

**T.C.
RECEP TAYYİP ERDOĞAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**TÜRKİYE KIYISAL SULARINDA DAĞILIM GÖSTEREN
SPARİDAE FAMILİYASINA AİT TAKSONLARIN
MİTOKONDRIYAL DNA DİZİLERİNE DAYALI GENETİK
ANALİZİ**

Tezin Sunum Tarihi: 25/07/2013

İsmail AKSU

Tez Danışmanı:

Yrd. Doç. Dr. Yusuf BEKTAŞ

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI**

RİZE 2013

T.C.
RECEP TAYYİP ERDOĞAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE KIYISAL SULARINDA DAĞILIM GÖSTEREN
SPARİDAE FAMILYASINA AİT TAKSONLARIN
MİTOKONDRIYAL DNA DİZİLERİNE DAYALI GENETİK
ANALİZİ

Bu çalışma, 25/07/2013 tarihinde yapılan sınav ile Su Ürünleri Anabilim Dalı'nda **YÜKSEK LİSANS tezi** olarak kabul edilmiştir.

Tez Danışmanı : Yrd. Doç. Dr. Yusuf BEKTAŞ
Jüri Üyesi : Prof. Dr. Davut TURAN
Jüri Üyesi : Yrd. Doç. Dr. Fatih Şaban BERİŞ

Doç. Dr. Fatih YILMAZ
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü



ÖNSÖZ

Bu çalışma Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi Su Ürünleri Anabilim Dalında Yüksek Lisans Tezi olarak hazırlanmıştır. Bu çalışmada Sparidae familyasının mitokondriyal DNA 16S rRNA, sitokrom oksidaz alt ünite I, sitokrom *b* gen bölgeleri ve kontrol bölgesi kısmi dizileri kullanılarak filogenetik ilişkilerinin ortaya konulması hedeflenmiştir.

Tez konunun belirlenmesi, planlanması ve yürütülmesinde bilgi ve deneyimlerini esirgemeyen değerli danışmanım Sayın Yrd. Doç. Dr. Yusuf BEKTAŞ'a, yardımlarını gördüğüm ve deneyimlerinden yararlandığım değerli hocam Yrd. Doç. Dr. Hakan KARAOĞLU'na, laboratuvar çalışmalarında ve örneklemelerde yardımlarını gördüğüm Arş. Gör. Gökhan KALAYCI'ya, Y. Lisans öğrencileri Osman RAMOĞLU ve Hayriye TAN'a ve tüm Su Ürünleri Fakültesi akademik personeli ve çalışanlarına teşekkürü bir borç bilirim. Hayatımın her anında ilgilerini ve sevgilerini hiçbir zaman esirgemeyen başta sevgili annem ve babam olmak üzere tüm aileme çok teşekkür ederim.

İsmail AKSU

Rize 2013

ÖZET

Türkiye Kıyosal Sularında Dağılım Gösteren Sparidae Familyasına Ait Taksonların Mitokondriyal DNA Dizilerine Dayalı Genetik Analizi

Mercan balıkları en değerli balık türleri arasında olup tropik ve sıcak kıyosal sularda geniş dağılım gösteren 33 genusa ait yaklaşık 115 türden oluşmaktadır. Sparidae içindeki genus ve alt familya ilişkilerini izah edebilmek için Akdeniz, Ege, Marmara ve Karadeniz'i içeren Türkiye kıyı suları için tanımlanan 22 mercan türünün dört mitokondriyal DNA bölgesi (16S rDNA, COI, Cyt *b* genleri ve kontrol bölgesi)'nin 3562 bç'lik segmenti analiz edilmiştir. Dört farklı metot (NJ, MP, ML ve BI) kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar parafiletik alt familyalara sahip Sparidae familyasının monofilisini göstermiştir. Türk kıyı sularındaki sparid türleri, beslenme stratejileri ve diş yapılarına göre Sparidae familyasını 3 ila 6 alt familyaya ayıran önceki taksonomik hipotezlerin aksine iki ana büyük gruba ayrılmıştır. Genetik analizlerle elde edilen filogenetik ağaçlar Sparidae familyası içindeki alt familyaların varlığını izah edemez. Bu nedenle bu tekniklerle belirlenen familya altı yapılanmayı destekleyecek ve bu gruplar içinde tutarlı olacak birleştirici karakterler araştırılmalıdır ve Sparidae familyası içindeki genuslar arasındaki filogeni yeniden oluşturulmalıdır.

Anahtar Kelimeler: Sparidae, mtDNA, filogeni, Türkiye kıyosal suları

SUMMARY

Genetic analysis of the taxa belonging to the family Sparidae (Pisces: Perciformes) distributed in Turkish coastal waters based on mitochondrial DNA sequences

Seabreams are among the most valuable fish species and consist of approximately 115 species in 33 genera that are largely distributed in tropical and temperate coastal waters. We analyzed a 3562 bp segment of the four mitochondrial regions (16S rDNA, COI, Cyt *b* genes and control region) of 22 seabream species identified for Turkish coastal waters including the Mediterranean, Aegean, Marmara and Black Sea to clarify their genus and subfamily level relationships. The phylogenetic trees constructed using four different methods (NJ, MP, ML and BI) showed monophyly of the family Sparidae with paraphyletic their subfamilies. The sparid fishes in Turkish waters are divided into two major groups that contradicts the previous taxonomic hypothesis, which divided the family into three or six subfamily based on their feeding strategies and dentition. The phylogenetic structure obtained with genetic analysis does not explain the presence of subfamilies within Sparidae. Therefore, the unifying characters supporting the existence of these subfamilies within the Sparidae should be investigated. It should be necessary to reconstruct phylogeny between genera within Sparidae.

Keywords: Sparidae, mtDNA, phylogeny, Turkish coastal waters

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖNSÖZ.....	i
ÖZET.....	ii
SUMMARY.....	iii
İÇİNDEKİLER.....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	vii
TABLolar DİZİNİ.....	x
SEMBOLLER ve KISALTMALAR DİZİNİ.....	xi
1. GENEL BİLGİLER.....	1
1.1. Giriş.....	1
1.2. Türkiye Denizlerinde Yaşayan Sparidae Familyasına Ait Türlerin Sistematigi.....	2
1.3. Sparidae Familyasına Ait Türlerin Morfolojik, Biyolojik ve Ekolojik Özellikleri.....	3
1.3.1. <i>Boops boops</i> (Linnaeus, 1758).....	4
1.3.2. <i>Dentex dentex</i> (Linnaeus, 1758).....	5
1.3.3. <i>Dentex gibbosus</i> (Rafinesque, 1810).....	6
1.3.4. <i>Dentex macrophthalmus</i> (Bloch, 1791).....	7
1.3.5. <i>Dentex maroccanus</i> (Valenciennes, 1830).....	8
1.3.6. <i>Diplodus annularis</i> (Linnaeus, 1758).....	9
1.3.7. <i>Diplodus cervinus</i> (Lowe, 1841).....	10
1.3.8. <i>Diplodus puntazzo</i> (Cetti, 1777).....	11
1.3.9. <i>Diplodus sargus</i> (Linnaeus, 1758).....	12
1.3.10. <i>Diplodus vulgaris</i> (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817).....	13
1.3.11. <i>Lithognathus mormyrus</i> (Linnaeus, 1758).....	14
1.3.12. <i>Oblada melanura</i> (Linnaeus, 1758).....	15
1.3.13. <i>Pagellus acerne</i> (Risso, 1826).....	16
1.3.14. <i>Pagellus bogaraveo</i> (Brünnich, 1768).....	17
1.3.15. <i>Pagellus erythrinus</i> (Linnaeus, 1758).....	18

1.3.16. <i>Pagrus auriga</i> (Valenciennes, 1843).....	19
1.3.17. <i>Pagrus caeruleostictus</i> (Valenciennes, 1830).....	20
1.3.18. <i>Pagrus major</i> (Temminck ve Schlegel, 1843).....	21
1.3.19. <i>Pagrus pagrus</i> (Linnaeus, 1758).....	22
1.3.20. <i>Sarpa salpa</i> (Linnaeus, 1758).....	23
1.3.21. <i>Sparus aurata</i> (Linnaeus, 1758).....	24
1.3.22. <i>Spondyliosoma cantharus</i> (Linnaeus, 1758).....	25
1.4. Sistematikte Kullanılan Genetik Teknikler.....	26
1.4.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR).....	26
1.4.2. DNA Dizi Analizi.....	27
1.4.2.1. Maxam ve Gilbert'in Kimyasal Kırılma Yöntemi.....	28
1.4.2.2. Sanger Zincir Sonlanma Yöntemi.....	29
1.5. Filogenetik Analiz Metotları	31
1.5.1. Mesafe Temelli Yöntemler.....	32
1.5.1.1. UPGMA (Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Grup) Metodu.....	32
1.5.1.2. Neighbor Joining (Komşu Katılım) Metodu.....	33
1.5.2. Karakter Temelli Yöntemler.....	33
1.5.2.1. Maksimum Parsimoni (Farklılıkları En Aza İndirme Yöntemi).....	33
1.5.2.2. Maksimum Likelihood (En Yüksek Olasılık Yöntemi).....	34
1.5.2.3. Bayesian Çıkarsama Metodu.....	35
1.6. Mitokondriyal DNA (mtDNA).....	35
1.7. Literatür Özeti.....	36
1.7.1. Morfolojik Çalışmalar.....	36
1.7.2. Genetik Çalışmalar.....	38
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR.....	42
2.1. Materyal.....	42
2.2. Yöntem.....	43
2.2.1. Genomik DNA Eldesi.....	43
2.2.2. DNA ve PZR Ürünlerinin Kalite ve Miktarının Belirlenmesi.....	44

2.2.3. PZR Uygulamaları ve Primer Tasarımı.....	45
2.2.4. DNA Dizin Analizi.....	47
2.2.5. Dizi Hizalama ve Filogenetik Analiz.....	48
3. BULGULAR	49
3.1. 16S rRNA	49
3.1.1. Dizi Özellikleri.....	49
3.1.2. Filogenetik İlişkiler.....	49
3.2. Sitokrom Oksidaz Alt Ünite I (COI).....	55
3.2.1. Dizi Özellikleri	55
3.2.2. Filogenetik İlişkiler.....	55
3.3. Sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>).....	60
3.3.1. Dizi Özellikleri	60
3.3.2. Filogenetik İlişkiler.....	60
3.4. Kontrol Bölgesi (D-loop).....	66
3.4.1. Dizi Özellikleri	66
3.4.2. Filogenetik İlişkiler.....	66
3.5. Kombine Veri Seti (16S rRNA+COI+Cyt <i>b</i> +D-loop).....	71
3.5.1. Dizi Özellikleri	71
3.5.2. Filogenetik İlişkiler	75
4. TARTIŞMA ve SONUÇLAR	81
5. ÖNERİLER.....	86
6. KAYNAKLAR.....	87
ÖZGEÇMİŞ	

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 1. <i>Boops boops</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	4
Şekil 2. <i>Dentex dentex</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	5
Şekil 3. <i>Dentex gibbosus</i> (Rafinesque, 1810) görünümü.....	6
Şekil 4. <i>Dentex macrophthalmus</i> (Bloch, 1791) görünümü.....	7
Şekil 5. <i>Dentex maroccanus</i> (Valenciennes, 1830) görünümü.....	8
Şekil 6. <i>Diplodus annularis</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	9
Şekil 7. <i>Diplodus cervinus</i> (Lowe, 1841) görünümü.....	10
Şekil 8. <i>Diplodus puntazzo</i> (Cetti, 1777) görünümü.....	11
Şekil 9. <i>Diplodus sargus</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	12
Şekil 10. <i>Diplodus vulgaris</i> (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) görünümü.....	13
Şekil 11. <i>Lithognathus mormyrus</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	14
Şekil 12. <i>Oblada melanura</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	15
Şekil 13. <i>Pagellus acerne</i> (Risso, 1826) görünümü.....	16
Şekil 14. <i>Pagellus bogaraveo</i> (Brünnich, 1768) görünümü.....	17
Şekil 15. <i>Pagellus erythrinus</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	18
Şekil 16. <i>Pagrus auriga</i> (Valenciennes, 1843) görünümü.....	19
Şekil 17. <i>Pagrus caeruleostictus</i> (Valenciennes, 1830) görünümü.....	20
Şekil 18. <i>Pagrus major</i> (Temminck ve Schlegel, 1843) görünümü.....	21
Şekil 19. <i>Pagrus pagrus</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	22
Şekil 20. <i>Sarpa salpa</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	23
Şekil 21. <i>Sparus aurata</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	24
Şekil 22. <i>Spondyliosoma cantharus</i> (Linnaeus, 1758) görünümü.....	25
Şekil 23. DNA dizi kromatogramı.....	30
Şekil 24. Balık mitokondriyal genomu.....	35
Şekil 25. Örnekleme alanını ve seçilen lokaliteleri gösteren harita.....	42
Şekil 26. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rRNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.	51

Şekil 27. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rRNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	52
Şekil 28. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rRNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	53
Şekil 29. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rRNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	54
Şekil 30. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	56
Şekil 31. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.	57
Şekil 32. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.	58
Şekil 33. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.	59
Şekil 34. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.	62
Şekil 35. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	63
Şekil 36. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	64

Şekil 37. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.	65
Şekil 38. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	67
Şekil 39. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	68
Şekil 40. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	69
Şekil 41. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	70
Şekil 42. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16S rRNA+COI+Cyt <i>b</i> +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	77
Şekil 43. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16SrRNA+COI+Cyt <i>b</i> +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	78
Şekil 44. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16S rRNA+COI+Cyt <i>b</i> +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	79
Şekil 45. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16S rRNA+COI+Cyt <i>b</i> +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.....	80

TABLolar DİZİNİ

	Sayfa No
Tablo 1. Kimyasal kırılma yönteminde kullanılan kimyasallar.....	29
Tablo 2. Sparidae familyasına ait türlerin toplandığı istasyonlar ve örnek sayıları.....	43
Tablo 3. Cyt <i>b</i> , 16S rRNA, COI ve D-loop genlerinin artırılması ve dizin analizi için kullanılan primerler.....	45
Tablo 4. Polimeraz zincir reaksiyonunda kullanılan kimyasallar.....	46
Tablo 5. PZR döngü koşulları.....	47
Tablo 6. Sparidae genusuna ait 22 türün kombine veri setinin grup ayırımına neden olan polimorfik nükleotit pozisyonları. Noktalar <i>D. sargus</i> nükleotit dizisi ile benzerliği göstermektedir.....	72
Tablo 7. Kombine veri setlerine dayalı olarak hesaplanan Sparidae türleri arasındaki ikili dizin farklılığı değerleri.....	73
Tablo 8. 16S rRNA, sitokrom oksidaz alt ünite I, sitokrom <i>b</i> genleri ve kontrol bölgesinin analizi yoluyla incelenen her bir türün örnek sayıları, haplotip sayıları (N), haplotip çeşitlilik (h) ve Nükleotit çeşitlilik (π) değerleri.....	74
Tablo 9. Herbir mitokondriyal bölgenin filogenetik performansı ve baz değişim modeli.....	75

SEMBOLLER ve KISALTMALAR DİZİNİ

A	: Anal yüzgeç ışın sayısı
A	: Adenin
ATP	: Adenozin trifosfat
bç	: Baz çifti
C	: Sitozin
cm	: Santimetre
COI	: Sitokrom oksidaz alt ünite I
Cyt <i>b</i>	: Sitokrom <i>b</i>
D	: Dorsal yüzgeç ışın sayısı
ddH ₂ O	: İki kere distile su
ddNTP	: Dideoksiribonükleozit trifosfat
dk	: Dakika
D-Loop	: Kontrol bölgesi
DNA	: Deoksiribonükleik asit
dNTP	: Deoksiribonükleozit trifosfat
G	: Guanin
LL	: Ligne lateral pul sayısı
M	: Molar
m	: Metre
mg	: Miligram
MgCl ₂	: Magnezyum klorür
ML	: Maksimum likelihood
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
MP	: Maksimum parsimoni
mtDNA	: Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
ng	: Nanogram
NJ	Neighbor Joining

P	: Pelvik yüzgeç ışın sayısı
pmol	: Pikomol
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RNA	: Ribonükleik asit
rpm	: Dakika başına dönme hızı
T	: Timin
TAE	: Tris-Asetik asit-Etilendiamintetraasetik asit
Tm	: Primerlerin erime sıcaklığı
tRNA	: Taşıyıcı ribonükleik asit
U	: Ünite
UPGMA	: Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Grup
V	: Pektoral yüzgeç ışın sayısı
vd	: Ve diğerleri
16S rRNA	: 16S ribozomal ribonükleik asit
°C	: Santigrad derece
µl	: Mikrolitre

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Giriş

Dünya nüfusunun büyük bir hızla artması ve bazı temel gıda ihtiyaçlarının özellikle de insan metabolizmasında çok fazla önemi olan protein ihtiyacının yeteri kadar karşılanamaması su ürünleri kaynaklarının öneminin her geçen gün daha da artmasına neden olmuştur. Artan besin ihtiyacı insanları mevcut su ürünleri stoklarını daha iyi yönetmeye ve alternatifler üretmeye mecbur bıraktığı günümüzde su ürünlerinin tespiti, sınıflandırılması ve korunmasını hedefleyen balıkçılık araştırmaları ve kontrolü çalışmaları son yıllardaki modern bilimsel ve teknolojik yöntemlerin geliştirilmesi ile ivme kazanmıştır. Bu anlamda ülkemizin etrafını çevreleyen zengin su kaynaklarının ekonomik değeri yüksek su ürünleri barındırması nedeniyle kaynakların korunması dolayısıyla sürdürülebilir balıkçılığın sağlanması gelecek nesillerimiz için oldukça önemlidir.

Tüm canlılar açısından önemli olmakla birlikte su ürünlerinin sınıflandırılmasında yaşanan bir takım sıkıntılar DNA temelli yöntemlerin kullanılmasını gerektirmiştir. Özellikle 1953 yılında DNA yapısının aydınlatılması ve daha sonrasındaki teknolojik gelişmeler DNA temelli yöntemlerin bu konuya bir çare olabileceğini göstermiş ve bu alanda birçok araştırma ve geliştirme çalışmaları yer almıştır. Bu yöntemlerin kullanılmasından önce sadece morfolojik karakterlere göre yapılan sınıflandırmalar aynı türe farklı isimlerin verilmesi, cins ve familya düzeyindeki sınıflandırmalarda yaşanan bir takım sorunları ortaya çıkarmıştır. Ancak DNA'ya dayalı yaklaşım üzerinden bu problemin çözülmesi amaçlanmış ve büyük ölçüde başarı sağlanmıştır. Oluşturulan gen veri bankaları, yapılan filogenetik araştırmalar morfolojik veriler ile kıyaslanarak söz konusu canlı gruplarında taksonomik olarak yeniden düzenlemelere gidilmiştir.

Özellikle vahşi doğada dağılım gösteren kıyusal balık türlerinin çoğunu filogenetik ilişkileri yönünden ve benzer morfolojik karakterlerine göre doğru bir şekilde sınıflandırmak oldukça zor bir iştir (Duftner vd., 2007; Westneat vd., 2005). Üyelerinin büyük çoğunluğu ile bu gruba dahil olan ve bünyesinde değerli balık türlerini barındıran Sparidae familyası sadece küçük ölçekli ve yarı endüstriyel balıkçılık kapsamında değil aynı zamanda Akdeniz'deki yetiştiricilik potansiyeli nedeniyle de artan bir ekonomik

öneme sahip olduğundan (Hanel ve Sturmhuber, 2000) ülkemiz denizlerinde dağılım gösteren sparid üyelerin dağılım alanlarının tespiti, genetik teşhisi ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi su ürünleri kaynaklarımızın iyi yönetilmesi noktasında atılması gereken önemli bir ilk adımdır.

1.2. Türkiye Denizlerinde Yaşayan Sparidae Familyasına Ait Türlerin Sistematığı

ALEM : Animalia

ŞUBE : Chordata

ALT ŞUBE : Vertebrata

ÜST SINIF : Osteichthyes

SINIF : Actinopterygii

ALT SINIF : Neopterygii

İNFRASINIF : Teleostei

ÜST TAKIM : Acanthopterygii

TAKIM : Perciformes

AİLE : Sparidae

1. **CİNS** : Boops

TÜR : *Boops boops* (Linnaeus, 1758)

2. **CİNS** : Dentex

TÜR : *Dentex dentex* (Linnaeus, 1758)

: *Dentex gibbosus* (Rafinesque, 1810)

: *Dentex macrophthalmus* (Bloch, 1791)

: *Dentex maroccanus* (Valenciennes, 1830)

3. **CİNS** : Diplodus

TÜR : *Diplodus annularis* (Linnaeus, 1758)

: *Diplodus cervinus* (Lowe, 1841)

: *Diplodus puntazzo* (Cetti, 1777)

: *Diplodus sargus* (Linnaeus, 1758)

: *Diplodus vulgaris* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817)

4. CİNS : Lithognathus
TÜR : *Lithognathus mormyrus* (Linnaeus, 1758)
5. CİNS : Oblada
TÜR : *Oblada melanura* (Linnaeus, 1758)
6. CİNS : Pagellus
TÜR : *Pagellus acerne* (Risso, 1826)
: *Pagellus bogaraveo* (Brünnich, 1768)
: *Pagellus erythrinus* (Linnaeus, 1758)
7. CİNS : Pagrus
TÜR : *Pagrus auriga* (Valenciennes, 1843)
: *Pagrus caeruleostictus* (Valenciennes, 1830)
: *Pagrus major* (Temminck ve Schlegel, 1843)
: *Pagrus pagrus* (Linnaeus, 1758)
8. CİNS : Sarpa
TÜR : *Sarpa salpa* (Linnaeus, 1758)
9. CİNS : Sparus
TÜR : *Sparus aurata* (Linnaeus, 1758)
10. CİNS : Spondylisoma
TÜR : *Spondylisoma cantharus* (Linnaeus, 1758)

1.3. Sparidae Familyasına Ait Türlerin Morfolojik, Biyolojik ve Ekolojik Özellikleri

Mercan balıkları olarak da isimlendirilen Sparidler, tropikal iklime sahip sıcak ve derin sularda yaşayan birkaç istina türüyle genellikle kıyı sularında yaşayan geniş bir tür zenginliğine sahip önemli bir balık familyasıdır. Sparidae familyası sıcak ve tropikal denizlerde yaklaşık 115 tür 33 cinsle temsil edilir (Nelson, 2006). Bu familyanın Akdeniz de 25 türü mevcuttur. Bunların 23'ü Akdeniz'in doğu bölgesinden 2'si de Kızıl Deniz orjinlidir (Golani vd., 2006). Vücut şekli büyük ölçüde değişiklik göstermekle birlikte en bilinen türlerinin yanlardan basık ve oval biçime sahip oluşuyla ayırt edilirler. 10-13 adet yüzgeç ışınıyla tekli yapıda uzun bir dorsal yüzgeci vardır. Kaudal yüzgeci çoğunlukla çatallıdır. Küçük bir ağıza sahiptir. Bu familyanın bütün türlerinde

bilinen diř yapılarının hepsi mevcuttur. Ktenoid pullar, birçok türünde dorsal ve anal yüzgeçlerin bulunduğu vücut kısımlarında konumlanmıştır. Bu familyaya ait türler hermafrodit özellik gösterir. Sparidae familasına ait türler Doęu Atlantik'te Britanya adalarından Güney Afrika'ya kadar olan bölgede Cape Verde, Madeira, Kanarya Adaları dahil Akdeniz ve nadiren Karadeniz'de yayılım göstermektedir (Bauchot ve Hureau, 1986).

1.3.1. *Boops boops* (Linnaeus, 1758)



Şekil 1. *Boops boops* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XIII-XV + 12-16; A, III + 14-16; P, 15; V, I + 5; LL, 69-80. Şekil 1'deki türün türkçe ismi kupes, kupa, lopa olarak bilinir. Maksimum boyu 30 cm ortalama boyu 10-22 cm'dir. Belirleyici özellikleri, göz çapı burnundan daha uzundur, ince uzun bir vücut şekli vardır, çenesinin her iki kısmında da tek sıralı dişler bulunur. Çenesinin üst kısmında 4, alt kısmında 5 çentikli diş mevcuttur (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

100 m derinliğe kadar zemini kumlu, çamurlu ya da taşlı olan kıyı sularında yaşar. Yetişkin bireyleri hem omurgasız hem de bitkisel organizmaları tüketirken genç bireyler planktonla beslenir. Yumurtlama sezonu şubattan nisana kadardır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Eşeyssel olgunluęa bir yıldan sonra ulaşır. En çok erkek bireye

rastlanır. İkinci yıldan sonra ticari öneme sahip olan dişi bireyler oluşur. Norveç'ten Angola kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.2. *Dentex dentex* (Linnaeus, 1758)



Şekil 2. *Dentex dentex* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XIII + 11-12; A, III + 7-9; P, 14-15; V, I + 5; LL, 62-68. Şekil 2'deki türün türkçe ismi sinarit olarak bilinir. Boyu maksimum 80 cm'ye (bazı yerlerde 100 cm) ulaşırken ortalama boyu 20-60 cm'dir. Çenesinin her iki tarafının ön kısmında güçlü konik şeklinde 4-6 tane dişe sahiptir. Vücudu griden pembeye doğru renk alır. Nadiren göğüs kısmında çok az mavi nokta vardır. İpliksi dorsal yüzgece sahip değildir (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Zemini taş ve kayalık olan sularda yalnız ya da küçük gruplar halinde 100 m derinliklerde yaşar. Kafadan bacaklılarla ve balıklarla beslenir. Yumurtlama dönemi kış aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Populasyonlarının bir bölümü ayrı eşeyli iken diğer bölümünde hermafroditlik görülür. Ticari olarak önemli sayılabilecek çok nadir ve çok değerli balıklardan bir tanesidir. Manş Denizi'nden Senegal kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.3. *Dentex gibbosus* (Rafinesque, 1810)



Şekil 3. *Dentex gibbosus* (Rafinesque, 1810) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XII + 10-11; A, III + 7-9; P, 14; V, I + 5; LL, 56-62. Şekil 3'teki türün türkçe ismi trança, telli sinarit, altınkaş, çavuş, antenli mercan olarak bilinir. Boyu maksimum 70 cm'ye (bazı yerlerde 100 cm) ulaşırken ortalama boyu 20-60 cm'dir. Çenesinin her iki tarafının ön kısmında güçlü konik şeklinde 4-6 tane dişe sahiptir. İlk iki dorsal yüzgeci kısa üçüncü ve dördüncü yüzgeçleri diğerlerine göre uzundur. İlk pelvik yüzgeç ışıını uzundur. Dorsal yüzgecinin arka bölümünde siyah nokta vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

200 m derinliğe kadar zeminini kayalık, iri taneli kum ve çakılların oluşturduğu bölgelerde yaşar. Besin olarak, yumuşakçalar, kabuklular ve balıklarla beslenir. Yumurtlama dönemi kış aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Hermafroditlik görülür. Büyük dişi bireylerinde başının üzerinde dikkat çeken bir hörgüç benzeri çıkıntı vardır. Genellikle kıyıya yakın yerlerde çapari ile yakalanabilen ticari olarak önemli sayılabilecek çok nadir ve değerli bir balıktır. Portekiz'den Angola kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu tür bulunmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.4. *Dentex macrophthalmus* (Bloch, 1791)



Şekil 4. *Dentex macrophthalmus* (Bloch, 1791) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XII + 10-11; A, III + 8; P, 16-17; V, I + 5; LL, 49-55. Şekil 4'teki türün türkçe ismi patlak göz mercan olarak bilinir. Boyu maksimum 40 cm'ye (bazı yerlerde 65 cm) ulaşırken ortalama boyu 12-20 cm'dir. Üst çenesinin ön kısmında 4 tane, alt çenesinin ön kısmında ise 10 tane konik şeklinde diş vardır. Göz çapı ağzından daha büyüktür. 17-20 solungaç dikişi operkulum üzerinde bulunur (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Derinliği 70-350 m arasında değişen ve zemini çamurlu ya da çakıllı olan bölgelerde sık sık dibe dalarak yaşayan demersal bir balık türüdür. Yetişkin bireyleri balık ve kabuklular tüketirken genç bireyler zooplankton ile beslenirler. Yumurtlama dönemi kış aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Eşeyssel olgunluğa iki yaşından sonra ulaşır. Trol ile büyük miktarlarda avlanılabilir fakat küçük boydakilerini avlamanın ticari yasağı vardır. Biscay Koyu'ndan Güney Afrika kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.5. *Dentex maroccanus* (Valenciennes, 1830)



Şekil 5. *Dentex maroccanus* (Valenciennes, 1830) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XII + 10-11; A, III + 8-9; P, 17-19; V, I + 5; LL, 46-51. Şekil 5'teki türün türkçe ismi fas mercanı olarak bilinir. Boyu maksimum 22 cm olabilir. Ortalama boyu 10-15 cm'dir. Üst çenesinde 4 tane, alt çenesinde ise 10 tane konik şeklinde diş vardır. Bütün bireyler yaklaşık olarak aynı ölçülerdedir. Vücut rengi pembedir. 9-12 solungaç diki operkulum üzerinde bulunur (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Dipte yaşayan bir balıktır. Zeminini çamurlu olan derinliği 150-300 m arasında değişen sularda yaşar. Başlıca kabuklu, balık ve küçük yumuşakçalarla beslenir. Yumurtlama dönemi ilkbahar aylarıdır. Yaklaşık 10 cm olanları olgundur. Yumurtaları ve larvası pelajiktir. Genelde dip trolü ile avlanılır. Portekiz'den Namibya kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.6. *Diplodus annularis* (Linnaeus, 1758)



Şekil 6. *Diplodus annularis* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI + 11-13; A, III + 11-12; P, 14; V, I + 5; LL, 48-56. Şekil 6'daki türün türkçe ismi ispari, isparoz olarak bilinir. Boyu maksimum 22 cm olabilir. Ortalama boyu 10-15 cm'dir. 8 adet sivri ön dişi vardır. Azı dişi de mevcuttur. Vücut rengi gümüşü-siyahtır. Kuyruk sapında siyah bir bant bulunmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Deniz bitkileriyle kaplı, zemini kumlu olan alanlarda yaşar. Ayrıca zemini kayalık olan sularda da yaşayabilmektedir. Küçük bireyleri büyük sürüler halinde, olgunlaştıktan sonra ise küçük gruplara bölünerek yaşarlar. Bütün yumuşakçalarla beslenirler. Yumurtlama dönemi kış aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Bir yıldan sonra eşeyssel olgunluğa ulaşır. Birçok metot ile avlanılabirler. Biscay Koyu'ndan Kanarya Adaları'na kadar Atlantik okyanusunun doğusu, Akdeniz ve Karadeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.7. *Diplodus cervinus* (Lowe, 1841)



Şekil 7. *Diplodus cervinus* (Lowe, 1841) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XII + 11-14; A, III + 10-12; P, 15; V, I + 5; LL, 51-62. Şekil 7'deki türün türkçe ismi çizgili karagöz olarak bilinir. Boyu maksimum 55 cm olabilir. Ortalama boyu 15-40 cm'dir. Üst çenenin ön kısmında 10-12 tane ve alt çenenin ön kısmında 8 tane keskin dişleri vardır. Çenede azı dişleri de mevcuttur. Vücudunda 5 tane kalın yan yana koyu kahve renkli bant vardır. Dudakları etli ve kalındır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Zemini kayalık olan 10-50 m arasında değişen sularda yaşar. Fakat bazı kayıtlarda 300 m. derinlikte yaşadığı da belirtilmiştir. Büyük bireyleri tek başına ya da küçük gruplar halinde yaşarken küçük bireyler sürüler halinde yaşarlar. Besin kaynağı olarak, kabuklular, yumuşakçalar, balık ve küçük boyutlardaki alg ile beslenirler. Yumurtlama sezonu ocak ayında nisan ayına kadar olan dönemdir. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Ağ ve çapari ile avlanılabilir. Biscay Koyu'ndan Güney Afrika kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.8. *Diplodus puntazzo* (Cetti, 1777)



Şekil 8. *Diplodus puntazzo* (Cetti, 1777) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI + 12-15; A, III + 11-13; P, 13-15; V, I + 5; LL, 53-64. Şekil 8'deki türün türkçe ismi sivri burun karagöz olarak bilinir. Boyu maksimum 50 cm olabilir. Ortalama boyu 15-30 cm'dir. Alt ve üst çenesinin ön bölümünde ileri doğru 8 adet keskin dişi vardır. Aynı zaman da çenesinde basit azı dişleri de mevcuttur. Ağız yapısı sivridir. Vücudunda 7-12 tane griden siyaha değişen bant vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Bitkilerle kaplı kayalık zemini olan sularda yaşarlar. Genç bireyleri sığ sularda büyük sürüler halinde yaşarlar. Hem etçil hem de otçudurlar (Omnivordurlar). Besin olarak, karides, yumuşakça, solucan ve alg tüketirler. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Ağ, gırgır ağı ve nadiren çaparı ile avlanılabılırler. Bu türün yetiştiriciliği yapılabilmektedir ve yüksek değerli bir balık türüdür. Biscay Koyu'ndan Güney Afrika kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.9. *Diplodus sargus* (Linnaeus, 1758)



Şekil 9. *Diplodus sargus* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XII + 12-15; A, II + 12-14; P, 15-17; V, I + 5; LL, 58-67. Şekil 9'daki türün türkçe ismi sargoz, baltabaş karagöz olarak bilinir. Boyu maksimum 40 cm olabilir. Ortalama boyu 10-22 cm'dir. Alt ve üst çenenin ön kısmında 8 tane keskin dişe benzer dişler vardır. 3-5 adet az gelişmiş azı dişide bulunmaktadır. Kuyruk sapında 1 tane kalın ve vücudu üzerinde 9 tane siyah bant vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

50 m derinlikte zemini kayalık olan sularda yaşarlar. Juvenil bireyleri sürüler halinde sığ sularda yaşarken yetişkin bireyleri küçük gruplar halinde yaşarlar. Başlıca besin kaynaklarını, yumuşakçalar, küçük boyutlardaki kabuklular ve derisidikenliler grubu oluşturur. Yumurtlama sezonu ocak ayında mart ayına kadar olan dönemdir. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Populasyonunun bir bölümü ayrı eşeyli, diğer bölümü hermafrodittir. Çok yaygın olarak bulunabilen ve ticari öneme sahip bir türdür. Biscay Koyu'ndan Madeira Adalarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.10. *Diplodus vulgaris* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817)



Şekil 10. *Diplodus vulgaris* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XII + 13-16; A, III + 12-15; P, 15; V, I + 5; LL, 51-61. Şekil 10'daki türün türkçe ismi karagöz balığı olarak bilinir. Boyu maksimum 40 cm olabilir. Ortalama boyu 10-20 cm'dir. Alt ve üst çenenin ön kısmında 8 tane keskin dişe benzer dişler vardır. Üst çenede 3-5 alt çenede 2-4 adet az gelişmiş azı dişi vardır. Dorsal yüzgecinin ön kısmında ve kuyruk sapında kalın birer tane siyah bandı vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Yaşam alanını, zemini kayalık ve kumlu ya da yosunlu sular oluşturur. Kayalık zeminli sularda küçük gruplar halinde yaşarken açık sularda çok geniş sürüler halinde yaşarlar. Tuzluluğa karşı toleransı yüksek olan bu türde genç bireyler az tuzlu suları tercih ederler. Besin kaynaklarını, yumuşakçalar, kabuklular ve solucanlar oluşturur. Yumurtlama sezonu kış aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. İki yaşından sonra eşeyssel olgunluğa ulaşır. Ağ ve gırgır ağıyla yakalanabilirler. Kısmen ticari öneme sahiptir. Biscay Koyu'ndan Güney Afrika kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.11. *Lithognathus mormyrus* (Linnaeus, 1758)



Şekil 11. *Lithognathus mormyrus* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XII + 11-12; A, II + 10-11; P, 15-16; V, I + 5; LL, 59-65. Şekil 11'deki türün türkçe ismi mırmır balığı olarak bilinir. Boyu maksimum 45 cm olabilir. Ortalama boyu 7-20 cm'dir. Üst ve alt çenesinin ön kısmında birbirini takip eden 3-6 adet konik ve 2-4 adet az gelişmiş azı dişi mevcuttur. Ağız yapısı sivridir. Vücutunda siyaha yakın renkte çizgiler dorsalden anal yüzgece doğru çizgiler bulunur. Kuyruk sapında siyah bant bulunmamaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

50 m derinliklere kadar zemini kumlu ve yosunlu olan sularda yaşar. Genç bireyleri sığ kumlu sahillerde bulunurlar. Besin kaynaklarını, yumuşakçalar, kabuklular ve ayrıca solucan ve derisidikenliler oluşturur. Yumurtlama dönemi kış ve ilkbahar aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Eşeyssel olgunluğa iki yaşında 12 cm olduğunda ulaşır. Hermafroditlik görülür. Ticari önemi olan bu türe, Biscay Koyu'ndan Güney Afrika'nın Mozambik kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de rastlanılabilir (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.12. *Oblada melanura* (Linnaeus, 1758)



Şekil 12. *Oblada melanura* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, X + 13-14; A, III + 12-14; P, 15; V, I + 5; LL, 64-67. Şekil 12'deki türün türkçe ismi melanur, melanurya olarak bilinir. Boyu ortalama 12-22 cm maksimum 30 cm boya ulaşabilmektedir. Çenesinin ön kısmında 8-10 adet kesici dişleri ve bu dişleri takip eden küçük konik dişleri vardır. Çenesinin arka kısmında ise küçük taneli dişler mevcuttur. Azı dişi bulunmamaktadır. Kuyruk sapında kalın siyah bir bant vardır. Vücudunda uzunlamasına koyu ince çizgiler vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

30 m derinlikte zemini kumlu ya da yosunlu sularda yüzerler. Zooplankton ile beslenirler. Yumurtlama dönemi ilkbahar aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Populasyonunun büyük bir kısmı gonochorstictir ve küçük bölümü ise hermafrodittir. Ağ ve gırgır ağı ile avlanılabilen ticari öneme sahip bir balıktır. Biscay Koyu'ndan Angola kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.13. *Pagellus acerne* (Risso, 1826)



Şekil 13. *Pagellus acerne* (Risso, 1826) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XII-XIII + 10-12; A, III + 9-10; P, 15-16; V, I + 5; LL, 65-72. Şekil 13'teki türün türkçe ismi yabancı mercan olarak bilinir. Boyu ortalama 10-22 cm maksimum 30 cm boya ulaşabilmektedir. Çenesinin her iki kısmının ön bölümünde küçük konik dişler ve bunları takip eden azı dişleri mevcuttur. Vücudu, pektoral yüzgecinden dorsal yüzgecine doğru koyu kahverenginden kırmızı ve karın bölgesi gümüşü pembe renk alır. Göz çapı ile ağız hemen hemen birbirine eşit büyüklüktedir (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Demersal bir tür olan bu balık sürüler halinde 40-100 m arasında değişen derinliklerde zemini kumlu ve çamurlu olan sularda yaşar. Bazı kayıtlarda 200 m derinliklerde yaşadığı da belirtilmiştir. Besin olarak başlıca yumuşakçalar ve kabuklular gibi bentik organizmalar ve az miktarda da küçük balıklarla beslenir. Yumurtlama dönemi sonbahar aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Hermafroditlik görülür. Eşeyssel olgunluğa bir yaşından sonra ulaşır. Kısmen ticari önemi olan bu tür trol ile yakalanabilmektedir. Danimarka'dan Senegal kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.14. *Pagellus bogaraveo* (Brünnich, 1768)



Şekil 14. *Pagellus bogaraveo* (Brünnich, 1768) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XII-XIII + 11-13; A, III + 11-12; P, 16-17; V, I + 5; LL, 68-74. Şekil 14'teki türün türkçe ismi manda göz mercan olarak bilinir. Boyu ortalama 10-22 cm maksimum 35 cm boya ulaşabilmektedir. Batı Akdeniz'de 70 cm boyundakilerine de rastlanılmıştır. Çenesinin ön kısmında 8-12 adet sivri diş vardır. Göz çapı ağızdan daha büyüktür. Yanal çizgisinin başlangıcında siyah bir nokta vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

100-200 m arasında değişen zemini çamurlu olan sularda yaşayan demersal bir türdür. Omurgasız canlılar ve küçük balıklarla beslenir. Yumurtlaması kış süresince dönem dönem gerçekleşir. Eşeyssel olgunluğa 3-4 yaşında 20 cm olduğunda ulaşır. Hermafroditlik görülür. Trol ile yakalanabilmektedir. Akdeniz'de oldukça nadir bulunmaktadır. Norveç'ten Angola kıyılarına kadar Atlantik Okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.15. *Pagellus erythrinus* (Linnaeus, 1758)



Şekil 15. *Pagellus erythrinus* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XII + 10; A, III + 8-9; P, 15; V, I + 5; LL, 55-65. Şekil 15'teki türün türkçe ismi kırma mercan olarak bilinir. Boyu ortalama 7-18 cm maksimum 30 cm boya ulaşabilmektedir. Her iki çenesinin ön kısmında küçük konik dişler ve bunları takip eden sırada iki sıralı küçük azı dişleri vardır. Vücudu pembe-kırmızı renklidir. Bazı türlerinde çok az mavi nokta bulunabilir (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

40-200 m derinliklerde zemini kumlu ya da çamurlu sularda sürüler halinde demersal olarak yaşar. Büyük bireyleri genel olarak kayalar arasında küçük gruplar halinde yaşar. Besin kaynağı olarak, omurgasız canlılar ve balıklar ile beslenirler. Eşeyssel olgunluğa bir yaşından sonra ulaşır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Hermafroditlik görülür. Ticari önemi olan bu tür trol ile avlanılabilir. Büyük bireyleri gırgır ağı ile de avlanılabilir. İskandinavya'dan Mauritanya'ya kadar Atlantik Okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.16. *Pagrus auriga* (Valenciennes, 1843)



Şekil 16. *Pagrus auriga* (Valenciennes, 1843) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XII + 10-12; A, III + 8-9; P, 15; V, I + 5; LL, 50-52. Şekil 16'daki türün türkçe ismi çizgili mercan, halkalı mercan, kırmızı bantlı mercan olarak bilinir. Boyu ortalama 15-30 cm maksimum 50 cm boya ulaşabilmektedir. Üst çenesinin ön kısmında dört ve alt çenesinin ön kısmında altı tane sivri diş vardır. Bunları takip eden iki veya üç sıralı azı diş vardır. Üçüncü ve beşinci dorsal yüzgeç ışıını uzundur. Vücüdünde 4-5 tane kiremit kırmızısı bant vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Yaklaşık 60 m derinliklerde zemini çakıl veya kayalık sularda tek ya da küçük gruplar halinde yaşar. Bazı kayıtlarda 200 m derinliklerde de yaşadığı belirtilmiştir. Yumuşakçalar ve kabuklular ile beslenir. Yumurtlama sezonu kış aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Ağ ve gırgır ağı ile avlanılabilirler. Küçük bireyleri trol ile de avlanılabilir. Ticari açıdan önemli olduğu kadar yaygın değildir. Çok lezzetli bir balıktır. Portekiz'den Angola kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.17. *Pagrus caeruleostictus* (Valenciennes, 1830)



Şekil 17. *Pagrus caeruleostictus* (Valenciennes, 1830) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XIII + 9-11; A, III + 8-9; P, 16; V, I + 5; LL, 51-54. Şekil 17'deki türün türkçe ismi yalancı trança, mavi benekli mercan olarak bilinir. Boyu ortalama 15-50 cm maksimum 80 cm boya ulaşabilmektedir. Üst çenesinin ön kısmında dört ve alt çenesinin ön kısmında altı tane sivri diş vardır. İki veya üç sıralı azı diş vardır. Üçüncü ve beşinci dorsal yüzgeç ışını uzundur. Vücudu pembe renklidir ve sırtında mavi noktalar vardır. Dorsal yüzgecinin sonunda kırmızı bir nokta vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

30-150 m derinliklerde sert ve kayalıklı zemini olan sularda yaşar. Başlıca besin kaynakları, kabuklu organizmalar ve yumuşakçalardır. Kabuklu organizmaları güçlü azı dişleri ile kırabilirler. Yumurtlama sezonu kış ve ilkbahar aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Hermafroditlik görülür. Büyük erkek bireylerin sarı çenesi ile gözleri arasında bir çıkıntı vardır. Çapari ve ağ ile yakalanabilir. Portekiz'den Angola kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.18. *Pagrus major* (Temminck and Schlegel, 1843)



Şekil 18. *Pagrus major* (Temminck and Schlegel, 1843) görünümü (Pavlidis ve Mylonas, 2011)

D, XII + 10; A, III + 8; P, 15; V, I + 5; LL, 53-59. Şekil 18'deki türün türkçe ismi kırmızı mercan olarak bilinir. Boyu 14 - 62 cm arasında değişmektedir. Terminal bir ağza sahip olup alt çene daha kısadır. Vücut fuziform şekilli olup taze iken çok sayıda parlak mavi nokta görülür. Dorsal ışınların hepsi serttir ve uzamamıştır. Kuyruk yüzgecinin ön kenarı siyah arka kenarı beyazdır (Nakabo, 2002).

10-50 m derinliklerde hem sert kayalıklı zeminlerde hem de daha yumuşak diplerde yaşar. Yetişkin bireyler baharın sonu ve yazın yumurtlamak için derin yaşam alanlarının sığ kısımlarına göç ederler. Derisidikenliler, solucanları, yumuşakçalar ve kabukluları çeren bentik omurgasızlarla aynı zamanda diğer balık türleri ile beslenir. Çin, Kore, Japonya, Tayvan, güneydoğu Asya'nın tüm denizlerinde bu türe rastlanılmaktadır (Watanabe ve Kiron 1995).

1.3.19. *Pagrus pagrus* (Linnaeus, 1758)



Şekil 19. *Pagrus pagrus* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XIII + 9-10; A, III + 7-8; P, 15; V, I + 5; LL, 50-56. Şekil 19'daki türün türkçe ismi fangri mercanı olarak bilinir. Boyu ortalama 20-35 cm maksimum 70 cm boya ulaşabilmektedir. Üst çenesinin ön kısmında dört ve alt çenesinin ön kısmında altı tane sivri diş vardır. İki sıralı azı diş vardır. Uzun dorsal yüzgeci yoktur ve kuyruk yüzgeci beyazdır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

20-100 m derinliklerde sert ve kayalıklı zemini olan sularda yaşar. Genç bireyleri yosunlu sularda yaşar. Yumuşakçalar, kabuklular ve küçük balıklar ile beslenir. Yumurtlama sezonu kış ve ilkbahar aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Eşeyssel olgunluğa 20 cm olduğunda ulaşır. Kanca ve çapari ile yakalanabilir. İngiltere'den Madeira'ya kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.20. *Sarpa salpa* (Linnaeus, 1758)



Şekil 20. *Sarpa salpa* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI-XII + 14-17; A, III + 13-15; P, 15; V, I + 5; LL, 70-80. Şekil 20'deki türün türkçe ismi sarpa, çitari olarak bilinir. Boyu ortalama 15-30 cm maksimum 45 cm boya ulaşabilmektedir. Üst çenede tek sıra halinde sivri dişler ve alt çenede de tek sıra halinde üçgen biçiminde dişler mevcuttur. Vücudu gümüşü gri renklidir ve vücudunda baştan kuyruk yüzgecine doğru 10-12 tane altın sarısı çizgi vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Zemini yosun ya da algle kaplı kumlu veya kayalık olan sularda büyük sürüler halinde yaşar. Küçük bireyler küçük omurgasızlar ve kabuklular ile büyük bireyler bazı otçul canlılar ile beslenirler. Yumurtlama sezonu kış ve ilkbahar aylarıdır. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Hermafroditlik görülür. Kısmen ticari öneme sahip olan bu tür ağ ve gırgır ağı ile yakalanabilir. Biscay Koyu'ndan Güney Afrika'nın Mozambik kıyılarına kadar Atlantik okyanusunun doğusu ve Akdeniz'de bu türe rastlanılmaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.21. *Sparus aurata* (Linnaeus, 1758)

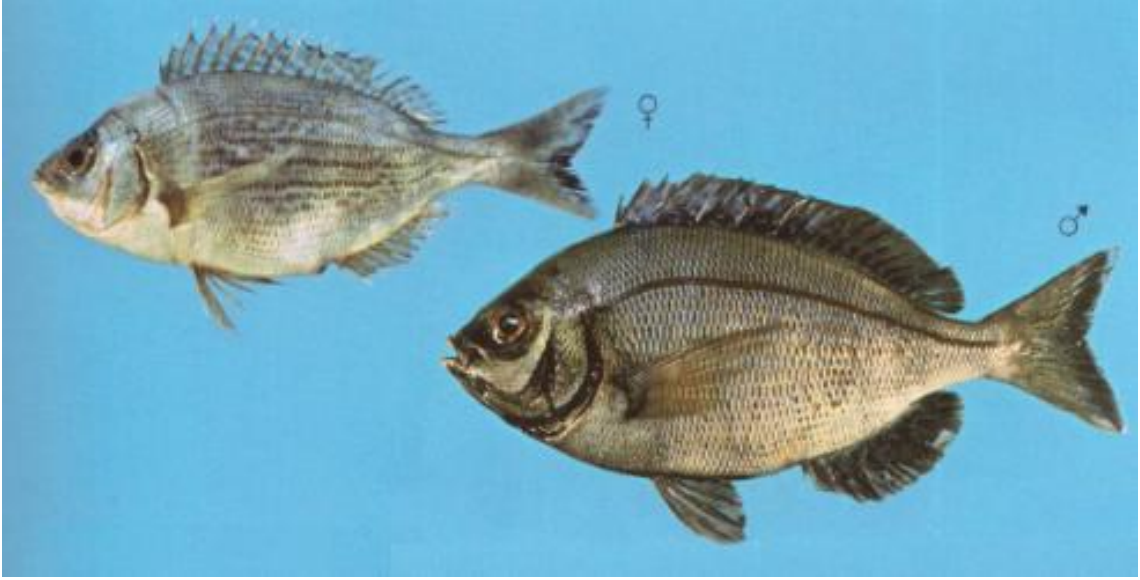


Şekil 21. *Sparus aurata* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI + 13-14; A, III + 11-12; P, 16; V, I + 5; LL, 70-85. Şekil 21'deki türün türkçe ismi çipura, alyanak olarak bilinir. Boyu ortalama 15-35 cm maksimum 60 cm boya ulaşabilmektedir. Alt ve üst çenesinin ön kısmında 4-6 tane sivri diş ve bunları takip eden sırada 2-4 sıralı azı dişi vardır. Vücudu gümüşü gri renklidir ve yanal çizgisinin başlangıcında preoperkulumunun üstünde siyah nokta vardır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Genç bireyleri 20 m derinlikte zemini kumlu ya da yosunlu sularda yaşar. Yetişkin bireyleri ise 60 m derinliklerde zemini kayalık olan sularda yaşar. Besin kaynağı olarak yumuşakçaları tüketir. Yumurtlama dönemi kasım ayından şubatı kadar olan dönemdir. Yumurtaları ve larvası planktoniktir. Hermafroditlik görülür. Yetiştiriciliği yapılan ekonomik bir türdür. Atlantik okyanusunun doğusu ve bütün Akdeniz'de dağılım göstermektedir (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.3.22. *Spondyliosoma cantharus* (Linnaeus, 1758)



Şekil 22. *Spondyliosoma cantharus* (Linnaeus, 1758) görünümü (Golani vd., 2006)

D, XI + 11-13; A, III + 9-11; P, 13-15; V, I + 5; LL, 66-75. Şekil 22'deki türün türkçe ismi sarıgöz, iskatari olarak bilinir. Boyu ortalama 15-35 cm maksimum 60 cm boya ulaşabilmektedir. Çenesinin her iki kısmında 4-6 sıralı ince sivri dişleri vardır. Azı dişi bulunmamaktadır (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

Zemini yosunlarla kaplı taşlık veya kumlu olan sularda sürüler halinde yaşar. Bitkilerle ve omurgasız canlılarla beslenir. Yumurtlama sezonu kış aylarıdır. Hermafroditlik görülür. İskandinavya'dan Angola kıyılarına kadar Atlantik Okyanusunun doğusu, Akdeniz ve Marmara denizinde bu türe rastlamak mümkündür (Bauchot ve Hureau, 1990; Golani vd., 2006).

1.4. Sistematikte Kullanılan Genetik Teknikler

1.4.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)

PZR, 1985 yılında ABD'nin Cetus şirketinden Kary Mullis, Henry A. Erlich ve Randall K. Saiki tarafından ilk uygulaması yapılan ve belirli bir DNA parçasının milyonlarca hatta milyarlarca kopyasını *in vitro* ortamda kimyasal olarak kısa zamanda yapmaya olanak sağlayan bir yöntemdir.

Bu yöntem belli aşamalardan oluşmaktadır. Birinci basamakta DNA çift sarmalının 94-97 °C arasında bir sıcaklıkta birbirinden ayrılmasından sonra sıcaklık düşürülür. İkinci basamakta, oligonükleotid primerler (15-30 nükleotid uzunluğunda) çoğaltılacak olan DNA parçası üzerinde karşılıklı olarak eşlenik dizilere primerlerin nükleotit içeriğine bağlı olarak 40-70 °C'de bağlanırlar. Primerlerin bağlanmasından sonra sıcaklık, bu polimerizasyonun (zincir uzamasının) gerçekleşmesi için uygun bir sıcaklığa çıkarılır. Son basamakta ise PZR solusyonundaki DNA polimeraz enzimi primerlerin arasında kalan bölgeyi 72 °C de sentezler. DNA çift sarmalı tekrar denature edilir, yeni primerler bağlanır ve yeni zincir sentezi tekrar tekrar gerçekleşir; Bu işlem genelde 30-50 döngü arasında tekrarlanır.

Bir ısıl döngüleyici (thermal cycler) sayesinde süreç için gerekli olan sıcaklık değişimleri ayarlanabilir. Bu süreçte genellikle, DNA polimeraz olarak termofilik bakteri *Thermus aquaticus*'dan izole edilen ve yüksek sıcaklıklarda çalışabilen *Taq* DNA polimeraz enzimi kullanılır. Bu enzim, PZR döngüleri arasında çift sarmalın açılması için gerekli olan yüksek sıcaklığa dayanabilir. Süreç oldukça basittir, ancak kontaminasyon yaratan herhangi bir DNA da bu şekilde çoğaltılabilir (Zyskind ve Bernstein, 1992).

DNA'nın başka bir DNA ile kirlenmesi PZR kullanıcısı için istenmeyen bir olaydır. Çok küçük DNA miktarının bile amplifikasyon için yeterli olduğu bir durumda, örnek hazırlanması sırasında yanlışlıkla karışan DNA'dan dolayı birçok istenmeyen PZR ürününün elde edilmesi mümkündür (Zyskind ve Bernstein, 1992).

1.4.2. DNA Dizi Analizi

DNA dizi analizi, DNA birincil yapılarının tayininde ve nükleotid baz diziliminin belirlenmesinde kullanılan yöntemdir. Analiz bir nükleik asit dizisinin diğerine hibridizasyonuna dayanır. Bu hibridizasyon sırasında radyoaktif ya da radyoaktif olmayan maddelerle işaretleme yapılır.

1960'lı yıllarda başlayan DNA dizi analizi ile ilgili araştırmalar başlıca şu şekilde gelişmiştir. 1965 yılında Robert Holley tarafından 74 nükleotidlik bir tRNA molekülünün dizi analizi yapılmıştır. 1977 yılında Allan Maxam- Walter Gilbert ve Frederick Sanger tarafından iki farklı DNA dizi analizi yöntemi bulunmuştur. Walter Gilbert ve Frederick Sanger DNA dizi analizi üzerine yaptıkları çalışmalardan dolayı 1980 yılında kimya alanında Nobel ödülü kazanmışlardır. 1982 yılında Akiyoshi Wada DNA dizi analizinin otomatik olarak yapılmasını önermiştir ve robotlar geliştirilmeye başlanmıştır. 1986 yılında California Teknoloji Enstitüsü'nden (Caltech) Leroy Hood ve Llyod Smith tarafından DNA dizi analizinde kullanılacak tam otomatik bir makine geliştirmiştir. 1990 yılında Edward Uberbacher tarafından bir gen bulma programı olan Grail kullanılmaya başlanmıştır. 1992 yılında 21. kromozomun DNA dizi analizi tamamlanmıştır. 1995 yılında Craig Venter, Claire Fraser ve Hamilton Smith tarafından *Haemophilus influenzae*' ya ait ilk DNA dizisi yayınlanmıştır. 1996 yılında ulusal bir kurul tarafından bir ekmek mayası türü olan *Saccharomyces cerevisiae*'nin DNA dizisi yayınlanmıştır. 1998 yılında Sanger Center ve Washington Üniversitesi bilim adamları tarafından *Caenorhabditis elegans*' in DNA dizisi açıklanmıştır. 1999 yılında İngiltere, Japonya ve ABD'den bilim adamları tarafından insanın 22. kromozomunun DNA dizisi tamamlanmıştır. 2000 yılında Celera ve işbirliği içinde olduğu üniversiteler tarafından *Drosophila melanogaster*' in DNA dizisi açıklanmıştır. 2000 yılı Haziran ayı içinde İnsan Genom Projesi katılımcıları ve Celera' nın insan gen haritası taslağını tamamladığı açıklanmıştır. *Arabidopsis thaliana* 2000 yılında DNA dizisi açıklanan ilk bitki olmuştur. 2003 yılında Whitehead Enstitüsünde görevli David Page ve arkadaşları Y kromozomunun dizi analizini tamamlamışlardır (Zülal, 2001).

DNA Dizi Analizinde günümüzde birbirinden farklı iki yöntem kullanılmaktadır.

Bu iki yöntem;

1- Maxam ve Gilbert'in kimyasal kırılma yöntemi (Maxam ve Gilbert, 1977).

2- Sanger zincir sonlanma yöntemi. (Sanger vd.,1977).

Her iki teknik de üç temel basamaktan oluşmaktadır.

- DNA'nın hazırlanması
- Reaksiyonlar
- Yüksek voltajlı jel elektroforezi

Bu iki yöntemden, Sanger zincir sonlanma yöntemi günümüzde daha yaygın olarak kullanılmaktadır.

1.4.2.1. Maxam ve Gilbert'in Kimyasal Kırılma Yöntemi

Bu yöntemin prensibi hidrazin, dimetil sülfat ya da formik asitin, DNA' da bulunan bazları özgül olarak değiştirmesine ve daha sonra eklenen piperidinin değişikliğe uğramış nükleotitlerin bulunduğu noktalardan zinciri kırmasına dayanır (Sambrook vd., 1989). Bu yöntemde, nükleotit dizisi saptanacak olan DNA önce 5'-ucundan ³²P ile ya da floresan bir boya ile işaretlenir. DNA' nın iki iplikçiği birbirinden ayrılarak ya da DNA uygun bir restriksiyon enzimi ile kesilerek DNA' nın yalnızca bir ucundan işaretlenmesi sağlanır. İkinci adımda ise DNA molekülleri dört tüpe ayrılarak A, C, G ya da T nükleotitlerini değiştirmek ve kırmak için gerekli tepkimeler gerçekleştirilir. Reaksiyon için kısıtlı bir süre verilerek her tüpte farklı pozisyonlardaki hedef nükleotidlerden kırılmış DNA parçaları elde edilir. Sonuçta kırılmanın olduğu pozisyona göre hepsi 5' pozisyonlarından işaretli ancak boyları birbirinden farklı bir dizi DNA fragmenti elde edilmiş olur. Elde edilen boyları gittikçe kısalan DNA dizileri, jel elektroforezi ile birbirlerinden büyüklüklerine göre ayrılır ve otoradyografi uygulanarak bantlar görüntülenir (Klug ve Cummings, 2000)

Tablo 1. Kimyasal kırılma yönteminde kullanılan kimyasallar (Sambrook vd., 1989).

Özgül Baz	Baza özgül kimyasal	Baz ayırmada kullanılan kimyasal	Zincir kırmada kullanılan kimyasal
G	Dimetil sülfat	Piperidin	Piperidin
A + G	Asit	Asit	Piperidin
C + T	Hidrazin	Piperidin	Piperidin
C	Hidrazin + Baz	Piperidin	Piperidin
A > C	Baz	Piperidin	Piperidin

Pürinlerin kırılmasında dimetilsülfat kullanılır. Dimetil sülfat ile metillenen DNA'ya bazik ortamda piperidin uygulanırsa DNA guanin bazından kırılır. Bazik ortam yerine asidik ortam tercih edilirse bu sefer de DNA guanin yerine adenin bazından kırılır (Klug ve Cummings, 2000).

Pirimidin bazlarının kırılmasında ise hidrazin kullanılır. Hidrazin, DNA'yı hem sitozin hem de timin bazından kırar. Bu iki reaksiyonu ayırmak için ise yüksek tuz derişimi (2M NaCl) ve bazik ortam kullanılır. Yüksek tuz derişimi ile bazik ortamda DNA sitozin bazından kırılır (Klug ve Cummings, 2000). Kimyasal kırılma yönteminde kullanılan kimyasallar ve etkin oldukları bazlar Tablo 1'de verilmiştir.

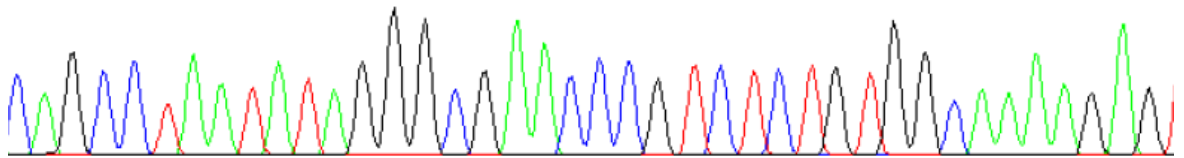
1.4.2.2. Sanger Zincir Sonlanma Yöntemi

DNA dizi analizinde kullanılan diğer bir yöntem de Sanger ve arkadaşlarının geliştirdiği yöntem olan zincir sonlanma yöntemidir (Sanger vd., 1977). Bu yöntem enzimatik DNA sentezine dayanır ve günümüzün en yaygın kullanılan DNA dizi analizi tekniğidir. Bu yöntemde nükleotit dizisi belirlenecek olan DNA zinciri yeni sentezlenecek zincir için kalıp olarak kullanılır. DNA sentezini sağlamak için Klenov, *Taq* DNA polimeraz, ters transkriptaz ya da sekuenaz enzimlerinden birisi kullanılabilir. Yöntemin temeli DNA polimerazın dNTP'lerin (deoksiribonükleozit trifosfat) yanı sıra deoksiribozun 3' pozisyonunda OH grubu taşımayan ddNTP'leri de (dideoksiribonükleozit trifosfat) substrat olarak kullanabilmesine dayanır. Sentezlenen DNA'ya bir ddNTP'nin katılması 3' pozisyonunda OH grubu olmadığı için sentezi durdurur. Dizi analizi yapılırken dört ayrı reaksiyon karışımı hazırlanır. Her bir karışım kalıp DNA zinciri, bir primer, dNTP'lerin dördü ve az miktarda ddNTP'lerden birini

içerir. Özgül zincir sonlanması için her bir reaksiyonda farklı bir ddNTP bulunur. Reaksiyonların her birinde çok az miktarda modifiye nükleotit kullanıldığı için yeni zincir sentezi rastgele sonlanarak bir dizi DNA fragmenti meydana gelir (Klug ve Cummings, 2000). Reaksiyonlar sonucu elde edilen DNA parçalarına elektroforez uygulanarak jel üzerinde yan yana yürütülür. Uygulanan elektriksel alanda DNA parçacıkları büyüklükleriyle ters orantılı olarak göç ederek jel üzerinde bir merdiven görüntüsü oluşturur. İşaretleme yöntemine göre jel üzerinde, tespit edilen parçacıklar reaksiyon karışımına konulan ddNTP' nin tipine göre okunur (Klug ve Cummings, 2000).

İnsan genom projesi ve filogenetik çalışmaları çok sayıda DNA dizi analizi yapılmasını gerektirmektedir. Bu çalışmaların iş gücü ve uzun zaman alması sebebiyle otomasyon kaçınılmaz olmuştur. Otomatik DNA dizi analizleri zaman kazancı yanında, standart çalışma koşulları ve elde edilen sonuçların değerlendirilmesinde de yarar sağlamıştır. Otomatik DNA dizi analiz, Sanger'in enzimatik DNA sentezine dayanır. Bu yöntemden tek farkı radyoaktif izotop yerine floresan boyaların kullanılmasıdır. Otomatik DNA dizi analiz cihazları basit olarak, sabit bilgisayarda yüklü programlar ile bu programların yönettiği elektroforez sistemini içerir. Elektroforetik ünitelerde bulunan lazer ışık kaynağı ile monokromatik bir ışık oluşturulur. Söz konusu DNA'nın bulunduğu jelmatriks bu monokromatik ışık ile taranır. Elektroforez süresince DNA'ya bağlanan floresan boya ışık ile taranan bölgeye geldiğinde uyarılır. Uyarılan boya kendi için karakteristik olan dalga boyunda ışığı geri yansıtır. Yansıyan bu ışık demeti bir detektör tarafından kaydedilir (Sambrook vd., 1989).

.CAGCC TAA TATAGGGCG AACCCG TC TC TG TGG CAAAAG AG



Şekil 23. DNA dizi kromatogramı

Kaydedilen veriler bilgisayar programları ile değerlendirilerek sonuçlar Şekil 23'teki kromatogram olarak bilgisayar ekranına aktarılır. Kromatogram üzerinde dört ayrı renkte pik vardır. Burada her renk bir bazı işaret etmektedir. Adenin bazı yeşil, sitozin bazı mavi, timin bazı kırmızı ve guanin bazı siyah renkle gösterilir. DNA dizi analizi cihazlarında 6 bazdan 1000 baza kadar güvenli okuma yapılabilmektedir (Sambrook vd., 1989).

1.5. Filogenetik Analiz Metotları

Filogenetik, çeşitli organizma grupları arasındaki evrimsel ilişkinin araştırmasıdır. Bu ilişkiler filogeni olarak adlandırılır. Filogenetik terimi Yunanca kökenlidir, "kabile, ırk" anlamına gelen file veya filon ve doğumla ilişkili anlamındaki genetikos terimlerinden türetilmiştir. Organizmaların sınıflandırması ve adlandırması olan taksonomi, filogenetikten büyük miktarda etkilenmiştir ama yönetsel ve mantıksal olarak farklıdır. Bu iki saha, "kladizm" veya "kladistik" olarak bilinen filogenetik sistematik bilim dalında örtüşürler. Filogenetik sistematiğe taksonları birbirinden ayırt etmek için sadece filogenetik ağaçlar kullanılır. Evrimsel hayat ağacının araştırılması için filogenetik analiz yöntemleri vazgeçilmez hâle gelmiştir (URL-1).

Evrimsel bir dallanma süreci olarak düşünülebilir. Topluluklar zaman içinde değişime uğrar ve bunun sonucu farklı dallar halinde türleşir, birbiriyle melezlenir veya tükenerek son bulur. Bu süreçler bir filogenetik ağaç olarak gösterilebilir. Filogenetiğin çözmeye çalıştığı sorun, genetik verilerin sadece bugüne ait olması, fosil kayıtlarının ise tesadüfi ve güvenilmez olmasıdır. Tüm ağacın çizilebilmesi için evrimin nasıl çalıştığı hakkındaki bilgiler kullanılır. Dolayısıyla filogenetik ağaç, evrimsel olayların meydana gelme sırasıyla ilgili bir hipoteze bağlıdır (URL-1). Filogenetik ağaç oluşturma metotları iki ana kategori içerisinde sınıflandırılabilir. Bunlar; mesafeye dayalı filogenetik metotlar ve karaktere dayalı kladistik metotlardır.

Mesafe temelli yöntemler:

- (UPGMA) Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Grup Metodu)
- Neighbour-joining (Komşu Katılım)

Karakter temelli yöntemler:

- Maksimum parsimoni
- Maksimum likelihood
- Bayesian Çıkarsama Metodu

1.5.1. Mesafe Temelli Yöntemler

Dizi hizalanması yapılarak hesaplanan dizi çiftleri arasındaki farklılıkların miktarına (mesafeye) dayanır. Dizi hizalanması sonucu hesaplanan evrimsel mesafeler, her bir dizi çifti arasındaki mesafelerin matrisinin oluşturulmasında kullanılabilirler. Matristeki bu dizi çifti arasındaki mesafe skorları ile tüm taksonlar için bir filogenetik ağaç oluşturulabilir (Felsenstein, 1987). Mesafe temelli yöntemlerden bazıları; UPGMA ve Neighbour joining yöntemleridir.

1.5.1.1. UPGMA (Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Grup) Metodu

Aritmetik ortalamayı kullanan ağırlıksız çift grup metodu bir kümelenme yöntemidir. Prosedür aşağıdaki gibidir:

- Başlangıçta her türün kendi başına bir kümeyi ifade ettiği düşünülerek mesafe hesaplaması yapılır.
- Daha sonra iki küme birleştirilip, iki kümenin ortalaması alınarak tek bir küme gibi mesafesi hesaplanır.
- Bütün türler tek bir kümede birleştirilinceye kadar aynı işlemler tekrar edilir (Li, 2004).

Bu yöntem evrimsel kökeni yansıtmaya amacı olmayan fenetik bir işlemdir. Bu yöntemde tahmin edilen mesafeler ile gerçek evrimsel mesafeler tam olarak uyuşmamaktadır. Bu da yöntemin yeterince başarılı olmadığını göstermektedir. Ağacın dalları boyunca değişiklik hızının sabit olduğunu varsayar. Bu nedenle hesaplamaları yaparken ağacın kökünü de hesaplar.

1.5.1.2. Neighbor-Joining (Komşu Katılım) Metodu

Komşu katılım yönteminde ise kümelenme temelli algoritmada olduğu gibi taksonların kökten eşit uzaklıkta olduğu varsayılmaz. Bu yöntem ile sadece bir tane ağaç oluşturulur ve diğer olası ağaç topolojileri test edilmez. Bu sorunun giderilmesi için genelleştirilmiş komşu katılım yöntemi geliştirilmiştir. Komşu katılım metodu bilgisayarlı hesaplama yoluyla hızlı ve yüksek kesinlikli filogenetik sonuçlar verdiği için ağaç oluşturmada çok yaygın olarak kullanılmaktadır (Kumar ve Gadagkar, 2000). Bu metot UPGMA metodundan oldukça hızlı ve daha iyi sonuçlar verir. Geniş veri kümelerini analiz edebilir fakat tüm olası topolojileri inceleyemez. Bu yöntem için MEGA yazılımı kullanılabilir (URL-2)

1.5.2. Karakter Temelli Yöntemler

Karaktere dayalı yöntemler atasal ilişkileri belirlemek için bilinen bütün evrimsel bilgiyi kullanır. Bu evrimsel bilgi diziler arasındaki bireysel değişimler olabilir. Bu yöntem mesafeye dayalı yöntemlere göre daha yavaştır ve daha çok bilgisayar işlemi gerektirir (Li, 2004). Karakter temelli yöntemlerden bazıları; Maksimum parsimoni (MP), Maksimum likelihood (ML) ve Bayesian çıkarsama metodudur.

1.5.2.1. Maksimum Parsimoni (Farklılıkları En Aza İndirme Yöntemi)

Maksimum parsimoni (MP) yöntemi çok az bir hipotez gerektirdiğinden dolayı bu yöntemde verilerin en basit şekilde açıklanması tercih edilmiştir. Bu yöntemde ortak bir atadan türediği için bütün dizilerin en az değişmiş olduğu ağaç MP ağacı olarak kabul edilir (Li, 2004). İki birim arasında en az değişiklik gerektiren ağaç en makul olan ağaçtır. İncelenen diziler ya da genetik uzaklıklar ile uyumlu bir ağaç elde etmek için gerekli en az mutasyonların saptanmasına dayanan bir yöntemdir. MP, minimum evrimsel metot (parsimoni = tutumluluk) olarak tanımlanabilir. MP analizi ile en iyi sonuçlar dizi çiftleri arasındaki benzerliklerin çok güçlü olduğu ve az sayıda dizinin olduğu durumlarda alınır. MP ile ağaçların oluşturulmasında kesin ve tahmini yaklaşımlar söz konusudur. Maksimum parsimoni metodunu kullanmak için en çok tercih edilen yazılım PHYLIP'tir (URL-3). Bu alanda oldukça kabul gören bir program da ücretli yazılım olan PAUP'tur (URL- 4).

Mitokondriyal DNA (mtDNA) analizinin son yıllarda farklı gruplar, populasyonlar, türler arasındaki evrimsel ilişkinin anlaşılabilmesi için filogenetik çalışmalarda kullanılabilirliği ispatlanmıştır. Bu çalışmalarda mtDNA'nın tercih edilmesi için birçok neden bulunmaktadır. Mitokondri genomu, filogenetik çalışmalar için yararlı olan pek çok özelliğe sahiptir (Avise, 1994).

MtDNA haploid ve maternaldir yani bir ovumun sitoplazması yoluyla kalıtılır. Bununla birlikte, birkaç çalışmada heteroplazmi (bir bireyin birden fazla farklı mtDNA içermesi) olduğu rapor edilmiştir (Moritz vd., 1987; Bentzen vd., 1988; Moritz, 1991).

Heteroplazmi, tirsi balığı (Birmingham vd., 1986), Atlantik ringası (Bentzen vd., 1988), hamsi (Magoulas ve Zouros, 1993) ve mersin balığında (Eroğlu, 2009) olmak üzere birkaç balık türünde görülmüştür.

İnsersiyon - delesyon nadir olmasına rağmen bir çok baz değişimleri nokta mutasyon şeklindedir (Avise, 1994). MtDNA'nın evrilme hızı çekirdek DNA'dan 5-10 kez daha yüksektir (Brown vd., 1979). Akraba türler ve populasyonlar arası filogenetik analizlerde bilgi verici bir faktör olan yüksek evrimleşme hızı, sıklıkla rastlanan nokta ve parça mutasyon varlığından kaynaklanmaktadır (Brown vd., 1982). MtDNA'nın değişik bölgeleri arasındaki evrim hızı farklılığı, taksonomik düzeyde birkaç balık grubunun taksonları arasındaki genetik çalışmaları gerçekleştirmek için uygun bir yol sağlar (Kocher ve Stepien, 1997). Mitokondriyal DNA, türlerin ve alt türlerinin biyocoğrafyaya bağlı olaylarını incelemek için mükemmel bir araçtır (Avise, 1994).

1.7. Literatür Özeti

1.7.1. Morfolojik Çalışmalar

Sparid türleri morfolojik karakterlerden diş yapısı, yüzgeç ışın sayısı, iskelet yapısı ve rengine göre sınıflandırılmıştır (Akazaki, 1962; Smith, 1938; Smith ve Smith, 1986). Özellikle diş yapısı birçok araştırmacı tarafından alt familya ve genus sınıflandırmasında kullanılmıştır (Smith, 1938; Akazaki, 1962).

Smith, Smith ve Smith diş yapılarına ve beslenmelerine dayalı olarak Sparidae familyasını Boopsinae, Denticinae, Pagellinae ve Sparinae olarak dört alt familyaya ayıracak şekilde sınıflandırmıştır (Smith, 1938; Smith ve Smith, 1986). Ayrıca Smith ve

Smith sparidleri baş yapısına göre de sınıflandırmıştır (Smith ve Smith, 1986). Boopsinae alt familyasına ait türlerin herbivor beslenme ve dışa doğru uzun keskin dişlere sahip olduklarını, Denticinae'nin üyelerinin piscivor olarak beslendiklerini ve sivri dişlere sahip olduklarını, Pagellinae'nin üyelerinin karnivor beslenmeye evrildiği ve dışa doğru küçük sivri dişlere sahip olduklarını ve Sparinae'nin üyelerinin ise yine karnivor beslenme gösterdiklerini ve azı dişlerinin var olduğunu rapor etmişlerdir. Bu çalışmanın sonrasında Akazaki Sparinae'nin üyelerinin içerisinde diş yapılarına göre bir ayırım yaparak iki yeni alt familyanın (Diplodinae ve Pagrinae) tanımını yapmıştır (Akazaki, 1962). Diplodinae alt familyasına ait türlerin çenesinin ön kısmında 6-8 tane keskin dişin bulunduğunu ve Pagrinae'nin üyelerinin ise çenesinin üst tarafında 4 azı dişi ve çenesinin alt tarafında 4-6 adet sivri dişin olduğunu belirtmiştir (Orrell ve Carpenter, 2004).

Bu çalışmaların dışında Fiedler ise sparidleri diş yapıları ve beslenme durumlarına göre Boopsinae, Denticinae ve Sparinae olarak üç alt familyaya ayırmıştır (Fiedler, 1991). Smith, Smith ve Smith'in çalışmalarına göre farkı Pagellinae'yi Sparinae alt familyası içerisinde değerlendirmiş olmasıdır.

Akazaki ayrıca Sparidae, Nemipteridae ve Lethrinidae'yi iskelet yapılarının (osteoloji) benzerliğinden dolayı spariform olarak tanımlamaktadır (Akazaki, 1962). Buna ek olarak, Johnson Centracanthidae familyasında iskelet yapısının bu üç familyaya çok benzer olmasından dolayı bu gruba dahil etmiş ve Sparoidea süper familyası olarak sınıflandırmıştır (Johnson, 1980). Carpenter ve Johnson bu dört familyayı 54 morfolojik karakter üzerinden yapılan kladistik analize göre ve monofiletik bir yapı gösterdiğinden dolayı Sparoidea süper familyası içerisinde yer vermişlerdir (Carpenter ve Johnson, 2002).

Nelson ise Sparoidea süper familyası perciformes takımı içindeki diğer üyelerinde filogenetik ve morfolojik karakterler üzerinden çalışmaları yapılmadığı için sınıflandırmada bu şekilde bir isimlendirme yapılamayacağını belirtmiştir (Nelson, 2006). Centracanthidlerin daha hala filogenetik ilişkileri tam olarak aydınlatılmadığı için Sparidae familyası içerisinde yer alıp almayacağı belirsizliğini korumaktadır (Carpenter ve Johnson, 2002; Day, 2002; Orrell vd., 2002; Orrell ve Carpenter, 2004).

1.7.2. Genetik Çalışmalar

Sparidae familyasına ait *Pagrus major* (Miya vd., 2001), *Pagrus auriga* (Ponce vd., 2003), *Pagellus bogaraveo* (Ponce vd., 2008), *Parargyrops edita* (Xia vd., 2007), *Acanthopagrus latus* (Xia vd., 2008) ve *Acanthopagrus schlegelii* (Shi vd., 2012) türlerinin mitokondriyal genomu tamamen aydınlatılmıştır.

Bununla birlikte mtDNA'nın sitokrom *b* (*cyt b*) ve 16S rRNA genleri gibi balık türlerinin sınıflandırılmasında çok yaygın kullanılan genetik markırlar (Teletchea, 2009) çok sayıda ekonomik değere sahip balık türü içeren Sparidae familyasının filogenetik ilişkileri üzerine yapılan çalışmalarda da sıklıkla tercih edilmiştir. Sitokrom oksidaz alt ünite I geninin 655 bç'lik kısmi dizisi ise daha çok barkodlama çalışmalarında kullanılmaktadır. Sitokrom *b* geni evrim hızının diğer genlere oranla daha düşük olması nedeniyle taksonlar arasında filogenetik ilişkilerin değerlendirilmesinde (Meyer vd., 1990) ve daha çok tür düzeyindeki çalışmalar (Mulligan vd., 1992) kapsamında kullanılmaktadır. Mitokondriyal 16S rRNA geni ise daha da düşük mutasyon biriktirme kapasiteleri nedeniyle familya ve genus düzeyindeki filogenetik ilişkilerin değerlendirilmesi için kullanılmaktadır (Moum ve Bakke, 2001). Ayrıca, mitokondriyal DNA'nın replikasyonundan sorumlu olan ve herhangi bir protein kodlamayan kontrol bölgesi (D-loop)'de daha az sıklıkla da olsa aynı amaçla kullanılmaktadır. Kontrol bölgesinin mutasyon hızı, mitokondriyal DNA'daki protein kodlayan genlerde olduğundan 2 ila 5 kat daha yüksektir (Meyer, 1993). Kontrol bölgesi çok korunmuş fonksiyonel bölgelerin arasında yerleşik yüksek oranda değişken, kodlama yapmayan bölgelere sahiptir. Bu sebeple, kontrol bölgesindeki yüksek varyasyon son evrimsel olayları gösterebileceğinden dolayı taksonların filogenetik analizi için kullanılır (Lockhart vd., 1995). Mitokondriyal DNA'daki bu bölgelerin nükleotit dizileri üzerinden Sparidae familyası ile ilgili yapılmış çok sayıda filogeni ve populasyon çalışmaları bulunmaktadır.

Hanel ve Sturmbauer Sparidlerin ekonomik açıdan önemli türler oldukları halde filogenetik ilişkileri hakkında yeteri kadar bilgiye sahip olunmadığını belirtmişlerdir. Yayınlamış oldukları çalışmada Kuzey Doğu Atlantik ve Akdeniz de yaşayan 24 Sparidae türünün mtDNA'nın 16S rRNA geninin 486 bç'lik kısmi dizisini tanımladılar ve bu familyaya ait 24 türün filogenetik ilişkilerini ve alt familya olarak tanımlanan

taksonların ilişkilerini ortaya koymuşlardır. Yaptıkları çalışmanın sonucunda Fiedler ve Smith ve Smith'in morfometrik verileri kullanarak yaptıkları alt familya sınıflandırmasının filogenetik verilerle uyuşmadığını ifade etmişlerdir (Hanel ve Sturmbauer, 2000).

Summerer vd., mtDNA kısmi 16S rRNA geni (482 bç) ve kontrol bölgesini (461 bç) kullanarak 16 *Diplodus* türü, *Pagellus bogaraveo*, *Pagellus acarne* ve *Oblada melanura*'nın filogenisini coğrafik dağılımları üzerinden değerlendirerek yapmışlardır. *D. sargus* kompleksi içindeki kolonizasyon olaylarını takiben aşamalı türleşme hipotezi filogenetik yapılanma yoluyla tam olarak desteklenmiştir (Summerer vd., 2001).

De La Herran vd., Kuzeydoğu Atlantik ve Akdeniz kıyı sularında dağılım gösteren Sparidae familyasına ait türlerin taksonomik durumunu ve filogenetik ilişkilerini iki satelit DNA (sentromerik EcoRI ve subtelomerik DraI aileleri) ailelerine dayalı olarak inceledikleri bu çalışmada familyanın iki ana soy grubundan oluştuğunu (soy I: *Sparus*, *Diplodus*, *Lithognathus*, *Boops*, *Sarpa*, *Spondyliosoma* genusları ve *Pagellus* genusunun *P. bogaraveo* türü, soy II: *Pagrus* ve *Dentex* türleri ve *Pagellus* genusuna ait *P. erythrinus* türü) ortaya koydular. Bu sınıflandırma açık bir şekilde dış yapısına dayalı olan önceki morfolojik filogenilerle çelişmektedir. Ayrıca bazı türlerin bugünkü durumu ve filogenetik pozisyonları yaptıkları çalışmalar tarafından desteklenmemiştir. Bu sebeple bu grubun doğru sınıflandırmasının yapılabilmesi için günümüze dek kullanılan morfolojik karakterlerin değerinin tartışılması gerektiğini rapor ettiler (De La Herran vd., 2001).

Orrell vd., 33 sparid türünün filogenisini mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen dizilerini kullanarak araştırmışlardır. Bu çalışmada 10 yakın ilişkili, 10 Perciformes tür ve 2 dış grup kullanarak Sparidlerin hem kendi içerisindeki durumlarını hem de Perciformes içerisindeki ilişkilerini ortaya koymuşlardır. Aynı zamanda bu çalışma ile morfometrik verilere göre sınıflandırılan Sparoidea ve Sparidae'nin 6 alt familyasının geçerliliğini mitokondriyal genlerin filogenetik analizi ile test etmişler ve bu 6 alt familyanın monofiletik olmadığını ve *Spicara* genusuna ait türün Sparidae içerisinde yer alabileceğini belirtmişlerdir. Bütün analizlerde Lethrinidae'nin Sparidae familyasının kardeş taksonu olduğunu belirtmişlerdir (Orrell vd., 2002).

Takiben Orrell ve Carpenter, yaptıkları çalışmada ise 38 sparid türü ile birlikte Perciformes takımı içerisinde Sparidae familyasına yakın olan 17 tür ve 1 dış grup kullanarak mtDNA'nın 16S rRNA geninin kısmi dizisi (574 bç) ve Orrell vd., 2002 yılında yapmış oldukları çalışmada kullandıkları sitokrom *b* geninin tamamını ve bu iki genin birleştirilmiş dizilerini kullanarak filogenisini incelemişlerdir. Rapor ettikleri sonuçlara göre Sparoidea ve Sparidae'nin 6 alt familyasının monofiletik olmadığını filogenetik analizlerle açıklamışlardır. Filogenetik analizlerin sonucunda Sparidae familyasının iki büyük soy içerdiğini bildirmişlerdir. Dış grup olarak koydukları *Spicara* genusuna ait türün Sparidae familyası içerisinde yer almasından dolayı ve *Pagrus*, *Pagellus* genuslarında monofiletik olmayışından dolayı bir revizyon çalışması yapılmasını önermişlerdir (Orrell ve Carpenter, 2004).

Chiba vd., Sparidae familyasına ait 66 tür ve Genbank'tan yakın takson olarak değerlendirerek aldıkları 23 dış grubun mtDNA'nın sitokrom *b* bölgesi (1141 bç) baz diziliminin maksimum olasılık ve bayesian çıkarsama analizleri yoluyla filogenetik ilişkilerini incelediler. Filogenetik analizler sonucunda oluşan ağaç topolojileri Sparidae'nin diğer farklı gruplar ve Centracanthidae familyası ile monofilisini gösterdi. Oluşturulan ağaçlarda aynı zamanda Sparidae'nin alt familyalarının monofiletik olmadığını ve sonuçlarının böyle bir sınıflandırmayı desteklemediğini belirtmişlerdir. *Acanthopagrus*, *Cheimerius*, *Dentex*, *Diplodus*, *Pagellus*, *Pagrus* ve *Spicara* genuslarının monofiletik olmadığını tespiti nedeniyle Sparidae familyasının sınıflandırmasının filogenetik ilişkiler ve morfolojik karakterlerin analizi ile tekrardan gözden geçirilmesi gerektiğini belirtmişlerdir (Chiba vd., 2009).

Cawthorn vd., Güney Afrika kıyılarında dağılım gösteren içerisinde 8 adet sparidae taksonunu da içeren 53 tane ticari önemi olan balık türünün tür seviyelerini kısmi 16S rRNA (570 bç) ve 12S rRNA genleri (543 bç) üzerinden teşhis etmek için bir çalışma yapmışlar ve türlerin birbirlerine olan yakınlıklarını filogenetik analizler üzerinden değerlendirmişlerdir (Cawthorn vd., 2012).

Günümüze dek gerçekleştirilen bu çalışmalar karşımıza çıkmakta iken ülkemizde Sparidae familyasının temsilcilerinin teşhisi ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesine dair herhangi bir çalışmanın yapılmadığı görülmektedir. Bu anlamda sparid türlerinin

lkemiz denizlerinde dađılımları, varsa yeni katılan ve varlıđı bilinen taksonların genetik teŖhisi ve filogenetik iliŖkilerinin belirlenmesi hedeflenmektedir.

2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

2.1. Materyal

Bu çalışmanın hedefi olan Sparidae familyasına ait türler ülkemiz denizlerimizde biyolojik ve ekolojik özelliklerine uygun olarak dağılım gösterdikleri Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz'den yapıldı. Marmara ve Karadeniz'de Sparidae familyası az sayıda türle temsil edildiğinden örnekleme çalışması diğer denizlerimizde yoğunlaşmıştır. Örnekleme için tüm denizleri temsil edecek sayıda ve coğrafik pozisyonda seçilen lokaliteler Şekil 25'te verilmiştir.



Şekil 25. Örnekleme alanını ve seçilen lokaliteleri gösteren harita

Çalışma için gerekli olan balık örnekleri çalışma alanında avcılık yapan yerel balıkçılardan temin edildi. Sparidae familyasına ait 22 tür için toplam 138 adet örnek toplandı. Her bir türün örnek sayıları Tablo 2'de verilmiştir. Örneklenen balıkların 25-50 mg beyaz kas dokusu diseksiyon yöntemi ile alınarak % 70'lik etil alkolde fikse edildi ve çalışmanın yapılacağı Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Genetik Laboratuvar'ına getirildi.

Tablo 2. Sparidae familyasına ait türlerin toplandıđı istasyonlar ve örnek sayıları

TÜR	İSTASYONLAR						TOPLAM
	ISK	ANT	IZM	IST	SNP	TRB	
<i>Boops boops</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Dentex dentex</i>	1	-	1	-	-	-	2
<i>Dentex gibbosus</i>	1	1	1	-	-	-	3
<i>Dentex macrophthalmus</i>	2	2	2	-	-	-	6
<i>Dentex maroccanus</i>	-	1	1	-	-	-	2
<i>Diplodus annularis</i>	2	2	2	2	2	2	12
<i>Diplodus cervinus</i>	2	2	2	-	-	-	6
<i>Diplodus puntazzo</i>	2	2	2	2	2	2	12
<i>Diplodus sargus</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Diplodus vulgaris</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Lithognathus mormyrus</i>	2	-	2	2	-	1	7
<i>Oblada melanura</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Pagellus acarne</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Pagellus bogaraveo</i>	-	2	2	-	-	-	4
<i>Pagellus erythrinus</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Pagrus auriga</i>	2	2	2	-	-	-	6
<i>Pagrus caeruleostictus</i>	3	2	2	2	-	-	9
<i>Pagrus pagrus</i>	-	2	1	-	-	-	3
<i>Pagrus majör</i>	-	2	-	-	-	-	2
<i>Sarpa salpa</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Sparus aurata</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Spondylisoma cantharus</i>	2	-	2	4	-	-	8
TOPLAM	37	26	38	28	4	5	138

Not: ISK: Iskenderun, ANT: Antalya, IZM: İzmir, IST: İstanbul, SNP: Sinop, TRB: Trabzon

2.2. Yöntem

2.2.1. Genomik DNA Eldesi

Balık örneklerinin beyaz kas veya yüzgeç dokusundan DNA eldesi, Promega Wizard® Genomik DNA İzolasyon Kiti (Madison, WI, USA) protokolüne göre yapıldı.

Bir sonraki işleme kadar -20°C’de saklanan örneklerin kas dokusundan 10-20 mg kadar alınıp 1,5 ml’lik eppendorf tüpüne konuldu. Örnek başına 500 µl Nuclei Lisis çözeltisi ve 120 µl 0,5 M EDTA (pH 8) çözeltisi karıştırılıp buzda donma sınırına gelinceye kadar yaklaşık 5 dakika bekletildi. Nuclei Lisis ve EDTA karışımından 600 µl alınıp örneklerin olduđu eppendorf tüpüne konuldu. Tüpe 20 mg/ml konsantrasyonundaki Proteinaz K’ dan 20 µl eklendi. Isıtmalı çalkalayıcı cihazında

55°C’ de ve 1000 rpm’de doku tamamen parçalanıncaya kadar yaklaşık 3 saat inkübe edildi. 3 µl RNase solusyonu eklenip tüpün iyice karışması için birkaç defa ters düz edilip 30 dakika 37 °C’de inkübe edildi. İnkübasyondan sonra karışımın sıcaklığının oda sıcaklığına düşmesi için 5 dakika bekletildi ve oda sıcaklığındaki örneğe 200 µl protein çöktürme çözeltisi eklenip yüksek hızda 20 saniye vortekslendikten sonra 5 dakika buzda bekletildi. Karışım 4 dakika 16000 rpm’de santrifüj edildi. Bu aşamada çökelen protein küçük beyaz bir pellet halinde görünmektedir. DNA içeren süpernatant dikkatlice alınarak 600 µl izopropanol içeren mikrosantrifüj tüpüne aktarıldı ve karışım DNA ipliksi yapıda görününceye kadar yavaşça ters düz etmek suretiyle karıştırıldı. Bu aşamadan daha sonra 16000 rpm’de 1 dakika santrifüj edilerek çökelen DNA pellet süpernatant uzaklaştırıldıktan sonra 600 µl etanol ile yıkandı. Takiben 16000 rpm’de 1 dakika santrifüjasyondan sonra etanol mikropipet yardımıyla dikkatlice alındı. Etanolü tamamen ortamdaki uzaklaştırmak için 37°C deki etüvde 10-20 dakika bekletildi. Etanolü tamamen uzaklaştırdıktan sonra 100 µl DNA rehidrasyon çözeltisi eklenip 65 °C’de 1 saat inkübasyona bırakıldı. İzole edilen DNA kısa süreli muhafaza için 2-8 °C’de, uzun süreli muhafaza için ise -20 °C’de saklandı.

2.2.2. DNA ve PZR Ürünlerinin Kalite ve Miktarının Belirlenmesi

Genomik DNA eldesi ve PZR ürünlerinin varlığı ve büyüklüğünün tespiti için 1X TAE ve agaroz karışımı kaynatılıp soğutulurken etidyum bromür ile boyanan % 0.8 ve 1.2’lik agaroz jele yüklendi, 1X TAE tamponunu içeren elektroforez küvetinde 90 voltta 20 dakika elektrik alana maruz bırakıldı. Örneklerin yürütüldüğü agaroz jelin görüntülenmesi işlemi Quantum-Capt ST4 sistem (Vilber Lourmat, France)’deki ultraviyole transillüminatörde gerçekleştirildi. Total DNA ve PZR ürünlerinin konsantrasyonunu, saflığını ve kalitesi Nanodrop 2000C model spektrofotometre (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, USA) kullanılarak belirlendi.

2.2.3. PZR Uygulamaları ve Primer Tasarımı

Çalışmanın hedefine ulaşması için kullanılacak olan mitokondriyal DNA sitokrom *b* (*cyt b*), 16S rRNA, sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) ve kontrol bölgesi (D-loop) genleri daha önce Genbank veri tabanına girilmiş olan Sparidae familyasına ait türlerin söz konusu gen dizileri BioEdit (Thompson vd., 1997) programının ClustalW çoklu mukayese opsiyonu kullanılarak karşılaştırıldı. Daha sonra bu gen dizilerinin uç kısımlarında belirlenen korunmuş bölgelere uygun primer çiftleri FastPCR (Kalendar vd., 2009) programı yardımıyla tarafımızdan tasarlanarak ticari bir firmaya (Iontek, İstanbul) sentez ettirildi.

Tablo 3. *Cyt b*, 16S rRNA, COI ve D-loop genlerinin artırılması ve dizin analizi için kullanılan primerler.

	Primerin Adı	Nükleotid Dizisi (5'-3')	Tm Değeri (°C)	Kaynak
<i>Cyt b</i>	SpaCytF2	AATYGCTAAYCAYGCAGTAG	51.5	Bu çalışma
	SpaCytR2	AYYGTCAGCCTARBACTTT	51.3	Bu çalışma
16SrRNA	Dpl16SF	GTATGGGCGACAGAAAAGG	53.4	Bu çalışma
	Dpl16SR	ACTGACCTGGATTACTCCGG	56.1	Bu çalışma
COI	COXIF	GGCACCCCTTTACCTAGTATTTGCGG	57.4	Bu çalışma
	COXIR	AGTTTGCTTGTACCTGTACGA	57.6	Bu çalışma
	SpdCOIF	GTGGCAATCACACGCTGA	56.1	Bu çalışma
	SpdCOIR	CVAAGTGGATTTTAGTTCAGG	55.5	Bu çalışma
D-loop	SprdCRF1	YCTYCAYACHTCYAARCAACG	53.5	Bu çalışma
	SprdCRF2	GTAARCCGRACGYCGGAGG	59.5	Bu çalışma
	SGDF	GCGCCGGTCTTGTAATCCGG	61.1	Bu çalışma
	R-Pro1	ACTCTCACCCCTAGCTCCCAAAG	60.2	Ostellari vd., 1996
	SprdCRR	TGTGCCTGATACCRGCTCC	59.5	Bu çalışma

Örneklerin izolasyonundan elde edilen total DNA'lardan *cyt b*, 16S rRNA, COI ve D-loop genlerinin artırılması için Polimeraz Zincir Reaksiyonunda gerekli kimyasallar ve konsantrasyonları Tablo 4'te verilmiştir. Polimeraz Zincir Reaksiyonunu

gerçekleştirmek için Techne® TC-3000G (Bibby Scientific, Cambridge, İngiltere) model gradient özellikli PZR cihazı kullanıldı.

Tablo 4. Polimeraz zincir reaksiyonunda kullanılan kimyasallar.

Kimyasallar	Konsantrasyon	Cyt <i>b</i>	16S rRNA	COI	D-loop
5X PZR tamponu		10µl	10µl	10µl	10µl
dNTP karışımı	10 mM	4µl	4µl	4µl	4µl
MgCl ₂	25 mM	3.5µl	3.5µl	3.5µl	3.5µl
Primerler*	10 pmol	1µl +1µl	1µl +1µl	1µl +1µl	1µl +1µl
<i>Taq</i> DNA polimeraz	5 U/µl	0,2µl	0.2µl	0.2µl	0.2µl
Total DNA	50 (ng/ml)	3µl	3µl	3µl	3µl
ddH ₂ O		27.3µl	27.3µl	27.3µl	27.3µl
Toplam		50µl	50µl	50µl	50µl

*İleri ve geri primerler

Primerlerin erime sıcaklığını (T_m) ve PZR için gerekli olan bileşenlerin miktarlarının optimizasyonu için gradient reaksiyonlar oluşturuldu. Sitokrom *b* geninin arttırılması için Tablo 3'teki SpaCytF2 ve SpaCytR2 primerlerinin erime sıcaklıkları (T_m) dikkate alınarak 47.0 °C ve 8 gradient (43.1-50.4 °C) bir reaksiyon oluşturuldu ve en uygun sıcaklığın 46.0 °C olduğu belirlendi. Aynı şekilde 16S rRNA geni içinde Tablo 3'teki Dp116SF ve Dp116SR primerlerinin erime sıcaklıkları (T_m) dikkate alınarak 56.0 °C ve 10 gradient (51.1-60.3 °C) bir reaksiyon oluşturuldu ve en uygun erime sıcaklığının 59.0 °C olduğu belirlendi. COI geni için Tablo 3'teki COXIF ve COXIR, SpdCOIF ve SpdCOIR primerlerinin erime sıcaklıkları (T_m) dikkate alınarak her iki çift primer için oluşturulan gradient reaksiyonlarda 52.0 °C değerinin uygun olduğu belirlendi. Kontrol bölgesinde ise 4 adet ileri primer ve bunlara karşılık 1 adet geri primer kullanıldı. SprdCRF1 ve SprdCRR primerlerinin kullanıldığı reaksiyonda 52.0 °C de en uygun bant elde edilirken diğer kontrol bölgesi ileri primerlerinin ve SprdCRR geri primerinin kullanılarak oluşturulan gradient reaksiyonlarda en uygun bantın gözlenildiği değer 57.0 °C olarak belirlendi. Primerler için uygun erime sıcaklığı

belirlendikten sonra Tablo 4'te verilen konsantrasyonlardaki kimyasallar ile Tablo 5'teki döngü koşulları kullanılarak Polimeraz zincir reaksiyonu gerçekleştirildi. PZR uygulamalarında oluşabilecek bir kirlenmenin olup olmadığını anlayabilmek amacıyla her uygulamada, genomik DNA içermeyen negatif kontroller kullanıldı.

Tablo 5. PZR döngü koşulları

	Sıcaklık (°C)	Zaman (dk)	Döngü Sayısı
İlk	94	3	1
Ayrılma			
Ayrılma	94	1	
Yapışma	46.0 ^a /52.0 ^b / 59.0 ^c /52.0 ^d -57.0 ^d	1	35
Uzama	72	1	
Son	72	7	1
Uzama			
	4	∞	

Not: a. Sitokrom *b* primerleri için erimesıcaklığı (T_m)

b. COI primerleri için erime sıcaklığı (T_m)

c. 16S rRNA primerleri için erime sıcaklığı (T_m)

d. Kontrol bölgesi primerleri için erime sıcaklığı (T_m)

PZR ürünlerinin kontrolünü gerçekleştirmek için genomik DNA'nın kalitesinin belirlenmesinde yapılan işlemler % 1'lik agaroz jel hazırlanarak tekrarlandı. PZR ürünleri 100 bç'lik DNA Leader (Promega) ile yürütülerek büyüklükleri belirlendi. Bütün işlemler tamamlandıktan sonra istenilen konsantrasyon ve büyüklükte olduğu tespit edilen PZR ürünleri DNA dizin analizi işlemine kadar -20 °C de muhafaza edildi.

2.2.4. DNA Dizini Analizi

Çift zincirli PZR ürünleri temizlendi ve dizin analizleri BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystem) kullanarak ABI PRISM 3730x1 Genetic Analyser (Applied Biosystem, USA) ile çift zincir için Macrogen Inc. (Amsterdam, Hollanda)'de gerçekleştirildi.

2.2.5. Dizi Hizalama ve Filogenetik Analiz

Cyt *b*, 16S rRNA, COI ve D-loop gen dizilerini filogenetik analizlerde kullanılmak üzere uygun hale getirmek için Bioedit versiyon 7.0.0 (Hall, 1999) yardımıyla düzenlendi. Tür içi ve türler arası genetik varyasyon ve polimorfizmin tüm ölçümleri MEGA versiyon 4.0 (Tamura vd., 2007) tarafından hesaplandı.

Haplotalar arasındaki ilişkiler, PAUP versiyon 4.0b10 (Swofford, 2003) programındaki komşu katılım (NJ: Neighbour-Joining), maksimum tutumluluk (MP: Maximum Parsimony), maksimum olasılık (ML: Maximum Likelihood) ve Bayesian çıkarım (BI: Bayesian Inference) analizleri yardımıyla tahmin edilmiştir. *Epinephelus stictus* (GenBank erişim numarası NC_021133), *Trachurus trachurus* (AB108498) ve *Morone saxatilis* (NC_014353) filogenetik analizler için dış grup olarak seçilmiştir. Maksimum olasılık ve Bayesian çıkarım analizleri için en uygun baz değişim modeli, Posada (2008)'ya göre Akaike Bilgi Kriteri (AIC) and Bayesian Akaike Bilgi Kriteri (BIC)'lerini kullanarak jModelTest 0.1.1 (Posada, 2008) programı kullanılarak belirlenmiştir. Model seçiminden sonra, NJ ve MP analizleri, PAUP programı kullanılarak hüristik (buluşsal) metoda göre jModelTest ile belirlenen en uygun baz değişim modelini Tablo 9'u dikkate alarak 10000 rasgele ilave tekrarlar oluşturmak ve TBR (Tree-bisection-reconnection) yöntemi kullanmak suretiyle gerçekleştirilmiştir. Ağaç topolojisindeki dallar arasındaki destek değerleri 1000 tekrar Seç-bağla (Bootstrap) testi (Felsenstein, 1985) ile belirlenmiştir.

Maksimum olasılık analizi buluşsal metoda göre en uygun model Tablo 9'u dikkate alarak 10 rasgele ilave kopya, TBR (Tree-bisection-reconnection) yöntemi ve 100 tekrarlı seç-bağla testi ile yapılmıştır. Bayesian analizi, ön olasılıkların Markov chain Monte Carlo (MCMC) tekniği kullanılarak elde edildiği MrBayes versiyon 3.1.2 (Huelsenbeck ve Ronquist, 2001) ile gerçekleştirilmiştir.

3. BULGULAR

3.1. 16S rRNA

3.1.1. Dizi Özellikleri

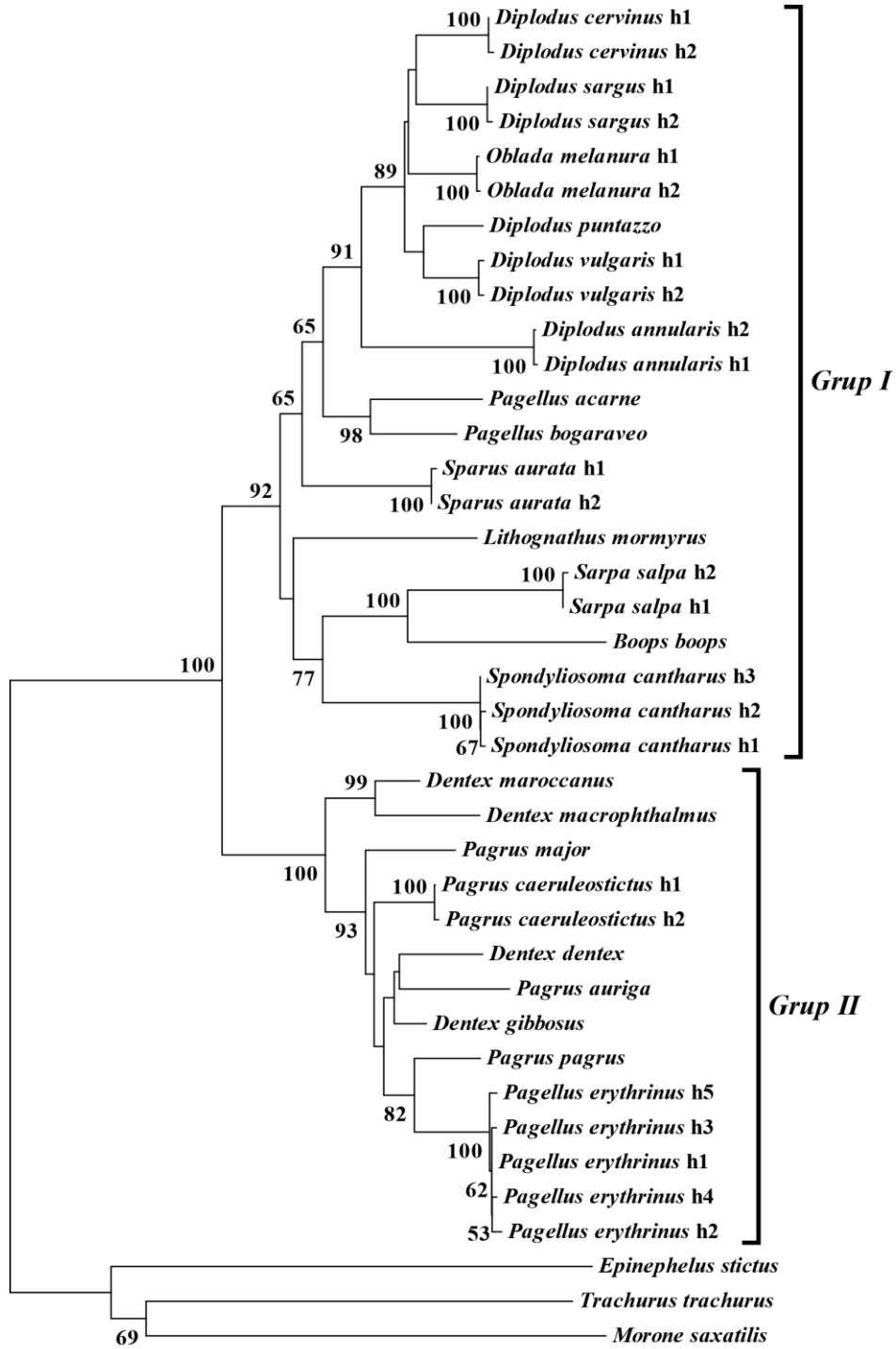
Sparidae familyasının türlerine ait 138 bireyin mitokondriyal DNA 16S rRNA geni kısmi (1008 bç) baz dizilimi çıkartılmıştır (Tablo 9). Mukayese edilen 16S rRNA geni kısmi dizisi (1008 bç) 'nın 739 (%73) pozisyonunun korunmuş ve 223 (%23)'si polimorfik bilgi verici olan 269 (%27) nükleotid pozisyonunda değişken olduğu belirlenmiştir. 16S rRNA geni itibarıyla *D. sargus* h1 dizisi referans alınmak suretiyle tanımlanan toplam 269 değişken nükleotid pozisyonu (Tablo 9) için transisyonlar transversiyonlardan daha yaygın olmakla birlikte transisyon/transversiyon oranı 2.61 olarak gerçekleşmiştir. 16S rRNA geninin dizin analizi 22 farklı türe toplamda 36 haplotipin varlığını ortaya koymuştur (Tablo 8). Taksonların dağılım gösterdiği hemen hemen tüm lokasyonlardan örneklenen Sparidae türlerinden *L. mormyrus*, *B. boops*, *D. maroccanus*, *D. macrophthalmus*, *P. major*, *D. dentex*, *P. auriga*, *D. gibbosus* ve *P. pagrus* 'un tek bir haplotip ile temsil edildiği belirlenmiştir. Bunun yanında, 16S rRNA geni dizin analizi itibarıyla bu taksonlar arasında türlere özgü olan ve her bir tür çiftini birbirlerinden kesin bir şekilde ayırma yeteneğinde 46 adet nükleotid farklılığı tespit edilmiştir. Ayrıca iki 16S rRNA haplogrubu arasındaki ikili dizin farklılığı 0.1116, grup içi genetik varyasyon ise grup I için nisbeten daha yüksek olup 0.0724, grup II içinde ise 0.0399 olarak belirlenmiştir.

3.1.2. Filogenetik İlişkiler

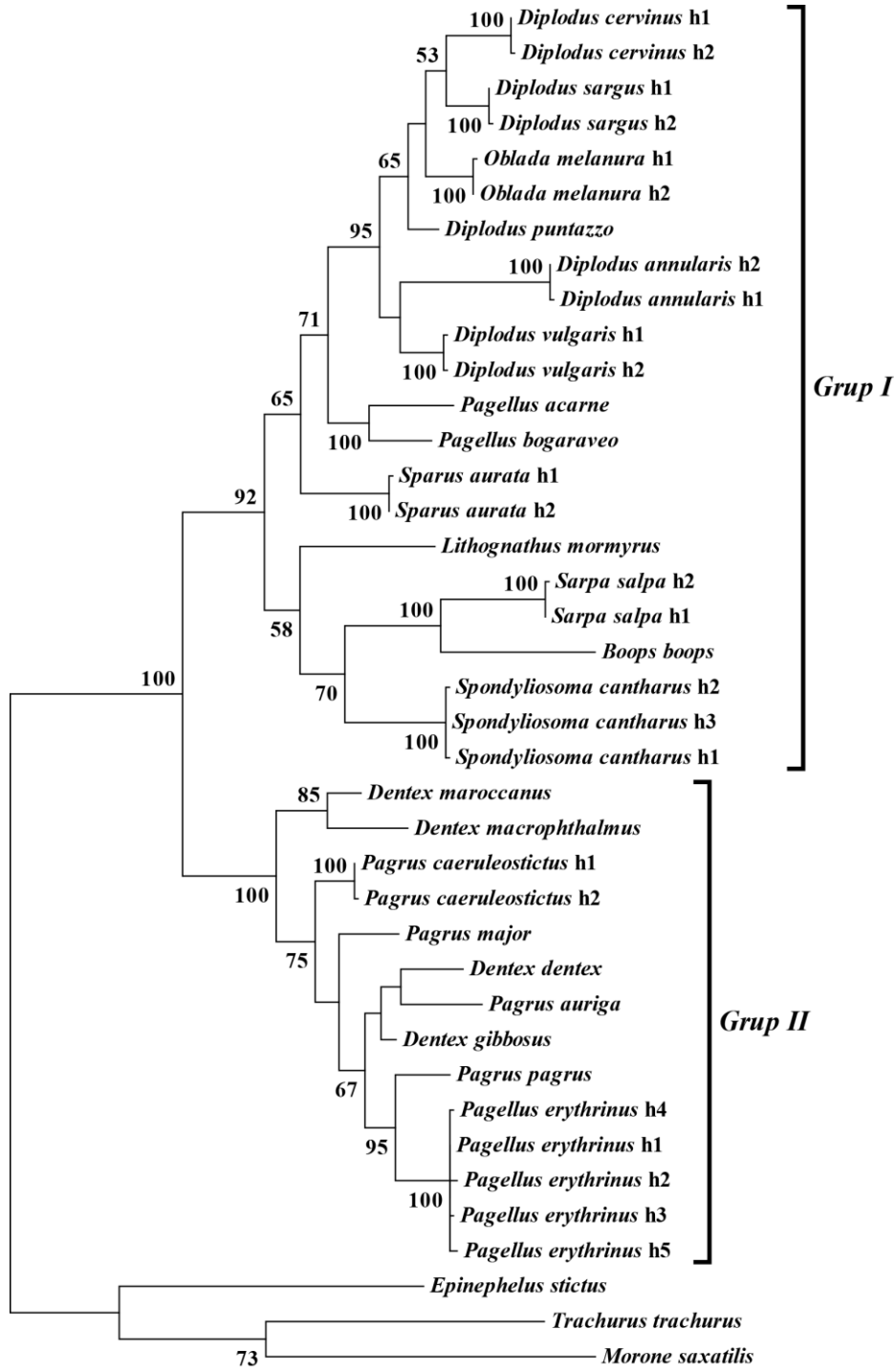
Sparidae familyasının Türkiye kıyı sularında dağılım gösteren 22 türünün mitokondriyal 16S rRNA haplotiplerinin tüm filogenetik analizleri için dış grup olarak *E. stictus*, *T. trachurus* ve *M. saxatilis* kullanılmıştır. NJ, MP, ML ve Bayesian çıkarsama analizleri sonucu ortaya çıkan ağaç topolojileri hemen hemen birbirinin aynıdır ve yüksek seç-bağla değerleri (NJ:65-100, MP:58-100, ML:58-100 ve BI:0.86-1.0) ile hem türlerin familya içerisindeki pozisyonlarını hem de alt familya düzeyindeki gruplanmayı desteklemektedir (Şekil 26, 27, 28, 29). Bütün filogenetik ağaçlarda

monofiletik Sparidae iki ana grup ortaya çıkarmıştır. Birinci grup *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus*, *Sparus*, *Lithognathus*, *Sarpa*, *Boops* ve *Spondylisoma* genusuna ait türleri içermektedir. İkinci grup ise *Dentex*, *Pagrus* ve *Pagellus* türlerini kapsamaktadır.

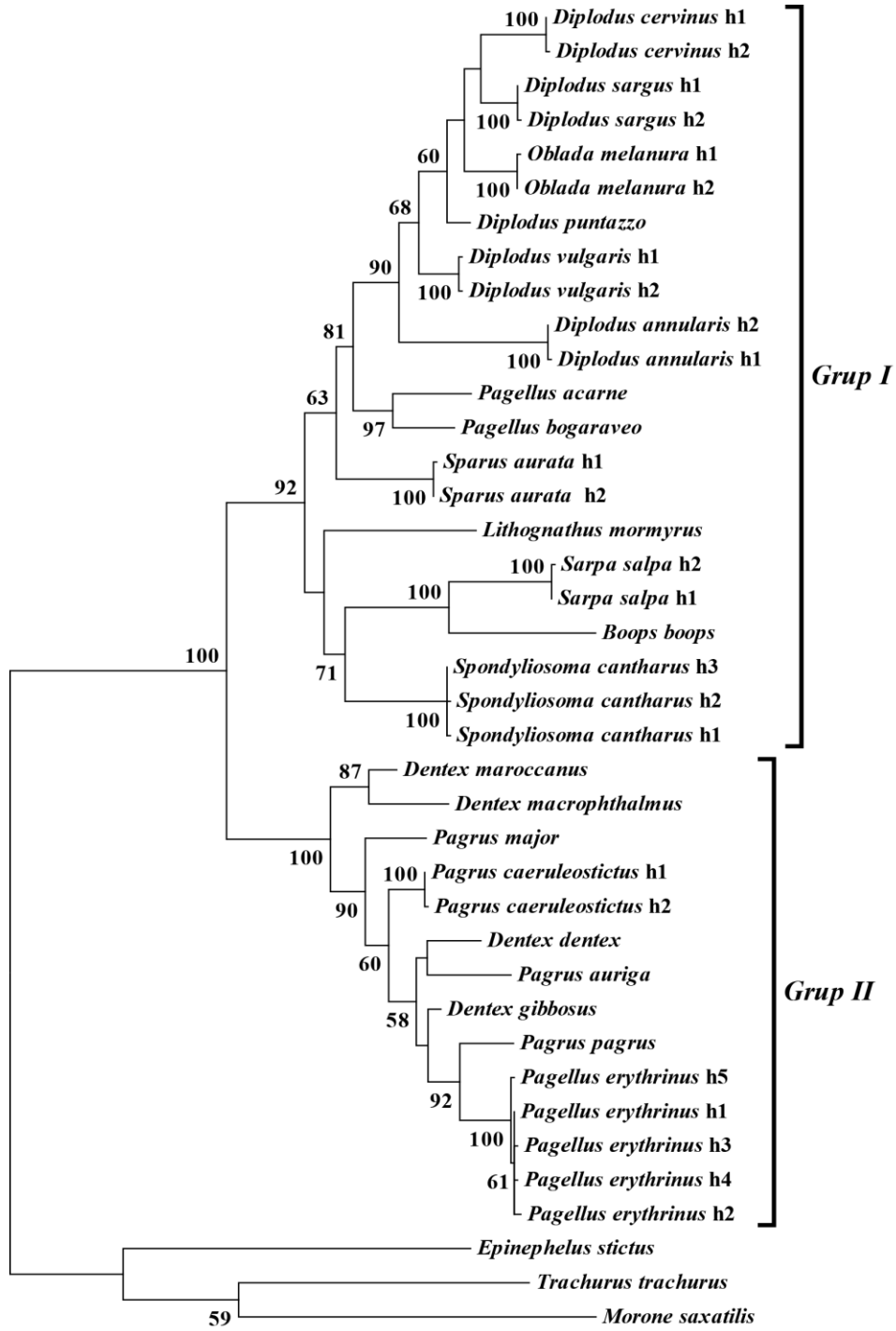
Oblada genusunun tem temsilcisi olan *O. melanura* *Diplodus* genusu içinde *D. puntazzo* türü ile çok yakın pozisyon almıştır. Ayrıca *Pagellus* genusuna ait türlerden *P. bogaraveo* ve *P. acarne* I. grup içinde *P. erythrinus* ise II. grup içinde konumlanacak şekilde parafiletik olduğu tespit edilmiştir.



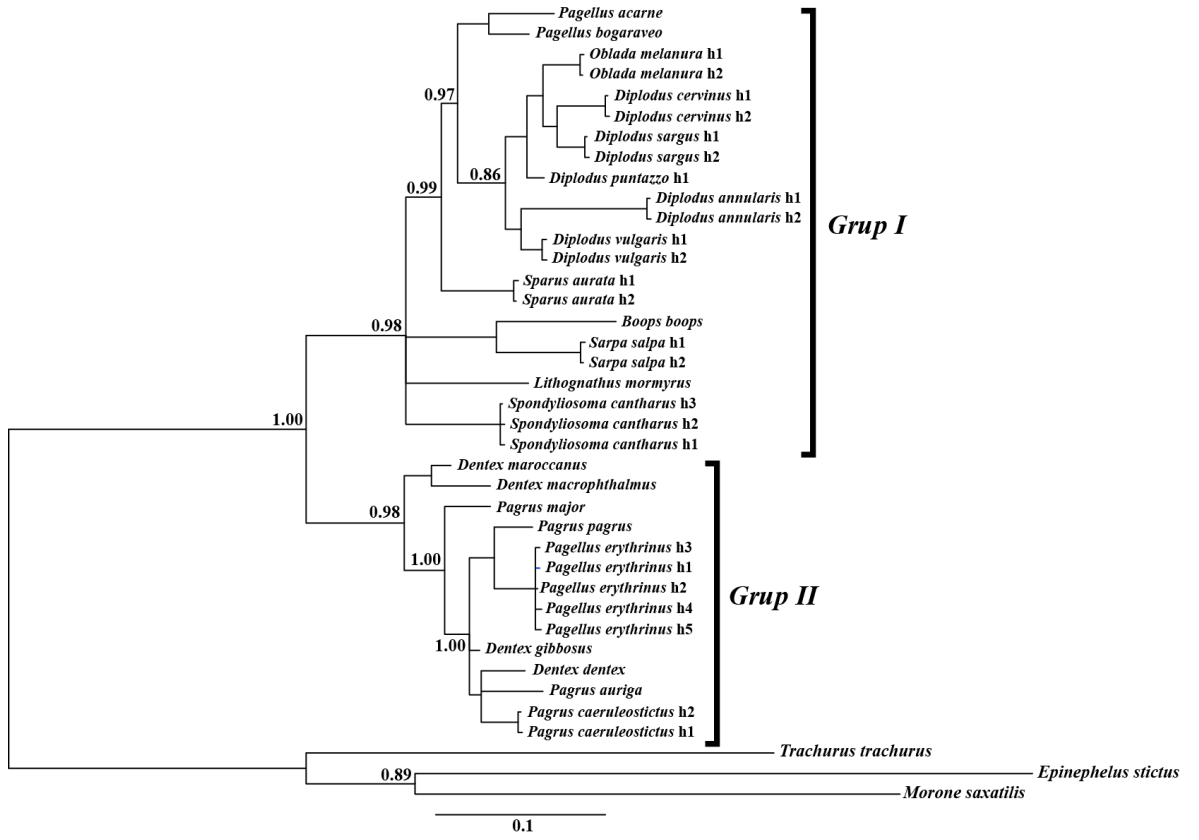
Şekil 26. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rRNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 27. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rDNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 28. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rRNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 100 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 29. Sparidae türlerine ait mitokondriyal 16S rDNA dizilerinden belirlenen toplam 36 adet haplotipin Bayesian çıkarılma (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır.

3.2. Sitokrom Oksidaz Alt Ünite I (COI)

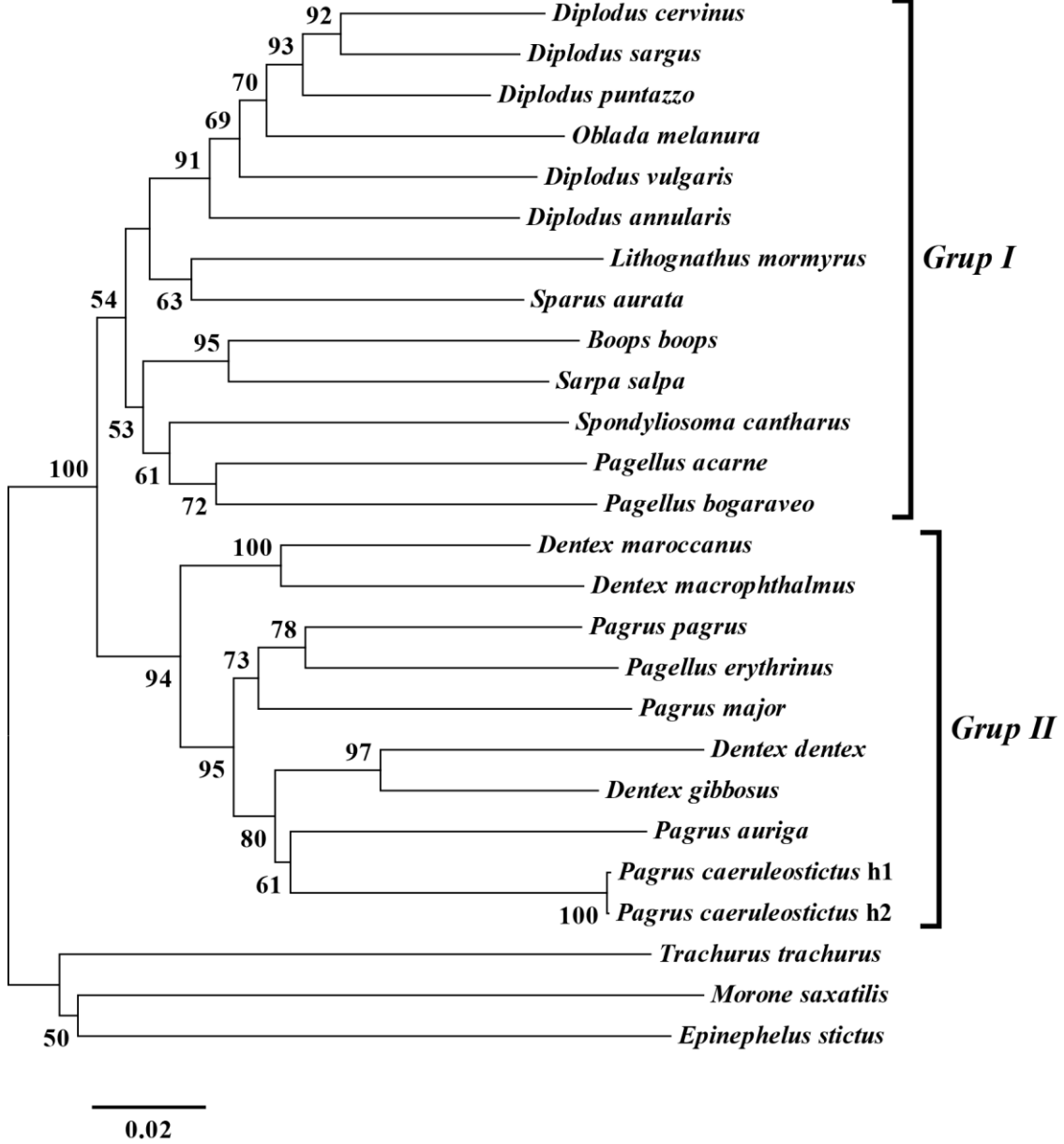
3.2.1. Dizi Özellikleri

Sparidae familyasının türlerine ait 138 bireyin mitokondriyal DNA COI geni kısmi sekansının (1092 bç) baz dizilimi çıkartılmıştır (Tablo 9). Mukayese edilen COI geni kısmi dizisi (1092 bç)'nin 699 (%64) pozisyonunun korunmuş ve 336 (%31)'si polimorfik bilgi verici olan 393 (%36) nükleotid pozisyonunda değişken olduğu belirlenmiştir. COI geni itibarıyla *D. sargus* h1 dizisi referans alınmak suretiyle tanımlanan toplam 393 değişken nükleotid pozisyonu (Tablo 9) için transisyonlar transversiyonlardan daha yaygın olmakla birlikte transisyon/transversiyon oranı 3.36 olarak gerçekleşmiştir. COI geninin dizin analizi, 22 farklı türe toplamda 23 haplotipin varlığını ortaya koymuştur (Tablo 8). Taksonların dağılım gösterdiği hemen hemen tüm lokasyonlardan örneklenen Sparidae üyelerinden *Pagrus caeruleostictus* harici tüm türlerin tek bir haplotip ile temsil edildiği belirlenmiştir. Bunun yanında, COI geni dizin analizi dağılım gösterdikleri hemen hemen tüm lokalitelerden örneklenen bu taksonlar arasında türlere özgü olan ve herbir tür çiftini birbirlerinden kesin bir şekilde ayırma yeteneğinde 57 adet nükleotid farklılığı tespit edilmiştir. Ayrıca iki COI haplotip grubu arasındaki ikili dizin farklılığı 0.1777 olarak belirlenmiştir. Grup içi genetik varyasyon ise grup I için nisbeten daha yüksek olup (0.1418) grup II içinde ise 0.1355 olarak belirlenmiştir.

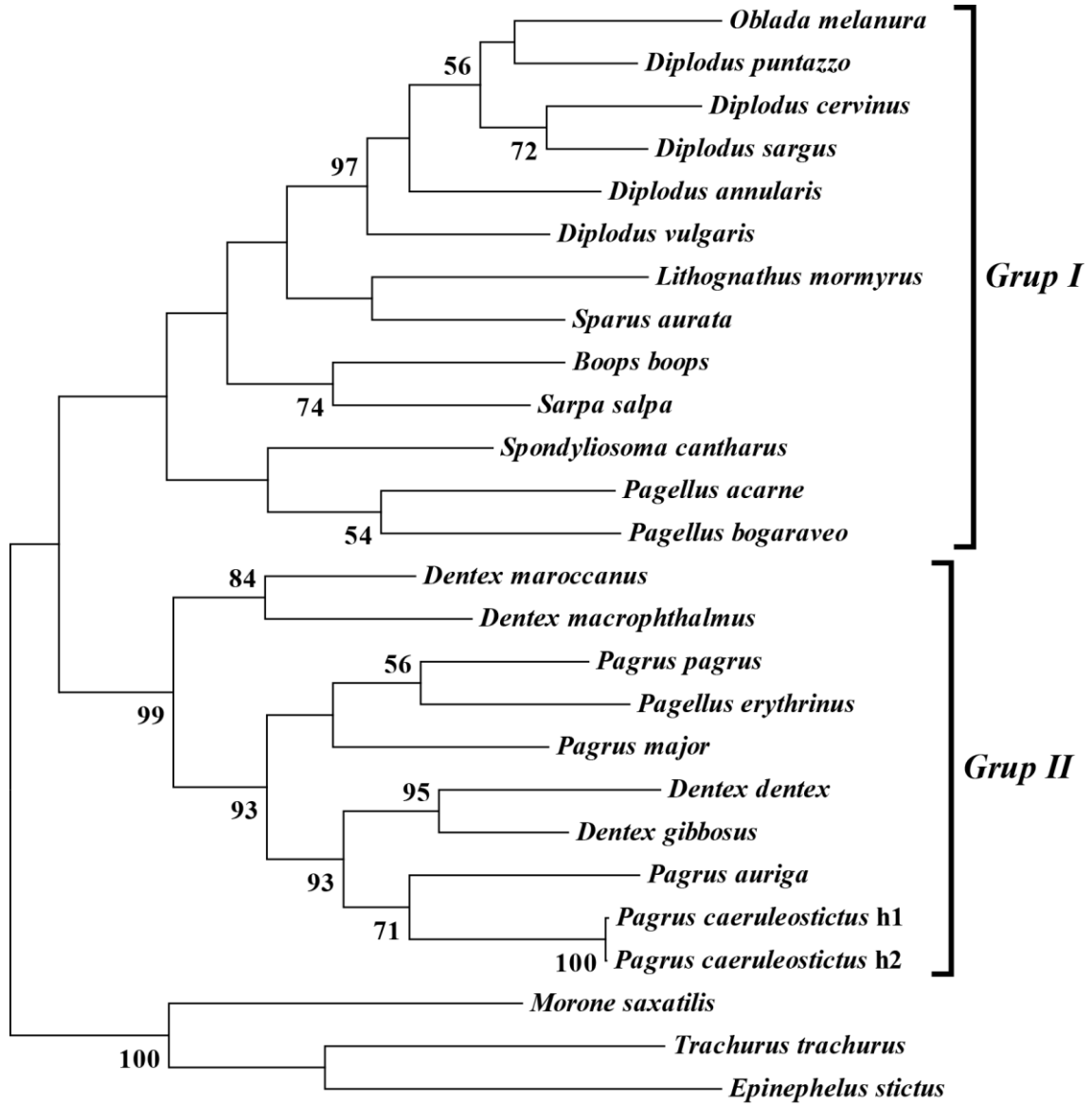
3.2.2. Filogenetik İlişkiler

Sparidae familyasının Türkiye kıyı sularında dağılım gösteren 22 türünün mitokondriyal COI haplotiplerinin tüm filogenetik analizleri için dış grup olarak *E. stictus*, *T. trachurus* ve *M. saxatilis* kullanılmıştır. NJ, MP, ML ve Bayesian çıkarsama analizleri sonucu ortaya çıkan ağaç topolojileri hemen hemen birbirinin aynıdır ve yüksek seç-bağla değerleri (NJ:53-100, MP:54-100, ML:59-100 ve BI:0.67-1.0) ile hem türlerin familya içerisindeki pozisyonlarını hem de alt familya düzeyindeki gruplanmayı desteklemektedir (Şekil 30, 31, 32, 33). Bütün filogenetik ağaçlarda monofiletik Sparidae iki ana grup ortaya çıkarmıştır. Birinci grup *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus*,

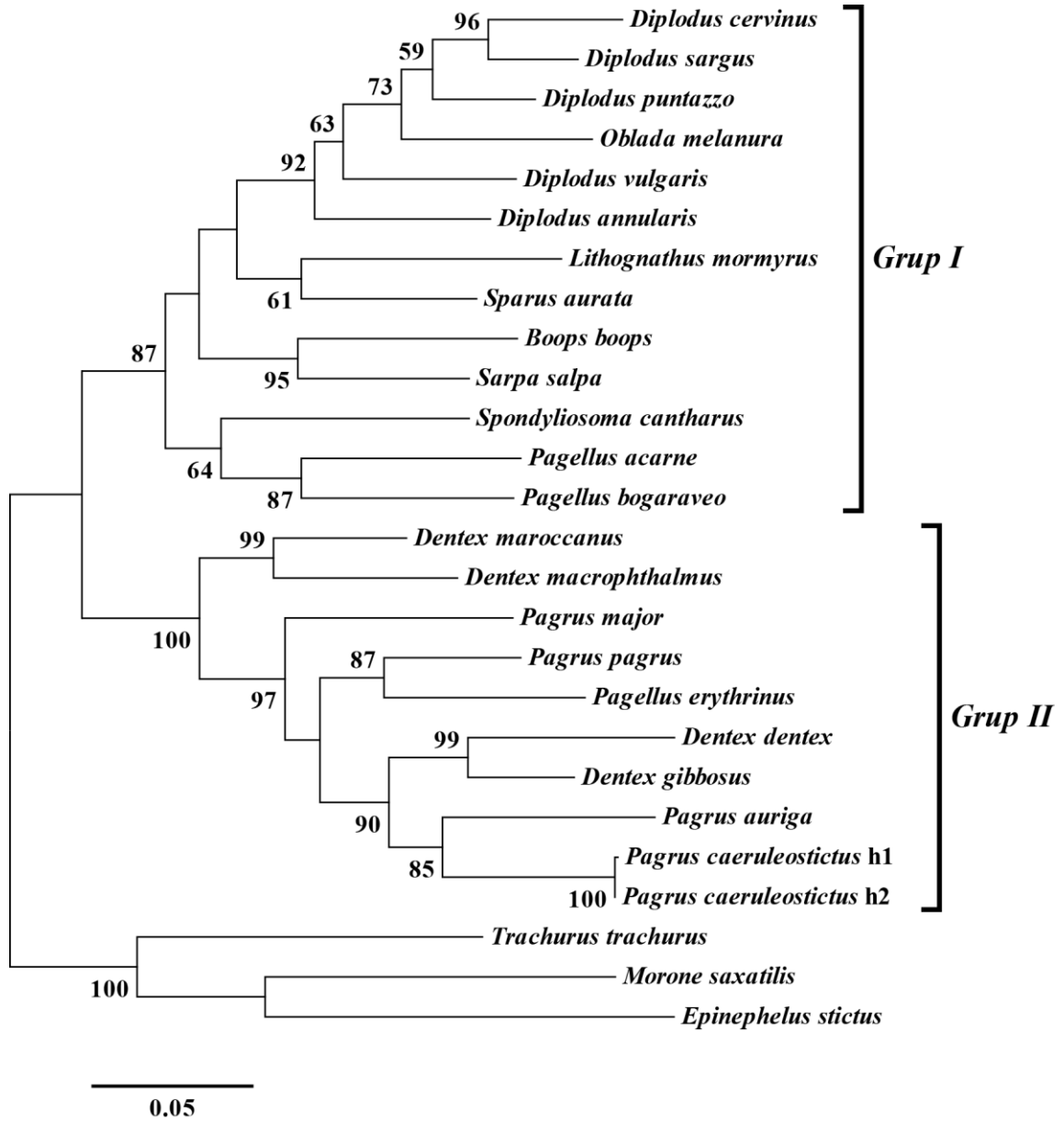
Sparus, *Lithognathus*, *Sarpa*, *Boops* ve *Spondylisoma* genusuna ait türleri içermektedir. İkinci grup ise *Dentex*, *Pagrus* ve *Pagellus* türlerini kapsamaktadır.



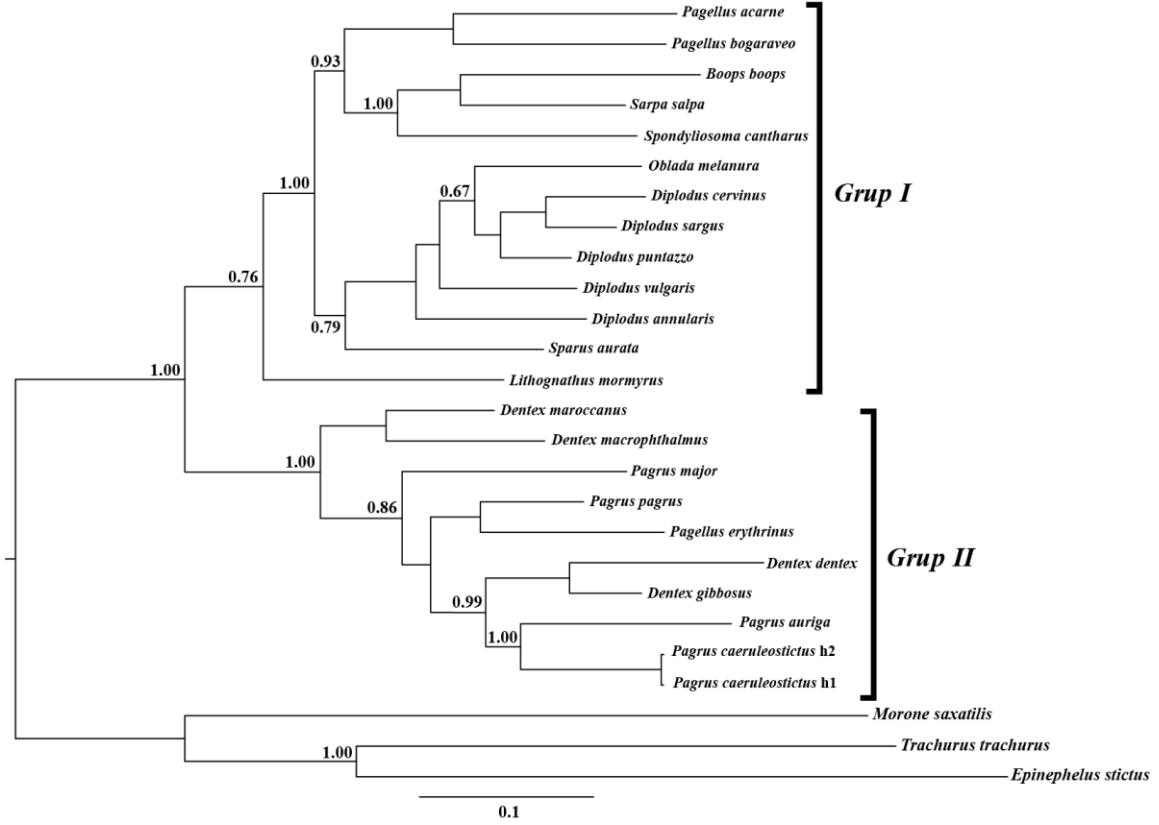
Şekil 30. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 31. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 32. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 100 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 33. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) dizilerinden belirlenen toplam 23 adet haplotipin Bayesian çıkarılma (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır.

3.3. Sitokrom *b* (Cyt *b*)

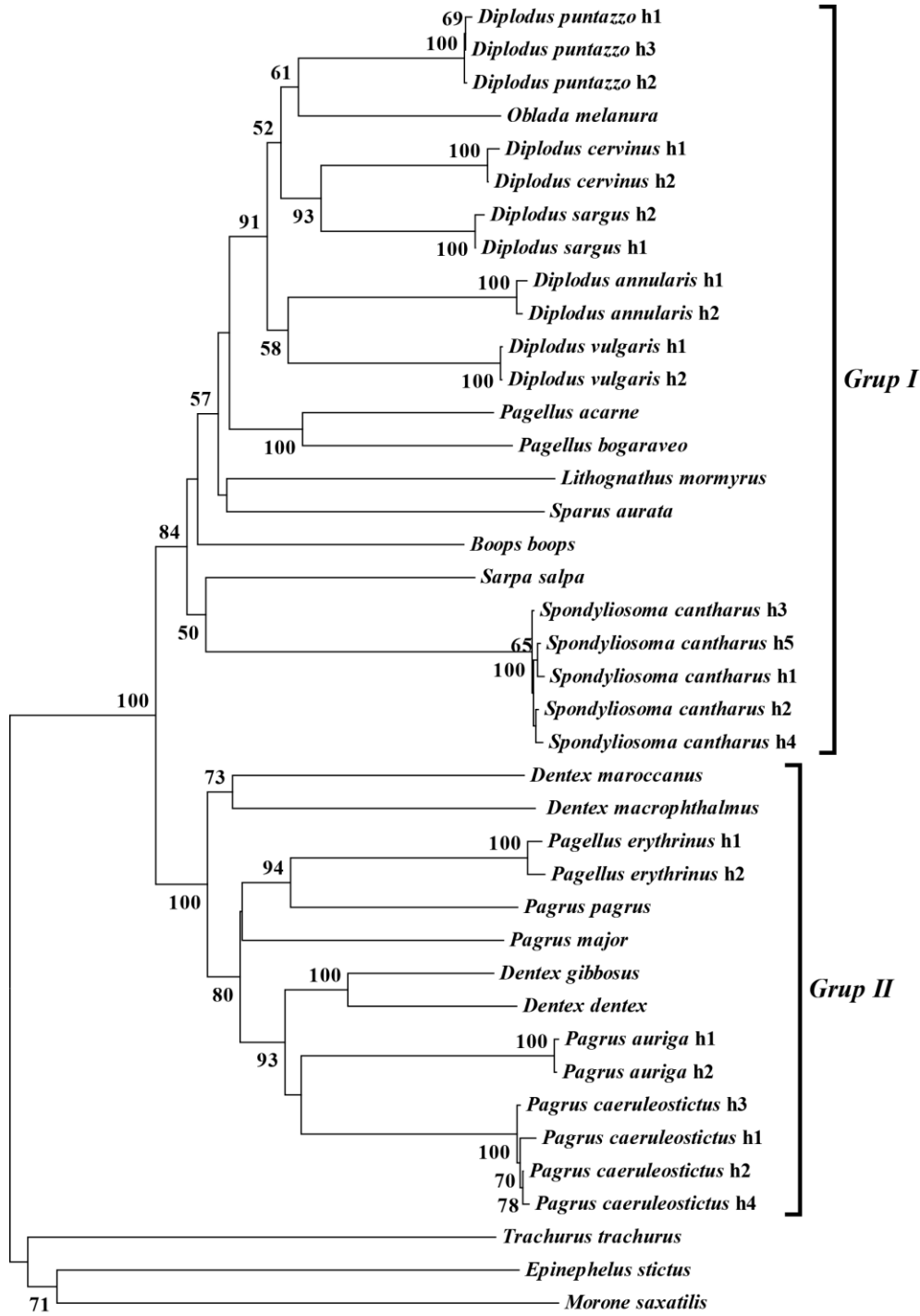
3.3.1. Dizi Özellikleri

Sparidae familyasının türlerine ait 138 bireyin mitokondriyal DNA Cyt *b* geni kısmi dizisinin (1141 bç) baz dizilimi çıkartılmıştır (Tablo 9). Mukayese edilen COI geni kısmi dizisi (1141 bç)'nin 687 (%60) pozisyonunun korunmuş ve 409 (%36)'si polimorfik bilgi verici olan 454 (%40) nükleotid pozisyonunda değişken olduğu belirlenmiştir. Cyt *b* geni itibarıyla *D. sargus* h1 dizisi referans alınmak suretiyle tanımlanan toplam 454 değişken nükleotid pozisyonu (Tablo 9) için transisyonlar transversiyonlardan daha yaygın olmakla birlikte transisyon/transversiyon oranı 3.51 olarak gerçekleşmiştir. Cyt *b* geninin dizin analizi, 22 farklı türe toplamda 37 haplotipin varlığını ortaya koymuştur (Tablo 8). Taksonların dağılım gösterdiği hemen hemen tüm lokasyonlardan örneklenen Sparidae üyelerinden *O. melanura*, *L. mormyrus*, *S. aurata*, *P. bogaraveo*, *P. acarne*, *B. boops*, *S. salpa*, *D. maroccanus*, *D. macrophthalmus*, *P. pagrus*, *P. major*, *D. dentex* ve *D. maroccanus* türlerinin tek bir haplotip ile temsil edildiği belirlenmiştir. Bunun yanısıra Cyt *b* geni dizin analizi dağılım gösterdikleri hemen hemen tüm lokalitelerden örneklenen bu taksonlar arasında türlere özgü olan ve herbir tür çiftini birbirlerinden kesin bir şekilde ayırma yeteneğinde 45 adet nükleotid farklılığı tespit edilmiştir. Ayrıca iki Cyt *b* haplotip grubu arasındaki ikili dizin farklılığı (0.2033), grup içi genetik varyasyon ise grup I için nispeten daha yüksek olup 0.1504, grup II içinde ise 0.1480 olarak belirlenmiştir.

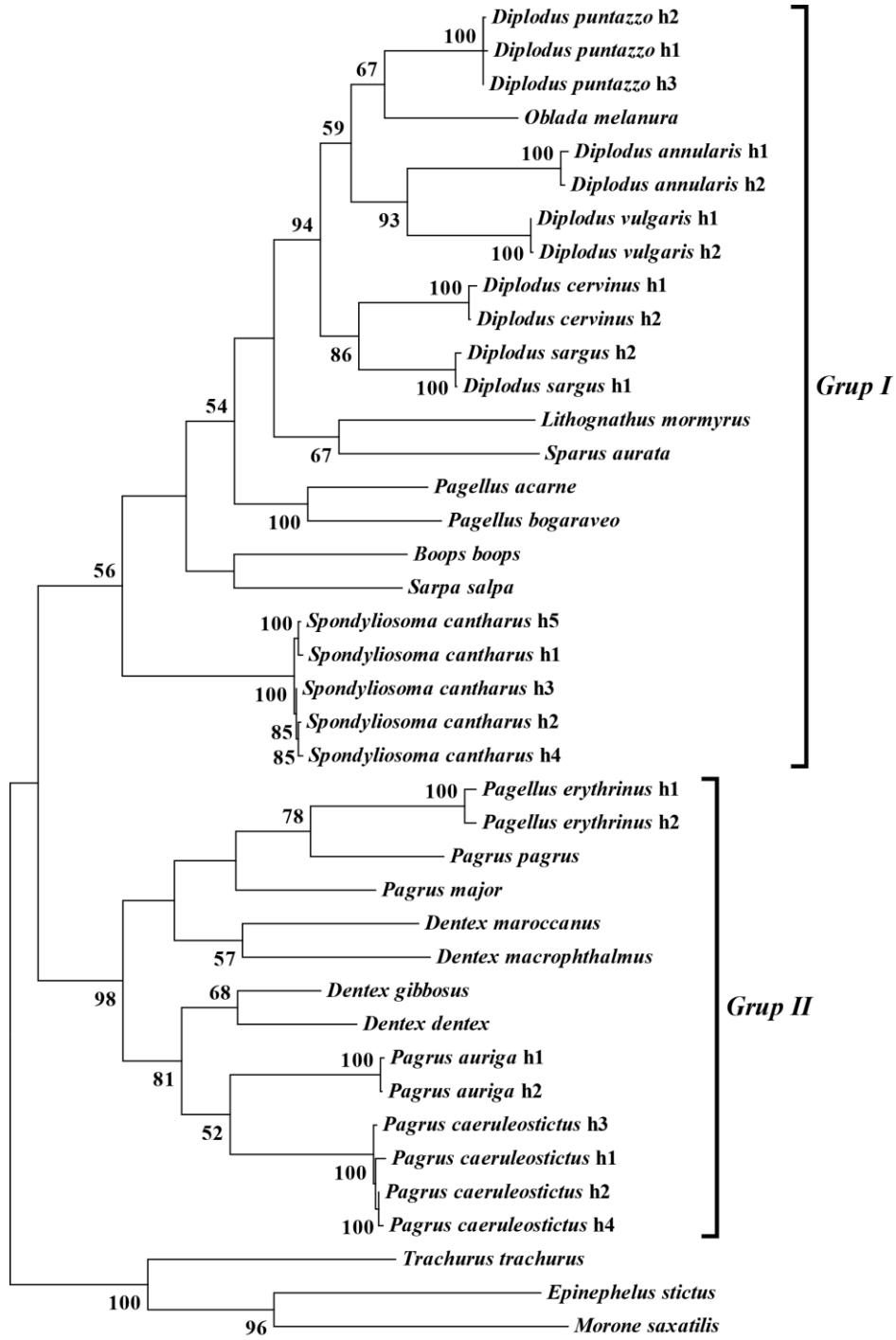
3.3.2. Filogenetik İlişkiler

Sparidae familyasının Türkiye kıyı sularında dağılım gösteren 22 türünün mitokondriyal Cyt *b* haplotiplerinin tüm filogenetik analizleri için dış grup olarak *E. stictus*, *T. trachurus* ve *M. saxatilis* kullanılmıştır. NJ, MP, ML ve Bayesian çıkarsama analizleri sonucu ortaya çıkan ağaç topolojileri hemen hemen birbirinin aynısıdır ve yüksek seç-bağla değerleri (NJ:50-100, MP:52-100, ML:53-100 ve BI:0.53-1.0) ile hem türlerin familya içerisindeki pozisyonlarını hem de alt familya düzeyindeki gruplanmayı desteklemektedir (Şekil 34, 35, 36, 37). Bütün filogenetik ağaçlarda monofiletik Sparidae iki ana grup ortaya çıkarmıştır. Birinci grup *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus*,

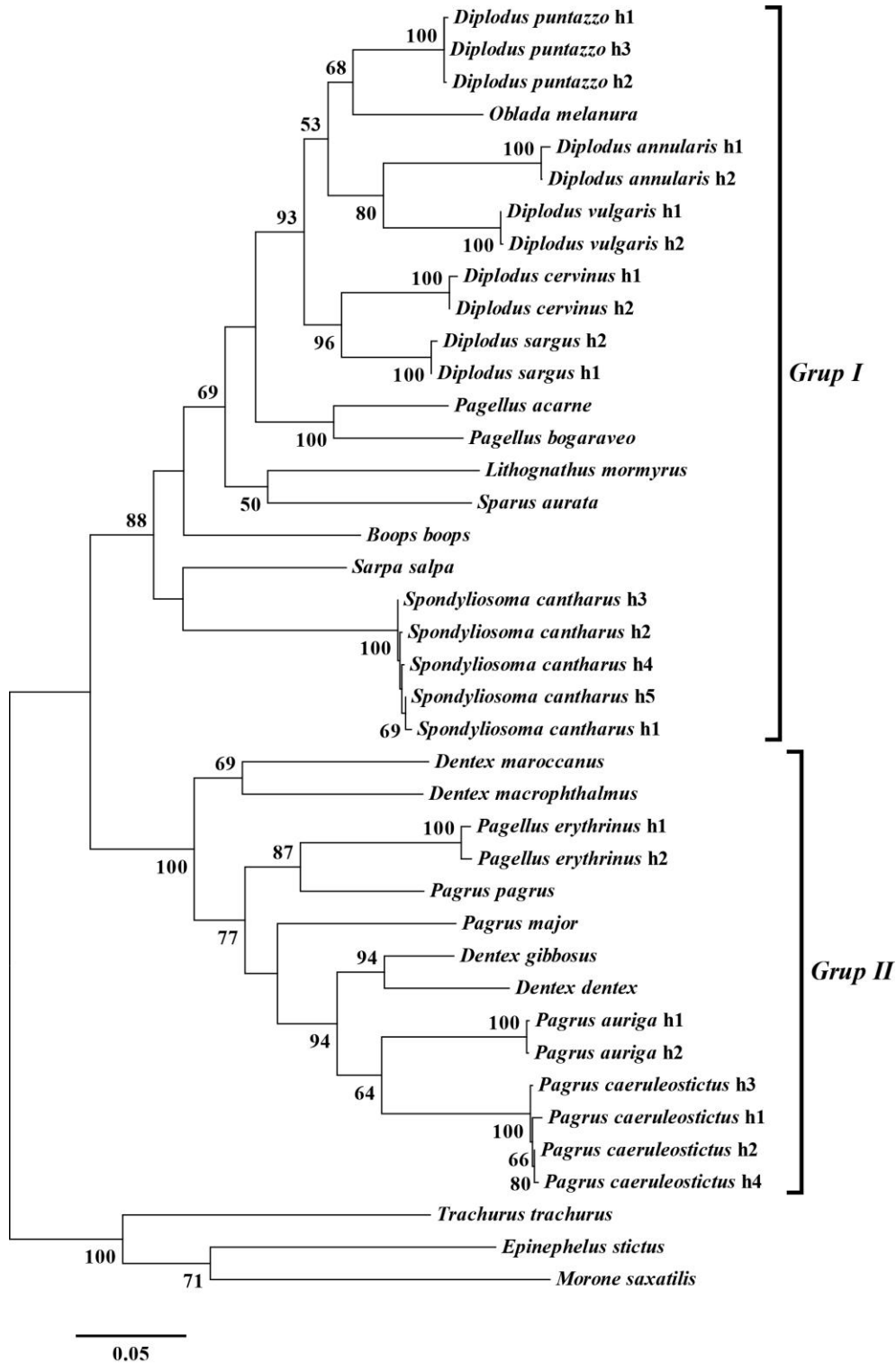
Sparus, *Lithognathus*, *Sarpa*, *Boops* ve *Spondyliosoma* genusuna ait türleri içermektedir. İkinci grup ise *Dentex*, *Pagrus* ve *Pagellus* türlerini kapsamaktadır.



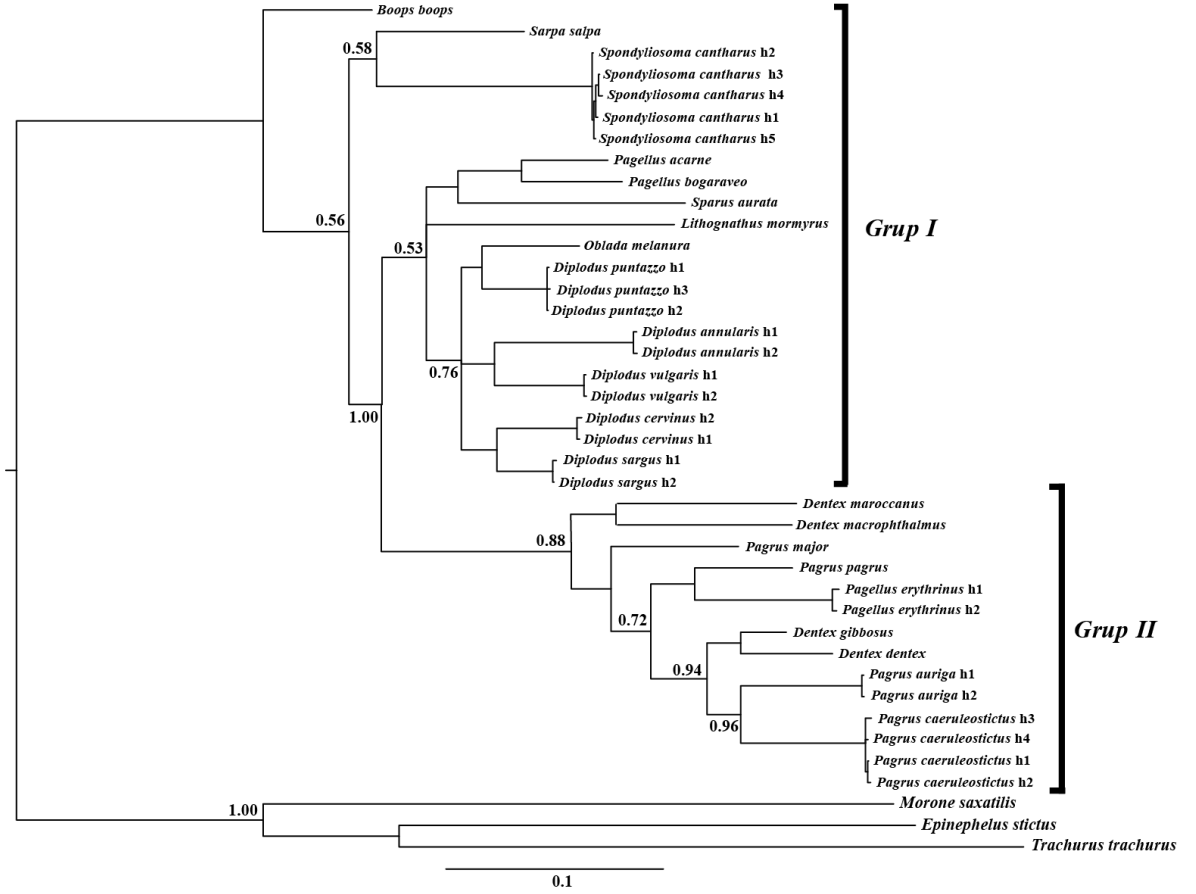
Şekil 34. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom *b* (Cyt *b*) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 35. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom *b* (Cyt *b*) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 36. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom *b* (Cyt *b*) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 100 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 37. Sparidae türlerine ait mitokondriyal sitokrom *b* (Cyt *b*) dizilerinden belirlenen toplam 37 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır.

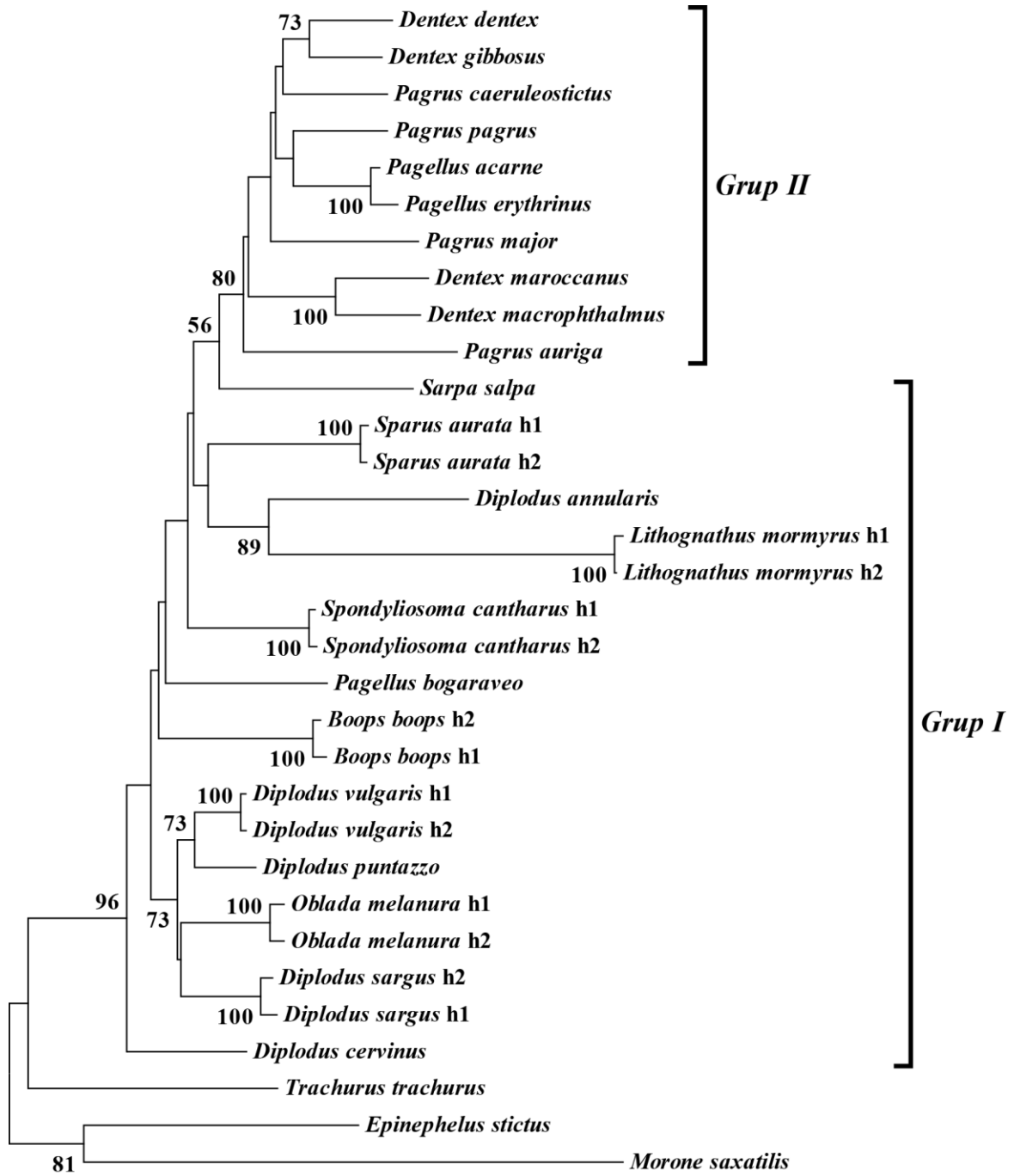
3.4. Kontrol Bölgesi (D-loop)

3.4.1. Dizi Özellikleri

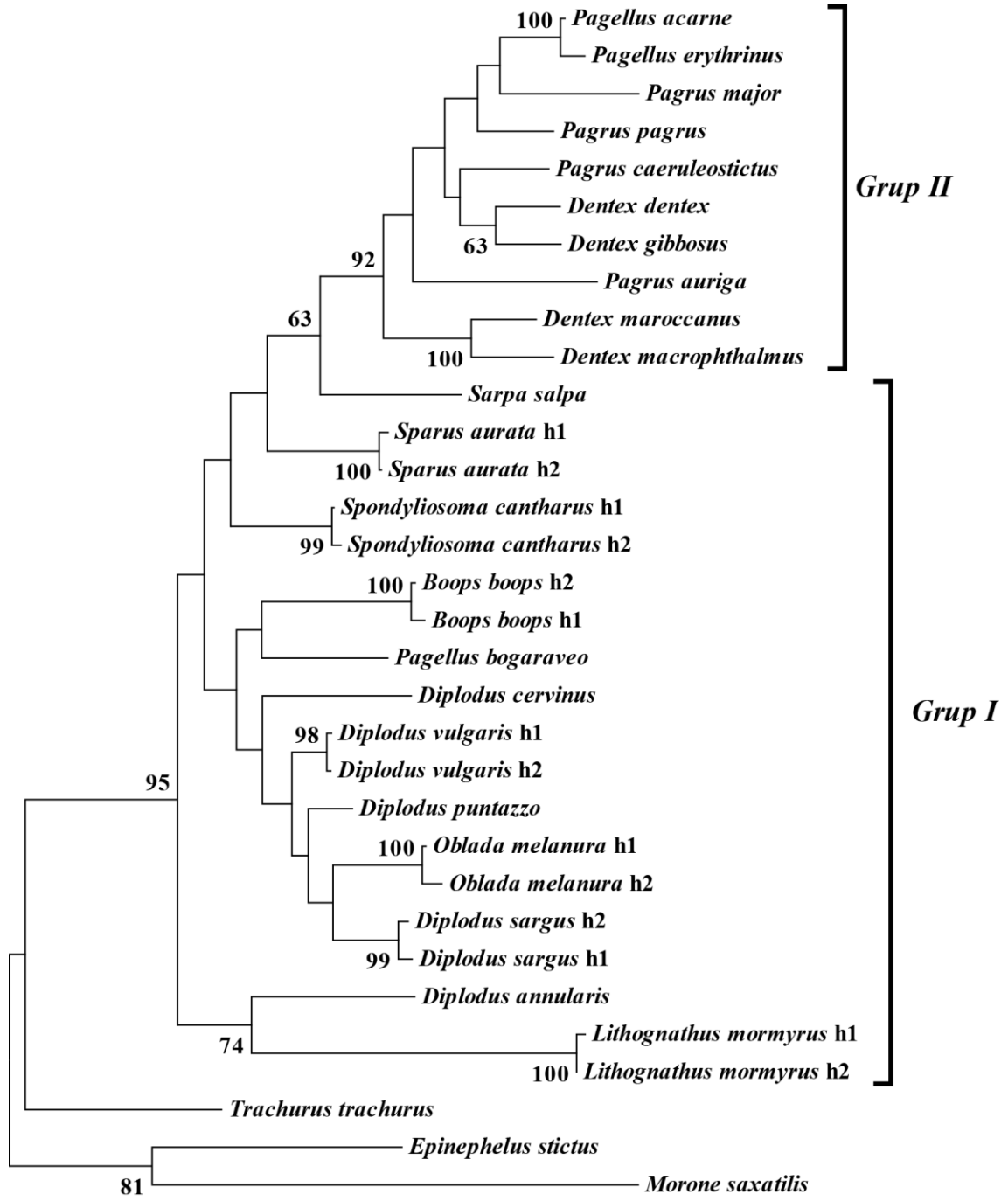
Sparidae familyasının türlerine ait 138 bireyin mitokondriyal DNA kontrol bölgesi kısmi dizisinin (321 bç) baz dizilimi çıkartılmıştır (Tablo 9). Mukayese edilen kontrol bölgesi kısmi dizisi (321 bç)'nin 65 (%20) pozisyonunun korunmuş ve 233 (%72)'si polimorfik bilgi verici olan 256 (%80) nükleotit pozisyonunda değişken olduğu belirlenmiştir. Kontrol bölgesi itibarıyla *D. sargus* h1 dizisi referans alınmak suretiyle tanımlanan toplam 256 değişken nükleotid pozisyonu (Tablo 9) için transisyonlar transversiyonlardan daha yaygın olmakla birlikte transisyon/transversiyon oranı 0.86 olarak gerçekleşmiştir. Kontrol bölgesinin dizin analizi 22 farklı türe toplamda 29 haplotipin varlığını ortaya koymuştur (Tablo 8). Taksonların dağılım gösterdiği hemen hemen tüm lokasyonlardan örneklenen Sparidae üyelerinden *Boops boops*, *Lithognathus mormyrus*, *Oblada melanura*, *Sparus aurata*, *SpondylIOSoma cantharus*, *Diplodus vulgaris* ve *Diplodus sargus* türlerinin en az 2, geri kalanların 1 haplotip ile temsil edildiği belirlenmiştir. Bunun yanı sıra kontrol bölgesi dizin analizi dağılım gösterdikleri hemen hemen tüm lokalitelerden örneklenen bu taksonlar arasında türlere özgü olan ve herbir tür çiftini birbirlerinden kesin bir şekilde ayırma yeteneğinde 23 adet nükleotid farklılığı tespit edilmiştir.

3.4.2. Filogenetik İlişkiler

Sparidae familyasının Türkiye kıyı sularında dağılım gösteren 22 türünün mitokondriyal D-loop haplotiplerinin tüm filogenetik analizleri için dış grup olarak *E. stictus*, *T. trachurus* ve *M. saxatilis* kullanılmıştır. NJ, MP, ML ve Bayesian çıkarsama analizleri sonucu ortaya çıkan ağaç topolojileri hemen hemen birbirinin aynıdır ve yüksek seç-bağla değerleri (NJ:52-100, MP:52-100, ML:53-100 ve BI:0.60-1.0) ile desteklenmektedir (Şekil 38, 39, 40, 41). Bütün filogenetik ağaçlarda monofiletik Sparidae familyasının diğer gen bölgelerinin analiz sonuçlarından farklı olarak iki ana grubu tam olarak ayıramamaktadır. Birinci gruba ait *D. annularis*, *S. aurata*, *L. mormyrus* ve *S. salpa* genusuna ait türleri ikinci grup ile yakınlaştığı görülmektedir.

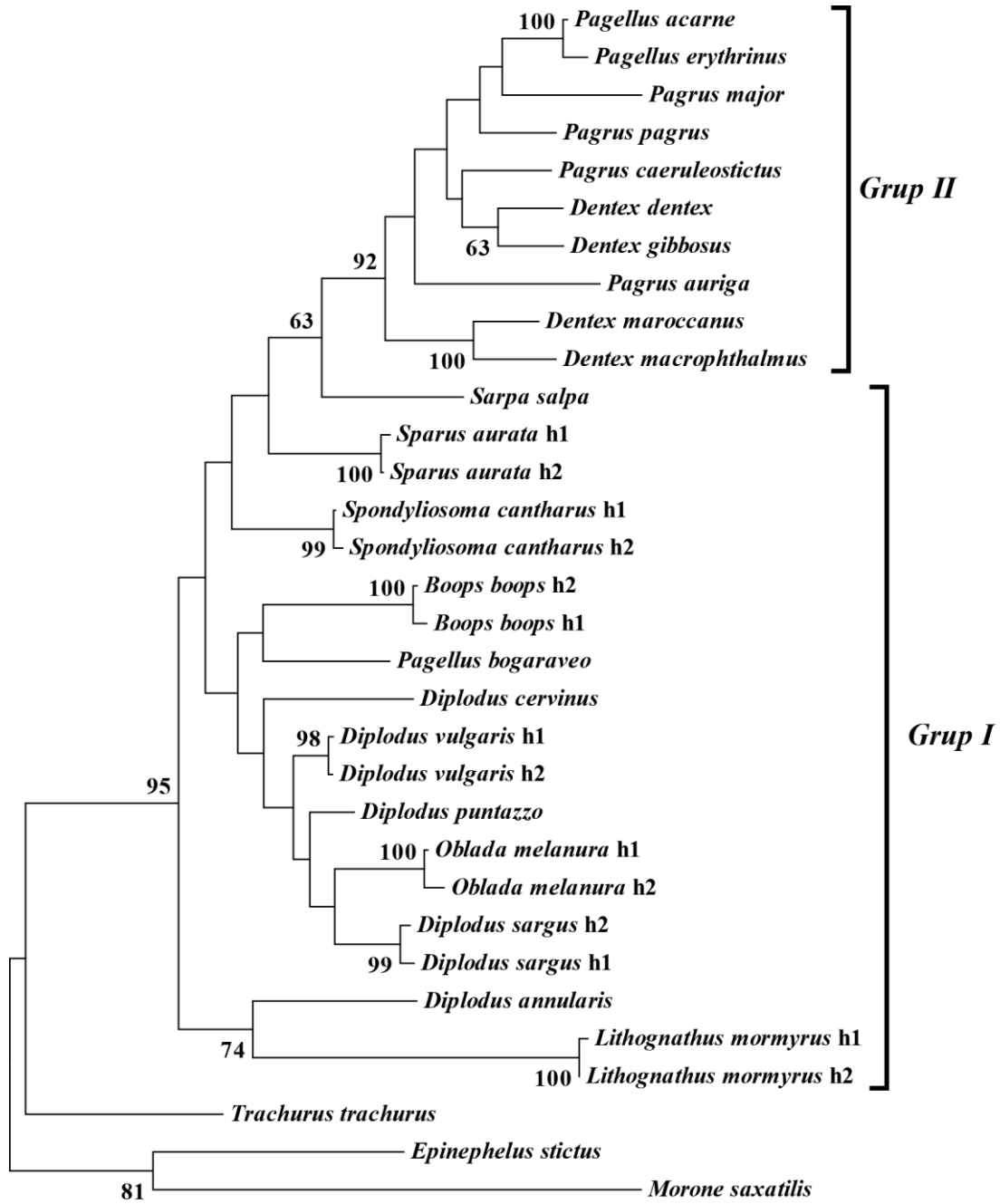


Şekil 38. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.

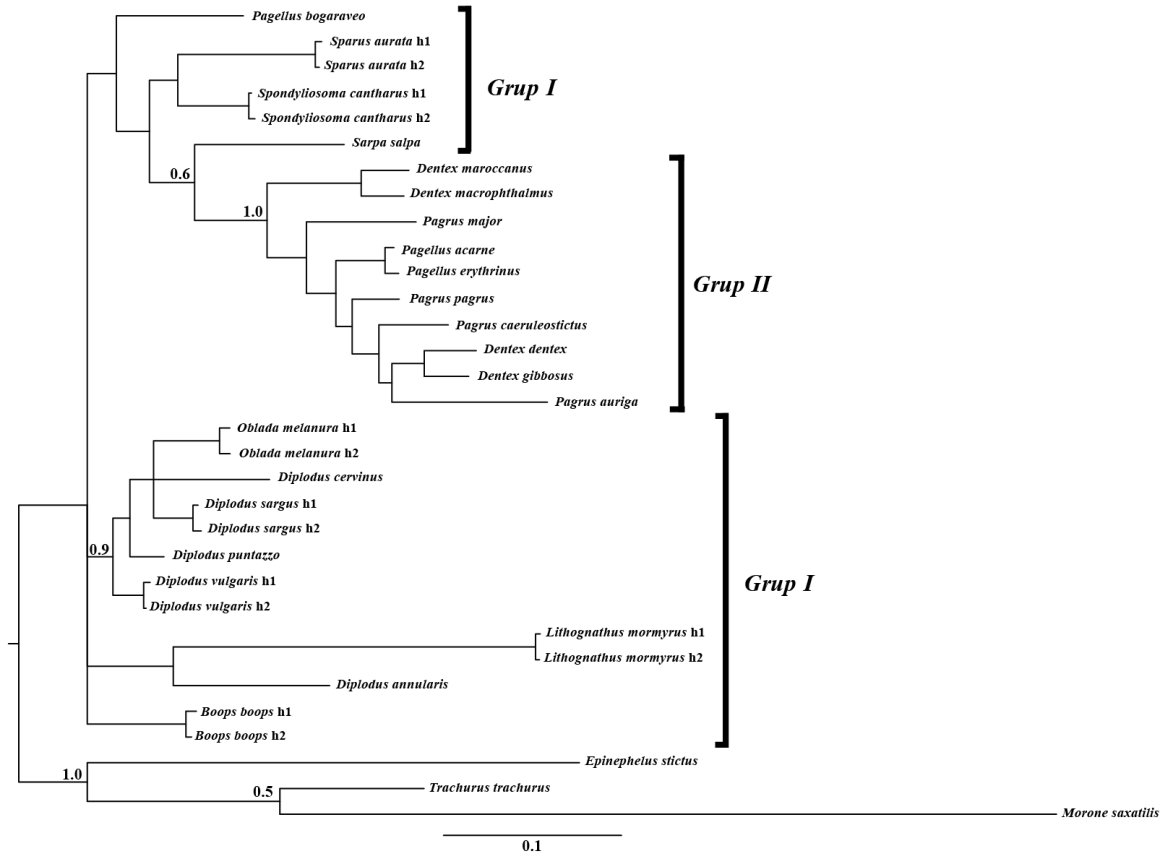


0.1

Şekil 39. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 40. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 100 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 41. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kontrol bölgesi (D-loop) dizilerinden belirlenen toplam 29 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır.

3.5. Kombine Veri Seti (16S rRNA+COI+Cyt *b*+D-loop)

3.5.1. Dizi Özellikleri

Sparidae familyasının türlerden örneklenen 138 bireyin mitokondriyal DNA kombine veri setinin (16S rRNA+COI+Cyt *b*+D-loop) (3562 bç) baz dizilimi çıkartılmıştır (Tablo 9). Mukayese edilen COI geni kısmi sekansı (3562 bç)'nin 2183 (%60) pozisyonunun korunmuş ve 1309 (%38)'si polimorfik bilgi verici olan 1372 (%40) nükleotid pozisyonunda değişken olduğu belirlenmiştir.

Kombine edilmiş veri seti itibarıyla *D. sargus* h1 dizisi referans alınmak suretiyle tanımlanan toplam 1372 değişken nükleotid pozisyonu (Tablo 9) için transisyonlar transversiyonlardan daha yaygın olmakla birlikte transisyon/transversiyon oranı 2.87 olarak gerçekleşmiştir. Kombine edilmiş veri setinin dizin analizi 22 farklı türe toplamda 55 haplotipin varlığını ortaya koymuştur. Taksonların dağılım gösterdiği hemen hemen tüm lokasyonlardan örneklenen Sparidae üyelerinden *Dentex maroccanus*, *Dentex macrophthalmus*, *Pagrus pagrus*, *Pagrus major*, *Dentex dentex* ve *Dentex gibbosus* türleri tek bir haplotip diğerlerinin ise en az iki haplotip ile temsil edildikleri belirlenmiştir. Bunun yanı sıra kombine veri seti dizin analizi dağılım gösterdikleri hemen hemen tüm lokalitelerden örneklenen bu taksonlar arasında türlere özgü olan ve herbir tür çiftini birbirlerinden kesin bir şekilde ayırma yeteneğinde 63 adet nükleotid farklılığı tespit edilmiştir (Tablo 6). Ayrıca kombine veri setine ait diziler mukayese edildiğinde 82 polimorfik baz pozisyonunun (Tablo 6) varlığından kaynaklanan iki haplotip grubu arasındaki ikili dizin farklılığı 0.1821 olarak belirlenmiştir. Grup içi genetik varyasyon ise grup I için nisbeten daha yüksek olup 0.1299, grup II içinde ise 0.1158 olarak belirlenmiştir.

Tablo 6. Sparidae genusuna ait 22 türün kombine veri setinin grup ayırımına neden olan polimorfik nükleotit pozisyonları. Noktalar *D. sargus* nükleotit dizisi ile benzerliği göstermektedir.

Türler	Polimorfik nükleotit pozisyonları
	1111111111111111112222222333333333333333
	111122222222222222222233333344445555555566666777799999000033333456668444466601222244444
	440388123455566777788899901128006911146667257880113333383457133487414497778999381777555999
	154015790578969468935808941464139101862380388453120456713278509317902610382568127014567057
<i>D. sargus</i>	CTGAGCGCTGTTACTTTTCGTTTTCGCATAATTTACAGCTATGTTAACCTATGCTCTAATAACTTTTAACCTGATGTCTACTTTAAGCACTG
<i>D. cervinus</i>	T.....A.....G.....T.....C.....GC.....TA.
<i>O. melanura</i>	T.C.....A.....G.....T.....A.....C.....C.....C.....G.T.....
<i>D. puntazzo</i>	T.C.....A.....T.....T.....C.....C.....AT.ATGT..
<i>D. vulgaris</i>	T.C.....T..A.....G.....C.....AC..GC.T.AT.T..
<i>D. annularis</i>	T.C.A.....T.....G.....T..A..A.....C.....C.....C.TCATGTA.
<i>L. mormyrus</i>	T.C...T...CG.C...T...TAA.CG...T.AG..A..C.....C.....CC ...TCC...GC...C..C.TGTGA
<i>S. aurata</i>	T.C...TC..CG.C...T...A..C...C.TGAA..A..A...T.CC.....T.....C.....TCG...TCTTGT..
<i>P. bogaraveo</i>	T.C...T.ACCGTC..TA.....C.....T.AA..A..C.....G.T.....G.TCAT.T..
<i>P. acarne</i>	T.C...T...CGTC.CT.....C.....T.AA..A.....G.....G..CATCTTGAAT
<i>B. boops</i>	T.C...AT...CG.CCCTA.C..CTGCG...C.T.AAA.AA..CG..CCC..C..G...C...C...T...C.CC...TC..GTA.
<i>S. salpa</i>	T.C...T...CG..CCTA.C.TCTGCG...C.T.AAA.AA..C.....A.C...CG.....A.C...CT...TC.TGT..
<i>S. cantharus</i>	T.C...T...CG...TA.C..TT.CG...C...AA..AA..C.....C...CGT.....TC.C..C.....CATC-T.TA.
<i>D. maroccanus</i>	ACCGATATCACCG..A...AACTTT.CG.CC.AGAA.GAACCT.AGATAA.CTCGTCCTTACCATTTTCTTACATCTAGAAATCATTTA.
<i>D. macrophthalmus</i>	ACCGATATCACCGT.A...AAC.TT.CG.CC.AGAA.GAACCCGAGATAA.CTCGTCCTTACCATTTTCTCACATCTAGAAATCAT.TA.
<i>P. erythrinus</i>	GCC.ATATCAACGT.A...ACTTTA.CGTACC.AGAG.GAACCT.AGATAATCTCTTCCCTTAACATTTTCTTACATCCAGAATCTTGAAT
<i>P. pagrus</i>	ACCGATATCAGCGT.A...ACTTT.CGTACCAGAG.GAACCC.AAATAATCTCTTCCCTTAACATTTTCTTACATCTAGAAATCTTGGAT
<i>P. major</i>	ACCGATATCAACGT.A...AACTTT.CGTACCAGAG.GAACCTGAGATAA.CTCTTCC.TACCATTT.CTTCCATCTAGA.TCATGTAT
<i>P. caeruleostictus</i>	ACCGATATCAGCGT.A...ACTTT.CGTACCAGAG.GAACCTGAGATAATCTCGTCCTTACCATC.TCTTACATCCAGG.TCATGAAT
<i>D. dentex</i>	ACCGATATCAACGT.A...ACTTT.CGTAC.GAGAG.GAACCTGAGATAATCTCTTCCCTT.CATTTTCTTACATCTAGAAATCTTGAAT
<i>D. gibbosus</i>	ACCGATATCAACGT.A...ACTTT.CGTACCAGAG.GAACCTGAGATAATCTCTTCCCTTACCATTTTCTTACATCTAGAAATCTTGAAT
<i>P. auriga</i>	ACC.ATATCACCGT.A...CACTTT.CGTACCAGAG.GAACCTGAGACGATCTC..CCTTACCATTT.CTTACATCTAGAAATCTTGAAT

Tablo 7. Kombine veri setlerine dayalı olarak hesaplanan Sparidae türleri arasındaki ikili dizin farklılığı değerleri

	<i>P. caeruleostictus</i>	<i>P. pagrus</i>	<i>P. major</i>	<i>P. acarne</i>	<i>P. erythrinus</i>	<i>P. bogaraveo</i>	<i>B. boops</i>	<i>L. mormyrus</i>	<i>O. melanura</i>	<i>S. salpa</i>	<i>S. aurata</i>	<i>D. dentex</i>	<i>D. gibbosus</i>	<i>D. maroccanus</i>	<i>P. auriga</i>	<i>D. macrophthalmus</i>	<i>S. cantharus</i>	<i>D. annularis</i>	<i>D. cervinus</i>	<i>D. puntazzo</i>	<i>D. vulgaris</i>	<i>D. sargus</i>
<i>Pc</i>																						
<i>Pp</i>	0.112																					
<i>Pm</i>	0.126	0.119																				
<i>Pac</i>	0.169	0.166	0.177																			
<i>Pe</i>	0.136	0.101	0.126	0.159																		
<i>Pb</i>	0.186	0.185	0.192	0.118	0.192																	
<i>B</i>	0.185	0.187	0.194	0.163	0.187	0.157																
<i>Lm</i>	0.199	0.190	0.195	0.174	0.192	0.168	0.185															
<i>Om</i>	0.173	0.174	0.173	0.147	0.184	0.140	0.160	0.163														
<i>Ss</i>	0.186	0.184	0.186	0.165	0.183	0.158	0.139	0.175	0.161													
<i>Sa</i>	0.175	0.174	0.181	0.152	0.179	0.147	0.161	0.160	0.143	0.159												
<i>Dd</i>	0.118	0.121	0.130	0.172	0.133	0.192	0.194	0.202	0.185	0.188	0.192											
<i>Dg</i>	0.100	0.111	0.116	0.165	0.115	0.185	0.190	0.190	0.177	0.185	0.174	0.078										
<i>Dm</i>	0.138	0.131	0.135	0.169	0.145	0.176	0.188	0.185	0.171	0.178	0.166	0.148	0.126									
<i>Pa</i>	0.116	0.135	0.141	0.190	0.144	0.194	0.200	0.206	0.184	0.189	0.190	0.122	0.110	0.151								
<i>Dm</i>	0.148	0.139	0.148	0.175	0.146	0.176	0.185	0.189	0.179	0.189	0.179	0.154	0.141	0.107	0.164							
<i>Sc</i>	0.179	0.179	0.180	0.151	0.188	0.147	0.154	0.185	0.157	0.150	0.158	0.197	0.176	0.171	0.181	0.185						
<i>Da</i>	0.191	0.193	0.189	0.150	0.184	0.154	0.179	0.165	0.128	0.167	0.153	0.199	0.190	0.186	0.207	0.192	0.171					
<i>Dc</i>	0.176	0.182	0.175	0.143	0.185	0.144	0.164	0.167	0.105	0.160	0.142	0.178	0.168	0.178	0.191	0.182	0.147	0.131				
<i>Dp</i>	0.173	0.173	0.174	0.136	0.183	0.124	0.147	0.152	0.083	0.155	0.134	0.180	0.173	0.172	0.188	0.180	0.146	0.122	0.09			
<i>Dv</i>	0.169	0.169	0.170	0.140	0.174	0.134	0.159	0.164	0.104	0.159	0.138	0.177	0.174	0.166	0.189	0.176	0.149	0.119	0.10	0.082		
<i>Ds</i>	0.178	0.179	0.183	0.138	0.183	0.132	0.152	0.166	0.093	0.158	0.137	0.189	0.177	0.176	0.193	0.186	0.148	0.129	0.07	0.076	0.092	

Tablo 8. 16S rRNA, sitokrom oksidaz alt ünite I, sitokrom *b* genleri ve kontrol bölgesinin analizi yoluyla incelenen her bir türün örnek sayıları, haplotip sayıları (N), haplotip çeşitlilik (h) ve Nükleotit çeşitlilik (π) değerleri.

Tür Adı	16S rRNA				COI				Sitokrom b				Kontrol bölgesi	
	Örnek Sayısı	Haplotip Sayısı (N)	Haplotip Çeşitlilik	Nükleotit Çeşitlilik	Haplotip Sayısı (N)	Haplotip Çeşitlilik	Nükleotit Çeşitlilik	Haplotip Sayısı (N)	Haplotip Çeşitlilik	Nükleotit Çeşitlilik	Haplotip Sayısı (N)	Haplotip Çeşitlilik	Nükleotit Çeşitlilik	
<i>P. caeruleostictus</i>	9	2	0,50000	0,00050	2	0,22222	0,00245	4	0,75000	0,00331	1	0,00000	0,00000	
<i>P. pagrus</i>	3	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>P. majör</i>	2	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>P. acarne</i>	6	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	2	0,33333	0,00263	1	0,00000	0,00000	
<i>P. erythrinus</i>	6	6	1,00000	0,00231	1	0,00000	0,00000	2	0,33333	0,00292	2	0,60000	0,00956	
<i>P. bogaraveo</i>	4	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>B. boops</i>	8	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	3	0,71429	0,01707	
<i>L. mormyrus</i>	7	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	2	0,57143	0,00683	
<i>O. melanura</i>	6	2	0,60000	0,00060	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	2	0,53333	0,01700	
<i>S. salpa</i>	6	2	0,60000	0,00060	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>S. aurata</i>	8	2	0,57143	0,00057	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	2	0,57143	0,00911	
<i>D. dentex</i>	2	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>D. gibbosus</i>	3	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>D. maroccanus</i>	2	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>P. auriga</i>	6	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	2	0,33333	0,00058	2	0,60000	0,00239	
<i>D. macrophthalmus</i>	6	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	
<i>S. cantharus</i>	8	3	0,60714	0,00067	1	0,00000	0,00000	6	0,92857	0,00304	2	0,57143	0,00911	
<i>D. annularis</i>	12	2	0,54545	0,00054	1	0,00000	0,00000	2	0,54545	0,00239	1	0,00000	0,00000	
<i>D. cervinus</i>	6	2	0,60000	0,00060	1	0,00000	0,00000	2	0,53333	0,00187	2	0,60000	0,00239	
<i>D. puntazzo</i>	12	1	0,00000	0,00000	1	0,00000	0,00000	3	0,72727	0,00127	2	0,54545	0,00217	
<i>D. vulgaris</i>	8	2	0,57143	0,00113	1	0,00000	0,00000	2	0,57143	0,00050	3	0,75000	0,01494	
<i>D. sargus</i>	8	2	0,57143	0,00057	1	0,00000	0,00000	2	0,57143	0,00150	3	0,75000	0,01793	

Tablo 9. Herbir mitokondriyal bölgenin filogenetik performansı ve baz değişim modeli.

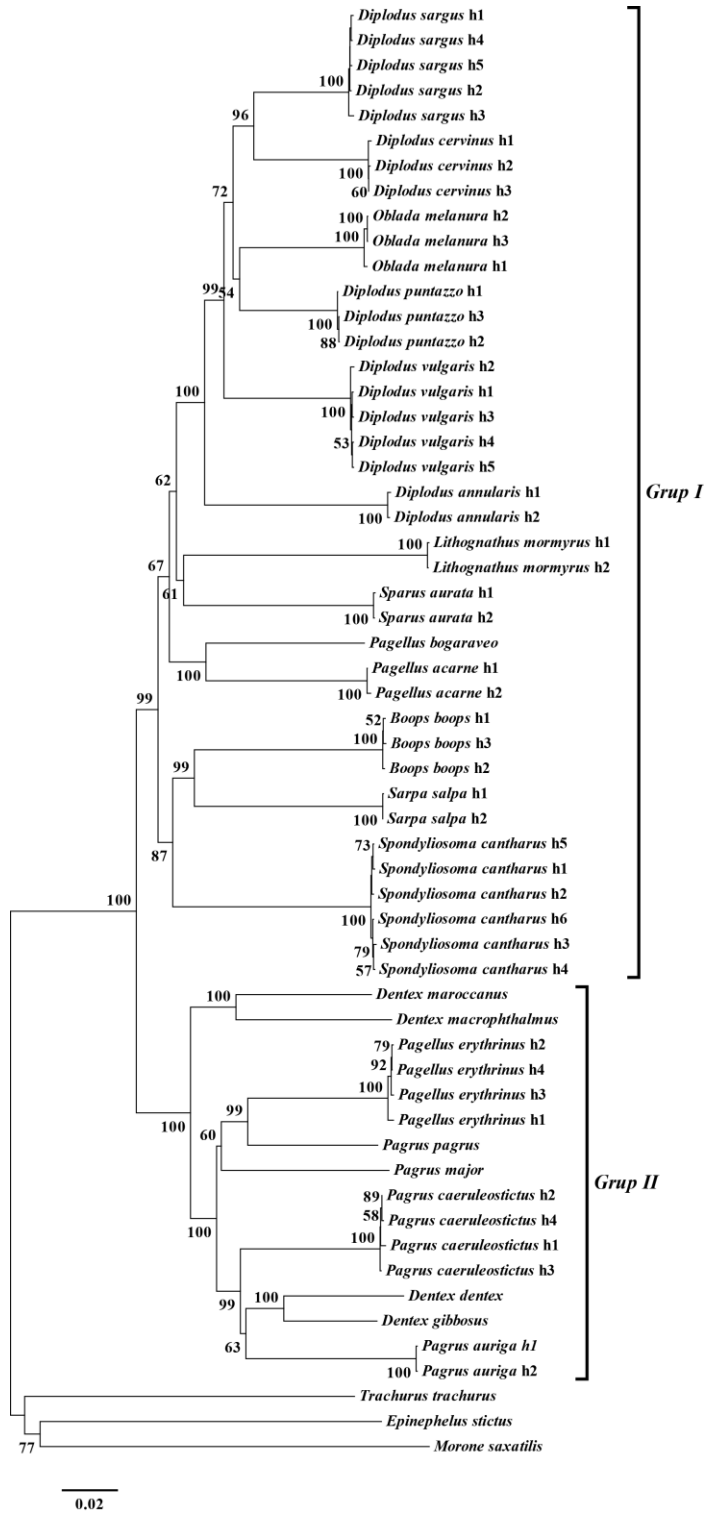
Gen	16S rRNA	COI	Cyt <i>b</i>	D-loop	Kombine
Büyükük (bç)	1008	1092	1141	321	3562
Baz değışim					
AIC	GTR+I+G	HKY+I+G	TPM1uf+I+G	TVM+G	HKY+I+G
BIC	TPM2uf+I+G	HKY+I+G	HKY+I+G	TPM1uf+I+G	HKY+I+G
Değişken Bölge	269	393	454	256	1372
Parsimonik Bölge	223	336	409	233	1309
PB (%)	23	31	36	72	38
Nst	6	2	6	6	2
Ngen	500.000	450.000	600000	350000	1200000
Chains	4	4	4	4	4

3.5.2. Filogenetik İlişkiler

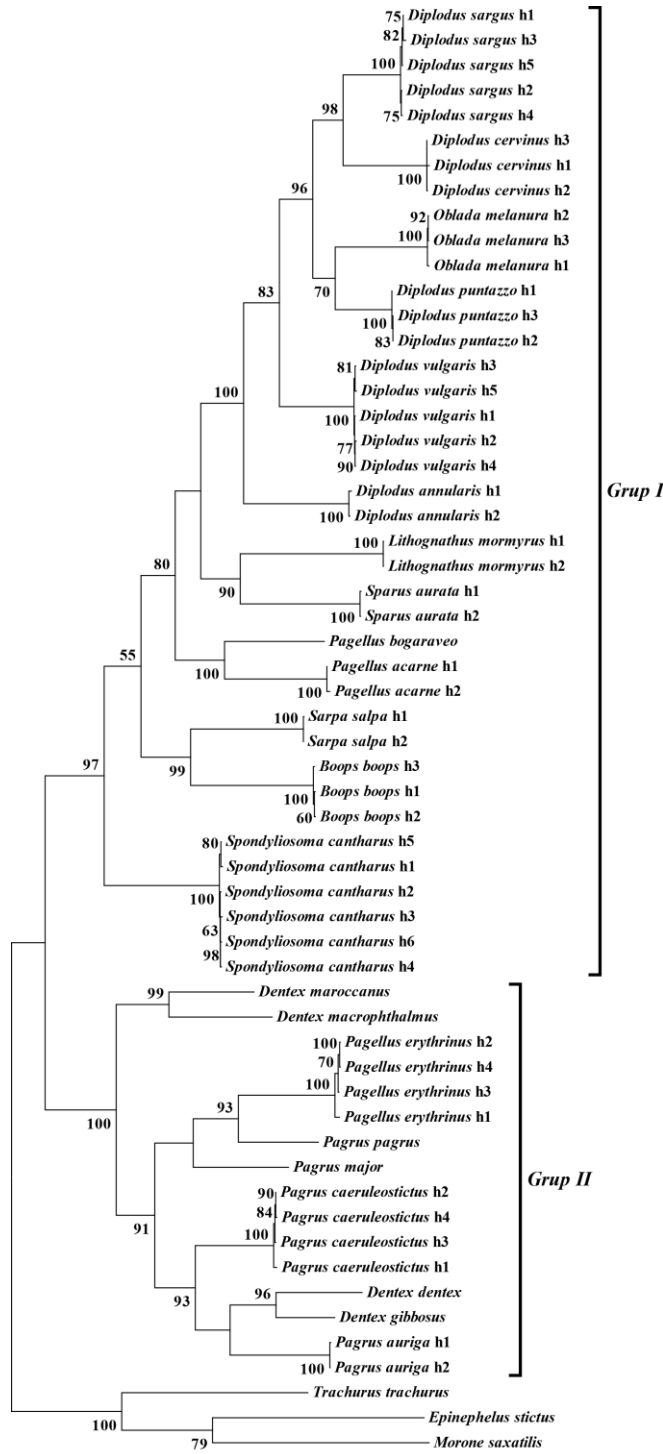
Sparidae familyasının Türkiye kıyı sularında dağılım gösteren 22 türünün mitokondriyal haplotip veri seti haplotiplerinin tüm filogenetik analizleri için dış grup olarak *E. stictus*, *T. trachurus* ve *M. saxatilis* kullanılmıştır. NJ, MP, ML ve Bayesian çıkarsama analizleri sonucu ortaya çıkan ağaç topolojileri hemen hemen birbirinin aynıdır ve yüksek seç-bağla değerleri (NJ:62-100, MP:55-100, ML:56-100 BI:0.68-1.0) ile hem türlerin familya içerisindeki pozisyonlarını hem de alt familya düzeyindeki gruplanmayı desteklemektedir. Bütün filogenetik ağaçlarda monofiletik Sparidae familyası yüksek güvenilirlik değerleri (NJ:100, MP:100, ML:100, UPGMA:100, BI:0.1) ile iki ana grup ortaya çıkarmıştır (Şekil 42, 43, 44, 45). Birinci grup *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus*, *Sparus*, *Lithognathus*, *Sarpa*, *Boops* ve *Spondyllosoma* genusuna ait türleri içermektedir. Orrell'in 2000'inde belirttiği gibi *B. boops* ve *S. salpa* gibi kupesgiller Sparidae içinde polifiletiktir ve diğer tüm sparidlerle mukaye edildiğinde daha bazal konumlanmıştır. İkinci grup ise *Dentex*, *Pagrus* ve *Pagellus* türlerini kapsamaktadır.

Birinci grupta konumlanan Diplodinae alt familyasına ait *Diplodus* türleri Boopsinae'dan *Oblada melanura* ile birlikte monofiletik bir grup oluşturmaktadır. Sparinae alt familyasının ülkemizdeki tek temsilcisi olan *Sparus* genusu birinci grup içerisinde Pagellinae alt familyası üyeleri olan *Pagellus* ve *Lithognathus* genusu arasına yerleşmiştir. Alt familya Boopsinae'nin *Oblada melanura* bütün üyeleri (*Boops*, *Sarpa*,

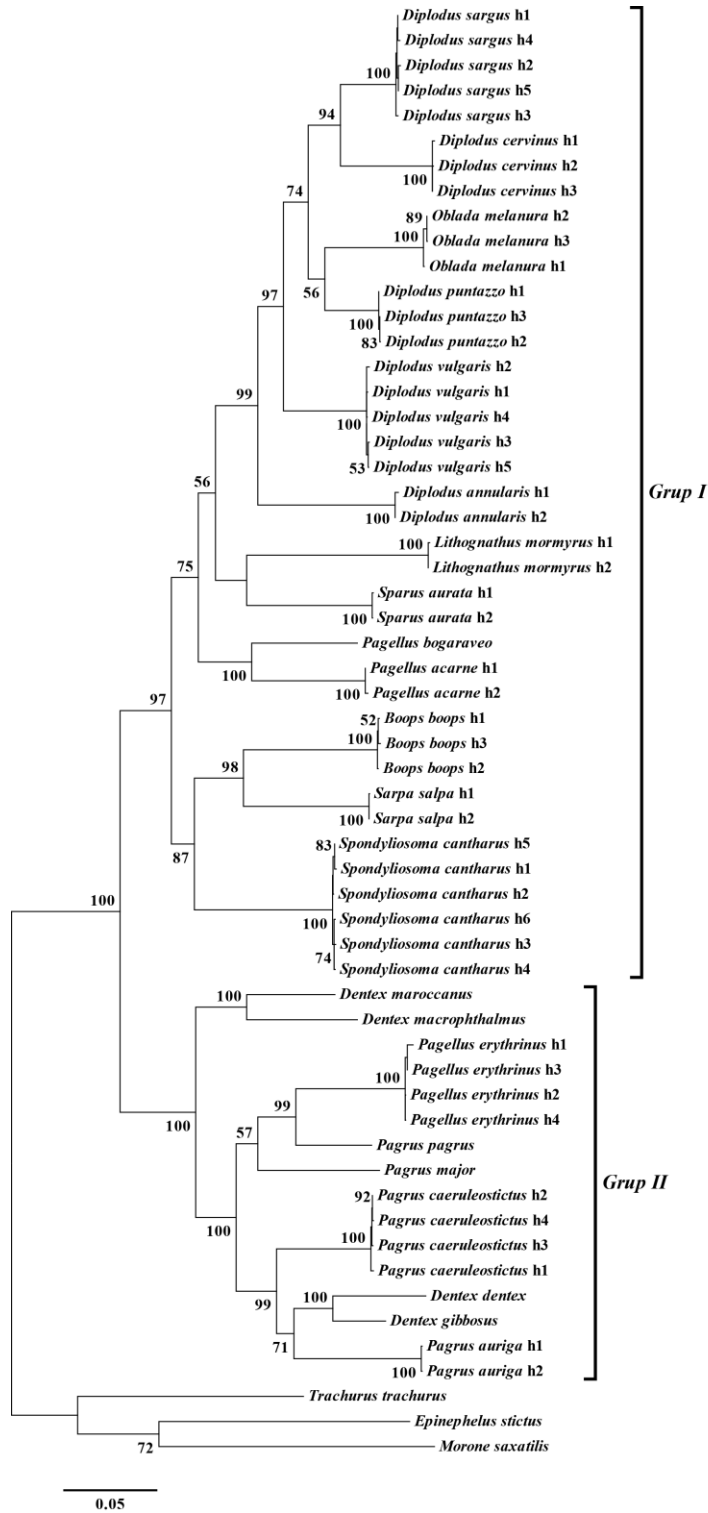
Spondyliosoma) birinci grup içerisinde bir klad içine yerleşmiştir. Kardeş klad içinde ise *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus* ve *Sparus* genusuna ait üyeler bulunmaktadır. Pagellinae alt familyası üyeleri (*Lighognathus mormyrus*, *Pagellus bogaraveo*, *P. erythrinus* ve *Pagellus acarne*) bir tür hariç birinci grup altında yerleşmiş olması nedeniyle Sparidae familyası içerisinde polifiletiktir. Bu alt familyanın *Pagellus* genusuna ait *P. erythrinus* türü ikinci grup altında pozisyon almıştır diğer bir deyişle *Pagellus* genusu her iki grup içinde de temsil edilmektedir. Denticinae alt familyasından *Dentex* ve *Pagrinae* alt familyasından *Pagrus* türleri ikinci grup içinde kardeş klad olarak yerleşmiş olduğu görülmektedir. Dış grup olarak kullanılan taksonlar açık bir şekilde Sparidae familyasının dışında kaldığı görülmektedir.



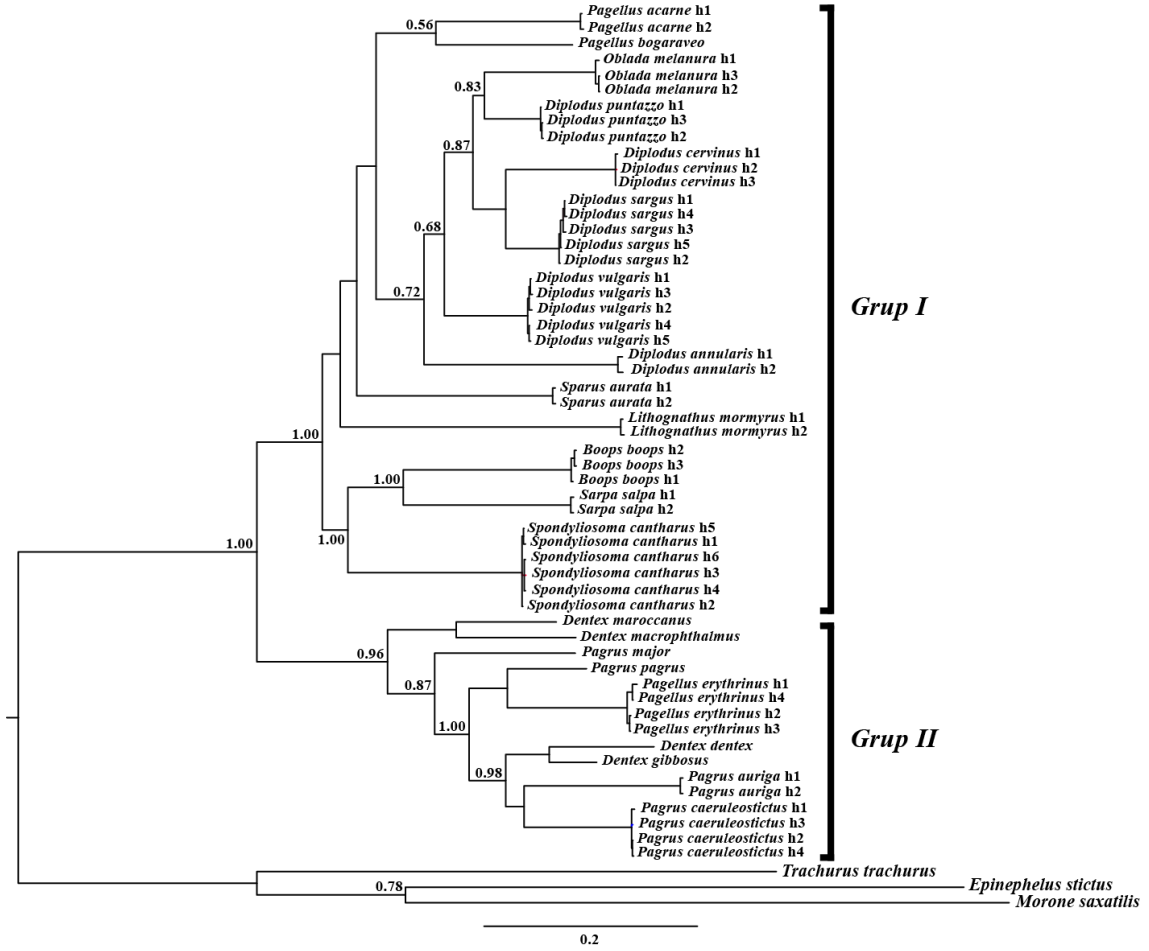
Şekil 42. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16SrRNA+COI+Cytb+D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin komşu katılım (NJ) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 43. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16S rRNA+COI+Cytb +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin maksimum tutumluluk (MP) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 1000 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 44. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16S rRNA+COI+Cytb +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin maksimum olasılık (ML) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır. 100 tekrara dayalı seç-bağla değerleri %50' den yüksek olanlar verilmiştir.



Şekil 45. Sparidae türlerine ait mitokondriyal kombine veri seti (16S rRNA+COI+Cytb +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin Bayesian çıkarsama (BI) metodu yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi. *T. trachurus*, *E. stictus* ve *M. saxatilis* dış grup olarak kullanılmıştır.

4. TARTIŞMA ve SONUÇLAR

Ekonomik değeri oldukça yüksek olan ve yetiştiriciliğine olan ilgi her geçen gün artan Sparidae familyası üyelerinin Türkiye denizleri için daha önce verilen bilgiler dahilinde dağılım alanlarından örnekleme gerçekleştirilmiştir. Örnekleme çalışmaları sonucu *D. annularis* ve *D. puntazzo* türlerinin tüm denizlerimizde dağılım gösterdiği belirlenirken bu türlerin dışında sadece *L. mormyrus* türü Karadeniz'den örneklenebilmiştir. Omnivor beslenme gösteren bu üç türün diğer sparid türlerinden farklı olarak Karadeniz'de de dağılım göstermeleri, beslenme tipine bağlı olarak yayılımcı eğilimleri ve tuzluluk gibi ekolojik parametrelere toleranslarına bağlanabilir. Ege Akdeniz dağılımına sahip *D. dentex*, *D. maroccanus*, *P. pagrus* ve *P. major* türleri dışındaki tüm türler Karadeniz hariç diğer denizlerimizde bulunmaktadır.

Örnekleme aşamasında hedeflenen türlerin tespiti ve morfolojik olarak benzer olanların ayırımında vücut rengi ve meristik verilerden yararlanılmıştır. Bunun için örneklerin ağız pozisyonu, vücut rengi ve dorsal yüzgeçteki sert ışın varlığı ve sayısı gibi karakterlerin tür tayininde özellikle aynı genusa ait türlerin ayırımında kullanışlı olduğu saptanmıştır.

Denizlerimizde doğal dağılıma sahip türlerden sadece *Pagrus* genusuna ait uzak doğu orjinli *Pagrus major* (Temminck ve Schlegel, 1843) ilk kez Dulcic ve Kralyavic tarafından 1999 yılında Adriyatik denizi ve Akdeniz bölgesinden, ülkemiz Akdeniz kıyılarından ise Oral tarafından 2010 yılında kaydı verilmiştir. Başarılı bir şekilde kültüre edebilmek umuduyla yerel yetiştiriciler tarafından İtalya, Kıbrıs ve Hırvatistan'a sokulduğu bilinen türün bölgedeki doğal üremesi ile ilgili bir kayıt yoktur ancak yapay şartlar altında *D. dentex* ile hybridize edilebildiği bilinmektedir (Kraljevic ve Dulcic, 1999). Diğer taraftan bu girişin bölgedeki yerli türler üzerine etkisi olup olmadığı halen bilinmemektedir. Zira *P. major*'un sıcaklığa ve diğer fiziksel kimyasal parametrelere yüksek toleransı nedeniyle doğal ortamda üreyerek populasyon oluşturma ihtimali hiçte uzak değildir (Dulcic ve Kralyavic, 2007). Ülkemiz denizlerindeki varlığı bir kez daha tespit edilmiş olan *P. major*'un doğal ortamda populasyon oluşturma ve üreme yeteneğini kazanıp kazanmadığı tespit edilmelidir. Zira belirli bir bölgeye sokulan veya kendiliğinden giriş yapan yabancı türlerin uyum yetenekleri ve ekolojik rolü ölçüsünde

besin rekabeti ve av-avcı ilişkisi anlamında ortamın dengesi üzerine etkileri dikkatle takip edilmelidir.

Su ürünleri kaynaklarının uygun bir şekilde yönetimi ve değerlendirilmesinin yapılabilmesi için taksonomik durumlarının, tür dağılımlarının, yaşam döngülerinin ve biyolojilerinin anlaşılmasının yanı sıra genetik özelliklerinin belirlenmesi gerekir.

Bu amaçla Türkiye denizlerinde yaşamlarını sürdüren Sparid familyasının filogenetik yapısının belirlenmesini amaçlayan bu çalışmada Sparidae familyasının 10 farklı genusuna ait 22 türün dağılım gösterdiği tüm lokasyonlar temsil edilecek şekilde toplam 138 adet örnek genetik olarak incelenmiştir.

Yapılan çalışmalar sonucunda 22 sparid türünün 16S rRNA geni itibarıyla 36, sitokrom oksidaz alt ünite I geni için 23, sitokrom *b* geni için 37 ve kontrol bölgesi için 29 haplotip belirlenmiştir. Kombine veri seti üzerinden yapılan analiz sonucu 55 haplotipin varlığı ortaya konulmuştur. Çalışma kapsamındaki sparid türlerinden *P. pagrus*, *P. major*, *P. bogaraveo*, *D. dentex*, *D. gibbosus*, *D. maroccanus* ve *D. macrophthalmus* örneklerinde haplotip yönünden bir çeşitlilik görülmemesi örnek sayısının az oluşundan kaynaklanmaktadır.

Nükleotit dizilerini farklı metotlar kullanarak işlediğimiz mitokondriyal DNA bölgeleri mukayese edildiğinde sitokrom *b* geninden elde edilen haplotip sayısının diğerlerine oranla yüksek olması mitokondriyal genler arasında en yüksek mutasyon biriktirme hızına sahip olmasıyla izah edilebilir. Diğer taraftan mitogenomik DNA üzerindeki mevcut bölgeler arasında en yüksek mutasyon hızına sahip ve mitokondriyal DNA'nın replikasyonundan sorumlu olan kontrol bölgesinin verdiği haplotip sayısının beklenenin aksine düşük olması analiz edilen kontrol bölgesi kısmi dizisinin oldukça kısa olmasından kaynaklanmaktadır.

Denizlerimizdeki sparid üyelerinin filogenisinin gerçekleştirilmesi amacıyla belirlenen tüm mitokondriyal DNA gen ve kontrol bölgesi nükleotit dizileri, komşu katılım, maksimum tutumluluk, maksimum olasılık ve bayesian çıkarsama metodu ile analizleri sonucu elde ettiğimiz filogenetik ağaç topolojileri birbirleriyle uyum göstermiştir. Diğer taraftan filogeni çıkarımları göstermiştir ki sparid familyası monofiletiktir yani tek bir atadan köken almaktadır ancak hiçbir filogenetik ağaçta monofiletik alt familya varlığına rastlanmamıştır. Sonuçlarımız son yıllarda yapılmış

olan moleküler analizlerin sonuçlarıyla da (Hanel ve Sturmbauer, 2000; Orrell vd., 2002; Orrell ve Carpenter, 2004; Chiba vd., 2009) uyum göstermektedir.

Genel olarak yüzgeç ışın sayısı, iskelet yapısı ve vücut rengi gibi morfolojik karakterlere özellikle diş yapılarına göre alt familya ve genus sınıflandırması yapılmaya çalışılan Sparidae familyası öncelikle Smith'in 1938 ve Smith ve Smith'in 1986'da diş yapılarına ve beslenmelerine dayalı olarak Boopsinae, Denticinae, Pagellinae ve Sparinae olarak dört alt familyaya ayrılmıştır. Daha sonra Fiedler 1991'de ise sparidleri diş yapıları ve beslenme durumlarına göre Smith'in 1938 ve Smith ve Smith 1986'dan farklı olarak Pagellinae'yi Sparinae alt familyası içerisinde değerlendirerek Boopsinae, Denticinae ve Sparinae olarak üç alt familyaya ayırmıştır ki çalışmamız sonucunda elde ettiğimiz genetik mesafeler alt familya düzeyinde 3 grubun varlığını göstermektedir. Benzer olarak Fiedler tarafından 1991'de oluşturulan morfolojik sınıflandırmayı destekler nitelikte olduğu söylenebilir. Ancak Boopsinae ve Denticinae grupları tarafımızdan gerçekleştirilen tüm analizlerin sonuçlarında korunmuş olmasına rağmen *O. melanura*'nın dahil olduğu Diplodinae, *P. erythrinus* hariç Pagellinae ve *Sparus* genusundan *S. aurata*'yı bulduran 3 grubun varlığı bu morfolojik sınıflandırmayı desteklememektedir.

Oysaki incelenen mitogenomik DNA bölgelerinin herbiri aynı zamanda kombine veri setinin analizi Sparidae familyası içinde dikkate değer bir genetik mesafe (0.1821) gösteren iki belirgin haplogrup ortaya koymaktadır. Smith, Akazaki ve Smith ve Smith tarafından önerilen alt familyaların hiçbiri elimizdeki veri setleri ile desteklenmemiştir. Ancak Orrel vd., 2002 ve 2004 yıllarında ve Hanel ve Strumbauer 2000'deki çalışmalarında elde edilmiş olan bulguları destekler niteliktedir. Halbuki Kuzey Doğu Atlantik ve Akdeniz sparidlerinin 16S rDNA filogenisi daha önceden ileri sürülen alt familyaların açık bir şekilde geçerli olmadığını göstermiştir. Sitokrom *b* geni yoluyla elde edilen herbir grup içinde bu ayırım için mevcut kriterleri yansıtan belirgin bir model görülmemiştir. Orrel ve Carpanter'ın 2004 yılında 486 bç'lik 16S rDNA kısmi dizisini analiz ederek genus ve alt familya düzeyinde ilişkilerini izah etmek için tanımladıkları 24 mercan türünün Sparidae içinde benzer baş özelliklerinin çoklu bağımsız orjinlerine sahip olduklarını ve halihazırda farklı beslenme stratejileri ve diş yapısına göre belirlenmiş olan 3 veya 4 alt familyanın yeniden tanımlanmaya ihtiyacı olduğunu

göstermiştir. Çalışılan genuslarının çoğunun, dişlerin düzeni ve yapısının daha az özelleşmiş atasal durumdan tekrar tekrar evrilmiş olması gerektiğini gösteren şekilde parafiletik olarak çözümlenmiştir.

Sparid familyasının I. ana grubu Boopsinae (kesici ön dişli herbivorlar), Sparinae, Pagellinae ve Diplodinae gruplarının tüm üyelerini içerdiği halde bu grubun üyelerini birleştiren ne dış morfolojik karakter ne de ortak bir beslenme tipi (herbivor, karnivor ve omnivor) vardır. Aynı zamanda bu balık türlerini birleştiren coğrafik benzerlik için bir delil de bulunmamaktadır. Bu veriler, beslenme tiplerinin Sparidae içinde birden çok kez evrildiğini işaret etmektedir. Çalışılan tüm gen bölgelerine göre Sparidae genusu monofiletiktir. Ancak bu verilerden elde edilen filogenetik ağaçlardan hiçbiri daha önce belirlenen Sparidae içindeki alt familya ayrımını desteklemez. Yani bugün mevcut olan alt familyalar genetik verilerden elde edilen yapılanmayı izah etmek için yetersizdir. Sparidae familyası içinde iki grup vardır ve bu şekildeki alt familya yapısını destekleyecek ve bu gruplar içinde tutarlı olacak birleştirici karakterlerin varlığı araştırılmalıdır.

Dahası *Sparus* genusu farklı büyük mitokondriyal soydan köken aldığı için *Pagrus* genusuna uzak ilgili olarak çözümlenmiştir. *O. melanura* tüm filogenetik ağaç topolojilerinde hem filogenetik pozisyon (Şekil 45) hem de genetik mesafe olarak (0.083) (Tablo 7) *D. puntazzo*'ya kardeş tür olarak *Diplodus* grubu içinde yer almaktadır. Diğer taraftan *P. bogaraveo* ve *P. acerne* türleri I. ana grupta yer alırken *P. erythrinus*'un II. grupta *Dentex* ve *Pagrus* türleri ile konumlanması *Pagellus* genusunun parafiletik olduğunu göstermektedir. Çalışmamıza dahil etmediğimiz ve Orrell ve Carpenter 2004'te ve Chiba vd., tarafından 2009 yılında Sparidae familyası içinde olduğu rapor edilen Centracanthidae familyasından Türkiye denizlerinde dağılım gösteren *Spicara* genusuna ait *S. smarıs*, *S. maena* ve *S. flexuosa* türleri Boopsinae alt familyası içinde konumlandığı gösterilmiştir.

Chiba vd., 2009'daki çalışmalarında tanımladıkları sparid alt familyaları Tetis denizinde farklılaşmaya başlamış olabileceğini ve bu tahmine göre sparidlerin yüksek evrimsel uyumlulukları sayesinde çeşitli besinsel ve çevresel şartların avantajlarını kullanmak için uyumsal bir yayılma geçirmiş olabileceğini ileri sürmüşlerdir. Gerçekten de bazı sparidler atalarında olmadığı halde bağımsız olarak geçirdikleri tekrarlı

değişimlerle kabukluları ve zırlı yumuşakçalarla beslenmek için azı dişine benzer dişler geliştirmişlerdir (Akazaki, 1962). Bu nedenle farklılaşmış ve dünyaya dağılmış olan sparid türleri çakışan evrimden dolayı uzak gruplar arasında benzer uyumsal karakterler taşımaktadır. Bu durum morfolojik karakterlere dayalı filogenetik çalışmaların kafa karıştırmasına ve doğru olmayan hipotezler oluşturulmasına sebep olmaktadır.

5. ÖNERİLER

Aşırı avlanan ekonomik balık türlerinin baskı altındaki populasyonlarının kabul edilebilir sınırların ötesinde sömürülmesi nedeniyle avcılığın kontrol altında tutulması ve özellikle Sparid türleri gibi ekonomik değeri yüksek ve tercih edilen su ürünlerinin yetiştiriciliğe kazandırılmasını hedefleyen çalışmaların sayısının artması gerekmektedir. Bununla birlikte Türkiye karasularındaki sparid türlerine ait doğal stoklarının belirlenmesi ve populasyonlarının genetik yapısının daha iyi anlaşılabilmesi dolayısıyla balıkçılığın daha iyi yönetilebilmesi amacıyla daha fazla bilgi elde edilmelidir. Diğer taraftan yeryüzünde dağılım gösteren tüm sparid türlerini içeren daha ileri moleküler ve taksonomik çalışmalar türlerin ayrılma zamanlarının tahminine ve karmaşık evrimsel özelliklerinin ortaya konulmasına imkan verecektir.

6. KAYNAKLAR

- Akazaki, M., 1962.** Studies on the perciform fishes anatomy, phylogeny, ecology, and taxonomy. Osaka Japan, 8 Kosugi Co. Ltd., 368 s.
- Akazaki, M., 1970.** Specific divergence of spariform fishes when considered from their geographical distribution. *Honyurui Kagaku* 20-21, 131-146.
- Avise, J.C., 1994.** *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman and Hall, 511 s.
- Bauchot, M.L. and Hureau, J.C., 1986.** Sparidae. 883-907 s. P.J.P. Whitehead, M.L. Bauchot, J.C. Hureau, J. Nielsen and E. Tortonese (ed), *Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean*, 1986, UNESCO, ISBN: 9230022152, 1473 s.
- Bauchot, M.L. and Hureau, J.C., 1990.** Sparidae. 790-812 s. J.C. Quero, J.C. Hureau, C. Karrer, A. Post and L. Saldanha (ed), *Check-list of the fishes of the eastern tropical Atlantic (CLOFETA)*, 1990, Jnct, Lisbon, Sei, Paris and Unesco, Paris, ISBN: 92-3-002620-4, 1492 s.
- Bentzen, P., Leggett, W.C. and Brown, G.G., 1988.** Length and Restriction Site Heteroplasmy in The Mitochondrial DNA of American Shad (*Alosa sapidissima*). *Genetics*, 118, 509-518.
- Bermingham, E., Lamb, T. and Avise, J.C., 1986.** Size Polymorphism and Heteroplasmy in The Mitochondrial DNA of Lower Vertebrates. *J. Heredity*, 77, 249-252.
- Brown, W.M., George, M. and Wilson, A.C., 1979.** Rapid concerted evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci.*, 76, 1967–1971. DOI: 10.1098/rspb.2007. 0169.
- Brown, W.M., Prager, E.M. and Wang, A., 1982.** Mitochondrial DNA Sequences of Primates: Tempo and Mode of Evolution. *J. Mol. Evol.*, 18, 225-239. DOI: 10.1007/BF01734101.
- Carpenter, K.E. and Johnson, G.D., 2002.** A phylogeny of sparoid fishes (Perciformes, Percoidei) based on morphology. *Ichthyol. Res.* 49, 114–127.
- Cawthorn, D.M., Steinman, H.A. and Witthuhn, R.C., 2012.** Evaluation of the 16S and 12S rRNA genes as universal markers for the identification of commercial fish species in South Africa. *Gene*, 491, 40-48. DOI: 10.1016/j.gene.2011.09.009.

- Chiba, S.N., Iwatsuki, Y., Yoshino, T. and Hanzawa, N., 2009.** Comprehensive phylogeny of the family Sparidae (Perciformes: Teleostei) inferred from mitochondrial gene analyses. *Genes and Genetic Systems*, 84 (2), 153-170. DOI: 10.1266/ggs.84.153.
- Day, J.J., 2002.** Phylogenetic relationships of the Sparidae (Teleostei: Percoidei) and implications for convergent trophic evolution. *Biol. J. Linn. Soc.* 76, 269–301.
- De La Herran, R., Ruiz Rejon, C., Ruiz Rejon, M. and Garrido-Ramos, M., 2001.** The Molecular Phylogeny of the Sparidae (Pisces, Perciformes) based on two satellite dna families. *Heredity*, 87 (6), 691–697. DOI: 10.1046/j.1365-2540.2001.00967.x.
- Dulcic, J and Kraljevic, M., 2007.** On the record of red seabream *Pagrus major* (Temminck and Schlegel, 1843) (Osteichthyes: Sparidae) in the Adriatic Sea. *Scientia Marina*, 71(1), 15-17. DOI: 10.3989/scimar.2007.71n115.
- Duftner, N., Sefc, K.M., Koblmüller, S., Salzburger, W. and Taborsky, M., 2007.** Parallel evolution of facial stripe patterns in the *Neolamprologus brichardilpulcher* species complex endemic to Lake Tanganyika. *Mol. Phylogenet. Evol.* 45, 706-715.
- Eroğlu, O., 2009.** Karadeniz'in Türkiye Kıyılarında Dağılım Gösteren Mersin Balığı Türlerinin Mitokondrial DNA Sekans Analizi Yöntemiyle Tanımlanması. *Sümae Yunus Araştırma Bülteni*, 9, 1-3.
- Felsenstein, J., 1985.** Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783–791.
- Felsenstein, J., 1987.** Estimation of hominoid phylogeny from a DNA hybridization data set. *Molecular Evolution*, 26, 123-154. DOI: 10.1007/BF02111286.
- Fiedler, K., 1991.** Familie Sparidae. In: Starck D (ed) *Lehrbuch der Speziellen Zoologie. Teil 2: Fische.* Gustav Fischer Verlag, Jena, 354–355.
- Golani, D., Öztürk, B., Başusta, N. ve Darom, D., 2006.** Sparidae. 160-167 s. D. Golani (ed), *Fishes of the Eastern Mediterranean*, 2006, Graphis matbaa., ISBN: 9789758825127, 260 s.
- Hall, T.A., 1999.** Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium*, 41, 95-98.
- Hanel, R. and Sturmbauer, C., 2000.** Multiple Recurrent Evolution of Trophic Types in Northeastern Atlantic and Mediterranean Seabreams (Sparidae, Percoidei). *J. Mol. Evol.*, 50, 276-283. DOI: 10.1007/s002399910032.

- Johnson, G.D., 1980.** The limits and relationships of the Lutjanidae and associated families. *Bull. Scripps Inst. Oceanogr.*, 24, 1–114.
- Kalendar, R., Lee, D. and Schulman, A.H., 2009.** FastPCR Software for PCR Primer and Probe Design and Repeat Search. *Genes, Genomes and Genomics*, 3(1), 1-14.
- Klug, S.W. and Cummings, W.R., 2000.** DNA structure and analysis. 238-265 s. S.W. Klug (ed), *Concept of Genetics*, 2000, Prentice Hall, ISBN: 0073525332, 745 s.
- Kocher, T.D. and Stepien, C.A., 1997.** Overview of the Classification and Phylogeny of Fishes. 29-30 s. T.D. Kocher and, C.A. Stepien (ed), *Molecular Systematics of Fishes*, 1997, Academic Press, ISBN: 9780080536910, 314 s.
- Kraljevic, M. and Dulcic, J., 1999.** Intergeneric hybridization in Sparidae (Pisces: Teleostei): *Dentex (Dentex) dentex* ♀ x *Pagrus major* ♂ and *P. major* ♂ x *D. dentex* ♀. *J. Appl. Ichthyol.*, 15, 171-175.
- Kumar, S. and Gadagkar, S.R., 2000.** Efficiency of the Neighbor-Joining Method in Reconstructing Deep and Shallow Evolutionary Relationships in Large Phylogenies. *J. Mol. Evol.*, 51, 544-553. DOI: 10.1007/s002390010118.
- Larget, B. and Simon, D., 1999.** Markov chain Monte Carlo algorithms for the Bayesian analysis of phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 16, 750-759. DOI:10.1214 /105051600000000538.
- Li, Y., 2004.** How to Build a Phylogenetic Tree Phycs498BIO Assignment2. Mary Ann Liebert, Inc., 195-212. DOI: 10.3133/of2007-1047.srp003.
- Lockhart, P. J., Penny, D. and Meyer, A., 1995.** Testing the phylogeny of swordtail fishes using split decomposition and spectral analysis. *J. Mol. Evol.* 41, 666–674.
- Magoulas, A. and Zouros, E., 1993.** Restriction site Heteroplasmy in Anchovy (*Engraulis encrasicolus*) Indicates Incidental Biparental Inheritance of Mitochondrial DNA. *Mol. Biol. Evol.*, 10, 319-325.
- Maxam, A. and Gilbert, W., 1977.** A new method of sequencing DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74, 560-564.
- Meyer, A., Kocher, T.D., Basasibwaki, P. and Wilson, A.C., 1990.** Monophyletic origin of Victoria cichlid fishes suggested by mitochondrial DNA sequences, *Nature*, 347, 550-553. DOI: 10.1038/347550a0.
- Meyer, A., 1993.** Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: *Biochemistry and Molecular Biology of Fishes* 2, 1–38.

- Miya, M., Kawaguchi, A. and Nishida, M., 2001.** Mitogenomic exploration of higher teleostean phylogenies: a case study for moderate-scale evolutionary genomics with 38 newly determined complete mitochondrial DNA sequences. *Mol. Biol. Evol.*, 18(11), 1993-2009.
- Moritz, C., Dowling, T.E. and Brown, W.M., 1987.** Evolution of Animal Mitochondrial DNA: Relevance for Population Biology and Systematics. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 18, 269-292. DOI: 10.1146/annurev.es.18.110187.001413.
- Moritz, C., 1991.** Evolutionary Dynamics of Mitochondrial DNA Duplications in Parthenogenetic Geckos. *Heteronotia binoei*. *Genetics*, 129, 221-230.
- Moum, T. and Bakke, I., 2001.** Mitochondrial control region structure and single site heteroplasmy in the razorbill (*Alca torda*; Aves). *Curr. Genet.*, 39, 198-203. DOI: 10.1007/s002940100197.
- Mulligan, T.J., Chapman, R.W. and Brown, B., 1992.** Mitochondrial DNA analysis of Walleye pollock, *Theragra chalcogramma*, from the eastern Bering Sea and Shelikof Strait, Gulf of Alaska. *Can J Fish Aquat Sci.*, 49, 319-326. DOI: 10.1139/f92-036.
- Nakabo, T. 2002.** Fishes of Japan with pictorial keys to the species. 402-418 s. T. Nakabo (ed), 2002, Tokai University Press, ISBN: 9784486018049, 2530 s.
- Nelson, J.S., 2006.** Perciformes. 339-440 s. J.S. Nelson (ed), *Fishes of the World*, 2006, John Wiley and Sons Inc., ISBN: 978-0-471-25031-9, 539 s.
- Oral, M., 2010.** Alien fish species in the Mediterranean Black Sea Basin. *Black Sea/Mediterranean Environment*, 16(1), 87-132.
- Orrell, T.M., Carpenter, K.E., Musick, J.A. and Graves, J.E., 2002.** A phylogenetic and biogeographic analysis of the Sparidae (Perciformes: Percoidei) based on cytochrome *b* sequences. *Copeia*, 3, 618-631. DOI: 10.1643/00458511(2002)-002[0618.
- Orrell, T.M. and Carpenter, K.E., 2004.** A phylogeny of the fish family Sparidae (porgies) inferred from mitochondrial sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32, 425-434. DOI: 10.1016/j.ympev.2004.01.012.
- Ostellari, L., Bargelloni, L., Penzo, E., Patarnello, P., Patarnello, T., 1996.** Optimization of single-strand conformation polymorphism and sequence analysis of the mitochondrial control region in *Pagellus bogaraveo* (Sparidae, Teleostei): rationalized tools in Wsh population biology. *Anim. Genet.*, 27, 423-427.

- Pavlidis, M.A. and Mylonas, C.C., 2011.** Biology and aquaculture of gilthead seabream and other species. 31-32 s. M.A. Pavlidis and C.C. Mylonas (ed), Sparidae, 2011, Wiley and Blackwell, ISBN: 978-1-4051-9772-4, 412 s.
- Ponce, M., Infante, C., Catanese, G., Cardenas, S. and Manchado, M., 2003.** Complete mitochondrial DNA of redbanded seabream (*Pagrus auriga*). Revista Electrónica de Veterinaria, 2, 8-13.
- Ponce, M., Infante, C., Jimenez-Cantizano, R.M., Perez, L. and Manchado, M., 2008.** Complete mitochondrial genome of the blackspot seabream, *Pagellus bogaraveo* (Perciformes: Sparidae), with high levels of length heteroplasmy in the WANCY region. Gene, 409, 44-52. DOI: 0.1016/j.gene.2007.11.004.
- Posada, D., 2008.** jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. Molecular Biology and Evolution 25(7), 1253-1256.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F. and Maniatis, T., 1989.** Molecular Cloning, a laboratory manual. Cold spring harbor laboratory Press, yayın no: 1, 3. Baskı, ISBN: 0879693096, 626 s.
- Sanger, F., Nicklen, S. and Coulson, A.R., 1977.** DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. Proceedings of the National Academy of Sciences, 74, 5463-5470.
- Shi, X., Su, Y., Wang, J., Ding, S. and Mao, Y., 2012.** Complete mitochondrial genome of black porgy *Acanthopagrus schlegelii* (Perciformes, Sparidae). Mitochondrial DNA, 23(4), 310-312. DOI: 10.3109/19401736.2012.683182.
- Smith, J.L.B., 1938.** The South African fishes of the families Sparidae and Denticidae. Trans. R. Soc. S. Africa. 26, 225–305.
- Smith, J.L.B. and Smith, M.M., 1986.** Family No. 183: Sparidae. 580-594 s. M.M. Smith and P.C. Heemstra (Ed), Smith's Sea Fishes, 1986, Springer, 1050 s.
- Summerer, M., Hanel, R. and Sturmbauer, C., 2001.** Mitochondrial phylogeny and biogeographic affinities of sea bream of the genus *Diplodus* (Sparidae). J. Fish Biol., 59, 1639-1652. DOI: 10.1080/17451000.2010.499438.
- Swofford, D. L. 2003.** PAUP. Phylogenetic Analysis Using Parsimony. Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. and Kumar, S., 2007.** MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. Molecular Biology and Evolution, 24, 1596–1599. DOI: 10.1093/molbev/msm092.

- Teletchea, F., 2009.** Molecular identification methods of fish species: reassessment and possible applications. *Rev Fish Biol Fish*, 19, 265-293. DOI:10.1371/journal.pone.0012620.
- Thompson, J.D., Higgins, D.G. and 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 Res.*, 11-22(22), 4673-4753.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. and Higgins, D.G., 1997.** The CLUSTAL_X Windows Interface: Flexible strategies for Multiple Sequence Alignment Aided by Quality Analysis Tools. *Nucleic Acids Res.*, 24, 4876-4882. DOI: 10.1093/nar/25.24.4876.
- Watanabe, T. and Kiron, V., 1995.** Broodstock management and nutritional approaches for quality offsprings in the Red Sea Bream. 373-397 s. N.R. Bromage and R. J. Roberts (Ed), *Broodstock management and egg and larval quality*, 1995, University of Cambridge Press, ISBN: 0632035919, 424 s.
- Westneat, M.W., Alfaro, M.E., Wainwright, P.C., Bellwood, D.R., Grubich, J.R., Fessler, J.R., Clements, K.D. and Smith, L.L., 2005.** Local phylogenetic divergence and global evolutionary convergence of skull function in reef fishes of the family Labridae. *Proc. R. Soc. B.*, 272, 993-1000.
- Wilhelm, V., Villages, J., Miquel, A., Engel, E., Bernales, S., Valenzuela, P.D.T. and Burzio, L.O., 2003.** The complete sequence of the mitochondrial genome of the Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. *Biol. Res.*, 36, 223-231. DOI: 10.4067/S0716-97602003000200012.
- Xia, J., Xia, K. and Jiang, S., 2007.** Complete mitochondrial DNA sequence, gene organization and genetic variation of control regions in *Parargyrops edita*. *Fish. Sci.*, 73 (5), 1042-1049. DOI: 10.1111/j.1444-2906.2007.01434.x.
- Xia, J. and Jiang, S., 2008.** Complete mitochondrial DNA sequence of the yellowfin seabream *Acanthopagrus latus* and a genomic comparison among closely related sparid species. *DNA Seq.*, 19 (4), 385-393. DOI: 10.1080/19401730802350998.
- Yang, Z. and Rannala, B., 1997.** Bayesian phylogenetic inference using DNA sequences: A Markov chain Monte Carlo method. *Mol. Biol. Evol.*, 14, 717-724.
- Zülal, A., 2001.** İnsan Genomu, kalıtım şifresinin peşinde 136 yıl. *Tübitak Yayınları*, 5-11 s.
- Zyskind, J.W. and Bernstein, S.I., 1992.** *Recombinant DNA laboratory manual*. Academic Press, 187 s.

- URL-1, 2012.** <http://www.msxlabs.org/forum/biyoloji/245273filogenetik.html#ixzz2G-4NeD9mY> (21 Aralık 2012, 10:00).
- URL-2, 2012.** <http://www.megasoftware.net/m con select.html> (21 Aralık 2012, 10:00).
- URL-3, 2012.** <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html> (21 Aralık 2012, 10:00).
- URL-4, 2012.** <http://paup.csit.fsu.edu> (21 Aralık 2012, 10:00).
- URL-5, 2012** <http://www.megasoftware.net/m con select.html> (21 Aralık 2012, 10:00).
- URL-6, 2012.** <http://mrbayes.csit.fsu.edu> (21 Aralık 2012, 10:00).

ÖZGEÇMİŞ

İsmail AKSU 06/03/1984 yılında İstanbul'un Fatih ilçesinde dünyaya geldi. İlk, orta ve lise eğitimini İstanbul'un Küçükçekmece ilçesinde gördükten sonra 2003 yılında girmiş olduğu Öss'de aldığı puanla Karadeniz Teknik Üniversitesi Rize Fen Edebiyat Fakültesi Kimya Bölüm'üne yerleşti. Bölümünden başarıyla mezun olduktan sonra yüksek lisans eğitimi için Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalına kayıt yaptırdı. Burada hazırlık dönemi (İngilizce ve Bilimsel Hazırlık) geçirdikten sonra Temel Bilimler Deniz Biyolojisi Bölümünde tez döneminde eğitimine devam etmektedir.

