

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI**

**TÜRKİYE ALABALIK (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 ve *Salmo platycephalus* Behnke,  
1968) POPULASYONLARININ GENETİK YAPISININ mtDNA-RFLP ANALİZ  
YÖNTEMİYLE BELİRLENMESİ**

**DOKTORA TEZİ**

**Su Ürünleri Yük. Müh. Yılmaz ÇİFTÇİ**

**ARALIK – 2006  
TRABZON**

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI**

**TÜRKİYE ALABALIK (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 ve *Salmo platycephalus* Behnke,  
1968) POPULASYONLARININ GENETİK YAPISININ mtDNA-RFLP ANALİZ  
YÖNTEMİYLE BELİRLENMESİ**

**Su Ürünleri Yük. Müh. Yılmaz ÇİFTÇİ**

**Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde  
“Doktor”  
Ünvanı Verilmesi için kabul Edilen Tezdir.**

**Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : 10.10.2006**

**Tezin Savunma Tarihi : 15.12.2006**

**Tez Danışmanı : Prof. Dr. İbrahim OKUMUŞ**

**Jüri Üyesi : Prof. Dr. Sedat V. YERLİ**

**Jüri Üyesi : Prof. Dr. Ertuğ DÜZGÜNEŞ**

**Jüri Üyesi : Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ**

**Jüri Üyesi : Doç. Dr. Hamdi ÖĞÜT**

**Enstitü Müdürü : Prof. Dr. Emin Zeki BAŞKENT**

**Trabzon 2006**

## ÖNSÖZ

Bu tez çalışması Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı Doktora Programında yürütülmüştür. Çalışmanın giderleri Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü tarafından desteklenen “Türkiye Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta* L.) Populasyonlarının Genetik Yapısının Belirlenmesi” başlıklı projeden karşılanmış ve Trabzon Su ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü imkânlarıyla yürütülmüştür.

Tez çalışmam için yardım ve desteğini esirgemiyerek doktora tez danışmanlığımı üstlenen değerli hocam Sayın Prof. Dr. İbrahim OKUMUŞ’a, Tez İzleme Komitemde yer alarak değerli öneri ve yardımlarını esirgemiyen Sayın Prof. Dr. Ertuğ DÜZGÜNEŞ’e ve Sayın Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ’e, çalışmanın yürütüldüğü laboratuvarın kurulması ve geliştirilmesinde destek sağlayan enstitü yönetiminde görev almış Dr. Temel ŞAHİN, Kimya Müh. Mehmet ÇALIK, Orman End. Müh. Erdal ÜSTÜNDAĞ, Ziraat Müh. Muharrem AKSUNGUR, Dr. Atilla ÖZDEMİR ve Dr. İlker Z. KURTOĞLU’na, laboratuvar çalışmalarında özveriyle çalışan ve her zaman bana destek olan çalışma arkadaşlarım Ziraat Mühendisi Oğuzhan EROĞLU ve Biyolog Şirin FİRİDİN’e, arazi çalışmalarında değerli desteklerini her zaman gördüğüm Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü çalışanları Hasan ABDİOĞLU, Turan ÇAĞILCI, Su Ürünleri Mühendisi Adnan ERTEKEN, Veteriner Hekim Hacı SAVAŞ, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisi Atilla HAŞİMOĞLU, Su Ürünleri Mühendisi Volkan BAL, Ziraat Teknisyeni Ayhan Salih EKİZ ve Ahmet AKYAZI’ya, örnekleme için gittiğimiz yerlerde yardımlarını esirgemiyen Ardahan, Balıkesir, Bolu, Kahramanmaraş, Kars ve Rize İl Tarım Müdürlüğü Kontrol Şubesi ve Alanya, Edremit ve Yusufeli İlçe Tarım Müdürlüğü çalışanlarına ve özellikle bizimle araziye gelen Su Ürünleri Müh. Orhan BÜLBÜL, Veteriner Hekim Birol ATEŞ, Güven AKTAŞ ve Hüseyin ALKAN’a, Almus baraj gölü örneklerini gönderen Dr. Ekrem BUHAN ve bana ulaştıran Dr. Mustafa ZENGİN’e teşekkür ederim.

Ayrıca çalışmalarım süresince bana sonsuz sabır gösteren sevgili eşim Didem ÖZTÜRK ÇİFTÇİ’ye ve ailesine, son olarak da oğlum Kuzey ÇİFTÇİ’ye sonsuz teşekkürler ederim.

Yılmaz ÇİFTÇİ  
Trabzon 2006

## İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖNSÖZ.....	II
İÇİNDEKİLER.....	III
ÖZET.....	VII
SUMMARY.....	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	IX
TABLolar (ÇİZELGELER) DİZİNİ.....	XI
SEMBOLLER DİZİNİ.....	XIII
1. GENEL BİLGİLER.....	1
1.1. Giriş.....	1
1.2. <i>Salmo trutta</i> L. : Biyolojisi ve Ekolojik Özellikleri.....	2
1.2.1. Coğrafik Yayılım.....	2
1.2.2. Taksonomik Durum.....	3
1.2.3. Biyolojisi.....	5
1.2.4. Beslenme.....	6
1.2.5. Üreme Biyolojisi ve Göç.....	7
1.3. Ekonomik Önemi.....	11
1.4. Evolüsyon ve Orijinlerin Merkezi.....	12
1.5. Hibritleşme.....	15
1.6. Genetik Varyasyon; Nedenleri, Belirlenmesi ve Muhafazası.....	15
1.6.1. Genetik Varyasyonun Tahmininde Kullanılan Teknikler.....	18
1.6.1.1. Protein Elektroforezi.....	19
1.6.1.2. DNA Markırların Gelişimi.....	22
1.6.1.2.1. RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi).....	22
1.6.1.2.2. RAPDs (Randomly Amplified Polymorphic DNA): Rastgele Amplifike Edilmiş Polimorfik DNA.....	24
1.6.1.2.3. Satelit DNA Markırları.....	25
1.6.1.2.3.1. Minisatellit DNA Markırı.....	26
1.6.1.2.3.2. Mikrosatellit DNA Markırı.....	28

1.6.1.2.4.	DNA Sekansı.....	30
1.7.	Mitokondriyal Genomun Biyolojisi.....	31
1.7.1.	Protein Kodlayan Genler.....	34
1.7.2.	Transfer RNA Genleri.....	34
1.7.3.	Ribozomal RNA Genleri.....	35
1.7.4.	Kontrol Bölgesi.....	35
1.8.	Filogenetik.....	36
1.8.1.	Filogenetik’de Kullanılan Metotlar.....	38
1.8.1.1.	Uzaklık Metotları.....	39
1.8.1.1.1.	Küme Analiz Metodu.....	39
1.8.1.1.2.	Eklemeli Ağaç Metotları.....	40
1.8.1.1.3.	Neighbour-Joining (Komşu - Bağlantı) Metodu.....	40
1.8.1.2.	Parsimoni Metotları.....	40
1.8.1.3.	Maksimum Olasılık Metodu.....	41
1.9.	Morfoloji.....	41
1.10.	Önceki Çalışmalar.....	43
1.10.1.	Morfolojik Çalışmalar.....	43
1.10.2.	Taksonomik Çalışmalar.....	44
1.10.3.	Filogenetik İlişkiler ve Populasyon Yapısı Üzerine Yapılan Çalışmalar.....	46
1.10.4.	Balıklandırma Çalışmalarının Doğal Ortam Üzerine Etkisine Yönelik Çalışmalar.....	52
1.11.	Çalışmanın Gerekçesi ve Amacı.....	54
2.	YAPILAN ÇALIŞMALAR.....	56
2.1.	Örnekleme Alanları ve Prosedürü.....	56
2.2.	Morfometrik ve Meristik Analiz.....	57
2.3.	Mitokondriyal DNA’nın RFLP Analizi.....	59
2.3.1.	Total DNA’nın Ekstraksiyonu.....	59
2.3.2.	DNA Kalite ve Miktarının Belirlenmesi.....	59
2.3.3.	DNA Amplifikasyonu.....	60
2.3.4.	Kesici Enzim Analizi.....	62
2.3.5.	RFLP Bantlarının Görüntülenmesi ve Morfların Belirlenmesi.....	63
2.4.	Verilerin Değerlendirilmesi.....	64

2.4.1.	Morfolojik Verilerin Analizi.....	64
2.4.2.	Genetik Verilerin Analizi.....	64
2.4.2.1.	mtDNA Tipleri Arasındaki Farklılık.....	65
2.4.2.2.	Populasyonlar Arası Farklılık.....	66
2.4.2.2.1.	Haplotip ve Nükleotit Farklılığı.....	66
2.4.2.2.2.	Genetik Farklılığın Belirlenmesi.....	67
2.4.2.2.3.	Gen Akışının Hesaplanması.....	68
2.4.2.2.4.	Genetik Farklılık ile Coğrafik Mesafe Arasındaki İlişki.....	69
3.	BULGULAR.....	70
3.1.	Genetik Analiz.....	70
3.1.1.	Morf ve Haplotiplerin Karakterizasyonu.....	70
3.1.2.	Nükleotit Farklılığı.....	82
3.1.3.	Haplotip ve Nükleotit Çeşitliliği.....	85
3.1.4.	Genetik Varyans Bileşenleri.....	87
3.1.5.	Populasyonlar Arası $\chi^2$ Testi.....	88
3.1.6.	Populasyonlar Arası Genetik Farklılık ve Gen Akışı.....	91
3.1.7.	Dere ve Deniz Ekotiplerinin Genetik Analizi.....	96
3.2.	Morfometrik ve Meristik Analiz.....	101
3.2.1.	Dere Ekotipi ( <i>Salmo trutta fario</i> ).....	101
3.2.2.	Deniz Ekotipi ( <i>Salmo trutta labrax</i> ).....	109
3.2.3.	Kafkas Alası ( <i>Salmo trutta caspius</i> ).....	110
3.2.4.	Dağ Ekotipi ( <i>Salmo trutta macrostigma</i> ).....	112
3.2.5.	Göl Ekotipi ( <i>Salmo trutta abanticus</i> ).....	113
3.2.6.	Anadolu Alası ( <i>Salmo platycephalus</i> ).....	114
3.2.7.	Tüm Ekotipler ( <i>Salmo</i> sp.).....	115
4.	TARTIŞMA.....	121
4.1.	Haplotip Çeşitliliği.....	122
4.2.	Genetik Varyasyon.....	131
4.3.	Göç ve Gen Akışı.....	133
4.4.	Genetik ve Coğrafik Mesafe Arasındaki İlişki.....	136
4.5.	Mikrocoğrafik Farklılaşma.....	137
4.6.	Morfometri.....	139
4.7.	Kahverengi Alabalık Populasyonlarının Taksonomik Durumu.....	143

5.	SONUÇLAR.....	146
6.	ÖNERİLER.....	150
7.	KAYNAKLAR.....	152
8.	EKLER.....	173
	ÖZGEÇMİŞ.....	180

## ÖZET

Bu çalışmada, Türkiye'nin değişik bölgelerinde bulunan anadrom ve anadrom olmayan kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) ve Anadolu alası (*Salmo platycephalus*) popülasyonlarının genetik ve morfolojik yapıları mtDNA-RFLP analiz yöntemi ve Truss ağı sistemi kullanılarak çalışılmıştır. mtDNA'nın üç farklı bölgesi Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile arttırıldıktan sonra ND1 bölgesi 5, Sitokrom b/D-Loop bölgesi 5 ve ND5/6 bölgesi 7 kesici enzimle kesilmiş ve toplam 31 farklı birleşik haplotip gözlenmiştir. Birleşik haplotipler arasındaki sekans farklılığı değerleri 0,0004 - 0,0289 arasında değişim göstermiş ve oluşturulan UPGMA ağacında *Salmo platycephalus* türünün de içinde bulunduğu Tuna (DA) ve Adriyatik (AD) olarak iki ana soy grubuna ayrıldığı belirlenmiştir. Popülasyonlar arası ortalama nukleotit çeşitliliği 0,010 ve nukleotit farklılığı 0,009, popülasyonlar içindeki haplotip ve nukleotit çeşitliliği değerleri ise sırasıyla ortalama 0,270 ve 0,001 olarak hesaplanmıştır. Monte-Carlo simülasyonu ile tüm popülasyonlar arası genetik heterojenite test edilmiş ve haplotip frekanslarının dağılımında istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulunmuştur ( $\chi^2 = 8647,20$ ,  $P < 0,001$ ). Fakat dere ve deniz ekotipleri arasında heterojenite olmadığı belirlenmiştir ( $\chi^2 = 15,28$ ,  $P = 0,1350$ ). Popülasyonlar arasında önemli genetik farklılık olduğu ( $\Phi_{ST} = 0,92$ ) ve göç eden dişi balık miktarının ( $N_e m = 0,045$ ) düşük olduğu tespit edilmiştir. Bununla birlikte, anadrom ve yerleşik gruplar arasında genetik farklılık bulunamamış ( $\Phi_{ST} = 0,084$ ) ve göç oranı yüksek bulunmuştur ( $N_e m = 5,5$ ). Popülasyon çiftleri arasındaki genetik mesafe ile coğrafik mesafe karşılaştırıldığında, 2000 km'den daha az mesafelerde ilişki olmadığı ( $R^2 = 0,0136$ ,  $P = 0,176$ ), fakat daha büyük coğrafik mesafeler için yüksek ilişki olduğu tespit edilmiştir ( $R^2 = 0,4893$ ,  $P < 0,001$ ). Morfometrik ve meristik karakterler için popülasyonlara ait bireylerin kendi orjinal gruplarına doğru sınıflandırma oranının %84,36 olduğu tespit edilmiştir. Tüm taksonlar için Diskriminant analizi yardımıyla hesaplanan Mahalanobis uzaklık matrisi sonucuna göre *S. platycephalus* ve *S. t. abanticus* diğer taksonlardan açık bir şekilde ayrılmıştır. *S. t. labrax* ile *S. t. fario* ve *S. t. caspius* ile *S. t. macrostigma* aynı alt grup içinde yer almıştır.

**Anahtar Kelimeler:** *S. trutta*, *S. platycephalus*, mtDNA-RFLP, Genetik farklılık, Gen akışı, Morfometri, Türkiye.



## SUMMARY

### **Study of Genetic Structure of Trout (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 and *Salmo platycephalus* Behnke, 1968) Populations in Turkey Using mtDNA-RFLP Analysis**

In this study, genetic and morphometric structures of brown trout (*Salmo trutta*) and flathead trout (*Salmo platycephalus*) populations from different part of Turkey were studied using mtDNA-RFLP analysis and Truss network sistem. After PCR amplification of three mtDNA segments, ND1 product was digested with 5 restriction enzymes, Cyt. b/D-loop product with 5 and ND5/6 pructud with 7. Thirty one composite haplotypes were identified. The nucleotide divergence between composite haplotypes was ranged from 0.0004 to 0.0289 and constructed phylogenetic tree by using the UPGMA method showed that brown trout populations clustered into two different groups, Danubian (DA) and Adriatic (AD), including *S. platycephalus* as well. The haplotype and nucleotide diversity within populations were 0.270 and 0.001 respectively, and pairwise nucleotide divergence and diversity between populations were 0.009 and 0.010 in that order. Genetic heterogeneity between populations was significant ( $\chi^2= 8647.20$ ,  $P<0.001$ ). But no heterogeneity was found between anadromus and resident ecotypes ( $\chi^2= 15.28$ ,  $P<0.1350$ ). Significant genetic differentiation ( $\Phi_{ST}= 0.92$ ) and small number of effective gene flow ( $N_e m = 0.045$ ) among the populations were observed. On the contrary, genetic differences seem to be less ( $\Phi_{ST}=0.084$ ) and gene flow very high ( $N_e m=5.5$ ) among anadromus and resident groups. No significant correlation was observed between geographical and genetic distance including Black Sea and Mediterranean Sea drainage populations when geographical distance smaller than 2000 km ( $R^2 = 0.0136$ ,  $P=0.176$ ). However, good correspondence was found when geographical distance larger than 2000 km ( $R^2=0.4893$ ,  $P<0.001$ ). According to assingment test for morphological differences %84.36 of individuals from the all taxa were classified correctly. According to UPGMA phenogram resulting from squared Mahalanobis distance for all taxa *S. t. abanticus* and *S. platycephalus* separated from other subspecies grouped together.

**Key Words:** *S. trutta*, *S. platycephalus*, mtDNA-RFLP, Gen flow, Morfometrics, Turkey.

## ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 1. Açık populasyonlarda anadrom ve yerleşik kahverengi alabalıkların yaşam döngüsü modeli.....	12
Şekil 2. Kahverengi alabalıklar'da beş ana mtDNA soy grubunun coğrafik dağılımı.....	13
Şekil 3. Balık mitokondriyal gen sırası.....	32
Şekil 4. Örnekleme alanları ve toplanan örneklerin sayısal dağılımları.....	57
Şekil 5. Ölçümü yapılan morfolojik karakterlerin ölçüm noktaları.....	58
Şekil 6. Çalışmada kullanılan mitokondriyal DNA'nın üç gen bölgesinin PZR ile yükseltgenmiş jel görüntüsü.....	71
Şekil 7. Beş farklı enzimle kesilen mtDNA - ND1 segmenti için gözlenen morflar.....	71
Şekil 8. Beş farklı enzimle kesilen mtDNA - Sitokrom b/D-Loop segmenti için gözlenen morflar.....	72
Şekil 9. Yedi farklı enzimle kesilen mtDNA - ND5/6 segmenti için gözlenen morflar.....	73
Şekil 10. Başlıca havzalara göre mitokondriyal haplotiplerin frekans dağılımları.....	81
Şekil 11. Nukleotit farklılıklarına göre mitokondriyal haplotiplerin UPGMA dendogramı.....	83
Şekil 12. Türkiye kahverengi alabalık populasyonlarından mitokondriyal haplotiplerin köksüz Wagner - Parsimony majority-rule consensus ağacı.....	84
Şekil 13. Populasyonlar arası tahmin edilen sekans farklılığına göre UPGMA dendogramı.....	86
Şekil 14. Populasyon çiftleri arasındaki genetik farklılık değerleriyle ( $F_{ST}$ ) coğrafik mesafe arasındaki korolasyon.....	96
Şekil 15. Yerleşik ve anadrom kahverengi alabalık örneklerinde görülen mitokondriyal haplotiplerin frekans dağılımları.....	97
Şekil 16. Yerleşik ve anadrom Kahverengi Alabalık populasyonları mitokondriyal haplotiplerinin köksüz Wagner Parsimony majority-rule consensus ağacı.....	98
Şekil 17. Yerleşik ve anadrom populasyonlar arası tahmin edilen sekans farklılığına göre UPGMA dendogramı.....	99
Şekil 18. Dere ekotipi ( <i>Salmo trutta fario</i> ).....	101

Şekil 19.	Herbir ekotipe ait meristik sayım ve morfometrik ölçümler için Mahalanobis uzaklıklarından ( $D^2$ ) oluşturulan UPGMA ağacı.....	109
Şekil 20.	Deniz ekotipi ( <i>Salmo trutta labrax</i> ).....	110
Şekil 21.	Kafkas alası ( <i>Salmo trutta caspius</i> ).....	111
Şekil 22.	Dağ ekotipi ( <i>Salmo trutta macrostigma</i> ).....	112
Şekil 23.	Göl ekotipi ( <i>Salmo trutta abanticus</i> ).....	113
Şekil 24.	Anadolu alası ( <i>Salmo platycephalus</i> ).....	114
Şekil 25.	Her bir taksona ait meristik sayımlar (a), morfometrik ölçümler (b) ve meristik sayım ve morfometrik ölçümler (c) için kümeler arası korelasyon analizi.....	116
Şekil 26.	Her bir taksona ait meristik sayımlar (a), morfometrik ölçümler (b) ve meristik sayım ve morfometrik ölçümler (c) için Mahalanobis uzaklıklarından ( $D^2$ ) oluşturulan UPGMA ağacı.....	118
Şekil 27.	Morfometrik ölçüm ve meristik sayımlar ve her bir drenaj için kümeler arası korelasyon analizi.....	119
Şekil 28.	Morfometrik ölçüm ve meristik sayımlar ve her bir drenaj için mahalanobis uzaklıklarından ( $D^2$ ) oluşturulan UPGMA ağacı.....	120

## TABLolar DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Tablo 1. Balıkçılık ve yetiştiricilikde kullanılan bazı genetik markırların avantaj ve dezavantajları.....	20
Tablo 2. Çalışmada kullanılan mtDNA segmentleri ve primer sekansları.....	61
Tablo 3. ND1, ND5/6 ve sitokrom b/D-loop bölgelerinin çoğaltılması için PZR karışımının bileşenleri ve miktarları.....	61
Tablo 4. Çalışmada kullanılan primerlar için PZR programları.....	62
Tablo 5. Çalışmada kullanılan kesici enzimlerin tanıdıkları sekans dizilimleri ve optimum sıcaklık istekleri.....	63
Tablo 6. Kahverengi alabalık populasyonlarında ND1, Sitokrom b/D-loop ve ND5/6 gen bölgesi için gözlenen kesim şekilleri ve yaklaşık kesim büyüklükleri.....	74
Tablo 7. Çalışılan populasyonlarda bulunan mitokondriyal haplotiplerin kesim şekli kompozisyonu.....	79
Tablo 8. Kahverengi alabalık populasyonlarında morfların frekans dağılımları.....	80
Tablo 9. Türkiyedeki kahverengi alabalık populasyonlar için mtDNA haplotip ve nukleotit çeşitliliği.....	87
Tablo 10. Populasyonlar arası moleküler varyans analizi (AMOVA) ve $\Phi$ -istatistik değerleri.....	88
Tablo 11. Kahverengi alabalık populasyonları arasında haplotip frekanslarının homojenitesi için pairwise testi.....	89
Tablo 12. Kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki Mitokondriyal DNA varyasyonu için haploit $F_{ST}$ ve $\Phi$ istatistik değerleri.....	92
Tablo 13. Her bir jenerasyon için kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki gen akış matrisi.....	94
Tablo 14. Yerleşik ve anadrom populasyonların, populasyonlar için ortalama haplotip ve nukleotid çeşitliliği.....	100
Tablo 15. Yerleşik ve anadrom populasyonlar arası moleküler varyans analizi (AMOVA) ve $\Phi$ - istatistik değerleri.....	100
Tablo 16. Ekotiplere ait standartlaştırılmış ortalama morfometrik ve meristik karakterler (Ort. $\pm$ S.sp), örnek miktarı (N) ve varyasyon katsayıları (CV, %).....	102
Tablo 17. Ekotiplere ait 25 morfometrik ve 5 meristik karakter için Wilks' Lambda, F-remove, istatistiki önemlilik (P) ve Tolerans değerleri.....	105

Tablo 18.	Her bit ekotipe ait standartlaştırılmış morfometrik ve meristik veriler için yapılan diskriminant fonksiyon analizi sonucu hesaplanan Canonical deęişkenler.....	107
Tablo 19.	Ekotipler arası, populasyonlara ait bireylerin tahmini olarak sınıflandırılması.....	119
Tablo 20.	mtDNA ND1 ve ND 5/6 gen bölgeleri için farklı çalışmalarda farklı kesici enzimlerle gözlenmiş morflar ve kesim şekilleri.....	124
Tablo 21.	Populasyonlar arası gözlenen ortalama genetik farklılaşma deęerleri ( $F_{ST}$ veya $G_{ST}$ ) ve tahmini göç deęerleri.....	135
Tablo 22.	Kahverengi alabalık ve bazı Salmon türleri için meristik veriler.....	142

## SEMBOLLER DİZİNİ

A	Anal yüzgeç ışın sayısı
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
AP-PZR	Arbitrarily Primed Polymerase Chain Reaction
bp	Baz çifti (Base pair)
CD	Canonical değişken
D	Dorsal yüzgeç ışın sayısı
D <sup>2</sup>	Mahalanobis uzaklığı
DAF	DNA Amplification Fingerprinting
DFA	Diskriminant Fonksiyon Analizi
F <sub>ST</sub>	Genetik farklılık değeri
L	Boy (mm)
Lo	Bireyin standart boyu (mm)
Ls	Tüm populasyonlardaki bireyler için ortalama standart boy (mm)
M	Ağırlık (g)
m	Populasyonlar arası göç miktarı
MLP	Multi Locus Probu
Mo	Ölçülen karakter uzunluğu (mm)
Ms	Standardize edilmiş ölçüm
mtDNA	mitokondriyal DNA
ND	NADH Dehidrogenaz
Ne	Etkili populasyon büyüklüğü
OD	Optik Densite
OSY	Ortalama smolt yaşı
OTÜ	Operasyonel Taksonomik Ünite
P	Pektoral yüzgeç ışın sayısı
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyon
QTL	Quantitative Trait Locus
RAPD	Rastgele Amplifiye Edilmiş Polimorfik DNA
RFLP	Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi

SB	Standart Boy
SD	Solungaç diken sayısı
S.sp.	Standart sapma
TBE	Tris-Borik asit-EDTA
TE	Tris-EDTA
UPGMA	Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average
V	Pelvik yüzgeç ışın sayısı
Va	Gruplar arası varyans bileşeni
Vb	Populasyonlar arası (gruplar içi) varyans bileşeni
Vc	Populasyonlar içi varyans bileşeni
VK	Varyasyon Katsayısı
VNTR	Variable Number of Tandem Repeat
$\Phi_{CT}$	Gruplar arası genetik farklılık
$\Phi_{SC}$	Gruplar içi populasyonlar arası genetik farklılık
$\Phi_{ST}$	Populasyonlar içi genetik farklılık

## 1. GENEL BİLGİLER

### 1.1. Giriş

Deniz ve iç sularda yer alan canlılar içinde insan gıdası olarak kullanılan en önemli kaynakların başında balıklar gelmektedir. Balıklar çok önemli protein kaynağı olmalarının yanı sıra, avcılığı ve yetiştiriciliği ile de birçok insana geçim kaynağı olmakta ayrıca ülkeler arasında ticaretin gelişmesine de katkıda bulunmaktadır. İnsan tüketiminde kullanılan balıkların çoğu avcılık yolu ile elde edilmektedir. Bu şekilde ticari amaçlı olarak popülasyonun aşırı kullanımı aynı zamanda balık gen kaynaklarının da azalmasına neden olmaktadır. Aşırı avcılığın yanı sıra çok sayıda potansiyel tehdit bulunmaktadır. Bunların arasında; balıklar tarafından kullanılan besin maddelerinin çeşitli şekillerde ortamdan uzaklaştırılması, su yollarının önünün kesilmesiyle doğal göç yollarının engellenmesi, bölge balığının besinine ortak olacak yabancı türlerin ve hastalık etmenlerinin ortama sokulması, aşırı kirlilik ve çeşitli aktivitelerle habitatlarının bozulması gibi nedenler gen kaynaklarının azalmasına etki eden faktörlerin başında gelir. Deniz türlerine bakıldığında problemlerin genel olarak okyanus alanlarına kıyasla, kıyısal alanlarda daha büyük olduğu görülür. Fakat her iki ortamda (Okyanus ve kıyasal) da balıklar aşırı avcılık ve kirlilik yoluyla tehdit altında bulunmaktadır ve hatta çoğu türün popülasyonları yok olma tehlikesiyle karşı karşıyadır. Bu faktörlerin artarak devam etmesi balık popülasyonlarının yok olmasına kadar gidecek endişe verici ciddi bir durumun varlığını göstermektedir. Bundan dolayı insan yaşamında önemli bir yeri olan balık popülasyonlarından uzun süreli faydanın sağlanması için moleküler genetik çalışmalarına ağırlık verilmektedir. Burada iki yaklaşım dikkat çekmektedir. Birincisi gen havuzunun korunması, ikincisi ise genetik farklılığın korunmasıdır. Türler içindeki genetik varyasyon, balığın çevresel değişimlere uyum sağlamasında yardımcı olan temel unsurlardandır. Bu genetik farklılık çoğunlukla balık popülasyonu içinde genlerin mutasyonu ve genetik olarak farklı bireylerin popülasyonlar arasında göç etmesiyle meydana gelir ve gen frekanslarının belirlenmesi ile ölçülür (Çiftçi ve Okumuş, 2002).

Canlı materyalin en bariz birimi organizmanın kendisi olmasına rağmen balıkçılık biyoloğu için genellikle kullanılan birim Mendel popülasyonudur. Popülasyon bireyden farklı olarak biyolojik kalıtımın mekanizması tarafından gerçekleştirilen generasyondan



generasyona devamlılığa sahiptir (Ayala ve Kiger, 1984). Balık biyolojisinde klasik ve sıkça karşılaşılan problem, balıkçılık terminolojisinde stok olarak bilinen populasyon biriminin tanımlanmasıdır. Balık populasyonlarının zaman ve mekânda çevresel ve genetik değişikliklere bağlı olarak büyüklüklerinin de değiştiği fikri son zamanlarda kabul görmektedir. Bu yüzden balık biyologlarının gelecekteki görevi populasyonların genetik yapılarının ve bunun generasyondan generasyona nasıl değiştiğini araştırmak olacaktır.

## **1.2. *Salmo trutta* L.: Biyolojisi ve Ekolojik Özellikleri**

### **1.2.1. Coğrafik Yayılım**

Kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) somon, kaynak/Alp alası ve diğer alabalık türleri gibi Salmonidae familyasına dâhil bir türdür. Yüksek derecede politipik tür olduğu düşünülür. Bu nedenle ekolojik ve fenotipik farklılıklarına bağlı olarak önceleri değişik türler, alt türler ve morflar altında sınıflandırılmıştır. Salmonidae ailesinin diğer bireyleri gibi, kahverengi alabalıklar da anadrom (Deniz alası) ve anadrom olmayan formlara sahiptir.

Kahverengi alabalık, paleoartik bölgenin doğasında en fazla dağılım gösteren tatlı su balığıdır. Doğal olarak çok farklı ve uzak formları Avrupa, Orta Asya, Batı Asya ve Kuzey Afrika'nın bir kısmında gözlenir. Kuzeyden güneye balığın dağılımı Kuzey-Doğu Rusya ve Kuzey Norveç'ten Kuzey Afrika'nın Atlas Dağlarına kadar uzanır. Batıdan doğuya dağılımı İzlanda'dan Afganistandaki Aral Denizi'ne dökülen sulara kadar uzanır. Dünyanın birçok bölgesine götürülerek aşılama yapılmıştır. Bu günlerde Afrika'nın çoğu kısmında, sahil alanları, göller ve nehirlerde bulunur. Britanya adalarının Güneyinde ve Fransa'nın merkezinde göçmen olmayan ve karaya hapsolmuş izole populasyonlar bulunmaktadır. Buna ilaveten kahverengi alabalıklar Afrika, Amerika, Avustralya ve Yeni Zelanda'ya başarılı bir şekilde aşılansmıştır. Anadrom olan deniz alalarının dağılımı yerleşik olan formlara göre daha sınırlıdır. Bunların stokları en Kuzey ve Batıda İzlanda, Beyaz Deniz ve Atlantik sahili boyunca ve Baltık ve Kuzey sularında bulunmuştur. Anadrom populasyonlar ayrıca Hazar Denizi ve Karadeniz civarında da bulunmaktadır. *Salvelinus* türlerinde olduğu gibi anadrom stoklar türün Güney dağılım alanında bulunmamaktadır.

Kahverengi alabalığın dağılımı ve türleşmesi Avrupanın geçirdiği buzul tarihinden etkilenmiştir (Behnke, 1972). Son buzul çağında (MÖ 70.000-10.000) bugünkü İskandinavya'nın tamamı ve Büyük Britanya adalarının Güney kısımlarının tamamı buzlarla kaplı olduğundan tatlı su balıklarının bulunması imkânsızdı. İrlanda (MÖ 13.000) ve İskoçya (MÖ 10.000) yıllarında buzul çağdan çıktığında, göç eden salmonidler Kuzeye doğru hareket ederek tatlı su sistemlerinde görünmeye başlamışlardır. Böylece bu balıkların o bölgedeki şu anki dağılımlarının maksimum 8-10 bin yıllık geçmişe dayandığı tahmin edilmektedir. Deniz suyu seviyelerindeki değişimden ve kara parçalarının isostatik olarak yükselmesi sonucunda, önceden anadrom stoklar tarafından işgal edilmiş suların bazıları denizlerden izole hale gelmiş ve böylece göç eden bireylerin bu alanlara gelmeleri fiziksel olarak önlenmiştir. Beraberinde getirdiği fizyolojik değişikliklerle birlikte yerleşik hayat döngüsünün geniş olarak benimsenmesi, fiziksel olarak izole olmuş stokların varlığını devam ettirebilmesi için gerekli olmaktadır. Alabalıklardaki bu anadrom hayat döngüsünden yerleşik yaşama geçişin, anadrom yapının saklanması yoluyla oluşturulduğu bilim adamları tarafından tartışılmaktadır (Berg, 1985; Foote vd., 1994).

Kahverengi alabalıkların olgunlaşmasında *Oncorhynchus* türlerinde olduğu gibi çok büyük morfolojik değişiklikler gözlenmemekte ve salmonid türlerinde anadrom olmayan popülasyonların oluşumunu artıran özellikle genç erkeklerin üreme aktivitesi göstermeleri yaygın olarak gözlenmektedir. Fiziksel izolasyonun büyüme, yaş, cinsel olgunluğa ulaşmada, balığın büyüklüğü ve davranışı üzerindeki etkisi, ulaşılması mümkün olmayan üst kısımlardaki akarsularda yaşayan popülasyonlar üzerinde açık bir şekilde görülmektedir. Balık bir şekilde şelalenin üst kısmına giderek popülasyonunu kaybettiğinde, orada yaşamak zorunda kalır ve smoltdaşmanın gerçekleştiği akarsuyun aşağı kısımlarına olan hareket gerçekleştirilemez. Göl sistemlerinin aksine bu popülasyonlar çok küçük ve uygun olmayan koşullarda yaşamlarını sürdürmektedirler. Bu stoklar düşük büyüme hızına sahiptir, dişi ve erkek bireylerde cinsel olgunluğa ulaşma erken olur ve aşağı kısımlarda yaşayanlara göre daha küçük boydadırlar (Egglisshaw ve Shackley, 1977; Fahy, 1989).

### 1.2.2. Taksonomik Durum

Kahverengi alabalıklar taksonomik olarak ele alındığında düşündürücü bir şekilde karışıklık bulunduğu gözlenir. Bu karışıklık morfolojik ve genetik olarak uzak grupların ne

şekilde sınıflandırılacağı üzerinedir. Bazı araştırmacılar bu balıktaki gruplaşmaların tür statüsü olabilecek düzeyde olduğunu vurgulamış ve modern isimlendirme sisteminin başlangıcı sayılan 18. yüzyılın ortalarından beri kahverengi alabalığın farklı formları için 57 ayrı tür ismi ileri sürülmüştür. Bu sınıflandırmaların bazıları çevresel farklılıktan kaynaklanan yaşam şekilleri veya küçük morfolojik farklılıklara dayanmaktadır (Ferguson., 2004). Kahverengi alabalıkta yaşam şekli veya morfoloji taksonomik sınıflandırma için yeterli değildir ve yanlış yönlendirebilir. Örnek olarak; tek bir grubu temsil etmesi gereksiz olsa da mevcut bilgiler göstermiştir ki kahverengi alabalık yaşam şekillerine göre *S. t. fario* (dere alası), *S. t. lacustris* (göl alası) ve *S. t. trutta* (anadrom form) olarak alt türlere ayrılmıştır (Ryman, 1983; Hindar vd., 1991). Bilim adamlarına göre net bir şekilde genetik olarak gruplanmış populasyonların sınıflandırılması genetik bilgilerin ışığı altında yapılmalıdır. Bu taksonomik belirsizlik yalnızca kahverengi alabalıklar için söz konusu bir durum olmayıp, diğer türler içinde bu tartışmalar devam etmektedir. Bütün bunlara rağmen bu balığı tür, alt tür veya lokal populasyon olarak kabul etmek mümkündür. Bu noktada önemli olan bu gruplandırma değil, kahverengi alabalığın etkili bir şekilde korunmasının populasyonlar arası genetik çeşitliliğe bağlı olmasıdır.

Avrupa'da Akdeniz ve Adriyatik bölgesinde bulunan *Salmo trutta* yüksek oranda fenotipik farklılıklar göstermektedir. Bu bölgede çoğu Balkanlarda ve Türkiye de olmak üzere farklı morfoloji gösteren kahverengi alabalıklar, "*S. trutta macrostigma*, *S. trutta dentex*, *S. trutta peristericus*, *S. marmoratus*, *S. carpio* ve *S. obtusirostris*" gibi farklı taksonomik statülerde tanımlanmışlardır.

Linnaeus 1758 yılında alabalığı *Salmo trutta* olarak isimlendirmiştir. Buna rağmen bu balığın büyük miktarda morfolojik ve ekolojik farklılığa sahip olması, bu türün günümüze kadar birçok değişik isim altında karakterize edilmesine neden olmuştur. Son zamanlarda birçok farklı türün saptandığı alabalığın en yaygın formu Avrupa'nın dere alabalığıdır (Sedgwick, 1995).

#### Sınıflandırma

Kingdom	Animalia
Phylum	Chordata
Subphylum	Vertebrata
Superclass	Osteichthyes
Class	Actinopterygii

Subclass	Neopterygii
Infraclass	Teleostei
Superorder	Protacanthopterygii
Order	Salmoniformes
Family	Salmonidae
Genus	Salmo
Species	<i>Salmo trutta</i> Linnaeus, 1758

Ayrıca bazı arařtırmacılar tarafından ařağıdaki alt türler bildirilmiřtir (Bagliniere ve Maisse, 1991; Ladiges ve Vogt, 1979; Giuffra vd., 1996; Bernatchez ve Osinov, 1995; Geldiay ve Balık, 1988).

Subspecies	<i>Salmo trutta trutta</i> Linnaeus, 1758
	<i>Salmo trutta fario</i> Linnaeus, 1758
	<i>Salmo trutta lacustris</i> Linnaeus
	<i>Salmo trutta macrostigma</i> Dumeril, 1858
	<i>Salmo trutta marmoratus</i> Cuvier, 1817
	<i>Salmo trutta carpio</i> Linnaeus, 1758
	<i>Salmo trutta dentex</i> Heckel, 1851
	<i>Salmo trutta labrax</i> Pallas, 1811
	<i>Salmo trutta letnica</i> Karaman, 1924
	<i>Salmo trutta aralensis</i> Berg, 1908
	<i>Salmo trutta caspius</i> Kessler, 1877
	<i>Salmo trutta abanticus</i> Tortonese, 1954

### 1.2.3. Biyolojisi

Kahverengi alabalıklar, -özellikle büyük olanlar- uzun ve yanlardan biraz basık bir vücuda sahiptir. Kuyruk sapı düzgün ve baş, vücuda orantılı olarak büyüktür. Vücudun şekli ve büyüklüğü ise balığın cinsiyetine, habitatına ve büyüklüğüne göre deęişiklik gösterir.

Yanal çizgi üzerinde 120-130, adipöz yüzgeç ve yanal çizgi arasında ise 13-19 küçük pul bulunur. Vomer üzerindeki dişler çok fazla sayıda ve çok iyi gelişmiştir (Teufel vd.,

2002). Kahverengi alabalık, 3-4 dorsal diken, 11-15 dorsal yumuşak ışın, 3-4 anal diken, 9-14 anal yumuşak ışın, 57-59 omur ve 18-19 ışınlı kaudal yüzgece sahiptir (Teufel vd., 2002).

Kahverengi alabalık ismini vücudundaki kahverengi veya altın kahve renk tonundan alır. Yan tarafların gümüşü veya sarı, karın kısmının beyaz veya sarımsı olduğu, bazen ise açık hale ile çevrilmiş siyah noktaların özellikle arka ve yanlarda çok fazla olduğu gözlenir. Noktalanma ayrıca başta ve yüzgeçlerde de bulunabilir. Paslı-kırmızı noktalar ayrıca yanlarda bulunur. Kuyruğun ön kısmındaki küçük yağ yüzgeci kırmızımsı bir renk tonuna sahiptir. Denize inen ve göl balıklarında ise renk daha çok gümüşü olup noktalar çok daha az görülür.

Kahverengi alabalık, Atlantik salmon (*Salmo salar*) ve gökkuşağı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*) ile yakın benzerlik gösterir. Fakat Atlantik salmonun adipöz yüzgeci üzerinde kırmızı renklenme yoktur ve gökkuşağı alabalığında ise kuyruk üzerinde renklenme mevcuttur. Genç kahverengi alabalıkların da (Parr) vücudun yan tarafı ve yanal çizgi boyunca kırmızı beneklenme gözlenir.

Genel olarak ve özellikle denize çıkan (*Salmo trutta labrax*) ve gölde bulunan (*Salmo trutta lacustris*) kahverengi alabalıklar oldukça fazla büyüyebilir. Balık 140 cm'ye kadar ulaşabildiği gibi 50 kg'a kadar ulaştığı da Avrupa da kayıtlara geçmiştir.

*Salmo trutta fario*, dağ yamaçlarında hızlı akan derelerde ve dağlık bölgelerin aşağı kısımlarında bulunan bir alt türdür ve 2,3 – 3,2 kg arasında dağılım gösterir. Maksimum 60 cm büyüklüğünde ve maksimum 3,5 kg ağırlığında kayıt edilmiştir.

#### 1.2.4. Beslenme

Kahverengi alabalık yumurtadan çıktıktan hemen sonra kendi alanlarını oluşturur ve saldırgandır. Larvalar yetişkin balıkların olmadığı yavaş akışlı sularda sığ ve sakin su birikintilerinin olduğu alanlarda bulunur. Çok hızlı büyürler ve ilk yıllarında 16,5 cm'e ulaşabilirler (Sedgwick, 1995).

Kahverengi alabalıklar diğer salmonidlere nazaran daha fazla güvenli alanları seçtiklerinden yakalanmaları oldukça zordur. Yetişkin alabalıklar daha derin ve durgun sularda bulunur ve geceleri çok aktiftirler. Üremek için nehrin üst kısımlarına çıkmamanın dışında nehrin aynı bölgesinde kalmaya meyillidirler. Bir başka deyişle akarsu içinde çok az hareket ederler. Bu balıklar belirli istasyonlarda günler hatta yıllar sonra bile

bulunabilirler. Kahverengi alabalıklar sıcaklığın 12-19 °C arasında olduğu gölleri ve soğuk ve temiz nehirleri tercih ederler.

Lagarigue vd. (2001) balıkların büyüklüğünün buldukları çevre ile ilişkili olduğu saptamasını yapmıştır. Kahverengi alabalığın ortalama total boyu rakıma ve sıcaklığa bağlı olarak değişiklik gösterir. Total boy rakımla ve balığın toplam yoğunluğuyla negatif; Akış genişliği ve yaz konduktivitesiyle pozitif ilişki içindedir. Eşit yükseklikte ve eşit ortalama yaz sıcaklığında akış rejimi büyüme üzerinde önemli rol oynar. Baraj ve rezervuarların bulunduğu ve su seviyesinin düştüğü alanlarda doğal su akışının bulunduğu yerlere göre balıkların ortalama total boyları daha küçüktür.

*Salmo trutta fario*, genellikle vadilerde, dağlık alanlarda hızlı akan akarsularda bulunur. Kahverengi alabalıkların besinlerini, büyüklüklerine bağlı olarak bentik invertebratlar, böcek larvaları, uçan böcekler, yumuşakçalar, küçük balıklar ve arasıra da kurbağalar oluşturur (Elsö ve Greenberg, 2001; Teufel vd., 2002).

*Salmo trutta trutta*, deniz alası soğuk ve bol oksijenli yukarılardan gelen suları, üzerinde korunma alanları bulunan dağlık alanlardaki geniş yataklı akarsuları tercih ederler. Denizde bulunduğu zaman, deniz alası genellikle sahile yakın yerlerde (100-350 km) kalır (Hartgers vd., 1998;). Deniz alaları fırsatçı beslenirler. Besinlerini, böcekler, yumuşakçalar, kabuklular ve küçük balıklar oluşturur. Göçmen *Salmo trutta*'nın besini önemli derecede balığın yaşı, habitatu ve mevsime göre değişir. Frekanslarına göre balığın temel besin kategorilerini öncelikle balıklar oluşturur ve bunu kabuklular, yüzey böcekleri ve poliketler takip eder. Denizde yaşayan alabalığın ana besin bileşenlerini Baltık Denizinde Clupeidae, buna ilaveten Ammodytidae ve *Gasterosteus aculeatus* oluşturur. Post-smolt balıklar, sahilde ve sığ sudaki besin topluluğuyla beslenirken, büyük olan kahverengi alabalıklar temel olarak pelajik balıklarla beslenir (Knutsen vd., 2001).

*Salmo trutta lacustris*, göl alası, göllerde ve bu göllerle bağlantılı hızlı akan nehirlerde bulunur ve iyi oksijenlenen soğuk suları tercih eder. Yetişkin göl alaları temel olarak küçük balıklarla, böcek ve zooplanktonlarla beslenir (Schulz, 1997).

### 1.2.5. Üreme Biyolojisi ve Göç

Kahverengi alabalıklar hayat evreleri esnasında morfolojik olarak ayırt edilebilseler de anadrom ve içsulara yerleşik balıkların ekolojileri tatlı suda benzerdir. Smoltlaşan

kahverengi alabalığın rengi gümüşü bir ton alır. Üreme zamanı yaklaştığında erkeklerin baş şekli dikkat çekici şekilde değişiklik gösterir. Baş uzar ve alt çene kanca şeklinde gelişir.

Kahverengi alabalıklar sonbahar - kış aylarında yumurtlar ve yuvalarını çakıllı zemin üzerinde oluştururlar. Göl formu kahverengi alabalıklar göle dökülen dere kollarında, anadrom olanlar ise ait oldukları sularda yumurtlarlar. Çoğu, yumurtlamak için kendi anaçlarının yumurtladıkları alanlara geri dönseler de bunların arasında çok az da olsa yolunu kaybedenler olduğu gözlenir. Deniz alası ardı ardına gelen veya takip eden yıllarda yumurta bırakır, beslenmek için denize geri dönerek orada yaşamaya devam eder (Sedgwick, 1995).

Kahverengi alabalığın üreme sezonu Eylül ayından Aralık ayının sonuna kadar devam eder. Normal şartlarda 3-4 yıl da eşeyssel olgunluğa ulaşırlar. Hem dişi hem de erkek kahverengi alabalıklar birçok kez üreyebilir ve dişi bir balık ortalama 4,5-5,5 mm çapında yaklaşık 1.500-2.000 yumurta/kg bırakır (Tabak vd., 2001). Yuvalanma alanı dişi balık tarafından seçilir (Brumund-Rüther vd., 1996). Dişiler akarsu yatağında bulunan çakıllarda açtıkları yuvalara yumurta veya ovalarını bırakırlar. Tercih edilen yuva malzemesi, çakıl büyüklüğü ve yumurta çukurunun derinliği dişi balığın vücut uzunluğu tarafından belirlenmektedir. Böylece küçük olan yerleşik dişi bireyle anadrom dişi bireyin yuvaları arasında farklılık söz konusudur (Elliot, 1984). Dişi balık kuyruk yüzgecini kuvvetlice sallayarak yuvayı eşer ve kuyruk sapı yan tarafındayken oluşturulan su akıntısı ile yuva şekillenir. Her iki tipin yumurtaları, akan suyun olumsuz etkilerine karşı hassastırlar. Suyun çamurlu akması veya yuvanın önünün kapanması ve yumurtaların oksijen alamaması yüksek oranda yumurta ölümüne neden olabilmektedir. Üreme alanlarının ekomorfolojik özellikleri; eğim  $> 0,75$  , su derinliği 10-30 cm, akış hızı 0,2-0,4 m/s, çakıl çapı ( $\phi$ ) 10-30 mm, yuva ebatı 0,3-0,5 m<sup>2</sup>dir (Teufel vd., 2002).

Dişinin yumurtlama işlemine bir süre erkek balık da katılır. Bu balıklar anadrom veya yerleşik olarak nehirde bulunan balıklardan oluşabilir. Ayrıca erken olgunlaşmış deniz alası parrları da olabilir (Campbell, 1977; Jonsson, 1985; Evans, 1994). Yapılan bir çalışmada tek bir dişi bireyin yumurtalarının döllenmesinde 10 kadar erkek bireyin rol aldığı tespit edilmiştir (Evans, 1994).

Dişi balığın fekonditesi balığın büyüklüğüyle ilişkilidir ve böylece anadrom dişilerin yavru miktarı potansiyel olarak yerleşik balıklara oranla daha fazladır. Yumurta bırakıldıktan sonra deniz alası nehrin aşağı kısımlarına geri döner. Dişi bireyler üreme alanlarını hızlı bir şekilde terk ederken, erkek bireyler üreme alanlarına erken gelirler fakat

geç terk ederler. Bu davranışları fazla miktarda erkek ölümüne neden olmaktadır (Evans, 1994). Deniz alalarının önemli bir kısmı bir kereden fazla ürer (L'Abée-Lund vd., 1989).

Yumurtlama sonrası dişi balıklar yumurtalarını çakılla örter ve yetişkinler nehrin aşağı kısmına geri döner. Yumurtalar kış sezonu boyunca yavaş yavaş gelişir ve baharda da açılır. Yumurtaların gelişimi için bol oksijenli, temiz ve 0,2 - 0,4 m/sn hızla sürekli akan su gereklidir. Alevinlerin yumurtadan çıkış zamanı su sıcaklığına bağlıdır. Yumurtalar açıldıktan sonra yavru balıklar (alevin) çakıl içinde kalırlar ve yumurta keselerinden beslenirler. Yumurta sarıları absorbe olduğunda su sıcaklığı 7-12 °C'ye yükselmiştir. Bu yumurta kesesini yaklaşık %80 tüketildiğinde, alevinler çakıl taşları arasından "fry" olarak çıkmaya başlar ve doğal besin olarak beslenir. Çıkıştan sonra yuva etrafında çok sayıda fry bulunur. Kahverengi alabalık larvaları saldırgandır ve çakıllardan yuvaların dışına çıktıktan hemen sonra kendi alanlarını oluştururlar. Besin ve alan rekabeti altında suyun aşağı kısımlarına doğru dağılırlar. Çıkış sonrası aşamada, büyümenin erken safhalarında, yoğunluğa bağlı populasyon düzeni ve yüksek oranda tür içi rekabet bulunmaktadır (Elliott, 1984). Larvalar, yetişkin balıkların olmadığı yavaş akışlı sularda ve su birikintilerinde bulunurlar ve hızlı bir şekilde büyürler. Bir yaş ve daha büyük kahverengi alabalıklar, üzerinde su akıntısı olan büyük taş diplerinde veya taşların aralarında yaşarlar. Yetişkin balıklar durgun derin sularda bulunur ve akşamları çok aktiftirler.

Kahverengi alabalıkların tümü parr olarak beslenme alanlarına belirli derecelerde göç yaparlar. Bu göç hareketi, büyümenin hızlandırılabilceği göllere, büyük su alanlarına veya deniz ortamına doğru hareket şeklinde gerçekleşir (Bembo vd., 1993). Anadrom olmayan yerleşik balıklar üreme alanları olan nehrin küçük kollarına dönmeden önce tatlı suda kalırlar. Fakat deniz formu populasyonlarda, kahverengi alabalık 2-3 yılı tatlı suda geçirir ve daha sonra aşağı kısımlara göç eder. Bir-iki büyüme sezonunu nehir ağzına yakın yerlerdeki sahil sularında geçirir ve yolunu kaybeden birkaç tanesi dışında çoğu üremek için atalarının sularına geri döner (Sedgwick, 1995). Genç balıkların deniz göçleri bahar döneminde veya yaz başlangıcında, balıklar 15-25 cm boya ulaştıklarında gerçekleşir. Deniz yaşamları boyunca denizden fazla uzağa açılmazlar ve kıta sahanlığı içinde kalırlar. Çoğu balık denizde 1-3 yıl geçirdikten sonra geri dönerler. Bu süre içinde 1-2 kg ağırlığa ulaşırlar fakat bazıları beş yıla kadar deniz ortamında kalıp beslenerek üreme göçü yapmadan önce 7-8 kg ağırlığa ulaşabilirler. Deniz alaları yaşamları boyunca birçok kez üreme ve beslenme için denize giriş çıkış yaparlar ve yaşamlarını devam ettirirler (Sedgwick 1995).



Smoltlaşma yaşının oluşumu (ortalama smolt yaşı (OSY)) parr'ın büyüme oranına bağlıdır. Yani hızlı büyüyen bireyler yavaş büyüyenlere oranla daha önce smoltlaşırlar. Yapılan çalışmaların çoğunun sonucuna göre yüksek rakımlarda büyüyen stokların ortalama smolt yaşının daha büyük olduğu gözlenmiştir (Fahy, 1978). Norveç'te yapılan bir çalışmaya göre kahverengi alabalıkların smoltlaşma öncesi tatlı suda 6 yıl geçirdiği tespit edilmiştir (L'Abée-Lund vd., 1989). Ortalama smoltlaşma yaşı İskoçyada, Britanya adalarının herhangi bir yerine göre daha yüksek olmaktadır ve bu değer 2,5-3,25 yıl arasında değişim gösterdiği rapor edilmiştir. Çoğu kahverengi alabalık stoku sonbahar ve ilkbahar olmak üzere iki farklı dönemde denizden akarsuya geçiş dönemine sahiptir. Smoltlaşmanın büyük oranda ilkbaharda genellikle Nisan-Haziran ayları arasında ve ilk önce büyük boyların göçü ile gerçekleşir (Rasmussen, 1986). Tabak vd. (2001), Türkiye'nin Doğu Karadeniz'e dökülen sularında yaptıkları çalışmada OSY'nı ilkbahar dönemi için 1.19 ve sonbahar için 1.86 bulmuşlardır. Smoltların cinsiyet oranına bakıldığında dişilere doğru bir eğilim söz konusudur (Shearer, 1987; Jonsson, 1985; Walker, 1994). Karadeniz alabalığında da dişiler baskın olup bu oran 7,3:1 olarak rapor edilmiştir (Solomon, 2000).

Post-smoltların denizdeki hareket ve davranışları hakkında çok az şey bilinmektedir. Farklı stoklar farklı yönlerde ve farklı mesafelerde göç etmelerine rağmen deniz alalarının göç hareketinin Atlantik salmonlarına göre daha kısa ve sahile daha yakın olduğu düşünülmektedir (Svardson ve Fagerstroem, 1982; Pratten ve Shearer, 1983; Potter, 1987). Deniz alaları genellikle üremeyle ilişkili olmadan kısa zaman periyotları için tatlı suya giriş çıkış yapabilirler ve bu giriş çıkış yapılan yer kendi üredikleri nehirler olmayabilir (Berg ve Berg, 1987). Büyük deniz alaları üremek için tatlı suya giriş yapmadan önce 1-3 kış dönemini denizde geçirirler. Olgun bireylerin geri dönüşü nehirden nehire farklılık göstermekle birlikte genellikle üreme yılı içinde Mart-Eylül ayları arasında gerçekleşmektedir (Le Cren, 1985). Karadeniz alabalığının deniz formu da yaklaşık 1-3 yıl süreyle denizde kalmakta ve yeterli büyüklüğe eriştikten sonra, üremek amacıyla derelere giriş yapmaktadır. Bireyler mart ayından itibaren dere ağızlarında görülmeye başlar ve yoğun olarak mayıs sonu ve haziran başında derelere giriş yaparlar (Tabak vd., 2001).

Smoltların nehrin aşağı kısımlarına göçünde olduğu gibi yukarı çıkan bireylerin çoğunu da dişi bireyler oluşturmaktadır. Cinsiyet oranı (M:F) 1:1,14 (Campbell, 1977; Walker, 1994), 1:2 (Jonsson, 1985), 1:2,2 (Shearer, 1987) ve 1:4 (Tabak vd., 2001) olarak rapor edilmiştir. Anadrom ve anadrom olmayan bireylerin bulunduğu yerde yerleşik bireylerin

oranı erkek bireyler olarak baskın durumda olup cinsiyet oranı (M:F) 6:1 (Campbell, 1977), 3,3:1 (Jonsson, 1985) ve 25:1 (Walker, 1994) olarak tespit edilmiştir.

Göl formu (*Salma trutta lacustris*) balıklar tamamıyla göçmendirler ve genellikle göle akan ana dereye yumurtlarlar. Eşeyssel olgunluğa 4-7 yılda ulaşırlar ve üreme Eylül-Ekim aylarında başlar. Balıklar aşağı kısımlardaki göle göç etmeden önce parr yaşamlarının 1-3 yıllarını nehirde geçirirler ve göç genellikle yazın başlar. Büyüme hızı az çok deniz formuyla mukayese edilebilir ve göl formları 15 kg ağırlığına ulaşabilirler.

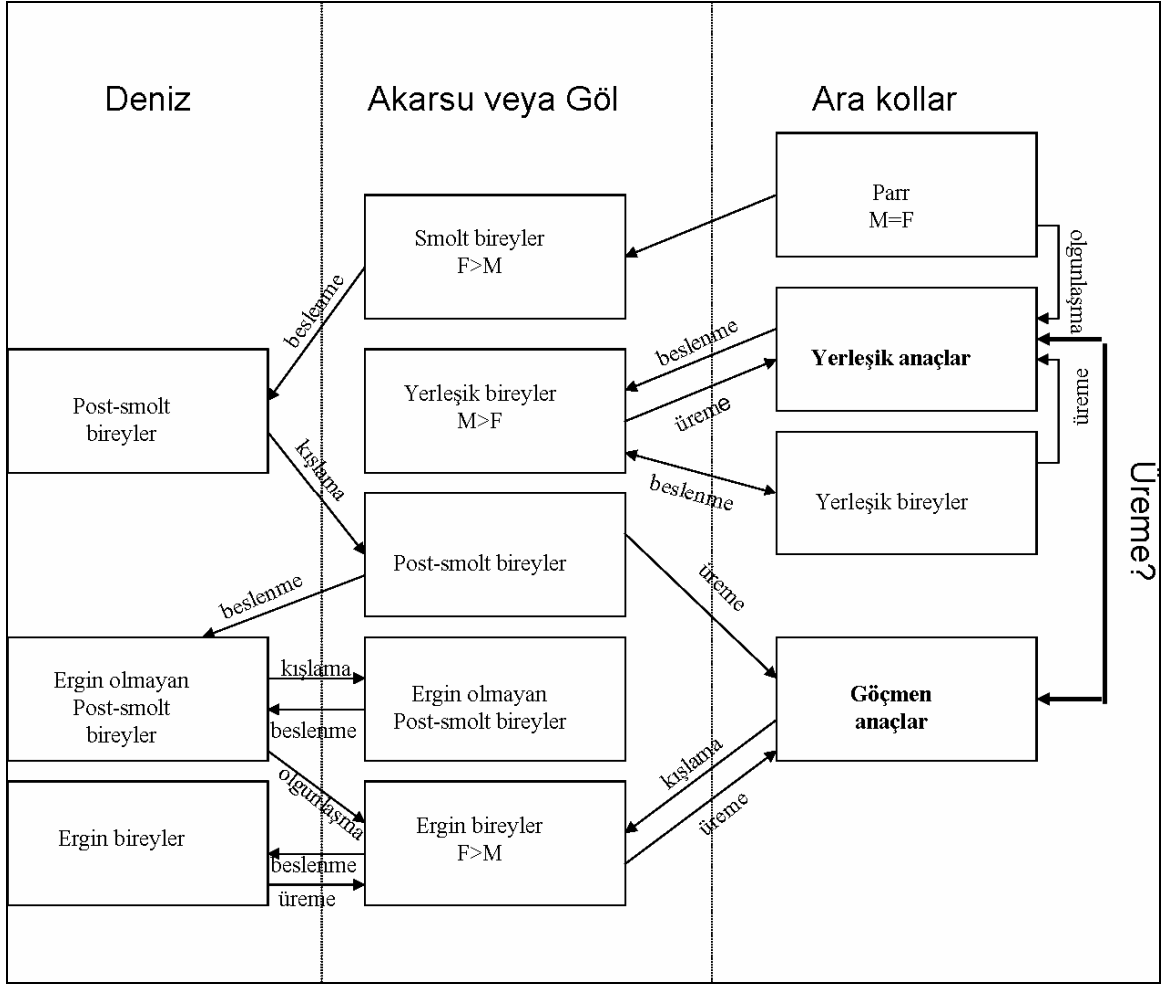
Atlantik somonu (*Salmo salar* L.) ve kahverengi alabalık parrları aynı akarsuyu paylaştıkları zaman, salmonlar su akış hızının fazla olduğu alanları tercih ederken, kahverengi alabalıklar akış hızının düşük olduğu havuz alanlarını tercih ederler. Her iki türde yılın farklı zamanlarında akarsuyun farklı alanlarını kullanır (Kennedy ve Strange, 1986). Atlantik somon popülasyonlarında olduğu gibi, kahverengi alabalıkların anadrom stoklarındaki bir kısım erkek bireyler de tatlı sudan ayrılmadan cinsel olgunluğa ulaşır. İsveç ve Norveç sularında yapılan çalışmalarda bu oranın %6-60 arasında olduğu rapor edilmiştir (Bohlin, 1975; Dellefors ve Faremo, 1988; L’Abee-Lund vd., 1989).

Aynı su ortamında bulunan anadrom ve anadrom olmayan bireylerin yaşam döngüsü ve birbirleriyle etkileşimleri Norveçte yapılan bir çalışma ile ortaya konmuştur. Bu çalışma ile yıllar itibarıyla yoğun şekilde örnekleme yapılmış, sistem içindeki balıkların dağılımı şematik olarak hazırlanmıştır (Şekil 1). Bu modelde, içinde üreme alanlarının bulunduğu kollar, ana nehir sistemleri, göller ve deniz ortamı arasındaki balık hareketleri ve cinsiyete göre dağılımları gösterilmiştir.

### 1.3. Ekonomik Önemi

Dünya genelinde ve Avrupa’da kahverengi alabalıkların avcılık miktarı hakkında çok fazla veri bulunmamaktadır. Atlantik salmon ve gökkuşuğu alabalığı ile kıyaslandığında kahverengi alabalığın ekonomik öneminin diğerlerinden daha düşük olduğu söylenebilir. Alabalık üretimine ait çoğu veri ise gökkuşuğu alabalığına aittir. FAO (2005) verilerine göre 2003 yılı Salmonidlerin küresel üretim miktarı 1.815.412 tona ulaşmıştır. Bu üretim içersinde kahverengi alabalık (*Salmo trutta*) 9.238 tonla düşük seviyede kalmıştır.

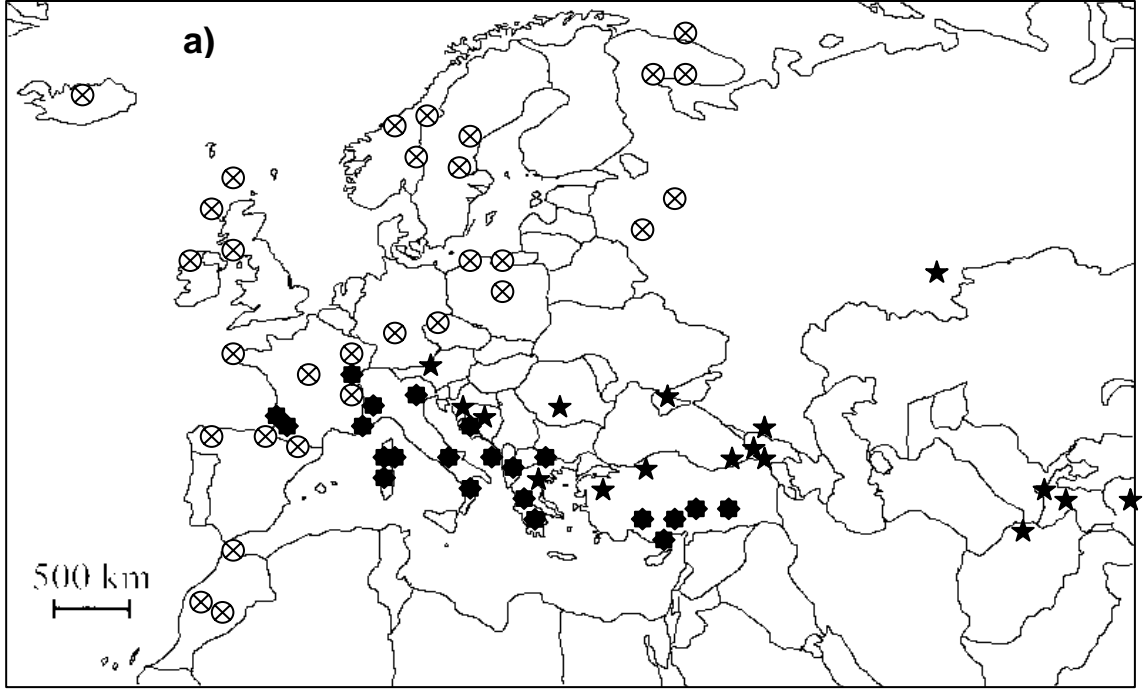
Türkiye de 2003 yılı kahverengi alabalığın tahmini üretimi yaklaşık 1.194 ton/yıl olup bu rakam aynı zamanda Türkiye’deki yıllık tüm alabalık üretiminin yaklaşık %3 kadarına karşılık gelmektedir (FAO, 2005).



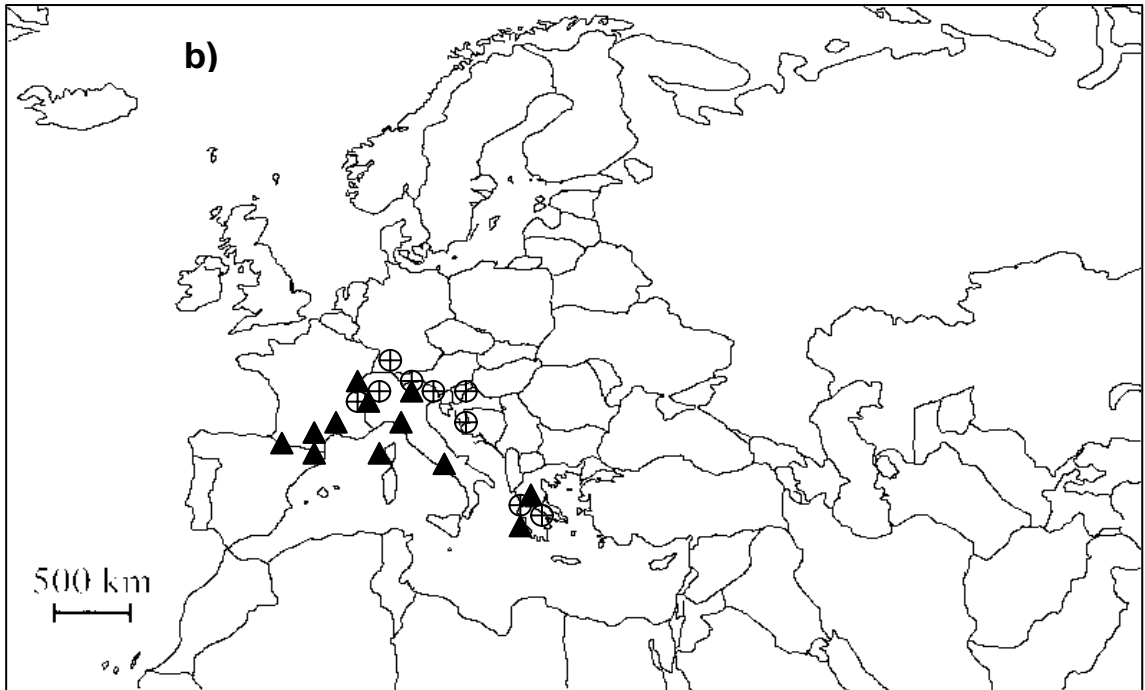
Şekil 1. Açık populasyonlarda anadrom ve yerleşik kahverengi alabalıkların yaşam döngüsü modeli. M, Erkek; F, Dişi; M>F ve F>M, cinsiyete göre balık dağılımını ifade etmektedir. (Jonsson, 1985 ve Klemetsen vd., 2003'den modifiye edilmiştir).

#### 1.4. Evolüsyon ve Orijinlerin Merkezi

Kahverengi alabalıkların geniş dağılım alanlarındaki kompleks evrimsel tarihleri, mtDNA farklılığının analiziyle Bernatchez (2001) tarafından çalışılmıştır. Bernatchez (2001)'in kapsamlı araştırması pleistosen (buzul dönem) dönemindeki coğrafik izolasyon sonucunda bağımsız olarak 5 ayrı ırkın oluştuğunu ve bu ırkların allopatrik olarak kaldığını doğrulamıştır. En eski ayrışma üç ana drenaj havzası subdivisyonu arasındaki allopatrik fregmantasyonu içermektedir. Bunlar: Atlantik ırkı, Tuna (Karadeniz-Hazar) ırkı ve Akdeniz ırkı'dır. Bu bölünme, Akdeniz havzası içinde eş zamanlı olarak Akdeniz, Marmoratus ve Adriyatik ırkları şeklinde farklılaşmayla devam etmiştir (Şekil 2).



Tuna ★ Atlantik ⊗ Adriyatik ●



Akdeniz ▲ *marmoratus* ⊕

Şekil 2. Kahverengi alabalıklar'da beş ana mtDNA soy grubunun coğrafik dağılımı (Bernatchez (2001)'in çalışmasından modifiye edilmiştir).

Kahverengi alabalık kompleksi içinde en önemli genetik bölünme, ana iklimsel değişimlerle ve buzullaşma sonucunda Avrupa'da oluşan havza izolasyonları ile ilişkilidir. Fiziksel izolasyonlara ilave olarak biyolojik faktörler de hibridizasyon ve dağılımlarının sınırlanmasında etkili olmaktadır (Bernatchez, 2001).

Pleistosen esnasındaki eski çevresel yapılanma düşünüldüğünde beş ana ırk için orjinlerin varsayılan merkezini anlamak mümkündür. Bu durumda, Atlantik ırkının orijininin atasal merkezinin İber Yarımadası ve hatta Kuzey Afrika sahil akıntısında olduğu kabul edilir.

Tuna ırkının atasal merkezi olarak Karadeniz'in drenaj havzası kabul edilir. Diğer üç ırk için coğrafik dağılımın farklı yapısı, yerleşilen Akdeniz barınak havzalarını geniş olarak doğrular. Bu alanlar: Güneybatı (İbero-Akdeniz), Merkez (Adriyatik-Akdeniz veya İtalyan) ve Doğu (Balkanlar-Anadolu) barınak alanlarıdır. Akdeniz ırkı baskın olarak batı havzası akıntısı ile ilişkilidir. Marmoratus ırkı temel olarak Po ırmağı havzasında sınırlıdır. Fakat Hırvatistan ve Slovenya'dan gelen ana drenajları içermektedir. Adriyatik ırkı ise Balkan ve Anadolu ırkı orijinlidir (Bernatchez, 2001).

Her bir ırkın evrimsel tarihi habitatın yok olması üzerine buzullaşmanın farklı enlemsel etkileriyle şekillenmiştir.

Çoğu Avrupa hidrografik havzalarında, geçtiğimiz yüzyıldan beri kahverengi alabalık popülasyonlarında azalma saptanmıştır. Bunun için temel nedenler arasında akarsuların endüstride kullanımı, kırsal ve endüstriyel kirlenme ve habitatın kaybolması olarak sıralanabilir. Kitamura ve Ikuta (2001) yaptıkları çalışmada, yumurtlayan kahverengi alabalığın, ortam suyunun pH düzeyine karşı kesinlikle hassas olduğunu göstermiştir. Yuva açma davranışı suyun çok az asitleşmesiyle (pH 6,4 altında) ciddi şekilde engellenmektedir. Arazi çalışmaları, hidroelektrik santrallerin neden olduğu nehir akışındaki ani azalmaların juvenil salmonitlerin yüksek oranda ölümüne neden olduğunu göstermiştir (Butz ve Rydlo, 1996; Hesthagen vd., 2001; Saltveit vd., 2001).

Popülasyonların yeniden oluşturulması için Amerikan gökkuşuğu alabalığı yaygın olarak kullanılmıştır. Bu tür, azalan oksijen seviyelerine, yükselen su sıcaklığına ve su kirliliğine karşı yüksek dirence sahiptir. Kahverengi alabalıklar için yeni popülasyon oluşturma çalışmaları Avrupa'da da gittikçe yaygınlaşmaktadır.

### 1.5. Hibritleşme

Türler arası hibritleşme balık taksonu içinde yaygındır. İlişkili türler genus içerisinde birbiriyle çiftleşebilir. *Salma trutta* L. (2n=80) doğal olarak *Salmo salar* (2n=58) ve *Salvelinus* genusu içindeki bazı türlerle hibridize olabilir (Mayer, 2001; Youngson vd., 1993). Farklı ekolojik kondisyonlarda, iki türün simpatrik olarak bulunduğu alanlarda ve farklı enlemlerdeki farklı Atlantik salmonlar arasında doğal hibritleşme olduğu çoğu araştırmacı tarafından rapor edilmiştir. Populasyon örnekleri içerisinde bulunan hibrit oranları %0.1 (İsveç) den %18 (İngiltere)'e kadar dağılım gösterir (Gephard vd., 2000). Normal olarak iki tür de alansal ve davranışsal olarak ayrılmışlardır (Heggberget vd., 1989). Bu izolasyon mekanizmasının faydası bilinmemektedir. Hibridizasyon belki hem çevresel faktörler tarafından (Örn: çevre biyolojik veya fiziksel olarak karıştırıldığı zaman) hem de populasyonların spesifik karakterleri tarafından harekete geçirilebilir (Jansson ve Öst, 1997).

Matthews vd. (2000), Norveç ve İskoçyada yoğun olarak salmon kültürü yapılan yerlerin yakınındaki nehirlerde Atlantik salmon x kahverengi alabalık hibritleşmesini gözlemlemişlerdir. Bu gözlemin iki tür arasındaki üreme izolasyonunun kırılması için gösterge olması muhtemeldir. Youngson vd. (1983)'ne göre, çiftlikten kaçan dişi salmon balıkları (İskoçya'nın kuzey ve batısında) doğada yaşayan kendi türlerinin yerine çok sık olarak kahverengi alabalıklarla hibridize olmaktadır. Atlantik salmon X kahverengi alabalık hibritleşmesindeki aşırı artış ayrıca Jansson ve Öst (1997) tarafından İsveç nehirlerinde de gözlenmiştir. Araştırmacılara göre kuluçkahane orjinli balıkların yoğun olarak nehirlere bırakılması ve çevresel zorlamalar Atlantik salmon ve kahverengi alabalıkların hibritleşmesi için öncülük etmektedir.

### 1.6. Genetik Varyasyon; Nedenleri, Belirlenmesi ve Muhafazası

Farklı organizmalarda morfolojik karakterler doğrudan karşılaştırılmasalar da balıkların diğer omurgalılara göre fenotipik olarak farklılıklar gösterdiği gözlenir. Balığın ekolojisi, davranışı ve morfolojik görünüşündeki farklılıkların çoğu balık türleri için populasyon içi ve populasyonlar arasında gözlenebilmektedir. Özellikle doğal alabalıklar bu açıdan oldukça fazla varyasyon göstermektedir. Balık türlerinde çok geniş fenotipik farklılıklar olmasına rağmen, bunun tamamının genetik varyasyondan kaynaklandığını söylemek

güçtür. Bu konuda populasyon içi bireyler arasında genetik varyasyondan dolayı oluşan fenotipik varyasyonun diğer omurgalılara göre balıkta daha az olduğuna dair çok sayıda bilimsel çalışma bulunmaktadır (Allendorf vd., 1987).

Balıkçılık yönetimi ve biyoloji açısından bakıldığında çevresel ve genetik faktörlerin etkisiyle oluşan fenotipik varyasyonun belirlenmesi büyük önem taşımaktadır. Morfolojik karakterlerin incelenmesine yönelik geleneksel çalışmalarda genel olarak çevre ve genetiğin etkisini ayırabilmek güçtür. Uzun süreli seleksiyon çalışmaları sonucunda fenotipik varyasyonun kalıtımını tahmin etmek mümkün olabilir. Fakat bu tip çalışmalar spesifik genler hakkında bilgi vermez, yalnızca yürütülen deneme şartları için geçerlidir (Ryman, 1983). Örnek olarak, renk yapıları gibi özellikler çok az sayıda (1-3) gen tarafından kontrol edilmektedir. Bu durumda söz konusu genlerin populasyon yapısındaki tüm genetik varyasyonu temsil ettiği söylenemez, fakat muhtemelen aile veya yaş sınıfı gibi ekolojik veya sosyal yapılanmaları yansıtabilir. Bu tip karakterlerin takibi çok rahat olmasına rağmen genetik varyasyon hakkında yanlış yönlendirebilir (FAO, 1981).

Ekonomik öneme sahip olan ve baskı altında bulunan türlerin genetik yapılarının analizinde çoğunlukla kullanılan moleküler metotlar arasında mitokondriyal DNA (mtDNA)'nın nükleotit diziliminin belirlenmesi veya RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) analizi, RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), Minisatellit ve Mikrosatellit DNA markır çalışmaları başta gelmektedir (Okumuş ve Çiftci, 2003).

Bu tekniklerin kullanımı; populasyon içinde bireyler arasında, aynı türün populasyonları arasında ve taksonomik seviyede farklı türler arasında genetik varyasyonun tahminini mümkün kılmıştır. Bu tip çalışmaların sonucunda çoğu lokal populasyonların ve sucul türlerin üreme farklılıkları gösteren, izole halde küçük gruplara bölünmüş olduğu gözlenmiştir. Ayrıca bu çalışmalar lokal çevreye adaptasyonun ve genetik farklılaşmanın delili olarak görülmektedir. Böylece bir veya birden fazla ayrı üreme davranışı gösteren izole grupların kaybolması tür içindeki genetik varyasyonun seviyesinin düşmesine neden olmakta ve tamamıyla nadir bulunan genetik karakterlerin kaybolmasıyla sonuçlanabilmektedir.

*S. trutta*'nın genetik farklılığına bakıldığında bu türün en iyi çalışılan Salmonid türü olduğu görülür. Çok uzak coğrafik formlar oluşturmuş olup, morfoloji, ekoloji ve davranış gibi birçok konuda önemli farklılıklar ve elastikiyet gösterir (Apostolidis vd., 1997). Bu balığın genetik yapısı üzerine önceden yapılmış çalışmalar allozom varyasyonunun analizi üzerine olmuştur (Ferguson, 1989; Guyomord, 1989). Bu çalışmalar kahverengi alabalığın

polimorfik vertebrata olduğu yolundaki düşünceleri doğrulamıştır. Atlantik ve Akdeniz popülasyonları arasında önemli derecede genetik varyasyon bulunmuştur (Apostolidis vd., 1996; Ferguson, 1989; Guyomord, 1989). Doğal popülasyonlar arasında daha ileri düzeyde Avrupa'nın farklı bölgelerinde yürütülen çalışmalardan çıkan sonuçlar daha fazla bölgesel düzeyde genetik farklılıklar bulunduğuna işaret etmektedir.

Danimarka (Hansen vd., 1993), Norveç (Skaala,1992), İskoçya (McAndrew vd., 1992), İrlanda (Ferguson ve Mason, 1981), Fransa (Krieg ve Guyomord, 1985), İspanya (Bouza vd., 1999; Martinez vd., 1993) ve Türkiye'de (Togan vd., 1995; Bardakçı vd., 2006), son zamanlarda yapılan çoğu çalışmada mitokondriyal DNA (mtDNA) sekans varyasyonu mtDNA RFLP analizi araştırılmıştır (McVeigh ve Ferguson 1988, Bembo vd., 1994). Orta ve Batı Avrupa'dan coğrafik ve fenotipik olarak uzak popülasyonlar arası bu mtDNA analizleri muhtemel allopatrik orjinlerini gösteren popülasyonlar arası 5 ana grubun mevcut olduğunu ortaya çıkarmıştır (Bernatchez vd., 1992; Giuffra vd., 1994).

Önceden allozom analizleri ile ortaya çıkarılan büyük genetik farklılık daha sonra mtDNA varyasyonu üzerine çalışmalarla doğrulanmış ve detaylandırılmıştır (Apostolidis vd., 1996; Dunner vd., 2000; Aurelle ve Berrebi, 2001).

Doğal çeşitliliği korumanın temel yaklaşımı popülasyonlardaki genetik varyasyonun korunması olmaktadır. Diğer bir deyişle, çevresel korumanın temeli türün evrimiyle etkileşim içinde olduğu bilinen ekosistemin muhafazasıdır. Bu konsept, dünya çapındaki doğal rezervlerin ve doğal park alanlarının yaratılması ve işletim prensibinin altının çizilmesidir. Bu tip korumanın oluşturulduğu yerlerde, ekonomik olarak önemli türlerin popülasyon yapılarıyla ilişkili olarak sıkı bir avcılık yönetimine ihtiyaç bulunmaktadır. Balıkçılık yönetiminde, özellikle alabalıklarda, konunun önemli olduğu anlaşılmıştır.

Çevresel bozulma geniş bir alana yayılmış veya doğal stokların işletimi çok ciddi bir boyuta ulaşmışsa, stoklar bu gibi durumlarda genellikle yalnızca doğal değil kültür altındaki anaçların kullanımı ile de balıklandırma yapılarak takviye edilmektedir. Bu durumlarda eğer kuluçkahane yönetiminin tüm safhalarında, yani anaçların toplanmasından veya seleksiyonundan yavru balıkların doğaya bırakılmasına kadarki aşamalarda dikkat edilmediyse popülasyonun genetik yapısı büyük zarar görecektir (Allendorf and Ryman, 1987).

Doğal olmayan kültür balıklarının doğal popülasyonlar içine sokulması doğal popülasyonların genetik farklılıklarını tehlikeye sokar ve lokal olarak adapte olmuş popülasyonların gösterdiği yüksek seviyedeki genetik varyasyon; adapte olmayan, genetik



olarak çeşitliliği kaybolmuş (domestik) balıklar tarafından yok edilebilir (Hindar vd., 1991). Bu şekildeki kaygı kahverengi alabalıklar için de geçerlidir (Poteaux vd., 1998a). Avrupanın çeşitli ülkelerinde yürütülen bir çok çalışma kuluçkahane kökenli balıklarla, doğal balıklar arasında gerçekleşen genetik alışverişi (difüzyon) doğrulamaktadır (Largiader ve Scholl, 1995; Hansen vd., 2001). Giuffra vd. (1996) Po havzasındaki doğal kahverengi alabalık populasyonları içinde genetik difüzyon oranının % 0-70 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Largiader ve Scholl (1995) İsveç'te ortama bırakılan Atlantik havzası orijinli kültür balıklarının büyük ölçüde Adriyatik kanal sisteminden doğal ortamda bulunan kahverengi alabalık stoklarının yerine geçtiğini tespit etmişlerdir. İspanya da bulunan kahverengi alabalıkların genetik varyasyonları haçeri kökenli balıkların ortama bırakılmasıyla bozulmuştur (Machordom vd., 1999).

Sonuç olarak, üretimin uzun süreli devamlılığını sağlamak için; gen havuzunu belirli bir düzen dahilinde paylaşan ve alt gruplara ayrılmış balık populasyonları arasındaki ve içindeki genetik farklılığın, gelişen moleküler genetik yöntemlerinin kullanımıyla belirlenmesi, kuluçkahane ve büyütme ünitelerindeki anaç stoklarında ve doğal balık stoklarındaki genetik varyasyonun korunması gerekmektedir. Balıkçılık yönetiminin temel amacı stoktaki tüm genetik varyasyonu koruyabilecek şekilde hasat etmek ve yalnız kaybolan varyasyonun restorasyonu için balıklandırma yapmak olmalıdır.

### **1.6.1. Genetik Varyasyonun Tahmininde Kullanılan Teknikler**

1960'lı yılların ortalarına kadar populasyonlar arası ve populasyon içi varyasyonun tespiti için genel olarak biyo-ekolojik özellikler, markalama, parazit dağılımı, fizyolojik ve davranış özellikleri, morfolojik veya meristik karakterleri kullanılmaktaydı (Lewontin, 1964). Bilindiği gibi bu tip markırlar genetik anlamda açık değildir. Bu nedenle son yıllarda balıkçılıkta moleküler genetik çalışmalar büyük ilgi kazanmıştır. Günümüzde bu çalışmalar temel olarak protein ve DNA olmak üzere iki tür genetik markır sistemi kullanılarak yapılmaktadır. Protein elektroforezi ile yapılan çalışmaların en büyük avantajı hızlı, ucuz olması ve çok fazla laboratuvar malzemesi istememesidir. Buna karşın kullanılan örneklerin taze olması zorunluluğu, DNA çalışmalarına göre çok sayıda örneğe ihtiyaç duyulması ve bu örneklerin genellikle öldürülmesi, en önemlisi bazı populasyon ve türlerde DNA çalışmalarına göre çok düşük seviyede polimorfik olması protein

elektroforez tekniğinin sınırlayıcı özellikleridir. Bu nedenle son dönemlerde çalışmaların çoğunluğu DNA markır sistemleri kullanılarak yapılmaktadır.

Son zamanlardaki Polimeraz Zincir Reaksiyon (PZR) kullanımı özellikle DNA çalışmalarına ayrı bir ivme kazandırmış olup, 100 yıl veya daha öncesinden saklanmış balık pulu örnekleri ile bile çalışma imkânı sağlamıştır. Ayrıca çok az miktarda ve canlıyı öldürmeden alınan doku parçasıyla bile çalışma imkânı vermesi önemli bir avantaj sağlamaktadır. Bu günlerde çoğunlukla kullanılan moleküler metotlar arasında mitokondrial DNA (mtDNA) dizilimi veya RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi) analizi, minisatellit ve mikrosatellit DNA markır çalışmaları gelmektedir.

Bu teknikler uygun laboratuvar koşulları oluşturulduğunda nispeten ucuz ve çok kısa süre içerisinde çok fazla miktarda örnek çalışılmasına imkân vermektedir. Genetik konusunda uzman bir kişi bu teknikleri kullanarak büyük miktarda gen bölgesini izleyebilir ve taksonomik seviyede aynı ve farklı türler arasında ve içinde hatta bireyler arası ve içinde farklılık seviyesini tahmin edebilir, generasyonlar arasındaki allel frekansları değişiminden efektif populasyon büyüklüğünü tahmin edebilir, kuluçkahanede yetiştirilmiş balıkların herhangi bir markalamaya gerek duymadan hangi anne ve babaya ait olduğunu tespit edebilir, genin kromozom üzerindeki yeri yani gen haritasını çıkarabilir, populasyonlar arasındaki göç miktarları yani gen akışını belirleyebilir, kültürü yapılan tür için anaç seçimi yapılmasında kullanılarak yetiştiricilere yardım edebilir (Tablo 1). Balıklarda genetik varyasyonun belirlenmesinde kullanılan moleküler teknikler aşağıda tek tek ele alınmıştır.

#### **1.6.1.1. Protein Elektroforezi**

İlk uygulanabilir genetik markır sistemi 1960'lı yıllarda geliştirilen protein elektroforezi olmuştur (Buth, 1990). Bu teknik yapısal gen lokusunda varyasyon araştırır. Protein kodlayan lokusların ürünleri elektrik yükü ve büyüklük gibi yapısal özelliklerine bağlı olarak ayrışır. Bu yalnızca spesifik protein kodlayan genlerin araştırılmasında değil ayrıca her bir lokusda farklı allellerin frekanslarının tespitinde de yardımcı olur (Markert ve Moller, 1959).

Tablo 1. Balıkçılık ve yetiştiricilikde kullanılan bazı genetik markırların avantaj ve dezavantajları (Beaumont ve Hoare, 2003).

	<b>DNA Sekansı</b>	<b>RFLP</b>	<b>VNTR</b>	<b>RAPD</b>	<b>AFLP</b>	<b>Alloenzim</b>
Pedigree veya ana, babanın tahmini	+	+	+++	+	+	++
Tür içi populasyonlar	+	+++	+++	++	++	+++
Cins veya tür seviyesi ilişkiler	+++	++	+	++	++	+++
QTL	-	-	++	+++	+++	+
Maliyet	Y	M	Y	M	Y	D/M
Doku isteği	A	N	D	D	D	M
Kodominant veya dominant veri	-	B	K	B	B	K
Nötral	D	D	E	D	D	H

+++ : Yüksek oranda bilgi verici, ++ : Bilgi verici, + : Çok az bilgi verici, - : Uygun değil, Y: Yüksek, M: Makul, ılımlı, A: Az, D: Değişken, K: Kodominant, B: Başat, E: Evet, H: Hayır

Transferin ve hemoglobin gibi enzimatik olmayan proteinleri kullanan çalışmaların yanında, enzimler incelenen proteinlerin en yaygın formudur. Enzimlerin biyokimyasal reaksiyon verdiği maddeyi içeren farklı histokimyasal boyaların kullanımıyla, lokusların ayrı olarak incelenmesi mümkündür. İki farklı şekilde veri elde edilir. Isozomlar, fonksiyonel olarak enzimin benzer formlarıdır, farklı lokuslar tarafından üretilir. Allozomların veya isozomların ayrımı lokusta allelik varyasyon tarafından üretilen farklı proteinlerdir. Isozomlar genellikle dokuya özeldir, hücrenin spesifik kısmında üretilir (mitokondriyal veya sistdik olabilir) ve yalnızca gelişimin spesifik safhasında ifade edilebilir.

Alloenzime dayalı allel frekansları zamansal ve alansal indislerin hesaplanmasında ve popülasyonların tanımlanmasında kullanılabilir. Zaman içinde allel frekanslarındaki değişim gen difüzyonu veya balıklandırmanın etkisinin tahmininde kullanılabilir. Ayrıca heterozigotluğun lokal olarak yok olması popülasyon içindeki varyasyonun azalmasının göstergesidir.

Yaklaşık yirmi yıldır balık genetikçileri farklı balık türlerinde popülasyon düzeyinde genetik farklılıkları karakterize edebilmek için protein elektroforezlerini ana araç olarak kullanmaktadırlar. Bu teknik ilk başlarda insanlarda kan gruplarının tetkikinde kullanılmıştır. Fakat daha sonra diğer türlerde de uyarlanmıştır. Nispeten ucuz olması, çok az özel geliştirilmiş aletlere ihtiyaç duyması, geniş çapta ve hızlı bir işleme sahip olması ve genom içerisinde yayılmış ve birbirinden ayrı lokusların eşzamanlı olarak izlenmesine imkan tanınması bu tekniği genetik çalışmalarda avantajlı kılmaktadır.

Birçok çalışmada stoklar arasındaki protein allel frekansları arasındaki farklılıkların belirlenmesi, özellikle anadrom balıklarda stoğun teşhis edilmesinde, gen akışı ve genetik mesafenin hesaplanmasının kullanımıyla makro ve mikro coğrafik popülasyon yapılaşmasının araştırılmasında protein elektroforezlerini yararlı bir markır haline getirmiştir.

Bütün bunlarla birlikte alloenzim çalışmalarının bazı dezavantajları da söz konusudur. Yeni bir allel yalnızca nukleotid diziliminde meydana gelecek değişikliklerle birlikte oluşacak amino asit değişiklikleriyle molekülün elektroforetik hareketliliğindeki değişim yoluyla yeni bir allel polimorfik olarak tesbit edilebilir. Yalnızca 64 kodonun 20 tane amino asiti kodlaması ve amino asitlerin herbirinin değişimi elektrik yükünde değişiklik meydana getirmemesi ve yalnızca nukleotidlerin %30'nun değişiminin ancak elektroforetik olarak tespit edilmesi sınırlayıcı etkenlerdendir. Teorik olarak DNA ile yapılan çalışmalar

proteine göre daha polimorfiktirler. Alloenzim elektroforezlerinin kullanımı genomun yalnız belirli bir kısmındaki değişikliklerini belirlemekle sınırlıdır. Kullanılan doku tipleri (Kas, ciğer, göz, kalp gibi) genellikle örnek toplarken canlının öldürülmesini gerektirmektedir. Ayrıca örneklerin saklanması bir aya kadar  $-20^{\circ}\text{C}$  'de, daha uzun süreler için  $-70^{\circ}\text{C}$  'de olmalıdır.

### **1.6.1.2. DNA Markırların Gelişimi**

Son zamanlarda moleküler biyolojideki yeni tekniklerin gelişimi DNA'daki varyasyonun incelenmesini mümkün kılmaktadır. Genomun bir parçası olan kodlanmayan kısımlardaki varyasyonun doğrudan incelenmesiyle, tüm baz değişiklikleri tespit edilebilir. DNA elementleri genel olarak farklı oranlarda evrimleştiğinden (örnek olarak mitokondriyal genler yapısal nükleer genlere oranla daha hızlı evrimleşmektedir ve ayrıca tekrar gösteren DNA tekrar göstermeyenlere göre daha hızlı değişim gösterir), ya filogenetik ya da populasyon seviyesi araştırmalar için uygun markırların seçimi mümkündür. İsoenzim çalışmaları için gerekli dokunun alınmasında canlının öldürülmesi gerekmektedir. Özellikle yok olma tehdidi altındaki türlerle yapılan çalışmalarda bu durum bu yöntemi sınırlamaktadır. Bunun aksine DNA, canlıyı öldürmeksizin alınan küçük parça dokudan elde edilebilir. Ayrıca DNA uzun süreli saklamaya uygundur ve hatta uzun süredir fikse edilmiş dokulardan da elde edilebilir. DNA markırları tarihi gelişimlerine göre ele alırsak;

#### **1.6.1.2.1. RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi)**

Kesici enzimlerin 1960 ve 1970'li yılların başında tanımlanması DNA'nın kullanımını mümkün kılan anahtar keşif olmuştur. Çoğu bakteri türünde kesici-modifikasyon sistemleri bulunmaktadır ve hücre içine yabancı DNA'ların girişine karşı savunma mekanizması oluşturur. Bunlar iki bileşene sahiptir; ilki kesici endonükleaz olup, kısa ve simetrik DNA nükleotit dizilimini tanırlar ve DNA'nın ikili iplikçliğini tanıdıkları bölgeden keserler (hidrolize ederler). Böylece yabancı DNA nispeten küçük parçacıklara ayrılır. Sistemin ikinci bileşeni "metilaz" dır ki bu da hücrese DNA'nın tanınan bölgesinde bulunan C ve A nükleotitlerine metil grubunu ilave eder. Bu modifikasyon endonükleaz enzimlerine karşı DNA'nın direnç göstermesine yardımcı olur.

Çoğu DNA genetik analizinin ana ilkesi değişik fragment parçaları vermesi için DNA'nın enzimler yardımıyla kesilmesine dayanmıştır. Kesici enzimler genellikle 4-6 bp'den oluşan spesifik olarak tanıdığı yerlerden DNA'yı keser. Kesilen DNA parçaları jel elektroforezi kullanımıyla boylarına göre ayrıştırılabilir. Sonuçta karakteristik yapılar ethidium bromid boyama yoluyla, parçacıkların uç kısımlarının florasen veya radyoaktif olarak boyanması veya ilgilenilen DNA sekansının radyoaktif olarak işaretlenmiş prob hibridizasyonu yoluyla görüntülemek mümkündür.

Çoğu RFLP çalışması ekstra nükleer organel DNA'sını kullanır (örneğin mitokondri veya kloroplast). Populasyon çalışmalarında mtDNA'nın tercih edilmesi için çok sayıda faktör bulunmaktadır. Ufak bir moleküldür, Salmonidlerde yaklaşık olarak 16-17 Kb büyüklüğündedir ve genomun %1'den daha küçük olduğu hesaplanmıştır (Davidson vd., 1989) ve saf olarak izole edilmesi nispeten kolaydır. Yüksek omurgalılarda, kalıtım yalnızca maternal yolla yani anneden olur (parental sızıntı veya uzunluk farklılıklarından dolayı bazı türlerde nadiren heteroplazmi olabilir). Rekombinasyonun olmaması filogenetik çalışmalar için (Avisé vd., 1990; Harrison, 1989; Moritz vd., 1987), veya ortama aşılardan populasyonların etkisinin ortaya çıkarılması için (Ferris ve Berg, 1987; Gyllensten, 1985) mtDNA'yı önemli kılmaktadır. Cinsiyet oranını eşit kabul ettiğimizde etkili populasyon büyüklüğü nükleer genlerin 1/4'üdür ve bu durum mtDNA varyasyonunu, yakın zamanlardaki populasyon olayları ve genetik varyasyondaki azalma gibi olaylara karşı hassas kılar. Populasyonlar arası mitokondriyal farklılığın ölçümü yalnızca etkili dişi bireylerin gen akışının ölçümünü sağlar. Göç eden erkek bireylerin populasyonların mitokondriyal gen havuzuna katkısı olmaz. Kahverengi alabalıkları da içeren çoğu salmonid türlerinde olduğu gibi dişi ve erkek bireylerin davranışlarında farklılık olabilmesi durumunda bu çalışılan türlerde faydalı olmaktadır.

Baz değişiminin yüksek seviyede olmasından dolayı mitokondriyal genom, kodlanan nükleer DNA ile karşılaştırıldığında yüksek evölüsyon oranına sahiptir (Meyer, 1993). Mitokondriyal genomun farklı bölgeleri farklı oranda değişim gösterdiğinden, çalışma tipine bağlı olarak analiz için sekansa hedeflenmek mümkündür. Örnek olarak, birkaç türde ND ve sitokrom b protein kodlayan genlerde populasyonlar arası varyasyon bulunmuştur (Park ve Moran, 1994). Mitokondriyal RNA genleri transfer ve ribozomal olmak üzere balık türlerinde yüksek oranda farklılık gösterdiği bulunmuştur ve kendi nükleer eşlerinden 100 kat daha hızlı evrimleşirler (Meyer, 1993). D-loop kontrol bölgesi

memelilerde yüksek deęişim oranına ve boy mutasyonuna maruz kalmasına rağmen balıklarda genellikle farklılık göstermeyebilir (Giuffra vd., 1994; Hall ve Nawrocki, 1995).

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) teknięinin gelişimi mtDNA RFLP analiz yönteminin kullanım alanını genişletmiştir. Bazların kısa dizilimlerinden oluşan primerler arttırılmak istenen DNA bölgesinin iki ucundaki dizilere homolog olarak dizayn edilir. Genomik DNA denatürasyona tabi tutulur ve primerler istenilen bölgenin kopyasını çıkarmak üzere tanıdığı bölgelere ilişir. Tek iplikçikli DNA'nın polimerizasyonunu sağlayacak enzimin ortamda bulunmasıyla genomik DNA'da istenilen bölge üzerinde primer sekansı uzamaya başlar, böylece istenilen bölgenin kopya sayısı ikiye katlanmış olur. Boyama yöntemiyle direk olarak görüntülemeye yetecek DNA elde edilene kadar bu döngüler katlanarak devam ettirilir.

Farklı türlerden çıkarılmış veya birbirinden uzak türlerde bile çalışan universal PZR primerlerinin kullanımı, çalışılacak tür için yeniden primer dizayn edilmesi işlemini ortadan kaldırır. Örnek olarak korunmuş mtDNA bölgesini arttıran primerler memeliler, kuşlar, sürüngenler, böcekler ve salmonidler gibi balıkların benzer bölgelerini başarılı bir şekilde arttırdığı bulunmuştur (Kocher vd., 1989). Çalışılacak bölgenin küçük olmasından dolayı bu teknik parçalanmış DNA'lar üzerinde de kullanıma uygundur. Uzun süreden beri saklanan örnekler üzerinde de istenilen mtDNA bölgesi başarılı bir şekilde çoğaltılmıştır.

Populasyon genetięi çalışmalarında mtDNA'yı çok bilgi verici yapan karakteristikler, aynı zamanda onun kullanılrlılıęını da sınırlar. Düşük seviyede deęişkenlik gösteren nükleer genlerin görüntülenmesi evolusyonun yavaş olan hızına karşı gelebilir. Familyaya has gerçekleşen özel ölüm durumu, tüm populasyonda oransız olarak çeşitlilięin büyük oranda azalmasına neden olabilir. Bu durum salmonidler gibi yumurta ve larvaları grup halindeki türleri daha fazla ilgilendirmektedir.

#### **1.6.1.2.2. RAPDs (Randomly Amplified Polymorphic DNA): Rastgele Amplifike Edilmiş Polimorfik DNA**

Adından da anlaşılacağı gibi bu metot bilinmeyen DNA parçalarının PZR amplifikasyonu ile ilgilidir. Ayrıca AP-PZR (Arbitrarily Primed Polimeraz Zincir Reaksiyon) ve DAF (DNA Amplification Fingerprinting) gibi iki metot daha bulunmaktadır. Gerçekte bu üç metot çalışma prensibi olarak aynı ve birbirlerinin varyasyonlarıdır. Bu metotların üçünde de temel prensip PZR'ın tek primerle kullanımına dayanır. RAPDs ve AP-PZR arasındaki temel fark PZR amplifikasyonunda kullanılan

primerin nükleotit uzunluğudur. AP-PZR tekniğinde 15-25 bp'lik primer kullanılırken RAPDs de 10-12 bp'lik primerler kullanılır. DAF tekniğinde ise 5-10 bp'lik primer kullanılır ve diğerlerine göre daha fazla DNA parçasının amplifikasyonu sağlanır. AP-PZR ayrıca PZR kondisyonu bakımından da diğerlerinden farklılık gösterir.

Kullanılan bu teknikler basit ve ucuz oldukları için çok tercih edilmektedirler ve çoğunlukla taksonomik çalışmalarda, gen akışının analizinde, hibrit çalışmalarında ve karışık genom örneklerinin analizinde yaygın olarak kullanılmaktadırlar.

Kısa primerlerin ve düşük "annealing" sıcaklıklarının kullanımı genom içine tesadüfi dağılmış çeşitli kısımların fazla miktarda amplifikasyonunu sağlar. Fertler arasındaki nükleotit dizilimi farkından oluşan polimorfizm, RAPD bantlarının olup olmayışlarına göre belirlenir. RAPDs dominant genetik markır olarak kabul edilir ve gen haritası çıkarılması çalışmalarında bu hesaba katılır.

Bu üç teknik için asıl sorun oluşan bant yapısının kullanılan DNA'nın kalitesine, PZR sıcaklık profiline ve reaksiyon kondisyonuna bağlı olarak hassasiyet göstermesidir. Hatta bazı araştırmacılara göre RAPD fingerprint yapısının, kullanılan polimeraz enziminin tipine göre de farklılık gösterdiği rapor edilmiştir. Yukarıda sözü edilen parametrelerin hepsi kontrol altına alınsa bile bu teknikler için bir diğer dezavantaj homozigotluk ve heterozigotluğun tespit edilememesidir. Son olarak RAPD'lerin mutasyon oranı hakkında şu ana kadar herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır.

### **1.6.1.2.3. Satellit DNA Markırları**

Çok hücrelilerde sıralı tekrar gösteren nükleotid dizilimlerinin bulunduğu 1968 yılında yapılan çalışmalarla ortaya çıkarılmıştır. Bu nükleotid dizilimleri kompleks ökaryotik genomunun sezyum klorür santrifüjü ile belirlenmiş ve orijinal olarak satellit bantlar diye tanımlanmışlardır. Bu şekilde yapılan bir santrifüj işleminden sonra DNA'nın G-C içeriğine bağlı olarak genomik DNA bu şekilde bir yapı göstermektedir. Satellit DNA'ların analizi sonucunda bunların çoğunlukla sıralı tekrar eden nükleotid dizilimlerinden meydana geldiği ortaya konulmuştur.

Satellitler minisatellit ve mikrosatellit olarak ikiye ayrılırlar. Minisatellitlerin oluşturduğu tekrar dizilimleri genellikle 9-64 bp'lik motiflerden oluşmakta ve 0.1 ile 7 kb'a kadar ulaşabilmektedir. Bunlar ayrıca VNTR (Variable Number of Tandem Repeat) olarak da bilinmektedir. Mikrosatellitler ise genellikle 100-200 bp'e ulaşan kısa yapılara



sahiptir. Tekrar motifleri ise ikili, üçlü, dördlü veya beşli şekilde olabilir ((CA)<sub>n</sub> veya (AGC)<sub>n</sub> gibi).

#### 1.6.1.2.3.1. Minisatellit DNA Markırı

Nükleer genomda aşırı farklılık gösteren minisatellit lokusların ortaya çıkarılması genetik markır sistemler içersinde yeni değişikliklere neden olmuştur. Kodlama yapmayan bölgelerin farklılıklarının gözlenmesi yalnızca populasyon ve filogenetik çalışmaları değil, ayrıca doğal populasyondaki familyaları, akrabalık derecelerini ve fertlerin pozitif olarak tanınmasını da mümkün kılmıştır.

Minisatellit veya VNTR (Variable Number of Tandem Repeat) lokusları birkaç yüz tekrara kadar ulaşan kısa nukleotid dizilimlerine (9-64) sahiptir. Minisatellit DNA'nın genom içindeki varlığı 1980'li yılların başından beri bilinmekle birlikte, bu yalnızca insan minisatellit probunun izolasyonu ile gerçekleşmiştir (Jeffreys vd., 1985). Multi lokus problemler birden fazla lokusta bulunan sıralı tekrar içeren nukleotid dizilimlerinin merkezinin hibridizasyonunda kullanılmaktadır. Tekrar sayılarındaki farklılıkların eşit olmayan kromatid değişikliğinden ve replikasyon sırasında DNA kaymasından meydana geldiği düşünülmektedir (Jeffreys vd., 1990). Düşük iyon konsantrasyon şartlarında problemler istenilen nukleotid dizilimlerinin bulunduğu çok fazla sayıda lokusa hibridize olur ve DNA fingerprintini oluşturur. En iyi bilinen insan minisatellit problemleri 33.6 ve 33.15, ökaryotların çoğunun DNA'sını hibridize ettiği tespit edilmiştir. Bunlar ve bunun gibi multilokus problemler (MLP) geniş bir alana yayılmış şekilde bitki, kuş ve hayvan türlerinde populasyon çalışmalarında kullanılmaktadır (Burke ve Bruford, 1987; Hanotte vd., 1991; Hauser vd., 1992). Polimorfizm, çalışılan bölgelerde tekrar gösteren nukleotid diziliminin sayısında meydana gelen, eşit olmayan parça değişiminden ve DNA replikasyonu sırasında DNA kaymasından dolayı olur.

Multilokus polimorfik markırlar genetik çalışmalarda geniş bir yere sahip olmalarına rağmen çok fazla sayıda bant oluşması nedeniyle heterozigotluğun veya homozigotluğun tespitinin mümkün olmaması ve aynı lokustan gelen bantların veya farklı lokuslardan benzer büyüklükteki DNA parçalarının jel üzerinde aynı şekilde yer değiştirmesi genetik hesaplamalarda belirsizlikler yaratır, böylece allel ve genotip frekansları hesaplanamamaktadır. Bu mevcut istatistikî analizlerin kullanımını olanaksız kılmaktadır (Lynch, 1991).

Tek lokus fingerprint veya profil çıkarma yöntemi bu problemlerin üstesinden gelmektedir ve potansiyel olarak populasyon genetiği çalışmaları için çok uygundur. Eş zamanlı olarak çok fazla lokusun merkez sekansının hibridize edilmesinin dışında yüksek iyon konsantrasyon şartlarında, lokus spesifik problemler tek lokus veya minisatellit bölgenin tekrar göstermeyen uç kısımlarına hibridize olurlar. Bireyler aynı miktarda sıralı tekrar ile ya homozigottur ya da farklı sayıda sıralı tekrar ile iki farklı bant üreterek heterozigot olurlar.

Multilokus DNA fingerprint problemlerinin aksine tek lokus probu yeter miktarda sekans benzerliğine sahip olabilmek için yakın ilişkili organizmadan veya çalışılan türün kendisinden izole edilmelidir (Wong vd., 1987). Bu türden genomik kütüphane oluşturulmasını ve klondan uygun probun izolasyonunu gerektirir. Bu uzun süreli protokol başlangıçta insan üzerine yapılan çalışmalarla sınırlıydı. Fakat son zamanlarda yaşanan moleküler protokollerdeki gelişmeler diğer canlılar üzerinde de bu çalışmaları mümkün kılmıştır ve tek lokus minisatellit lokus varyasyonu bir çok balık türünde çalışılmıştır (Bruford ve Burke, 1991; Gilbert vd., 1991; May vd., 1993).

Tek lokus minisatellit verileri isoenzim verilerinde olduğu gibi aynı yolla değerlendirilebilir ve gen akışı, genetik mesafe ve heterozigotluğun ölçülmesi gibi işlemler yapılabilir. Son zamanlarda rapor edilen çoğu çalışmadan minisatellit lokusta çok fazla sayıda 20 veya üzeri allel gözlenmiştir. Populasyon çalışmaları için tek lokus minisatellitlerinin nötr genetik markır olarak kullanımlarına ilaveten, akrabalık derecesinin belirlenmesi (pedigree) çalışmalarında ve birey tanımlanmasında tek lokus minisatellit kombinasyonlarının kullanılması mümkündür.

Minisatellit DNA çoğu salmonid türünde çalışılmıştır. Örnek olarak gökkuşuğu alabalığı (Bentzen vd., 1991; Fields vd., 1989; Lloyd vd., 1989) ve Atlantik salmону (Bentzen vd., 1991; Taggart ve Ferguson, 1990) gösterilebilir. İnsan minisatellit problemleri (33.6 ve 33.15) kahverengi alabalıklarda minisatellit loki varyasyonunu incelemek için kullanılmış ve 40+ üzerinde bant ürettiği gözlenmiştir (Taggart ve Ferguson, 1990).

DNA fingerprint ayrıca İrlanda'daki göllerde kahverengi alabalığın üç simpatrik morfortipinin çalışılmasında kullanılmıştır (Prodöhl, 1993; Taggart ve Ferguson, 1990). Önceki izozom çalışmaları tipler arası gen akışının üreme anındaki alansal ayrılmayla sınırlı olduğunu göstermiştir (Ferguson ve Taggart, 1991). DNA fingerprint 33.15 insan multi lokus probu (MLP) kullanımıyla yapılan çalışmada populasyonlar arası bant paylaşım katsayısı, populasyonlar içi bant paylaşım katsayısından önemli derecede küçük

bulunmuştur. Yalnız bir morf için bile tanımlayıcı bant bulunmamasına rağmen tiplerin genetik izolasyonunu doğrulamaktadır. DNA fingerprint çalışmalarından elde edilen sonuçlar izozom çalışmalarından elde edilen sonuçlarla örtüşmektedir. Fingerprint sonuçlarından elde edilen genetik uzaklık değeri (Nei, 1972) izozom çalışmalarından elde edilen sonuçlara göre daha büyük olmasına rağmen, morflar arası gen akışının ölçümü karşılaştırılabilir.

#### **1.6.1.2.3.2. Mikrosatellit DNA Markırı**

Mikrosatellitler ökaryotik genoma geniş bir şekilde yayılmış ve bol olarak bulunurlar fakat bunun aksine minisatellitler, kromozomların telomerik ve sentromerik bölgelerinde toplanma eğilimindedirler.

Bu bilgilerin ışığı altında, mikrosatellit DNA çok farklı şekillerde isimlendirilmiştir: STRs (Simple Sequence, Short Tandem Repeats), SSRs (Simple Sequence Repeats). Bunların hepsi mikrosatellit terimine ek olarak yaygın kullanılan isimlendirmelerdir. Ayrıca SSLPs (Single Sequence Length Polymorphism) mini ve mikrosatellit lokuslar için birlikte kullanılmaktadır.

Mikrosatellitler çalışılan çoğu lokusda tekrar bölgesinin sayısında çok farklılıklar göstermesinden dolayı genetiğin birçok alanında moleküler markır olarak önem arz etmektedir. Bu güne kadar mikrosatellit varyasyonunun en gelişmiş çalışmaları lokusun tipi ve bilgilendirme derecesi, nükleotit diziliminin boyu ve tekrarlanan nükleotitler arası ilişkilerin araştırılması ile yapılmaktadır. Mikrosatellitler, kusursuz, kusurlu ve bileşik motif olarak üç gruba ayrılmışlardır. Burada mikrosatellitin nükleotit diziliminde ana motifi bozan nükleotitlerin bulunması onun kusurlu dizilim gösterdiği anlamındadır. Ayrıca eğer birbiriyle bitişik iki farklı motif bulunuyorsa bu da bileşik motif olarak isimlendirilir.

Bu tekrarlar arasında her türlü kombinasyon mümkündür. Ana motif içerisinde meydana gelen bozukluklar tekrar sıralarını korumaktadırlar ve kusursuz motiflere göre bu şekildeki bozuk motifler daha az varyasyon gösterir. Ayrıca uzun tekrarların daha polimorfik olmaları beklenir.

Mikrosatellit tekrarların bulunduğu genom bölgelerindeki genetik varyasyonlar genellikle DNA kayması sonucunda meydana gelir. Mikrosatellit lokuslardaki mutasyonların, DNA replikasyonu sırasında, tekrarın bulunduğu kısımda yanlış eşleşme

veya bir tekrarın atlanması sonucunda meydana geldiği düşünülmektedir. Diğer bir deyişle replikasyon sırasında DNA'nın iki iplikçisindeki tekrar kısmı beklenmedik bir eşleme yapabilir ve daha sonra bunun tamiri mikrosatellit lokusun uzaması veya kısalması ile sonuçlanır. En yaygın değişim yalnızca tek bir tekrar ünitesinin kaybı veya fazladan oluşması ile olur. Populasyon içi varyasyonun belirlenmesinde en önemli unsur mutasyon oranıdır. Bu oranın mikrosatellit lokuslarda  $10^{-3}$  ile  $10^{-4}$  arasında değiştiği tahmin edilmektedir (Goldstein vd., 1995).

Tekrar bölgelerinin her iki tarafında bulunan bölgeler flanking bölgesi olarak isimlendirilir ve buralarda meydana gelecek mutasyonlar çok önemlidir. Çünkü buralar primerlerin bağlanma noktalarıdır ve null allel oluşumuna neden olur. Null alleller alloenzim ve minisatellit çalışmalarında çok iyi bilinmesine rağmen mikrosatellit lokuslarda da görülmektedir. Primer bölgelerinde meydana gelen nükleotit eklenmeleri veya çıkmaları (insertion ve deletion) mikrosatellit allellerin amplifike olmamasına neden olacaktır.

Birçok canlı ve bitki türünde (pirinç, tavşan, fare, arı ve kuş gibi) yapılan çalışmalarda mikrosatellitlerin yüksek seviyeli polimorfizm gösterdiği rapor edilmiştir. Balıklarda ise mikrosatellit DNA lokusları çoğunlukla Pasifik (Scribner vd., 1996) ve Atlantik salmon (McConnell vd., 1995a,b; O'Reilly vd., 1996; Nielsen vd., 1997) populasyonları ve levrek balıklarının (Garcia de Leon vd., 1995,1997; Castilho and McAndrew, 1998; Castilho ve Ciftci, 2005) populasyon yapılarının belirlenmesinde kullanılmıştır.

Mikrosatellit lokuslar kodominant markırlardır, yani heterozigotlar homozigotlardan ayırt edilebilir ve PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyon) kullanımı ve allellerin jel üzerine seperasyonunun yapılmasıyla tüm genetik bilgilere ulaşmak mümkündür.

Mikrosatellitler ayrıca evölüsyonla ilgili çalışmalarda, kriminolojik çalışmalarda, fertlerin akrabalık seviyelerinin ve ana ve babalarının belirlenmesinde, genomdaki genlerin haritalarının çıkarılmasında, populasyonun genetik parametrelerinin (gen akışı ve etkili populasyon büyüklüğü gibi) tahmini ve populasyon farklılıklarının belirlenmesi gibi çalışmalarda yoğun bir şekilde kullanılmaktadır (Queller vd., 1993). Bunun nedeni mikrosatellitlerin genomda yoğun bir şekilde dağılmış olmaları ve işlemlerinin kolay ve otomatik bir şekilde yapılabilmesidir.

Canlıların genomunda yoğun olarak bulunan mikrosatellitlerin, son yapılan çalışmalara göre türlere bağlı olarak farklı frekanslarda farklı motiflere sahip oldukları tespit edilmiştir. İki nükleotitli tekrarlar dikkate alındığında  $(CA/GT)_n$  nükleotit tekrarı memelilerin

genomunda yaygın olarak bulunmaktadır. Bu tip tekrar memeli genomunda her bir 50-150 kb'de bir olmaktadır. Memelilerdeki durumun aksine son çalışmalar gelişmiş yüksek bitkilerde (AT/TA)<sub>n</sub> nükleotit diziliminin yaygın olduğunu göstermiştir. Ayrıca Atlantik somonunun genomunda (GT/CA)<sub>n</sub> tekrarının ortalama olarak her bir 24-35 kb'de bir, kahverengi alabalık da ise 76 kb'de bir olduğu gözlenmiştir. Son zamanlarda bilim adamları üç nükleotitli mikrosatellitler üzerine yoğunlaşmıştır çünkü üçlü nükleotit dizilimlerin insanlarda görülen hastalıklarla ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Örnek olarak Fragile X, Myotonic Dystrophy ve Huntington Chorea hastalıklarının temel nedeni üç nükleotitli mikrosatellitlerdir. Üçlü nükleotitler hastalıkla bağıntılı olarak büyük bir uzunluğa ulaşmasına rağmen ikili nükleotitler kadar da polimorfiktirler.

Mikrosatellitler farklı genetik çalışmaları için çok güçlü tek lokus genetik markır olarak kabul edilmiş olmasına rağmen, allellerin PZR amplifikasyonu için türe has primer geliştirilmesi çok pahalı çalışmalar gerektirmektedir. Bir diğer önemli dezavantaj ise alleller denatüre olmuş poliakrilamid jel üzerinde ayrıştırıldığı zaman genellikle merdiven veya gölge şeklinde bantlar oluşturmaktadırlar. Bu istenmeyen bantların, amplifikasyon ürünlerinin denaturasyonunun tamamlanmamış olmasından veya PZR aşamasında oluşan yanlış eşleşmelerden dolayı olduğu düşünülmektedir. Bu durum allellerin okunması esnasında genellikle problem yaratmaktadır. Fakat bunun yanında üç veya dört nükleotitli mikrosatellitlerde bu durum pek görülmez. Son dezavantaj ise önceden de bahsedildiği gibi null allellerin oluşmasıdır.

#### **1.6.1.2.4. DNA Sekansı**

Son yıllardaki sekans metodolojisindeki gelişimler DNA sekans analizini popülasyonların filogenetik geçmişlerinin çıkarılmasında önemli yaklaşımlar arasına sokmuştur (Hillis vd., 1990). Bu tekniğin ana cazibesi canlıların çözümlenmiş temel birimi olan nükleotitleri içermesidir.

Filogenetik ve sistematik çalışmalarda nükleotit sekanslarının kullanımı homolog sekansların karşılaştırılmasını mümkün kılar. Nükleik asit sekans bilgileri artarak düzenli bir şekilde çeşitli bilgi bankalarında (Genbank, Avrupa Moleküler Biyoloji Laboratuvarı) toplanmaktadır. Fakat toplanan bu sekans çalışmalarının çoğu tıbbi veya ticari olarak önemli türler üzerine yapılmaktadır.

Böylece üzerinde çalışılan organizmalar için karşılaştırma amaçlı bu sekans bilgilerine ulaşmak mümkündür ve teknik bilgi gerektiren sekans çalışmaları için fazladan zaman ve para harcamaya gerek yoktur.

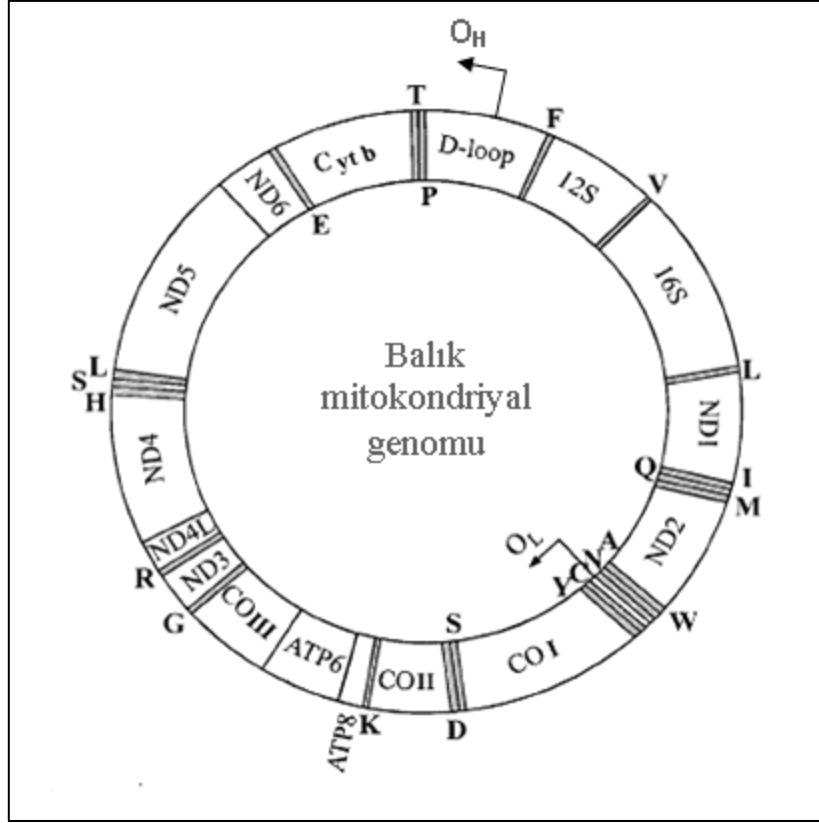
Çok fazla örnek gerektiren coğrafik varyasyon, üreme stratejisi, heterozigotluk tahmini ve hibriditasyon gibi çalışmalar için sekans analizi dışındaki diğer metotlar tercih edilir. DNA sekansının kullanımındaki sınırlama yalnız başına sekans değildir. Sekansı yapılacak gen bölgesinin de buna ilave edilmesi gerekir. Geçmişte bu işlem gen klonlama aşamasını gerektirmekteydi. Bunun yanında PZR tekniğindeki son gelişimler rekombinant DNA teknolojisine gerek kalmadan spesifik gen bölgesinin yükseltgenmesini mümkün kılmıştır.

Başlangıç araştırmaları nispeten küçük ve yoğun olarak çalışılan mitokondriyal genomun elde edilmesi ve sekansının alınması üzerine yoğunluk kazanmıştır. Çok fazla sayıda laboratuvarın nükleotit sekans bilgisi toplaması ve metotdaki otomasyonla birlikte yaşanan devamlı gelişmeler bu teknolojiyi rutin hale getirmiştir (Hillis vd., 1990).

### **1.7. Mitokondriyal Genomun Biyolojisi**

Çeşitli nedenlerden dolayı, canlılarda en fazla çalışılan kısımların başında gelmektedir. Çoğu kez hücrenin güç santrali olarak düşünülen mitokondriler, solunum olarak bilinen kimyasal tepkimelerin meydana geldiği bölgelerdir. Mitokondri hücre solunumu ve diğer fonksiyonlar için hayati olan genleri içeren kendi DNA'sına sahiptir. Hücrenin DNA'sından fiziksel olarak ayrılmıştır. Yani nükleusun dışında bulunur. Fiziksel olarak izole olması ve 16.000-20.000 bp'lik nükleotid dizilimi ile sirküler halde bulunması mtDNA'yı milyarlarca nükleotide sahip genomik DNA'dan kolay bir şekilde ayırmaktadır. Balıkların mitokondriyal yapıları üzerine Meyer (1993) tarafından çok detaylı bir derleme yapılmıştır.

Omurgalıların mitokondriyal genomu, proteini kodlayan 13 gen, ribozomal RNA'ları kodlayan 2 gen (küçük 12S ve büyük 16S rRNA), transfer RNA (tRNA)'yı kodlayan 22 gen ve RNA transkripsiyon ve mtDNA replikasyonu için başlangıç bölgelerini içeren kodlanmayan (kontrol bölgesi) içermektedir (Şekil 3). Proteini kodlayan genler NADH dehidrogenase (ND1,2, 3, 4, 4L, 5, 6)'ın 7 altbirimi (subuniti), Sitokrom b, Sitokrom c oksidazın 3 altbirimi (CO I, II, III) ve ATP synthetase'ın 2 subuniti (ATPase 6 ve 8) olarak sıralanır.



Şekil 3. Balık mitokondriyal gen sırası. H ve L replikasyon başlangıç yerleri gösterilmektedir. Gölgelemiş kısımlar Transfer RNA genlerini göstermektedir (Wilhelm vd. (2003)'den modifiye edilmiştir).

Mitokondriyal genomun iki iplikçığı L (hafif) ve H (ağır) olarak adlandırılmıştır. Bunlar omurgalılarda sezyum klorür yoğunluk yığılımlarındaki farklılaşma sonucunda ortaya çıkan G+T içeriğindeki farklılığı yansıtır. Çok istisnai durum dışında omurgalıların mitokondriyal genomundaki tüm genler H-iplikçığı tarafından kodlanır; yalnızca ND 6 ve 8 tRNAs, L-iplikçığı tarafından kodlanır.

En büyük mitokondriyal genom (yaklaşık 39,9 kb) bir çift kabuklu türü olan tarak'da bulunmuştur ve tür içinde büyük miktarda varyasyon göstermektedir. Tür içi varyasyon genellikle sıralı dublikasyonlardan dolayı kontrol bölgesinde olmaktadır. Balıklarda, tür içi mtDNA'daki boy farklılıkları türler arasında olabilecek fark kadar büyüktür (Bentzen vd., 1988; Avise, 1986).

Büyükükte kompakt bir yapıya sahip olmasının yanında mtDNA haploittir. Yani her bir mitokondri bir tek mtDNA içerir. Mitokondri sitoplazmik olarak kalıtsaldır ve yumurtanın sitoplazması dışıdan geldiği için mtDNA baskın olarak anneden (maternal) geçmektedir. mtDNA paternal olarak döllere çok az veya hiç geçmemektedir ve

mitokondri genomları arasında rekombinasyon yoktur. Paternal mitokondrinin dölleme esnasında degrade olduğu gözlenir. Bununla birlikte heteroplazmi üzerine, yani bireyde bir tipten fazla mtDNA bulunduğuna dair raporlar giderek artmaktadır. Heteroplazmi bazı balık türlerinin de içinde bulunduğu bir çok temel organizma gruplarında nadir olarak bulunmaktadır. Balıklara örnek olarak; mersin balıkları (Buroker vd., 1990); morina balıkları (Arnason ve Rand, 1992) ve midye türlerini verebiliriz. Balıklarda rapor edilmiş heteroplazmi durumlarına bakıldığında, heteroplazmik bireylerin populasyon içindeki dağılım oranları *Amia calva* (bowfins) (Birmingham ve Avise, 1986)'da %5; Clupeidae türü olan *Alosa fallax*'da %12 (Bentzen vd., 1988) ve mersin balıklarında %41 oranına kadar gerçekleşmiştir (Broker vd., 1990).

Erkek mitokondriyal genomun davranışının modellenmesi ve simulasyonu erkek mitokondrisinin Oosit mitokondri populasyonunda nadir olarak sabitlenebileceğini göstermektedir (Neigel ve Avise, 1986). Bununla beraber, paternal sızıntı 1000 molekülde gibi düşük oranda olabilmektedir.

Nükleer genomun aksine, hayvanların mitokondriyal genomu çok etkindir. Nadiren dublikasyon veya kodlanmayan sekans içerirler. Mitokondriyal protein kodlayan genler intron içermez ve genler genellikle 10 bazdan daha az olarak ayrışırlar. İki gen, aralarında genler arası ayırıcı bulunmadan bitişik olabilir ve bazı durumlarda bir kaç baz üst üste çakışabilir. Transfer RNA genleri ve protein kodlayan genler önemli derecede çakışabilir (Clary ve Wolstenholme, 1985). Omurgalılarda ATPase 6 ve ATPase 8 genlerinin okunabilen kısımları 6-7 bazdan daha fazla üst üste çakışmaktadır.

Balıklarda, çok miktarda büyük kodlanmayan bölgeler tanımlanmıştır. Johansen vd. (1990) Atlantik morina balıklarında Thr-tRNA ve Pro-tRNA arasına girmiş 74 bp baz tespit etmiştir. *Xenopus* genusuna dahil kurbağalarda bu kodlanmayan bölge yeri yalnızca 26 bp uzunluktadır (Roe vd., 1985) ve mersin balığında yalnızca 3 bp uzunluktadır (Gilbert vd., 1988). Bir çok familyaya bağlı balık türünde Thr-tRNA ve Pro-tRNA arasındaki baz sayısı 5 bp den az değildir.

Sekans ve kesici enzim kullanılarak mtDNA üzerine yapılan birçok çalışmadan elde edilen sonuçlara göre evolusyon oranı tek kopyalı nükleer genlere oranla 5-10 kez daha hızlıdır (Brown vd., 1979). Hızlı mtDNA evolusyonu nokta ve parça mutasyonunun yüksek orandaki frekansından kaynaklanmaktadır (Brown vd., 1982). Primatların tüm mitokondriyal genomundaki değişim oranı  $10^6$  yılda yaklaşık olarak % 0,5-1 oranındadır (Brown vd., 1982).



Üç farklı sekans değişim şekli içinden, baz değişikliği, bazın ilave olması veya çıkmasına nazaran daha fazla olmaktadır. Baz ilavesi ve çıkması çoğunlukla kontrol bölgesinde ve genler arası bölümde görülmektedir. tRNA ve rRNA’larda bu durum düşük oranda gerçekleşmektedir. Nadiren protein kodlayan genlerde bulunmaktadır.

Gelişen sekans tekniğiyle mtDNA’daki yüksek orandaki evolusyonun, baz değişimlerinden kaynaklandığı açık bir şekilde ortaya konmuştur.

### **1.7.1. Protein Kodlayan Genler**

Protein kodlayan genlerdeki değişim şekilleri nispeten anlaşılabilir kuralları takip eder. Mutasyonun birikmesiyle oluşan düzensizlik protein kodlayan genleri balıklar üzerine yapılan filogenetik çalışmalar için vazgeçilmez kılmaktadır. Kodonların üçüncü pozisyonundaki mutasyonlar amino asit yer değişimiyle gerçekleşen değişime oranla daha fazla birikim sağlanmaktadır. En sık gözlenen değişim kodonların üçüncü pozisyonundaki geçişlerdir (nükleotid değişimleri sonucunda bir pürin bazından, diğer bir pürin bazına veya pirimidin bazına). İkinci olarak en sık gözlenen ise üçüncü pozisyonundaki transversion’dur (bir pürin bazı pirimidin bazına veya tersi olursa). Her bir protein kodlayan gen kendi özel evolusyon oranına sahiptir ve bunlar fonksiyonel sınırlamalar gibi faktörelere bağlıdır. mtDNA evolusyonundaki hızlı orandan dolayı bazı genler yüksek oranda korunmuş olabilir. Sitokrom oksidaz ve sitokrom b altbirimlerini kodlayan genler en fazla korunan genlerdir. En fazla farklılık gösterenler ise bir kısım ND ve ATPaz genleridir. Bu yavaş evrimleşen protein kodlayan genler bir birlerine uzak olan neopterygian balıklar arasındaki akrabalığı belirlemede kullanılmaktadırlar. Önceden yapılmış çalışmalarda yayınlanmış ve universal olmuş özellikle 12S ve sitokrom b için geliştirilmiş PZR primerleri kullanımıyla çok farklı soruları cevaplamak için farklı organizmalarda bu bölgelerin sekansları alınmıştır. Bununla birlikte birbiriyle uzak ilişkili türler için diğer gen bölgelerinin çalışılması daha iyi bir seçim olabilir.

### **1.7.2. Transfer RNA Genleri**

Tüm omurgalılar 22 adet mitokondriyal tRNA içermektedir. Bunlar yaklaşık olarak sitoplazmik eşlerinden (59-75 bp uzunlukta) daha küçüktürler. Mitokondriyal tRNA’lar çok nadir olarak temel sekanslarında ve ikincil yapılarında farklılık gösterirler. Bu 1-2 bp

insertion veya delesyon şeklinde olabilir. Mitokondriyal tRNA'nın ilmi boyu nükleer tRNA genleriyle karşılaştırıldığında artan şekilde farklıdır. Mitokondriyal tRNA genleri nükleer tRNA genlerine oranla 100 kez daha hızlı evrimleşir (Brown vd., 1982). Nükleer tRNA'yla karşılaştırıldığında evrimleşme hızlı olmasına rağmen mitokondriyal genom içerisinde evrimleşme nispeten yavaş olmaktadır. Uzunlukları küçük olduğundan filogenetik çalışmalar için çok iyi bir gen seçimi olmayabilir, fakat tRNA genlerinin korunmuş yapılarından dolayı PZR primer dizaynı için çok iyi bölgelerdir.

### 1.7.3. Ribozomal RNA Genleri

Hayvanların mitokondriyal genomunda iki adet ribozomal (rRNA) gen bulunmaktadır. Bunlar küçük olan 12S (yaklaşık omurgalılarda 819-975 bp) rRNA geni ve büyük olan 16S (omurgalılarda yaklaşık 1571-1640 bp) rRNA genleridir. Nükleer rRNA (18S ve 28S) ve tRNA genleri mitokondriyal eşlerine göre 100 kat daha yavaş evrimleşir (Dawid, 1972).

Bu temel baz değişim kuralları rRNA genleri için de geçerlidir. Transisyon, transversiona oranla daha sık olmaktadır. Baz eklenmesi ve çıkarılması 1-5 bp arasında genellikle çok küçüktür. 16S geni 12S genine göre daha fazla boy varyasyonuna sahiptir. Bundan dolayı birbirine uzak türlerin 16S rRNA'nın DNA sekanlslarının üst üste getirilip karşılaştırılması, 12S rRNA genlerine göre daha zor olmaktadır. Protein kodlayan genlere göre parça mutasyonları rRNA'da daha sık gerçekleşmektedir. Bundan dolayı filogenetik çalışmalar için bu uzunluk varyasyonlarının eşleştirilmesi ciddi şekilde farklı filogenetik çıkarımlarla sonuçlanabilir. Bazı araştırmacılar çakıştırılan bu sekanlsların problemlili kısımlarını uzaklaştırmaktadır, fakat sekansın hangi kısmının çıkarıldığı ve hangi kısmının kalacağı hala problemlili bir konu olarak durmaktadır.

Tüm rRNA ve tRNA değişim oranlarının protein kodlayan genlerin yaklaşık yarısı kadar olması bu genleri uzak ilişkili türlerin filogenetik problemlili için cazip kılmaktadır.

### 1.7.4. Kontrol Bölgesi

Kontrol bölgesi ana sekansta, replikasyon veya transkripsiyonu düzenleyen ikincil yapıda kısmen sınırlanmıştır (Clayton, 1991). Kontrol bölgesi D-loop olarak karakterize olmuştur. D-loop bölgesinin DNA dizilimi L iplikçliğini tamamlayıcı yapıdadır. Yani D-loop H iplikçiginde yer almaktadır. D-loop sentezinin başlangıç yeri ve H iplikçiginin

replikasyon merkezi aynıdır. Fakat D-loop iplikçiği ve H iplikçiğinin bitiş yerleri farklıdır. Bütün mitokondriyal genler içinde, kontrol bölgesi en yüksek değişim oranına sahiptir. Kontrol bölgesinin evolüsyon oranı mitokondriyal protein kodlayan genlerin evolüsyon oranından 2-5 kez daha fazladır. İnsanların kontrol bölgesinde ve yakın çiklit balık türleri arasında nükleotit değişim hızı ekleme ve çıkarılmaya göre 5 kat daha hızlı olmaktadır, yani değişim ekleme ve çıkarılmaya oranla daha fazladır (Meyer vd., 1990). Kontrol bölgeleri ardışık dublikasyonlardan dolayı boyca 200-4100 bp arasında farklılıklar göstermektedir ve bundan dolayı omurgalıların mitokondriyal genomları uzunluk farklılıklarının çalışılmasında ana neden olmaktadır. Ayrıca populasyon seviyesinde yüksek frekansta parça mutasyonlarına sahiptir. Balıklarda heteroplazmi gözlemlendiğinde ardışık dublikasyonlar ve farklı büyüklüklerde tekrarlar bulunmaktadır.

Karakteristik olarak yüksek miktarda sekans farklılığı kontrol bölgesinde eşit olarak dağılım göstermemektedir. Yüksek oranda korunmuş sekans bölgeleri bulunmaktadır. Genellikle A-T'ce zengin bölgeler, D-loop un her iki ucunda ve evrimsel olarak korunmuş merkezi bölgeler olarak bulunmaktadır. Omurgalılarda yapısal olarak farklı ve yüksek miktarda sekans varyasyonuna sahip olmasına rağmen merkezi yapı muhtemel olarak benzerdir ve bunun için korunmuş sekans blokları genellikle tüm hayvan mtDNA kontrol bölgelerinde tanımlanabilirler. Mutasyon burada çok hızlı biriktiği için, kontrol bölgesi çok yakın türler arası filogenetik ilişki üzerine yapılan çalışmalarda ve populasyon seviyesi yapılan çalışmalarda tercih edilen bir moleküldür.

## 1.8. Filogenetik

Filogenetik genel olarak filogenetik çıkarım veya filogeni yapılandırılmasının kısaltılmış eş anlamı olarak kullanılan terimdir. Filogenetik yapılandırmanın amacı eldeki bazı verilerin filogenini tahmin etmeye çalışmaktır. Toplanmış herhangi bir veri için bazı atasal ilişkiler bulunacaktır. Verinin kendisinin atasal ilişkisinin ortaya çıkarılması veya soy ağacı olarak yapılandırılması için bilgi içermektedir. Bu filogeni veya ağaç olarak isimlendirilen dallanmış yapının oluşturulmasını sağlar (Swofford vd., 1996). Bu yapılandırmada ana adımlar sırasıyla: 1) çalışılan ana biyolojik birimin tanımlanması ki bu taksa veya Operasyonel Taksonomik Ünite (OTÜ) olarak isimlendirilir, genellikle türleri ifade eder fakat daha aşağı üniteler (alttürler, stok gibi) veya daha yukarı (genus, familya, ordo, sınıf, filum) seviyedeki organizmalar olabilir; 2) karakterlerin ifadesiyle taksonun

karakterize edilmesi ki bunlar taksonlar arasında farklı ifadeleri olan nitelikler (genetik, morfolojik, fizyolojik vb.) olabilir ve 3) taksonların benzerlik derecelerine ve/veya paylaşılan karakterlerine göre gruplandırılarak düzenlenmesi. Düzenleme genellikle çok fazla sayıda paylaşılan karaktere göre karakterize edilen çok sayıda grubun dâhil edilmesiyle hiyerarşik olarak yapılmaktadır. Hiyerarşik düzenleme (filogeni) genellikle filogenetik ağaç oluşturularak betimlenir ve taksonomik sınıflandırmada veya evrimsel ilişkinin yorumlanmasında kullanılabilir.

Bu adımların açık olan basitliğinin yanında filogenetik çıkarımlar çok açık değildir, yani aksine çok karışık bir disiplindir. Çünkü farklı karakterler aynı grupları tanımlamayabilir. Gerçekte farklı karakterler hiyerarşik ilişkiler hakkında bilgilerle tamamiyle uyuşmayabilir.

Karakterler farklı yollarla karşılaştırılabilir. Örnek olarak; kati, kesin (yeşil gibi)-nispi (ön ayaklar arka ayaklardan daha uzundur gibi)' ye karşı; ayrı, farklı (beş parmak gibi) - devamlı (8 m uzunluğunda kanat)'ya karşı; gelişimsel olarak erken - geç'e karşı; evrimsel olarak kararlı - kararsıza karşı gibi sıralanabilir. Bu karşıtlığın ilk üçü yakın zamandaki organizmalar için objektif olarak değerlendirilebilir fakat son karşıtlık evrimsel yapılar ve işlemler hakkındaki daha önceki hipotezlere bağlıdır.

Filogenetik çıkarımda kullanılan verinin iki geniş kategorisi bulunmaktadır. Bunlardan ilki karakter verisi, takson hakkında bilgi sunar ve ikincisi uzaklık veya benzerlik verisi, bu da taksonlar arasındaki ikili ilişkileri tanımlar.

Karakter verileri; her bir takson için her bir karakterin ifadelerini kodlayan rakamsal değerler olarak belirtilir. Sistematikçiler arasında karakter ve karakter ifadesi terimleri hakkında uyuşmazlık bulunmaktadır. Fakat bunların kullandıkları rakamsal metotlar genellikle karakteri, değişkenin eş anlamlısı olarak kullanır ve karakterin muhtemel gözlenmiş değerlerinden birini ifade ettiğini düşünürler. Karakterler ya kalitatif yada kantitatif olabilir ve kalitatif karakterler ikili (iki özelliğe sahiptir ve genellikle bu özelliklerin bulunuşu veya bulunmayışına göre ifade edilir) veya çoklu (üç veya daha fazla özelliğe sahiptir) özellikleri sınıflandırır.

Çok ifadeli karakterlerin düzensiz olduğu düşünülmektedir. Herhangi bir durum evrimsel zaman içinde yeni bir oluşuma değişim gösterebilir. Bu DNA sekans verileri için olağan bir durumdur.

Kantitatif karakter verileri değişim gösteren ayrı veya devamlı karakterlerden farklıdır. Karakterlerin farklı veya devamlı olması ya da düzenli veya düzensiz olması dikkate

alınmazsa, karakter temelli filogenetik çalışmalarda kabul edilen iki durum vardır. Bunun ilki 'analoji' karakter bağımsızlığıdır. İkinci kabul edilen durum ise 'homoloji' dir. Klasik sistematikçiler iki tür arasında benzerlikler bulduklarında bu benzerliklerin olasılıkla homojimi (ortak bir atadan kalıtılan) yoksa sadece analogimi (işlev ve çoğunlukla yüzeysel yapıda benzer, ancak evrimsel orjinleri farklı) olduğunu belirlemeye çalışmaktadırlar. Bu duruma örnek olarak ardıç kuşu ve mavi kuşun kanatları karşılaştırıldığında kanıtlar bu iki kuşun kanadının ortak bir atadan geldiğini göstermiş ve böylece bunların homolog olduğu düşünülmüştür. Fakat ardıç kuşunun kanatları ile kelebek kanatları karşılaştırıldığında işlevsel olarak benzer yapılar olmasına rağmen yalnızca analogtur. Yani bunlar ortak bir atadan kalıtılmayıp, bağımsız olarak evrimleşmişler ve farklı atasal yapılardan oluşmuşlardır (Ketoon vd., 1999).

Uzaklık ve benzerliklerin ölçümleri; karakter verileri tek başına taksonu tanımlarken, uzaklık ve benzerlik verileri takson çiftleri arasındaki ilişkiyi tanımlamaktadır. İmmünoloji ve nükleik asit hibridizasyonu gibi bazı işlemler uzaklık verisini direk olarak vermektedir. Karakter verilerinin diğer türleri (allozom, nükleotit sekansı gibi) analiz için uzaklık verisine dönüştürülür. Uzaklık matrisi simetrik matristir ve buradaki elementler taksonlar arasındaki eşçiftlerin uzaklığıdır. Uzaklık verilerine bağlı olan filogenetik yöntemler genellikle eklemeli ve ultrametrik özellikler olmak üzere iki matematiksel özelliğe sahiptir (Swofford ve Olsen, 1990).

Eklemeli uzaklıklar; eklemeli uzaklık seti uzatılmaya karşılıklı olarak uyumludur ve tüm uzaklıklar köksüz ağaç tarafından bütün takson çiftleri için uymaktadır.

Ultrametrik uzaklıklar; ultrametrik uzaklıklar biraz sıkıntılıdır. Eklemeli olmak zorundadır fakat özel boğumlara bağlı tüm takson uçları kökten eşit uzaklıkta olmalıdır. Ultrametrik kriter tüm ırkların eşit değişim oranıyla farklılaştığı evrimsel kuralına dayanır.

### **1.8.1. Filogenetik'de Kullanılan Metotlar**

Bu metotlar üç geniş kategoride sınıflandırılmıştır (Felsenstein, 1981): uzaklık metodu, parsimoni metodu ve maksimum olasılık işlemleri ki buda özel verilerle (DNA sekans verisi gibi) çalışan birçok özelleşmiş metotları içermektedir.

Bu metotları açıklamadan önce filogenetik ağaçlar hakkında kısa bilgi vermek gerekirse; filogenetik ağaçlar, taksonomik birimleri (türler, populasyonlar, bireyler) gösteren boğumlardan (node) ve kalıtsal ve atasal anlamda taksonomik birimler arasında

ilişkiyi belirten dallardan oluşmaktadır. Yalnızca bir dal bitişik boğumlardan birine bağlanır. Ağacın dallanmış yapısı topoloji olarak isimlendirilir ve dal uzunluğu genellikle dalda meydana gelen birçok değişikliği temsil eder. Bu ölçeklendirilmiş dal olarak isimlendirilir. Ölçeklendirilmiş ağaçlar temsil ettiği zaman dilimi için sıkça kalibre edilir. Böyle ağaçlar analiz edilen genlerde kuramsal ilkeye sahiptir. Dallar ayrıca ölçeklendirilmemiş olabilir bunun anlamı dal uzunluğu zaman içinde oluşmuş değişimlerin bir oranı değildir. Filogenetik ağaçlar ayrıca köklü veya köksüz olabilir. Köklü ağaçlarda kök olarak adlandırılan özel bir boğum (node) vardır ve yaygın olan atayı temsil eder. Köksüz ağaç evrimsel süreci veya yaygın atayı tanımlamaksızın yalnızca türler arasındaki ilişkiyi belirtir.

### **1.8.1.1. Uzaklık Metotları**

#### **1.8.1.1.1. Küme Analiz Metodu**

Filogenetik uygulamalarda kullanılan küme analiz algoritması, yalnız taksonla başlayan hiyerarşik ağaçlar ürettiğinden hiyerarşik yığılım işlemleri olarak bilinen algoritmanın ailesidir (Rohlf, 1970). Böyle algoritmalar kavramsal olarak açıktır. Taksonlar arasında pairwise (çift yönlü) uzaklık matrislerinin verilmesiyle, bu metotların hepsi ilk olarak en benzer (en az mesafe) çiftle birlikte birleşir ve bunu gittikçe daha uzak çiftlerin oluşturduğu bağlantılar takip eder. Her bir basamakta iki takson veya bağlantı oluşturan takson grupları tek küme içinde birleşir. Sonuç genellikle “dendogram” olarak isimlendirilir çünkü bunlar ağaca benzer yapıda köklü, tekrarlanan çatal yapıdadır ve nispi benzerliklere taksonların kümelerini betimler.

Çok fazla sayıdaki muhtemel küme algoritmalarının dışında yalnızca bir kaç filogenetik çalışmada kullanılmaktadır. Bunlar Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average (UPGMA); ve Weighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average (WPGMA) olarak isimlendirilir.

### **1.8.1.1.2. Eklemeli Ağaç Metotları**

Eklemeli ağaç metotları ağaç dallarının uzunluklarını temel alır ve bu uzunluklarda oransal evolüsyon miktarını göstermektedir. Üç tip eklemeli ağaç metodu bulunmaktadır ve bunların hepsi köksüz ağaçlar üretir.

**Fitch-Margoliash Metodu:** Kavramsal olarak küme analizinden farklıdır. Merit fonksiyonun minimizasyonunu içerir, burada taksonlar arası uzaklıklar arasındaki toplam farklılaşmayı ölçer. Bu işlem ağaçtaki dal uzunlukları yoluyla tahmin edilir veya hesaplanır.

**Distance-Wagner Metotları:** Bu metot kavramsal olarak Fitch-Margoliash metoduyla benzerdir ki burada merit fonksiyonlar için minimum değere sahip olan ağaç bulunur. Fitch-Margoliash metodunun kavramsal temeli; bazı tahminler gerçek evolüsyon değerinden daha büyük ve bazılarının daha küçük olmasıyla gözlenen taksonlar arası mesafe, gerçek evolüsyon uzaklığının ölçülmesidir. Böylece sonuçlanan ağacın dal uzunluğunun belirlenmesiyle tahmin edilen veya hesaplanan uzaklık, gözlenen uzaklıktan küçük veya büyük olabilir. Aksine önemli miktardaki evolüsyon miktarının bulunabilmesi iki takson için gözlenen tek uzaklık değerinde temsil edilmeyeceği için Distance-Wagner metodu gerçekte vurgulanan değişikliklerde düzeltilmemiş gerçek değerler için düşük sınırlar olan, gözlenen taksonlar arası uzaklıkları tahmin eder.

### **1.8.1.1.3. Neighbour-Joining (Komşu – Bağlantı) Metodu**

Kavramsal olarak küme analiziyle ilişkilidir. Burada tekrarlıdır ve uzaklıkların doğrusal fonksiyonlarının ardışık olarak hesaplanmasını içerir.

### **1.8.1.2. Parsimoni Metotları**

Parsimoni metodu sistematikte çok yaygın olarak kullanılan ağaç oluşturma yollarından biridir. Bu metot ilk olarak 1966 yılında Eck ve Dayhoff tarafından amino asit sekans verileri için kullanılmıştır (Nei, 1987), fakat nükleotit sekans verileri içinde kullanılabilir (Fitch, 1977).

Maksimum parsimoni metodunun prensibi partiküler topoloji yoluyla vurgulanan evrimsel olayların miktarının çıkarılması ve en az miktardaki evrimsel olay gerektiren

ağacı seçmektir. Genelde bunun anlamı minimum değişime sahip olan ağacı araştırmak için çok miktardaki farklı topolojilerin incelenmesidir. Herhangi bir özel bölge için az miktardaki evrimsel olayın belirlenmesinde çeşitli yollar bulunmaktadır. Wagner ve Fitch parsimoni ölçütü nükleotit veya amino asit değişimleri için en fazla kullanılan kolay yollardan biridir. Wagner ve Fitch işlemlerinin her ikisi de ağaç boyunca ifade edilen karakterlerin serbestçe ters dönmesine izin verir yani yakın karakter ifadeleri arasındaki değişimlerin ihtimalinin simetrik olduğunu kabul eder (Strauss, 1993). Bu metodun dışında ayrıca Dollo Parsimoni yaygın olarak kullanılmaktadır. Dollo parsimoni türemiş ifadelerin tersine dönüştürülemez olduğunu kabul etmektedir. Yani türemiş karakter ifadesi kaybolmaz ve tekrar kazanılmaz. Bu ölçüt, sekans verilerinin dışında karakter verilerinin tartışıldığı durumlarda çok kullanışlıdır.

### **1.8.1.3. Maksimum Olasılık Metodu**

Maksimum olasılık metodu evrimsel değişimin açık ihtimal modellerini oluşturmaya çalışır. Orjinal olarak bu yöntem Cavalli-Sforza ve Edwards (1967) tarafından çalışılmıştır. Bu araştırmacılar Brownian devinim modelinin kullanımıyla gen frekansı verilerinden ağacın oluşturulmasına çalışmışlardır. Fakat daha sonra Felsenstein (1973) tarafından ayrıntılı olarak açıklanmış ve geliştirilmiştir. Maksimum olasılık metodu hipotez testi uygulamalarında yaygın olarak kullanılmaktadır.

## **1.9. Morfoloji**

Aynı balık türlerinin populasyonları genellikle fenotipik karakterler bakımından farklılık gösterebilir. Morfolojik değişimlerin olması beklenir, habitat yavaş veya hızlı yüzme, yavaş veya tam manevra yapma gibi hareketler spesifik yetenekler istediği için balıklarda morfolojik değişimlerin olması beklenir. Ayrıca bu değişimlerin büyüklüğü habitatlar arasındaki değişiklik derecesiyle ilişkili olabilir (Bourke vd., 1997). Farklılıkların, örneğin göç mesafesi, akış rejimi ve beslenme gibi varyasyonu yansıttığı düşünülür (Pakkasmaa ve Piironen, 2001).

Morfolojik değişim prensipte iki sebep sonucunda oluşur. Bunlar çevresel faktörler veya genetik farklılıklar veya ikisinin bir arada etkileşimi sonucudur. Populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar ve üreme izolasyonu lokal adaptasyona öncülük eder ve



canlının yaşam özelliklerine, davranışına, fizyoloji ve morfolojilerine yansır. Çevresel faktörler diğer yandan fenotipik elastikiyet meydana getirebilir. Bu da farklı çevresel şartlarda farklı fenotiplerin oluşumu için genotip kapasitesi anlamındadır.

Fenotipik elastikiyet balıklarda morfolojik varyasyonun kaynağı olarak yaygın olarak kullanılmaktadır. Örnek olarak sazangillerden *Carassius carassius* balığındaki derin vücut yapısı iyi beslenme sonucunda (Holopainen vd., 1997) veya ortamda predatörlerin bulunmasından savunma mekanizması olarak (Brönmark ve Pettersson, 1994) gelişmiş olabilir. Bunun da ötesinde varyasyon, beslenme farklılıklarının sonucunda gelişebilir ve farklı kaynakların kullanımına yönelik alışkanlık morfolojide değişikliklere yol açabilir.

Morfolojideki lokal adaptasyon çok az çalışılmıştır ve buna yönelik kanıtlar temel olarak çevre-fenotip korelasyonundan alınmaktadır. Örnek olarak Atlantik salmonu (*Salmo salar*) yumurta safhasından itibaren benzer çevresel şartlarda büyütülmüş ve çevresel kondüsyonun aynı olmasına rağmen ortaya çıkan morfolojik farklılığın genetik orjinli olduğunu göstermiştir (Nicieza, 1995). Juvenil koho salmonunun morfolojisi akarsuyun iç kısımlarından alınan örneklerle sahil kısımlarından alınan örneklerin karşılaştırılmasıyla araştırılmış, sahil kesimlerinden örneklerin vücut şekilleri bakımından daha gelişmiş yapı gösterdikleri yani farklılaştıkları gözlenmiştir (Taylor ve McPhaill, 1985). Bu varyasyon laboratuvar orijinli balıklar arasında kalıcılık göstermektedir ve farklı alanlarda olan balıklar arasındaki morfolojik farklılıklar en azından kısmen genetik ve muhtemel lokal adaptasyonu yansıtmaktadır. Genel olarak vücut yapısının hakim olan çevresel şartları temsil ettiği (Riddell ve Leggett, 1981) ve balığın yüzme performansını büyük miktarda etkilediği düşünülmektedir.

Biyolojik morfometri disiplini ağ biçiminde evolüsyona sahiptir. 1960'lı yıllardan 1980'li yılların başına kadar bu terim nümerik taksonomi veya fenetiğin sinonimi olarak kabul edilmiştir. Morfometrinin amacı vücut şekillerinin ölçümlerinden ve diğer sayılabilir özelliklerden benzerliklerin tahmininde bulunarak organizmaların yakınlık derecelerini ortaya koymaktır. Bunun için temel araç çok değişkenli (multivariate) istatistiğin kullanılmasıdır. Principal Component (PC) (ana bileşen) ve faktör analizi varyasyonun şeklini araştırmak ve tarif etmek için; Discriminant analizi, taksonları ayırt etmek ve farklılıklarını tahmin etmek için; ve küme (Cluster) analizi, hiyerarşik evrimsel ırklar olarak yorumlanan organizmalar kümesinin oluşturulması içindir. Halen yaygın olarak kullanılan morfometrik tekniklerin çoğu özellikle fizikometri ve sosyal bilimler olmak üzere diğer disiplinlerden alınarak kullanılmıştır (Strauss, 1987).

Biyolojik morfometri son yıllarda Truss network sistemi olarak isimlendirilen yani morfometrik ölçüm yönteminin geliştirilmesiyle önemli gelişim sağlamıştır. Bu sistem özellikle türlerin ve stokların tanımlanması için kullanılmaktadır.

## 1.10. Önceki Çalışmalar

### 1.10.1. Morfolojik Çalışmalar

Pakkasmaa vd. (1998), Finlandiya da Vuoksi drenaj alanındaki göllerde bulunan 4 Salmonid türü (*Thymallus thymallus*, *Salmo salar*, *Salmo trutta* ve *Salvelinus alpinus*) üzerine morfometrik bir çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmada kuluçkahanede büyütülmüş (0+) ve (1+) olmak üzere iki yaş grubundaki bu tatlı su Salmonidlerinin büyümeyle birlikte değişen morfometrik karakterlerdeki tür içi ve türler arası varyasyonun tahmini için morfolojileri karşılaştırılmıştır. Yaş gruplarından, (0+) yaş grubu salmonidler morfolojik olarak benzer bulunmuş fakat balıklar büyüdükçe türler arası varyasyonun arttığı gözlenmiştir. Çalışılan türler arasında farklılığı en iyi gösteren karakterler, vücut yüksekliği, pectoral yüzgeç boyu ve baş ölçüleri olmuştur. Ayrıca çalışılan türlerin vücut şekillerinin buldukları doğal habitata adaptasyonu yansıttığı gözlenmiştir.

Pakkasmaa ve Piironen (2001), çalışmasında deniz, göl ve yerleşik alabalıkları temsil edecek şekilde 10 popülasyondan toplanan balıkların morfolojilerini, yumurtadan itibaren bir yaşına kadar kontrollü ortamda tutarak çalışmıştır. Bu çalışma morfolojik farklılık oluşmasında fenotipik elastikiyetin rolünü minimize etmiştir. Morfometrik olarak farklı popülasyonların benzer çevresel koşullarda yetiştirilmesiyle elde edilen sonuç, farklılaşmanın genetik orjinli olduğudur. Popülasyonlar arasındaki farklılıklar, formlar (deniz, dere ve göl) arasındaki farklılıktan daha büyük olmuştur. Sonuç olarak gözlenen morfolojik farklılıkların çalışılan kahverengi alabalık popülasyonlarının doğal habitatlarının çevresel şartlara lokal adaptasyonu yansıttığı fikri öne sürülmüştür.

Maric vd. (2004), Sırbistan'ın Tuna nehri havzasındaki kollarda doğal kahverengi alabalık stoklarını morfolojik olarak tanımlamak için pilot çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmanın amacı Sırbistan'daki doğal ortamda bulunan ve stoklanan kahverengi alabalıkları morfolojik olarak karşılaştırmak ve yakalanan balıkların doğal mı yoksa haçeri orijinli mi olduklarını tespit etmek için hızlı arazi ölçütü olarak kullanılabilen herhangi bir morfolojik karakter olup olmadığını belirlemek olmuştur. Çalışma sonucunda nehir

kollarının bazılarında süreklilik gösteren harici morfolojik karakterlerin, doğal ve haçeri orijinli balıkları ayırt etmede faydalı olduğu bulunmuştur. Fakat bu sonucu desteklemek için moleküler çalışmalara ihtiyaç olduğu vurgulanmıştır.

### 1.10.2. Taksonomik Çalışmalar

Behnke (1968), Türkiye’de Seyhan nehrinin, Kayseri ili, Pınarbaşı ilçesinin 30 km doğusunda bulunan kolundan toplanan 3 adet örnek üzerine yaptıkları taksonomik çalışma sonucunda bu balığı *Salmo* alt genusu içine yerleştirmiştir. *Salmo* genusu, *Salmothymus* ve *Acantholingua* alt genusları içerecek şekilde tekrar gözden geçirilmiş ve düzeltilmiştir. Salmoninae alt familyası altındaki genus ve alt genus arasındaki ilişki tartışılmış ve Salmoninae’nin taksonomik olarak düzenlenmesi için gerekli bilgileri içeren düşünceler yayında sunulmuştur. Çalışılan üç *Salmo platycephalus* örneğine ait tipik meristik varyasyonlar Salmoninae alt familyasına ait diğer türlerle karşılaştırılmıştır. Sonuç olarak *Salmo platycephalus* solungaç diken sayısı (23–24) ve plorik kese sayısı (15–16) bakımından diğer türlere göre (*Salmo trutta*, *Salmo marmoratus*, *Salmo obtusirostris* ve *Salmo ohridanus* vb.) farklılık göstermiştir.

Mitokondriyal ve nükleer DNA varyasyonu üzerine yapılan çalışmalarda özellikle Bernatchez vd. (1992)’nin yaptığı çalışmada Akdeniz ve Adriyatik bölgesinde kahverengi alabalık populasyonların da *S. marmoratus* ve *S. trutta* olmak üzere bağımsız iki ayrı tür olduğu ortaya çıkmıştır. Bu çalışmada tahmin edilen genetik uzaklık ayrıca bize *S. marmoratus*’un 1-3 milyon yıl önce diğer gruplardan farklılaşmaya başladığını göstermiştir. Bu türün dağılımı ise yalnızca Adriyatik denizinin üst kısımlarıyla sınırlıdır.

Snoj vd. (2002), Kuzey Adriyatik denizinden deniz alalarının taksonomik durumlarını mitokondriyal ve nükleer DNA analiziyle ortaya koymaya çalışmışlardır. Genellikle deniz alası olarak isimlendirilen sınıflandırılmamış salmonidler Kuzey Adriyatik denizinde zaman içinde beneklenmişlerdir. Fenotipleri dikkate alındığında bu balıklar salmon benzeri balıklar veya gökkuşağı alabalığı olarak düşünülmüştür. Bu çalışmanın amacı deniz alasının taksonomik durumunu ve orijinini belirlemek olmuştur. Örnekler Kuzey Adriyatik denizi, Trieste körfezindeki sahil sularından ve Trentino balık çiftliğinden, haçeri orjinli kahverengi alabalık stoğundan alınmıştır. Metot olarak meristik sayım ve mitokondriyal DNA’nın kontrol bölgesinin nükleotit benzerlik testi ve nükleer DNA (Laktate dehidrogenaz C1\* geni)’nin PZR-RFLP analiz yöntemi kullanılmıştır. Sonuç olarak analiz

edilen sınıflandırılmamış deniz alaları, morfolojik olarak çalışılan *S. trutta* ve *S. marmoratus* örnekleriyle yakın benzerlik göstermiştir. Genetik testler haçeri orijinli kahverengi alabalıklar ve deniz alaları arasında net benzerlik olduğunu ortaya koymuştur. Deniz alasının mtDNA analizi Atlantik filocoğrafik ırkıdan kahverengi alabalıklarla %100 nükleotit benzerliğine sahip olduğunu göstermiştir. Nükleer DNA analizinden çıkan sonuçlar, deniz alalarının Atlantik soyundan olduğunu doğrulamış ve Tuna soy grubuna dahil kahverengi alabalıklarıyla belirli seviyede gen transferi olduğunu ortaya koymuştur. Sonuç olarak mtDNA ve nükleer DNA analizinin kullanımıyla Adriyatik deniz alalarının *S. trutta* türüne ait olduğu belirlenmiştir.

Susnik vd. (2004), Türkiyede, Zamantı çayının üst kısımlarında endemik olarak bulunan *Salmo platycephalus*'un şu anki sınıflandırılmasının moleküler filojeniyle uyumluluğunu araştırmak için; mtDNA'nın kontrol bölgesi, sitokrom b geni ve nükleer DNA'daki nükleotit sekans varyasyonunu, *S. platycephalus* türü ve salmo genusuna ait farklı türlerde çalışılmıştır. Hesaplanan tahmini genetik uzaklığa göre *S. platycephalus* ile *S. salar*, *S. ohridana* ve *S. obtusirostris* arasında yüksek oranda farklılık bulunmasına rağmen *S. platycephalus*'la *S. trutta* arasındaki farklılık çok düşük çıkmıştır. Yapılan analizlerin tümü *S. platycephalus* türünü *S. trutta*'nın Adriyatik filogenetik ırkı içine yerleştirmiştir. Bununla beraber *S. platycephalus*'un Adriyatik ırkı içindeki kesin pozisyonu çözümlenememiştir. Bundan dolayı bu çalışmada *S. platycephalus*'un *Salmo* genusu altında ayrı tür olarak sınıflandırılması gereksiz bulunmuş ve daha alt seviyeli taksonomik katagoride sınıflandırılması önerilmiştir.

Susnik vd. (2005), Basra körfezi havzası, Dicle nehri, Çatak çayının üst kısımlarından toplanan 6 adet *Salmo trutta* örneğinde mtDNA'nın kontrol bölgesinin sekans analizini yapmış ve yeni bir haplotip tespit etmişlerdir. Elde edilen yeni sekans verisine ilave olarak 5 mtDNA ırkını temsil eden 15 haplotip (Bernatchez vd., 1992), *Salmo salar* L. ve *Salmo ohridanus* sekanslarının benzerlikleri ClustalX (Thompson vd., 1994) programı kullanılarak, Maksimum parsimoni, NJ (Neighbour-joining), ve ML (Maksimum likelihood) analizleri PAUP (Swofford, 2000) programı kullanılarak analiz edilmiştir. Yeni tespit edilmiş olan haplotip kendisine en yakın bootstrap gösteren diğer 5 Tuna ırkı haplotipinden %1,0-1,5 oranında farklılaştığı belirlenmiştir. Sonuç olarak farklı fenotipik karakteristiğiyle birleşmiş bu yüksek oranda farklılık gösteren haplotipin, muhtemelen diğer kahverengi alabalık ırklarından en azından bir kaç yüz bin yıl önce izole olmuş popülasyonun yeni ve doğal statüsünün altını çizdiği belirtilmiştir.

### 1.10.3. Filogenetik İlişkiler ve Populasyon Yapısı Üzerine Yapılan Çalışmalar

Gyllensten ve Wilson (1987) İsveç ve İrlanda'dan sekiz doğal kahverengi alabalık populasyonu arasında yedi kesici enzim kullanımıyla tür içi mtDNA varyasyonunu araştırmış ve ortalama populasyonlar arası farklılığı 0,72 ve önemli miktarda varyasyon bulmuştur. Bununla beraber aynı yedi kesici enzimin altı haçeri populasyonunda kullanımıyla populasyonlar arası farklılığın 0,2 ile önemli ölçüde düştüğü gözlenmiştir. Bu düşüşün nedeni olarak haçerilerde sınırlı sayıda anaç balık kullanılımı gösterilmiştir.

Hynes vd. (1989) İrlanda'da yapmış oldukları çalışmada haçeri ve doğal populasyonların ayrımı için mtDNA'nın RFLP analiz yönteminin belirleyici kesim modeli olduğunu rapor etmişlerdir. Ayrıca bu çalışmada bu analiz yönteminin kahverengi alabalıkların populasyon genetiği çalışmaları içinde uygun olduğu vurgulanmaktadır.

Taggart ve Ferguson (1990) kahverengi alabalık genomunda farklılık gösteren minisatellit lokusların ortaya çıkarılmasında insan minisatellit problemleri 33.6 ve 33.15 (Jeffreys vd., 1985)'nin kullanılabilirliklerini göstermişlerdir. Önceki çalışmaların genişletilmesiyle Atlantik salmonu için minisatellit DNA tek lokus proplarının ilk karakterizasyonu ve izolasyonu ile ilgili ilk sonuçları rapor etmişlerdir. İzole edilen tek lokus proplar kahverengi alabalık DNA'sıyla hibridize olduğu bulunmuştur ve ayrıca bu türde polimorfik lokuslar açığa çıkarmıştır. Bütün bunlara rağmen kahverengi alabalık populasyon genetiği ve evölüsyonu üzerine çalışmalar için bu yaklaşımın potansiyeli tam olarak tahmin edilememiştir.

Bernatchez vd. (1992), 24 Avrupa kahverengi alabalık populasyonlarını temsil eden bireylerde mitokondriyal DNA kontrol bölgesi segmentlerinde DNA sekans varyasyonunu araştırmışlardır. Ortalama sekans farklılaşması %0,96–1,44 olarak tespit edilmiştir ve beş ana filogenetik grup bulunmuştur. Bunlar sırasıyla Atlantik, Tuna, Adriyatik, Akdeniz ve Korsika gruplarıdır. mtDNA filogenetik grupları ile mevcut ekolojik formlar (lacustris, fluviatilis ve fario) arasında bir ilişki bulunamamıştır. mtDNA farklılığına bağlı coğrafik dağılım modeli daha önce yapılmış allozom çalışmalarıyla bulunan sonuçlarla örtüşmektedir (Krieg ve Guyomard, 1985). Fakat burada mtDNA çalışmalarında populasyon içi farklılık allozom çalışmalarına göre daha düşük bulunmuştur. Kontrol bölgesi üzerine yapılan sekans çalışmalarının ana grupların filogenisinin oluşturulması için önemli olduğu gözlenmektedir.

Türkiye ile aynı havzayı paylaşan Rusya ve Batı Asya alabalık populasyonları morfolojik ve ekolojik varyasyonlarına bağlı olarak uzak türler veya alt türler olarak sınıflandırılmaktadır. Bu balıkların geleneksel taksonomilerinin evrimsel uzaklıklarını yansıtmadığı ve orjinlerinin tahmini için mt DNA-RFLP analizi, mtDNA sekans analizi ve allozom varyasyonuna bağlı olarak bu balıkların genetik ilişkileri Bernatchez ve Osinov (1995) tarafından çalışılmıştır. mtDNA ve nükleer gen varyasyonu sözkonusu havzada iki atasal filogenetik topluluk bulunduğunu göstermiştir. Bu topluluğa dahil populasyonların Kuzeyde (Baltık, Beyaz ve Barent) ve Güneyde (Karadeniz, Hazar ve Aral) deniz havzalarında dağılım gösterdiği ve birbirleri arasında gen akışının olabileceği fakat bu gen akışının pleistosen dönemde sınırlı olduğu tesbit edilmiştir. Çalışma sonuçları bu bölgelerdeki populasyonlar arasındaki geleneksel taksonomik farklılığı desteklemektedir. Havza orjinlerine bağlı olarak güneyde bulunan kahverengi alabalık populasyonları arasında taksonomik farklılık olduğuna dair çok fazla bilgi bulunamamıştır. Ayrıca Sevan alabalığı (*Salmo ischchan*), ilkel kahverengi alabalığın atasından türediğine dair hipotez çürütülmüştür. Bununla birlikte Güney havzasından tüm kahverengi alabalık populasyonlarının özel allelelere ve mtDNA genotiplerine sahip olduğu bulunmuş ve genetik olarak uzak olduğu tespit edilmiştir. Böylece bu balıkların kendilerine has gen havuzuna sahip olduğu, stokların yönetimi ve korunması için bu sonuçların dikkate alınması gerektiği vurgulanmıştır. Özet olarak çalışma ile Kuzey ve Güney havzalarına dahil populasyonların aynı atadan geldiğine dair hipotez desteklenmiştir. Ayrıca Kuzey populasyonları ile Karadeniz ve Hazar denizi arasında buzul dönemde sınırlı olsa gen akışının olduğu tespit edilmiştir.

Fidan (1995) çalışmasında, Bolu Abant gölünde ve Antalya Üzüm deresinde yaşayan kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) populasyonlarının genetik yapılarını 8 enzim sisteminin 15 lokusunun (*AAT\**, *ADH\**, *LDH\**, *MDH\**, *ME\**, *PGI\**, *PGM\** ve *SOD\**) isoenzimlerini nişasta jel elektroforeziyle belirlemeye çalışmıştır. *LDH-4\**, *ME-2\** ve *SOD-1\** lokuslarının isoenzimlerinde populasyonlara özgü populasyonlar arası mobilite farklılığı gözlenmiştir. *AAT-4\**, *PGI-2\** lokuslarında polimorfizm gözlenmiştir. Abant populasyonunda ortalama heterozigotluk düzeyi 0,0358, Antalya populasyonunda ise 0,0224'dür. Her iki populasyonda buzul çağ sonrası işareti olarak kullanılan *LDH-5\** lokusu için sadece atasal 105 bulunmaktadır. İki populasyon için çalışılan lokuslar bakımından Nei'nin genetik uzaklığı değeri 0,2507 olarak hesaplanmış ve bu değerle genellikle türler arasında gözlenen uzaklıklar seviyesinde bulunmuştur.

Yalın (1996), Türkiye'nin 4 ayrı bölgesinden örneklenen kahverengi alabalık örneklerini genetik ve morfolojik olarak incelemiştir. Daha önceki çalışmalara göre Abant popülasyonu (*Salmo trutta abanticus*) endemik bir alttür ve Rize ili Melyat deresi ve Antalya ili Gödene ve Üzüm derelerine ait örnekler diğer alt türün (*Salmo trutta macrostigma*) yerel toplumlari olarak bilinmekteydi. Gödene ve Melyat deresinde bulunan popülasyonların genetik yapıları 15 lokus tarafından kodlanan 8 enzim sistemi ile elektroforez tekniği kullanılarak çalışılmıştır. Bu lokuslardan 3'ü (*AAT-4\**, *LDH-5\** ve *MDH-3,4\**) polimorfik olduğu gözlenmiştir. Yürütülen çalışmanın sonucunda en önemli gözlem *LDH\*-100* (Atlantik alleli) ve *LDH\*-110* (*Salmo marmoratus* alleli) allellerinin Batı Akdeniz popülasyonlarının birinde (Gödene) bulunması olmuştur. Bu sonucunda Türk kahverengi alabalık doğal stoklarının kontamine olduğu gösterilmiştir ve acilen daha ileri düzeyde çalışmalara ihtiyaç olduğu vurgulanmıştır. Çalışmanın morfolojik kısmında 23 morfometrik ve 5 meristik karakter çalışılmış ve 3 doğal (Abant, Üzüm ve Rize) ve muhtemelen bir hibrit (Gödene) popülasyonu ayırt edilmiştir. Bununla beraber popülasyonlar arası mesafe (Mahalanobis'D) Abant popülasyonunun endemik olduğuna dair yaygın olan fikirle paralel bulunmamış ve bu popülasyonun Rize ve Üzüm popülasyonlarıyla benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir.

Osinov ve Bernatchez (1996), allozom ve mtDNA analiz yöntemini kullanarak eski Sovyetler Birliği sınırları içinde 18 kahverengi alabalık *S. trutta* ve bir *S. ischchan* popülasyonlarında genetik varyasyonu çalışmışlardır. Yüksek oranda nükleer ve mtDNA varyasyonu kahverengi alabalıklar için karakteristiktir. Tüm kahverengi alabalık popülasyonları iki grup olacak şekilde ayrılmıştır. Bu iki grubun önceden tespit edilmiş 5 filogenetik gruba dahil olduğu ve genetik olarak oldukça farklılık gösterdiği bulunmuştur (ortalama Nei'nin genetik uzaklığı 0,102, ortalama nükleotit sekans farklılığı 0,0177). Tuna grubu Karadeniz, Hazar ve Aral denizi havzaları popülasyonları tarafından temsil edilmiştir. Atlantik grubu ise Baltık, Barent ve Beyaz deniz havzasında tesbit edilmiştir. Ayrıca Hazar denizi havzasında, Volga nehrinin üst kısımlarındaki kollarda bulunan popülasyonların Atlantik grubu içinde olduğu tespit edilmiştir. Atlantik ve Tuna gruplarındaki bazı popülasyonların buzul veya buzullaşma dönemi sonrasında ikincil kontak kurdukları düşünülmektedir. Mevcut verilere göre muhtemel gen transferinin minimum düzeyde olduğudur. Ayrıca popülasyon genetik farklılığının seviyesi herbir filogenetik grup içinde çok yüksek bulunmuştur.

Hansen ve Loeschcke (1996), Danimarka'da kahverengi alabalıklar arasındaki genetik farklılığı PZR ile yükseltgenmiş DNA segmentlerinin RFLP analiz yöntemiyle çalışmışlardır. Çalışmalarında başlangıç olarak mtDNA'nın 3 gen bölgesinde 18 kesici enzimi denemişlerdir. D-loop kontrol bölgesinde varyasyon tespit edilmemiş fakat 7 adet kesici enzimin ND1 ve ND5/6 bölgesinde farklılık gösterdiğini tespit etmişlerdir. Çalışma sonunda 13 farklı haplotip gözlenmiş, diğer gruplara göre en az haplotip Hald gölü popülasyonunda rastlanmıştır. Bunun başlıca nedeninin geçişe izin vermeyen barajların bulunması ve bundan dolayı gen akışının engellenmesi olarak düşünülmüştür. Haplotipler arasında coğrafik ve genetik ilişki açısından korelasyon bulunamamıştır.

Apostolidis vd., (1996) nükleer markırlarla yaptığı çalışmalarda kahverengi alabalıklarda yüksek düzeyde kompleks popülasyon yapılanmasını tespit etmişler ve küçük coğrafik bir alanda bir veya daha fazla lokusta sabitleşmiş farklılıklar gösteren popülasyonlar bulmuşlardır.

Apostolidis vd. (1997), Yunanistan'da kahverengi alabalık popülasyonları arasındaki filocoğrafya ve mtDNA sekans varyasyonunu çalışmışlardır. Güney Adriyatik-İyonya ve Ege denizi havzalarından kahverengi alabalık popülasyonları arasındaki coğrafik yapı ve filogenetik ilişkiyi araştırmak için mitokondriyal DNA'nın nükleotit sekans karşılaştırma yöntemi kullanılmıştır. 13 kahverengi alabalık popülasyonunu temsil eden örneklerden, D-loop kontrol bölgesinin 310 bp'lik ve sitokrom b geninin 280 bp'lik bölümlerinin sekansı alınmıştır. Filogenetik analiz önceki Avrasya kahverengi alabalıkları için yürütülen çalışmalarla birleştirildikten sonra yürütülmüş ve dört ana filogenetik grup ortaya çıkmıştır. Bunlardan üçünün Balkanların Güney kısmında yaygın olarak dağılım gösterdiği bulunmuştur. mtDNA çalışmaları sonucunda ortaya çıkan filocoğrafik yapı, çalışılan bölgede dağılım gösteren tür içinde açık coğrafik lokalizasyon olmaksızın mevcut olan gen ağacında filogenetik bir devamlılık görülmemiştir. Bu durumun Messinian ve Pleistosen devirlerinde mtDNA farklılaşması sonucunda olduğu düşünülmektedir. Sonuç olarak mtDNA'la ortaya çıkan popülasyonlar arasındaki genetik ilişkinin allozom ve morfolojik verilerle uyummadığı tespit edilmiştir.

Hansen ve Mensberg (1998) Danimarkada dört ayrı nehir sisteminde 24 anadrom kahverengi alabalık popülasyonu üzerinde mtDNA'nın ND1 ve ND5/6 gen bölgesini PZR-RFLP yöntemiyle çalışmışlardır. Çalışma sonucunda toplam 14 haplotip gözlenmiş ve bunlar üç ayrı filogenetik gruba ayrılmıştır. Aynı nehir sistemi içinde bulunan popülasyonlar diğer nehir sistemlerinde bulunan popülasyonlara göre daha yakın olduğu



tesbit edilmiştir. Ayrıca populasyonlar arasındaki coğrafik ve genetik uzaklık arasındaki korelasyonun önemli olduğu tespit edilmiştir. Genetik sürüklenme ve gen akışı, haplotiplerin coğrafik dağılımında etkili ana faktör olduğu tespit edilmiştir.

Plan (1999) çalışmasında, isoenzim sisteminin (*AAT\**, *CK\**, *EST\**, *LDH\**, *MEP\**, *GPI\**, *PGM\**, *SOD\**, ve *TF\**) 21 lokusu çalışarak Abant gölü, Alakır, Gödene (Alakır-3), Eşen, Mudurnu, Sümer, Karadeniz ve Fırtına derelerinde 8 Türkiye kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) populasyonunun genetik yapıları, nişasta jel elektroforezi ve selüloz asetat kağıdı elektroforezi ile belirlenmiştir. Oniki lokusun polimorfik ve *LDH-B2\** ve *SOD-1\** lokuslarının populasyonlara özgü allelleri olduğu gözlenmiştir. Alakır, Gödene (Alakır-3) ve Eşen populasyonlarında yüksek düzeyde (0,1006) beklenen heterozigotluğu görülmektedir ve en yüksek düzeyde polimorfik lokus yüzdesi Karadeniz (%42,86) ve Sümer (%38,10) populasyonlarında gözlenmiştir. Her populasyon için etkin allel sayısı 1,1149 ile 1,2125 arasında değişmektedir.  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  için ortalama değerler sırasıyla 0,3715, 0,4770 ve 0,2549 olarak bulunmuştur. Bazı Avrupa ülkelerinin sonuçları ile bu çalışmanın sonuçları birleştirilmiş, 8 lokus kullanılarak Nei'nin genetik uzaklığına göre komşu birleştirme metoduyla (Neighbour-joining) dendogram oluşturulmuştur. Sonuç olarak, Türkiye kahverengi alabalık populasyonlarının Akdeniz veya Tuna filocoğrafik gruplarına benzediği belirlenmiştir.

Gezgin (1999), Türkiye kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) populasyonlarının genetik farklılıklarının PZR metodu ile yükseltgenmiş mitokondriyal DNA bölgelerinin RFLP analizi ile ortaya çıkarılması üzerine bir çalışma yürütmüştür. Bu çalışmada, Türkiye'nin 3 ayrı bölgesinden toplanan kahverengi alabalık populasyonlarının genetik yapısı, mitokondriyal DNA'nın iki bölgesi açısından araştırılmıştır. Mitokondriyal DNA'nın iki bölgesi: ND-1 ve ND-5/6 PZR reaksiyonu ile çoğaltılmış ve bu genlerin kesim parçacıkları uzunluk polimorfizmi (RFLP) analizi yapılmıştır. ND-1 geni 7 kesici enzim (*AvaII*, *AluI*, *EcoRI*, *HaeIII*, *HinfI*, *HpaII* ve *XbaI*) ile kesilmiş, tek bir haplotip gözlenmiştir. ND5/6 geni 8 kesici enzim (*AluI*, *AvaII*, *EcoRI*, *HaeIII*, *HinfI*, *HpaII*, *XbaI* ve *TaqI*) ile kesilmiştir. Bu enzimlerin altısı ile gruplar arası varyasyon bulunmuştur. Üç populasyonda iki haplotip gözlenmiş ve bu haplotiplerden birincisi Güney-Batı Anadolu; Alakır populasyonunda, ikincisi ise Kuzey-batı Anadolu; Abant populasyonunda ve Doğu Karadeniz; Sümer populasyonunda sabit frekans göstermiştir. Bu çalışmanın sonucunda, DNA standartlarından elde edilen sonuçlarla karşılaştırıldığında Güney-Batı Anadolu populasyonunun Akdeniz filogenetik grubuna ait olduğu bulunmuştur. Aynı karşılaştırma

Kuzey-batı Anadolu ve Doğu Karadeniz Populasyonlarının Tuna grubuna ait olabileceğini göstermiştir.

Wlodarczyk ve Wenne (2001), Güney Baltık bölgesinde denize dökülen 6 nehirden toplanan deniz alası populasyonlarında mtDNA'nın PZR ile yükseltgenen ND1 ve ND5/6 bölgelerinde RFLP analiz yöntemini kullanarak mtDNA varyasyonunu çalışmışlardır. On altı birleşik haplotip belirlenmiştir. Populasyonlar arasında haplotip frekanslarında ( $\chi^2$ : 116,46,  $P>0,001$ ) sınırlı varyasyon gözlenmiştir. Deniz alabalığı populasyonları arasındaki düşük farklılığın muhtemel sebeplerini açıklamak için Danimarka'nın Bornholm adasında coğrafik olarak yakın nehir sistemlerinden populasyonlar arasında bulunan sonuçlarla karşılaştırma yapılmıştır. Altı adet Polonya ve 3 Danimarka deniz alası populasyonunun karşılaştırılmasında 4 haplotipin bu populasyonlar arasında yaygın olarak paylaşıldığını göstermiştir.

Duftner vd. (2003), Avusturya'daki kahverengi alabalık populasyonları hakkında gelişmiş filogenetik bilgiye ulaşmak için mtDNA'nın kontrol bölgesinin tam sekansını almışlardır. Bu bölgenin DNA sekansı Avusturya kahverengi alabalık populasyonları arasında genetik yapılaşmanın olduğunu göstermiştir. Bireylerin %75'inin 9 Tuna grubuna dahil haplotipi temsil ettiği, %25'nin ise Kuzey Avrupa orjinli 7 Atlantik grubuna ait haplotipi içerdiği gözlenmiştir. Ayrıca Avusturya haçeri stoklarında 3 Atlantik haplotipi tespit edilmiştir.

Caputo vd. (2004), İtalya'nın iç bölgelerinde bulunan kahverengi alabalık populasyonlarında nükleer lokus *LDH-C1*\* ve iki ayrı mtDNA segmentlerinin (ND1 ve ND5/6) RFLP analiz yöntemini kullanarak genetik farklılığı analiz etmiştir. Veriler, Atlantik orijinli ve genetik olarak uzak materyalle defalarca yapılan balıklandırma çalışmaları sonucunda genetik yapının aşırı derecede değiştiğini saptamışlardır. ND1 ve ND5/6 bölgeleri için sırasıyla bulunan 4 ve 11 haplotipin Danimarka populasyonlarında bulunanlarla benzer veya genetik olarak çok yakın olduğu bulunmuştur. Kuzey Batı Avrupa için karakteristik *LDH-C1*\*90 alleli çalışılan tüm örneklerde yaygın olduğu gözlenmiştir. Her şeye rağmen 4 populasyonun hem yerli haplotiplere hemde Akdeniz için yaygın olan *LDH-C1*\*100 alleleline sahip olduğu belirlenmiştir. İtalya'da az miktarda kalan bu bozulmamış populasyonların yönetiminin iyileştirilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

Bardakçı vd. (2006), Türkiyede 27 Kahverengi alabalık populasyonu arasındaki filogenetik ve filocoğrafik ilişkinin tahmininde mtDNA'nın PZR-RFLP analiz yöntemi kullanmıştır. ND5/6 bölgesinin tamamı ve sitokrom b/D-loop bölgesi PZR yardımıyla

yükseltgenmiş ve sırasıyla 6 (*AluI*, *Avall*, *HaeIII*, *HinfI*, *HpaII* ve *Taq I*) ve 5 (*AluI*, *NciI*, *Mbo I*, *RsaI* ve *TaqI*) kesici enzim kullanılarak kesilmiştir. Toplam 27 haplotip gözlenmiş ve populasyonlar üç ana filogenetik gruba ayrılmıştır (Tuna, Adriyatik ve yeni önerilen Dicle). Türkiye'nin jeolojik tarihiyle birlikte ana ırklar arasındaki net nükleotit farklılığının zamanlaması Türkiye kahverengi alabalıklarının buzul öncesi döneme ait olduğunu göstermekte ve elde edilen kanıtlar Türkiye'nin bu ırkların farklılaşmasının merkezi olduğunu düşündürmektedir. Populasyonlar içinde ortalama haplotip farklılığı 0,1397 ve nükleotit farklılığı 0,000416 olarak bulunmuş ve populasyonlar arasındaki nükleotit farklılığıyla (0,021266) karşılaştırıldığında düşük bulunmuştur. PZR-RFLP analizi Türkiye kahverengi alabalık populasyonlarında bulunan mtDNA sekans varyasyonunun ırklar arası farklılığa yorumlanabileceğini göstermiştir. Diğer yandan populasyonların coğrafik dağılımları ve onların grupları arasında açık ilişki olduğu bulunmuştur. Bu çalışma sonucunda, Türkiye populasyonlarının yüksek oranda farklılık gösterdiği, stokların korunması ve yönetimi için nadir bulunan genetik profile sahip olduğu tespit edilmiştir.

#### **1.10.4. Balıklandırma Çalışmalarının Doğal Ortam Üzerine Etkisine Yönelik Çalışmalar**

Taggart ve Ferguson (1986) Kuzey İrlanda da Erne gölünde yaptıkları çalışmada balıklandırma maksatlı göle bırakılan haçeri orijinli kahverengi alabalıkların doğaya etkisini çalışmışlardır. Kültür ve doğal balıkların *LDH-C\** alloenzim lokusunda farklı alleller için sabitlendiği gözlenmiş ve bu lokusun genetik markır olarak kullanımıyla, salınan haçeri orjinli balıkların göl ortamında ürettiği ve doğal kahverengi alabalıklarla çiftleştiği tespit edilmiştir.

Apostolidis vd. (1996, 1997) yaptığı çalışmada Makedonya da bulunan Nestos nehrine balıklandırma amaçlı olarak farklı bölgeden (Ege Denizine dökülen Acheloos nehri) getirilerek bırakılan balıkların etkisini mtDNA markırını kullanarak incelemişler ve nehrin doğal populasyonunun %75'e yakın kısmının balıklandırılan balıkla yer değiştirdiğini tespit etmişlerdir. Ayrıca doğaya bırakılan balıkların balıkçılığa katkısı da çok düşük bulunmuştur.

Largiader ve Scholl (1996) İsviçre ve Fransa'dan geçen ve faunasında fenotipik olarak farklılık gösteren Akdeniz soy grubuna ait balıkların bulunduğu Doubs nehrine salınan Atlantik soy grubuna ait haçeri kökenli kahverengi alabalıkların etkisi üzerine çalışmışlar,

farklı alloenzimlerin kullanıldığı çalışmada salınan balıkların nehirde ürediği ve yalnızca kendi soy grubundan olan doğal balıklarla çiftleştiğini tespit etmişlerdir.

İspanya da Kuzey Avrupa'dan getirilen haçeri kökenli balıklar balıklandırma çalışmalarında kullanılmıştır. Kültür ve doğal balıkların *LDH-C\** lokusunda farklı allelerde sabitlendiği görülmüş ve bu lokus yapılan balıklandırma çalışmasının etkisini tahminde kullanılmıştır. Yürütülen balıklandırma çalışmasının etkisiz olduğu sonucuna varılmıştır (Martinez vd., 1993).

Jansson ve Öst (1997) İsveçin balıklandırma yapılmış Dalalven nehrinde Atlantik salmon (*Salmo salar*) ve kahverengi alabalık arasındaki hibritleşmeyi çalışmışlardır. Enzim elektroforezi sonuçları, nehrin üst kısımlarına çıkan Atlantik salmon ve kahverengi alabalıklar arasındaki hibritleşmenin önemli derecede arttığını ortaya koymuştur. Hibritleşme frekansı 1989 yılında %1 seviyesindeyken bu rakam 1995'de % 3,1'e gelmiştir. Elektroforez sonucunda ayrıca 1989 yılında nehrin balıklandırma yapılmış kısmında parrlar arasındaki hibritleşme frekansı %41,5 olarak bulunmuştur. mtDNA'nın türe spesifik olan bölümü sitokrom b geninin kesici enzimlerin kullanımıyla yapılan analizi tüm hibritlerin kahverengi alabalık mtDNA genotipine sahip olduğundan, hibritleşmenin tek yönlü olduğu saptanmıştır. Haçeri orjinli balıkların yoğun olarak stoklanması ve çevresel zorlamalar kahverengi alabalık ve Atlantik salmonunu üreme alanlarında yüksek oranda hibridizasyona zorlamıştır.

Poteaux vd. (1998b)'nin çalışmasında doğal olarak Akdeniz soy grubuna ait alabalık bulunan Fransız nehirlerine bırakılan Atlantik soy grubu balıkların ortama etkisi alloenzim ve mitokondriyal DNA markırı kullanılarak araştırılmış ve doğal kahverengi alabalıklarla çiftleştikleri belirlenmiş fakat haçeri kökenli alabalığın genetik katkısının seleksiyon etkisiyle ilerleyen zaman içinde azaldığı gözlenmiştir.

Hansen vd. (1995; 2000) Danimarka da Karup nehrine bırakılan balıkların doğal ortama etkisini mitokondriyal DNA ve mikrosatellit markırlar kullanarak çalışmışlardır. Doğasında anadrom ve anadrom olmayan balıkların bulunduğu nehirde yürütülen bu çalışmada başlangıç olarak balıklandırmanın herhangi bir genetik katkısının olmadığı tespit edilmiş, fakat sonraki çalışmalar durumun daha kompleks olduğunu göstermiştir. Burada kültür balıklarının büyük oranda anadrom olmayan kültür balıklarıyla hibrit oluşturduğu ve yavruların da yaşamlarını denize inmeyerek nehirde geçirdiği tespit edilmiştir.

Matthews vd. (2000) İrlanda'da Atlantik salmon ve kahverengi alabalık arasındaki hibritleşmeyi çalışmışlardır. Çalışmalarında İrlanda'nın batısında bulunan nehirlerden

salmonid fryları ve (0+) yaş grubu parrlar toplanmıştır. Yetiştiricilik ünitelerine 38 km uzaklıktaki 10 nehirden ve 80 km uzaklıkta bulunan 3 nehirden toplanan F<sub>1</sub> hibritlerinin frekansını belirlemek için allozom ve minisatellit DNA analiz yöntemi kullanılmıştır. 4135 salmonid fry içinden 49 örneğin hibrit olduğu (frekans: %1,2) tespit edilmiştir. mDNA analiziyle tüm hibritlerin dişi Atlantik salmon erkek kahverengi alabalıkların çaprazlanması sonucu oluştuğu gözlenmiştir. En düşük hibritleşme riski taşıyan nehirde parr hibrit frekansı %1 olarak bulunmuştur. Bu oran yetiştiricilik ünitelerine yakın nehirlerde %0,7-3,1 arasında değişmiştir. Bu çalışmanın sonucunda yüksek orandaki bu hibritleşmenin nedeninin uzun süreden beri ülkede yapılan Atlantik salmon yetiştiriciliğine bağlanmıştır.

Poteaux vd. (2001), yaptıkları çalışmada Fransa'nın Akdenize dökülen nehrinde (Sorgue) stoklama yapılmış olan aşağı kısımları ve yapılmamış olan yukarı kısımları haçeri orijinli genlerin doğal ortamdaki balıklar üzerine etkisini karşılaştırmalı olarak çalışmışlardır. Varyasyon 27 protein kodlayan lokus, 3 mikrosatellit lokus ve 2 mtDNA bölgesinin kullanımıyla tahmin edilmeye çalışılmıştır. Sonuçlar diğer Akdeniz havzasındaki örneklerle karşılaştırılmıştır. Drenaj havzaları ve genetik markırlar arasında gözlenen genetik yapının dikkat çekici bir şekilde farklı olduğu gözlenmiştir. Nehrin üst kısımlarında haçeri orijinli gen akış oranı lokuslar arasında farklı bulunmuştur. Çalışmanın sonucunda Sorgue nehri için gözlenen genetik yapının önceden çalışılan Orb nehrinden farklı olduğu bulunmuştur. Sorgue nehrinin popülasyonunun hem allelik farklılık hemde gen akış etkisiyle popülasyon büyüklüğünde azalma gözlenmiştir. Örneklerin tümünde haçeri orijinli bazı mikrosatellit allellerin genetik daralma esnasındaki tesadüfi olaylar sonucunda korunmuş olduğu bulunmuştur. Sorgue nehrinin üst kısımlarındaki izole olmuş popülasyonların muhtemel demografik olaylar neticesinde etkilenmiş olduğu tespit edilmiştir.

### 1.11. Çalışmanın Gerekçesi ve Amacı

Türkiye, *Salmo trutta* türünün farklı filogenetik gruplarının kesiştiği ve oldukça büyük morfolojik varyasyon gösterdiği bir dağılım alanıdır. Nitekim morfolojik ve meristik özelliklere dayanılarak çeşitli alt türler tanımlanmıştır. Türün dere (fario), göl (lacustris) ve deniz ekotipleri bulunmaktadır. Bu çalışmanın da yürütüldüğü Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü'nde dere ve deniz ekotiplerinin biyoekolojik özelliklerini ve

kültüre alınabilirliđi detaylı olarak alıřmıřtır (Tabak vd., 2001). Anadolu da trn populusyon genetiđi ile ilgili alıřmalar 1995 yılından itibaren yayınlanmaya bařlanmıřtır. Bu alıřmalarda populusyonlar arasında genetik yapılanma olduđu konusunda konsensus sađlanmış fakat alıřılan rnek ve mtDNA gen blgesi gibi konularda yetersiz kaldıđından filogenetik ve filocođrafik yapılanma hala tartıřılmaktadır. Son olarak Bardakı vd. (2006) kahverengi alabalıkların filocođrafyası zerine alıřmıřtır. Ancak alıřması *S. t. macrostigma*, *S. t. abanticus* ve *S. t. caspius* alt trlerinin dađılım gsterdiđi alanlarla sınırlı kalmıřtır. Ayrıca bu alıřma bařladıđında sadece mtDNA-RFLP yntemiyle Gezgin (1999)'in yrtmř olduđu alıřması mevcuttur.

Bu alıřmada, Trkiye'nin farklı blgelerinden rneklenen kahverengi alabalıkların yanında zellikle Karadeniz'de anadrom ve anadrom olmayan stoklar arasındaki morfolojik ve genetik farklılıđın belirlenmesine yođunlařılmıřtır. Genetik veri olarak mtDNA-RFLP analizi, morfolojik veri olarak morfometrik ve meristik karakter sonuları kullanılmıřtır.

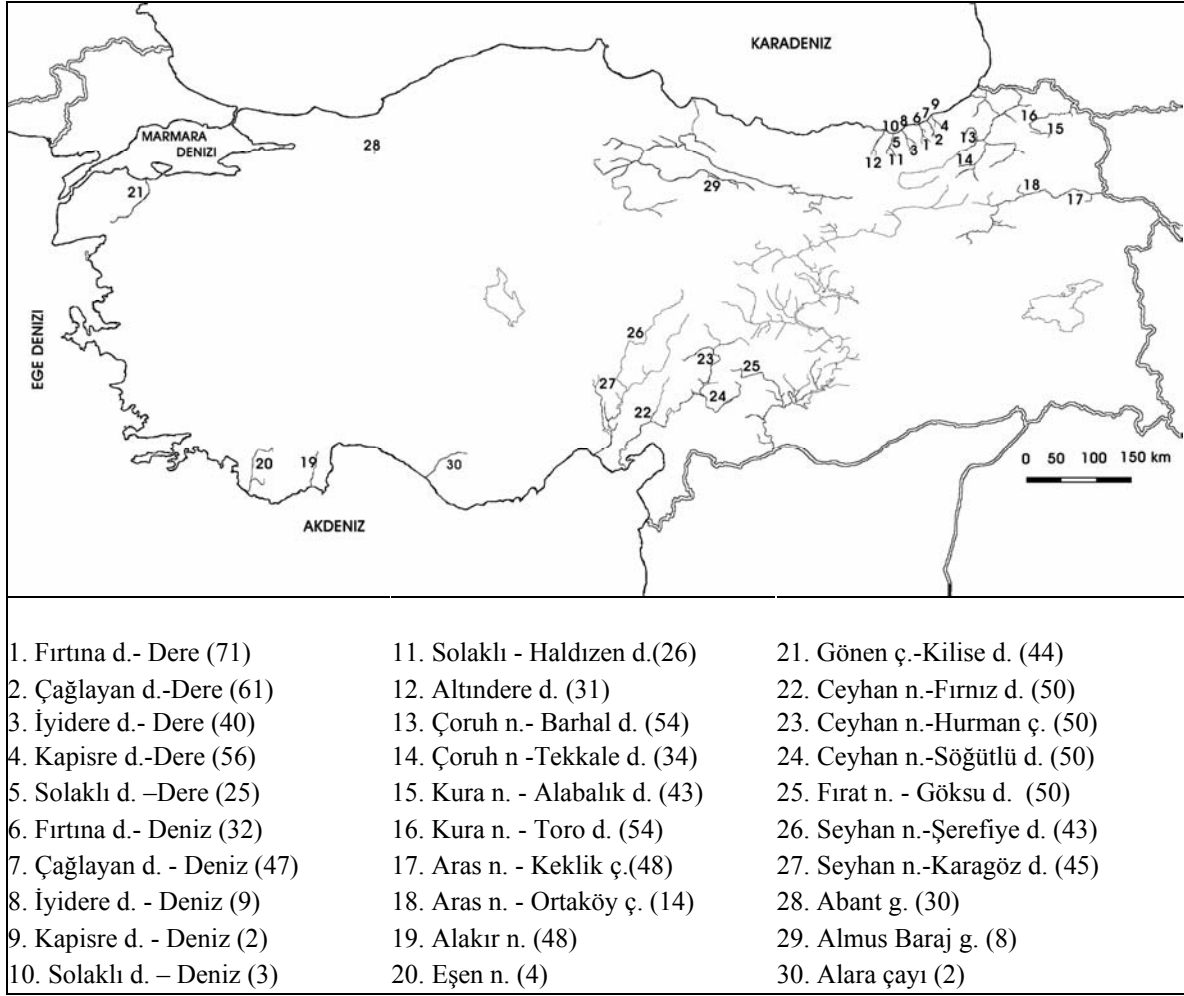
## 2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

### 2.1. Örnekleme Alanları ve Prosedürü

Örnekleme çalışmaları Türkiye genelinde yürütülmüş ve örnekleme alanları seçilirken daha önceden tanımlanmış *Salmo trutta* alt türlerinin dağılım gösterdiği havzalar da dikkate alınarak 12 il’de bulunan 17 ana drenaj ve bunlara bağlı 23 dere ve 2 gölden toplam 30 popülasyondan 1068 adet örnek toplanmıştır (Şekil 4). Akrabalı örnekleme en aza indirebilmek amacıyla her bir istasyondan yaklaşık 30–50 alabalık örneği 200 m veya daha uzun nehir akış alanı üzerinden toplanmaya çalışılmıştır. Alabalık yoğunluğunun düşük olduğu akarsularda (örneğin Trabzon, İyidere gibi), yeterli örnek temin edebilmek için mansaptan kaynağa doğru geniş bir alanda örnekleme yapılmıştır. Balık örnekleme alanlarının zor olacağı ana nehir sistemlerinde, buna bağlı yan kollarda çalışılmıştır. Ayrıca, Solaklı Deresinde olduğu gibi ana drenaj üzerinde, Uzun Göl’de balık geçişinin zor olacağı kısımlar gözlenmiş ve Gölün üst kısmı yani Haldizen mevki ayrı örnekleme alanı olarak ayrı ayrı örnekleme yapılmıştır. Örnekleme alanlarının büyük bir kısmı ana drenajlar yoluyla farklı denizlere dökülmektedir (Karadeniz, Marmara Denizi, Akdeniz, Hazar Denizi ve Basra Körfezi gibi) (Şekil 4).

Çalışmada 12 Volt DC ve 5–60 Amperlik akü ile çalışabilen, 30 mikro saniye ve 3,0 milisaniye arasında sıklıklarla, yaklaşık 1000 V ve 650 W çıkış sağlayabilen SAMUS 725G tipi elektro şok cihazı kullanılmıştır. Elektro şok cihazının kullanılmayacağı, su akış hızının ve derinliğin fazla olduğu akarsularda yapılan örnekleme alanlarında, 6,5 kg ağırlığında, 6 m çaplı ve 16 mm göz açıklığındaki serpmeye ağı kullanılmıştır. Bu iki tip av aracının uygun olmadığı Abant Gölü örnekleme alanında ise, yaklaşık 45 m uzunluk, 2,30 m derinlik, 17 cm fanya göz açıklığı ve 28 mm ağ göz açıklığına sahip fanyalı uzatma ağı ve ayrıca 140 m uzunluk 1,90 m derinlik 32 mm göz açıklığında sade ağ kullanılmıştır.

DNA eldesi için toplanan örneklerin adipöz yüzgeçleri ve kaudal yüzgeçlerinden alınan yaklaşık 1–1,5 cm<sup>2</sup> doku örneği, içerisinde %98’lik etanol bulunan 1,5–2,0 ml’lik Eppendorf tüplerine konularak laboratuara getirilmiş ve -40°C’de derin dondurucuda muhafaza altına alınmıştır. Yakalanan balıkların bir kısmında morfolojik ve meristik karakterlerin ölçüm ve sayım işlemleri arazide yapılmış, yapılmayanlar ise %5’lik formaldehitte sabitlenerek laboratuara getirilmiş ve çalışılmıştır.



Şekil 4. Örnekleme alanları ve toplanan örneklerin sayısal dağılımları

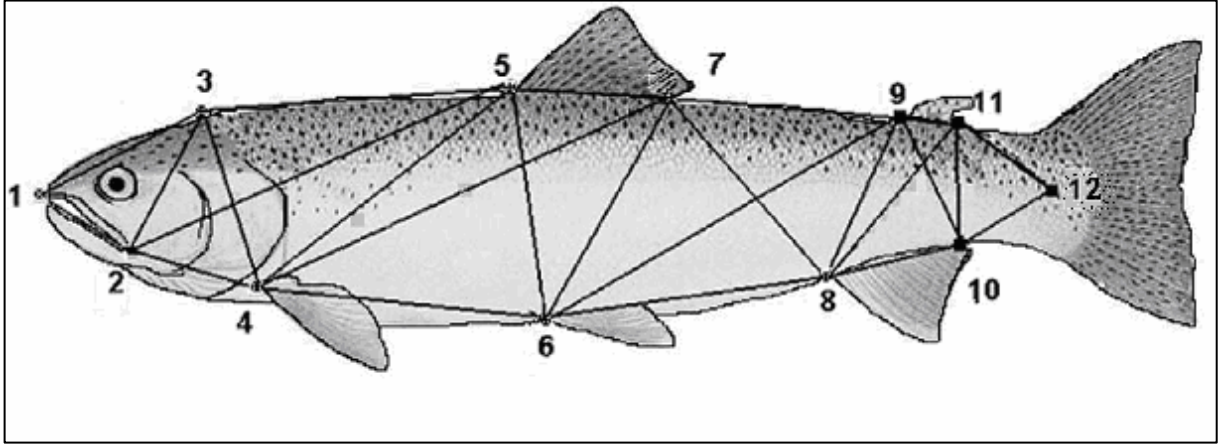
Ayrıca örnekleme yapılan yerlerde navigasyon cihazı (GPS 12CX, GARMIN Olathe, KS, USA) ile enlem, boylam ve rakım tespit edilmiştir. Buna ilaveten fiziksel ve kimyasal parametrelerden sıcaklık, pH, Horiba U-10 model analiz setiyle gerçekleştirilmiştir (APHA, AWWA, WPCF, 1985). Oksijen YSI B52 model oksijen metreyle, iletkenlik YSI B50 model salinometre kullanılarak örnekleme esnasında ölçülmüştür (Guilbault, 1973) (Ek Tablo 1).

## 2.2. Morfometrik ve Meristik Analiz

Fenotipik farklılığın tahmini, morfometrik olarak yapılan analizde Box Truss protokolü (Bookstein vd., 1985) izlenerek sırasıyla verildiği gibi 25 ayrı ölçüm yapılmıştır (Şekil 5). Ayrıca 6 meristik karakter sayımı yapılmıştır: Dorsal yüzgeç ışın



sayısı (D); Anal yüzgeç ışın sayısı (A); Pektoral yüzgeç ışın sayısı (P); Pelvik yüzgeç ışın sayısı (V) ve Solungaç diken sayısı (SD). Morfolojik ölçümler balığın sol tarafından 0.01 mm hassasiyette dijital kumpas kullanılarak yapılmıştır. Meristik sayımlar yüzgeçler ve solungaç dikenleri için cam levha üzerinde yapılmıştır.



Şekil 5. Ölçümü yapılan morfolojik karakterlerin ölçüm noktaları (Bookstein vd., 1985; Ruiz-Campos vd., 2003). Burun ucu-üst çene son ucu (M1-2), burun ucu-occiput (M1-3), üst çene son ucu-occiput (M2-3), üst çene son ucu-pektoral yüzgeç kaidesi (M2-4), Üst çene son ucu-dorsal yüzgeç başlangıcı (M2-5), occiput-pektoral yüzgeç kaidesi (M3-4), occiput-dorsal yüzgeç başlangıcı (M3-5), pektoral yüzgeç kaidesi-dorsal yüzgeç başlangıcı (4-5), pektoral yüzgeç başlangıcı-pelvik yüzgeç başlangıcı (M4-6), pektoral yüzgeç başlangıcı-dorsal yüzgeç bitiş noktası (M4-7), Dorsal yüzgeç başlangıcı-pelvik yüzgeç başlangıcı (M5-6), dorsal yüzgeç uzunluğu (M5-7), pelvik yüzgeç başlangıcı-dorsal yüzgeç bitiş noktası (M6-7), pelvik yüzgeç başlangıcı-anal yüzgeç başlangıcı (M6-8), pelvik yüzgeç başlangıcı-adipöz yüzgeç başlangıcı (M6-9), Dorsal yüzgeç bitiş noktası- Anal yüzgeç başlangıcı (M7-8), Dorsal yüzgeç bitiş noktası- adipöz yüzgeç başlangıcı (M7-9), Anal yüzgeç-başlangıcı- adipöz yüzgeç başlangıcı (M8-9), Anal yüzgeç uzunluğu (M8-10), Anal yüzgeç-başlangıcı-Adipöz yüzgeç bitiş noktası (8-11), Adipöz yüzgeç başlangıcı-Anal yüzgeç bitiş noktası (M9-10), Adipöz yüzgeç uzunluğu (M9-11), anal yüzgeç bitiş noktası- adipöz yüzgeç bitiş noktası (M10-11), anal yüzgeç bitiş noktası-kuyruk sapı orta noktası (M10-12) ve adipöz yüzgeç bitiş noktası- kuyruk sapı orta noktası (M11-12).

### **2.3. Mitokondriyal DNA'nın RFLP Analizi**

#### **2.3.1. Total DNA'nın Ekstraksiyonu**

DNA izolasyonu Türkiye'nin çeşitli sularından toplanan ve %98'lik etanolde saklanan doğal alabalık örneklerinin kaudal yüzgeçlerinden yapılmıştır. Toplam DNA'nın ekstraksiyonunda QIAGEN, DNeasy® Tissue kiti kullanılmıştır. Bu şekilde çok kısa sürede çok fazla sayıda örnekten DNA izolasyonu sağlanmıştır.

Kaliteli ve optimum DNA eldesi için yaklaşık olarak 2 mm<sup>3</sup> büyüklüğünde 15–20 mg doku örneği kullanılmıştır. Küçük parçalara bölünmüş doku örneği 1,5–2,0 ml'lik Eppendorf tüpe konulmadan önce kâğıt mendil üzerinde 1–2 dakika bekletilerek etanolün uçması sağlanmıştır. Daha sonra Eppendorf tüpe lysis solüsyonu, proteinaz K ve RNaz A (100 mg/ml) konmuş ve 55°C'de en az 3 saat sarsaklı su banyosunda inkübe edilerek homojenizasyon işlemi yapılmıştır. Lysis solüsyonu hücrenin yapısının korunmasında temel madde olan magnezyum iyonları ve ayrıca yağ moleküllerini uzaklaştırarak hücre zarını parçalamaktadır. Nükleik asitlerin izolasyonunda en önemli adım proteinlerin uzaklaştırılmasıdır. Genellikle bu işlem dokunun parçalanması aşamasında Proteinaz K enziminin kullanılmasıyla sağlanır. RNaz A enzimi ise örnek içindeki RNA'nın parçalanmasını sağlar. Klasik yöntemde bu işlemi fenol-kloroform kullanımı ile nükleik asitin sulu solüsyonunun elde edilmesi izler. DNeasy işlemleri çok daha basittir. Homojenize olmuş örnek mini spin kolon içine konmuş ve kısa süreli santrifüj edilerek DNA'nın seçici membrana yapışması sağlanmış ve kontaminantlar uzaklaştırılmıştır. Son olarak TE (pH 8,0) tampon ile santrifüj işlemi yapılarak DNA'yı içeren sulu solüsyon elde edilmiştir.

#### **2.3.2. DNA Kalite ve Miktarının Belirlenmesi**

DNA örneklerinin konsantrasyonu ve saflığının tahmini UV/visible spektrofotometre (BIO-RAD, The SmartSpec Plus) kullanılarak, 260 ve 280 nm dalga boyunda optik densesinin okunmasıyla tahmin edilmiştir. 260 nm dalga boyundaki optik densite (OD) değeri nükleik asitlerin her ikisinin (DNA ve RNA) hesaplanmasını sağlar. 280 nm dalga boyu ise örnekteki protein miktarını belirler. 260 nm'de OD değeri 1,0 olduğunda, konsantrasyon çift iplikçikli DNA için 50 µg/ml ve tek iplikçikli DNA için 40 µg/ml olarak

kabul edilir (Aquadro vd., 1998). 260 nm ve 280 nm okumaları arasındaki oran izole edilen nükleik asitin saflığının tahminini verir. Saf olan DNA için  $OD_{260}/OD_{280}$  oranı 1,8–2,0 arasındadır. Eğer protein ve/veya fenol kontaminasyonu varsa bu oran 1,8'den küçüktür. Bu durumda kontamine olmuş örneğe son konsantrasyon 200  $\mu\text{g}/\text{ml}$  olacak şekilde proteinaz K ilave edilir. DNA solusyonu  $37^\circ\text{C}$ 'de iki saat inkübe edilir ve birer kez fenol ve kloroform:isoamil (24:1) aşamasından sonra etanolle çökeltilir. Etanol uzaklaştırıldıktan sonra çökelmiş DNA, TE tampon (pH: 8,0) veya ddH<sub>2</sub>O da çözünür. Eğer saflık kontrolünde oran 2,0'ın üstünde çıkarsa örnekte RNA bulunduğunun göstergesidir. Böyle durumda son konsantrasyon 100  $\mu\text{g}/\text{ml}$  olacak şekilde RNaz A enzimi ilave edilir. DNA solusyonu  $37^\circ\text{C}$ 'de bir saat inkübe edilir ve önceki gibi saflaştırılır.

Genel olarak, 10  $\mu\text{l}$  izole edilmiş DNA 490  $\mu\text{l}$  TE tampon ile karıştırılır ve  $65^\circ\text{C}$ 'de 30 dakika inkübe edilir. Kör solusyonu olarak 500  $\mu\text{l}$  TE tampon kuvars küvete konulup okuma yapıldıktan sonra, DNA örneği spektrofotometreye yerleştirilir. Örneğin sulandırma oranı dikkate alınarak, orijinal örnek konsantrasyonu aşağıda verildiği gibi hesaplanır:

$$\text{DNA konsantrasyonu } (\mu\text{g}/\text{ml}) = \left( \frac{500 \mu\text{l}}{\chi \mu\text{l}} \right) \left( \frac{50 \mu\text{g}}{\text{ml}} \right) OD_{260} \quad (1)$$

$X$  : kullanılan DNA hacimi

OD : Optik yoğunluk (density)

### 2.3.3. DNA Amplifikasyonu

Alabalık örneklerinden elde edilen mitokondriyal DNA'nın ND1, ND5/6 ve sitokrom b/D-loop bölgeleri, bu bölgeler için başka araştırmacılar tarafından geliştirilen primer setleri (Tablo 2) kullanılarak Thermal Cycler (AZTEC PC800) yardımıyla çoğaltılmıştır. Yükseltgeme işlemi her bir örnek DNA'sı ile birlikte 50  $\mu\text{l}$ 'lik PZR karışımıyla yürütülmüş ve sırasıyla; forward ve reverse primerler, PZR Master Mix, 2X (PROMEGA) (Reaksiyon buffer (pH 8,5) içinde, önceden karıştırılmış olarak; 50 ünite/ml TaqDNA Polimeraz enzimi, 400  $\mu\text{M}$  dATP, 400  $\mu\text{M}$  dGTP, 400  $\mu\text{M}$  dCTP, 400  $\mu\text{M}$  dTTP, 3 mM MgCl<sub>2</sub> bulunmaktadır) ve ddH<sub>2</sub>O karışımından oluşan kokteyl solusyon hazırlanmış ve 0,5 ml'lik PZR tüplerine dağıtılmıştır (Tablo 3). Örneklerin spesifik gen bölgelerinin çoğaltılmasında Tablo 4'de verilen PZR programları, tatmin edici sonuçlar vermiştir.

Tablo 2. Çalışmada kullanılan mtDNA segmentleri ve primer sekansları

Segment-mtDNA	Primerler	Büyükük (bp)	Yazarlar
ND1	F5'-GCCTCGCCTGTTTACCAAAAACAT-3'	2000	Nielsen vd. (1998)
	R5'-GGTATGGGCCCCGAAAGCTTA-3'		
ND5/6	F5'-AATAGCTCATCCATTGGTCTTAGG-3'	2400	Nielsen vd. (1998)
	R5'-TAACAACGGTGGTTTTTCAAGTCA-3'		
Cyt B/ D-loop	F5'-TGACTTGAAAAACCACCGTTGTTA-3'	2300	Bernatchez ve Danzmann (1993); Bernatchez ve Osinov (1995)
	R5'-GTGTTATGCTTTAGTTAAGC-3'		

Tablo 3. ND1, ND5/6 ve sitokrom b/D-loop bölgelerinin çoğaltılması için PZR karışımının bileşenleri ve miktarları

PZR Bileşenleri	Miktar		
	ND1	ND5/6	Cyt B/ D-loop
10X Reaksiyon Buffer 50u/ml Tag DNA Polimeraz 3mM MgCl <sub>2</sub> 400µM dNTPs (dGTP, dCTP, dATP ve dTTP)	25µl	25µl	25µl
Forward Primers (20µM)	0,5µl	1µl	3,75µl
Reverse Primers (20µM)	0,5µl	1µl	3,75µl
DNA (125ng/ml)	2µl	2µl	2µl
Nuclease-Free su	22µl	21µl	15,5µl
Toplam	50µl	50µl	50µl

PZR arttırılmasının sonucu 4 µl ürün 1xTBE tampon sistemi ve %1'lik agaroz jelde yürütülmüş, ethidium bromitle boyanarak UV illüminatörle görüntülenmiş ve kontrol edilmiştir. Moleküler ağırlığa göre boy dağılımı λDNA/*Hind*III markır (Promega) kullanımıyla belirlenmiştir. Lambda markırı yedi bant içermektedir, sırasıyla; 23.130 kb, 9416 kb, 6557 kb, 4361 kb, 2322 kb, 2027 kb, 564 kb ve 125 kb. ND1, ND5/6 ve sitokrom b/D-loop amplifikasyon ürünleri sırasıyla yaklaşık olarak 2000 bp, 2400 bp ve 2300 bp büyüklükte olduğu bulunmuştur. Kontrol sonrası başarılı bulunan PZR ürünleri kısa zamanda kullanılmak üzere 4°C'de tutulmuş veya daha uzun süreli kullanım için derin dondurucuya konulmuştur.

Tablo 4. Çalışmada kullanılan primerler için PZR programları

PZR Kondisyonu	Segment		
	ND1 ve ND5/6		
	Sıcaklık (°C)	Süre	Tekrar miktarı (döngü)
Birinci denaturasyon	95	2 dak	1
Annealing	50	30 san	8
Extension	70	2.5 dak	
Denaturasyon	95	45 san	
Annealing	53	30 san	21
Extension	70	2.5 dak	
Denaturasyon	95	45 san	
Final annealing	53	30 san	1
Final extension	70	4 dak	1
Cyt b/D-loop			
Birinci denaturasyon	95	5 dak	1
Denaturasyon	95	45 san	30
Annealing	49	30 san	
Extension	70	2.5 dak	
Final extension	70	10 dak	1

#### 2.3.4. Kesici Enzim Analizi

PZR ile arttırılmış her bir mtDNA bölgesi önceki çalışmalarda kullanılmış ve polimorfik olarak gözlenmiş kesici enzimlerin kullanımıyla kesilmiştir. ND1 PZR ürünü 5 enzimle (*Hpa II*, *Hinf I*, *Hae III*, *Ava II* ve *Alu I*), ND5/6 PZR ürünü 7 enzimle (*Hpa II*, *Hinf I*, *Hae III*, *AvaII*, *AluI*, *XbaI*, *TaqI*) ve Cyt b/D-loop PZR ürünü 5 enzimle (*HpaII*, *HinfI*, *NciI*, *RsaI*, *TaqI*) kesilmiştir. Her bir enzim karışımı aşağıdaki bileşenlerden oluşmaktadır. Bu çalışmada kullanılan kesici enzimler tetramerik, multipentamerik ve heksamerik yapıda olup tanıdıkları sekans dizilimi ve optimum sıcaklık istekleri Tablo 5'de sunulmuştur.

Steril Distile edilmiş su	: 7,45 µl
10X kesici enzim buffer	: 1,4 µl
Kesici Enzim (10u/µl)	: 0,15 µl
PZR ürünü	: 5 µl
Toplam	: 14 µl

Bir önceki sayfada verilen bileşenler 37 °C de en az 3 saat inkübe edilmiştir. Ürün, kesim işlemi tamamlandıktan hemen sonra %2 agaroz jelde yürütülmüş veya kullanana kadar -20 °C muhafaza edilmiştir.

Tablo 5. Çalışmada kullanılan kesici enzimlerin tanıdıkları sekans dizilimleri ve optimum sıcaklık istekleri

Kesici enzimler	Tanınan sekans dizilimi	Optimum sıcaklık istekleri (°C)
<i>AluI</i>	5'-AG ↓CT-3'	37
<i>AvaII</i>	5'-G ↓GWC C-3'	37
<i>HaeIII</i>	5'-GG ↓CC-3'	37
<i>HinI</i>	5'-G ↓ANT C-3'	37
<i>HpaII</i>	5'-C ↓CG G-3'	37
<i>TaqI</i>	5'-T ↓CG A-3'	65
<i>XbaI</i>	5'-T ↓CTAG A-3'	37
<i>RsaI</i>	5'-GT ↓AC -3'	37
<i>NciI</i>	5'-CC ↓S GG-3'	37

W=A veya T, S=C veya G, N= A veya C veya G veya T

### 2.3.5. RFLP Bantlarının Görüntülenmesi ve Morfların Belirlenmesi

PZR ürünlerinin kesici enzimlerle inkübasyonu sonrasında kesilen örnekler Ethidium Bromid (1mg/100µl) ile 1xTBE tampon sisteminde %1,5–2,0 agaroz jel üzerinde yürütülmüştür. Jeller her bir fragment modeli için istenilen ayırıştırma ve jel konsantrasyonuna bağlı olarak yaklaşık olarak 10V/cm'de 2–3 saat koşurulmuştur. Jel görüntüleri jel dökümantasyon sistemi (Biostep, Darkhood DH-30/32) ve termal yazıcı (Mitsubishi, P91D) kullanılarak kayıt edilmiştir. Amplifikasyona tabi tutulmuş ürünlerin her bir kesici enzim için oluşturduğu kesim parçacıklarının tümü büyük harflerle tek morf olarak isimlendirilmiştir. ND1, ND5/6 ve Cyt b/D-loop gen bölgeleri için kullanılan kesici enzimlerin her örnek için oluşturduğu morflar sırasıyla yan yana getirilerek birleşik genotipler (Haplotipler) oluşturulmuştur.

## 2.4. Verilerin Değerlendirilmesi

### 2.4.1. Morfolojik Verilerin Analizi

Farklı boydaki balıkların karşılaştırılmasında, veri setindeki büyüklük etkisini kaldırmak için, her bir morfometrik karakter ölçümünün standardizasyonu Elliott vd. (1995) regresyon modeline göre yapılmıştır. Tanımlanan eşitliğe göre;

$$M_s = M_o (L_s / L_o)^b \quad (2)$$

$M_s$  : Standardize edilmiş ölçüm

$M_o$  : Ölçülen karakter uzunluğu (mm)

$L_s$  : Tüm populasyonlardaki bireyler için ortalama standart boy (mm)

$L_o$  : Bireyin standart boyu (mm)

“b” değeri : Her bir karakter için doğrusal olmayan altta verilen eşitliğin kullanımıyla gözlenen verilerden hesaplanmıştır. Her bir taksonun her populasyonunda her bir balığın kullanımıyla Log  $L_o$  üzerinde Log  $M_o$ 'ın regresyon eğimi olarak hesaplanmıştır.

$$M = aL^b \quad (3)$$

$M$  : Ağırlık (g)

$L$  : Boy (mm)

Çalışılan 30 alabalık populasyonunun standardize edilmiş morfometrik değerleri drenajlar arasında her bir takson için analiz edilmiştir ve Statistica 5.0 istatistik analiz programı (StatSoft, 2004) kullanımıyla Diskriminant Fonksiyon Analizi (DFA) yoluyla karşılaştırılmıştır. Bu multivaryate analizinin kullanımı hangi populasyonların daha farklı olduğunu ve populasyonlar arasında hangi değişkenlerin farklı olduğunu bulunmasında yardımcı olmuştur.

### 2.4.2. Genetik Verilerin Analizi

mtDNA-RFLP verilerini değerlendirmek için yoğun olarak dört bilgisayar programı kullanılmıştır. Bir çok seçeneğe sahip REAP (McElroy vd., 1991), PHYLIP (Felsenstein,

1993)'le bağlantılı olarak kullanılmıştır. Molekuler varyans bileşenlerinin ve populasyonlar arası gen akışının hesaplanmasında ARLEQUIN (Schneider vd., 2000) ve bu programın altında çalışan AMOVA (Excoffier vd., 1992) ve genetik farklılıkla coğrafik mesafe arasındaki ilişkinin belirlenmesi için ise GENALEX 6 (Peakall and Smouse, 2006) programlarından faydalanılmıştır.

PZR yoluyla yükseltgenen mtDNA bölgelerinin kesilmesiyle, kesilmiş parça modelleri üretilmiştir. Parça modellerinin önceki çalışmalarla uyumluluğundan emin olmak için sıralanmış yapılar “morflar” olarak adlandırılmıştır. Tüm enzimler için kesici enzim verileri toplandığında her bir birey için birleşik morflar veya birleşik haplotip numaraları belirlenmiştir. Veri iki yolla analiz edilmiştir. Hem haplotipler arasındaki evrimsel mesafe hem de populasyonlar arasındaki fark araştırılmıştır. Kesici enzim yerlerinin bulunması ve bulunmaması, her bir enzim tarafından üretilen kesim parçacıklarının miktarları ve bulunması ve bulunmamasından çıkarılmıştır. Yüksek molekul ağırlıklı bir parçanın yok olması ve yerine iki küçük bantın ortaya çıkması kesim yeri kazanıldığı anlamına gelmektedir. Bununla birlikte, bu çalışmada genetik mesafenin hesaplanmasında, kesim yerleri yerine kesim parçacıklarının var olup olmayışı dikkate alınmıştır. Kesim modelleri yani morflar agaroz jel üzerinde ayrıştırılmıştır. Küçük molekülü parçacıkların ve aynı elektroforetik mobilitelere sahip tek bantların araştırılması için enzimle kesilmiş ürünün poliakrilamid jel üzerinde koşturularak gözlenmesinin daha uygun olduğu tespit edilmiştir. Fakat bu çalışmada kesilen parçacıkların bulunuşu veya bulunmayışı gözlemlendiğinden bu metodun kullanılmasına gerek duyulmamıştır.

#### **2.4.2.1. mtDNA Tipleri Arasındaki Farklılık**

DNA sekans çiftleri arasındaki evrimsel mesafe “d” her iki sekans tarafından paylaşılan bantların oranı veya her bir sekansta üretilen parçaların miktarının kullanımıyla hesaplanmıştır. DNA sekansının genetik farklılığının derecesi, paylaşılan parçaların oranıyla ilişkilidir. Kesilen parçacık verilerinin kullanımı kesim yeri verilerine göre daha geniş varyansa sahip “d” değerleri verir. Fakat tüm mesafenin küçük olduğu durumlarda güvenilirdir ve ayrıca  $d < 0,25$  (Nei and Tajima, 1981; Nei and Miller, 1990) olduğunda doğrudur. REAP paket programındaki D programı (McElroy vd., 1991), Nei ve Li (1979) metodunu kullanarak kesim parçacıklarından “d” değerinin ikame matriksi hesaplanmıştır. Haplotipler arasında nukleotit farklılığı temeline dayalı dendogram oluşturmak için



hesaplanan matris PHYLIP (Felsenstein, 1993) paket programının NEIGHBOUR seçeneğine girilmiştir. Burdan elde edilen çıktı DRAWGRAM alt programında kullanılarak haplotipler için UPGMA ağacı oluşturulmuştur.

Haplotipler arasındaki ilişki ayrıca Wagner-Parsimoni metodu kullanılarak da incelenmiştir. Tüm 17 kesim polimorfizmindeki parçaların bulunuşu veya bulunmayışı 1 ve 0 olarak kayıt edilmiş ve çizelge haline getirilmiştir. Böylece her bir haplotipin ikili sekansda temsil edilmesi sağlanmıştır. Bu PHYLIP (Felsenstein, 1993) paket programının SEQBOOT seçeneğinin kullanımıyla 1000 kez tesadüfi olarak hesaplatılmış (bootstarpped) ve program paketinde bulunan MIX seçeneği için giriş verisi olarak kullanılmıştır. Aynı yolla nükleer veri olarak CONSENSE seçeneği kullanılarak consensus dendogramı oluşturulmuş ve bu dendogramda her bir dalın diğer bir dala birleşim yerlerinin (node) yüz ağaçta kaç kez bulunduğu tespit edilmiştir. Buradan elde edilen ortak ağacın verileri DRAWTREE alt programında kullanılarak haplotipler için köksüz ağaç oluşturulmuştur.

#### **2.4.2.2. Populasyonlar Arası Farklılık**

##### **2.4.2.2.1. Haplotip ve Nükleotit Çeşitliliği**

REAP (McElroy vd., 1991) paket programından DA programının kullanımıyla, populasyonlar içindeki nükleotit ve haplotip çeşitliliği ve tüm populasyon çiftleri arasındaki nükleotit farklılığı hesaplanmıştır. Populasyonlar arasındaki sekans farklılığının ölçülmesi “da” kesim parçacığı verilerinden tahmin edilmiştir. Her bir populasyon için haplotip frekans dağılımları ve haplotip çiftleri arasındaki “d” değerleriyle birlikte populasyonlar içindeki haplotip ve nükleotit çeşitliliği tahmin edilmiştir. Nükleotit farklılığı için iki populasyon arasındaki toplam nükleotit farklılığı hesaplanmıştır. REAP bilgisayar programı haplotip çeşitliliğini hesaplamak için Nei (1987)’nin metodunu kullanmıştır. Nükleotit çeşitliliği ve nükleotit farklılığı ise Nei ve Tajima (1981)’ya göre hesaplanmıştır. Bu hesaplamalar sonucunda iki ayrı dosya olarak çıktı alınmıştır. Bunlardan ilkinde, populasyonlar arası nükleotit çeşitliliği ve farklılığına ait matrisleri ve tüm populasyonlar için standart hatalarla birlikte haplotip ve nükleotit çeşitliliğinin vektörleri bulunmaktadır. İkincisinde ise tüm populasyon çiftleri arasındaki nükleotit farklılığının simetrik matrisi yer almıştır.

Program DA tarafından üretilen “da” matrisi populasyonlar arasında yüzde sekans farklılığına bağlı dendogramı oluşturmak için PHYLIP (Felsenstein, 1993) paket programının NEIGHBOUR seçeneğine girilmiştir. Burdan elde edilen çıktı DRAWGRAM alt programında kullanılarak populasyonlar için UPGMA ağacı oluşturulmuştur.

#### 2.4.2.2.2. Genetik Farklılığın Belirlenmesi

Populasyonların genetik yapısı ilk olarak Cockerham (1973) tarafından tanımlanan ve daha sonra Weir ve Cockerham (1984) tarafından geliştirilen varyans analizi ile araştırılmıştır. Bunun için moleküler haplotipler arasındaki mutasyon miktarını dikkate alarak, diğer gen frekanslarının varyans analizi tekniklerinden ayrılan, fakat temelde benzerlik gösteren bilgisayar programı ARLEQUIN (AMOVA, Excoffier vd., 1992)’de kullanılan moleküler varyans analizi yaklaşımı kullanılmıştır. Havzalara, alt türlere ve ekotiplere (dere-deniz) göre populasyon grupları tanımlandıktan sonra genetik yapı test edilmiştir. Varyansın hiyerarşik analizi gruplar veya populasyon arasındaki ve içindeki farklılıklardan dolayı total varyansı kovaryans bileşenlerine bölmüş ve bu varyans bileşenlerinin kullanımıyla fiksasyon indisleri aşağıdaki formüllerle hesaplanmıştır.

$$\Phi_{CT}(F_{CT}) = V_a/V_a + V_b \quad (4)$$

$$\Phi_{SC}(F_{SC}) = V_b/V_b + V_c \quad (5)$$

$$\Phi_{ST}(F_{ST}) = V_a + V_b = V_a + V_b + V_c \quad (6)$$

$V_a$  : Gruplar arası varyans bileşeni

$V_b$  : Populasyonlar arası (gruplar içi) varyans bileşeni

$V_c$  : Populasyonlar içi varyans bileşeni

Permutasyon metodunun kullanımıyla varyans bileşenlerinin önemliliği test edilmiştir. Verilen “p” değeri tesadüfi olarak çok ekstrem varyans bileşenlerinin sahip olduğu olasılığı tahmin için değerlendirilmiştir. Program ayrıca çift yönlü  $F_{ST}$  ve  $\Phi_{ST}$  değerlerini hesaplamıştır. Cockerham (1973) tarafından açıklandığı gibi ölçüm  $F_{ST}$ ’den türetilmiştir ve varyans bileşenlerinde olduğu gibi aynı yolla önemliliğin testinde kullanılmıştır. Bu çalışmada kullanıldığında önemliliğin tahmini için 1000 permutasyon uygulanmıştır.

Populasyonlar arası genetik heterojenite REAP paket programı (McElroy vd., 1991)'nin MONTE seçeneği kullanılarak test edilmiştir. Bu program Rolf ve Bentzen (1989) tarafından tanımlanan Monte-Carlo simülasyonunu kullanarak populasyonlarda gözlenen haplotiplerin frekans dağılımlarını yani coğrafik heterojenitenin miktarını test etmiştir. Orjinal veri matrisinde bulunan ve Ki-kare ( $\chi^2$ ) analiz yoluyla tahmin edilmiş olan heterojenite miktarı orjinal matrisin tekrar tekrar tesadüflendirilmesiyle oluşan heterojenite miktarıyla karşılaştırılmıştır. Veri setinin tesadüflendirilmesi yoluyla ortalama  $\chi^2$  değeri hesaplanmıştır. Bu çalışmada her bir hesaplama için 1000 kez tesadüflendirme kullanılmıştır. Bu test sonucunda çıktı olarak iki  $\chi^2$  değeri alınmıştır. Bunlardan birincisi orjinal veri matrisinden hesaplanmış ve önemlilik değeriyle (P) birlikte verilmiştir. İkinci çıktı ise veri setininin 1000 kez tesadüflendirilmesi sonucunda oluşmuş  $\chi^2$  değerleridir ve artan frekans dağılımları olarak ortalama, maksimum ve minimum  $\chi^2$  değerleri halinde sunulmuştur.

#### 2.4.2.2.3. Gen Akışının Hesaplanması

Genlerin oransal dağılımındaki değişimde etkili olan ve populasyonlar arası ve içindeki genlerin hareketi olarak tanımlanan gen akışı ARLEQUIN (Schneider vd., 2000) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır. Farklı şekillerde hesaplanabilen (etkili populasyon miktarı veya nadir ve özel allellerin kullanımı gibi) gen akışı bu çalışmada Wright (1951) tarafından geliştirilen ve doğal populasyonlar arasındaki genetik farklılığın seviyesinin göstergesi olan  $F_{ST}$  değerlerinden hesaplanmıştır. Wright (1951), gen akışının hesaplanmasında aşağıdaki eşitliği geliştirmiştir.

$$F_{ST} = 1/(1+4N_e m) \quad (7)$$

$F_{ST}$  : Populasyonlar arası genetik farklılık değeri

$m$  : Populasyonlar arası göç miktarı

$N_e$  : Etkili populasyon büyüklüğü

Daha sonra bu eşitlik mtDNA verileri için modifiye edilmiş ve aşağıda verildiği şekli almıştır (Takahata ve Palumbi, 1985).

$$(N_{em})_F = 1/2(1/ F_{ST} - 1) \quad (8)$$

$(N_{em})_F$  : Dişi balıklar için etkili göç miktarı

Bu formülün kullanımıyla her bir jenerasyon için kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki gen akış matrisi hesaplanmıştır.

#### **2.4.2.2.4. Genetik Farklılık ile Coğrafik Mesafe Arasındaki İlişki**

Populasyon çiftleri için ARLEQUIN (AMOVA, Excoffier vd., 1992) paket programı kullanılarak hesaplanan  $F_{ST}$  matris değerleri, yine populasyon çiftleri için hesaplanmış coğrafik mesafe matrisiyle karşılaştırılmıştır. Yürütülen bu çalışmada GENALEX 6 (Peakall and Smouse, 2006) paket programı kullanılarak, yaklaşık 2000 km ve daha uzak olan populasyonlar arasındaki mesafeyle oluşabilecek izolasyonu belirlemek için iki ayrı MANTEL test uygulanmıştır (Mantel, 1967). İstasyonlar arasındaki coğrafik mesafeler 1:25.000'lik harita üzerinde su yolu ve sahil boyunca tahmini olarak hesaplanmıştır.

### 3. BULGULAR

#### 3.1. Genetik Analiz

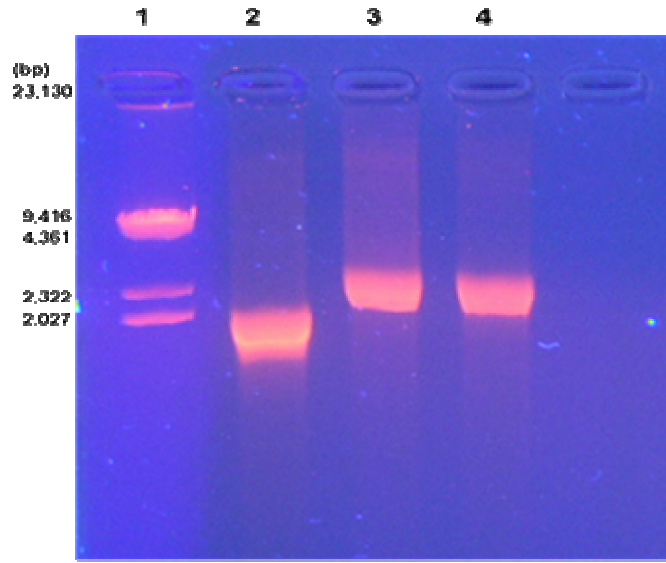
##### 3.1.1. Morf ve Haplotiplerin Karakterizasyonu

Kahverengi alabalık populasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi için mitokondriyal DNA'nın üç farklı bölgesi (ND1, Sitokrom b/D-loop ve ND5/6) çalışılmıştır. Bu bölgelerin Polimeraz Zincir Reaksiyon (PZR) ürünleri boylama markırı kullanılarak %1'lik agaroz jelde koşturulmuş ve jel görüntüleri Şekil 6'da verilmiştir. Gen bölgelerinin büyüklüklerinin yaklaşık olarak sırasıyla ND1 için 2110 bp, Sitokrom b/D-loop için 2550 bp ve ND5/6 için 2450 bp olduğu tespit edilmiştir.

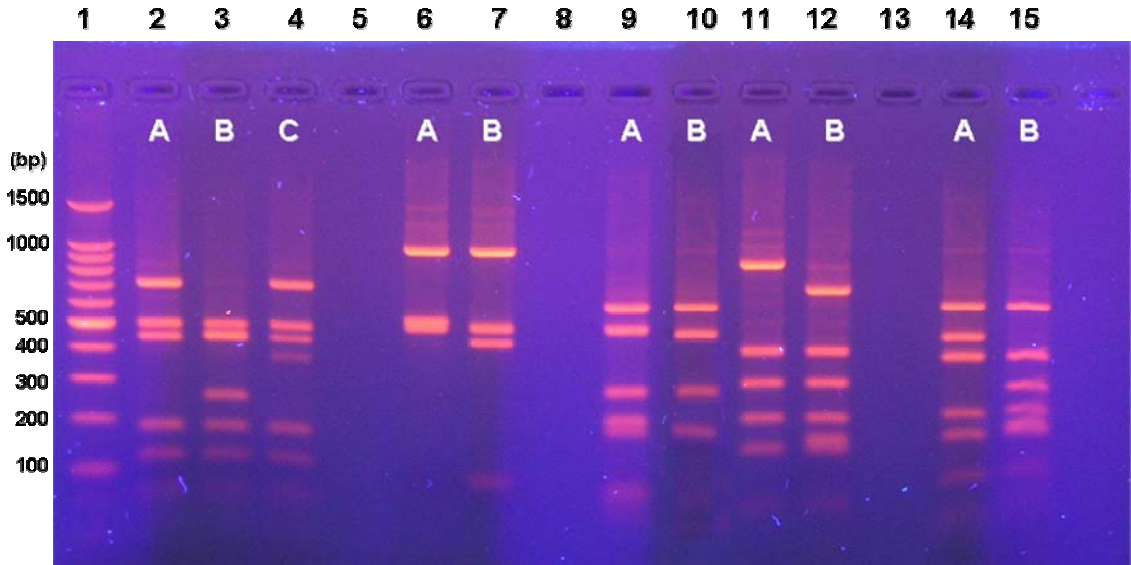
ND ve Sitokrom b/D-loop gen bölgelerinin toplam 17 kesici enzimle kesilmesi sonucunda her birey için 100 bp ile 1930 bp arasında 1-9 arasında kesim parçacığı gözlenmiştir. Her gen bölgesi için kesici enzimlerin oluşturduğu kesim parçacıklarının büyüklük toplamalarının ortalaması ND1 için  $1974 \pm 180$  bp, Sitokrom b/D-loop için  $2409 \pm 128$  bp ve ND5/6 için  $2220 \pm 88,7$  bp olarak hesaplanmıştır. Küçük parçacıkların jelde hızlı hareket ederek çıkmış olmasından dolayı gözlenememiş olması veya bazı kesici enzimler için benzer boydaki parçacıkların jelde beraber hareket etmesi genlerin ortalama boylarının olması gereken boylarından küçük olmasına neden olmuştur.

Tüm gen bölgeleri için toplam 62 adet morf tespit edilmiş ve bu morfların 11 adeti 5 farklı enzimle (*Hpa* II, *Hinf* I, *Hae* III, *Ava* II ve *Alu* I) kesilen ND 1 gen bölgesinde (Şekil 7), 19 adedi yine 5 farklı enzimle (*Hpa* II, *Hinf* I, *Nci* I, *Rsa* I ve *Taq* I) kesilen Sitokrom b/D-loop bölgesinde (Şekil 8) ve geri kalan 32 adet morf 7 farklı enzimle (*Hpa* II, *Hinf* I, *Hae* III, *Ava* II, *Alu* I, *Xba* I ve *Taq* I) kesilen ND5/6 gen bölgesinde gözlenmiştir (Şekil 9). Farklı morfların oluşumuna neden olan bazı kesim yeri değişiklikleri ve sonuçları aşağıdaki şekilde özetlenebilir;

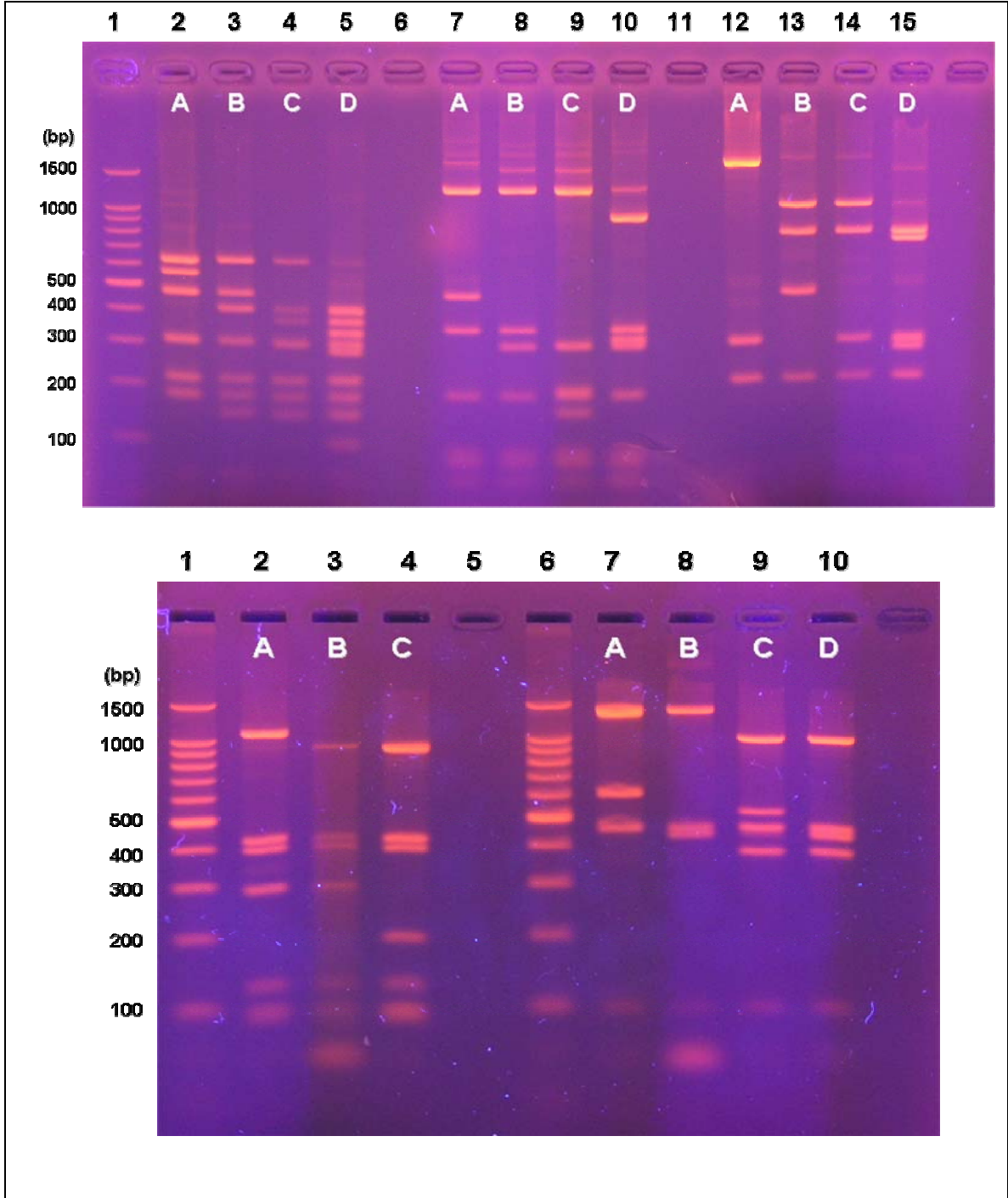
ND 1 bölgesinin *Hpa* II ile kesilmesi sonucunda A morfundaki bulunan 715 bp'lik bantın B morfundaki 460 ve 255 bp'lik iki bant ürettiği gözlenir. *Ava* II kesiminde A morfundaki 890 bp'lik bant kesilerek B morfundaki 710 ve 180 bp'lik iki bant oluşturur. Aynı gen bölgesinde *Alu* I kesiminde ise A morfundaki 465 bp'lik bant B morfundaki 280 ve 185 bp'lik iki bant oluşturur. Diğer bantlar ise tüm morflar arasında paylaşılmıştır (Tablo 6).



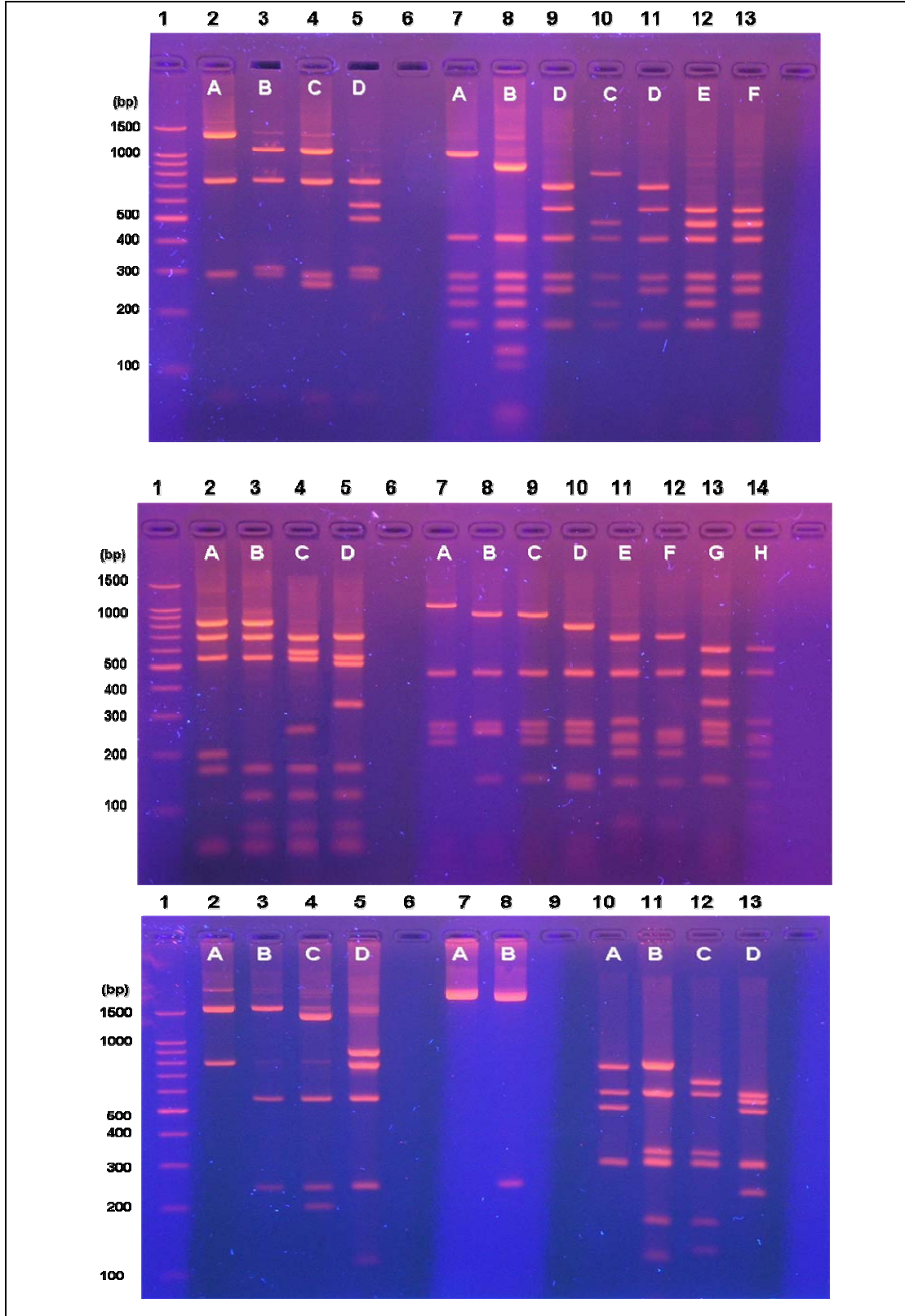
Şekil 6. Çalışmada kullanılan mitokondriyal DNA'nın üç gen bölgesinin PZR ile yükseltgenmiş jel görüntüsü (1, Lambda DNA/*Hind* III boylama markırı; 2, ND1; 3, Sitokrom b/D-Loop; 4, ND5/6)



Şekil 7. Beş farklı enzimle kesilen mtDNA - ND1 segmenti için gözlenen morflar (1, 100bp DNA markır; 2-4, *Hpa* II; 6-7, *Hinf* I; 9-10, *Hae* III; 11-12, *Ava* II ve 14-15, *Alu* I)



Şekil 8. Beş farklı enzimle kesilen mtDNA - Sitokrom b/D-Loop segmenti için gözlenen morflar (Üst jel: 1, 100bp DNA markır; 2-5, *Hpa* II; 7-10, *Hinf* I; 12-15, *Nci* I. Alt Jel: 1, 100bp DNA markır; 2-4, *Rsa* I; 6, 100bp DNA markır; 7-10, *Taq* I)



Şekil 9. Yedi farklı enzimle kesilen mtDNA - ND5/6 segmenti için gözlenen morflar (Üst Jel: 1, 100bp DNA markır; 2-5, *Hpa* II; 7-13, *Hinf* I. Orta jel: 1, 100bp DNA markır; 2-5, *Hae* III; 7-14, *Alu* I. Alt jel: 1, 100bp DNA markır; 2-5, *Ava* II; 7-8, *Xba* I ve 10-13, *Taq* I)



Tablo 6. Kahverengi alabalık populasyonlarında ND1, Sitokrom b/D-loop ve ND5/6 gen bölgesi için gözlenen kesim şekilleri ve yaklaşık kesim büyüklükleri

<b>ND1</b>											
Kesici Enzimler	<i>Hpa</i> II			<i>Hinf</i> I		<i>Hae</i> III		<i>Ava</i> II		<i>Alu</i> I	
	A	B	C	A	B	A	B	A	B	A	B
Parça	715	0	715	1025	1025	630	630	890	0	600	600
Büyüklükleri(bp)	510	510	510	555	0	530	530	0	710	465	0
	0	460	0	530	530	300	300	420	420	385	385
	450	450	450	0	465	225	0	310	310	0	280
	0	0	380			200	200	220	220	220	220
	0	255	0			0		0	180	0	185
	185	185	185					160	160	170	170
	130	130	130								
<b>Toplam</b>	<b>1990</b>	<b>1990</b>	<b>2370</b>	<b>2110</b>	<b>2020</b>	<b>1885</b>	<b>1660</b>	<b>2000</b>	<b>2000</b>	<b>1840</b>	<b>1840</b>
<b>Sitokrom b/D-Loop</b>											
Kesim morfları	<i>Hpa</i> II				<i>Hinf</i> I						
	A	B	C	D	A	B	C	D			
Parça	640	640	640	0	1350	1350	1350	0			
Büyüklükleri (bp)	575	0	0	0	0	0	0	1000			
	480	480	0	0	395	0	0	0			
	0	420	420	420	365	365	0	365			
	0	0	380	380	0	0	0	335			
	0	0	0	350	0	315	315	315			
	310	310	310	310	0	0	205	0			
	0	0	0	290	200	200	200	200			
	220	220	220	220	0	0	160	0			
	185	185	185	185							
	0	155	155	155							
	0	0	100	100							
<b>Toplam</b>	<b>2410</b>	<b>2410</b>	<b>2410</b>	<b>2410</b>	<b>2310</b>	<b>2230</b>	<b>2230</b>	<b>2230</b>			
<b>Sitokrom b/D-Loop'un devamı</b>											
<i>Nci</i> I				<i>Rsa</i> I			<i>Taq</i> I				
A	B	C	D	A	B	C	A	B	C	D	
1720	0	0	0	1150	0	0	1430	1430	0	0	
0	1110	1110	0	0	955	955	0	0	1030	1030	
0	850	850	850	435	435	435	620	0	0	0	
0	0	0	800	405	405	405	0	0	565	0	
0	430	0	0	300	300	0	465	465	0	465	
325	0	325	325	0	0	205	0	445	445	445	
0	0	0	310	135	135	135	0	0	390	390	
230	230	230	230	105	105	105	100	100	0	100	
				100	100	100					
<b>2275</b>	<b>2620</b>	<b>2515</b>	<b>2515</b>	<b>2630</b>	<b>2435</b>	<b>2340</b>	<b>2615</b>	<b>2440</b>	<b>2430</b>	<b>2430</b>	

Tablo 6'nin devamı

ND5/6															
<i>Hpa</i> II				<i>Hinf</i> I						<i>Hae</i> III				<i>Ava</i> II	
A	B	C	D	A	B	C	D	E	F	A	B	C	D	A	B
1375	0	0	0	975	0	0	0	0	0	790	790	0	0	1450	1450
0	1040	1040	0	0	860	0	0	0	0	660	660	660	660	0	0
725	725	725	725	0	0	790	0	0	0	0	0	540	0	0	0
0	0	0	560	0	0	0	670	0	0	520	520	520	520	745	0
0	0	0	480	0	0	0	535	535	535	0	0	0	495	0	520
0	290	0	290	0	0	465	0	465	465	0	0	0	315	0	235
280	280	280	280	390	390	390	390	390	390	0	0	250	0	0	0
0	0	260	0	265	265	265	265	265	265	185	0	0	0		
				235	235	0	235	235	235	160	160	160	160		
				200	200	200	0	200	0	0	115	115	115		
				0	0	0	0	0	180						
				160	160	160	160	160	160						
				0	115	0	0	0	0						
2380	2335	2305	2335	2225	2225	2270	2255	2250	2230	2315	2245	2245	2265	2195	2205

ND5/6'nin devamı															
<i>Ava</i> II		<i>Alu</i> I								<i>Xba</i> I		<i>Taq</i> I			
C	D	A	B	C	D	E	F	G	H	A	B	A	B	C	D
0	0	1055	0	0	0	0	0	0	0	1930	0	700	700	0	0
1290	0	0	900	900	0	0	0	0	0	0	1800	0	0	595	0
0	820	0	0	0	745	0	0	0	0	0	215	530	530	530	530
0	745	0	0	0	0	640	640	0	0			0	0	0	500
520	520	0	0	0	0	0	0	560	560			450	0	0	450
235	235	445	445	445	445	445	445	445	445			0	290	290	0
195	0	0	0	0	0	0	0	300	0			260	260	260	260
		250	250	250	250	250	0	250	250			260	260	260	260
		230	230	230	230	0	230	230	0			0	0	0	200
		0	230	0	0	0	0	0	0			0	150	150	0
		0	0	0	0	220	220	0	220			0	0	105	0
		210	0	210	210	210	210	210	210						
		0	0	0	0	200	200	0	200						
		0	0	0	0	180	180	0	180						
		0	130	130	130	0	0	130	0						
		0	0	0	115	115	115	0	115						
2240	2320	2190	2185	2165	2125	2260	2240	2125	2180	1930	2015	2200	2190	2190	2200

Sitokrom b/ D-loop gen bölgesinin *Hpa* II ile kesilmesiyle A morfundaki 575 bp'lik bantın B morfundaki 420 ve 155 bp'lik iki bant oluşturduğu, B morfundaki 480 bp'lik bantında kesilerek C morfundaki 380 ve 100 bp'lik iki bant oluşturduğu, D morfundaki 350 ve 290 bp'lik iki ekstra bantın C morfundaki 640 bp'lik bantın kesilmesiyle oluştuğu gözlenmiştir. Toplam dört adet morfa sahip *Hinf* I kesiminde B morfundaki 365 bp'lik kesim yeri kaybolarak C morfundaki 205 ve 160 bp'lik iki farklı kesim yeri olarak gözlenir. Ayrıca yine B morfundaki 1350 bp'lik en büyük fragmentin kesilmesiyle D morfundaki 1000 ve 335 bp'lik iki yeni kesim yeri kazandırdığı gözlenir. Sitokrom b/D-loop gen bölgesinin *Nci* I ve *Taq* I enzimleriyle kesimlerinde sırasıyla C morflarındaki 1110 ve 565 bp'lik parçaların D morflarında sırasıyla 800-310 ve 465-100 bp'lik ikişer bant oluşturduğu görülür (Tablo 6).

ND5/6 gen bölgesi de kesim parçacıkları oluşumu yönünden incelendiğinde *Hpa* II kesiminde D morfundaki 560 ve 480 bp'lik iki bantın B morfundaki 1040 bp'lik parçanın kesilmesiyle oluştuğu, *Hinf* I kesiminde B morfundaki 860 ve 115 bp'lik bantların A morfundaki 975 bp'lik parçanın kesilmesiyle oluştuğu, *Hae* III kesiminde C morfundaki 540 ve 250 bp'lik iki parçanın da B morfundaki 790 bp'lik parçanın kesilmesiyle oluştuğu gözlenmiştir. Aynı şekilde *Taq* I kesim şekillerine bakıldığında A morfundaki 700 bp'lik parçanın kaybolmasıyla D morfundaki 500 ve 200 bp'lik iki morfun ortaya çıktığı, B morfundaki 700 bp'lik parçanın kaybolmasıyla C morfundaki 595 ve 105 bp'lik iki ekstra bantın ortaya çıktığı gözlenmiştir. Diğer tüm parçaların tüm morflar tarafından paylaşıldığı görülmektedir (Tablo 6).

Morfların bir kısmında kazanılan parçaların büyüklükleri diğer morftaki kaybolan parça büyüklüğüne eşit olmadığından, geri kalan kesim yapılarını tamamıyla önceki paragraftaki şekliyle açıklamak mümkün olmamaktadır. ND1 gen bölgesinin *Hinf* I kesiminde A morfundaki bulunan 555 bp'lik parçanın kesilmesiyle B morfundaki 465 bp'lik parça oluşmuştur. Bu durum jelde gözükken 95 bp'lik diğer parçanın kayıt edilememiş olmasından kaynaklanmaktadır.

Sitokrom b/D-loop bölgesinin *Hinf* I kesiminde A morfundaki bulunan 395 bp'lik parça B morfundaki 315 bp'lik parçayı oluşturmuştur. Bu, A morfundaki parçadan 80 bp küçüktür. Aynı genin *Nci* I kesimi A morfundaki 1720 bp'lik parçanın kesilmesiyle C morfundaki 1110 ve 850 bp'lik iki parça gözlenmiş, fakat kesilen ana parçadan 230 bp'lik bir parçanın eksik olduğu görülmüştür.

ND 5/6 gen bölgesi *Hpa* II kesiminde A morfundaki 1375 bp'lik parçanın B morfundaki 1040 ve 290 bp'lik iki parça ürettiği ve bunların toplamının ana parçadan 45 bp eksik olduğu gözlenmiştir. *Ava* II kesim şeklinde ise B morfundaki 1450 bp'lik parçanın kesilmesiyle C morfundaki 1290 ve 195 bp'lik iki parça oluşmuş, fakat bu iki parçanın toplamının ana parçadan 35 bp daha büyük olduğu görülmüştür. Bu farklılıklar küçük moleküler ağırlıklı parçaların jelde görülememesinden, değerlendirmeye katılmamasından veya aynı büyüklükteki diğer bir parçayla jelde birlikte hareket etmesinden kaynaklanmıştır. Ayrıca kesim parçalarının doğru boyolanmamış olması da olası sebeplerdendir.

Gen bölgelerine göre kesici enzimlerin oluşturduğu bireye özel veya popülasyonda nadir olarak görülen parça şekillerinin dağılımına bakıldığında; *Hpa* II enzimiyle ND1 gen bölgesinin kesimi sonucunda oluşan C morfunun Çağlayan Deresi yerleşik bireylerinin %6,6'sı için nadir morf olduğu gözlenmiştir. Aynı gen bölgesinin Solaklı (Haldizen) örnekleri için *Alu* I kesiminin A morfunun, %11,5 oranında nadir morf olduğu, *Hae* III kesiminin B morfunun ise yalnız bir örnekte görülen özel morf olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca *Rsa* I kesimi A morfu ve *Taq* I kesimi A morfu Ceyhan (söğütlü) popülasyonunda gözlenen özel morflardır. ND 5/6 gen bölgesi için ise *Hinf* I kesimi C morfu Çoruh (Barhal) popülasyonu için özel morf olmuştur.

Morfların popülasyonlara göre dağılımına baktığımızda; ND1 gen bölgesinin *Hinf* I kesimi sonucunda oluşan B morfunun yalnızca Değirmendere (Altındere) örneklerinin tamamı için nadir ve ayırıcı olduğu gözlenmiştir. Sitokrom b/D-loop bölgesinin *Hinf* I kesimi D morfu, ND 5/6 bölgesinin *Hpa* II kesimi D morfu, *Hae* III kesiminin C morfu ve aynı gen bölgesinin *Alu* I kesiminin A morfu, Alara ve Eşen popülasyonları için nadir olarak görülen morflar olmuştur. *Alu* I enziminin ND5/6 gen bölgesini kesmesiyle oluşan D morfu yalnız Fırat (Göksu) popülasyonunda gözlenmiştir.

Morfların havzalar arası dağılımı incelendiğinde; Sitokrom b/D-loop bölgesinin *Rsa* I kesimi sonucunda, Akdeniz ve Fırat - Dicle Havzası örneklerinin tamamı B morfuna sahipken, Karadeniz, Marmara ve Hazar drenaj örneklerinin tamamının C morfuna sahip olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca ND 5/6 gen bölgesinin *Hpa* II enzimiyle kesilmesiyle oluşan A morfu ve *Hae* III kesimiyle oluşan D morfu Hazar havzası örnekleri için, *Ava* II kesimiyle oluşan A morfu ise Karadeniz ve Marmara havzası örnekleri için belirleyici morflar olmuştur.

Arttırılmış üç gen bölgesinin kesici enzimlerle kesilmesi sonucunda çalışılan 726 örneğin her birinde gözlenen morfların birleştirilmesiyle 31 haplotip elde edilmiştir. Haplotiplerin kesim şekli Tablo 7’de, haplotiplerin popülasyonlara göre dağılımı Tablo 8’de ve havzalara göre frekans dağılımları Şekil 10’da verilmiştir. Popülasyonların hepsinde gözlenen herhangi bir haplotipe rastlanmamıştır. En fazla gözlenen haplotipler M2 (%30,3), M25 (% 12,95), M31 (% 7,58) ve M3 (%7,30) olmuştur. En fazla haplotip Kapisre (dere) ve Çoruh (Barhal) istasyonlarında bulunmuştur (sırasıyla 7 ve 6 farklı haplotip). Her bir popülasyondaki haplotip miktarı 1 ile 7 arasında değişim göstermiş ve ortalama olarak her bir popülasyon için 2,4 olarak gerçekleşmiştir. En yaygın haplotip olan M2 tüm örneklerin 220’sinde gözlenmiştir. Haplotiplerin 12’si beş ve daha az bireyde görülmüştür.

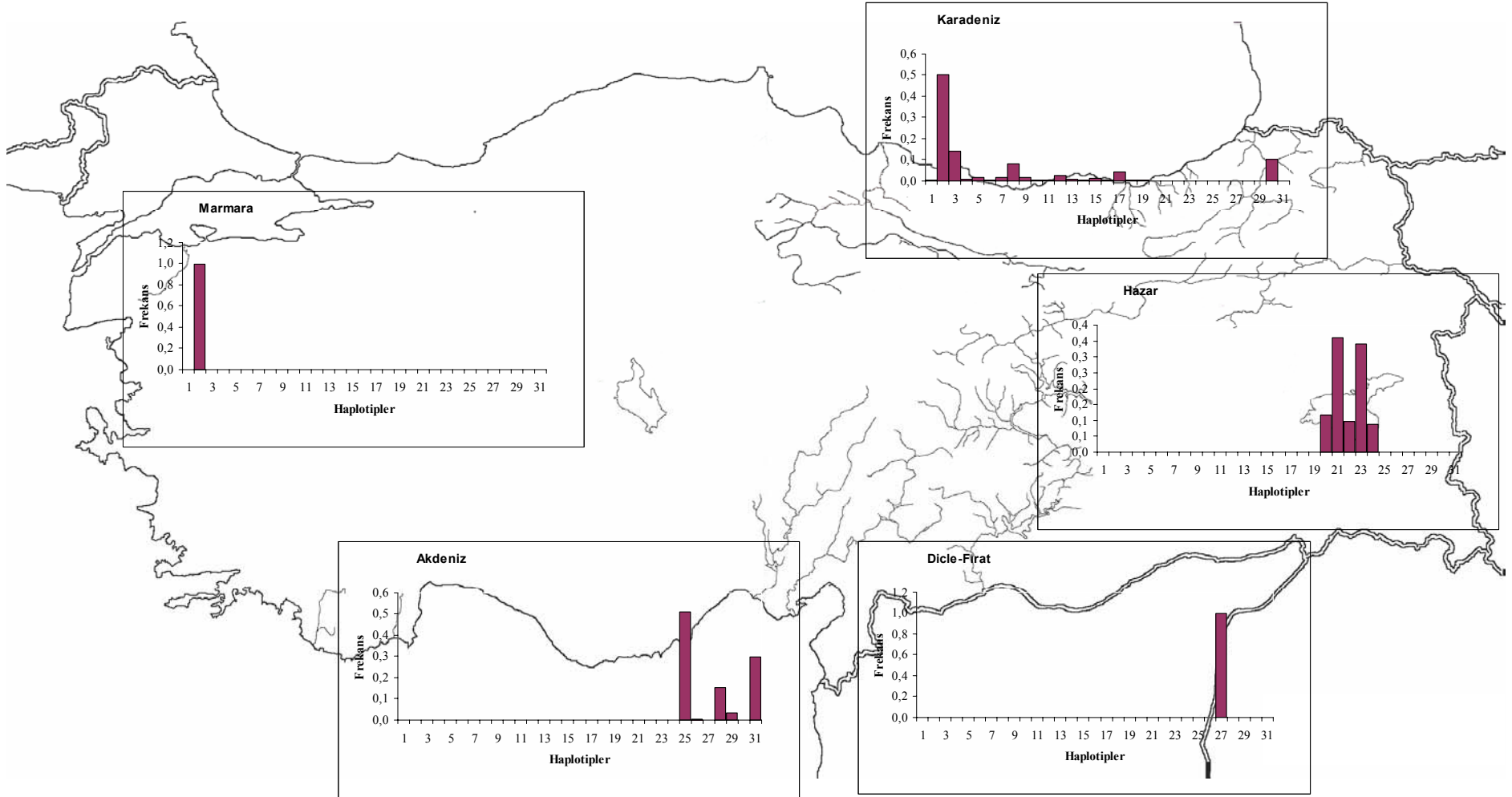
Toplam frekansları 0,001-0,303 arasında değişen haplotiplerin 20 adedi Karadeniz, 5 adedi Hazar, 1 adedi Marmara, 1 adedi Fırat - Dicle ve 5 adedi Akdeniz havzalarına ait örneklerde gözlenmiştir. M6, M10, M14, M16, M18, M19 ve M26 haplotipleri sırasıyla Solaklı (Haldizen), Fırtına (dere), Çağlayan (deniz), Kapisre (dere), Çoruh (Barhal), Çoruh (Tekkale) ve Ceyhan (Söğütlü) popülasyonları için özel haplotipler olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Solaklı (dere), Solaklı (Haldizen), Değirmendere (Altındere), Çağlayan (dere), Kapisre (dere), Kura (Alabalık), Kura (Toro), Aras (Ortaköy), Fırat (Göksu) ve Alakır popülasyonları, frekansları 0,08-1,00 arasında değişen nadir haplotiplere sahip olduğu gözlenmiştir.

Tablo 7. Çalışılan populasyonlarda bulunan mitokondriyal haplotiplerin kesim şekli kompozisyonu

mtDNA Tipleri	ND 1					Sitokrom b/D-Loop					ND5/6						
	<i>Hpa</i> II	<i>Hinf</i> I	<i>Hae</i> III	<i>Ava</i> II	<i>Alu</i> I	<i>Hpa</i> II	<i>Hinf</i> I	<i>Nci</i> I	<i>Rsa</i> I	<i>Taq</i> I	<i>Hpa</i> II	<i>Hinf</i> I	<i>Hae</i> III	<i>Ava</i> II	<i>Alu</i> I	<i>Xba</i> I	<i>Taq</i> I
M1	A	A	A	B	B	D	B	D	C	D	C	E	B	A	F	B	D
M2	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	E	B	A	E	B	D
M3	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	E	B	A	F	B	D
M4	B	A	A	A	A	B	C	C	B	D	B	A	B	B	G	A	B
M5	A	A	A	B	B	A	C	A	B	D	B	B	A	D	G	A	C
M6	B	A	B	A	B	B	A	B	B	C	B	A	B	B	G	A	B
M7	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	F	B	A	F	B	D
M8	A	B	A	B	B	D	B	D	C	D	C	E	B	A	F	B	D
M9	A	A	A	B	B	C	B	C	C	B	C	E	B	A	E	B	D
M10	B	A	A	A	B	B	C	C	B	D	B	A	B	B	G	A	B
M11	C	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	E	B	A	E	B	D
M12	A	A	A	B	B	D	B	D	C	D	C	E	B	A	E	B	D
M13	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	E	B	A	H	B	D
M14	A	A	A	B	B	A	B	A	B	D	C	B	A	D	G	A	C
M15	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	F	B	A	E	B	D
M16	A	A	A	B	B	C	B	C	C	B	C	E	B	A	F	B	D
M17	A	A	A	B	B	D	B	D	C	D	C	D	B	A	F	B	D
M18	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	C	B	A	F	B	A
M19	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	C	D	B	A	F	B	D
M20	A	A	A	B	B	C	B	C	C	C	A	E	D	A	F	B	D
M21	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	A	E	D	A	F	B	D
M22	A	A	A	B	B	D	B	D	C	D	A	E	D	A	F	B	D
M23	A	A	A	B	B	C	B	C	C	D	B	E	D	A	F	B	D
M24	A	A	A	B	B	C	B	C	C	B	B	E	D	A	F	B	A
M25	A	A	A	B	B	B	B	C	B	B	D	E	A	C	B	A	A
M26	A	A	A	B	B	B	A	B	A	A	D	E	A	C	B	A	A
M27	A	A	A	B	B	B	B	C	B	B	D	E	B	C	D	A	A
M28	A	A	A	B	B	B	B	C	B	B	D	E	A	B	C	A	A
M29	A	A	A	B	B	B	D	C	B	D	B	E	C	C	A	A	A
M30	A	A	A	B	B	D	B	D	C	D	C	D	A	A	F	B	D
M31	A	A	A	B	B	A	B	A	B	B	D	E	B	C	C	A	A

Tablo 8. Kahverengi alabalık populasyonlarında morfların frekans dağılımları

Haplotip (M)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	Toplam
Solaklı-dere	2	10	13																													25
Solaklı-Haldız.		16		3	6	1																										26
Solaklı-deniz		1	1				1																									3
Altındere								31																								31
İyidere-dere		19	10						2																							31
İyidere-deniz		7	1						1																							9
Fırtına-dere		24	5							1																						30
Fırtına-deniz		24	8																													32
Çağlayan-dere		22	3								2	3																				30
Çağlayan-deniz		23	5										1	1																		30
Kapisre-dere		10	5				6	2				1			5	1																30
Kapisre-deniz								2																								2
Barhal		19	2									6	2					1	1													31
Tekkale		15															15		1													31
Alabalık																					12	18										30
Toro																						19	10	1								30
Keklik çayı																							30									30
Ortaköy çayı																							4	9								13
Fırınz																									30							30
Hurman																									30							30
Söğütlü																									29	1						30
Göksu																											30					30
Alakır																												28				28
Alara																													2			2
Eşen																													4			4
Gönen-Kilise d.		30																														30
Abant																														30		30
Almus																														8		8
Karagöz																										5					25	30
Şerefiye																															30	30
Genel	2	220	53	3	6	1	7	31	7	1	2	10	3	1	5	1	16	1	1	12	37	10	35	9	94	1	30	28	6	38	55	726



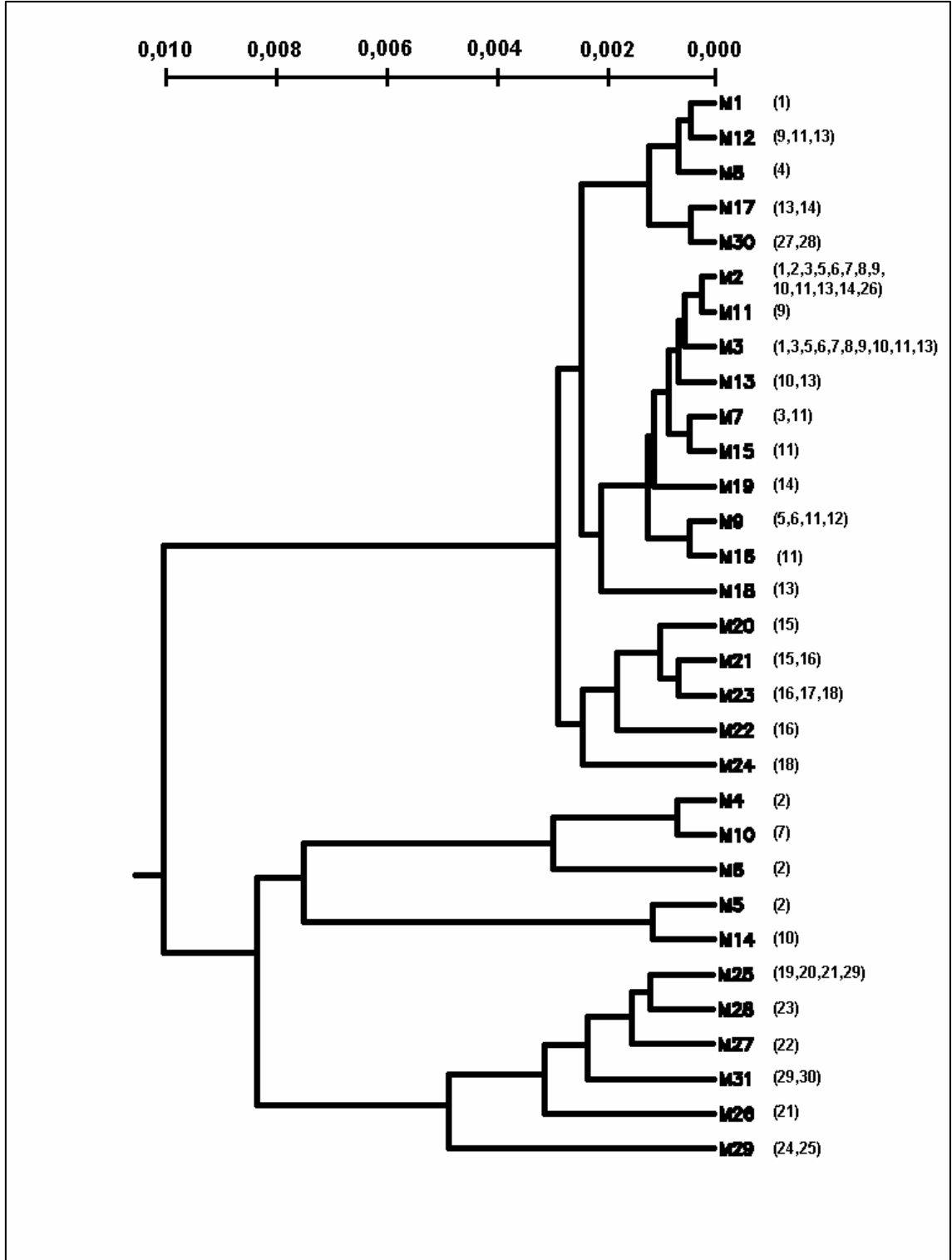
Şekil 10. Başlıca havzalara göre mitokondriyal haplotiplerin frekans dağılımları



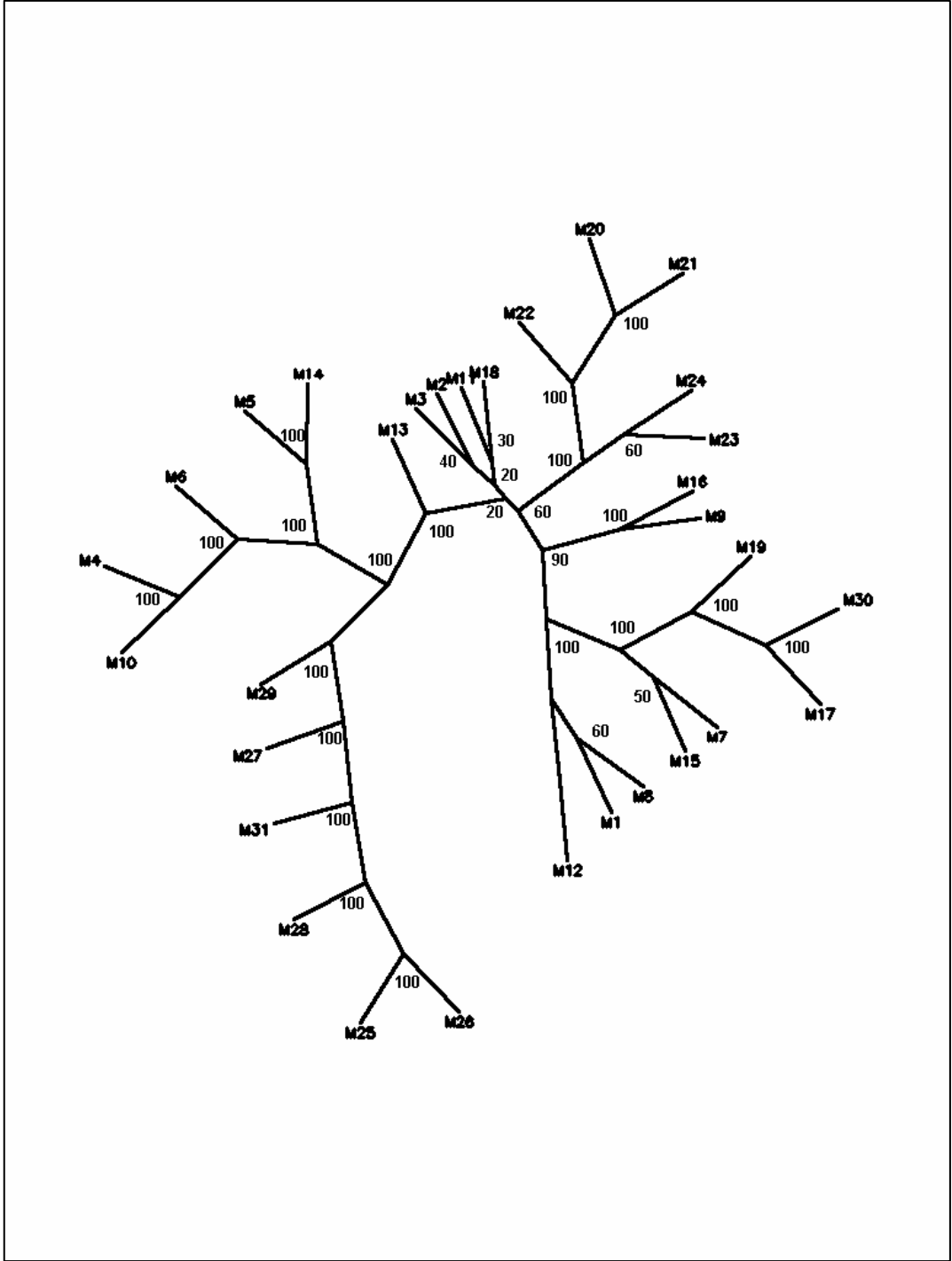
### 3.1.2. Nukleotit Farklılığı

Haplotipler arası nukleotit farklılığı 'd' REAP bilgisayar paket programının (McElroy vd., 1991) D seçeneği kullanılarak hesaplanmıştır. Bu program her bir haplotip için nukleotit ikame değer matrisini oluşturmak amacıyla kesim parçacığı ve kesici enzimin tanıdığı nukleotit dizi uzunluğunu kullanmıştır. Buradan elde edilen matris, PHYLIP (Felsenstein, 1993) paket programının NEIGHBOUR ve DRAWGRAM seçenekleri kullanılarak oluşturulan dendogramda özetlenmiştir. Şekil 11'de verilen haplotipler arası genetik ilişkiye bakıldığında Türkiye kahverengi alabalık populasyonlarının Tuna ve Adriyatik olmak üzere iki ana gruba ayrıldığı gözlenmiştir. Ayrıca bu grupların ayrı ayrı yapısı incelendiğinde, ilkinin, Hazar havzası, göl formu ve Karadeniz ve Marmara havzasının içinde bulunduğu üç ayrı alt gruba bölündüğü gözlenmektedir. Akdeniz ve Basra havzaları da ikinci grubu oluşturmuştur.

Haplotipler arasındaki ilişki ayrıca Wagner-Parsimoni metodu kullanılarak incelenmiştir. Haplotiplerdeki kesici enzimler için kesim parçacığının bulunuşu veya bulunmayışı 1 veya 0 olarak kayıt edilmiştir. Bu şekilde her bir haplotip için elde edilen karakterlerin sekansı PHYLIP paket programı (Felsenstein, 1993)'nin SEQBOOT seçeneği kullanılarak 1000 kez bootstrapped ve buradan elde edilen çıktı Wagner-Parsimoni ağacı oluşturmak için aynı paket programın MIX seçeneğinde kullanılmıştır. Burada SEQBOOT seçeneğinden gelen bootstrapped data setleri için çok fazla miktarda köksüz Wagner-Parsimoni ağaçları oluşturulmuş ve CONSENSE seçeneği kullanımıyla da her bir nodun bulunma yüzdesini içeren köksüz uzlaş (consensus) dendogramı oluşturulmuştur (Şekil 12). Şekil 11'deki UPGMA ağacında olduğu gibi iki soy grubuna ait yapılanma burada da gözlenmiştir.



Şekil 11. Nukleotit farklılıklarına göre mitokondriyal haplotiplerin UPGMA dendogramı (M1-30), Morflar; 1, Solaklı (dere); 2, Solaklı (Haldizen); 3, Solaklı (deniz); 4, Değirmendere (Altındere); 5, İyidere (dere); 6, İyidere (deniz); 7, Fırtına (dere); 8, Fırtına (deniz); 9, Çağlayan (dere); 10, Çağlayan (deniz); 11, Kapisre (dere); 12, Kapisre (deniz); 13, Çoruh (Barhal); 14, Çoruh (Tekkale); 15, Kura (Alabalık); 16, Kura (Toro); 17, Aras (Keklik); 18, Aras (Ortaköy); 19, Ceyhan (Fırnız); 20, Ceyhan (Hurman); 21, Ceyhan (Söğütlü); 22, Fırat (Göksu); 23, Alakır; 24, Alara; 25, Eşen; 26, Gönen (Kilisedere); 27, Abant; 28, Almus; 29, Seyhan (Karagöz); 30, Seyhan (Şerefiye))

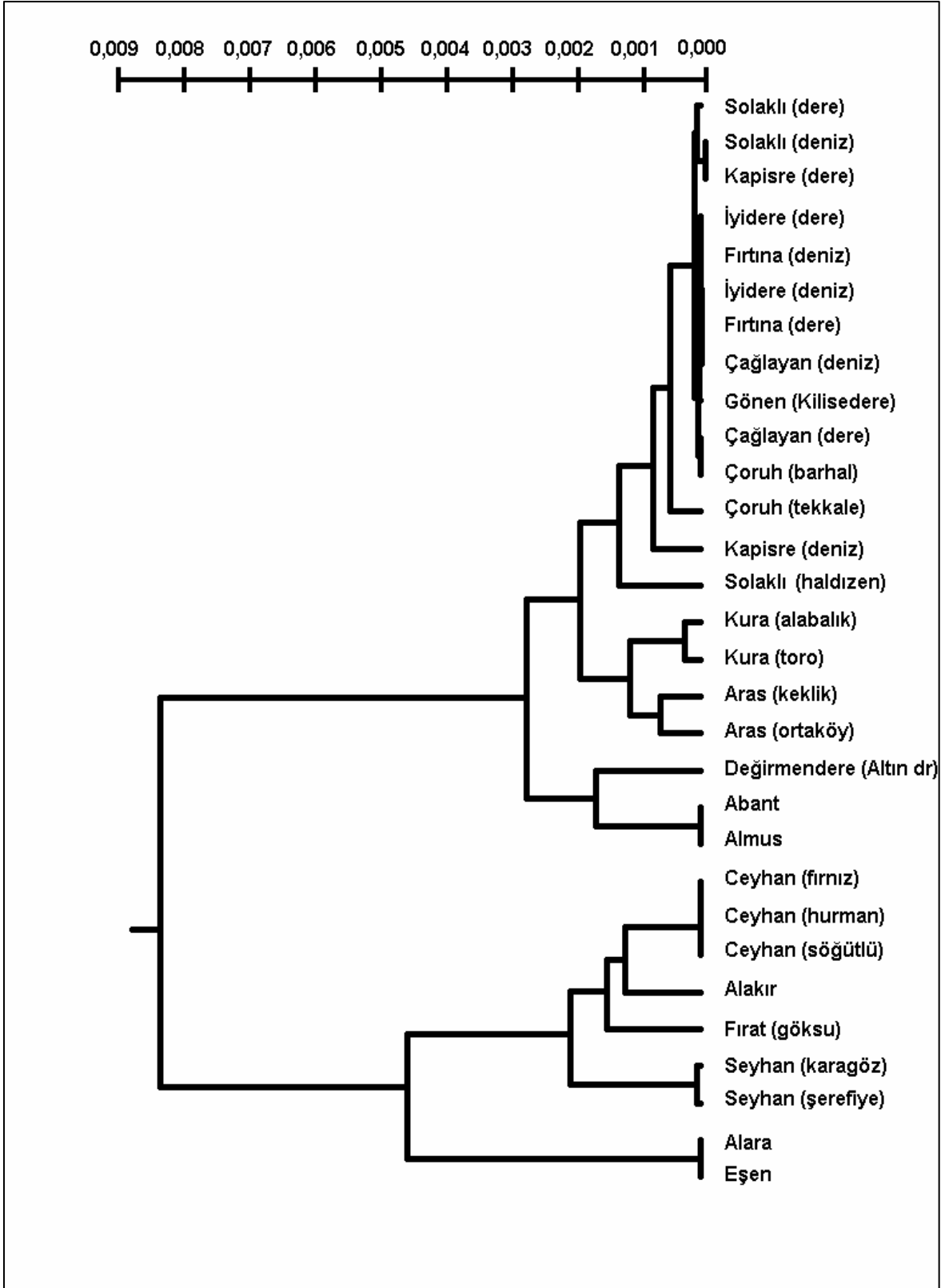


Şekil 12. Türkiye kahverengi alabalık popülasyonlarından mitokondriyal haplotiplerin köksüz Wagner - Parsimony majority-rule consensus ağacı (Nodlar arasındaki rakamlar 1000 tekrar sonrası oluşan grupların bulunma oranlarını yüzde (%) olarak ifade etmektedir)

### 3.1.3. Haplotip ve Nukleotit Çeşitliliği

Populasyon çiftleri arasındaki nukleotit farklılığı ve populasyonlar içindeki haplotip ve nukleotit çeşitliliği REAP paket programı (McElroy vd., 1991)'nin DA seçeneğinin kullanımıyla hesaplanmıştır. Program farklı populasyonlardaki haplotiplerin frekans dağılımlarıyla birlikte aynı programın D seçeneği tarafından hesaplanan nukleotit farklılığı değerini kullanmaktadır. REAP programının (McElroy vd., 1991) D seçeneğinde olduğu gibi DA seçeneği tarafından hesaplanan populasyon çiftlerine ait matris değerleri PHYLIP programının (Felsenstein, 1993) NEIGHBOUR ve DRAWGRAM seçeneğinin kullanımıyla özetlenmiş ve bunu gösteren dendogram Şekil 13'de gösterilmiştir. Populasyonlar arası sekans farklılığına göre oluşturulan dendograma bakıldığında, haplotiplerin dağılımında olduğu gibi populasyonların da iki farklı ana gruba bölüdüğü net bir şekilde ortaya çıkmıştır.

Populasyonlar içindeki haplotip ve nukleotit çeşitliliği Tablo 9'da sunulmuştur. Düşük standart sapmayla en yüksek haplotip çeşitliliği  $0,8000 \pm 0,02636$ 'lık değerle Kapisre (dere) populasyonunda, en yüksek nukleotit çeşitliliği ise  $0,011659$ 'luk değerle Solaklı (haldizen) populasyonunda gözlenmiştir. Tüm populasyonlar için populasyonlar içi ortalama haplotip ve nukleotit çeşitliliği sırasıyla  $0,2702 \pm 0,00250$  ve  $0,000976 \pm 0,0000002$ , populasyonlar arası ortalama nukleotit çeşitliliği  $0,010101 \pm 0,0000001$  ve nukleotit farklılığı  $0,009126 \pm 0,0000001$  olarak hesaplanmıştır.



Şekil 13. Populasyonlar arası tahmin edilen sekans farklılığına göre UPGMA dendogramı

Tablo 9. Türkiyedeki kahverengi alabalık populasyonlar için mtDNA haplotip ve nukleotit çeşitliliği

<b>Populasyonlar</b>	<b>Haplotip çeşitliliği</b>	<b>Nukleotit çeşitliliği</b>
1 Solaklı-dere	0,5747 ± 0,03638	0,000861
2 Solaklı-Haldızın	0,5641 ± 0,06129	0,011659
3 Solaklı-deniz	0,8000 ± 0,12172	0,001197
4 Altındere	0,0000 ± 0,00000	0,000000
5 İyidere-dere	0,5246 ± 0,04508	0,000569
6 İyidere-deniz	0,3922 ± 0,13263	0,000496
7 Fırtına-dere	0,3367 ± 0,06829	0,001496
8 Fırtına-deniz	0,3810 ± 0,05477	0,000343
9 Çağlayan-dere	0,4452 ± 0,07362	0,000729
10 Çağlayan-deniz	0,3887 ± 0,07044	0,001558
11 Kapisre-dere	0,8000 ± 0,02636	0,001313
12 Kapisre-deniz	0,0000 ± 0,00000	0,000000
13 Barhal	0,5859 ± 0,06209	0,001574
14 Tekkale	0,5394 ± 0,02315	0,002600
15 Alabalık	0,4881 ± 0,02775	0,000667
16 Toro	0,4949 ± 0,04416	0,001340
17 Keklik çayı	0,0000 ± 0,00000	0,000000
18 Ortaköy çayı	0,4431 ± 0,07353	0,001253
19 Fırın	0,0000 ± 0,00000	0,000000
20 Hurman	0,0000 ± 0,00000	0,000000
21 Söğütlü	0,0655 ± 0,04329	0,000247
22 Göksu	0,0000 ± 0,00000	0,000000
23 Alakır	0,0000 ± 0,00000	0,000000
24 Alara	0,0000 ± 0,00000	0,000000
25 Eşen	0,0000 ± 0,00000	0,000000
26 Gönen-Kilisedere	0,0000 ± 0,00000	0,000000
27 Abant	0,0000 ± 0,00000	0,000000
28 Almus	0,0000 ± 0,00000	0,000000
29 Karagöz	0,2825 ± 0,06449	0,001368
30 Şerefiye	0,0000 ± 0,00000	0,000000
<b>Ortalama</b>	<b>0,2702 ± 0,00250</b>	<b>0,000976 ± 0,0000002</b>

### 3.1.4. Genetik Varyans Bileşenleri

Varyans bileşenlerinin hiyerarşik dağılımının analizi için ARLEQUIN bilgisayar programının (Schneider vd., 2000) AMOVA alt seçeneği kullanılarak moleküler varyans analizi yapılmıştır. Havzalara ve alt türlere göre gruplandırılmış populasyonlardaki gruplar arası, gruplar içi, populasyonlar arası ve populasyonlar içi varyans bileşenleri 'P' değerini almak için 1000 kez permutasyon kullanımıyla null dağılımına karşı test edilmiş ve sonuçlar Tablo 10'da sunulmuştur.

mtDNA verilerinin AMOVA analizi, kahverengi alabalık populasyonları arasında yüksek seviyede genetik yapılanma göstermiştir. Populasyonların havzalara göre sınıflandırılması sonucunda (1, Karadeniz; 2, Marmara; 3, Hazar; 4, Akdeniz; 5, Basra), gruplar arasında %73,65, gruplar içi populasyonlar arasında %18,01 ve populasyonlar içinde %8,34 mtDNA varyasyonu bulunmuştur. Ayrıca populasyonlar alt türlerine göre sınıflandırılmış (1, *Salmo trutta labrax*; 2, *S. trutta fario*; 3, *S. trutta caspius*; 4, *S. trutta macrostigma* ve 5, *S. trutta abanticus*) ve gruplar arası varyasyon %42,59, gruplar içi populasyonlar arası varyasyon %47,41 ve populasyonlar içi varyasyon %10 mtDNA varyasyonu şeklinde gerçekleşmiştir. Her iki karşılaştırma için varyans bileşenlerinin istatistiki olarak önemli olduğu bulunmuştur ( $P < 0,001$ ).

Tablo 10. Populasyonlar arası moleküler varyans analizi (AMOVA) ve  $\Phi$ - istatistik değerleri (Excoffier vd., 1992).

Alan	Varyans bileşenleri			$\Phi$ - istatistik		
	Gruplar arası ( $V_a$ )	Populasyonlar arası (gruplar içi) ( $V_b$ )	Populasyonlar içi ( $V_c$ )	$\Phi_{CT}$	$\Phi_{SC}$	$\Phi_{ST}$
Drenajlar	9,726 (%73,65)	2,379 (%18,01)	1,101 (%8,34)	0,737***	0,684***	0,917***
Alt türler	4,690 (%42,59)	5,220 (%47,41)	1,101 (%10,00)	0,426***	0,826***	0,900***

\*\*\* $P < 0,001$ , \*\* $P < 0,01$ , \* $P < 0,05$

### 3.1.5. Populasyonlar Arası $\chi^2$ Testi

Populasyonlar arası genetik heterojenite REAP paket programı (McElroy vd., 1991)'nin MONTE seçeneği kullanılarak test edilmiştir. Bu program Rolf ve Bentzen (1989) tarafından tanımlanan Monte-Carlo simülasyonu yoluyla haplotiplerin populasyonlardaki dağılımının önemliliğini yani coğrafik heterojenitenin miktarını  $\chi^2$  analiz yöntemini kullanarak test eder. Bu çalışmada tüm testler için 1000 kez tesadüflendirme yöntemi uygulanmıştır. Monte-carlo simülasyonu populasyonlar arası haplotip frekans dağılımında ( $\chi^2=8647,20$ ,  $P < 0,001$ ) önemli derecede heterojenite olduğunu göstermiştir. Populasyon çiftlerinin karşılıklı karşılaştırılması sonuçları ve önemlilik dereceleri Tablo 11'de verilmiştir. Karşılıklı populasyon çiftleri arasındaki  $\chi^2$  değerlerine bakıldığında 0,00 – 62,00 arasında değiştiği ve çoğu populasyon için istatistiki olarak önemli olduğu ( $P < 0,001$ ) saptanmıştır.

Tablo 11. Kahverengi alabalık populasyonları arasında haplotip frekanslarının homojenitesi için pairwise testi

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Solaklı (dere)	1	-	26,38***	8,79	56***	6,62	8,07*	11,96**	8,22**	17,44***	12,32**	20,27***	27,00***	22,47***	31,72***	55,00***
		55,00***	55,00***	38,00***	55,00***	55,00***	55,00***	55,00***	53,00***	27,00***	29,00***	24,75***	55,00***	33,00***	55,00***	55,00***
Solaklı (Haldizen)	2	-	-	18,85*	57,00***	21,99***	9,51	17,40***	9,18***	18,76***	18,06***	31,26***	28,00**	21,99***	25,79***	56,00***
		56,00***	56,00***	38,00***	55,00***	55,00***	55,00***	55,00***	53,00***	27,00***	29,00***	24,75***	55,00***	33,00***	55,00***	55,00***
Solaklı (deniz)	3	-	-	-	34,00***	10,89	4,67	11,30*	11,41	12,35	11,32	1,55	5,00	13,90	22,35*	33,00***
		33,00***	33,00***	16,00**	33,00***	33,00***	33,00***	33,00***	31,00***	5,00	7,00*	21,29**	33,00***	11,00**	33,00***	33,00***
Değirmendr (Altındere)	4	-	-	-	-	62,00***	40,00***	61,00***	63,00***	61,00***	61,00***	61,00***	3,00***	62,00***	62,00***	61,00***
		61,00***	61,00***	44,00***	61,00***	61,00***	61,00***	61,00***	59,00***	33,00**	35,00***	61,00***	61,00***	39,00***	61,00***	61,00***
İyidere (dere)	5	-	-	-	-	-	1,63	5,23	2,79	10,98**	6,03	7,45***	15,44*	17,33***	28,47***	61,00***
		61,00***	61,00***	44,00***	61,00***	61,00***	61,00***	61,00***	59,00***	33,00**	35,00***	14,46***	61,00***	39,00***	61,00***	61,00***
İyidere (deniz)	6	-	-	-	-	-	-	3,78	4,18	4,86	4,07	4,68	6,52	6,84	12,63**	39,00***
		39,00***	39,00***	22,00***	39,00***	39,00***	39,00***	39,00***	37,00***	11,00*	13,00**	7,03*	39,00***	17,00***	39,00***	39,00***
Fırtına (dere)	7	-	-	-	-	-	-	-	1,63	6,59	3,02	21,76***	32,00***	12,85**	24,07***	60,00***
		60,00***	60,00***	43,00***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	6,67*	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Fırtına (deniz)	8	-	-	-	-	-	-	-	-	7,30*	2,65	21,41***	34,00**	14,17***	26,07***	62,00***
		62,00***	62,00***	45,00***	62,00***	62,00***	62,00***	62,00***	60,00***	34,00**	36,00***	8,61**	62,00***	40,00***	62,00***	62,00***
Çağlayan (dere)	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	7,52	22,00***	32,00**	7,41	25,31***	60,00***
		60,00***	60,00***	43,00***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	9,23**	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Çağlayan (deniz)	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	22,12***	32,00**	10,99*	24,67***	60,00***
		60,00***	60,00***	43,00***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	7,92*	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Kapisre (dere)	11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	14,93	25,64***	36,99***	60,00***
		60,00***	60,00***	43,00***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	30,00***	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Kapisre (deniz)	12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	33,00***	33,00**	32,00**
		32,00**	32,00**	15,00**	32,00***	32,00***	32,00**	32,00**	30,00***	4,00	6,00	32,00**	32,00**	10,00*	32,00***	32,00***
Çoruh (Barhal)	13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	24,72***	61,00***
		61,00***	61,00***	44,00***	61,00***	61,00***	61,00***	61,00***	59,00***	33,00**	35,00***	14,46***	61,00***	39,00***	61,00***	61,00***
Çoruh (Tekkale)	14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	61,00***
		61,00***	61,00***	44,00***	61,00***	61,00***	61,00***	61,00***	59,00***	33,00**	35,00***	20,99***	61,00***	39,00***	61,00***	61,00***
Kura (Alabalık)	15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
		23,03***	60,00***	43,00***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***



Tablo 11'in devamı

Populasyonlar	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	
Kura (Toro)	16	-	56,13***	39,21***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Aras (Keklik)	17	-	-	26,27***	60,00***	60,00***	60,00***	60,00***	58,00***	32,00***	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Aras (Ortaköy)	18	-	-	-	43,00***	43,00***	43,00***	43,00***	41,00***	15,00*	17,00***	43,00***	43,00***	21,00***	43,00***	43,00***
Ceyhan (Fırnız)	19	-	-	-	-	0,00	1,02	60,00***	58,00***	32,00**	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	42,86***	60,00***
Ceyhan (Hurman)	20	-	-	-	-	-	1,02	60,00***	58,00***	32,00***	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	42,86***	60,00***
Ceyhan (Sögütlü)	21	-	-	-	-	-	-	60,00***	58,00***	32,00***	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	42,94***	60,00***
Fırat (Göksu)	22	-	-	-	-	-	-	-	58,00***	32,00**	34,00***	60,00***	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Alakır	23	-	-	-	-	-	-	-	-	30,00**	32,00***	58,00***	58,00***	36,00***	58,00***	58,00***
Alara	24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,00	32,00***	32,00**	10,00*	32,00**	32,00**
Eşen	25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	34,00***	34,00***	12,00***	34,00***	34,00***
Gönen (Kilisedere)	26	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	60,00***	38,00***	60,00***	60,00***
Abant	27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,00	60,00***	60,00***
Almus	28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	38,00***	38,00***
Seyhan (Karagöz)	29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5,45
Seyhan (Şerefîye)	30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

$\chi^2$  önemliliği Monte Carlo yöntemi (Roff ve Bentzen, 1989) kullanılarak tahmin edildi. Orjinal matriksin  $\chi^2$  değerleri tablolaştırıldı.

\*\*\*P<0,001, \*\*P<0,01, \*P<0,05

### 3.1.6. Populasyonlar Arası Genetik Farklılık ve Gen Akışı

Karşılıklı populasyon çiftleri arasındaki  $F_{ST}$  değerleri ve önemlilik dereceleri ARLEQUIN bilgisayar programının (Schneider vd., 2000) kullanımıyla hesaplanmış ve sonuçlar Tablo 12’de verilmiştir. Populasyon çiftlerine ait  $F_{ST}$  değerleri -0,137-1,00 arasında değişim göstermiştir. Negatif  $F_{ST}$  değerleri genetik olarak çok yakın populasyonlar arasında gözlenmiştir.

AMOVA (Excoffier vd., 1992) kullanımıyla aynı populasyon çiftleri için  $\Phi_{ST}$  değerleri hesaplanmıştır. Değerler genel olarak haploit  $F_{ST}$  değerleriyle benzerlik göstermekte olup Ek Tablo 2’de verilmiştir. Değerlerin önemliliği 1000 kez permutasyon kullanımıyla test edilmiştir.

Gen akışının hesaplanmasında mitokondriyal  $F_{ST}$  değerlerini kullanmak için Wright (1951)’in  $F_{ST} = 1/(1+4N_e m)$  eşitliği “ $N_e m = (1/F_{ST})-1/2$ ” olarak modifiye edilmiş ve bu formülün kullanımıyla her bir generasyon için kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki gen akış matrisi hesaplanmıştır (Tablo 13). Negatif  $F_{ST}$  değerleri için populasyonlar arası gen akışının hesaplanması anlamsız olduğundan Tablo 14’de rakam yerine sonsuz işareti ( $\infty$ ) kullanılmıştır. Bir jenerasyon için populasyon çiftleri arasındaki en büyük gen akışı İyidere (deniz) ve İyidere (dere) populasyonları arasında gözlenmiştir ( $N_e m = 90,153$ ). İkinci sıradaki en büyük değer Fırtına (dere) ve İyidere (dere) populasyonları arasında olmuştur ( $N_e m = 48,782$ ).

Populasyon çiftlerine ait  $F_{ST}$  değerleriyle coğrafik mesafe arasındaki korelasyon MANTEL test (Mantel, 1967) kullanılarak araştırılmıştır. Coğrafik mesafeler, denizle bağlantılı populasyonların, örnekleme yapıldığı noktadan sahile olan su yolu mesafesi ve kıyı boyu uzunluğu 1/25.000 ölçekli harita üzerinde yaklaşık olarak hesaplanmıştır. Yaklaşık 2000 km ve daha uzak olan populasyonların arasında iki ayrı test uygulanmıştır. Karadeniz havzası populasyonları ve Marmara havzası populasyonu (Gönen-Kilisedere) arasında yapılan testte, coğrafik mesafe ve genetik farklılık arasında ilişki olmadığı ( $R^2 = 0,0136$ ,  $P = 0,176$ ) tespit edilmiştir. Ayrıca Karadeniz, Marmara ve Akdenize dökülen nehirlerden toplanan örnekler için yapılan bu test sonucunda oluşan korelasyon “ $y = 0,0002x + 0,3491$ ”, ( $R^2 = 0,4893$ ,  $P < 0,001$ ) şeklinde bulunmuştur (Şekil 14).

Tablo 12. Kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki Mitokondriyal DNA varyasyonu için haploit  $F_{ST}$  (Weir ve Cockerham, 1984) istatistik değerleri.

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Solaklı (dere)	1	0,000														
Solaklı (haldızın)	2	0,280***	0,000													
Solaklı (deniz)	3	-0,053	0,076	0,000												
Değir. dr. (Altındere)	4	0,896***	0,568***	0,981***	0,000											
İyidere (dere)	5	0,087*	0,298***	0,140	0,933***	0,000										
İyidere (deniz)	6	0,198*	0,177*	0,283	0,976***	0,006	0,000									
Fırtına (dere)	7	0,117**	0,240**	0,057	0,863***	0,010	-0,040	0,000								
Fırtına (deniz)	8	0,157**	0,306***	0,314	0,959***	-0,009	0,018	-0,006	0,000							
Çağlayan (dere)	9	0,201***	0,290***	0,269*	0,914***	0,082*	-0,005	0,018	0,057*	0,000						
Çağlayan (deniz)	10	0,114***	0,237**	0,051	0,857***	0,012	-0,039	-0,023	-0,003	0,016	0,000					
Kapisre (dere)	11	0,109**	0,291***	-0,137	0,857***	0,097**	0,094	0,103***	0,139**	0,161***	0,102***	0,000				
Kapisre (deniz)	12	0,639**	0,093	0,655	1,000***	0,670*	0,679*	0,444	0,796***	0,630*	0,431*	0,447**	0,000			
Çoruh (barhal)	13	0,150**	0,274***	0,123	0,803**	0,124***	0,048	0,070**	0,120**	0,013	0,064**	0,149***	0,424*	0,000		
Çoruh (Tekkale)	14	0,291***	0,321***	0,170	0,627***	0,385***	0,321**	0,344***	0,413***	0,342***	0,338***	0,297***	0,438**	0,217***	0,000	
Kura (Alabalık)	15	0,801***	0,506***	0,809***	0,952***	0,842***	0,850***	0,774***	0,871***	0,839***	0,771***	0,772***	0,885***	0,768***	0,714***	0,000

Tablo 12'nin devamı

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Kura (Toro)	16	0,723***	0,488***	0,687***	0,878***	0,779***	0,757***	0,722***	0,806***	0,772***	0,719***	0,714***	0,790**	0,696***	0,622***	0,326***
		0,000														
Aras (Keklik)	17	0,860***	0,473***	0,969***	1,000***	0,901***	0,965***	0,804***	0,939***	0,892***	0,801***	0,804***	1,000**	0,794***	0,724***	0,823***
		0,698***	0,000													
Aras (Ortaköy)	18	0,786***	0,392***	0,738***	0,952***	0,832***	0,807***	0,750***	0,870***	0,829***	0,748***	0,744***	0,757***	0,742***	0,680***	0,770***
		0,681***	0,777***	0,000												
Ceyhan (Fırnız)	19	0,975***	0,686***	0,995***	1,000***	0,981***	0,993***	0,955***	0,988***	0,977***	0,954***	0,958***	1,000**	0,950***	0,925***	0,980***
		0,961***	1,000***	0,973***	0,000											
Ceyhan (Hurman)	20	0,975***	0,686***	0,995***	1,000***	0,981***	0,993***	0,955***	0,988***	0,977***	0,954***	0,958***	1,000**	0,950***	0,925***	0,980***
		0,961***	1,000***	0,973***	0,000	0,000										
Ceyhan (Söğütlü)	21	0,967***	0,680***	0,980***	0,994***	0,973***	0,981***	0,948***	0,981***	0,969***	0,946***	0,951***	0,984**	0,943***	0,919***	0,973***
		0,954***	0,992***	0,961***	0,000***	0,000***	0,000									
Fırat (Göksu)	22	0,971***	0,654***	0,994***	1,000***	0,978***	0,992***	0,950***	0,987***	0,974***	0,948***	0,952***	1,000**	0,944***	0,916***	0,978***
		0,956***	1,000***	0,969***	1,000***	1,000***	0,957***	0,000								
Alakır	23	0,969***	0,627***	0,994***	1,000***	0,977***	0,991***	0,946***	0,986***	0,972***	0,944***	0,949***	1,000***	0,940***	0,911***	0,976***
		0,954***	1,000***	0,966***	1,000***	1,000***	0,948***	1,000***	0,000							
Alara	24	0,938***	0,393	0,940	1,000***	0,958***	0,967*	0,902***	0,974**	0,948**	0,898**	0,909**	1,000	0,893**	0,842***	0,956**
		0,915**	1,000**	0,910**	1,000**	1,000**	0,973**	1,000***	1,000**	0,000						
Eşen	25	0,943***	0,458***	0,964*	1,000***	0,961***	0,973**	0,908***	0,976***	0,951***	0,905***	0,915***	1,000	0,900***	0,853***	0,959***
		0,921***	1,000***	0,922***	1,000***	1,000***	0,975***	1,000***	1,000***	0,000	0,000					
Gönen (Kilisedr.)	26	0,455***	0,310***	0,863**	1,000***	0,235***	0,156***	0,037*	0,219**	0,066*	0,038**	0,284***	1,000**	0,145***	0,478***	0,919***
		0,852***	1,000***	0,924***	1,000***	1,000***	0,992***	1,000***	1,000***	1,000**	1,000***	0,000				
Abant	27	0,923***	0,586***	0,984***	1,000***	0,948***	0,981***	0,890***	0,968***	0,934***	0,885***	0,882***	1,000***	0,849***	0,618***	0,959***
		0,901***	1,000***	0,959***	1,000***	1,000***	0,994***	1,000***	1,000***	1,000**	1,000***	1,000***	0,000			
Almus	28	0,874***	0,437***	0,947**	1,000***	0,920***	0,955***	0,833***	0,950***	0,897***	0,825***	0,820***	1,000*	0,776***	0,489***	0,935***
		0,849***	1,000***	0,914***	1,000***	1,000***	0,990***	1,000***	1,000***	1,000*	1,000**	1,000***	0,000	0,000		
Seyhan (Karagöz)	29	0,932***	0,642***	0,921***	0,966***	0,942***	0,930***	0,917***	0,950***	0,938***	0,915***	0,920***	0,917**	0,914***	0,891***	0,944***
		0,925***	0,961***	0,913***	0,828***	0,828***	0,802***	0,813***	0,852***	0,870**	0,879***	0,960***	0,968***	0,949***	0,000	
Seyhan (Şerefiye)	30	0,976***	0,688***	0,995***	1,000***	0,982***	0,993***	0,958***	0,989***	0,978***	0,956***	0,960***	1,000**	0,952***	0,927***	0,981***
		0,962***	1,000***	0,975***	1,000***	1,000***	0,974***	1,000***	1,000***	1,000**	1,000***	1,000***	1,000***	1,000***	0,138*	0,000

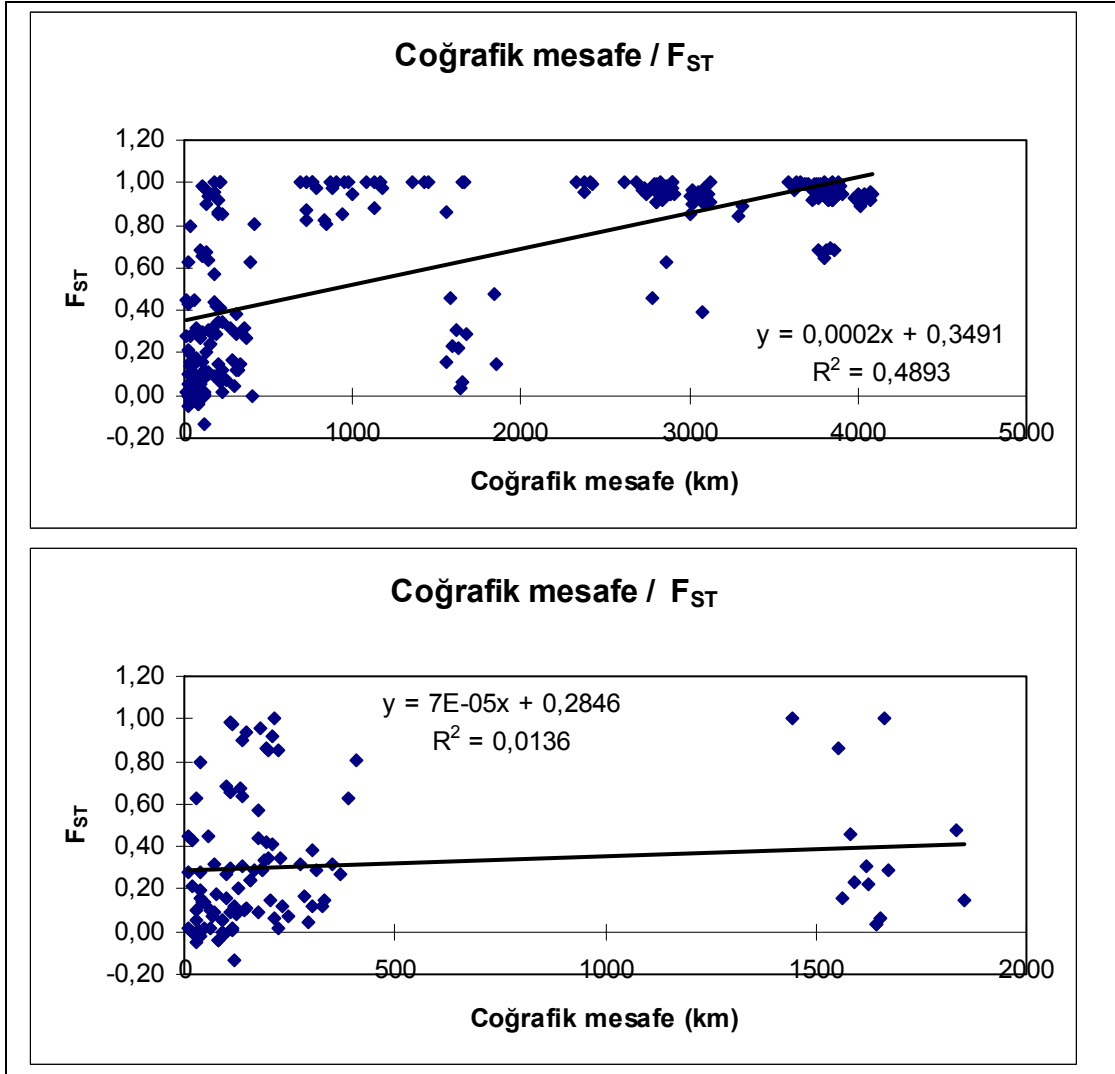
\*\*\*P&lt;0,001, \*\*P&lt;0,01, \*P&lt;0,05

Tablo 13. Her bir jenerasyon için kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki gen akış matrisi

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Solaklı (dere)	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Solaklı (Haldizen)	2	1,287	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Solaklı (deniz)	3	∞	6,053	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Değirmendr (Altındere)	4	0,058	0,381	0,010	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
İyidere (dere)	5	5,268	1,178	3,071	0,036	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
İyidere (deniz)	6	2,027	2,320	1,269	0,012	90,153	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fırtına (dere)	7	3,777	1,584	8,285	0,080	48,782	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fırtına (deniz)	8	2,677	1,134	1,091	0,022	∞	27,046	∞	-	-	-	-	-	-	-	-
Çağlayan (dere)	9	1,983	1,225	1,360	0,047	5,617	∞	27,859	8,294	-	-	-	-	-	-	-
Çağlayan (deniz)	10	3,892	1,614	9,364	0,083	41,353	∞	∞	∞	30,102	-	-	-	-	-	-
Kapisre (dere)	11	4,083	1,217	∞	0,083	4,665	4,841	4,346	3,094	2,607	4,407	-	-	-	-	-
Kapisre (deniz)	12	0,283	4,883	0,264	0,000	0,247	0,236	0,626	0,128	0,293	0,659	0,619	-	-	-	-
Çoruh (Barhal)	13	2,842	1,326	3,565	0,122	3,542	9,985	6,639	3,661	36,559	7,265	2,864	0,680	-	-	-
Çoruh (Tekkale)	14	1,217	1,058	2,442	0,297	0,798	1,057	0,955	0,710	0,962	0,980	1,185	0,643	1,801	-	-
Kura (Alabalık)	15	0,124	0,489	0,118	0,025	0,094	0,088	0,146	0,074	0,096	0,149	0,148	0,065	0,151	0,200	-
Kura (Toro)	16	0,192	0,526	0,228	0,069	0,142	0,161	0,193	0,120	0,148	0,196	0,200	0,133	0,218	0,304	1,034

Tablo 13'ün devamı

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Aras (Keklik)	17	0,082	0,557	0,016	0,000	0,055	0,018	0,122	0,033	0,061	0,124	0,122	0,000	0,130	0,190	0,108
		0,216	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Aras (Ortaköy)	18	0,136	0,775	0,178	0,025	0,101	0,119	0,167	0,075	0,103	0,169	0,172	0,160	0,174	0,236	0,149
		0,235	0,143	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ceyhan (Fırnız)	19	0,013	0,229	0,003	0,000	0,010	0,004	0,023	0,006	0,012	0,024	0,022	0,000	0,026	0,041	0,010
		0,020	0,000	0,014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ceyhan (Hurman)	20	0,013	0,229	0,003	0,000	0,010	0,004	0,023	0,006	0,012	0,024	0,022	0,000	0,026	0,041	0,010
		0,020	0,000	0,014	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ceyhan (Sögütlü)	21	0,017	0,235	0,010	0,003	0,014	0,010	0,027	0,010	0,016	0,028	0,026	0,008	0,030	0,044	0,014
		0,024	0,004	0,020	∞	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fırat (Göksu)	22	0,015	0,264	0,003	0,000	0,011	0,004	0,027	0,007	0,014	0,028	0,025	0,000	0,030	0,046	0,011
		0,023	0,000	0,016	0,000	0,000	0,022	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Alakır	23	0,016	0,297	0,003	0,000	0,012	0,005	0,029	0,007	0,015	0,030	0,027	0,000	0,032	0,049	0,012
		0,024	0,000	0,017	0,000	0,000	0,028	0,000	-	-	-	-	-	-	-	-
Alara	24	0,033	0,772	0,032	0,000	0,022	0,017	0,055	0,013	0,027	0,057	0,050	0,000	0,060	0,094	0,023
		0,047	0,000	0,049	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	-	-	-	-	-	-	-
Eşen	25	0,030	0,593	0,019	0,000	0,020	0,014	0,050	0,012	0,026	0,052	0,046	0,000	0,056	0,086	0,022
		0,043	0,000	0,042	0,000	0,000	0,013	0,000	0,000	∞	-	-	-	-	-	-
Gönen (Kilisedere)	26	0,598	1,114	0,080	0,000	1,630	2,707	13,130	1,784	7,040	12,657	1,262	0,000	2,942	0,546	0,044
		0,087	0,000	0,041	0,000	0,000	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000	-	-	-	-	-
Abant	27	0,042	0,354	0,008	0,000	0,027	0,010	0,062	0,017	0,035	0,065	0,067	0,000	0,089	0,309	0,021
		0,055	0,000	0,022	0,000	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	-	-	-	-
Almus	28	0,072	0,644	0,028	0,000	0,044	0,024	0,100	0,026	0,057	0,106	0,110	0,000	0,144	0,522	0,035
		0,089	0,000	0,047	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	∞	-	-	-
Seyhan (Karagöz)	29	0,036	0,279	0,043	0,017	0,031	0,037	0,045	0,026	0,033	0,046	0,043	0,045	0,047	0,061	0,030
		0,040	0,020	0,048	0,104	0,104	0,124	0,115	0,087	0,075	0,069	0,021	0,017	0,027	-	-
Seyhan (Şerefiye)	30	0,012	0,227	0,002	0,000	0,009	0,003	0,022	0,006	0,011	0,023	0,021	0,000	0,025	0,039	0,010
		0,020	0,000	0,013	0,000	0,000	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3,125

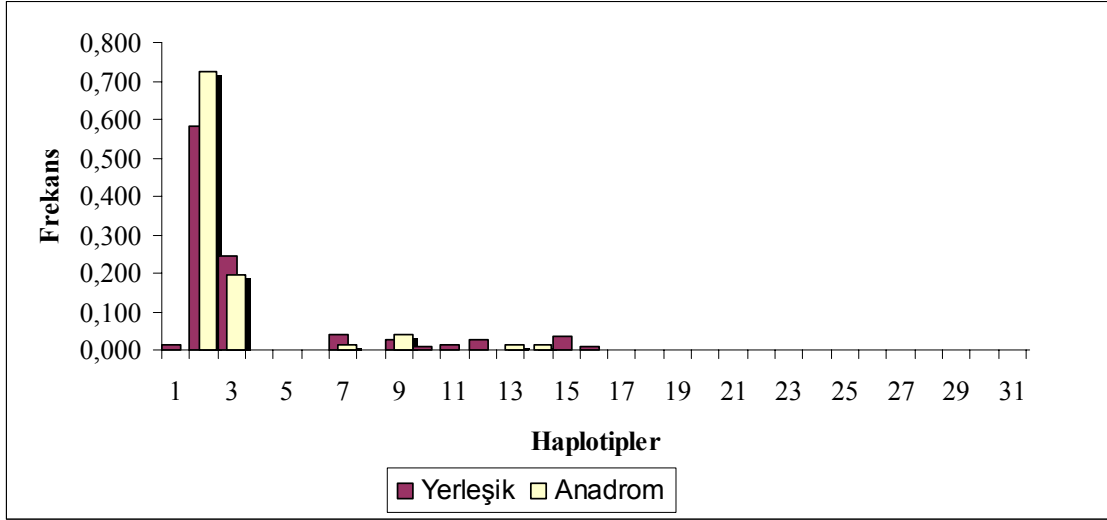


Şekil 14. Populasyon çiftleri arasındaki genetik farklılık değerleriyle (F<sub>ST</sub>) coğrafik mesafe arasındaki korolasyon

### 3.1.7. Dere ve Deniz Ekotiplerinin Genetik Analizi

Doğu Karadenize dökülen nehirlerden toplanan anadrom ve yerleşik kahverengi alabalık örnekleri arasındaki genetik farklılık ayrıca çalışılmıştır. Çalışılan gen bölgeleri ve bu gen bölgeleri üzerinde kullanılan kesici enzimlerin oluşturdukları kesim şekilleri Tablo 6'da verilmiş ve bunlarla genel değerlendirme önceki bölümde yapılmıştır. Morfların anadrom ve yerleşik populasyonlar arası dağılımlarına bakıldığında ayırt edici bir kesim şekline rastlanmamıştır.

Haplotiplerin kompozisyonu ve frekans dağılımları Tablo 7 ve Tablo 8’de, yerleşik ve anadrom örneklerinde görülen mitokondriyal haplotiplerin (%) frekans dağılımları ise Şekil 15’de sunulmuştur.



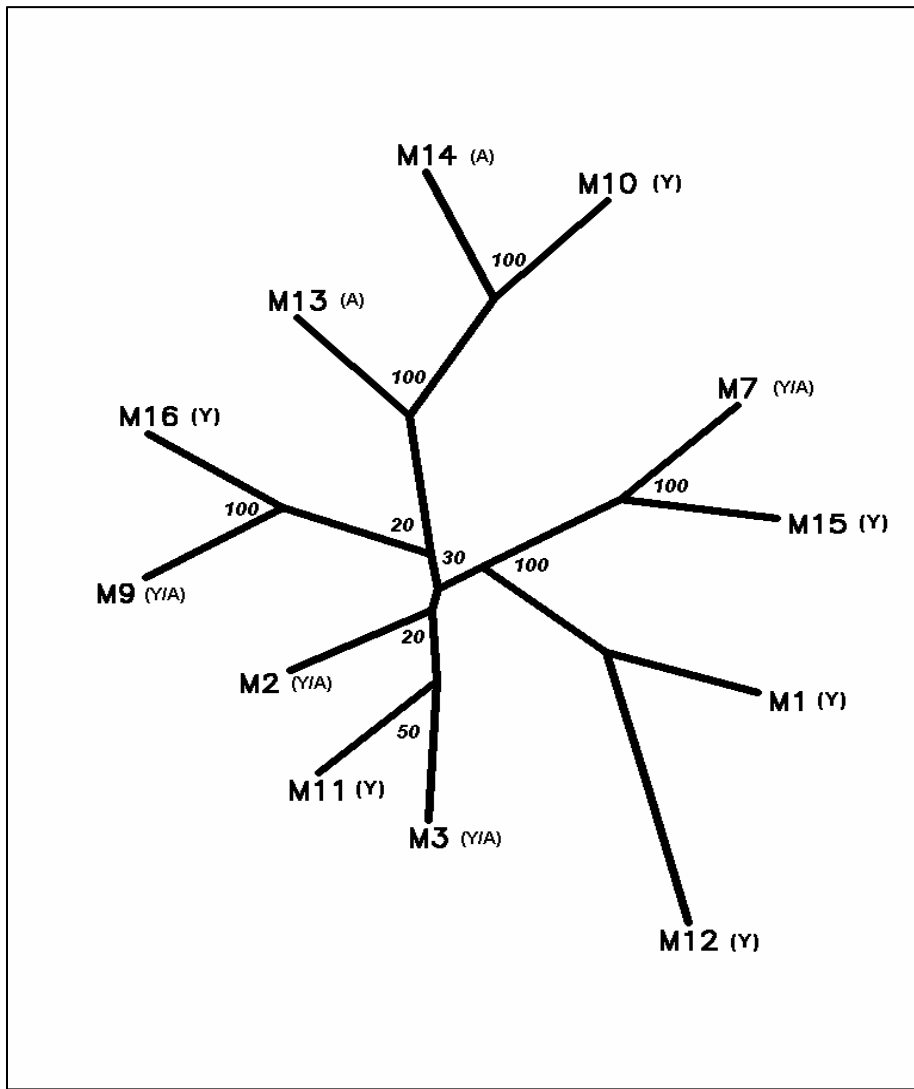
Şekil 15. Yerleşik ve anadrom kahverengi alabalık örneklerinde görülen mitokondriyal haplotiplerin frekans dağılımları

Anadrom ve yerleşik kahverengi alabalık popülasyonları için toplam 12 birleşik genotip gözlenmiş ve bunların içersinde M2 ve M3 haplotiplerinin tüm anadrom ve yerleşik popülasyon örnekleri içinde dağıldığı tespit edilmiştir. Bunun dışında M14 haplotipinin Çağlayan (Deniz) için özel haplotip olduğu tespit edilmiştir. Yerleşik popülasyon örneklerinde ise M16 ve M10 haplotiplerinin sırasıyla Kapisre (Dere) ve Fırtına (Dere) örnekleri için özel haplotip oldukları gözlenmiştir. Solaklı (Dere) ve Kapisre (Dere) popülasyonlarında sırasıyla görülen M1 ve M15 haplotiplerinin yalnızca yerleşik popülasyonlarda görülen nadir haplotipler olduğu belirlenmiştir.

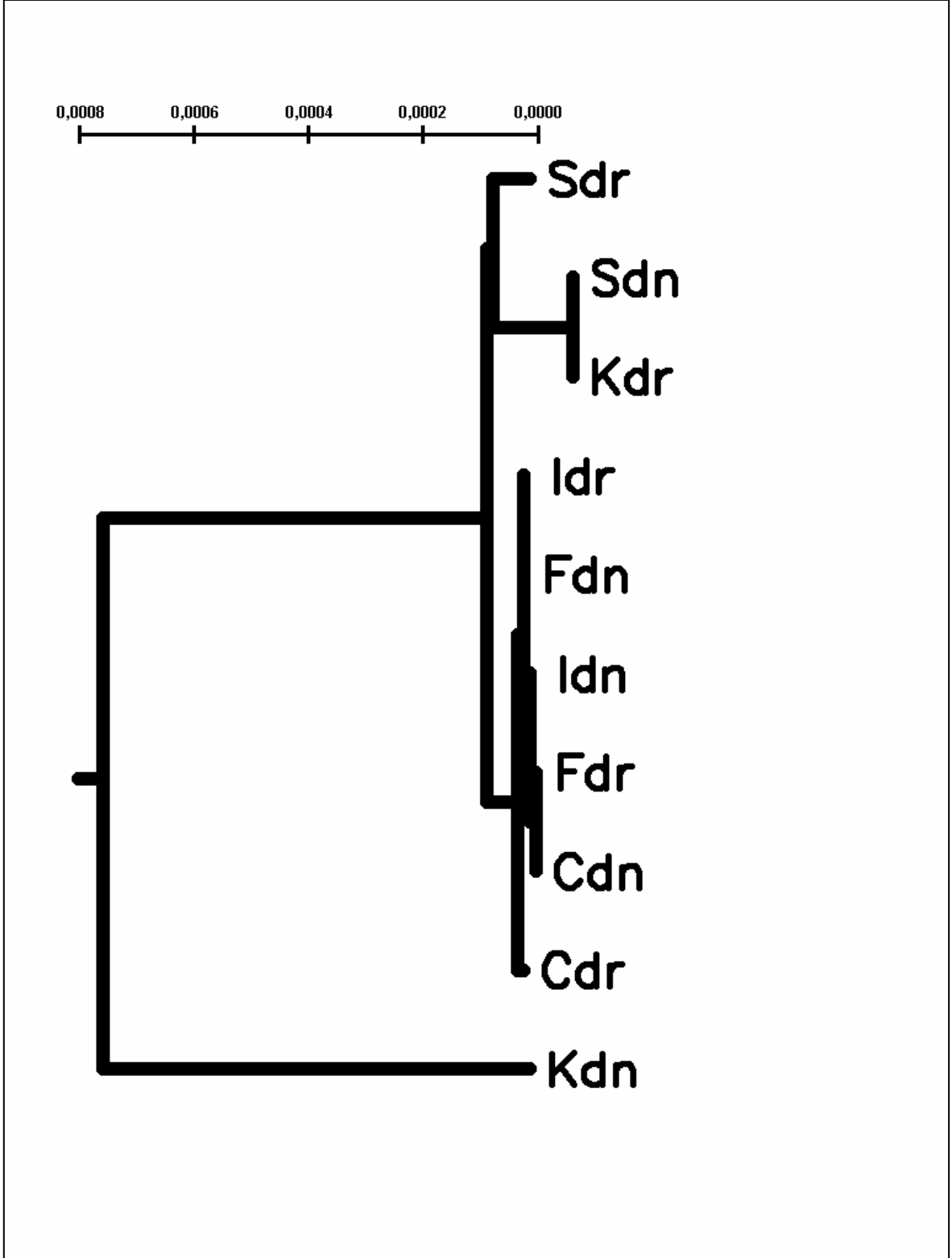
Yalnızca anadrom ve yerleşik popülasyonlarda görülen haplotiplerin kullanımıyla nukleotit farklılığı “d” önceki bölümde anlatıldığı şekilde REAP (McElroy vd., 1991) ve PHYLIP (Felsenstein, 1993) paket programları kullanılarak hesaplanmış ve dendogram oluşturulmuştur (Şekil 16). Birleşik genotipler arasındaki ilişkiyi bulmak için Wagner-Parsimoni metodu kullanılmış ve yerleşik popülasyonlarda bulunan M1 ve M12 haplotipleri dışında anadrom ve yerleşik örnekleri birbirlerinden ayıracak farklılık gözlenmemiştir.



Anadrom ve yerleşik populasyon çiftleri arasındaki nukleotit farklılığı ve populasyonlar içindeki haplotip ve nukleotit çeşitliliği REAP paket programı (McElroy vd., 1991)'nin DA seçeneğinin kullanımıyla hesaplanmıştır. Populasyonlar arasındaki ilişki PHYLIP programının (Felsenstein, 1993) NEIGHBOUR ve DRAWGRAM seçeneğinin kullanımıyla tespit edilmiş ve oluşturulan dendrogram Şekil 17'de verilmiştir. Az miktarda örneğe sahip olan Kapisre (Deniz) grubu dikkate alınmazsa diğer populasyonlar arasında anadrom ve yerleşik populasyonlar olarak ayırt edilebilecek bir gruplaşma gözlenmemiştir.



Şekil 16. Yerleşik ve anadrom kahverengi alabalık populasyonları mitokondriyal haplotiplerinin köksüz Wagner Parsimony majority-rule consensus ağacı (Nodlar arasındaki rakamlar 1000 tekrar sonrası oluşan grupların bulunma oranlarını yüzde (%) olarak ifade etmektedir) Y= Yerleşik, A= Anadrom



Şekil 17. Yerleşik ve anadrom populasyonlar arası tahmin edilen sekans farklılığına göre UPGMA dendrogramı. Çdr: Çağlayan (dere), Çdn: Çağlayan (deniz), Fdr: Fırtına (dere), Fdn: Fırtına (deniz), İdr: İyidere (dere), İdn: İyidere (dere), Kdr: Kapisre (dere), Kdn: Kapisre (deniz), Sdr: Solaklı (dere), Sdn: (Solaklı (deniz))

Haplotip ve nukleotit çeşitliliği Tablo 14’de verilmiş olup yerleşik populasyonların anadrom populasyonlara göre daha yüksek değerlere sahip olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Populasyonlar arası nukleotit çeşitliliği  $0.001190 \pm 0.0000000$  ve nukleotit farklılığı  $0,000333 \pm 0,0000000$  olarak hesaplanmıştır.

Tablo 14. Yerleşik ve anadrom populasyonların, populasyonlar içi ortalama haplotip ve nukleotit çeşitliliği

Populasyon	Haplotip çeşitliliği	Nukleotit çeşitliliği
Yerleşik	$0,5362 \pm 0,0499$	0,0010
Anadrom	$0,3924 \pm 0,0759$	0,0007
Ortalama	$0,4643 \pm 0,00546$	$0,000857 \pm 0,0000000$

Anadrom ve anadrom olmayan populasyonlar arasındaki heterojeniteyi belirlemek için REAP (McElroy vd., 1991) programının MONTE seçeneği kullanılarak  $\chi^2$  testi uygulanmış ve istatistiki olarak populasyonlar arasında önemli farklılıklar olduğu tespit edilmiştir ( $\chi^2 = 237.65$ ;  $P = 0,0040$ ). Fakat daha sonra anadrom ve anadrom olmayan populasyonlar kendi ekotiplerine göre birleştirilerek yapılan  $\chi^2$  testi sonucunda bu heterojenitenin ekotipler arasında olmadığı tespit edilmiştir ( $\chi^2 = 15,23$ ;  $P = 0,1350$ ).

Ayrıca yerleşik ve anadrom kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasında moleküler varyans analizi ARLEQUIN genetik analiz programının AMOVA alt seçeneği kullanılarak yapılmıştır (Tablo 15). Elde edilen sonuçlara göre gruplar arasında genetik yapılanma olmadığı tespit edilmiştir ( $P = 0,8602$ ). Gruplar içi populasyonlar arası ve populasyonlar içi mtDNA varyasyonuna bakıldığında sırasıyla %10,33 ( $P = 0,00196$ ) ve %91,65 ( $P = 0,00098$ ) olarak hesaplanmıştır. Her iki varyans kaynağı için varyans bileşenlerinin istatistiki olarak önemli olduğu tespit edilmiştir.

Tablo 15. Yerleşik ve anadrom populasyonlar arası moleküler varyans analizi (AMOVA) ve  $\Phi$ - istatistik değerleri (Excoffier vd., 1992).

Varyasyon kaynağı	Varyans bileşenleri	% total	P	$\Phi$ istatistiği	
Gruplar arası	-0,022	-1,98	=0,8602	$\Phi_{CT}$	-0,020
Populasyonlar arası (gruplar içi)	0,115	10,33	=0,00196	$\Phi_{SC}$	0,101
Populasyonlar içi	1,021	91,65	=0,00098	$\Phi_{ST}$	0,084

### 3.2. Morfometrik ve Meristik Analiz

Türkiye sularında dağılım gösteren *Salmo* genusunun 2 türü (*Salmo trutta* ve *Salmo platycephalus*), bu türlerden *Salmo trutta*'ya ait olan 5 alt tür (*Salmo trutta fario*, *Salmo trutta labrax*, *Salmo trutta caspius*, *Salmo trutta macrostigma* ve *Salmo trutta abanticus*) ve bunları temsil eden toplam 30 istasyondan 1068 örnek toplanmıştır. Bu örneklerin alt tür ve alt türleri temsil eden populasyonlara göre dağılımları, ortalama standart boyları (SB), maksimum ve minimum değerleri, 25 morfometrik ve 5 meristik karaktere ait standartlaştırılmış ortalama değerleri, standart sapmaları ve varyasyon katsayılarını içeren tanımlayıcı istatistik değerleri Tablo 16, Ek Tablo 3 ve 4'de verilmiştir. Farklı büyüklüklerde yakalanmış örneklerin morfometrik karşılaştırma üzerine olabilecek olumsuz etkiyi ortadan kaldırmak için Elliot vd. (1995)'in regresyon metodu kullanılmıştır.

#### 3.2.1. Dere Ekotipi (*Salmo trutta fario*)

Doğu Karadenize dökülen nehirlerde bulunan ve dere alabalığı (Şekil 18) olarak isimlendirilen bu alt türe ait 5 populasyondan (Solaklı, Kapisre, İyidere, Fırtına ve Çağlayan) 108,48-268,8 mm arasında değişen ortalama  $157,76 \pm 25,934$  mm standart boya sahip (SB) toplam 260 balık örneklenmiştir.



Şekil 18. Dere ekotipi (*Salmo trutta fario*)

Tablo 16. Ekotiplere ait standartlaştırılmış ortalama morfometrik ve meristik karakterler (Ort.  $\pm$  S.sp), örnek miktarı (N) ve varyasyon katsayıları (VK, %)

Ölçüm	Morfometrik Veriler							
	<i>S.t.fario</i>		<i>S.t.labrax</i>		<i>S.t.caspius</i>		<i>S.t.macrostigma</i>	
	Ort. $\pm$ S.sp	VK (%)	Ort. $\pm$ S.sp	VK (%)	Ort. $\pm$ S.sp	VK (%)	Ort. $\pm$ S.sp	VK (%)
M1-2	21,35 $\pm$ 3,355	15,71	17,86 $\pm$ 2,690	15,06	20,11 $\pm$ 4,194	20,85	21,27 $\pm$ 5,630	26,47
M1-3	26,74 $\pm$ 2,605	9,74	24,76 $\pm$ 2,756	11,13	26,14 $\pm$ 2,894	11,07	27,57 $\pm$ 4,488	16,28
M2-3	23,69 $\pm$ 2,997	12,65	20,33 $\pm$ 2,795	13,75	22,71 $\pm$ 3,061	13,48	24,20 $\pm$ 4,802	19,84
M2-4	22,78 $\pm$ 3,701	16,25	18,30 $\pm$ 2,644	14,44	20,45 $\pm$ 2,904	14,20	20,75 $\pm$ 4,742	22,86
M2-5	63,02 $\pm$ 3,802	6,03	58,67 $\pm$ 4,303	7,33	63,39 $\pm$ 3,934	6,21	63,07 $\pm$ 5,036	7,99
M3-4	29,10 $\pm$ 3,233	11,11	25,08 $\pm$ 2,904	11,58	28,68 $\pm$ 3,897	13,59	29,08 $\pm$ 4,437	15,26
M3-5	51,40 $\pm$ 4,671	9,09	47,42 $\pm$ 4,313	9,09	51,56 $\pm$ 4,374	8,48	49,43 $\pm$ 5,624	11,38
M4-5	49,45 $\pm$ 3,943	7,97	44,89 $\pm$ 4,403	9,81	48,99 $\pm$ 3,943	8,05	50,29 $\pm$ 5,081	10,10
M4-6	53,30 $\pm$ 3,961	7,43	49,89 $\pm$ 4,292	8,60	52,00 $\pm$ 4,203	8,08	51,74 $\pm$ 6,267	12,11
M4-7	65,36 $\pm$ 3,869	5,92	62,06 $\pm$ 4,632	7,46	65,13 $\pm$ 4,050	6,22	66,16 $\pm$ 5,058	7,65
M5-6	19,12 $\pm$ 3,303	17,28	23,10 $\pm$ 7,300	31,60	21,04 $\pm$ 4,293	20,41	21,82 $\pm$ 5,855	26,84
M5-7	24,11 $\pm$ 3,168	13,14	21,79 $\pm$ 3,319	15,23	22,16 $\pm$ 3,362	15,17	23,79 $\pm$ 4,681	19,67
M6-7	35,43 $\pm$ 3,996	11,28	30,95 $\pm$ 3,893	12,58	32,68 $\pm$ 4,011	12,27	36,51 $\pm$ 5,424	14,85
M6-8	36,77 $\pm$ 4,174	11,35	33,71 $\pm$ 3,997	11,86	34,15 $\pm$ 3,922	11,48	34,27 $\pm$ 5,442	15,88
M6-9	33,00 $\pm$ 4,351	13,18	38,37 $\pm$ 5,796	15,10	36,34 $\pm$ 4,317	11,88	36,63 $\pm$ 5,377	14,68
M7-8	41,44 $\pm$ 4,147	10,01	36,13 $\pm$ 5,171	14,31	37,72 $\pm$ 4,104	10,88	39,02 $\pm$ 5,036	12,90
M7-9	42,67 $\pm$ 4,653	10,91	37,97 $\pm$ 9,343	24,60	37,08 $\pm$ 4,181	11,28	35,54 $\pm$ 6,031	16,97
M8-9	30,85 $\pm$ 3,531	11,44	27,06 $\pm$ 3,257	12,03	28,09 $\pm$ 3,858	13,74	30,53 $\pm$ 5,693	18,65
M8-10	17,93 $\pm$ 3,081	17,19	15,18 $\pm$ 2,072	13,65	15,83 $\pm$ 3,090	19,53	17,12 $\pm$ 5,534	32,32
M8-11	32,16 $\pm$ 3,692	11,48	27,95 $\pm$ 3,567	30,43	29,54 $\pm$ 4,146	14,03	30,64 $\pm$ 5,291	17,27
M9-10	22,54 $\pm$ 3,706	16,45	18,41 $\pm$ 2,677	14,54	20,81 $\pm$ 3,757	18,06	22,71 $\pm$ 4,933	21,73
M9-11	10,20 $\pm$ 6,607	64,77	6,86 $\pm$ 6,214	90,59	7,38 $\pm$ 4,018	54,46	7,96 $\pm$ 4,970	62,43
M10-11	21,20 $\pm$ 3,625	17,10	18,34 $\pm$ 2,824	15,40	19,32 $\pm$ 3,695	19,12	20,74 $\pm$ 5,086	24,52
M10-12	30,92 $\pm$ 5,094	16,47	28,68 $\pm$ 3,483	12,15	27,47 $\pm$ 3,920	14,27	27,31 $\pm$ 5,155	18,87
M11-12	27,48 $\pm$ 5,196	18,91	25,14 $\pm$ 3,574	14,21	24,24 $\pm$ 3,669	15,13	25,20 $\pm$ 5,000	19,85
Ort $\pm$ S.sp	157,76 $\pm$ 25,934	16,44	188,17 $\pm$ 53,045	28,19	176,76 $\pm$ 5,455	20,06	174,26 $\pm$ 3,055	24,71
Min-Mak	(108,48 - 268,8)		(127,68 - 594,24)		(116,16 - 279,36)		(75,84 - 403,2)	
N	260		93		156		434	
Meristik Veriler								
	Ort. $\pm$ S.sp. (Min - Mak)	VK (%)	Ort. $\pm$ S.sp. (Min - Mak)	VK (%)	Ort. $\pm$ S.sp. (Min - Mak)	VK (%)	Ort. $\pm$ S.sp. (Min - Mak)	VK (%)
D	11,79 $\pm$ 0,798 (10 - 14)	6,76	12,39 $\pm$ 0,552 (11 - 13)	4,46	11,60 $\pm$ 0,639 (10 - 13)	5,51	11,23 $\pm$ 0,639 (10 - 13)	5,69
A	9,91 $\pm$ 0,639 (8 - 12)	6,45	10,20 $\pm$ 0,523 (9 - 12)	5,12	9,54 $\pm$ 0,646 (8 - 11)	6,77	9,28 $\pm$ 0,602 (8 - 11)	6,49
P	12,44 $\pm$ 0,616 (10 - 14)	4,95	12,28 $\pm$ 0,475 (12 - 14)	3,87	12,32 $\pm$ 0,533 (11 - 14)	4,32	12,44 $\pm$ 0,650 (10 - 14)	5,23
V	8,79 $\pm$ 0,547 (8 - 10)	6,22	9,03 $\pm$ 0,311 (8 - 10)	3,44	8,77 $\pm$ 0,480 (8 - 10)	5,47	8,91 $\pm$ 0,544 (8 - 10)	6,11
S.D	16,00 $\pm$ 1,545 (13 - 19)	9,65	17,56 $\pm$ 0,827 (15 - 20)	4,71	17,81 $\pm$ 1,748 (13 - 22)	9,81	16,54 $\pm$ 1,666 (13 - 20)	10,07

Tablo 16'nin devamı

	Morfometrik Veriler					
	<i>S.t.abanticus</i>		<i>S.platycephalus</i>		Tüm Taksonlar ( <i>Salmo</i> sp.)	
	Ort. ± S.sp.	VK (%)	Ort. ± S.sp.	VK (%)	Ort. ± S.sp.	VK (%)
M1-2	16,98 ± 2,773	16,33	15,51 ± 2,332	15,04	20,20 ± 4,788	23,70
M1-3	19,91 ± 1,743	8,76	22,96 ± 2,899	12,63	26,27 ± 3,967	15,10
M2-3	18,25 ± 2,146	11,76	17,86 ± 2,589	14,49	22,79 ± 4,304	18,88
M2-4	15,43 ± 1,648	10,68	17,82 ± 2,099	11,77	20,56 ± 4,233	20,59
M2-5	52,47 ± 2,525	4,81	60,94 ± 3,424	5,62	62,18 ± 4,898	7,88
M3-4	22,74 ± 1,908	8,39	25,95 ± 2,583	9,95	28,20 ± 4,119	14,61
M3-5	40,12 ± 2,656	6,62	47,34 ± 3,274	6,92	49,55 ± 5,379	10,86
M4-5	38,35 ± 2,437	6,36	46,88 ± 3,612	7,71	48,73 ± 5,086	10,44
M4-6	46,25 ± 3,528	7,63	47,57 ± 3,641	7,65	51,46 ± 5,358	10,41
M4-7	54,29 ± 2,736	5,04	63,88 ± 3,490	5,46	64,86 ± 4,989	7,69
M5-6	33,04 ± 5,424	16,42	28,62 ± 5,729	20,01	22,11 ± 6,133	27,74
M5-7	15,47 ± 1,480	9,57	19,12 ± 2,442	12,78	22,78 ± 4,294	18,85
M6-7	27,26 ± 5,637	20,68	32,17 ± 2,886	8,97	34,53 ± 5,188	15,03
M6-8	27,44 ± 6,685	24,37	30,40 ± 2,876	9,46	34,26 ± 5,143	15,01
M6-9	62,80 ± 3,658	5,83	48,90 ± 2,995	6,12	37,77 ± 5,412	14,33
M7-8	32,71 ± 5,263	16,09	33,31 ± 2,919	8,76	38,48 ± 5,200	13,51
M7-9	31,11 ± 2,828	9,09	29,08 ± 3,120	10,73	37,03 ± 6,804	18,38
M8-9	23,81 ± 2,736	11,49	24,30 ± 2,599	10,70	29,20 ± 5,001	17,13
M8-10	10,75 ± 1,591	14,80	12,55 ± 2,380	18,96	16,36 ± 4,508	27,55
M8-11	24,48 ± 2,562	10,47	25,56 ± 2,566	10,04	29,98 ± 4,838	16,14
M9-10	15,59 ± 2,372	15,22	18,99 ± 2,167	11,41	21,46 ± 4,465	20,81
M9-11	2,03 ± 1,163	57,20	5,25 ± 1,712	32,58	7,90 ± 5,457	69,10
M10-11	15,18 ± 2,650	17,46	15,90 ± 2,167	13,63	19,84 ± 4,476	22,55
M10-12	19,31 ± 1,888	9,78	22,84 ± 2,366	10,36	27,69 ± 5,293	19,12
M11-12	16,90 ± 1,663	9,84	20,17 ± 2,372	11,76	24,91 ± 5,108	20,51
Ort ±S.sp (Min-Mak) N	278,23 ± 4,007 (219,8 - 465,6) 37	15,82	227,44 ± 40,617 (140,16 - 322,56) 88	17,86	179,80 ± 46,927 (75,84 - 594,24) 1068	26,10
Meristik Veriler						
	Ort. ± S.sp. (Min - Mak)	VK (%)	Ort. ± S.sp. (Min - Mak)	VK (%)	Ort. ± S.sp. (Min - Mak)	VK (%)
D	11,41 ± 0,832 (10 - 12)	7,29	11,53 ± 0,524 (10 - 12)	4,54	11,55 ± 0,755 (10 - 14)	6,53
A	10,19 ± 0,518 (9 - 12)	5,09	9,33 ± 0,620 (8 - 10)	6,65	9,59 ± 0,697 (8 - 12)	7,28
P	11,81 ± 0,701 (10 - 13)	5,93	12,99 ± 0,491 (11 - 14)	3,78	12,43 ± 0,635 (10 - 14)	5,11
V	9,03 ± 0,164 (9 - 10)	1,82	9,08 ± 0,346 (8 - 10)	3,82	8,89 ± 0,505 (8 - 10)	5,69
S.D	18,43 ± 0,835 (15 - 20)	4,53	20,97 ± 1,317 (18 - 24)	6,28	17,12 ± 2,045 (13 - 24)	11,95

En yüksek varyasyon katsayısına sahip doğrusal olarak ölçülen morfometrik karakterler %64,77 ve %18,91'lik değerlerle sırasıyla M9-11 ve M11-12, en düşük varyasyon katsayısına sahip morfometrik karakterler ise %5,92 ve 6,03'lük değerlerle sırasıyla M4-7 ve M2-5 olarak gözlenmiştir. Meristik karakterler yönünden irdelendiğinde, solungaç diken sayısı (S.D, %9,65) ve pektoral yüzgeç ışın sayısının (P, %4,95) en yüksek ve düşük varyasyon katsayısına sahip karakterler olduğu tespit edilmiştir (Tablo 16).

Bu alt türe ait 5 populasyon için yapılan Diskriminant Fonksiyon Analizi (DFA) sonuçlarına göre incelenen 25 morfometrik karakterden 4 adedi (M2-3, M2-4, M3-5 ve M8-10) ve 5 meristik karakterden yalnız birinin (V, Ventral yüzgeç ışın sayısı) istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) olduğu tespit edilmiştir (Tablo 17). Çalışılan ölçüm karakterleri yani model içindeki değişkenlerin anlamlılığını değerlendiren ve 0 (anlamsız) ile 1 (anlamlı) arasında değişim gösteren tolerans değeri morfometrik karakterler için 0,0906 (M8-9) – 0,3767 (M4-6) arasında değişim göstermiştir. Tolerans değeri tüm meristik karakterler için yüksek değere ( $> 0,5$ ) sahip olmuştur (Tablo 17).

Yapılan Canonical analiz sonucunda, toplam varyasyon içinde en yüksek orana sahip ilk iki Canonical değişkenin (CD) morfometrik karakterler için %43,2 ve %30,3, meristik karakterler için %55,3 ve %37,6'lik orana sahip olduğu gözlenmiştir (Tablo 18).

Çok değişkenli araştırma tekniklerinden Diskriminant analiz yöntemiyle taksonları temsil eden populasyonlar için sınıflandırma matrisi oluşturulmuş ve bunun sonucuna göre bu alt türü temsil eden bireylerin populasyonlar arası tahmini sınıflandırılması; Solaklı (%82,6), İyidere (%80), Fırtına (%88,6), Çağlayan (%85,2) ve Kapisre (%89,3) olarak gerçekleşmiş ve toplamda sınıflandırma oranı %85,8 olmuştur.

Diskriminant analizi kullanılarak hesaplanan Mahalanobis uzaklık matrisiyle oluşturulan UPGMA ağacı sonucuna göre Solaklı populasyonu dışında ki populasyonlar arası mesafelerin yakın olduğu gözlenmiştir (Şekil 19a).

Tablo 17. Ekotiplere ait 25 morfometrik ve 5 meristik karakter için Wilks' Lambda, istatistiki önemlilik (P) ve Tolerans değerleri

<b>Morfometrik Veriler</b>																				
(M)	<i>S. trutta fario</i>				<i>S. trutta labrax</i>				<i>S. trutta caspius</i>				<i>S. trutta macrostigma</i>							
	Wilks Lamb	F- rem.	P- level	Toler.	Wilks Lamb	F- rem.	P- level	Toler.	Wilks Lamb	F- rem.	P- level	Toler.	Wilks Lamb	F- rem.	P- level	Toler.				
1-2	0,047	2,055	0,088	0,110	0,003	5,788	0,001	0,084	0,090	1,959	0,124	0,092	0,005	11,05	0,000	0,083				
1-3	0,049	4,582	0,001	0,228	0,003	2,331	0,065	0,141	0,094	3,920	0,010	0,123	0,005	8,321	0,000	0,125				
2-3	0,059	16,456	0,000	0,244	0,004	1,167	0,334	0,173	0,089	1,469	0,226	0,138	0,004	3,351	0,000	0,135				
2-4	0,063	21,419	0,000	0,272	0,003	1,741	0,152	0,110	0,093	3,431	0,019	0,227	0,006	20,45	0,000	0,276				
2-5	0,048	2,441	0,048	0,287	0,003	2,393	0,060	0,063	0,087	0,365	0,778	0,296	0,005	7,226	0,000	0,349				
3-4	0,046	0,703	0,591	0,280	0,003	0,871	0,486	0,070	0,088	0,882	0,452	0,130	0,004	4,002	0,000	0,122				
3-5	0,050	5,593	0,000	0,274	0,004	3,238	0,018	0,068	0,090	2,044	0,111	0,110	0,004	4,258	0,000	0,309				
4-5	0,049	3,643	0,007	0,256	0,003	0,955	0,438	0,096	0,087	0,544	0,653	0,119	0,004	3,184	0,000	0,173				
4-6	0,048	2,393	0,051	0,377	0,003	0,487	0,745	0,111	0,096	4,984	0,003	0,301	0,005	7,846	0,000	0,289				
4-7	0,048	3,549	0,008	0,301	0,003	0,393	0,813	0,074	0,090	1,972	0,122	0,142	0,004	4,547	0,000	0,250				
5-6	0,047	1,158	0,330	0,216	0,003	1,530	0,204	0,149	0,099	6,263	0,001	0,101	0,004	1,146	0,324	0,242				
5-7	0,047	1,838	0,122	0,226	0,003	0,263	0,901	0,273	0,089	1,412	0,243	0,125	0,004	2,992	0,001	0,138				
6-7	0,048	2,666	0,033	0,172	0,003	2,075	0,094	0,118	0,090	2,060	0,109	0,123	0,004	2,392	0,007	0,162				
6-8	0,047	1,424	0,227	0,318	0,003	2,810	0,033	0,093	0,090	1,992	0,118	0,139	0,004	1,007	0,439	0,192				
6-9	0,046	0,342	0,849	0,292	0,003	3,367	0,015	0,055	0,114	13,53	0,000	0,127	0,004	2,684	0,002	0,222				
7-8	0,047	1,693	0,153	0,195	0,003	0,952	0,440	0,066	0,090	1,816	0,148	0,097	0,005	8,745	0,000	0,111				
7-9	0,047	1,376	0,243	0,247	0,003	0,566	0,689	0,132	0,096	4,880	0,003	0,159	0,006	17,24	0,000	0,213				
8-9	0,046	0,350	0,844	0,091	0,003	1,919	0,118	0,044	0,087	0,601	0,615	0,053	0,004	2,294	0,010	0,086				
8-10	0,052	8,482	0,000	0,191	0,003	0,268	0,897	0,270	0,089	1,130	0,340	0,083	0,004	2,928	0,001	0,143				
8-11	0,046	0,786	0,535	0,115	0,003	0,346	0,846	0,133	0,089	1,376	0,253	0,041	0,004	3,114	0,001	0,083				
9-10	0,046	0,783	0,537	0,101	0,003	2,783	0,034	0,035	0,092	3,035	0,032	0,064	0,005	12,03	0,000	0,057				
9-11	0,049	4,141	0,003	0,321	0,007	23,61	0,000	0,177	0,093	3,385	0,020	0,077	0,004	2,383	0,007	0,180				
10-11	0,047	1,370	0,245	0,111	0,003	0,367	0,831	0,074	0,099	6,125	0,001	0,043	0,004	1,497	0,130	0,062				
10-12	0,046	0,941	0,441	0,173	0,003	2,540	0,048	0,068	0,095	4,495	0,005	0,091	0,004	2,027	0,025	0,122				
11-12	0,048	3,592	0,007	0,141	0,003	3,387	0,014	0,081	0,090	1,772	0,156	0,096	0,004	1,952	0,032	0,100				
		F (100,18)=10,829					F (100,256)=8,853					F (75,383)=6,495					F (275,4050)=10,89			
Total	0,046				0,003				0,086				0,004							
		P<0,0001					P<0,0001					P<0,0001					P<0,0001			
<b>Meristik Veriler</b>																				
D	0,732	1,235	0,296	0,659	0,534	0,398	0,810	0,915	0,710	1,386	0,249	0,874	0,499	7,893	0,000	0,862				
A	0,723	0,377	0,825	0,710	0,539	0,595	0,668	0,890	0,857	11,84	0,000	0,863	0,474	5,545	0,000	0,904				
P	0,759	3,598	0,007	0,886	0,581	2,261	0,069	0,899	0,738	3,369	0,020	0,846	0,521	9,938	0,000	0,865				
V	0,781	5,485	0,000	0,883	0,608	3,357	0,013	0,827	0,722	2,198	0,091	0,898	0,481	6,205	0,000	0,869				
S.D	0,751	2,836	0,025	0,771	0,649	4,970	0,001	0,932	0,698	0,492	0,689	0,799	0,481	6,189	0,000	0,871				
		F (20,833)=4,3733					F (20,279)=3,0032					F (15,408)=3,9105					F (55,1938)=7,415			
Total	0,718				0,524				0,691				0,413							
		P<0,0001					P<0,0001					P<0,0001					P<0,0001			



Tablo 17'nin devamı

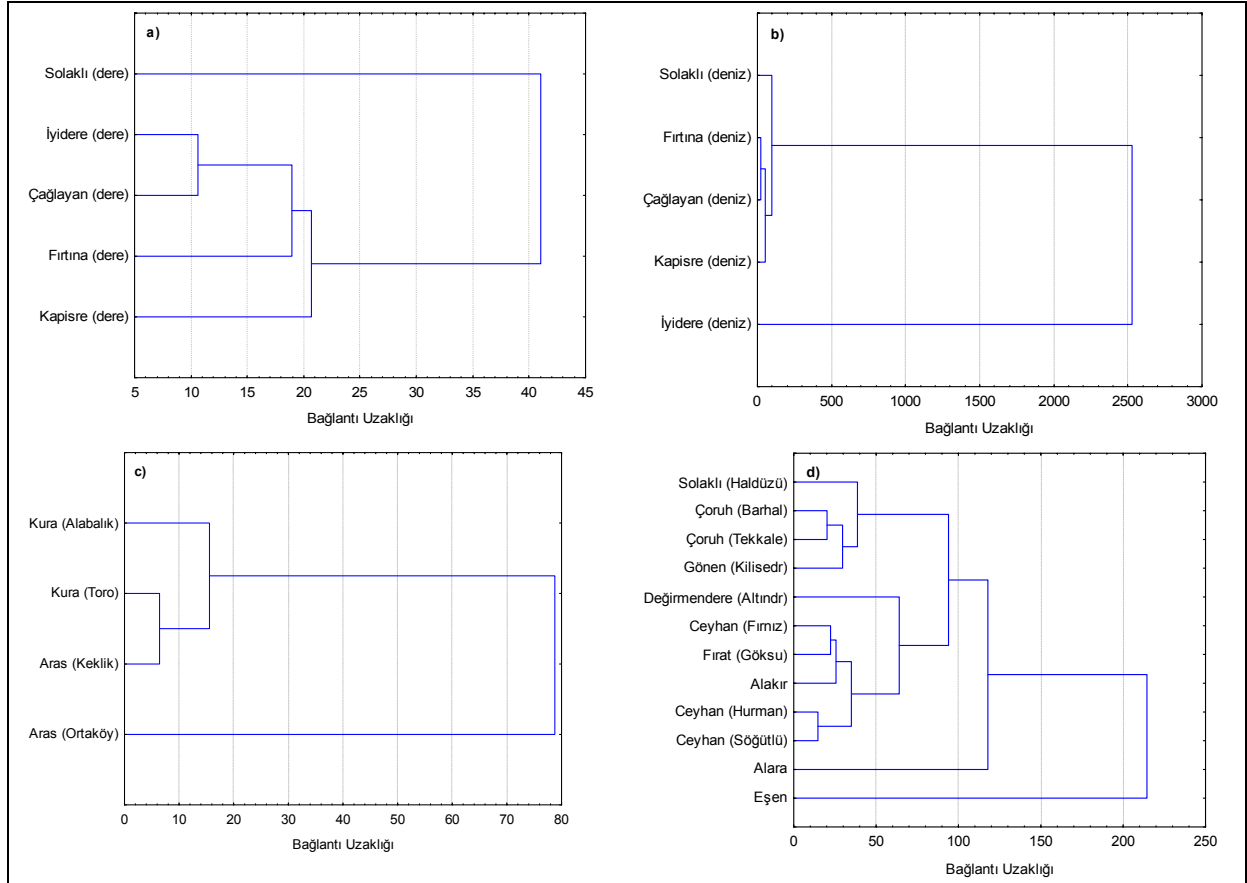
Morfometrik Veriler													
Ölçüm	<i>Salmo trutta abanticus</i>				<i>S. platycephalus</i>				Tüm taksonlar ( <i>Salmo</i> sp.)				
	Wilks' Lamb.	F-rem.	P-level	Toler.	Wilks' Lamb.	F-rem.	P-level	Toler.	Wilks' Lamb.	F-rem.	P-level	Toler.	
M1-2	0,0050	1,6031	0,2316	0,1304	0,1092	4,589	0,036	0,1258	0,0002	16,30	0,0000	0,125	
M1-3	0,0051	1,8160	0,2049	0,1690	0,1030	0,797	0,375	0,1618	0,0002	10,00	0,0000	0,175	
M2-3	0,0061	4,5215	0,0569	0,0556	0,1032	0,935	0,337	0,1365	0,0002	14,55	0,0000	0,176	
M2-4	0,0044	0,2167	0,6506	0,0751	0,1018	0,063	0,803	0,2368	0,0002	21,11	0,0000	0,294	
M2-5	0,0043	0,0017	0,9674	0,0499	0,1017	0,003	0,955	0,2406	0,0001	5,015	0,0000	0,328	
M3-4	0,0045	0,4354	0,5229	0,0888	0,1128	6,792	0,011	0,1490	0,0001	7,793	0,0000	0,174	
M3-5	0,0053	2,4415	0,1465	0,1084	0,1019	0,149	0,701	0,2440	0,0001	5,608	0,0000	0,302	
M4-5	0,0055	2,8946	0,1169	0,0282	0,1330	19,084	0,000	0,1379	0,0001	6,285	0,0000	0,197	
M4-6	0,0046	0,7307	0,4109	0,0957	0,1029	0,703	0,405	0,3628	0,0001	7,806	0,0000	0,333	
M4-7	0,0045	0,4873	0,4996	0,0687	0,1021	0,222	0,640	0,2745	0,0001	4,880	0,0000	0,249	
M5-6	0,0057	3,4993	0,0882	0,1030	0,1019	0,107	0,744	0,1345	0,0001	4,631	0,0000	0,244	
M5-7	0,0061	4,4535	0,0585	0,0511	0,1017	0,027	0,870	0,2487	0,0001	6,027	0,0000	0,192	
M6-7	0,0047	1,0294	0,3321	0,0696	0,1020	0,160	0,690	0,0976	0,0001	5,631	0,0000	0,171	
M6-8	0,0049	1,3679	0,2669	0,0860	0,1020	0,202	0,655	0,2823	0,0002	11,15	0,0000	0,246	
M6-9	0,0044	0,1821	0,6778	0,0567	0,1082	3,935	0,052	0,1954	0,0001	5,665	0,0000	0,233	
M7-8	0,0055	2,9451	0,1141	0,0879	0,1029	0,740	0,393	0,1483	0,0001	6,224	0,0000	0,144	
M7-9	0,0051	1,8230	0,2041	0,0926	0,1018	0,068	0,795	0,2394	0,0002	20,09	0,0000	0,243	
M8-9	0,0048	1,0599	0,3253	0,0143	0,1130	6,889	0,011	0,1038	0,0001	6,986	0,0000	0,089	
M8-10	0,0046	0,7435	0,4069	0,0635	0,1197	11,002	0,002	0,1284	0,0001	6,681	0,0000	0,181	
M8-11	0,0043	0,0021	0,9645	0,0226	0,1020	0,204	0,653	0,1074	0,0001	3,888	0,0000	0,101	
M9-10	0,0049	1,3060	0,2774	0,0243	0,1120	6,299	0,015	0,0862	0,0002	16,41	0,0000	0,078	
M9-11	0,0056	3,0863	0,1067	0,0731	0,1042	1,531	0,221	0,1486	0,0002	19,54	0,0000	0,276	
M10-11	0,0047	0,9876	0,3417	0,0713	0,1061	2,690	0,106	0,0559	0,0001	7,314	0,0000	0,080	
M10-12	0,0065	5,5695	0,0378	0,0613	0,1022	0,331	0,567	0,1851	0,0001	6,644	0,0000	0,147	
M11-12	0,0043	0,0004	0,9841	0,0601	0,1025	0,510	0,478	0,2145	0,0001	4,204	0,0000	0,128	
Total	0,00434	F (25,11)=100,90 P<0,0001			0,1017	F (25,62)=21,906 P<0,0001			0,0001	F (725,19355)=16,292 P<0,0001			
Meristik veriler													
D	0,1282	30,414	0,0000	0,5560	0,5345	0,138	0,711	0,9131	0,1983	12,882	0,0000	0,835	
A	0,0838	9,138	0,0050	0,6934	0,5343	0,107	0,744	0,9229	0,2011	13,564	0,0000	0,867	
P	0,0803	7,441	0,0104	0,5631	0,5453	1,800	0,183	0,8348	0,1957	12,229	0,0000	0,896	
V	0,0703	2,660	0,1130	0,5204	0,5343	0,113	0,737	0,8663	0,1719	6,405	0,0000	0,890	
S.D	0,0655	0,379	0,5429	0,6238	0,9443	63,115	0,000	0,9641	0,3113	40,520	0,0000	0,872	
Total	0,00647	F(5,31)=89,575 P<0,0001			0,5336	F(5,82)=14,336 P<0,0001			0,146	F(145,5114)=16,813 P<0,0001			

Tablo 18. Her bir ekotipe ait standartlaştırılmış morfometrik ve meristik veriler için yapılan diskriminant fonksiyon analizi sonucu hesaplanan Canonical değişkenler

	Morfometrik veriler								
	<i>S. trutta fario</i>			<i>S. trutta labrax</i>			<i>S. trutta caspius</i>		
	Değ. 1	Değ. 2	Değ. 3	Değ. 1	Değ. 2	Değ. 3	Değ. 1	Değ. 2	Değ. 3
M1-2	-0,2841	0,0075	-0,3073	-0,9104	-1,9103	1,0492	0,1591	-0,7798	0,7906
M1-3	-0,3542	-0,5269	-0,1336	-0,1419	1,1040	-0,6999	-0,9403	0,1458	-0,0222
M2-3	-0,0964	0,8633	-0,9508	0,5676	0,3532	0,1076	0,4623	-0,2730	-0,4505
M2-4	-0,7381	0,0259	0,8898	0,4078	0,8902	-0,5797	0,4342	0,0887	-0,9781
M2-5	-0,2012	0,0113	-0,4539	-0,1394	-1,7637	0,5570	-0,0856	0,0463	-0,3416
M3-4	-0,1211	0,0604	0,0174	-0,4526	0,2139	-1,2210	0,3431	-0,3359	-0,1377
M3-5	-0,0594	-0,4219	-0,5386	-0,1072	2,0240	0,5963	-0,2707	0,4378	0,5950
M4-5	0,0784	-0,3908	0,3293	0,5109	0,5323	-0,1970	0,0056	-0,2798	0,5736
M4-6	0,0444	0,3059	0,2986	0,2721	-0,1227	0,4030	-0,5784	0,3982	0,1647
M4-7	0,1304	0,1931	-0,3940	-0,0227	-0,6755	-0,1446	-0,5267	-0,2972	-0,5240
M5-6	0,0717	-0,2144	-0,0468	0,1895	0,8909	0,0476	-0,5613	-1,2818	0,7872
M5-7	-0,0997	0,2603	0,4227	0,0632	0,1461	-0,4047	0,4084	0,4796	0,1038
M6-7	0,1147	0,4404	0,5571	-0,0735	1,0718	1,0725	0,3307	0,4763	0,9398
M6-8	0,1691	0,0034	0,3065	1,2364	0,2594	-0,2757	-0,3336	-0,2244	-1,0537
M6-9	-0,0199	-0,1777	0,0454	-1,5804	-0,6216	0,2309	1,3544	0,8404	0,7543
M7-8	0,1780	-0,1484	0,2748	-0,1262	-0,8270	-1,2848	0,7163	0,0979	0,3843
M7-9	0,1990	-0,2835	0,1882	-0,2755	0,3141	0,1838	-0,9120	-0,0396	-0,2470
M8-9	-0,1429	-0,2209	-0,0062	1,4797	-0,6463	-0,1547	-0,2276	-0,6066	-0,3116
M8-10	0,2257	-0,9790	-0,3781	0,0374	0,2051	0,2751	0,0776	-0,6005	0,7537
M8-11	-0,2008	0,1925	-0,3119	0,1187	0,3972	-0,0398	0,6006	-0,4921	-1,3663
M9-10	0,4347	0,0356	0,0374	-1,5527	-1,0533	2,1092	1,1237	-0,3591	-0,0161
M9-11	0,1202	0,5463	0,0800	1,8206	-0,3806	0,0674	-1,0045	0,1121	-0,9664
M10-11	-0,0533	0,4859	0,2047	-0,0160	0,0302	-0,7860	-0,8372	2,0704	0,3594
M10-12	0,1123	-0,3101	-0,1426	-0,0852	-1,3352	-1,8013	0,9997	0,6991	0,3348
M11-12	0,5973	0,3923	0,0813	-0,9415	1,3229	0,9495	-0,6521	-0,3514	-0,3644
Eigenval.	2,1562	1,5148	0,6778	98,0051	1,2975	0,3524	3,1673	1,2607	0,2312
Cum.Prop	0,4316	0,7348	0,8704	0,9813	0,9943	0,9979	0,6798	0,9504	1,0000
	Meristik veriler								
D	-0,2152	-0,4058	0,2099	0,0351	-0,015	-0,7339	-0,3015	-0,3468	0,0523
A	0,0060	-0,1218	-0,5176	-0,1749	-0,032	0,8812	0,9999	-0,2139	0,3336
P	0,4976	-0,1716	0,8838	-0,5531	-0,092	-0,2920	0,3686	0,6171	-0,6297
V	0,6540	-0,2803	-0,7212	-0,7038	0,075	0,2991	-0,2829	0,3859	0,8032
S.D	-0,0866	-0,6628	0,1189	0,1530	-1,007	-0,0648	-0,1669	0,0608	-0,4912
Eigenval.	0,1971	0,1342	0,0221	0,4757	0,241	0,0258	0,2774	0,1054	0,0253
Cum.Prop	0,5526	0,9289	0,9908	0,6278	0,946	0,9805	0,6799	0,9381	1,0000

Tablo 18'in devamı

Morfometrik Veriler								
	<i>S. trutta macrostigma</i>			<i>S.t. abanticus</i>	<i>S. platycephalus</i>	Tüm taksonlar ( <i>Salmo</i> sp.)		
	Değ. 1	Değ. 2	Değ. 3	Değ. 1	Değ. 1	Değ. 1	Değ. 2	Değ. 3
M1-2	1,0174	0,3317	0,57695	0,9897	0,7811	0,6253	-0,121	0,3744
M1-3	-0,3744	-0,9515	-0,35300	0,9178	-0,2955	-0,2014	0,344	0,6001
M2-3	0,2070	-0,3245	-0,10126	-2,2947	-0,3480	0,1417	-0,130	0,1407
M2-4	0,2498	-1,0766	0,30050	-0,5082	0,0691	0,1544	0,383	-0,0488
M2-5	0,0748	-0,4423	-0,57474	0,0566	0,0154	-0,1147	0,258	0,2836
M3-4	0,2456	0,7763	-0,16841	0,6561	-0,8589	-0,0655	0,362	0,4965
M3-5	0,3363	-0,1062	-0,51953	-1,2975	0,1045	0,1867	0,437	0,1115
M4-5	-0,2844	0,3354	-0,01211	2,7262	-1,3785	-0,3024	-0,131	0,4379
M4-6	0,5054	0,5256	0,03493	-0,8085	-0,1855	0,3691	0,258	-0,1706
M4-7	0,1364	0,0361	-0,65837	-0,7876	0,1202	-0,0528	0,180	0,3255
M5-6	-0,1612	0,0688	0,24458	-1,5343	-0,1196	-0,2492	-0,165	-0,3529
M5-7	0,4664	-0,1085	-0,45833	2,3801	-0,0443	0,1668	0,109	0,1932
M6-7	-0,3415	0,1196	-0,22255	-1,1111	-0,1716	-0,4475	-0,219	-0,0942
M6-8	0,1398	-0,1556	0,26209	-1,1364	-0,1132	-0,0876	0,257	-0,7291
M6-9	0,0400	-0,2243	0,06416	0,5371	0,5831	0,1439	-0,346	0,4217
M7-8	-0,9087	0,2414	0,26226	1,5535	-0,2976	-0,1930	-0,830	-0,1707
M7-9	0,9693	0,7462	0,12221	-1,2419	0,0716	1,0891	-0,501	-0,0116
M8-9	-0,0237	0,0890	0,96277	-2,4841	1,0357	-0,2273	-0,028	-0,7572
M8-10	0,2389	-0,0562	0,13824	1,0007	-1,1431	0,2073	0,179	0,1645
M8-11	-0,0208	0,5673	0,69896	-0,0915	0,1843	0,2154	-0,198	-0,1818
M9-10	-2,0395	-0,6419	-0,53325	2,0946	1,0916	-0,9941	-1,201	0,8006
M9-11	-0,1768	-0,1543	0,08389	-1,7349	-0,4248	-0,1475	0,858	-0,7491
M10-11	-0,0111	0,3891	0,41839	-1,0772	0,9096	-0,3359	0,425	-0,8819
M10-12	0,1234	0,4205	0,02676	2,3466	-0,1788	0,4024	0,283	-0,0458
M11-12	-0,0622	-0,6492	-0,25542	0,0251	0,2057	-0,0001	-0,285	-0,1417
Eigenval.	5,8251	1,6239	1,09637	229,3129	8,8329	4,4040	2,498	2,0575
Cum.Prop	0,5299	0,6777	0,77742	1,0000	1,0000	0,2816	0,441	0,5728
Meristik veriler								
D	-0,2133	-0,7291	-0,6293	-0,9759	-0,0629	0,2541	0,4974	-0,7279
A	-0,4503	-0,2339	0,2155	0,5925	0,0551	0,4418	0,5287	0,3577
P	0,7138	0,1791	-0,6421	-0,6063	-0,2349	-0,3386	-0,2389	-0,7463
V	0,2435	-0,5949	0,6441	-0,4030	-0,0584	-0,1821	0,2670	0,1314
S.D	0,5590	-0,0865	0,5666	-0,1438	-0,9835	-0,9631	0,3041	0,3076
Eigenval.	0,4646	0,2839	0,1542	14,4476	0,8741	1,4322	0,5700	0,3795
Cum.Prop	0,4576	0,7371	0,8890	1,0000	1,0000	0,5374	0,7513	0,8937



Şekil 19. Her bir ekotipe ait meristik sayım ve morfometrik ölçümler için Mahalanobis uzaklıklarından ( $D^2$ ) oluşturulan UPGMA ağacı (a, *Salmo t. fario*; b, *S. t. labrax*; c, *S. t. caspius*; d, *S. t. macrostigma*)

### 3.2.2. Deniz Ekotipi (*Salmo trutta labrax*)

Kahverengi alabalığın dere formuyla aynı akarsuları paylaşan deniz formuna (Şekil 20) ait 93 adet balık örneklenmiştir. Örneklenen balıkların standart boyları 127,68 - 594,24 mm arasında değişip, standart boyun ortalama  $188,17 \pm 53,045$  mm değere sahip olduğu belirlenmiştir. En yüksek VK %90,59 ve 31,60 oranlarıyla verildiği sıraya göre M9-11 ve M5-6 morfometrik ölçüm karakterlerinde, en düşük VK değerleri ise %7,46 ve 7,33'lük oranlarla M4-7 ve M2-5 morfometrik karakterlerinde olduğu hesaplanmıştır. Meristik karakterlerdeki en yüksek ve en düşük VK değerinin, sırasıyla anal yüzgeç ışın sayısı (A, % 5,12) ve ventral yüzgeç ışın sayısında (V, %3,44) olduğu tespit edilmiştir (Tablo 16).



Şekil 20. Deniz ekotipi (*Salmo trutta labrax*)

Kahverengi alabalığın deniz formunun 5 popülasyonu için DFA uygulanmış ve 25 morfometrik karakterden ikisinin (M1-2 ve M9-11), 5 meristik karakterden ise yalnızca birinin (S.D, Solungaç diken sayısı) istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) olduğu tespit edilmiştir (Tablo 18). Morfometrik karakterlerin tolerans değeri 0,0353 (M9-10) ve 0,2729 (M5-7) arasında değişim göstermiştir. Meristik karakterlerin hepsi yüksek tolerans değerine ( $> 0,5$ ) sahip olmuştur (Tablo 17).

Morfometrik ve meristik veriler için hesaplanan ilk iki Canonical değişken sırasıyla toplam varyasyonun CD1 %98,6, CD2 %0,0096 ve CD1 %62,8, CD2 %31,8'ine sahip olmuştur (Tablo 18). Popülasyonlar arası bireylerin tahmini sınıflandırılmasında, Solaklı, İyidere ve Kapisre popülasyonları (%100), Fırtına (%75) ve Çağlayan (%85) oranlarında doğru sınıflandırılmıştır.

Mahalanobis uzaklık matrisinin kullanımıyla oluşturulan ağaçta, iki ana grup oluşmuş ve İyidere popülasyonunun diğer popülasyonlardan ayrıldığı gözlenmiştir. Diğer grupta yer alan popülasyonlar arasındaki mesafenin daha kısa olduğu gözlenmiştir (Şekil 19b).

### 3.2.3. Kafkas Alası (*Salmo trutta caspius*)

Hazar (Şekil 21) denizine dökülen Kura ve Aras Nehirleri'ne bağlı 4 dereden toplam 156 adet örnek toplanmış, bu örneklerin 116,16 – 279,36 mm arasında değiştiği ve ortalama  $176,76 \pm 5,455$  mm SB sahip olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 21. Kafkas alası (*Salmo trutta caspius*)

Ölçümü yapılan doğrusal karakterlerin en yüksek ve en düşük varyasyon katsayıları sırasıyla %54,46, 20,85 (M9-11, M1-2) ve %6,21, 6,22 (M2-5, M4-7), sayılabilen karakterler için hesaplanan en yüksek ve en düşük varyasyon katsayıları ise sırasıyla %9,81 (S.D) ve %4,32 (P) olarak hesaplanmıştır (Tablo 16).

Bu alt türe ait populasyonlar için yapılan DFA sonucunda 25 morfometrik karakterden üçünün (M5-6, M6-9 ve M10-11) istatistiki olarak önemli olduğu bulunmuştur ( $P < 0,001$ ). Meristik karakterlerden anal yüzgeç ışın sayısı dışındaki karakterlerin hiçbiri istatistiki olarak önemli bulunmamıştır ( $P > 0,05$ ) (Tablo 17). Tolerans değeri, morfometrik karakterler için 0,0411-0,3008 arasında değişim göstermiş, meristik karakterler için ise ( $> 0,5$ ) yüksek değerlere sahip olmuştur (Tablo 17).

En yüksek değere sahip ilk Canonical değişkenler, morfometrik veriler için toplam varyasyonun %67,9 ve 25,8, meristik veriler içinse toplam varyasyonun %68,0 ve 25,8'si şeklinde gerçekleşmiştir (Tablo 18).

Populasyonlar arası bireylerin tahmini sınıflandırılması matrisi sonucuna göre; toplamda % 80, her bir populasyon için ise; Alabalık (% 79,1), Toro (%73,6), Keklik (%82,9) ve Ortaköy (%100) oranlarında doğru sınıflandırılmıştır. Mahalanobis uzaklık matrisiyle oluşturulan ağaca göre, Aras nehri Ortaköy deresinin diğer populasyonlardan ayrıldığı iki grup gözlenmiştir (Şekil 19c).

### 3.2.4. Dağ Ekotipi (*Salmo trutta macrostigma*)

En fazla yayılma alanına sahip, dağ alası (Şekil 22) olarak isimlendirilen bu alt türe ait 12 farklı istasyondan toplam 434 adet örnek toplanmıştır. Örneklerin standart boyları 75,84 - 403,2 mm arasında değişim göstermiş ve ortalama  $174,26 \pm 3,055$  mm olduğu tespit edilmiştir. Morfometrik karakterler için en yüksek VK, %62,43 (M9-11) ve %32,32 (M8-10) ve en düşük VK, % 7,65 (M4-7) ve % 7,99 (M2-5) olarak, meristik karakterler için en yüksek ve en düşük VK ise %10,07 (S.D) ve 5,23 (P) olarak bulunmuştur (Tablo 16).



Şekil 22. Dağ ekotipi (*Salmo trutta macrostigma*)

Bu alt türe ait 12 populasyon için yapılan DFA sonucunda 25 morfometrik karakterden 9 adedinin istatistiki olarak önemsiz olduğu (M5-6, M6-7, M6-8, M6-9, M8-9, M9-11, M10-11, M10-12 ve M11-12), bunların dışındaki 16 karakterin önemli olduğu tespit edilmiştir ( $P < 0,001$ ). Meristik karakterlerden ise hepsinin (D, A, P, V ve S.D) istatistiki olarak önemli olduğu tespit edilmiştir, ( $P < 0,001$ ). Tolerans değerlerine bakıldığında, morfometrik veriler için 0,0569 – 0,3494 arasında değişim gösterdiği, meristik veriler için ise ( $> 0,5$ ) yüksek değerlere sahip olduğu saptanmıştır (Tablo 17).

Morfometrik veriler için en yüksek orana sahip ilk üç CD toplam %77,7 varyasyona (sırasıyla %53,0, 14,7 ve 10,0), meristik veriler için ise toplam %88,9 varyasyona (sırasıyla % 45,8, 27,9 ve 15,2) sahip olmuştur (Tablo 18).

Diskriminant analiziyle bu alt türün 12 populasyonu arasında bireylerin tahmini sınıflandırılması sonucu sırasıyla; Solaklı (%96,15), Altındere (%96,77), Barhal (94,23), Tekkale (%75,86), Fırız (%87,23), Hurman (%78), Söğütlü (%80), Göksu (%74), Alakır (%78) Alara ve Eşen (%100), ve Kilisedere (%72,09)'dir. Bu populasyonlar için

Mahalanobisin mesafe matrisiyle oluşturulan ağaca göre mesafe olarak uzak duran Eşen ve Alara dışındaki diğer populasyonlar iki alt grup oluşturmuştur. Birinci grup; Karadeniz ve Marmara havzalarına ait Kilisedere, Tekkale, Barhal ve Solaklı-Haldizen populasyonlarını içermiştir. İkinci alt grup ise Akdeniz ve Basra drenaj havzası populasyonları olan Hurman, Söğütlü, Alakır, Göksu ve Fırnız populasyonlarını içine almıştır (Şekil 19d).

### 3.2.5. Göl Ekotipi (*Salmo trutta abanticus*)

Göl alası (Şekil 23) olarak isimlendirilen bu alt türe ait balıklar endemik olarak bulunduğu Abant Gölü ve sonradan ortama bırakılmış olduğu Almus Baraj Gölü'nden örneklenmiştir. Toplam 37 adet örneğin 219,8 - 465,6 mm arasında değişim gösterdiği ve ortalama  $278,23 \pm 4,007$  mm SB'a sahip olduğu belirlenmiştir.



Şekil 23. Göl ekotipi (*Salmo trutta abanticus*)

Morfometrik karakterler için en yüksek varyasyon katsayısının %57,20 (M9-11) ve %24,37 (M6-8), en düşük varyasyon katsayısının ise %4,81 (M2-5) ve %5,04 (M4-7) olduğu tespit edilmiştir. Meristik karakterler için en yüksek ve en düşük varyasyon katsayılarının %7,29 (D) ve %1,82 (V) olduğu belirlenmiştir (Tablo 16).

Göl alabalığı örnekleri için yapılan DFA sonucunda 25 morfometrik karakterden hiçbirinin istatistiki olarak önemli olmadığı ( $P > 0,05$ ), 5 meristik karakterden ise 2'sinin (D ve A) ise istatistiki olarak önemli olduğu saptanmıştır ( $P < 0,001$ ). Tolerans değerleri morfometrik karakterler için 0,0143 (M8-9) ve 0,1690 (M1-3) arasında değişim göstermiş ve meristik karakterler için ise tüm karakterlerin ( $> 0,5$ ) yüksek değerlere sahip olduğu saptanmıştır (Tablo 17).



Morfometrik ve meristik karakterler için yalnızca bir CD total varyasyonun tamamına (%100) sahip olmuştur (Tablo 18). Populasyonlar arası bireylerin tahmini sınıflandırılması, her iki populasyon için %100 olarak gerçekleşmiştir. Bu alt türü yalnızca iki populasyon temsil ettiğinden Mahalanobisin mesafe matrisine göre ağaç oluşturulmamıştır. Fakat iki nokta arasındaki mesafe 6791,224 olarak hesaplanmıştır.

### 3.2.6. Anadolu Alası (*Salmo platycephalus*)

Seyhan nehrinin farklı iki kolundan yakalanan toplam 88 adet örneğin standart boylarının 140,16 - 322,56 mm arasında değiştiği ve ortalama  $227,44 \pm 40,617$  mm olduğu belirlenmiştir (Şekil 24).



Şekil 24. Anadolu alası (*Salmo platycephalus*)

Morfometrik veriler için en yüksek ve en düşük varyasyon katsayıları sırasıyla % 32,58 (M9-11), % 20,01 (M5-6) ve % 5,46 (M4-7), % 5,62 (M2-5) olarak hesaplanmıştır. Meristik karakterler için ise varyasyon katsayılarının, en yüksek % 6,65 (A) ve en düşük %3,78 (P) olduğu belirlenmiştir (Tablo 16).

İki populasyon için yapılan DFA sonucunda 25 karakterden yalnızca biri (M4-5) istatistiki olarak önemli bulunmuştur ( $P < 0,001$ ). Meristik karakterlerden ise yalnızca solungaç diken sayısının istatistiki olarak önemli olduğu tespit edilmiştir ( $P < 0,001$ ). Tolerans değerlerine bakıldığında morfometrik veriler için 0,0559 (M10-11) – 0,3628 (M4-6) arasında değişim gösterdiği ve meristik veriler için tüm tolerans değerlerinin ( $> 0,5$ ) yüksek olduğu görülmüştür (Tablo 17).

Yapılan Canonical analiz sonucunda morfometrik ve meristik karakterler için toplam varyasyonun tümüne (%100) sahip olan yalnızca bir değişken belirlenmiştir (Tablo 18).

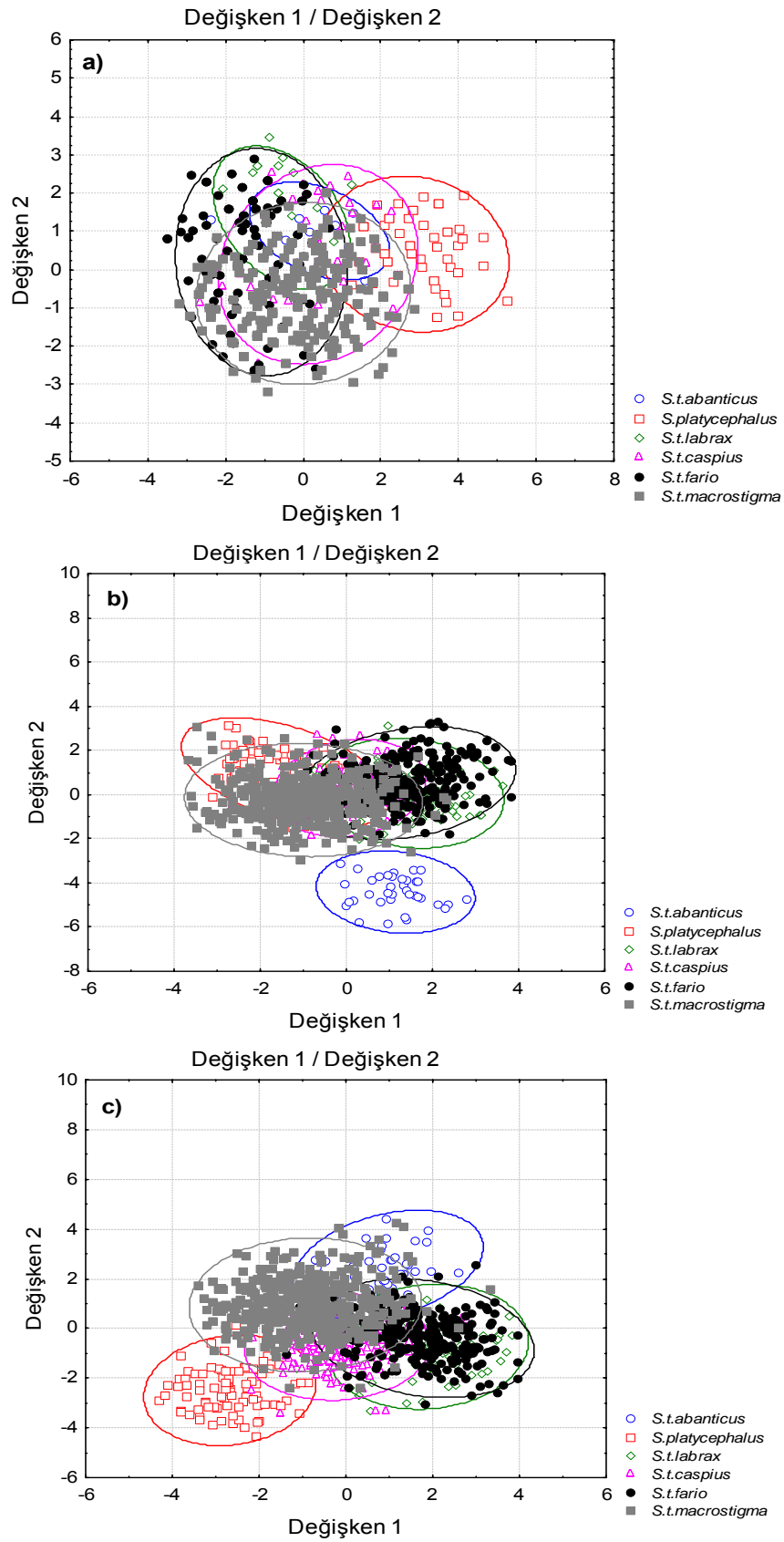
Diskriminant analizi sonucu oluşturulan sınıflandırma matrisine göre bireylerin populasyonlar arası tahmini sınıflandırılması her iki populasyon için (%100) olarak gerçekleşmiştir. Yalnızca iki populasyonla temsil edilen bu alt tür için Mahalanobisin matrisine göre ağaç oluşturulmamıştır. Fakat iki nokta arasındaki mesafe 38,91894 olarak hesaplanmıştır.

### 3.2.7. Tüm Ekotipler (*Salmo trutta*)

Türkiye genelinde toplam 30 farklı istasyondan toplanan 1068 adet doğal alabalık örneğinin 75,84 – 594,24 mm SB arasında değişim gösterdiği ve ortalama 179,80 mm SB sahip olduğu belirlenmiştir. Tüm ekotipler için en yüksek varyasyon katsayısına sahip karakterler M9-11 (%69,10) ve M5-6 (%27,74) olmuştur. En düşük varyasyon katsayısına sahip karakterler ise M4-7 ile M2-5, sırasıyla %7,69, 7,88 değerlerini almıştır. Varyasyon katsayısı için meristik karakterlere bakıldığında en yüksek değere sahip karakterin solungaç diken sayısı (% 11,95), en düşük değere sahip karakterin ise pektoral yüzgeç ışın sayısı (% 5,11) olduğu görülmüştür (Tablo 16).

Tüm ekotiplere ait populasyonlar için yapılmış DFA sonucunda çalışılan 25 morfometrik karakterin hepsi istatistiksel olarak önemli bulunmuştur ( $P < 0,001$ ). Ayrıca çalışılan meristik karakterlerin tümünün istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir ( $P < 0,001$ ). Tolerans değerleri morfometrik karakterler için 0,0782 - 0,3325 arasında değişim göstermiş ve en yüksek değere M4-6 ölçümünün sahip olduğu tespit edilmiştir. Meristik karakterler için tüm tolerans değerleri ( $> 0,5$ ) yüksek bulunmuştur (Tablo 17).

Yapılan Canonical analiz sonucunda morfometrik karakterler için ilk üç değişken total varyasyonun %57,28'ine sahip olmuş ve sırasıyla CD1: % 28,16, CD2: % 15,94 ve CD3: % 13,18 olarak hesaplanmıştır. Meristik karakterler için ise değişkenler sırasıyla % 53,74, 21,39 ve 14,24'lük oranlara sahip olmuştur (Tablo 18). Tüm ekotipler için hesaplanan ve en yüksek varyasyona sahip, ilk iki CD'nin kullanımıyla, her bir ekotipe ait meristik, morfometrik ve meristik ve morfometrik verilerin tümü için oluşturulan dağılım grafikleri Şekil 25'de sunulmuştur.

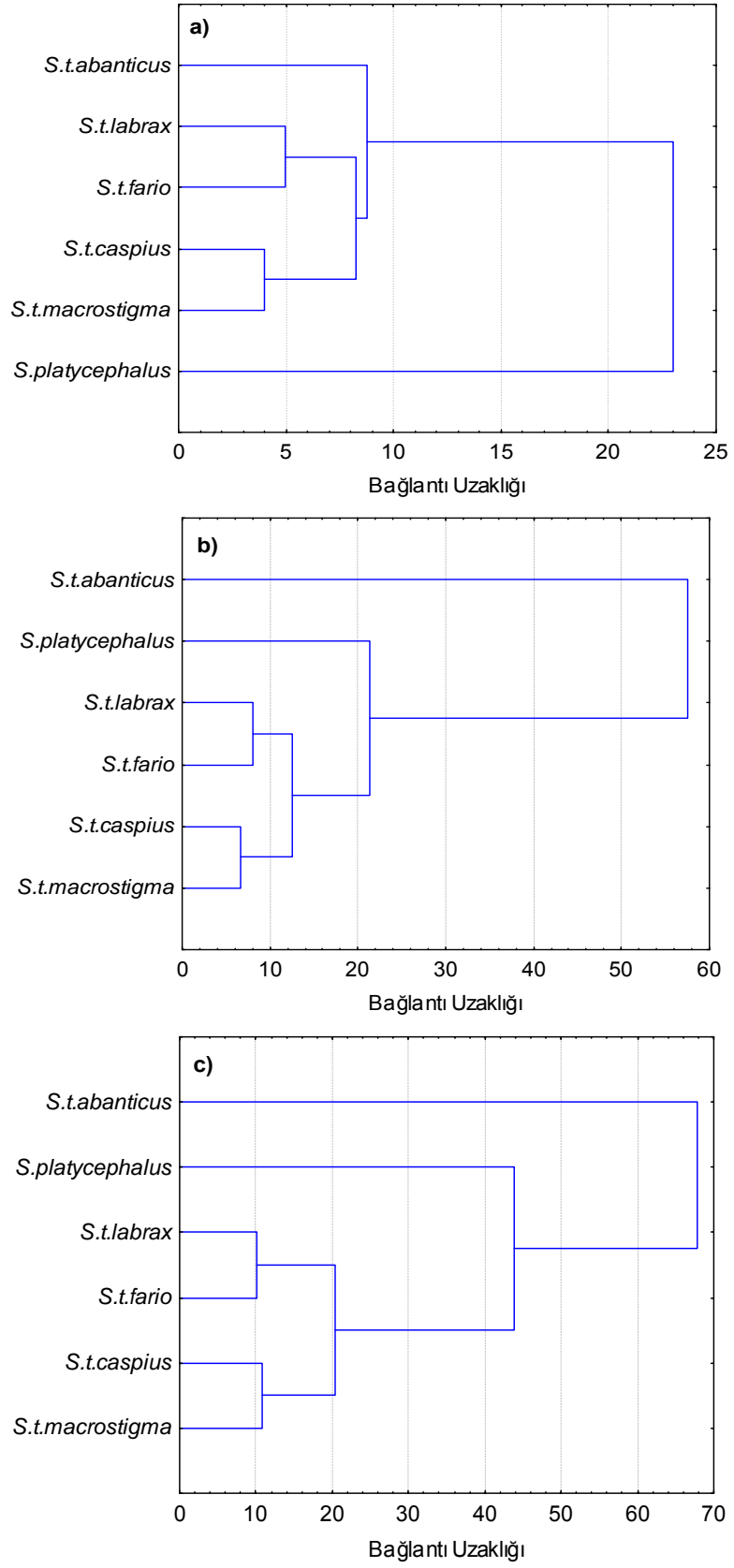


Şekil 25. Her bir taksona ait meristik sayımlar (a), morfometrik ölçümler (b) ve meristik sayım ve morfometrik ölçümler (c) için kümeler arası korelasyon analizi

Şekil 25b’de Abant alasının morfolojik karakterler yönünden diğer taksonlardan net bir şekilde ayrıldığı görülmektedir. Şekil 25c’de ise morfometrik ve meristik karakterlerin tümü için *S. trutta abanticus* ve *S. platycephalus* net olmasa da diğer taksonlardan uzaklaştığı gösterilmiştir.

Tüm ekotipler arasındaki Mahalanobis uzaklık matrisi ( $D^2$ ) diskriminant analizi kullanılarak hesaplanmış ve bu matrisin kullanımıyla her bir ekotipe ait meristik sayımlar, morfometrik ölçümler ve meristik ve morfometrik verilerin tümü için ayrı ayrı UPGMA ağacı oluşturulmuştur (Şekil 26). Tüm ekotiplerin meristik karakterleri için oluşturulmuş ağaca göre, iki ana grubun meydana geldiği, *S. platycephalus*’ un ilk grupta ve *S. trutta abanticus* ve diğer ekotiplerin diğer grupta yer aldığı gözlenmiştir. İkinci grup içinde yer alan ekotipler, *S. trutta macrostigma* ile *S. trutta caspius* ve *S. trutta fario* ile *S. trutta labrax*’ın birlikte olduğu iki ayrı alt gruba ayrılmıştır (Şekil 26a). Morfometrik ve morfometrik-meristik karakterlerin ikisi için oluşturulmuş diğer iki ağaçta benzer bir yapı gözlenmiş ve *S. trutta abanticus* ve *S. platycephalus* diğer taksonlardan ayrı olarak yer aldığı ağaçta dere ve deniz ekotipleri bir alt grupta dağ alası ve Kafkas alası diğer alt grupta yer almıştır (Şekil 26b, c).

Tüm populasyonlara ait bireylerin ekotipler arası tahmini olarak sınıflandırılması farklı sonuçlar vermiştir (Tablo 19). Bu sonuçlara göre, *S. trutta abanticus* için doğru sınıflandırma değeri %97,3 olarak gerçekleşmiş olup, yalnızca bir birey *S. trutta macrostigma* altında yanlış sınıflandırılmıştır. Aynı oran *Salmo trutta macrostigma* için 385 bireyle %88,71 olarak saptanmış olup, 26, 21 ve 1 birey sırasıyla *S. trutta caspius*, *S. trutta fario* ve *S. trutta labrax* altında yanlış sınıflandırılmıştır. *S. platycephalus* bireyleri için %95,45 doğru sınıflandırma oranı gözlenmiş ve yalnızca 4 birey *S. trutta macrostigma* altında yanlış sınıflandırılmıştır. *Salmo trutta labrax* için doğru sınıflandırma değeri % 79,57 olmuş, 17 bireyin *S. trutta fario*, 1 bireyin *S. trutta macrostigma* ve 1 bireyin *S. platycephalus* altında yanlış sınıflandırıldığı gözlenmiştir. Doğru sınıflandırma oranı *S. trutta fario* için % 80,38 olmuş, bu alt türün içinde görülen 21 birey *S. trutta macrostigma*, 14 birey *S. trutta caspius* ve 16 birey *S. trutta labrax* altında yanlış sınıflandırılmıştır. En düşük doğru sınıflandırma oranına sahip *S. trutta caspius* için bu oran %72,44 olmuş ve 25 birey *S. trutta macrostigma*, 15 birey *S. trutta fario*, 2 birey *S. platycephalus* ve bir birey *S. trutta labrax* altında yanlış sınıflandırılmıştır.

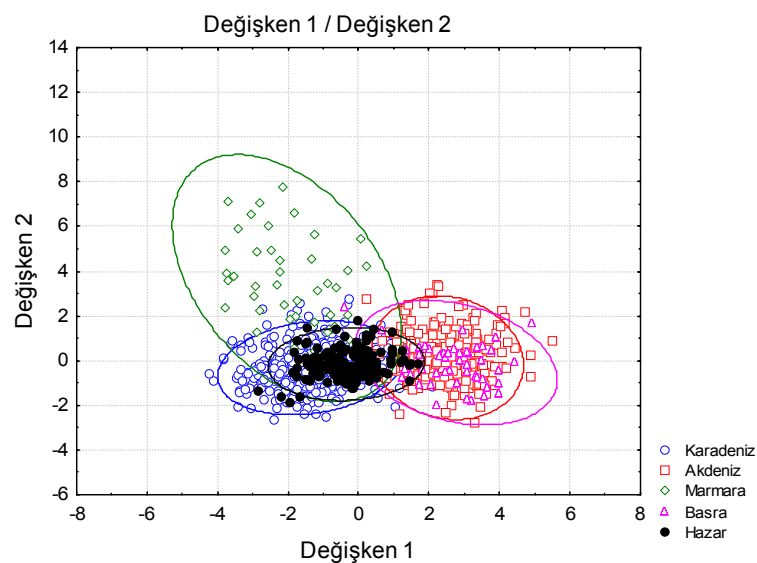


Şekil 26. Her bir taksona ait meristik sayımlar (a), morfometrik ölçümler (b) ve meristik sayım ve morfometrik ölçümler (c) için Mahalanobis uzaklıklarından ( $D^2$ ) oluşturulan UPGMA ağacı

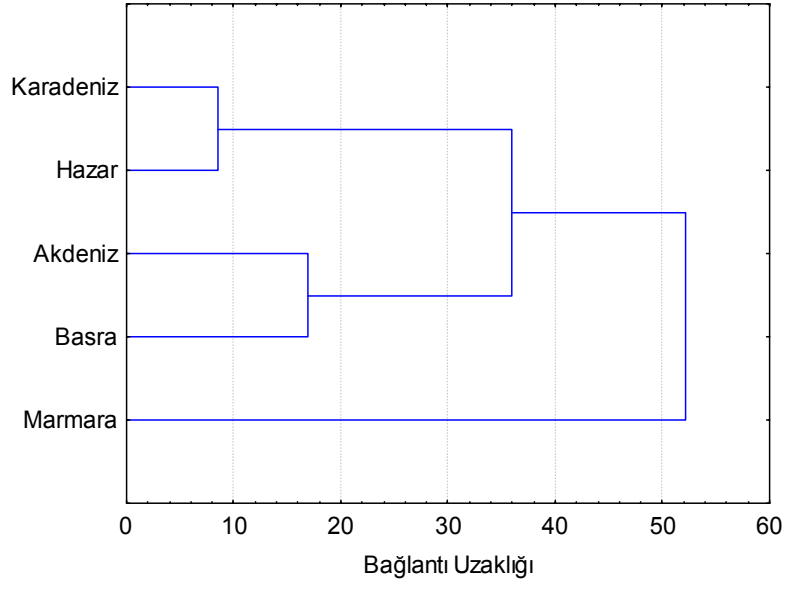
Tablo 19. Ekotipler arası, populasyonlara ait bireylerin tahmini olarak sınıflandırılması  
(Satırlar: gözlenen sınıflandırmalar, Sütunlar: tahmini sınıflandırmalar)

	(%)	S.t. <i>abanticus</i>	S.t. <i>macrostigma</i>	S. <i>platycephalus</i>	S.t. <i>labrax</i>	S.t. <i>caspius</i>	S.t. <i>fario</i>
<b>S.t.abanticus</b>	97,30	36	1	0	0	0	0
<b>S.t.macrostigma</b>	88,71	1	385	0	1	26	21
<b>S.platycephalus</b>	95,45	0	4	84	0	0	0
<b>S.t.labrax</b>	79,57	0	1	1	74	0	17
<b>S.t.caspius</b>	72,44	0	25	2	1	113	15
<b>S.t.fario</b>	80,38	0	21	0	16	14	209
<b>Total</b>	84,36	37	437	87	92	153	262

Tüm taksonları oluşturan populasyonlar drenaj havzalarına göre ayrılmış her bir havza ve morfometrik ve meristik karakterler için Canonical analiz yapılmış ve toplam varyasyonun büyük bir kısmını temsil eden ilk iki CD'nin kullanımıyla dağılım grafiği oluşturulmuştur (Şekil 27). Ayrıca drenaj havzaları arasında Diskriminant analiz yöntemi kullanımıyla oluşturulan Mahalanobis uzaklık matrisi ( $D^2$ ) ile morfometrik ve meristik verilerin tümü için UPGMA ağacı oluşturulmuştur (Şekil 28). Oluşturulan UPGMA ağacına göre Marmara drenaj havzasının dışında Karadeniz ve Hazar havzaları ile Akdeniz ve Basra havzaları ayrı iki grup oluşturmuşlardır. Canonical analiz sonucunda oluşturulan dağılım grafiğinde de Marmara drenaj havzasının tam olmasa da diğer havzalardan uzaklaştığı gözlenmiş ve Karadeniz havzasının Hazar havzası ile, Akdeniz havzasının ise Basra havzası ile çakıştığı tespit edilmiştir.



Şekil 27. Morfometrik ölçüm ve meristik sayımlar ve herbir drenaj havzası için kümeler arası korelasyon analizi



Şekil 28. Morfometrik ölçüm ve meristik sayımlar ve herbir drenaj için Mahalanobis uzaklıklarından ( $D^2$ ) oluşturulan UPGMA ağacı

#### 4. TARTIŞMA

RFLP analizine baęlı olarak Türkiye'deki bazı iç sularda bulunan alabalıklar için filogenetik yapının oluşturulması, önceden yapılmış olmasına rağmen (Gezgin, 1999; Bardakçı vd., 2006) bu çalışmada daha fazla örnek ve daha geniş mtDNA gen bölgesi kullanılarak detaylı bir şekilde RFLP varyasyonunun altı çizilmiş ve karşılaştırma yapılmıştır.

Bu çalışmanın başlıca hedefleri, kahverengi alabalık populasyonlarının filogenetik ve filocoğrafik yapısını belirlemek, anadrom ve yerleşik ekotipler arası genetik varyasyonu saptamak ve son olarak da sonuçlarıyla en fazla tartışma yaratan morfolojik varyasyonu tespit etmek ve elde edilen sonuçları genetik verilerle karşılaştırmak olmuştur. Bu amaçla genetik ve morfolojik farklılıklar, 5 ayrı drenaj havzasından, 30 istasyondan toplanan örnekler üzerinde mtDNA-RFLP analizi ve Truss ağ sistemi kullanılarak araştırılmıştır. Türkiye genelinde 30 farklı populasyondan toplam 726 örnek üzerinde mtDNA'nın ND1, Sitokrom b/D-loop ve ND5/6 bölgelerinin toplam 17 kesici enzimle kesilmesiyle 147 kesim yeri bulunmuştur. Çalışılan gen bölgelerinin büyüklükleri sırasıyla ND1 için 2110 bp, Sitokrom b/D-loop için 2550 bp ve ND5/6 için 2450 bp olup, toplamda mtDNA üzerinde 7110 bp'lik bir bölüm çalışılmış ve bu da yaklaşık 17000 bp uzunluğundaki mtDNA'nın %41,8'ine tekabül etmiştir. Toplam 147 kesim yeri 635 nukleotit pozisyonunu temsil etmiş, bu da mitokondriyal genomun %3,7'sine karşılık gelmiştir. Her bir birey için ortalama olarak 87 nokta kesilmiş ve her bir birey için gözlenen ortalama nukleotit sayısı 377 olmuştur. Bu değer mitokondriyal genomun % 2,2 sine denk gelmektedir. Haplotipler arasında 56 spesifik kesim yeri dağılım göstermiştir.

Bardakçı vd. (2006) 27 farklı istasyondan toplam 377 örnek toplamış ve bu örneklerin mtDNA'sının iki farklı gen bölgesinde (ND5/6 ve Sitokrom b/D-loop) toplam 11 kesici enzim kullanımıyla 62 kesim yeri bulmuş ve bu kesim yerleri 258 nukleotiti temsil etmiştir. Gezgin (1999) ise yapmış olduğu çalışmada 8 farklı bölgeden topladığı toplam 127 adet örnekte mtDNA'nın ND1 ve ND5/6 gen bölgelerini çalışmış ve çalışmasında toplam 13 kesici enzim kullanmıştır. Bu nedenle bu tez çalışması kahverengi alabalıklar üzerinde şimdiye kadar yapılan en kapsamlı çalışmadır.



#### 4.1. Haplotip Çeşitliliği

mtDNA'nın ND1 bölgesinin RFLP analizi sonucunda 6 farklı haplotip elde edilmiş ve bu gen bölgesinin kahverengi alabalıklar için polimorfik olduğu saptanmıştır. Fakat haplotiplerden bir tanesinin (AAABB) populasyonlar arasında yaygın olduğu ve populasyonları % 92 oranında temsil ettiği tespit edilmiştir. Bir başka haplotip ise (ABABB) yaygın olan haplotipten *Hinf* I enziminde görülen B morfuyla ayrılmış ve yalnızca Değirmendere - Altındere populasyonunda görülmüştür. Bu haplotipin söz konusu populasyonlar için belirleyici olduğu tespit edilmiştir. Gezgin (1999) çalışmasında ND1 gen bölgesi için yalnızca bir haplotip elde etmiş ve çalışılan 8 populasyonun bu haplotipe sabitlendiğini ve monomorfik olduğunu bulmuştur.

mtDNA üzerinde varyasyonu gösteren bölgelerden biri olarak görülen ND1 bölgesinin Gezgin (1999)'nin çalışmasında grup içi ve gruplar arası varyasyon göstermemesi, muhtemelen çalıştığı bölge ve örnek sayısının azlığından kaynaklanmaktadır. İtalyada 7 ayrı nehir sisteminde 16 populasyon üzerinde yapılan çalışmada 11 adet ND1 haplotipi tespit edilmiştir (Caputo vd., 2004). Hansen ve Loeschke (1996) tarafından Danimarka da 3 ayrı coğrafik alanda 12 ayrı istasyonda yapılan çalışmada kullanılan 5 farklı kesici enzim için 7 adet ND1 birleşik genotipi bulunmuştur. Hansen ve Mensberg (1998) tarafından Danimarka'da 4 ayrı coğrafik alan ve 24 populasyonda yürütülen bir diğer çalışmada ise önceki enzimlere ilave olarak *Dde* I kesici enzimi de kullanılmış ve ND1 gen bölgesi için 8 haplotip tespit edilmiştir. Ayrıca Polonya' da 6 nehir sisteminde toplam 240 adet deniz alası örnekleriyle yapılan çalışmada 5 kesici enzim kullanılmış ve 6 ND1 haplotipi gözlenmiştir. Yapılan bu çalışmalarda görüldüğü gibi ND1 bölgesi, kahverengi alabalıklarda polimorfik bir yapı göstermiş olup Kuzey ve Güney Avrupa ülkelerinde genetik varyasyonun araştırılmasında yoğun olarak kullanılmıştır. ND1 bölgesi yalnız kahverengi alabalıklardaki genetik farklılaşmayı tespit etmek için değil, diğer balık türlerinde ki farklılıkların tespitinde de kullanılmıştır. Nielsen vd. (1996) tarafından Atlantik salmonu populasyonları üzerine yürütülen çalışmada, Danimarka, İsveç, Norveç, İskoçya ve İrlanda'dan 8 populasyona ait toplam 327 örnekte 2 kb büyüklüğündeki ND1 bölgesi dört farklı enzimle kesilmiş. Bunlardan *Ava* I, *Hinf* I ve *Rsa* I kesiminde iki morf ve *Hae* III kesiminde üç morf gözlenmiş ve 6 farklı birleşik genotip belirlenmiştir. Nielsen vd. (1996) yapmış olduğu bu çalışmada Atlantik salmonunda mtDNA'nın klonal

farklılığını düşük bulmuş ve bunun en önemli sebeplerinden birini mtDNA'nın yalnızca bir segmentinin analiz edilmiş olmasına bağlamıştır.

Bu çalışmada kullanılan kesici enzimler önceden yürütülmüş çalışmalarda kullanılmış ve elde edilen morflar kesim yerlerinin karşılaştırılması için Tablo 20'de verilmiştir. Yapılan çalışmalar sonucunda ortaya çıkan morflardaki parça büyüklük farklılıkları muhtemelen kullanılan primerlerden, çalışılan gen bölgesinde gerçekleşen mutasyonlardan veya okuma hatasından kaynaklanmaktadır.

Bu araştırmada; mtDNA ND5/6 gen bölgesinin 7 farklı enzimle (*Hpa* II, *Hinf* I, *Hae* III, *Ava* II, *Alu* I, *Xba* I ve *Taq* I) kesilmesi sonucunda 32 morfla birlikte 19 farklı haplotip bulunmuştur. ND5/6'nın çalışılan 3 gen bölgesi içinde en fazla polimorfik yapıya sahip gen bölgesi olduğu tespit edilmiştir. Polimorfik yapı göstermesi nedeniyle araştırmacılar tarafından en fazla tercih edilen gen bölgesi olmuştur. Apostolidis vd. (1996) Yunanistanda 3 farklı bölgeden 264 örnek üzerinde yapmış olduğu çalışmada *EcoR* I enzimiyle birlikte bu çalışmada kullanılan *Xba* I hariç tüm enzimlerle çalışmış ve toplam 14 haplotip elde etmiştir.

Yakın zamanda Bardakçı vd. (2006) Türkiyeden 27 populasyon üzerine yapmış olduğu çalışmada ND5/6 gen bölgesi için 6 kesici enzim (*Alu* I, *Ava* II, *Hae* III, *Hinf* I, *Hpa* II ve *Taq* I) kullanmış ve 11 farklı haplotip elde etmiştir. Araştırmacı çalışmasında kullandığı 6 kesici enzimle ND5/6 geni RFLP verilerini Apostolidis vd. (1996) çalışmasında rapor edilen verilerle birleştirmiş ve 23 mtDNA haplotipi belirlemiştir. Haplotipler arasındaki genetik ilişki sonucunda Türkiye'de 3 ana kahverengi alabalık mtDNA soy grubu bulunduğunu doğrulamış fakat Dicle soy grubunun durumunu kesinleştirmek için sekans verilerine ihtiyaç olduğunu vurgulamıştır. Gezgin (1999) ND5/6 geninin RFLP analiz sonucuna göre iki farklı haplotip tespit etmiş, Güney-Batı Anadolu populasyonları haplotip I, Doğu Karadeniz ve Kuzey-Orta Anadolu populasyonları Haplotip II için sabitlenmiştir. Bu çalışmada belirlenen haplotiplerin 11'i Karadeniz-Marmara, 3'ü Hazar, 4'ü Akdeniz ve 1'i de Fırat-Dicle havzası populasyonlarını temsil etmiştir. Karadeniz - Marmara havzası örneklerini temsil eden haplotiplerden biri toplam örnek sayısının % 32,9'unda gözlenmiş ve en yaygın haplotip olduğu belirlenmiştir. Ayrıca birer haplotip Fırat- Göksu populasyonu ve göl alabalığını temsil eden Abant ve Almus populasyonları için belirleyici haplotipler olduğu gözlenmiştir.

Tablo 20. mtDNA ND1 ve ND 5/6 gen bölgeleri için farklı çalışmalarda farklı kesici enzimlerle gözlenmiş morflar ve kesim şekilleri

Enzim		Kesim şekilleri (ND 1)				
		Hansen ve Loeschcke (1996)	Caputo vd., (2004)	Włodarczyk ve Wenne (2001)	Gezgin (1999)	Bu çalışma*
<i>Hpa</i> II	A	520,460,460,250,180,130	500,450,450,250,180,130	550,480,460,265,185,130		715,510,450,185,130
	B	720,520,460,180,130	700,500,450,180,130	800,550,460,185,130		510,460,450,255,185,130
	C				790,615,615,190,150	715,510,450,380,185,130
<i>Hinf</i> I	A	1000,540,500	1010,550,500	1150,580,530		1025,555,530
	B	560,540,500,440	560,550,500,440,			1025,530,465
	C				1050,790,640	
<i>Hae</i> III	A	660,390,280,210,200,120,110	660,390,290,210,200,120,110	700,540,290,200,185		630,530,300,225,200
	B	660,500,280,200,170,110	660,500,290,200,170,110	700,540,290,220,200		630,530,300,200
	C	660,500,280,210,200,110	660,500,290,210,200,110	700,415,290,220,200,105		
	D		500,460,360,290,230,200,		620,480,290,250,200,180	
<i>Ava</i> II	A	920,410,290,210,150	900,430,330,230,160	950,425,320,225,150		890,420,310,220,160
	B	750,410,290,210,170,150	750,430,330,230,170,160	750,425,320,225,160,150		710,420,310,220,180,160
	C		750,430,330,230,190,160		730,410,290,240,190,190,160,120,100	
<i>Alu</i> I	A	660,390,290,230,200,200	650,400,310,250,200,140	700,390,290,235,185,180,100		600,465,385,220,170
	B	660,480,390,230,200	650,480,400,250,200	700,490,390,235,180,100		600,385,280,220,185,170
	C	660,510,390,230,200				
	D				620,410,410,270,200,180,140,120	
<i>Xba</i> I	A				2200,250	
<i>Eco</i> RI	A				2450	

\*: Bu çalışmada morflar isimlendirilirken diğer çalışmalara bağlı kalınmamıştır.

Tablo 20'nin devamı

		<b>Kesim şekilleri (ND5/6)</b>					
		Hansen ve Loeschcke (1996)	Caputo vd., (2004)	Włodarczyk ve Wenne (2001)	Gezgin (1999)	Apostolidis vd. (1996)	Bu çalışma
<i>Hpa</i> II	A				(E) 1200,1100,340,215	760,570,520,520,320,290	1375,725,280,
	B				(F)1100,620,510,340,250	1090,760,320,290	1040,725,290,280
	C						1040,725,280,260
	D						725,560,480,290,280
<i>Hinf</i> I	A	960,460,310,270,240,200,150	990,460,310,270,240,180,140	1050,475,320,275,240,185,150		580,490,430,290,270,240,180	975,390,265,235,200,160
	B	1130,460,310,270,240,200	1100,460,310,270,240,180	1200,475,320,275,240,185			860,390,265,235,200,160,115
	C		590,500,460,310,270,240,180	1050,460,320,275,240,185,150			790,465,390,265,200,160
	D		850,460,310,270,250,240,180	1050,475,315,275,240,185,150	650,550,420,300,270,230,190		670,535,390,265,235,160
	E						535,465,390,265,235,200,160
	F						535,465,390,265,235,180,160
<i>Hae</i> III	A	900,730,600,170,130	900,750,590,190,130,100	950,830,650,175,135,120		870,710,570,170,130	790,660,520,185,160
	B	900,730,600,210,170	900,750,590,220,190	950,800,650,200,175,120			790,660,520,160,115
	C			950,800,630,175,135,120		870,710,570,190,170	660,540,520,250,160,115
	D			950,830,630,175,135,120	930,880,760,125,90,70		660,520,495,315,160,115
	E				930,885,760,170,130		
<i>Ava</i> II	A	1740,840	1740,840	1900,950		1700,810	1450,745,
	B	1740,560,240	1740,560,240	1900,600,250,125		1700,570,240	1450,520,235,
	C	960,840,560,240	940,840,560,240	1000,900,600,250,125			1290,520,235,195
	D		1600,560,240,180		1640,1130		820,745,520,235
	E				1640,640,530		

Tablo 20'nin devamı

		<b>Kesim şekilleri (ND5/6)</b>					
		Hansen ve Loeschcke (1996)	Caputo vd., (2004)	Włodarczyk ve Wenne (2001)	Gezgin (1999)	Apostolidis vd. (1996)	Bu çalışma
<i>Alu I</i>	A					940,490,280,250,230,150,100	1055,445,250,230,210
	B					1090,490,280,250,230,100	900,445,250,230,230,130
	C				760,440,280,250,220,190,140,100		900,445,250,230,210,130
	D				1070,470,330,290,270,250,180		745,445,250,230,210,130,115
	E						640,445,250,220,210,200,180,115
	F						640,445,230,220,210,200,180,115
	G						560,445,300,250,230,210,130
	H						560,445,250,220,210,200,180,115
<i>Xba I</i>	A	2570	2570	2600	(C) 1720-550		1930
	B	2320,250	2320,250	2350,250	(D) 2500		1800,215
<i>Taq I</i>	A	690,600,350,310,290,180,150	690,600,350,310,290,170,150	670,650,325,315,290,175,140,120		780,580,500,310,290,230	700,530,450,260,260
	B	840,600,350,310,290,180	840,600,350,310,290,170	800,670,325,315,290,175,120			700,530,290,260,260,150
	C		840,600,480,310,290	670,630,325,315,290,175,140,120			595,530,290,260,260,150,105
	D			670,650,325,300,290,175,140,120	710,560,480,250,190		530,500,450,260,260,200
	E				800,690,550,470,260		
<i>EcoRI</i>	A					2250,250	
	B				1870,580		

Türkiye populasyonlarında görülen ND5/6 morfları diğer araştırmacıların morflarıyla karşılaştırıldığında tümüyle aynı olmamakla beraber yakın değerlere sahip olduğu bulunmuştur. Gezgin (1999) çalışmasında gözlemlemiş olduğu morfların yürütülen diğer çalışmalardan (Apostolidis vd., 1996; Hansen ve Loeschcke, 1996) elde edilen morflarla bire bir benzer olmadığını fakat yakın olduğunu tespit etmiştir. İki çalışma içinde benzer gerçekleşen bu durumun nedenleri çalışılan bölgedeki nukleotit eklenmesi veya çıkarılması sonucunda kesici enzim bölgelerinin değişmeden genin uzunluğunun değişimine, laboratuvar ve okuma için kullanılan tekniklerin farklılıklarına bağlanabilir.

Yaklaşık 2,5 kb büyüklüğündeki sitokrom b/D-loop bölgesinin 5 farklı enzimle kesilmesi sonucunda populasyonlara ait olan 12 haplotip elde edilmiştir. Akdeniz ve Fırat-Dicle havzası populasyonları 4 haplotip tarafından temsil edilmiş, geri kalan haplotiplerin tümünün Karadeniz, Marmara ve Hazar havzasına ait populasyonları temsil ettiği gözlenmiştir. Haplotiplerden 3 adedi Çağlayan - deniz, Solaklı - Haldizen ve Ceyhan - Söğütlü populasyonlarından birer birey için özel haplotip özelliği göstermiştir. Bardakçı vd. (2006) çalışmasında ND5/6 geniyle birlikte sitokrom b/D-loop bölgesini de çalışmış ve kullanılan 5 enzimle birlikte yalnızca bu bölge için 12 haplotip tespit etmiştir. Bernatchez ve Osinov (1995) çalışmasında ND5/6 ve sitokrom b/D-loop bölgesinin PZR ürünlerini mtDNA üzerinde bitişik bölgeler olduğu için karıştırmış ve 6 kesici enzim kullanarak (*Hinf* I, *Hpa* II, *Mbo* I, *Nci* I, *Rsa* I ve *Taq* I) birlikte kesmiştir. Çalışmanın sonucunda analiz edilen 72 adet kahverengi alabalık arasında 22 genotip belirlenmiştir. mtDNA genotiplerinin hepsi kahverengi alabalıklarda gözlenen 5 filogenetik gruptan ikisini temsil etmiştir (Atlantik ve Tuna soy grupları). Genotiplerden yalnızca üçünün Atlantik soy grubuna ait olduğu, Tuna soy grubuna ait 19 adet genotipin coğrafik dağılımının ise balıkların filogenetik ilişkileriyle kısmen bağlantılı olduğu saptanmıştır. Bu çalışmada da haplotiplerin coğrafik dağılımı tespit edilmiştir.

Kahverengi alabalıklarda mtDNA'nın sitokrom b/D-loop gen bölgesinin RFLP analizi üzerine yapılan az sayıda çalışma bulunması ve bu çalışmalarda da morfların kesim yerleri hakkında bilgi verilmemiş olması nedeniyle bu çalışmada elde edilen sonuçları karşılaştırma imkanı olmamıştır. Yapılan çalışmaların çoğu mtDNA'nın kontrol bölgesinin sekans analizi üzerine olmuştur (Bernatchez vd., 1992; Bernatchez ve Osinov, 1995; Apostolidis vd., 1997; Weis vd., 2000). Fakat bu güne kadar yapılan çalışmalarda kahverengi alabalıklar mtDNA kontrol bölgesi için çok az varyasyon göstermiştir. Örnek olarak Hansen ve Loeschcke (1996) çalışmış olduğu populasyonlarda ND1 ve ND5/6 gen

bölgeleri için 13 RFLP haplotipi bulurken, yükselttikleri D-loop kontrol bölgesinde farklılık gösteren kesici enzim yeri tespit edememişlerdir. D-loop bölgesinde varyasyonun açık bir şekilde olmayışı Bernatchez vd. (1992)'nin yapmış olduğu çalışmalarda da tespit edilmiştir. Söz konusu çalışmada araştırmacılar 800 bp'lik segmentin Avrupa'nın Kuzey Atlantik bölgesinden kahverengi alabalık populasyonlarında varyasyon göstermediğini gözlemlemişlerdir. Ayrıca Apostolidis vd. (1997) ND5/6 gen bölgesinin RFLP analizi sonucunda elde edilen haplotipler arasında % 4,68'e varan sekans farklılığı tespit ederken bu değer aynı örneklerin mtDNA kontrol bölgesi sekans analizinde % 2,31 olmuştur. Bu sonuçlara göre, bu çalışmada kullanılan sitokrom b/D-loop bölgesi için gözlenen varyasyonun büyük bir kısmının sitokrom b gen bölgesinden geldiği söylenebilir.

mtDNA'nın ND1, Sitokrom b/D-loop ve ND5/6 gen bölgelerinin RFLP analizi sonucunda kahverengi alabalık populasyonları arasında dağılım gösteren 31 adet birleşik haplotip tespit edilmiştir. Haplotipler drenaj havzalarına göre dağılım göstermişlerdir. M1-19 arası haplotipler ve M30 haplotipi Karadeniz ve Marmara drenaj havzaları populasyonlarında dağılım gösterirken M20-24 arası haplotipler Hazar havzası populasyonlarında, M25-29 arası ve M31 haplotipleri ise Akdeniz ve Basra havzası populasyonlarında dağılım göstermiştir. Haplotipler arasında M2 birleşik haplotipi Karadeniz ve Marmara drenaj havzası için ve M25 birleşik haplotipi Akdeniz drenaj havzası için en yüksek frekansa sahip haplotipler olarak gözlenmiştir. En fazla miktarda haplotipe Kapisre-dere (7) ve Çoruh-barhal (6) populasyonlarının sahip olduğu tespit edilmiştir. Her bir populasyondaki haplotip miktarı 1 ile 7 arasında değişim göstermiş ve ortalama olarak her bir populasyon için 2,4 olarak gerçekleşmiştir.

Hansen ve Loeschcke (1996) çalışmasında belirlenmiş olan toplam 13 adet birleşik haplotipin populasyonlara göre dağılımını 2 ile 8 arasında ve ortalama 4,3 olarak bulmuştur. Ayrıca Caputo vd. (2004) İtalya'da 21 populasyon üzerine mtDNA ND1 ve ND5/6 gen bölgelerinin RFLP analizi sonucunda 21 birleşik haplotip tespit etmiş ve haplotiplerin populasyonlar arasında 1-9 arasında dağıldığını, ortalamanın ise 3,8 olduğunu gözlemlemişlerdir. Görüldüğü gibi Danimarka ve İtalya da yürütülen çalışmalarda haplotiplerin populasyonlara göre dağılımı, Türkiye'de yürütülmüş olan bu çalışmayla karşılaştırıldığında çok farklı bulunmamıştır. Ayrıca Bardakçı vd. (2006) Türkiye populasyonları üzerine yapmış olduğu çalışmada ND5/6 ve Sitokrom b/D-loop gen bölgeleri için 27 populasyonda 27 birleşik haplotip tespit etmiş ve bu haplotiplerin 3 filogenetik grup (Adriyatik, Tuna ve Dicle) arasında dağıldığını bildirmiştir. Bu çalışmada

ise Bardakçı ve arkadaşlarından farklı olarak Dicle nehrinden populasyon çalışılmamış fakat haplotiplerin benzer iki ana filogenetik gruba (Adriyatik ve Tuna) ayrıldığı tespit edilmiştir.

Haplotip çiftleri arası nukleotit farklılığı verilerine göre oluşturulan UPGMA dendogramı ve kesim parçacıklarının bulunuşu ve bulunmayışı verilerine göre oluşturulan Wagner-parsimoni ağacı sonuçları, haplotiplerin iki ana gruba ayrıldığını, ilk grupta toplanan haplotiplerin Karadeniz, Marmara ve Hazar havzası populasyonlarını, ikinci gruptakilerin ise Akdeniz ve Basra havzası populasyonlarını temsil ettiğini göstermiştir. Akdeniz ve Basra havzalarını temsil eden populasyonların bulunduğu grubun içinde ayrıca Karadeniz drenajı populasyonlarından Solaklı-Haldizen, Fırtına-dere ve Çağlayan-deniz populasyonlarında gözlenen nadir olarak bulunan (M4 ve M5) ve ayrıca populasyonda yalnızca bir bireyde görülen özel haplotiplerin (M10, M6 ve M14) alt grup oluşturduğu gözlenmiştir. Bardakçı vd., (2006) yapmış oldukları benzer çalışmada üç ana haplotip gruplaşması tespit etmiş ve bunlardan ikisinin Bernatchez (2001) tarafından önceden açıklanmış olan 5 ana soy grubundan Tuna ve Adriyatik soy grubuna ait olduğunu tespit etmiş, üçüncü ana grubun ise ilk defa yürütmüş olduğu çalışmada bulunan Dicle nehrine ait Çatak çayı örneklerinde görülüşü için Dicle olarak isimlendirilen yeni soy grubu olduğunu ileri sürmüştür. Bardakçı ve arkadaşları bu sonuca kahverengi alabalıklarına ait birleşik mtDNA - RFLP haplotiplerini, Apostolidis vd. (1996, 1997) tarafından yürütülen çalışmada açıklanan haplotiplerle karşılaştırarak ulaşmıştır. Fakat mevcut çalışmada Basra körfezine dökülen Dicle nehriyle birleşen aşağı Fırat nehrinin bir kolundan alınan örneklerle (Fırat-Göksu deresi) çalışılmış ve bu populasyonu temsil eden haplotipin Adriyatik soy grubu içinde yer aldığı gözlenmiştir. Ayrıca Susnik vd. (2005) yapmış olduğu çalışmada Dicle havzası, Çatak Deresinden almış olduğu 6 adet kahverengi alabalığın mtDNA kontrol bölgesi analizinde yeni haplotip ortaya çıkarmış ve bu haplotipin önceden analiz edilmiş (Bernatchez vd., 1992) Tuna soy grubu haplotiplerinden %1-1,5 farklılaştığını tespit etmiştir. Fakat çalışılan örnekler oluşturulan soy ağacında düşük bootstrap desteğiyle Tuna grubu içinde yer almıştır. Yukarı Dicle nehrinde bu şekilde yüksek miktarda farklılık gösteren haplotip, Basra körfezi havzasındaki türün doğal yapısını desteklediği vurgulanmıştır. Ayrıca geniş ölçekli zoocoğrafik yapıların düşünülmesiyle, kahverengi alabalıkların muhtemelen önceden Kuzey sazan genusu için ileri sürülen (Coad, 1996) Karadeniz ve Dicle - Fırat havzaları arasındaki kaynak sularının bir şekilde (capture events) Basra körfezine geçtiğini ileri sürmüştür.



Her bir haplotip için nukleotit ikame değer matrisi, kesim parçacığı ve kesim enziminin tanıdığı nukleotit dizi uzunluğu kullanılarak hesaplanmış ve 31 haplotip arasındaki sekans farklılığı değerleri % 0,04 - 2,89 arasında değişim göstermiştir. Bu değer Bardakçı vd. (2006) çalışmasında toplam 27 haplotip için % 0,13 - 5,16 arasında değişim göstermiştir. Ayrıca az sayıda popülasyonla çalışan Gezgin (1999) toplam 2 haplotip için bu değeri 0,173 olarak tespit etmiştir.

Popülasyonlar arası sekans farklılığına göre oluşturulan UPGMA dendogramı Türkiye kahverengi alabalık popülasyonları arasında farklı genetik ilişkinin olduğunu işaret etmektedir.

Elde edilen sonuçlara göre mtDNA soy grupları arasında genetik ilişkiyi yansıtan Türkiye'den kahverengi alabalık popülasyonları iki ana grubu oluşturmuştur. Bununla birlikte popülasyonlar ve oluşturdukları kümelerin coğrafik dağılımları arasında açık bir ilişki bulunmaktadır. Birinci küme içindeki popülasyonlar göl alabalığının da içinde bulunduğu Hazar, Karadeniz ve Marmara havzalarındandır. İkinci küme ise Dicle-Fırat ve Akdeniz havzaları popülasyonlarından oluşmuştur.

Bardakçı vd. (2006) çalışmasında popülasyonlar arası nukleotit farklılığına göre oluşturduğu UPGMA soy ağacında Türkiye sularından kahverengi alabalıkların beş ayrı grup oluşturduğunu bildirmiştir. Bu çalışmada olduğu gibi göl alabalığının da içinde bulunduğu Karadeniz ve Marmara drenaj havzası popülasyonları aynı grup içinde yer almıştır. Ayrıca bir diğer benzerlik Fırat nehri popülasyonu ve Akdeniz havzası popülasyonları aynı küme içinde toplanmıştır.

Bu çalışmada popülasyonlar arası nukleotit farklılığı % 0,01 - 2,44 arasında değişirken, Bardakçı vd. (2006) çalışmasında % 0 - 5,8 arasında değişim göstermiştir. Gezgin (1999) oluşturmuş olduğu UPGMA soy ağacında üsteki çalışmalara benzer sonuç almış ve Güney popülasyonlarının (Alakır1, Alakır2 ve Alakır3), Kuzey popülasyonlarından (Abant1, Abant 2 ve Sümer) farklılaştığını tespit etmiştir.

Bu çalışmada Türkiye kahverengi alabalık popülasyonları için gözlenen popülasyonlar içi ortalama mtDNA haplotip çeşitliliği (0,2702) ve nukleotit çeşitliliği (0,000976) değerleri Bardakçı vd. (2006) tarafından yürütülen çalışmada elde edilen değerlerden (sırasıyla 0,1397 ve 0,000416) büyük olmuştur. Fakat her iki çalışmada da en yüksek değerler Karadeniz havzası popülasyonları için tespit edilmiştir. mtDNA verileri için hesaplanan nukleotit çeşitliliği değeri kodominant markırlar için hesaplanan heterozigotluk değeriyle analog ölçüm olarak kabul edilmektedir.

## 4.2. Genetik Varyasyon

Moleküler varyans analizinden (AMOVA) elde edilen sonuçlar kahverengi alabalık popülasyonları arasında yüksek seviyede genetik yapılanma olduğunu göstermiştir. Drenaj havzaları arasında (Karadeniz, Marmara, Hazar, Akdeniz ve Dicle-Fırat) belirgin farklılıklar mevcuttur, bu da yaklaşık %74 genetik varyans ortaya çıkarmıştır (Tablo 10). Bardakçı vd. (2006) drenaj havzaları arasındaki mtDNA varyasyonunu %71 olarak hesaplamıştır. Sonuçta bu çalışmada bulunan değere çok yakındır.

Nielsen vd. (1996) çalışmada elde etmiş oldukları çok küçük olan gruplar arası varyansın (% 0,2) dar coğrafik alan sonuçlarından kaynaklandığını ileri sürmüştür. mtDNA farklılıklarının ana gruplar arasında mevcut olduğu Bermingham vd. (1991) tarafından ileri sürülmektedir. Şimdiki çalışmada varyansın bir kısmının gruplar içi, popülasyonlar arasında dağıldığı gözlenmiştir (%18,1). Bardakçı vd. (2006) tarafından hesaplanan grup içi, popülasyonlar arası varyans değeri (% 28) bizim çalışmamızdan büyük bulunmuştur. Bu yüksek değer her bir grup içindeki sınırlı sayıdaki popülasyonlara atfedilebilir. Dar coğrafik alan içinde daha fazla popülasyon içeren örnekleme dizaynıyla yapılacak çalışma bu durumu açıklayabilir. Her iki çalışmada yapılan karşılaştırmalar için varyans bileşenleri istatistikî olarak önemli bulunmuştur. Bardakçı vd. (2006) popülasyonları ayrıca filogenetik yapılarına göre gruplandırmış ve yapmış olduğu varyans analizi sonucunda varyasyonun, gruplar arası için % 79,51, gruplar içi, popülasyonlar arası için %19,21 ve popülasyonlar içi için % 1,28 olarak dağıldığını gözlemlemiştir. Bardakçı ve arkadaşları iki varyans analizi sonucunda kahverengi alabalıkların tesadüfî dağılım göstermediğini vurgulamışlardır.

Moleküler varyansın hiyerarşik analiz çıktısı toplam varyansın büyük bir kısmının nehir sistemleri veya bölgeler arasında dağıldığını göstermesi, allozom elektroforezi ile yapılan çalışmalara (Ryman, 1983; Riffel vd., 1995) bağlı olarak yerleşik alabalıklar üzerine yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçlarla ters düşmektedir. Örnek olarak Riffel vd. (1995) Almanya'da Tuna ve Ren Nehri drenajlarından alabalıklar üzerine çalışmış ve total varyansın % 1'i drenajlar arasında dağılırken, % 19'unun drenajlar içinde alt popülasyonlar arasında dağıldığını bulmuştur.

Bu çalışmada ilave olarak popülasyonlar alt türlere göre sınıflandırılmış ve yapılan varyans analizi sonucunda gruplar içi, popülasyonlararası varyasyonun % 47,41'lik değerle gruplar arası varyasyondan (%42,59) az da olsa fazla olduğu gözlenmiştir. Fakat varyans

bileşenleri bu analiz içinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. Ayrıca kahverengi alabalıkların deniz ve dere ekotiplerini temsil eden populasyonlar arasında yapılan varyans analizi sonucunda gruplar arası varyans bulunamamıştır (% -1,98). Varyansın büyük bir kısmının populasyonlar içi alt gruplar arasında dağıldığı tespit edilmiştir (Tablo 10).

Rolf ve Bentzen (1989) tarafından Monte-Carlo simülasyonu yoluyla populasyonlar arası genetik heterojenite  $\chi^2$  analiz yöntemiyle test edilmiş ve haplotip frekanslarında istatistikî olarak populasyonlar arasında önemli farklılıklar bulunmuştur ( $\chi^2 = 8647,20$ ;  $P < 0,001$ ). Örnekler arasındaki haplotip frekanslarının homojenitesi için yapılan test genellikle aynı nehir sistemi veya bölgeden populasyonlar arasında yakın bir ilişki bulunduğunu göstermektedir. Bununla beraber bu genel yapının yanında istisnai durumlar bulunmaktadır. Solaklı deresine ait çalışılan üç gruptan Solaklı-Haldizen grubu aynı nehir sisteminden diğer populasyonlarla (Solaklı-dere, Solaklı-deniz) arasında heterojenite olduğu tespit edilmiştir ve istatistikî olarak önemli bulunmuştur (sırasıyla  $\chi^2 = 26,38$ ;  $P < 0,001$ ,  $\chi^2 = 18,85$ ;  $P < 0,001$ ). Benzer sonuç Hansen ve Mensberg (1998) tarafından yürütülen çalışmada da gözlenmiştir. Araştırmacılar çalışmalarında genel olarak yakın populasyonların haplotip frekans dağılımları arasında heterojeniteye rastlamışlar, fakat barajla ayrılmış iki populasyonun aynı nehirde bulunan diğer populasyonlardan farklılaştığını tespit etmişlerdir. Bu durum gen akışımının engellenmiş olmasına bağlanmıştır. Solaklı-Haldizen örnekleri Trabzon ili, Çaykara ilçesine bağlı Uzun Göl'ün üst kısımlarından toplanmış ve Solaklı drenajından baraj olmasada ulaşımı zor coğrafik engellerle ayrılmışlardır. Bu durum mtDNA seviyesinde genetik farklılaşma için genel etken olmuş olabilir.

Ayrıca anadrom ve anadrom olmayan populasyonlar arasında ki heterojeniteyi belirlemek için Ki-kare testi uygulanmış ve istatistikî olarak ekotipler arasında önemli farklılıklar olmadığı tespit edilmiştir ( $\chi^2 = 15,23$ ;  $P = 0,1350$ ).

Wright (1951) tarafından geliştirilen bir lokusda iki allel temeline dayalı F istatistiği ve Nei (1973) tarafından geliştirilen multiallelik G istatistiği populasyon farklılığının tahmininde yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada populasyonlar arası genetik farklılaşma Wright'ın F istatistiğine ek olarak onun analogu olan Weir ve Cockerham (1984)' in parametreleri de hesaplanmıştır:  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  ve  $F_{IT}$  için sırasıyla  $f$ ,  $\Phi$  ve  $F$ . Bu metotlar sayısal örnekleme teknikleri ve varyans analizinin uygulanmasıyla multiallelik ve multilokus veriler için geliştirilmiştir ve genetik verilerle populasyon yapısının analizinin çoğu bu metotlara göre yürütülmektedir.

Birbirinden uzak populasyonlar arasındaki  $F_{ST}$  deęerleri yakın populasyonlara oranla daha yüksek olmuştur ve -0,137-1,00 arasında deęişim göstermiştir. Genetik olarak çok yakın populasyonlar arasında negatif  $F_{ST}$  deęerleri gözlenmiştir. Yakın zamanda mtDNA'nın iki gen bölgesinin çalışılmasıyla geniş alana dağılmış Türkiye populasyonları için  $\Phi_{ST}$  deęeri 0,98 ( $P < 0,001$ ) olarak bulunmuştur (Bardakçı vd., 2006). Bu çalışmada 0,92 ( $P < 0,001$ ) olarak hesaplanan  $\Phi_{ST}$  deęeri Bardakçı ve arkadaşları tarafından yürütülen çalışmadaki populasyonlar arasında farklılaşma olduğu sonucunu desteklemektedir.

### 4.3. Göç ve Gen Akışı

Moleküler varyans analizinden elde edilen sonuçlar farklı nehir sistemlerinden populasyonlar arasında önemli genetik farklılaşma olduğunu göstermektedir. Wright "Island" model göç için genetik farklılıklar ( $F_{ST}$ ), populasyon büyüklüğü ve göç arasındaki ilişkiyi " $F_{ST} = 1/(4Nm+1)$ " olarak göstermiştir. Daha sonra bu formül mtDNA verileri için modifiye edilmiş ve " $(N_e m)_F = 1/2(1/\Phi_{ST} - 1)$ " olmuştur (Takahata ve Palumbi, 1985). Bu ilişki populasyonlar arasındaki etkili göç miktarının ( $N_e m$  deęeri) veya çeşitli türler arasındaki gen akışının hesaplanmasında yaygın olarak kullanılmaktadır. Büyük farklılıklar kısmen mtDNA'nın spesifik gen akış dinamikleriyle açıklanabilir (Nielsen vd., 1996). Nükleer lokus populasyonları için izolasyon ve kuvvetli farklılaşma eđer her bir generasyonda populasyonlar arasında göç eden balık deęişimi (dişi + erkek) 1'den azsa ortaya çıkabilir (Wright, 1931). Bununla beraber etkili populasyon büyüklüğü mtDNA için nükleer genler için olan büyüklüğün  $1/4$ 'ü kadardır (Birky vd., 1983). Bu da şu anlama gelir, eđer etkili göç her bir generasyon için 4'den azsa genetik farklılaşma olma olasılığı kuvvetlidir. Çalışmada hesaplanan göç eden dişi balık miktarı  $(N_e m)_F$  0,045'dir. Eđer iki cinsiyetten eşit oranda göç olacağı kabul edilirse bu etkili göç oranı nükleer genlerin kullanımıyla yapılan çalışmalarda her bir generasyon için 2 katı olacaktır. Tahmin edilen gen akışının, allozom varyasyonunun kullanan çalışmalardan elde edilen sonuçlarla karşılaştırıldığında uyumlu olduğu gözükmektedir. Elo (1993) 57 populasyonla yapmış olduğu çalışmada etkili göç oranını  $N_e m = 1,42$ , Stahl (1981) Baltık populasyonlarıyla yapmış olduğu çalışmada  $N_e m = 2,5$  ve Koljonen (1989) 4 Finlandiya populasyonundan  $N_e m = 2,3$  deęerini tespit etmiştir. Allozom ve RFLP analiz sonuçlarından tahmin edilen etkili göç miktarlarının karşılaştırılabilir olduğu gözlenmektedir. Bu ayrıca Hansen vd. (1993) sonuçlarıyla karşılaştırılabilir. Hansen ve arkadaşları Hald gölü populasyonları için

$G_{ST}$  deęerini 0,047 olarak hesaplariken,  $\Phi_{ST}$  deęeri ise alıřmalarında 0,209 olmuř ve aynı oranda genetik farklılık gstermiřtir. Her bir generasyon iin diři birey gu 1,9 olarak tahmin edilmiřtir bu deęer diři + erkek birey iin hesaplanan 5,1 deęerinin yarısına yakındır. Adı geen arařtırmacılar kahverengi alabalık populusyonlarının genetik farklılıęı üzerine yaptıkları alıřmadan her iki metot iin benzer sonular almıřlardır. Haploit ve diploit genetik markırlarla alınan sonuların benzerlięi diři ve erkek bireylerin eřit oranda g ettięi anlamına gelmez. Erkek ve diři balıkların aęırlıkta olduęu cinsiyet oranı arasındaki yksek g oranı benzer bir yapı oluřturacaktır.

Farklı su kaynaklarında bulunan populusyonlar iin genetik farklılık seviyesi ve bununla baęlantılı gen akıřı Salmonid trleri arasında olduka deęiřkenlik gsterir (Tablo 21). İlk olarak genetik farklılık *Salmo* trlerine bakıldıęında *Oncorhynchus* genusuna baęlı salmonid populusyonları arasında az gibi grlmektedir. zellikle *O. gorbuscha* iin (pink salmon) ve *O. keta* (Chum) dřk derecede farklılık bulunabilir. Aık bir řekilde bu ortalama deęerler alıřmada kullanılan populusyonların hayat hikyesi, coęrafik daęılımı ve byklęyle fazla miktarda baęıntılıdır. Allendorf ve Leary (1988) Kuzey Amerika’da ve Pasifik okyanusuna dklen nehirlerde ve daęlık blgelerde *O. clarki* üzerine yapmıř oldukları alıřmada sahilde bulunan populusyonların olduka homojen gruplar sergiledięini gzlemlerken, dięer yandan i kısımlardaki populusyonlar arasında nemli genetik farklılıklar bulmuřlardır. Muhtemelen sahil populusyonları arasında yksek miktarda gen akıřı bulunması bu homojenlięe neden olmuřtur. Yerleřik populusyonlardaki yksek miktardaki farklılařma da kk populusyonlardaki genetik srklenme ve populusyonlar arasındaki gen akıřının kaybolması yoluyla gerekleřmektedir. Bu alıřmada sahil populusyonları olarak kabul edeceęimiz alabalıęın deniz ve dere ekotipi populusyonları arasında genetik farklılařmanın bulunmaması fakat bununla birlikte farklı drenajlar ve hatta aynı drenaj zerinde farklı kollardan rneklenen populusyonlar arasında yksek seviyeli genetik farklılařmanın bulunması steki verilen alıřma sonularını desteklemektedir.

Tablo 21. Populasyonlar arası gözlenen ortalama genetik farklılaşma ( $F_{ST}$  veya  $G_{ST}$ ) ve tahmini göç değerleri (Nielsen, 1997).

Türler	$F_{ST}$ veya $G_{ST}$	$N_e m$ değerleri
<i>Oncorhynchus gorbuscha</i>	0,028	8,67
<i>Oncorhynchus keta</i>	0,040	6,00
<i>Oncorhynchus nerka</i>	0,096	2,35
<i>Oncorhynchus kisutch</i>	0,068	3,42
<i>Oncorhynchus tshawytscha</i>	0,096	2,35
<i>Salmo salar</i>	0,123	1,78
<i>Salmo trutta</i>	0,367	0,43

Yalnızca balıklar için değil çoğu hayvan türü için de bireysel olgunluğa ulaşıncaya doğal üreme alanlarına geri dönmeleri temel bir özelliktir. Örnek olarak bakıldığında kabuklular (Pezzack and Duggan, 1986) ve omurgalıların bir çok türünde, yani kuşlar (Avisse, 1992), amphibiler (Buckley vd., 1996), sürüngenler (Encalada vd., 1996) ve memeliler (Baker vd., 1995) sayılabilir. Salmonid balıkları eve dönüş hareketiyle en fazla bilinen canlılardır (Stabell, 1984, Atlantik salmon) ve (Dittman ve Quin, 1996, Pasifik Salmon).

Balıklar üreme alanlarına geri dönerken türlere göre değişim göstermekle birlikte % 1-10 arasında yollarını kaybettikleri Altukhov ve Salmenkova (1994) tarafından yapılan derlemede referanslarıyla birlikte vurgulanmıştır. Fakat Nielsen (1997)'e göre tahminde kullanılan markalama yönteminin çok iyi bir ölçüm aracı olmamasından dolayı bu alabalıkların yollarını kaybetme oranlarının gerçekten yüksek değerler olduğu ileri sürmüştür. Nielsen (1997), markalı bir balığın başka bir nehirde yakalanmış olmasının o nehirde üreyeceği anlamına gelmeyeceğini ve bunun tahmin edilen göç oranının yanlış hesaplanmasına neden olacağını vurgulamış, ilave olarak eğer balık üremek için o ortamda bulunuyorsa bile üreme davranışındaki (Zamanlama, üreme alanının seçimi, eşleşme davranışı gibi) lokal adaptasyondan dolayı üreme başarısı o nehrin balığına oranla düşük olacağını bildirmiştir. Bütün bunların yanında göçmen balığın yavruları lokal adaptasyon eksikliğinden dolayı ortamın doğal balıklarına göre düşük dirence sahip olacaktır (Nelson ve Soule, 1987). Bu gibi nedenlerden dolayı Salmonidlerde gen akışının tahmininde en iyi yöntem markalama ve benzeri çalışmalar yerine bu çalışmada olduğu gibi nötr genetik markırlar kullanımıyla etkili göç oranının saptanmasıdır ( $N_e m$ ). Fakat genetik markırla

yapılacak çalışmada dikkat edilmesi gereken en önemli şey öz kardeş bireylerin örneklenmemesine dikkat etmek gerekir ve bunun için mümkünse yetişkin balıklar tercih edilmelidir.

#### 4.4. Genetik ve Coğrafik Mesafe Arasındaki İlişki

Salmonid balık populasyonları genel olarak sahil veya su yolu boyunca nispeten doğrusal hareket ederler. Eğer populasyonlar arasındaki göç türün yerel populasyonlarının alansal dağılımını takip ederse populasyonlar arası beklenen genetik farklılık göçün beklenen “Atlama taşı” (stepping stone) modelini doğrulayacaktır (Kimura ve Weis, 1964). Bu modeldeki genel beklenti coğrafik ve genetik mesafe arasında iyi bir ilişki olduğu yönündedir. İlişkinin güvenilirliği yine de modelde bulunan bir kaç açığa bağlıdır (Kimura ve Weis, 1964). Eğer herhangi bir ilişki gözlenmemişse açık bir şekilde göç “Ada” (Island) modelini desteklemektedir (Wright, 1931). Alabalığın doğal populasyonlarından elde edilen genetik veriler gen akışını açıklamada hangi modelin daha uygun olduğuna dair çok farklı sonuçlar vermektedir. *Salmo* genusuna ait balıklar için göç en iyi “Island” modeli ile tanımlanmaktadır. Çünkü nehir sistemleri arasında genetik ve coğrafik mesafe arasında ilişki nadir olarak bulunmaktadır. Bu durum Elo (1993) tarafından yürütülen çalışma ile daha detaylı açıklanmıştır. Elo (1993) yapmış olduğu çalışmada Atlantik salmonuna ait 57 populasyon üzerinde allozom verilerinden hesaplanan genetik uzaklık ile coğrafik uzaklığı karşılaştırmıştır. Araştırmacı 2000 km’den daha az coğrafik mesafelerde ilişki olmadığı sonucuna varmıştır. Bununla beraber büyük coğrafik mesafeler için yüksek ilişki tespit etmiş fakat bunu filocoğrafik yapıya bağlamıştır. Elo (1993)’nun elde ettiği sonuçlar Türkiye sularında yapmış olduğumuz çalışmayı desteklemektedir. Bu çalışmada, yaklaşık 2000 km ve daha uzak olan populasyonların arasında iki ayrı MANTEL testi uygulanmıştır (Mantel, 1967). Karadeniz drenaj havzası populasyonları ve Marmara drenaj havzası populasyonu (Gönen-Kilisedere) arasında yapılan testte, coğrafik mesafe ve genetik farklılık arasında ilişki olmadığı ( $R^2 = 0,0136$ ), ( $P = 0,176$ ) tespit edilmiştir. Ayrıca Karadeniz, Marmara ve Akdenize dökülen nehirlerden toplanan örnekler için yapılan bu test sonucunda oluşan korelasyon “ $y = 0,0002x + 0,3491$ ”, ( $R^2 = 0,4893$ ), ( $P < 0,001$ ) şeklinde bulunmuştur. Nielsen vd. (1996) yapmış olduğu Avrupa Atlantik salmonları üzerine mtDNA’nın RFLP analizi sonuçları da Elo (1993) ve bu araştırma sonuçlarını desteklemektedir. Nielsen’in çalışmasında kullanılan populasyonlar arası mesafe 2000

km'den azdır. Benzer sonuçlara kahverengi alabalık populasyonlarıyla çalışan Ferguson (1989) tarafından da ulaşılmıştır.

Nielsen (1997) Salmonid balıklarının çoğunun populasyonunun nispeten küçük olduğunu ve bu durumun türlerin populasyon yapısının şekillenmesinde genetik sürüklenmeyi önemli bir faktör yaptığını ve coğrafik ve genetik mesafenin karşılaştırılmasında bunun çok büyük bir varyans olarak yansiyabileceğini vurgulamıştır. Birky vd., (1983) ise gen akışının yapısı hakkında çıkarım yapmak ve istatistiki olarak önemli sonuçlar almak için çok fazla miktarda populasyon çiftini karşılaştırmanın özellikle genetik markır olarak mtDNA ile çalışılıyorsa önemli olduğunu, çünkü mtDNA genetik sürüklenmeye karşı nükleer genetik markırlara göre daha fazla hassas olduğunu bildirmiştir. Eğer çevresel ve biyotik değişkenler coğrafik mesafeyle ilişkili değilse, spesifik koşullara adaptasyonda seleksiyon yakın populasyonlar arasından ziyade benzer çevresel şartlara sahip populasyonlar arasında etkili göç yapabilir.

*Salmo* genusuna ait iki türden elde edilen sonuçlar Pasifik salmon ve alabalık (*Oncorhynchus*) da gözlenen yapıdan çok farklıdır. Bu türler için coğrafik ve genetik farklılık arasındaki uyum genellikle gözlenmektedir (Allendorf ve Waples, 1996). Bunun örneği Bartley ve Gall (1990)'ın yürütmüş olduğu çalışmada da bulunmaktadır. Araştırmacılar Kaliforniya'da 35 *Oncorhynchus tshawytscha* populasyonu üzerinde çalışmışlar ve populasyonların coğrafik mesafeye göre genetik olarak gruplaştığını bulmuşlardır. *Salmo* ve *Oncorhynchus* genuslarına ait türler arasındaki farklılıklar için muhtemel sebepler; genelde Pasifik salmon ve alabalık populasyonlarının kahverengi alabalık ve Atlantik salmon populasyonlarından daha büyük olması ve böylece genetik sürüklenmeye daha az maruz kalması olabilir.

#### **4.5. Mikrocoğrafik Farklılaşma**

Farklı su alanlarından populasyonlar arası genetik farklılaşmayla beraber havzalar içindeki önemli genetik farklılaşmanın da salmonidler için önemli olduğu ve çok sık rastlanıldığı gösterilmektedir (Ryman, 1983). Salmonidler için önceden yürütülen populasyon genetiği çalışmalarının çoğu mikrocoğrafik farklılaşmayı göstermek üzerine yoğunlaşmıştır (Allendorf vd., 1976; Ryman vd., 1979). Bu araştırmacılar İsveç'te küçük bir gölde kahverengi alabalık üzerine çalışmışlar ve üreme yönünden izole olmuş iki populasyonun bulunduğunu tespit etmişlerdir. İkinci örnek ise Melvin gölü kahverengi



alabalık popülasyonu üzerine Ferguson ve Taggart (1991) tarafından yürütülmüş ve bu gölde üç adet genetik olarak farklı alabalık morfu bulmuşlardır. Bu çalışmaları çok sayıda diğer çalışmalar takip etmiştir ve hepsi küçük coğrafik ölçekte ve aynı nehir sisteminin kollarında genetik farklılığı araştırmışlardır (Lane vd., 1990; Verspoor vd., 1991; Hansen ve Loeschcke, 1996). Bizim çalışmamız da üstteki çalışmalara benzer sonuçlar elde edilmiştir. Örnek olarak Solaklı-Haldizen popülasyonunun aynı drenaj üzerindeki sahil popülasyonlarından farklılaştığı gözlenmiştir. Solaklı-dere ve Solaklı-Haldizen popülasyonları arasında genetik farklılık değeri istatistiki olarak önemli bulunmuştur ( $F_{ST} = 0,280$ ,  $P < 0,001$ ) ve ayrıca iki popülasyon arasındaki göç miktarının (1,3) çok düşük olduğu tespit edilmiştir. Bu iki popülasyon arasındaki  $\chi^2$  test sonucu da genetik heterojenitenin olduğunu göstermektedir ( $\chi^2 = 26,38$ ,  $P < 0,001$ ). Buna ilave olarak Hazar havzası popülasyonlarının örneklediği Aras (Ortaköy ve Keklik deresi) ve Kura (Toro ve Alabalık deresi) nehri, Karadeniz havzası, Çoruh nehri kolları olan Barhal ve Tekkale dereleri arasında da aynı drenaj üzerinde bulunmalarına rağmen mikrocoğrafik farklılaşma olduğu tespit edilmiştir. Aras nehri Ortaköy ve Keklik popülasyonları arasındaki  $\chi^2 = 26,27$ ,  $P < 0,001$ ,  $F_{ST}$  değeri 0,777 ( $P < 0,001$ ), etkili göç miktarı ise 0,143 olarak hesaplanmıştır. Bu test sonuçları aynı havzadan olan Kura nehri, Toro ve Alabalık deresi için;  $\chi^2 = 23,03$ , ( $P < 0,001$ ),  $F_{ST} = 0,326$  ( $P < 0,001$ ),  $N_e m = 1,03$  olarak gerçekleşmiştir. Çoruh nehri Barhal ve Tekkale popülasyonlarına baktığımızda ise  $\chi^2 = 24,72$ , ( $P < 0,001$ ),  $F_{ST} = 0,217$  ( $P < 0,001$ ),  $N_e m = 1,8$  olarak hesaplanmış ve genetik farklılaşma açık olarak gözlenmiştir. Bu farklılaşan popülasyonlar arasındaki etkili göç oranının yukarıda bahsedildiği gibi 4'den az olduğu görülmektedir. Ayrıca Seyhan nehri kollarından olan Şerefiye ve Karagöz popülasyonları Ki-kare test değerlerine bakıldığında heterojenite gözlenmesede ( $\chi^2 = 5,45$ ,  $P > 0,05$ ),  $F_{ST}$  değeri (0,138,  $P < 0,05$ ) az da olsa farklılık göstermiş ve popülasyonlar arasındaki etkili göç oranı 4'e yakın bulunmuştur ( $N_e m = 3,13$ ).

Bununla beraber mikrocoğrafik farklılığı ortaya çıkarmak için yapılan çalışmalarda dikkatli olunması gerekmektedir. Bu tür çalışmalarda genetik analiz için bireylerin örneklenmesi genellikle birinci yaş grubu yavrularla sınırlı kalmaktadır. Yumurtlama alanlarından dolayı tesadüfi olmayan dağılımlarından juvenillerin kardeş olma gerçeği iyi bilinen bir olaydır. Bu durumun yanlış farklılığın bulunmasına öncülük edebileceği Hansen vd. (1997) tarafından ortaya konulmuştur. Bu çalışmada bu tip olumsuzluklardan kaçınmak için mümkün olduğu kadar büyük bireyler yani yetişkin balık örnekleri tercih edilmiştir.

#### 4.6. Morfometri

Bu çalışmada Türkiye sularında dağılım gösteren *Salmo* genusuna bağlı 2 tür (*Salmo trutta* ve *Salmo platycephalus*) ve bu türlerden *Salmo trutta*'ya bağlı olan 5 alt türü (*S. t. macrostigma*, *S. t. abanticus*, *S. t. caspius*, *S. t. fario* ve *S. t. labrax*) temsil eden 30 farklı istasyondan toplanan 1068 örnek üzerinde çalışılmıştır. Bu taksonların Truss sisteme dahil 25 morfometrik ve 5 meristik karakteri incelenmiş ve türler arasında ve aynı türün alt türleri arasında nasıl değiştiği araştırılmıştır. Tür ve alt türleri en iyi ayıran karakterlerin belirlenmesinde çok değişkenli araştırma tekniklerinden (Multivariate Exploratory Techniques) Diskriminant fonksiyon analizi (DFA) kullanılmıştır. Örneklemede popülasyonların coğrafik dağılımı düşünüldüğünde ve tür ve alt türlerin dağılımıyla karşılaştırıldığında Karadeniz'e dökülen nehirlerde bulunan kahverengi alabalıkların dere ve deniz ekotipini, Hazar havzasında yani Hazar denizine dökülen nehirlerde bulunan balıkların Kafkas (Hazar) alasını, Kuzey - Doğu Anadoludan, Güney - Batı Anadoluya ve Kuzey Ege'ye kadar dağlık alanlarda bulunan balıkların dağ alasını ve Abant Gölünde endemik olarak bulunan alabalığın ise Göl alasını temsil ettiği kabul edilmiştir. Aynı ortamı paylaşan dere ve deniz ekotipi balıkların örneklenmesinde göstermiş oldukları renk varyasyonu dikkate alınmıştır.

Türkiye'de Salmonid popülasyonlarının morfometrik ve meristik analiz yöntemiyle farklılığının araştırılması üzerine çok az sayıda çalışma bulunmaktadır (Behnke, 1968; Yalın, 1996). Fakat kahverengi alabalıkların morfometrisi üzerine ilk defa bu çalışmada Truss sistemi uygulanmıştır.

Yalın (1996) iki farklı alt türü (*S. t. abanticus*, *S. t. macrostigma*) temsil edecek şekilde iki coğrafik bölgede 4 farklı istasyonda örnekleme yapmış, Göl alabalığını temsil eden örnekleri Abant Gölünden, Dağ alabalığı için ise Antalya il sınırları içinde bulunan Üzüm ve Gödene derelerinden ve ayrıca Rize ili Pazar ilçesinde bulunan ve Karadenize dökülen Melyat deresinden toplamıştır. Tüm örneklerinde 23 morfometrik ölçüm ve 5 meristik karakter sayımı yapmış, bu çalışmada olduğu gibi farklı boylardan gelebilecek ölçümlerin olumsuz etkisini kaldırmak için verilerini standartlaştırmış ve değerlendirmelerini standart veriler üzerinden yapmıştır.

Pakkasmaa vd. (1998) Finlandiya'da Vuoksi drenaj alanında bulunan göllerdeki 4 farklı salmonid türünü (*Thymallus thymallus*, *Salmo salar*, *Salmo trutta* ve *Salvelinus alpinus*) en iyi ayıran morfometrik karakterler ve bu karakterlerle fonksiyonları arasında ilişkiyi

belirlemeye çalışmıştır. Çalışmasında çoklu karşılaştırma tekniklerini kullanarak özellikle baş ve vücut yüksekliği ve pektoral yüzgeç büyüklüğünün türleri en iyi ayıran karakterler olduğunu tespit etmiştir. Bu karakterler balığın yüzme şeklini yansıtmaktadır. Ayrıca baş morfolojisi balığın beslenme alışkanlığını yansıtmaktadır. Pakkasmaa ve arkadaşları çalışmalarında *S. trutta* ve *Salvelinus alpinus*'u *Thymallus thymallus*, *Salmo salar*'la karşılaştırdığında daha uzun baş ve burun ucuna sahip olduğunu belirtmiş ve bu özelliğin küçük canlıların yakalanmasında avantaj sağladığını vurgulamıştır.

Standartlaştırılmış veriler için hesaplanan varyasyon katsayılarında (VK) tüm populasyonlar için en düşük VK'ya sahip morfometrik karakterler, pektoral yüzgeç kaidesi ile dorsal yüzgeç son noktası (M 4-7, % 7,69) ve üst dudak son noktasıyla dorsal yüzgecin başlangıç noktası (M 2-5, % 7,88) olmuştur. En yüksek varyasyon katsayısı ise tüm populasyonlar için % 69,10 oranıyla adipöz yüzgeç uzunluğu (M9-11) ve % 27,74'lük oranla dorsal yüzgeç başlangıç noktası ve ventral yüzgeç başlangıç noktası arasındaki uzunluk (M5-6) olmuştur. Bu karakter için (M5-6) taksonlara bakıldığında *S. trutta labrax* ve *S. platycephalus* türlerinin en yüksek VK'ya sahip olduğu görülmüştür. Tüm taksonların meristik karakterlerinde gözlenen en yüksek VK değerleri solungaç diken sayısında (%11,95), en düşük VK değeri ise pektoral yüzgeç ışın sayısında (% 5,11) gözlenmiştir. Fakat bu veriler tek başına populasyonları birbirinden ayırmak için kullanılmamaktadır. Varyasyon katsayısının populasyonlar arasında dağılımına bakıldığında morfometrik veriler için en yüksek varyasyon Abant ve Seyhan Nehri Karagöz deresi populasyonlarında görülmüştür. Yalın (1996)'nın çalışmasında morfometrik veriler için en yüksek varyasyon katsayısına Üzüm populasyonu sahip olurken Gödene en düşük VK değerine sahip olmuştur. Meristik karakterlerde ise VK değeri tüm populasyonlarda yakın dağılım göstermiştir.

Populasyonlar arasındaki mevcut olan farklılığın derecesini belirlemek için DFA yapılmıştır. Bunun için standartlaştırılmış morfometrik ölçüm ve meristik sayımlar kullanılmıştır. Tüm taksonlar için morfometrik verilerden yapılan DFA sonucunda ölçüm karakterlerinin hepsinin istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir ( $P < 0,001$ ). Ayrıca meristik karakterler için yapılan DFA sonucunda ise yine tüm karakterlerin istatistikî olarak önemli olduğu tespit edilmiştir.

Yalın (1996) çalışmasında morfometrik ve meristik karakterler için yapmış olduğu DFA sonucunda ise 4 populasyonun önemli derecede birbirinden farklılaştığını tespit etmiştir. Çalışmış olduğu karakterler içinde anal yüzgeç ışın sayısı ve solungaç diken sayısı

populasyonlar için en fazla ayırt edici güce sahip karakterler olarak gösterilmiştir. Bu çalışmada da benzer olarak solungaç diken sayısı ayırt edici güce sahip karakter olduğu gözlenmiştir.

Tüm taksonlar için DFA yardımıyla hesaplanan Mahalanobis uzaklık matrisi sonucuna göre (Şekil 26) *S. platycephalus* ve *S. t. abanticus* diğer taksonlardan açık bir şekilde ayrılmıştır. *S. t. labrax* ile *S. t. fario* ve *S. t. caspius* ile *S. t. macrostigma* aynı alt grup içinde yer almıştır. Yalın (1996) çalışmasında hesaplamış olduğu Mahalanobis uzaklık matrisi sonucuna göre Rize, Malyat deresi populasyonunun diğerlerinden ayrıldığını, Abant, Üzüm ve Gödene populasyonlarının ise eşit derecede morfolojik farklılığa sahip olduğunu tespit etmiştir.

Her bir takson için Diskriminant analizi dağılım grafiği sonuçlarına göre meristik karakterler yönünden *S. platycephalus*'un diğer taksonlardan ayrıldığı gözlenmiştir (Şekil 25a). Bu ayrılımda en önemli karakterin solungaç diken sayısı olduğu tespit edilmiştir (Tablo 18). Bu sonuç Behnke (1968)'nin solungaç diken sayısının *S. platycephalus* için ayırt edici özelliklerden biri olduğuna dair elde ettiği bulguyla uyumaktadır. Behnke (1968) çalışmasında, Kayseri ili Pınarbaşı ilçesi sınırları içinde bulunan Seyhan nehrinin küçük bir kolundan aldığı 3 adet balık örneğinin morfometrik ve meristik özelliklerini diğer Salmonid türleriyle karşılaştırmış ve taksonomide *Salmo* genusunun altında ayrı bir subgenus (*Platysalmo*) içinde değerlendirilmesini önermiştir. Bununla birlikte *Salmo platycephalus*'un yüksek solungaç diken sayısı ve düşük plorik kese sayısı ile birlikte diğer morfolojik ve meristik karakterler yönünden tipik *S. trutta* özelliklerine sahip olduğunu belirtmiştir (Tablo 22).

Yalın (1996) yapmış olduğu diskriminant analizi dağılım grafiği sonucunda, çalıştığı 4 populasyonun (Rize, Abant, Üzüm ve Gödene) bir birinden ayrıldığını, bununla beraber ikinci Canonical değişkenin Abant populasyonunu diğerlerinden ayırdığını tespit etmiştir. Bu ayrıma neden olan karakterlerin ise preorbital mesafe, çatal boy ve dorsal yüzgeç yüksekliği olduğu belirtilmiştir.

Yalın (1996)'nın çalışmasında olduğu gibi, bu çalışmada da morfometrik karakterler için yapılan diskriminant analiz dağılım grafiğinde *S. t. abanticus*'un açık bir şekilde diğer taksonlardan ayrıldığı gözlenmiştir (Şekil 25b).

Tablo 22. Kahverengi alabalık ve bazı Salmon türleri için meristik veriler, Dorsal yüzgeç ışın sayısı (D), Anal yüzgeç ışın sayısı (A), Pektoral yüzgeç ışın sayısı (P), Ventral yüzgeç ışın sayısı (V) ve Solungaç diken sayısı (SD), (Behnke (1968) ve Snoj vd. (2002)'den modifiye edilmiştir).

Türler	Meristik karakterler							
	D	A	P	V	SD	Omur sayısı	Plorik kese	Pul sayısı (Lat.Line)
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	10-12	8-12	14-16	10	17-22	-	-	-
<i>Salmo salar</i>	11-15	10-14	11-16	8-11	17-24	-	-	-
<i>Salmo trutta trutta</i>	10-15	9-14	11-16	7-10	13-19	-	-	-
<i>Salmo marmoratus</i>	13-15	9-13	13-16	8-9	17-20	60-62	40-70	110-125
<i>Salmo cenerinus</i>	13	9	16	9	-	-	-	-
<i>Salmo letnica</i>	3, 8-10	3, 8-10	12-14	-	19-25	55-59	45-85	105-120
<i>Salmo ischchan</i>	3, 8-10	3, 8-10	12-14	-	19-23	54-58	50-70	100-115
<i>Salmo (Salmothymus) obtusirostris</i>	3, 10-12	3, 8-10	12-14	-	25-32	57-59	60-80	100-115
<i>Salmo (Acantholingua) ohridanus</i>	3, 8-10	3, 7-9	11-13	-	18-22	53-57	25-55	95-110
<i>Hucho hucho</i>	3, 9-11	3, 8-10	15-18	-	10-15	65-68	150-250	120-150
<i>Hucho taimen</i>	3, 9-11	3, 8-10	15-18	-	12-17	66-70	150-250	125-150
<i>Hucho perryi</i>	3, 9-11	3, 9-11	14-17	-	14-20	56-60	160-260	110-120
<i>Salmo (Platysalmo) platycephalus</i>	3, 10	3, 8	14	-	23-24	57-59	15-16	109-110
<sup>1</sup> <i>Salmo platycephalus</i>	10-12	8-10	11-14	8-10	18-24	-	-	-
<sup>2</sup> <i>Salmo trutta</i>	3, 8-11	3, 8-11	12-15	-	17-22	55-61	25-60	100-125
<sup>3</sup> <i>Salmo trutta</i>	12-13	8-11	12-14	9-11	14-18	-	-	-
<sup>1</sup> <i>Salmo trutta</i>	10-14	8-12	10-14	8-10	13-22	-	-	-

<sup>1</sup>: Bu çalışma sonucu; <sup>2</sup>: Behnke (1968); <sup>3</sup>: Snoj vd. (2002)

Morfometrik ve meristik karakterler için popülasyonlara ait bireylerin doğru sınıflandırma değeri ortalama % 84,36 olarak gerçekleşmiş ve en yüksek orana *S. t. abanticus* (%97,30) ve *S. platycephalus* (% 95,45) sahip olurken en düşük değerler ise *S. t. caspius* (% 72,44) ve *S. t. labrax* (%79,57) alt türlerinde gözlenmiştir. Yalın (1996) çalışmasında doğru sınıflandırma değerini en yüksek %93 olarak tespit etmiş ve bu değer bu çalışmada ulaşılan sonuca çok yakın olduğu görülmüştür. Karakousis vd. (1991) Yunanistan da yürütmüş olduğu çalışmada meristik ve morfometrik karakterler için doğru sınıflandırma değerini hesaplarken yakın karakterleri kullanmış, fakat buna rağmen düşük sınıflandırma değeri elde etmiştir. Bu durum; Yalın (1996) tarafından, Yunanistan'daki kahverengi alabalık popülasyonları arasındaki genetik veya çevresel farklılığın Türkiye'dekinden daha az olmasından kaynaklanabileceği şeklinde açıklanmıştır.

#### 4.7. Kahverengi Alabalık Populasyonlarının Taksonomik Durumu

Avrupanın Akdeniz ve Adriyatik kısımları *Salmo trutta* kompleksinin en fazla fenotipik varyasyon gösterdiği bölgeler olarak bilinmektedir (Behnke, 1968). Araştırmacılara göre değişen taksonomik durumlarla, kahverengi alabalıkların çeşitli morfları (*S. trutta macrostigma*, *S. trutta dentex*, *S. trutta peristericus*, *S. marmoratus*, *S. carpio*, *S. obtusirostris*, *S. trutta caspius*, *S. trutta abanticus*, *S. trutta fario* ve *S. trutta labrax* vb.) bu coğrafik alanda tanımlanmış ve bunların çoğu da Türkiye ve Balkanlar'da bulunmaktadır. Bu kabul edilen tür veya alt türlerin daha geniş listesini Behnke (1968)'de bulmak mümkündür.

Nükleer ve mtDNA varyasyonu üzerine yapılan çalışmalar sonucunda Akdeniz ve Adriyatik bölgesinde kahverengi alabalık populasyonlarında yüksek oranda genetik farklılıklar belirlenmiştir (Apostolidis vd., 1997; Bernatchez, 2001; Caputo vd., 2004). Bununla beraber şu ana kadar yapılan genetik çalışmalar sonucunda yalnızca iki farklı genetik yapı açık bir şekilde ortaya konulmuştur (*S. marmoratus* ve *S. trutta*'nın Akdeniz populasyonları) (Bernatchez, 2001). Fenotipik varyasyona bağlı olarak önceden yapılmış taksonomik sınıflandırmaların çoğu özellikle Balkan Yarımadasındaki populasyonları alt gruplara ayırmış fakat son zamanlarda gelişen moleküler genetik tekniklerin kullanımıyla elde edilen verilerden doğrulanmamıştır (Apostolidis vd., 1997). Bu durum Türkiye sularında bulunan *Salmo platycephalus* için de geçerlidir. Anadolu alası olarak da bilinen *S. platycephalus* Seyhan Nehrinin yukarı kolu olan soğuksu deresinden alınan üç adet örneğe bağlı olarak 1968 yılında Behnke tarafından tanımlanmıştır. Örnekler morfolojik olarak çalışılmış ve Salmoninae alt familyasının farklı türleriyle karşılaştırılmıştır. Vücut ve yüzgeçler üzerinde beneklerin olmayışıyla yani dış görünüşlerine bağlı olarak *Salmo* genusunun diğer türlerinden farklı olduğu ileri sürülmüştür (Behnke, 1968). Ayrıca düşük plorik kese sayısı (15-16) ve yüksek solungaç diken sayısı (23-24)'na bağlı olarak Behnke (1968) tarafından yeni bir tür olarak tanımlanmıştır. Fakat son dönemlerde yapılan mtDNA-RFLP analiz çalışmaları (Bardakçı vd., 2006) ve mtDNA belirli bölgelerinin sekans analiz çalışmaları (Susnik vd., 2004), bu balığın *S. trutta* türüne dahil ve Adriyatik soy grubunda olduğunu göstermektedir. Ayrıca bu çalışmanın morfolojik analiz kısmı Behnke (1968)'yi desteklerken genetik analiz kısmı Bardakçı (2006) ve Susnik vd. (2004) çalışmalarında olduğu gibi bu balığın Türkiyenin diğer Akdeniz populasyonlarıyla birlikte Adriyatik soy grubuna bağlı ve *S. trutta* türünden olduğunu desteklemektedir.

Tortonese 1954 yılında Türkiye de Akdeniz, Karadeniz, Hazar Denizi ve Dicle- Fırat havzası balıklarını örneklemiş ve hepsinin *S. trutta* türüne dahil olduğunu rapor etmiştir (Kuru, 2004). Ayrıca Abant Gölü örneklerini de bu göle has endemik bir alttür olarak isimlendirmiştir (*Salmo trutta abanticus*). Togan vd. (1999) Abant alası üzerine protein elektroforez yöntemiyle yapmış oldukları genetik çalışmada, Abant alasının Doğu Karadeniz popülasyonlarıyla aynı soy grubu içinde yer aldıklarını ve Abant alasının özgün bir genetik yapı göstermemesinden dolayı endemik bir popülasyon olduklarına dair bir kanıt bulunamadığını vurgulamışlardır. Ayrıca Yalın (1996) yapmış olduğu morfolojik çalışmada da Abant alasıyla birlikte, Rize, Üzüm, ve Gödene popülasyonlarının %93,33 oranında ayrıştığını fakat popülasyonlar arası (Mahalanobis D) mesafelerin, Abant alabalığının endemik bir tür olduğunu desteklemediğini belirtmiştir. Bu çalışmada da Abant alası morfometrik olarak diğer popülasyonlardan açık bir şekilde ayrılmıştır. Fakat genetik olarak bakıldığında Togan vd. (1999) elde etmiş oldukları sonuçta olduğu gibi kesinlikle Karadeniz drenaj havzası popülasyonları içinde yer almıştır.

Bernatchez vd. (1992) coğrafik olarak uzak kahverengi alabalık popülasyonları arasında mtDNA kontrol bölgesinin sekans varyasyonunu çalışmış ve 5 ana filogenetik gruplaşma belirlemiştir (Tuna, Adriyatik, Akdeniz, Atlantik ve *marmoratus*). Osinov ve Bernatchez (1996) çok geniş alandan (Baltık denizi, Barent denizi, Beyaz deniz, Karadeniz, Hazar ve Aral denizi) topladıkları örnekler üzerine mtDNA'nın ND5/6 ve Sitokrom b/D-loop gen bölgelerinin RFLP analizi ve kontrol bölgesinin sekans analizi sonuçlarına göre Karadeniz, Hazar ve Aral deniz havzalarının Tuna soy grubuna dahil olduğunu, Baltık, Barent ve Beyaz deniz havzalarından diğer popülasyonlarında Atlantik soy grubuna dahil olduğunu belirlemişlerdir. Bu çalışmalara ilave olarak Bernatchez (2001) 174 popülasyon ve 1794 örnek üzerine yayınlanmış verileri birleştirerek popülasyonların filocoğrafik yapılanması üzerine çalışma yürütmüş ve Türkiye Akdeniz drenaj havzası popülasyonlarının Adriyatik soy grubuna dahil olduğunu tespit etmiştir. Bu çalışmanın sonuçları yukarıda sözü edilen sonuçları desteklemekte olup, Karadeniz, Marmara ve Hazar drenaj havzaları popülasyonları Tuna soy grubu içersinde, Akdeniz drenaj havzası popülasyonlarında Adriyatik soy grubu içersinde yer almıştır.

Türler içindeki varyasyonun belirlenmesi seviyesinde morfolojik karakterlerle yapılan çalışmaların temel zorluğu fenotipik varyasyonun doğrudan genetiğin kontrolü altında olmaması, bunun yanında çevresel faktörler ve genetik ve çevresel faktörlerin karşılıklı etkisi sonucunda oluşmasıdır (Taylor, 1991). Balığın fenotipik esnekliği, fizyolojisi ve

davranışlarındaki deęişimle, çevresel deęişikliklere adapte olmasını sağlamaktadır (Stearns, 1983). Bu şekilde gerçekleşen fenotipik adaptasyon stokta genetik deęişikliklerle sonuçlanmaz. Bunun için stoklar arasındaki fenotipik farklılıkların araştırılması genetik farklılığın bir delili olarak kabul edilmemelidir (Turan, 1999). Bununla birlikte popülasyonlar arasında önemli miktarda genetik farklılık birikmesi için zaman yetersiz olduğunda aşırı yıpratılan türün stok yapısının analizinde çevresel olarak oluşmuş fenotipik varyasyonun çalışılması avantaj olabilir (Turan, 1999).



## 5. SONUÇLAR

1. Türkiye'nin dere, deniz ve göllerinde dağılım gösteren *Salmo* genusunun 2 türü (*Salmo trutta* ve *Salmo platycephalus*), bu türlerden *Salmo trutta*'ya ait 5 alt türü (*Salmo trutta fario*, *Salmo trutta labrax*, *Salmo trutta caspius*, *Salmo trutta magrostigma* ve *Salmo trutta abanticus*) temsil eden 17 ana drenaj ve bunlara bağlı 23 dere ve 2 gölden toplam 30 istasyondan 1068 adet balık örneklenmiştir. Karadeniz ve Marmara drenaj havzasında 17 istasyondan yapılan örnekleme türün dere, deniz, dağ ve göl ekotiplerini temsil etmiştir. Kafkas almasının dağılım gösterdiği Hazar havzasında iki drenaja bağlı 4, Akdeniz ve Dicle-Fırat havzalarından ise 9 istasyondan örnekleme yapılmıştır.
2. Örneklerin ortalama standart boyları  $18,0 \pm 4,7$  cm olup  $7,6 - 59,4$  cm arasında değişim göstermiştir.
3. Populasyonların genetik yapısının belirlenmesi için Türkiye genelinde 30 farklı istasyondan toplam 726 örnek üzerinde mtDNA'nın 3 farklı bölgesi (ND1, Sitokrom b/D-Loop ve ND 5/6) PZR ile yükseltgenmiş, 17 polimorfik kesici enzimle kesilmiş ve agaroz jel üzerinde görüntülenmiştir. Tüm gen bölgeleri için toplam 147 kesim yeri tespit edilmiştir. Her bir gen bölgesi için kesici enzimlerin oluşturduğu kesim parçacıklarının ortalama ürün boyları ND1 için  $1974 \pm 180$  bp, Sitokrom b/D-Loop için  $2409 \pm 128$  bp ve ND 5/6 için  $2220 \pm 88,7$  bp olarak hesaplanmıştır.
4. mtDNA'nın ND1, Sitokrom b / D-Loop ve ND 5/6 gen bölgelerinin RFLP analizi ile toplam 31 birleşik haplotip tespit edilmiştir. En yaygın olan haplotip (M2), 12 popülasyonda ve tüm örneklerin 202'sinde gözlenmiştir. Haplotiplerden 12'si ise 5 ve daha az örnekte görülmüş, popülasyonlar için nadir ve özel haplotipler olmuşlardır. Her bir popülasyondaki haplotip miktarı 1 ile 7 arasında değişim göstermiş ve ortalama olarak her bir popülasyon için 2,4 olarak gerçekleşmiştir.
5. Hesaplanan 31 haplotip arasındaki sekans farklılığı değerleri  $0,0004 - 0,0289$  arasında değişim göstermiştir. Ayrıca haplotip çiftleri arası sekans farklılığı verilerine göre oluşturulan UPGMA dendogramı ve kesim parçacıklarının bulunuşu ve bulunmayışı verilerine göre oluşturulan Wagner-Parsimoni ağacı sonuçları kahverengi alabalıklarda gözlenen haplotiplerin Karadeniz, Marmara ve Hazar drenaj havzası popülasyonlarıyla Akdeniz ve Basra körfezi drenaj havzası popülasyonlarını temsil eden iki ana gruba ayrıldığını göstermiştir.

6. Populasyonlar arası ortalama nukleotit çeşitliliği  $0,010101 \pm 0,0000001$  ve nukleotit farklılığı  $0,009126 \pm 0,0000001$  olarak hesaplanmıştır. Populasyonlar içindeki haplotip ve nukleotit çeşitliliği değerleri ise ortalama olarak sırasıyla  $0,2702 \pm 0,00250$  ve  $0,000976 \pm 0,0000002$  olarak hesaplanmıştır. En yüksek haplotip ve nukleotit çeşitliliği Kapisre-dere ( $0,800 \pm 0,02636$ ) ve Solaklı-haldizen ( $0,011659$ ) populasyonlarında gözlenmiştir. Populasyonlar arası sekans farklılığı verilerine göre oluşturulan UPGMA dendogramı haplotiplerin dağılımında olduğu gibi, populasyonlar iki farklı soy grubuna ayrılmıştır.
7. Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçlarına göre kahverengi alabalık populasyonları arası yüksek seviyede genetik yapılanma olduğu belirlenmiştir. Havzaları arasında (Karadeniz, Marmara, Hazar, Akdeniz ve Dicle-Fırat) belirgin farklılıklar mevcut olup yaklaşık %74 genetik varyans ortaya çıkmıştır. Deniz ve dere ekotiplerini temsil eden populasyonlar arasında yapılan varyans analizi sonucuna göre ise gruplar arası varyans bulunamamıştır. Varyansın büyük bir kısmının populasyonlar içi alt gruplar arasında dağıldığı tespit edilmiştir.
8. Monte-Carlo simülasyonu ile populasyonlar arası genetik heterojenite test edilmiş ve haplotip frekanslarının dağılımında istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulunmuştur ( $\chi^2 = 8647,20$ ,  $P < 0,001$ ). Ayrıca dere ve deniz ekotipleri arasında heterojenite olmadığı tespit edilmiştir ( $\chi^2 = 15,28$ ,  $P = 0,1350$ ).
9. Populasyon çiftleri arasındaki genetik farklılık değerleri ( $F_{ST}$ ), populasyonlar arasında önemli genetik farklılaşma olduğunu göstermiştir. Uzak populasyonlar arasındaki  $F_{ST}$  değerleri yakın populasyonlara göre daha yüksek olmuş ve  $-0,137$ - $1,00$  arasında değişim göstermiştir.  $F_{ST}$  değerlerinin analoğu olan  $\Phi_{ST}$  değerleri ise tüm populasyonlar için  $0,92$  ( $P < 0,001$ ) olarak hesaplanmıştır. Her bir generasyon için göç eden dişi balık miktarı  $(N_e m)_F = 0,045$  olarak hesaplanmıştır ve düşük olan bu değer populasyonlar arası genetik farklılaşmayı desteklemiştir.
10. Populasyon çiftleri arasındaki genetik mesafe ile coğrafik mesafe karşılaştırıldığında,  $2000$  km'den daha az mesafelerde ilişki olmadığı ( $R^2 = 0,0136$ ,  $P = 0,176$ ), fakat daha büyük coğrafik mesafeler için yüksek ilişki olduğu tespit edilmiştir ( $R^2 = 0,4893$ ,  $P < 0,001$ ).
11. Farklı nehir sistemlerinden populasyonlar arası genetik farklılaşmayla beraber drenajlar içinde de genetik farklılaşma gözlenmiştir. Bu şekilde mikrocoğrafik genetik farklılık gösteren drenaj sistemlerinden Solaklı-Haldizen populasyonunun aynı drenaj üzerinde

bulunan sahil populasyonlarından farklılaştığı ( $F_{ST} = 0,280$ ,  $N_{em} = 1,3$ ) görülmüştür. Bununla birlikte Hazar havzası populasyonlarının örneklendiği Aras nehri kollarından Ortaköy ve Keklik deresi örnekleri arasında ( $F_{ST} = 0,777$ ,  $N_{em} = 0,143$ ), Kura nehri kolları olan Toro ve Alabalık deresi örnekleri arasında ( $F_{ST} = 0,326$ ,  $N_{em} = 1,03$ ) ve Karadeniz drenaj havzasında bulunan ve Çoruh nehrinin kolları olan Barhal ve Tekkale deresi örneklerinin ( $F_{ST} = 0,217$ ,  $N_{em} = 1,8$ ) genetik olarak farklılaştığı ve bu farklılaşmanın istatistiki olarak önemli olduğu ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. Ayrıca Seyhan Nehri kolları olan Şerefiye ve Karagöz deresi örnekleri arasında diğer örneklerle göre düşük de olsa ( $P < 0,05$ ) farklılaşma olduğu belirlenmiştir ( $F_{ST} = 0,138$ ,  $N_{em} = 3,13$ ).

12. Dere ve deniz ekotipini temsil eden örnekler arasında genetik farklılık bulunamamıştır. İki ekotip arasındaki genetik karakteristikler aşağıda özetlenmiştir.

	Dere	Deniz
Haplotip sayısı	: 10	6
Nadir haplotip sayısı	: 2	-
Özel haplotip sayısı	: 2	1
Nukleotit çeşitliliği	: 0,0010	0,0007
Nukleotit farklılığı	: % 0,033	
Haploit $\Phi_{ST}$	: 0,084	
$(N_{em})_F$	: 5,5	

13. Tür ve alttürleri temsil eden 30 farklı istasyondan toplam 1068 örnek üzerinde 25 morfometrik ve 5 meristik karakterin ölçüm ve sayım işlemleri yapılmış ve tür ve alt türler arasındaki farklılığı belirtmek için çok değişkenli araştırma tekniklerinden Diskriminant Fonksiyon Analizi uygulanmıştır.
14. Diskriminant analiziyle hesaplanan Mahalanobis uzaklık matrisi sonucuna göre *Salmo platycephalus* ve *Salmo trutta abanticus* diğer alttür veya ekotiplerden ayrılmıştır.
15. Morfometrik ve meristik karakterler için populasyonlara ait bireylerin doğru sınıflandırma oranının %84,36 olduğu tespit edilmiştir.
16. Tortones (1954) tarafından Abant gölünde endemik tür olarak bulunduğu rapor edilen (Kuru, 2004) *Salmo trutta abanticus* morfometrik olarak diğer ekotiplerden ayrılmış olmasına rağmen genetik olarak Karadeniz drenaj havzası populasyonları içinde yer almıştır. Ayrıca yüksek solungaç diken sayısı ile diğer ekotiplerden ayrılan *Salmo*

*platycephalus* genetik olarak *Salmo trutta* türüne dahil ve Adriyatik soy grubu içinde bulunduğu tespit edilmiştir.

## 6. ÖNERİLER

Son zamanlarda DNA teknolojisindeki gelişmelerle birlikte önceleri insanlar üzerinde uygulanan gelişmiş analiz teknikleri Salmonidae türleri gibi balıklarında da uygulanmaya başlanmıştır. Genetik bilimi ve istatistiksel yaklaşımlardaki hızlı gelişmeler doğal populasyonlar ve çevreye bakış açılarında yeni açılımlar getirmiş ve böylece ekosistem ve evrimleşme arasındaki moleküler etkileşimin daha iyi anlaşılmasına yol açmıştır.

Kahverengi alabalık genlerinin fonksiyonları hakkında artan bilgi birikimi doğal populasyonların korunmasına yönelik çalışmalarda değerli bilgiler sağlayacaktır ve ayrıca alabalık yetiştiriciliğinin gelişimi için de temel teşkil edecektir. Araştırılacak yeni konuların ortaya çıkarılması çok fazla miktarda cevaplanmamış soruların çözümüne yardımcı olacaktır.

Günümüzde Salmonidler üzerine yapılacak çalışmalarda çok fazla moleküler metot söz konusu olsada, çalışmaların büyük bir kısmı mtDNA-RFLP analizi ve belirli gen bölgesinin sekansı, mini ve mikrosatellit DNA markırlarının kullanımıyla yürütülmektedir. Bu çalışmanın bir sonraki aşamasında tüm populasyonların nükleer genomu temsil eden mikrosatellit DNA markırı ile çalışılması kahverengi alabalık toplumlarının daha iyi anlaşılmasına yardımcı olacaktır.

Ayrıca populasyonlar arası gen akışının sınırlı olması ayrı su kaynaklarından populasyonlar arasında olduğu kadar aynı drenaj sistemlerinde bulunan topluluklar arasında da farklılaşmalara neden olmaktadır. Bu durum zaman içerisinde taksonomide problemler yaratmaktadır. Türkiye'deki kahverengi alabalıklar için de bu durum geçerli olup morfometrik olarak *Salmo trutta* türünden farklılık gösteren fakat bu çalışmada da olduğu gibi mtDNA-RFLP analiz sonuçlarına göre farklılaşmayan *Salmo platycephalus* türünün sistematikteki yeri mtDNA sekans analizi ve karyolojik çalışmalarla desteklenmelidir.

Kahverengi alabalıklar için Bernatchez vd. (1992) tarafından saptanan 5 ana soy grubuna (Tuna, Adriyatik, Akdeniz, Atlantik ve *marmoratus*) ilaveten Bardakçı vd. (2006) son zamanlarda yapmış oldukları çalışmayla yeni soy grubu (Dicle) ilave etmişlerdir. Fakat Susnik vd. (2005) yakın zamanda yapmış olduğu çalışmasında Dicle havzasından almış olduğu 6 adet örneğin mtDNA'sının kontrol bölgesinde yeni haplotip ortaya çıkarmış ve bu haplotipin Tuna soy grubu haplotiplerinden %1-1,5 oranında farklılaşmada soy ağacında

Tuna grubu içinde yer aldığını bildirmiştir. Bu problemin çözülmesi için Dicle-Fırat nehir havzalarından fazla miktarda istasyondan örnekleme yapıp mtDNA-RFLP ve sekans analizi yöntemleriyle çalışılıp, yürütülmüş olan bu çalışma ve diğerleriyle karşılaştırılabilir.

Doğal canlıların genetik varyasyonu üzerine, gün geçtikçe artan insan aktivitelerinin olumsuz etkisi bilinen bir gerçektir. Bu bağlamda, bu çalışmanın yürütülmüş olduğu Doğu Karadeniz nehir sistemlerinde, Ceyhan ve diğer nehirlerde elektrik üretim ve sulama amaçlı baraj yapım çalışmalarıyla balıkların göç yollarının önü kesilmekte ve canlıların genetik varyasyonunun kaybolmasına ve sonraki aşamada canlının yok olmasına neden olmaktadır. Bu tip yatırımlar düşünülürken doğal hayat ihmal edilmemelidir.

## 7. KAYNAKLAR

- Allendorf, F.W., Ryman, N., Stennek, A. ve Stahl, G., 1976. Genetic variation in Scandinavian brown trout (*Salmo trutta* L.): Evidence of distinct sympatric populations, Hereditas, 83, 73-82.
- Allendorf, F., Ryman, N., ve Utter, F., 1987. Genetics and fishery management: Past, present, and future, In: Population Genetics & Fishery Management (N. Ryman ve F.M. Utter, Eds), University of Washington, Washington, 1-20.
- Allendorf, F.W. ve Ryman, N., 1987. Genetic management of hatchery stocks, In: Population Genetics and Fisheries Management. (N. Ryman ve F. Utter, Eds.) University of Washington Press, Seattle and London, 141-159.
- Allendorf, F.W. ve Leary, R.F., 1988. Conservation and distribution of genetic variation in a polytypic species the cutthroat trout, Conservation Biology, 2, 170-181.
- Allendorf, F.W. ve Waples, R.S., 1996. Conservation and genetics of salmonid fishes, In: Conservation Genetics, Case Stories from Nature (J.C. Avise ve J.L. Hamrick, Eds), Chapman & Hall, London, 238-280.
- Altukhov, Y.P. ve Salmenkova, E.A., 1994. Straying intensity and genetic differentiation in salmon populations, Aquacult. Fish. Manage., 25, 99-120.
- APHA, AWWA, WPCF, 1985. "Standart Methods for the Examination of Water and Wastewater", 17th Edition, American Public Health Association Publication, Washington, USA, 1391s.
- Apostolidis, A.P., Karakousis, Y. ve Triantaphyllidis, C., 1996. Genetic differentiation and phylogenetic relationships among Greek *Salmo trutta* L. (brown trout) populations as revealed by RFLP analysis of PCR amplified mitochondrial DNA segments, Heredity, 77, 608-618.
- Apostolidis, A.P., Triantaphyllidis, C., Kouvatsi, A. ve Economidis, P.S., 1997. Mitochondrial DNA sequence variation and phylogeography among *Salmo trutta* L. (Greek brown trout) populations, Mol. Ecol., 6, 531-542.
- Aquadro, C.F., Noon, W.A., Begun, D.J. ve Danforth, B.N., 1998. RFLP analysis using heterologous probes, In: Molecular Genetic Analysis of Populations (A.R. Hoelzel, Ed.), Second ed., IRL press, Oxford, 151-200.

- Arnason, E. ve Rand, D.M., 1992. Heteroplasmy of short tandem repeats in mitochondrial DNA of Atlantic cod, *Gadus morhua*, Genetics, 132, 211-220.
- Aurelle, D. ve Berrebi, P., 2001. Genetic structure of brown trout (*Salmo trutta*, L.) populations from south-western France: data from mitochondrial control region variability, Molecular Ecology, 10, 1551-1561.
- Avise, J.C., 1986. Mitochondrial DNA and evolutionary genetics of higher animals, Phil. Trans. R. Soc. Lond. B., 312, 325-342.
- Avise, J.C., Akney, C.D. ve Nelson, W.S., 1990. Mitochondrial gene trees and the evolutionary relationship of mallard and black ducks, Evolution, 44, 1109-1119.
- Avise, J.C., 1992. Molecular population structure and biogeographic history of a regional fauna: a case history with lessons for conservation biology, Oikos, 63, 62-76.
- Ayala, F.J. ve Kiger, J.A., 1984. Modern genetics. Second edition, University of California, Davis.
- Bagliniere, J.L. ve Maisse, G., 1991. La truite biologie et écologie, INRA Editions, Paris, 303s.
- Baker, J.D., Antonelis, G.A., Fowler, C.W. ve York, A.E., 1995. Natal site fidelity in northern fur seals, *Callorhinus ursinus*, Animal Behaviour, 50, 237-243.
- Bardakçı, F., Degerli, N., Ozdemir, O. ve Basibuyuk, H. H., 2006. Phylogeography of the Turkish brown trout *Salmo trutta* L.: mitochondrial DNA PCR-RFLP variation, Journal of Fish Biology, 68, Supplement A, 36-55.
- Bartley, D.M. ve Gall, G.A., 1990. Genetic structure and gene flow in chinook salmon populations of California, Trans. Am. Fish. Soc., 119, 55-71.
- Beaumont, A.R. ve Hoare, K., 2003. Biotechnology and Genetics in Fisheries and Aquaculture, 1st ed., Blackwell Science Ltd., Oxford, 158 s.
- Behnke, R.J., 1968. A new subgenus and species of trout *Salmo* (*Platysalmo*) *platycephalus*, from southcentral Turkey, with comments on the classification of the sub family Salmoninae, Mitt. Hamburg. Zool. Mus. Inst., 66, 1-15.
- Behnke, R.J., 1972. The systematics of salmonid fishes of recently glaciated lakes, Journal of the Fisheries Research Board of Canada, 29, 639-671.
- Bembo, D.G., Beverton, R.J.H., Weigtman, A.J. ve Cresswell, R.C. 1993., Distribution, growth and movement of River Usk brown trout (*Salmo trutta*), Journal of Fish Biology, 43,A, 45-52.



- Bembo, D.G., Weightman, A.J., Beverton, R.J.H. ve Cresswell, R.C., 1994. Mitochondrial DNA variation in River Usk brown trout, *Salmo trutta*, J. Fish Biology, 44, 717-723.
- Bentzen, P., Legget, W.C. ve Brown, G.G., 1988. Length and restriction site heteroplasmy in the mitochondrial DNA of American shad (*Alosa sapidissima*), Genetics, 118, 509-518.
- Bentzen, P., Harris, A.S. ve Wright, J.M., 1991. Cloning of hypervariable minisatellite and simple sequence microsatellite repeats for DNA fingerprinting of important aquacultural species of salmonids and tilapia, In: DNA Fingerprinting: Approaches and Applications (T. Burke, G. Dolf, A.J. Jeffreys, ve R. Wolff, Eds.), Birkhauser Verlag, Basel, Switzerland, 243-262.
- Berg, O.K., 1985. The formation of non-anadromous populations of Atlantic salmon, *Salmo salar* L., in Europe, J. Fish Biol., 27, 805-811.
- Berg, O.K. ve Berg, M., 1987. Migrations of sea trout, *Salmo trutta*, from the Vardnes river in northern Norway, Journal of Fish Biology, 31, 113-121.
- Bermingham, E. ve Avise, J.C., 1986. Molecular zoogeography of freshwater fishes in the southeastern United States, Genetics, 113, 939-965.
- Bermingham, E., Forbes, S.H., Friedlan, K. ve Pla, C., 1991. Discrimination between Atlantic salmon (*Salmo salar*) of North American and European origin using restriction analysis of mitochondrial DNA, Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science, 48, 884-893.
- Bernatchez, L., Guyomard, R. ve Bonhomme, F., 1992. DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations, Mol. Ecol., 1, 161-173.
- Bernatchez, L. ve Danzmann, R.G., 1993. Congruence in control region sequence and restriction-site variation in mitochondrial DNA of brook charr (*Salvelinus fontinalis* Mitchill), Mol. Biol. Evol., 10, 1002-1014.
- Bernatchez, L. ve Osinov, A., 1995. Genetic diversity of trout (genus *Salmo*) from its most eastern native range based on mitochondrial DNA and nuclear gene variation, Mol. Ecol., 4, 285-297.
- Bernatchez, L., 2001. The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation, Evolution, 55, 351-379.

- Birky, C.W.Jr, Maruyama, T. ve Fuerst, P., 1983. An approach to population and evolutionary genetic theory for genes in mitochondria and chloroplasts, and some results, Genetics, 103, 513-527.
- Bohlin, T., 1975. A note on the aggressive behaviour of adult male sea trout precocious males during spawning. Report of the Institute of Freshwater Research, Drottningholm, 118 s.
- Bookstein, F., Chernoff, B., Elder, R., Humphries, J., Smith, G. ve Strauss, R., 1985. Morphometrics in evolutionary biology, Academy of Natural Sciences of Philadelphia, Special publication 15, 277 s.
- Bourke, P., Magnan, P. ve Rodriguez, M.A., 1997. Individual variations in habitat use and morphology in brook charr, J. Fish Biology, 51, 783-794.
- Bouza, C., Arias, J., Castro, J., Sa'nchez, L. ve Martinez, P., 1999. Genetic structure of brown trout, *Salmo trutta* L., at the southern limit of the distribution range of the anadromous form, Molecular Ecology, 8, 1991-2001.
- Broker, N.E., Brown, J.R. ve Gilbert, T.A., 1990. Length heteroplasmy of sturgeon mitochondrial DNA: an illegitimate elongation model, Genetics, 124, 157-163.
- Brown, W.M., George, M.Jr ve Wilson, A.C., 1979. Rapid evolution of mitochondrial DNA, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 76, 1967-1971.
- Brown, W.M., Prager, E.M. ve Wang, A., 1982. Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution, J. Mol. Evol., 18, 225-239.
- Brönmark, C. ve Pettersson, L.B., 1994. Chemical cues from piscivores induce a change in morphology in crucian carp, Oikos, 70, 396-402.
- Bruford, M.W. ve Burke, T., 1991. Hypervariable DNA markers and their applications in the chicken, In: DNA Fingerprinting: Approaches and Applications (T. Burke, G. Dolf, A.J. Jeffreys ve R. Wolff, Eds.), Basel, Birkhauser Verlag, 230-242.
- Brumund-Rüther, E., Brüning, G., Winkler, H.M., Hartmann, N. ve Schmidt, G., 1996. Fisch des Jahres 1996 - Die Meerforelle (*Salmo trutta trutta* L.). Verband Deutscher Sportfischer e.V., Offenbach, 116 s.
- Buckley, D., Arano, B., Herrero, P. ve Llorente, G., 1996. Population structure of Moroccan water frogs: Genetic cohesion despite a fragmented distribution, J. Zool. Syst. Evol. Res., 34, 173-179.
- Burke, T. ve Bruford, M.W., 1987. DNA fingerprinting in birds, Nature, 327, 149-152.

- Buth, D.G., 1990. Genetic principles and the interpretation of electrophoretic data, In: *Electrophoretic and isoelectric focusing techniques in fisheries management* (D. H. Whitemore, Ed.), CRC Press Inc, Boca Raton, 1-21.
- Butz, I. ve Rydlo, M., 1996. Fischbiologische untersuchungen in einigen versauerungsgefährdeten Bächen des nördlichen Mühlviertels (Oberösterreich), *Österreichs Fischerei*, 49, 11-26.
- Campbell, J.S., 1977. Spawning characteristics of brown trout and sea trout *Salmo trutta* L. in Kirk Burn, River Tweed, Scotland, *Journal of Fish Biology*, 11, 217-229.
- Caputo, V. Giovannotti, M., Nisi Cerioni, P., Caniglia, M.L. ve Splendiani, A., 2004. Genetic diversity of brown trout in central Italy, *Journal of Fish Biology*, 65, 403-418.
- Castilho, R., McAndrew, B.J., 1998. Two polymorphic microsatellite markers in the European seabass, *Dicentrarchus labrax* (L.), *Animal Genetics*, 29, 150-160.
- Castilho, R. ve Ciftci, Y., 2005. Genetic differentiation between close eastern Mediterranean *Dicentrarchus labrax* (L.) populations, *Journal of Fish Biology*, 67, 1746-1752.
- Cavalli-Sforza, L.L. ve Edwards, W.F., 1967. Phylogenetics analysis: models and estimation procedures, *Evolution*, 21, 550-570.
- Clary, D.O. ve Wolstenholme, D.R., 1985. The mitochondrial DNA molecule of *Drosophila yakuba*: nucleotide, gene organization and genetic code, *J. Mol. Evol.*, 22, 252-271.
- Clayton, D.A., 1991. Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA, *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, 7, 453-478.
- Coad, B.W., 1996. Zoogeography of the fishes of the Tigris-Euphrates Basin, *Zoology in the Middle East*, 13, 51-70.
- Cockerham, C.C., 1973. Analysis of gene frequencies, *Genetics*, 74, 679-700.
- Çiftci, Y. ve Okumuş, İ., 2002. Fish Population Genetics and Applications of Molecular Markers to Fisheries and Aquaculture: I- Basic Principles of Fish Population Genetics. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 2,2, 145-155.
- Davidson, W.S. Birt, T.P. ve Green, J.M., 1989. Organization of the mitochondrial genome from Atlantic salmon (*Salmo salar*), *Genome*, 32, 340-342.

- Dawid, I.B., 1972. Evolution of mitochondrial DNA sequences in *Xenopus*, Dev. Biol., 29, 139-151.
- Dellefors, C. ve Faremo, U., 1988. Early sexual maturation in males of wild sea trout, *Salmo trutta* L., inhibits smoltification, Journal of Fish Biology, 33, 741-749.
- Dittman, A.H. ve Quin, T.P., 1996. Homing in Pacific salmon: Mechanism and ecological basis, J. Exp. Biol., 199, 83-91.
- Duftner, N., Weis, S., Medgyesy, M. ve Sturmbauer, C., 2003. Enhanced phylogeographic information about Austrian brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences, Journal of Fish Biology, 62, 427-435.
- Dunner, S., Royo, L. ve Cañon, J., 2000. Genetic structure in Atlantic brown trout (*Salmo trutta* L.) populations in the Iberian peninsula: evidence from mitochondrial and nuclear analysis, J. Anim. Breed. Genet., 117, 105-120.
- Egglisshaw, H.J. ve Shackley, P.E., 1977. Growth, survival and production of juvenile salmon and trout in a Scottish stream, Journal of Fish Biology, 11, 647-672.
- Elliott, J.M., 1984. Numerical changes and population regulation in young migratory trout *Salmo trutta* in a Lake District stream, 1966-83, Journal of Animal Ecology, 53: 327-350.
- Elliot, N.G., Haskard, K. ve Koslow, J.A., 1995. Morphometric analysis of orange roughy (*Holostethus atlanticus*) off the continental slope of southern Australia, Journal of Fish Biology, 46, 202-220.
- Elo, K., 1993. Gene flow and conservation of genetic variation in anadromous Atlantic salmon (*Salmo salar*), Hereditas, 119, 149-159.
- Elso, J.I. ve Greenberg, L.A., 2001. Habitat use, movements and survival of individual brown trout (*Salmo trutta*) during winter, Archiv für Hydrobiologie, 152, 279-295.
- Encalada, S.E., Lahanas, P.N., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Miyamoto, M.M. ve Bowen, B.W., 1996. Phylogeography and population structure of control region sequence assessment, Molecular Ecology, 5, 473-483.
- Evans, D.M., 1994. Observations on the spawning behavior of male and female adult sea trout (*Salmo trutta* L.) using radio telemetry, Fisheries Management and Ecology, 1, 95-105.
- Excoffier, L., Smouse, P.E. ve Quattro, J.M., 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data, Genetics, 131, 479-491.

- Fahy, E., 1978. Variation in some biological characteristics of British sea trout, *Salmo trutta* L., Journal of Fish Biology, 13, 123-138.
- Fahy, E., 1989. Conservation and management of brown trout, *Salmo trutta*, in Ireland Freshwater Biology, 21, 99-109.
- FAO, 1981. Conservation of the genetic resources of fish: Problems and recommendations, FAO Fisheries Technical Paper No. 217, Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Rome, 43 s.
- FAO, 2005. Yearbook of Fishery Statistics, Aquaculture production, 2003, Vol.96/2, Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Rome, 207 s.
- Felsenstein, J., 1973. Maximum-likelihood estimation of evolutionary trees from continuous characters, Amer. J. Human Genetics, 25, 471-492.
- Felsenstein, J., 1981. Evolutionary trees from gene frequencies and quantitative characters: finding maximum likelihood estimates, Evolution, 35, 1229-1242.
- Felsenstein, J., 1993. PHYLIP (Phylogeny Inference Package), Version 3 5c. University of Washington, Seattle.
- Ferguson, A. ve Mason, F.M., 1981. Allozyme evidence for reproductively isolated sympatric populations of brown trout *Salmo trutta* L. in Lough Melvin, Ireland, Journal of Fish Biology, 118, 629-642.
- Ferguson, A., 1989. Genetic differences among brown trout (*Salmo trutta*) stocks and their importance for the conservation and management of the species, Freshwater Biology, 21, 35-46.
- Ferguson, A. ve Taggart, J.B., 1991. Genetic differentiation among the sympatric brown trout (*Salmo trutta*) population of Lough Melvin, Ireland, Biological Journal of the Linnean Society, 43, 221-237.
- Ferguson, A., 2004. Brown trout genetic diversity: origins, importance and the impacts of supplemental stocking, Proceedings of the Institute of Fisheries Management 34th Annual Study Course, 26-43.
- Ferris, S.D. ve Berg, W., 1987. The utility of mitochondrial DNA in fish genetics and fishery management, In: Population Genetics and Fishery Management (N. Ryman ve F. Utter, Eds.), University of Washington Press, Seattle, 277-299.
- Fidan, A.Z., 1995. A study on the structure of natural trout populations in Turkey, Yüksek Lisans Tezi, O.D.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.

- Fields, R.D., Johnson, K.R. ve Thorgaard, G.H., 1989. DNA fingerprints in rainbow trout detected by hybridization with DNA of bacteriophage M13, Transactions of the American Fisheries Society, 118, 78-81.
- Fitch, W.M., 1977. On the problem of discovering the most parsimonious tree, American Naturalist, 111, 223-257.
- Foot, C.J., Mayer, I., Wood, C.C., Clark, W.C. ve Blackburn J., 1994. On the developmental pathway to nonanadromy in sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*, Can. J. zool., 72, 397-405.
- Garcia De Leon, F.J., Dallas, J.F., Chatain, B., Canonne, M., Versini, J. J. ve Bonhomme, F., 1995. Development and use of microsatellite markers in sea bass, *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758) (Perciformes: Serranidae), Mol. Mar. Biol. Biotech., 4,1, 62-68.
- Garcia De Leon, F.J., Chikhi, L. ve Bonhomme, F., 1997. Microsatellite polymorphism and population subdivision in natural populations of European sea bass *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758), Molecular Ecology, 6, 51-62.
- Geldiay, R. ve Balık, S., 1988. Türkiye Tatlısu Balıkları. Ege Üniversitesi, Fen Fakültesi Kitapları Serisi, 97, 218-228.
- Gephard, S., Moran, P. ve Garcia-Vasquez, E., 2000. Evidence of successful natural reproduction between brown trout and mature male Atlantic salmon parr, Transactions of the American Fisheries Society, 129, 301-306.
- Gezgin, F.A., 1999. Preliminary study on genetic differentiation among Turkish brown trout (*Salmo trutta* L.) populations as revealed by RFLP analysis of PCR amplified mitochondrial DNA segments, Yüksek Lisans Tezi, O.D.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Gilbert, T.L., Brown, J.R. ve O'Hara, P.J., 1988. Sequence of tRNA-Thr and tRNA-Pro from white sturgeon (*Acipenser transmontanus*) mitochondria, Nucleic Acids Res., 16, 11825.
- Gilbert, D.A., Packer, C., Pusey, A.E., Stephans, J.C. ve O'Brien, S.J., 1991. Analytical DNA fingerprinting in lions: Parantage, genetic diversity and kinship, Journal of Heredity, 82, 378-386.
- Giuffra, E., Bernatchez, L., ve Guyomard, R., 1994. Mitochondrial control region and protein coding genes sequence variation among phenotypic forms of brown trout *Salmo trutta* from northern Italy, Mol. Ecol., 3, 161-171.

- Giuffra, E., Guyomard, R. ve Forneris, G., 1996. Phylogenetic relationships and introgression patterns between incipient parapatric species of Italian brown trout (*Salmo trutta* L. complex), Molecular Ecology, 5, 207-220.
- Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L. ve Feldman, M.W., 1995. An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci, Genetics, 139, 463-471.
- Guilbault, G.G., 1973. Practical Fluorescence-Theory Methods and Techniques, 1st Ed. Marcel Dekker Inc., New York, 126 s.
- Guyomard, R., 1989. Diversité génétique de la truite commune, Bulletin Français de Pêche et Pisciculture, 314, 118-135.
- Gyllensten, U., 1985. The genetic structure of fish: differences in the intraspecific distribution of biochemical genetic variation between marine, anadromous, and freshwater species, Journal of Fish Biology, 26, 691-699.
- Gyllensten, U. ve Wilson, A.C., 1987. Mitochondrial DNA of salmonids: inter-and intraspecific variability detected with restriction enzymes, In: Population genetics and fishery management (F. Utter ve N. Ryman, Eds.), University of Washington Press, Seattle, 301-317.
- Hall, H.J. ve Nawrocki, L.W., 1995. A rapid method for detecting mitochondrial DNA variation in the brown trout, *Salmo trutta*, Journal of Fish Biology, 46, 360-364.
- Hanotte, O., Burke, T., Armour, J.A.L. ve Jeffreys, A.J., 1991. Cloning characterisation and evolution of Indian peafowl *Pavo christatus* minisatellite loci, In: DNA fingerprinting: Approaches and Applications (T. Burke, G. Dolf, A.J. Jeffreys ve R. Wolff, Eds.), Birkhauser Verlag, Boston, 193-216.
- Hansen, M.M., Loeschcke, V., Rasmussen, G. ve Simonssen, V., 1993. Genetic differentiation among Danish brown trout (*Salmo trutta*) populations, Hereditas, 118, 177-185.
- Hansen, M.M., Hynes, R.A., Loeschcke, V. ve Sirnonsen, V., 1995. Assessment of the stocked or wild origin of anadromous brown trout (*Salmo trutta* L.) in a Danish river system, using mitochondrial DNA RFLP analysis, Mol. Ecol., 4, 189-198.
- Hansen, M.M. ve Loeschcke, V., 1996. Genetic differentiation among Danish brown trout populations, as detected by RFLP analysis of PCR amplified mitochondrial DNA segments, Journal of Fish Biology, 48, 422-436.
- Hansen, M.M., Nielsen, E.E. ve Mensberg, K.-L.D., 1997. The problem of sampling families rather than populations: Relatedness among individuals in samples of juvenile brown trout *Salmo trutta* L., Mol. Ecol., 6, 469-474.

- Hansen, M.M. ve Mensberg, K.-L.D., 1998. Genetic differentiation and relationship between genetic and geographical distance in Danish sea trout (*Salmo trutta* L.) populations, Heredity, 81, 493-504.
- Hansen, M.M. Ruzzante, D.E. Nielsen, E.E. ve Mensberg, K.D., 2000. Microsatellite and mitochondrial DNA polymorphism reveals life-history dependent interbreeding between hatchery and wild brown trout (*Salmo trutta* L.), Molecular Ecology, 9, 583-594.
- Hansen, M.M., Ruzzante, D.E., Nielsen, E.E. ve Mensberg, K.-L.D., 2001. Brown trout (*Salmo trutta*) stocking impact assessment using microsatellite DNA markers, Ecological Applications, 11, 148-160.
- Harrison, R.G., 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology, Tree, 4, 6-11.
- Hartgers, E.M., Buijse, A.D. ve Dekker, W., 1998. Salmonids and other migratory fish in Lake IJsselmeer. Netherlands Inst. F. Fisheries Research, IJmuiden, Netherlands, 44 s.
- Hauser, L., Carvalho, G., Hughes, R. ve Carter, R., 1992. Clonal structure of the introduced freshwater snail *Potamopyrgus antipodarum* as revealed by DNA fingerprintings, Proceedings of the Royal Society of London, 249B, 19-25.
- Heggberget, T.G., Johnsen, B.O., ve Næsje, T.F., 1989. Latitudinal variation in life history characteristics of sea-run migrant brown trout *Salmo trutta*, Journal of Animal Ecology, 58, 525-542.
- Hesthagen, T., Forseth, T., Saksgard, R., Berger, H.M. ve Larsen, B.M., 2001. Recovery of young brown trout in some acidified streams in southwestern and western Norway, Water, Air, & Soil Pollution, 131,1-4, Part 3, 1355-1360.
- Hillis, D.M., Larson, A., Davis S.K. ve Zimmer, E.A., 1990. Nucleic Acids III: Sequencing, *In: Molecular Systematics* (D.M. Hillis ve C. Mortiz, Eds.), Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, USA, 318-370.
- Hindar, K., Jonsson, B., Ryman, N. ve Ståhl, G., 1991. Genetic relationships among landlocked, resident, and anadromous brown trout, *Salmo trutta* L., Heredity, 66, 83-91.
- Holopainen, I.J., Aho, J., Vornanen, M. ve Huuskonen, H., 1997. Phenotypic plasticity and predator effects on morphology and physiology of crucian carp in nature and in the laboratory. Journal of Fish Biology, 50, 781-798.
- Hynes, R.A., Duke, J. ve Joyce, P., 1989. Mitochondrial DNA as a genetic marker for brown trout, *Salmo trutta* L., populations, Journal of Fish Biology, 35, 687-701.



- Jansson, H. ve Öst, T., 1997. Hybridization between Atlantic salmon (*Salmo salar*) and brown trout (*S. trutta*) in a restored section of the River Dalälven, Sweden, Can. J. Fish. Aquat. Sci., 54, 2033-2039.
- Jeffreys, A.J., Wilson, V., ve Thein, S.L., 1985. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA, Nature, 314, 67-73.
- Jeffreys, A.J., Neumann, R. ve Wilson, V., 1990. Repeat unit sequence variation in minisatellites: a novel source of DNA polymorphism for studying variation and mutation by single molecule analysis, Cell, 60, 473-485.
- Johansen, S., Guddal, P.H. ve Johansen, T., 1990. Organisation of the mitochondrial genome of Atlantic cod, *Gadus morhua*, Nucleic Acids. Res., 18, 411-419.
- Jonsson, B., 1985. Life history patterns of resident and sea run migratory brown trout in Norway, Transactions of the American Fisheries Society, 114, 182-194.
- Karakousis, Y., Triantaphyllidis, C., ve Economidis, P.S., 1991. Morphological variability among seven populations of Brown trout, *Salmo trutta* L., in Greece, Journal of Fish Biology, 38, 807-817.
- Keeton, W.T., Gould, J.L. ve Gould, C.G., 1999. Genel Biyoloji (A. Demirsoy ve İ. Türkan, Çevirenler), Beşinci baskı, Palme Yayıncılık, Ankara, 583 s.
- Kennedy, G.J.A. ve Strange, C.D., 1986. The effects of intra- and interspecific competition on the survival and growth of stocked juvenile Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and resident brown trout, *Salmo trutta* L., in an upland stream, J. Fish. Biol., 28, 479-489.
- Kimura, M. ve Weiss, G.H., 1964. The stepping-stone model of population structure and the decrease of genetic correlation with distance, Genetics, 49, 561-576.
- Kitamura, S. ve Ikuta, K., 2001. Effects of acidification on salmonid spawning behavior, Water, Air, & Soil Pollution, 130,1-4, Part 2, 875-880.
- Klemetsen, A., Amundsen, P.-A., Dempson, J.B, Jonsson, B., Jonsson, N., O'Connell, M.F. ve Mortensen, E., 2003. Atlantic salmon *Salmo salar* L., brown trout *Salmo trutta* L. and Arctic charr *Salvelinus alpinus* (L.): a review of aspects of their life histories, Ecology of Freshwater Fish, 12, 1-59.
- Knutsen, J.A., Knutsen, H., Gjøsæter, J. ve Jonsson, B., 2001. Food of anadromous brown trout at sea, Journal of Fish Biology, 59, 533-543.
- Kocher, T.D., Thomas, W.K. ve Meyer, A., 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 6196-6200.

- Koljonen, M.L., 1989. Electrophoretically detectable genetic variation in natural and hatchery stocks of Atlantic salmon in Finland, Hereditas, 110, 23-35.
- Krieg, F. ve Guyomard, R., 1985. Population genetics of French brown trout (*Salmo trutta* L.) large geographical differentiation of wild populations and high similarity of domesticated stocks, Genetics Selection Evolution, 17, 225-242.
- Kuru, M., 2004. Türkiye İçsu Balıklarının Son Sistemik Durumu, GÜ, Gazi Eğitim Fakültesi Dergisi, 24, 3, 1-21.
- L'Abée-Lund, J.H., Jonsson, B., Jensen, A.J., Sættem, L.M., Heggberget, T.G., Johnsen, B.O. ve Næsje, T.F., 1989. Latitudinal variation in life-history characteristics of sea-run brown trout *Salmo trutta*, J. Anim. Ecol., 58, 525-542.
- Ladiges, W. ve Vogt, D., 1979. Die Süßwasserfische Europas. Bis zum Ural und Kaspischen Meer, Paul Parey Verlag, Hamburg, 299 s.
- Lagarrigue, T., Baran, P., Lascaux, J.M., Delacoste, M., Abad, N. ve Lim, P., 2001. Total length of age-3 brown trout (*Salmo trutta* L.) in French Pyrenean streams: Relationships with environmental factors and influence of hydroelectric facilities. Bulletin Francais de la Peche et de la Pisciculture, 357/360, 549-571.
- Lane, S.A., McGregor, A.J., Taylor, S.G. ve Gharrett, A.J., 1990. Genetic marking of an Alaskan pink salmon population, with an evaluation of the marking process, Am. Fish. Soc. Symp., 7, 395-407.
- Largiadér, C.R. ve Scholl, A., 1995. Effects of stocking on the genetic diversity of brown trout populations of Adriatic and Danubian drainages in Switzerland, Journal of Fish Biology, 47, Suppl. A, 209-225.
- Largiadèr, C.R. ve Scholl, A., 1996. Genetic introgression between native and introduced brown trout (*Salmo trutta* L.) populations in The Rhône River Basin, Molecular Ecology, 5, 417-426.
- Le Cren, E.D., 1985. The biology of the sea trout. Pitlochry: Atlantic Salmon Trust, 44 s.
- Lewontin, R., 1964. The interaction of selection and linkage. I. General considerations, heterotic models, Genetics, 49, 49-67.
- Lloyd, M.A., Fields, M.J. ve Thorgaard, G.H., 1989. Bkm minisatellite sequences are not sex associated but revealed DNA fingerprint polymorphism in rainbow trout, Geome, 32, 865-868.
- Lynch, M., 1991. Analysis of population genetic structure by DNA fingerprinting, In: DNA fingerprinting: Approaches and Applications (T. Burke, G. Dolf, A.J. Jeffreys ve R. Wolff, Eds.), Birkhauser Verlag, Basel, 113-126.

- Machordom, A., Garcia-Marin, J L., Sanz, N., Almodovara, A. ve Pla, C., 1999. Allozyme diversity in brown trout (*Salmo trutta*) from Central Spain: genetic consequences of restocking, Freshwater Biol., 41, 707-717.
- Mantel, M., 1967. The detection of disease clustering and a generalised regression approach, Cancer Research, 27, 209-220.
- Maric, S., Nikolic, V. ve Simonovic, P., 2004. Pilot study on the morphological identity of wild brown trout (*Salmo trutta*) stocks in the streams of the Danube river basin (Serbia), Folia Zool., 53,4, 411-416.
- Markert, C.L. ve Moller, F., 1959. Multiple forms of enzymes: tissue, ontogenetic and species specific patterns, Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 45, 753-763.
- Martinez, P., Arias, J., Castro, J. ve Sa´nchez, L., 1993. Differential stocking incidence in brown trout (*Salmo trutta*) populations from Northwestern Spain, Aquaculture, 114, 203-216.
- Matthews, M.A., Poole, W.R., Thompson, C.E., McKillen, J., Ferguson, A., Hindar, K. ve Wheelan, K.F., 2000. Incidence of hybridization between Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and brown trout, *Salmo trutta* L., in Ireland, Fisheries Management and Ecology, 7, 337-347.
- May, C.A., Wetton, J.H., Davis, P.E., Brookfield, J.F.Y. ve Parkin, D.T., 1993. Single locus profiling reveals loss of variation in inbred populations of the red kite (*Milvus milvus*), Proceedings of the Royal Society of London, 251B, 165-170.
- Mayer, L., 2001. Salmonidenhybriden.- Fischer & Teichwirt, 2, 65-67.
- McAndrew, B.J., Stephen, A.B. ve Bromage, N., 1992. Genetic variation in allozymes in Scottish brown trout, Buvisindi, 6, 125-134.
- McConnell, S.K, Hamilton, L., Morris, D., Cook, D., Paquet, D., Bentzen, P. ve Wright, J., 1995a. Isolation of salmonid microsatellite loci and their application to the population genetics of Canadian east coast stocks of Atlantic salmon, Aquaculture, 137, 19-30.
- McConnell, S.K., O'Reilly, P., Hamilton, L., Wright, J.M. ve Bentzen, P., 1995b. Polymorphic microsatellite loci from Atlantic salmon (*Salmo salar*): genetic differentiation of North American and European populations, Can. J. Fish. Aquat. Sci., 52, 1863-1872.

- McElroy, D., Moran, P., Bermingham, E. ve Kornfield, I., 1991. *REAP*. The Restriction Enzyme Analysis Package. Version 4.0. Orono, ME: Department of Zoology, Migratory Fish Research Institute and Center for Marine Studies, University of Maine.
- McVeigh, H. ve Ferguson, A., 1988. The applications of mitochondrial DNA analysis in the study of the population biology of the brown trout *Salmo trutta* L., Oolskie Archiwum hydrobiologii, 35,3-4, 287-294.
- Meyer, A., 1993. Evolution of mitochondriyal DNA in fish, In: Biochemistry and Molecular Biology of Fish, (P.W. Hochachka ve P. Mommsen, Eds.), Elsevier Press, 2, 1-38.
- Meyer, A., Kocher, T.D., Basaibwaki, P. ve Wilson, A.C., 1990. Monophyletic origin of Lake Victoria cichlid fishes suggested by mitochondrial DNA sequences, Nature, 347, 550-553.
- Moritz, C., Dowling, T.E. ve Brown, W.M., 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics, Annu. Rev. Ecol. Syst., 18, 269-292.
- Neigel, J.C. ve Avise, J.C., 1986. Phylogenetic relationships of mitochondrial DNA under various demographic models of speciation, In: Evolutionary processes and theory (E. Nevo ve S. Karlin, Eds), Academic Press, New York, 534 s.
- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations, The American Naturalist, 106, 283-292.
- Nei, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations, Proceedings of the National Academy of Sciences, 70,12, 3321-3323.
- Nei, M. ve Li, W.-H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases, Proceedings of the National Academy of Science U.S.A., 76, 5269-5273.
- Nei, M. ve Tajima, F., 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases, Genetics, 97, 145-163.
- Nei, M., 1987. Molecular Evolutionary Genetics, Columbi University press, New York 505 s.
- Nei, M. ve Miller, J.C., 1990. A simple method for estimating average number of nucleotide substitutions within and between populations from restriction data, Genetics, 125, 873-879.

- Nelson, K. ve Soule, M., 1987. Genetical conservation of exploited fishes, In: Population Genetics and Fisheries Management (N. Ryman, F. Utter, Eds.) University of Washington Press, Seattle, 345-368.
- Niecieza, A.G., 1995. Morphological variation between geographically disjunct populations of Atlantic salmon: the effects of ontogeny and habitat shift, Functional Ecology, 9, 448-456.
- Nielsen, E.E., Hansen, M.M., ve Loeschcke, V., 1996. Genetic structure of European populations of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) inferred from mitochondrial DNA, Heredity, 77, 351-358.
- Nielsen, E. E., 1997. Spatial and temporal genetic differentiation in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and brown trout (*Salmo trutta* L.), Doktora Tezi, University of Aarhus, Institute of Biological Sciences, Aarhus.
- Nielsen, E.E., Hansen, M.M. ve Loeschcke, V., 1997. Analysis of microsatellite DNA from old scale samples of Atlantic salmon *Salmo salar*: a comparison of genetic composition over 60 years, Molecular Ecology, 6, 487-492.
- Nielsen, E.E., Hansen, M.M., ve Mensberg, K.-L.D., 1998. Improved primer sequences for the mitochondrial ND1, ND3/4 and ND5/6 segments in salmonid fishes: application to RFLP analysis of Atlantic salmon, Journal of Fish Biology 53, 216-220.
- Okumuş, İ. ve Çiftci, Y., 2003. Fish Population Genetics and Molecular Markers: II- Molecular Markers and Their Applications in Fisheries and Aquaculture, Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 3,1, 51-79.
- O'Reilly, P.T., Hamilton, L.C., McConnell, S.K. ve Wright, J.M., 1996. Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites, Can. J. Fish. Aquat. Sci., 53, 2292-2298.
- Osinov, A.G. ve Bernatchez, L., 1996. 'Atlantic' and 'Danubian' phylogenetic groupings of brown trout *Salmo trutta* complex: genetic divergence, evolution, and conservation, Journal of Ichthyology, 36, 723-746.
- Pakkasmaa, S., Ranta, E. ve Piironen, J. 1998. A morphometric study (*Salmo trutta*) populations. Biological Journal of the Linnean Society, 72: 231-239 on Four land-locked salmonids species, Ann. Zool. Fennici, 35,131-140.
- Pakkasmaa, S. ve Piironen, J., 2001. Morphological differentiation among local trout (*Salmo trutta*) populations, Biological Journal of the Linnean Society, 72, 231-239.

- Park, L.K. ve Moran, P., 1994. Developments in molecular genetic techniques in fisheries, Rev. Fish. Biol. Fish., 4, 272-299.
- Peakall, R. ve Smouse, P.E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, Molecular Ecology Notes, 6, 288-295.
- Pezzack, D.S. ve Duggan, D.R., 1986. Evidence of migration and homing of lobsters (*Homarus americanus*) on the Scotian shelf, Can. J. Fish. Aquat. Sci., 43, 2206-2211.
- Plan, E., 1999. Genetic differentiation in Turkish brown trout (*Salmo trutta* L.) as revealed by protein polymorphism, Yüksek Lisans Tezi, O.D.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Poteaux, C., Beaudou, D. ve Berrebi, P., 1998a. Temporal variations of genetic introgression in stocked brown trout populations, Journal of Fish Biology, 53, 701-713.
- Poteaux, C., Bonhomme, F. ve Berrebi, P., 1998b. Differences between nuclear and mitochondrial introgressions of brown trout populations from a restocked main river and its unstocked tributary, Biological Journal of the Linnean Society, 63, 379-392.
- Poteaux, C. Berrebi, P. ve Bonhomme, F., 2001 Allozymes, mtDNA and microsatellites study introgression in a stocked trout population in France, Reviews in Fish Biology and Fisheries, 10, 281-292.
- Potter, E.C.E., 1987. Movements of sea trout (*Salmo trutta* L.) in the central and Southern North sea, In: The sea trout in Scotland (M.J. Picken ve W.M. Shearer, Eds.), Dunstaffnage Marine Research Laboratory, Scottish Marine Biological Association and Department of Agriculture and Fisheries for Scotland, 47-52.
- Pratten, D.J. ve Shearer, W.M., 1983. The migration of North Esk sea trout, Fisheries Management, 14, 99-113.
- Prodöhl, P.A., 1993. Multilocus and Single Locus Minisatellite DNA Polymorphism in Brown Trout (*Salmo trutta* L.) Populations. Doktora Tezi, The Queen's University of Belfast, Belfast.
- Queller, D.C., Strassmann, J.E. ve Hughes, C.R., 1993. Microsatellites and kinship, Trends in Ecology & Evolution, 8,8, 285-288.
- Rasmussen, G., 1986. The population dynamics of brown trout (*Salmo trutta* L.) in relation to year-class size, Polskie Archiwum Hydrobiologii, 33, 489-508.

- Riddell, B.E. ve Leggett, W.C., 1981. Evidence of an adaptive basis for geographic variation in body morphology and time of downstream migration of juvenile Atlantic salmon (*Salmo salar*), Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 38, 308-320.
- Riffel, M., Storch, V. ve Schreiber, A., 1995. Allozyme variability of brown trout (*Salmo trutta* L.) across the Rhenano-Danubian watershed in southwest Germany, Heredity, 74, 241-249.
- Roe, B.A., Ma, D.P., Wilson, R.K. ve Wong, J.F., 1985. The complete nucleotide sequence of the *Xenopus laevis* mitochondrial genome, J. Biol. Chem., 260, 9759-9774.
- Rolf, D.A. ve Bentzen, P., 1989. The statistical analysis of mitochondrial DNA polymorphisms:  $\chi^2$  and the problem of small samples, Molecular Biology and Evolution, 6, 539-545.
- Rohlf, F.J., 1970. Adaptive hierarchical clustering schemes, Systematic Zoology, 18, 58-82.
- Ruiz-Campos, G., Camarena-Rosales, F., Varela-Romero, A., S´anchez-Gonz´ales, S., ve De La Rosa-V´elez, J., 2003. Morphometric variation of wild trout populations from northwestern Mexico (Pisces: Salmonidae), Reviews in Fish Biology and Fisheries, 13, 91–110.
- Ryman, N., Allendorf, F.W. ve Stahl, G., 1979. Reproductive isolation with little genetic divergence in sympatric populations of brown trout (*Salmo trutta*), Genetics, 92, 247-262.
- Ryman, N., 1983. Patterns of distribution of biochemical genetic variation in salmonids: differences between species, Aquaculture, 33, 1-21.
- Saltveit, S.J., Halleraker, J.H., Arnekleiv, J.V. ve Harby, A., 2001. Field experiments on stranding in juvenile Atlantic salmon (*Salmo salar*) and brown trout (*Salmo trutta*) during rapid flow decreases caused by hydropeaking, Regulated Rivers-Research & Management, 17,4-5, 609-622.
- Schneider, S., Roessli, D. ve Excoffier, L., 2000. ARLEQUIN, Version 2.0: A Software for population genetic data analysis, Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
- Schulz, U., 1997. Die Nahrung der Bodensee-Forellen (*Salmo trutta f. lacustris*). Österreichs Fischerei, 50, 14-19.
- Scribner, K.T., Gust, J.R. ve Fields, R.L., 1996. Isolation and characterization of novel salmon microsatellite loci: cross-species amplification and population genetic applications, Can. J. Fish. Aquat. Sci., 53, 833-841.

- Sedgwick, S.D., 1995. Trout farming handbook, Sixth edition, Oxford, U.K., 164 s.
- Shearer, W.M., 1987. North Esk sea trout, In: The Sea trout in Scotland (M.J. Picken and W.M. Shearer, Eds.), Dunstaffnage marine Research Laboratory, Scottish Marine Biological Association and Department of Agriculture and Fisheries for Scotland, 35-46.
- Skaala, O., 1992. Genetic population structure of Norwegian brown trout, Journal of Fish Biology, 41, 631-646.
- Snoj, A., Melkic, E., Susnik, S., Muhamedagic, S. ve Dovc, P., 2002. DNA phylogeny supports revised classification of *Salmothymus obtusirostris*, Biological Journal of the Linnean Society, 77, 399-411.
- Solomon, D., 2000. The biology and status of the Black Sea salmon *Salmo trutta labrax*, EU Tacis Black Sea Enviromental Prog. Black Sea Salmon Project Draft, 26 s.
- Stabell, O.B., 1984. Homing and olfaction in salmonids: a critical review with special reference to the Atlantic salmon, Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society, 59, 333-388.
- Stahl, G., 1981. Genetic differentiation among natural populations of Atlantic salmon (*Salmo salar*) in northern Sweden, (N. Ryman, ed.), Ecological Bulletin , 34, 95-105.
- StatSoft, Inc., 2004. STATISTICA (data analysis software system), version 7, [www.statsoft.com](http://www.statsoft.com).
- Stearns, S.C., 1983. The evolution of life-history traits in mosquitofish since their introduction to Hawaii in 1905: Rates of evolution, heritabilities, and developmental plasticity, Am. Zool., 23, 65-75.
- Strauss, R.E., 1987. The importance of phylogenetic constraints in comparisons of morphological structure among fish assemblages, In: Community and Evolutionary Ecology of North American Stream Fishes (W.J. Matthews ve D.C. Heins, Eds.), University of Oklahoma Press, Norman, Oklahoma, 136-143.
- Strauss, R.E., 1993. Phylogenetics, In: Advances in computer methods for systematic biology: Artificial Intelligence, Databases, Computer Vision (R. Fortuner, Ed.), Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland, 55-68.
- Susnik, S., Schöffmann, J. ve Snoj, A., 2004. Phylogenetic position of *Salmo (Platysalmo) platycephalus* Behnke, 1968 from south-central Turkey, evidenced by genetic data, Journal Fish Biology, 64, 947-960.



- Susnik, S., Knizhiny, I., Snojz, A. ve Weiss, S., 2005. Genetic and morphological characterization of a Lake Ohrid endemic, *Salmo (Acantholingua) ohridanus* with a comparison to sympatric *Salmo trutta*, Journal of Fish Biology, 67, 1-22.
- Svardson, G. ve Fagerstroem, A., 1982. Adaptive difference in the long-distance migration of some trout (*Salmo trutta* L.) stocks, Report of the Institute of Freshwater Research, Drottningholm, 60, 51-80.
- Swofford, D.L. ve Olsen G.J., 1990. Phylogeny reconstruction, In: Molecular Systematics (D. M. Hillis ve C. Moritz, Eds), Sinauer Associates Inc., Sunderland, 411-501.
- Swofford, D.L., Olsen, G.K., Waddell, P.J. ve Hillis D.M., 1996. Phylogeny reconstruction. in Molecular systematics (D.M. Hillis, C. Moritz, ve B.K. Mable, Eds.), second edition. Sinauer, Sunderland, Mass, 407-514.
- Swofford, D.L., 2000 . PAUP\*, b-Version 4.0, Sunderland, MA: Sinauer.
- Tabak, İ., Aksungur, M., Zengin, M., Yılmaz, C., Aksungur, N., Alkan, A., Zengin, B. ve Mısır, D. S., 2001. Karadeniz alabalığı (*salmo trutta labrax* PALLAS 1811)'nın biyoekolojik özelliklerinin tespiti ve kültüre alınabilirliğinin araştırılması projesi, Sonuç raporu No: TAGEM/HAYSUD/98/12/01/007 Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, Trabzon, 178 s.
- Taggart, J.B. ve Ferguson, A., 1986. Electrophoretic evaluation of a supplemental stocking programme for brown trout, *Salmo trutta* L., Aquaculture and Fisheries Management, 17, 155-162.
- Taggart, J.B. ve Ferguson, A., 1990. Hypervariable minisatellite DNA single locus probes for the Atlantic salmon, *Salmo salar* L., J. Fish Biol., 37, 991-993.
- Takahata, N. ve Palumbi, S.R., 1985. Extranuclear differentiation and gene flow in the finite island model, Genetics, 109, 441-457.
- Taylor, E.B. ve McPhail, J.D., 1985. Variation in burst and prolonged swimming performance among British Columbia populations of coho salmon, *Oncorhynchus mykiss*, Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 42, 2029-2033.
- Taylor, E.B., 1991. A review of local adaptation in Salmonidae, with particular reference to Pacific and Atlantic salmon, Aquaculture, 98, 185-207.
- Teufel, J., Pätzold, F. ve Potthof C., 2002. Scientific research on transgenic fish with special focus on the biology of trout and salmon, Research Report 360 05 023, Federal Environmental Agency (Umweltbundesamt), Berlin, 175 s. <http://www.umweltdaten.de/publikationen/fpdf-l/2234.pdf>.

- Thompson, J.D., Higgins, D.G. ve Gibson, T.J., 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice, Nucleic Acids Research, 22, 4637-4680.
- Togan, I., Fidan, A.Z., Yalin, E., Ergüven, A. ve Emre, Y., 1995. Genetic structure of two Turkish brown trout populations, Journal of Fish Biology, 47, Suppl. A, 164-169.
- Togan, İ., Ergüven, A., Emre, Y., Gezgin, F., Plan, E. ve Koban, E., 1999. Abant Göl'ünde ve Batı Akdeniz'de bulunan doğal alabalık (*Salmo trutta* L.) toplumlarının genetik yapılarının korunması, Proje No: VHAG-1396, TÜBİTAK, Ankara, 31 s.
- Turan, C., 1999. A note on the examination of morphometric differentiation among fish populations: The Truss System, Tr. J. Of Zoology, 23, 259-263.
- Verspoor, E., Fraser, N.H.C. ve Youngson, A.F., 1991. Protein polymorphism within a Scottish river: evidence for selection and estimates of gene flow between tributaries, Aquaculture, 98, 217-230.
- Walker, A.F., 1994. Sea trout salmon stocks in the western Highlands. In: Problems with sea trout and salmon in the western Highlands, Atlantic Salmon Trust, Inverness, 6-18.
- Weir, B.S. ve Cockerham, C.C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution, 38, 6, 1358-1370.
- Weiss, S., Antunes, A., Schlötterer, C. ve Alexandrino, P., 2000. Mitochondrial haplotype diversity among Portuguese brown trout *Salmo trutta* L. populations: relevance to the post-Pleistocene decolonisation of northern Europe, Molecular Ecology, 9, 691-698.
- Wilhelm, V., Villages, J., Miquel, Á., Engel, E., Bernales, S., Valenzuela, P.D.T. ve Burzio, L.O., 2003. The complete sequence of the mitochondrial genome of the Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*, Biol. Res., 36, 223-231.
- Włodarczyk, E. ve Wenne, R., 2001. Mitochondrial DNA variation in sea trout from coastal rivers in the southern Baltic region, ICES Journal of Marine Science, 58, 230-237.
- Wong, Z., Wilson, V., Patel, I., Povey, S. ve Jeffreys, A.J., 1987. Characterization of a panel of highly variable minisatellites cloned from human DNA, Annals of Human Genetics, 51, 269-288.
- Wright, S., 1931. Evolution in Mendelian populations, Genetics, 16, 97-159.
- Wright, S., 1951. The genetical structure of populations, Annals of Eugenics, 15, 323-354.

- Yalın, E., 1996. Morphological and genetic variability among four populations of brown trout (*Salmo trutta* L.) in Turkey, Yüksek Lisans Tezi, O.D.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Youngson, A.F., Buck, R.J.G., Simpson, T.H. ve Hay, D.W., 1983. The autumn and spring emigrations of juvenile Atlantic salmon, *Salmo salar* L., from the Girnock Burn, Aberdeenshire, Scotland: environmental release of migration, Journal of Fish Biology, 23, 625-639.
- Youngson, A.F., Webb, J.H., Thompson, C.E. ve Knox, D., 1993. Spawning of escaped farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*): hybridization of females with brown trout (*Salmo trutta*), Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 50, 1986-1990.

## **8. EKLER**

Ek 1. Çalışmada örnekleme alanlarının coğrafik konumları ve çevresel parametreler

Konum	Drenaj	Dere adı	Ekotip	No	Koordinatlar		Rakım (Ft)		Zaman	Tarih	Sıcaklık (°C)	pH	Kondk. mS/cm	O <sub>2</sub> (mg/l)
					Enlem	Boylam	Başlama	Bitiş						
Maçka	Değirmen dere	Altın dere	<i>S. trutta macrostigma</i>	31	N 40°39.873	E 39°40.252	5029	7252	12:00	23.09.2005	14,2	8,10	0,090	10,3
Çanakkale	Gönen çayı	Kilise dere	<i>S. trutta macrostigma</i>	44	N 39°45.634	E 39°45.528	1408	1736	13:00	04.09.2004	13,9	8,29	0,216	10,52
Bolu	-	Abant gölü	<i>S. trutta abanticus</i>	30	N 40°36.075	E 31°16.915	4371	4371	19:00	9-13.09.2004	16,8	8,23	0,221	6,04
K. Maraş	Ceyhan nehri	Fırnız çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	50	N 37°45.457	E 36°39.445	2429	2463	17:48	29.09.2004	13,8	7,94	0,281	11,64
Nurhak	Fırat nehri	Göksu çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	50	N 37°52.790	E 37°18.764	4091	4121	16:00	30.09.2004	14,8	8,22	0,337	12,49
Elbistan	Ceyhan nehri	Söğütlü çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	50	N 38°06.559	E 37°38.830	4831	-	11:10	01.10.2004	11,9	8,17	0,181	11,71
Tanır	Ceyhan nehri	Hurman çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	50	N 38°28.723	E 36°50.237	4256	4283	17:10	01.10.2004	14,6	8,24	0,284	10,96
Fethiye	Eşen çayı	Eşen çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	4	N 36°46.307	E 29°24.314	825	-	12:35	05.10.2004	14,7	7,64	0,309	11,85
Gödene	Alakır çayı	Alakır çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	48	N 36°35.458	E 30°18.929	1147	1190	12:00	06.10.2004	13,8	8,12	0,208	10,08
Alanya	Alara çayı	Alara çayı	<i>S. trutta macrostigma</i>	2	N 36°45.669	E 32°08.801	1395	-		07.10.2004				
Arhavi	Kapisre deresi	Kapisre d.	<i>S. trutta fario</i>	56	N 41°20.958	E 41°17.850	0	50	08:50	05.07.2004	16,2	7,26	0,067	9,25
			<i>S. trutta labrax</i>	2										
Fındıklı	Çağlayan d.	Çağlayan d.	<i>S. trutta fario</i>	61	N 41°16.744	E 41°08.948	0	560	12:35	28.06.2004	16,6	7,44	0,033	10,51
			<i>S. trutta labrax</i>	47										
İyidere	İyidere	iyidere	<i>S. trutta fario</i>	40	N 40°53.889	E 40°25.652	428	1435	15:35	09.07.2004	12,8	7,70	0,052	9,68
			<i>S. trutta labrax</i>	9										
Ardeşen	Fırtına deresi	Fırtına deresi	<i>S. trutta fario</i>	71	N 41°11.277	E 40°57.817	2	1310	13:00	02.07.2004	13,6	7,19	0,042	11,74
			<i>S. trutta labrax</i>	32										
Of	Solaklı deresi	Solaklı deresi	<i>S. trutta fario</i>	25	N 40°55.915	E 40°16.595	53	682	10:20	24.06.2004	15,0	8,06	0,080	14,52
			<i>S. trutta labrax</i>	3										
Uzungöl	Solaklı deresi	Haldüzen d.	<i>S. trutta macrostigma</i>	26	N 40°36.089	E 40°19.027	3724	-	13:45	24.06.2004	12,5	8,43	0,037	13,25
Ardahan	Kura nehri	Alabalık d.	<i>S. trutta caspius</i>	43	N 41°01.707	E 42°24.655	6086	7033	16:30	20.07.2004	16,1	8,32	0,067	6,22
Ardahan	Kura nehri	Toro deresi	<i>S. trutta caspius</i>	54	N 41°06.412	E 42°27.147	6450	6771	10:00	21.07.2004	12,9	8,00	0,081	7,98
Sarıkamuş	Aras nehri	Keklik çayı	<i>S. trutta caspius</i>	48	N 40°15.419	E 42°40.150	5865	6357	08:05	23.07.2004	14,1	8,04	0,154	6,78
Kağızman	Aras nehri	Ortaköy deresi	<i>S. trutta caspius</i>	14	N 40°16.356	E 42°52.708	6191	-	10:35	24.07.2004	16,4	7,99	0,136	6,46
Yusufeli	Çoruh nehri	Barhal deresi	<i>S. trutta macrostigma</i>	54	N 40°58.663	E 41°25.466	3425	5976	10:00	27.07.2004	14,0	8,35	0,081	10,3
Yusufeli	Çoruh nehri	Tekkale deresi	<i>S. trutta macrostigma</i>	34	N 40°46.799	E 41°30.591	2151	5075	09:25	28.07.2004	16,0	8,18	0,078	8,99
Pınarbaşı	Seyhan nehri	Şerefiye deresi	<i>S. platycephalus</i>	43	N 38°57.153	E 36°40.321	5333	-	16:00	16.09.2005	14,6	7,86	0,319	10,2
Pınarbaşı	Seyhan nehri	Karagöz deresi	<i>S. platycephalus</i>	45	N 38°43.072	E 36°31.922	5290	-	16:50	15.09.2005	16,0	7,74	0,567	7,35
Almus	Yeşilirmak	Almus baraj g.	<i>S. trutta abanticus</i>	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Ek 2. Kahverengi alabalık populasyon çiftleri arasındaki Mitokondriyal DNA varyasyonu için haploit  $\Phi_{ST}$  (Excoffier vd, 1992) istatistik değerleri.

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Solaklı (dere)	1	0,000														
Solaklı (haldizen)	2	0,229	0,000													
Solaklı (deniz)	3	-0,064	0,106	0,000												
Değir. dr. (Altındere)	4	0,731	0,732	0,913	0,000											
İyidere (dere)	5	0,047	0,110	-0,011	0,733	0,000										
İyidere (deniz)	6	0,185	0,035	0,111	0,902	0,001	0,000									
Fırtına (dere)	7	0,222	0,099	0,220	0,831	0,039	-0,051	0,000								
Fırtına (deniz)	8	0,151	0,109	0,139	0,804	-0,001	-0,031	-0,018	0,000							
Çağlayan (dere)	9	0,209	0,064	0,142	0,777	0,048	-0,041	-0,003	0,012	0,000						
Çağlayan (deniz)	10	0,194	0,083	0,163	0,805	0,025	-0,053	-0,028	-0,021	-0,007	0,000					
Kapisre (dere)	11	0,100	0,124	-0,156	0,597	0,087	0,103	0,181	0,154	0,139	0,156	0,000				
Kapisre (deniz)	12	0,501	0,509	0,368	1,000	0,511	0,615	0,693	0,655	0,603	0,649	0,296	0,000			
Çoruh (barhal)	13	0,180	0,060	0,059	0,702	0,065	0,005	0,059	0,063	0,001	0,042	0,095	0,492	0,000		
Çoruh (Tekkale)	14	0,297	0,200	0,189	0,726	0,231	0,207	0,272	0,266	0,224	0,249	0,189	0,528	0,168	0,000	
Kura (Alabalık)	15	0,461	0,466	0,384	0,755	0,485	0,530	0,580	0,559	0,525	0,554	0,345	0,568	0,453	0,477	0,000

Ek 2'nin devamı

Populasyonlar		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
Kura (Toro)	16	0,457 0,000	0,462	0,378	0,752	0,481	0,525	0,577	0,556	0,522	0,551	0,341	0,563	0,450	0,474	0,194
Aras (Keklik)	17	0,727 0,740	0,728 0,000	0,910	1,000	0,730	0,900	0,829	0,801	0,774	0,802	0,593	1,000	0,699	0,722	0,752
Aras (Ortaköy)	18	0,465 0,508	0,471 0,777	0,389 0,000	0,855	0,494	0,558	0,614	0,586	0,544	0,580	0,333	0,609	0,457	0,485	0,517
Ceyhan (Fırız)	19	0,727 0,748	0,728 1,000	0,910 0,852	1,000 0,000	0,730	0,900	0,829	0,801	0,774	0,802	0,593	1,000	0,699	0,722	0,752
Ceyhan (Hurman)	20	0,727 0,748	0,728 1,000	0,910 0,852	1,000 0,000	0,730 0,000	0,900	0,829	0,801	0,774	0,802	0,593	1,000	0,699	0,722	0,752
Ceyhan (Söğütlü)	21	0,691 0,715	0,692 0,967	0,828 0,803	0,967 0,000	0,697 0,000	0,844 0,000	0,795	0,769	0,740	0,769	0,560	0,937	0,666	0,690	0,718
Fırat (Göksu)	22	0,727 0,748	0,728 1,000	0,910 0,852	1,000 1,000	0,730 1,000	0,900 0,967	0,829 0,000	0,801	0,774	0,802	0,593	1,000	0,699	0,722	0,752
Alakır	23	0,719 0,741	0,721 1,000	0,905 0,846	1,000 1,000	0,723 1,000	0,895 0,966	0,824 1,000	0,796 0,000	0,767	0,797	0,584	1,000	0,691	0,715	0,745
Alara	24	0,501 0,563	0,509 1,000	0,368 0,609	1,000 1,000	0,539 1,000	0,655 0,937	0,693 1,000	0,655 1,000	0,603 0,000	0,649	0,335	1,000	0,492	0,528	0,568
Eşen	25	0,552 0,603	0,558 1,000	0,579 0,663	1,000 1,000	0,581 1,000	0,715 0,941	0,718 1,000	0,684 1,000	0,638 0,000	0,679 0,000	0,405	1,000	0,540	0,571	0,607
Gönen (Kilisedr.)	26	0,537 0,748	0,270 1,000	0,833 0,852	1,000 1,000	0,307 1,000	0,253 0,967	0,144 1,000	0,219 1,000	0,151 1,000	0,153 1,000	0,390 0,000	1,000	0,227	0,464	0,752
Abant	27	0,727 0,748	0,728 1,000	0,910 0,852	1,000 1,000	0,730 1,000	0,900 0,967	0,829 1,000	0,801 1,000	0,774 1,000	0,802 1,000	0,593 1,000	1,000 0,000	0,699	0,722	0,752
Almus	28	0,600 0,641	0,604 1,000	0,735 0,722	1,000 1,000	0,621 1,000	0,780 0,947	0,747 1,000	0,714 1,000	0,673 1,000	0,711 1,000	0,458 1,000	1,000 0,000	0,582 0,000	0,611	0,645
Seyhan (Karagöz)	29	0,571 0,605	0,575 0,856	0,583 0,650	0,858 0,828	0,588 0,828	0,674 0,789	0,685 0,856	0,662 0,852	0,630 0,739	0,659 0,760	0,449 0,856	0,739 0,856	0,557 0,785	0,581 0,000	0,608
Seyhan (Şerefiye)	30	0,727 0,748	0,728 1,000	0,910 0,852	1,000 1,000	0,730 1,000	0,900 0,967	0,829 1,000	0,801 1,000	0,774 1,000	0,802 1,000	0,593 1,000	1,000 1,000	0,699 1,000	0,722 0,138	0,752 0,000

Ek 3. Populasyonlara ait standartlaştırılmış ortalama morfometrik karakterler, örnek miktarı (N), standart boy (SB, mm), maksimum ve minimum değerler ve varyasyon katsayıları (VK, %)

Ölçüm	<i>S.t.fario</i>						<i>S.t.labrax</i>						<i>S.t.abanticus</i>			<i>S.platycephalus</i>		
	Solaklı	Kapisre	İyidere	Fırtına	Çağlayan	VK	Solaklı	Kapisre	İyidere	Fırtına	Çağlayan	VK	Abant g.	Ataköy b	VK	Karagöz	Şerefiye	VK
1-2	23,12	22,07	19,09	22,64	20,39	<b>15,71</b>	16,62	18,40	14,54	18,00	18,47	<b>15,06</b>	17,97	12,75	<b>16,33</b>	14,73	16,32	<b>15,04</b>
1-3	29,35	26,38	25,73	26,99	26,62	<b>9,74</b>	26,60	24,91	22,25	24,86	25,06	<b>11,13</b>	19,86	20,12	<b>8,76</b>	21,44	24,54	<b>12,63</b>
2-3	25,92	21,77	22,32	25,24	23,98	<b>12,65</b>	21,93	20,48	17,54	20,54	20,61	<b>13,75</b>	17,45	21,70	<b>11,76</b>	16,41	19,39	<b>14,49</b>
2-4	29,46	21,52	22,89	22,72	21,38	<b>16,25</b>	19,93	18,20	19,12	18,45	17,95	<b>14,44</b>	15,45	15,36	<b>10,68</b>	17,09	18,59	<b>11,77</b>
2-5	66,35	62,27	62,36	62,79	63,24	<b>6,03</b>	58,15	56,49	59,68	58,11	58,98	<b>7,33</b>	52,08	54,16	<b>4,81</b>	59,35	62,59	<b>5,62</b>
3-4	32,24	27,86	29,13	29,42	28,65	<b>11,11</b>	25,39	25,16	24,31	25,21	25,12	<b>11,58</b>	23,02	21,55	<b>8,39</b>	24,46	27,51	<b>9,95</b>
3-5	51,67	54,39	49,04	51,37	50,49	<b>9,09</b>	48,62	44,68	48,10	47,25	47,45	<b>9,09</b>	40,12	40,13	<b>6,62</b>	46,14	48,59	<b>6,92</b>
4-5	48,32	51,44	48,56	49,54	48,67	<b>7,97</b>	46,12	42,74	43,19	44,69	45,37	<b>9,81</b>	38,19	39,01	<b>6,36</b>	44,59	49,26	<b>7,71</b>
4-6	53,02	54,01	52,60	54,50	51,95	<b>7,43</b>	48,91	48,47	49,71	49,77	50,14	<b>8,60</b>	47,10	42,58	<b>7,63</b>	46,96	48,20	<b>7,65</b>
4-7	64,72	67,30	62,98	66,60	64,35	<b>5,92</b>	61,32	59,08	60,67	61,85	62,64	<b>7,46</b>	54,60	52,94	<b>5,04</b>	62,19	65,66	<b>5,46</b>
5-6	19,09	18,08	20,13	18,20	20,31	<b>17,28</b>	22,41	20,38	26,42	22,07	23,32	<b>31,60</b>	33,13	32,67	<b>16,42</b>	31,65	25,46	<b>20,01</b>
5-7	25,25	24,07	23,01	25,79	22,70	<b>13,14</b>	20,55	22,35	19,97	21,94	22,09	<b>15,23</b>	15,39	15,78	<b>9,57</b>	19,02	19,22	<b>12,77</b>
6-7	33,84	36,30	34,39	37,73	33,43	<b>11,28</b>	31,91	26,79	29,67	31,39	31,01	<b>12,58</b>	24,82	37,71	<b>20,68</b>	31,86	32,50	<b>8,97</b>
6-8	37,10	37,76	36,51	37,81	34,77	<b>11,35</b>	33,02	32,83	37,49	33,64	33,13	<b>11,86</b>	24,39	40,49	<b>24,37</b>	30,67	30,11	<b>9,46</b>
6-9	31,13	31,09	36,37	30,44	35,65	<b>13,18</b>	37,77	33,96	32,63	37,96	39,97	<b>15,10</b>	63,76	58,65	<b>5,83</b>	55,39	42,10	<b>6,13</b>
7-8	41,03	42,48	41,41	42,73	39,19	<b>10,01</b>	37,08	36,74	25,40	37,42	37,21	<b>14,31</b>	30,42	42,49	<b>16,09</b>	33,92	32,66	<b>8,76</b>
7-9	43,32	45,66	42,13	42,90	39,84	<b>10,91</b>	41,23	40,92	12,94	40,78	40,52	<b>24,60</b>	30,89	32,08	<b>9,09</b>	29,72	28,42	<b>10,73</b>
8-9	31,02	32,44	29,50	31,68	29,48	<b>11,44</b>	25,73	25,87	26,50	27,36	27,10	<b>12,03</b>	22,83	28,03	<b>11,49</b>	24,74	23,83	<b>10,70</b>
8-10	17,70	19,81	16,18	18,53	17,03	<b>17,18</b>	16,13	14,47	16,40	15,23	14,88	<b>13,65</b>	10,28	12,77	<b>14,80</b>	11,43	13,73	<b>18,96</b>
8-11	32,46	33,64	30,29	33,49	30,68	<b>11,48</b>	26,47	26,72	4,28	28,55	28,01	<b>30,43</b>	23,59	28,28	<b>10,47</b>	25,10	26,04	<b>10,04</b>
9-10	21,31	23,86	20,55	24,79	20,84	<b>16,45</b>	17,97	17,03	16,36	18,78	18,64	<b>14,54</b>	14,67	19,54	<b>15,22</b>	18,99	19,00	<b>11,41</b>
9-11	8,24	11,17	6,30	16,07	6,51	<b>64,77</b>	3,66	4,89	24,98	5,04	4,91	<b>90,59</b>	1,52	4,22	<b>57,20</b>	4,56	5,99	<b>32,59</b>
10-11	20,96	22,37	19,40	23,38	19,18	<b>17,10</b>	16,52	17,69	21,26	18,22	18,00	<b>15,40</b>	14,08	19,87	<b>17,46</b>	16,26	15,51	<b>13,63</b>
10-12	26,82	35,10	28,03	33,02	28,60	<b>16,47</b>	27,90	31,32	25,49	28,97	29,02	<b>12,15</b>	19,68	17,72	<b>9,78</b>	22,72	22,96	<b>10,36</b>
11-12	23,63	31,13	24,13	30,74	24,59	<b>18,91</b>	25,35	26,19	21,05	25,67	25,50	<b>14,21</b>	16,65	17,98	<b>9,84</b>	19,87	20,50	<b>11,76</b>
Ssapma	14,40	14,62	14,44	13,76	14,42	<b>14,13</b>	14,11	13,32	14,36	13,89	14,15	<b>13,78</b>	15,09	14,46	<b>14,67</b>	15,31	15,15	<b>15,08</b>
VK	<b>43,00</b>	<b>42,81</b>	<b>44,96</b>	<b>40,04</b>	<b>44,92</b>	<b>42,51</b>	<b>46,59</b>	<b>45,20</b>	<b>51,30</b>	<b>45,59</b>	<b>46,22</b>	<b>46,29</b>	<b>56,14</b>	<b>49,62</b>	<b>52,38</b>	<b>52,49</b>	<b>51,27</b>	<b>51,35</b>
Ort	33,48	34,16	32,12	34,36	32,10	<b>33,25</b>	30,29	29,47	28,00	30,47	30,60	<b>29,77</b>	26,88	29,14	<b>28,01</b>	29,17	29,55	<b>29,36</b>
SB (mm)	153,02	148,41	167,50	149,97	169,08	<b>157,76</b>	184,96	174,24	211,41	181,05	189,37	<b>188,17</b>	284,52	251,25	<b>278,23</b>	250,65	203,16	<b>227,44</b>
Min	120	113,28	108,48	111,36	135,168	<b>108,48</b>	171,84	168	177,6	143,04	127,68	<b>127,68</b>	219,84	231,36	<b>219,84</b>	167,04	140,16	<b>140,16</b>
Mak	198,72	205,44	268,8	230,496	243,84	<b>268,8</b>	199,68	180,48	320,64	251,52	594,24	<b>594,24</b>	465,60	283,20	<b>465,60</b>	322,56	237,12	<b>322,56</b>
N	23	56	50	70	61	<b>260</b>	3	2	9	32	47	<b>93</b>	30	7	<b>37</b>	45	43	88



Ek 3'ün devamı

Ölçüm	<i>S.t.caspius</i>					<i>S.t.macrostigma</i>												TOTAL	VK	
	Alabalık	Ortaköy	Keklik	Toro	VK	Alakır	Altındr	Barhal	Eşen	Alara	Fırnız	Göksu	Hurman	Kilisedr	Solaklı	Söğütlü	Tekkale			VK
1-2	22,11	23,27	18,49	19,16	<b>20,85</b>	18,22	21,82	17,07	12,31	13,70	21,85	18,60	21,10	29,16	22,82	23,15	22,87	<b>26,47</b>	20,20	<b>23,70</b>
1-3	27,26	26,87	25,59	25,55	<b>11,07</b>	25,29	27,13	24,37	19,96	23,00	27,74	25,38	28,89	33,38	28,16	29,79	27,31	<b>16,28</b>	26,27	<b>15,10</b>
2-3	24,20	26,10	21,61	21,64	<b>13,48</b>	22,43	22,32	21,40	20,49	20,58	23,43	22,05	24,54	31,41	25,82	25,97	24,23	<b>19,84</b>	22,79	<b>18,88</b>
2-4	21,44	23,84	19,95	19,25	<b>14,20</b>	17,99	17,84	18,48	23,89	20,05	17,93	18,60	22,04	27,36	27,08	22,37	20,02	<b>22,86</b>	20,56	<b>20,59</b>
2-5	63,95	64,85	63,26	62,70	<b>6,21</b>	61,97	61,62	62,07	56,62	58,53	61,33	59,37	65,30	66,53	65,74	65,40	63,12	<b>7,99</b>	62,18	<b>7,88</b>
3-4	30,46	33,47	27,15	27,41	<b>13,59</b>	27,33	29,06	25,69	22,93	26,56	28,93	27,18	29,66	34,00	31,84	30,44	29,56	<b>15,26</b>	28,20	<b>14,61</b>
3-5	51,20	53,32	51,69	51,30	<b>8,48</b>	47,08	49,39	49,17	37,48	39,88	48,41	47,45	49,32	54,50	50,95	50,09	51,31	<b>11,38</b>	49,55	<b>10,86</b>
4-5	49,60	49,65	48,42	48,83	<b>8,05</b>	49,89	50,87	46,86	34,49	46,19	52,01	50,06	51,03	53,11	50,18	51,54	48,94	<b>10,10</b>	48,73	<b>10,44</b>
4-6	52,34	50,59	52,01	52,05	<b>8,08</b>	48,23	54,56	50,29	32,73	48,75	51,66	50,11	50,29	58,95	54,55	52,57	51,08	<b>12,11</b>	51,46	<b>10,41</b>
4-7	65,73	65,34	64,74	64,94	<b>6,22</b>	64,25	66,85	64,16	53,76	61,55	67,80	65,14	66,10	68,11	67,04	68,00	66,65	<b>7,65</b>	64,86	<b>7,69</b>
5-6	20,74	18,19	21,16	21,87	<b>20,41</b>	24,45	21,54	25,76	34,82	26,30	22,12	22,66	22,34	16,22	17,61	19,18	22,21	<b>26,84</b>	22,11	<b>27,74</b>
5-7	23,21	24,79	21,28	21,44	<b>15,17</b>	21,99	22,53	21,29	19,80	18,47	24,21	22,23	23,44	29,67	24,91	24,63	25,05	<b>19,67</b>	22,78	<b>18,85</b>
6-7	33,25	36,69	31,60	32,19	<b>12,27</b>	37,38	35,72	30,24	30,32	36,61	38,54	37,50	37,21	39,95	36,18	37,72	34,74	<b>14,85</b>	34,53	<b>15,03</b>
6-8	34,64	36,48	34,00	33,32	<b>11,48</b>	32,01	33,08	30,80	28,96	33,46	34,77	31,59	33,74	41,46	36,68	36,73	34,04	<b>15,88</b>	34,26	<b>15,01</b>
6-9	34,92	31,00	37,35	37,90	<b>11,88</b>	43,67	40,07	40,17	64,13	53,64	37,86	39,27	38,42	25,22	29,71	31,09	32,73	<b>14,68</b>	37,77	<b>14,33</b>
7-8	38,45	41,36	37,06	36,83	<b>10,88</b>	39,07	41,22	33,73	31,27	37,91	40,28	38,59	39,52	42,96	41,22	39,50	36,48	<b>12,90</b>	38,48	<b>13,51</b>
7-9	37,18	38,11	37,34	36,52	<b>11,27</b>	34,33	37,76	35,10	25,99	30,25	33,26	31,63	33,27	44,03	42,36	32,98	37,71	<b>16,97</b>	37,03	<b>18,38</b>
8-9	28,75	31,95	27,31	27,29	<b>13,74</b>	30,04	29,95	24,10	23,51	28,94	32,42	30,01	30,39	37,13	31,70	31,64	29,84	<b>18,65</b>	29,20	<b>17,13</b>
8-10	16,98	18,06	14,94	15,13	<b>19,52</b>	15,04	15,72	14,08	10,01	13,12	17,54	15,60	16,00	25,61	18,04	18,03	17,76	<b>32,32</b>	16,36	<b>27,55</b>
8-11	30,24	33,97	28,82	28,54	<b>14,03</b>	30,12	30,16	25,10	22,67	29,24	32,13	29,76	30,17	36,42	32,60	31,88	30,40	<b>17,27</b>	29,80	<b>17,99</b>
9-10	21,78	24,83	19,89	19,85	<b>18,06</b>	22,31	21,69	16,38	18,49	20,96	24,92	23,50	23,87	26,34	22,32	24,76	20,96	<b>21,73</b>	21,46	<b>20,81</b>
9-11	8,22	8,96	7,09	6,56	<b>54,46</b>	5,92	6,87	4,34	3,70	3,12	8,84	7,55	8,20	14,23	9,50	8,97	6,48	<b>62,43</b>	7,90	<b>69,10</b>
10-11	19,42	22,98	18,98	18,64	<b>19,12</b>	20,30	20,14	15,04	15,51	18,45	22,01	20,16	21,18	26,13	22,08	21,92	20,10	<b>24,52</b>	19,84	<b>22,56</b>
10-12	27,38	32,18	27,29	26,55	<b>14,27</b>	26,34	26,75	23,28	23,02	23,39	27,26	25,80	26,34	33,65	29,25	28,42	28,85	<b>18,87</b>	27,69	<b>19,12</b>
11-12	24,78	27,47	23,86	23,35	<b>15,13</b>	24,27	23,69	21,35	21,58	20,07	25,60	24,08	25,06	31,03	26,14	27,00	25,03	<b>19,85</b>	24,91	<b>20,51</b>
Ssapma	14,39	14,03	14,81	14,80	<b>14,33</b>	14,38	14,91	15,02	14,08	14,75	14,22	14,07	14,34	14,08	14,54	14,38	14,29	<b>14,34</b>		
VK	<b>44,53</b>	<b>41,53</b>	<b>47,40</b>	<b>47,50</b>	<b>44,61</b>	<b>45,52</b>	<b>46,10</b>	<b>50,74</b>	<b>51,12</b>	<b>49,00</b>	<b>43,20</b>	<b>44,89</b>	<b>43,84</b>	<b>38,00</b>	<b>43,05</b>	<b>43,11</b>	<b>44,23</b>	<b>44,73</b>		
Ort	32,33	33,77	31,23	31,15	<b>32,12</b>	31,60	32,33	29,61	27,54	30,11	32,91	31,35	32,70	37,06	33,78	33,35	32,30	<b>32,05</b>		
SL (mm)	170,12	152,49	181,99	183,47	<b>176,76</b>	193,94	177,25	203,28	274,56	221,76	174,09	181,69	178,98	131,97	147,21	154,69	168,67	<b>174,26</b>	179,80	
Min	116,16	129,6	122,88	129,6	<b>116,16</b>	107,52	134,4	144,864	224,64	205,44	92,16	144,96	105,6	75,84	121,92	117,12	122,88	<b>75,84</b>	75,84	
Mak	243,84	178,56	279,36	270,72	<b>279,36</b>	254,4	252,48	292,8	304,32	238,08	250,56	225,6	403,2	249,6	211,2	233,28	277,44	<b>403,2</b>	594,24	
N	43	13	47	53	<b>156</b>	50	30	52	4	2	47	50	50	43	26	50	29	<b>434</b>	1068	

Ek 4. Populasyonlara ait ortalama morfometrik karakterler (Ort  $\pm$  S. sapma), maksimum ve minimum deęerler ve varyasyon katsayıları (VK, %)

Alt tür	Populasyonlar	Meristik Karakterler				
		D	A	P	V	S.D
<i>S.t.fario</i>	Solaklı	11,55	9,59	12,43	8,89	17,12
	Kapisre	11,67	9,81	12,38	8,66	15,64
	İyidere	12,19	10,15	12,56	8,98	16,81
	Fırtına	11,78	9,88	12,46	8,99	16,02
	Çaęlayan	12,11	10,08	12,18	8,73	16,96
	Ort $\pm$ S. sapma	11,79 $\pm$ 0,798	9,91 $\pm$ 0,639	12,44 $\pm$ 0,616	8,79 $\pm$ 0,547	16,00 $\pm$ 1,545
	Min – Mak	10 - 14	8 - 12	10 - 14	8 - 10	13 - 19
	<b>VK</b>	<b>6,76</b>	<b>6,45</b>	<b>4,95</b>	<b>6,22</b>	<b>9,65</b>
<i>S.t.labrax</i>	Solaklı	12,33	10,33	12,67	9,33	16,33
	Kapisre	12,00	10,00	12,50	9,00	16,50
	İyidere	12,56	10,22	12,89	9,44	17,89
	Fırtına	12,41	10,13	12,16	8,94	17,31
	Çaęlayan	12,36	10,26	12,21	9,00	17,79
	Ort $\pm$ S. sapma	12,39 $\pm$ 0,552	10,20 $\pm$ 0,523	12,28 $\pm$ 0,475	9,03 $\pm$ 0,311	17,56 $\pm$ 0,827
	Min – Mak	11 - 13	9 - 12	12 - 14	8 - 10	15 - 20
	<b>VK</b>	<b>4,46</b>	<b>5,12</b>	<b>3,87</b>	<b>3,44</b>	<b>4,71</b>
<i>S.t.caspus</i>	Alabalık	11,53	9,93	12,40	8,77	17,79
	Ortaköy	11,23	9,31	12,77	9,00	17,31
	Keklik Çayı	11,66	9,26	12,21	8,85	17,70
	Toro	11,70	9,55	12,25	8,64	18,06
	Ort $\pm$ S. sapma	11,60 $\pm$ 0,639	9,54 $\pm$ 0,646	12,32 $\pm$ 0,533	8,77 $\pm$ 0,480	17,81 $\pm$ 1,748
	Min – Mak	10 - 13	8 - 11	11 - 14	8 - 10	13 - 22
	<b>VK</b>	<b>5,51</b>	<b>6,77</b>	<b>4,32</b>	<b>5,47</b>	<b>9,81</b>
	<i>S.t.macrostigma</i>	Alakır	11,36	9,26	12,48	8,92
Altındere		11,03	8,90	13,00	8,90	16,77
Barhal		11,65	9,48	12,31	8,90	16,23
Eşen		12,75	9,75	13,00	9,75	18,50
Fırmız		11,00	9,34	12,66	9,19	17,23
Göksu		11,10	9,08	12,60	8,88	15,96
Hurman		11,22	9,10	12,34	9,04	17,10
Kilisedere		10,95	9,26	11,70	8,44	15,47
Solaklı		11,35	9,62	12,65	8,73	16,42
Söğütlü		11,08	9,16	12,54	8,82	16,92
Tekkale		11,34	9,72	12,24	9,14	16,07
Ort $\pm$ S. sapma		11,23 $\pm$ 0,639	9,28 $\pm$ 0,602	12,44 $\pm$ 0,650	8,91 $\pm$ 0,544	16,54 $\pm$ 1,666
Min – Mak		10 - 13	8 - 11	10 - 14	8 - 10	13 - 20
<b>VK</b>	<b>5,69</b>	<b>6,49</b>	<b>5,23</b>	<b>6,11</b>	<b>10,07</b>	
<i>S.t.abanticus</i>	Abant Gölü	11,73	9,97	12,10	9,03	18,57
	Ataköy Barajı	10,00	11,14	10,57	9,00	17,86
	Ort $\pm$ S. sapma	11,41 $\pm$ 0,832	10,19 $\pm$ 0,518	11,81 $\pm$ 0,701	9,03 $\pm$ 0,164	18,43 $\pm$ 0,835
	Min – Mak	10 - 12	9 - 12	10 - 13	9 - 10	15 - 20
	<b>VK</b>	<b>7,29</b>	<b>5,09</b>	<b>5,93</b>	<b>1,82</b>	<b>4,53</b>
<b>GENEL</b>	Ort $\pm$ S. sapma	11,55 $\pm$ 0,755	9,59 $\pm$ 0,697	12,43 $\pm$ 0,635	8,89 $\pm$ 0,505	17,12 $\pm$ 2,045
	Min – Mak	10 - 14	8 - 12	10 - 14	8 - 10	13 - 24
	<b>VK</b>	<b>6,53</b>	<b>7,28</b>	<b>5,11</b>	<b>5,69</b>	<b>11,95</b>

## ÖZGEÇMİŞ

1964 yılında Tosya’da doğdu. İlk, orta ve lise tahsilini İstanbul’da tamamladı. 1987 yılında Ege Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi’nden Su ürünleri Mühendisi olarak mezun oldu. 1990 yılında Tarım ve Köyişleri Bakanlığının sınavını kazanarak Gümüşhane İl Tarım Müdürlüğü, Kontrol şubesinde çalışmaya başladı. 1992 yılında Tarım Bakanlığının Araştırma Enstitülerine geçiş sınavını kazanarak, Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsüne geçti. 1997 yılında K.T.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim dalında “Doğu Karadeniz’de çipura (*Sparus aurata* L., 1758) balığının yetiştiriciliği” konusunda Yüksek Lisans, 1999 yılında İskoçya Stirling Üniversitesi, Su Ürünleri Enstitüsü’nde “Mikrosatellit lokuslar kullanarak Türk, Yunan ve Portekiz sularından Avrupa levrek balıklarının (*Dicentrarchus labrax* L.) populasyon genetiği” konusunda ikinci Yüksek Lisansını tamamladı. 16 Ocak - 27 Mart 2001 tarihleri arasında Japonya, Tokyo Üniversitesinde “Moleküler genetik” konusunda ve çeşitli balıkçılık merkezlerinde “Balık fizyolojisi ve yavru üretim teknikleri” konusunda eğitim programına katıldı. 23-30 Mayıs, 2005 tarihleri arasında Marie-Curie Programından Finlandiya, Kuopio üniversitesinde düzenlenen “Su Ürünlerinde Moleküler Biyoloji ve Ekoloji” başlıklı AQUALABS eğitim kursuna katıldı. Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü’nde yürütülen bir çok projede araştırmacı olarak görev almış ve halen Genetik Bölüm başkanı olarak çalışmaktadır. İngilizce bilmektedir. Evli ve bir çocuk babasıdır.