Bohai Denizi ve Doğu Çin Denizi'ndeki populasyonlar arasında ciddi bir genetik farklılık ($F_{ST}=0,95899$) tespit etmiştir. Türün çok kısa süre planktonik larval evreye sahip oluşu (yalnızca 9 gün) (Gao, 2006) genetik farklılığın oluşmasındaki temel etkenlerinden bir tanesidir.

Papetti vd. (2018), mikrosatelit belirteçler ile Kuzey Adriyatik Denizi'nde yayılım gösteren *C. gallina* populasyonları arası ikili F_{ST} değerlerinin -0,0047 ile 0,0147 arasında olduğunu belirlemiştir. F_{ST} değerlerinin düşük oluşu populasyonlar arası genetik farklılığın olmadığını göstermiş ve populasyonlar arası gen akışının olduğu ifade edilmiştir. Bilindiği üzere Adriyatik Denizi'nin kuzey bölgelerinde yoğun bir şekilde beyaz kum midyesi avcılığı yapılmaktadır. Fakat tür üzerindeki av baskısına rağmen populasyonda darboğaz olduğuna dair bir kanıt bulunamamıştır.

Çalışmamızda farklı istasyonlardan örneklenen bireyler için 16S rRNA ve COI dizilerinin analizi ve mikrosatelit analizi ile ikili F_{ST} değerleri hesaplanmıştır. Fiksasyon indeksi, F_{ST} , yaygın olarak populasyonlar arasındaki gen akışını belirlemek için kullanılmaktadır. Yüksek F_{ST} değeri gen akışının (N_m) az olduğunu ve populasyonlar arası genetik farklılığın fazla olduğunu göstermektedir (Hedrick ve Goodnight, 2005). F_{ST} populasyon içindeki iç üremeyi (inbreeding) yansıtmakta (Wright, 1978) ya da hangi populasyonların genetik olarak farklı olduğunu belirtmektedir (Hartl ve Clark, 2007). Genetik farklılığın varoluşu, gen akışının sınırlı düzeyde olduğunun göstergesidir. Populasyonlar arası 0,05'den düşük F_{ST} değerleri önemsenmeyecek düzeyde bir genetik farklılığı, 0,25'den büyük değerler ise ciddi bir genetik farklılığı ifade etmektedir (Weir ve Cockerham, 1996). Kullandığımız mtDNA belirteçlerinin dizi analizi tür içi gruplar arası ikili F_{ST} değerlerinin çok düşük olduğuna ($<0,030$) ve populasyonlar arası gen akışı olduğuna işaret etmektedir. *Chamelea gallina* ve *C. striatula* türleri arası ortalama ikili F_{ST}

değerlerinin ise yüksek olduğu (COI; 0,140, 16S rRNA; 0,101) belirlenmiştir. Mikrosatelit lokuslarındaki null allel varlığından dolayı populasyonlar arası F_{ST} değerleri hesaplarken ENA yöntemi kullanılmış ve populasyonlar arası genetik farklılığın düşük olduğu belirlenmiştir. ENA yöntemi ile hesaplanan F_{ST} değerleri ile null allellerin dahil edilerek hesaplanan F_{ST} değerleri arasında ortalama %1,2'lik bir farklılık belirlenmiştir.

Primer bağlanma bölgelerinin korunumlu olmasından dolayı hedef tür için tasarlanan mikrosatelit belirteçleri, o canlıya genetik olarak yakın farklı bir türde de kullanılabilir. Ayrıca eş baskınlık göstermesi ve polimorfik oluşu mikrosatelit belirteçler kullanılarak hibrit türlerin ve kriptin türlerin belirlenmesine, ayrıca tür tayini yapılmasına olanak sağlamaktadır (Rico vd., 1996; Manel vd., 2005; Maes vd., 2006; Routtu vd., 2007; Reid vd., 2012). Hiperpolimorfik mikrosatelit belirteçler tür içi genetik çeşitliliği belirlemek için kullanışlı olmasına rağmen türler arası genetik çeşitliliğin belirlenmesine uygun değildir. Monomorfik veya nispeten orta seviyede polimorfik olan belirteçler kullanıldığında belirlenecek allel sayısı teorik olarak daha az olacağından türlere özgü allellerin belirlenmesinde kolaylık sağlayacaktır. Ayrıca tür tayininde kullanılacak mikrosatelit lokuslarının tam anlamıyla belirlenebilmesi için örnek sayısının fazla olması gerekmektedir (Tian vd., 2017). Çalışmamızda kullanılan mikrosatelit belirteçler *C. striatula* ve *C. gallina* populasyonları arası genetik farklılığın belirlenmesinde yetersiz olduğu tespit edilmiştir ($F_{ST} < 0,036$). Ayrıca *C. striatula* populasyonuna ait 13 mikrosatelit belirteçten sadece 4'ünde özgün allele rastlanmıştır. Çalışmamızda sadece tek bir lokaliteden *C. striatula* bireylerinin kullanılmış olması ve örnek sayısının *C. gallina*'ya göre az oluşu mikrosatelit belirteçlerin tür tayininde yetersiz olmasının sebeplerinden olabilir.

Populasyonlar arası gen akışını belirleme yöntemlerinden bir tanesi özgün allel yöntemidir. Slatkin (1985) gen akışı ile özgün allel frekansı arasında doğrusal bir ilişki olduğunu belirtmiştir. Gen akışının düşük olduğu durumlarda mutasyonlardan dolayı populasyonlardaki özgün allel frekansı yüksek olurken, gen akışının yüksek olduğu durumlarda ise populasyonlardaki özgün allel frekansı düşüktür. Çalışmamızda kullanılan 13 mikrosatelit belirteç ile her iki türe ait populasyonlardaki özgün allel sayısının çok az olduğu (≤ 4) belirlenmiştir. Dolayısıyla gerek populasyonlar arasında gerekse türler arasında gen akışının olduğu söylenebilir.

Çalışma sahamız içinde yer alan İstanbul, Çanakkale ve Cebelitarık Boğazları populasyonları arasındaki gen akışını sınırlandırma potansiyeline sahip en belirgin bariyerlerdir. Boğazlar Adriyatik, Antalya ve Cadiz populasyonlarının diğer populasyonlar ile

olan gen akışını nispeten yavaşlatsa da populasyonların birbirleriyle olan bağlantısını engellemediği belirlenmiştir. Kalkan vd. (2011) Marmara Denizi, Karadeniz ve İstanbul Boğazı'ndan örnekledikleri *Mytilus galloprovincialis* türü midyelerin mtDNA COIII geni ve altı mikrosatelit bölgenin analizi ile İstanbul Boğazı'nın hidrolojik bariyer olma ihtimalini irdeledikleri çalışmalarında populasyonlar arasında genetik bir farklılık bulamamış ve boğazın gen akışını engellemediğini belirlemişlerdir. Takip eden yıllarda aynı tür üzerinde yapılan daha kapsamlı bir çalışmada ise mtDNA dizi analizi ile Ege Denizi ve Karadeniz'de iki farklı haplogrup belirlenmiş fakat mikrosatelit belirteçlerinin analizi ile Karadeniz ve Ege Denizi arasında istatistiksel olarak önemli bir genetik farklılık belirlenmemiştir (Kalkan ve Bilgin, 2016).

Midye populasyonların birbiri ile bağlantılarının ve ilişkilerinin belirlenebilmesi için canlıların hayat döngüleri ve larvaların yayılım potansiyellerinin belirlenmesi önem arz etmektedir. *Chamelea gallina* türü midyelerin planktonik larval dönemi 20-30 gün sürmektedir (Froglia, 1989a; Morello vd., 2011). Çoğu midye türüne göre daha uzun bir planktonik larval döneme sahip olan bu türün populasyonları arasındaki genetik farklılıkların düşük olması beklenen bir sonuç olup, populasyonlar arası gen akışı olduğunun işaretidir. Elde edilen bu sonuçlar, “uzun süre planktonik evre geçiren türlerde düşük seviyede genetik farklılık gözlenir” hipotezini destekler niteliktedir.

Kurtuluş (2009) Karadeniz, Marmara Denizi, İstanbul ve Çanakkale Boğazları'ndaki sekiz örnekleme bölgesinden *Mytilus galloprovincialis* türü midyelerin (n=96) COIII gen bölgesinin dizi analizini yapmış ve toplam 9 haplotip tespit etmiştir. Haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerlerinin sırasıyla 0,230 ve 0,00038 olduğu tespit edilmiştir. Atasaral Şahin (2011), Karadeniz ve Ege Denizi'nde belirlediği 10 örnekleme bölgesinden *M. galloprovincialis* türü midyelerin 16S rRNA ve COIII gen bölgelerinin dizi analizini yapmıştır. 16S rRNA gen bölgesinde dişilerde üç, erkeklerde ise iki haplotip belirlemiş, COIII gen bölgesinde ise dişi bireyler için 20 haplotip belirlenmiştir. Haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri düşük olup, en yüksek haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri 16S rRNA gen bölgesi için sırasıyla 0,666-0,066024, COIII gen bölgesi için ise sırasıyla 0,6959-0,046856 olarak tespit edilmiştir. Kalkan vd. (2011) İstanbul Boğazı çevresinde yaptıkları çalışmada *M. galloprovincialis* türüne ait 96 bireyin COIII dizi analizini yapmışlardır. Çalışmada toplam 14 haplotip belirlenmiştir. Haplotip çeşitliliği genel olarak düşük bulunmuş, ortalama haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri ise sırasıyla 0,230 ve 0,00038 olarak tespit edilmiştir. Çalışmamızda mtDNA (COI ve 16S rRNA) dizi analizi ile *C. gallina*

populasyonları arası yüksek benzerlik tespit edilmiştir. Sonuçlar, uzun planktonik larval döneme sahip türlerdeki sonuçlarla benzerlik göstermektedir. COI gen bölgesinde gözlenen genetik çeşitlilik nispeten 16S rRNA gen bölgesine göre daha yüksek çıkmıştır. Her iki mtDNA geni ile türün orta seviyede haplotip çeşitliliğe ($h=0,6638-0,7008$) ve düşük seviyede nükleotit çeşitliliğe ($P_i=0,01837-0,03498$) sahip olduğu belirlenmiştir. Her iki mitokondriyal gen bölgesinin network analizi ile benzer sonuçlar elde edilmiştir. 16S rRNA gen bölgesinin network analizi ile haplotip 3 (H3)'ün, COI gen bölgesinin network analizi ile ise haplotip 5'in (H5) Karadeniz'de yayılım gösteren *C. gallina* bireylerine özgü olduğu belirlenmiştir.

Birçok sucul canlı geniş yayılım potansiyeli oluşturan pelajik larval evre geçirmektedir. Yayılım, populasyonların birbirleri ile ilişki halinde kalmasına ve gen akışına sebep olduğundan, bu durum genetik homojenitenin oluşmasına olanak sağlamaktadır (Hogan vd., 2010). Mekansal homojenite midye türlerinde yaygın olarak gözlenen özelliklerdendir (Murray-Jones ve Ayre, 1997; Herbinge vd., 1998; Dahlgren vd., 2000). Populasyonlar arası genetik farklılığın az oluşu *C. gallina* populasyonlarının birbirleri ile bağlantılı olduğuna işaret etmektedir. Benzer midye türlerinde olduğu gibi *C. gallina* populasyonları arası gen alışverişi pelajik larval yayılımından kaynaklanmaktadır (Schiavina vd., 2014; Munroe vd., 2016). Mantel test sonucuna göre genetik mesafe ile coğrafik mesafe doğru orantılı olmasına rağmen istatistiksel olarak önemli bir ilişki belirlenmemiştir.

PCoA ve Bayesian kümeleme analizi ile Sinop örnekleri ile diğer örnekler arasında yapısal bir farklılık olduğu belirlenmiştir. Deniz ortamında akıntılar, girdaplar ve farklı su katmanları gibi oşinografik özellikler zaman zaman pelajik larvaların yayılımını kısıtlayabilmektedir (Weersing ve Toonen, 2009). Birbirine bitişik iki bölge arasında su katman farklılığından dolayı nadiren gen alışverişi olurken, birbirine çok uzak iki bölge arasında deniz akıntıları sayesinde bolca gen alışverişi olabilmektedir (Mitarai vd., 2009). Coğrafik mesafeden bağımsız olarak küçük coğrafik ölçekte yerel akıntı sirkülasyonu ile larval yayılım alanının sınırlandırılmasından dolayı tür içi genetik farklılık olma ihtimali muhtemeldir (Demandt, 2010; Papetti vd., 2018). Sinop örneklerinin elde edildiği Hamsilos Koyu nispeten korunumlu bir bölge olup lokal akıntı rejimi larval yayılımını sınırlandıran faktörlerden biri olabilir.

Bir populasyonun, bir veya daha fazla nesil boyunca nüfusu azalırsa, genetik çeşitlilik de azalır ve buna populasyon darboğazı denir. Darboğazı belirlemek için heterozigot fazlalığı ve heterozigot eksikliğine göre mutasyon-drift dengesinden sapmalar

incelenmektedir. Populasyondaki genetik çeşitlilik mutasyon ve genetik kaymanın (genetic drift) etkisindedir. Mutasyon, genetik çeşitliliği arttırma eğilimindeyken, genetik kaymalar genetik çeşitliliği azaltma eğilimindedir. Mutasyon oranının ve etkin populasyon büyüklüğünün dengeli olduğu durumda populasyon mutasyon-drift dengesinde olmakta yani genetik kayma ile kaybedilen çeşitlilik ile mutasyon ile kazanılan çeşitlilik denge halinde olmaktadır. Yakın bir geçmişte etkin populasyon büyüklüğünde azalma olan populasyonların polimorfik lokuslarında gözlenen allel sayısı ve heterozigosite azalır. Fakat allel sayısındaki azalma heterozigositeye göre çok daha hızlı olmaktadır. Dolayısıyla darboğaz geçirmiş olan populasyonlarda heterozigot fazlalığı olması beklenmektedir. Muhtemel bir genetik darboğaz varlığını incelediğimiz çalışmamızda heterozigot fazlalığı tespit edilmemiştir. Ayrıca mode-shift analizinde allel frekanslarının L şeklinde dağılım göstermesi de populasyonların darboğaz geçirmediğinin göstergesidir. Darboğazdan geçen populasyon genetik çeşitliliğini yitirdiğinden dolayı olumsuz ortam şartlarına karşı daha hassas hale gelmektedir. Muhtemel bir darboğaz varlığının belirlenmesi canlıların korunması için önem arz etmektedir (Cristescu vd., 2010).

Etkin populasyon büyüklüğü (N_e) populasyon genetiği, evrimsel ve koruma biyolojisinde kullanılan temel parametrelerden bir tanesidir. Etkin populasyon büyüklüğü mevcut populasyonu temsil edebilecek, rastgele genetik sürüklenme etkisi altında, aynı allel frekans dağılım miktarı gösteren idealleştirilmiş populasyona ait çiftleşebilen bireylerin sayısı olarak tanımlanmıştır (Wright, 1931). Etkin populasyondaki birey sayısı daima gerçek populasyonu temsil eden birey sayısından daha azdır. Samsun, İstanbul, Adriyatik ve Pontevedra populasyonları için etkin populasyon büyüklüğüne erişilememesinde örnek sayısının az olmasının etkin olduğu düşünülmektedir. Negatif N_e değerleri tanımlanmamış ama yeterince büyük etkin populasyon olduğunu ifade etmektedir. Hesaplanan negatif N_e değerleri beklenen r^2 değerinin genel r^2 değerinden yüksek olmasından kaynaklanmaktadır (Do vd., 2014).

LDNe programı ile bağlantı eşitsizliğine (linkage disequilibrium) dayalı hesaplanan etkin populasyon büyüklük değerleri (N_e) 41,1-14759 arasında değişim göstermektedir (Tablo 16). Belirlenen sonuçlara göre Samsun, İstanbul, Adriyatik ve Pontevedra populasyonları için etkin populasyon büyüklüğüne erişilemediği tespit edilmiştir.

Populasyon içi genetik varyasyona bakıldığında populasyonların neredeyse tamamında heterozigote eksikliğinden (heterozygote deficiency) kaynaklı yüksek FIS değerleri hesaplanmıştır. Larvaların yayılım alanı geniş olan (uzun planktonik döneme sahip

türler) çift kabuklu türlerinde yüksek F_{IS} değerleri belirlenmektedir (Vadopalas vd., 2004). Cassista ve Hart (2007) Atlantik ve Pasifik Okyanusu'ndan örnekledikleri *Mactromeris polynyma* türü midye popülasyonlarının F_{IS} değerlerinin 0,140 ile 0,447 arasında olduğunu tespit etmiştir. Hardy-Weinberg dengesinde olan lokus ve popülasyonlar için hesaplanan Pozitif F_{IS} değerlerinin iç üremeye işaret ettiği bilinmektedir. Çalışmamızda yüksek null-allel frekansından dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapan lokuslarda heterozigot eksikliği belirlenmiş ve söz konusu lokuslar için hesaplanan F_{IS} değerlerinin yüksek olmasına sebep olmuştur. Hardy-weinberg dengesinde olan lokusların ortalama F_{IS} değerlerinin düşük oluşu ($<0,16$) popülasyonlarda iç üreme olmadığının göstergesidir.



5. SONUÇ

Bu çalışmada, *C. gallina* türü midyelerin Karadeniz, Marmara Denizi, Akdeniz, Adriyatik Denizi ve Atlantik Okyanusu'ndaki populasyonlarının genetik yapısının tanımlanması ve populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi için 13 mikrosatelit bölgesinin analizi ve mtDNA'nın COI ve 16S rRNA gen bölgelerinin dizi analizi yapılmıştır.

Karadeniz'de; Rize, Trabzon, Samsun, Sinop, Kastamonu, İstanbul, Bulgaristan ve Kırım kıyılarından, Marmara Denizinde; Balıkesir kıyılarından, Akdeniz'de Antalya'dan, Atlantik Okyanusu'nda; Cadiz kıyılarından *C. gallina* türüne ait, Atlantik Okyanusu'nda Pontevedra kıyılarından ise *C. striatula* türüne ait toplam 288 birey mikrosatelit analizinde, toplam 96 birey ise mtDNA dizi analizinde kullanılmıştır. Bu çalışmada;

1. 16S rRNA gen bölgesinin 441 bp'lik bölgesinin analizi ile 8 haplotip elde edilmiştir. Haplotip 3 (H3) yalnızca Karadeniz populasyonlarında gözlenmiş olup aynı zamanda en yaygın haplotip olduğu belirlenmiştir. Ortalama haplotip ve nükleotit çeşitliliği sırasıyla 0,6028 ve 0,00405 olarak belirlenmiştir. En yüksek haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerine sahip populasyonun Cadiz olduğu belirlenmiştir.
2. COI gen bölgesinin 579 bp'lik bölgesinin analizi ile 14 haplotip elde edilmiştir. Haplotip 5 (H5) yalnızca Karadeniz populasyonlarında gözlenmiş olup aynı zamanda en yaygın haplotip olduğu belirlenmiştir. Ortalama haplotip ve nükleotit çeşitliliği sırasıyla 0,6410 ve 0,01338 olarak belirlenmiştir. En yüksek haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerine sahip populasyonların Adriyatik, Cadiz ve İstanbul olduğu belirlenmiştir.
3. 16S rRNA gen bölgesinin dizi analizi ile *C. gallina* ve *C. striatula* arasında 44 baz farklılık, COI gen bölgesinin dizi analizi ile ise bu iki tür arasında 82 baz farklılık olduğu belirlenmiştir.
4. mtDNA'ya ait gen bölgelerine dayalı analizlerin sonuçları *C. gallina* ile *C. striatula*'nın genetik olarak birbirlerinden farklı olduklarını göstermektedir.
5. mtDNA gen bölgelerinin analizi ile *C. gallina* populasyon çiftleri arasında hesaplanan genetik farklılık değerleri (F_{ST}) populasyonlar arası genetik farklılığın düşük olduğunu göstermiştir.

6. Filogenetik analizler sonucunda 16S rRNA ve COI gen bölgeleri için oluşturulan UPGMA soy ağaçlarında *C. gallina* ve *C. striatula* populasyonları olmak üzere iki ana dala ayrıldığı belirlenmiştir. *Chamelea gallina* ise kendi içerisinde Karadeniz ve diğerleri olmak üzere iki ana dala ayrılmıştır.
7. mtDNA varyans analizi ile gruplar arası ve populasyon içi bireyler arası varyasyonun yüksek olduğu belirlenmiştir.
8. *Chamelea gallina* için dizayn edilen 14 mikrosatelit belirtecin 1 tanesinin monomorfik olduğu, 7'sinde ise yüksek frekansta null allel varlığı tespit edilmiş ve bu lokuslar için neredeyse bütün populasyonların Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlenmiştir.
9. Mikrosatelit lokuslarının allel sayılarının populasyonlara göre 4-34 arasında değiştiği belirlenmiştir.
10. Lokuslara göre allel zenginlik oranları 2,01 (Lokus 9969) ile 10,40 (Lokus 33835) arasında değişim göstermiştir.
11. Lokuslara göre ortalama gözlenen heterozigotluk değerlerinin en düşük 0,171 (Lokus 20467) ve en yüksek 0,621 (Lokus 33835) olduğu belirlenmiştir.
12. Mikrosatelit veri analizi ile incelenen populasyonlar arasında genetik benzerliğin yüksek olduğu ve genetik anlamda populasyonların birbirleri ile ilişkili olup mekânsal homojenite gösterdikleri belirlenmiştir.
13. Populasyonlara ait ikili F_{ST} değerleri incelendiğinde genetik çeşitliliğin düşük olduğu belirlenmiştir. Sinop, Antalya, Cadiz, Adriyatik ve Pontevedra populasyonları için hesaplanan F_{ST} değerlerinin ise istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir ($p < 0,05$).
14. ENA yöntemi kullanılarak hesaplanan F_{ST} değerlerinin, null allel değerlerinin dahil edilerek hesaplanan F_{ST} değerlerinden yaklaşık %1,2 daha düşük olduğu belirlenmiştir.
15. PCOA ve Bayesian kümelendirme analizi sonucuna göre populasyonlar arası genetik olarak anlamlı bir farklılaşma olmadığı, sadece Sinop populasyonunun diğerlerinden yapısal olarak farklı olduğu belirlenmiştir.
16. Mantel test sonucuna göre genetik mesafe ve coğrafik mesafe doğru orantılı olmasına rağmen aralarında anlamlı bir ilişki olmadığı belirlenmiştir.
17. Mikrosatelit veri analizi ile Pontevedra'dan örneklenen *C. striatula* türüne ait bireyler ile *C. gallina* türüne ait örnekler arasında istatistiksel olarak önemli bir

genetik farklılık belirlenmemiş, dolayısı ile türler arası farklılığı belirlemede yetersiz kalmıştır.

18. Mikrosatelit primerlerinin *C. striatula* türüne ait örneklerde çalışması bu tür üzerinde yapılacak genetik çalışmalarda da kullanıma uygun olduğunu göstermiştir.
19. Düşük özgün allel sayısı popülasyonlar arası gen akışı olduğunu işaret etmektedir.
20. Mikrosatelit ve mtDNA gen bölgelerinin analizi ile *C. gallina* popülasyonları arasında gen akışı olduğu, aynı zamanda popülasyonların mekansal homojenite gösterdiği belirlenmiştir.
21. İstanbul, Çanakkale ve Cebelitarık boğazlarının beyaz kum midyelerinin yayılımını engellemediği belirlenmiştir.
22. Popülasyonların yakın geçmişte darboğaza uğramadığı belirlenmiştir.
23. Samsun, İstanbul, Adriyatik ve Pontevedra hariç diğer popülasyonlar için örneklenen birey sayısının etkin popülasyon büyüklüğüne ulaşılması için yeterli olduğu belirlenmiştir.
24. Karadeniz ve Akdeniz’de dağılım gösteren türün *C. gallina* olduğu belirlenmiştir.

6. ÖNERİLER

Bu çalışmanın devamı olarak Ege Denizi ve Akdeniz kıyılarından örnekler alınarak Türkiye karasularının tamamını kapsayacak şekilde Beyaz kum midyesi populasyonlarının genetik yapısı ortaya konulabilir.

Çalışmamızın temel amacı mikrosatelit destekli olarak beyaz kum midyesi populasyonları arasındaki genetik farklılıkları belirlemektir. Dolayısıyla gerek bu sebepten gerek ise ekonomik sebeplerden dolayı mtDNA dizi analizindeki örnek sayısı sınırlandırılmıştır. Örnek sayıları arttırılarak ve/veya farklı mtDNA gen bölgelerini kullanarak populasyonlara özgü haplotipler belirlenebilir.

Mikrosatelit belirteçler genetik olarak birbirine yakın türlerin ayrımında da kullanılabilir. *C. striatula* örnek sayısı arttırılarak tür teşhisinde belirleyici olabilecek lokuslar ve alleller belirlenebilir.

Beyaz kum midyesi stoklarının yönetiminde, iki yıl avcılık yapılan sahanın balıkçılığa kapatılıp, farklı bir sahanın balıkçılığa açılması şeklinde bir uygulama mevcuttur. Avcılığın yoğun olarak yapıldığı bölgelerden örneklediğimiz bireylerde darboğaza veya genetik çeşitlilik kaybına rastlanmamıştır. Türün uzun süre planktonik larval evre geçirmesi populasyonlar arası gen akışı sağladığından balıkçılık faaliyetleri ile gen kaybı yaşanmamaktadır. Dolayısıyla mevcut balıkçılık stratejisi izlenilebilir. Fakat yürürlükteki minimum avlanılabilir boy (17 mm) arttırılmalı, 25 mm'ye çekilmelidir. 25 mm'lik bir bireyin 17 mm'lik bir bireye göre neredeyse 3 kat daha fazla yumurta vermektedir. Avlanılabilir boyun arttırılması stoğa katılım oranını arttıracığı gibi aynı zamanda populasyonlar arası gen akışını da destekleyecek, türün sürdürülebilirliğine katkıda bulunacaktır.

7. KAYNAKLAR

- Abdul-Muneer, P., M., Gopalakrishnan, A., Musammilu, K., K., Mohindra, V., Lal, K., K., Basheer, V., S. ve Lakra, W. S., 2009. Genetic Variation and Population Structure of Endemic Yellow Catfish, *Horabagrus brachysoma* (Bagridae) Among Three Populations of Western Ghat Region Using RAPD and Microsatellite Markers, Molecular Biology Reports, 36,7, 1779-1791.
- Abdul-Muneer, P., M., 2014. Application of Microsatellite Markers in Conservation Genetics and Fisheries Management: Recent Advances in Population Structure Analysis and Conservation Strategies, Genetic Research International, 691759, 1-11.
- Arias-Perez, A., Fernandez-Tajes, J., Gaspar, M., B. ve Mendez, J., 2012. Isolation of Microsatellite Markers and Analysis of Genetic Diversity Among East Atlantic Populations of the Sword Razor Shell *Ensis siliqua*: A Tool for Population Management, Biochemical Genetics, 50, 397-415.
- Arneri, E., Giannetti, G., Polenta, R. ve Antolini B., 1995. Age and Growth of *Chamelea gallina* (Bivalvia: Veneridae) in The Central Adriatic Sea Obtained by Thin Sections, Rapport de la Commission International pour l'Exploration Scientifique de la Mer Méditerranée, 34, 17-21.
- Artüz, M., L., 1994. Türkiye Sularında Bulunan Bazı Yumuşakça (mollusca) Türleri, Denizler Alemi, 127637, 1-37.
- Atasaral-Şahin, Ş., 2011. Akdeniz Midyesi (*Mytilus galloprovincialis*, Lam., 1819) Populasyonlarının Genetik Yapısının Belirlenmesi, Doktora Tezi, K.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Backeljau, T., Bouchet, P., Gofas, S. ve Bruyn, L., 1994. Genetic Variation, Systematics and Distribution of The Venerid Clam *Chamelea gallina*, Journal of Marine Biology Assosiation, 74, 211-223.
- Bandelt, H., J., Forster, P. ve Rohl, A., 1999. Median-joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies, Molecular Biology and Evolution, 16, 37-48.
- Barco, A., Raupach, M., J., Laakmann, S., Neumann, H. ve Knebelberger, T., 2016. Identification of North Sea Molluscs with DNA Barcoding, Molecular Ecology Resources, 16,1, 288– 297.
- Bardakçı, F., 2001. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers, Turkish Journal of Biology, 25, 185-196.
- Barett, R., D. ve Schluter, D., 2008. Adaptation from Standing Genetic Variation, Trends in Ecology and Evolution, 23,1, 38-44.
- Beaumont, M., A., 2010. Approximate Bayesian Computation in Evolution and Ecology, Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics, 41, 379-406.

- Benjamini, Y. ve Hochberg, Y., 1995. Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing, Journal of the Royal Statistical Society, 57, 289-300.
- Boscari, E., Barbisan, F. ve Congiu, L., 2011. Inheritance Pattern of Microsatellite Loci in The Polyploid Adriatic Sturgeon (*Acipenser naccarii*), Aquaculture, 321,3, 223-229.
- Bouchet, P., 2006. The Exploration of Marine Diversity: Scientific and Technological Challenges, Duarte, C., Fundaci on BBVA, Spain.
- Bouzas, A., Aguado, D., Marti, N., Manuel-Pastor, J., Herraiez, R., Campins, P. ve Seco, A., 2011. Alkylphenols and Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Eastern Mediterranean Spanish Coastal Marine Bivalves, Environmental Monitoring and Assessment, 176, 169-181.
- Brumfield, R., T., Beerli, P., Nickerson, D., A. ve Edwards, S., V., 2003. The Utility of Single Nucleotide Polymorphisms in Inferences of Population History, Trends in Ecology and Evolution, 18, 249–256.
- Canapa, A., Schiaparelli, S., Marota, I. ve Barucca, M., 2003. Molecular Data from The 16S rRNA Gene for the Phylogeny of *Veneridae* (Mollusca: Bivalvia), Marine Biology, 142, 1125–1130.
- Cano, R., J., Poinar, H., N., Pieniasek, N., J., Acra, A. ve Poinar, G., O., 1993. Amplification and Sequencing of DNA from a 120–135-Million-Year-Old Weevil, Nature, 363, 536–538.
- Carlucci, R., Piccinetti, C., Scardi, M., Del Piero, D.ve Mariani, A., 2015. Valutazione Degli Effetti Sulla Risorsa Vongole Dell’eventuale Ridefinizione Della Taglia Minima ed una Migliore Gestione Biologica e Commerciale del Prodotto, Report Progetto di Ricerca Coordinato per il MIPAAF, 1, 1-76.
- Cassista, M., C. ve Hart, M., W., 2007. Spatial and Temporal Genetic Homogeneity in The Arctic Surfclam (*Mactromeris polynyma*), Marine Biology, 152, 569-579.
- Castilho, R. ve Çiftçi, Y., 2005. Genetic Differentiation Between Close Eastern Mediterranean *Dicentrarchus labrax* Populations, Molecular Ecology Notes, 2, 575-576.
- Chakrabarty, U., Dutta, S., Mallik, A., Mondal, D. ve Mandal, N., 2015. Identification and Characterisation of Microsatellite DNA Markers in order to Recognise The WSSV Susceptible Populations of Marine Giant Black Tiger Shrimp, *Penaeus monodon*, Veterinary Research, 46, 110-119.
- Chapuis, M., P. ve Estoup, A., 2007. Microsatellite Null Alleles and Estimation of Population Differentiation, Molecular Biology and Evolution, 24, 621-631.

- Chauhan, T., Lal-Kuldeep, K., Mohindra, V., Rajeev, S., K., Peyush, P., Gopalakrishnan, A., Prakash, C. ve Wazir, S., 2007. Evaluating Genetic Differentiation in Wild Populations of the Indian Major Carp, *Cirrhinus mrigala* (Hamilton–Buchanan, 1882): Evidence from Allozyme and Microsatellite Markers, Aquaculture, 269, 135-149.
- Chen, J., Li, Q., Kong, L. ve Yu, H., 2011. How DNA Barcodes Complement Taxonomy and Explore Species Diversity: The Case Study of a Poorly Understood Marine Fauna, PLoS ONE, 6,6, 21326.
- Chiesa, S., Lucentini, L., Freitas, R., Nonnis-Marzano, F., Breda, S., Figueira, E., Cailly-Milly, N., Herbert, J., H., Soares, A., M. ve Argese, E., 2016a. Mappin the Stranger: Genetic Diversity of Manila Clam in European Coastal Lagoons, Bulletin of Japanese Fisheries Research Education Agency, 42, 55-65.
- Chiesa, S., Lucentini, L., Freitas, R., Nonnis-Marzano, F., Ferrari, C., Filonzi, L., Breda, S., Minello, F., Figueira, E. ve Argese, E., 2016b. Null Alleles of Microsatellites for Manila Clam *Ruditapes philippinarum*, Animal Genetics, 47, 135-136.
- Company, R., Serafim, A., Lopes, B., Cravo, A., Kalman, J., Riba, I., DelValls, T., A., Blasco, J., Delgado, J., Sarmiento, A., M., Nieto, J., M., Shepherd, T., J., Nowell, G. ve Bebianno, M., J., 2011. Source and Impact of Lead Contamination on Delta-Aminolevulinic Acid Dehydratase Activity in Several Marine Bivalve Species Along The Gulf of Cadiz, Aquatic Toxicology, 101, 146-154.
- Coppe, A., Bortoluzzi, S., Murari, G., Marino, I., A., M., Zane, L. ve Papetti, C., 2012. Sequencing and Characterization of Striped Venus Transcriptome Expand Resources for Clam Fishery Genetics, Plos One, 7,9, e44185.
- Cordeo, D., Pena, J., B. ve Saavedra, C., 2014. Phylogeographic Analysis of Introns and Mitochondrial DNA in The Clam *Ruditapes decussatus* Uncovers The Effects of Pleistocene Glaciations and Endogenous Barriers to Gene Flow, Molecular Phylogenetics and Evolution, 71, 274-287.
- Cordisco, C., A., Trotta, P. ve Romanelli, M., 2005. Plasticità Riproduttiva Della Vongola Comune *Chamelea gallina* (Linneo, 1758), Biologia Marina Mediterranea, 12, 385-388.
- Corni, M., G., Cattani, O., Mancini, L. ve Sansoni, G., 1980. Aspetti del Ciclo Biologico di *Venus gallina* L. in Relazione Alla Tutela Degli Stocks Esistenti, Pubblicazioni Consorzio Centro Universitario Studi e Ricerche Risorse Biologiche Marine, 3, 1-12.
- Cornuet, J., M. ve Luikart, G., 1996. Description and Power Analysis of Two Tests for Detecting Recent Population Bottlenecks from Allele Frequency Data, Genetics, 144,4, 2001–2014.
- Çolakoğlu, S. ve Tokaç, A., 2010. Batı Marmara’da Beyaz Kum Midyesinin (*Chamelea gallina* L., 1758) Bazı Populasyon Parametreleri, Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 27,2, 65-71.

- Cristescu, R., Sherwin, W., B., Handasyde, K., Cahill, V. ve Cooper, D., W., 2010. Detecting Bottlenecks Using Bottleneck 1.2.02 in Wild Populations: The Importance of The Microsatellite Structure, Conservation Genetics, 11, 1043–1049.
- Dabrowski, M., Bornelöv, S., Kruczyk, M., Baltzer, N. ve Komorowski, J., 2015. True Null Allele Detection in Microsatellite Loci: A Comparison of Methods, Assessment of Difficulties and Survey of Possible Improvements, Molecular Ecology Resources, 15, 477-488.
- Dağtekin, M., 2013. Batı Karadeniz’de (Sinop-Cide (Kastamonu)) Dağılım Gösteren Beyaz Kum Midyesi (*Chamelea gallina* (Linnaeus, 1758)) Stoklarının Tahmini Üzerine Ön Çalışma, TAGEM/HAYSÜD/2011/09/02/05, Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, Proje Raporu.
- Dahlgren, T., G., Weinberg, J., R. ve Halanych, K., M., 2010. Phylogeography of The Ocean Quahog (*Arctica Islandica*):in Xuences of Paleoclimate on Genetic Diversity and Species Range, Marine Biology, 137, 487–495.
- Dalgıç, G., 2006. Karadeniz Kum Midyesi *Chamelea gallina* (L., 1758) Populasyonunun Üreme Periyodu ve Büyüme Performansının Belirlenmesi, Doktora Tezi, K.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Dalgıç, G. ve Karayücel, S., 2007. Investigations on the Stocks of the Striped Venus (*Chamelea gallina* L., 1758) in Ordu’s Coastal Zone of The Eastern Black Sea, Journal of Fisheries International, 10, 12-16.
- Dalgıç, G., Okumuş, İ. ve Karayücel, S., 2010. The Effect of Fishing on Growth of The Clam *Chamelea gallina* (Bivalvia: *Veneridae*) from The Turkish Black Sea Coast, Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, 90,2, 261-265.
- Dalgıç, G. ve Ceylan, Y., 2012. Population Structure, Age and Growth of Sardine, *Sardina pilchardus* (Walbaum, 1792) in The Black Sea, Journal of Animal and Veterinary Advances, 11,17, 3194-3197.
- Davies, C., A., Gosling, E., M., Was, A., Brophy, D. ve Tysklind, N., 2011. Microsatellite Analysis of Albacore Tuna (*Thunnus alalunga*): Population Genetic Structure in The North-East Atlantic Ocean and Mediterranean Sea, Marine Biology, 158, 2727-2740.
- Demandt, M., H., 2010. Temporal Changes in Genetic Diversity of Isolated Populations of Perch and Roach, Conservation Genetics, 11, 249-255.
- Deval, M., C. ve Oray, I., K., 1992. Marmara Denizi ve Batı Karadeniz’de Beyaz Kum Midyesi (*Chamelea gallina* L.1758)’nin Yumurtlama Dönemi ve Biyometrisi, İstanbul Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Dergisi, 6,1, 127-142.
- Deval, M., C., 2009. Kuzey Marmara Denizinde 10 Yıllık Av Yasağı Sonrası Beyaz Kum Midyesi (*Chamelea gallina* L.,1758)’nin Populasyon Yapısı ve Dinamikleri, 15. Ulusal Su Ürünleri Sempozyumu, Temmuz, Rize, Bildiriler Kitabı: 208-208.

- Do, C., Waples, R., S., Peel, D., Macbeth, G., M., Tillett, B., J. ve Ovenden, J., R., 2014. NeEstimator v2: Re-Implementation of Software for The Estimation of Contemporary Effective Population Size (Ne) from Genetic Data, Molecular Ecology Research, 14, 209-214.
- Ellegren, H., 2000. Heterogeneous Mutation Processes in Human Microsatellite DNA Sequences, Nature Genetics, 24,4, 400-402.
- Erkan, M., 2009. Ultrastructure of Ovary and Oogenesis in *Chamelea gallina* (Linné, 1758) (Bivalvia, Veneridae), Invertebrate Reproduction et Development, 53,4, 201-209.
- Espineira, M., Gonzalez, N., Vieites, J., M. ve Santaclara, F., J., 2009. Development of a Method for The Genetic Identification of Commercial Bivalve Species Based on Mitochondrial 18S rRNA Sequences, Journal of Aquaculture and Food Chemistry, 57, 495-502.
- Estoup, A. ve Anglers, B., 1998. Microsatellites and Minisatellites for Molecular Ecology: Theoretical and Empirical Considerations, Carvalho, G., R., Editör, IOS Press, Netherlands.
- Excoffier, L. ve Lischer, H., E., 2010. Arlequin Suite ver 3.5: A New Series of Programs to Perform Population Genetics Analyses Under Linux and Windows, Molecular Ecology Resource, 10, 564-567.
- Falush, D., Stephens, M. ve Pritchard, P., J., 2003. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies, Genetics, 164, 1567-1587.
- Folmer, O., Black, M., B., Wr, H., Lutz, R. ve Vrijenhoek, R., C., 1994. DNA Primers for Amplification of Mitochondrial Cytochrome C Oxidase Subunit I from Diverse Metazoan Invertebrates, Molecular Marine Biology and Biotechnology, 3,5, 294-299.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 2016. The state of World Fisheries and Aquaculture, Contributing to Food Security and Nutrition for All, Rome.
- Frogia, C., 1989a. Clam Fisheries with Hydraulic Dredges in The Adriatic Sea In: Marine Invertebrate Fisheries: Their Assessment and Management, Caddy, J., F., Editör, John Wiley and Sons, New York.
- Frogia, C., 1989b. Valutazione Della Consistenza Dei Banchi Di Vongole Nei Compartimenti Marittimi Di Ancona E S. Benedetto Del Tronto, Relazione Finale Per Il Triennio 1984-86, CNR-IRPEM, Ancona.
- Fuiman, L., A., Gage, J., D. ve Lamont, P., A., 1999. Shell morphometry of The Deep Sea Protobranch Bivalve *Ledella pustulosa* in The Rockall Trough, North-East Atlantic, Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, 79, 661-671.

- Gao, R., C., 2006. Advances in Studies on Biology and Artificial Breeding of the Bivalve *Coelomactra antiquata*, Journal of Xiamen University (Natural Science), 45, 195–200.
- Garcia-Souto, D., Qarkaxhija, V. ve Pasantes, J., J., 2017. Resolving the Taxonomic Status of *Chamelea gallina* and *C. striatula* (Veneridae, Bivalvia): A Combined Molecular Cytogenetic and Phylogenetic Approach, BioMed Research International, 7638790, 1-7.
- Gedik, K. ve Öztürk, R., Ç., 2018. Health Risk Perspectives of Metal(oid)s Exposure via Consumption of Striped Venus Clam (*Chamelea gallina* Linnaeus, 1758), Human and Ecological Risk Assessment, 24, 1-13.
- Gizzi, F., Caccia, M., G., Simoncini, G., A., Mancuso, A., Reggi, M., Fermani, S., Brizi, L., Fantazzini, P., Stagioni, M., Falini, G., Piccinetti, C. ve Gofferredo, S., 2016. Shell Properties of Commercial Clam *Chamelea gallina* are Influenced by Temperature and Solar Radiation Along a Wide Latitudinal Gradient, Scientific Reports, 6, 36420.
- Glaubitz, J., C., 2004. Convert: A User-Friendly Program to Re-Format Diploid Genotypic Data for Commonly Used Population Genetic Software Packages, Molecular Ecology Notes, 4,2, 309-310.
- Gofas, S., Mollusca Base: *Chamelea gallina* (Linnaeus, 1758). <http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=141907> 10 Mayıs 2018
- Gofas, S., Mollusca Base: *Chamelea striatula* (da Costa, 1778). <http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=141908>. 10 Mayıs 2018
- Goudet, J., 1995. FSTAT (Version 1.2): A Computer Program to Calculate F-Statistics, Journal of Heredity, 86,6, 485-486.
- Graf, D., L., 2000. The Etheroidea Revisited: A Phylogenetic Analysis of Hybrid Relationships (Mollusca: Bivalvia: Paleoheterodonta: Unionoida), Occasional Papers of the Museum of Zoology, 72,9, 1–21.
- Gross, R., Lulla, P. ve Paaver, T., 2007. Genetic Variability and Differentiation of Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Strains in Northern and Eastern Europe, Aquaculture, 272, 139-146.
- Gu, Z., Q., 2010. Observation on Embryonic Development of *Mytilus coruscus*, Journal of Anhui Agricultural Sciences, 32, 089.
- Hall, T., A., 1999. Bioedit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT, Nucleic Acids Symposium Series, 41, 95-98.
- Hargrove, J., S., Sturmer, L., Scarpa, J. ve Austin, J., D., 2015. Assessment of Genetic Diversity in Wild and Aquaculture Stocks of *Mercenaria mercenaria* in Florida, Journal of Shellfish Research, 34, 355-365.

- Harte, M., E., 1998. Superfamily Veneroidea. In: Beesley, P., L., Ross, G., J., B., Wells, A., Editör, Mollusca: The Southern Synthesis, Fauna of Australia, CSIRO Publishing, Avustralya.
- Hartl, D., L. ve Clark, A., G., 2007. Principles of Population Genetics, Sinauer Associates, USA.
- Hedrick, P., W. ve Goodnight, C., 2005. A Standardized Genetic Differentiation Measure, Evolution, 59,8, 1633–1638.
- Herbinger, C., M., Vercaemer, B., M., Gjetvaj, B. ve O’Dor, R., K., 1998. Absence of Genetic Differentiation Among Geographically Close Sea Scallop (*Placopecten magellanicus* G.) Beds with cDNA and Microsatellite Markers, Journal of Shellfish Research, 17, 117–122.
- Hikida, Y., 1996. Shell Structure and Its Differentiation in The *Veneridae* (Bivalvia), Journal of the Geological Society of Japan, 102,10 (1996) 847–865.
- Hogan, J., D., Thiessen, R., J. ve Health, D., D., 2010. Variability in Connectivity Indicated by Chaotic Genetic Patchiness Within and Among Populations of a Marine Fish, Marine ecology progress series, 417, 263-275.
- Hoskin, M., G., 1997. Effects of Contrasting Modes of Larval Development on The Genetic Structure of Populations of Three Species of Prosobranch Gastropods, Marine Biology, 127, 647-665.
- Hutchings, J., A. ve Reynolds, J., D., 2004. Marine Fish Population Collapses: Consequences For Recovery and Extinction Risk, Bioscience, 54, 297–309.
- Jeffreys, A., J., Wilson, V. ve Thein, S., L., 1985. Hypervariable ‘Minisatellite’ Regions in Human DNA, Nature, 314, 67–73.
- Kahilainen, A., Puurtinen, M. ve Kotiaho, J., S., 2014. Conservation Implications of Species Genetic Diversity Correlations, Global Ecology and Conservation, 2, 315-323.
- Kalinowski, S., T. ve Taper, M., L., 2006. Maximum Likelihood Estimation of the Frequency of Null Alleles at Microsatellite Loci, Conservation Genetics, 7, 991-995.
- Kalinowski, S., T., Taper, M., L. ve Marshall, T., C., 2007. Revising How The Computer Program Cervus Accommodates Genotyping Error Increases Success in Paternity Assignment, Molecular Ecology, 16, 1099-1106.
- Kalkan, E., Kurtuluş, A., Maracı, Ö. ve Bilgin, R., 2011. Is the Bosphorus Strait a Barrier to Gene Flow for the Mediterranean Mussel, *Mytilus galloprovincialis* (Lamarck, 1819)?, Marine Biology Research, 7,7, 690-700.
- Kalkan, E. ve Bilgin, R., 2016. The Intertwined Effects of Geographic Barriers, Palaeoclimate and Life History on The Distribution of Genetic Diversity: A Case Study With Two Marine Species in The Eastern Mediterranean, 3. Ecology and Evolutionary Biology Symposium, Ağustos, Ankara, Bildiriler Kitabı: 26-27.

- Kaneda, H., Hayashi, J., I., Takahama, S., Taya, C. ve Lindalh, F., 1995. Elimination of Paternal Mitochondrial DNA in Intraspecific Crosses During Early Mouse Embryogenesis, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 92, 4542-4546.
- Kappner, I. ve Bieler, R., 2006. Phylogeny of Venus Clams (Bivalvia: Venerinae) as Inferred from Nuclear and Mitochondrial Gene Sequences, Molecular Phylogenetics and Evolution, 40, 317–331.
- Kasamatsu, H. ve Vinograd, J., 1974. Replication of circular DNA in eukaryotic cells, Annual Review of Biochemistry, 43, 695-719.
- Kasapidis, P. ve Magoulas, A., 2008. Development and Application of Microsatellite Markers to Address The Population Structure of The Horse Nackerel *Trachurus trachurus*, Fisheries Research, 89,2, 132-135.
- Keen, A., M., 1969. Superfamily Veneracea, Part N (Bivalvia), Mollusca, Treatise on Invertebrate Paleontology, Geological Society of America and University of Kansas Press, Kansas.
- Keller, L., F. ve Waller, D., M., 2002. Inbreeding Effects in Wild Populations, Trends in Ecology and Evolution, 17,5, 230-241.
- Kim, E., M., An, H., S., Kang, J., H., An, C., M., Dong, C., M., Hong, Y., K. ve Park, J., Y., 2014. New Polymorphic Microsatellite Markers for The Korean Manila Clam (*Ruditapes philippinarum*) and Their Application to Wild Populations, Genetics and Molecular Research, 13, 8163-8173.
- Kondo, Y., 1998. Adaptive Strategies of Suspension-Feeding, Soft-Bottom Infaunal Bivalves to Physical Disturbance: Evidence from Fossil Preservation, In: Johnston, P., A., Haggart, J., W., Editör, Bivalves: An Eon of Evolution, Paleobiological Studies, University of Calgary Press, Calgary.
- Kurtuluş, A., 2009. İstanbul Boğazi'ndaki *Mytilus galloprovincialis* Türü Midyelerin Filocoğrafyası, Yüksek Lisans Tezi, Boğaziçi Üniversitesi, Çevre Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Launey, S., Ledu, C., Boudry, P., Bonhomme, F. ve Naciri-Graven, Y., 2002. Geographic Structure in The European Flat Oyster (*Ostrea edulis* L.) as Revealed by Microsatellite Polymorphism, Journal of Heredity, 93, 331-351.
- Li, J. ve Li, Q., 2008. Isolation and Characterization of Twelve Novel Microsatellite Loci in The Ark Shell *Scapharca broughtonii*, Conservation Genetic, 9, 1055–1057.
- Li, J., Ye, Y., Wu, C., Qi, P., Guo, B. ve Chen, Y., 2013. Genetic Variation of *Mytilus coruscus* Gould (Bivalvia: *Mytilidae*) Populations in The East China Sea Inferred from mtDNA COI gene Sequence, Biochemical Systematics and Ecology, 50, 30–38.

- Lischer, H., E., L. ve Excoffier, L., 2012. PGDSpider: An Automated Data Conversion Tool for Connecting Population Genetics and Genomics Programs, Bioinformatics, 28, 298-299.
- Liu, K. ve Muse, S., W., 2005. PowerMarker: An Integrated Analysis Environment for Genetic Marker Analysis, Bioinformatics, 21, 2128–2129.
- Liu, Z., J. ve Cordes, J., F., 2004. DNA Marker Technologies and Their Applications in Aquaculture Genetics, Aquaculture, 138, 1-37.
- Lucentini, L., Palomba, A., Lancioni, H., Gigliarelli, L. ve Natali, M., 2006. Microsatellite Polymorphism in Italian Populations of Northern Pike (*Esox lucius* L.), Fisheries Research, 80,2, 251-262.
- Luikart, G., L., Allendorf, F., W., Cornuet, J., M. ve Sherwin, W., B., 1998. Distortion of Allele Frequency Distributions Provides a Test for Recent Population Bottlenecks, Journal of Heredity, 89,3, 238–247.
- Lydeard, C., Holsnagel, W., Schnare, M., N. ve Gutell, R., 2000. Phylogenetic Analysis of Molluscan Mitochondrial LSU rDNA Sequences and Secondary Structures, Molecular Phylogenetics and Evolution, 15, 83–102.
- Mace, G., M. ve Purvis, A., 2008. Evolutionary Biology and Practical Conservation: Bridging a Widening Gap, Molecular Ecology, 17,1, 9-19.
- Maes, G., E., Pujolar, J., M., Raeymaekers, J., Dannewitz, J. ve Volckaert, F., 2006. Microsatellite Conservation and Bayesian Individual Assignment in 4 *Anguilla* species, Marine Ecology Progress Series, 319, 251-261.
- Manel, S., Gaggiotti, O., E. ve Waples, R., S., 2005. Assignment Methods: Matching Biological Questions with Appropriate Techniques, Trends in Ecology and Evolution, 20, 136-142.
- Mantel, N., 1967. The Detection of Disease Clustering and a Generalized Regression Approach, Cancer Research, 27, 209–220.
- Marin, A., Fujimoto, T. ve Arai, K., 2012. Isolation and Characterization of 12 Microsatellite Loci in The Peruvian Scallop *Argopecten purpuratus* and Cross-species Amplification in Other Scallop Species (family *Pectinidae*), Conservation Genetic Research, 4, 179-182.
- Maudet, C., Luikart, G. ve Taberlet, P., 2001. Development of Microsatellite Multiplexes for Wild Goats Using Primers Designed from Domestic Bovidae, Genetics Selection Evolution, 33, 193-203.
- McMillan, W., O., Raff, R., A. ve Palumbi, S., R., 1992. Population Genetic Consequences of Developmental Evolution in Sea Urchins (Genus *Heliocidaris*), International Journal of Organic Evolution, 46,5, 1299-1312.

- McQuaid, C. ve Phillips, T., 2010. Limited Wind-Driven Dispersal of Intertidal Mussel Larvae: In Situ Evidence From The Plankton and The Spread of The Invasive Species *Mytilus galloprovincialis* in South Africa, Marine Ecology Progress Series, 201, 211–220.
- Michaels, G., S., Hauswirth, W., W. ve Laipis, P., J., 1982. Mitochondrial DNA Copy Number in Bovine Oocytes and Somatic Cells, Developmental Biology, 94, 246-251.
- Mikkelsen, P., M., Bieler, R., Kappner, I. ve Rawlings, T., A., 2006. Phylogeny of Veneroidea (Mollusca: Bivalvia) Based on Morphology and Molecules, Zoological Journal of the Linnean Society, 148, 439–521.
- Mitarai, S., Siegel, D., A., Watson, J., R., Dong, C. ve McWilliams, J., C., 2009. Quantifying Connectivity in The Coastal Ocean with Application to The Southern California, Bight, Journal of Geophysical Research, 114, C10026.
- Morello, E., Martinelli, M., Antolini, B., Gramitto, M., Arneri, E. ve Froglija, C., 2011. Population Dynamics of The Clam, *Chamelea gallina*, in The Adriatic Sea (Italy), Marine Research at CNR, CNR Press, Italya.
- Morin, P., A. ve Woodruff, D., S., 1996. Molecular Genetic Approaches in Conservation, Oxford University Press, New York.
- Morin, P., A., Luikart, G. ve Wayne, R., K., 2004. SNPs in Ecology, Evolution and Conservation, Trends in Ecology and Evolution, 19, 208–216.
- Munroe, D., M., Narvaez, D., A., Hennen, D., Jacobson, L., Mann, R., Hofmann, E., E., Powell, E., N. ve Klinck, J., M., 2016. Fishing and Bottom Water Temperature as Drivers of Change in Maximum Shell Length in Atlantic Surfclams (*Spisula solidissima*), Estuarine Coastal Shelf Science, 170, 112–122.
- Murray-Jones, S., E. ve Ayre, D., J., 1997. High Levels of Gene Flow in The Surf bivalve *Donax deltoides* (Bivalvia: *Donacidae*) on the East Coast of Australia, Marine Biology, 128, 83–89.
- Nanton, A., Arias-Perez, A., Mendez, J. ve Freire, R., 2014. Characterization of Nineteen Microsatellite Markers and Development of Multiplex PCRs for The Wedge Clam *Donax trunculus* (Mollusca: Bivalvia), Molecular Biology Reports, 41, 5351-5357.
- Nyingi, D., De Vos, L., Aman, R. ve Agnese, J., 2009. Genetic Characterization of An Unknown and Endangered Native Population of The Nile Tilapia *Oreochromis niloticus* (Linnaeus, 1758) (Cichlidae; Teleostei) in The Lobi Swamp (Kenya), Aquaculture, 297, 57-63.
- Palaz, M. ve Berber, S., 2005. The Bivalve Species of The Dardanelles, Journal of the Marine Biological Association, 85, 357-358.
- Palmer, M., Pons, G., X. ve Linde, M., 2004. Discriminating Between Geographical Groups of a Mediterranean Commercial Clam (*Chamelea gallina* (L.): Veneridae) by Shape Analysis, Fisheries Research, 67, 93-98.

- Palumbi, S., R., 1995. Using Genetics as an Indirect Estimator of Larval Dispersal, *Ecology of Marine Invertebrate Larvae*, CRC Press, Boca Raton, Florida.
- Palumbi, S., R., 1996. Nucleic acids II: The Polymerase Chain Reaction, *Molecular Systematics*, Sinauer and Associates Inc., Sunderland, Massachusetts.
- Papetti, C., Schiavon, L., Milan, M., Lucassen, M., Caccavo, J., A., Paterno, M., Boscari, E., Marino, I., A., M., Congiu, L. ve Zane, L., 2018. Genetic Variability of the Striped Venus *Chamelea gallina* in The Northern Adriatic Sea, *Fisheries Research*, 201, 68-78.
- Peakall, R., Ruibal, M. ve Lindenmayer, D., B., 2003. Spatial Autocorrelation Analysis Offers New Insights Into Gene Flow in The Australian Bush Rat, *Rattus fuscipes*, *Evolution*, 57, 1182-1195.
- Piry, S., Luikart, G. ve Cornuet, J., M., 1999. BOTTLENECK: A Computer Program for Detecting Recent Reductions in The Effective Population Size Using Allele Frequency Data, *Journal of Heredity*, 90, 502-503.
- Poggiani, L., Piccinetti, C. ve Manfrin, G., 1973. Osservazioni Sulla Biologia Dei Molluschi Bivalvi *Venus gallina* L. e *Tapes aureus* Gmelin nell'alto Adriatico, *Note del Laboratorio di Biologia Marina e Pesca Fano*, 4, 191-209.
- Ramon, M. ve Richardson, C., A., 1992. Age Determination and Shell Growth of *Chamelea gallina* (Bivalvia: Veneridae) in The Western Mediterranean, *Marine Ecology Progress Series*, 89, 15-23.
- Reid, K., Hoareau, T., B. ve Bloomer, P., 2012. High-throughput Microsatellite Marker Development in Two Sparid Species and Verification of Their Transferability in The Family *Sparidae*, *Molecular Ecology Resources*, 12,4, 740-752.
- Rico, C., Rico, I. ve Hewitt, G., 1996. 470 Million Years of Conservation of Microsatellite Loci Among Fish Species, *Proceedings of the Royal Society London, Biological Sciences*, 263, 549-557.
- Rico, C., Cuesta, J., A., Drake, P., Macpherson, E., Bernatchez, L. ve Marie, D., 2017. Null Alleles are Ubiquitous at Microsatellite Loci in The Wedge Clam (*Donax trunculus*), *Peer-Reviewed Journal*, 18,5, e3188.
- Rienzo, A., D., Peterson, A., C., Garza, J., C., Valdes, A., M., Slatkin, M. ve Freimer, N., B., 1994. Mutational Processes of Simple Sequence Repeat Loci in Human Populations, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91,8, 3166-3170.
- Rousset, F., 2008. Genepop'007: A Complete Re-implementation of the Genepop Software for Windows and Linux, *Molecular Ecology Resources*, 8, 103-106.
- Routtu, J., Hoikkala, A. ve Kankare, M., 2007. Microsatellite-Based Species Identification Method for *Drosophila virilis* Group Species, *Hereditas*, 144, 213-221.

- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J., C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S., E. ve Sanchez-Gracia, A., 2017. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets, Molecular Biology Evolution, 34, 3299-3302.
- Rufino, M., Gaspar, M., Alexandre, M., P. ve Vasconcelos, P., 2006. Use of Shape to Distinguish *Chamelea gallina* and *Chamelea striatula* (Bivalvia: *Veneridae*): Linear and Geometric Morphometric Methods, Journal of Morphology, 267,12, 1433-40.
- Scarcella, G., ve Cabanelas, A., M., 2016. The Clam Fisheries Sector in the EU-The Adriatic Sea Case, Directorate General for Internal Policies, European Parliament.
- Schiavina, M., Marino, I., A., M., Zane, L. ve Melia, P., 2014. Matching Oceanography and Genetics at The Basin Scale. Seascape connectivity of the Mediterranean Shore Crab in the Adriatic Sea, Molecular Ecology, 23, 5496–5507.
- Schlötterer, C., 1998. Microsatellites, Molecular Genetic Analysis of Populations, Oxford University Press, New York.
- Shaklee, J., B., Beacham, T., D., Seeb, L. ve White, B., A., 1999. Managing Fisheries Using Genetic Data: Case Studies from Four Species of Pacific salmon, Fisheries Research, 43, 45-78.
- Shen, Y., B., Zhang, J., B., Feng, B., B. ve Li, J., L., 2011. Genetic Diversity of Blue Mussel *Mytilus galloprovincialis* in China Based on Sequence Analyses of Mitochondrial COI gene, Bulletin of Marine Science, 30,4, 435-440.
- Shimamoto, M., 1996. Phylogenetic Implication of Shell Microstructures and Amino Acid Compositions in The *Veneridae* (Bivalvia, Mollusca), Bulletin de l'Institut Oceanographique, 14,4, 263–270.
- Siegel, D., A., Kinlan, B., P., Gaylord, B. ve Gaines, S., D., 2003. Lagrangian Descriptions of Marine Larval Dispersion, Marine Ecology Progress Series, 260, 83-96.
- Slatkin, M., 1985. Rare Alleles as Indicators of Gene Flow, Evolution, 39, 53–65.
- Smouse, P., E. ve Peakall, R., 1999. Spatial Autocorrelation Analysis of Individual Multiallele and Multilocus Genetic Structure, Heredity, 82, 561-573.
- Sripairoj, K., Kamonrat, W. ve Na-Nakorn, U., 2009. Genetic Aspect in Broodstock Management of The Critically Endangered Mekong Giant Catfish, *Pangasianodon gigas* in Thailand, Aquaculture, 264, 36-46.
- Sutovsky, P., Navara, C., S. ve Schatten, G., 1996. Fate of The Sperm Mitochondria and The Incorporation, Conversion, and Disassembly of The Sperm Tail Structures During Bovine Fertilization, Biological Reproduction, 55, 1195-1205.
- Taanman, J., W., 1999. The Mitochondrial Genome: Structure, Transcription, Translation and Replication, Biochimica et Biophysica Acta, 1410,2, 103-123.
- Taberlet, P. ve Fumagalli, L., 1996. Owl Pellets as a Source of DNA for Genetic Studies of Small Mammals, Molecular Ecology, 5, 301–305.

- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Flipski, A. ve Kumar, S., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0, Molecular Biology and Evolution, 30,12, 2725-2729.
- Türkiye Cumhuriyeti Resmi Gazete, 4/1 Numaralı Ticari Amaçlı Su Ürünleri Avcılığını Düzenleyen Tebliğ. (2016/35), 15.08.2016, 23-25.
- Telli, M. ve Kence, A., 2015. Genetic and Morphologic Diversity of Pseudophoxinus (*Cyprinidae*): Implication for Conservation in Anatolia, Environmental Biology of Fishes, 98, 571–583.
- Tian, C., Guo, W., Liang, X., F., Sun, L., Lv, L., Zhao, C., Song, Y. ve He, S., 2017. Identification of Species-Specific Microsatellite Markers in Three *Siniperca* Species by RNA-Seq, Biochemical Systematics and Ecology, 70, 126-131.
- Tunçer, S. ve Erdemir, C., Ç., 2002. A Preliminary Study on Some Properties for *Chamelea gallina* (L.) (Bivalvia: *Verenidae*) from Karabiga-Çanakkale, Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2, 117-120.
- Türkiye İstatistik Kurumu (TUİK), 2013. Su Ürünleri İstatistikleri, Ankara.
- Vadopalas, B., LeClair, L., L. ve Bentzen, P., 2004. Microsatellite and Allozyme Analyses Reveal Few Genetic Diverences Among Spatially Distinct Aggregations of Geoduck Clams (*Panopea abrupta*, Conrad 1849), Journal of Shellfish Research, 23, 693–706.
- Valli, G. ve Zecchini-Pinesich, G., 1998. Considerazioni Sulla Biometria e la Riproduzione Di *Chamelea gallina* (L) (Mollusca, Bivalvia) del Golfo di Trieste (Alto Adriatico), Nova Thalassia, 5, 57-73.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W., F., Wills, D., P. ve Shipley, P., 2004. MICRO-CHECKER: Software for Identifying and Correcting Genotyping Errors in Microsatellite Data, Molecular Ecology Notes, 4, 535–538.
- Wang, S., 2009. Studies on Genetic Diversity of *Coetomactra Antiquate* from Five Different Geography Populations of China, Yüksek lisans tezi, Fujian Normal University, Japonya.
- Waples, R., S. ve Do, C., 2008. LDNE: A Program for Estimating Effective Population Size from Data on Linkage Disequilibrium, Molecular Ecology Resources, 8, 753-756.
- Ward, R., D., Jorstad, K., E. ve Maguire, G., B., 2003. Microsatellite Diversity in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Introduced to Western Australia, Aquaculture, 219,1, 169-179.
- Watson, S., A., Pecksi, L., S., Tyler, P., A., Southgate, P., C., Tan, K., S., Day, R., W. ve Morley, S., A., 2012. Marine Invertebrate Skeleton Size Varies with Latitude, Temperature and Carbonate Saturation: Implications for Global Change and Ocean Acidification, Global Change Biology, 18, 3026–3038.
- Weersing, K. ve Toonen, R., J., 2009. Population Genetics, Larval Dispersal, and Connectivity in Marine Systems, Marine Ecology Progress Series, 393, 1–12.

- Weir B., S. ve Cockerham, C., C., 1984. Estimating F-statistics for The Analysis of Population Structure, Evolution, 38, 1358-1370.
- Weir, B., S. ve Cockerham, C., C., 1996. Genetic Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data, Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, MA, USA.
- Williams, S., M., Pepperell, J., G., Corley, S., W. ve Ovenden, J., R., 2015. Isolation and Characterisation of 18 polymorphic Microsatellite Loci for Black Marlin (*Istiompax indica*) and Their Utility for Pacific Billfish Species, Fisheries Research, 166, 29-32.
- Wright, S., 1931. Evolution in Mendelian populations, Genetics, 16, 97–159.
- Wright, S., 1978. Chapter 4: Variability Within and Among Natural Populations, Evolution and the Genetics of Populations: A Treatise in Four Volumes, University of Chicago Press, Chicago.
- Wright, S., 1993. DNA Fingerprinting of Fishes, Biochemistry and Molecular Biology of Fishes, Elsevier Press, New York.
- Wright, J., M. ve Bentzen, P., 1994. Microsatellites- Genetic-Markers for the Future, Reviews in Fish Biology and Fisheries, 4,3, 384-388.
- Wolstenholme, D., R., 1992. Animal Mitochondrial DNA; Structure and Evolution, International Review of Cytology, 141, 173-216.
- Wong, P., 1988. Mutagenicity of Heavy Metals, Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 40, 597-603.
- Xu, T., Quan, X., Sun, Y., Zhao, K. ve Wang, R., 2010. A First Set of Polymorphic Microsatellite Loci from the Marbled Rockfish, *Sebastes marmoratus*, Biochemical Genetics, 48, 680-683.
- Ye, Y., Y., Wu, C., W. ve Li, J., J., 2015. Genetic Population Structure of *Macridiscus multifarius* (Mollusca: Bivalvia) on The Basis of Mitochondrial Markers: Strong Population Structure in a Species with a Short Planktonic Larval Stage, PLoS ONE, 10,12, e0146260.
- Ye, Y., Fu, Z., Tian, Y., Li, J., Guo, B., Lv, Z. ve Wu, C., 2018. Pelagic Larval Dispersal Habits Influence The Population Genetic Structure of Clam *Gomphina aequilatera* in China, Genes and Genomics, Basımda, 1-11.
- Yu, H., Gao, S., Chen, A., Kong, L. ve Li, Q., 2015. Genetic Diversity and Population Structure of the Ark Shell *Scapharca broughtonii* Along The Coast of China Based on Microsatellites, Biochemical Systematics and Ecology, 58, 235-241.
- Zheng, W., Zou, L. ve Han, Z., 2015. Genetic Analysis of The Populations of Japanese Anchovy *Engraulis japonicus* from The Yellow Sea and East China Sea Based on Mitochondrial Cytochrome b Sequence, Biochemical Systematics and Ecology, 58, 169-177.

Ziadi, B., Dhib, A., Turki, S. ve Aleya, L., 2015. Bivalve and Barnacle Larvae Distribution Driven by Water Temperature in a Mediterranean Lagoon, Environmental Science and Pollution Research, 22,9, 7002-7011.

Zouros, E., Ball, A., O., Saavedra, C. ve Freeman, K., R., 1994. A New Type of Mitochondrial DNA Inheritance in The Blue Mussel *Mytilus*, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 91, 7643-7647.



8. EKLER

Ek Tablo 1. *Chamelea gallina*'nın 16S rRNA dizi analizi ile elde edilen haplotipleri arası nükleotit farklılıkları. * H1 haplotipi ile aynı nükleotide sahip olduğu anlamına gelmektedir.

Haplotipler	Nükleotit pozisyonları (5' ucundan başlayarak)						
	108	115	140	236	265	404	407
H1	A	T	T	C	T	T	T
H2	G	*	*	*	*	*	*
H3	*	*	G	*	C	*	*
H4	*	*	*	T	*	*	*
H5	*	*	*	*	*	*	C
H6	*	*	*	*	*	*	A
H7	*	C	*	*	*	A	*
H8	*	C	*	*	*	*	*

Ek Tablo 2. *Chamelea gallina*'nın COI dizi analizi ile elde edilen haplotipleri arası nükleotit farklılıkları. * H1 haplotipi ile aynı nükleotide sahip olduğu anlamına gelmektedir.

	Haplotipler													
	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14
42	A	G	G	G	G	*	G	*	*	G	G	G	G	*
69	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
99	G	*	*	*	A	*	A	*	*	A	A	*	A	*
108	A	*	G	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
111	T	*	*	*	C	*	C	C	*	C	C	C	C	*
114	C	T	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
117	C	T	T	T	T	*	T	*	*	T	T	*	T	*
118	C	*	*	*	T	*	T	*	*	*	T	*	T	*
139	G	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	T	*	*
141	G	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	T	*
147	T	*	*	*	*	C	C	*	*	*	*	C	*	*
165	T	*	*	*	C	*	C	*	*	C	C	*	C	*
166	T	*	*	*	C	*	*	*	*	C	C	*	C	C
192	A	*	*	*	T	*	T	*	*	T	T	*	T	*
264	T	*	*	*	C	*	C	*	*	C	*	*	C	*
303	T	C	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
319	C	*	*	*	T	*	T	*	*	*	T	*	T	*
339	A	*	*	*	T	*	T	*	*	T	T	*	T	*
351	C	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
369	C	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
384	T	*	*	*	C	*	C	*	*	C	C	*	C	*
429	T	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
450	T	C	*	C	C	*	C	*	*	C	C	*	C	*
486	T	*	*	*	C	*	*	*	*	*	C	*	C	*
510	A	*	*	*	G	*	G	*	*	G	G	*	G	*
534	G	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
548	C	*	*	*	T	*	T	*	*	T	T	*	T	*
563	A	*	*	*	G	*	G	*	*	G	G	*	G	*

Ek Tablo 3. Farklı bölgelerden örneklenen 12 *Chamelea gallina* ve 1 *Chamelea striatula* populasyonunun 13 mikrosatelit belirteçi için belirlenen istatistiksel özellikleri. Örnekleme sahası; Rize (Riz), Trabzon (Trb), Samsun (Sam), Sinop (Snp), Kastamonu (Kas), İstanbul (İst), Bulgaristan (Bul), Kırım (Kır), Balıkesir (Bal), Antalya (Ant), Adriyatik (Adr), Cadiz (Cdz), Pontevedra (Pon). N-Örnek sayısı, A-Allel Sayısı (A), A_R - Allelik Zenginlik, H_E - Beklenen heterozigotluk değeri, H_O -Gözlenen heterozigotluk değeri, P_{HWE} - Hardy-Weinberg eşitliğine uygunluk için hesaplanan olasılık değeri, FIS-Soyiçi üreme

Locus	Riz	Trb	Sam	Snp	Kas	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
260													
N	22	26	12	20	20	20	26	30	22	30	20	20	20
A	5	7	3	5	5	4	3	4	5	5	3	4	5
A_R	2,96	4,42	2,50	3,11	3,94	3,03	2,64	2,90	3,40	2,70	2,29	2,79	3,11
H_E	0,435	0,598	0,469	0,546	0,651	0,570	0,363	0,447	0,488	0,343	0,434	0,456	0,530
H_O	0,409	0,462	0,500	0,450	0,650	0,350	0,308	0,400	0,500	0,233	0,600	0,400	0,450
P_{HWE}	0,406	0,000	1,000	0,596	0,659	0,019	0,039	0,372	0,450	0,031	0,336	0,686	0,577
FIS	0,083	0,298	-0,023	0,201	0,028	0,408	0,248	0,122	0,057	0,336	-0,361	0,148	0,176
1088*													
N	22	26	12	20	20	20	25	29	21	29	20	18	19
A	6	5	4	9	5	6	6	5	5	6	4	7	10
A_R	3,27	3,90	3,71	4,83	3,55	4,08	3,30	3,46	2,98	4,15	3,39	5,62	5,48
H_E	0,390	0,613	0,653	0,614	0,556	0,596	0,432	0,513	0,336	0,703	0,594	0,733	0,709
H_O	0,273	0,269	0,250	0,550	0,300	0,200	0,280	0,172	0,000	0,207	0,200	0,333	0,263
P_{HWE}	0,06	0,00	0,00	0,28	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
FIS	0,323	0,574	0,643	0,129	0,481	0,679	0,37	0,674	1	0,715	0,677	0,51	0,645
1243*													
N	22	26	11	20	20	20	26	29	22	30	20	20	20
A	3	4	3	6	3	4	4	4	4	5	3	5	6
A_R	2,01	3,32	2,78	4,73	2,26	3,07	2,53	2,61	2,56	2,94	2,29	3,23	3,94
H_E	0,206	0,477	0,430	0,746	0,359	0,569	0,303	0,371	0,315	0,411	0,411	0,498	0,568
H_O	0,045	0,192	0,182	0,450	0,150	0,150	0,077	0,172	0,182	0,100	0,350	0,200	0,250
P_{HWE}	0,00	0,00	0,02	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,67	0,00	0,00
FIS	0,788	0,618	0,608	0,418	0,599	0,748	0,755	0,548	0,442	0,764	0,174	0,614	0,577
3263*													
N	22	26	12	20	20	19	26	30	22	30	19	19	20
A	9	8	6	7	7	8	8	8	8	9	8	10	10
A_R	5,30	5,56	4,67	4,49	5,31	6,30	5,70	5,37	5,64	5,93	5,49	6,54	6,35
H_E	0,761	0,803	0,622	0,608	0,801	0,846	0,814	0,803	0,822	0,815	0,770	0,838	0,834
H_O	0,409	0,346	0,417	0,400	0,300	0,526	0,154	0,333	0,545	0,267	0,368	0,263	0,450
P_{HWE}	0	0	0,049	0,000	0	0,004	0	0	0,013	0	0	0	0
FIS	0,481	0,582	0,368	0,364	0,641	0,401	0,818	0,596	0,357	0,682	0,541	0,7	0,48

Ek Tablo 3'ün devamı

Locus	Riz	Trb	Sam	SnP	Kas	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
9969													
N	22	26	12	20	20	20	26	30	22	29	20	20	20
A	3	4	3	4	4	3	4	4	4	4	3	2	3
AR	2,45	3,34	2,88	2,75	3,18	2,42	2,89	2,70	3,12	3,35	2,49	1,78	2,30
HE	0,417	0,546	0,531	0,404	0,606	0,335	0,544	0,453	0,468	0,520	0,421	0,180	0,499
HO	0,273	0,423	0,417	0,250	0,550	0,400	0,462	0,433	0,500	0,345	0,350	0,200	0,250
PHWE	0,113	0,070	0,267	0,021	0,045	1	0,668	0,66	0,890	0,001	0,279	1	0,015
FIS	0,367	0,243	0,257	0,403	0,118	-0,169	0,17	0,061	-0,045	0,401	0,194	-0,086	0,518
10343													
N	22	26	12	20	20	20	26	30	22	30	20	20	20
A	4	4	3	5	4	4	4	7	5	4	4	3	4
AR	2,75	3,94	2,89	3,59	3,47	2,82	3,93	4,60	3,42	3,62	3,61	2,30	2,81
HE	0,532	0,598	0,601	0,631	0,656	0,561	0,622	0,636	0,584	0,545	0,636	0,524	0,554
HO	0,364	0,577	0,500	0,600	0,650	0,500	0,615	0,667	0,591	0,633	0,900	0,500	0,550
PHWE	0,013	0,083	0,552	0,674	0,940	0,479	0,641	0,065	0,041	0,650	0,0885	1,000	1,000
FIS	0,337	0,164	0,210	0,075	0,035	0,134	0,079	0,061	0,011	-0,053	-0,393	0,071	0,032
18241													
N	22	25	12	20	20	20	26	30	22	30	20	20	20
A	6	6	6	6	6	6	6	7	6	6	7	6	9
AR	4,40	4,16	4,70	3,96	4,27	4,66	4,44	4,48	4,23	4,56	4,32	4,41	5,38
HE	0,685	0,602	0,708	0,678	0,643	0,705	0,713	0,625	0,657	0,719	0,624	0,718	0,709
HO	0,727	0,560	0,583	0,700	0,550	0,650	0,615	0,600	0,500	0,433	0,700	0,650	0,650
PHWE	0,938	0,389	0,257	0,330	0,068	0,523	0,364	0,258	0,025	0,003	0,926	0,108	0,122
FIS	-0,039	0,089	0,218	-0,008	0,169	0,103	0,164	0,057	0,261	0,412	-0,097	0,119	0,108
20070*													
N	21	26	12	20	20	20	26	30	19	30	20	19	20
A	7	7	3	14	4	6	8	5	5	7	6	5	10
AR	6,34	6,38	3,98	8,94	5,69	6,23	6,49	5,15	6,42	6,56	6,17	5,28	7,03
HE	0,785	0,776	0,531	0,885	0,728	0,716	0,793	0,709	0,794	0,805	0,764	0,645	0,801
HO	0,238	0,308	0,333	0,750	0,300	0,300	0,462	0,233	0,368	0,433	0,300	0,368	0,500
PHWE	0	0	0,061	0,019	0	0	0	0	0,004	0	0	0	0,007
FIS	0,672	0,648	0,447	0,156	0,645	0,654	0,477	0,677	0,528	0,508	0,651	0,559	0,44
20447													
N	22	26	12	20	20	20	26	30	22	30	20	20	20
A	4	4	3	4	4	4	3	4	4	5	3	3	4
AR	2,54	2,64	2,89	3,47	2,60	2,60	2,23	2,76	2,55	2,76	2,66	2,30	3,18
HE	0,518	0,523	0,594	0,656	0,548	0,543	0,518	0,559	0,539	0,562	0,514	0,509	0,609
HO	0,455	0,462	0,500	0,350	0,500	0,550	0,577	0,500	0,682	0,400	0,300	0,150	0,550
PHWE	0,866	0,757	0,248	0,008	0,654	0,487	0,693	0,717	0,281	0,180	0,035	0,000	0,111
FIS	0,145	0,137	0,2	0,486	0,112	0,012	-0,093	0,125	-0,243	0,304	0,437	0,718	0,122

Ek Tablo 3'ün devamı

Locus	Riz	Trb	Sam	SnP	Kas	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
20467*													
N	22	24	10	20	20	20	25	27	20	27	20	20	20
A	5	3	3	3	4	5	4	6	4	4	4	4	3
AR	3,41	2,44	2,97	2,44	3,03	4,01	3,17	3,82	2,60	3,53	3,33	3,87	2,51
HE	0,555	0,525	0,560	0,304	0,585	0,713	0,465	0,603	0,515	0,669	0,583	0,728	0,501
HO	0,136	0,458	0,000	0,150	0,200	0,300	0,040	0,037	0,316	0,148	0,150	0,150	0,150
PHWE	0	0,035	0,001	0,023	0,001	0,002	0	0	0,039	0	0	0	0,000
FIS	0,764	0,148	1,000	0,525	0,672	0,596	0,837	0,941	0,424	0,786	0,754	0,803	0,714
26069													
N	22	26	12	20	20	20	26	30	22	29	20	20	20
A	4	4	3	4	4	3	5	5	5	3	3	4	4
AR	3,03	3,01	2,71	2,97	2,99	2,26	2,72	2,61	3,89	2,41	2,71	2,94	2,93
HE	0,414	0,360	0,403	0,569	0,465	0,359	0,307	0,296	0,600	0,344	0,434	0,488	0,464
HO	0,182	0,192	0,167	0,450	0,400	0,250	0,192	0,333	0,545	0,241	0,250	0,450	0,500
PHWE	0,001	0,005	0,019	0,238	0,082	0,318	0,022	1	0,216	0,109	0,006	0,241	1,000
FIS	0,577	0,521	0,614	0,233	0,165	0,326	0,39	-0,109	0,114	0,315	0,444	0,102	-0,053
33835*													
N	21	24	11	19	20	20	26	30	22	29	20	20	20
A	20	23	14	17	18	21	26	32	24	26	22	23	15
AR	9,25	9,92	9,71	8,72	9,63	9,89	10,20	10,40	10,08	10,16	9,81	9,96	8,67
HE	0,924	0,939	0,921	0,903	0,934	0,939	0,951	0,957	0,945	0,949	0,938	0,940	0,898
HO	0,524	0,542	0,727	0,632	0,450	0,550	0,538	0,667	0,727	0,586	0,550	0,750	0,550
PHWE	0	0	0,001	0,002	0	0	0	0	0,001	0	0	0,002	0
FIS	0,453	0,444	0,256	0,327	0,538	0,436	0,45	0,318	0,253	0,399	0,434	0,227	0,414
41629*													
N	22	24	12	6	20	20	26	29	21	29	19	19	18
A	7	8	6	4	9	7	7	7	6	10	6	10	9
AR	5,19	4,99	5,04	4,00	5,87	4,58	5,09	4,65	4,25	4,91	3,61	5,78	5,21
HE	0,780	0,727	0,764	0,708	0,816	0,743	0,783	0,714	0,683	0,731	0,501	0,788	0,698
HO	0,364	0,292	0,417	0,167	0,250	0,400	0,385	0,448	0,238	0,310	0,368	0,316	0,444
PHWE	0,001	0	0,003	0,004	0	0,002	0	0,001	0	0	0,012	0	0,003
FIS	0,55	0,618	0,488	0,800	0,707	0,481	0,523	0,387	0,665	0,587	0,29	0,616	0,387

Ek Tablo 4. İki safhalı mutasyon modeli (TPM) kullanılarak mutasyon-drift dengesine uyum için hesaplanılan olasılık değerleri

Lokus	Riz	Trb	Sam	Snp	Kas	İst	Bul	Kır	Bal	Ant	Adr	Cdz	Pon
260	0,015*	0,022	0,382	0,075	0,319	0,316	0,226	0,127	0,039	0,005	0,296	0,105	0,066
1088	0,003*	0,238	0,411	0,002*	0,083	0,047	0,003*	0,069	0,003*	0,363	0,413	0,178	0,002*
1243	0,060	0,165	0,256	0,440	0,210	0,358	0,029*	0,053	0,024*	0,017*	0,310	0,042*	0,036*
3263	0,080	0,491	0,044*	0,017	0,253	0,058	0,348	0,442	0,316	0,449	0,198	0,365	0,312
9969	0,313	0,299	0,531	0,062	0,495	0,181	0,278	0,142	0,130	0,200	0,306	0,410	0,472
10343	0,222	0,484	0,187	0,254	0,309	0,302	0,460	0,034	0,160	0,280	0,408	0,449	0,302
18241	0,218	0,064	0,227	0,175	0,101	0,305	0,375	0,037	0,143	0,416	0,023*	0,348	0,009*
20070	0,430	0,483	0,493	0,297	0,040*	0,359	0,427	0,311	0,003*	0,181	0,329	0,293	0,096
20447	0,229	0,229	0,248	0,292	0,255	0,254	0,411	0,332	0,261	0,133	0,468	0,465	0,495
20467	0,098	0,395	0,378	0,160	0,366	0,352	0,135	0,063	0,153	0,215	0,368	0,030*	0,500
26069	0,068	0,061	0,234	0,339	0,111	0,220	0,004*	0,002*	0,178	0,224	0,318	0,156	0,100
33835	0,410	0,491	0,239	0,471	0,390	0,249	0,333	0,395	0,228	0,430	0,476	0,092	0,240
41629	0,463	0,067	0,437	0,272	0,375	0,271	0,425	0,186	0,218	0,018*	0,008*	0,058	0,008*

*Mutasyon-drift dengesinden sapan lokuslar ($P < 0,05$)

ÖZGEÇMİŞ

1989 yılında Ankara'da doğdu. İlk öğrenimini Ankara Tevfik İleri İlköğretim Okulu'nda, Orta öğrenimini Bakü Türk Lisesi'nde tamamladı. 2004 yılında Bakü Türk Anadolu Lisesi'nde başladığı lise eğitimini 2006 yılında Ankara Batıkent Anadolu Lisesi'nde tamamladı. 2008 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi, Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği'nde başladığı lisans eğitimini 2012 yılında tamamladı. Aynı yıl aynı bölümde bütünleşik doktora eğitimine başladı ve Araştırma Görevlisi olarak atandı. Halen Karadeniz Teknik Üniversitesi, Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Bölümü'nde Araştırma Görevlisi olarak görevine devam etmektedir.