

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**TÜRKİYE’DE DAĞILIM GÖSTEREN KEREVİT (*Pontastacus leptodactylus*
Eschscholtz, 1823) POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN
MİKROSATELLİT BELİRTEÇLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Tuba DALAR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

SU ÜRÜNLERİ MÜHENDİSLİĞİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

TEMMUZ 2021

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**TÜRKİYE’DE DAĞILIM GÖSTEREN KEREVİT (*Pontastacus leptodactylus*
Eschscholtz, 1823) POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN
MİKROSATELLİT BELİRTEÇLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Tuba DALAR

**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
SU ÜRÜNLERİ MÜHENDİSLİĞİ
ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ**

TEMMUZ 2021

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE’DE DAĞILIM GÖSTEREN KEREVİT (*Pontastacus leptodactylus*
Eschscholtz, 1823) POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN
MİKROSATELLİT BELİRTEÇLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Tuba DALAR

SU ÜRÜNLERİ MÜHENDİSLİĞİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

Bu tez T.C. Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından FDK-2018-3027 numaralı proje ile desteklenmiştir..

TEMMUZ 2021

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE’DE DAĞILIM GÖSTEREN KEREVİT (*Pontastacus leptodactylus*
Eschscholtz, 1823) POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN
MİKROSATELLİT BELİRTEÇLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Tuba DALAR

SU ÜRÜNLERİ MÜHENDİSLİĞİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

Bu tez 16/07/2021 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr.. Süleyman AKHAN (Danışman)

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

Doç. Dr. İfakat Tülay ÇAĞATAY

Doç. Dr. Bilge KARAHAN

Dr. Öğr. Üyesi Gökhan KALAYCI

ÖZET

TÜRKİYE’DE DAĞILIM GÖSTEREN KEREVİT (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MİKROSATELLİT BELİRTEÇLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ

Tuba DALAR

Doktora Tezi, Su Ürünleri Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Süleyman AKHAN

Temmuz 2021; 123 sayfa

Türkiye’de doğal olarak dağılım gösteren iki farklı kerevit türü bulunmaktadır. Bunlardan taş kereviti (*Astropotamobius terrentium*) Trakya Bölgesinde, dar pençeli kerevit veya Türk kereviti (*Pontastacus leptodactylus*) tüm Türkiye’de dağılım göstermektedir. Türkiye’de ilk defa 1984 yılında görülen kerevit vebası sonucu stoklar dramatik olarak etkilenmiş ve birçok doğal stok bu hastalık nedeniyle yok olma tehdidi ile karşı karşıya kalmıştır. Halen risk altındaki bu tür ve stokların korunmasına yönelik, yeni stratejilerin belirlenebilmesi için mevcut populasyonların genetik yapısının ortaya konması oldukça önemlidir. Bu nedenle bu tez çalışması ile Türkiye sularında dağılım gösteren bazı kerevit populasyonlarında populasyon içi ve populasyonlar arası genetik varyasyon parametrelerinin bulunması ve genetik bilgi edinilmesi amaçlanmıştır.

Çalışma kapsamında, Türkiye’yi coğrafi olarak temsil eden 11 önemli kerevit populasyonundan toplam 220 kerevit örneği, 10 mikrosatellit belirteç kullanılarak genotiplendirilmiştir. Çalışılan 10 mikrosatellit lokus için toplam 172 allel elde edilmiş ve lokuslara göre allel sayısı 4 ile 44 arasında değişmiştir. Çalışılan tüm populasyonlardan elde edilen sonuçlar, gözlenen heterozigotluğun 0.046-0.854 arasında ve beklenen heterozigotluğun 0.054-0.901 arasında değiştiğini göstermiştir. Gen akışı (Nm) değeri 0.839 olarak hesaplanmıştır. Toplam genetik çeşitliliğin %21.96’sının populasyonlar arasındaki farklılıklardan, %22.83’ünün populasyon içindeki bireylerden ve %55.21’inin de tüm bireyler arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı tespit edilmiştir. İncelenen populasyonların genetik yapısı göz önüne alındığında, Çıldır Gölü ve Bafra Balık Gölleri dışındaki tüm populasyonlar arasında gen akışı olduğu belirlenmiştir.

Türkiye'deki dar pençeli kerevit populasyonlarının genetik yapısı ilk kez bu tez çalışması ile SSR belirteci ile araştırılmıştır. Elde edilen veriler, Türkiye'deki dar pençeli kerevit populasyonlarının genetik çeşitliliği hakkında önemli bilgiler sağlamıştır. Bu bilgilerin kerevit populasyonlarının korunması ve yönetiminin yanı sıra kerevitlerle ilgili ıslah ve ıslah çalışmalarına destek olacağı düşünülmektedir.

ANAHTAR KELİMELE: Genetik çeşitlilik, Kerevit, Moleküler Belirteç, Mikrosatellit, PZR

JURİ: Prof. Dr. Süleyman AKHAN)

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

Doç. Dr. İfakat Tülay ÇAĞATAY

Doç. Dr. Bilge KARAHAN

Dr.Öğr. Üyesi Gökhan KALAYCI



ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY IN TURKISH CRAYFISH (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) POPULATIONS USING MICROSATELLITE MARKERS

Tuba DALAR

PhD Thesis in Fisheries and Aquaculture Engineering

Supervisor: Prof. Dr. Süleyman AKHAN

JULY 2021; 123 pages

In Turkey, the crayfish is represented with two crayfish species. The first one is stone crayfish (*Astropotamobius torrentium*) which is distributed in Trace Region of country and the second one is narrow clawed crayfish or Turkish crayfish (*Pontastacus leptodactylus*) which is distributed country wide. As a result of the crayfish plague in 1984, Turkish crayfish stocks were affected dramatically and many natural stocks were faced with threat of extinction due to this disease. It is very important to reveal the genetic structure of existing populations which are under risk in order to determine new strategies for conserving these crayfish stocks. Therefore, we aimed to determine the genetic diversity parameters between and within important Turkish crayfish populations distributed in country waters and obtain genetic information about this species.

In this PhD study, a total of 220 crayfish specimens from 11 important crayfish populations were genotyped using 10 microsatellite markers. A total of 172 alleles were obtained and the number of alleles were varied between 4 and 44 according to the loci. The results obtained from all studied populations showed that the observed heterozygosity was ranged between 0.046-0.854, and the expected heterozygosity was ranged between 0.054-0.901. The gene flow (Nm) value was calculated as 0.839. It has been determined that 21.96% of the total genetic diversity originates from the differences between the populations, 22.83% from the individuals within the populations, and 55.21% from the differences among all individuals. Considering the genetic structure of the studied populations, it was determined that there was a gene flow between all populations except Çıldır Lake and Bafra Balık Lakes.

Genetic structure of Turkish narrow clawed crayfish populations was investigated for the first time with the SSR marker in this PhD thesis. The obtained data provided important information related to the genetic diversity of narrow clawed crayfish populations in Turkey. It is thought that this information will support the breeding and breeding studies about crayfish besides genetic conservation and management of important crayfish populations.

KEYWORDS: Crayfish, Genetic Diversity, Microsatellite, Molecular Marker, PCR

COMMITTEE: Prof. Dr. Süleyman AKHAN

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

Assoc. Dr. İfakat Tülay ÇAĞATAY

Assoc. Prof. Dr. Bilge KARAHAN

Assist. Prof. Dr. Gökhan KALAYCI



ÖNSÖZ

Bu çalışma Akdeniz Üniversitesi Su Ürünleri Anabilim Dalı'nda doktora tezi olarak hazırlanmış ve Türkiye'nin göllerinde doğal olarak bulunan dar pençeli tatlısu kerevit stoklarının korunmasına yönelik yeni stratejilerin belirlenebilmesi için popülasyonların genetik yapısının araştırılması amaçlanmıştır.

Doktora danışmanlığımı üstlenerek öğrencilik süresince deneyimlerini ve önerilerini hiçbir zaman esirgemeyen, çalışmalarımın sürdüğü süre boyunca beni destekleyip yönlendiren danışman hocam Prof. Dr. Süleyman AKHAN'a yardımlarından dolayı sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bilgilerini paylaşan ve desteğini esirgemeyen değerli hocalarım Prof. Dr. Kemal KARABAĞ, Doç. Dr. İ. Tülay ÇAĞATAY, Doç. Dr. Taki KARSLI'ya bu süre boyunca laboratuvarında beraber çalıştığımız ve bana yardımcı olan ekip arkadaşlarım Su Ürünleri Y. Müh. Yiğit TAŞTAN, Su Ürünleri Y. Müh. Büşra TAŞTAN, Ziraat Mühendisi Berkant Yıldız, Ziraat Y. Müh. H. Göktuğ FİDAN ve Y. Biyolog. Hasan Emre YILMAZ'a teşekkür ve şükranlarımı sunarım.

Hayatım boyunca bana destek ve güven veren babama, anneme, ablama ve tez yazımında uyuyarak işimi kolaylaştıran minik kızım Beyaz Ada'ya, sonsuz teşekkürlerimi sunuyorum.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER	vi
AKADEMİK BEYAN	ix
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiv
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK TARAMASI	6
2.1. Kerevitin (<i>Pontastacus leptodactylus</i>) Sistematığı, Biyolojisi ve Morfolojisi.....	6
2.2. Kerevit Vebası	12
2.3. Moleküler Belirteçler	13
2.3.1. Mikrosatellit DNA belirteçleri.....	15
2.4. Türkiye’de Kerevit Üzerine Yapılan Bilimsel Çalışmalar	18
2.5. Kerevit Genetiği Üzerine Yapılan Çalışmalar.....	20
3. MATERYAL VE METOT	23
3.1. Materyal.....	23
3.1.1. Kerevit materyali ve örnekleme yapılan su kaynakları	23
3.1.2. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler	26
3.1.3. DNA izolasyonu ve PZR uygulamasında kullanılan çözeltiler	27
3.1.4. Elektroforez işleminde kullanılan kimyasallar ve çözeltiler	28
3.2. Metot	29
3.2.1. Kerevitlerin yakalanması, laboratuvara getirilmesi ve doku örneklerinin alınması.....	29
3.2.3. DNA izolasyonu	30
3.2.4. Genomik DNA kalite kontrolü ve konsantrasyonlarının belirlenmesi	32
3.2.5. PZR işlemi ile mikrosatellit lokusların çoğaltılması	33
3.2.6. Jel elektroforezi	36
3.2.6.1. Elektroforez çözeltisi	36
3.2.6.2. Jelin hazırlanması.....	37

3.2.6.3. DNA ve PZR ürünlerinin jele yüklenmesi.....	38
3.2.6.4. Elektroforez işlemi.....	38
3.2.7. Mikrosatellit lokuslarında fragment analizi ve genotiplerin tespiti.....	39
3.2.8. Populasyon yapılarının belirlenmesi ve genetik çeşitliliğin bulunması	42
3.2.8.1.Genetik çeşitlilik analizleri	42
3.2.8.2. Soy içi üreme katsayısı (<i>F_{is}</i>) ve F istatistikleri (<i>F_{IT}</i> , <i>F_{IS}</i> ve <i>F_{ST}</i>)	46
3.2.8.3. Populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar	49
3.2.9. Moleküler varyans analizi (AMOVA).....	51
3.2.10. Populasyonlar arasında genetik mesafe tahmini ve filogenetik ağaç oluşturma	51
3.2.11. Mantel testi	53
3.2.12. Darboğaz analizi	53
3.2.13. Faktöriyel uygunluk analizi (<i>FCA</i>).....	54
3.2.14. Populasyonların genetik yapı analizi	54
4. BULGULAR	56
4.1. Lokuslar Bazında Elde Edilen Allel Frekansları	56
4.2. Populasyon İçi Genetik Çeşitlilik Parametreleri	60
4.2.1. 1 Numaralı populasyonda (Hanoğlu Göleti) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	60
4.2.2. 2 Numaralı populasyonda (İznik Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	61
4.2.3. 3 Numaralı populasyonda (Manyas Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	62
4.2.4. 4 Numaralı populasyonda (Gölmarmara Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	63
4.2.5. 5 Numaralı populasyonda (Işıklı Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	64
4.2.6. 6 Numaralı populasyonda (Eğirdir Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	65
4.2.7. 7 Numaralı populasyonda (Hirfanlı Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	66

4.2.8. 8 Numaralı popülasyonda (Seyhan Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	67
4.2.9. 9 Numaralı popülasyonda (Bafra Balık Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	68
4.2.10. 10 Numaralı popülasyonda (Keban Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	69
4.2.11. 11 Numaralı popülasyonda (Çıldır Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	70
4.3. Çalışılan Popülasyonların Genelinde Genetik Çeşitlilik Parametreleri	71
4.3.1. Popülasyonlarda belirlenen özgün allel sayıları	71
4.3.2. Null allel frekansları	74
4.3.3. Popülasyonlarda hesaplanan F istatistikleri (Fis, Fit, Fst) ve gen akışı (Nm) değeri.....	74
4.3.4. Popülasyonlar arası Fst değerleri.....	75
4.3.5. Genetik farklılaşma katsayısı (Gst)	76
4.3.6. Popülasyonlardaki moleküler varyans analizi (AMOVA)	76
4.3.7. Popülasyonlarda genetik uzaklık (Da) ve genetik benzerlik değerleri	77
4.3.8. Genetik uzaklık (Da) değeri kullanılarak yapılan kümeleme analizleri	78
4.3.9. Mantel testi bulguları.....	79
4.3.10. Darboğaz analizi	80
4.3.11. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA).....	82
4.3.12. Genetik yapı analizi	83
5. TARTIŞMA.....	86
6. SONUÇLAR.....	90
7. KAYNAKLAR.....	92
8. EKLER.....	112
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Doktora Tezi olarak sunduğum “Türkiye’de dağılım gösteren kerevit (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) populasyonlarında genetik çeşitliliğin mikrosatellit belirteçler kullanılarak belirlenmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

16/07/2021

Tuba DALAR



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

A	: Adenin nükleotid
Bç	: Baz çifti
C	: Sitozin nükleotid
°C	: Derece santrigrat
cm	: Santimetre
dk	: Dakika
dH ₂ O	: Saf su
gr	: Gram
G	: Guanin nükleotid
ha	: Hektar alan
kb	: Kilobaz
kg	: Kilogram
km	: Kilometre
L	: Litre
M	: Molar
m	: Metre
mg	: Miligram
MgCl ₂	: Magnezyum klorür
mM	: Milimolar
ng	: Nanogram
pmol	: Pikomol
rpm	: Devir/Dakika
sn	: Saniye
T	: Timin nükleotid
T _m	: Erime sıcaklığı
µg	: Mikrogram
µl	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar

Kısaltmalar

AG	: Allel Genişliği
AFLP	: Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
dNTP	: Deoksiribonükleotid Trifosfat
D _{ST}	: Genetik Farklılık
EDTA	: Etilendiamin Tetra Asetik Asit
FAO	: Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
F _{IS}	: Soy içi Üreme Katsayısı
G _{ST}	: Genetik Farklılaşma Katsayısı
H _O	: Gözlenen Heterozigotluk
H _e	: Beklenen Heterozigotluk
N _a	: Ortalama Allel Sayısı
N _e	: Etkili Allel Sayısı
N _m	: Gen Akışı
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PIC	: Polimorfizm Bilgi İçeriği
RAPD	: Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
RFLP	: Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi
SNP	: Tek Nükleotid Polimorfizmi
SSR	: Basit Dizi Tekrarları
STR	: Ardışık Basit Tekrarlar
UV	: Ultra Viole
TBE	: Tris-Borik Asit-Edta karışımı
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
vd	: ve diğerleri
VNTR	: Değişken Sayıda Ardışık Tekrarlar

Tezde ondalık yazım olarak “.” noktalama işareti kullanılmaktadır.

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Türkiye’de 1979-1990 yılları arasında kerevit üretimi (ton/yıl).....	3
Şekil 1.2. Türkiye’de 2000-2019 yılları arasında kerevit üretimi (ton/yıl).....	4
Şekil 2.1. <i>Astropotomobius torrentium</i> (Schränk 1803) (Anonim 1)	7
Şekil 2.2. <i>Pontastacus leptodactylus</i> (Eschscholtz 1823) (Anonim 2).....	8
Şekil 2.3. Kerevit yüzme ayaklarında (pleopod) yumurta tutunması	9
Şekil 2.4. Kerevit üstten görünüm	10
Şekil 2.5. Kerevit alttan görünüm	10
Şekil 2.6. Ülkemizde avlanan kerevitlerin yıllara göre ekonomik değeri (TL/kg).....	12
Şekil 2.7. Kerevit vebasına yakalanmış semptomlu (<i>Pontastacus leptodactylus</i>) birey.....	13
Şekil 2.8. Mikrosatellit belirteçlerin motif şekilleri.....	16
Şekil 2.9. Mikrosatellit belirteçlerin polimorfizm yapısı	17
Şekil 2.10. Mikrosatellit allellerin jeldeki ayırımı ve kalıtım bilgisi (Liu ve Cordes, 2004)	17
Şekil 3.1. Kerevit örnekleme yapılan su kaynakları.....	23
Şekil 3.2. a) Kerevitlerin su kaynaklarından strafor kutulara yerleştirilerek taşınması b) Kerevitlerin laboratuvara getirilmesi.....	25
Şekil 3.3. DNA izolasyonu için kerevitlerden doku örneği alınması	25
Şekil 3.4. Pinterlerin kerevit avlamak için göle bırakılması.....	29
Şekil 3.5. Balıkçılardan örneklerin teslim alınması	30
Şekil 3.6. DNA izolasyonu hazırlık aşaması	31
Şekil 3.7. DNA izolasyonu için örneklerin ezilmesi.....	32
Şekil 3.8. Manyas Gölü’ne ait bireylerden izole edilen DNA’ ların jel görüntüsü	32
Şekil 3.9. PZR hazırlık aşaması	35
Şekil 3.10. Hazırlanmış PZR tüpleri.....	35
Şekil 3.11.a) PZR programının cihaza girilmesi b) Hazırlanan PZR tüplerinin thermal cycler’a yerleştirilmesi.....	36

Şekil 3.12.a) DNA örneklerinin jele yüklenmesi; b) PZR örneklerinin jele yüklenmesi	38
Şekil 3.13. PZR işlemi sonrası elde edilen ürünlerin agaroz jelde yürütülerek kontrolü. Keban Populasyonunda Aast4-3 lokusuna ait jel görüntüsü.	38
Şekil 3.14. Bir kerevit bireyinde çoğaltılan Aast4-7 (Fam:Mavi), Aast4-12 (Tamra:Siyah), Aast4-43 (Fam:Mavi) Aast4-40 (Hex:Yeşil) lokuslarına ait elektroferogram görüntüsü	40
Şekil 3.15. Örnek bir kerevit bireyinde çoğaltılan Aast4-3 (Hex=Yeşil), Aast4-16 (Fam=Mavi), Aast4-34 (Tamra=Siyah) ve Aast4-33 (Fam=Mavi) lokuslarına ait elektroferogram görüntüsü	41
Şekil 3.16. Örnek bir kerevit bireyinde çoğaltılan Aast4-30 (Hex=Yeşil) ve Aast4-24 (Fam=Mavi) lokuslarına ait elektroferogram görüntüsü.....	41
Şekil 4.1. Çalışılan kerevit populasyonlarında genetik mesafe (D) değerleri ile yapılan UPGMA dendogramı	78
Şekil 4.2. Coğrafik uzaklığın koordinat analizi	79
Şekil 4.3. Genetik uzaklığın koordinat analizi	80
Şekil 4.4. Mantel testi genetik uzaklık ve coğrafik uzaklık	80
Şekil 4.5. Çalışılan kerevitlerde darboğaz için mode-shift grafiği	81
Şekil 4.6. Çalışılan populasyonlarda FCA analizi	83
Şekil 4.7. Tespit edilen en yüksek ΔK	84
Şekil 4.8. Çalışılan 11 farklı populasyonda Structure kümeleme analizi görüntüsü	85

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Türkiye’de toplam su ürünleri üretim miktarları (TÜİK 2020).....	2
Çizelge 2.1. Kerevitin (<i>Pontastacus leptodactylus</i> Eschscholtz, 1823) sistematigi (Kumlu 1998).....	6
Çizelge 3.1. Kerevit örnekleme yapılan su kaynakları.....	24
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler	26
Çizelge 3.3. DNA izolasyonunda kullanılan ticari kitin içeriği	26
Çizelge 3.4. 10XTBE (Tris Boric Asit EDTA) Tamponu hazırlanmasında kullanılan kimyasallar	26
Çizelge 3.5. Agaroz jel hazırlanmasında kullanılan kimyasallar	26
Çizelge 3.6. Kullanılan primer ve özellikleri.....	33
Çizelge 3.7. PZR reaksiyon karışımı ve miktarları	34
Çizelge 3.8. Kullanılan PZR programı	36
Çizelge 3.9. Elektroforez işlemlerinde ve agaroz jellerinin hazırlanmasında stok ve tampon çözeltilerin içerikleri	37
Çizelge 3.10. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan kimyasal maddeler	39
Çizelge 3.11. Fragment analizlerine gönderilmek üzere oluşturulan multipleks gruplar ve özellikleri	40
Çizelge 4.1. 1 Numaralı populasyonda (Hanoğlu Göleti) genetik çeşitlilik parametreleri	60
Çizelge 4.2. 2 Numaralı populasyonda (İznik Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	61
Çizelge 4.3. 3 Numaralı populasyonda (Manyas Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	62
Çizelge 4.4. 4 Numaralı populasyonda (Gölmarmara Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.....	63
Çizelge 4.5. 5 Numaralı populasyonda (Işıklı Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	64
Çizelge 4.6. 6 Numaralı populasyonda (Eğirdir Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	65

Çizelge 4.7. 7 Numaralı populasyonda (Hirfanlı Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.....	66
Çizelge 4.8. 8 Numaralı populasyonda (Seyhan Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.....	67
Çizelge 4.9. 9 Numaralı populasyonda (Bafra Balık Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.....	68
Çizelge 4.10. 10 Numaralı populasyonda (Keban Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.....	69
Çizelge 4.11. 11 Numaralı populasyonda (Çıldır Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	70
Çizelge 4.12. Çalışılan tüm populasyonlarda hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri	71
Çizelge 4.13. Çalışılan kerevit populasyonlarında bulunan özgün alleller.....	72
Çizelge 4.14. Çalışılan 11 farklı populasyondan elde edilen null allel frekansları parametreleri	74
Çizelge 4.15. Çalışılan kerevit populasyonlarında F istatistikleri (Fis, Fit, Fst) ve Gen akışı (Nm) değeri.....	75
Çizelge 4.16. Çalışılan 11 farklı populasyon arasında tahmin edilen ikişerli Fst değerleri	75
Çizelge 4.17. Çalışılan 11 farklı kerevit populasyonlarında heterozigotluk (Hs,Ht), genetik farklılıklar (Dst) ve genetik farklılaşma katsayısı (Gst).....	76
Çizelge 4.18. Moleküler varyans (AMOVA) analizi.....	70
Çizelge 4.19. Çalışılan 11 kerevit populasyonları arasındaki genetik mesafe (Da) ve genetik benzerlik	71
Çizelge 4.20. Darboğaz analizi için mikrosatellit evrim modeli analizi.....	81

1. GİRİŞ

Üç tarafı denizlerle çevrili olan Türkiye, sahip olduğu tatlısu kaynakları ile birlikte zengin su kaynakları potansiyeline sahiptir. Ülkemiz çevresini saran denizlerde 7.816 kıyı şeridinde sahiptir. Buna adalara ait kıyı şeridi de ilave edildiğinde toplam kıyı uzunluğu 8.333 km uzunluğa erişmektedir. İç su kaynakları olarak yaklaşık 1 milyon hektar göllere, 200.000 kilometreye yakın akarsuya, 7000 ha lagün ve 3419 km² baraj ve 8903 km² doğal göle sahiptir. Sahip olunan bu su kaynakları ise su ürünleri üretimi için toplamda 25.577.200 ha potansiyel yüzey alanı oluşturmaktadır (Çelikkale vd. 1999; Yıldırım ve Okumuş 2004). Toplam üretim alanlarının takribi %95.48'ini denizler (24.135.000 ha), %3.52'sini doğal göller (890.300 ha), %1.35 ini baraj gölleri (341.900 ha), %0.79'unu akarsular (2.000 km²), %0.27'sini lagün gölleri (70.000 ha) ve ortalama %0.04'ünü (10.000 ha) göletlerin oluşturduğu bildirilmektedir (Yıldırım ve Okumuş 2004). Deniz ve iç su kaynaklarımızın toplam yüzey alanı 25 milyon hektarın üstünde olup, bu rakam ülkemizin toplam tarım alanlarına yakın durumdadır. Ülkemizin bu potansiyeli dikkate alındığında balıkçılık alanlarının etkin kullanılması büyük önem arz etmektedir (Karadal 2014). Gelecekte bu kaynaklardan etkin ve verimli bir şekilde faydalanabilmek için kaynakların koruma ve kullanma dengesi içerisinde işletilmesi gerekmektedir.

Su ürünleri hayvansal protein gereksiniminin önemli bir bölümünü sağlayan kıymetli bir gıda kaynağıdır. FAO verilerine göre 2018 yılında Dünya'da 82.1 milyon ton su ürünleri yetiştiriciliği yapılmıştır (algler ve diğer deniz canlıları hariç). Yetiştiricilik yoluyla yapılan üretim miktarının 51.3 milyon tonu iç sulardan, 30.8 milyon tonu ise denizlerde elde edilen yetiştiricilikten sağlanmıştır. Dünya çapında kişi başına yıllık su ürünleri tüketim miktarı yaklaşık 20.5 kg'dır (FAO 2020).

Ülkemizde halihazırda sahip olunan su kaynaklarından gerek avcılık gerekse yetiştiricilik yoluyla üretim yapılmaktadır. Su ürünleri üretiminin önemli bir kısmını oluşturan avcılık yoluyla üretim oldukça eski tarihlerden beri yapılmakta iken su ürünleri yetiştiriciliği ülkemizde 1970'lerde alabalık yetiştiriciliği ile başlamıştır. Yetiştiricilik serüveni 1980'lerde Ege ve Akdeniz'de çipura ve levrek, 1990'larda Karadeniz'de kafeslerde somon yetiştiriciliği ile devam etmiş, 2000'lerin başında ise Ege ve Akdeniz'de orkinos yetiştiriciliği ile büyük bir artış sağlanmıştır. Üretimin çoğunluğu üç karnivor balık türüne (çipura, gökkuşağı alabalığı ve levrek) dayalı olmakla birlikte günümüzde Türkiye'de 23 türün yetiştiriciliği yapılmaktadır (Akhan 2016).

Türkiye'de su ürünleri yetiştiriciliği yıl geçtikçe artmaktadır. Yaklaşık son yirmi yıllık gelişimine bakıldığında, 2000 yılında 79.031 ton, 2005 yılında 118.277 ton, 2010 yılında 167.141 ton ve 2019 yılında 373.356 ton su ürünleri yetiştiriciliğinden üretim sağlanmıştır. TÜİK verilerine göre 2019 yılında en çok yetiştirilen türler ise 137.419 ton ile deniz levreği (*Dicentrarchus labrax*), 123.089 ton ile gökkuşağı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*) ve 99.730 ton ile çipura (*Sparus aurata*) olmuştur (TÜİK 2020). Türkiye çipura ve deniz levreği yetiştiriciliğinde dünya lideri konumundadır.

Avcılık yoluyla yapılan üretimi denizlerden ve iç sulardan avlanan su ürünleri oluşturmaktadır. Türkiye'de henüz yetiştiricilik yoluyla üretimi yapılamayan kerevit (*Pontastacus leptodactylus*) 1985 yılına kadar önemli bir ürün olarak görülürken sonraki süreçte hastalık ve aşırı avcılıktan kaynaklanan azalan üretim miktarları 696 tona kadar gerilemiştir (TÜİK 2020).

Çizelge 1.1. Türkiye’de toplam su ürünleri üretim miktarları (TÜİK 2020)

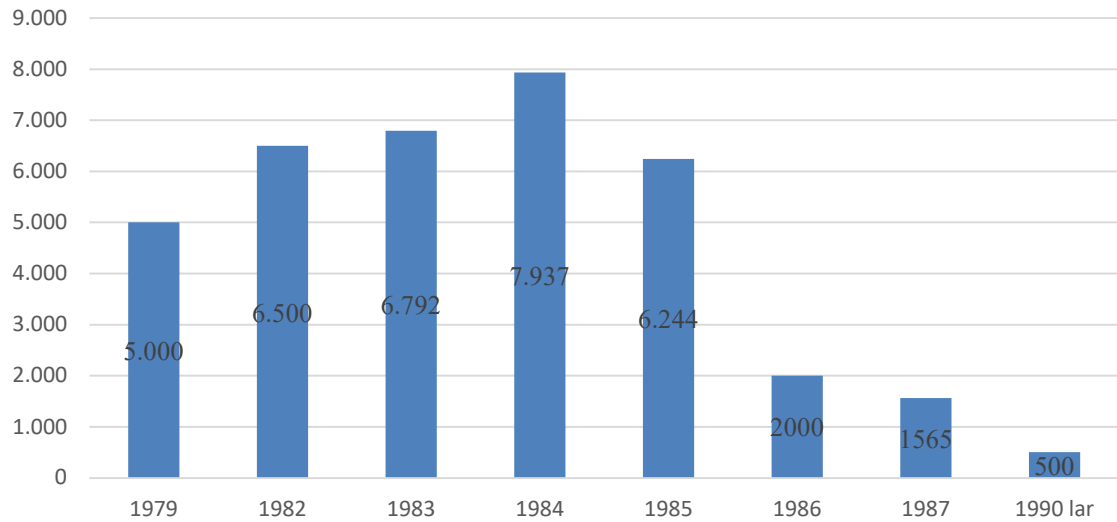
Yıllar	Avcılık Üretimi (Ton)			Yetiştiricilik Üretimi (Ton)			Toplam (Ton)	Kişi Başına Tüketim (Kg)
	Deniz	İçsu	Toplam	Deniz	İçsu	Toplam		
2000	460.521	42.824	503.345	35.646	43.385	79.031	582.376	8
2001	484.521	43.323	527.733	29.730	37.514	67.244	594.977	7.5
2002	522.744	43.938	566.682	26.868	34.297	61.165	627.847	6.7
2003	463.074	44.698	507.772	39.726	40.217	79.943	587.715	6.7
2004	504.897	45.585	550.482	49.895	44.115	94.010	644.492	7.8
2005	380.381	46.115	426.496	69.673	48.604	118.277	544.773	7.2
2006	488.966	44.082	533.048	72.249	56.694	128.943	661.991	8.2
2007	589.129	43.321	632.450	80.840	59.033	139.873	772.323	8.6
2008	453.113	41.011	494.124	85.629	66.557	152.186	646.310	7.8
2009	425.046	39.187	464.462	82.481	76.248	158.729	623.191	7.6
2010	445.680	40.259	485.939	88.573	78.568	167.141	653.080	6.9
2011	477.658	37.097	514.755	88.344	100.446	188.790	703.545	6.3
2012	396.322	36.120	432.442	100.853	111.557	212.410	644.852	7.1
2013	339.047	35.074	374.121	110.375	123.019	233.394	607.515	6.3
2014	266.078	36.134	302.212	126.894	108.239	235.133	537.345	5.5
2015	397.731	34.176	431.907	138.879	101.455	240.334	672.241	6.1
2016	301.464	33.856	335.320	151.794	101.601	253.395	588.715	5.5
2017	322.173	32.145	354.318	172.492	104.010	276.502	630.820	5.5
2018	283.955	30.139	314.094	209.370	105.167	314.537	628.631	6.1
2019	431.572	31.596	463.168	256930	116.426	373.356	720.214	6.3

Yüksek ekonomik değere sahip kerevit (Türk kereviti, Dar pençeli kerevit) *Pontastacus leptodactylus* ülkemiz sularında geniş bir yayılım alanına sahiptir (Akhan vd. 2014; Harlıoğlu 2008; Harlıoğlu ve Farhadi 2017). Bu tür ile birlikte, Orta Avrupa’nın doğal kerevit türü olan taş kerevitinin (*Astropotamobius torrentium*) ülkemizde Batı Trakya Bölgesi’nde bazı su kaynaklarında dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Harlıoğlu vd. 2006; Harlıoğlu vd. 2007; Harlıoğlu ve Güner 2007; Güner vd 2010; Harlıoğlu ve Ferhadi 2017).

Kerevitler doğal yaşam alanlarında ekolojik denge içerisinde önemli rollere sahiptir. Lentik ve lotik ekosistemlerin vazgeçilmez bir ögesi olan kerevitler küresel

olarak dağılım gösteren omnivor omurgasız canlılardır (Momot vd. 1978; Taylor vd. 1996). Kerevitler doğal ortamdaki birçok faydalı fonksiyonlarının sonucu olarak, bentik üretimin balıklar için uygun hale gelmesini sağlarlar (Momot vd. 1978). Ekosistemde, organik materyallerin işlenmesinde önemli rol oynayan bu canlılar sistemdeki enerji dengeleri üzerine etkilidirler (Hessen vd. 1993; Wallace vd. 1997; Zhang vd. 2003; Bolat ve Kaya 2016). Kerevitler durgun ve akarsu habitatlarında oynadıkları bu roller nedeniyle belirleyici tür olarak görülmektedir (Hogger 1988; Momot 1995; Nyström 2002; Bolat ve Kaya 2016). Yaşadıkları habitatlarda yok olduklarında veya yeni bir ortamda olmaları, bulundukları ekosistem üzerinde ciddi bir etkiye neden olabilir (Matthews ve Reynolds 1992; Nyström ve Strand 1996; Bolat ve Kaya 2016). Ekosistem mühendisi olarak tanımlanan kerevitler bu unvanı hareket ve beslenme aktiviteleri ile sularındaki sediment sirkülasyonunu etkileme yeteneği ile almıştır (Jones 1984; Statzner vd. 2003). Ekolojik öneminin yanı sıra ticari bir ürün ve lüks bir besin maddesi olması kerevitlerin önemini bir kat daha artırmaktadır. Dolayısıyla yüksek ekonomik değeri nedeniyle kerevitlere olan talep her geçen gün artmaktadır.

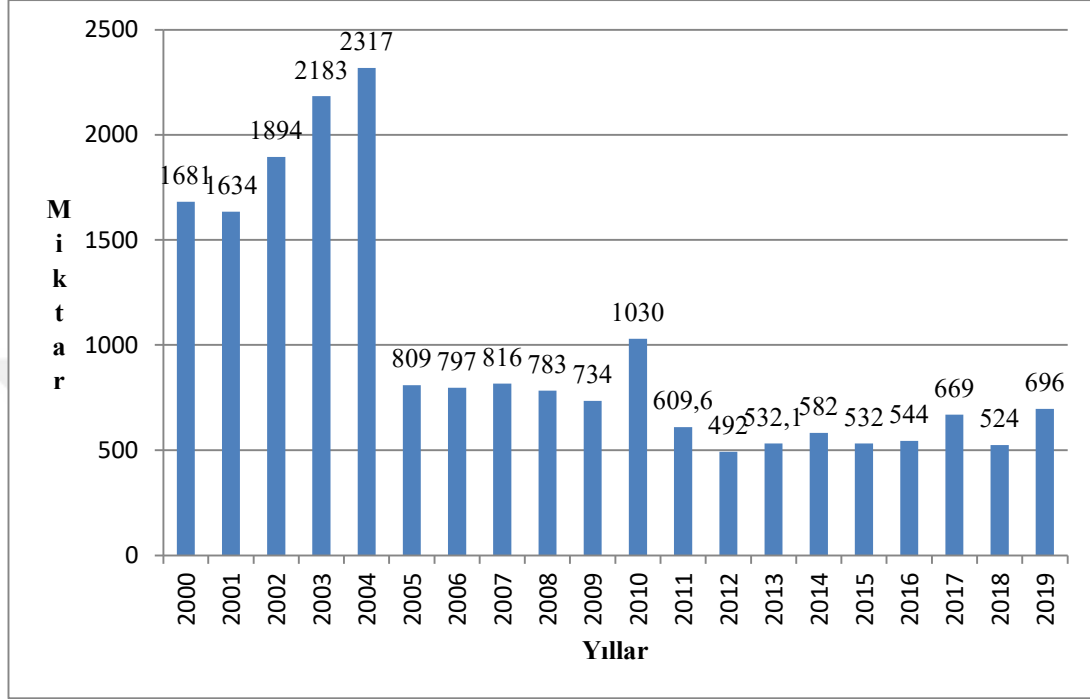
Türkiye’de kerevit avcılığı 1960’lı yıllarda Avrupa’nın yoğun talebi üzerine ihracatına bağlı olarak artmıştır. Avcılığın en yüksek rakamlara eriştiği 1984 yılında bu miktar yaklaşık 8000 ton/yıl iken, *Aphanomyces astaci* mantar etkeninin sebep olduğu kerevit vebası hastalığı nedeniyle 1984 sonrasında avcılık yoluyla kerevit üretiminde ani bir düşüş yaşanmıştır (Ackefors ve Lindqvist 1994). Avcılık yoluyla kerevit üretimi 1986 yılında 2000 tonun altına inmiş, sonrasında 1990’larda bu miktar daha da azalarak 500 tona kadar düşmüştür (Şekil 1.1) (DİE 1996; Bagot 1996; Harlioğlu 2004; Akhan vd. 2017). Halen su kaynaklarımızın çoğunda kerevit vebası görülmektedir (Diler vd. 1999; Bolat 2001; Harlioğlu 2008). Kerevit stoklarının yaşamış olduğu bu süreç üretimini olumsuz yönde etkilemiş ve bilinçsiz avcılık ile hastalığın başka göllere taşınması sebebiyle doğal stoklar yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalmıştır.



Şekil 1.1. Türkiye’de 1979-1990 yılları arasında kerevit üretimi (ton/yıl)

Türkiye’de 1986-1990 yılları arasında kerevit avcılığı veba nedeniyle yasaklanmış, 1991’den sonra toparlanma gözlenen su kaynaklarının avcılığa açılması ile

kerevit üretiminde artışlar başlamıştır (Alpbaz 2009; DİE 1984; DİE 1987; DİE 1996; Bagot 1996; Harlıoğlu 2004; TÜİK 2020). Aşağıdaki şekillerde yıllara göre kerevit üretimi verilmiştir (Şekil 1.1, Şekil 1.2).



Şekil 1.2. Türkiye’de 2000-2019 yılları arasında kerevit üretimi (ton/yıl)

Türkiye’de kerevit üretiminde yaşanan sorunlar üzerine araştırmalar halen devam etmektedir. Moleküler genetik araştırmalar popülasyonların durumu hakkında bizlere ışık tutmaktadır. Son yıllarda kerevitler üzerine yapılan moleküler çalışmalar artmış olsa da yeterli düzeye ulaşmamıştır. Bu tez çalışması ile ilk defa Türkiye sularında dağılım gösteren bazı önemli kerevit (*Pontastacus leptodactylus*) popülasyonlarında mikrosatellit (SSR) belirteçler kullanılarak popülasyonlar içi ve popülasyonlar arası genetik çeşitlilik parametrelerinin belirlenmesi, filogenetik ilişkilerin saptanması, tür ile ilgili daha fazla bilgi edinilmesi, gen havuzunun ortaya çıkarılması ve yapılabilecek yetiştiricilik çalışmalarına ışık tutabilecek mevcut genetik potansiyelin belirlenmesi, planlanacak balıklandırma çalışmalarına ve doğal stokların korunmasına katkı sağlanması amaçlanmıştır.

Risk altındaki bir popülasyonda genetik çeşitlilik düşük ise herhangi bir çevresel olumsuzlukta neredeyse popülasyondaki tüm bireyler aynı oranda etkilenir ve tür yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalabilir. Bu sebepten dolayı genetik çeşitlilik son derece önemlidir. Yüksek genetik çeşitliliğe sahip popülasyonlarda ise bazı bireyler hastalığa karşı direnç göstermesini sağlayan genlere sahip oldukları için hayatta kalma şansına sahiptir. Risk altındaki türlerin ve popülasyonların gen kaynaklarının korunmasına yönelik çalışmalar, herhangi bir nedenle genetik çeşitliliği olumsuz yönde etkilenmiş popülasyonların gelecekte hayatta kalmasını sağlamak için bilim insanlarının buna

yönelik stratejiler geliştirmelerine olanak sağlayacaktır (LearnGenetics, 2014). Kerevit populasyonlarının genetik yapısının bilinmesi, insan etkisinin izlenmesi ve kerevit stoklarının korunması sürdürülebilir olarak faydalanılması açısından önem arz etmektedir.

Son yıllarda moleküler belirteçler kullanılarak doğal ve kültür stoklarında yapılan genetik çalışmalar hız kazanmıştır. Bunların yanında yok olma tehlikesi ile karşı karşıya olan türlerin genetik yapılarının belirlenmesine yönelik habitata yeni katılan egzotik türlerin, çevresel kirlilik ve aşırı avcılık gibi faktörlerin etkisini ortaya çıkarmak için genetik çalışmalar da yapılmaktadır.

Populasyon genetiği çalışmalarında yaygın olarak kullanılan mikrosatellit belirteçler diğerlerine göre bazı üstünlüklere sahiptir. Bu üstünlükler, eş baskın belirteç olmaları, genom içinde muntazam ve geniş dağılım göstermeleri, lokusa özgü olmaları, yüksek mutasyon oranına sahip olmaları ve genom hakkında diğer moleküler belirteçlere göre daha çok bilgi vermeleri olarak sayılabilir (Condit ve Hubbell 1991; Imartino vd. 2005; Ramamoorthi vd. 2009; Toro vd. 2009).

Mikrosatellit belirteçlerde basit dizi tekrarlarının yani art arda tekrarlanan di, tri, tetra nükleotid dizilerinin genetik açıdan yüksek bilgi veren polimorfik yapıda oldukları ortaya konulmuştur. Basit dizilerin tekrarlanma miktarı yani frekansları, yüksek oranda polimorfizm içerir ve genom boyunca rastgele yayılmışlardır. Mikrosatellitler bu özellikleri nedeniyle populasyon genetiği çalışmalarında, gen haritalama ve annelik-babalık testinde kullanılabilmektedir (Georges vd. 1990). Küçük populasyonlar ve nesli yok olan türlerde bile yüksek oranda polimorfik olmaları, mikrosatellitlerin en önemli üstünlüklerinden biridir. Bu yüksek polimorfizm, yüksek mutasyon oranından kaynaklanmaktadır (Butler 2005). Ayrıca kısa zamanda sonuç vermesi ve güvenilir olmaları bu belirteçlerin moleküler genetik çalışmalarında kullanılma nedenlerindendir. Mikrosatellit belirteçlerin tüm bu özellikleri sebebiyle ülkemizde bulunan bazı önemli kerevit populasyonlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi tehdit altındaki Türk kerevit populasyonlarının mevcut durumu ve korunmasına yönelik önemli bilgi kaynağı oluşturulacaktır. Bu nedenle doktora tez çalışması kapsamında Türkiye'nin farklı coğrafik bölgelerinden 11 populasyondan temin edilen 220 kerevit numunesi ile daha önceki çalışmalarda polimorfik olduğu bildirilen 10 farklı lokus kullanılarak kerevitlerin populasyon içi ve populasyonlar arası genetik çeşitliliğinin ortaya konulması amaçlanmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Kerevitin (*Pontastacus leptodactylus*) Sistematığı, Biyolojisi ve Morfolojisi

Kerevitler, eklem bacaklılar (Artropoda) şubesinin en geniş kabuklular (Crustacea) sınıfında, gelişmiş kabuklular (Malacostraca) takımına mensup Astacidae, Parastacidae ve Cambaridae familyalarında yer alırlar. En geniş aileyi 445 tür ile Cambaridae familyası oluşturmaktadır (Crandall ve Buhay 2008).

Kerevitlerin kuzey yarımküredeki aileleri Cambaridae ve Astacidae familyaları ve güney yarımküredeki aileleri ise Parastacidae familyası içerisinde bulunmaktadır (Hüner 1989). Milenyum başlarında yeryüzünde bilinen 600 kerevit türü bulunduğu bildirilirken (Sinclair vd. 2004) günümüzde taksonomistlerin her yıl yeni türler keşfetmesi neticesinde 640'tan fazla bilinen tatlısu kereviti bulunmaktadır (Crandall ve Buhay 2008). Bunlardan sadece 10 tür ekonomik anlamda önem taşımaktadır. Tatlısu kerevitlerinin Avrupa'da 6 doğal yerel türü bulunmaktadır, ancak türlerin taksonomik durumu halen tartışmalıdır (Holdich vd. 2006). *Pontastacus leptodactylus* Avrupa ve Asya'da Türkiye, Güney Batı Rusya, Kazakistan, Ukrayna, Belarus, İran, Romanya Bulgaristan, Slovakya ve Macaristan'a kadar geniş bir coğrafyadan (27 ülke) bildirilmiştir. Bu tür Avrupa'da aralarında Almanya, Çek Cumhuriyeti, Finlandiya, Danimarka ve Hollanda gibi ülkelerin bulunduğu 14 ülkeye aşılama yoluyla sokulmuştur (Skurdal ve Taugbel 2002). *A. astacus* ve *P. leptodactylus*' un mevcut dağılımı Orta, Kuzey ve Batı Avrupa ile Orta Doğu olarak bildirilmiştir (Kouba vd. 2014). Astacidae ailesine mensup olan Türk kerevitinin sistematığı Çizelge 2.1'deki gibidir.

Çizelge 2.1. Kerevitin (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) sistematığı (Kumlu 1998)

Alem	Animalia	Hayvanlar
Şube	Artropoda	Eklem bacaklılar
Alt şube	Crustacea	Kabuklular
Sınıf	Malacostraca	Gelişmiş Kabuklular
Takım	Decapoda	On ayaklılar
Üst familya	Astacoidea	
Familya	Astacidae	Kerevitler
Cins	Pontastacus	Kerevit
Tür	<i>Pontastacus leptodactylus</i>	Kerevit



Şekil 2.1. *Astropotamobius torrentium* (Schränk 1803) (Anonim 1)

Ülkemizde doğal olarak dağılım gösteren iki farklı kerevit türü bulunmaktadır. Bunlardan taş kereviti (*Astropotamobius torrentium*) sadece Trakya Bölgesinde Velika deresinden (2005) ve Madara çayından (2007) rapor edilmiştir (Trontelj vd. 2005; Machino ve Füreder, 2005; Harlıoğlu ve Güner, 2007).

Türk kereviti veya dar pençeli kerevit olarak adlandırılan *Pontastacus leptodactylus* türü ise tüm ülkemiz sularında dağılım göstermektedir (Köksal 1988; Harlıoğlu ve Güner 2006, 2007; Akhan vd. 2014; Kalaycı ve Akhan 2016).



Şekil 2.2. *Pontastacus leptodactylus* (Eschscholtz 1823) (Anonim 2)

Pontastacus leptodactylus Avrupa kerevitlerine benzer olup üreme dönemleri yaşadıkları ortamın iklim özelliklerine göre değişiklik göstermektedir. Su sıcaklıklarının düştüğü 7-12 °C olduğu ekim-kasım aylarında üreme dönemleri başlamaktadır ve kerevitler 4-6 hafta sonra (su sıcaklığının 6-11 °C olduğu dönemlerde) yumurta bırakırlar. Kış ve ilkbahar ayları yumurtaların kuluçka dönemleridir. Dişiler yumurtalarını ılıman iklim kuşağında 5-6 ay, soğuk iklim kuşağında 6-7 ay ve daha fazla süre taşımaktadırlar. İstenilen koşullarda yumurtaların gelişim süreleri 150 ile 210 gün veya daha da fazla zaman sürebilmektedir (Hofmann 1971; Mazlum ve Yılmaz 2012).

Ülkemizde kerevitler 2-3 yılda cinsi olgunluğa ulaşırlar. Dişi bireyler yılda bir kez ve 200-400 arasında yumurta verebilmektedirler (Lee ve Wickens 1992) (Şekil 2.3). Kerevitlerde kabuk değişimi canlının büyüklüğüne, bulundukları ortama, mevsime ve yaşa bağlı olarak gerçekleşmektedir (Tcherekashina 1977; Mazlum ve Yılmaz 2012).

Kerevitlerin ortalama ömürleri 5 ile 20 yıl arasındadır. Bataklık ortamında hızla gelişmektedir. Kerevitlerin boyları 4-5 yılda 10-12 cm uzunluğuna ve ağırlıkları da 75-100 grama kadar ulaşabilmektedir. Su sıcaklığına bağlı olarak ekim ve kasım aylarında çiftleşirler ve temmuz ayında yumurtalarını açarlar (Hogger 1988).

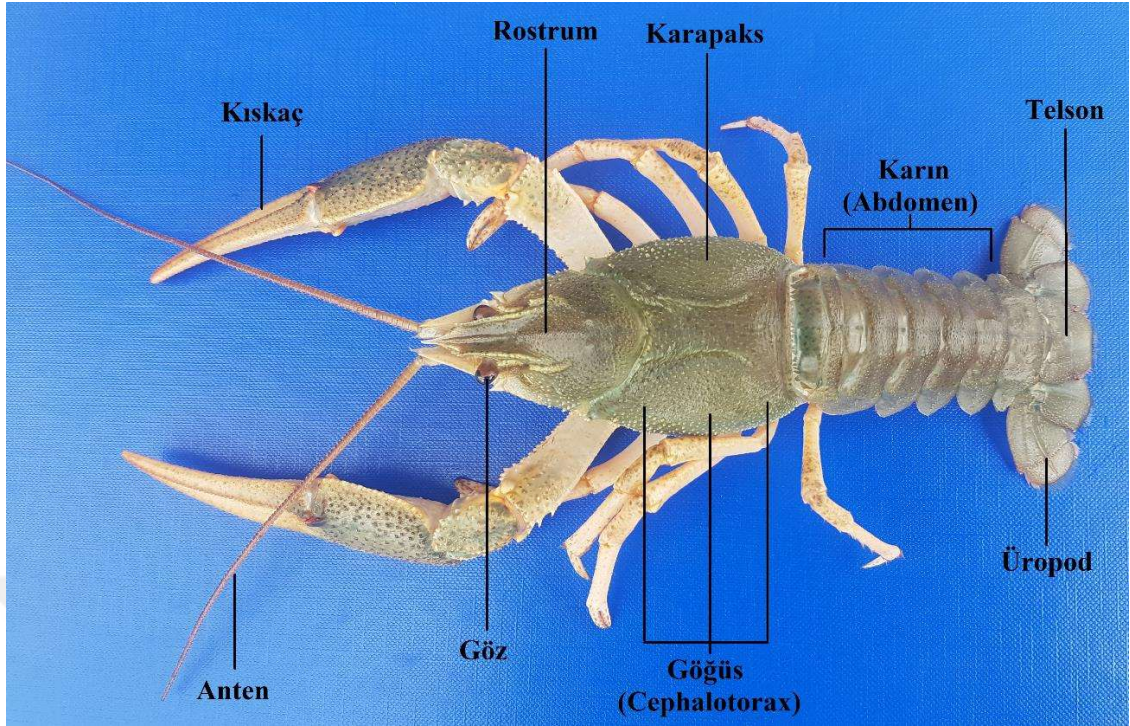


Şekil 2.3. Kerevit yüzme ayaklarında (pleopod) yumurta tutunması

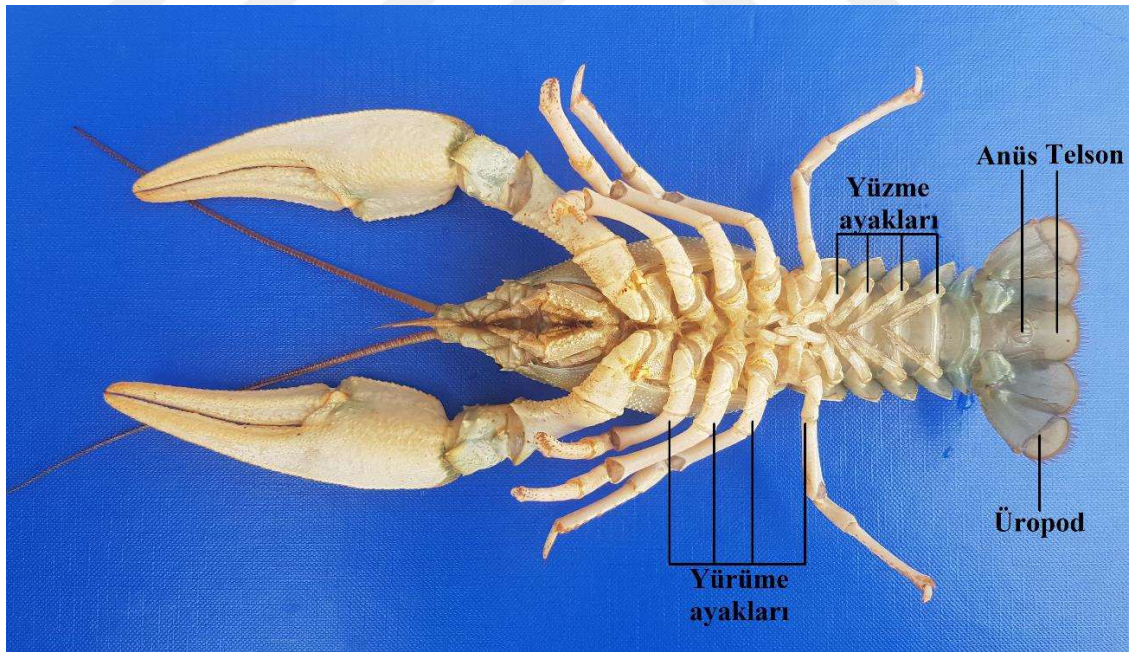
Kerevitlerin vücutları iki kısımdan oluşmaktadır. Bu kısımlar sefolatoraks (baş ve göğüs kısmı) ve abdomendir (karın kısmı). Bu kısımlar toplamda 19 segmentten oluşurlar. Baş ve göğüsü kapsayan bölüm (sefolatoraks) sert ve bölümlenmemiş bir kabuk olup karapakası oluşturur (Şekil 2.4).

Baş kısmında; 2 çift anten, 1 çift mandibular uzantı, 2 çift maksil ve 3 çift maksilliped bulunur. Gözler arasından ileriye doğru uzanan rostrum adı verilen sivri bir çıkıntı bulunmaktadır. Ayrıca gözlerin ön ve arka kısımlarında diken şeklinde çıkıntılar vardır (Şekil 2.4).

Toraks kısmı sekiz segmentten meydana gelmektedir. İlk üçünde çene ayakları denilen maksillipedler bulunmaktadır. Farklı olarak 5 çift de yürüme ayakları bulunmaktadır. İlk iki çifti keskin ve geniş olmakla birlikte, kısa olarak bilinmektedir. Abdomen kısmı alttan ve üstten belirgin şekilde segmentli bir yapıya sahiptir. Bölge birbiri üzerinde hareket eden 6 segmentten oluşmaktadır. Abdomen kısmında yüzme ayakları (pleopod) denilen çıkıntılar vardır (Şekil 2.5). Dişilerde yüzme ayakları, yumurtalarını tutmalarını sağlar. Ayrıca kerevit türlerinin teşhisinde, cinsiyet ve olgunluğunun tespitinde kullanılır. Son kuyruk kısmında da telson ve üropod bulunur ve dişilerde anüs bu kısmın ventralinden dışarı açılır (Şekil 2.5). Erkeklerde ilk iki pleopod çifti spermin transferini sağlayacak şekilde özelleşmiştir. Kerevitler, kuyruğunu karnının alt kısmına çekerek, karnındaki kaslar sayesinde bulunduğu noktadan oldukça hızlı bir şekilde geri çekilmesini veya zıplamasını sağlar (Mazlum ve Yılmaz 2012).



Şekil 2.4. Kerevit üstten görünüm



Şekil 2.5. Kerevit alttan görünüm

Kerevitler dağılım gösterdikleri habitatlardan farklı habitatlara, doğal yollarla (göç veya akıntılarla birlikte sürüklenerek); bilinçli yada bilinçsiz oluşan antropojenik

etkilerle taşınmışlardır (Holdich 1999). Çevresel, fiziksel, kimyasal değişiklikler ve insan faktörü kerevitlerin dağılımını, tür çeşitliliğini ve bolluğunu etkilemektedir. Habitatların tahrip edilmesi, kirlilik, hastalık ve diğer kerevit türleri ile rekabet, bazı türlerin popülasyonlarını zayıflatır da daha toleranslı, agresif ve rekabetçi türlerin gelişmesi ile sayı ve dağılımları giderek artmaktadır (Holdich 2002).

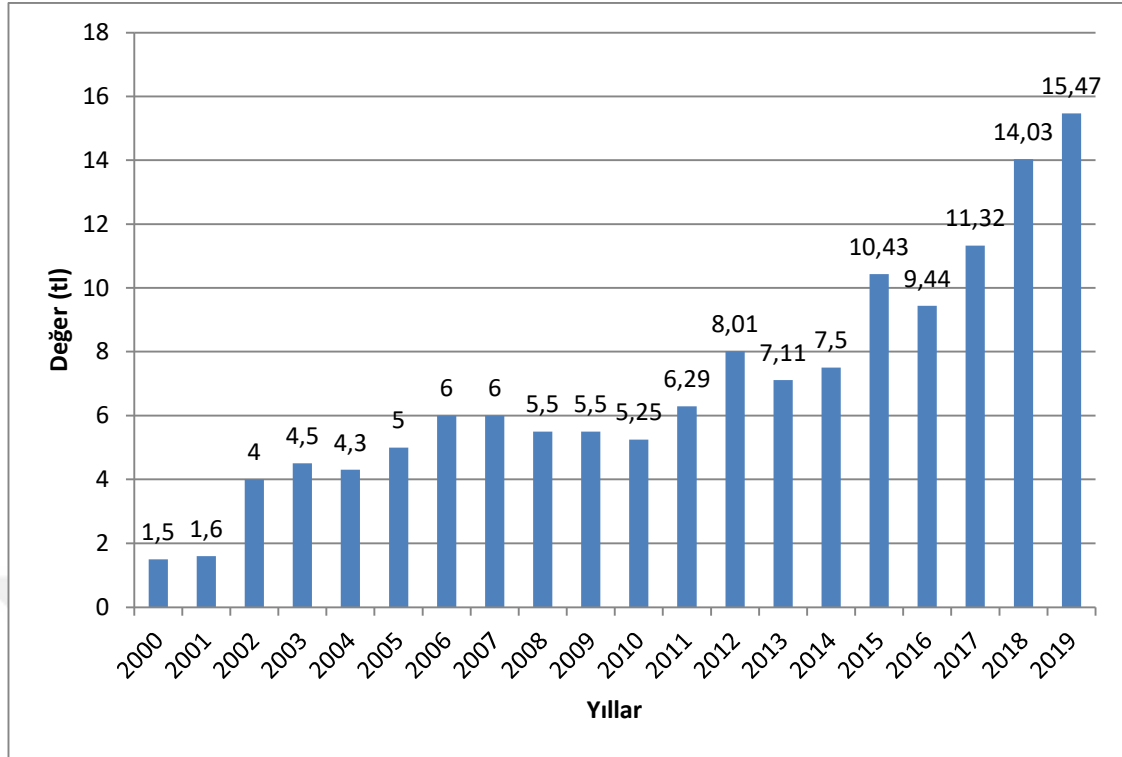
Türkiyede kerevitlerin doğal yaşam alanı her türlü akarsu, acısu ve durgun tatlısu alanlarıdır. Ayrıca Doğu Avrupa ve Orta Doğu’da geniş bir dağılım göstermektedir (Köksal 1988; Farhadi ve Harlıoğlu 2018; Kokko vd. 2018). Kerevitlerin abdomen (karın) ve kısıkaçları besin olarak tüketilen düşük kalorili bir protein kaynağıdır. Kerevit Türkiye’de Beyşehir, Akşehir, Eber, Apa, Gölcük, Gölarmara, Çivril (Işıklı), Eğirdir, İznik, Mogan, Manyas, Terkos, Sapanca ve Uluabat (Apolyont) Göl’leri; Seyhan ve Keban Baraj Göl’leri; Tunca Nehri; Gelemen, Cori ve Miliç Çayları’nda; ayrıca pek çok göl, gölet ve akarsularada dağılım göstermektedir (Köksal 1982; Rahe ve Soylu 1989; Aydın ve Polatsu 1992; Çevik ve Tekelioğlu 1997).

Ülkemizde *Pontastacus leptodactylus*’un üretimi avcılığa dayanmaktadır. Yaşadıkları ortamda bulunup üremesinin yanında, ülkemizde halen yetiştiriciliği yapılmamaktadır (Harlıoğlu 2004). Ancak deneysel ölçekte bazı kamu kurumlarına bağlı enstitülerde yetiştiricilik çalışmaları sürdürülmektedir.

1960’lı yıllarda Avrupa’nın yoğun talebi üzerine ihracatına bağlı olarak avcılığı da artmıştır. Üretim 1970’li yıllarda yükseliş göstermeye devam etmiş, 1979 yılında 5000 ton iken 1982 yılında 6500 tona ulaşmıştır. İnsanlarımızın tüketim alışkanlığının olmaması nedeniyle tamamına yakın bir miktarı ihraç edilmiştir (Alpbaz 2009).

Ekonomik değeri yüksek olan bu canlının eti düşük kaloriye sahiptir, B grubu vitaminler, potasyum, sodyum, kalsiyum ve magnezyum yönünden zengin bir protein kaynağıdır (Goddard 1988). C vitamini ve karoten içeriğinin çoğu ticari balık türünden daha fazla olduğu bildirilmektedir (Harlıoğlu ve Köprücü 2000).

Kerevit dünyada 1830’lu yıllardan sonra gelir seviyesi yüksek kişilerin tüketebileceği lüks bir gıda maddesi olarak değerlendirilmeye başlanmıştır. Birçok Avrupa ülkesinde geleneksel tüketim kültürünün oluşması türün ticari değerini artırmıştır. Türkiye’de II Dünya savaşıdan sonra özellikle de 1968 yılından sonra iç su balıkçılarımız için 1990’lı yıllara kadar artan ihracat potansiyeli ile iyi bir gelir kaynağı olmuştur (Köksal 1988; Alpbaz 2009; Harlıoğlu 2008). Bu yıllarda görülen veba hastalığı üretim miktarını çok ciddi oranlarda düşürmüştür. Türkiye’de resmi kayıtların ilk tutulmaya başlandığı 1978 yılındaki üretim miktarı (3885 ton) veba hastalığının görüldüğü 1985’li yıllara kadar (4480 ton) aşağı yukarı korunmuştur. Başlamış olan veba hastalığı nedeniyle Eğirdir-Burdur havzası 1985-2000 yılları arasında avcılığa kapatılmıştır. Bu yüzden yıllık üretim 1985 yılında hızlı bir düşüşle 1163 tona gerilemiştir. Birçok gölde avcılığın yasaklandığı 1991 yılındaki üretim ise 161 ton olarak gerçekleşmiştir. Artan ticari değeri nedeniyle *P. leptodactylus* yeni popülasyonların oluşturulması ya da vebadan etkilenen stokların yeniden çoğaltılması amacıyla Türkiye’de birçok bölgeye bırakılmıştır (Harlıoğlu 2008). Ülkemizde gün geçtikçe kerevitin ekonomik değeri artmaktadır (TUİK 2020). Aşağıdaki şekilde ülkemizde yıllara göre kerevitin kg başına düşen ekonomik değeri TL olarak verilmiştir (Şekil 2.6).



Şekil 2.6. Ülkemizde avlanan kerevitlerin yıllara göre ekonomik değeri (TL/kg)

2.2. Kerevit Vebası

Kerevit vebası ilk olarak Kuzey Amerika'dan Avrupa'ya 1860'lı yıllarda taşındığı tahmin edilmektedir (Alderman 1996). Daha sonra Avrupa'nın tamamına yayılmış 1981'de İngiltere (Alderman vd. 1984), 1985'te Türkiye (Baran ve Soylu 1989; Rahe ve Soylu 1989) ve İrlanda (Reynolds 1988) gibi birçok ülkede tespit edilmiştir. İsveç'te yerli kerevit popülasyonlarının %90'ının veba sebebiyle öldüğü tahmin edilmektedir (Edsman 2000). Bu hastalığa neden olan *Aphanomyces astaci*'nin varlığı ve taşınma yolu yaklaşık 140 yıldır bilinmektedir (Oidmann vd. 2002).

Türkiye'de kerevit vebası ilk olarak 1985'de Çivril gölünden rapor edilmiştir. Buradan diğer tatlısu kaynaklarına bulaşan hastalık nedeniyle ülkemiz kerevit stokları büyük oranda tahrip olmuştur (Baran ve Soylu 1989; Avsever vd. 2011). *A. astaci* Avrupa, Asya ve Avustralya kerevit türlerine karşı patojenik olmasına rağmen Amerikan türleri veba etkeni mantara karşı duyarlı değildir (Unestam 1969, 1972, 1975; Unestam ve Weiss 1970).

Kerevit vebasının Türkiye'deki kerevit stoklarını derinden etkilemesi nedeniyle *P. leptodactylus* üzerine yapılan araştırmalar 1985'li yıllarda çoğunlukla kerevit vebası hastalığı ile ilişkili olmuştur. Bu dönemde gerçekleştirilen araştırmalar daha çok hastalık etkeni olan *Aphanomyces astaci* üzerine yoğunlaşmış, özellikle hastalığın kerevit üzerindeki etkileri araştırılmıştır (Baran vd. 1987; Timur ve Timur 1988; Baran ve Soylu 1989; Rahe ve Soylu 1989; Timur 1990; Akhan vd. 2017).

Patolojisi incelendiğinde *Aphanomyces astaci* hifalarının kerevit kitükülünün yumuşak ve CaCO_3 kısımlarına yerleştiği görülmektedir. Dirençli kerevitlerde ise yalnızca kitükül tabakası ile sınırlıdır. Hifalar aynı zamanda ventral sinirlerde ve beyin gangliyonunda da gelişebilir. Ancak bu büyüme seyrek olabilir ve histolojik muayenede fark edilmeyebilir. Organlarda ise hifalar, çoğunlukla gözde, çok nadir olarak da diğer organlarda görülür ve hastalık çok fazla ilerlemediği sürece kaslara ulaşmaz (Stephens 2005).

Kerevit vebasası hastalığının teşhisinde klinik muayene belirtileri farklılık gösterebilir, bazı kerevitlerde ise belirtiler gözle görülmeyebilir. Avrupa’ daki kerevit türlerinde en belirgin belirti beyaz abdomendir. Bazı vakalarda kitükülde ve kas dokusunda melanizasyon (kararma, kahverengileşme) ve bu bölgede hifalar görünebilir (Şekil 2.7). Moleküler olarak PZR yöntemi ile teşhis edilebilmektedir.



Şekil 2.7. Kerevit vebasına yakalanmış semptomlu (*Pontastacus leptodactylus*) birey

Bu hastalığın tatlısu kaynaklarına bulaşmasından sonra balıklar, su kuşları ve kerevitler patojen *A. astaci* mantarının sporlarını hızlı bir şekilde çevreye yayılmalarına sebep olmuştur (Timur vd. 2010).

2.3. Moleküler Belirteçler

Günümüzde moleküler biyoloji alanında yaşanan gelişmelerle birlikte genetik materyal olarak DNA birçok araştırmaya konu olmuştur. Gen fonksiyonlarının belirlenmesi, ıslah, akrabalık derecelerinin ortaya konulması bu araştırmalarından yalnızca bazılarıdır. Moleküler genetik yöntemler sayesinde hayvanların genetik bilgi içeriğinin belirlenmesi ve kalıtsal hastalıkların anlaşılması mümkün olmaktadır (Ün vd. 2000).

Moleküler biyoloji alanında 1983 yılında Kary Mullis tarafından Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)'nu keşfedilmiştir. Ardından moleküler biyoloji alanında araştırmalar başlamış ve son yıllarda hızla gelişerek genetik alandaki araştırmalar artmış ve halen devam etmektedir. Moleküler genetik alanındaki iki gelişmeden ilk olarak 1985 yılında keşfedilen PZR sayesinde DNA molekülünün küçük parçası sıcaklığın kontrol edilebildiği bir ortamda tıpkı canlılarda olduğu gibi çoğaltılabileceğinin bulunmasıdır. İkinci gelişmede ise 1989 yılında yine PZR metoduyla genomda ardışık olarak tekrar eden DNA baz dizilerinin var olduğu ve bunların polimorfik olduğu keşfedilmiştir. Bu gelişmeler sayesinde tıp alanında genetik kökenli hastalıklara sebep olan genler bulunmuş, hayvan ve bitki ıslahı alanında yenilikçi yaklaşımlar ortaya çıkmıştır (Ün vd. 2000).

Moleküler çalışmalar, canlıların DNA molekül yapısının tanımlanmasına dayanmaktadır. DNA'ya dayalı PZR metotları moleküler tanı amaçlı olarak yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. PZR işlemi, genomik ya da mitokondrial genom üzerindeki hedef gen bölgesinin tamamlayıcısı olan primer adı verilen özel oligonükleotitler ve Taq DNA polimeraz enzimi kullanılarak hedef gen bölgesinin *invitro* olarak çoğaltılmasını sağlamaktadır. PZR işlemi ile sırasında universal veya hedef gene özel olarak tasarlanmış primerlerin DNA molekülü üzerinde bulunan hedef bölgenin primere karşılık gelen tamamlayıcı bölgesine bağlanarak hedef bölgenin enzimatik çoğaltılması esasına dayanır (Prichard 2001; Bişkin vd. 2011). Günümüzde konvansiyonel PZR, çoklu (multipleks) PZR, kantitatif PZR, gerçek zamanlı PZR gibi çeşitli PZR teknikleri geliştirilmiş ve kullanılmaktadır. PZR ile birlikte kullanılan DNA'ya dayalı belirteçler ise DNA parmak izi çıkarmaya yarayan belirteçler (RAPD, RFLP, AFLP, mikrosatellitler gibi) ve nükleotid farklılığına dayalı dizi belirteçleri olarak sıralanabilir.

Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan teknikler, DNA'nın enzimatik restriksiyon enzimleri ile kesilmesi sonrasında oluşan Kesilmiş Parça Uzunluk Polimorfizm yöntemi (RFLP), Rastgele Artırılmış Polimorfik DNA yöntemi (RAPD), Artırılmış Parça Uzunluk DNA yöntemi (AFLP), Tek Nükleotid Polimorfizm yöntemi (SNPs), mitokondriyal DNA Polimorfizm yöntemi (mtDNA) ve kısa tekrarlı dizi DNA Polimorfizm yöntemi (mikrosatelit, SSR veya STR)'dir (Hoelzel 1998; Özkan 2005; Aksakal 2009; Karslı vd 2013).

Yabani populasyonlar ve kültür stoklarında ve populasyonlar arasında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde moleküler belirteçler kullanılmaktadır. Ayrıca moleküler belirteçler, populasyonlarda ve populasyonlar arasındaki genetik varyasyonu ve yapıyı hızlı ve doğru bir şekilde ortaya koymaya olanak sunmaktadır. Populasyonlarda genetik farklılaşmaya birçok çevresel etken sebep olabilmektedir. Coğrafi mesafeler ve fiziksel bariyerler göç etmeyi engellerken üremede izolasyona yol açmaktadır. Kültür stoklarında doğaya kaçış ve genetik etkileşim genetik farklılaşma üzerine etkilidir. Biyolojik ve ekolojik açıdan türlerin ve populasyonların korunması ve yönetimi için populasyonların genetik yapısı kıymetli bilgiler sunmaktadır. Bu bağlamda özellikle DNA'ya dayalı moleküler belirteçler popülasyon içi ve popülasyonlar arasında genetik çeşitliliğin ortaya konulması, gen akışı ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde başarılı ve yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Doukakis vd. 1999; Chauhan vd. 2010).

Yetiştiricilikte ise damızlık seçiminde ve stoğun oluşturulmasında stoğun ve stoğu oluşturan bireylerin genetik yapısının bilinmesi önemlidir. Akrabalı yetiştiricilikten

kaynaklanan genetik çeşitliliğin azalması takip edilmeli ve genetik çeşitliliğin korunması sağlanmalıdır. Ayrıca ıslah çalışmalarında daha verimli döller için damızlıkların ve ıslaha konu döllerin genetik yapısının moleküler belirteçler ile ortaya konulması ve takibinde moleküler belirteçler başta mikrosatellit belirteçler olmak üzere kullanılmaktadır (Das vd. 2016).

2.3.1. Mikrosatellit DNA belirteçleri

Evrimsel açıdan birbiri ile ilişkili olan canlıların yani bir türe ait populasyonların kıyaslanmasında mikrosatellit belirteçler en kullanışlı belirteçlerdendir. Populasyonlar arasında iklim, kıtlık, göç, ıslah çalışmaları vb. herhangi bir nedenle geçmişte ya da yakın zamanda oluşan bir olayın izlerinin aranacağı durumlarda da en fazla mikrosatellit belirteçler kullanılmaktadır (Bruford vd. 2003; Togan vd. 2003).

Ökaryotik genom boyunca geniş bölgelere dağılmış ve ardışık olarak tekrarlanan mikrosatellitler, 2-6 nükleotid gruplarından meydana gelen genetik materyal parçacıklarıdır (Arif ve Khan 2009; Teneva 2009; Sabir vd. 2014). Yeryüzünde çiftlik hayvanlarında, yabani hayvan populasyonlarında, evcil hayvanlarda, balıklarda kısacası canlıların tümünde genetik çeşitlilik araştırılırken SSR belirteçler tercih edilmektedir (Acasto vd. 2013; Chullunbat vd. 2014; O'Leary vd. 2014; Revidatti vd. 2014; Tadano vd. 2014a; Tadano vd. 2014b; Tende vd. 2014). Moleküler belirteçler arasındaki SSR belirteçler bazı avantajları sebebiyle bir çok genetik çeşitlilik çalışmalarında tercih edilebilmektedir. Bu avantajlar arasında genomda yaygın bir şekilde bulunmaları, bireylerde yüksek polimorfizm göstermeleri, eşbaskın olmaları ve kolay bir şekilde tekrarlanabilmesi sayılabilir (Hilled vd. 2003; Chatterjee vd. 2010; Tanado vd. 2011).

Mikrosatellitler, genom içerisinde mono-di-tri-tetra-penta nükleotit uzunluğundaki dizilişlerden bir şekilde arka arkaya herhangi bir yerinde dizilebilirler (Çiftçi 2004; Aksakal 2009). Mikrosatellitler, basit dizi tekrarları ya da kısa bitişik tekrarlar olarak da isimlendirilir. Mikrosatellit, SSR veya SSTRs belirteçler, ardışık tekrarlı DNA dizileri satelit, minisatellit ve mikrosatellit DNA olmak üzere üç gruba ayrılır (Kibar 2012).

Satellit DNA: Tekrar birimi 171 bç kadar olabilen büyük ardışık tekrar bloklarıdır. Satelit DNA yapısı, genomun geri kalan DNA yapısından kısmen farklı olup CsCl yoğunluk gradiyent santrifüj yöntemi ile ayrılabilir. Satelit DNA, A=T bakımından daha fazla olduğundan genomun diğer kısmına göre daha az konsantrasyona sahiptir ve santrifüjlemede genomun diğer kısmından farklı bir yerde toplanır, bu yüzden satelit (uydu) DNA olarak isimlendirilir.

Minisatellit DNA: Kromozom telomerlerinde 6 bç oluşan ardışık tekrarlardan olan telomerik DNA ve tekrar birimleri ortalama 25 baz çiftinden oluşan uzunluğu ve sayısı bireylere göre değişen, değişken sayılı ardışık tekrarlar (Variable Number Tandem Repeat, VNTR)'dan meydana gelir.

Mikrosatellit DNA: Tekrar birimi 2-5 bç'lik diziler olup tüm genoma dağılmış olarak gözlemlenir. Mikrosatellitler çok değişken olduğundan gen haritalaması yapılırken veya bazı genlerin izlenmesinde belirteç olarak kullanılır. Tekrar sayısındaki bu

değişkenliğin replikasyon esnasında komplementer iplikler arasında replikasyon dizi kayması denilen yanlış eşleşmeden kaynaklandığı öne sürülmüştür (Kasap 2010).

Mikrosatellitler çalışılan çoğu lokusta tekrarlı bölgenin sayısında bireyden bireye değişiklikler göstermesi nedeniyle genetiğin birçok alanında moleküler belirteç olarak oldukça önemlidir. Mikrosatellitler, kusurlu, kusursuz ve bileşik motif olarak üç grup olarak incelenebilir (Şekil 2.8). Mikrosatellitlerin nükleotitlerde temel motifin bozuk olması diziliminin kusurlu olduğunu göstermektedir. Dizilimin birbiri arkasından gelen iki farklı motifin bitişik olması durumu bileşik motif olarak adlandırılmaktadır. Bu tekrarlar arasında birçok farklı olasılık mümkündür. Kusurlu motifler tekrar sıralarını korusa da kusursuz motiflere göre daha az genetik çeşitlilik bilgisi vermektedir. Dolayısıyla daha uzun tekrar eden motiflerde daha fazla polimorfik özellik beklenmektedir (Çiftci 2004). Genom bölgesinde mikrosatellit tekrarların olduğu genetik çeşitlilikler ekseriya DNA kayması sonrasında oluşmaktadır.

Kusursuz CACACACACACACACACA

Kusurlu CACATTCACACATTCATTACA

Bileşik CACACACACAGAGAGAGAGA

Şekil 2.8. Mikrosatellit belirteçlerin motif şekilleri

Mikrosatellit lokuslardaki mutasyonların, DNA çoğaltılmasında, tekrarın bulunduğu bölümde hatalı eşleşme veya bir tekrarın atlanması sonrasında oluşabildiği düşünülmektedir. DNA'nın yeniden eşleşmesi sırasında tekrar bölümünde beklenmedik bir eşleşme ve sonrasında onarımıyla mikrosatellit tekrarın kısalması ya da uzamasıyla sonuçlanabilir. Mutasyon oranı popülasyon içi çeşitliliklerin tespit edilmesinde en önemli durumdur. Bu oranın mikrosatellit lokuslarda 10^{-3} ile 10^{-4} aralığında değiştiği düşünülmektedir (Goldstein vd. 1995). Tekrar bölgelerinin uç noktalarında oluşabilecek mutasyonlar oldukça önem arz etmektedir. Çünkü bu uç bölgeler primerlerin birleşme noktalarıdır ve null allel oluşumuna sebep olur. Primer bölgelerinde oluşan nükleotit eklenmeleri ya da çıkmaları (insertation ve deletion) mikrosatellit allellerin çoğaltılmamasına sebep olabilecektir. Ökaryotik canlıların çoğunda (pirinç, fare, tavşan, kuş ve ayı gibi) gerçekleştirilen araştırmalarda mikrosatellit belirteçlerin yüksek derecede polimorfizm gösterdiği ispatlanmıştır (Çiftci 2003, 2004).

Şekil 2.9'da görüldüğü gibi mikrosatellit lokuslar eş-baskın belirteçlerdir, yani heterozigot bireyler homozigot bireylerden ayrılabilir. PZR ortamında örneklerin çoğaltılarak ve sonrasında ürünlerdeki allellerin jel üzerinde ayrımının yapılmasıyla tüm genetik bilgilere ulaşılabilmektedir (Çiftci 2004).

Homozigot

CGTAGCGCGTAGTCAT**CACACACACACACACAC**CGTAGCGCGTAGTCAT

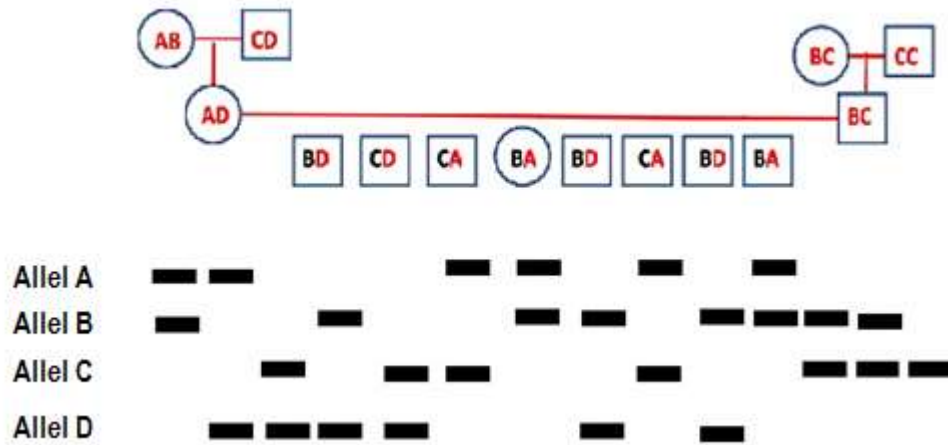
CGTAGCGCGTAGTCAT**CACACACACACACACAC**CGTAGCGCGTAGTCAT

Heterozigot

CGTAGCGCGTAGTCAT**CACACACACACACACA** - - CGTAGCGCGTAGTCAT

CGTAGCGCGTAGTCAT**CACACACACACACACAC**CGTAGCGCGTAGTCAT

Şekil 2.9. Mikrosatellit belirteçlerin polimorfizm yapısı



Şekil 2.10. Mikrosatellit allellerin jeldeki ayırımı ve kalıtım bilgisi (Liu ve Cordes, 2004)

Mikrosatellitlerin PZR ile çoğaltılmaları için DNA üzerinde hedef bölgeye ait primerler kullanılır. Bu yöntemle DNA üssel şekilde çoğaltılarak jel elektroforezi ile görüntülenir (Şekil 2.10). Alınan görüntülerde tek bant oluşmuş ise homozigot, çift bant oluşmuş ise de heterozigot birey olduğu anlamına gelmektedir. PZR ile çoğaltılmış mikrosatellit belirteçlerde bireylerin fragment analizi gerçekleştirilerek çoğaltılan lokuslara ait allel büyüklükleri bulunabilir. Bu allel büyüklüklerinin belirlenmesinde 'Prosize' yazılımı ya da 'Peakscanner' yazılımı kullanılabilir (Tüten Sevim ve Karabağ 2018).

Mikrosatellitler, evrimle ilgili çalışmalarda, bireylerin akrabalık derecelerinin ve atalarının belirlenmesinde, kriminolojik çalışmalarda, genomdaki gen haritalarının bulunmasında, gen akışı ve etkili populasyon büyüklüğü gibi genetik parametrelerin tahmin edilmesi ile populasyon farklılık ve benzerliklerinin tespit edilmesi gibi araştırmalarda çok yaygın bir şekilde tercih edilen belirteçlerdendir (Queller vd. 1993).

Mikrosatellitler, DNA'nın diğer nötr bölgelerine göre daha fazla mutasyon oranına sahip oldukları için daha fazla polimorfik yapı gösterme eğilimindedir. DNA bağlanması sırasında bir DNA ipliğinin kayıp öbürüyle yanlış baz eşleşmesi yüksek mutasyon oranına neden olmaktadır. Mayoz sırasında rekombinasyon sırasında bu mutasyonlar görülebilir. Genotipler arasında allellik çeşitlilikleri replikasyon kaymasındaki mutasyonları gibi mikrosatellit belirteçler genetik kimlik çalışmalarında önemli avantajlar sağlamaktadır (Schlötterer ve Tautz 1992).

Mikrosatellitler, genomda tüm kromozomlarda eşit olarak dağılma eğilimindedir ve kromozomun tüm bölgelerinde, genellikle kodlamayan bölgelerde, intronlarda ve gen bölgelerinde bulunmaktadır. Son on yılda, mikrosatellitler balıklarda ve diğer sucul organizmalarda genom haritalama, ebeveynlik, akrabalık analizinde ve genetik çeşitliliğin belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (O'Connell ve Wright 1997). Mikrosatellit belirteçler su ürünleri alanında popülasyon genetiği ve filogenetik ilişkilerin ortaya çıkartılmasında, moleküler etiketleme (barkodlamada), türlerin, hatların ve melezlerin teşhisinde, damızlık stokların genetik yapısının belirlenmesi ve ebeveynlik testlerinde, genetik bağlantı haritalarının yapılmasında, QTL'in belirlenmesi ve belirteç yardımcı seleksiyonda kullanılmaktadır.

2.4. Türkiye'de Kerevit Üzerine Yapılan Bilimsel Çalışmalar

Kerevit popülasyonları aşırı avlanma ve habitat kayıpları, kerevit vebası, yerli olmayan türlerin habitata girmesi sonucunda tehdit altına girmiştir. Günümüzde Berlin sözleşmesi, Avrupa komisyonunun habitat talimatları ve IUCN kırmızı listesine göre kerevitler artık tehdit altında kabul edilmektedir (Edsman vd. 2010).

Türkiye'de kerevitler üzerine farklı alanlarda çok sayıda bilimsel çalışma bulunmaktadır. Bu çalışmalar genel olarak; (I) türün biyolojisi (Balık vd. 2005; Berber ve Balık 2006; Berber vd. 2010; Bök vd. 2006; Bolat ve Kaya 2016), (II) yetiştiriciliği (Erişir vd. 2006; Bahadır Koca vd. 2015; Farhadi ve Harlıoğlu 2018), (III) popülasyon dinamiği (Bolat 2001; Berber vd. 2012; Yüksel vd. 2013), (IV) avlama teknolojileri (Balık vd. 2002; Balık vd. 2003; Bolat vd. 2010) ve (V) sınırlı sayıda yapılan genetik çalışmalar (Akhan vd. 2014) üzerinedir.

Türkiye iç sularında yayılış gösteren kerevit popülasyonları üzerine çalışmalar yaklaşık 1950'li yıllarda başlamış, bölgesel olarak yapılan araştırmalarda tespit edilen kerevit popülasyonları farklı tür olarak isimlendirilerek kayıt olarak verilmiştir. Geldiay (1949), Bott (1950), Köksal (1988), Harlıoğlu (2004), Balık vd. (2005) tarafından ülkemizdeki kerevit popülasyonları *Astacus leptodactylus*, *Astacus astacus*, *Astacus pallipes*, *Astacus fluviatilis*, *Potamobius leptodactylus*, *Pontastacus leptodactylus* türleri olarak tanımlanmıştır. Ülkemizde bulunan kerevit popülasyonları son araştırmalara göre biri yerel olmak üzere iki türle temsil edilmektedir. Bunlar kozmopolit yayılımı olan dar kısıkaçlı kerevit *Pontastacus leptodactylus* ve Avrupa kökenli bir tür olan, son dönemde Trakya Bölgesi'nde Velika ve Madara Derelerinde rapor edilmiş taş kereviti *Austropotamobius torrentium*'dur (Harlıoğlu 2004; Harlıoğlu ve Güner 2007).

Pontastacus leptodactylus ülkemizde ilk defa Bott (1950) tarafından Kayseri, Bursa ve İstanbul'daki içsulardan bildirilmiştir. Holtius (1961) ve Karaman (1962) tarafından yayınlanan iki araştırma makalesinde türün tespit edildiği iç sular listesi

güncellenmiştir. Geldiay ve Kocataş (1970) tarafından ülkemizde *Pontastacus* cinsinin taksonomisi ve coğrafik dağılımı üzerine bir araştırma makalesi yayınlamıştır. Erençin ve Köksal (1977) tarafından yayınlanan bir başka çalışmada ise türün Eğirdir, Apolyant, Beyşehir, Akşehir, Terkos, Manyas, Işıkli, İznik Göllerinde, Tunca, Meriç, Gölcük, Miliç ve Gelemen akarsularında doğal yayılışının olduğu rapor edilmiştir. *P. leptodactylus*'un ekonomik açıdan önemli olması ve ülkemizde ticari popülasyonlarda avlanma oranlarında yaşanan ciddi gerileme nedeniyle, bu tür 1985 yılından sonra birçok tatlısu sistemine aşılama yoluyla sokulmuştur. Örneğin Eğirdir Gölü'nden Keban Baraj Gölü'ne, benzer şekilde Balık (Samsun) Gölü'nden Sera (Trabzon) Gölü'ne türün aşılandığı bildirilmiştir (Zengin ve Kurtoğlu 2006; Yüksel 2007).

Dar kısıkaçlı kerevit, Türk kereviti, Galiçya kereviti, bataklık ve göl kereviti gibi yerel pek çok isimle anılan *P. leptodactylus* dar kısıkaçlı vücut yapısına, uzun ve sivri rostrum morfolojisine sahip olması nedeniyle diğer kerevit türlerinden kolaylıkla ayırt edilebilmektedir (Şekil 2.2) (Köksal 1988; Holdich vd. 2006).

Ülkemiz iç sularında yaygın olarak bulunan *P. leptodactylus*'un ekonomik değerinin yanı sıra sucul ekosistemdeki önemi oldukça büyüktür. Kerevitler organik madde dönüşümünü hızlandırıcı etkileri nedeniyle iç su ekosistemlerinde önemli roller üstlenmiş bentik olarak yaşayan organizmalardır (Alpbaz 1993; Bolat 2001).

Kerevitlerin bitkisel materyal üzerinden beslenmesi, göldeki litoral zonun beslenmesine katkıda bulunmaktadır. Çünkü litoral bölgedeki makrofitler kerevitlerin hem sığınma yeridir, hem de besin ihtiyaçlarını karşılamaktadır. Aynı zamanda bu makrofitler üzerinde yerleşim gösteren omurgasız canlılar ya da balık yumurtaları bu durumdan olumsuz olarak etkilenebilmektedir (Momot 1995; Dorn ve Wojdak 2004). Sonuç olarak makrobentik komünite kompozisyonunun değişiminde kerevitler kritik avcı rolüne sahiptir (Creed ve Reed 2004).

P. leptodactylus biyolojik açıdan önemli olduğu kadar avcılığı yapılması nedeniyle ekonomik açıdan da oldukça değerlidir. Kerevitler et içeriği ve protein kalitesi açısından besin değeri yüksek bir tüketim ürünüdür. Bunun yanında kerevit etinin enerji oranının yüksek olmaması sebebiyle diyetetik bir özellik göstermektedir (Gürel ve Patır 2001). Ülkemizde kerevit avcılığına ilk olarak 1961 yılında başlanmış ve 1968 yılından itibaren bu canlılar özellikle Avrupa ülkelerine ihraç edilmiştir (Merzeci 2009). *P. leptodactylus* ihracatı ilk olarak Uluabat ve Manyas Gölleri'nde olmuştur (Erençin ve Köksal 1977). Gün geçtikçe artış gösteren ihracat miktarı 1984 yılında 8000 tona kadar ulaşmıştır. Ülkemizde 1985 yılına kadar yapılan ihracat ile bu gruptaki canlılardan yaklaşık 20 milyon dolar değerinde ticari gelir elde edilmiştir (Köksal vd. 2003). 1970'ten 1986 yılına kadar yapılmış olan kerevit ihracatı sayesinde Türkiye, *P. leptodactylus* açısından dünyanın en büyük tedarikçisi haline gelmiştir (Köksal 1988).

Ülkemizde 2000'li yıllarda *Pontastacus leptodactylus*'un biyolojisi ve popülasyon özellikleri konusunda sayısız çalışma yapılmıştır. Bu dönemde yapılan araştırmalar, popülasyon büyüklüğü çalışmaları (Bolat 2001; Balık vd. 2002; Bolat vd. 2011) popülasyon parametreleri ve morfometrik araştırmalar (Güner 2000; Harlıoğlu ve Harlıoğlu 2005; Berber ve Balık 2006; Büyükçapar vd. 2006; Deniz vd. 2010; Yüksel ve Duman 2012; Deniz vd. 2013) üreme özellikleri üzerine çalışmalar (Duman ve Gürel 2000; Güven vd. 2002; Harlıoğlu 2008; Berber ve Mazlum 2009) ağır metal birikimi

üzerine çalışmalar (Güner 2010; Kurun vd. 2010) avcılık-ekonomik önemi ve dağılımı ile ilgili çalışmalar (Harlioğlu 2004; Harlioğlu ve Harlioğlu 2004; Bök 2006; Harlioğlu 2008; Harlioğlu ve Harlioğlu 2009; Harlioğlu 2011) şeklinde gruplandırmak mümkündür.

Ülkemizde *P. leptodactylus*' un et verimi ve morfometrisi konusunda yapılan araştırmalar Berber ve Balık (2009) tarafından Apolyont gölündeki kerevit popülasyonunun morfometrik özelliklerinin, abdomen, keliped ve total et verimlerinin incelenmesi, Yılmaz vd. (2011) tarafından Ordu Gaga Gölü'nde *A. leptodactylus*' a ait et veriminin incelenmesinin yanında kerevitlere ait morfometrik ölçümlerin yapılması, Aksu ve Kurtkaya (2017) tarafından Ardahan Aktaş Gölü'nde bulunan kerevit popülasyonuna ait boy-ağırlık ilişkisinin ortaya konması ve et veriminin, kerevitlerin abdomen ve kelipedlerinden elde edilen et miktarı ile saptanması şeklinde özetlenebilir.

2.5. Kerevit Genetiği Üzerine Yapılan Çalışmalar

Birçok türde olduğu gibi kerevitlerin genetiği üzerine yapılan çalışmalar moleküler tekniklerin gelişimiyle birlikte büyük bir aşama kaydetmiştir. Moleküler metotların çoğu birçok kerevit taksonlarındaki sistematik ve türün teşhisi ile ilgili problemleri çözmek için kullanılmıştır (Fetzner ve Crandall 2001). Bununla birlikte son dönemlerde yapılan çalışmaların çoğunluğunda DNA' ya dayalı belirteç sistemleri kullanılmaktadır. Moleküler biyolojinin gelişimi sayesinde çok sayıda DNA belirtecinin gelişimi mümkün olmuştur. Bu metotlar taksonlar arasındaki genetik ilişkiyi belirleme, filogenetik ve biyoçeşitlilik açılarından bilgi sahibi olunmasına olanak sağlamaktadır.

Dünya üzerinde özellikle nadir bulunan ve türü tehdit altında olan çeşitli kerevit türleri bilim insanlarının ilgisini çekmiştir ve özellikle son yıllarda genetik araştırmalar daha fazla yapılmıştır (Busack 1988; Fevolden ve Hassen 1989; Grandjean ve Souty-Grosset 1997; Grandjean vd. 1997; Fetzner ve Crandall 1999; Krane vd. 1999; Schulz 2000; Gouin vd. 2000; 2001; 2002; 2003; Schulz vd. 2004; 2006; Alaranta vd. 2006; Soroka 2008). Çeşitli türlerin gen havuzu yanlış restorasyon faaliyetleri ya da illegal girişler nedeniyle geri dönülmez şekilde değişebileceği için birçok bilim insanı herhangi bir koruma veya yenileme programı başlatmadan önce kerevit popülasyonlarının genetik yapısının net olarak belli olması gerektiğini bildirmiştir (Fevolden vd. 1994; Grandjean vd. 1997). Popülasyonların korunması ve restorasyon sürecinde, fiziksel gelişimin her aşamasında türleri kesin olarak tespit etmek ve popülasyonun genetik yapısının ortaya konulması çok önemlidir. Moleküler analizler buna doğru ve hızlı bir şekilde imkan verdiği için önemli ölçüde değer taşımaktadır.

Çeşitli kerevit türlerine ait ilk genetik araştırmalar protein elektroforezi ile yapılmıştır. Protein elektroforezi kerevitlerin Avrupa popülasyonları arasında düşük seviyede varyasyon gösterdiği görülmüştür (Busack 1988; Fevolden ve Hassen 1989; Agerberg 1990; Fevolden vd. 1994). Mitokondriyal DNA ile ilgili çalışmalara ise son yıllarda başlanmıştır ve daha yüksek derecede varyasyon gösterdiği için birçok kerevit taksonuna başarılı şekilde uygulanmıştır (Crandall vd. 1995; Crandall ve Fitzpatrick 1996; Grandjean ve Souty-Grosset 1997; Souty-Grosset vd. 1997; Fetzner ve Crandall 1999; Grandjean vd. 2000).

Kerevit türleri üzerine yapılan modern genetik çalışmalar, protein elektroforezi analizi, mikrosatellit, ITS1 ve ITS2 bölgeleri ve 18S ve 18S rDNA genlerinin dizi

analizlerini içermektedir (Crandall vd. 2000; Gouin vd. 2000; Harris ve Crandall 2000; Largiader vd. 2000; Alaranta vd. 2006). Mitokondriyal DNA ile ilişkin çalışmalar COI, 12S ve 16S genlerinin RFLP analizi ve dizi analizleri yapılarak gerçekleştirilmiştir (Largiader vd. 2000; Gouin vd. 2003; Grandjean vd. 2000; 2002; Soroka 2008).

Araştırmacılar, 1980 yılı ortalarından beri dünyada kerevit türlerinin genetik yapısını ortaya koymak için çalışmaktadır. Bu amaç için farklı metotlar uygulanmaktadır. İlk çalışmalar Avrupa kerevit populasyonları arasında düşük seviyede varyasyon gösteren protein elektroforez teknikleri kullanılarak yapılmıştır (Attard ve Vianet 1985; Fevolden ve Hessen 1989; Agerberg 1990; Fevolden vd. 1994). Son yıllarda daha çok varyasyon gösteren teknikler geliştirilmiş ve bu teknikler kerevit populasyonlarına başarılı bir şekilde uygulanmıştır. Populasyonlar arası farklılıkları belirlemek için mitokondriyal DNA (Sauty-Grosset vd. 1997; Grandjean vd. 2000; Largiader vd. 2000), RAPD-PZR (Macaranas vd. 1995; Schulz 2000; Gouin vd. 2001, 2003), AFLP (Fetzner ve Crandal, 1999), RFLP (Gouin vd. 2003; Soroka 2008), ve mikrosatellit (Gouin vd. 2000, 2002, 2006, 2011) belirteçleri kullanarak çalışmalar yapılmıştır. Filogenetik çalışmalar (Grandjean vd. 2000), filoğrafya çalışmaları (Grandjean vd. 2002) mitokondriyal DNA varyasyonu ortaya konularak gerçekleştirilmiştir. Avrupa kerevitlerinde yapılan bu çalışmalar diğer kerevit türleri üzerine yoğunlaşmıştır.

Türkiye’de dağılım gösteren *Pontastacus leptodactylus* türü ile yapılan genetik çalışmalar oldukça azdır. Akhan vd. 2014 yılında 17 farklı Türk kerevit populasyonu üzerinde COI geni ile yaptıkları çalışmada populasyonların genetik yapısını ve populasyon içi ve arası genetik çeşitliliği belirlemeye çalışmışlardır. Kalaycı ve Akhan 2016 yılında yaptıkları çalışmada PZR-RFLP belirtecinin Türkiye’de dağılım gösteren kerevitlerin tür teşhisinde kullanılabilirliğini incelemiştir. Türkiye’de kerevit türleri üzerine yapılan çalışmalar genellikle türün biyo-ekolojik özellikleri (Holthius 1961; Geldiay ve Kocataş 1970; Köksal 1988; Harlıoğlu ve Güner 2007), morfometri ve taksonomi (Geldiay 1949; Erençin ve Köksal 1977; Köksal 1980; Starobogatov 1995) ve yetiştiricilik (Köksal 1985; Harlıoğlu ve Holdich 2001; Mazlum 2007; Mazlum ve Uzun 2008) ile ilgili çalışmalardır.

Moleküler genetik belirteçlerden mikrosatellit DNA polimorfizm yöntemi günümüzde genotipin ortaya çıkarılması, populasyon içi ve populasyonlar arası denklik veya değişikliklerin bulunması ve heterozigotluk seviyelerinin belirlenmesi araştırmalarında en yaygın olarak kullanılmaktadır. Mikrosatellit belirteçleri diğer moleküler belirteçlere göre daha doğru ve yüksek bilgi aktarabilmektedir. Ayrıca mikrosatellit belirteç yöntemi, maddi olarak kıyaslandığında moleküler teknikler içerisinde daha ekonomik bir yöntem olduğu bilinmektedir. DNA temelli bu kısa tekrar belirteçleri populasyon genetiğinin çalışmalarında en çok tercih edilen genetik analiz yöntemidir (Çiftci 2004; Lui 2007; Aksakal 2009).

Dünya çapında kerevitlerde ilk mikrosatellit belirteçler *P. leptodactylus* için (toplam 19 dinükleotid tekrar lokus) Kõiv vd. (2008, 2009) tarafından geliştirilmiştir. Edsman vd. (2002) *A. astacus* türlerinde rRNA ITS 1 bölgesinde mikrosatellit uzunluk çeşitliliğini belirlemeye çalışmışlardır. Azuma vd. (2011) *P. leniusculus* populasyonlarında yeni geliştirilen mikrosatellit belirteçler ile genetik yapısını belirlemeye çalışmışlardır. Ahn vd. (2011) Kore kerevitlerinde (*Cambaroides similis*)

mikrosatellitlerin izolasyonu ve karakterizasyonunu çalışmışlardır. He vd. (2013) *Cherax quadricarinatus* kerevit populasyonlarında polimorfik mikrosatellitlerin izolasyon ve karakterizasyonunu çalışmışlardır. Matallanas vd. (2013) İspanya'daki *Austropotamobius italicus* populasyonlarında mikrosatellit belirteçler kullanarak filocoğrafya çalışmıştır. Gross vd. (2013), Orta ve Kuzey Avrupa'dan 18 farklı *Astacus astacus* populasyondan 633 bireyde polimorfik 10 yeni mikrosatellit lokus belirlemişlerdir. Schrimpf vd. (2014) 5 Avrupa deniz havzasına dağılmış 156 örnekleme alanından 540 birey ile COI ve 16S rRNA bölgeleri kullanılarak filocoğrafya çalışmıştır. Blaha vd. (2016) yaptıkları çalışmada 2001 yılında Çek Cumhuriyeti'nde genç ve yetişkin kerevit bireylerinden oluşan üç farklı yer değiştirilmiş populasyon oluşturulmuştur. Bu popülasyonlarda 10 yıl sonra 7 mikrosatellit lokus ile genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Türler arasında sadece mitokondriyal DNA temelli genetik çeşitlilik bilgisine ulaşılmıştır (Maguire vd. 2014; Khoshkholgh ve Nazari, 2019). Laggis vd. 2017 yılında Güney Balkan Yarımadası'nda *Astacus astacus* türünün mikro evrimi incelenmiştir. 16 bölgeden 278 birey 6 mikrosatellit lokus kullanılarak çalışılmıştır. Khoshkholgh ve Nazari (2019) İran'ın Hazar Denizi havzasından, *Pontastacus leptodactylus* populasyonlarında mtDNA ve mikrosatellit belirteçler kullanılarak genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Khoshkholgh ve Nazari (2019) İran Hazar Bölgesinde 6 mikrosatellit lokusu kullanarak Hazar havzasından iki farklı *Astacus leptodactylus* populasyonunda genetik analiz yaparak genetik çeşitliliği ortaya koymuşlardır. Gross vd. (2016), Çekya ve Estonya kökenli 6 farklı *Astacus astacus* populasyonu için yeni nesil dizileme tekniği kullanılarak 48 yeni mikrosatellite belirteç geliştirmişler ve bu lokuslardan 25' inin bilgi verici ve polimorfik olduğu bildirilmiştir. Aynı araştırmacılar izole edilen mikrosatellit lokuslarından 21 lokus için tasarlanan primerlerin dar pençeli kerevitte başarılı şekilde çalıştığını ve bunlardan 14 lokusun bilgi verici olduğunu bildirmişlerdir.

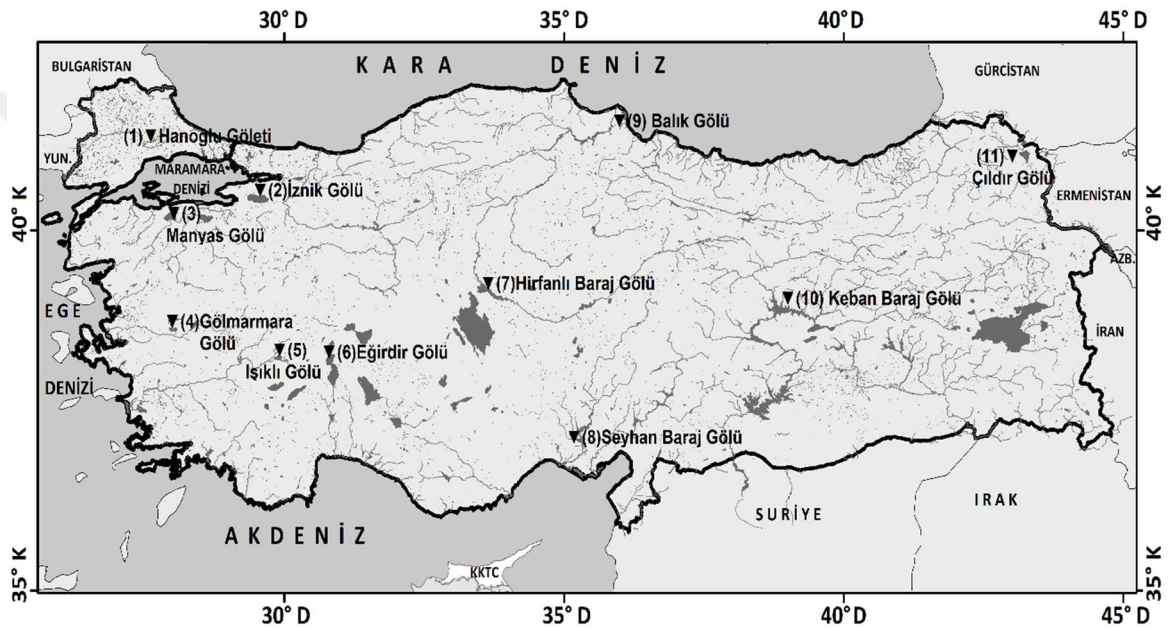
Ülkemiz sularında dağılım gösteren kerevit populasyonlarında mikrosatellit belirteçler kullanılarak bir çalışma yapılmadığı görülmüştür. Bu tez çalışması ile ilk defa Türkiye sularında dağılım gösteren bazı önemli kerevit populasyonlarında mikrosatellit (SSR) belirteçler kullanılarak populasyonlar içi ve populasyonlar arası genetik çeşitlilik parametrelerinin belirlenmesi, filogenetik ilişkilerin saptanması, tür ile ilgili biyoçeşitlilik bakımından daha fazla bilgi edinilmesi ve yapılabilecek yetiştiricilik çalışmalarına ışık tutabilecek mevcut genetik potansiyelin belirlenmesi, planlanacak balıklandırma çalışmalarına katkı sağlaması, gelecekte ülkemizde de ıslahı mümkün olabilirse populasyon seçimine fayda sağlaması ve elde edilen verilerin gelecek nesillere aktarılması hedefi düşünülmektedir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Kerevit materyali ve örnekleme yapılan su kaynakları

Araştırmada, Akdeniz Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi'nde daha önce yürütülmüş olan 114O368 numaralı TÜBİTAK Projesi kapsamında farklı su kaynaklarından örneklenmiş kerevit örnekleri materyal olarak kullanılmıştır. Araştırmada kullanılan populasyonların Türkiye genelini kapsayacak ve balıkçılığın aktif olduğu tatlısu kaynaklarından seçilmesine özen gösterilerek, 11 farklı populasyondan örnekler, araştırma materyali olarak kullanılmıştır (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. Kerevit örnekleme yapılan su kaynakları

Çalışma kapsamında kerevit örnekleme yapılan su kaynakları Çizelge 3.1'de gösterilmiştir. Aktif olarak balıkçılık yapılan su kaynaklarından pinter bırakılarak ya da balıkçılar yardımıyla populasyonların her birinden 20'şer birey örnekleme yapılarak tabanına nemli keten kumaş yerleştirilmiş strafor kutularda en kısa sürede laboratuvara ulaştırılması sağlanmıştır (Şekil 3.2.a-b).

Laboratuvara getirilen kerevit bireylerinden diseksiyon aletleri yardımı ile abdomen doku örneklerinden 2-5 gr alınmıştır. Alınan doku örnekleri mikrosantrifüj tüpler içerisinde DNA izolasyonu yapılana kadar % 96'lık alkol içerisinde saklanmıştır.

Çizelge 3.1. Kerevit örnekleme yapılan su kaynakları

İstasyon No	Su kaynağı adı	Bulunduğu il/ilçe	Koordinatları	Birey Sayısı
1	Hanoğlu Göleti	Tekirdağ	41°11'16.4"N 27°22'07.7"E	20
2	İznik Gölü	İznik-Bursa	40°26'59.71"K- 29°32'02.30"D	20
3	Manyas Gölü	Balıkesir	40°12'10.56"K- 27°56'53.99"D	20
4	Gölmarmara Gölü	Manisa	38°37'17.76"K- 28°01'49.15"D	20
5	Işıklı Gölü	Çivril-Denizli	38°14'07.70"K- 29°53'35.13"D	20
6	Eğirdir Gölü	Eğirdir-Isparta	38°01'25.52"K- 30°52'22.30"D	20
7	Hirfanlı Baraj Gölü	Kırşehir	39°11'58.37"K- 33°33'01.47"D	20
8	Seyhan Baraj Gölü	Adana	37°02'24.00"K- 35°19'55.00"D	20
9	Bafra Balık Gölleri	Samsun	41°34'26.34"K- 36°04'49.91"D	20
10	Keban Baraj Gölü	Elazığ	38°48'08.03"K- 38°43'45.74"D	20
11	Çıldır Gölü	Ardahan	41°03'28.77"K- 43°12'41.70"D	20



Şekil 3.2. a) Kerevitlerin su kaynaklarından strafor kutulara yerleştirilerek taşınması
b) Kerevitlerin laboratuvara getirilmesi



Şekil 3.3. DNA izolasyonu için kerevitlerden doku örneği alınması

3.1.2. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler

Laboratuvara getirilen örnek materyallerin deneylere hazırlanması, deneylerin optimizasyonları, DNA izolasyonu, PZR’de örneklerin çoğaltılması ve elektroforezin yürütülmesi gibi işlemlerin yapılması Akdeniz Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Genetik laboratuvarında gerçekleştirilmiştir. Mikrosatellit lokusların fragment analizleri ise hizmet alımı ile Ankara’da özel bir laboratuvarı yaptırılmıştır. Bu tez çalışmasında kullanılan araç ve gereçler aşağıdaki Çizelge 3.2’ de detaylı bir şekilde listelenmiştir.

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler

Kullanılan Cihazlar	Kullanım Amaçları
pH metre (Hanna HI 2211)	Deneylerde kullanılan tamponların pH’larının ayarlanmasında
Otoklav (Hirayama, Japonya)	Çalışmada kullanılan tüm malzemelerin ve çözeltilerin sterilize edilmesinde
Isıtıcıli Manyetik Karıştırıcı (Stuart-Bibby scientific, Birleşik Krallık)	Çalışmada kullanılacak gerekli çözeltilerin hazırlanmasında
Çalkalayıcı-Vortex (VWR international, ABD)	Tampon çözeltilerin hazırlanması ve DNA izolasyonlarında tüplerin karıştırılmasında
Santrifüj (Heraeus, Almanya)	Çalışmada yapılan deneylerde örneklerin santrifüj edilerek çöktürülmesi işlemlerinde
Hassas Terazı (WL 3002L)	Çalışmada yapılan deneylerdeki tüm karışım ve çözeltilerin hazırlanırken tartım işlemlerinde
Gradient Thermal Cycler 96 örnek Biorad T100, ABD	PZR ile çalışılan lokusların çoğaltılmasında
Elektroforez takımları (Thermo OWL D3-14)	Çalışmada yapılan DNA izolasyonu ve PZR ürün büyüklüklerinin bulunmasında
Jel Elektroforez analizörü	DNA izolasyon ve PZR ürünlerinin jel elektroforezi için elektrik akımı ve sürelerini ayarlamak
Jel Görüntüleme Sistemi (DNr, İsrail)	DNA izolasyonu ve PZR ürünlerinden yürütülen jel sonuçlarını görüntülemek ve kaydetmek için
Mikrodalga Fırın (Beko, Türkiye)	Elektroforez için kullanılmak üzere agaroz jel çözeltilerin ısıtılarak hazırlanmasında

Çizelge 3.2'nin devamı

Buzdolabı ve Dondurucu (Bosch, Türkiye)	Örnekler ile bazı sarf malzemelerin saklanması
Distile saf su cihazı (İsolab, Türkiye)	Tüm tamponların hazırlanmasında
Otomatik pipetler (Eppendorf, Almanya)	DNA izolasyonu ve PZR işleminde
PZR tüpleri (İsolab, Türkiye)	PZR işleminde

3.1.3. DNA izolasyonu ve PZR uygulamasında kullanılan çözeltiler

DNA izolasyonunda; içeriği Çizelge 3.4'te verilen 50 reaksiyonluk EURx ticari izolasyon kiti (GeneMATRIX Tissue & Bacterial DNA Purification Kit Polonya) ticari DNA saflaştırma kiti kullanılmıştır.

Çizelge 3.3. DNA izolasyonunda kullanılan ticari kitin içeriği

Kimyasalın Adı	Kullanılan Miktar
T Tamponu	1.8 ml
Lyse T ve Çözelti T	21 ml
Lyse BG	18 ml
BL	3 ml
RNase	0.12 ml
Proteinaz K	1.2 ml
Yıkama TX1	30 ml
Yıkama TX2	30 ml
Elüsyon tamponu	18 ml
Kolumn	50 adet

PZR reaksiyon karışımında; 5x HOT FIREPol Blend PCR Mix 15mM MgCl₂ & BSA (Solis Biodyne, Tartu-Estonya) primerler (Metabion, Münih-Almanya) ve ultra saf su kullanılmıştır.

3.1.4. Elektroforez işleminde kullanılan kimyasallar ve çözeltiler

Elektroforezde; Agaroz, Ethidium Bromür (10 mg/ml), 1XTBE (Çizelge 3.4.), DNA işaretleyici (100-1000 bç) ve yükleme tamponu kullanılmıştır.

Çizelge 3.4. 10XTBE (Tris Boric Asit EDTA) Tamponu hazırlanmasında kullanılan kimyasallar

Kimyasalın Adı	Kullanılan Miktar
Tris	108 g
Borik Asit	55 g
EDTA	9.3 g
dH ₂ O	1000 ml'ye tamamlanmıştır

Çizelge 3.5. Agaroz jel hazırlanmasında kullanılan kimyasallar

Kimyasalın Adı	Kullanılan Miktar
Agaroz	2 g
1XTBE Tamponu	100 ml

3.2. Metot

3.2.1. Kerevitlerin yakalanması, laboratuvara getirilmesi ve doku örneklerinin alınması

Belirlenen tatlısu kaynaklarından bölgedeki balıkçılar yardımıyla kerevitler pinter av gereçleriyle yakalanmıştır (Şekil 3.4, Şekil 3.5). Belirlenen tatlısu kaynaklarında avcılık yapan balıkçılar yardımıyla yakalanan kerevitler canlı bir şekilde strafor kutulara yerleştirilerek laboratuvara taşınmıştır.

Tez çalışması kapsamında örneklenen kerevitlerden diseksiyon aletleriyle abdomen ve üropodlarından doku parçaları çıkartılarak 2 ml mikrosantrifüj tüplerde ethanol (%96) içerisinde DNA izolasyonları yapılmaya kadar saklanmıştır



Şekil 3.4. Pinterlerin kerevit avlamak için göle bırakılması.



Şekil 3.5. Balıkçılardan örneklerin teslim alınması

3.2.3. DNA izolasyonu

Sağlıklı kerevit örneklerinin abdomenlerinden alınan 2-5 gr numune DNA izolasyonu için mikrosantrifüj tüplere alınarak etanolde saklanmıştır. DNA izolasyonu EURx ticari izolasyon kiti (GeneMATRIX Tissue & Bacterial DNA Purification Kit Polonya) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonu aşağıdaki protokole göre yapılmıştır (Şekil 3.6; Şekil 3.7).

1. Tüpe 220 µl Sol V eklendikten sonra 50-100 mg doku eklenerek ezici tokmak parmaklarla döndürülerek ezilmiştir.
2. Ezme işlemi bittikten sonra tokmak çıkartılarak üzerine 200 µl %0,9 NaCl ile ve 20 µl Proteinase K ekledikten sonra 20-30 sn vortekslenmiştir.
3. İyice karıştırılan numune tüpleri termal çalkalayıcıda 60°C'de 30 dakika inkübe edilmiştir.
4. Tüm parçalanmış karışımı bir spin kolon tüpüne aktararak 1 dakika boyunca 10.000x g'de santrifüjlenerek katı partiküller uzaklaştırılmıştır.
5. Filtrasyon spin kolonu çıkartıldıktan sonra santrifüj sırasında oluşan çökelti pipetlenerek yeniden süspanse edilmiştir. Üzerine 500 µl etanol (%96-100) eklenerek iyice karıştırılmıştır.
6. 600 µl numune, 2 ml'lik alıcı tüp üzerine yerleştirilen bağlayıcı spin kolonuna dikkatlice aktarılmış ve kapağı dikkatlice kapatılarak 8000 g'de 1 dakika santrifüjlenmiştir. Spin kolonu 2 ml temiz alıcı tüpe yerleştirilmiş ve süzöntü atılmıştır.

7. Kolonu dikkatlice açarak üzerine 500 µl Wash V1 buffer eklenek kapak kapatılmış ve 8000 g'de 1 dakika santrifüjlenerek spin kolonunu temiz alıcı tüpü yerleştirilerek süzüntü içeren alıcı tüp atılmıştır.

8. Kolon dikkatlice açıldıktan sonra, 500 µl Wash RBW buffer eklendikten sonra kapağı kapatılarak 8000 g'de 1 dakika santrifüjlenmiştir.

9. Spin kolonu çıkartıldıktan sonra, süpernatant boşaltılmış ve kolon alıcı tüpe geri yerleştirilmiştir. Bu aşamada spin kolonunu alıcı tüpten çıkarırken numuneyi kontamine etmemeye dikkat edilmiştir. Spin kolonunun zarının tamamen kuru olup olmadığı kontrol edilmiştir. Şayet kolon membranı kuru değilse ilave 1 dakika santrifüjlenmiştir.

10. Membranı tamamen kurutmak için tam hızda 2 dakika santrifüjlenmiştir

11. Spin kolonu temiz bir mikrosantrifüj tüpüne (1.5-2 ml) yerleştirildikten sonra doğrudan membran üzerine 50-100 µl RNaz içermeyen su eklenmiştir.

12. Döndürme kolonunu 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edilerek 2 dakika tam hızda santrifüjlenmiştir.

13. Döndürme kolonu çıkarılarak alıcı tüp kapatılmış ve saflaştırılan DNA analiz için -20°C'de saklanmıştır



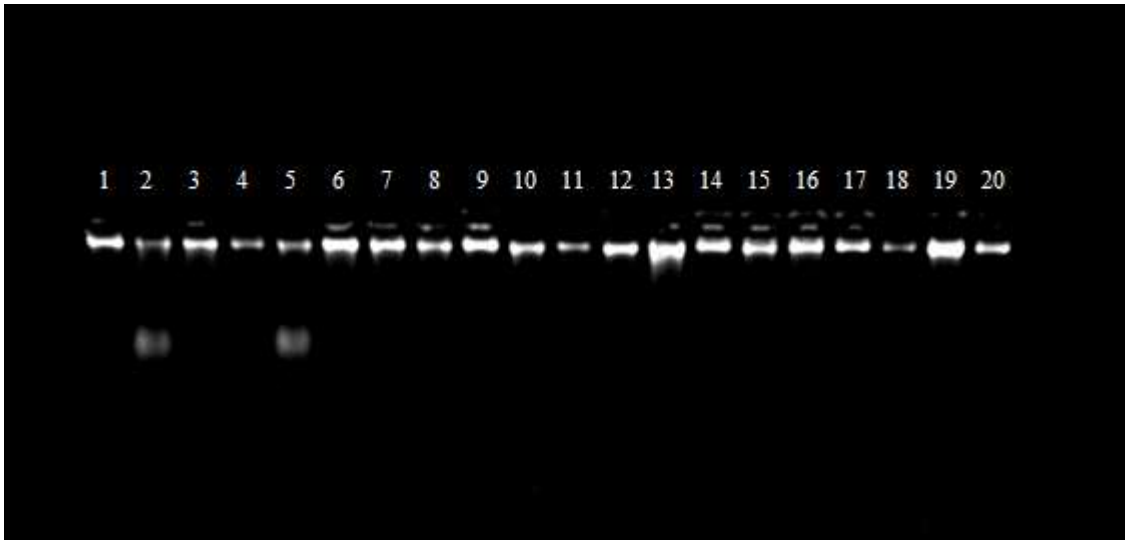
Şekil 3.6. DNA izolasyonu hazırlık aşaması



Şekil 3.7. DNA izolasyonu için örneklerin ezilmesi

3.2.4. Genomik DNA kalite kontrolü ve konsantrasyonlarının belirlenmesi

İzolasyonu tamamlanan DNA moleküllerinin kalitesi % 1' lik agaroz jelde yürütülerek belirlenmiş ve sonrasında miktarları BioDrop DNA ölçüm cihazı kullanılarak konsantrasyonu tespit edilmiştir.



Şekil 3.8. Manyas Gölü'ne ait bireylerden izole edilen DNA' ların jel görüntüsü

3.2.5. PZR işlemi ile mikrosatellit lokusların çoğaltılması

Kerevitlerde genetik çeşitlilik çalışmalarında genetik yapının bulunabilmesinde, populasyon içi ve populasyonlar arasındaki genetik ilişkilerin belirlenebilmesinde tercih edilen çok fazla miktarda mikrosatellit lokus bulunmaktadır. Bu tez çalışmasında kerevit DNA'ları elde edildikten sonra hedef mikrosatellit lokuslarının Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile çoğaltılması Çizelge 3.6'de yer alan, Gross vd. (2016)'nın *Pontastacus leptodactylus* ve *Astacus astacus* türleri arasındaki hibridlerin belirlenmesi için geliştirip tasarladıkları *Pontastacus leptodactylus* türüne özgü mikrosatellit primerleri ile ilgili yapmış oldukları çalışmadaki mikrosatellit primerleri kullanılmıştır.

Mikrosatellit lokusların seçiminde daha önce kerevit populasyonlarında denenmiş olması, heterozgotluk ve polimorfizm düzeylerinin yüksek olması gibi özelliklere dikkat edilmiştir. Çalışmada kullanılan lokuslara ait ileri primerler florasan 6FAM, HEX ve TAMRA boya ile Çizelge 3.12'deki gibi işaretlenmiştir.

Çizelge 3.6. Kullanılan primer ve özellikleri

İst.	Lokus	İleri ve Geri primer sekansı 5' → 3'	Allel Genişliği	Bağlanma sıcaklığı (°C)	Tekrar motifleri
1	Aast4-7	İ: ATGAAGCTTGAGAAGGCCTATG G: TGGTTAACATAACTGATGTGGGA	158	58	ACAT
2	Aast4-12	İ: CCCACTTTAAGCAGAAGACACA G: CACCACTAAATCCTTATACAAATCCA	171-175	60	AATG
3	Aast4-40	İ: TGCAAGTAATGCATGTTAGGAA G: CCTCAAACCTCACAGTGCTGC	241	58	ACAT
4	Aast4-43	İ: GGGAACGAAGAAGTCTTTACCA G: TTGGATTGGGAGTGAGGTCC	280	60	ACAT
5	Aast4-16	İ: GGTGTCTCGCGAAATGTAAA G: TAGATGAATGGGCAGGAAGC	176-182	58	ACGC
6	Aast4-34	İ: TTCAAATGTAGATATCAGAGAACCCA G: TGATACTCAAATTAGGAAAGAGTGGA	240	60	ACTC

Çizelge 3.6'in devamı

7	Aast4-3	İ:TTTCCTGTCTTTTCGGCTGTC G: ACCCTGCAAGCACATCTAGG	115-118	58	ACGC
8	Aast4-33	İ:TCCCATTACAATAATAAGTAGGCAA G: CTGGGAGGGAAGTGGAGTG	355-379	60	AGGC
9	Aast4-24	İ:CATTAAGCAAGAAGGACGGAT G: CCCACTGTTTCTCTCTCCCT	210-228	60	AGGC
10	Aast4-30	İ:TCAATTTGTTGTTGTGATGCCAGA G: CTGCATGACGCTGCTACTTT	238-254	58	ACCT

PZR'da kullanılan kimyasalar ve bunların PZR karışımındaki miktarları Çizelge 3.7'de verilmiştir. PZR işleminde çoğaltmak üzere 50 ng/μl yoğunlukta DNA'lar hazırlanmıştır. Ardından 2'şer μl olacak şekilde 0,2 ml'lik her PZR tüpüne eklenmiştir.

PZR uygulamalarında Biorad T100 Gradient Thermal Cycler (Kaliforniya-ABD) cihazı kullanılmıştır. Cihazın kapak sıcaklığı ve blok sıcaklığı, PZR sırasında reaksiyon karışımının buharlaşmasını engellemek amacıyla sırası ile 102 ve 95 °C'ye ayarlanmıştır. Hazır olarak hizmet alımıyla sağlanan reaksiyon karışımı (master mix) 5x Hot Fire 4 μl olarak PZR aşamasında PZR tüpleri içerisine eklenmiştir.

PZR işlemi için, hazırlanan primer çifti, saflaştırılmış genomik DNA, PZR master karışımı içerisine ilave edilerek, PZR işlemi toplam 20 μl hacimde Çizelge 3.7'de görüldüğü şekilde hazırlanarak kullanılmıştır.

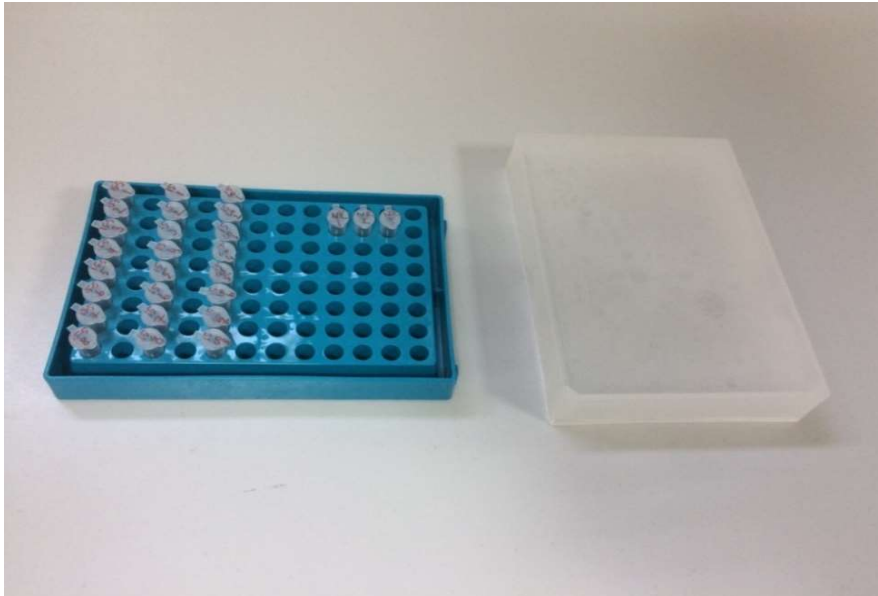
Çizelge 3.7. PZR reaksiyon karışımı ve miktarları

PZR Bileşeni	Miktar μl (1X Reaksiyon için)	Molarite
Ultra saf su	13	
10X Hot Fire PZR karışımı	4	
Geri Primer	0.5	100 pmol
İleri Primer	0.5	100 pmol
Kalıp DNA	2	~50 ng/ μl
TOPLAM	20	

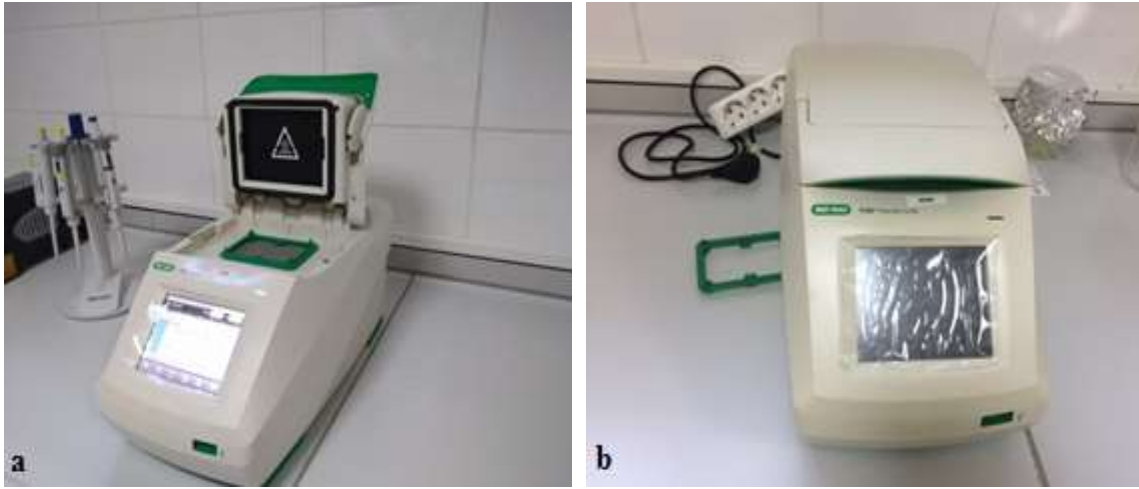
Karışım PZR tüplerinin içerisine eşit bir şekilde dağıtılmıştır. Bir tüpün içerisine negatif kontrol amaçlı DNA konulmadan sadece karışım eklenmiştir. Hedeflenen gen bölgesi için en uygun sıcaklığı belirlemede her bir primer için gradient PZR işlemi yapılarak bağlanma sıcaklıkları en uygun olacak şekilde belirlenmiştir (Şekil 3.9., 3.10., 3.11.a ve 3.11.b).



Şekil 3.9. PZR hazırlık aşaması



Şekil 3.10. Hazırlanmış PZR tüpleri



Şekil 3.11.a) PZR programının cihaza girilmesi **b)** Hazırlanan PZR tüplerinin thermal cyclers'a yerleştirilmesi

Optimize edilen PZR programı aşağıda Çizelge 3.8'de verilmiştir.

Çizelge 3.8. Kullanılan PZR programı

	Sıcaklık	Zaman	Döngü
İlk ayrışma	95°C	14 dk	1
ayrışma	95°C	15 sn	30
Yapışma*	58-60°C	30 sn	30
Uzama	72°C	40 sn	30
Son uzama	72°C	5 dk	-

*Çoğaltılacak lokuslara göre değişim göstermiştir

3.2.6. Jel elektroforezi

3.2.6.1. Elektroforez çözeltisi

Tris-Borate-EDTA (TBE) tampon çözeltisi, pH 8.0 olacak şekilde hazırlanarak elektroforezde kullanılmıştır. Tampon çözelti ilk olarak 10X yoğunluğunda hazırlanarak 1 lt suda çözündürülüp stok çözelti elde edilmiştir (Çizelge 3.9). Hazırlanan stok çözeltiden 10 ml alınarak saf su ile 1000 ml'ye tamamlanmış olup 10X TBE tamponu 10 kat seyreltilerek 1X TBE tamponu elde edilmiştir. Elektroforez işlemi için hazırlanan jel ve elektroforez tankında 1X TBE tamponu kullanılmıştır.

Çizelge 3.9. Elektroforez işlemlerinde ve agaroz jellerinin hazırlanmasında stok ve tampon çözeltilerin içerikleri

Çözelti	Yoğunluk	Bileşim
Elektroforez / stok jel tampon çözeltisi	10 X TBE	108 g tris base 55 g boric asid 900 ml double-distilled H ₂ O 40 ml 0.5 M EDTA solüsyon (pH 8.0) 1 lt saf suya tamamlandı
Elektroforez/jel tamponu ve yürütme tampon çözeltisi	1X TBE	0.13 M Tris (pH 7.6) 1X TBE 45 mM boric acid 2.5 mM EDTA

3.2.6.2. Jelin hazırlanması

Elektroforez uygulamalarında, genetik alanında yapılan deneylere uygun olan agaroz (peg GOLD Universal Agarose) tercih edilmiştir. Yapılan tez çalışmasında laboratuvarında yapılan tekrarlı deneyler ve daha önce yapılmış moleküler biyolojik çalışmalardan yola çıkarak %2' lik agaroz jelin en uygun miktar olduğu tespit edilmiştir. %2' lik agaroz jel hazırlanırken, 150 ml TBE tampon çözeltisi ve ~3 gr agaroz tartılarak bir erlen mayerde karıştırılmıştır. Ardından ara sıra homojen bir karışım olması için karıştırılarak mikrodalga fırında ısıtılıp çözdürülmüştür. Agarozun yanmaması açısından jelin kaynamamasına dikkat edilip şeffaf bir görünüm elde edilinceye kadar yaklaşık 3-4 dk ısıtılmıştır. Mikrodalgadan çıkarılan erlen mayer biraz soğutulduktan sonra çeker ocak üzerine alınarak erlen mayerin içerisine yaklaşık 5 µl ethidium bromide eklenmiştir. Hazırlanan elektroforez çözeltisi elektroforez tepsisine dökülmeden önce hava kabarcıklarının yok olması beklenmiş ve ardından yatay elektroforez tepsisine dökülmüştür. Yaklaşık 20 dakika sonra jelin donup donmadığı nazikçe kontrol edilerek 1X'lik TBE doldurulan elektroforez tankının içerisine dikkatlice alınmıştır. Daha sonra jelin üstünü çok az geçecek seviyeye kadar elektrolit çözeltisi doldurularak elektroforez işlemi için kullanılmak üzere hazır hale getirilmiştir (Çizelge 3.3).

3.2.6.3. DNA ve PZR ürünlerinin jele yüklenmesi

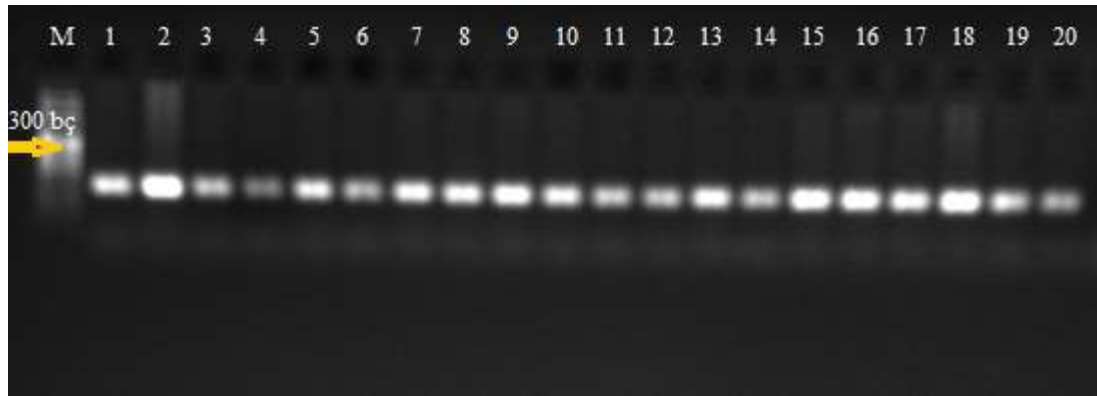
DNA izolasyonu ve PZR işlemi sonucunda elde edilen ürünler hazırlanan jelde kuyucukların kontrolü sağlandıktan sonra 2 µl yükleme boyası (Loading Buffer, yükleme çözeltisi) ile boyandıktan sonra 5 µl hacmindeki DNA ve PZR ürün örnekleri kuyucuklara yüklenmiştir (Şekil 3.12a-b) (Çizelge 3.10).



Şekil 3.12.a) DNA örneklerinin jele yüklenmesi; b) PZR örneklerinin jele yüklenmesi

3.2.6.4. Elektroforez işlemi

Hazırlanan elektroforez tankına yerleştirilen jeldeki kuyucuklara DNA izolasyonu tamamlanan örneklerin kontrolü için ve PZR işlemi bitirilerek çoğaltılan ürünlerin mikrosatellit fragmentlerinin uzunluklarına göre birbirinden ayrılması için yüklenmesinin ardından elektroforez işlemi gerçekleştirilmiştir. Agaroz jel elektroforez işlemleri için voltaj ve elektroforezin yürütülme zamanı ile jel yoğunluğu daha önce çok kez deneme sonrasında optimize edilerek en uygun şartlara ulaşılmıştır. Elektroforez işleminde kullanılan kimyasallar Çizelge 3.11’de verilmiştir.



Şekil 3.13. PZR işlemi sonrası elde edilen ürünlerin agaroz jelde yürütülerek kontrolü. Keban Populasyonunda Aast4-3 lokusuna ait jel görüntüsü.

PZR'da çoğaltılan DNA fragmentlerini içeren üründen ortalama 5-10 µl yüklenmiş 100 Volt' da 1 saat yürütülmüş olup, DNA örnekleri için ise 140 Volt' da 30 dk yürütülerek, çoğaltıldığı düşünülen farklı büyüklükteki bantların jelde ayrılması sağlanmıştır. Ardından bu sonuçlar jel görüntüleme cihazında UV ışık altında incelenmiştir. Sonuçlar jel görüntüleme cihazında kayıt altına alınmış ve bulgulara eklenmiştir (Şekil 3.13).

Çizelge 3.10. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan kimyasal maddeler

Kimyasalın Adı	Miktarı
Agaroz	3 g
1XTBE Tamponu	150 ml
EtBr (10 mg/ml)	5 µl
Örnek yükleme boyası	2 µl
DNA ve PZR ürünü	5 µl

3.2.7. Mikrosatellit lokuslarında fragment analizi ve genotiplerin tespiti

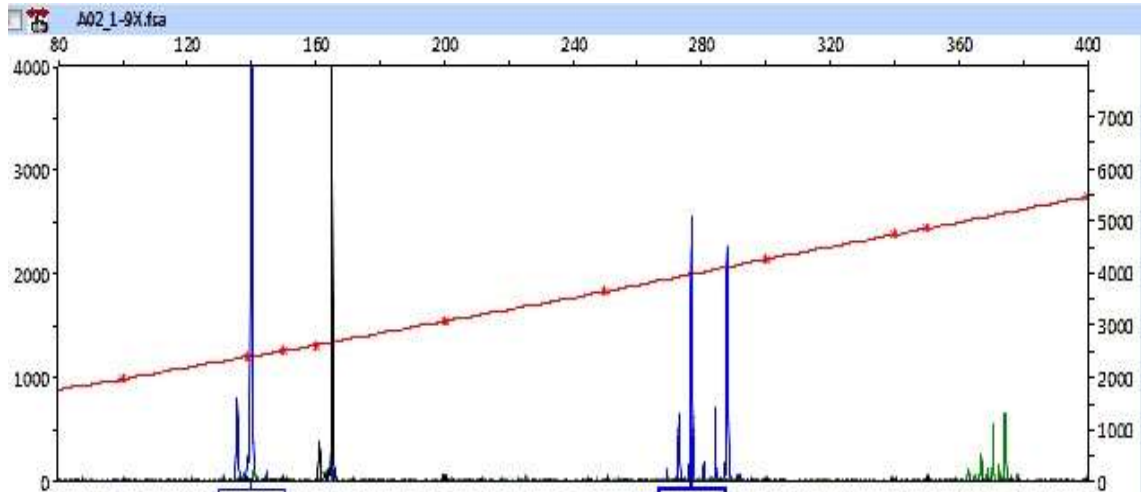
Çalışma kapsamında 11 kerevit popülasyonunda toplam 220 örnek ve 10 mikrosatellit lokus (Çizelge 3.12) bakımından incelenmiştir. Fragment analizi maliyetlerini düşürmek için her lokus tek tek çoğaltılmış agaroz jel elektroforezi sonrasında Çizelge 3.12'de gösterildiği gibi PZR ürün büyüklüğü ve boya rengine göre 3 grup olacak şekilde karıştırılmıştır..

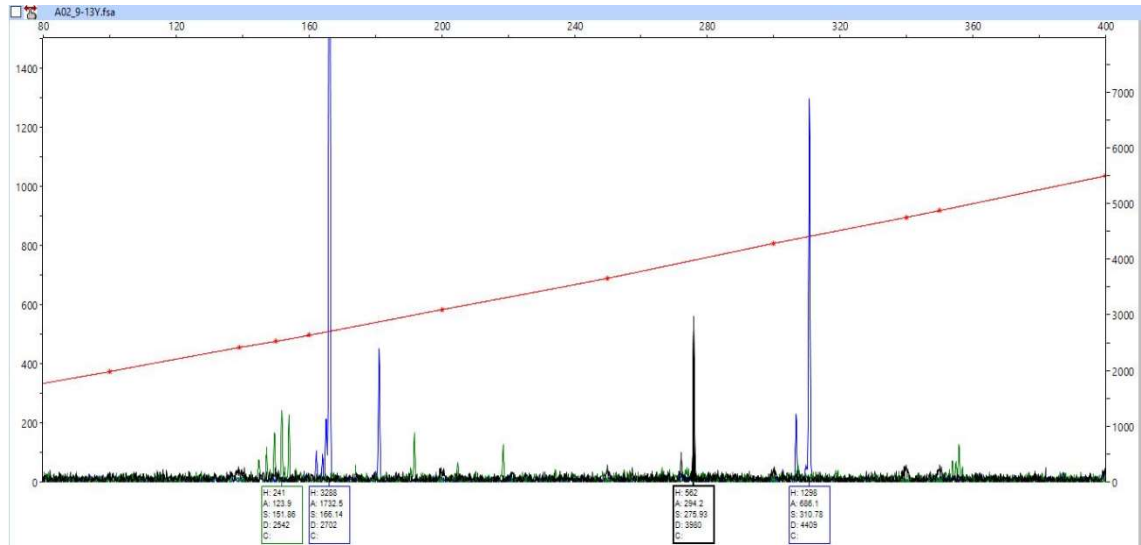
PZR ile çoğaltılan lokusların ileri primerler florasan 6FAM, HEX ve TAMRA boya ile Çizelge 3.12'deki gibi işaretlenmiştir. Faragment analizleri kapiller elektroforez ile ABI 3730XL Avant Genetic Analyzer (BM Laboratuvar Sistemleri (<https://www.bmlabosis.com>))' nden hizmet alımı yoluyla yaptırılmıştır.

Fragment analizi için gönderilen PZR ürünü saflaştırma aşamasında örnekler, MAGBIO "HighPrep™ PCR Clean-up System" (AC-60005) saflaştırma kiti kullanılarak kitin prosedürlerine uyarak saflaştırılmıştır. Ardından 0,3 uL 400HD + 10 uL formamide + 0,5 uL DNA kullanılarak ABI3730XL cihazında fragment analizi gerçekleştirilmiştir. Fragment analiz sonuçları sonrasında alınan fsa dosyaları peak scanner software v1.0 programında açılarak allel büyüklükleri excell dosyasına aktarılmıştır (Şekil 3.14, 3.15 ve 3.16).

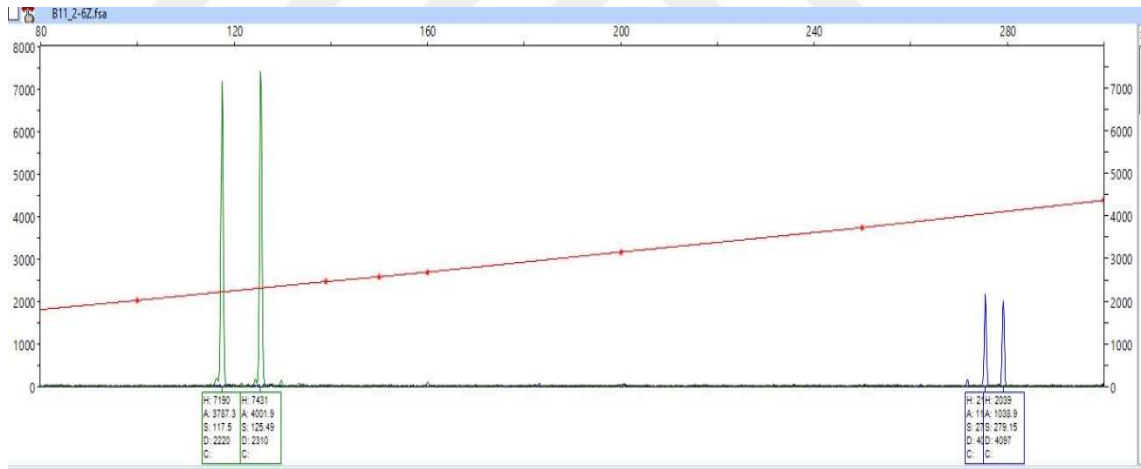
Çizelge 3.11. Fragment analizlerine gönderilmek üzere oluşturulan multipleks gruplar ve özellikleri

Multipleks Gruplar	Lokus İsmi	Motif	Muhtemel Allel Genişlikleri	Boya
Grup 1	Aast4-7	ACAT	158	6Fam
	Aast4-12	AATG	171-175	Tamra
	Aast4-40	ACAT	241	Hex
	Aast4-43	ACAT	280	6Fam
Grup 2	Aast4-16	ACGC	176-182	6Fam
	Aast4-34	ACTC	240	Tamra
	Aast4-3	ACGC	115-119	Hex
	Aast4-33	AGGC	355-379	6Fam
Grup 3	Aast4-24	AGGC	210-226	6Fam
	Aast4-30	ACCT	238-254	Hex

**Şekil 3.14.** Bir kerevit bireyinde çoğaltılan Aast4-7 (Fam:Mavi), Aast4-12 (Tamra:Siyah), Aast4-43 (Fam:Mavi) Aast4-40 (Hex:Yeşil) lokuslarına ait elektroferogram görüntüsü



Şekil 3.15. Örnek bir kerevit bireyinde çoğaltılan Aast4-3 (Hex=Yeşil), Aast4-16 (Fam=Mavi), Aast4-34 (Tamra=Siyah) ve Aast4-33 (Fam=Mavi) lokuslarına ait elektroferogram görüntüsü



Şekil 3.16. Örnek bir kerevit bireyinde çoğaltılan Aast4-30 (Hex=Yeşil) ve Aast4-24 (Fam=Mavi) lokuslarına ait elektroferogram görüntüsü

3.2.8. Populasyon yapılarının belirlenmesi ve genetik çeşitliliğin bulunması

3.2.8.1. Genetik çeşitlilik analizleri

Populasyonlardaki genetik çeşitliliğin ölçülebilmesi için farklı parametreler bulunmaktadır. Bu parametreler heterozigotluk değeri ve gen frekansları olarak sayılabilir. Genellikle mikrosatellit çalışmalarda genetik çeşitlilik hakkında bilgi edinebilmek amacıyla polimorfizm bilgi içeriği (PIC), allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne) ve allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho) ile beklenen heterozigotluk (He) değerleri bulunması gerekmektedir.

Allel frekanslarının hesaplanması

Çalışılan populasyonlardaki bir lokus içinde allelik değişikliklerinin bulunması ve değişikliklerin, farklı allel uzunlukları ile tespit edilmesi yani allel frekanslarının hesaplanması, daha önce yapılan moleküler çalışmalarda populasyon içerisindeki genetik çeşitliliklerin bulunabilmesi için gereklidir. Bir allelin frekansı, o allelin belli bir populasyonda bulunan tüm alleller içindeki temsil payıdır. Allel frekanslarının hesaplanması için aşağıdaki denklik kullanılmaktadır (Nei 1987; Özkan 2005; Aksakal 2009; Freeman ve Herron, 2009).

$$X_i = \frac{x_{ij} \sum_{j=1}^n n_{ji}}{2n} \quad (3.1)$$

X_i : A_i allelindeki gen frekansı

n : Toplam birey sayısı

x_{ii} : A_i allelindeki homozigot birey sayılarının toplamı

n_{ij} : A_i allelindeki heterozigot birey sayılarının toplamı

Bu tez çalışmasında allel frekanslarının hesaplanabilmesi için Nei (1987) tarafından bildirilen gen sayma yöntemi kullanılarak, CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından allel frekansları hesabı için POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır.

Allel genişliği (AG)

Genomda bulunan her bir lokusun genetik varyasyonunun anlaşılabilmesi için allel genişliklerinin tespit edilmesi büyük önem taşımaktadır. Allel genişliğinin populasyondan populasyona hatta küçük de olsa bireyden bireye farklılık göstermesi populasyondaki genetik çeşitliliğin hesaplanma oranını artırmaktadır. Allel genişliği ayrıca populasyonun çalışılan lokusu ile ilgili sahip olduğu genişliği de göstermektedir.

Yapılan tez çalışmasında allel genişliklerinin hesaplanabilmesi için CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından allel genişliklerinin bulunabilmesi için POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır.

Ortalama allel sayıları (Na)

Ortalama allel sayıları, genetik varyasyonların belirlenmesi için kullanılan parametrelerden biridir. Çalışılan örnek sayısına göre lokus başına düşen ortalama allel sayısı değişkenlik göstermektedir. Ortalama allel sayısı ne kadar yükselirse popülasyondaki çeşitliliğin de o kadar yüksek olacağı söylenebilir (Karlı 2015). Ortalama allel sayısı aşağıda verilen formül ile hesaplanmaktadır (Nei 1987).

$$Na = \frac{\sum n_{ai}}{r} \quad (3.2)$$

Na = Ortalama allel sayısı

n_{ai} = i. Lokustaki allel sayılarının toplamı

r = Lokus sayılarının toplamı

Ortalama allel sayılarının hesaplanabilmesi için CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından ortalama allel sayılarının bulunabilmesi için POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır.

Etkili allel sayıları (Ne)

Genom boyunca herhangi bir lokusta bulunan allellerin ne kadarının genetik çeşitliliğe fayda sağladığını bildiren parametre etkili allel sayısıdır. Kuramsal açıdan bütün allel frekanslarının aynı olduğu varsayıldığı zaman etkili allel sayısı ortalama allel (Na) sayısına eşit olduğu söylenebilir. Kimura ve Crow (1964) tarafından geliştirilen etkili allel sayılarının istatistiksel denklemi allel frekansları yardımıyla hesaplanabilmektedir. Etkili allel hesaplanırken aşağıda yer alan denklem kullanılmaktadır (Karlı 2015).

$$Ne = \frac{1}{\sum_{i=1}^r p_{i^2}} \quad (3.3)$$

p_{i^2} = i. allelin frekansı

r = Lokus sayısı

Etkili allel sayısı hesaplanırken POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır.

Gözlenen heterozigotluk (H_o)

Heterozigotluk değeri genetik çalışılan populasyonlarda genetik çeşitliliklerin hesaplanmasında oldukça bilgi verici ve faydalı bir değerdir. Populasyonlarda üzerine odaklanılan lokuslar açısından tüm heterozigot birey genotiplerin toplam bireylere oranı gözlenen heterozigotluk değerini vermektedir (Karslı 2015).

$$H_o = \frac{\text{Heterozigot birey sayısı}}{\text{Toplam birey sayısı}} \quad (3.4)$$

Gözlenen heterozigotluk parametresinin bulunması için POPGENE (Yeh. Vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır.

Beklenen heterozigotluk (H_e)

Nei (1987)'nin yansız heterozigotluk değeri, gen frekanslarından faydalanılarak bulunan beklenen heterozigotluk (H_e) değeri önemli bir genetik çeşitlilik parametresidir. Beklenen heterozigotluğun sapmasız bir şekilde hesaplanmasında aşağıda verilen denklik kullanılmıştır. Verilen matematiksel hesaplamada populasyon büyüklüklerinin neden olabileceği etkilerin en aza indirildiği bildirilmektedir (Nei 1987; Özkan 2005; Ceyhun 2007).

$$H_e = \frac{2n(1 - \sum X_i^2)}{2n - 1} \quad (3.5)$$

n = Toplam birey sayısı,

X_i = i. allel frekansı

Beklenen heterozigotluk değerinin bulunması populasyonların heterozigotluk seviyelerinin belirlenebilmesi açısından kullanılan yöntemlerdendir. Çalışılan lokusların heterozigotluk seviyesi populasyon içerisinde bulunan heterozigotların ortalama yüzdesi anlamına gelmektedir

Yapılan tez çalışmasında beklenen heterozigotluk değerlerinin hesaplanabilmesi için CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından beklenen heterozigotluk değerlerinin bulunabilmesi için POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır.

Populasyondaki bireylerin her biri allelik ve genetik çeşitlilik için ilk olarak lokuslar açısından, ardından tüm lokuslar için gözlenen allel sayıları, ortalama allel

sayıları, gözlenen heterozigotluk (H_0) ve beklenen heterozigotluk (H_e) değerleri hesaplanmaktadır (Nei 1987; Özkan 2005). Beklenen heterozigotluk (H_e) değeri, gözlenen heterozigotluk (H_0) değerinden düşük olduğu durumlarda ($H_0 > H_e$) o popülasyonda akrabalık oranının yüksek olduğu anlamına gelmektedir (Aksakal 2009; Freeman ve Herron 2009).

Polimorfizm bilgi içeriği (PIC)

PIC değeri bir genetik belirtecin ne kadar polimorfik yapıda olduğunun belirlenmesinde kullanılan bir indekstir. Çalışılan lokuslardaki varyasyonun hangi seviyelerde olduğunun ve buna bağlı olarak da o lokusun belirteç olarak kullanılma etkinliğini belirleyen bir katsayı olarak kullanılmaktadır. Bu temelde PIC değerleri herhangi bir lokusu tanımlayan ve o lokus hakkında daha duyarlı bilgi edinilmesi amacıyla kullanılan iyi bir ölçüt olarak değerlendirilmektedir (Botstein vd. 1980).

Herhangi bir lokusta tespit edilebilecek PIC değerleri şu şekilde yorumlanmaktadır.

$PIC > 0.50$ ise yüksek seviyede bilgi sağlayan bir belirteç

$0.50 > PIC > 0.25$ ise orta seviyede bilgi sağlayan bir belirteç

$0.25 > PIC$ ise çok az bilgi sağlayan bir belirteç olarak değerlendirilir.

PIC değerleri aşağıdaki denklem ile bulunmaktadırlar.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - 2 \left[\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i^2 p_j^2 \right] \quad (3.6)$$

Denklemden ;

n = Toplam allel sayısı

p_i = i. allelin frekansı

p_j = j. allelin frekansı

Çalışılan popülasyonların seçilen bütün lokuslarında polimorfizm bilgi içeriği (PIC) genetik çeşitlilik parametresi POWERMARKER (Liu ve Muse 2005) paket programından faydalanılarak bulunmuştur.

Özgün allel

Çalışılan popülasyonların içinde sadece tek bir popülasyonda var olan alleller özgün allel olarak isimlendirilir. Popülasyonlarda özgün allelin olması, mutasyon oranı ve gen akışı ile yakından alakalıdır. Göç oranı arttıkça popülasyon içerisindeki özgün allel sayısı düşmektedir. Başka bir ifadeyle ırk ya da popülasyon ayrımı zorlaşmakta

denilebilir. Bu tez çalışmasında özgün allel frekanslarının belirlenmesi için POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır (Karlı 2015).

3.2.8.2. Soy içi üreme katsayısı (F_{is}) ve F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST})

Soy içi üreme katsayısı (F_{is})

Akraba bireylerin çiftleşmesi soy içi üreme olarak ifade edilmektedir. Soy içi üreme sonucu populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapma oluşabilmektedir. Soy içi üreme sonrasında oluşabilecek olan bu sapmanın sebebi populasyondaki heterozigotluk eksiliğinden mümkün olabilir. Başka bir ifadeyle ortak atadan gelen bireylerin çiftleşmesi sonucunda homozigot bireylerde artış görülebilmektedir. Soy içi üreme katsayısı (F_{is}) değer olarak -1 ile +1 aralığında değişim göstermektedir. Soy içi üreme katsayısı eksi değerler alıyorsa heterozigotluk fazlalığı, pozitif değerler alıyorsa ise de homozigotluk fazlalığı olarak ifade edilmektedir. Göl ve akarsu gibi geniş yayılımı olan kerevit populasyonlarında rastgele çiftleşme sonucu olarak soy içi üreme katsayısının (F_{is}) sıfır ya da negatif değerlerde olması beklenmektedir. Soy içi üreme katsayılarının bulunmasında FSTAT v1.2 (Goudet 1995) paket programından faydalanılmıştır (Karlı 2015).

F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) ve ikişerli F_{ST} değerleri

F istatistikleri populasyonların yapısının belirlenilmesinde çok yaygın olarak kullanılan değerlerdendir. Bir türe veya ırka ait populasyonlar çiftleşme ortamlarına, yetiştirildikleri coğrafi ve ekolojik ortamlara bağlı olarak farklılıklar içermektedir. Farklı izole bölgelerde bulunan populasyonlar o tür veya ırka ait alt populasyonlar olarak tanımlanmaktadır. Alt populasyonların genetik yapıları, selektif faktörlere (Örnek genişliklerinin farklı olması, uygulanan seleksiyon yöntemlerindeki farklılık alt populasyonlar arasında meydana gelen göç ve değişik çevre faktörlerinin farklı genotiplere farklı ortam sağlaması gibi) bağlı olarak sonsuz genişlikte olan ve rastgele çiftleşmenin olduğu populasyonlar ise alt populasyonlarda görülen seçmeli değerlerden dolayı homozigot genotiplerin frekansları Hardy-Weinberg genetik dengesinde olması beklenen değerlerden çok daha yüksek olması ve buna bağlı olarak da heterozigotların frekansının düşmesi beklenmektedir (Hartl ve Clark 2007).

Wright (1978)' a göre üzerinde çalışılan populasyonların evrimi sonucu oluşan seleksiyon, göç ve bireylerin akrabalık dereceleri hakkında tanımlayıcı bilgilere ulaşılması genellikle mümkün olamamaktadır. Bu durumda populasyonun genetik yapısının, üzerinde çalışıldığı anda tespit edilen genotip frekanslarından yararlanılarak alt populasyonlardaki Hardy-Weinberg dengesinde beklenen durumlarda olan sapma ve alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıklarla anlatılabilir. Homozigotlaşma indeksi (F – fixation index) yani F istatistikleri, populasyonlar arasında akraba bireylerin çiftleştirilmesi yani soy içi üreme sonrasında Hardy-Weinberg dengesinden sapmalar olarak ifade edilmektedir (Brown 2003). Aynı ırkın değişik populasyonlar arasındaki

farkı gösterebilmek için F istatistikleri tercih edilmektedir. Wright (1965) tarafından geliştirilen F istatistiklerinin sembolleri F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} olarak ifade edilir. Bu parametreler fiksasyon indeksleri (fixation indices) olarak da adlandırılmaktadır (Özkan 2005; Ceyhun 2007; Aksakal 2009). Günümüzde bu parametreler çalışılan bireylerde yani populasyonlar arası ve populasyonlar içinde genetik çeşitlilikteki farklılıkların hesaplanmasında halen yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. F istatistiklerinin hesaplanmasında ilk olarak CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından F istatistiklerinin bulunabilmesi için POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programından faydalanılmıştır (Karşı, 2015).

Genetik çeşitliliğin hem toplam populasyonlar hem alt populasyonlar hem de bireyler açısından incelenmesi F istatistikleri parametreleri sayesinde mümkün olabilmektedir. Beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri kullanılarak F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerleri hesaplanabilmektedir (Nei 1987).

Tüm bireylerin bir arada düşünülmesiyle toplam populasyonlardaki farklılaşma kriteri F_{IT} olarak tanımlanabilir. Başka bir ifadeyle populasyon düzeyinde rastgele biraraya gelen iki gametin ortak atadan gelme olasılığını F_{IT} parametresi belirleyebilmektedir (Nei 1987; Özkan 2005; Aksakal 2009). Toplam populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların ifadesi olarak F_{IT} değeri tanımlanabilir. (Nei 1987; Özkan 2005; Aksakal 2009). F_{IT} parametresi aşağıdaki denklikten faydalanılarak bulunmuştur.

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_0}{H_T} \quad (3.7)$$

Formülde;

H_T = Çalışılan populasyonların tümünün heterozigotluk ortalaması

H_0 = Alt populasyonlarda gözlenen heterozigotluk ortalaması

Ortak atadan gelen fertlerin homolog allelleri içerisindeki olasılık kuramı ve istatistiksel denklem F_{IS} olarak tanımlanabilir. Başka bir ifadeyle alt populasyonlarda rastgele biraraya gelen gametin akraba olma olasılığını ifade etmektedir yani alt populasyonlarda soy içi üreme katsayısı olarak da tanımlanabilir. F_{IS} değeri negatif olduğu durumlarda heterozigot bireylerin fazla olduğu, sıfıra yakın olduğu durumlarda ise Hardy-Weinberg dengesinde olduğu, pozitif olduğu durumlarda ise homozigot fazlalıklarının bulunduğu söylenebilir (Nei 1987; Özkan 2005; Aksakal 2009; Karşı 2015). F_{IS} değeri aşağıdaki eşitlikten faydalanılarak hesaplanır.

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_0}{H_S} \quad (3.8)$$

H_0 : Gözlenen heterozigotluk ortalamaları

H_S : Beklenen heterozigotluk ortalamaları

H_T : Çalışılan populasyonlardaki heterozigotluk ortalamaları (Nei 1987)

Akraba olan alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların ifadesi F_{ST} olarak tanımlanabilir. Başka bir ifadeyle alt populasyonlarda rastgele biraraya gelen gametin akraba olma olasılığını ifade etmekte olup bir lokus bakımından ortak atadan gelen populasyonların kıyaslanmasında kullanılabilir. F_{ST} değeri olarak 0 ile 1 aralığında yer almaktadır. Hesaplanan F_{ST} değeri 1'e yakınlaştıkça populasyonlardaki akrabalık derecesinin o kadar uzaklaşmakta olduğu söylenebilir. F_{ST} değeri sıfıra yakınlaştıkça populasyonlardaki genetik çeşitliliğin de o kadar azaldığı söylenebilir. Başka bir ifadeyle kıyaslanan populasyonların birbirine benzediği söylenebilir. F_{ST} parametresinin hesaplanabilmesi için aşağıdaki denklikten faydalanılmıştır.

$$F_{ST} = \frac{F_{IT} - F_{IS}}{1 - F_{IS}} \quad (3.9)$$

F_{ST} : Alt populasyonlar arasındaki genetik farklılık

F_{IT} : Toplam populasyonlardaki farklılaşma

F_{IS} : Soy içi üreme katsayısı

Eğer F_{ST} genetik çeşitlilik parametresi ;

(0-0.05) aralığında bir değerde ise ortak atadan gelen populasyonlarda düşük bir genetik farklılık olması,

(0.05-0.15) aralığında bir değerde ise ortak atadan gelen populasyonlarda orta seviyede bir farklılık olması,

(0.15- 0.25) aralığında bir değerde ise ortak atadan gelen populasyonlarda büyük bir genetik farklılık olması ve

(0.25'ten) büyük bir değer alıyor ise ortak atadan gelen populasyonlarda nispeten büyük bir genetik farklılaşma olması ile ifade edilebilir (Hartl ve Clark 2007; Karşı 2015).

Hesaplanan F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerlerinin istatistiksel olarak önem derecelerini ortaya çıkarmak için 1000 kez tekrarlanacak şekilde permütasyon testleri yapılmaktadır. Yapılan her permütasyon sonrasında F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerleri hesaplanır. Populasyonlar birbirinden farklı olmayıp benzer ya da aynı olduğu durumlarda F_{ST} parametresi, ortak atadan gelen populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu durumlarda ise F_{IS} ve F_{IT} parametrelerinden söz edilebilir. Wright (1965) tarafından ortaya atılan F istatistikleri ortak atadan gelen alt populasyonlardaki yani birey sayılarının fazla olduğu örnek büyüklükleri içerisindeki değişiklikleri göz önünde bulundurmaz. Bunun sonucu olarak F istatistiklerinin hesaplanmasında ve bulunan değerlerin yorumlanmasında bir takım anlaşmazlıklar beraberinde gelmiştir. Weir ve Cockerham (1984) F istatistiklerinde bazı değişiklikler yaparak F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST} değerlerinin yerine sırası ile f , F ve θ parametrelerini tercih etmişlerdir. Weir ve Cockerham (1984) buldukları f , F ve θ parametreleri için örnek büyüklüğü, heterozigot frekansları ve populasyonların büyüklüğü göz ardı edilerek hesaplamalar yapmışlardır. Bunun yanında bu parametreler küçük veri setlerinde de

güvenilir sonuçlar verdiği için popülasyon büyüklüğünün düşük olduğu durumlarda da kullanıma uygundur (Nei 1987; Özkan 2005; Aksakal 2009).

Ortak atadan gelen popülasyonların içerisindeki farklılaşmayı anlatmak için ikişerli F_{ST} parametresi kullanılmaktadır. Bu tez çalışmasında bulunan akraba popülasyonların ikili olarak kıyaslanmasındaki genetik farklılıklar ikişerli F_{ST} değerlerini oluşturur. Ortak atadan gelen popülasyonlarda özgün allellere göre orta düzeyde frekansı bulunan allellerden ikişerli F_{ST} parametresi daha fazla etkilendiği görülmektedir. Bu tez çalışmasında popülasyonlar arasındaki genetik farklılıkların ikişerli (F_{ST}) olarak kıyaslanmasında ilk olarak CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından ikişerli (F_{ST}) parametrelerinin bulunabilmesi için Arlequin (Excoffier vd. 2006) paket programından yararlanılmıştır (Karşlı, 2015).

3.2.8.3. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar

Popülasyonlardaki gen akışı (N_m)

Farklı popülasyonlar arasındaki değişikliklerin bulunmasında söz konusu popülasyonlar arasında oluşabilen göçlerin etkileri hesaplamalar yapılırken dikkate alınmalıdır. Gen akışı ortak atadan gelen farklı popülasyonlar arasındaki her jenerasyonda, göç eden bireylerin sayısal olarak ifadesi olarak tanımlanabilmektedir. Hartl ve Clark (2007)'ye göre popülasyonlarda yaşanan göçlerin popülasyonlar arasında birbirinden farklılaşmasını engelleyen faktörlerden biri olduğu değerlendirilmektedir. Gen akışı (N_m) parametreleri iki farklı yöntemle bulunabilmektedir.

Bunlardan ilk olarak N_m hesaplama yönteminde özgün allellerin frekanslarından faydalanılmaktadır (Karşlı, 2015). Sadece tek bir popülasyonda bulunan allel temsil ettiği popülasyona özgün allel olarak tanımlanmaktadır. Doğal popülasyonlarda genetik göçün tahmin edilmesinde kullanılan bir yöntem farklı popülasyonlardan hesaplanan özgün allellerin ortalama gen frekanslarının doğrusal bir fonksiyonu olarak N_m değerinin logaritmik azalmalarına dayandırılan yöntemdir. N_m değeri ikiden küçük olduğunda bile hala farklı popülasyonlar arasında genetik farklılık için dikkate değer fırsatların olduğu bildirilmektedir (Hartl ve Clark 2007). Özgün allellerin ortalama frekanslarından yararlanılarak hesaplanan N_m değerleri POPGENE (Yeh vd. 1997) paket programı kullanılarak tespit edilmiştir.

Diğer bir gen akışı (N_m) hesaplama yöntemi ise gen akışı değerinin alt popülasyonlardaki genetik farklılıklar (F_{ST})'ye bağlı bir şekilde tahmin edilerek bulunmasıdır. Popülasyonlar arasındaki bu bağılıklar ters orantı içerisinde değişim göstermektedir. Alt popülasyonlar arasındaki genetik çeşitlilikler azaldıkça göç eden birey sayılarının arttığı söylenebilir. Gen akışı değerinin 0 ve genetik çeşitliliğin 1 olduğu durumlarda popülasyonların göç almadığı ve genetik olarak tam bir koruma altında olduğu söylenebilir. Eşbaskın kalıtım özelliğindeki mikrosatellit belirteçler ile çalışılan popülasyonlar içerisindeki gen akışı parametrelerinin hesaplanmasında aşağıdaki denklikten faydalanılmıştır (Yeh vd. 1997).

$$N_m = \frac{0.25 \cdot (1 - F_{ST})}{F_{ST}} \quad (3.10)$$

Ancak gen akışı değerleri populasyonların ikili olarak karşılaştırıldığında ikişerli F_{ST} (pairwise F_{ST}) değerlerinden faydalanılarak oluşturulan matriksten bulunuyor ise bu durumda gen akışı, ikişerli N_m olarak ifade edilmektedir. Populasyonların ikili olarak kıyaslandığı bu durumda gen akışı değerlerinin iki katı $2N_m$ alınıp matriks oluşturularak değerlendirilmektedir. Ortak atadan gelen populasyonlar arasında oluşan gen akışı değerlerinin yorumlanmasında aşağıdaki ifadelerden faydalanılabilir.

Gen akışı (N_m) = 0.25 olduğunda populasyonlar içerisinde her 4 jenerasyonda 1 birey göç edebilmektedir.

Gen akışı (N_m) = 0.50 olduğunda populasyonlar içerisinde her 2 jenerasyonda 1 birey göç etmektedir.

Gen akışı (N_m) = 1.00 olduğunda populasyonlar içerisinde her jenerasyonda 1 birey göç etmektedir.

Gen akışı (N_m) = 2.00 olduğunda populasyonlar içerisinde her jenerasyonda 2 birey göç etmektedir.

Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Moleküler biyoloji alanındaki populasyon genetiği çalışmalarında genetik farklılaşma katsayısı G_{ST} , alt populasyonlar arasındaki genetik farklılık parametresi olan F_{ST} değerlerinin oranı olarak ifade edilebilir. Çalışılan populasyonlardaki G_{ST} değeri hesaplanırken aşağıdaki denklikten faydalanılmıştır (Nei 1987, Karslı 2015).

$$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T} \quad (3.11)$$

$$D_{ST} = H_T - H_S \quad (3.12)$$

H_T = Çalışılan populasyonlardaki seçilen toplam lokusların ortalama heterozigotluğu

H_S = Alt populasyonlardaki seçilen toplam lokusların ortalama heterozigotluğu

Genetik farklılaşma katsayılarının (G_{ST}) ve genetik farklılık (D_{ST}) parametreleri GENETİX v.4.05 (Belkhir vd 2004) bilgisayar paket programından faydalanılarak hesaplanılmıştır.

3.2.9. Moleküler varyans analizi (AMOVA)

Çalışılan populasyonlarda moleküler genetik yöntemler kullanılarak elde edilen verilerin daha duyarlı istatistik metotlarıyla analiz edilmesine yönelik yoğun çalışmalar yapılmaktadır. DNA seviyesinde RAPD, RFLP ve mikrosatelit belirteçler kullanılarak elde edilen verilerin istatistik analizlerinde son yıllarda Weir ile Cockerham (1984) tarafından ortaya atılan moleküler varyans analizi genetik çeşitlilik parametresi, Excoffier vd. (1992) tarafından geliştirilerek moleküler varyans analizleri yaygın bir biçimde günümüzde kullanılmaktadır. *AMOVA* yöntemi esas olarak bir populasyonda rastgele ele alınan iki bireyin rastgele ele alınan allelleri arasındaki genetik korelasyonunu dikkate almaktadır. Böylece bir populasyonda tespit edilen toplam genetik varyansın bileşenlerine ayrılarak her bir faktörün toplam varyasyondaki paylarının belirlenmesi *AMOVA* analizinin temelini oluşturmaktadır. *AMOVA*, rastgele çiftleşmenin uygulandığı populasyonlarda tahmin edilen toplam genetik varyasyonun ne kadarının ırklar arasındaki farklılıktan ne kadarının aynı ırk içindeki populasyonlar arasındaki farklılıktan ve ne kadarının ise populasyon içindeki bireylerin farklılığından ileri geldiğinin belirlenmesinde kullanılan bir yöntemdir. *AMOVA* analizlerinde Arlequin (Excoffier vd. 2006) paket programı kullanılmıştır.

Çalışılan populasyonlar içerisinde ve populasyonlar arasında genetik çeşitlilik için hesaplanan moleküler varyans analizi, 3 farklı bölüme ayrılarak incelenebilmektedir. Bunlar:

Çalışılan populasyonlardaki varyans bileşen (V_a)

Çalışılan populasyonlarda gruplar içerisindeki varyans bileşen (V_b)

Bir populasyon içindeki varyans bileşen (V_c) olarak incelenir.

Moleküler varyans analizi populasyonlar içerisinde ve populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik parametrelerinde değişiklikler olabileceğinden toplam varyans bileşenleri kovaryanslarına bölünmüş ve bu değerlerin hesaplanması için aşağıdaki denklemlerden faydalanılmıştır.

$$F_{ct} = V_a / V_a + V_b \quad (3.13)$$

$$F_{sc} = V_b / V_b + V_c \quad (3.14)$$

$$F_{st} = V_a + V_b / V_a + V_b + V_c \quad (3.15)$$

3.2.10. Populasyonlar arasında genetik mesafe tahmini ve filogenetik ağaç oluşturma

Moleküler çalışmalarda populasyonlar arasındaki gen farklılıkları iki populasyon arasındaki genetik mesafe olarak ifade edilmektedir. Populasyonlar arasındaki genetik mesafenin bulunabilmesi için farklı yollar tercih edilebilir. Genetik mesafenin hesaplanmasında allel frekanslarından faydalanılır. Nei'nin (1972) genetik benzerlik değerlerinden faydalanılarak bulunan, standart genetik uzaklık (D) yöntemi ile standart genetik uzaklık değerinden faydalanılarak bulunan yansız genetik mesafe (Nei 1978) değeri en fazla tercih edilen yöntemlerden birisidir (Karlı, 2015).

Populasyonlar içerisindeki genetik benzerlikler genetik mesafelerin bulunabilmesi için gerekli bilgileri vermektedir. Genetik benzerlik ve mesafe değerleri genel olarak geometrik uzaklıklarla doğrusal bir ilişki içerisinde. Genetik benzerlik (I) ve mesafe (D) sembolleriyle gösterilir. Genetik benzerlik parametresi 0 ile 1 aralığında değer alırken, genetik mesafe parametresi ise 0 ile ∞ aralığında değer alabilmektedir. Çalışılan mikrosatellit lokuslar açısından ortak bir atadan gelme ihtimalinin olmadığı durumlarda benzerlik değerinin 0 olması beklenmektedir. Populasyonlar arasında fark olmadığı durumlarda da genetik mesafe değerinin 0 olması beklenmektedir. Genetik mesafe ve benzerlik hesaplamaları için aşağıdaki denkliklerden faydalanılmaktadır.

$$D = -\ln I' \text{ yada } D = -\log_e I \quad (3.16)$$

$$I' = \frac{J'_{xy}}{(J'_x J'_y)^{\frac{1}{2}}} \quad (3.17)$$

$$J'_{xy} = \sum X_i Y_i \quad J'_x = \sum X_i^2 \quad J'_y = \sum Y_i^2 \quad (3.18)$$

D = Populasyonlar arası genetik mesafe değeri,

I = Populasyonlardaki genetik benzerlik değeri,

J'_{xy} = X ve Y populasyonlarında i allelin frekanslarının toplamı,

J'_x = X populasyonunda i. allelin frekansı ve

J'_y = Y populasyonunda i. allelin frekansı

Bunlardan farklı olarak bir başka yöntem de özellikle mikrosatellit verilerden faydalanılarak çalışılan populasyonlarda soylar arası genetik uzaklıkları belirlemek için en uygun ve en güvenilir sonucun alındığı kriterin D_A metodu olduğu dile getirilmektedir (Takezaki ve Nei 1996). D_A metodu aşağıdaki denklikten faydalanılarak bulunabilmektedir.

$$D_A = 1 - \frac{1}{r} \sum_j^r \sum_i^{m_j} \sqrt{x_{ij} y_{ij}} \quad (3.19)$$

x_{ij} : X örneğindeki j'inci lokusun i'nci allelinin frekansı

y_{ij} : Y örneğindeki j'inci lokusun i'nci allelinin frekansı

m_j : j'inci lokustaki allel sayısı

r : Populasyonlardaki çalışılan lokusların toplamı

Çalışılan populasyonların hepsinde genetik mesafe ve benzerliklerin bulunması ardından Nei'nin genetik mesafe değerlerinden faydalanılarak kümeleme analizleri ve

filogenetik ağaçlar oluşturulabilmektedir. Kümeleme analizlerinin yapılmasında farklı yöntemlerden faydalanılabilmektedir. Kümeleme analizlerinde UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) ya da NJ (Neighbor Joining, en yakın komşu) dendogram metotları en yaygın kullanılan metodlardandır. (Saitou ve Nei 1987). UPGMA dendogramı ortak atadan gelen popülasyonları kök baz alarak belirlerken, NJ ağaçlarında ise köksüz olarak tanımlanmaktadır. Bu tez çalışmasında filogenetik ağaç olarak UPGMA dendogramı tercih edilmiştir. UPGMA filogenetik ağaç oluşturulurken POPTREE2 (Takezaki vd. 2010) paket programından faydalanılmıştır.

3.2.11. Mantel testi

Moleküler çalışmalarda popülasyonlar arasında iki farklı uzaklık matriksi içerisindeki korelasyon testlerinin yapılması mantel testleri olarak tanımlanabilir (Mantel 1967; Rousset ve Raymond 1997). Popülasyonların coğrafik olarak ve genetik açıdan benzerlik ve farklılıklarının belirlendiği iki matriksin kıyaslandığı analiz yöntemi mantel testlerini oluşturmaktadır (Özkan 2005). Popülasyonlarda, coğrafik açıdan 2 veya daha fazla uzaklık matrikslerini karşılaştırabilmek için esnek bir yaklaşım sağlaması, doğal fayda ve sınırlamaların doğrusal regresyon kullanılması, benzerlik oluşturma yöntemlerinde esneklik sağlaması, önem testlerinin çok kez uygulanabilirliği ve coğrafik ve korelasyon analizlerinin özellikle etkin uzaklıkların kullanılması mantel test analiz yöntemlerinin faydaları içinde sıralanabilir (Mantel 1967).

3.2.12. Darboğaz analizi

Simülasyon popülasyonlarda allel frekansı nesiller boyunca biraz değişir. Bu kör şans nedeniyle meydana gelen evrimdir. Her bir simülasyonda gen havuzundan gametler alınırken şansın her bir genotipe sahip farklı bir zigot vermesidir. Şansın kendisi önceden tahmin edilemez şekilde bir popülasyonun evrimleşmesine neden olabileceği gerçeği popülasyon genetiğinin önemli bir sonucudur. Bu evrim mekanizması genetik sürüklenme (genetic drift) olarak adlandırılır (Freeman ve Herron 2009).

Popülasyon genetiği çalışmalarında, genetik sürüklenmenin küçük popülasyonlarda nasıl hızlı bir genetik farklılaşmaya neden olabileceği incelenmiştir (Templeton, 1996). İzole olmuş küçük popülasyonlar, atasal popülasyondan ayrılırken rastgele olmayan bir örneklem oluşturmaktadır. Genetik sürüklenme sayesinde, yeni oluşan küçük popülasyonda alleller rastgele kaybolur veya yeni alleller sabitlenir. Sonuçta izole popülasyon genetik olarak kaynak popülasyondan hızlı bir şekilde farklılaşır.

Bir popülasyondaki birey sayısı kısa bir süre için azaldığı zaman sadece çok nadir olan allellerin sürüklenme yüzünden kaybolma eğiliminde olduğunu göstermiştir; bu durum darboğaz (bottlenecking) olarak bilinmektedir (Lande 1980, 1981).

Bu tez çalışmasındaki bireylerde genetik darboğaz durumunun kontrolünü sağlamak Bottleneck programındaki sonsuz allel modeli (IAM), iki fazlı mutasyon modeli (TPM) ve aşamalı mutasyon modeli (SMM) ile yapılmıştır.

Darboğaz analizleri, Sign standart farklılıklar ve Wilcoxon model-aralık testlerinde farklı mutasyon modelleri altında sonsuz allel modeli (IAM), iki fazlı

mutasyon modeli (TPM) ve aşamalı mutasyon modeli (SMM) ile test edilmiştir. Bu analizin yapılmasında Bottleneck software version 1.2.02 programı kullanılmıştır (1000 tekrarlı) (Piry vd. 1999).

3.2.13. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

Populasyonlardaki bireylerin birbirleriyle ilişkilerinin, bulunan allel bilgileri ile 3 boyutlu düzlemde ifade edilmesi faktöriyel uygunluk analizi ile yapılmaktadır. Başka bir ifadeyle bireyler içerisindeki akrabalığı araştırmak için yapılan bir analiz olup 3 boyutta bireylerin birbirlerine yakınlık ya da uzaklıklarının bulunmasını sağlayan bir analiz yöntemidir. Genellikle 3 eksenle çizilen grafik, populasyonlar içerisindeki farkı ve benzerlikleri görsel olarak koordinat sisteminde göstermektedir (Belkhir vd 2004; Özkan 2005; Aksakal 2009, Karlı 2015).

Faktöriyel uygunluk analizlerinin yapılabilmesi için ilk olarak CONVERT (Glaubitz 2004) paket programına veri dosyası yüklenerek istenilen formata çevirilmiştir. Ardından FCA parametrelerinin bulunabilmesi için GENETIX v.4.05 (Belkhir vd. 2004) bilgisayar paket programından faydalanılmıştır.

3.2.14. Populasyonların genetik yapı analizi

Populasyonların genetik yapılarının bulunabilmesi, populasyondaki bireylerin hangi ırka ait olduklarının bilinmesi genetik yapı analizi ile mümkün olabilmektedir. Ayrıca genetik olarak birbirine geçmiş ve karışmış olan melez ve göçmen bireylerin birbirinden ayrılabilmesi de genetik yapı analizlerinin yapılmasıyla bulunabilmektedir (Pritchard vd. 2000; Özkan 2005).

Son yıllarda, belirtilen uzaklık-temelli yöntemlerinin eksikliklerinin giderilmesine yönelik yeni yöntemler geliştirilmiştir. Geliştirilen bu model-temelli yeni yöntemde haklarında çok az bilgiye sahip olunan populasyonların tanımlanması ve herhangi bir populasyonu temsil eden bireylerin uygun populasyonlara göre sınıflandırılması ya da tayin edilmesi üzerinde durulmuştur. Kökeni bilinmeyen tek bir populasyondan örneklenen bireylere ait genetik verilerden oluşan veri setinin var olduğu bir durumda, genetik yapı bakımından benzer olan bireylerin aynı kümede gruplandırılması beklenir ve böylece birbirinden farklı olan kümeler tanımlanmış olur. Bireyler üzerinden yapılacak bu sınıflandırmalar sonucunda kümeler arasında coğrafi ve filogenetik ilişkilerin nasıl olduğu görülebilir (Pritchard vd. 2000).

Populasyonun genetik yapısının belirlenmesi amacıyla elde edilen genetik bilginin mevcut populasyonun genetik yapısını belirlemede nasıl kullanılabileceğinden hareketle Pritchard vd. (2000) model-temelli bir yöntem olan genetik yapı analizi yöntemini geliştirmişlerdir. Bu yöntemde, K sayısı kadar bir populasyonda (ayrıca populasyon sayısı bilinmeyebilir) her bir lokus bakımından tahmin edilen allel frekanslarının setleri kullanılarak populasyonun genetik yapısı tanımlanmakta ve oldukça fazla sayıda lokus açısından bulunan genotiplerden faydalanılarak birbirleriyle alakalı olan bireylerin ait oldukları populasyonlara doğru bir şekilde gruplandırılması yapılmaktadır. Herhangi bir populasyonu temsil ettiği varsayılan bir örneği oluşturan

mevcut bireyler (karışmış olsalar bile) genetik yapıları temelinde aynı ya da farklı kümelerle doğru bir şekilde sınıflandırılmaktadır. Genetik yapı analizi yönteminde bireylerin ait oldukları popülasyonlara doğru bir şekilde sınıflandırılması birçok faktöre bağlıdır. Bu faktörler;

- a) Popülasyonların tamamında hesaplanan gen frekansının (P) tahminindeki doğruluğu etkileyen birey sayısı
- b) Karışmış bireyler oranının (Q) tahminindeki doğruluğu etkileyen lokus sayısı
- c) Karışmış bireylerin miktarı
- d) Popülasyonlar arasındaki allel frekansı farklılığının boyutu

şeklinde ifade edilebilir (Pritchard vd. 2000).

Bu yöntemde bireylerin tanımlanmasında yararlanılan genetik belirteçlerin (mikrosatellit, RFLP ve SNPs) bağlantı dengesizliği durumunda, farklı kromozomlar üzerinde olması ve buna bağlı olarak da farklı popülasyonlarda tahmin edilen allel frekansların birbirleriyle korelasyon halinde bulunmaması ve popülasyonların Hardy-Weinberg genetik dengesinde olması varsayımları kabul edilmektedir (Pritchard vd. 2000; Rosenberg vd. 2001).

Model-temelli bir yöntem olan genetik yapı analizi yönteminin uygulanmasında, uzaklık-temelli yöntemlerin ön şart olarak kabul ettiği;

- a) Örneklemenin yapıldığı bölgelere,
- b) Bireylerin varsayılan genetik kökenlerine,
- c) Zorunlu fenotipik bilgilere ve
- d) Genetik kümelerin sayısı gibi bilgilere ihtiyaç duyulmamaktadır.

Genetik yapı analizi için *Structure* 2.2 bilgisayar paket programından yararlanılmıştır (Pritchard vd. 2000).

4. BULGULAR

4.1. Lokuslar Bazında Elde Edilen Allel Frekansları

Lokuslar bazında elde edilen allel frekans çizelgeleri EK1-10 arasında verilmiştir. Aast4-7 lokusunda 7 farklı allel (136, 140, 144, 152, 156, 160 ve 164) tespit edilmiştir. En az allel 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (1 allel) en çok allel ise 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (7 allel) tespit edilmiştir. Populasyonlarda tespit edilen en yaygın allel 140 bç'ne sahip olan allelin olduğu, en az allelin ise 156 bç'ne sahip allel olduğu tespit edilmiştir. Frekansı en fazla olan allelin ise 140 bç'ne sahip olan allel olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (N_e) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (4.762) en az 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (1.000) bulunmuştur. Aast4-7 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak, en yüksek gen frekansı ise 7. populasyon olan Hirfanlı Baraj gölü ve 9. populasyon olan Bafra Balık Gölleri'nde 0.975 olarak 140 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.05 ile 0.85 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.05 ile 0.81 aralığında değişmiştir ve en yüksek 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde gözlenmiştir.

Aast4-12 lokusunda 4 farklı allel (160, 164, 169 ve 176) tespit edilmiştir. En az allel 1., 2., 5., 6., 9. ve 10. populasyonlarda, sırasıyla Hanoğlu Göleti, İznik Gölü, Işıklı Gölü, Eğirdir Gölü, Bafra Balık Gölleri ve Keban Baraj Gölü'nde (1 allel), en çok allel ise 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (3 allel) tespit edilmiştir. Populasyonlarda en fazla bulunan allelin 164 bç'ne sahip olan allel olduğu, en az allelin ise 169 bç'ne sahip olan allel olduğu ve frekansı en yaygın olan allelin ise 164 bç'ne sahip olan allelde bulunduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (N_e) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (1.227) en az 8. populasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde (1.051) bulunmuştur. Aast4-12 lokusunda en düşük gen frekansı 8. populasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde 0.025 olarak, en yüksek gen frekansı ise 1.000 olarak 164 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.05 ile 0.20 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.05 ile 0.19 aralığında değişmiştir ve en yüksek heterozigotluk değeri 11. istasyon olan Çıldır Gölü'nde gözlenmiştir.

Aast4-40 lokusunda 44 farklı allel (140 ile 486 bç aralığında) tespit edilmiştir. En az allel 2. ve 10. populasyonda İznik Gölü ve Keban Baraj Gölü'nde (4 allel), en çok allel ise 11. Populasyon olan Çıldır Gölü'nde (20 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en çok bulunan allel 360 bç'ne sahip olan allel olduğu ve frekansı en fazla olan allelin ise 224 bç'ne sahip olan allelde bulunduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (N_e) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (15.385) en az ise 2. populasyon olan İznik Gölü'nde (1.608) bulunmuştur. Aast4-40 lokusunda en düşük gen frekansı 8. populasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde 0.020 olarak 388 bç'ne sahip allelde, en yüksek gen frekansı ise 2. populasyon olan İznik Gölü'nde 0.778 olarak 224 bç'lik allelde elde edilmiştir. Bu lokusa göre hesaplanan gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.20 ile 0.93 aralığında değişirken,

beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.389 ile 0.959 aralığında değişmiştir ve en yüksek 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde gözlenmiştir.

Aast4-43 lokusunda 19 farklı allel (249 ile 369 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 2. populasyon olan İznik Gölü (2 allel), en çok allel ise 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (10 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en yaygın bulunan allel 292 ve 296 bç'ne sahip olan allel olduğu ve frekansı en çok olan allelin ise 296 bç'ne sahip olan allelde olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (N_e) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (5.405) en az 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (1.536) bulunmuştur. Aast4-43 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak, en yüksek gen frekansı 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde 0.775 olarak 296 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.350 ile 1.000 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.358 ile 0.836 aralığında değişmiştir ve en yüksek 4., 5. ve 7. populasyon olan sırasıyla Göl Marmara, Işıklı ve Hirfanlı baraj gölünde gözlenmiştir.

Aast4-16 lokusunda 10 farklı allel (152 ile 168 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde ve 9. populasyon Bafra Balık Gölleri'nde (1 allel) ve en çok allel ise 4., 8. ve 11. populasyonlarda sırasıyla Göl Marmara, Seyhan Baraj Gölü ve Çıldır Gölü'nde (6 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en yaygın bulunan allel 156 bç'ne sahip olan allel olduğu ve frekansı en fazla olan allelin ise 156 bç'ne sahip olan allel olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (N_e) en fazla 8. populasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde (3.053) en az 9. populasyon olan Bafra Balık Gölleri ve 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (1.000) bulunmuştur. Aast4-16 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak, en yüksek gen frekansı 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde 1.000 olarak 156 bç'lik allelde ve 9. populasyon olan Bafra balıkgöllerinde 1.000 olarak 164 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.150 ile 0.850 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.142 ile 0.690 aralığında değişmiştir ve en yüksek 1. populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde gözlenmiştir.

Aast4-34 lokusunda 10 farklı allel (216 ile 296 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 3. populasyon olan Manyas Gölü'nde (1 allel) ve en çok allel 1. populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde (5 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en yaygın bulunan allel 224 bç'ne sahip olan allelin olduğu ve frekansı en fazla olan allelin ise yine 224 bç'ne sahip olan allelde olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (N_e) en fazla 7. populasyon olan Hirfanlı baraj gölünde (1.728) en az 3. populasyon olan Manyas Gölü'nde (1.000) bulunmuştur. Aast4-34 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak, en yüksek gen frekansı 3. populasyon olan Manyas Gölü'nde 1.000 olarak 224 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.050 ile 0.150 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.050 ile 0.432 aralığında değişmiştir ve en yüksek 7. populasyon olan Hirfanlı baraj gölünde gözlenmiştir.

Aast4-3 lokusunda 25 farklı allel (116 ile 356 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 9. populasyon olan Bafra Balık Gölleri'nde (2 allel) ve en çok allel ise 2,4 ve 11.

populasyon olan sırasıyla İznik Gölü, Göl Marmara ve Çıldır Gölü'nde (10 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en yaygın bulunan allel 144 bç'ne sahip olan allelin olduğu ve frekansı en fazla olan allelin ise 176 bç'ne sahip olan allelde olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (Ne) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (5.194) en az 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (2.423) bulunmuştur. Aast4-3 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak , en yüksek gen frekansı 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde 0.579 olarak 176 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (Ho) 0.100 ile 0.600 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (He) 0.603 ile 0.829 aralığında değişmiştir ve en yüksek 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde gözlenmiştir.

Aast4-33 lokusunda 22 farklı allel (182 ile 328 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 4. populasyon Göl Marmara ve 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (3 allel) ve en çok allel ise 1. populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde (10 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en yaygın bulunan allel 268 bç'ne sahip olan allelin olduğu ve frekansı en fazla olan allelin yine 268 bç'ne sahip olan allelin olduğu bulunmuştur. Etkili allel sayısı (Ne) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (7.477) ve en az 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (1.165) bulunmuştur. Aast4-33 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak , en yüksek gen frekansı 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde 0.925 olarak 268 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (Ho) 0.050 ile 0.950 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (He) 0.145 ile 0.889 aralığında değişmiştir ve en yüksek 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde gözlenmiştir.

Aast4-24 lokusunda 23 farklı allel (182 ile 328 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 2. populasyon olan İznik Gölü'nde ve 10. populasyon Keban Baraj Gölü'nde (3 allel) ve en çok allel ise 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (10 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en çok bulunan allel 276 bç'ne sahip olan allel olduğu ve frekansı en fazla olan allelin ise 276 bç'ne sahip olan allelde olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (Ne) en fazla 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde (3.053) en az 1. populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde (5.470) bulunmuştur. Aast4-24 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak , en yüksek gen frekansı 1. populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde 0.895 olarak 276 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (Ho) 0.100 ile 0.737 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (He) 0.201 ile 0.839 aralığında değişmiştir ve en yüksek 11. populasyon olan Çıldır Gölü'nde gözlenmiştir.

Aast4-30 lokusunda 8 farklı allel (116 ile 144 arasında) tespit edilmiştir. En az allel 3., 6., 7. ve 10. Populasyonlarda sırasıyla Manyas Gölü, Eğirdir Gölü , Hirfanlı baraj gölü ve Keban Baraj Gölü'nde (2 allel) ve en çok allel ise 8. populasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde (6 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en çok bulunan allel 124 bç'ne sahip olan allel olduğu ve frekansı en fazla olan allelin ise 156 bç'ne sahip olan allelde olduğu tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (Ne) en fazla 5. populasyon olan Işıklı Gölü'nde (2.477) en az 10. populasyon olan Keban Baraj Gölü'nde (1.111) bulunmuştur. Aast4-30 lokusunda en düşük gen frekansı 0.025 olarak, en yüksek gen frekansı 10. populasyon

olan Keban Baraj Gölü'nde 0.947 olarak 124 bç'lik allelde elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.150 ile 0.850 aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değeri (H_e) 0.142 ile 0.690 aralığında değişmiştir ve en yüksek 1. populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde gözlenmiştir.



4.2. Populasyon İçi Genetik Çeşitlilik Parametreleri

4.2.1. 1 Numaralı populasyonda (Hanoğlu Göleti) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Bu tez çalışmasında 10 mikrosatellit lokusun hepsi polimorfik olarak tespit edilmiştir. 1 Numaralı populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde çalışılan tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.1'de verilmiştir. 1 numaralı populasyonda toplam 50 allel bulunmuştur. En yüksek bulunan allel sayısı Aast4-33 lokusunda (10 allel) olarak, en düşük bulunan allel ise Aast4-12 lokusunda (1 allel) olarak ispatlanmıştır. 1 Numaralı populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde gözlenen en yüksek heterozigotluk Aast4-40 lokusunda (0.933) bulunmuş ve en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) ise Aast4-30 lokusunda (0.105) tespit edilmiştir. 1 Numaralı populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde beklenen heterozigotluğun en yüksek olduğu lokus Aast4-3 (0.789) olarak, beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus ise Aast4-7 (0.097) olarak tespit edilmiştir. 1 Numaralı populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde beklenen heterozigotluk ve gözlenen heterozigotluk ortalamaları sırasıyla 0.465 ve 0.420 olarak bulunmuştur. 1 Numaralı populasyon olan Hanoğlu Göleti'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.736 arasında değişmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. 1 Numaralı populasyonda (Hanoğlu Göleti) genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-140	2	1.105	0.000	0.097	0.090
Aast4-12	40	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-40	30	360-384	9	4.091	0.933	0.782	0.722
Aast4-43	40	276-296	5	4.233	0.900	0.783	0.727
Aast4-16	40	156-180	4	2.857	0.850	0.667	0.584
Aast4-34	40	224-292	5	1.530	0.150	0.355	0.329
Aast4-3	40	132-172	7	4.324	0.400	0.789	0.734
Aast4-33	40	224-356	10	4.167	0.650	0.780	0.736
Aast4-24	38	268-296	4	1.242	0.211	0.201	0.189
Aast4-30	38	124-136	3	1.241	0.105	0.199	0.185
Ortalama	39		5	2.579	0.420	0.465	
±St. Hata			2.906	1.491	0.380	0.325	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 9 olup polimorfik lokus oranı % 90 olarak bulunmuştur. Bu tezde 1 numaralı populasyonda çalışılan 11 lokusun 5 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.2. 2 Numaralı populasyonda (İznik Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

2 numaralı populasyon olan İznik Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.2'de verilmiştir. 2 numaralı populasyon olan İznik Gölü'nde toplam 41 allel bulunmuştur. 2 numaralı populasyon olan İznik Gölü'nde en yüksek allel sayısı Aast4-3 lokusunda (10 allel) en düşük allel Aast4-12 lokusunda (1 allel) bulunmuştur. 2 Numaralı populasyon olan İznik Gölü'nde tüm lokuslarda gözlenen en yüksek heterozigotluk (Ho) Aast4-43 lokusunda (0.947) bulunmuş ve en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) ise Aast4-34 lokusunda (0.100) gözlemlenmiştir. İznik Gölü'nde beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-34 (0.099), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-33 (0.794) olarak tespit edilmiştir. 2 Numaralı populasyon olan İznik Gölü'nde gözlenen heterozigotluk ortalaması 0.386 ve beklenen heterozigotluk ortalaması ise 0.403 olarak bulunmuştur. 2 Numaralı populasyon olan İznik Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.741 arasında olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.2. 2 Numaralı populasyonda (İznik Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	38	136-140	2	1.111	0.000	0.102	0.095
Aast4-12	38	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-40	36	224-364	4	1.608	0.167	0.389	0.357
Aast4-43	38	284-296	4	2.996	0.947	0.684	0.599
Aast4-16	40	156-164	2	1.161	0.150	0.142	0.129
Aast4-34	40	224-276	3	1.107	0.100	0.099	0.094
Aast4-3	40	132-176	10	3.604	0.600	0.741	0.697
Aast4-33	40	264-364	8	4.420	0.850	0.794	0.741
Aast4-24	40	256-280	3	1.985	0.400	0.509	0.427
Aast4-30	40	116-132	4	2.241	0.650	0.568	0.466
Ortalama	39		4.100	2.123	0.386	0.403	
±St. Hata			2.807	1.191	0.354	0.298	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 9 olup polimorfik lokus oranı %90 olarak bulunmuştur. Bu tezde 2 numaralı populasyonda çalışılan 11 lokusun 4 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.3. 3 Numaralı popülasyonda (Manyas Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

3 numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.3'te verilmiştir. 3 numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde toplam 45 allel gözlemlenmiştir. 3 numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde en yüksek allel sayısı Aast4-40 lokusunda (11 allel) bulunmuş ve en düşük allel Aast4-34 lokusunda (1 allel) tespit edilmiştir. 3 Numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde çalışılan bireylerde en yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) Aast4-43 lokusunda (0.950) bulunmuş ve en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) ise Aast4-12 lokusunda (0.100) tespit edilmiştir. 3 Numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-7 (0.095) olarak bulunmuş ve en yüksek olduğu lokus ise Aast4-40 (0.834) olarak tespit edilmiştir. 3 Numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde gözlenen heterozigotluk ortalama değeri 0.454 olarak ve beklenen heterozigotluk ortalaması 0.469 olarak saptanmıştır. 3 Numaralı popülasyon olan Manyas Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.790 arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. 3 Numaralı popülasyonda (Manyas Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-140	2	1.105	0.000	0.095	0.090
Aast4-12	40	160-164	2	1.105	0.100	0.097	0.090
Aast4-40	38	140-364	11	5.309	0.790	0.834	0.790
Aast4-43	40	276-300	6	3.279	0.950	0.713	0.644
Aast4-16	40	156-180	4	2.556	0.600	0.624	0.529
Aast4-34	40	224	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-3	40	140-272	7	3.333	0.350	0.718	0.657
Aast4-33	40	224-352	5	3.292	0.800	0.714	0.640
Aast4-24	40	252-288	5	1.896	0.400	0.485	0.435
Aast4-30	40	116-124	2	1.663	0.550	0.409	0.319
Ortalama	40		4.500	2.454	0.454	0.469	
±St. Hata			3.028	1.375	0.343	0.305	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 9 olup polimorfik lokus oranı %90 olarak bulunmuştur. Bu tezde 3 numaralı popülasyonda çalışılan 11 lokusun 5 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.4. 4 Numaralı popülasyonda (Gölmarmara Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

4 numaralı popülasyon olan Gölmarmara Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, bulunan allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.4'de verilmiştir. 4 numaralı popülasyon olan Gölmarmara Gölü'nde toplam 47 allel tespit edilmiştir. En düşük allel Aast4-7, Aast4-12 ve Aast4-34 lokuslarında (2 allel), en yüksek allel sayısı Aast4-3 lokusunda (10 allel) olarak bulunmuştur. 4 Numaralı popülasyon olan Gölmarmara Gölü'nde en yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) Aast4-43 lokusunda (1.000) olarak, en düşük Aast4-7 lokusunda (0.050) olarak tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-12 (0.142), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-43 (0.799) olarak tespit edilmiştir. 4 Numaralı popülasyon olan Gölmarmara Gölü'nde gözlenen heterozigotluk ortalaması 0.411 ve beklenen heterozigotluk ortalaması ise 0.549 olarak gözlenmiştir. 4 Numaralı popülasyon olan Gölmarmara Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.129 ile 0.743 arasında değiştiği gözlemlenmiştir (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.4. 4 Numaralı popülasyonda (Gölmarmara Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-140	2	1.406	0.050	0.296	0.247
Aast4-12	40	160-164	2	1.161	0.150	0.142	0.129
Aast4-40	40	140-360	6	3.239	0.150	0.709	0.651
Aast4-43	40	276-296	7	4.520	1.000	0.799	0.743
Aast4-16	40	152-180	6	2.606	0.700	0.632	0.580
Aast4-34	40	220-224	2	1.220	0.000	0.185	0.164
Aast4-3	40	140-220	10	3.653	0.300	0.745	0.703
Aast4-33	40	268-352	3	2.589	0.550	0.630	0.539
Aast4-24	38	256-288	6	4.034	0.737	0.772	0.715
Aast4-30	38	116-124	3	2.307	0.474	0.582	0.486
Ortalama	40		4.700	2.673	0.411	0.549	
±St. Hata			2.710	1.188	0.335	0.248	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 10 olup polimorfik lokus oranı %100 olarak bulunmuştur. Bu tezde 4 numaralı popülasyonda çalışılan 11 lokusun 7 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.5. 5 Numaralı populasyonda (Işıklı Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

5 numaralı populasyon olan Işıklı Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.5'te verilmiştir. 5 numaralı populasyon olan Işıklı Gölü'nde toplam 41 allel bulunmuştur. 5 numaralı populasyon olan Işıklı Gölü'nde en yüksek allel sayısı Aast4-40 ve Aast4-3 lokusunda (6 allel) olarak bulunmuş ve en düşük allel ise Aast4-12 lokusunda (1 allel) olarak gözlemlenmiştir. Çalışılan lokuslarda ortalama allel sayısı 4.100 ve etkili allel sayısı ise 2.214 olarak hesaplanmıştır. 5 Numaralı populasyon olan Işıklı Gölü'nde en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) Aast4-7 ve Aast4-34 lokusunda (0.050) en yüksek ise Aast4-43 lokusunda (1.000) tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-16 (0.230), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-3 (0.728) olarak tespit edilmiştir. Işıklı Gölü'nde gözlenen heterozigotluk ortalaması 0.270 olarak, beklenen heterozigotluk ortalaması ise 0.489 olarak bulunmuştur. Işıklı Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.671 arasında olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.5).

Çizelge 4.5. 5 Numaralı populasyonda (Işıklı Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-152	3	1.947	0.050	0.499	0.390
Aast4-12	40	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-40	40	164-360	6	3.226	0.000	0.708	0.643
Aast4-43	40	276-296	5	2.516	1.000	0.618	0.527
Aast4-16	40	156-164	3	1.288	0.250	0.230	0.207
Aast4-34	40	220-224	2	1.406	0.050	0.296	0.247
Aast4-3	40	144-168	6	3.449	0.000	0.728	0.671
Aast4-33	40	268-352	5	2.564	0.400	0.626	0.545
Aast4-24	38	260-321	5	2.273	0.450	0.574	0.487
Aast4-30	38	120-144	5	2.477	0.500	0.612	0.546
Ortalama	39		4.100	2.214	0.270	0.489	
±St. Hata			1.729	0.809	0.325	0.237	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 9 olup polimorfik lokus oranı %90 olarak bulunmuştur. Bu tezde 5 numaralı populasyonda çalışılan 11 lokusun 7 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.6. 6 Numaralı populasyonda (Eğirdir Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Eğirdir Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.6'da verilmiştir. 6 numaralı populasyon olan Eğirdir Gölü'nde toplam 44 allel gözlemlenmiştir. En yüksek allel sayısı Aast4-3 ve Aast4-24 lokusunda (8 allel) olarak, en düşük allel ise Aast4-12 lokusunda (1 allel) olarak hesaplanmıştır. 6 numaralı populasyon olan Eğirdir Gölü'nde etkili allel sayısı ve ortalama allel sayısı lokus başına sırasıyla 2.492 ve 4.400 olarak hesaplanmıştır. En yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) Aast4-43 lokusunda (0.950) olarak, en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri ise Aast4-3 lokusunda (0.250) olarak bulunmuştur. Çalışılan bireylerin lokuslarında beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-34 (0.097), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-33 (0.771) olarak tespit edilmiştir. Eğirdir Gölü'nde beklenen heterozigotluk ve gözlenen heterozigotluk değerlerinin ortalamaları sırasıyla 0.472 ve 0.528 olarak saptanmıştır. Eğirdir Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.709 arasında olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. 6 Numaralı populasyonda (Eğirdir Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-140	2	1.220	0.000	0.185	0.164
Aast4-12	40	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-40	40	224-392	6	3.587	0.600	0.740	0.676
Aast4-43	40	256-296	6	3.810	0.950	0.756	0.691
Aast4-16	40	156-164	2	1.406	0.350	0.296	0.247
Aast4-34	40	220-224	2	1.105	0.000	0.097	0.090
Aast4-3	40	124-176	8	3.653	0.250	0.745	0.685
Aast4-33	40	268-368	7	4.020	0.350	0.771	0.709
Aast4-24	38	184-308	8	3.488	0.368	0.733	0.675
Aast4-30	38	124-132	2	1.634	0.316	0.398	0.313
Ortalama	40		4.400	2.492	0.528	0.472	
±St. Hata			2.836	1.304	0.310	0.310	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 9 olup polimorfik lokus oranı %90 olarak bulunmuştur. Bu tezde 6 numaralı populasyonda çalışılan 11 lokusun 7 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.7. 7 Numaralı popülasyonda (Hirfanlı Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

7 numaralı popülasyon olan Hirfanlı Baraj Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.7'de verilmiştir. Hirfanlı baraj gölünde toplam 44 allel elde edilmiştir. En yüksek allel sayısı Aast4-40 lokusunda (7 allel) olarak ve en düşük allel ise Aast4-7, Aast4-12 ve Aast4-30 lokuslarında (2 allel) olarak bulunmuştur. Çalışılan lokuslarda etkili allel sayısı 2.587 olarak bulunmuş ve lokus başına ortalama allel sayısı 4.400 olarak hesaplanmıştır. 7 Numaralı popülasyon olan Hirfanlı baraj gölünde en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) Aast4-7 ve Aast4-34 lokusunda (0.050) en yüksek ise Aast4-43 lokusunda (1.000) tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-7 (0.050), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-40 (0.788) olarak tespit edilmiştir. Hirfanlı baraj gölünde beklenen heterozigotluk ortalaması 0.514 olarak ve gözlenen heterozigotluk ortalaması ise 0.330 olarak bulunmuştur. Hirfanlı baraj gölünde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.048 ile 0.736 arasında olduğu elde edilmiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. 7 Numaralı popülasyonda (Hirfanlı Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	140-164	2	1.051	0.050	0.050	0.048
Aast4-12	40	164-169	2	1.105	0.000	0.097	0.090
Aast4-40	40	296-471	7	4.348	0.650	0.788	0.736
Aast4-43	40	256-296	6	3.636	1.000	0.747	0.674
Aast4-16	40	156-164	3	1.490	0.400	0.337	0.289
Aast4-34	40	220-296	5	1.728	0.050	0.432	0.403
Aast4-3	38	144-164	6	3.882	0.000	0.763	0.701
Aast4-33	40	260-352	5	3.524	0.400	0.735	0.664
Aast4-24	40	184-328	6	3.225	0.100	0.708	0.643
Aast4-30	40	124-132	2	1.883	0.650	0.481	0.359
Ortalama	40		4.400	2.587	0.330	0.514	
±St. Hata			1.955	1.254	0.348	0.280	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 10 olup polimorfik lokus oranı %100 olarak tespit edilmiştir. Bu tezde 7 numaralı popülasyonda çalışılan 11 lokusun 6 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.8. 8 Numaralı popülasyonda (Seyhan Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Seyhan Baraj Gölü'nde (8 numaralı popülasyon) tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) çizelge 4.8'de verilmiştir. Seyhan Baraj Gölü'nde toplam 68 allel gözlenmiştir. En yüksek allel sayısı Aast4-40 lokusunda (15 allel) olarak, en düşük allel Aast4-12 lokusunda (2 allel) olarak bulunmuştur. Çalışılan bireylerde lokus başına etkili allel sayısı ise 3.367 olarak ve ortalama allel sayısı ise 6.800 olarak hesaplanmıştır. 8 Numaralı popülasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde en yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) Aast4-43 lokusunda (0.700) ve en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri ise Aast4-12 lokusunda (0.050) tespit edilmiştir. Çalışılan lokuslarda beklenen heterozigotluk değeri en düşük olarak Aast4-12 lokusu (0.050), en yüksek de Aast4-40 lokusunda (0.882) tespit edilmiştir. 8 Numaralı popülasyon olan Seyhan Baraj Gölü'nde beklenen heterozigotluk ortalaması 0.618 olarak gözlenen heterozigotluk değeri ise 0.335 olarak bulunmuştur. Seyhan Baraj Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.048 ile 0.847 arasında olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. 8 Numaralı popülasyonda (Seyhan Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-160	4	2.228	0.150	0.365	0.504
Aast4-12	40	164-176	2	1.051	0.050	0.050	0.048
Aast4-40	40	140-486	15	7.143	0.650	0.882	0.847
Aast4-43	40	256-296	8	4.278	0.700	0.786	0.735
Aast4-16	40	156-268	6	3.053	0.400	0.690	0.618
Aast4-34	40	216-224	3	1.490	0.050	0.337	0.289
Aast4-3	40	136-352	8	4.598	0.100	0.803	0.753
Aast4-33	40	266-352	8	4.598	0.500	0.803	0.750
Aast4-24	40	182-324	8	2.817	0.250	0.662	0.612
Aast4-30	40	116-144	6	2.417	0.500	0.601	0.546
Ortalama	40		6.800	3.367	0.335	0.618	
±St. Hata			3.645	1.814	0.247	0.253	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 10 olup polimorfik lokus oranı %100 olarak tespit edilmiştir. Bu tezde 8 numaralı popülasyonda çalışılan 11 lokusun 9 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.9. 9 Numaralı populasyonda (Bafra Balık Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Bafra Balık Gölleri'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) çizelge 4.9'da verilmiştir. Bafra Balık Gölleri'nde toplam 43 allel elde edilmiştir. Çalışılan lokuslarda en düşük allel Aast4-12 ve Aast4-16 lokusunda (1 allel), en yüksek allel sayısı ise Aast4-33 lokusunda 9 allel olarak gözlemlenmiştir. Çalışılan bireylerdeki lokuslarda etkili allel sayısı ile ortalama allel sayısı sırasıyla 2.351 ve 4.300 olarak hesaplanmıştır. En düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri Aast4-7 ve Aast4-33 lokusunda (0.050), en yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri ise Aast4-43 lokusunda (0.650) bulunmuştur. Çalışılan lokuslarda beklenen heterozigotluğun en düşük Aast4-7 lokusunda 0.050 olarak, en yüksek ise Aast4-33 lokusunda 0.804 olarak tespit edilmiştir. Bafra Balık Gölleri'nde gözlenen heterozigotluk ortalama değeri 0.135 ve beklenen heterozigotluk ortalama değeri 0.433 olarak bulunmuştur. 9 Numaralı populasyon olan Bafra Balık Gölleri'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.763 arasında olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.9).

Çizelge 4.9. 9 Numaralı populasyonda (Bafra Balık Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	140-144	2	1.051	0.050	0.050	0.048
Aast4-12	40	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-40	30	360-388	8	3.540	0.250	0.736	0.675
Aast4-43	40	284-296	5	1.923	0.650	0.492	0.421
Aast4-16	40	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-34	40	224-276	2	1.724	0.000	0.431	0.332
Aast4-3	36	140-356	6	3.522	0.000	0.737	0.671
Aast4-33	40	180-368	9	4.624	0.050	0.804	0.763
Aast4-24	40	182-328	6	3.636	0.000	0.744	0.683
Aast4-30	40	116-132	3	1.490	0.350	0.337	0.289
Ortalama	40		4.300	2.351	0.135	0.433	
±St. Hata			2.908	1.344	0.219	0.325	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 8 olup polimorfik lokus oranı %80 olarak bulunmuştur. Bu tezde 9 numaralı populasyonda çalışılan 11 lokusun 5 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.10. 10 Numaralı popülasyonda (Keban Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Keban Baraj Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.10'da verilmiştir. Keban Baraj Gölü'nde toplam 24 allel elde edilmiştir. Çalışılan lokuslarda en düşük allel Aast4-7, Aast4-12 ve Aast4-16 lokuslarında (1 allel), en yüksek allel sayısı ise Aast4-3 lokusunda (5 allel) olarak gözlemlenmiştir. Keban Baraj Gölü'nde en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri Aast4-34 ve Aast4-33 lokusunda (0.050) ve en yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri ise Aast4-43 lokusunda (0.350) bulunmuştur. Çalışılan lokuslarda beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-34 (0.050), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-3 (0.603) olarak tespit edilmiştir. Keban Baraj Gölü'nde gözlenen heterozigotluk değeri ortalaması 0.107 ve beklenen heterozigotluk değeri ortalaması 0.230 olarak bulunmuştur. Keban Baraj Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.000 ile 0.534 arasında değiştiği gözlenmiştir (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.10. 10 Numaralı popülasyonda (Keban Baraj Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	140	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-12	40	164	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-40	40	216-224	4	2.005	0.200	0.514	0.461
Aast4-43	40	292-296	2	1.536	0.350	0.358	0.288
Aast4-16	40	156	1	1.000	0.000	0.000	0.000
Aast4-34	40	220-224	2	1.051	0.050	0.050	0.048
Aast4-3	38	156-307	5	2.423	0.000	0.603	0.534
Aast4-33	40	268-352	3	1.165	0.050	0.145	0.136
Aast4-24	38	260-276	3	2.045	0.316	0.525	0.438
Aast4-30	38	124-132	2	1.111	0.105	0.102	0.095
Ortalama	39		2.400	1.434	0.107	0.230	
±St. Hata			1.350	0.535	0.135	0.245	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 7 olup polimorfik lokus oranı %70 olarak bulunmuştur. Bu tezde 10 numaralı popülasyonda çalışılan 11 lokusun 5 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.2.11. 11 Numaralı popülasyonda (Çıldır Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Çıldır Gölü'nde tüm lokuslarda bulunan ortalama allel sayısı, allel genişlikleri (AG), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen allel sayısı (Na), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk değerleri (He), beklenen heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Çizelge 4.11'de verilmiştir. Çıldır Gölü'nde toplam 82 allel bulunmuştur. Çalışılan bireylerin lokuslarında en düşük allel Aast4-12 lokusunda (1 allel) ve en yüksek allel sayısı ise Aast4-3 lokusunda (10 allel) olarak gözlemlenmiştir. Çıldır Gölü'nde gözlenen en düşük heterozigotluk (Ho) değeri Aast4-34 lokusunda (0.150) ve en yüksek heterozigotluk (Ho) değeri ise Aast4-43 ve Aast4-33 lokusunda (0.950) tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus Aast4-12 (0.190), en yüksek olduğu lokus ise Aast4-40 (0.959) tespit edilmiştir. Çıldır Gölü'nde gözlenen heterozigotluk ortalama değeri 0.577 olarak ve beklenen heterozigotluk ortalama değeri 0.672 olarak bulunmuştur. 11 Numaralı Popülasyon olan Çıldır Gölü'nde polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.177 ile 0.931 arasında olup en yüksek değerin bu popülasyonda olduğu elde edilmiştir (Çizelge 4.11).

Çizelge 4.11. 11 Numaralı popülasyonda (Çıldır Gölü) hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC
Aast4-7	40	136-164	7	4.762	0.850	0.810	0.758
Aast4-12	40	160-176	3	1.227	0.200	0.190	0.177
Aast4-40	40	232-472	20	15.385	0.850	0.959	0.931
Aast4-43	40	249-365	10	5.405	0.950	0.836	0.791
Aast4-16	40	156-185	6	2.094	0.500	0.536	0.476
Aast4-34	40	216-220	2	1.280	0.150	0.224	0.195
Aast4-3	38	116-352	10	5.194	0.211	0.829	0.783
Aast4-33	40	252-324	9	7.477	0.950	0.889	0.852
Aast4-24	38	268-324	10	5.470	0.632	0.839	0.795
Aast4-30	38	124-144	5	2.439	0.474	0.606	0.509
Ortalama	39		8.200	5.073	0.577	0.672	
±St. Hata			5.073	4.183	0.317	0.276	

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

Polimorfik lokus sayısı 10 olup polimorfik lokus oranı %100 olarak tespit edilmiştir. Bu tezde 11 numaralı popülasyonda çalışılan 11 lokusun 5 tanesinde gözlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan düşüktür.

4.3. Çalışılan Populasyonların Geneline Genetik Çeşitlilik Parametreleri

Çalışılan 11 populasyon 220 bireyde 10 lokusa ait toplam 172 allel gözlemlenmiştir. Çalışılan lokuslarda ortalama allel sayısı 17.2 ve etkili allel sayısı 4.275 olarak bulunmuştur. Lokuslarda gözlenen allel sayıları minimum Aast4-12 lokusunda 4 olarak ve maksimum Aast4-40 lokusunda 44 adet olarak değişmiştir (Çizelge 4.12).

Tüm populasyonlardan elde edilen sonuçlara göre en düşük gözlenen heterozigotluk Aast4-12 lokusunda 0.046 ve en yüksek Aast4-43 lokusunda 0.854 olarak elde edilmiştir. Beklenen heterozigotluk Aast4-12 lokusunda 0.054 ve en yüksek Aast4-40 lokusunda 0.901 olarak bulunmuştur. Çalışılan lokus ve populasyonların tümünde gözlenen ve beklenen heterozigotluk ortalaması sırasıyla 0.340 ve 0.611 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.12). Fis değeri Aast4-43 ve Aast4-16 lokusunda negatif ve diğer tüm lokuslarda pozitif olarak bulunmuştur. Fis değeri -0.274 ile 0.755 aralığında değişmiştir.

Çizelge 4.12. Çalışılan tüm populasyonlarda hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	Fis	PIC
Aast4-7	438	136-164	7	1.473	0.110	0.322	0.553	31.34 %
Aast4-12	438	160-176	4	1.057	0.046	0.054	0.111	6.17 %
Aast4-40	424	140-486	44	9.845	0.467	0.901	0.331	89.88 %
Aast4-43	438	249-365	19	4.492	0.854	0.777	-0.274	75.03 %
Aast4-16	440	152-268	10	2.289	0.382	0.563	-0.037	49.46 %
Aast4-34	440	216-296	10	1.570	0.055	0.363	0.755	33.96 %
Aast4-3	430	116-356	25	9.210	0.205	0.891	0.723	88.75 %
Aast4-33	440	180-368	22	5.454	0.505	0.817	0.260	80.06 %
Aast4-24	430	182-328	23	4.502	0.349	0.778	0.413	77.30 %
Aast4-30	430	116-144	8	2.854	0.428	0.650	0.020	61.43 %
Ortalama	435		17.200	4.275	0.340	0.611	0.277	59.34 %
±St. Hata			2.044	3.133	0.249	0.283		

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve Soy içi üreme katsayısı (Fis)

4.3.1. Populasyonlarda belirlenen özgün allel sayıları

Populasyonlarda sadece o populasyonda gözlenen alleller o populasyona özgün alleller olarak isimlendirilmektedir. Çalışılan populasyonların içinde Hanoğlu Göleti'nde 6, İznik Gölü'nde 5, Manyas Gölü'nde 5, Gölarmara Gölü'nde 4, Işıklı Gölü'nde 1, Eğirdir Gölü'nde 1, Hirfanlı baraj gölünde 7, Seyhan Baraj Gölü'nde 7, Bafra Balık Gölleri'nde 4, Keban Baraj Gölü'nde 1 ve Çıldır Gölü'nde 27 olarak toplamda 70 özgün

allel bulunmuştur. Bu 70 özgün allelin 6 tanesinin frekansı %10 dan fazladır (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. Çalışılan kerevit populasyonlarında bulunan özgün alleller

Lokus	Frekans	Allel büyüklüğü (bp)										
		HNO	İZN	MNS	GLM	IŞK	EGR	HRF	SYH	BFR	KBN	ÇLD
Aast4-7	0.250											156
Aast4-12	0.050							169				
Aast4-40	0.056		228									
	0.050											232
	0.025											256
	0.025											260
	0.050											276
	0.053			300								
	0.050					340						
	0.025								345			
	0.400									372		
	0.033	370										
	0.033	374										
	0.025								393			
	0.025											400
	0.100											416
	0.125											420
	0.050											460
	0.075											464
	0.025							467				
	0.025											468
	0.025							471				
	0.050											472
	0.025								482			
	0.025								486			
Aast4-43	0.025											249
	0.025											253
	0.075											258
	0.025											274
	0.025				280							
	0.025				281							
	0.025							283				
	0.025								293			
	0.500			300								
	0.025											365
Aast4-16	0.025				152							
	0.225											169

Çizelge 4.13'ün devamı

Aast4-34	0.025											185
	0.050							268				
	0.025	260										
	0.025	262										
Aast4-3	0.075							296				
	0.026											116
	0.026											120
	0.025						127					
	0.025		169									
	0.050			180								
	0.050				192							
	0.025			272								
	0.053										307	
	0.053											340
	0.056									356		
	0.050									180		
Aast4-33	0.025	266										
	0.025		280									
	0.075											296
	0.050									304		
	0.025											324
	0.025								333			
	0.025	356										
	0.025		364									
Aast4-24	0.025			252								
	0.050							262				
	0.100							264				
	0.075		280									
	0.026											301
	0.079											308
	0.026											316
	Toplam		6	5	5	4	1	1	7	7	4	1

Çalışılan 11 farklı populasyonda bulunan ve yukarıda gösterilen özgün alleller sahip oldukları populasyonların karşılaştırılmasında genetik belirteç olarak seçilebilir. Gen frekansı özellikle %10'dan daha fazla olan özgün alleller populasyon için özel belirteçler olarak kullanılabilir. Frekansı 0.5'den büyük olan alleller populasyon ayrımı için oldukça kullanışlıdır. Yapılan çalışmada çizelge 4.13'de 0.1 ile 0.5 arasında olan alleller populasyon ayrımı için kullanılabilir. Bu bağlamda 9 numaralı populasyon olan Bafra Balık Gölleri için Aast4-40 lokusundaki 372 bç'lik allel, 11 numaralı populasyon olan Çıldır Gölü için Aast4-40 lokusundaki 416 ve 420 bç alleller ile Aast4-16 lokusundaki 169 bç allel, 3 numaralı populasyon olan Manyas Gölü için Aast4-43 lokusundaki 300 bç allel, 7 numaralı populasyon olan Aast4-24 lokusundaki 264 bç allel populasyon ayrımında güvenle kullanılabilir.

4.3.2. Null allel frekansları

Çalışmada 11 farklı popülasyondan elde edilen ortalama null allel frekansları Çizelge 4.14’de gösterilmiştir. Buna göre Aast4-7, Aast4-12, Aast4-40, Aast4-16, Aast4-34, Aast4-3, Aast4-33, Aast4-24 ve Aast4-30 lokuslarında null allel frekansları 0.20’nin üzerinde tespit edilirken Aast4-43 lokusunda 0.20’nin altında bulunmuştur. Tüm lokuslardan hesaplanan ortalama null allel frekansı ise 1.234 olmuştur.

Çizelge 4.14. Çalışılan 11 farklı popülasyondan elde edilen null allel frekansları

Lokus	n	Null allel frekansı
Aast4-7	438	1.545
Aast4-12	438	0.371
Aast4-40	424	1.976
Aast4-43	438	0.000
Aast4-16	440	0.230
Aast4-34	440	1.594
Aast4-3	430	3.562
Aast4-33	440	1.375
Aast4-24	430	1.877
Aast4-30	430	0.810
Ortalama	435	1.234

Birey sayısı (n)

4.3.3. Popülasyonlarda hesaplanan F istatistikleri (Fis, Fit, Fst) ve gen akışı (Nm) değeri

Popülasyonların genetik yapısının açıklanılmasında Wright (1965) tarafından geliştirilen F istatistikleri (Fis, Fit ve Fst) oldukça sık bir şekilde kullanılmaktadır. Yapılan tez çalışmasında 11 farklı popülasyondan elde edilen Fis değeri 8 lokusta pozitif olarak tespit edilmiştir. 11 farklı popülasyonda bütün lokuslar için ortalama Fis değeri 0.277 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.15. Çalışılan kerevit populasyonlarında F istatistikleri (Fis, Fit, Fst) ve Gen akışı (Nm) değeri

Lokus	n	Fis	Fit	Fst	Nm
Aast4-7	438	0.553	0.660	0.239	0.798
Aast4-12	438	0.111	0.150	0.044	5.452
Aast4-40	424	0.331	0.470	0.207	0.956
Aast4-43	438	-0.274	-0.099	0.137	1.574
Aast4-16	440	-0.037	0.322	0.346	0.472
Aast4-34	440	0.755	0.850	0.388	0.395
Aast4-3	430	0.723	0.775	0.186	1.098
Aast4-33	440	0.260	0.382	0.166	1.259
Aast4-24	430	0.413	0.548	0.231	0.832
Aast4-30	430	0.020	0.346	0.333	0.501
Ortalama	435	0.277	0.443	0.230	0.839

Birey sayısı (n), Soy içi üreme katsayısı (Fis), Bireylerin hepsi birarada düşünülmesiyle Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın ölçümü (Fit), Alt populasyonlar arası fark (Fst), Gen akışı (Nm)

Çalışılan 11 farklı populasyonların ortalama gen akışı (Nm) değeri 0.839 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmada ortalama Fit değeri 0.443 olarak bulunmuştur. En düşük Fst değeri ise 0.044 ile Aast4-12 lokusunda, en fazla genetik farklılaşma (Fst) 0.388 ile Aast4-34 lokusunda gözlemlenmiştir. Bu çalışmada ortalama genetik farklılaşma değeri 0.230 olarak bulunmuştur.

4.3.4. Populasyonlar arası Fst değerleri

Çizelge 4.16. Çalışılan 11 farklı populasyon arasında tahmin edilen ikişerli Fst değerleri

	HNO	İZN	MNS	GLM	IŞK	EGR	HRF	SYH	BFR	KBN	ÇLD
HNO	0.000										
İZN	0.246	0.000									
MNS	0.267	0.154	0.000								
GLM	0.214	0.098	0.056	0.000							
IŞK	0.186	0.193	0.199	0.138	0.000						
EGR	0.155	0.179	0.179	0.131	0.074	0.000					
HRF	0.127	0.177	0.183	0.145	0.082	-	0.000				
SYH	0.130	0.165	0.142	0.108	0.068	0.034	0.032	0.000			
BFR	0.231	0.378	0.271	0.293	0.329	0.283	0.257	0.213	0.000		
KBN	0.352	0.254	0.290	0.223	0.247	0.224	0.233	0.236	0.487	0.000	
ÇLD	0.291	0.378	0.332	0.292	0.315	0.325	0.299	0.215	0.285	0.484	0.000

Yapılan çalışmada en düşük ikişerli Fst değeri (-0.004) Eğirdir ile Hirfanlı baraj gölü populasyonları arasında, en yüksek ikişerli Fst değeri (0.487) Bafra Balık Gölleri ile Keban Baraj Gölü arasında tespit edilmiştir. Çalışmada tespit edilen çoğu ikişerli Fst

değerlerinin istatistiki olarak önem derecesi $p < 0.05$ den büyük olduğu bulunmuştur (Çizelge 4.16).

4.3.5. Genetik farklılaşma katsayısı (Gst)

Bu çalışmada 11 farklı popülasyonda gözlemlenen ortalama heterozigotluk (Hs) değeri 0.487 olarak toplam heterozigotluk (Ht) değeri ise 0.613 olarak bulunmuştur. Bulunan değerlerden faydalanılarak hesaplanan genetik farklılık (Dst) değeri 0.126 olarak, genetik farklılaşma katsayısı (Gst) değeri ise 0.205 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.17. Çalışılan 11 farklı kerevit popülasyonlarında heterozigotluk (Hs,Ht), genetik farklılıklar (Dst) ve genetik farklılaşma katsayısı (Gst)

Lokus	n	Hs	Ht	Dst	Gst
Aast4-7	438	0.254	0.321	0.067	0.209
Aast4-12	438	0.053	0.054	0.001	0.018
Aast4-40	424	0.738	0.900	0.162	0.180
Aast4-43	438	0.684	0.778	0.095	0.122
Aast4-16	440	0.378	0.564	0.186	0.331
Aast4-34	440	0.232	0.364	0.131	0.361
Aast4-3	430	0.760	0.895	0.135	0.151
Aast4-33	440	0.704	0.819	0.115	0.140
Aast4-24	430	0.621	0.780	0.159	0.204
Aast4-30	430	0.446	0.651	0.205	0.315
Ortalama	435	0.487	0.613	0.126	0.205

Birey sayısı (n), heterozigotluk (Hs), heterozigotluk (Ht), genetik farklılıklar (Dst) ve genetik farklılaşma katsayısı (Gst)

4.3.6. Popülasyonlardaki moleküler varyans analizi (AMOVA)

Bu çalışmada genetik çeşitliliğin popülasyonlar arasında veya popülasyon içindeki dağılımını tespit etmek için gerçekleştirilen AMOVA analizi sonucunda elde edilen varyans bileşenleri Çizelge 4.18’de gösterilmiştir. Buna göre 11 farklı popülasyondaki toplam genetik çeşitliliğin % 21.96’sı popülasyonlar arasındaki farklılıklardan, %22.83’ü popülasyonlar içindeki bireylerden ve % 55.21’inin de tüm bireyler arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bu farklılıkların ise istatistiksel olarak önemli olduğu ($p < 0.05$) ispatlanmıştır.

Çizelge 4.18. Moleküler varyans (AMOVA) analizi

Lokus	Serbestlik Derecesi SD	Kareler Toplamı KT	Varyans %
Populasyonlar Arasında	10	297.13	21.96*
Populasyonlar içi Bireyler Arası	209	639.65	22.83*
Bireyler arası	220	368.50	55.21*
Toplam	439	1305.28	100

*p<0.05

4.3.7. Populasyonlarda genetik uzaklık (Da) ve genetik benzerlik değerleri

Tez çalışmasında kullanılan kerevit populasyonlarındaki tespit edilen genetik mesafe ve populasyonlar arasındaki genetik benzerlik değerleri Çizelge 4.19’da verilmiştir.

Çizelge 4.19. Çalışılan 11 kerevit populasyonları arasındaki genetik mesafe (Da) ve genetik benzerlik

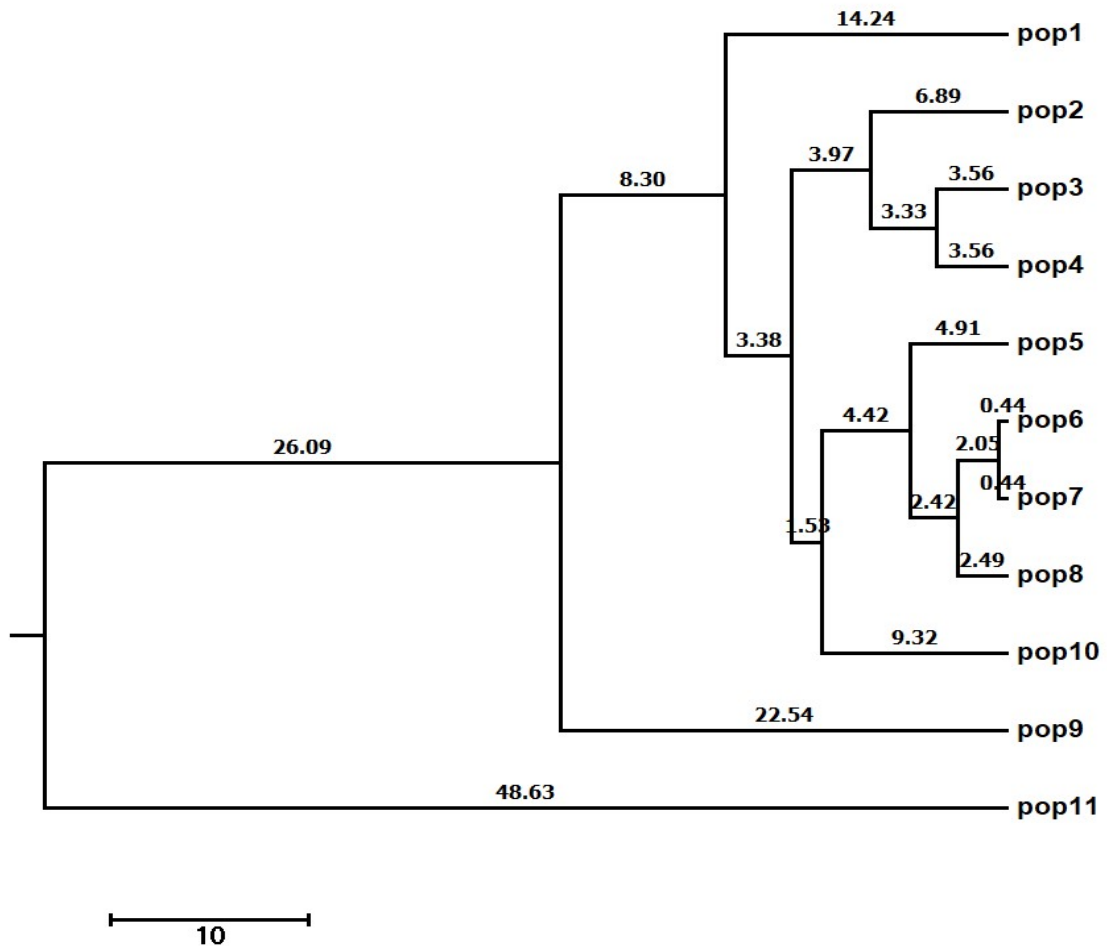
	HNO	İZN	MNS	GLM	IŞK	EGR	HRF	SYH	BFR	KBN	ÇLD
HNO	****	0.730	0.662	0.697	0.771	0.819	0.839	0.807	0.746	0.713	0.460
İZN	0.315	****	0.848	0.896	0.792	0.817	0.805	0.790	0.563	0.843	0.294
MNS	0.413	0.165	****	0.931	0.764	0.797	0.775	0.802	0.693	0.788	0.351
GLM	0.361	0.110	0.071	****	0.818	0.834	0.796	0.819	0.599	0.839	0.355
IŞK	0.261	0.233	0.270	0.201	****	0.916	0.899	0.905	0.577	0.824	0.372
EGR	0.199	0.203	0.227	0.181	0.088	****	0.991	0.955	0.667	0.856	0.367
HRF	0.176	0.217	0.255	0.228	0.106	0.009	****	0.948	0.685	0.834	0.386
SYH	0.215	0.236	0.221	0.200	0.100	0.046	0.054	****	0.702	0.807	0.494
BFR	0.293	0.574	0.367	0.512	0.550	0.405	0.378	0.354	****	0.536	0.527
KBN	0.338	0.171	0.238	0.175	0.193	0.156	0.182	0.215	0.624	****	0.259
ÇLD	0.776	1.225	1.046	1.036	0.990	1.003	0.951	0.705	0.641	1.352	****

Köşegenin altındaki değerler genetik mesafeyi ifade ederken, üstündeki değerler ise genetik benzerliği ifade eder

Tez çalışmasında kullanılan kerevit populasyonları arasında en yakın genetik mesafe Eğirdir Gölü ve Hirfanlı Baraj Gölü populasyonlarında (0.009), en uzak genetik mesafe ise Çıldır ve Keban Baraj Gölü populasyonları (1.352) arasında tespit edilmiştir. Yine çalışmada en yüksek genetik benzerlik Eğirdir ve Hirfanlı baraj gölü populasyonları arasında (0.991), en düşük ise Çıldır ve Keban Baraj Gölü populasyonları arasında (0.259) tespit edilmiştir.

4.3.8. Genetik uzaklık (Da) değeri kullanılarak yapılan kümeleme analizleri

Çalışılan populasyonlar arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenebilmesi için Nei (1978)'nin yansız genetik uzaklık (Da) değerinden faydalanılarak oluşturulan UPGMA (Unweighted Pair- Group Method) dendogram ağacı şekil 4.1 de gösterilmiştir. Oluşturulan UPGMA dendogramına göre 2 ana küme oluşurken, birinci kümede 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 ve 10 numaralı populasyonlar yer alırken ikinci kümede sadece 11 numaralı populasyon yer almıştır.

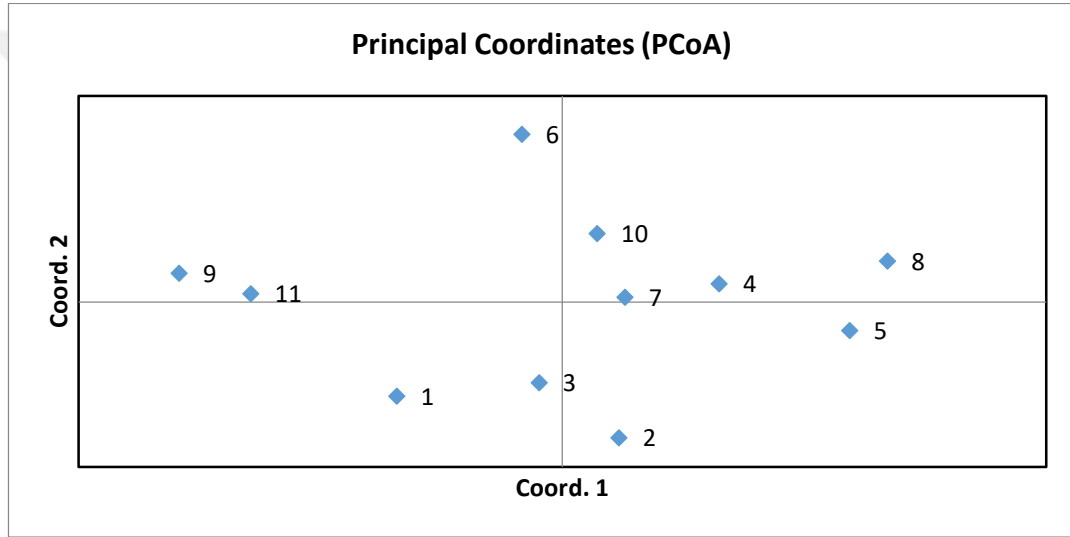


Şekil 4.1. Çalışılan kerevit populasyonlarında genetik mesafe (D) değerleri ile yapılan UPGMA dendrogramı

Genetik mesafe değerleri ve oluşturulan filogenetik ağaç 9 nolu (Bafra Balık Gölleri) ile 11 Nolu populasyonun (Çıldır Gölü) diğerlerinden farklı olduğunu göstermektedir.

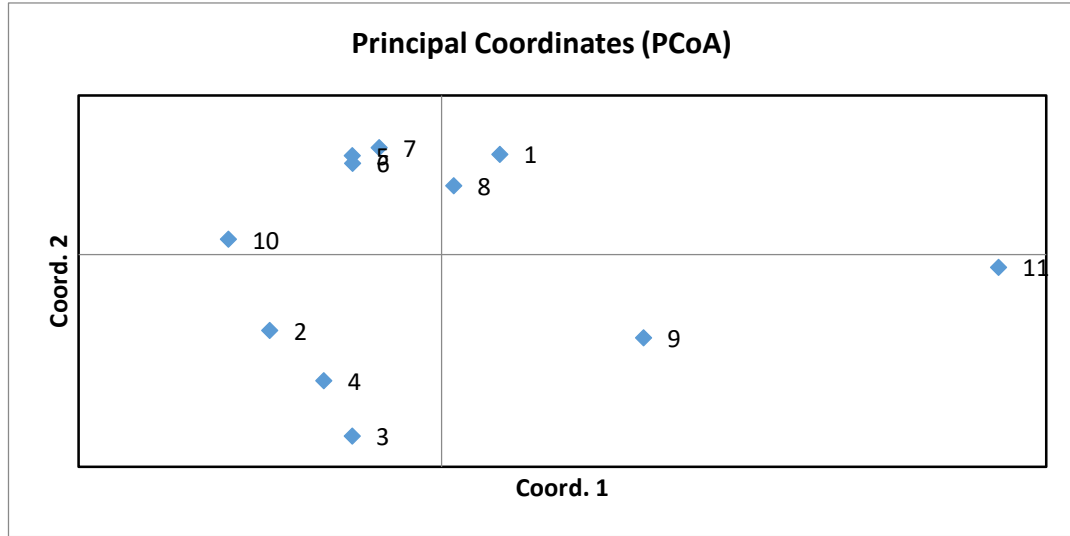
4.3.9. Mantel testi bulguları

Coğrafik uzaklığın pozitif veya negatif etkisi tespit edilmesi amacıyla tez çalışmasında elde edilen Nei D_A uzaklık matrisi ile Fst matrisinin tüm populasyonların aralarındaki mesafelerin matriksi oluşturulan denklem ile bulunan sonuçlarla, populasyonlarda kurulan genetik uzaklık ve coğrafik uzaklık ilişkileri araştırılmıştır. Sonuç olarak pozitif etkisi belirlenmiştir (Şekil 4.4). Coğrafik uzaklığın koordinat analizine göre 9 numaralı populasyon olan Bafra Balık Gölleri ve 11 numaralı populasyon olan Çıldır Gölü birbirine en yakın olduğu görülmektedir (Şekil 4.2).



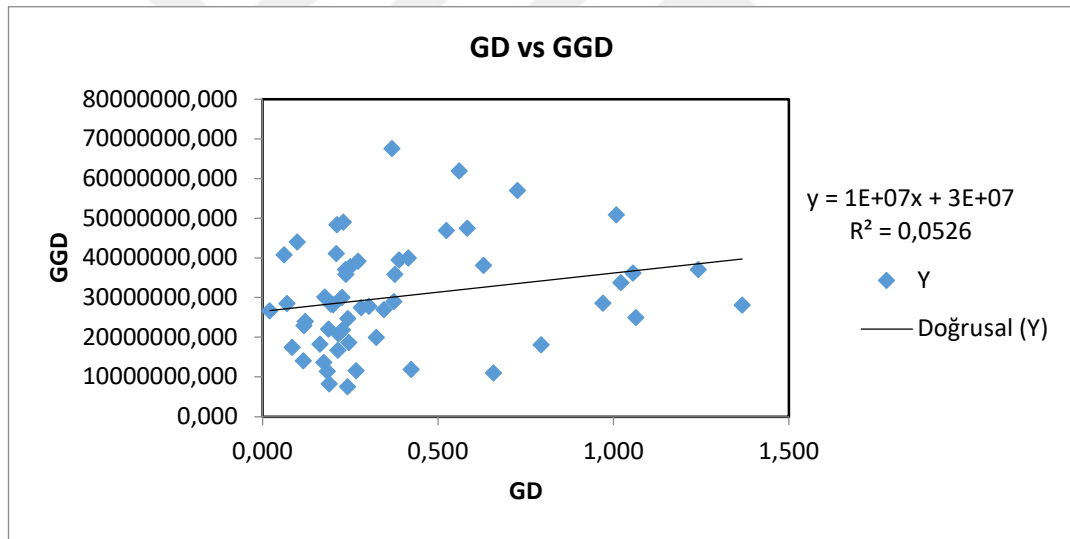
Şekil 4.2. Coğrafik uzaklığın koordinat analizi

Genetik uzaklığın koordinat analizine göre 11 numaralı populasyon olan Çıldır Gölü diğer populasyonlardan en uzak olarak gözlenmiştir (Şekil 4.3.).



Şekil 4.3. Genetik uzaklığın koordinat analizi

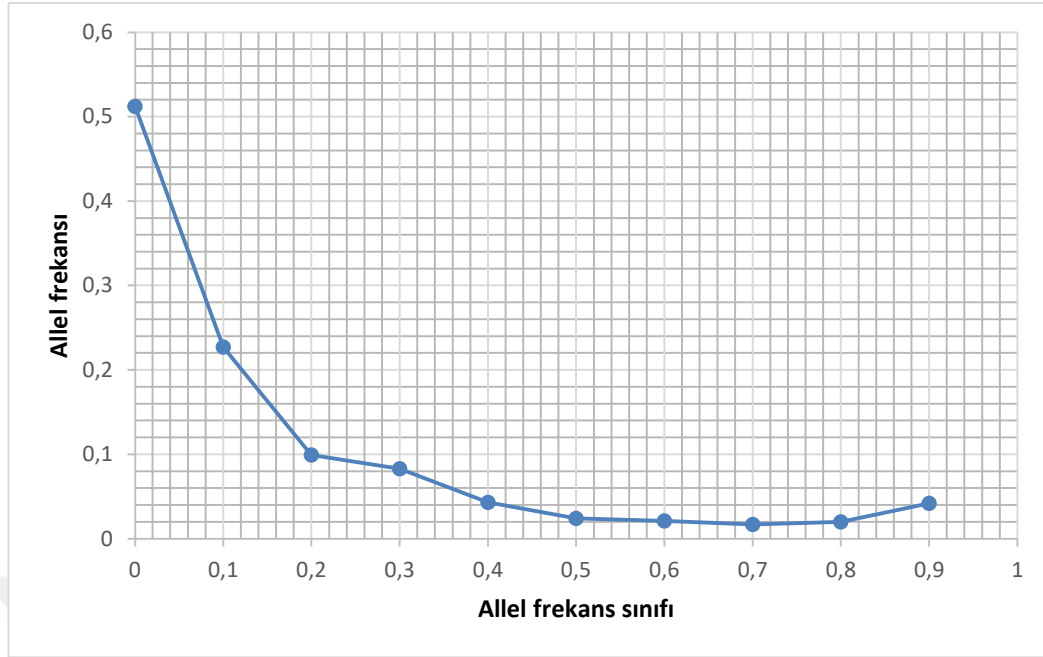
Genetik uzaklık ve coğrafik uzaklığın mantel test analiz sonuçları şekil 4.4. de verilmiştir.



Şekil 4.4. Mantel testi genetik uzaklık ve coğrafik uzaklık

4.3.10. Darboğaz analizi

Allel frekans dağılım grafiğinin 'L şeklindeki dağılımı' darboğaz için bir kriter olarak kullanılır.



Şekil 4.5. Çalışılan kerevitlerde darboğaz için mode-shift grafiği

Mode-shift grafiğinden de görüleceği gibi, yapılan darboğaz testinde normal frekans sınıfının dağılım aralıklarıyla uyumlu L şeklinde bir grafik elde edilmiştir. Grafik normal dağılım (L şeklinde) gösteriyorsa, mutasyon-göç dengesi durumu mevcuttur. Elde edilen L şeklindeki dağılım, incelenen populasyonlarda yakın zamanda (son 40-80 kuşak) dikkate alınacak kadar büyük bir genetik darboğaz olmadığını göstermektedir (Şekil4.5).

Bu tez çalışmasında populasyonların, sonsuz allel modeline (IAM) göre Wilcoxon testi ile darboğazda olduğu tespit edilmiştir. Adım mutasyon modeli (SMM) dikkate alındığında kerevit populasyonlarında ciddi demografik darboğazların yaşanmadığı söylenebilir (Çizelge 4.20).

Çizelge 4.20. Darboğaz analizi için mikrosatellit evrim modeli analizi

Populasyon	Mutasyon modelleri	Önemlilik testi				Standardize edilmiş fark testi		Wilcoxon testi
		Hee	Hed	He	P	T2	P	P
1	IAM	5.13	6	3	0.13539	-1.104	0.13490	0.49609
	SMM	5.24	7	2	0.03202	-5.452	0.00000	0.02734
2	IAM	4.85	5	4	0.40343	-0.672	0.25067	0.42578
	SMM	5.20	7	2	0.03394	-4.114	0.00002	0.01367
3	IAM	4.78	4	5	0.57789	0.330	0.37087	0.49609
	SMM	5.05	6	3	0.14734	-2.751	0.00297	0.03711

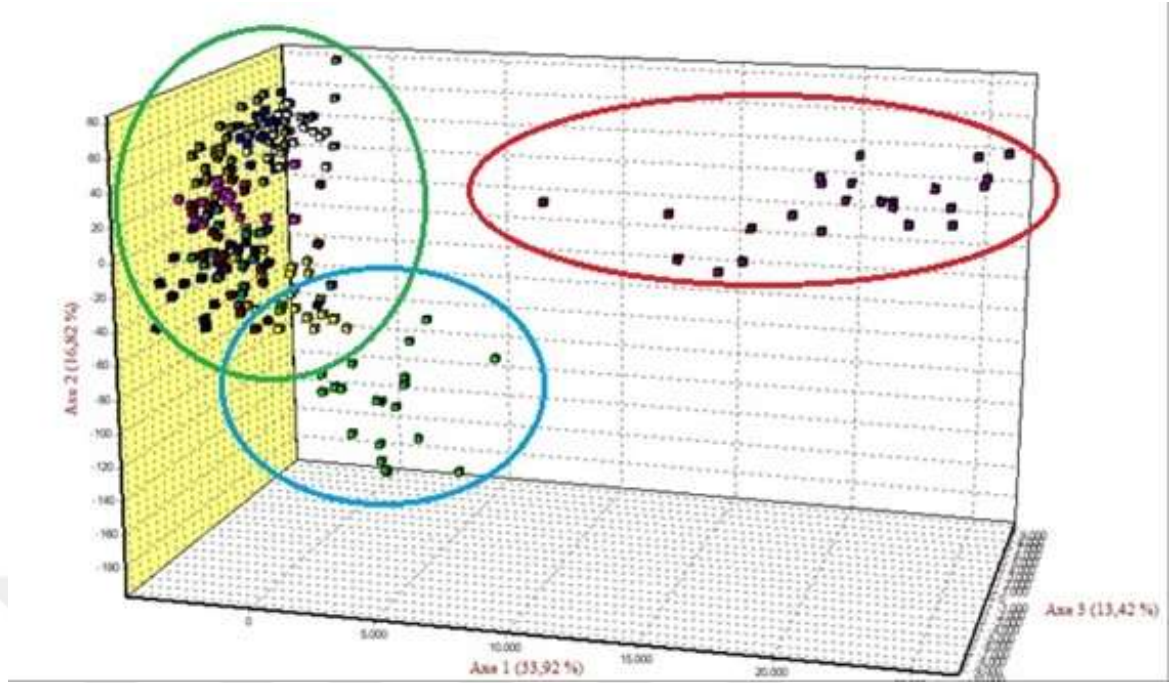
Çizelge 4.20'nin devamı

4	IAM	5.38	4	6	0.47185	1.096	0.13648	0.27539
	SMM	5.63	5	5	0.46300	-2.202	0.01383	0.43164
5	IAM	4.99	2	7	0.15369	0.584	0.27967	0.16406
	SMM	5.27	7	2	0.03041	-2.664	0.00386	0.00977
6	IAM	4.77	4	5	0.57310	0.715	0.23718	0.30078
	SMM	4.86	6	3	0.18077	-2.032	0.02108	0.12891
7	IAM	5.37	4	6	0.47058	0.744	0.22830	0.49219
	SMM	5.58	7	3	0.09096	-2.049	0.02023	0.16016
8	IAM	5.77	5	5	0.42488	-0.254	0.39983	0.76953
	SMM	5.87	10	0	0.00014	-5.022	0.00000	0.00098
9	IAM	4.34	4	4	0.54042	0.275	0.39152	0.84375
	SMM	4.49	7	1	0.01504	-3.228	0.00062	0.01953
10	IAM	3.59	3	4	0.52775	-0.604	0.27285	0.81250
	SMM	3.87	5	2	0.14846	-2.478	0.00661	0.03906
11	IAM	5.70	3	7	0.30819	0.845	0.19892	0.32227
	SMM	5.89	7	3	0.06312	-2.976	0.00146	0.02441

IAM: Sonsuz allel modeli, **SMM:** Adım mutasyon modeli **Hee:** Beklenen aşan heterozigotluk lokus numarası **Hed:** tanımlanan heterozigotluk **He:** Aşan heterozigotluk

4.3.11. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

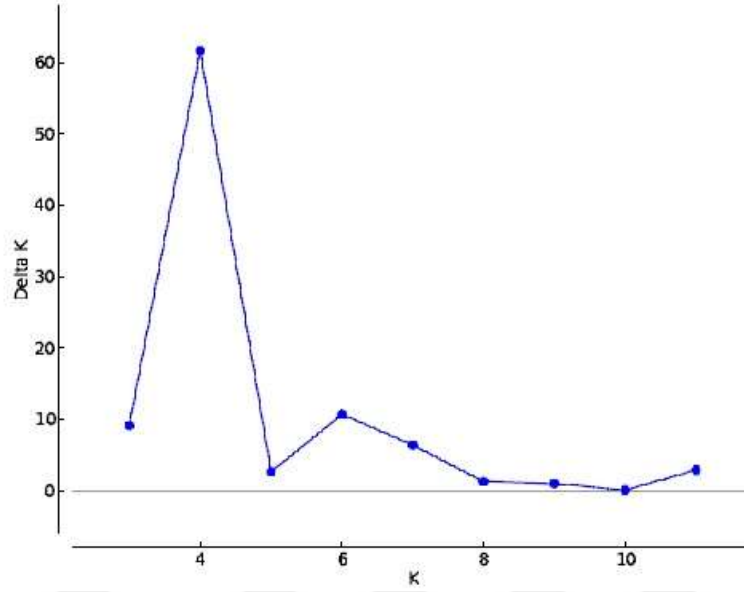
Filogenetik ilişkinin 3 boyutlu olarak gösterildiği FCA analizi sonuçları Şekil 4.6'da verilmiştir. UPGMA dendogramına benzer olarak populasyon 11 olan Çıldır Gölü dışındaki tüm populasyonlar birbirine daha yakın kümelendiği gözlenmiştir. Bireyler üzerinden oluşturulan FCA analizi sonuçlarına göre populasyonlar arasında 11 nolu populasyon olan Çıldır Gölü diğerlerinden farklı olduğu, 9 numaralı istasyon olan Bafra Balık Gölleri ile populasyonlar arasında farklılık yüksek olsa da çok kesin sınırla ayrılmadığı gözlenmiştir. 11 ve 9 numaralı populasyon dışındaki tüm populasyonlar arasında bazı bireylerin geçiş yaptığı görülmektedir. Çalışılan 11 kerevit populasyonunun aynı genetik kökenden geldiği düşünüldüğünde bu olası bir durumdur. Yapılan FCA analiz sonuçlarında populasyonların ortak bir geçmişi olduğu görülmektedir.



Şekil 4.6. Çalışılan populasyonlarda FCA analizi

4.3.12. Genetik yapı analizi

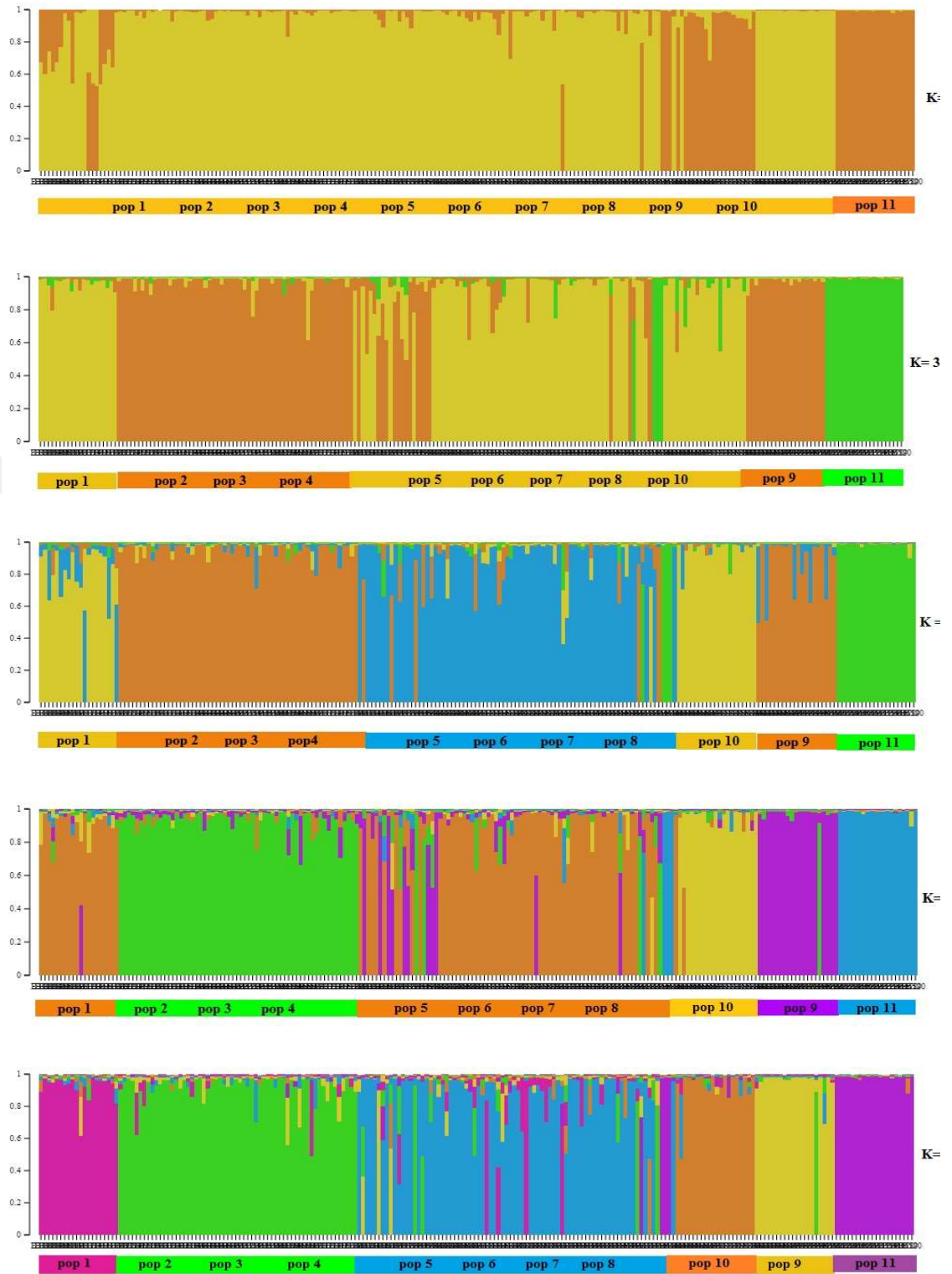
Çalışmada 11 farklı populasyon arasındaki genetik farklılaşma ve filogenetik ilişki genetik mesafe temelinden farklı olarak ayrıca Bayesian kümeleme yaklaşımı seçilerek Structure analizi ile çalışılmıştır. Structure analizinden önce en iyi K değerini hesaplamak adına Evanno vd. (2005) tarafından geliştirilen algoritma internet tabanlı STRUCTURE HARVESTER (Earl ve Vonholdt 2012) programından faydalanılarak bulunmuştur. Bu yöntem kullanılarak ulaşılan en yüksek ΔK sayısının bulunduğu grup 4 olarak bulunmuştur (Şekil 4.7). Özetle çalıştığımız 11 farklı populasyon içerisindeki genetik farklılaşma veya filogenetik ilişki en doğru olarak 4 ayrı kümede ifade edilmektedir. Genetik mesafe temelli yapılan UPGMA dendogramından farklı olarak Bayesian temelli Structure analizi bu populasyonların genetik olarak 4 farklı kümeye ayrıldığını belirtmektedir.



Şekil 4.7. Tespit edilen en yüksek ΔK

En iyi K değeri belirlenmesinin ardından Structure analizi uygulanmış ve tespit edilen sonuçlar web tabanlı Structure Plot (Ramasamy vd. 2014) programına atılarak kümeleme analizi görüntüsü oluşturulmuştur (Şekil 4.8).

Structure analiz sonuçlarına göre K değeri 2 olduğunda yani çalışılan 11 farklı popülasyonu 2 kümeye ayrıldığında, birinci kümede 1 numaralı popülasyondan 10 numaralı popülasyona kadar Hanoğlu, İznik, Manyas, Gölarmara, Işıklı, Eğirdir, Hirfanlı Baraj, Seyhan Baraj, Bafra Balık ve Keban Baraj gölleri yer alırken ikinci kümede Çıldır Gölü yer almaktadır. En iyi K değerinin elde edildiği küme sayısının 4 olduğu durumda ise birinci kümede popülasyon 1 ve 10 olan Hanoğlu Göleti ve Keban Baraj Gölü yer alırken, ikinci kümede popülasyon 2, 3, 4 ve 10 olan İznik, Manyas, Marmara ve Keban Baraj Gölleri yer almakta, üçüncü kümede ise popülasyon 5, 6, 7 ve 8 olan Işıklı, Eğirdir, Hirfanlı ve Seyhan Baraj Gölleri yer almakta ve son olarak dördüncü kümede popülasyon 11 olan Çıldır Gölü yer almaktadır.



Şekil 4.8. Çalışılan 11 farklı popülasyonda Structure kümeleme analizi görüntüsü

5. TARTIŞMA

Türkiye’de su ürünleri sektörü hızlı gelişim gösteren bir sektördür. Bigi ve teknolojinin kullanılması ve yayılmasındaki artış, buna paralel olarak insanların su ürünlerinin faydaları bakımından bilinçlenmesi ve su ürünleri avcılığı ve yetiştiriciliğinin ileri teknolojiler ile geliştirilmesi sayesinde su ürünleri sektörü çok hızlı bir gelişme kaydetmiş ve önemli bir gıda sektörü haline gelmiştir. Ülkemizde su ürünlerinin gelişimi bilimsel araştırmalar yapılmasına ve uluslararası gelişmelerin yakından takip edilmesiyle daha da ivme kazanmaktadır. Modern teknolojilerin gelişmesi ile birlikte moleküler düzeyde istenilen sonucun elde edilmesi, genetik düzeyde kontrolün etkili olması, hastalıkların bulaşmasının önlenmesi, beslenme koşullarının bilinmesi gelişen teknolojilerin yeniliklerine bağlıdır.

P. leptodactylus ülkemizde yakın geçmişe kadar yüksek miktarda avlanılarak ihracatı yapılan ekonomik önem taşıyan bir tür olmuştur. Yaşanan veba salgını, çevre kirliliği, aşırı avcılık sonucunda ve diğer antropojenik etkiler sonucunda doğal stokların hızlıca azalması, hem geçimini buradan sağlayan balıkçılar, hem de ülkemiz için ekonomik kayıplara yol açmıştır. Son yıllarda stokların toparlanma sürecine girdiği gözlemlenmektedir. Bununla beraber kerevit stoklarının korunması ve yetiştiriciliği ile ilgili yapılan çalışmalar da ivme kazanmıştır. Özellikle biyoteknolojinin de hızlı ilerlemesiyle kerevit stoklarının korunması ve yönetimi için populasyon düzeyinde genetik yapıların bilinmesi üzerine yapılan araştırmalar önem kazanmıştır.

P. leptodactylus türü için ilk mikrosatellit belirteçler (toplam 19 dinükleotid tekrar lokus) Köiv vd. (2008; 2009) tarafından geliştirilmiştir. Mikrosatellit belirteçlerin izolasyonu ve karakterizasyonu çoğaltılan 4000 recombinant ile elde edilmiştir. Kuzey Avrupa’da 7 populasyondan 172 birey çalışılarak 8 lokus polimorfik olarak bildirilmiştir. Allel sayısı 2 ile 10 arasında değişirken (ortalama 4.4), populasyonlar arasında gözlenen heterozigotluk (H_o), 0 ile 0.80 aralığında beklenen heterozigotluk (H_e) ise 0 ile 0.72 olarak hesaplandığı bildirilmiştir. Ahn vd. (2011) Kore kerevitlerinde (*Cambaroides similis*) mikrosatellitlerin izolasyonu ve karakterizasyonunu çalışmışlardır. Kore kerevitlerinde toplam 106 farklı allel elde edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk 0.000 ile 0.833 arasında, beklenen heterozigotluk ise 0.125 ile 0.943 aralığında gözlemlenmiştir. Azuma vd. (2011) *P. Leniusculus* türlerinde yeni geliştirilen mikrosatellit belirteçler ile genetik yapıyı belirlemeye çalışmışlardır. Bu amaçla 31 lokus keşfedilmiş ve sadece 5 lokus çoğaltılabilmektedir. Allel sayıları 4 ile 33 arasında değişmiş ve heterozigotluk değerleri 0.304 ile 0.941 aralığında bulunmuştur. Populasyonlar Hardy-Weinberg dengesindedir. He vd. tarafından 2013 yılında *Cherax quadricarinatus* kerevit türünde polimorfik mikrosatellitlerin izolasyon ve karakterizasyonu çalışılmıştır. Çoğaltılan 30 lokusun 15’i polimorfik olarak bulunmuştur. Allel sayıları 2 ile 7 arasında değişmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.255-0.862 arasında, beklenen heterozigotluk (H_e) ise 0.341-0.817 arasında gözlenmiştir. 15 lokusun 14’ü Hardy-Weinberg dengesine uygundur. Matallanas vd. tarafından 2013 yılında İspanya’da *Austropotamobius italicus* türünde mikrosatellit belirteçler ile filocoğrafyası çalışılmıştır. Çalışılan 27 populasyonda 390 birey 5 mikrosatellit lokus polimorfik olarak bulunmuş ve 58 allel tespit edilmiştir. Allel sayıları 2 ile 19 arasında değişmektedir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0-0.347 arasında, beklenen heterozigotluk (H_e) ise 0.309-0.548 arasında gözlenmiştir.

Ardından kerevitler üzerine pek çok genetik çeşitlilik çalışması yapılmıştır (Gross vd. 2013; Schrimpf vd. 2014; Blaha vd. 2016). Gross vd. 2013 yılında 18 farklı popülasyondan 633 birey ile çalışılarak 10 yeni mikrosatellit belirteç geliştirmişlerdir. Çalışılan Baltık Denizi'ndeki popülasyonlarda Karadeniz popülasyonlarına göre genetik çeşitlilik daha düşük bulunmuştur. Schrimpf vd. 2014 yılında 5 Avrupa deniz havzasına dağılmış 156 örnekleme alanından 540 birey ile COI ve 16S rRNA çalışılmıştır. Buna ilaveten 22 bölgeden 289 birey ile mikrosatellit belirteç çalışılmıştır. Çalışmada Batı Balkan ve Karadeniz Havzası'ndaki popülasyonlarda yüksek genetik çeşitlilik bulunmuştur. Batı Balkan ve Avrupa popülasyonları arasındaki bölünme günümüzden yaklaşık 700 bin yıl önce gerçekleştiği tahmin edilirken, geri kalan farklılaşmalar son 400 bin yıl içerisinde meydana geldiği hesaplanmıştır. Blaha vd. 2016 yılında yayımlanan çalışmasında 2001 yılında Çek Cumhuriyeti'nde genç ve yetişkin kerevit bireylerinden oluşan üç yer değiştirilmiş popülasyon oluşturulmuştur. Bu popülasyonlarda genetik çeşitlilik 10 yıl sonra 7 mikrosatellit lokus ile araştırılmıştır. Yer değiştirilmiş popülasyonlarda genetik çeşitlilik anlamlı olmayan düzeyde azalma gözlenmiş, kaynak popülasyonlarda genetik çeşitlilik çok düşük bulunmuştur.

Kerevit türleri arasında sadece mitokondriyal DNA temelli genetik çeşitlilik bilgisine ulaşılmaktadır (Maguire vd. 2014; Khoshkholgh ve Nazari, 2015). Laggis vd. 2017 yılında Güney Balkan Yarımadası'nda *Astacus astacus* türünün mikroevrimi incelenmiştir. Çalışmada 16 bölgeden 278 birey 6 mikrosatellit lokus kullanılmıştır. Çalışılan mikrosatellit lokusların tümü polimorfik olduğu ve allel sayıları 11 ile 39 arasında değiştiği bildirilmiştir. Toplam 111 farklı allel bulunmuştur.

Kerevitler ile ilgili yapılan önceki çalışmalarda sonuçlar ile bu tez çalışmasının sonuçları karşılaştırıldığında benzer aralıklarda sonuçlar elde edildiği gözlemlenmektedir. *P. leptodactylus* için mikrosatellit belirteç ilk Gross vd. (2016) tarafından yayınlamıştır. Gross vd. (2016) *A. astacus* için güvenilir, verimli tekrar eden polimorfik mikrosatellit belirteç genotiplendirmiştir. *P. leptodactylus*'ta çapraz amplifikasyon başarısı için test edilmiştir. Toplam 48 lokusun 35'i başarılı bir şekilde çoğaltılmış ve 25 i polimorfik bulunmuştur. 232 birey arasında 86 allel belirlenmiştir. Popülasyonlar arasında allel sayısı ile lokusların çeşitliliği, gözlenen ve beklenen heterozigotluklar (H_o , H_e) önemli ölçüde değişmiş olarak bulunmuştur. 19 mikrosatellit lokusu üzerinde gözlenen genetik çeşitlilik oldukça yüksek bulunmuştur. *A. leptodactylus*'ta 48 lokus test edilmiş ve 21 lokus başarılı bir şekilde çapraz amplifikasyonu sağlamıştır. 21 lokusun 14'ü polimorfiktir. Kullanışlı olduğu daha büyük popülasyonlarda test etmek gerektiği düşünülmektedir. Yapılan bu tez çalışmasında Gross vd. (2016) tarafından bulunan sonuçlara göre daha geniş çeşitlilik bilgilerine ulaşılmıştır.

Khoshkholgh ve Nazari (2019) İran'ın Hazar deniz havzasında, *P. leptodactylus* türlerinde mtDNA ve mikrosatellit belirteçler kullanılarak, 7 popülasyonda ve 10 mikrosatellit lokus ile genetik çeşitlilik çalışmışlardır. Hardy-Weinberg dengesinden önemli sapmalar gözlenmiştir. Mitokondriyal DNA dizileri önemli haplotip çeşitliliği ortaya çıkarmıştır (0.811 ± 0.049). Moleküler varyans analizi (AMOVA) hem mikrosatellit hem de mtDNA belirteçleri için önemli genetik farklılaşma göstermiştir.

Mikrosatellit lokusa dayalı genetik analizde *Astacus leptodactylus* (Sinonim: *Pontastacus leptodactylus*) populasyonlarında gözlenen heterozigotluk 0.222 ile 0.732 arasında değişmektedir. İkişerli F_{st} ye göre çalışılan populasyonlarda önemli bir farklılık gözlenmiştir. Çoğu populasyonda Hardy-Weinberg sapmaları heterozigotluk eksikliğini göstermiştir.

Ülkemizde dağılım gösteren kerevit türlerinde mikrosatellit kaynaklı bir çalışma yapılmadığı görülmüştür. Akhan vd. (2014) 17 farklı populasyonda COI geni ile populasyonlar içi ve arası genetik çeşitlilik araştırılmış 17 populasyonu üç ana dalda kümelendiği ve sonuç olarak Çıldır Gölü'nün de içinde olduğu 2. Grup populasyonların yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu tespit etmişlerdir. Elde ettikleri değerlerin yapılan bu tez çalışması ile uyumlu sonuçlar olduğu gözlenmiştir.

Bu tez çalışmasında ilk defa Türkiye genelini temsil edecek şekilde seçilmiş 11 kerevit stoğunda (Hanoğlu, İznik, Manyas, Gölarmara, Işıkli, Eğirdir, Hirfanlı Baraj, Seyhan Baraj, Bafra balık, Keban Baraj ve Çıldır Gölü) genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Seçilen 11 kerevit stoğuna ait toplam 220 kerevit daha önce polimorfik olduğu bulunan 10 mikrosatellit belirteç kullanılarak genotiplendirilmiştir. Çalışılan tüm kerevitlerin bir arada düşünülmesiyle meydana gelen populasyonda toplam 172 allel tespit edilmiştir. Bu çalışmada elde edilen verilere göre allel frekansı en yüksek Çıldır Gölü'nde olduğu bulunmuştur.

Çalışılan populasyonların tümünde gözlenen heterozigotluk ortalaması 0.340 olarak, beklenen heterozigotluk ortalaması ise 0.611 olarak bulunmuştur. Bu değerlere göre gözlenen heterozigotluğun beklenen heterozigotluktan düşük olduğu görülmekte olup bireylerdeki akrabalık derecesinin düşük olduğunu söyleyebiliriz. Polimorfizim bilgi içeriğine (PIC) bakıldığında ise çalışılan 10 lokustan 7 lokusun yüksek derecede bilgi sağladığı gözlemlenmiştir ($PIC > 0.50$). Sonraki çalışmalarda bu 7 lokusun kullanılmasının fayda sağlayacağı düşünülmektedir.

Genetik varyasyonu ifade etmekte kullanılan ölçütlerden birisi de ortalama allel sayılarının hesaplanmasıdır. Ortalama allel sayıları çalışmada kullanılan lokus miktarına göre değişkenlik göstermektedir. Beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri kullanılan lokus sayısından bağımsız bir şekilde hesaplanabilmektedir. Bu nedenle gözlenen heterozigotluk (H_o) ve beklenen heterozigotluk (H_e) değerleri populasyondaki genetik varyasyonun ifadesinde genişletilmiş daha bağımsız değerlerdir. Hardy-Weinberg dengesinden sapmayı bulabilmek ve populasyondaki akrabalık derecelerinin ölçülmesi Fis istatistiklerinin hesaplanmasıyla mümkün olabilmektedir. Fis istatistikleri populasyonların koruma önceliklerinin tespit edilmesinde de mühim bir parametredir.

Simon ve Buchenauer (1993)'a göre, F_{is} değerlerinin

0.05'in altında olduğu durumlarda populasyonların tehlikede olmadığını,

0.05 ile 0.15 arasında olduğunda populasyonların tehlike potansiyeli olduğunu,

0.15 ile 0.25 arasında populasyonların minimum tehlike seviyesinde olduğunu,

0.25 ile 0.40 arasında populasyonların tehlike altında olduğunu,

0.40'ın üzerinde ise populasyonların kritik seviyeye ulaştığını ve koruma altına alınması gerektiğini ifade etmiştir (Ramadan vd 2012).

Bolstein vd (1980), genetik uygulamalarda bir lokusta bulunan polimorfizm bilgi içeriği (PIC) >0.5 ve beklenen heterozigotluk (He) >0.6 değerlerini sağlıyorsa kullanılan lokusun oldukça bilgi verici olduğunu dile getirmişlerdir (Seo vd. 2013).

Yapılan çalışmada 11 farklı populasyondan elde edilen Fis değeri 8 lokusta pozitif olarak bulunmuştur fakat sifıra yakın olan değerlerin elde edildiği de gözlenmiştir. 11 farklı populasyondaki tüm lokuslarda ortalama Fis değeri 0.277 değerinde gözlenmiştir. Fis değeri 0.25'in üzerinde olması populasyonlar arasında genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre populasyonlarda rastgele üremenin gerçekleştiği söylenebilir. Yapılan çalışmada ortalama Fst değeri 0.230 olarak hesaplanmış olup buna göre büyük bir genetik farklılaşma söz konusu olabilir. Bu çalışmada gözlemlenen ortalama Fit değeri 0.443 olarak bulunmuştur. Bulunan bu değer tüm populasyonların bir arada düşünülmesiyle Hardy-Weinberg dengesinden sapmayı gösterir. Oluşan sapmanın ülkemiz kerevit populasyonlarının yaşamış olduğu veba hastalığından oluşabileceği düşünülmektedir. Ayrıca bu yüksek Fit değerinin esasında küçük populasyon büyüklükleri ile çalışıldığı ve doğal seleksiyonun etkili olduğu da söylenebilir.

Çalışılan 11 farklı populasyonların ortalama gen akışı (Nm) değeri 0.839 olarak hesaplanmış olup ikiden küçük olması populasyonların dikkate değer bir farklılaşma yaşadığı söylenebilir. Bu sonuçlara göre çalışılan kerevit populasyonlarında en az iki tanesinin genetik yapı olarak birbirinden önemli derecede farklılaştığı anlaşılmaktadır.

Yapılan tez çalışmasında sonsuz allel modeline (IAM) göre yapılan Wilcoxon testi ile darboğazda olduğu görülmesi populasyonların 1984 yılında yaşamış olduğu kerevit veba hastalığı sonrası populasyon büyüklüklerinin ciddi oranda azalmasının göstergesi olabileceği düşünülmektedir. Diğer bir yandan mode-shift grafiği ile elde edilen L şeklindeki dağılım, incelenen populasyonlarda yakın zamanda (son 40-80 kuşak) dikkate alınacak kadar büyük bir genetik darboğaz olmadığını göstermektedir. Sonuç olarak yaşanan darboğazın populasyonlarda genetik varyasyon kayıplarına etki ettiği söylenebilir.

Yapılan mantel testine göre genetik uzaklık ile coğrafi uzaklık matrisleri arasındaki uyumun karşılaştırılmasıyla Çıldır Gölü diğer populasyonlardan en uzak olarak gözlenmiştir. Genetik yapı analizine göre en iyi K değeri 4 olarak bulunmuş ve kümeleme analizinde Çıldır Gölü'nün diğer tüm populasyonlardan ayrıldığı gözlenmiştir. Yapılan analizlerin sonuçlarından elde edilen bilgiler önceki çalışmaları destekler niteliktedir.

6. SONUÇLAR

Bu tez çalışmasında ilk defa Türkiye genelini temsil edecek şekilde seçilmiş 11 kerevit stoğunda, bunlar Hanoğlu, İznik, Manyas, Gölarmara, Işıklı, Eğirdir, Hirfanlı Baraj, Seyhan Baraj, Bafra Balık, Keban Baraj ve Çıldır Gölü'nde genetik çeşitlilik araştırılmıştır.

Seçilen 11 kerevit stoğuna ait toplam 220 kerevit daha önce polimorfik olduğu bulunan 10 mikrosatellit belirteç kullanılarak genotiplenmiştir. Çalışılan tüm kerevitlerin bir arada düşünülmesiyle meydana gelen populyasyonda toplam 172 allel tespit edilmiştir. Allel sayıları 4 ile 44 arasında değiştiği tespit edilmiştir.

Çalışmada kullanılan 10 mikrosatellit lokusun hem populyasyon bazında hem de genel olarak polimorfik olduğu bulunmuştur. Çalışılan lokuslar kerevit populyasyonlarında genetik çeşitliliğin, populyasyon yapısının ve koruma önceliklerinin belirlenmesi için yapılacak mikrosatellit çalışmalarda kullanılabilir. Bu lokuslar ile çalışmak isteyen araştırmacıların PIC değeri düşük olan Aast4-12 (% 6.17) lokusu ve allel genişliği 228-486 bp arasında olan Aast4-40 lokusu yerine yeni lokuslar kullanmaları daha faydalı olacaktır.

Tüm populyasyonların çalışılan lokuslarından elde edilen sonuçlara göre gözlenen heterozigotluk 0.046-0.854 arasında, beklenen heterozigotluk ise 0.054-0.901 arasında bulunmuştur. Yapılan çalışmada 11 farklı populyasyonda tespit edilen ortalama heterozigotluk (Hs) 0.487 olarak, tüm populyasyonların bir arada düşünülmesiyle oluşan populyasyondaki toplam heterozigotluk (Ht) değeri 0.613 olarak bulunmuştur. Gen akışı (Nm) değeri 0.839 olarak tespit edilmiştir.

Bulunan bu değerlerden faydalanılarak hesaplanan genetik farklılık (Dst) değeri 0.126 olarak, genetik farklılaşma katsayısı (Gst) ise 0.205 olarak bulunmuştur. Tez çalışmasında bulunan genetik farklılaşma katsayısına (Gst) göre populyasyonların birbirinden farklılaştığı söylenebilir. Fis değeri Aast4-43 ve Aast4-16 lokusunda negatif ve diğer tüm lokuslarda pozitif olarak tespit edilmiştir. Fis değeri -0.274 ile 0.755 aralığında değişim göstermiştir.

Çalışılan 11 farklı populyasyonların ortalama gen akışı (Nm) değeri 0.839 olarak hesaplanmıştır. Bu populyasyonlarda Nm değerinin sıfıra yakın olması çok fazla göç almadığının göstergesi olabilir. Genetik yapı olarak Çıldır Gölü ve Bafra Balık Gölleri dışındaki tüm populyasyonlar arasında gen akışı olduğu görülmektedir.

Populyasyonlar arasında elde edilen ikişerli Fst değerleri ve tüm bireyler üzerinde yapılan AMOVA analizinde elde edilen sonuçlar populyasyonların genetik olarak birbirinden önemli düzeyde ($p < 0.05$) farklılaştıklarını ortaya koymuştur. Toplam genetik çeşitliliğin % 21.96'sı populyasyonlar arasındaki farklılıklardan, % 22.83'ü populyasyonlar içindeki bireylerden ve % 55.21'inin de tüm bireyler arasındaki farklılıklardan

kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bu sonuçlara göre çalışılan kerevit populasyonlarından iki tanesinin genetik yapı olarak birbirinden önemli derecede farklılaştığı anlaşılmaktadır.

11 farklı populasyon arasındaki ilişkiyi incelemek için yapılan genetik mesafe temelli UPMGA dendogramı ile FCA analiz sonuçlarına göre, Çıldır Gölü populasyonunun (11 nolu popülasyon) diğerlerinden farklı olduğu, 9 numaralı populasyonun (Bafra Balık Gölleri) diğer populasyonlardan yüksek farkla ayrılan ikinci populasyon olduğu görülmektedir. 11 ve 9 numaralı populasyon dışındaki tüm populasyonlar arasında bazı bireylerin geçiş yaptığı görülmektedir. Mantel test sonuçları da bunları desteklenmektedir.

Populasyonların, sonsuz allel modeline (IAM) göre Wilcoxon testi ile darboğazda olduğu tespit edilmiştir. Darboğaz testinde normal frekans sınıfının dağılım aralıklarıyla uyumlu L şeklinde bir grafik elde edilmiştir. Grafik normal dağılım (L şeklinde) gösteriyorsa, mutasyon-göç dengesi mevcut olduğu söylenebilir. Populasyonlarda elde edilen soy içi üreme katsayıları (Fis) değerleri incelendiğinde tüm populasyonlarda heterozigot fazlalığından dolayı Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu görülmektedir. Populasyon bazında elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri (Na, Ne, Ho, He) karşılaştırıldığında 11 numaralı istasyon olan Çıldır Gölü'nde genetik çeşitliliğin diğer populasyonlara göre daha fazla olduğu gözlemlenmiştir. Yapılacak olan koruma ve balıklandırma çalışmaları ya da yetiştiricilik denemelerinde bu populasyondan bireyler seçilerek türün neslinin devamlılığı ya da yapılacak olan çalışmalara fayda sağlayacaktır.

Ülkemizin doğal sularında yaşam faaliyeti gösteren kerevitler (*P. leptodactylus*) abdomen ve kısıkaçları besin olarak tüketilebilen, diyetetik bir enerji kaynağı olan, iç sularımızda ekonomik anlamda getirisi yüksek olan bir su canlısıdır. Ülkemizde tüketimi yeteri kadar yüksek olmasa da diğer birçok ülkede oldukça sevilerek tüketilen bir besin kaynağıdır. Kerevitlerin iç sulardaki ekolojik dengenin önemli birer parçası olması ve önemli bir protein kaynağı olması önemini daha da artırmaktadır.

Ülkemizde kerevit üretiminin sadece avcılığa dayanması üretimi olumsuz etkileyebilmektedir. Balıkçılık faaliyetlerinde bulunan balıkçıların bilgilendirilmesi ve yapılan yanlışların önüne geçilmesi gerekmektedir. Yetiştiricilik ve ıslah çalışmaları halen deneme aşamasındadır. Yapılan tez çalışmasında ortaya konulan genetik çeşitlilik parametreler ışığında, mevcut stoklardan faydalanılması, yetiştiricilik çalışmalarının artırılması gerekli ve yerinde olacaktır.

7. KAYNAKLAR

- Ackefors, H. and Lindqvist, O.V. 1994. Cultivation of freshwater of crayfishes in Europe. In: Huner, J.V. (Ed.), *Freshwater Crayfish Aquaculture in North America, Europe and Australia*, families Astacidae, Cambaridae and Parastacidae. Haworth, Binghamton, New York, pp. 157-216.
- Agerberg, A. 1990. Genetic variation in three species of freshwater crayfish, *Astacus astacus* L., *Pontastacus leptodactylus* Aesch., and *Pacifipontastacus leniusculus* (Dana), revealed by isozyme electrophoresis. *Hereditas*, 113: 101-108.
- Ahn, D.H., Park, M.H., Jung, J.H., Oh, M.J., Kim, S., Jung, J. and Min, G.S. 2011. Isolation and characterization of microsatellite loci in the Korean crayfish, *Cambaroides similis* and application to natural population analysis. *Anim. Cells. Syst.*, 15: 37-43.
- Akhan, S., Bektas, Y., Berber, S. and Kalaycı, G. 2014. Population structure and genetic analysis of narrowclawed crayfish (*Pontastacus leptodactylus*) populations in Turkey. *Genetica*, 142: 381-395.
- Akhan, S. 2016. Current status and future perspectives of Turkish aquaculture industry. *Journal of Agricultural Faculty of Uludağ University*, 30: 65-68.
- Akhan S., Çağatay İ.T., Berber S., Arlı B., Taştan Y. and Çatlı T. 2017. "Detection of crayfish plague (*Aphanomyces astaci*) diseases in major Turkish crayfish (*Pontastacus leptodactylus*) population by PCR method and distribution of crayfish plague in Turkey", International Symposium on Animal Science (ISAS), pp.41-41, Herceg Novi, KARADAĞ.
- Aksakal, E. 2009. Düşük ve yüksek canlı ağırlığa sahip gökkuşağı alabalıkları *Oncorhynchus mykiss* (walbaum, 1792) arasındaki genetik varyasyonun mikrosatelit markırlar kullanılarak belirlenmesi. Doktora Tezi, Atatürk Üniversitesi, Erzurum, 117 s.
- Aksu, Ö. ve Kurtkaya, G. 2017. The relationships between length-weight, and meat yield of freshwater crayfish (*Pontastacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) of Aktaş Lake. *Journal of Balıkesir University Institute of Science and Technology*, 19 (2): 283-295.
- Alaranta, A., Henttonen P., Jussila, J., Kokko, H., Prestegard, T., Edsman L. and Halmekyto, M. 2006. Genetic differences among noble crayfish (*Astacus astacus*) stocks in Finland, Sweden and Estonia based on the ITS1 region. *Bull. Fr. Peche Piscic*, 380-381: 965-975.

- Alderman, D.J., Polglase, J.L., Frayling, M. and Hogger, J. 1984. Crayfish plague in Britain. *J. Fish Dis.*, 7: 401–405.
- Alderman, D.J. 1996. Geographical spread of bacterial and fungal diseases of crustaceans. *Revue Scientifique et Technique-Office International des Épidémiologies*, 15(2): 603-632.
- Alpbaz, A.G. 1993. Kabuklu ve Eklembacaklılar Yetiştiriciliği. Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Yayınları: 26, Ders Kitabı, İzmir, 317 s.
- Alpbaz, A.G. 2009. Su Ürünleri Yetiştiriciliği. Alp yayınları: 398, Ders Kitabı, İzmir, 272 s.
- Anonim 1. <http://naturlexikon-bayern.de/lexikon/tiere/fische-co/steinkrebs/> [Son erişim tarihi: 04.08.2021].
- Anonim 2. https://flusskrebse.ch/de_unsere_krebse_al.htm [Son erişim tarihi: 04.08.2021].
- Arif, I.A. and Khan, H.A. 2009. Molecular markers for biodiversity analysis of wildwife animals: a brief review. *Animal Biodiversity and Conservation*, 32 (1): 9-17.
- Attard, J. and Vianet, R. 1985. Variabilité génétique et morphologique de cinq populations de l., écrevisse européenne *Austropotamobius pallipes* (Lereboullet 1858) (Crustacea, Decapoda). *Canadian Journal of Zoology*, 63, 2933-2939.
- Avsever, M.L., Türk, N., Hilmioğlu Polat, S. ve Metin, D.Y. 2011. Tatlı Su Istakozlarından (*Pontastacus leptodactylus*) *Saprolegnia* sp. ve *Aeromonas hydrophila* İzolasyonu. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 17(5): 873 875.
- Aydın, F. ve Polatsü, S. 1992. Mogan Gölü kerevitlerin (*Pontastacus leptodactylus* ESCH. 1823) mantar hastalığının ortaya çıkmasını kolaylaştıran olumsuz fiziksel ve kimyasal parametreler. *Akdeniz Üniv. Su Ürünleri Müh. Dergisi*, 3: 143-153.
- Azuma, N., Usio, N., Korenaga, T., Kouizumi, I. and Takamura, N. 2011. Genetic population structure of the invasive signal crayfish *Pacifastacus leniusculus* in Japan inferred from newly developed microsatellite markers. *Plankton Benthos Res*, 6(4): 187-194
- Bagot, P. 1996. Turkish crayfish production. *Crayfish News* 19 (1): 13
- Bahadır Koca S., Uzunmehmetoglu O.Y. and Yazicioglu B. 2015. Effects of enriched artemia on growth and survival of juvenile freshwater crayfish (*Pontastacus leptodactylus* Esch. 1823). *Iranian Journal of Fisheries Sciences*. 14(1):87-98.

- Balık, İ., Özkök, E., Özkök, R. 2002. Catch per unit effort and size composition of crayfish *Pontastacus leptodactylus* Eschsholtz, 1823, in lake İznik, *Asian Austral J Anim*, 15: 884-889.
- Balık İ., Çubuk H. and Uysal R. 2003. Effect of bait on efficiency of fyke-nets for catching crayfish *Pontastacus leptodactylus* Esch. 1823. *Turk J Fish Aquat Sci.*, 3: 1-4.
- Balık, İ., Çubuk, H., Özkök, R. and Uysal, R. 2005. Some Biological Characteristics of Crayfish (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) in Lake Eğirdir, *Turk J Zool*, 29: 295-300.
- Baran, İ., Timur, M., Oray, I., Timur, G., Rahe, R. and Soylu E. 1987. Investigations on a disease causing serious mortality on crayfish (*Pontastacus leptodactylus*) populations in Turkey. Aquaculture Europe '87: International Conference & International Exhibition, Amsterdam, June 2-5.
- Baran, I. and Soylu, E. 1989. Crayfish Plague in Turkey. *Journal of Fish Diseases*, 12:193-197.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi L., Raufaste, N. and Bonhomme, F. 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows pour la gé'ne'tique des populations. Université' de Montpellier II, Montpellier, France.
- Berber, S. 2005. Manyas, Apolyont, İznik Göllerindeki kerevit (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) populasyonlarının biyoekolojik ve morfometrik özellikleri ile hastalık yönünden karşılaştırmalı olarak araştırılması, Doktora Tezi, Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir, 185s.
- Berber, S. ve Balık, S. 2006. Manyas Gölü (esir) Tatlısu İstakozunun (*Astacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) Bazı Büyüme ve Morfometrik Özelliklerinin Belirlenmesi. E.U. *Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 23(1-2): 83-91.
- Berber, S. and Mazlum, Y. 2009. Reproductive efficiency of the narrow-clawed crayfish, *Pontastacus leptodactylus*, in several populations in Turkey. *Crustaceana*, 82: 531-542.
- Berber, S. ve Balık, S. 2009. Apolyont Gölü (Bursa-Türkiye) tatlısu ıstakozunun (*Astacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) boy-ağırlık ilişkisi ve et verimi. *Journal of Fisheries Sciences*, 3(2): 86-99.
- Berber, S., Yıldız, H., Ateş, A.S., Bulut, M. and Mendeş, M. 2010. A study on the relationships between some morphological and reproductive traits of the Turkish crayfish, *Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823 (Crustacea: Decapoda). *Rev Fish Sci*, 18 (1): 131-137.

- Berber, S. Mazlum, Y., Demirci, A. and Türel, S. 2012. Structure, growth, mortality and size at sexual maturity of various populations *Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823 (Crustacea: Decapoda) in Turkey. *Marine Science and Technology Bulletin*, 1(1):21-27.
- Bişkin, Z., Yıldırım, A., İnci, A. ve Düzlü, Ö. 2011. Parazitolojide teşhis amaçlı kullanılan moleküler biyolojik teknikler. *Erciyes Üniv. Vet. Fak. Derg.*, 8(1): 43-51.
- Bolat, Y. 2001. Reproduction on the crayfish (*Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) in Lake Eğirdir. *J. Inst. Natur. Appl. Sci.*, 5: 49-56.
- Bolat, Y., Demirci, A. and Mazlum, Y. 2010. Size selectivity of traps (Fyke-Nets) of different mesh size on the narrow-clawed crayfish, *Pontastacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823) (Decapoda, Astacidae) in Eğirdir Lake, Turkey. *Crustaceana*. 83(11):1349-1361.
- Bolat, Y., Mazlum, Y., Aydın, D. and Koca, H.U. 2011. Estimating the population size of *Pontastacus leptodactylus* (Decapoda: Astacidae) by mark-recapture technique in Eğirdir lake Turkey. *African Journal of Biotechnology*, 10:55: 11778-11783.
- Bolat, Y. ve Kaya, M.A. 2016. Eğirdir Gölü kerevitlerde (*Pontastacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) büyüme ve üreme özelliklerinin belirlenmesi. *Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi*, 12(1):11-24.
- Bolstein, D., White, R.L., Skolnik, M. and Davis, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American J. Human Genetics*, 32: 314-331.
- Bott, R. 1950. Freshwater crayfish of Europe (Decapoda, Astacidae). *Abh Senckenberg Naturf Ges.*, 483, 1–36.
- Bök, T. 2006. Kerevitin Türkiye açısından değerlendirilmesi. *Su Ür. Müh. Dergisi*, 72-75.
- Blaha, M., Žurovcová, M., Kouba, A., Policar, T. and Kozák, P. 2016. Founder event and its effect on genetic variation in translocated populations of noble crayfish (*Astacus astacus*). *J. Appl. Genet*, 57: 99-106.
- Busack, C.A. 1988. Electrophoretic variation in the red swamp (*Procambarus calarkii*) and white river crayfish (*P. Acutus*) (Decapoda: Cambaridae). *Aquaculture*, 69:211-226.
- Brown, R.C. 2003. Genetic management and selective breeding in farmed populations of gilthead seabream (*Sparus aurata*). PhD Thesis, Institute of Aquaculture, University of Stirling, UK, 197 pp.

- Bruford, M. W., Bradley, D. G. & Luikart, G. 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Rev. Genet.*, 4:900–910.
- Butler JM. 2005. Forensic DNA typing: Biology, technology, and genetics of STR markers (2nd Edition). Elsevier Academic Press, New York, 678 p.
- Büyükçapar, H.M., Alp, A., Kaya, M. ve Çiçek, Y. 2006. Mamasın Baraj Gölü (Aksaray-Türkiye) tatlısu kereviti (*Pontastacus leptodactylus*, Esch., 1823)'nın boy ağırlık ilişkisi ve et verimi. *EÜ Su Ürün Derg.*, 23: 21-25.
- Ceyhun, S.B. 2007. Yerli alabalık ırkları arasındaki genetik varyasyonun mikrosatelit markırlar kullanılarak belirlenmesi. Doktora Tezi. Atatürk Üniversitesi, Erzurum, 95 s.
- Chatterjee, R.N., Bhattacharya, T.K., Dange, M. and Rajkumar, U. 2010. Assessment of genetic relatedness of crossbred chicken populations using microsatellite markers. *Biochemical Genetics*, 48: 727-736.
- Chauhan, T. and Rajiv, K. 2010. Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. *Advance in Bioscience and Biotechnology*, 1: 281-291.
- Crandall, K.A., Lawler S.H. and Austin, C., 1995. A preliminary examination of the molecular phylogenetic relationships of the crayfish genera of Australia (Decapoda: Parastacidae). *Freshwater Crayfish*, 10:18-30.
- Crandall, K.A., and Fitzpatrick J.F.Jr., 1996. Crayfish molecular systematic: Using a combination of procedures to estimate phylogeny. *Systematic Biology*, 45: 1-26.
- Crandall, K.A., Harris D.J. and Fetzner J.W. 2000. The monophyletic origin of freshwater crayfish estimated from nuclear and mitochondrial DNA sequences. *Proc.R.Soc.London B*, 267:1679-1686.
- Crandall, K. A., and Buhay J.E., 2008. Global diversity of crayfish (Astacidae, Cambaridae, and Parastacidae-Decapoda) in freshwater. *Hydrobiologia*, 595, 295-301.
- Creed, R.P. and Reed, J.M. 2004. Ecosystem engineering by crayfish in a headwater stream community, *J.N. AM. Benthol. Soc.*, 23(2): 224-236.
- Condit, R. and Hubbell SP. 1991. Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. *Genome*, 34: 66-71.
- Çelikkale, M.S., Düzgüneş, E. and Okumuş, İ. 1999. Fisheries Sector in Turkey: Potential, Current State, Constraints and Recommendations (in Turkish). İstanbul Ticaret Odası Yayınları (İTO), No. 1999-2, Lebib A.S., İstanbul, 414 s.

- Çevik C. ve Tekelioğlu N. 1997. Seyhan Baraj Gölünde yaşayan tatlısu kereviti (*Pontastacus leptodactylus*, Esch., 1823)'nın bazı biyo-ekolojik, morfometrik özellikleri ile hastalık durumunun saptanması. IX. Su Ürünleri Sempozyumu, Eğirdir/Isparta, 1: 270-279.
- Çiftci, Y. 2003. Balıkçılık ve su ürünlerinde kullanılan genetik markır sistemleri. *Yunus Araştırma Bülteni*, 3 (3): 14-16
- Çiftci, Y. 2004. Balıkçılık ve su ürünlerinde kullanılan genetik markır sistemleri-II. *Yunus Araştırma Bülteni*, 2: 13-16.
- Das, R., Khalil, S., Mirdha, B.R., Makharia, G.K., Dattagupta, S. and Chaudhry, R. 2016. Molecular characterization and subtyping of *Blastocystis* sp. species in irritable bowel syndrome patients from North India. *PLoS One*, 11: 1, e0147055.
- Deniz, T., Harlıoğlu, M.M., Deval, M.C. 2010. A study on the morphometric characteristics of *Astacus leptodactylus* inhabiting the Thrace region of Turkey. *Knowl Manag Aquat Ec*, 397: 1-13.
- Deniz, T., Aydın, H. and Ateş, C. 2013. A study on some morphological characteristics of *Astacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823) in seven different inland waters in Turkey. *J Black Sea/Medit Env*, 19: 190-205.
- DİE 1984. Su Ürünleri İstatistikleri. T.C. Başbakanlık Devlet İstatistik Enstitüsü Yayınları, Ankara.
- DİE 1987. Su Ürünleri İstatistikleri. T.C. Başbakanlık Devlet İstatistik Enstitüsü Yayınları, Ankara.
- DİE 1996. Su Ürünleri İstatistikleri. T.C. Başbakanlık Devlet İstatistik Enstitüsü Yayınları, Ankara
- Diler, Ö., Bolat, Y. and Kusat, M. 1999. An epidemiological study on the fungal disease of *Astacus leptodactylus salinus* Nordmann, 1842 in Eğirdir Lake (In Turkish with English summary). *Süleyman Demirel Üniversitesi Eğirdir Su Ürünleri Fakülltesi Dergisi*, 6: 1-17.
- Dorn, N.J. and Wojdak, J.M. 2004. The role of omnivorous crayfish in littoral communities. *Oecologia*, 140: 150-159.
- Doukakis, P., Birstein, V.J., Ruban, G.I. and Desalle, R. 1999. Molecular genetic analysis among subspecies of two Eurasian sturgeon species, *Acipenser baerii* and *A. stellatus*. *Molecular Ecology*, 8: (12 Suppl 1), 117-127.

- Duman, E. ve Gürel, A. 2000. Keban Baraj Gölü Ağın Bölgesinde yaşayan kerevitin (*Astacus leptodactylus salinus*, Nordmann 1842) üreme özelliklerinin belirlenmesi. IV. Ulusal Su Ürün Semp, s.141-150, 28-30 Haziran, Erzurum.
- Edsman, L. 2000. Crayfish conservation in Sweden, lessons to learn. In: Rogers, D. ve Brickland, J. (Eds.), Proc Crayfish Conf., 26/27 April 2000, Leeds. Environment Agency, Bristol, pp. 19-23.
- Edsman, L., Farris, J.S., Kallersjö, M. and Prestegard, T. 2002. Genetic differentiation between noble crayfish, *Astacus astacus* (L.) populations detected by microsatellite length variation in the rDNA ITS1 region. *Bull. Fr. Peche Piscic*, 367:691-706.
- Edsman, L., Füreder, L., Gherardi, F. and Souty-Grosset, C. 2010. *Astacus astacus*. The IUCN Red list of threatened species 2010: e.T2191A9338388. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2010-3.RLTS.T2191A9338388.en>. Downloaded on 10 September 2021.
- Erençin, Z. and Köksal, G. 1977. Studies on the freshwater crayfish (*Astacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823) in Anatolia. *Freshwater Crayfish*, 3:187-192.
- Erişir, M., Barım, Ö.Ö., Özçelik, M. and Harlıoğlu, M.M. 2006. The effect of dietary vitamin E on the arginase activity in the females of freshwater crayfish. *Astacus leptodactylus*, Esch. 1823). *Turk J Vet Anim Sci*. 30 (2): 195-199.
- Excoffier, L., Smouse, P.E. and Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131 (2): 479-491.
- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. 2006. ARLEQUIN version 3.01: an integrated software package for population genetics data analysis. University of Bern, Institute of Zoology, Switzerland.
- FAO 2020. Fisheries and aquaculture statistics. [Son erişim tarihi: 11 Mart 2020]
- Farhadi, A. and Harlıoğlu, M.M. 2018. Elevated water temperature impairs gamete production in male narrow-clawed crayfish *Pontastacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823). *Knowl Manag Aquat Ec.*, 419, 40.
- Fetzner, J.W. and Crandall, K.A. 1999. Genetic variability within and among populations of the golden crayfish (*Orconectes luteus*): A comparison using amplified fragment length polymorphisms (AFLPs) and mitochondrial 16S gene sequences. *Freshwater Crayfish*, 12: 396-412.
- Fetzner, J.W. and Crandall K.A., 2001. Genetic variations. In: Holdich, D.M. (Ed.), Biology of freshwater crayfish. Blackwell Scientific, Oxford, UK, pp.291-326.

- Fevolden, S.E. and Hessen, D.O. 1989. Morphological and genetic differences among recently founded populations of noble crayfish (*Astacus astacus*). *Hereditas*, 110:149-158.
- Fevolden, S.E., Taugbøl, T. and Skurda, J. 1994. Allozymic variation among populations of noble crayfish, *Astacus astacus* L., in southern Norway: implications for management. *Aquaculture and Fisheries Management*, 25:927-935.
- Freeman, S. ve Herron, C.J. 2009. Evrimsel analiz. Palme Yayıncılık, Ders kitabı, Ankara, 708s.
- Geldiay, R. 1949. Çubuk Barajı ve Emir Gölünün makro ve mikro faunasının mukayeseli incelenmesi. *Ankara Üniversitesi, Fen Fakültesi Mecmuası*, 2:146-252.
- Geldiay, R. and Kocataş, A. 1970. The preliminary report about the taxonomy and distribution of *Astacus* (Decapoda) of Turkey. *Sci. Rep. Fac. Sci.*, 94: 1-7.
- Georges, M., Mishra, A., Sargeant, L., Steele, M. and Zhao, X. 1990. Progress towards a primary DNA marker map in cattle. 4th World Congress Genetics Applied Livestock Production 13, 107-112
- Glaubitz, J.C. 2004. CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Notes*, 4: 309-310.
- Goddard, J.S. 1988. Food and feeding. In: Holdich, D.M., Lowery, R.S. (Eds.), *Freshwater crayfish: Biology, management and exploitation* Portland (OR): Timber Press, pp. 145-166.
- Goldstein, D.B. Linares, A.R. Cavalli-Sforza L.L. and Feldman, M.W. 1995. An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. *Genetics*, 139:463-471.
- Goudet, J. 1995. FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-Statistics. *J. Heredity*, 86: 485-486.
- Gouin, N., Grandjean, F. and Souty-Grosset, C. 2000. Characterization of microsatellite loci in the endangered freshwater crayfish *Austropotamobius pallipes* (Astacidae) and their potential use in other decapods. *Molecular Ecology*, 9:629-644.
- Gouin, N., Grandjean, F., Bouchon, D., Reynolds, J.D. and Souty-Grosset, C. 2001. Population genetic structure of the endangered freshwater crayfish *Austropotamobius pallipes*, assessed using RAPD markers. *Heredity*, 87: 80-87.

- Gouin, N., Souty-Grosset, C., Ropiquet, A. and Grandjean, F. 2002. High dispersal ability of *Austropotamobius pallipes* revealed by microsatellite markers in a French brook. *Bull. Fr. Pêche Piscic*, 367:681-689.
- Gouin, N. Grandjean, F., Pain, S., Souty-Grosset, C. and Reynolds, R. 2003. Origin and colonization history of the white-clawed crayfish, *Austropotamobius pallipes*, in Ireland. *Heredity*, 91:70-77.
- Gouin, N., Grandjean, F. and Souty-Grosset, C. 2006. Population genetic structure of the endangered crayfish *Austropotamobius pallipes* in France based on microsatellite variation: biogeographical inferences and conservation implications. *Freshwater Biology*, 51:1369-1387.
- Gouin, N., Grandjean, F. and Souty-Grosset, C. 2011. Disentangling the impact of demographic factors on population differentiation of an endangered freshwater crayfish (*Austropotamobius pallipes*) using population density and microsatellite data. *Freshwater Biology*, 56:2105-2118
- Grandjean, F. and Souty-Grosset C. 1997. Preliminary results on the genetic variability of mitochondrial DNA in the signal crayfish, *Pacifastacus leniusculus* Dana. *C R Acad Sci III*, 320(7):551-6.
- Grandjean, F., Harris D.J., Souty-Grosset C. and Crandall, K.A. 2000. Systematics of the European endangered crayfish species *Austropotamobius pallipes* (Decapoda: Astacidae). *J. Crustacean Biology*, 20: 522-529.
- Grandjean, F. Frelon-Raimond, M. and Souty-Grosset, C. 2002. Compilation of molecular data for the phylogeny of the genus *Austropotamobius*: one species or several. *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, 367: 671-680.
- Gross, R., Palm, S., Kõiv, K., Prestegard, T., Jussila, J., Paaver, T., Geist, J., Kokko, H., Karjalainen, A. and Edsman, L. 2013. Mikrosatellite markers reveal clear geographic structuring among threatened noble crayfish (*Astacus astacus*) populations in Northern and Central Europe. *Conserv. Genet.*, 15, 809-821.
- Gross, R., Koiv, K., Pukk, L. and Kaldre, K. 2016. Development and characterization of novel tetranucleotide microsatellite markers in the noble crayfish (*Astacus astacus*) suitable for highly multiplexing and for detecting hybrids between the noble crayfish and narrow-clawed crayfish (*A. leptodactylus*). *Aquaculture*, 472:50-56.
- Gürel, A. and Patır, B. 2001. Keban Dam Lake crayfish (*Astacus leptodactylus*, Esch., 1823) Meat yield and chemical composition. *Selçuk University Journal of Veterinary Science*, 17-2: 23-30.

- Güner, U. 2000. Some morphometric characteristics of crayfish (*Pontastacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) in Işıklı Lake (Denizli), Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir, 65s.
- Güner, U. 2010. Cadmium bioaccumulation and depuration by freshwater crayfish *Astacus leptodactylus*. *Ekoloji*, 19-77: 23-28.
- Güner, U. and Harlioğlu, M.M. 2010. Status of freshwater crayfish distribution in Thrace Region of Turkey. *Reviews in Fisheries Science*. 18(1):1-6.
- Güven, E. Çolak, S. ve Savaş, E. 2002. İznik Gölü'ndeki kerevitlerin (*Astacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) üreme döneminin tespiti. *İÜ Su Ürün Derg*, 13:35-51.
- Harlioğlu, M.M. and Köprücü, K. 2000. An investigation on the vitamin A2 C E and carotene contents of freshwater crayfish *Astacus leptodactylus*, Eschscholtz 1823. *FÜ Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*. 12(2): 277-181.
- Harlioğlu, M.M. and Holdich, D.M. 2001. Meat yields in the introduced crayfish, *Pacifastacus leniusculus* and *Astacus leptodactylus*, from British waters. *Aquaculture Research*, 32: 411-417.
- Harlioğlu, M.M. 2004. The present situation of freshwater crayfish, *Astacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823) in Turkey. *Aquaculture*, 230: 181-187.
- Harlioğlu, M.M. and Harlioğlu, A.G. 2004. The harvest of freshwater crayfish *Astacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823) in Turkey. *Rev Fish Biol Fish*, 14: 415-419.
- Harlioğlu, M.M. ve Harlioğlu, A.G. 2005. Eğirdir, İznik Gölleri ve Hirfanlı Baraj Gölünde avlanan tatlı su kereviti *Astacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823)un morfometrik analizleri ile et verimlerinin karşılaştırılması, *FÜ Fen ve Müh Bil Derg*, 17: 412-423.
- Harlioğlu, M.M. and Guner, U. 2006. Studies on the recently discovered crayfish, *Austropotamobius torrentium* (Shrank, 1803), in Turkey: Morphological analysis and meat yield. *Aquaculture Research*, 37: 538-542.
- Harlioğlu, M.M. and Guner, U. 2007. A new record of recently discovered crayfish, *Austropotamobius torrentium* (Shrank, 1803), in Turkey. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture-Connaissance Et Gestion Du Patrimoine Aquatique*, 387: 1-5.
- Harlioğlu, M.M. 2008. The harvest of the freshwater crayfish *Astacus leptodactylus* Eschscholtz in Turkey: Harvest history, impact of crayfish plague, and present distribution of harvested populations. *Aquaculture International*, 16: 351-360.

- Harlioğlu, M.M. and Harlioğlu, A.G. 2009. The Status of Freshwater Crayfish (*Astacus leptodactylus*, Eschscholtz) Fisheries in Turkey. *Reviews in Fisheries Science*, 17-2: 187-189.
- Harlioğlu, A.G. 2011. Present status of fisheries in Turkey. *Rev in Fish Biol and Fisheries*, 9: 1-14.
- Harlioğlu, M.M. ve Farhadi, A. 2017. Türkiye'ye İthal Edilen Kerevit Türlerinin Çevre Üzerine Oluşturabileceği Olumsuz Etkiler. *Fırat Üniv. Müh. Bil. Dergisi*, 29(1): 247-259, 248-259.
- Harris D.J. and Crandall K.A. 2000. Intragenomic variation within ITS1 and ITS2 of freshwater crayfishes (Decapoda: Cambaridae): implications for phylogenetic and microsatellite studies. *Mol. Biol. Evol.*, 17: 284-291.
- Hartl, D.L. and Clark, A.G. 2007. Principles of Population Genetics, Fourth Edition, Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA, 635 p.
- Hessen, D.O., Kristiansen, G. and Skurdal, J. 1993. Nutrient Release From Crayfish, and Its Potential Impact on Primary Production in Lakes. *Freshwater Crayfish*, 9: 311-317.
- He, L., Xie, J., Li, Q., Zhao, Y., Wang, Y., and Wang, Q. 2013. Isolation and Characterization of Polymorphic Microsatellite Loci in the Redclaw Crayfish, *Cherax quadricarinatus*. *Journal of Aquaculture*, 4:1.
- Hillel, J., Groenen, MA., Tixier-Boichard, M., Korol, AB., David, L., Kirzhner, VM., Burke, T., Barre-Dirie, A., Crooijmans, RP., Elo, K., Feldman, MW., Freidlin, PJ., Mäki-Tanila, A., Oortwijn, M., Thomson, P., Vignal, A., Wimmers, K. and Weigend, S. 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet Sel Evol.*, 35(5):533-57
- Hofmann, J. 1971. Die Flusskrebse: Biologie, Haltung und wirtschaftliche Bedeutung. P. Parey, Hamburg, 102 p.
- Hoelzel, A.R. 1998. Molecular genetic analysis of populations: A Practical approach (Second Edition) Oxford University Press, 468 p.
- Hogger, J.B. 1988. Ecology, population biology and behaviour. In: Holdich, D.M. ve Lowery, R.S. (Eds.), Freshwater crayfish: Biology, management and exploitation. Chapman & Hall, London, pp.114-144.
- Holdich, D.M., Rogers, W.D. and Reynolds, J.D. 1999. Native and alien crayfish in the British Isles. In: Gherardi F. and Holdich D.M. (Eds.), Crayfish in Europe as alien species, how to make the best of a bad situation. A.A. Balkema, Rotterdam, pp. 221-235.

- Holdich, D.M. 2002. Present distribution of crayfish in Europe and some adjoining countries. *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, 367: 611–650.
- Holdich, D.M. Peay, S. Foster, J. Hiley, P.D. and Brickland, J.H. 2006. Studies on the white-clawed crayfish (*Austropotamobius pallipes*) associated with muddy habitats. *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, 380-381, 1055–1078.
- Jones, R. 1984. Assessing the effects of in exploitation pattern using length composition data (With notes on VPA and cohort analysis). *FAO Fisheries Technical Paper*, 256: 188 p.
- Kalaycı, G. and Akhan, S. 2016. Molecular identification of *Astacus leptodactylus* and *Austropotamobius torrentium* using mtDNA-RFLP method. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 16: 789-795.
- Karaman, M.S. 1962. Ein Beitrag zur systematik des Astacidae (Decapoda). *Crustaceana*, 3:173-191.
- Karlı, T., Karabağ, K. ve Balcıoğlu, M.S. 2013. Çiftlik hayvanlarında DNA teknolojileri ve biyoteknoloji kullanımı. İç Anadolu Bölgesi 1. Tarım ve Gıda Kongresi. Cilt III (Hayvansal Üretim), 46-52, 2-4 Ekim, Niğde.
- Karlı, T. 2015. Ankara tavukçuluk araştırma istasyonunda bulunan kahverengi yumurtacı saf hatlarda genetik varyasyonun mikrosatellit markerler kullanılarak belirlenmesi. Doktora tezi, Akdeniz Üniversitesi, Antalya. 117 s.
- Kasap, H., Kasap, M., Demirhan, O., Alptekin, Y., Lüleyap, Ü., Pazarbaşı, A. ve Güzel, İ.A. 2010. Genom Organizasyonu: DNA dizileri ve kromozom. In: Kasap, H. (Ed.), Tıbbi biyoloji ve genetik. Nobel Kitabevi, Özyurt Matbaası, Adana, 268-269.
- Kibar H. 2012. Design and management of postharvest potato (*Solanum tuberosum* L.) storage structures. *Ordu University J Sci Technol*, 2:23-48.
- Kimura, M. and Crow, J.F.V. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49: 725-38.
- Kouba, A., Petrusek, A. and Kozák, P. 2014. Continental- wide distribution of crayfish species in Europe: update and maps. *Knowl. Manag. Aquat. Ecosyst.*, 413, 05p1-05p31.
- Kokko, H., Harlioglu, M.M., Aydın, H., Makkonen, J., Gökmen, G., Aksu, Ö. and Jussila, J.J. 2018. Observations of crayfish plague infections in commercially important narrow-clawed crayfish populations in Turkey. *Knowl Manag Aquat Ec.* 419, 10.

- Köksal, G. 1980. Biometric analysis on the freshwater crayfish (*Astacus leptodactylus* Esch 1823) which is produced in Turkey relationship between major body components and meat yields. *J. Fac. Veteri. Medi. Univ. of Ankara*, 26: 93-114.
- Köksal, G. 1982. Akşehir Gölü istakozunun (*Astacus leptodactylus salinus* Nordmann, 1842) Sakaryabaşı Balık Üretim ve Araştırma İstasyonunda üretimi ve genç yavruların beslenmesi üzerinde incelemeler. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Doçentlik Tezi, Ankara, 133s.
- Köksal, G. 1985. Kültür koşulları altında tatlı su istakozunun (*Astacus leptodactylus salinus* Normdan, 1842) üreme randımanı üzerine incelemeler. *Ege Su Ürünleri Dergisi*, 2, 42-56.
- Köksal, G. 1988. *Pontastacus leptodactylus* in Europe. In: Holdich, D.M. and Lowery, R.S. (Eds.), *Freshwater crayfish: Biology, management and exploitation*, Croom Helm, London and Timber Press, Oregon, pp. 365-400.
- Köksal, G., Korkmaz, A.Ş. and Kırkağaç, M. 2003. Investigation of freshwater crayfish population (*Pontastacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) in Ankara Dikilitaş Pond. *A.U. Faculty of Agriculture J. Agri. Sci.*, 9: 51-58.
- Khoshkholgh, M. and Nazari, S. 2015. Genetic variation in the narrow-clawed crayfish (*Astacus leptodactylus*) populations as assessed by PCR-RFLP of mitochondrial COI gene. *Mol. Biol. Res. Commun.*, 4: 225-237.
- Khoshkholgh, M. and Nazari, S. 2018. Population molecular analysis among the narrow-clawed crayfish (*Astacus leptodactylus*) based on microsatellite DNA loci. *Iranian Journal of Animal Biosystematics*, 14(1):15-27.
- Khoshkholgh, M. and Nazari, S. 2019. The genetic diversity and differentiation of narrow-clawed crayfish *Pontastacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823) (Decapoda: Astacidea: Astacidae) in the Caspian Sea Basin, Iran as determined with mitochondrial and microsatellite DNA markers. *Journal of Crustacean Biology*, 39:112-120.
- Kõiv, K., Gross, R., Paaver, T. and Kuehn, R., 2008. Isolation and characterization of first mikrosatellite markers for the noble crayfish, *Astacus astacus*. *Conserv. Genet.*, 9:1703-1706.
- Kõiv, K., Gross, R., Paaver, T., Hurt, M. and Kuehn, R. 2009. Isolation and novel microsatellite DNA markers in the noble crayfish, *Astacus astacus*. *Anim. Genet.*, 40: 124-126.

- Krane, D.E., Sternberg, D.C. and Burton, G.A. 1999. Randomly amplified polymorphic DNA profile-based measures of genetic diversity in crayfish correlated with environmental impacts. *Environ. Toxicol. Chem.*, 18:504-508.
- Kumlu, M. 1998. Karides, istakoz ve midye yetiştiriciliği. Çukurova Üniv. Su Ürün. Fak., Ders Kitabı No:6, 340 s.
- Kurun, A., Balkıs, N., Erkan, M., Balkıs, H., Aksu, A. and Ersan, M.S. 2010. Total metal levels in crayfish *Astacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823), and surface sediments in Lake Terkos, Turkey, *Environmental Monitoring and Assessment*, 169: 385-395.
- Laggis, A., Baxevanis, D.A., Charalampidou, A., Maniatsi, S., Triantafylidis, A. and Abatzopoulos, J.T. 2017. Microevolution of the noble crayfish (*Astacus astacus*) in the Southern Balkan Peninsula. *BMC Evolutionary Biology*, 17, 122.
- Lande, R. 1980. The genetic covariance between characters maintained by pleiotropic mutations. *Genetics*, 94: 203–215.
- Lande, R. 1981. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. *Genetics*, 99:541–553.
- Largiadér, C.R., Herger, F., Lörtscher, M. and Scholl, A. 2000. Assessment of natural and artificial propagation of the white-clawed crayfish (*Austropotamobius pallipes* species complex) in the Alpine Region with nuclear and mitochondrial markers. *Mol. Ecol.*, 9: 25–37.
- Lee, D.O'C. and Wickens, J.F. 1992. Crustacean Farming: Ranching and Culture. Wiley-Blackwell Publishing, 464 p.
- Liu, Z.J. and Cordes, J.F. 2004. DNA marker Technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238: 1-37.
- Liu, K. and Muse, S. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21: 2128-2129.
- Macaranas, J.M., Mather, P.B., Hoeben, P. and Capra, M.F. 1995. Assessment of genetic variation in wild populations of the redclaw crayfish (*Cherax quadricarinatus*, von Martens 1868) by means of allozyme and RAPD-PCR markers. *Marine and Freshwater Research*, 46:1217-1228.
- Maguire, I., Podnar, M., Jelić, M., Štambuk, A., Schrimpf, A., Schulz, H. and Klobučar, G., 2014. Two distinct evolutionary lineages of the *Astacus leptodactylus* species-complex (Decapoda: Astacidae) inferred by phylogenetic analyses. *Invertebrate Systematics*, 28(2):117-123.

- Mantel, N. A. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res.*, 27:209-220.
- Matallanas, B., Ochando, D.M., Alonso, F. and Callejas, C. 2013. Phylogeography of the white-clawed crayfish (*Austropotamobius italicus*) in Spain: inferences from microsatellite markers. *Mol. Biol. Rep.*, 40:5327-5338.
- Matthews, M. and Reynolds, J.D. 1992. Ecological impact of crayfish plague in Ireland. *Hydrobiologia*, 234: 1-6.
- Mazlum, Y. 2007. Stocking density affects the growth, survival, and cheliped injuries of third instars of narrow-clawed crayfish, *Pontastacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823 juveniles, *Crustaceana*, 80, 803-815.
- Mazlum Y. ve Uzun C. 2008. Korunak tiplerinin *Pontastacus leptodactylus* (Eschscholtz, 1823) kerevitlerinin büyümesi, hayatta kalması ve yem değerlendirmesi üzerine etkileri. *Journal of Fisheries Science*, 2, 321-328
- Mazlum, Y. ve Yılmaz, E. 2012. Kerevitlerin biyolojisi ve yetiştiriciliği. Mustafa Kemal Üniversitesi Yayınları: No:34, 17-58.
- Merzeci, K. 2009. Ülkemizde kerevit ihracatının dün-bugün-yarını. Doğal Kaynaklarda Kerevit Stoklarının Korunması ve Yönetimi Çalıştayı, 25-26 Haziran, Eğirdir, Isparta.
- Momot WT, Gowing H, Jones PD. 1978. The dynamics of crayfish and their role in ecosystems. *The American Midland Naturalist*, 99(1):10-35.
- Momot, W.T. 1995. Redefining the role of crayfish in aquatic ecosystems. *Reviews in Fisheries Science*, 3: 33-63.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106:283-292.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
- Nei, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York, 512 p.
- Nyström, P. and Strand, J.A. 1996. Grazing by a native and an exotic crayfish on aquatic macrophytes. *Freshwater Biology*, 36: 673-682.
- Nyström, P. 2002. Ecology. In: Holdich, D.M. (Ed.), Biology of freshwater crayfish. Blackwell Scientific, Oxford, pp. 192-235.
- O'leary, S.J. Dunton, K.J. King, T.L. Frisk, M.G. and Chapman, D.D. 2014. Genetic diversity and effective size of Atlantic sturgeon, *Acipenser oxyrinchus*

- oxyrhinchus* river spawning populations estimated from the microsatellite genotypes of marine-captured juveniles. *Conservation Genetics*, 15: 1173-1181.
- Özkan, E. 2005. Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının mikrosatelitler ile incelenmesi. Doktora Tezi, Trakya Üniversitesi, Edirne, 190 s.
- Piry, S., G. Luikart and J.M. Cornuet, 1999. Bottleneck: A computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *Journal of Heredity*, 90(4): 502-503.
- Pritchard, J.K. Matthew, S. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155 (2): 945-959.
- Queller, D.C., Strassmann, J.E. and Hughes, C.R. 1993. Microsatellites and kinship. *Trends in Ecology and Evolution*, 8: 285-288.
- Rahe, R. and Soylu, E. 1989. Identification of the pathogenic fungus causing destruction to Turkish crayfish stocks (*Astacus leptodactylus*). *J. Invertebr. Pathol.*, 54:10-15.
- Ramamoorthi, J., Thilagam, K., Sivaselvam, S.N. and Karthickeyan, S.M.K. 2009. Genetic characterization of Barbari goats using microsatellite markers. *J. Vet. Sci.*, 10(1): 73–76.
- Ramasamy, R.K., Ramasamy, S., Bindroo, B.B. Naik, G. 2014. STRUCTURE PLOT: a program for drawing elegant STRUCTURE bar plots in user friendly interface. *SpringerPlus*, 3, 431.
- Revidatti, M.A. Delgado, Bermejo, J.V. Gama, L.T. Landi Periat, V., Ginja, C., Alvarez, L.A. Vega-Pla, J.L. and Martinez A.M. 2014. Genetic characterization of local Criollo pig breeds from the Americas using microsatellite markers. *J. Animal Science*, 92: 4823-4832.
- Reynolds, J.D. 1988. Crayfish extinctions and crayfish plague in Ireland. *Biol. Cons.*, 45: 279–285.
- Rosenberg, N.A., Burke, T., Elo, K., Feldman, M.W., Freidlin, P.J., Groenen, M.A.M., Hillel, J., Maki-Tanila, A., Tixier-Boichard, M., Vignal, A., Wimmers, K. and Weigend, S. 2001. Empirical evaluation of genetic clustering methods using multilocus genotypes from 20 chicken breeds. *Genetics*, 159; 699-713.
- Rousset, F. and Raymond. M. 1997. Statistical analyses of population genetic data: New tools, old concepts. *Trends Ecol. Evol.* 12: 313–317.
- Sabir, J. Mutwakil, M. EL-Hanay, A. Al-Hejin, A. Sadek, M.A. Abou-Alsoud, M. Qureshi, M. Saini, K. and Ahmed, M. 2014. Applying molecular tools for

- improving livestock performance: From DNA markers to next generation sequencing technologies. *J. Food Agriculture & Environment*, 12 (2): 541-553.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.
- Schlötterer, C. and Tautz, D. 1992. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Research*, 20: 211-215.
- Schulz, R. 2000. Status of the noble Crayfish *Astacus astacus* (L.) in Germany: Monitoring protocol and the use of RAPD markers to assess the genetic structure of populations. *Bull. Fr. Pêche Piscic.* 356, 123-138.
- Schulz, H., Śmietana, P., Maiwald, T., Oidtmann, B. and Schulz, R. 2004. Case studies on the co-occurrence of *Astacus astacus* (L.) and *Orconectes limosus* (Raf.), snapshots of a slow displacement. *Freshwater Crayfish*, 15:212-219.
- Schulz, H., Śmietana, P., and Schulz, R., 2006. Estimating the human impact on population of the endangered noble crayfish *Astacus astacus* (L.) in north-western Poland. *Aquat. Conser. Mar. Freshw. Ecosyst.*, 16: 223-233.
- Schrimpf, A., Theissinger, K., Dahlem, J., Maguire, I., Pârvulescu, L., Schulz, H.k., Schulz, R., 2014. Phylogeography of noble crayfish (*Astacus astacus*) reveals multiple refugia. *Freshwater Biology*, 59:761-776.
- Simon, D.L. and Buchenauer, D. 1993. Genetic diversity of european livestock breeds. European Association for Animal Production, Publication No. 66. Wageningen Press, Wageningen.
- Sinclair, E.A., Fetzner, J.W.Jr., Buhay, J. and Crandall, K.A. 2004. Proposal to complete a phylogenetic taxonomy and systematic revision for freshwater crayfish (Astacidea). *Freshwater Crayfish*, 14:21-29.
- Skurdal, J. and Taugbøl, T. 2002. *Astacus*. In: Holdich, D.M, (Ed.), *Biology of freshwater crayfish*. Blackwell Science Ltd., Oxford, UK, pp. 467-510
- Soroka, M. 2008. Application of mitochondrial DNA in the identification of diverse crayfish species. *Polish Journal of Natural Sciences*, 23: 624-634.
- Souty-Grosset, C., Grandjean, F., Raimond, R., Frelon, M., Debenest, C. and Bramard, M. 1997. Conservation genetics of the white-clawed crayfish *Austropotamobius pallipes*: the usefulness of the mitochondrial DNA marker. *Bull. Fr. Pêche. Piscic.*, 347: 677-692.

- Starobogatov, Ya.I. 1995. Taxonomy and geographical distribution of crayfishes of Asia and East Europe (Crustacea Decapoda Astacoidei). *Arthropoda Selecta*, 4(3-4): 3-25.
- Statzner, B., Peltret, O. and Tomanova, S. 2003. Crayfish as geomorphic agents and ecosystem engineers: Effect of a biomass gradient on baseflow and flood-induced transport of gravel and sand in experimental streams. *Freshwater Biol.*, 48(1):147-163.
- Tadano, R., Kinoshita, K., Mizutani, M. and Tsudzuki, M. 2014a. Comparison of microsatellite variations between Red Junglefowl and a commercial chicken gene pool. *Poultry Science*, 93(2): 318-325.
- Tadano, R., Nunome, M., Mizutani, M., Kawahara-Miki, R., Fujiwara, A., Takahashi, S., Kawashima, T., Nirasawa, K., Ono, T., and Matsuda, Y. 2014b. Cost-effective development of highly polymorphic microsatellite in Japanese quail facilitated by next-generation sequencing. *Animal Genetics*, 45 (6): 881-884.
- Takezaki, N. and Nei, M. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144(1):389-99.
- Takezaki, N., Nei, M. and Tamura, K. 2010. POPTREE2: software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with Windows interface. *Molecular Biology and Evolution*, 27 (4):747-752.
- Taylor, C.A., Warren M.L., Fitzpatrick J.F., Hobbs, H.H., Jezerinac, R.F., Pflieger, W.L. and Robison, H.W. 1996. Conservation status of crayfishes of the United States and Canada. *Fisheries*, 21(4):25-38.
- Tchekashina, N.Y. 1977. Survival, growth, and feeding dynamics of juveniles swamp crayfish in Louisiana rice fields. *Southeast Assoc. Game and Fish Comm.*, 17: 180-186.
- Teneva, A. 2009. Molecular markers in animal genome analysis. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 25(5-6):1267-1284.
- Tende, T., Hansson, B., Ottosson, U. and Bensch, S. 2014. Evaluating preservation medium for the storage of DNA in African lion *Panthera leo* faecal samples. *Current Zoology*, 60(3): 351- 358.
- Timur, M. ve Timur, G. 1988. Çivril (Işık) ve Eğirdir Gölü tatlısu ıstakozlarında (*Astacus leptodactylus*) görülen plague hastalığı üzerinde bir araştırma. *Su Ürün. Müh. Derg.*, 1: 1-10.

- Timur, G. 1990. Crayfish plaque in some lakes of Turkey. *Bull. Eur. Ass. Fish Pathol.*, 10(4):100-103.
- Timur, G., Timur, M. ve Diler, Ö. 2010. Türkiye’de kerevit vebası hastalığının bazı göllerdeki kerevit stoklarına etkisi. *SDÜ Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi*, 6(2): 32-38.
- Togan, İ., Soysal, M.İ., Altunok, V., Özkan, E. ve Koban, E., 2003. Populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan yeni istatistik yöntemler. GAP 3. Tarım Kongresi, 2-3 Ekim, Harran Üniv. Ziraat Fak., Şanlıurfa.
- Toro, M.A. Fernandez, J. Caballero, A. 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science*, 120: 174–195.
- TÜİK 2016. Su ürünleri istatistikleri 2015. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=97&locale=tr>. [Son erişim tarihi: 20.12.2017]
- TÜİK 2017. Su ürünleri istatistikleri 2016. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=97&locale=tr>. [Son erişim tarihi: 20.12.2017]
- TÜİK 2020. Su Ürünleri İstatistikleri. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=97&locale=tr>. [Son erişim tarihi: 5 Haziran 2020].
- Tüten Sevim, E. ve Karabağ, K. 2018. Hayvan Biyoteknolojisinde filogenetik analizler için kullanılan yazılımlar. *Akademia Mühendislik ve Fen Bilimleri Dergisi*, 6:128-134.
- Unestam, T. 1969. Resistance to the crayfish plague in some American, Japanese and European crayfishes. *Drottningholm, Rep. Inst. Freshw. Res.*, 49: 202–209.
- Unestam, T., and Weiss, D.W. 1970. The host-parasite relationship between freshwater crayfish and the crayfish disease fungus *Aphanomyces astaci*: Responses to infection by a susceptible and a resistant species. *J. Gen. Microbiol.*, 60: 77–90.
- Unestam, T. 1972. On the host range and origin of the crayfish plague fungus. *Drottningholm, Rep. Inst. Freshw. Res.*, 52: 192–198 .
- Unestam, T. 1975. Defence reactions in and susceptibility of Australian and New Guinean freshwater crayfish to European-crayfish-plague fungus. *Aust. J. Exp. Biol. Med. Sci.*, 53: 349–359.
- Ün, C., Wimmers, K., Ponsuksılı, S., Schmoll F. ve Schellander, K. 2000. Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları. *Hayvansal Üretim*, 41: 9-14.
- Wallace, J.B., Eggert, S.L., Meyer, J.L., Webster, J.R. 1997. Multiple trophic levels of a forest stream linked to terrestrial litter inputs. *Science*, 277: 102-104.

- Weir, B.S. and Cockerman, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the Analysis of Population, *Evolution*, 38: 1358-1370.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by f-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19 (3): 395-420.
- Wright, S. 1978. Variability Within and Among Natural Populations, Vol:4, The Univ. of Chicago Pres, Chicago.
- Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T.B.J., Ye, Z.H. and Mao, J.X. 1997. POPGENE, the User Friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Alberta, Canada.
- Yıldırım, Ö. ve Okumuş, İ. 2004. Muğla İlinde su ürünleri yetiştiriciliği ve Türkiye su ürünleri yetiştiriciliğindeki yeri. *E.Ü. Su Ürünleri Dergisi*, 21(3-4): 361-364.
- Yılmaz, E. Harlıoğlu, A.G. ve Yılmaz, A. 2011. Gaga Gölü (Ordu, Türkiye)'nden yakalanan tatlısu ıstakozu (*Astacus leptodactylus* Eschscholtz, 1823)'nda ağırlık-uzunluk ilişkisi ve et verimi. *Su Ürünleri Dergisi*, 28(3): 75-80.
- Yüksel, F. 2007. Keban Baraj Gölü kerevit (*Pontastacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) populasyon büyüklüğünün araştırılması, Doktora Tezi, Fırat Üniversitesi, Elazığ, 69 s.
- Yüksel, F. and Duman, E. 2012. An investigation on some morphologiccal characteristics of crayfish in Keban Dam Lake, *J Fisheries Sciences*, 6: 271-281.
- Yüksel, F. Demirel, F. and Gündüz, F. 2013. Leslie Population estimation for Turkish crayfish (*Astacus leptodactylus* Esch., 1823) in the Keban Dam Lake, Turkey. *Turk J Fish Aquat Sci.* 13(5):835.
- Zengin, M. and Kurtoğlu, I.Z. 2006. Trabzon Sera Gölündeki kerevit popülasyonunun durumu üzerine bir ön değerlendirme. *Yunus Araştırma Bülteni*, 6(2): 6-7.
- Zhang, Y., Negishi, J.N., Richardson, J.S. and Kolodziejczyk, R. 2003. Impact of marine derived nutrients on stream ecosystem functioning. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B*, 270: 2117-2123.

8. EKLER

EK-1. Çalışılan populasyonlarda Aast4-7 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
136	0.050	0.053	0.050	0.175	0.350	0.100	0.000	0.200	0.000	0.000	0.025
140	0.950	0.947	0.950	0.825	0.625	0.900	0.975	0.625	0.975	1.000	0.225
144	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.100
152	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.275
156	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
160	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.025
164	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.100
N	20	19	20	20	20	20	20	20	20	20	20
Na	2	2	2	2	3	2	2	4	2	1	7
Ne	1.105	1.111	1.105	1.406	1.947	1.220	1.051	2.228	1.051	1	4.762
Ho	0	0	0	0.05	0.05	0	0.05	0.15	0.05	0	0.850
He	0.097	0.102	0.097	0.296	0.499	0.185	0.05	0.565	0.05	0	0.810

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-2. Çalışılan populasyonlarda Aast4-12 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
160	0.000	0.000	0.050	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
164	1.000	1.000	0.950	0.925	1.000	1.000	0.950	0.975	1.000	0.900	0.973
169	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000
176	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.050
n	20	19	20	20	20	20	20	20	20	20	#
Na	1	1	2	2	1	1	2	2	1	1	3
Ne	1	1	1.105	1.161	1	1	1.105	1.051	1	1	#
Ho	0.000	0.000	0.100	0.150	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.200
He	0.000	0.000	0.097	0.142	0.000	0.000	0.097	0.050	0.000	0.000	0.190
260	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-3. Çalışılan populasyonlarda Aast4-40 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
140	0.000	0.000	0.053	1.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000
164	0.000	0.000	0.026	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
216	0.000	0.000	0.132	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.175	0.000
220	0.000	0.000	0.316	0.475	0.025	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000
224	0.000	0.778	0.237	0.475	0.050	0.050	0.000	0.025	0.000	0.675	0.000
228	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
232	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
249	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
256	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
260	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
276	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
292	0.000	0.000	0.026	0.000	0.300	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000
296	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.500	0.100	0.050	0.000	0.000	0.000
300	0.000	0.000	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
340	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
345	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
356	0.000	0.000	0.026	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
360	0.100	0.083	0.079	0.250	0.450	0.250	0.225	0.225	0.025	0.000	0.000
364	0.033	0.083	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.025
366	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000
368	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.025
370	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
372	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.000
374	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
376	0.367	0.000	0.000	0.000	0.000	0.225	0.200	0.100	0.325	0.000	0.025
378	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.025	0.000	0.000
380	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.350	0.250	0.050	0.000	0.050
384	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050

EK-3'ün devamı

388	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.025	0.000	0.050
392	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075
393	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
396	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.075
400	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
404	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.025
416	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
420	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125
460	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
464	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075
467	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000
468	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
471	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000
472	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
482	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
486	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
n	15	18	19	20	20	20	20	20	20	20	20
Na	9	4	11	6	6	6	7	15	8	4	20
Ne	4.091	1.608	5.309	3.239	3.226	3.587	4.348	7.143	3.540	2.005	15.38
Ho	0.933	0.167	0.789	0.150	0.000	0.600	0.650	0.650	0.250	0.200	0.850
He	0.782	0.389	0.834	0.709	0.708	0.740	0.790	0.882	0.736	0.514	0.959

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-4. Çalışılan populasyonlarda Aast4-43 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
249	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
253	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
256	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.025	0.075	0.000	0.000	0.027
258	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075
260	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.250
264	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.125
272	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.050	0.000	0.000	0.025
274	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
276	0.350	0.000	0.025	0.025	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.150
280	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
281	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
283	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000
284	0.100	0.026	0.175	0.250	0.025	0.075	0.050	0.025	0.025	0.000	0.000
288	0.175	0.421	0.025	0.175	0.075	0.275	0.325	0.225	0.025	0.000	0.000
292	0.225	0.316	0.300	0.275	0.500	0.300	0.275	0.175	0.250	0.225	0.000
293	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
296	0.150	0.237	0.425	0.225	0.375	0.300	0.300	0.375	0.675	0.775	0.000
300	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
365	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
n	20	19	20	20	20	20	20	20	20	20	20
Na	5	4	6	7	5	6	6	8	5	2	10
Ne	4.233	2.996	3.279	4.519	2.516	3.810	3.636	4.278	1.923	1.536	5.405
Ho	0.900	0.947	0.950	1.000	1.000	0.950	1.000	0.700	0.650	0.350	0.950
He	0.783	0.684	0.713	0.799	0.618	0.756	0.744	0.786	0.492	0.358	0.836

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He).

EK-5. Çalışılan populasyonlarda Aast4-16 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
152	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
156	0.450	0.925	0.450	0.575	0.875	0.825	0.800	0.450	0.000	1.000	0.025
160	0.050	0.000	0.075	0.075	0.025	0.000	0.025	0.125	0.000	0.000	0.025
164	0.350	0.075	0.425	0.175	0.100	0.175	0.000	0.325	1.000	0.000	0.650
169	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.225
170	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.050
172	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
180	0.150	0.000	0.050	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
185	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
268	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000
n	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20
Na	4	2	4	6	3	2	3	6	1	1	6
Ne	2.857	1.161	2.556	2.606	1.288	1.406	1.490	3.053	1.000	1.000	2.094
Ho	0.850	0.150	0.600	0.700	0.250	0.350	0.400	0.400	0.000	0.000	0.500
He	0.667	0.142	0.624	0.632	0.230	0.296	0.337	0.690	0.000	0.000	0.536

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-6. Çalışılan populasyonlarda Aast4-34 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
216	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.125
220	0.000	0.000	0.000	0.100	0.875	0.825	0.800	0.450	0.000	0.025	0.875
224	0.800	0.950	1.000	0.900	0.825	0.950	0.750	0.800	0.700	0.975	0.000
249	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
260	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
262	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
272	0.100	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
276	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000
292	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000
296	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000
n	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20
Na	5	3	1	2	2	2	5	3	2	2	2
Ne	1.530	1.107	1.000	1.220	1.406	1.105	1.728	1.490	1.724	1.051	1.280
Ho	0.150	0.100	0.000	0.000	0.050	0.000	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150
He	0.355	0.099	0.000	0.185	0.296	0.097	0.432	0.337	0.431	0.050	0.224

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-7. Çalışılan populasyonlarda Aast4-3 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
116	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
120	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
124	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
127	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
132	0.050	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
136	0.050	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
140	0.000	0.175	0.025	0.025	0.000	0.025	0.000	0.050	0.056	0.000	0.026
144	0.050	0.025	0.050	0.000	0.050	0.300	0.263	0.325	0.056	0.000	0.132
148	0.000	0.025	0.000	0.025	0.250	0.025	0.053	0.050	0.000	0.000	0.158
152	0.000	0.025	0.275	0.050	0.100	0.000	0.053	0.025	0.056	0.000	0.026
156	0.050	0.475	0.450	0.125	0.050	0.000	0.053	0.050	0.056	0.000	0.000
160	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.075	0.211	0.275	0.000	0.000	0.000
164	0.325	0.000	0.000	0.050	0.450	0.400	0.368	0.150	0.000	0.263	0.000
168	0.000	0.025	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
169	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
172	0.275	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
176	0.200	0.075	0.125	0.475	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.579	0.000
180	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
192	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
220	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.316
272	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
307	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.053	0.000
340	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.053
352	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.211
356	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.00
n	20	20	20	20	20	20	19	20	18	19	19
Na	7	10	7	10	6	8	6	8	2	5	10
Ne	4.324	3.604	3.333	3.653	3.448	3.653	3.882	4.598	3.522	2.423	5.194
Ho	0.400	0.600	0.350	0.300	0.000	0.250	0.000	0.100	0.000	0.000	0.210
He	0.789	0.741	0.718	0.745	0.728	0.745	0.762	0.803	0.737	0.603	0.829

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-8. Çalışılan populasyonlarda Aast4-33 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
180	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000
224	0.050	0.000	0.025	0.000	0.000	0.158	0.050	0.000	0.150	0.000	0.000
256	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
260	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.0000	0.175
264	0.075	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.075
266	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
268	0.425	0.350	0.225	0.175	0.325	0.275	0.325	0.225	0.075	0.925	0.100
272	0.000	0.175	0.400	0.500	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.175
276	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
280	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
296	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075
304	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000
308	0.025	0.025	0.000	0.000	0.000	0.025	0.050	0.025	0.000	0.000	0.000
312	0.175	0.000	0.000	0.000	0.075	0.300	0.350	0.025	0.400	0.000	0.000
316	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.050	0.000	0.175
324	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
348	0.000	0.000	0.050	0.000	0.025	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
352	0.125	0.175	0.300	0.325	0.525	0.275	0.225	0.300	0.025	0.050	0.000
356	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
364	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
368	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000
n	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20
Na	10	8	5	3	5	7	5	8	9	3	9
Ne	4.167	4.420	3.292	2.589	2.564	4.020	3.524	4.598	4.624	1.165	7.477
Ho	0.650	0.850	0.800	0.550	0.400	0.350	0.400	0.500	0.050	0.050	0.950
He	0.780	0.794	0.714	0.630	0.626	0.771	0.735	0.803	0.804	0.145	0.889

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-9. Çalışılan populasyonlarda Aast4-24 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
182	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.100	0.000	0.000
184	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.158	0.050	0.000	0.300	0.000	0.000
252	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
256	0.000	0.275	0.700	0.368	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
260	0.000	0.000	0.000	0.079	0.325	0.237	0.300	0.200	0.000	0.290	0.000
262	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000
264	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
268	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.237
272	0.000	0.000	0.000	0.026	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
274	0.000	0.000	0.000	0.158	0.050	0.026	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000
276	0.895	0.650	0.175	0.263	0.575	0.447	0.450	0.550	0.050	0.632	0.000
280	0.00	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
288	0.000	0.000	0.075	0.105	0.025	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
292	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.290
296	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.158
301	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
304	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.053
308	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.079
312	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.079
316	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
321	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
324	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.400	0.000	0.026
328	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.050	0.000	0.000
n	19	20	20	19	20	19	20	20	20	19	19
Na	4	3	5	6	5	8	6	8	6	3	10
Ne	1.243	1.985	1.896	4.034	2.273	3.488	3.226	2.817	3.636	2.045	5.470
Ho	0.211	0.400	0.400	0.737	0.450	0.368	0.100	0.250	0.000	0.316	0.632
He	0.201	0.509	0.485	0.772	0.574	0.733	0.708	0.662	0.744	0.525	0.839

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

EK-10. Çalışılan populasyonlarda Aast4-30 lokusunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Allel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
116	0.000	0.550	0.275	0.342	0.000	0.000	0.000	0.025	0.025	0.000	0.000
120	0.000	0.000	0.000	0.105	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
124	0.053	0.375	0.725	0.553	0.575	0.737	0.625	0.600	0.175	0.947	0.026
128	0.000	0.025	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000
132	0.895	0.050	0.000	0.000	0.250	0.263	0.375	0.200	0.800	0.053	0.500
136	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
140	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.053
144	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.395
n	19	20	20	19	20	19	20	20	20	19	19
Na	3	4	2	3	5	2	2	6	3	2	5
Ne	1.241	2.241	1.663	2.307	2.477	1.64	1.882	2.417	1.490	1.111	2.439
Ho	0.105	0.650	0.550	0.474	0.500	0.316	0.650	0.500	0.350	0.105	0.474
He	0.199	0.568	0.409	0.582	0.612	0.398	0.481	0.601	0.337	0.102	0.606

Birey sayısı (n), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk değeri (He)

ÖZGEÇMİŞ

Tuba DALAR

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Muğla Üniversitesi
2008-2010	Fen Bilimleri Enstitüsü, Su Ürünleri Yetiştiricilik Anabilim Dalı, Muğla
Lisans	Muğla Üniversitesi
2004-2008	Su Ürünleri Fakültesi, Su Ürünleri Mühendisliği, Muğla

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

1- Catli T., Yildirim O. and Turker A. (2015). The effect of different tempos of music during feeding, on growth performance, chemical body composition, and feed utilization of turbot (*Psetta maeotica*, Pallas 1814). The Israeli Journal of Aquaculture- Bamidgah, IJA_67.2015.1221

Uluslararası bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler

1- Akhan S., Çağatay İ.T., Berber S., Arli B., Taştan Y. and Çatli T. (2017). Genotyping crayfish plague fungus *Aphanomyces astaci* by RAPD from Turkey", 7th International Conference on Aquaculture and Fisheries, Roma, ITALY, 19-21 Ekim 2017, 8 (9): 54-54.

2- Akhan S., Çağatay İ.T., Berber S., Arli B., Taştan Y. and Çatli T. (2017). Molecular identification of crayfish plague (*Aphanomyces astaci*) fungus in Turkish crayfish (*Pontastacus leptodactylus*) populations by PCR and its current status. 7th International Conference on Aquaculture and Fisheries, ROMA, ITALY, 19-21 Ekim, 8 (9): pp.44-44.

3- Akhan S., Çatli T. and Arli B. (2017). History, present status and future perspectives of crayfish (*Pontastacus leptodactylus*, Eschscholtz, 1823) production in Turkey. I st

International Symposium on Limnology and Freshwater Fisheries, ISPARTA, TÜRKİYE, 4-6 Ekim, pp.167-167.

4- Akhan S., Çağatay İ.T., Berber S., Arli B., Taştan Y. and Çatli T. (2017). Detection of crayfish plague (*Aphanomyces astaci*) diseases in major Turkish crayfish (*Pontastacus leptodactylus*) population by PCR method and distribution of crayfish plague in Turkey. International Symposium on Animal Science (ISAS) 2017, Herceg Novi, KARADAĞ, 5-10 Haziran, pp.41-41.

