

KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

ÜLKEMİZDE YAYILIM GÖSTEREN KAHVERENGİ ALABALIK (*Salmo trutta*)'LARIN HİBRİDİZASYON VE MELEZLEŞME DURUMUNUN
BELİRLENMESİ

DOKTORA TEZİ

Melike ALEMDAĞ

KASIM 2024

TRABZON



KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

ÜLKEMİZDE YAYILIM GÖSTEREN KAHVERENGİ ALABALIK (*Salmo trutta*)'LARIN HİBRİDİZASYON VE MELEZLEŞME DURUMUNUN
BELİRLENMESİ

Melike ALEMDAĞ

Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde
"DOKTOR (BALIKÇILIK TEKNOLOJİSİ MÜHENDİSLİĞİ)"
Unvanı Verilmesi İçin Kabul Edilen Tezdir.

Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : 17 / 09 / 2024

Tezin Savunma Tarihi : 05 / 11 / 2024

Tez Danışmanı : Prof. Dr. İlhan ALTINOK

Trabzon 2024

ÖNSÖZ

“Ülkemizde Yayılım Gösteren Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta*)’ların Hibridizasyon ve Melezleşme Durumunun Belirlenmesi” adlı bu çalışma, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı’nda “Doktora Tezi” olarak hazırlanmıştır. Çalışmanın giderleri Karadeniz Teknik Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenen FBA-2021-9213 nolu ve “Ülkemizde Yayılım Gösteren Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta*)’ların Hibridizasyon ve Melezleşme Durumunun Belirlenmesi” başlıklı projeden karşılanmış olup çalışma Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, Islah ve Genetik Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

Tez çalışmam boyunca hiçbir desteğini esirgemeyen, bilgi ve deneyimleri ile bana yol gösteren kıymetli danışman hocam Prof. Dr. İlhan ALTINOK’a teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca, tez izleme komitesinde sağladığı yapıcı katkılarından dolayı Prof. Dr. Mehmet KOCABAŞ’a, verilerin değerlendirilmesi dahil tüm tez aşamasındaki katkılarından dolayı Doç. Dr. Rafet Çağrı ÖZTÜRK’e, tez çalışmamın yapılmasına imkan ve olanak sağlayan Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü’ne, Islah ve Genetik Laboratuvarındaki mesai arkadaşlarıma katkı ve desteklerinden dolayı teşekkürlerimi sunarım.

Son olarak, bu günlere gelmemde sonsuz emek ve fedakârlıkları bulunan desteğini her zaman hissettiğim sevgili annem, babam ve kardeşime teşekkürlerimi sunarım.

Melike ALEMDAĞ

Trabzon 2024

TEZ ETİK BEYANNAMESİ

Doktora Tezi olarak sunduğum “Ülkemizde Yayılım Gösteren Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta*)’ların Hibridizasyon ve Melezleşme Durumunun Belirlenmesi” başlıklı bu çalışmayı baştan sona kadar danışmanım Prof. Dr. İlhan ALTINOK’un sorumluluğunda tamamladığımı, örneklerin bir kısmının TAGEM/HAYSÜD/2001/09/03/08 kodlu Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü Destekli proje kapsamında toplandığını ve bir kısmını da kendim topladığımı, deneyleri/analizleri ilgili laboratuvarlarda yaptığımı/yaptırdığımı, başka kaynaklardan aldığım bilgileri metinde ve kaynakçada eksiksiz olarak gösterdiğimi, çalışma sürecinde bilimsel araştırma ve etik kurallara uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim. 05/11/2024

Melike ALEMDAĞ

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖNSÖZ	III
TEZ ETİK BEYANNAMESİ.....	IV
İÇİNDEKİLER.....	V
ÖZET	VII
SUMMARY	IX
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	XI
TABLolar DİZİNİ.....	XII
SEMBOLLER VE KISALTMALAR DİZİNİ	XIII
1. GENEL BİLGİLER	1
1.1. Kahverengi Alabalıkların Taksonomik Durumu	3
1.2. Kahverengi Alabalığın Dünya’da ve Türkiye’de Dağılımı	5
1.3. Kahverengi Alabalıkların Biyolojisi	7
1.4. Kahverengi Alabalıklarda Üreme ve Göç	7
1.5. Kahverengi Alabalıkların Orjinlerinin Evrimsel Gelişimi ve Hibritleşme	8
1.6. Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler	9
1.6.1. Minisatelitler	11
1.6.2. Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi	11
1.6.3. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA	11
1.6.4. Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi	12
1.6.5. Tek Nükleotit Polimorfizm	12
1.6.6. Mitokondriyal DNA.....	12
1.6.7. Mikrosatelitler	13
1.6.8. Tüm Genom Dizileme.....	14
1.7. Ebeveyn Analizi	14
1.7.1. Dışlama	15
1.7.2. Kategorik Ayırma	15
1.7.3. Kısmi Ayırma.....	16
1.7.4. Ebeveyn Yeniden Yapılandırılması	16
1.7.5. Tam Olasılık Ebeveynlik Analizi.....	16
1.7.6. Birlik Yeniden Yapılandırılması.....	16

1.8. Önceki Çalışmalar	17
1.9. Çalışmanın Amacı ve Önemi	21
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR	23
2.1. Materyal.....	23
2.2. DNA İzolasyonu.....	24
2.3. mtDNA Gen Bölgeleri, Kontrol Bölgesi ve Nükleer Bölgenin Çoğaltılması.....	25
2.4. mtDNA Dizi ve Veri Analizi.....	26
2.5. Mikrosatelit Bölgelerinin Çoğaltılması	27
2.6. Mikrosatelit Veri Analizi.....	28
3. BULGULAR.....	33
3.1. Örnekleme	33
3.2. DNA Dizi Analizi.....	34
3.2.1. COI Gen Bölgesinin Dizi Analizi	34
3.2.2. Cyt-b Gen Bölgesinin Dizi Analizi	38
3.2.3. ITS Bölgesinin Dizi Analizi.....	42
3.2.4. D-loop Bölgesinin Dizi Analizi	46
3.2.5. D-loop-COI-Cyt-b-ITS Bölgelerinin Birleşik Dizi Analizi	49
3.3. Mikrosatelit Veri Analizi.....	50
4. TARTIŞMA	59
5. SONUÇLAR.....	66
6. ÖNERİLER.....	69
7. KAYNAKLAR	70
8. EKLER.....	83
ÖZGEÇMİŞ	

Doktora Tezi

ÖZET

ÜLKEMİZDE YAYILIM GÖSTEREN KAHVERENGİ ALABALIK (*Salmo trutta*)’LARIN HİBRİDİZASYON VE MELEZLEŞME DURUMUNUN BELİRLENMESİ

Melike ALEMDAĞ

Karadeniz Teknik Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı
Danışman: Prof. Dr. İlhan ALTINOK
2024, 82 Sayfa, 8 Sayfa Ek

Kahverengi alabalık (*Salmo trutta*) *Salmonidae* familyasına mensup, geniş yayılım alanına sahip bir balık türüdür. Doğal olarak, ülkemizde de bulunmaktadır. Taknosomik durumu tartışmalı olan *Salmo trutta*’nın ülkemizde dağılım gösteren popülasyonlardan pek çok yeni tür tanımlaması yapılmıştır. Bu çalışmada 12 farklı havzadan örneklenen 37 farklı *Salmo trutta* popülasyonuna ait bireylerin genetik çeşitliliği değerlendirilmiştir. Çalışmada iki mtDNA gen bölgesi (COI, cyt-b), mtDNA’nın replikasyonunu ve transkripsiyonunu düzenleyen kontrol bölgesi (d-loop) ve nükleer ITS bölgesi analiz edilmiştir. Ek olarak popülasyonlar arası genetik çeşitliliğin belirlenmesi için 16 mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. COI gen bölgesinde 23 haplotip, cyt-b gen bölgesinde 27 haplotip, d-loop bölgesinde 87 haplotip ve ITS bölgesinde 21 haplotip belirlenmiştir. Popülasyonlar arası ayrımı en iyi yansıtan gen bölgelerinin cyt-b ve d-loop bölgeleri olduğu belirlenmiştir. Mikrosatelit veri analiz sonucunda 16 lokusun 4’ü çoğaltılamadığından analizlere dahil edilmemiştir. Geriye kalan 12 lokus ile yapılan analizler sonucunda popülasyonlar arası düşük seviyede genetik farklılık olduğu belirlenmiştir. Mekânsal varyasyon analiz sonucuna göre popülasyonların mekânsal homojenite gösterdiği ve coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasında anlamlı bir ilişki olmadığı belirlenmiştir. Ebeveyn analizinde ise 12 havzadan örneklenen 36 popülasyonun 25’inde ebeveyn atamalarının tamamı aynı popülasyona ait bireylerden oluşurken geriye kalan 11 popülasyondaki bireylerin ebeveyn atamalarında ise farklı popülasyonlardan muhtemel ebeveynlerin olabileceği belirlenmiştir. Yani 25

popölasyona ait örneklenden bireylerin farklı havzalardaki popölasyonlara ait bireyler ile hibritleşmediğı görölmektedir. Çalışmamızda elde edilen sonuçlar ışığında farklı *S. trutta* türü tanımlanan pek çok popölasyon arasındaki genetik farklılığın az olduğu tespit edilmiş, tek gen bölgesi analizine dayalı bu tür için tanımlamalarının yetersiz olduğu belirlenmiştir. Dizi analiz ve mikrosatelit analiz sonuçları ölkemizde yayılım gösteren kahverengi alabalıkların tek bir türe at popölasyonlar olduğuna işaret etmektedir. Dolayısıyla, yalnızca morfolojik özelliklere ve mitokondriyal cyt-b gen bölgesindeki birkaç baz farklılıklara dayanarak yeni tür tanımlamak oldukça yanıltıcı olabilir.

Anahtar Kelimeler: Kahverengi Alabalık, mtDNA, Mikrosatelit, Hibridizasyon, Ebeveyn Analizi

PhD. Thesis

SUMMARY

DETERMINATION of HYBRIDIZATION and CROSS-BREEDING STATUS of BROWN TROUT (*Salmo trutta*) DISTRIBUTED in TURKEY

Melike ALEMDAĞ

Karadeniz Technical University
The Graduate School of Natural and Applied Sciences
Fisheries Technology Engineering Graduate Program
Supervisor: Prof. Dr. İlhan ALTINOK
2024, 82 Pages, 8 Pages Appendix

Brown trout (*Salmo trutta*) is a widely distributed fish species belonging to the *Salmonidae* family. It's naturally distributed across our country. Taxonomic status of the Brown trout is controversial, yet numerous new species of *Salmo trutta* were discovered from different populations. In this study, the genetic diversity of *Salmo trutta*, sampled from 37 different populations in 12 different basins, was evaluated. In this thesis, two mtDNA gene regions (COI, cyt-b), the control region (d-loop) that regulates mtDNA replication and transcription, and the nuclear ITS region were analyzed. Additionally, 16 microsatellite loci were used to determine genetic diversity among populations. 20 haplotypes were determined in the COI gene region, 23 haplotypes in the cyt-b gene region, 93 haplotypes in the d-loop region, and 5 haplotypes in the ITS region. It was determined that the gene regions that best reflect the distinction between populations are the cyt-b gene region and d-loop regions. As a result of microsatellite data analysis, 4 of the 16 loci could not be amplified, and they were not included in the analysis. Based on the results performed with the remaining 12 loci, it was determined that there was a low level of genetic variation between populations. According to the results of the spatial variation analysis, the populations showed spatial homogeneity, and there was no significant relationship between geographical distance and genetic distance. In the parent analysis, in 25 of the 36 populations sampled from 12 basins, all parental assignments consist of individuals belonging to the same parts; in the remaining 11 populations, those that can be kept from different parts are stopped. Of the 25 populations sampled, individuals from different basins did not hybridize. In the light of the results obtained, it was determined that the genetic difference between populations with different S.

trutta species was low, and species definitions based on single gene region analysis were insufficient. Sequence analysis and microsatellite analysis results indicate that the brown trout distributed in our country are populations of a single species. Therefore, defining new species solely based on morphological characteristics and a few base differences in the mitochondrial cyt-b gene region can be highly misleading.

Key Words: Brown trout, mtDNA, Microsatellite, Hybridisation, Parentage analysis



ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 1. Kahverengi alabalığın doğal yaşam alanı ve aşılandığı bölgeler.....	5
Şekil 2. Kahverengi alabalığın Türkiye'deki dağılımı	6
Şekil 3. Örnekleme yapılan yerlerin havzalara göre haritadaki yerlerinin gösterimi	23
Şekil 4. COI haplotip ağı	35
Şekil 5. <i>Salmo trutta</i> 'nın COI genine dayalı çizilen filogenetik ağacı	36
Şekil 6. Cyt-b haplotip ağı	39
Şekil 7. <i>Salmo trutta</i> 'nın Cyt-b genine dayalı çizilen filogenetik ağacı	40
Şekil 8. ITS haplotip ağı	43
Şekil 9. <i>Salmo trutta</i> 'nın ITS bölgesine dayalı çizilen filogenetik ağaç.....	44
Şekil 10. D-loop haplotip ağı	47
Şekil 11. <i>Salmo trutta</i> 'nın D-loop bölgesine dayalı çizilen filogenetik ağacı	48
Şekil 12. Birleşik haplotip ağ (Dloop-COI-Cyt-b-ITS)	50
Şekil 13. Havzalar arası alel dağılım grafiği.....	52
Şekil 14. Delta K değeri grafiği	54
Şekil 15. Mikrosatelit veriler kullanılarak oluşturulan Structure bar grafiği (K=4) (1. Akdeniz havzası, 2.Aras havzası, 3. Ceyhan havzası, 4. Çoruh havzası, 5. Dicle havzası, 6. Fırat havzası, 7.Kuzey Ege havzası, 8. Batı Karadeniz havzası, 9. Doğu Karadeniz havzası, 10. Kura havzası, 11. Marmara havzası, 12. Seyhan havzası).....	55
Şekil 16. Temel koordinat analizi (PCoA).....	55
Şekil 17. Genetik mesafe ile coğrafi mesafe arasındaki ilişki (Kuş Uçuşu).....	56
Şekil 18. Genetik mesafe ile coğrafi mesafe arasındaki ilişki (Yüksekliğe bağlı)	56
Şekil 19. Mesafe ile genetik izolasyon (IBD).....	57

TABLolar DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Tablo 1. Kahverengi alabalığın sistematik durumu	4
Tablo 2. Türkiye'de dağılım gösteren <i>Salmo</i> cinsine ait türler	6
Tablo 3. mtDNA ne Nükleer DNA primerlerinin baz dizilimi	25
Tablo 4. Mikrosatelit bölgeler ve özellikleri.....	29
Tablo 5. Oluşturulan mikrosatelit gruplar.....	31
Tablo 6. Analizlerde kullanılan birey sayıları (n).....	33
Tablo 7. COI gen bölgesi haplotip dağılımı.....	34
Tablo 8. COI gen bölgesine göre haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri.....	37
Tablo 9. COI gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri	38
Tablo 10. Cyt-b gen bölgesi haplotip dağılımı	38
Tablo 11. Cytb gen bölgesine göre haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri.....	41
Tablo 12. Cyt-b gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri	42
Tablo 13. ITS bölgesi haplotip dağılımı	42
Tablo 14. ITS bölgesine göre haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri	45
Tablo 15. ITS bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri	46
Tablo 16. D-Loop bölgesi haplotip dağılımı.....	46
Tablo 17. D-loop bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri.....	49
Tablo 18. D-loop-COI-Cyt-b-ITS bölgelerinin birleşik haplotip dağılımı	49
Tablo 19. Mikrosatelit lokuslara ait istatistiksel veriler.....	51
Tablo 20. Havzalar arası hesaplanan F_{ST} değerleri	52
Tablo 21. Structure test sonuçları	54

SEMBOLLER VE KISALTMALAR DİZİNİ

AFLP	: Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi
AMOVA	: Moleküler varyans analizi
A _R	: Alelik zenginlik
BLAST	: Temel bölgesel hizalama arama aracı
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilen diamin tetra asetik asit
F _{ST}	: Fiksasyon indeksi
F _{IS}	: Akrabalı yetiştiricilik katsayısı
H _d	: Haplotip çeşitliliği
H _E	: Beklenen heterozigosite
H _O	: Gözlenen heterozigosite
HWE	: Hardy-Weinberg dengesi
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
ml	: Mililitre
mM	: Mili molar
k	: Allel sayısı
n	: Birey sayısı
nDNA	: Nükleer DNA
NCBI	: Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
PCoA	: Temel koordinat analizi
PIC	: Polimorfizm bilgi içeriği
PZR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
RAPD	: Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA
RFLP	: Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi
RNA	: Ribonükleik asit
SNP	: Tek nükleotit polimorfizm
μl	: Mikrolitre

1. GENEL BİLGİLER

Günümüzde, gelişmiş ülkelerdeki insanlar beslenmelerine dikkat etmekte ve sağlık açısından uygun gıdalar yemeyi tercih etmektedirler. Bu gıdalar arasında balık; yapısında bulunan doymamış yağ asitleri ve zengin protein içeriği ile vücudun temel besin maddelerini karşılamasının yanı sıra, yetiştiricilik ve avcılığı ile birçok insan için geçim kaynağı olmakta ve ülkelerin birbirleri arasındaki ticaretin gelişmesine katkı sağlamaktadır. Dünya çapında avlanan su ürünleri miktarında dönem dönem artma ve azalmalar yaşanırken, yetiştiricilik üretiminin yıllar içerisinde arttığı ve 2030 yılında yetiştiricilik yoluyla elde edilmesi beklenen su ürünleri miktarının avcılıkla elde edilen miktarla aynı olacağı öngörülmektedir. Bu düşünce dünyada ve ülkemizde deniz ve iç suların önemini her geçen gün artırmakla birlikte su ürünleri yetiştiriciliğini geleceğin önemli sektörlerinden biri olarak öne çıkartmaktadır (TEPGE, 2018).

Ülkemizde yetiştiricilik ile yapılan üretimin 2023 yılında 399.529 tonu denizlerde, 154.333 tonu ise iç sularda gerçekleşmiştir. Denizlerde yetiştiricilik üretimi başta levrek ve çipura olmak üzere Ege ve Akdeniz bölgelerinde yapılırken, iç sulardaki üretim ise gökkuşağı alabalığı ve kahverengi alabalık olmak üzere Karadeniz bölgesinden sağlanmaktadır (URL-1).

İnsan tüketiminde kullanılan balıkların büyük bir kısmı avcılıktan elde edilmektedir. Bu durum, popülasyonları aşırı baskılamakta ve balık gen kaynaklarını azaltmaktadır. Ayrıca doğal su kaynaklarının bozulması, habitatların tahrip edilmesi, balıkların kullandığı besinlerin çeşitli şekillerde ortamdan uzaklaştırılması, iklim değişikliğinin neden olduğu su sıcaklıklarının artması, akarsu rejimlerinin değişmesi, aşırı kirlilik ve çeşitli aktivitelerle habitatlarının bozulması, doğal göç yollarının baraj, hidroelektrik santralleri gibi bariyerlerle kapatılması, bölge balığının besinine ortak olacak istilacı türlerin ve hastalık etmenlerinin ortama giriş yapması gibi nedenler gen kaynaklarının ciddi şekilde zarar görmesine neden olmaktadır (Larios-Lopez vd., 2015).

Birçok su kaynağında azalan popülasyonların desteklenmesi için balıklandırma çalışmaları yapılmaktadır. Balıklandırma çalışmalarında her ne kadar damızlık balıklar balıklandırma yapılacak su kaynağından temin edilse de yetiştirme ünitelerinde damızlıkların birbirleriyle karıştırılması, kuluçkahanelerde aynı dolapta bulunan yumurta ve larvaların karışması ve kontrolsüz balık taşınımı gibi istemli veya istemsiz olarak birçok su

kaynağına doğal popülasyonu dışında balık girmekte ve hibritleşmeye (farklı türlere ait balıklardan elde edilen yavru) yada melezleşmeye (cross-breeding; aynı türe ait fakat farklı ekotipe sahip balıklardan elde edilen yavru) neden olmaktadır (Wolfebaek vd., 2012). Hibrit bireylerde gözlenen farklı bir takım morfolojik özellikler yanıltıcı olabilmekte ve yanlış sınıflandırmalara yol açabilmektedir. Rekombinant DNA teknolojisindeki ilerlemelerle genlerin belirlenmesi, izole edilmesi, klonlanması sayesinde belirli özelliği olan bu genlerin sürekli olarak korunması, tür içinde veya türler arasında aktarımı ile mümkün hale gelmektedir (Ertuğrul vd., 2005).

İnsanların biyolojik çeşitlilik üzerindeki etkilerini değerlendirmek ve türlerin yok olmasını önlemek için pratik yaklaşımlar geliştirmek koruma biyolojisinin hedefidir. Koruma eylemlerinin nihai amacı türlerin uzun vadede kalıcılığını sağlamak olduğundan, popülasyon içi genetik çeşitliliğin korunması yüksek önceliğe sahip olmalıdır (Soulé, 1986; Wilson, 1992). Türlerin sürdürülebilir avcılığını sağlamak ve doğal kaynakların korunması, stok yönetiminin amacını oluşturur (Kahilainen vd., 2014). Biyolojik tür, birbirleriyle doğal koşullar altında verimli döl alışverişi yaparak üreyen, aynı veya yakın gen havuzunda bulunan, yapısal, işlevsel ve davranışsal olarak birbirine benzeyen fakat diğer popülasyon gruplarından üreme bakımından ayrılan bireyler topluluğudur. Fakat bu tür tanımı biyolojinin tüm alanları için yeterli değildir. Araştırmacılar kendi amaçlarına uygun birçok tür tanımı yapmaktadır. Morfolojik tür tanımı tamamen morfolojik kriterleri esas alıp diğerlerinden farklı olan ve ayırt edilebilen grup olarak adlandırılır. Ancak dış görünüş türleri ayırt etmede yetersiz kalabilir. Kalıtsal temele dayalı, eşeyli üremeyi yani gen alışverişini esas alan tür tanımı ise genetik tür kavramı olarak bilinir. Irksal tür ise genetik olarak pek fazla birbirine karışmayan, birbirlerinden çeşitli şekillerde izole olmuş, genetik ve morfolojik açıdan birbirine göreceli olarak benzeyen canlı gruplarına verilen isimdir. Bir grup araştırmacı, biyolojik tür kavramına alternatif olarak filogenetik tür kavramını kabul ederler. Bu tür, diğer gruplarla aynı atadan gelen ve bu gruplardan ayırt edilebilen en küçük organizma grubudur. Belirli bir zamanda aynı bölgede yaşayan ve aynı türe ait bireylerden oluşan topluluklara popülasyonu oluştururken, biyolojik sınıflandırmada bir türün dağılım alanı içinde farklı bölümlenmelerde yaşayan ve birbirlerinden morfolojik özelliklerinin farklılıkları ile ayrılan iki ya da daha fazla popülasyondan her biri ise alt türü oluşturmaktadır (URL-2).

Tür içi genetik çeşitlilik, aynı türü oluşturan bireylerin bazı özellikler açısından ortak veya farklı genlere sahip olması ile ortaya çıkmaktadır. Tür, alttür, varyete/ırk ve popülasyon

içerisindeki genlerin birbiri arasındaki farklılıklarla genetik çeşitlilik belirlenmektedir (Işık, 2003). Genetik çeşitlilik, taksonların evrimsel soylarına (filogenetik) geriye dönük bir bakış sağlar, popülasyonların içindeki ve arasındaki mevcut genetik yapının anlık görüntüsünü (popülasyon ve ekolojik genetik) ve popülasyonların ve türlerin gelecekteki evrimsel potansiyeline (evrimsel biyoloji) bir bakış sağlamaktadır (Allendorf vd., 2013). Genetik çeşitlilikle birlikte, popülasyon içerisindeki canlıların farklı ortam şartlarına sahip allelleri içermekte ve bu allelleri yavrularına aktarmaktadır (Mace & Purvis, 2008). Aşırı avlanma ya da farklı sebeplerden dolayı azalan popülasyonlarda genetik daralma ve aynı soydan bireylerin çiftleşmesi (kendileme) oldukça fazla gözükmemektedir. Bu çiftleşme genetik çeşitliliğin azalmasına, genetik daralmaya, hayatta kalma oranını, üretkenliğin düşmesini ve bireylerin değişen çevre şartlarına adaptasyonunu zorlaştırmaktadır (Baret & Schluter, 2008; Abdul- 2 Muneer, 2014).

Günümüzde mikrosatelit belirteçler kullanılarak birçok hayvan türünde ebeveyn analizi oldukça yaygın yapılmıştır. Mikrosatelit belirteçlerde bireyler arası genetik varyasyon diğer genetik belirteçlere oranla oldukça yüksektir. Allel sayısının fazlalığı ve belirlenen yüksek polimorfizm sayesinde popülasyonlar içerisindeki her bir bireye ait genotipler ortaya çıkmaktadır. Ebeveynlerden yavrulara aktarılan genlerin açığa çıkarılmasında oldukça iyi sonuçlar verir. Fazla sayıda mikrosatelit lokus ve popülasyonlar, balıklarda farklı hayat davranışı formlarının ortaya çıkmasına ve yavruların ebeveynlerinin hangi balıklar olduğunun belirlenmesine olanak sağlamaktadır (Liu & Cordes, 2004).

1.1. Kahverengi Alabalıkların Taksonomik Durumu

Kahverengi alabalık (*Salmo trutta*) *Salmonidae* familyasına mensup, ilk olarak Linnaeus tarafından dere (fario), göl (lacustiris) ve deniz olmak üzere 3 morf (ekotip) olarak tanımlanmış ve uzun bir süre polimorfik tek tür olarak kabul görmüştür (Bagliniere, 1999; Ferguson, 2004).

Salmonidae familyası, 11 cins (*Salmo*, *Prosopium*, *Oncorhynchus*, *Brachymystax*, *Hucho*, *Coregonus*, *Parahucho*, *Salvelinus*, *Stenodus*, *Salvelinus*, ve *Thymallus*) ve 230'a yakın tür sayısı ile oldukça geniş bir grubu oluşturmakta olup, günümüze kadar *Salmo* cinsine ait Avrupa'da 29 tür dünya genelinde 48 türün varlığı ileri sürülmüştür (Kotellat & Freyhof, 2007).

Kahverengi alabalıklar coğrafik yapıya bağlı olarak bölgesel ölçekte genetik çeşitlilik gösterebilmekte ve bunun neticesinde tür için morfolojik ve davranışsal farklılıklar sergileyebilmektedir (Bernatchez vd., 1998; Savary vd., 2017; Ferguson vd., 2019). Ekolojik ve morfolojik farklılıklara sahip olan kahverengi alabalıkların farklı yaşam biçimleri içermesi, bilim adamları tarafından, farklı isimler altında tanımlanmalarına neden olmuştur. Kahverengi alabalığın morfolojik farklılıkları ya da farklı yaşam biçimi taksonomik sınıflandırma için yeterli değildir ve yanlış sınıflandırmalara veya isimlendirmelere yönlendirebilir (Ryman, 1983; Hindar vd., 1991). Başta Britanya ve İrlanda'da 20 olmak üzere günümüze kadar birçok araştırmacı grubu tarafından 57 farklı kahverengi alabalık türü tanımlanmıştır (Ferguson, 2004). *Salmo trutta* türünün bazı alt türlerinin ve/veya ekotiplerinin *Salmo* cinsine ait bir tür olarak kabul edilip edilmeyeceği noktasındaki görüş ayrılıkları nedeniyle, sistematikteki yeri tam olarak netleşmemiştir (Baglinière & Maisse, 1999). Bu cinse sahip olan bireylerin çok yüksek oranda fenotipik farklılık göstermesi taksonomideki en büyük tartışma sebebidir (Nelson vd., 2016). Türkiye'deki *Salmo trutta* popülasyonları veya bireyleri arasında da morfolojik ve genetik farklılıklar görülmektedir. Araştırmacıların bir kısmı bunları ayrı tür olarak tanımlarken (Kottelat & Freyhof, 2007; Turan vd., 2009; 2011; 2014; 2017; 2020) diğerleri ise *S. trutta* türlerinin veya alt türlerinin ekotip veya ırk olarak adlandırılması gerekliliğini ileri sürmüştür (Arslan & Bardakci, 2010; Bardakci vd., 2006). Kalaycı vd., (2018) yaptıkları çalışmada Türkiye'de dört *S. trutta* (*S.t. abanticus*, *S. labrax*, *S. fario*, *S. caspius*) alt türü arasında genetik mesafenin çok az olduğu ve bu nedenle bunların tek bir tür olarak adlandırılması gerektiğini bildirmiştir. Kahverengi alabalık tek bir tür olarak değerlendirildiğinde sistematikteki yeri aşağıdaki gibidir (Tablo 1).

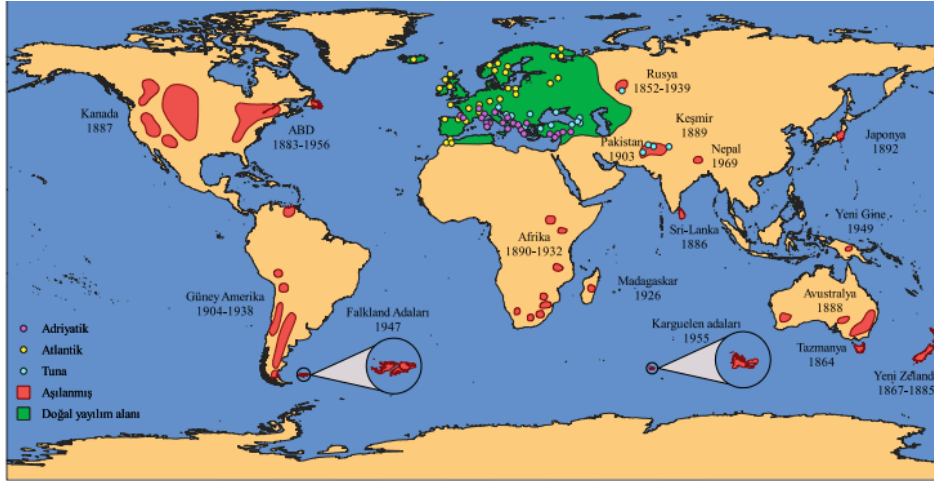
Tablo 1. Kahverengi alabalığın sistematik durumu

Alem	Animalia
Şube	Chordata
Sınıf	Actinopterygii
Takım	Salmoniformes
Familya	Salmonidae
Cins	Salmo
Tür	<i>Salmo trutta</i>

1.2. Kahverengi Alabalığın Dünya’da ve Türkiye’de Dağılımı

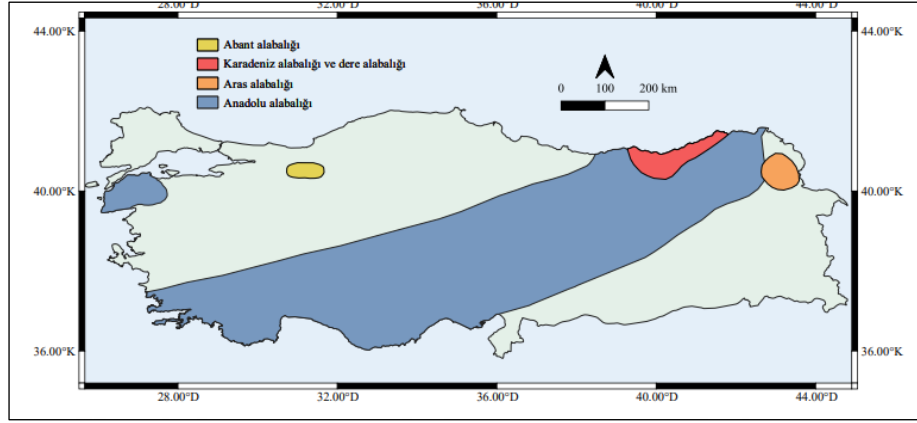
Ortak atadan geldiği düşünülen *Salmonidea* familyasındaki üç cinsin (*Salmo*, *Oncorhynchus* ve *Salvelinus*) buzul çağı öncesinde ortaya çıktığı (yaklaşık 13 – 25 milyon yıl önce), buzul çağının sona ermesiyle bazı popülasyonların izole olup, cinsler arasındaki farklılaşmanın giderek artmasına ve yeni türlerin ortaya çıkmasına yol açmıştır (Jones, 1959). Bu dönemde Bernatchez (2001) Atlantik, Tuna (Karadeniz-Hazar), Akdeniz, Adriatik ve Marmoratus olmak üzere bağımsız 5 ayrı ırkın oluştuğunu doğrulanmıştır. Arıca *S. trutta* soylarının *S. salar*'dan ayrılması 9,6–15,4 milyon yıl öncesine (Myö) yakın bir çeşitlenme geçmişi göstermektedir (Segherlo vd., 2021).

Kahverengi alabalık (*Salmo trutta*) *Salmonidae* familyasına mensup, geniş yayılım alanına sahip bir balık türüdür (Elliot, 1994). Avrupa kıtasının neredeyse tamamında, kuzeybatıda İzlanda'dan güneydoğuda Afganistan'daki Aral Denizi havzasına ve Fas'taki Atlas Dağları'ndan Kuzey İskandinavya ve Rusya'ya kadar uzanan geniş bir doğal coğrafi dağılım alanına sahiptir (Bernatchez, 2001). Ayrıca günümüzde, *Salmo trutta*, dünyanın farklı bölgelerine hem direkt doğadan hem de yumurtaların transferiyle aşılama çalışmaları yapıp Antarktika kıtası hariç tüm kıtalara yayılmıştır (Elliott, 1989).



Şekil 1. Kahverengi alabalığın doğal yaşam alanı ve aşılandığı bölgeler (Terzi, 2021)

Ülkemiz sularında, doğal yayılım alanı bulunan kahverengi alabalığın beş farklı ekotipi (*S. abanticus*, *S. macrostigma*, *S. labrax*, *S. caspius* ve *S. fario*) belirlenmiştir (Geldiay & Balık 1996).



Şekil 2. Kahverengi alabalığın Türkiye'deki dağılımı (Terzi, 2021)

Fakat son zamanlarda bazı araştırmacılar ülkemizde *Salmo* cinsine ait ekotiplerdeki farklılıkların tür statüsü olabilecek düzeyde olduğunu bildirmiştir. Türkiye’de dağılım gösteren *Salmo* cinsine ait türler Tablo 2’de verilmiştir.

Tablo 2. Türkiye'de dağılım gösteren *Salmo* cinsine ait türler

Tür Adı	
<i>Salmo abanticus</i>	Tortonese, 1954
<i>Salmo caspius</i>	Kessler, 1877
<i>Salmo araxensis</i>	Turan, Kottelat ve Kaya, 2022
<i>Salmo ardahanensis</i>	Turan, Kottelat ve Kaya, 2022
<i>Salmo baliki</i>	Turan, Aksu, Oral, Kaya ve Bayçelebi, 2021
<i>Salmo bruno</i>	Turan, Baycelebi, Aksu ve Oral, 2024
<i>Salmo chilo</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2012
<i>Salmo coruhensis</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2010
<i>Salmo duhani</i>	Turan ve Aksu, 2021
<i>Salmo euphrataeus</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2014
<i>Salmo fahrettini</i>	Turan, Kalaycı, Bektaş, Kaya ve Bayçelebi, 2020
<i>Salmo kottelati</i>	Turan, Doğan, Kaya ve Kanyılmaz, 2014
<i>Salmo labecula</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2012
<i>Salmo munzuricus</i>	Turan, Kottelat ve Kaya, 2017
<i>Salmo murathani</i>	Turan, Kottelat ve Kaya, 2022
<i>Salmo okumusi</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2014
<i>Salmo opimus</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2012
<i>Salmo platycephalus</i>	Behnke, 1968
<i>Salmo rizeensis</i>	Turan, Kottelat ve Engin, 2010
<i>Salmo tigridis</i>	Turan, Kottelat ve Bektaş, 2011
<i>Salmo ekmekciae</i>	Küçük, Kalaycı, Güçlü, Oral ve Turan, 2024

1.3. Kahverengi Alabalıkların Biyolojisi

Kahverengi alabalıklar Dünyada en yaygın olarak bulunan balık türü olup, hızlı akan sulardan göllere ve denizlere kadar tüm su kaynaklarında yaşarlar (Kocabaş, 2008). Adını vücudundaki kahverengi lekelerden alır. Vücutlarının yan tarafları gümüş veya sarımsı renkte, karın bölgesi ise beyaz ya da sarımsıdır. Vücudun özellikle yan ve arka kısımlarında siyah benekler yaygın olup bu beneklenme bazen de baş ve yüzgeçlerde görülür. Denize göçen balıkların renkleri tatlı sulardaki balıklara göre daha açık renktedir (Aras vd., 1995). Kuyruğun ön kısmında kırmızımsı bir renk tonuna sahip yağ yüzgeci bulunur. Bazı ekotiplerde yağ yüzgecinin sadece uç kısmında kırmızılık görülürken bazılarında birden fazla kırmızı beneklenme bulunabilir. Bazılarının solungaç kapağı üzerinde tek bir büyük siyah benek bulunurken bazılarının solungaç kapağında birden fazla siyah benek bulunabilir. Bu beneklenmeler kahverengi alabalık ekotiplerine özgü karakteristiktir (Mezzera vd., 1997; Aparicio vd., 2005). *S. trutta* yanlardan hafif basık, baş vücuda orantılı olarak büyük bir yapıya sahiptir. Yaşadığı ortama göre ağız yapısı büyük veya küçük olabilir. Kahverengi alabalıkların göllere ve denizlere (*S. labrax*, *S. caspius*) göçenlerin büyüklüğü yaklaşık 50 kg ağırlığa ve 140 cm boya kadar ulaşabilir. Akış hızı fazla olan ve kaynağa yakın yerlerde yaşayan ise ağırlıkları 2-3 kilograma ulaşmaktadır.

1.4. Kahverengi Alabalıklarda Üreme ve Göç

Salmo trutta morfolojileri, yaşam öyküleri ve göç taktikleri açısından tartışmasız en çeşitli Salmonid türlerinden biridir (Klemetsen, 2013). *Salmo trutta* genel olarak iki yerleşik (nehir ve göl) ve üç göçmen (bir nehir sistemi içerisinde yukarı ve aşağı yönde, nehirlerden göllere ve acıulara veya acıulardan ve göllerden akarsulara ve akarsulardan denize veya denizden akarsulara) yaşam stratejisine sahip olmasına rağmen, çeşitli varış noktaları ve yaşam öyküsü detayları, yaş, çeşitli olayların zamanlaması ve tekrar üreme gibi çok fazla alt kategorilere ayrılması mümkündür (Huusko vd., 2017; Ferguson, 2019).

Salmo trutta'nın yumurtlama dönemi ülkemizde sonbahar ve kış ayları arası olup, erkekleri yaygın olarak 2 veya 3 yaşında, dişileri ise 3 veya 4 yaşında cinsi olgunluğa ulaşırlar. Üreme zamanı erkeklerin alt çene kanca şeklinde yukarıya doğru kıvrılır. Üreme dönemi yaklaştıkça anadrom olan formları akarsulara, göllerde yaşayan bireyler ise gölleri besleyen su kaynaklarına, akarsularda yaşayanlar ise akarsuyun üst kısımlarına doğru hareket ederler. Kahverengi alabalıklar genelde kumlu çakıllı suyun sakin aktığı kısımlarda

tek parti halinde yumurtalarını bırakır, erkek balıklar da spermelerini yumurtalar üzerine bırakırlar. Dişi balıklar yumurta çapı ortalama 3,4-5,6 mm çapında yaklaşık 2500-2800 yumurta/kg bırakırlar (Kocabaş, 2009). Üremesini tamamlayan alabalıklar tekrardan beslenme alanlarına geri dönerler. Yumurtalar su sıcaklığına bağlı olarak yaklaşık bir ayda açılır. Besin kesesinin %80-90'ını tüketen larvalar su yüzeyine çıkarak hava keselerini doldurur ve serbest yüzmeye başlarlar (Sedgwick, 1995).

Anadrom balıkların göçü, balıkların boyunun 15-25 cm uzunluğa ulaştığında gerçekleşir fakat denizden fazla uzağa gitmeyip kıta sahanlığı içinde 1-3 yıl geçirip 1-2 kg ağırlığa ulaşınca geri dönerler. Bazı deniz alaları ise uzun bir süre deniz ortamında kalıp 7-8 kg ağırlığa kadar ulaşabilirler (Sedgwick, 1995).

Yüksek rakımlı bölgelerde yaşayan kahverengi alabalıklar daha yavaş büyüdüğünden dolayı, smoltlaşma yaşına anadrom balıklara göre daha geç girerler (Fahy, 1978). Yapılan çalışmalarda, kahverengi alabalıklar Norveç'te smoltlaşma öncesi 6 yıl kadar tatlı suda kalırken (L'Abee-Lund vd., 1989), İskoçya'da bu süre 2,5-3,5 yıl arasında değişim göstermektedir. Smoltlaşma genellikle Nisan- Haziran ayında gerçekleşir (Rasmussen, 1986). Ülkemiz Doğu Karadeniz sularında smolt yaşı ilkbaharda 1,19 olarak belirlenirken sonbahar döneminde 1,86 olarak bulmuşlardır (Tabak vd., 2001).

1.5. Kahverengi Alabalıkların Orjinlerinin Evrimsel Gelişimi ve Hibritleşme

Geniş yayılım alanı gösteren *S. trutta* türünün evrimsel geçmişleri mtDNA analizi sonucu farklılıklarıyla açıklanmıştır. Beş ayrı ırkın buzul dönemdeki coğrafik izolasyon sonucunda oluştuğu ve allopatrik olarak izole olduğunu doğrulamıştır. Allopatrik ayrışma sonucunda Tuna (Karadeniz-Hazar) ırkı, Atlantik ırkı ve Akdeniz ırklarının oluşumunu takiben Akdeniz havzası kendi içinde Marmoratus, Akdeniz ve Adriyatik ırkları şeklinde farklılaşma devam etmiştir (Bernatchez, 2001).

Pleistosen esnasındaki eski çevresel yapılanmaya dayanarak beş ana ırkın orijinlerin merkezini tahmin etmek mümkündür. İber Yarımadası ve Kuzey Afrika sahili boyunca uzanan kısım Atlantik ırkının atasal merkezi kabul edilirken Karadeniz'in drenaj havzası Tuna ırkının orijin merkezi kabul edilmektedir. Akdeniz ırkı genellikle batı havzasındaki akıntılarla sınırlı iken Marmoratus ırkı ise Po Nehri havzasıyla sınırlıdır. Ancak Slovenya ve Hırvatistan'dan gelen ana drenaj alanlarını da kapsamaktadır. Adriyatik ırkı ise Anadolu ve Balkan orijinlidir (Bernatchez, 2001).

Kahverengi alabalıklarda genetik farklılaşmanın ana etkeni iklimsel değişimler ve buzullaşma sonucunda Avrupa’da oluşan havza izolasyonlarıdır. Fiziksel izolasyonlara ek olarak biyolojik faktörler de hibritleşme ve dağılımlarının sınırlanmasıyla ilişkilidir (Bernatchez, 2001). Hibridizasyon farklı cins ve türlerin bir araya gelerek oluşturdukları yeni bireyler olarak adlandırılır ve balıklarda diğer omurgalılara göre oldukça yaygın şekilde gözlemlenir (Bartley vd., 2000).

Hibridizasyon birçok balık türünde cinsiyet oranını değiştirmek, büyüme oranını artırmak, steril (kısır) balık üretimi, balık et kalitesini geliştirmek, hastalıklara karşı direnci artırmak, çevresel uyum şartlarının artırılması ve yüksek kar getirisi balık yetiştirebilmek için yapılmaktadır. Balık taksonu için türler arası hibritleşme olağan bir durumdur ve aynı cins düzeyindeki türler birbiriyle çiftleşebilir. Doğal olarak *Salma trutta* L. ($2n=80$), *Salvelinus* genusu içindeki bazı türler ve *Salmo salar* ($2n=58$) ile hibridize olabilir (Mayer, 2001; Youngson vd., 1993). Hibridizasyon, hem çevresel faktörler (örneğin, biyolojik veya fiziksel çevresel karışıklıklar) hem de popülasyonların belirli özellikleri tarafından tetiklenebilir. Ancak, bu izolasyon mekanizmasının yararları tam olarak bilinmemektedir (Jansson & Öst, 1997).

Hibritlerin ebeveynlerinden ayrımı birçok yöntem (morfolojik, sitolojik, biyokimyasal yöntemler ve DNA dizi analizi) ile analiz edilebilir. Salmonid türleride özellikle juvenil aşamada hibritlerin tespiti oldukça zordur. Bu nedenle hibridizasyon çalışmalarında DNA belirteçlerinin kullanımı daha yaygındır (Saber vd., 2011).

Norveç ve İskoçya’da yoğun salmon yetiştiriciliğinin yapıldığı bölgelerdeki nehirlerde Atlantik somonu ile kahverengi alabalığın hibritleşmesi gözlemlenmiştir (Matthews vd., 2000). İskoçya’nın kuzey ve batı bölgelerinde, doğadaki yerli türler yerine çiftlikten kaçan dişi somonların sıkça kahverengi alabalıklarla melezlendiği rapor edilmiştir (Youngson vd., 1993). Çevresel koşullar ve kuluçkahanelerden gelen balıkların yoğun şekilde nehirlere salınmasının, Atlantik somonu ile kahverengi alabalık arasındaki hibritleşmeye yol açtığı söylenebilir (Jansson & Öst, 1997).

1.6. Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler

Genetik çeşitlilik, dünya nüfusunun artan zorluklarına karşı mücadelede önemli doğal kaynaklar olarak işlev görmektedir. 1960’lı yıllara kadar, popülasyonlar arasındaki ve içindeki genetik çeşitlilik, morfolojik varyasyonlar, biyolojik-ekolojik özellikler veya

meristik karakterler temel alınarak belirleniyordu (Karık vd., 2019). İlk pratik genetik markör sistemi, 1960'larda geliştirilen protein elektroforezidir ve bu yöntemle genetik çeşitlilik doğrudan ve kolayca ölçülebilmektedir. Yapılan birçok araştırmada, protein allel frekansları arasındaki farklılıkların tespiti, anadrom balık stoklarının tanımlanması, gen akışı ve genetik mesafelerin hesaplanması gibi alanlarda bu yöntem, etkili bir markör olarak kullanılmıştır. Protein elektroforezi, hızlı ve ucuz bir yöntem olmasının yanı sıra fazla laboratuvar ekipmanı gerektirmese de bazı dezavantajlara sahiptir. Bu dezavantajlar, kullanılacak örneklerin taze olması zorunluluğu, hedef türün protein bakımından zengin dokulara (kas, böbrek, karaciğer, göz, kalp) ihtiyaç duyulması ve doku eldesi için canlının öldürülmesinin gerekmesi ve bazı popülasyon ve türlerde DNA çalışmalarına göre çok düşük seviyede polimorfik olmasıdır.

Watson ve Crick'in 1953 yılında DNA'nın yapısını açıklamasıyla başlayan moleküler biyoloji çalışmaları, 1990'lü yıllarda Polimeraz Zincir Reaksiyonu'nun keşfiyle büyük gelişmeler göstermiş olup DNA çalışmalarına hız kazandırmıştır (Çiftçi, 2006). DNA tabanlı metotların kullanılmasının avantajı, PZR'ın çok düşük kalite ve miktardaki örneklerle bile genetik özellikleri belirleyecek hassasiyette olması sebebiyle eski zamanlardan günümüze kadar korunmuş fosil örneklerinden bile analiz yapılabilmesidir (Cano vd., 1993).

Günümüzde genetik varyasyonu tespit etmek için yaygın olarak kullanılan başlıca moleküler belirteçler arasında minisatellitler, restriksiyon parça uzunluğu polimorfizmi (RFLP), rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD), çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP), tek nükleotit polimorfizmi (SNP), mitokondriyal DNA (mtDNA), mikrosatellitler ve tüm genom dizileme yöntemleri bulunmaktadır. Bu teknikler, uygun laboratuvar koşulları sağlandığında nispeten düşük maliyetli olup kısa sürede büyük miktarda örneğin analiz edilmesine imkan tanımaktadır. Ayrıca Moleküler markörlerden genel olarak ıslah ve seleksiyon çalışmalarında, kromozom üzerindeki gen haritalarının çıkarılmasında, tür tescil çalışmalarında, genotipler arasındaki genetik uzaklığın ve gen akışının belirlenmesinde, yetiştiriciliği yapılan tür için anaç seçimi yapılmasında, kuluçkahanede yetiştirilmiş balıkların herhangi bir markalamaya gerek duymadan hangi anne ve babaya ait olduğunun tespit edilmesinde yararlanılmaktadır (Çiftçi, 2006).

1.6.1. Minisatellitler

Minisatellit DNA'nın genom içindeki varlığı 1980'li yılların başında (Jeffreys vd., 1985) tarafından keşfedilmiş, birkaç yüz baz uzunluğundaki tekrar dizilerinden (9-64 bç) oluşurlar. Ayrıca VNTR (variable number of tandem repeats) olarak da bilinirler (Tautz, 1989). DNA Parmak izi analizlerinde, adli tıp vakalarında, bitki, kuş ve hayvan türlerinde popülasyon çalışmalarında kullanılmıştır.

1.6.2. Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi

Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP), PZR tabanlı olmayan ve geliştirilen ilk markör sistemidir. Bu yöntem, genomik DNA'nın belirli dizilimlerini tanıyan DNA kesim enzimleriyle spesifik olarak kesilmesine ve prob DNA'nın melezlendiği bölgedeki farklı kesim desenlerinin tespit edilmesine dayanır. Aynı DNA bölgesi, bireyler arasında farklı kesim bölgelerine sahip olabilir. Kesici enzimlerin oluşturduğu DNA parçaları fragman olarak adlandırılır. Kısa fragmanlar jelde daha hızlı hareket ederken, uzun fragmanlar daha yavaş ilerler. RFLP markörleri kodominant özellik gösterir, bu sayede heterozigot bireylerin tanımlanmasını mümkün kılar (Bark & Havey, 1995). Bu özellik sayesinde heterozigot bireyler de detaylı bir şekilde analiz edilebilmektedir.

1.6.3. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA

Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD) yöntemi, basit ve kısa oligonükleotid primerler kullanarak genomik DNA'nın rastgele dağılmış bölgelerinin PZR ile çoğaltılması süreci olarak tanımlanır. Bu yöntem, sadece 10 nükleotid uzunluğunda bir primer kullanarak genom üzerindeki rastgele DNA bölgelerini amplifiye etmeye dayanır (Williams vd., 1990). Az iş gücü gerektirmesi, ucuz olması ve çabuk sonuç vermesi ile tercih edilirken farklı laboratuvar ortamlarından farklı sonuçlar edilebilmesi açısından önemli sorunlar teşkil etmektedir (Yorgancılar vd., 2015). Genetik haritalama, popülasyonlar arasındaki farklılıkların belirlenmesi ve türler arasındaki akrabalığı değerlendirmek için kullanılmaktadır.

1.6.4. oğaltılmış Para Uzunluk Polimorfizmi

oğaltılmış Para Uzunluk Polimorfizmi (AFLP) yöntemi, Vos vd. (1995) tarafından geliştirilmiş olup, RAPD-PZR tekniğinden faydalanarak kesim enzimleri ile kesilmiş DNA fragmentlerinin çoğaltılmasını içerir. Bu yöntem, yüksek polimorfizm oranı sunar ve genomik DNA hakkında ön bilgi gerektirmez. Birden fazla lokusu aynı anda ve etkili bir şekilde tarama kapasitesi nedeniyle parmak izi analizine uygun bir yöntemdir. AFLP ayrıca sistematik alışmalarda, popölasyon genetiğı, ebeveyn analizi ve genetik haritalama için de kullanılabilir.

1.6.5. Tek Nükleotit Polimorfizm

Tek nükleotit polimorfizmi (SNP), genom üzerinde en ok bulunan polimorfizm tipi olup, bir DNA molekülünün bir segmentindeki adenin (A), timin (T), guanin (G) veya sitozin (C) gibi temel yapı taşlarından sadece birini etkileyen, genetik sekanstaki bir varyasyondur. SNP'ler, herhangi bir organizmanın genomunda (kodlayan ve kodlamayan bölgeler) en bol polimorfizmi temsil ettikleri, diğerk belirteler ve yöntemlerle tespit edilemeyen gizli polimorfizmi ortaya ıkardıkları için moleküler belirte geliştirmede oldukça önemlidir (Chauhan, 2010; Liu, 2004). SNP belirtelerinin çoğı nötr (neutral) belirteler olup canlıya ait fenotipik özelliklerini ve yaşamsal faaliyetlerini etkilemezler fakat bireyler arası genetik ilişkinin, gen akışının ve popölasyon genetiğı alışmaları için kullanılmaktadır (Sönmezoğlu vd., 2010).

1.6.6. Mitokondriyal DNA

Mitokondri, enerji üreten bir organel olup, oksidatif fosforilasyon, hücre içi sinyal iletimi, metabolik denge, yaşlanma ve apoptoz gibi birçok hücresel sürecin düzenlenmesinden sorumludur. Mitokondri, kendi özel DNA'sına sahip olup, son yıllarda mtDNA evrimsel alışmalar için güçlü bir araç haline gelmiştir. mtDNA, genellikle çift sarmallı ve kovalent kapalı halkasal bir moleküldür ve yarı korunumlu (semikonservatif) bir şekilde kendini çoğaltır. Nükleer DNA'nın aksine, mitokondride birçok aynı mtDNA kopyası bulunur (Taanman, 1999). Ekseriyetle, ökaryotlarda mtDNA anneden yavruya geçer.

MtDNA, 16.569 baz çiftinden (bç) oluşur ve 13 protein ile 24 RNA bileşeninin (22 tRNA ve iki rRNA) üretiminden sorumlu 37 gen ve düzenleyici eleman içerir. Ayrıca, kodlamayan bir kontrol bölgesi olan D-döngüsü (loop) de bulunur. Bu bölge, replikasyon ve transkripsiyonun başlatılmasında rol oynayan dizileri içerir. D-loop'un uzunluğu ve konumu türler arasında büyük farklılıklar gösterebilir. Bu bölge, birçok durumda ardışık tekrarlar içerdiğinden, türler, alttürler ve popülasyonlar arasındaki filogenetik çalışmalarda kullanılır (Zhang & Hewitt, 1997).

Nükleer DNA'ya kıyasla baz çifti uzunluğu daha kısa olan ve hücrede bolca bulunan mtDNA, düşük kalite ve miktardaki örneklerden bile kolayca saflaştırılabilir. Bugüne kadar birçok canlının mtDNA nükleotid dizileri analiz edilmiştir. mtDNA analizi, popülasyon yapısı, gen akışı, hibridizasyon, biyocoğrafya ve filogenetik ilişkiler hakkında veri sağlamak için vazgeçilmez bir yöntemdir (Moritz, 1994).

Balık mitokondri genomu haploit olup intron içermez. Ancak, bazı çalışmalarda bir bireyde birden fazla mtDNA çeşidinin bulunması (heteroplazmi) rapor edilmiştir (Bentzen vd., 1991; Moritz, 1991). Ayrıca, mtDNA'nın çekirdek genlerden daha hızlı evrimleşmesi, yakın akraba türler ve popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkileri incelemek için uygun bir yöntem olmasını sağlar (Presa vd., 2002).

mtDNA'nın mutasyon hızı nDNA'ya göre 25 kat daha yüksektir; fakat 12S rDNA bölgesi oldukça korunmuştur ve yüksek seviyeli kategoriler (şube, altşube) için filogenetik analizlerde kullanılmaktadır (Ballard, 1992). Diğer yandan, 16S rDNA bu bölgeye göre daha değişken olup, aile ve cins gibi orta düzeydeki kategorilerin filogenetik araştırmalarında kullanılır.

1.6.7. Mikrosatellitler

Mikrosatellitler, 2 ila 6 nükleotid uzunluğundaki kısa dizilimlerin rastgele düzenlenmiş birçok kopyasından oluşan yüksek derecede polimorfik bölgelerdir (Tautz, 1989). Bu bölgelerin mutasyon oranı, her nesilde 10^{-2} 'den 10^{-4} 'e kadar değişen yüksek bir seviyededir (Weber & Wong, 1993). Mikrosatellitler, tüm kromozomlarda eşit olarak dağılmış olup, gen kodlayan ve kodlamayan intron bölgelerinde ve gen içermeyen nükleotid dizilerinde bulunur (Liu & Cordes, 2004). Çoğu balık türünde her 10 kb'de en az bir mikrosatelit bölgesi tespit edilmiştir; ancak bazı türlerde mikrosatelit bölgelerinin tekrar sayılarında büyük farklılıklar gözlemlenmektedir. Mikrosatelit bölgeleri, diğer DNA markörlerine kıyasla daha fazla allele

sahiptir. Genetik çeşitliliği belirlemedeki kolaylığı nedeniyle, son yıllarda en çok kullanılan genetik yöntemlerden biri haline gelmiştir. Sucul canlı türleri üzerinde yapılan genom haritalama, ebeveyn tespiti, akrabalık, stok yapısı ve popülasyon genetiği çalışmalarında mikrosatelit DNA markörleri yaygın olarak kullanılmaktadır (Liu & Cordes, 2004).

Birden fazla mikrosatelit lokusu, tek bir tüp içinde çoklu PZR (multiplex) yöntemi ile aynı anda çoğaltılabilir. Öncelikle her primerin çalışma sıcaklığı ayrı ayrı belirlenip her primer farklı floresan boya (FAM, VIC, PET, NED vb.) ile işaretlenir. Fragment analiz cihazı ile, farklı floresan boya ile işaretli lokusları tanımlanması sağlanır. Mikrosatelit bilgisi bulunmayan tür çalışmalarında ise yakın akraba olan türlere ait mikrosatelit bölgeleri kullanılabilir (Wright & Bentzen, 1994; Oliveira vd., 2006).

1.6.8. Tüm Genom Dizileme

Tüm genom dizileme, bir bireyin genetik varyasyonunun en kapsamlı koleksiyonunu ortaya konmasını sağlamaktadır. Günümüzde daha büyük hacimli diziler ve uzun okumalar yapabilen teknolojiler geliştirilmiştir. Son zamanlarda dizileme teknolojisinin düşen maliyetleriyle birlikte, mikrodizi tabanlı genotipleme çalışmalarından çok tüm genom dizilemesine doğru bir geçiş olacağı düşünülmektedir (Estivill, 2007).

1.7. Ebeveyn Analizi

Ebeveyn analizi oldukça yeni bir disiplindir ve moleküler ekolojideki araştırmaların temel taşlarından biridir. Moleküler ekolojinin ilk günlerinde (1960'lı yılların sonları), protein bazlı belirteçlerin düşük düzeydeki polimorfizm özelliğinden dolayı, bazı önemli istisnalar dışında, ebeveynlik analizi neredeyse imkansızdı. Ebeveynlik araştırması, DNA problemlerinin canlılarda, 'DNA parmak izi' olarak bilinen bir teknik olan minisatelit lokuslarındaki çeşitliliği ortaya çıkarmak için kullanılabileceğinin keşfiyle ivme kazanmıştır. Bu çok lokuslu DNA parmak izi yaklaşımı ilk olarak kuşların davranış bilimcileri tarafından hızla benimsendi ancak teknik ve istatistiksel sınırlamalar DNA parmak izi uygulamalarının kuşlar ve memeliler dışında yayılmasını yavaşlatmıştır. Mikrosatelit belirteçlerin ortaya çıkmasıyla ebeveyn analizi ile ilgili deneyler çoğalmış ve bu çalışmalara ait birçok yeni istatistiksel metotlar geliştirilmiştir. Ebeveyn analizleri seksüel seçilim, yayılma ve iyileşme yapısı, koruma biyolojisi ve kantitatif genetik

parametrelerin tahmini gibi çeşitli ekolojik ve evrimsel konuların incelenmesinde merkezi bir rol oynamaktadır (Hardesty vd., 2006).

Ebeveyn analizi sırasıyla DNA izolasyonu, DNA örneklerinin çoğaltılması, PZR örneklerinin elektroforezde görüntülenmesi, genotiplerin skorlanması ve genotiplerin analizi gibi temel basamaklardan oluşur (Jones & Ardren, 2003). Yavrular biri anneden biri babadan gelen iki alel taşımaktadır. DNA belirteçleri kullanılarak yapılan çalışmalarda yavruda bulunan işaretli alleller ebeveynlerde bulunuyorsa %100 yüksek soy bağı kabul edilirken yavrularda bulunan işaretli lokus dizisindeki alleller ebeveynlerde bulunmuyorsa soy bağı %100 kesinlik ile dışlanır Ne kadar çok DNA belirteci kullanılırsa, muhtemel soy bağı kesinliği ona göre artmaktadır (Yue & Xia, 2014).

Ebeveyn analiz teknikleri, Jones ve Ardren (2003) tarafından dışlama, kategorik ayırma, kısmi ayırma ve ebeveynlerin yeniden yapılandırılması olmak üzere 4 kategoriye ayrılmıştır. Son zamanlarda yöntemlerin gelişmesine paralel olarak birlik yeniden yapılandırılması ve tüm olasılık ebeveyn tayini şeklinde iki yeni istatistiki teknik geliştirilmiştir.

1.7.1. Dışlama

Oldukça basit olan bu metoda göre diploid organizmalar, bir ebeveyn ve bir yavru, ortak baskın bir işaretleyici için lokus başına en az bir aleli paylaşacaktır. Varsayılan bir ebeveyn ilgili yavruyla bir alel paylaşmazsa, o zaman bu ebeveyn gerçek bir ebeveyn olarak değerlendirilmez. Ancak mutasyonlar ve puanlama hataları gerçek bir ebeveynin ve onun yavrularının farklı aleller için homozigot görünmesine neden olabilir. Ayrıca popülasyon çok sayıda yavru ve ebeveynlerden oluşuyorsa tamamen dışlama zor olabilir. Çünkü popülasyondaki her yavru için gerçek ebeveyn dışındakilerin hariç tutulmasını sağlayacak yeterli lokusların genotiplenmesi oldukça pahalıdır (Jones vd., 2010).

1.7.2. Kategorik Ayırma

Ebeveynlik analizinde en sık kullanılan yöntemdir. Bu yöntem tamamen dışlamanın mümkün olmayacağı durumlar için geliştirilmiştir. Bu yöntemin en önemli avantajı, dışlanmayan varsayılan ebeveynlerden oluşan bir grup içinden en muhtemel tek ebeveyni seçmeye yönelik bir yöntem sağlamasıdır. Kategorik atamada, tüm yavrular, gerçek ebeveyn olma olasılığı en yüksek olasılığa sahip olan aday ebeveyne atanır. Kategorik atama

yaklaşımları, puanlama hatalarını veya mutasyonları ele alabilir ve ebeveyn atamasında güvenin belirlenmesine yönelik yöntemleri içermektedir (Jones vd., 2010).

1.7.3. Kısmi Ayırma

Biyolojik bir anlamı olmasa da istatistiksel açıdan bu yaklaşım kategorik ayırmadan daha iyi özelliklere sahip olabilir. Kategorik atamada olduğu gibi tüm yavrular, gerçek ebeveyn olma olasılığı en yüksek olasılığa sahip olan aday ebeveyne atanır. Temel fark, kategorik ayırma tüm yavruları en muhtemel erkeğe ataması, oysa kısmi ayırma belirli bir yavruyu, göreceli olasılıklarına veya son olasılıklarına dayalı olarak aday ebeveyne kısmen atamasıdır (Devlin vd., 1988; Nielsen vd., 2001).

1.7.4. Ebeveyn Yeniden Yapılandırılması

Bu teknik, ebeveyn genotiplerini yeniden oluşturmak için tam veya yarı kardeş ailelerdeki yavruların genotiplerini kullanır. Kardeş veya yarı kardeş kuşakların en az bir ebeveyninin ortak olması gerekmektedir. Bu ebeveynin örnekleme şemasında genotipi elde edilebilir. Ayrıca bir çiftin en az bir üyesinden geçen bir çift allelin ortaya çıkarılmasıyla tekrardan yapılandırılabilir. Mevcut teknik, en yüksek benzerlik oranı, en az ebeveyn hakkında tahmin yürütme ve bayesian yaklaşımlarına dayanmaktadır. Genotipler tekrardan yapılandırıldıktan sonra ebeveynlik belirlemek için aday ebeveynlerin genotipleriyle karşılaştırılabilir (Jones vd., 2010).

1.7.5. Tam Olasılık Ebeveynlik Analizi

Tam olasılık yaklaşımı, bir modelleme çerçevesinde ebeveynlik modellerini ve popülasyon düzeyindeki diğer ilgi çekici değişkenleri eş zamanlı olarak tahmin etmektedir. Bu yaklaşım, ebeveynlik analizindeki herhangi bir belirsizliği ilgilenilen değişkenlerin tahminine dahil ederek verilerin daha iyi kullanılmasına imkân sağlar.

1.7.6. Birlik Yeniden Yapılandırılması

Hiçbir ebeveyn mevcut değilse ve bilinen tam veya üvey kardeş grupları örneklenemiyorsa, o zaman kardeşliğin yeniden yapılandırılması, ebeveynlik analizi

alanında son çare olacaktır. Bu teknik, tam veya üvey kardeş bireylerin örneklenmesini gerektirir. Algoritmalar, bireyleri genellikle öz kardeşler, üvey kardeşler ve ilgisiz bireyler olmak üzere farklı ilişki sınıflarına göre gruplandırmak için akrabalık kalıplarını veya maksimum olasılık tekniklerini kullanır. Üvey kardeş veya öz kardeş grupları bu yaklaşımlarla tanımlandıncı ebeveyn genotipleri yeniden yapılandırılabilir ve ebeveyn analizi için kullanılabilir (Jones vd., 2010).

1.8. Önceki Çalışmalar

Bernatchez vd. (1992) mitokondriyal varyasyon üzerine gerçekleştirdiği araştırmada, Batı Avrupa'daki morfolojik ve coğrafi olarak farklılık gösteren popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek amacıyla 24 popülasyonu temsil eden 151 bireyin mtDNA kontrol bölgesi incelenmiştir. Araştırmanın sonucunda, örnekler beş ana filogenetik gruba ayrılmış ve mtDNA dizilim analizinin filogenetik akrabalıkları belirlemedeki etkinliği ortaya konmuştur.

Bernatchez ve Osinov (1995), mtDNA –RFLP analizleri ile Batı Asya ve Rusya popülasyonlarını incelemiştir. Araştırma sonucunda, buzul çağda bazı popülasyonlar arasında (Kuzey popülasyonları ile Karadeniz ve Hazar Denizi) gen akışı olduğunu belirlemiştir. Ayrıca örnekler Kuzey ve Güney olmak üzere 2 filogenetik gruba ayrılmıştır. Kuzey grubu, Baltık Denizi ve Beyaz Deniz popülasyonlarından oluşurken, Güney grubu, Karadeniz, Hazar Denizi ve Aral popülasyonlarından oluşmaktadır.

Apostolidis vd. (1996), 13 popülasyonun (11 Yunanistan, 1 Fransa, 1 Ermenistan) mtDNA'nın D-loop, cyt-b ve ND-5/6 bölgelerinin RFLP analizini gerçekleştirmiştir. Araştırmanın sonucunda, 11 farklı haplotip tespit edilmiş ve Yunanistan'daki akrabalıkların genetik olarak yüksek derecede farklılaştığı bölgelerden biri olduğu bulunmuştur. Apostolidis vd. (1997)'nin gerçekleştirdiği bir diğer çalışmada ise, Yunanistan ve diğer 15 Avrupa ülkesindeki akrabalık popülasyonları arasındaki filogenetik ilişkiler ve genetik yapılar incelenmiş, bu analizler sonucunda popülasyonlar iki ana grup altında sınıflandırılmıştır. Bu gruplardan biri Balkan popülasyonlarını oluştururken diğeri batı Akdeniz, Yunanistan'ın batı ve kuzeydoğu popülasyonlarından oluşmaktadır.

Weiss vd. (2000) Portekiz sularındaki 7 akrabalık popülasyonunun haplotip çeşitliliğini mtDNA çalışmaları ile araştırmış, tanımladığı beş yeni haplotipten her birinin Kuzey Atlantik haplotipinden iki ya da üç mutasyon basamağı kadar uzak olduğunu belirlemiştir.

Bernatchez (2001), mtDNA'nın kontrol bölgesi (D-loop), ND 5/6 ve tüm sitokrom oksidaz b geni/D-loop bölgelerini kullanarak Afrika'nın kuzeyi ve Avrupa'nın doğusunda 174 popülasyon ve 1794 bireyi analiz etmiştir. Çalışmanın sonucunda alabalık popülasyonlarının, DA (Danubian), AT (Atlantic), MA (Marmaratus), ME (Mediterranean), ve AD(Adriatic) olmak üzere beş evrimsel soy hattını ortaya çıkarmıştır.

Khristoforov ve Murza, (2001) yaptığı çalışmada Atlantik somonu ve kahverengi alabalığın yapay olarak melezleştirildiği Baltık havzasındaki (Narova, Luga ve Svir) nehirlerde birkaç olgunlaşmamış anadrom "kış somonu" (olası melezler) bulunduğunu göstermiştir.

Makhrov vd. (2004), Rusya'da bulunan 12 adet balık üretim çiftliğinden *Salmo salar* ve *S. trutta* örneklerini alıp protein belirteçleri ile yaptığı çalışmada Baltık denizi havzasındaki üç kuluçkahanede iki türün hibrit bireylerini tespit etmiştir. Birçok örneğin genetik açıdan ebeveyninden farklı olmamasına rağmen morfolojik olarak *S. salar* ve *S. trutta* arasında fenotipe sahip olduğu belirlenmiştir.

Susnik vd. (2005), Dicle Nehri'nin Çatak Çayı'nın üst kısımlarından elde edilen 6 adet *S. trutta* örneğinde mtDNA'nın D-loop bölgesinin dizilim analizini gerçekleştirmiş ve bu çalışmada yeni bir haplotip keşfetmiştir. Yeni tespit edilen haplotip, önceki çalışmalarda 5 mtDNA ırkını temsil eden 15 haplotip ile karşılaştırıldığında, kendine en yakın haplotipten %1,0-1,5 oranında farklılaştığı belirlenmiştir. Bu haplotipin, diğer alabalık türlerinden birkaç yüz bin yıl önce izole olmuş olduğu belirtilmiştir.

King vd. (2005), akrabalık ilişkileri ve popülasyon yapısı analizleri için Atlantik somonlarına özgü mikrosatelit belirteçler geliştirmişlerdir İskoçya, Maine, Amerika, Penobscot ve Nith nehrinden toplanan örneklerde 11 mikrosatelit lokus belirlenmiş ve karakterize edilmiştir. Çalışma sonucunda birçok mikrosatelit lokusun akrabalık ve popülasyon genetik yapısını ortaya koymakta kullanışlı olduğu belirlenmiştir.

Maric vd. (2006), mtDNA D-loop bölgesinin 561 baz çiftlik bölgesinin analizini yaparak Ege, Tuna ve Adriyatik'ten 101 birey toplayarak Sırbistan dağılım gösteren alabalık popülasyonlarının filocoğrafik yapısını araştırmıştır. Çalışma sonucunda Adriyatik haplotiplerinin ise Ege ve Adriyatik havzalarında yaygın ve Danubian haplotiplerinin Tuna havzalarına ait olduğu görülmüştür.

Bardakci vd. (2006), Türkiye'deki 27 alabalık popülasyonunun filogenetik ve filocoğrafik ilişkilerini incelemek amacıyla mtDNA'nın ND5/6 ve Sitokrom b/D-loop bölgelerini analiz etmiştir. Araştırma sonucunda, Karadeniz, Marmara, Ege ve Hazar Denizi

havzalarındaki popülasyonların DA, Akdeniz ve Basra Körfezi havzalarındaki popülasyonların AD, ve Çatak popülasyonunun ise TI soy hattına ait olduğu, toplamda üç ana gruba ayrıldığı belirlenmiştir.

Çiftci vd. (2006), Türkiye'nin farklı bölgelerinde bulunan anadrom ve anadrom olmayan 31 kahverengi alabalık popülasyonunu mtDNA'nın ND5-6, ND1 ve Sitokrom b/D-loop gen bölgelerini kullanarak RFLP yöntemiyle incelemiştir. Bu çalışma sonucunda, 31 farklı haplotip tespit edilmiş ve popülasyonlar Adriyatik ve Tuna olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır.

Susnik vd. (2007), mtDNA D-loop ve 12 mikrosatelit lokusunun varyasyon analizini yaparak Adriyatik soy hattının tarihsel gelişimini ortaya koymuştur. Oluşturulan ağda, merkezdeki en eski haplotipin İber Yarımadası'na ait olduğu gözlemlenmiştir.

Turan vd. (2008), Isparta ve Kahramanmaraş illerinde bulunan kahverengi alabalıkların popülasyonlarının genetik yapılarını 16S rDNA bölgesini kullanarak ortaya çıkarmıştır. Toplamda 50 örnekte 3 haplotip belirlenirken, genetik farklılığın popülasyonlar arasında önemsiz olduğu görülmüştür.

Apostolidis vd. (2008), 9 mikrosatelit lokus kullanarak 10 popülasyon ve 225 birey üzerinde bir çalışma gerçekleştirmiş, lokuslarda gözlenen toplam alel sayılarının 2 ile 18, gözlenen heterozigotluk oranının 0,063 ile 0,367 Arasında değiştiği belirlenmiştir.

Makhrow vd. (2008) Atlantik salmonu ve kahverengi alabalık arasında melezleme çalışmaları yaparak bu melezlerin çeşitli protein ve DNA işaretleyicilerin kodlayan genlerine dayanarak tanımlama yapılacağını belirtmiştir. Atlantik somonu ve kahverengi alabalıkların simpatrik olduğu tüm bölgelerde melezler bulunduğunu ve melezleşmenin ana nedenlerini, kültür balıklarının kaçması veya serbest bırakılması, dengesiz nehir deşarjları ve aşırı avlanmadan kaynaklandığı öngörmüştür.

Turan vd. (2009), Karadeniz Bölgesi'ndeki alabalıklarla yürüttükleri çalışmada hem morfolojik hem de moleküler analizler yaparak *Salmo rizeensis* ve *Salmo coruhensis* adında iki yeni tür tanımlamıştır. Yapılan moleküler analizler, bu türlerin birbirinden farklı soy hatlarına ait olduğunu ortaya koymuştur.

Perrier (2011), Atlantik somonu ve kahverengi alabalığı türüne özgü SsAD486 adını verdikleri mikrosatelit primerini belirlemiş ve Avrupa'da bu türle ile bunların hibritlerinin dağılım alanlarında belirlenmiştir.

Palermo vd. (2012), 6 mikrosatelit DNA lokusu kullanarak *S. trutta* x *S. fontinalis* arasında çaprazlama yöntemi ile kaplan alabalığı meydana gelip gelmediğini belirlemek için

çalışma yürütmüştür. Champlain Gölü'nden aldıkları alabalık popülasyonları arasında genetik farklılıkların olduğunu ve kullanılan 6 belirteçten 3'ünün hibridleri belirlemede başarılı olduğu ortaya çıkarılmıştır.

Crête-Lafrenière vd. (2012), mitokondriyal ve nükleer moleküler belirteçlere dayanarak *Salmonidae* familyasındaki filogenetik ilişkileri incelemiş ve *Salmo* cinsinin kökenini 26-29 milyon yıl (MY) öncesine dayandırmıştır. Bu yazarlara göre, Atlantik somonu (*S. salar*), kahverengi alabalıklardan (*S. trutta*) 10 ila 14 milyon yıl önce ayrılmış ve *S. trutta* tür kompleksindeki tür içi farklılaşmanın, Kuzey yarımküre ikliminin soğumaya başlamasıyla ilişkili olarak Pliyosen, 2,5-5'milyon yıl önce meydana geldiğini bildirmiştir.

Özen (2013), Türkiye'de alabalık popülasyonlarının filogenetik ilişkilerini belirlemek için 34 farklı lokaliteden 242 örneğin, mtDNA D-loop bölgesi ve nDNA ITS1 (internal transcribed spacer 1) dizileri çalışılmıştır. Çalışma sonucunda ülkemizde Adriyatik, Marmaratus, Tigris ve Danubian soy hattının varlığını ortaya çıkarmıştır.

Kalaycı (2017), Türkiye'de dağılım gösteren Abant alabalığı (*S. abanticus*), Aras alabalığı (*S. caspius*) ve Karadeniz alabalığı (*S. labrax*) arasında hibridizasyon gerçekleştirmiş ve her grupta hibrit bireyler elde etmiştir. Bu bireylerin 16 adet mikrosatelit belirteç kullanarak ebeveyn analizi gerçekleştirmiştir. Çalışma sonucunda ebeveynler arasından sadece biri bilinen yavruların kombine dışlama oranları >99,99 olarak hesaplanmıştır. Ebeveynler arasında en fazla gen aktarımının analizler sonucunda anneden olduğu belirlenmiştir.

Berberi vd. (2019), Tiren denizi çevresindeki kahverengi alabalık popülasyonlarının genetik çeşitliliğini belirlemek için mtDNA kontrol bölgesi ve LDH-C1 geni ile 12 mikrosatelit lokus çalışılmıştır. Korsika popülasyonlarının popülasyon içi genetik çeşitliliğin düşük olduğunu, ancak popülasyonlar arası farklılaşmanın olağanüstü derecede yüksek bulunmuştur. Kuzeyde popülasyonlar arası yüksek farklılaşma ve Adriyatik soyunun hakimiyeti, ancak güneyde popülasyonlar arası daha düşük farklılaşma ve doğal Atlantik soyunun varlığını ortaya çıkarmıştır. Ayrıca, Tiren bölgesi, yaygın Adriyatik soyu ile muhtemelen Cebelitarık Boğazı yoluyla Kuzey Afrika'dan gelen yerel bir doğal Atlantik soyu arasındaki temas bölgesi olduğu gözlemlenmiştir.

Segherloo vd. (2021), Avrupa, Batı Asya ve Kuzey Afrika'daki doğal yayılım alanlarından 84 farklı bölgeden 21 kahverengi alabalık türü ve 3 tanımlanmamış gruptan toplamda 166 kahverengi alabalık örneğinin SNP ve mtDNA kontrol bölgesini çalışarak aralarındaki filogenetik ilişkiyi araştırmıştır. Kuzey Afrika ve Aral Denizi havzaları hariç

tüm büyük denizlerde Atlantik soyundan kahverengi alabalığın genomik katkıları olduğu, bu, Atlantik soyunun türlerini kullanan stoklamayla yönlendirilen yerli kahverengi alabalıkların introgresif melezleşmesini ortaya koymuştur.

Barcz ve Bernaś (2022), çok sayıda deniz alabalığı popülasyonuna ev sahipliği yapan Baltık Nehri Vistula'da doğal üremenin azalmasından dolayı yoğun bir stoklama programı başlatmıştır. Üç farklı algoritma ile soy bazlı etiketleme ve ebeveyn analizleri ile 2017-2018'de Vistula Nehri'nde yakalanan 2013 yumurtlama sezonundan elde edilen yapay deniz alabalığının oranı tahmin edilmiştir. Çalışma sonucunda Vistula'da belirli bir düzeyde doğal üremenin devam ettiği ve Vistula'da 2013 yılında yumurtlayan deniz alabalığının 2017-2018 yılları arasında yakalanan deniz alabalığı oranı yaklaşık %30 olarak belirlenmiştir.

1.9. Çalışmanın Amacı ve Önemi

Kahverengi alabalıklar insan eli ile yapılan istemli ve istemsiz müdahalelere çok hassastır. Doğal su kaynaklarının bozulması ve habitatların tahrip edilmesi kahverengi alabalık popülasyonlarının, gen kaynaklarının, ciddi şekilde zarar görmesine neden olmaktadır. Birçok su kaynağında azalan popülasyonların desteklenmesi için balıklandırma çalışmaları yapılmaktadır. Ülkemizdeki mevcut balıklandırma çalışmalarında her ne kadar anaç balıklar balıklandırma yapılacak su kaynağından temin edilse de yetiştirme ünitelerinde anaçların birbirleriyle karıştırılması, kontrolsüz balık taşınımı gibi istemli veya istemsiz olarak birçok su kaynağına doğal popülasyonu dışında balık girmekte ve hibritleşmeye ya da melezleşmeye (cross-breeding) neden olmaktadır. Hibridizasyon türlerin evrimsel potansiyeli etkileyen faktörlerden başında gelmekte olup türlerin genetik çeşitliliğini ve morfolojisini ve ekolojik özelliklerini etkilemektedir. Son zamanlarda ülkemizde bulunan *S. trutta* türü ve alt türleri, farklı coğrafik bölgelerde göstermiş oldukları morfolojik özellikler ve sadece Sitokrom b gen bölgesindeki farklılıklar baz alınarak tür düzeyinde yeniden tanımlanmıştır. Bu tanımlamalar sonucunda *S. coruhensis*, *S. tigridis*, *S. rizeensis*, *S. opimus*, *S. chilo*, *S. ekmekciae*, *S. labecula*, *S. kottelati*, *S. euphrataeus*, *S. okumusi*, *S. fahrettini*, *S. platycephalus*, *S. duhani*, *S. baliki*, *S. bruno*, *S. araxensis*, *S. ardahanensis*, *S. murathani*, *S. munzuricus*, *S. t. abanticus* ve *S. caspius* gibi yeni kahverengi alabalık türleri tanımlanmıştır.

Bu tezde, Türkiye'nin her tarafından özellikle yeni tür tanımlamalarının yapıldığı yerlerden balık örnekleme yapılmıştır. Yeni tür tanımlamasına neden olan cyt-b gen bölgesine ek olarak, COI gen bölgesi ile D-loop bölgeleri, nükleer ITS bölgesi ve

mikrosatelit gen bölgeleri de çalışılarak gerçek bir türleşmenin gerçekleşip gerçekleşmediği, popülasyonların birbirinden genetik olarak farklılaşıp farklılaşmadığı ve popülasyonlarda hibritleşmenin olup olmadığı belirlenmeye çalışılmıştır.

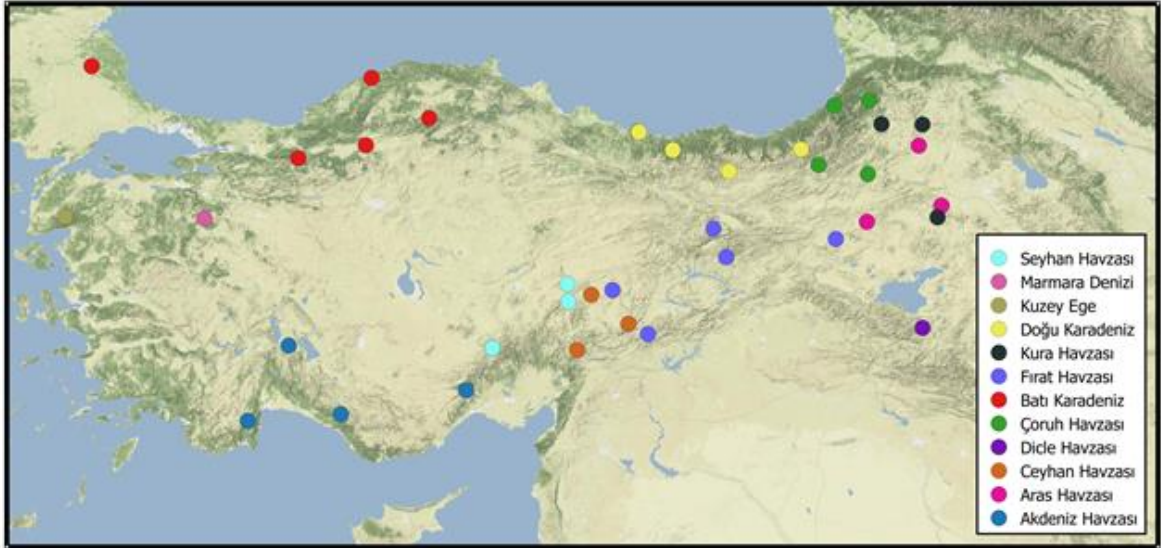
Ülkemizde kahverengi alabalıkların doğal ortamında muhtemel tür içi melezleşme veya türler arası hibridizasyonun belirlenmesi ile ilgili yapılmış bir çalışma bulunmamaktadır. Ülkemizdeki kahverengi alabalıkların doğal dağılım alanının tamamını temsil edilecek şekilde mevcut tür içi veya türler arası hibridizasyonun araştırılması geleceğe yönelik gen kaynaklarının korunması ve işletilebilmesi açısından önem arz etmektedir.



2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

2.1. Materyal

Bu çalışmadaki kahverengi alabalık örnekleri Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitü'sünün yürüttüğü "TAGEM/HAYSÜD/2001/09/03/08 kodlu Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü Destekli" "Türkiye'deki kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) popülasyonlarının genetik yapısının mikrosatelit ve d-loop sekans analizi yöntemi ile belirlenmesi" başlıklı proje bünyesinde daha önceden (2013-2015) toplanmış ve DNA örnekleri -40°C'de muhafaza edilmiştir. Eksik olan örnekler ise yine TAGEM destekli "Su Ürünleri Genetik Veri Tabanı Oluşturulması" projesi kapsamında 2020-2023 yılında toplanmıştır. Bu çalışmada örnekleme alanları seçiminde daha önceden *Salmo trutta* alt türlerinin dağılım gösterdiği bölgeler dikkate alınarak 12 havzadan 37 popülasyon belirlenmiştir (Şekil 3).



Şekil 3. Örnekleme yapılan yerlerin havzalara göre haritadaki yerlerinin gösterimi

İzole edilen ve -40 °C'de muhafaza edilen DNA'ların kalitesini belirlemek için 5 µl DNA +1 µl yükleme boyası, 100 bç DNA belirteç (Hibriden, Türkiye) ile birlikte 1 µl sybeer green (10000x) nükleik asit boyama solüsyonu ile boyanarak hazırlanan %1,5'luk agaroz jel üzerinde 1X TBE tampon sisteminde yürütülüp jel görüntüleme sistemi (ER Biotek

Fx3/FxT, Türkiye) ile resmedilmiştir. Ayrıca, DNA konsantrasyonları nano drop (NanoDrop 8000, Thermo Fisher, Massachusetts) ile ölçülüp kontrol edilmiştir. Dalga boyu 260 ve 280 nm’de yapılan ölçümlerde 260/280 oranı 1,8 konsantrasyonu 75-100 ng/μl arasında olan örnekler çalışmada kullanılmıştır. Düşük kalite ve/veya konsantrasyona sahip örnekler ve önceden DNA izolasyonu yapılmayan örnekler için DNA izolasyon işlemi tekrarlanmıştır.

2.2. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu Qiagen QIAamp DNA Mini Kit ile yapılmıştır. DNA izolasyonunda izlenen yöntem aşağıda verilmiştir.

- 2-20 mg Kuyruk yüzgeci doku örneği steril ependorf tüplere alınıp alkollerinin uçması için oda sıcaklığında 5-10 dk bekletildi.
- Her bir örnek için 1,5 mililitrelik ependorf tüp içerisine; 200 μl ATL, 20 μl Proteinaz K ve 4 μl RNase A eklenip karıştırıldı ve örnekler tüpe aktarıldı.
- Örnekler 230 rpm hızda 55°C’de yaklaşık 15 saat inkübe edildi.
- İnkübasyondan sonra örnekler vortekslenip santrifüj edildikten sonra üst faz yeni bir ependorf tüpe aktarılıp üzerine 200 μl AL buffer ilave edilip 70°C’de 10 dk inkübe edildi.
- Süre sonunda örnekler 15 sn vortekslenip üzerine 200 μl %96’lık etanol eklenip karıştırıldı.
- Örnekler toplama tüpü içerisine yerleştirilen spin kolona aktarıldı.
- 8000 rpm’de 1 dk santrifüj edilip toplama tüpündeki sıvı uzaklaştırıldı.
- Spin kolona 500 μl AW1 eklenip 8000 rpm’de 1 dk santrifüj edildi ve toplama tüpündeki sıvı uzaklaştırıldı.
- Örneklerin üzerine 500 μl AW2 eklenip 14.000 rpm’de 3 dk santrifüj edildi.
- Spin kolon temiz 1,5 ml’lik yeni ependorf tüpe yerleştirildi.
- Spin kolon üzerine 200 μl AE konulup oda sıcaklığında 1-2 dk bekletildi.
- 8000 rpm’de 1 dk santrifüj edilerek, DNA karışımının 1,5 ml’lik tüp içerisine aktarılması sağlandı.
- Tüpte biriken DNA, kullanılıncaya kadar -20°C de bekletildi.

İzole edilen DNA örneklerinin kaliteleri kontrol edilip konsantrasyonları ölçülmüştür.

2.3. mtDNA Gen Bölgeleri, Kontrol Bölgesi ve Nükleer Bölgenin Çoğaltılması

Hibrit veya melez olduğu düşünülen örneklerin hangi popülasyona ait olduklarının belirlenmesi için mtDNA'nın COI, Cytb, D-loop ve nükleer ITS dizi analizi yapılmıştır. Çoğaltılan primerlerin baz dizilimleri Tablo 3'te verilmiştir. Gen bölgeleri çeşitli araştırmacılar tarafından geliştirilen primer setleri (ileri ve geri yönlü) kullanılarak çoğaltılmıştır (Tablo 3). ITS bölgesi için hazırlanan PZR karışımı 12,5 µl 2X Master mix (Hibrogen, Türkiye), 1 µl ileri ve geri yönlü primer (10 µM), 2 µl 360 GC enhancer (AmpliTaq Gold, USA), 1 µl kalıp DNA ve 7,5 µl nükleaz free saf sudan oluşurken, COI, Cytb, D-loop gen bölgeleri için toplam 20 µl hacminde hazırlanan PZR karışımında; 10 µl 2X Master mix (Hibrogen, Türkiye), 1 µl ileri ve geri yönlü primer (10 µM), 1 µl kalıp DNA (100 ng/µl) ve 7 µl nükleaz free saf su bulunmaktadır. Çalışılacak gen bölgelerinin (COI, Cytb, ITS ve D-loop) optimum erime sıcaklıkları gradient PZR kullanılarak belirlenmiştir.

Tablo 3. mtDNA ne Nükleer DNA primerlerinin baz dizilimi

Gen	Primer	Baz Dizilimi	Referans
COI	FishF1	TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC	Ward vd. (2005)
	FishR1	TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA	
CYT-B	cytbF	GCTAATGACGCACTAGTCG	Warheit & Bowman (2008)
	cytbR	GGGGGCGAGRACTAGGAAGAT	
DLOOP	d-loop F	CCCTCCCTAGTGCTCAGAG	Kalaycı vd. (2018)
	d-loop R	GTAAAGTCAGGACCAAGCC	
ITS	Kp2	AAAAAGCTTCCGTAGGTGAACCTGCG	Presa vd. (2002)
	5.8S	AGCTTGCTGCGTTCTTCATCGA	

COI için uygulanan PZR protokolü şu adımları içerir: 94°C'de 3 dakika ön denatürasyon, ardından 35 döngü; her döngüde 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 55°C'de 45 saniye bağlanma, 72°C'de 45 saniye uzama ve son olarak 72°C'de 7 dakika final uzaması yapılır. Cytb için kullanılan PZR protokolü ise; 94°C'de 3 dakika ön denatürasyon, 35 döngü; her döngüde 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 54°C'de 45 saniye bağlanma, 72°C'de 45 saniye uzama ve 72°C'de 7 dakika final uzaması içerir. D-loop bölgesi için PZR protokolü ise, COI ile aynı parametreleri kullanır: 94°C'de 3 dakika ön denatürasyon, ardından 35 döngü; 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 55°C'de 45 saniye bağlanma, 72°C'de 45 saniye uzama ve son olarak 72°C'de 7 dakika final uzama. ITS bölgesi için ise; 95°C'de

5 dakika ön denatürasyon, 35 döngü; her döngüde 95°C’de 30 saniye denatürasyon, 60°C’de 40 saniye bağlanma, 72°C’de 40 saniye uzama ve 72°C’de 7 dakika final uzaması uygulanır.

Çoğaltılan mtDNA ve nükleer DNA bölgelerinin kontrolü için, her örnekten 5 µl PZR ürünü ve 0,5 µl 10X yükleme boyası, 100 bp DNA markörü ile birlikte, 1 µl SYBR Green nükleik asit boyama solüsyonu eklenmiş %1,5’luk agaroz jel üzerinde 1X TBE tampon sisteminde koşturulmuş ve jel görüntüleme sistemi ile analiz edilmiştir.

2.4. mtDNA Dizi ve Veri Analizi

Kaliteleri kontrol edilen ürünlerin PZR saflaştırması yapılarak BigDye Terminator Cycle Sequencing Kiti kullanılarak (Applied Biosystems) Sekans PZR’ları yapılmıştır. Tüm örnekler için hazırlanan sekans PZR karışımı; 1 µl DNA, 0,4 µl Primer, 0,5 µl BigDye, 2 µl Buffer ve 6,1 µl nükleaz free saf sudan toplam 10 µl olacak şekilde hazırlanmıştır. Sekans PZR protokolü ise 96°C’de 1 dakika ön denatürasyon, 95°C’de 10 saniye denatürasyon, 55°C’de 5 saniye tutunma, 60°C’de 4 dakika uzama ve primerin uzunluğuna göre 52-55 döngü sayısı olacak şeklindedir. Örnekler sekans PZR sonrası tekrar saflaştırma yapılarak Su ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, Trabzon bünyesinde bulunan ABI 3500 otomatik dizi analiz sistemi (Applied Biosystem) COI-F, Cytb-F, ITS 5.8 ve D-loop F ile tek yönlü dizi analizi yapılmıştır.

Dizi analizi sonrası elde edilecek *ab1 formatındaki ham dizi verilerinin elektroferogramları kontrol edilerek istenilen kalitede olmayan diziler analizden çıkarılmıştır. Ayrıca diziler NCBI BLAST (National Center for Biotechnology Information, Basic Local Alignment Search Tool) veri tabanına yüklenip, hangi türle ne oranda eşleştikleri belirlenmiştir. MtDNA’nın farklı gen bölgesine ve nükleer DNA’nın ITS1 bölgesinin ham DNA dizileri çoklu hizalama programı olan BioEdit 7.2.6 (Hall, 1999) ile Clustal W seçeneği kullanılarak hizalanıp dizilerin uzunlukları belirlenmiştir. Hizalama sonrası diziler teker teker kontrol edilerek olası hizalama hataları belirlenerek düzeltilmiş ve dizilerin uzunlukları belirlenmiştir. Haplotip çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (Pi), ve haplotip sayısı DnaSp v.6 (Rozas vd., 2017) mutasyon miktarı ve haplotipler arası ilişki ise Median Joining network algoritması (Bandelt vd., 1999) kullanılarak PopArt (Leigh ve Bryant, 2015) programı ile oluşturulmuştur.

Gen bölgelerinin, parsimonik bilgi içeren gen bölgelerinin, korunmuş bölgelerin, analizi, Mega X (Kumat et al., 2018) programı ile hesaplanmıştır. Ayrıca Mega X (Kumat

et al., 2018) programı kullanılarak Maksimum Likelihood (Maksimum Benzerlik) yöntemi kullanılarak 1000 tekrarlı seç bağla tekniği ile filogenetik dendogramlar çizilmiştir. Dış grup olarak filogenetik ağaç çizimlerinde *Salmonidae* familyasına mensup *S. salar* (GenBank Erişim Kodu COI, Cytb, ITS ve Dloop için sırasıyla HQ167685, EU492280, AF518876, KF792729) sekans dizileri NCBI veri tabanından alınıp kullanılmıştır. Ayrıca filogenetik ağaçlar oluşturulurken *S. trutta*'nın farklı araştırmacılar tarafından çalışılan ilgili gen bölgeleri için belirlenen dizileri de kullanılmıştır.

2.5. Mikrosatelit Bölgelerinin Çoğaltılması

Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde ve ebeveyn analizinde önceki çalışmalarda tanımlanan 16 mikrosatelit lokus kullanılmıştır. Bu lokusların sekizinin genotiplenmesi yapılmış olup ham veriler mevcutken diğer 8 lokusun genotiplenmesi bu çalışmada yapılmıştır (Tablo 4). Primerlerin optimum erime sıcaklıkları, çalışıp çalışmadıklarının belirlenmesi için termal döngü cihazının gradient özelliği kullanılarak PZR yapılmıştır. Mikrosatelit lokuslarının çoğaltılmasında kullanılacak primer çiftleri ve bu primerlerin temel özellikleri Tablo 4'te verilmiştir. Ürün boyu ve tutunma sıcaklığına bağlı olarak mikrosatelit lokusları, dörderli 2 multipleks grup oluşturularak, geri yönlü primer çiftlerinin 3' sonları floresan boya ile (6-FAM, VIC; NED veya PET) işaretlenmiştir. PZR karışımı toplam 20 µl hacminde 2X master karışım (Hibrigen) kullanılarak hazırlanmıştır. Reaksiyon karışımında; 10µl master karışım, her primer çiftinden 1 µl (10 µM), 50-100 ng kalıp DNA ve ultra saf sudan oluşmuştur. Uygulanan PZR protokolü 95 °C'de 5dk, 95 °C'de 30 sn, 60 °C'de 1.30sn, 72 °C'de 30sn ve 60 °C 30 dk'dır. Örneklerin kalitesi ve bant boyunun uygun olup olmadığını belirlemek için PZR ürünü + yükleme boyası, DNA markörü (100 bp'lik) ile birlikte, Sybr green (20000x) (1 µl) ile boyanarak hazırlanmış ve %1,5'luk agaroz jele yüklenerek 1X TBE tampon sisteminde yaklaşık yarım saat yürütülüp, jel görüntüleme sistemi ile resmedilmiştir. Uygun kalite ve boyda olan örnekler 1000 kat sulandırılıp Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, bünyesinde bulunan ABI 3500 otomatik dizi analiz sisteminde Liz 600 boy standardı kullanılarak fragment okumaları yapılmıştır. Genemarker (Soft Genetics, ABD) programı ile allel frekansları ve allel uzunlukları her örnek için belirlenmiştir.

2.6. Mikrosatelit Veri Analizi

Genemarker (Soft Genetics, ABD) programı ile allel frekansları ve allel uzunlukları her örnek için belirlenmiştir. Elde edilen verilerin mikrosatelit analiz programlarının girdi formatlarına dönüştürülmesinde Convert (Glaubitz, 2004) programları kullanılmıştır. Microchecker v2.2.3 (Van Oosterhout vd., 2004) programı ile allel çakışması (stuttering), allel kaybı (large allele dropout) ve null allel varlığı belirlenmiştir. Ayrıca ML-NULLFREQ (Kalinowski ve Taper, 2006) kullanılarak maksimum benzerlik ve null allel frekansları hesaplanmıştır. FreeNA (Chapuis ve Estoup, 2007) programı ile olası null allelden kaynaklanan FST ve null allel frekansı 25.000 tekrar ile yeniden hesaplanmıştır. Yüksek null allel frekansı FreeNA programında ENA (excluding null allele) düzeltme yöntemi ile FST değeri üzerine etkisi en aza indirilmektedir.

Bonferroni metodu ile düzenleme yapıp (Benjamini & Hochberg, 1995) yeni olasılık eşik değerleri (Threshold P) hesaplanmış ve Yanlış keşif değeri (False Discovery Rate-FDR) kontrol edilmiş GENEPOP v.4.2 (Rousset, 2008) programı “exact test” yöntemi ile genotipik oranlarının Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumu belirlenmiştir. Olasılık değerleri (P değeri) 500 kümelenme (batch), 10.000 dememorizasyon ve 5.000 tekrara dayalı olarak her bir küme için hesaplanmıştır. GENEPOP v 4.2 programında genotipik ikili karşılaştırmalar 500 kümelenme (batch), olasılık değerleri (P değeri) 10.000 dememorizasyon ve her bir küme için 5.000 tekrarlı olarak hesaplanmıştır.

Cervus 3.0.7 (Kalinowski vd., 2007) programı kullanılarak toplam allel sayısı (NA), polimorfik bilgi içeriği (PIC), beklenen (He) ve gözlenen (Ho) heterozigotluk değerleri her lokus için analiz edilmiştir. FSTAT v.2.9.3 (Goudet, 1995) programı ile Allelik Zenginlik (A_R), Akrabalı yetiştiricilik katsayısı (F_{IS}) değerleri hesaplanmıştır. GenAlEX 6.5 programı ile allel frekansları ve özgün allellerin varlığı hesaplanmıştır.

Tablo 4. Mikrosatelit bölgeler ve özellikleri

Lokus	Erime sıcaklığı (T _m)	Gözlenen allel sayısı	Büyüklik aralığı (bp)	Primer dizilimi	Referans
Str15INRA	58°C	10	193-225	5'-TGCAGGCAGACGGATCAGGC-3' 5'-AATCCTCTACGTAAGGGATTTGC-3'	Estoup vd. (1993)
Str60INRA	60°C	9	87-111	5'-CGGTGTGCTTGTCAGGTTTC-3' 5'-GTCAAGTCAGCAAGCCTCAC-3'	Estoup vd. (1993)
Str73INRA	58°C	11	138-162	5'-CCTGGAGATCCTCCAGCAGGA-3' 5'-CTATTCTGCTTGTAAGTAGACCTA-3'	Estoup vd. (1993)
Str85INRA	55°C	19	146-200	5'-GGAAGGAAGGGAGAAAGGT-3' 5'-GGAAAATCAATACTAACAA-3'	Presa ve Guyomard (1996)
BS131	50°C	10	149-177	5'-CACATCATGTTACTGCTCC-3' 5'-CAGCCTAATTCTGAATGAG-3'	Estoup vd. (1998)
Omy7	52°C	6	200-300	5'-CGTTCTCTACTGAGTCAT-3' 5'-TGCAGTGAAGCCTTAAAGA-3'	Morris vd. (1996)
Ssa410Uos	55°C	5	170-320	5'-GGAAAATAATCAATGCTGCTGGTT-3' 5'-CTACAATCTGGACTATCTTCTTCA-3'	Cairney vd. (2000)
Omy1011	60°C	8	150-300	5'-GATTCCATAACCTCGCCTTC-3' 5'-GTCCTTGTGCTGCCTGCT-3'	Spies vd. (2005)

Tablo 4'ün devamı

Lokus	Erime sıcaklığı (T _m)	Gözlenen allel sayısı	Büyüklik aralığı (bp)	Primer dizilimi	Referans
Str543INR A	55°C	24	119-169	5'-ATTCTTCGGCTTTCTCTTGC-3' 5'-ATCTGGTCAGTTTCTTTATG-3'	Presa ve Guyomard (1996)
Str591INR A	55°C	22	146-198	5'-CTGGTGGCAGGATTTGA-3' 5'-CACTGTCTTTCGTTCTT-3'	Presa ve Guyomard (1996)
Ssa85	60°C	9	104-120	5'-AGGTGGGTCCTCCAAGCTAC-3' 5'-ACCCGCTCCTCACTTAATC-3'	O'Reilly vd. (1996)
T3-13	54°C	21	175-235	5'-CCAGTTAGGGTTCATTGTCC-3' 5'-CGTTACACCTCTCAACAGATG-3'	Estoup vd. (1998)
SsoSL417	52°C	15	161-197	5'-TTGTTTCAGTGTATATGTGTCCCAT-3' 5'-GATCTTCACTGCCACCTTATGACC-3'	Slettan vd. (1995)
SsoSL438	54°C	7	103-115	5'-GACAACACACAACCAAGGCAC-3' 5'-TTATGCTAGGTCTTTATGCATTGT-3'	Slettan vd. (1995)
BS131	50°C	10	149-177	CACATCATGTTACTGCTCC CAGCCTAATTCTGAATGAG	Estoup vd. (1998a)
Strutta58	56°C	11	102-190	5'-AACAATGACTTTCTCTGAC-3' 5'-AAGGACTTGAAGGACGAC-3'	Poteaux vd. (1999)

Tablo 5. Oluşturulan mikrosatelit gruplar

Grup	Primer	Primer Erime Sıcaklığı
1. Grup	T3-13	60°C
	Ssa85	
	SSoSL517	
2. Grup	Strutta 12	52°C
	Strutta 58	
	SSoSL438	

STRUCTURE v.2.3.4 (Falush vd., 2003) programı ile veri setindeki genetik açıdan farklı popülasyonların varlığı Bayesian çoklu-lokus kümelenme metoduyla incelenmiştir. Popülasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu kabul edip bireyleri genetik özelliklerine göre farklı gruplara ayıran ve bu gruplar arasındaki genetik farklılıkları belirlemek için STRUCTURE programı kullanılmıştır. Markov Chain Monte Carlo (MCMC) ile örnekler farklı gruplara yerleştirilip, 2-36 arasında birbirinden bağımsız 10 tekrar şeklinde en uygun kümelenme sayısı belirlenmiştir. Yanma iterasyon değeri 10^5 olarak kullanılmış ve yanma iterasyonlarından sonra 10^6 MCMC iterasyonu kullanılmıştır. Muhtemel K değeri Structure Harvester (Earl & Von Holt, 2012) ile Evanno yöntemi kullanılarak belirlenmiştir. Structure analizinin grafiksel görseli CLUMPAK programı kullanılarak çizilmiştir (Kopelman vd., 2015).

Genetik mesafe ile coğrafik mesafe arasındaki ilişki GenAlEx 6.5 programında Mantel test ile incelenmiştir (Mantel, 1967). Permütasyon testi ile genetik mesafe ile coğrafik mesafe arasındaki ilişkinin istatistiksel önemliliği sınanmıştır. Ayrıca Temel Koordinat Analizi (Principal Coordinate Analysis, PCoA) ile popülasyonlar arasındaki ilişki daha detaylı incelenmiştir (Liu & Muse, 2005). Ayrıca, mekansal genetik çeşitlilik, mekansal yapı modellerini tespit etmek için popülasyonlar arasında artan mesafelere dayanan mekansal otokorelasyon analizi kullanılarak da değerlendirilmiştir (Smouse & Peakall, 1999).

Cervus programı (Kalinowski vd., 2007) kullanılarak popülasyonlar arası muhtemel hibritleşme durumu ebeveyn analizi ile değerlendirilmiştir. Cervus, genotipleme hatalarını ve lokuslardaki eksik genotipleri dikkate alarak allel frekans dağılımına dayalı olarak muhtemel ebeveynler arasındaki olasılık farklılıklarını hesaplamaktadır. Bu nedenle öncelikle her bir popülasyon ve mikrosatelit lokusu için allel frekansları belirlenmiştir. Olasılığı yüksek olan aday ebeveyn, en muhtemel ebeveyn olarak atanmaktadır. Ebeveyn tayininin güvenilirliği her bir birey için hesaplanan delta skoruna göre değerlendirilmektedir.

Delta skorunun yüksek oluđu aday ebeveynler arası ayırımı daha yüksek olmasını iřaret etmekte ve aday ebeveynin gerek ebeveyn olma ihtimalinin yüksek olduđunu gstermektedir. Negatif delta skorları sıfır olarak kabul edilir. Delta skorlarının belirlenmesi iin ebeveyn analiz simlasyonlarının yapılması gerekmektedir. Bu nedenle ebeveyn analizinin gvenirliliđini deđerlendirmek iin ebeveyn analiz simlasyonu yapılmıřtır. Ebeveyn analiz simlasyonu iin kullanılan parametreler řu řekildedir; 500 aday ebeveyn, 10000 yavru, %1 aday ebeveyn rneklenme varsayımı ve %3 genotipleme hatası. Fven seviyeleri programın varsayılan ayarları deđerlendirilmeden (%95 kesin gven ve %80 rahat gven) kullanıldı.



3. BULGULAR

3.1. Örnekleme

Çalışmada her bir örnekleme sahasından en az 32'şer birey örneklenmesi amaçlansa da DNA'ların önceden izole edilmesi veya dokuların içerisinde muhafaza edildiği alkolünün uçması veya her örneğin ilgili gen bölgesiyle çoğaltılamaması gibi nedenlerden dolayı birçok bölgede istenilenden az sayıda DNA izolasyonu yapılabilmektedir. COI, Cyt-b, D-loop, ITS ve mikrosatelit analizlerinde kullanılan birey sayısı Tablo 6'da verilmiştir.

Tablo 6. Analizlerde kullanılan birey sayıları (n)

Örnekleme İstasyonları	Havza	Mikrosatelit (n)	COI (n)	CYTB (n)	DLOOP (n)	ITS (n)
Antalya/Kumluca	Akdeniz	32	24	24	15	13
Antalya/Gündoğmuş	Akdeniz	32	23	22	15	22
Isparta/Aksu	Akdeniz	25	22	15	16	24
Mersin/Tarsus	Akdeniz	32	23	22	18	23
Erzurum/Karayazı	Aras	32	21	24	16	23
Kars/Susuz	Aras	27	19	23	15	24
Iğdır/Tuzluca	Aras	11	11	6	4	8
Maraş/Merkez	Ceyhan	32	23	21	9	24
Maraş/Elbistan	Ceyhan	32	23	23	16	23
Sivas/Gürün/Akdere	Ceyhan	17	22	23	17	17
Erzurum/Uzundere	Çoruh	28	19	24	16	24
Artvin/Şavşat	Çoruh	27	20	24	16	21
Artvin/Borçka	Çoruh	31	23	24	16	24
Erzurum/Oltu	Çoruh	31	24	11	15	17
Van/Çatak	Dicle	12	9	10	9	10
Erzincan/Tercan	Fırat	17	21	15	10	21
Erzurum/Hınıs	Fırat	14	21	22	16	16
Tunceli/Munzur	Fırat	18	22	17	16	23
Sivas/Gürün/Tohma	Fırat	27	23	24	24	23
Malatya/Doğanşehir	Fırat	11	24	20	12	21
Çanakkale/Bayramiç	Kuzey Ege	32	23	21	14	22
Bartın/Merkez	Batı Karadeniz	7	6	5	-	8
Bolu/Abant	Batı Karadeniz	13	9	14	14	20
Çankırı/Çerkeş	Batı Karadeniz	16	16	23	15	16
Kırklareli/Dereköy	Batı Karadeniz	9	23	11	15	22
Kastamonu/Merkez	Batı Karadeniz	18	21	24	16	24
Gümüşhane/Torul	Doğu Karadeniz	29	23	24	16	19
Rize/Çamlıhemşin	Doğu Karadeniz	32	24	23	15	23

Tablo 6'nın devamı

Örnekleme İstasyonları	Havza	Mikrosatelit (n)	COI (n)	CYTB (n)	DLOOP (n)	ITS (n)
Giresun/Dereli	Doğu Karadeniz	23	23	22	15	23
Ordu/Çambaşı	Doğu Karadeniz	32	22	22	16	21
Ağrı/Taşlıçay	Kura	25	4	6	16	7
Ardahan/Ardıçdere	Kura	24	24	18	16	24
Kütahya/Domaniç	Marmara	32	23	15	21	23
Kayseri/Sarız	Seyhan	26	24	21	24	23
Niğde/Çamardı	Seyhan	26	22	16	16	19
Kayseri/Pınarbaşı	Seyhan	9	16	16	9	16
Erzurum Ömertepe	Fırat	16	11	7	13	14

3.2. DNA Dizi Analizi

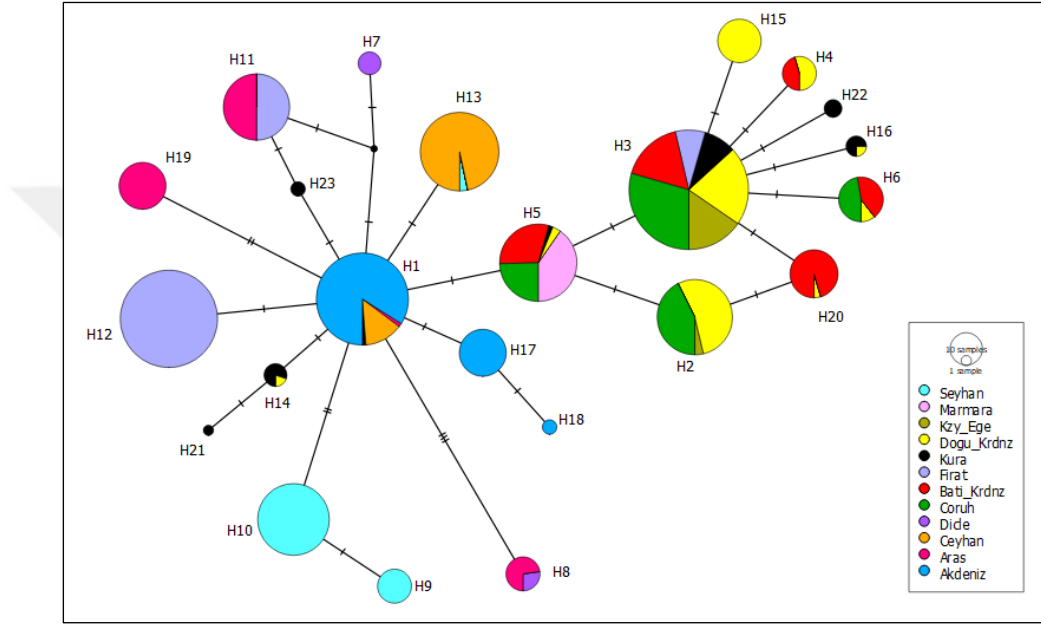
3.2.1. COI Gen Bölgesinin Dizi Analizi

Toplam 37 *S. trutta* popülasyona ait 726 örneğin 574 bç uzunluğundaki COI gen bölgesi 12 havzaya ayrılarak analiz edilmiştir. Yapılan analizde 23 haplotip varlığı tespit edilmiştir. Haplotip çeşitlilik (Hd) ve nükleotit çeşitlilik (Pi) değerleri sırasıyla 0,907 ve 0,00432 olarak belirlenmiştir. H3 en yaygın haplotip olup 136 örnekte ve toplam 6 havzada (Çoruh, Kuzey Ege, Fırat, Doğu Karadeniz, Batı Karadeniz, Kura) gözlemlenmiştir. Analiz edilen örneklerin haplotip dağılımları Tablo 7'de verilmiştir.

Tablo 7. COI gen bölgesi haplotip dağılımı

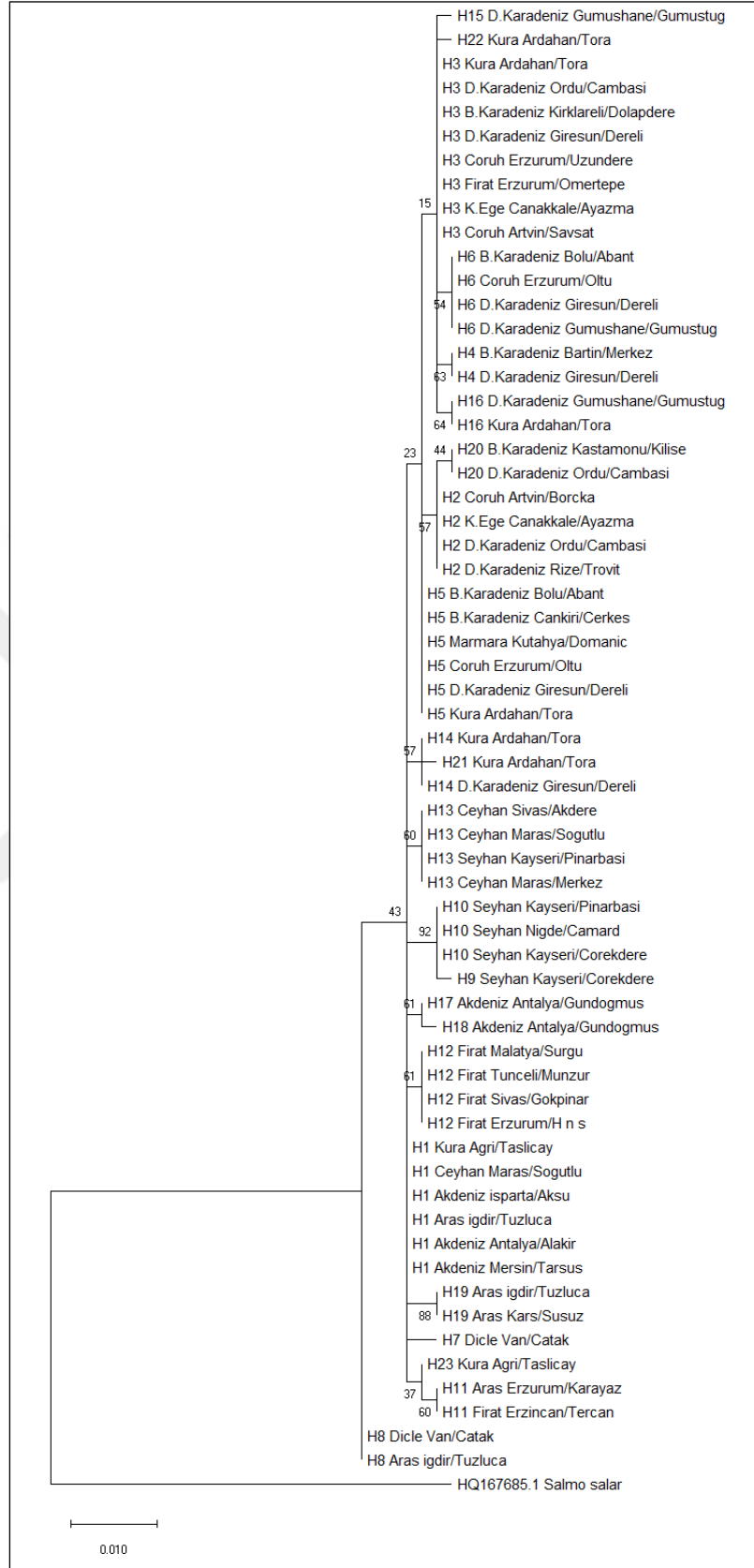
Havza	Haplotip
Seyhan	H9-H10-H13
Marmara	H5
Kuzey Ege	H2- H3
Doğu Karadeniz	H2- H3-H4-H5-H6-H14-H15-H16-H20
Kura	H3-H5-H14-H16
Fırat	H3-H11-H12-H21-H22-H23
Batı Karadeniz	H3-H4-H5-H6-H20
Çoruh	H2-H3-H5-H6
Dicle	H7-H8
Ceyhan	H1-H13
Aras	H1-H8-H11-H19
Akdeniz	H1-H17-H18

Haplotip ağ analizi sonuçlarına göre Doğu Karadeniz, Kuzey Ege, Çoruh, Batı Karadeniz, Fırat ve Kura havzalarına ait haplotipler bir grup oluştururken Seyhan, Ceyhan, Akdeniz, Aras ve Dicle havzalarına ait haplotipler ise farklı bir grup oluşturmıştır. Haplotipler arası gözlenen maksimum baz farkı altı olarak tespit edilmiştir (Şekil 4). Dairenin büyüklüğü haplotipe ait örnek sayısı ile doğru orantılıdır. Çizgilerin üzerindeki rakamlar ise haplotipler arası baz farklılıklarını belirtmektedir.



Şekil 4. COI haplotip ağı

Filogenetik ağ oluşturulurken üretilen veri seti ile birlikte aynı zamanda NCBI veri tabanına eklenen *S. trutta*'ya ait referans COI gen dizileri de kullanılmıştır. En uygun nükleotid değişim modeli AIC ve BIC kriterlerine göre seçilmiştir. Bootstrap (500) yöntemi ile çizilen Maksimum benzerlik ağacında *S. trutta* ve *S. salar* (HQ167685) türleri farklı dallarda kümelenmiştir. *Salmo trutta* örnekleri de kendi arasında 2 farklı dalda kümelenmiştir. H8 haplotipini oluşturan daldaki örnekler Dicle havzasından Van/Çatak örneği ile Aras havzasından Iğdır/Tuzluca örneklerinden oluşmaktadır (Şekil 5).



Şekil 5. *Salmo trutta*'nın COI genine dayalı çizilen filogenetik ağacı

Haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri Tablo 8’de verilmiştir. Genetik mesafe havzalar arasında 0,002-0,011 arasında değişmektedir.

Tablo 8. COI gen bölgesine göre haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri

	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23
H1	0,000																						
H2	0,004	0,000																					
H3	0,004	0,004	0,000																				
H4	0,005	0,005	0,002	0,000																			
H5	0,002	0,002	0,002	0,004	0,000																		
H6	0,005	0,005	0,002	0,004	0,004	0,000																	
H7	0,004	0,007	0,007	0,009	0,005	0,009	0,000																
H8	0,005	0,009	0,009	0,007	0,007	0,007	0,009	0,000															
H9	0,005	0,009	0,009	0,011	0,007	0,011	0,009	0,011	0,000														
H10	0,004	0,007	0,007	0,009	0,005	0,009	0,007	0,009	0,002	0,000													
H11	0,004	0,007	0,007	0,009	0,005	0,009	0,004	0,009	0,009	0,007	0,000												
H12	0,002	0,005	0,005	0,007	0,004	0,007	0,005	0,007	0,007	0,005	0,005	0,000											
H13	0,002	0,005	0,005	0,007	0,004	0,007	0,005	0,007	0,007	0,005	0,005	0,004	0,000										
H14	0,002	0,005	0,005	0,007	0,004	0,007	0,005	0,007	0,007	0,005	0,005	0,004	0,004	0,000									
H15	0,005	0,005	0,002	0,004	0,004	0,004	0,009	0,011	0,011	0,009	0,009	0,007	0,007	0,007	0,000								
H16	0,005	0,005	0,002	0,004	0,004	0,004	0,005	0,011	0,011	0,009	0,005	0,007	0,007	0,007	0,004	0,000							
H17	0,002	0,005	0,005	0,007	0,004	0,007	0,005	0,007	0,007	0,005	0,005	0,004	0,004	0,004	0,007	0,007	0,000						
H18	0,004	0,007	0,007	0,009	0,005	0,009	0,007	0,009	0,009	0,007	0,007	0,005	0,005	0,005	0,009	0,009	0,002	0,000					
H19	0,004	0,007	0,007	0,009	0,005	0,009	0,007	0,009	0,009	0,007	0,007	0,005	0,005	0,005	0,009	0,009	0,005	0,007	0,000				
H20	0,005	0,002	0,002	0,004	0,004	0,004	0,009	0,011	0,011	0,009	0,009	0,007	0,007	0,007	0,004	0,004	0,007	0,009	0,009	0,000			
H21	0,004	0,007	0,007	0,009	0,005	0,009	0,007	0,009	0,009	0,007	0,007	0,005	0,005	0,002	0,009	0,009	0,005	0,007	0,007	0,009	0,000		
H22	0,005	0,005	0,002	0,004	0,004	0,004	0,009	0,011	0,011	0,009	0,009	0,007	0,007	0,007	0,004	0,004	0,007	0,009	0,009	0,004	0,009	0,000	
H23	0,002	0,005	0,005	0,007	0,004	0,007	0,005	0,007	0,007	0,005	0,002	0,004	0,004	0,004	0,007	0,007	0,004	0,005	0,005	0,007	0,005	0,007	0,000

COI gen bölgesinin analizinden elde edilen genetik farklılığın dağılımını belirlemek için yapılan AMOVA analizinde havzalar arası, istasyonlar arası ve istasyonlar içi olmak üzere 3 farklı düzeyde çeşitlilik değerleri elde edilmiştir. Havzalar arası varyasyon %58,77, istasyonlar arası %37,02 ve popülasyon içi varyasyon ise %4,21 olarak belirlenmiştir (Tablo 9).

Tablo 9. COI gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri

	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon İndeksi
Havzalar arası	4,13568	58,77	0,58773
İstasyonlar arası	2,60469	37,02	0,89784
İstasyonlar içi	0,29637	4,21	0,95788

3.2.2. Cyt-b Gen Bölgesinin Dizi Analizi

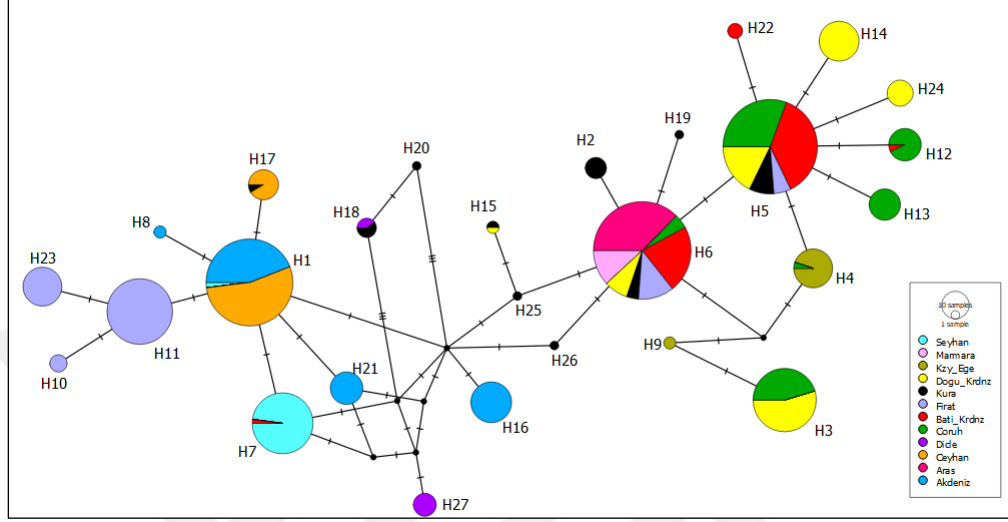
Toplam 37 *S. trutta* popülasyona ait 673 örneğin gen bölgesi analiz edilmiştir. Yapılan analizde 27 haplotip varlığı tespit edilmiştir. H6 en yaygın haplotip olup 7 havzada (Batı Karadeniz, Doğu Karadeniz, Marmara, Aras, Fırat, Çoruh, Kura) 126 örnekte gözlemlenmiştir. Haplotip çeşitlilik ve nükleotit çeşitlilik değerleri ise sırasıyla 0,889 ve 0,00534 olduğu belirlenmiştir. Örneklerin haplotip dağılımları Tablo 10'da verilmiştir.

Tablo 10. Cyt-b gen bölgesi haplotip dağılımı

Havza	Haplotip
Seyhan	H1-H7
Marmara	H6
Kuzey Ege	H4-H9
Doğu Karadeniz	H3-H5-H6-H14-H15-H24
Kura	H2-H5-H6-H15-H17-H18-H19-H20-H25
Fırat	H5-H6-H10-H11-H23
Batı Karadeniz	H5-H6-H7-H12-H22
Çoruh	H3-H4-H5-H6-H12-H13
Dicle	H18-H26-H27
Ceyhan	H1-H17
Aras	H6
Akdeniz	H1-H8-H16-H21

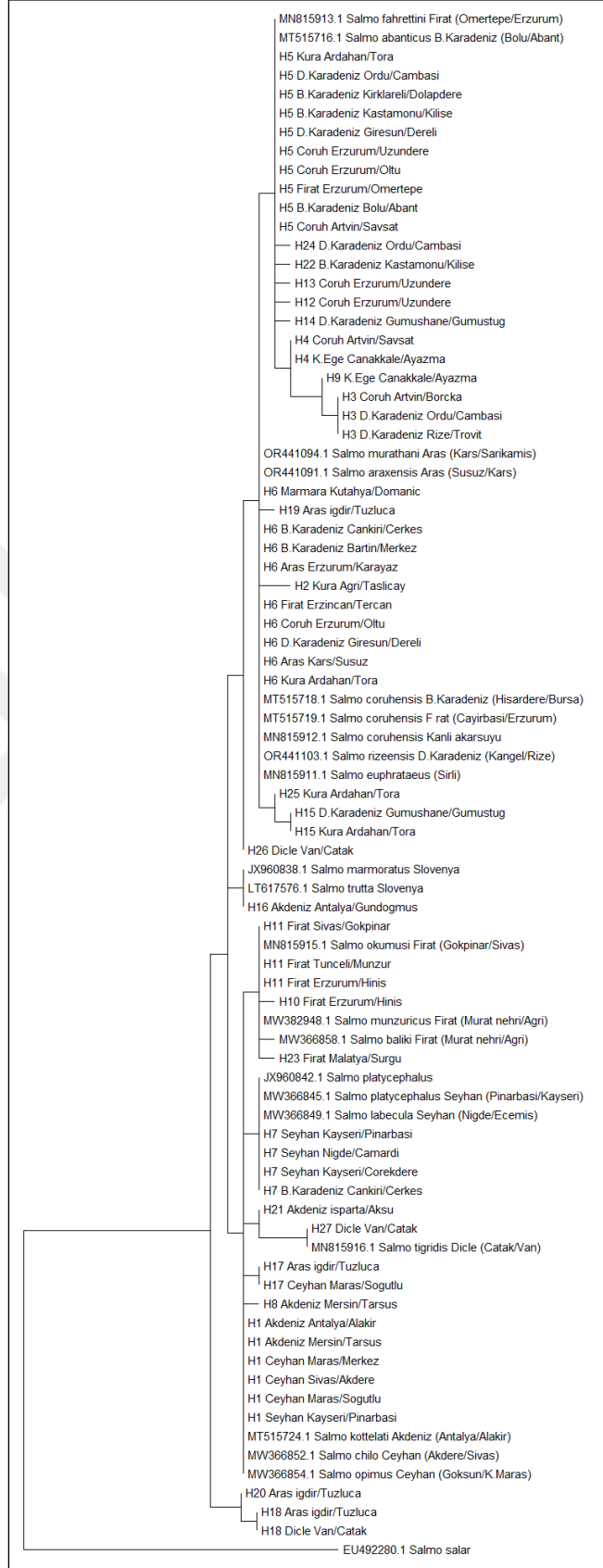
Network analizi sonuçlarına göre örnekler üç grupta toplanmıştır. İlk grup Seyhan, Ceyhan, Akdeniz, Fırat havzalarından oluşurken ikinci grup Aras, Marmara, Doğu

Karadeniz, Kura, Dicle, Batı Karadeniz, Çoruh havzasından üçüncü grup ise Batı Karadeniz, Doğu Karadeniz, Çoruh, Kura, Fırat havzalarından oluşmaktadır. Haplotipler arasında en fazla sekiz baz farklılık gözlenmiştir (Şekil 6).



Şekil 6. Cyt-b haplotip ağı

Elde edilen DNA dizileri ile birlikte GenBank veri tabanındaki Slovenya ve Türkiye’de daha önce çalışılan Cyt-b gen bölgesi kayıtları da eklenerek oluşturulan veri seti AIC ve BIC kriterlerine göre en uygun nükleotit değişim modeli olarak TN93+G seçilmiştir. Bootstrap (500) yöntemi ile çizilen Maksimum Benzerlik ağacında *S. salar* ve *S. trutta* örnekleri ayrı dallarda gruplanmıştır. Çalışmada kullanılan örnekler NCBI’deki *Salmo trutta*’ya ait Cyt-b dizileri, (OR441091-OR441094-MT515718-MT515719-MN815912-OR441103-MN815915-MN815911-MN815913-MT515716-JX960838-LT617576-MW382948-MW366858-MW366854-MW366852-MN815916-MW366849-MW366845-JX960842- MT515724) ile benzerlik göstermiştir (Şekil 7).



Şekil 7. *Salmo trutta*'nın Cyt-b genine dayalı çizilen filogenetik ağacı

Haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri Tablo 11’de verilmiştir. Genetik mesafe haplotipler arasında ise 0,002-0,016 arasında değişmektedir.

Tablo 11. Cytb gen bölgesine göre haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri

	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27
H1	0.000																										
H2	0.009	0.000																									
H3	0.011	0.009	0.000																								
H4	0.009	0.007	0.005	0.000																							
H5	0.007	0.005	0.007	0.002	0.000																						
H6	0.005	0.003	0.005	0.003	0.002	0.000																					
H7	0.002	0.011	0.012	0.011	0.009	0.007	0.000																				
H8	0.002	0.011	0.012	0.011	0.009	0.007	0.003	0.000																			
H9	0.009	0.007	0.002	0.003	0.005	0.003	0.011	0.011	0.000																		
H10	0.003	0.012	0.014	0.009	0.007	0.009	0.005	0.005	0.012	0.000																	
H11	0.002	0.011	0.012	0.007	0.005	0.007	0.003	0.003	0.011	0.002	0.000																
H12	0.009	0.007	0.009	0.003	0.002	0.003	0.011	0.011	0.007	0.009	0.007	0.000															
H13	0.009	0.007	0.009	0.003	0.002	0.003	0.011	0.011	0.007	0.009	0.007	0.003	0.000														
H14	0.009	0.007	0.009	0.003	0.002	0.003	0.007	0.011	0.007	0.009	0.007	0.003	0.003	0.000													
H15	0.005	0.007	0.009	0.007	0.005	0.003	0.007	0.007	0.007	0.009	0.007	0.007	0.007	0.007	0.000												
H16	0.003	0.009	0.011	0.009	0.007	0.005	0.005	0.005	0.009	0.007	0.005	0.009	0.009	0.009	0.005	0.000											
H17	0.002	0.011	0.012	0.011	0.009	0.007	0.003	0.003	0.011	0.005	0.003	0.007	0.011	0.011	0.007	0.005	0.000										
H18	0.009	0.014	0.016	0.014	0.012	0.011	0.007	0.011	0.014	0.012	0.011	0.014	0.014	0.011	0.011	0.009	0.011	0.000									
H19	0.007	0.005	0.007	0.005	0.003	0.002	0.009	0.009	0.005	0.011	0.009	0.005	0.005	0.005	0.005	0.007	0.009	0.012	0.000								
H20	0.007	0.012	0.014	0.012	0.011	0.009	0.009	0.009	0.012	0.011	0.009	0.012	0.012	0.012	0.009	0.007	0.009	0.002	0.011	0.000							
H21	0.002	0.011	0.012	0.011	0.009	0.007	0.003	0.003	0.011	0.005	0.003	0.011	0.011	0.011	0.007	0.005	0.003	0.011	0.009	0.009	0.000						
H22	0.009	0.007	0.009	0.003	0.002	0.003	0.011	0.011	0.007	0.009	0.007	0.003	0.003	0.003	0.007	0.009	0.011	0.014	0.005	0.012	0.011	0.000					
H23	0.003	0.012	0.014	0.009	0.007	0.009	0.005	0.005	0.012	0.003	0.002	0.009	0.009	0.009	0.009	0.007	0.005	0.012	0.011	0.011	0.005	0.009	0.000				
H24	0.009	0.007	0.009	0.003	0.002	0.003	0.011	0.011	0.007	0.009	0.007	0.003	0.003	0.003	0.007	0.009	0.011	0.014	0.005	0.012	0.011	0.003	0.009	0.000			
H25	0.003	0.005	0.007	0.005	0.003	0.002	0.005	0.005	0.005	0.007	0.005	0.005	0.005	0.005	0.002	0.003	0.005	0.009	0.003	0.007	0.005	0.005	0.007	0.005	0.000		
H26	0.003	0.005	0.007	0.005	0.003	0.002	0.005	0.005	0.005	0.007	0.005	0.005	0.005	0.005	0.005	0.003	0.005	0.009	0.003	0.007	0.005	0.005	0.007	0.005	0.003	0.000	
H27	0.007	0.012	0.014	0.012	0.011	0.009	0.005	0.009	0.012	0.011	0.009	0.012	0.012	0.009	0.009	0.007	0.009	0.009	0.011	0.011	0.005	0.012	0.011	0.012	0.007	0.007	0.000

Cyt-b gen bölgesinin analizinden elde edilen genetik farklılığın dağılımını belirlemek için yapılan AMOVA analizinde havzalar arası, istasyonlar arası ve istasyonlar içi olmak üzere 3 farklı düzeyde çeşitlilik değerleri elde edilmiştir. Havzalar arası varyasyon %65,75, istasyonlar arası %30,66 ve istasyonlar içi varyasyon ise %3,59 olarak belirlenmiştir (Tablo 12).

Tablo 12. Cyt-b gen bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri

	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon İndeksi
Havzalar arası	5,98229	65,75	0,65750
İstasyonlar arası	2,78930	30,66	0,89507
İstasyonlar içi	0,32698	3,59	0,96406

3.2.3. ITS Bölgesinin Dizi Analizi

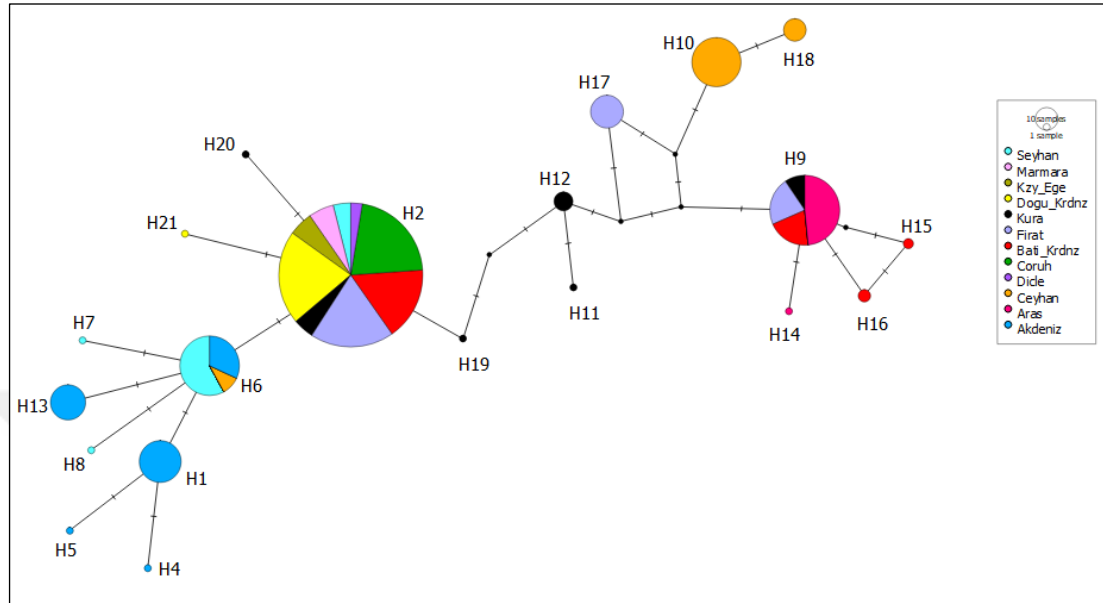
Toplam 37 *S. trutta* popülasyona ait 725 örneğin 544 bç uzunluğundaki ITS bölgesi kısmı analiz edilmiştir. Yapılan analizde 21 haplotip, varlığı tespit edilmiştir. H2 en yaygın haplotip olup 9 havzada (Ceyhan, Akdeniz ve Aras hariç), 402 örnekte görülmektedir. Haplotip çeşitlilik ve nükleotit çeşitlilik değerleri ise sırasıyla 0,659 ve 0,00529 olduğu belirlenmiştir. Analiz edilen örneklerin haplotip dağılımları Tablo 13'te verilmiştir.

Tablo 13. ITS bölgesi haplotip dağılımı

Havza	Haplotip
Seyhan	H2-H6-H7-H8
Marmara	H2
Kuzey Ege	H2
Doğu Karadeniz	H2-H21
Kura	H2-H9-H11-H12-H19-H20
Fırat	H2-H9-H17
Batı Karadeniz	H2-H9-H15-H16
Çoruh	H2-H3
Dicle	H2
Ceyhan	H6-H10-H18
Aras	H9-H14
Akdeniz	H1-H4-H5-H6-H13

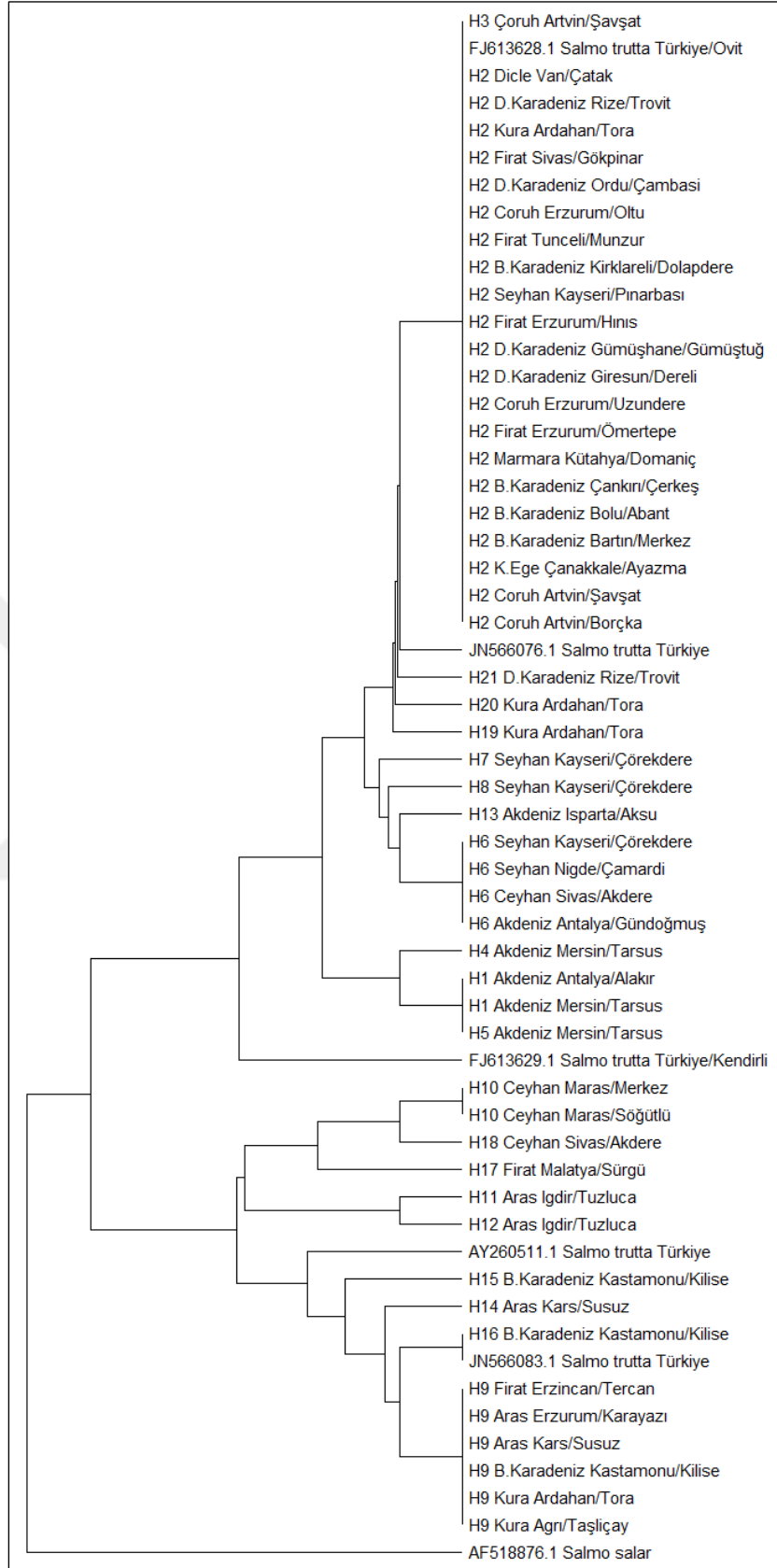
Network analizi sonuçlarına göre örnekler iki grupta toplanmıştır. Aras, Ceyhan ve Akdeniz örnekleri ise kısmen kendi aralarında kümelenmiştir. H2 haplotipi Çoruh, Batı

Karadeniz, Fırat, Kura, Doğu Karadeniz, Kuzey Ege, Marmara, Seyhan ve Dicle örneklerinden oluşmaktadır (Şekil 8).



Şekil 8. ITS haplotip ağı

GenBank veri tabanındaki kayıtlı ITS verileri ile elde ettiğimiz DNA dizileri birlikte analiz edildiğinde AIC ve BIC kriterlerine göre en uygun nükleotit değişim modeli olarak T92 seçilmiştir. Bootstrap (500) yöntemi ile çizilen Komşu Birleştirme ağacında *Salmo salar* dış grup olarak belirlenmiştir. *Salmo trutta*'ya ait ITS dizileri, Türkiye'de yapılan önceki çalışmalar (FJ613628-FJ613629-AY260511-JN566083-JN566076) ITS dizileri ile benzerlik göstermektedir (Şekil 9).



Şekil 9. *Salmo trutta*'nın ITS bölgesine dayalı çizilen filogenetik ağaç

Haplotipler arası genetik mesafe değerleri Tablo 14'te verilmiştir. Genetik mesafe havzalar arasında 0,002-0,019 arasında değişmektedir.

Tablo 14. ITS bölgesine göre haplotipler arası ikili genetik mesafe değerleri

	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21
H1	0,000																				
H2	0,004	0,000																			
H3	0,004	0,000	0,000																		
H4	0,002	0,006	0,006	0,000																	
H5	0,002	0,006	0,006	0,004	0,000																
H6	0,002	0,002	0,002	0,004	0,004	0,000															
H7	0,004	0,004	0,004	0,006	0,006	0,002	0,000														
H8	0,004	0,004	0,004	0,006	0,006	0,002	0,004	0,000													
H9	0,015	0,011	0,011	0,017	0,017	0,013	0,015	0,015	0,000												
H10	0,013	0,013	0,013	0,015	0,015	0,015	0,017	0,017	0,006	0,000											
H11	0,011	0,007	0,007	0,013	0,013	0,009	0,011	0,011	0,007	0,006	0,000										
H12	0,009	0,006	0,006	0,011	0,011	0,007	0,009	0,009	0,006	0,007	0,002	0,000									
H13	0,004	0,004	0,004	0,006	0,006	0,002	0,004	0,004	0,015	0,017	0,011	0,009	0,000								
H14	0,017	0,013	0,013	0,019	0,019	0,015	0,017	0,013	0,002	0,007	0,009	0,007	0,017	0,000							
H15	0,011	0,007	0,007	0,013	0,013	0,009	0,011	0,011	0,004	0,009	0,007	0,006	0,011	0,006	0,000						
H16	0,013	0,009	0,009	0,015	0,015	0,011	0,013	0,013	0,002	0,007	0,009	0,007	0,013	0,004	0,002	0,000					
H17	0,009	0,009	0,009	0,011	0,011	0,011	0,013	0,013	0,006	0,004	0,006	0,004	0,013	0,007	0,009	0,007	0,000				
H18	0,011	0,011	0,011	0,013	0,013	0,013	0,015	0,015	0,007	0,002	0,007	0,009	0,015	0,009	0,007	0,006	0,006	0,000			
H19	0,006	0,002	0,002	0,007	0,007	0,004	0,006	0,006	0,009	0,011	0,006	0,004	0,006	0,011	0,006	0,007	0,007	0,009	0,000		
H20	0,006	0,002	0,002	0,007	0,007	0,004	0,006	0,006	0,013	0,015	0,009	0,007	0,006	0,015	0,009	0,011	0,011	0,013	0,004	0,000	
H21	0,006	0,002	0,002	0,007	0,007	0,004	0,006	0,006	0,013	0,015	0,009	0,007	0,006	0,015	0,009	0,011	0,011	0,013	0,004	0,004	0,000

ITS bölgesinin analizinden elde edilen genetik farklılığın dağılımını belirlemek için yapılan AMOVA analizinde havzalar arası, istasyonlar arası ve istasyonlar içi olmak üzere 3 farklı düzeyde çeşitlilik değerleri elde edilmiştir. Havzalar arası varyasyon %59,07, istasyonlar arası %38,98 ve istasyonlar içi varyasyon ise %1,96 olarak belirlenmiştir (Tablo 15).

Tablo 15. ITS bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri

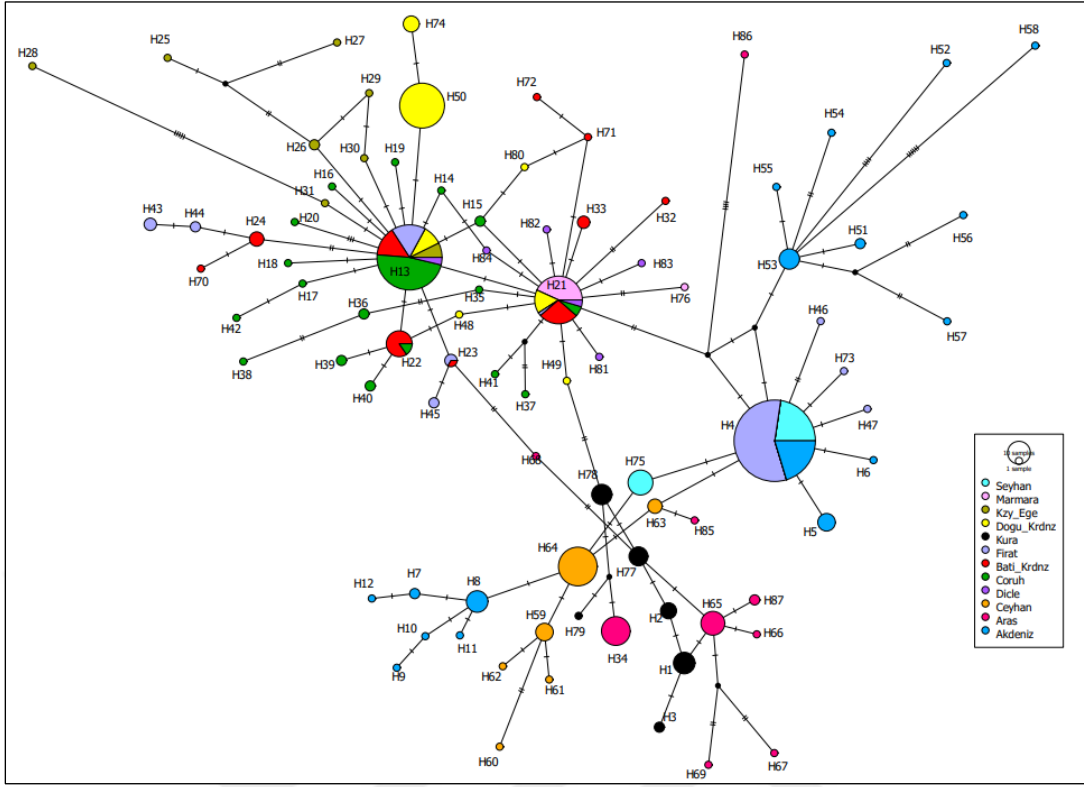
	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon İndeksi
Havzalar arası	5,08812	59,07	0,59069
İstasyonlar arası	3,35731	38,98	0,95222
İstasyonlar içi	0,16845	1,96	0,98044

3.2.4. D-loop Bölgesinin Dizi Analizi

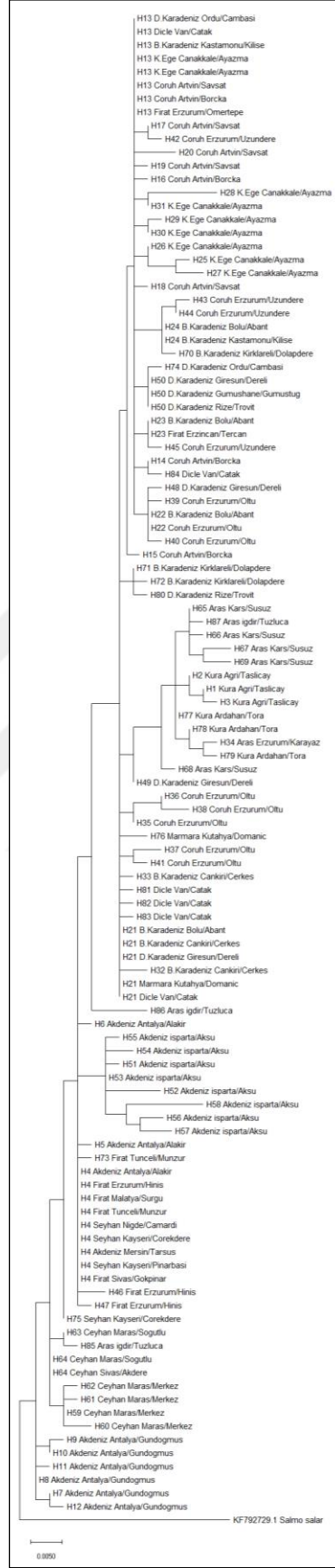
Toplam 36 *S. trutta* popülasyonuna ait 542 örneğin 451 bç uzunluğundaki D-loop bölgesi 12 havzaya ayrılarak analiz edilmiştir. Yapılan analizde 87 haplotip, 371 adet korunmuş ve 74 adet değişken bölge varlığı tespit edilmiştir. Değişken bölgelerden 40'ı tutumluluk bilgi verici bölge 34 tanesi ise tekil değişken bölgedir. Haplotip çeşitlilik ve nükleotit çeşitlilik değerleri ise sırasıyla 0,903 ve 0,00927 olduğu belirlenmiştir. H21 en yaygın haplotip olup 44 örnekte 6 havzada (Batı Karadeniz, Doğu Karadeniz, Çoruh, Marmara, Dicle, Fırat) gözlemlenmiştir. Analiz edilen örneklerin haplotip dağılımları Tablo 16'da verilmiştir. Ayrıca D-loop bölgesinde belirlenen haplotipler ile oluşturulan haplotip ağ yapısı Şekil 10'da filogenetik ağaç ise Şekil 11'de verilmiştir.

Tablo 16. D-Loop bölgesi haplotip dağılımı

Havza	Haplotip
Seyhan	H4-H75
Marmara	H21-H76
Kuzey Ege	H13-H25-H26-H27-H28-H29-H30-H31
Doğu Karadeniz	H13-H21-H48-H49-H50-H74-H80
Kura	H1-H2-H3-H77-H78-H79
Fırat	H4-H13-H21-H23-H43-H44-H45-H46-H47-H73
Batı Karadeniz	H13-H21-H22-H23-H24-H32-H33-H70-H71-H72
Çoruh	H13-H14-H15-H16-H17-H18-H19-H20-H21-H22-H35-H36-H37-H38-H39-H40-H41-H42
Dicle	H13-H21-H81-H82-H83-H84
Ceyhan	H59-H60-H61-H62-H63-H64
Aras	H34-H65-H66-H67-H68-H69-H85-H86-H87
Akdeniz	H4-H5-H6-H7-H8-H9-H10-H11-H12-H51-H52-H53-H54-H55-H56-H57-H58



Şekil 10. D-loop haplotip ağı



Şekil 11. *Salmo trutta*'nın D-loop bölgesine dayalı çizilen filogenetik ağacı

D-loop analizinde popülasyonlar arası genetik mesafe havzalar arasında 0,002-0,040 arasında gözlemlenmiştir. D-loop bölgesinin analizinden elde edilen genetik farklılığın dağılımını belirlemek için yapılan AMOVA analizinde havzalar arası, istasyonlar arası ve istasyonlar içi olmak üzere 3 farklı düzeyde çeşitlilik değerleri elde edilmiştir. Havzalar arası varyasyon %73,31, istasyonlar arası %20,18 ve istasyonlar içi varyasyon ise %6,51 olarak belirlenmiştir (Tablo 17).

Tablo 17. D-loop bölgesine göre gruplar arası varyasyon değerleri

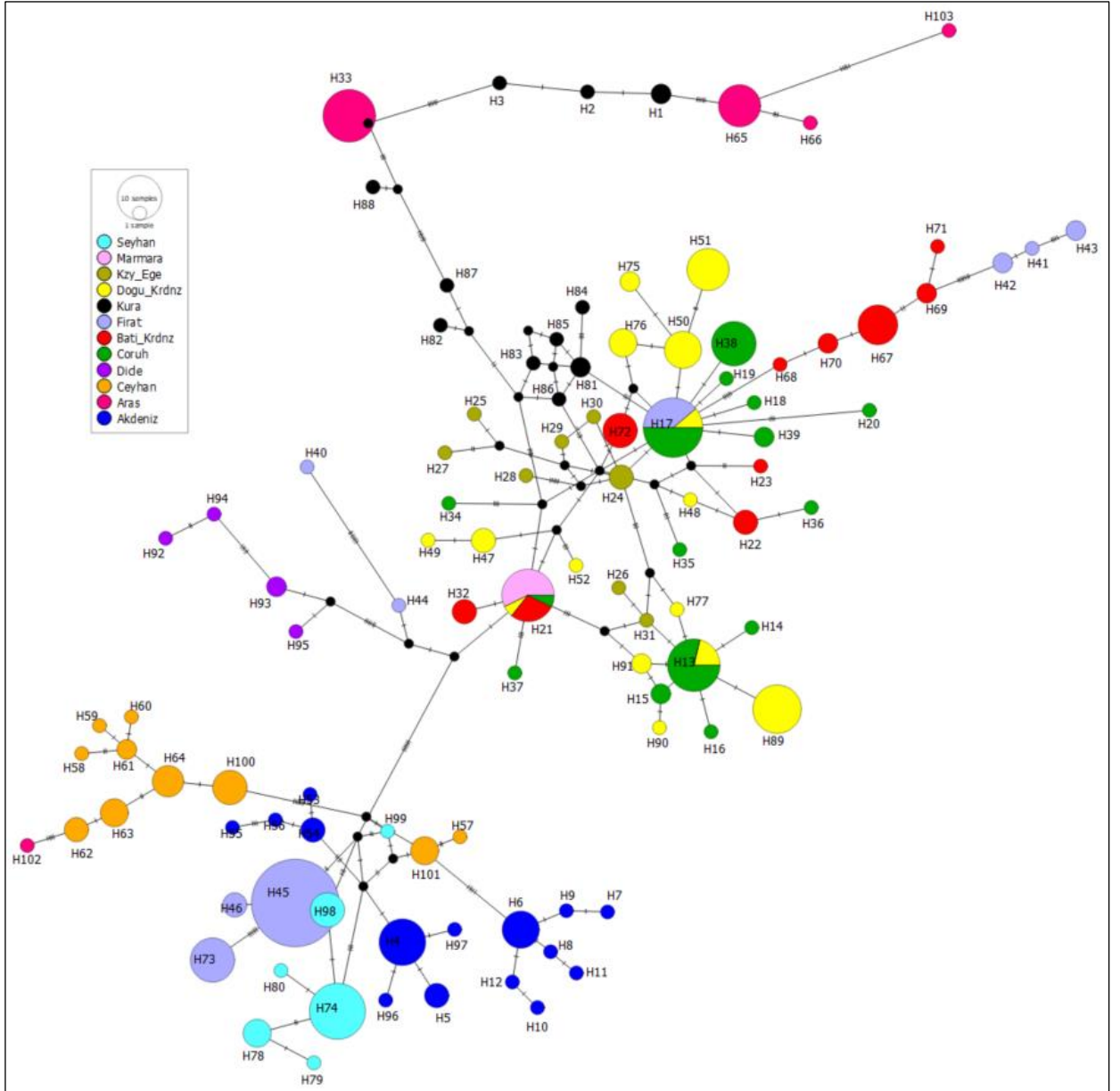
	Varyasyon	Varyasyon yüzdesi	Fiksasyon İndeksi
Havzalar arası	8,98045	73,31	0,73311
İstasyonlar arası	2,47159	20,18	0,75597
İstasyonlar içi	0,79784	6,51	0,93487

3.2.5. D-loop-COI-Cyt-b-ITS Bölgelerinin Birleşik Dizi Analizi

Toplamda 2147 baz uzunluğundaki 346 sekans örneği birleştirilip analiz edildiğinde h: 103 Hd: 0,970 ve Pi :0,00582 olarak hesaplanmıştır. Haplotiplerin havzalara göre dağılımı Tablo 18’de verilmektedir. Ayrıca D-loop-COI-Cyt-b-ITS bölgelerinin birleştirilmesi ile belirlenen haplotiplerle çizilen haplotip ağ Şekil 12’de verilmektedir.

Tablo 18. D-loop-COI-Cyt-b-ITS bölgelerinin birleşik haplotip dağılımı

Havza	Haplotip
Seyhan	H17-H74-H78-H79-H80-H98-H99
Marmara	H21
Kuzey Ege	H24-H25-H26-H27-H28-H29-H30-H31
Doğu Karadeniz	H13-H17-H21-H51-H52-H75-H76-H77-H89-H90-H91
Kura	H1-H2-H3-H81-H82-H83-H84-H85-H86-H87-H88
Fırat	H40-H41-H42-H43-H44-H45-H46-H47-H48-H49-H50-H73
Batı Karadeniz	H21-H22-H23-H32-H67-H68-H69-H70-H71-H72
Çoruh	H13-H14-H15-H16-H17-H18-H19-H20-H21-H34-H35-H36-H37-H28-H39
Dicle	H92-H93-H94-H95
Ceyhan	H57-H58-H59-H60-H61-H62-H63-H64-H100-H101
Aras	H33-H65-H66-H102-H103
Akdeniz	H4-H5-H6-H7-H8-H9-H10-H11-H12-H53-H54-H55-H56-H96-H97



Şekil 12. Birleşik haplotip ağı (Dloop-COI-Cyt-b-ITS)

3.3. Mikrosatelit Veri Analizi

Çalışmada 37 popülasyona ait toplam 1047 örneğin, 16 mikrosatelit lokusuna ait genotipleri değerlendirilmiştir. Mikrosatelit analizlerinde kullanılan bireylerin sayısı Tablo 19'da verilmiştir. Str85INRA, Sssp2201, Strutta 12 ve Str543INRA lokusları pek çok denemeye rağmen PZR ile çoğaltılamadığından çalışmadan çıkarılmıştır. Veri analizi kalan 12 lokus ile yapılmıştır. Ayrıca %50'den fazla eksik genotip bilgisi bulunan bireyler

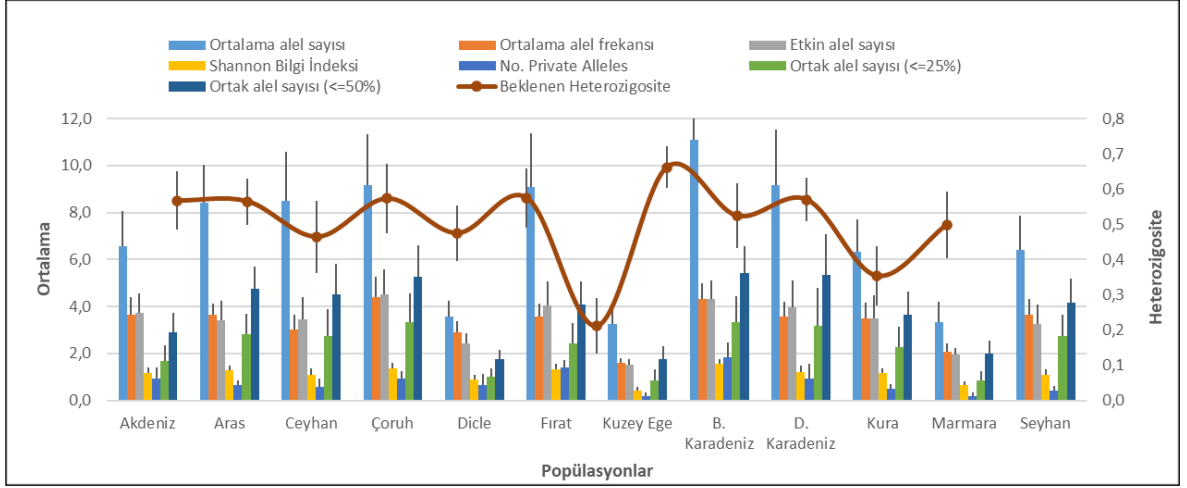
analizlere dahil edilmemiştir. Ömertepe örneklerinin ise tamamında 7 lokusun genotiplenememesinden dolayı analizlere dahil edilmemiştir.

Tablo 19. Mikrosatelit lokuslara ait istatistiksel veriler

Lokus Adı	k	n	H _O	H _E	PIC	F (null)	A _R
BS131	13	918	0.207	0.562	0.818	0.6081	4,115
Strutta 58	44	858	0.863	0.813	0.966	0.0607	5,523
Omy7	6	926	0.043	0.146	0.384	0.8226	1,990
Ssa410Uos	52	872	0.416	0.649	0.905	0.3831	4,906
Ssa85	20	874	0.151	0.446	0.827	0.6247	4,128
Str60 INRA	11	944	0.137	0.251	0.361	0.5781	2,116
Omy1011	42	656	0.368	0.762	0.937	0.4919	5,198
SsoSL417	25	836	0.365	0.608	0.887	0.4086	4,622
T3-13	57	804	0.745	0.879	0.966	0.1023	5,527
SsoSL438	25	984	0.228	0.412	0.611	0.4741	3,074
Str73 INRA	18	842	0.175	0.309	0.487	0.5354	2,569
Str15 INRA	14	564	0.131	0.303	0.693	0.6694	1,118

Toplamda 37 popülasyonun genotipik oranlarının Hardy-Weinberg dengesine uygunluğunu test etmek amacıyla yapılan 481 testten 199'unda Hardy-Weinberg dengesinden sapma saptanmıştır. Yanlış keşif oranı düzeltilmesi yapıldıktan sonra, 171 testte gözlenen sapmaların istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmiştir. İncelenen lokusların tamamında yüksek derecede istatistiksel sapmalar gözlenmiştir. Mikrosatelit lokuslarına ait istatistiksel veriler Tablo 15'te sunulmuştur. Lokuslara göre gözlenen allel sayısı 6 (Omy7) ile 57 (T3-13) arasında değişirken, alelik zenginlik (AR) değerleri ise 1,118 (Str15INRA) ile 5,527 (T3-13) arasında değişiklik göstermektedir.

Havzalar arası alel dağılım grafiği Şekil 13'te verilmiştir. Havzalara özgün alellerin sayısının genel olarak az olduğu belirlenmiştir. Özgün alel sayısı tüm havzalarda rastlanırken en çok Batı Karadeniz en az ise Kuzey Ege ve Marmara havzalarında görülmektedir.



Şekil 13. Havzalar arası alel dağılım grafiği

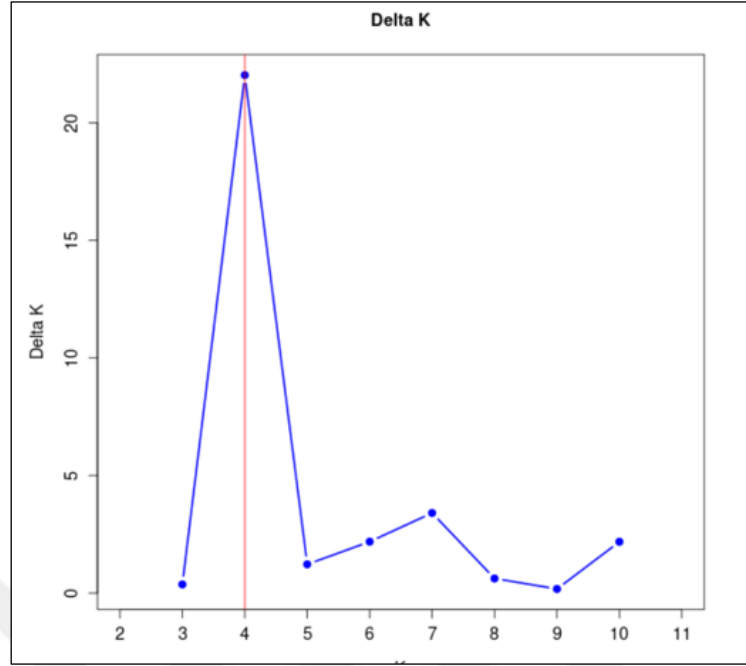
Havzalar arası F_{ST} değerleri incelendiğinde tüm havzalar arasında önemli genetik farklılıklar gözlemlenmiştir ($p < 0,05$) (Tablo 20).

Tablo 20. Havzalar arası hesaplanan F_{ST} değerleri

	Akd	Ars	Cyhn	Çrh	Dic	Frt	K. Ege	B. Krd	D. Krd	Kura	Mar	Syhn
Akdeniz	0,00											
Aras	0,21	0,00										
Ceyhan	0,14	0,27	0,00									
Çoruh	0,31	0,24	0,34	0,00								
Dicle	0,24	0,24	0,35	0,35	0,00							
Fırat	0,23	0,22	0,33	0,31	0,16	0,00						
K. Ege	0,50	0,48	0,56	0,35	0,63	0,50	0,00					
B. Karad.	0,20	0,19	0,26	0,12	0,24	0,19	0,39	0,00				
D. Karad.	0,32	0,27	0,36	0,09	0,33	0,26	0,38	0,13	0,00			
Kura	0,26	0,22	0,34	0,30	0,31	0,23	0,45	0,21	0,27	0,00		
Marmara	0,43	0,37	0,47	0,22	0,51	0,43	0,49	0,28	0,26	0,43	0,00	
Seyhan	0,18	0,27	0,23	0,38	0,35	0,32	0,58	0,28	0,39	0,35	0,49	0,00

Structure programında Burn in period olarak 100000 ve 1000000 simulasyon ile Bayesian kümeleme analizi yapılmıştır. Havzalar arasında muhtemel kümelenme 2 ile 11 arasında denenmiş (Şekil 14) ve olası kümeleme sayısı $K=4$ olarak belirlenmiştir (Şekil 15). K değerleri için belirlenen ortalama $\ln P$ değeri -27874,16667 bulunmuştur (Tablo 21). Oluşturulan kümelenme grafiği her bir havzaya ait bireyin dört küme içinde nasıl bir dağılım yaptığını göstermektedir. Yatay eksen bireyleri, dikey eksen ise bireylerin genotiplerinin hangi kümede olduğunu göstermektedir. Structure bar grafiğine göre 1. havzanın (Akdeniz)

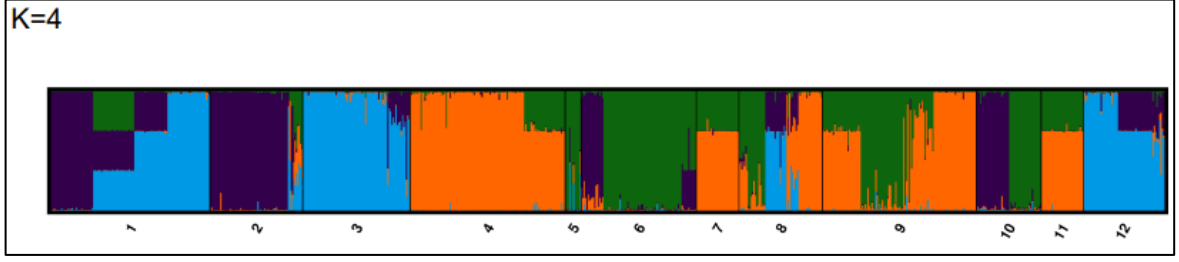
Antalya/Alakır popülasyonunun tamamı, Antalya/Gündoğmuş ve Isparta /Aksu popülasyonlarının bir kısmı, 2. Havzanın (Aras) Iğdır/Tuzluca popülasyonu hariç tamamı 3. havzanın (Ceyhan) Sivas/Akdere popülasyonunun bir kısmı, 6. havzanın Erzincan/Tercan popülasyonunu oluşturan örneklerin büyük bir kısmı ile yine 6. Havzayı (Fırat) oluşturan Malatya/Doğuşehir örneklerinin az bir kısmı, 8. havzanın (Batı Karadeniz) Çankırı/Çerkeş örneklerinin az bir kısmı, 10. havzanın (Kura) Ağrı/Taşlıçay örnekleri ile 12. havzanın (Seyhan) Niğde/Çamardı ve Kayseri/Pınarbaşı örneklerinin bir kısmı birbirine benzerdir. 1. havzayı (Akdeniz) oluşturan Mersin/Tarsus örneklerinin tamamı ve Antalya/Gündoğmuş ve Isparta /Aksu popülasyonlarının bir kısmı, 3. havzanın (Ceyhan) büyük bir kısmı, 8. havzayı (Batı Karadeniz) oluşturan Çankırı/Çerkeş örneklerinin bir kısmı ile 12. havzanın (Seyhan) Kayseri/Sarız örneklerinin tamamı ile Niğde/Çamardı ve Kayseri/Pınarbaşı örneklerinin bir kısmı birbirine benzerdir. 1. havzanın (Akdeniz) Antalya/Gündoğmuş örneklerinin az bir kısmı, 3. havzanın (Ceyhan) Maraş/ Fırnız örneklerinin bir kısmı, 4. havzanın (Çoruh) Erzurum Oltu Örneklerinin az bir kısmı, 5. havzanın (Dicle) tamamı, 6. havzanın (Fırat) tamamı (Malatya/Doğuşehir örneklerinin bir kısmı hariç), 7. havzanın (Kuzey Ege) bir kısmı, 8. havzanın (Batı Karadeniz) Bartın ve Bolu popülasyonlarının bir kısmı, 9. havzanın (Doğu Karadeniz) Ordu/Çambaşı örnekleri hariç büyük bir kısmı, 10. havzanın (Kura) Ardahan/Ardıçdere örnekleri ve 11. havza (Marmara) örneklerinin bir kısmı benzerdir. Son olarak 4. havzanın (Çoruh) tamamı, 6. havzanın (Fırat) Erzincan/Tercan örneklerinin az bir kısmı, 7. havzanın (Kuzey Ege) bir kısmı, 8. Havzanın (Batı Karadeniz) Kırklareli/Dolapdere ve Kastamonu/Kilise örneklerinin tamamı 9. havzanın (Doğu Kardeniz) Gümüşhane/Gümüştüğ popülasyonunun bir kısmı ile Ordu/Çambaşı örneklerinin tamamı ve 11. havzanın (Marmara) bir kısmının benzer olduđu görölmektedir (Şekil 14).



Şekil 14. Delta K değeri grafiği

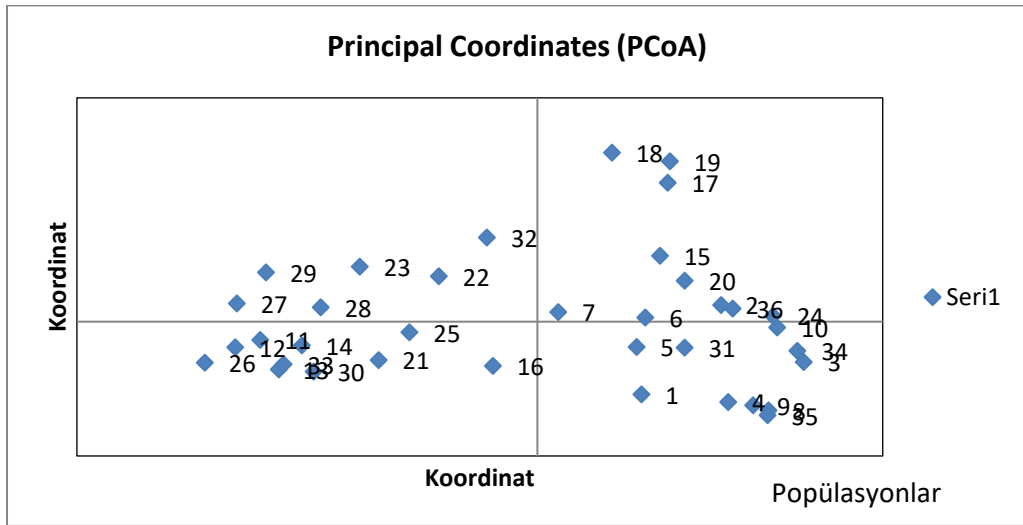
Tablo 21. Structure test sonuçları

K	Reps	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln''(K)	Delta K
2	3	-32299.10000	234.51970	NA	NA	NA
3	3	-29981.83333	560.77700	2317.26667	209.60000	0.37377
4	3	-27874.16667	79.67373	2107.66667	1755.13333	22.02901
5	3	-27521.63333	1712.23588	352.53333	2104.10000	1.22886
6	3	-25065.00000	533.98306	2456.63333	1170.50000	2.19202
7	3	-23778.86667	112.27655	1286.13333	383.13333	3.41241
8	3	-22875.86667	162.96369	903.00000	102.16667	0.62693
9	3	-22075.03333	370.65478	800.83333	67.06667	0.18094
10	3	-21207.13333	299.73526	867.90000	655.80000	2.18793
11	3	-20995.03333	183.90349	212.10000	NA	NA

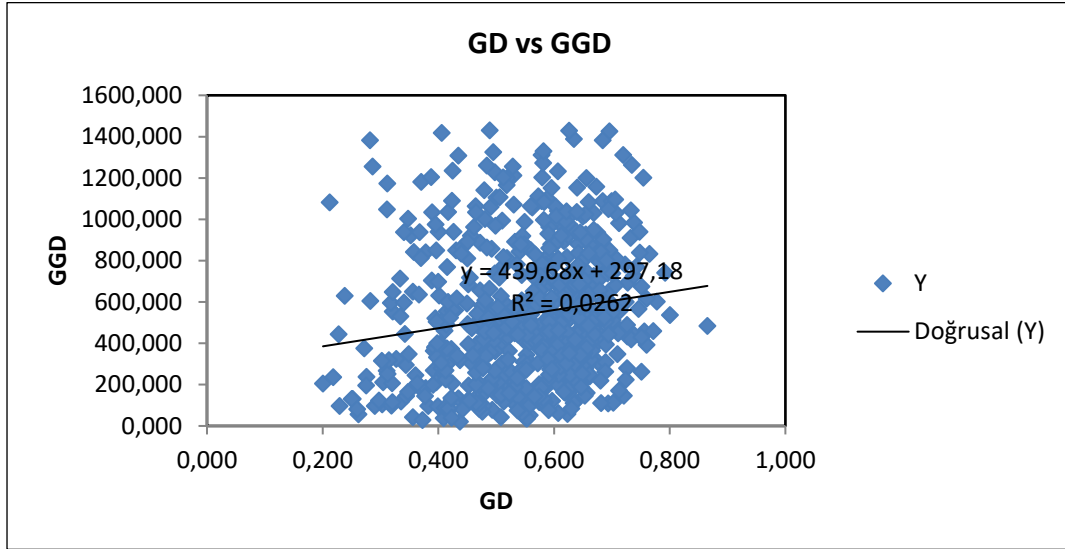


Şekil 15. Mikrosatelit veriler kullanılarak oluşturulan Structure bar grafiği (K=4) (1. Akdeniz havzası, 2. Aras havzası, 3. Ceyhan havzası, 4. Çoruh havzası, 5. Dicle havzası, 6. Fırat havzası, 7. Kuzey Ege havzası, 8. Batı Karadeniz havzası, 9. Doğu Karadeniz havzası, 10. Kura havzası, 11. Marmara havzası, 12. Seyhan havzası)

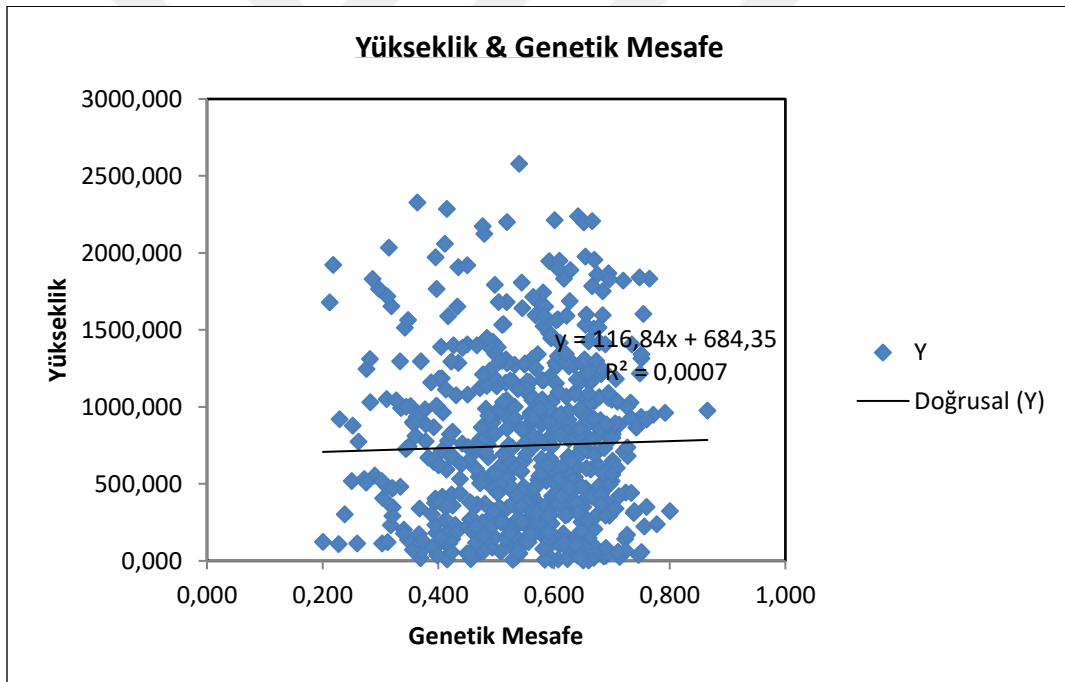
Temel koordinat analizinde (PCoA) popülasyonların homojen dağılımı görülmektedir. Akdeniz, Çoruh, Doğu Karadeniz, Batı Karadeniz ve Fırat havzalarına ait popülasyonlar birlikte kümelenirken Fırat havzasına ait 17. 18. ve 19. popülasyonlar diğer gruplardan ayrı kümelenmiştir (Şekil 16). Mantel testi sonucuna göre ise coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasında kuş bakışı zayıf ve pozitif bir ilişki belirlenmiştir ($R^2 = 0,0262$). Coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasında gözlenen bu ilişki istatistiksel olarak önemlidir ($p=0,042$) (Şekil 17). Ayrıca örnekleme istasyonlarının koordinatları dikkate alınarak yapılan coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasındaki ilişki ise Şekil 18'deki gibidir ($R^2 = 0,0007$). Popülasyonlar arasında mesafenin fazla olması genetik farklılığı etkilemektedir. Örnekleme istasyonlarını 50 km arayla mesafe sınıflarına ayırdığımızda örnekler birbirinden uzaklaştıkça yani coğrafi mesafe arttıkça genetik çeşitliliğinde arttığı anlaşılmaktadır (Şekil 19).



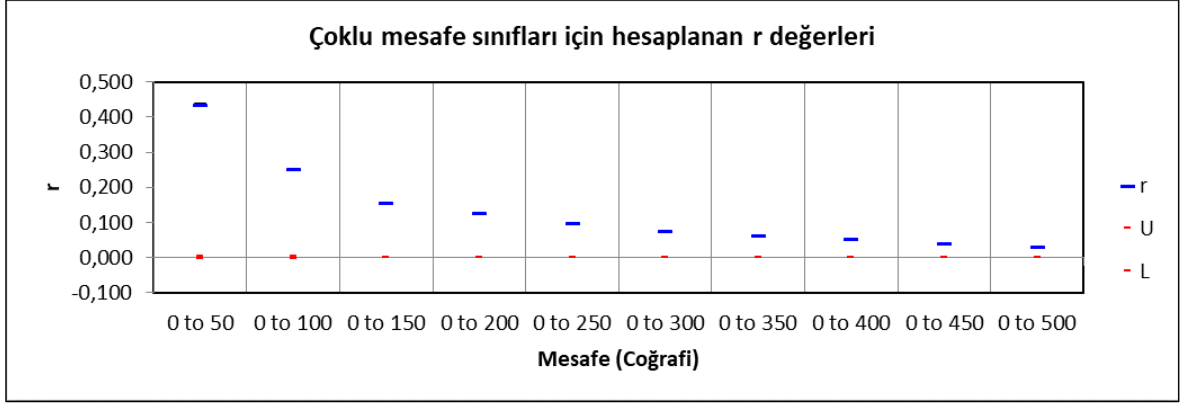
Şekil 16. Temel koordinat analizi (PCoA)



Şekil 17. Genetik mesafe ile coğrafi mesafe arasındaki ilişki (Kuş Uçuşu)



Şekil 18. Genetik mesafe ile coğrafi mesafe arasındaki ilişki (Yüksekliğe bağlı)



Şekil 19. Mesafe ile genetik izolasyon (IBD)

Toplam 12 havzadan örneklenen 36 popülasyonun 25'inde ebeveyn atamalarının tamamı aynı popülasyona ait bireylerden oluşurken, geriye kalan 11 popülasyondaki bireylerin ebeveyn atamalarında farklı popülasyonlardan muhtemel ebeveynlerin olabileceği belirlendi. Bu 11 popülasyon arasından dört popülasyon için farklı popülasyonlardan belirlenen ebeveynler, aynı havza içerisindeki başka bir popülasyondan belirlenmiştir. Artvin Şavşat (Çoruh Havzası) örneklerinin ebeveynlerinin yaklaşık %8'i (Dört ebeveyn), aynı havza içerisindeki Erzurum Uzundere popülasyondaki bireylerden olabileceği belirlenmiştir. Tunceli, Munzur (Fırat Havzası) örneklerinin ebeveynlerinin yaklaşık %14'ü (Beş ebeveyn), aynı havza içerisindeki Sivas, Gürün popülasyondaki bireylerden olabileceği belirlenmiştir. Çankırı, Çerkeş ve Gümüşhane, Torul (Batı Karadeniz) örneklerinin sırasıyla ebeveynlerinin %3'ü (Bir ebeveyn) ve %7'si (Dört ebeveyn) aynı havza içerisindeki sırasıyla Bartın, Merkez ve Giresun, Dereli popülasyonlarındaki bireylerden olabileceği belirlenmiştir. Iğdır, Tuzluca'dan (Aras Havzası) örneklenen balıkların ebeveynlerinin %9'unun Maraş, Elbistan (Ceyhan Havzası), %18'inin Ağrı, Taşlıçay'dan (Kura Havzası), %4'ünün Giresun, Dereli'den (D. Karadeniz Havzası) ve %4'ünün Erzurum, Hınıs'dan (Fırat Havzası) olabileceği belirlenmiştir. Sivas, Görün'den (Fırat Havzası) örneklenen balıkların ebeveynlerinin %20'sinin Çankırı, Çerkeş'den (Batı Karadeniz) olabileceği belirlenmiştir. Van, Çatak'dan (Dicle Havzası) örneklenen balıkların ebeveynlerinin %16'sının Giresun, Dereli'den (D. Karadeniz Havzası), %8'inin Rize, Çamlıhemşin'den (D. Karadeniz Havzası) olabileceği belirlenmiştir. Kastamonu, Merkez'den (B. Karadeniz Havzası) örneklenen balıkların ebeveynlerinin %3'ünün Artvin, Borçka'dan (Çoruh Havzası) olabileceği belirlenmiştir. Rize, Çamlıhemşin'den örneklenen balıkların ebeveynlerinin %2'sinin Giresun, Dereli'den (D. Karadeniz Havzası) ve %2'sinin Bolu,

Abant'dan (Batı Karadeniz Havzası) olabileceđi belirlenmiřtir. Ordu, Ćambařı'ndan (D. Karadeniz Havzası), rneklenen balıkların ebeveynlerinin %2'sinin Artvin, BorĆka'dan (Ćoruh Havzası) olabileceđi belirlenmiřtir. Son olarak Kayseri, Pınarbařı'ndan (Seyhan Havzası) rneklenen balıkların ebeveynlerinin %5'inin Giresun, Dereli'den (D. Karadeniz Havzası) ve %22'nin Erzincan, Tercan'dan (Fırat Havzası) olabileceđi belirlenmiřtir.



4. TARTIŞMA

Salmonidae familyasına mensup kahverengi alabalık geniş morfolojik ve ekolojik çeşitlilik göstermektedir. İlk olarak Linnaeus 1758, tarafından *S. trutta* yaşam öyküsü farklılıklarına dayanan 3 morf; *Salmo fario* (yerleşik alabalık, dere alabalığı), *S. lacustris* (göl, göl alabalığı) ve *S. trutta* (anadrom, deniz alabalığı veya deniz alabalığı) olarak tanımlanmıştır (Bernatchez vd., 1998; Ferguson, 2004). Her morfotip alternatif yaşam stratejisiyle üreyebilmekte ve yavrular birbirinden ayırt edilememektedir. Deniz alabalığı ile aynı nehirlerde yaşayan yerleşik kahverengi alabalık arasında bugüne kadar bildirilmiş herhangi bir genetik farklılık olmamasına rağmen (Hindar vd., 1991; Pettersson, 2001), göç öncesi adaptasyonların potansiyeli ile ilişkili olarak gen ekspresyonundaki farklılıklar tanımlanmıştır (Amstutz, 2006). Ferguson vd., 2019 yaptıkları çalışmada ise kahverengi alabalıkların yaşam öyküsünün bilinenin aksine çok daha kompleks olduğunu, iki yerleşik ve üç göçmen olarak çok kompleks bir yapı gösterdiğini ortaya çıkarmıştır. Ayrıca yaşam detayları, yumurtlama alanları, kesin varış yeri, yetişkinlerin beslenme alanlarına göç davranışları gibi pek çok alt kategorilere ayrılması mümkündür. Bu özellikleri sayesinde birbirinden çok farklı hatta ekstrem ekolojik nişlere uyum sağlamışlardır. Geliştirmiş oldukları bu özelliklerin korunabilmesi için farklı ekolojik nişlere adapte olmuş her kahverengi alabalık popülasyonunun genetik çeşitliliğinin korunması önem arz etmektedir (Larios-Lopez vd., 2015). Morfolojik ve yaşam öyküsü farklılıkları sunan bireyler arasında genetik farklılıkların bulunmaması, onlara kahverengi alabalık morfotipleri denmesini gerekli kılmaktadır (Caballero, 2013). Ayrıca tür içi hibrit bireylerde gözlenen farklı birtakım morfolojik özellikler yanıltıcı olabilmekte ve yanlış sınıflandırmalara yol açabilmektedir. Çünkü hibridizasyon türlerin evrimsel potansiyeli etkileyen faktörlerin başında gelmekte olup türlerin genetik çeşitliliğini, morfolojisini ve ekolojik özelliklerini etkilemektedir (McGinnity vd., 2003). Türkiye’ de kahverengi alabalığın morfolojik ve genetik yapısı üzerine birçok çalışma yapılmasına rağmen kahverengi alabalıkların doğal ortamında muhtemel tür içi melezleşme (cross-breeding) veya türler arası hibridizasyonun belirlenmesi ile ilgili yapılmış bir çalışma bulunmamaktadır. Çalışmamız bu nedenle ülkemizde kahverengi alabalıklar üzerine yapılan en kapsamlı hibridizasyon çalışması olma özelliği göstermektedir.

Ülkemizde *S. trutta* ile ilgili yapılan çalışmalarda incelen popülasyon ve örnek sayısının az tutulmasından dolayı sistematik sınıflandırmasındaki belirsizlik devam etmektedir. Bazı araştırmacılar kahverengi alabalıkların farklı ekotipleri olan polimorfik tek bir tür olarak tanımlanmasını önerirken (Bardakçı vd., 2006; Arslan & Bardakçı, 2010; Kalaycı, 2018; Afan, 2023), birçok araştırmacı ise birbirine yakın su havzasında yaşayan balıklar için bile birçok yeni tür tanımlaması yapmıştır (Turan vd., 2009; 2011; 2014; 2017; 2020). Kalaycı vd. (2018) yaptığı çalışmada özellikle ülkemizde tür tayini yapılan popülasyonlardan (*S. abanticus*, *S. caspius*, *S. fario* ve *S. labrax*) balıklar (F0 nesil) doğadan toplanarak yumurtaları sağılmış ve 2 yıl sonunda yumurtadan çıkan yavruların (F1) büyümesi sağlanıp tekrar sağılmıştır. Bu balıkların büyüme karakterlerine bakınca pek önemli bir farkın olmadığı ortaya çıkmıştır. Ayrıca F1 nesil balıklar tür içi çift yönlü çaprazlanarak hibrit bireyler elde etmiş ve bu hibrit bireylerinde (F2) yavru verdiği ortaya çıkmıştır. Elde edilen sonuçlar farklı alabalık alttürleri (veya türleri) arasında üreme bariyerinin olmadığını ve biyolojik olarak aynı tür olduklarını göstermiştir. Bir diğer deyişle farklı nişlere adapte olmuş, morfolojik olarak farklılıklar gösteren alabalıkların bu morfolojik özelliklerinin karşılaştırılmasına dayalı tür tanımlamasının yapılmasının doğru olmayacağı ortaya çıkmaktadır. *S. abanticus*, *S. caspius*, *S. fario* ve *S. labrax*'ın biyolojik olarak tek bir türe ait ekotipler olduklarını belirlemiştir.

Akarsularda m³ alanda balık çeşitliliğinin denizlerden daha fazla olmasının sebebi akarsularda coğrafi bariyerlerin (barajlar, hidroelektrik santraller) ve fiziksel olarak izole olmuş nehirler veya dereler olmasından kaynaklanmaktadır (Ferguson, 1989; Wenburg vd., 1998). Doğal su kaynaklarının bozulması ve habitatların tahrip edilmesi gibi bilinçli ve bilinçsiz müdahaleler kahverengi alabalık popülasyonlarının, gen kaynaklarının, ciddi şekilde zarar görmesine neden olmaktadır (Larios-Lopez vd., 2015). Aynı bireye ait türlerin bile bu doğal coğrafi bariyerlerden dolayı farklı popülasyonlarının oluşması muhtemeldir. Coğrafi engellerin olduğu akarsularda gen akışının olduğu durumlar ise insan eli ile yapılan balıklandırma çalışmaları, tesisler arası kontrolsüz balık transferleri veya kahverengi alabalık üretimi için ruhsat verilen bazı işletmelerde anaçların doğaya kaçması ve yumurtaların karışması gibi sorunlar yaşanmakta ve sonucunda doğal popülasyona dışardan balık girmektedir. Bu durum o su kaynağında hibritleşmeye veya melezleşmeye sebebiyet vermektedir (Wollebaek vd., 2012). Ülkemizde de bugüne kadar birçok su kaynağında balıklandırma çalışması yapılmıştır (URL-3). Türkiye'de dağılım gösteren kahverengi

alabalıklar ise bazı akarsuların dağılım aralıklarında antropojenik ve doğal engellerden dolayı bir arada bulunmamaktadır.

Yerleşik *S. trutta* morfları tüm yaşam döngülerini akarsularda geçirir. Deniz morfları ise akarsularda üreyip beslenmek için denize göç ederken benzer şekilde göl morfları da akarsularda ürer ve beslenmek için göllere göç etmektedir. Örneğin *Salmo fario* yumurtlama için akıntının yukarı yönüne doğru göç etme eğilimindeyken *Salmo labrax*'ın göçü genellikle bariyerler tarafından durdurulur. Bu gibi coğrafik engellerin varlığı kahverengi alabalıklar arasında genetik farklılaşmanın ortaya çıkmasına ve potansiyel olarak olgunlaşma ve davranışta farklılıklara yol açmaktadır. Ayrıca *Salmo t. caspius* ve *S. t. abanticus* aralarında mekânsal olarak ayrılmış durumdadır ve bu da bu türler arasında doğal melezleşmeyi imkânsız kılmıştır (Kalaycı vd., 2018).

Kahverengi alabalıklarda morfolojik çalışmaların tür tanımlamadaki yetersizliğini ortadan kaldırmak için çok sayıda genetik çalışma (Alloenzimler, SNPLer, mtDNA, nDNA ve mikrosatelit) yürütülmüştür. Özellikle mtDNA'nın farklı gen bölgeleri (12S rDNA, 16S rDNA, COI, Cytb), D-loop ve nükleer bölge (genellikle ITS) tür tanımlama ve genetik çeşitlilik çalışmalarında analiz edilmiştir (Kalaycı vd., 2008; Özen, 2013; Bardakçı vd., 2006, Turan vd., 2009; Turan vd., 2020; Presa vd., 2002; Bernatchez, 2001; Segherloo vd., 2021). Mitokondriyal DNA analizleri, nükleer genomla karşılaştırıldığında kahverengi alabalığın dağılım alanı boyunca filocoğrafik ilişkileri ve genetik yapısı hakkında fikir vermek için yaygın olarak kullanılmıştır, ancak mtDNA, genetik olarak çeşitli soyların gerçek filogenetik ilişkilerini ve bunların genom introgresyonlarını ortaya çıkarmayabilir. Bu nedenle filogenetik ve popülasyon genetiği çalışmalarında mtDNA ve nükleer belirteçlerin birlikte kullanılması tercih edilmektedir (Genet, 2010). Yapmış olduğumuz çalışmada ise mtDNA'nın COI ve Cytb gen bölgesi D-loop bölgesi ve nDNA'nın ise ITS bölgesi analiz edilmiştir.

COI gen bölgesi tür içi veya popülasyonlar arası genetik çeşitliliğin belirlenmesi için yeterli olmazken türler arası genetik çeşitliliği belirlemede daha etkili olduğu söylenmektedir ve birçok araştırmacı tarafından genetik çalışmalarda kullanılmıştır (Keskin & Atar, 2012, Öztürk vd., 2018., Kalaycı vd., 2018, Firidin vd., 2019). Farklı taksonomik yöntemler arasında DNA barkodlama, kısa genetik işaretleyici kullanarak balık türlerini tanımlamak için en kullanışlı tekniktir (Halдар & Nath, 2020). COI barkod bölgesinin, mitokondriyal genom açısından, aynı türler içinde %3'ten daha az, türler arasında ise ortalama %10 ile %25 arasında belirgin bir farklılık gösterdiği yapılan araştırmalarla kanıtlanmıştır (Hebert vd.,

2002). Yaptığımız çalışmada COI haplotip ağ analiz sonuçlarına bakıldığında tüm havzalar (12 havza) için 2 yaygın haplotipin (H1 ve H3) görüldüğü, H3'ün 6 havzada H1'in ise 4 havzada gözüktüğü belirlenmiştir. Çalışmada haplotipler arasında maksimum 6 baz farkı gözlemlenirken H8'nin diğer haplotiplerden 4 baz farklı olduğu belirlenmiştir. Diğer haplotipler birbiriyle oldukça yakındır. Ayrıca COI yalnızca havza bazında H10 haplotipini ayırmıştır. H10 haplotipi Çörekdere, Pınarbaşı ve Çamardı örneklerinde gözükmemekte olup sadece Seyhan havzasına ait örnekleri ayırt etmektedir. Yani COI gen bölgesinin analizi ile havzalar birbirinden tam olarak ayrılmamaktadır. Bahsi geçildiği üzere COI gen bölgesi türler arası genetik farklılıkların belirlenmesi ve tür tanımlamasında yaygın olarak kullanılan bir belirteçtir. Çalışmamızda da COI gen bölgesine dayalı olarak incelenen popülasyonların tamamındaki bireylerin aynı türe ait olduğunu söylemek mümkündür.

Balıklar için en çok kullanılan DNA belirteçlerinden biri olan Cyt-b, balıkların tür içi farklılıklarının genellikle az olduğunu, türler arası farklılıkların ise genellikle %10'dan yüksek olduğunu ortaya çıkarmıştır. Cyt-b'nin tür içi ve türler arası farklılıkları arasındaki büyük uçurum mevcuttur (Li vd., 2018). Cyt-b genel olarak tür içi farklılığı belirlemek için yaygın olarak kullanılmaktadır. Dolayısıyla pek çok türün popülasyonunun genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesine yönelik kullanılmıştır (Bardakçı 2006; Kalaycı 2017; Karaïskou 2003; Bektaş 2008; Küçük vd., 2024; Turan vd., 2017; Turan vd., 2022; Turan vd., 2020). D-loop bölgesi ise, mtDNA'nın yüksek derecede değişkenlik gösteren ve kodlama yapmayan bölgesi olup oldukça yüksek baz değişim oranına sahiptir. Temel olarak tür içi seviyede evrimsel soruları ele almak için yaygın olarak kullanılmaktadır (Endicott vd., 2009). Cyt-b'ye kıyasla 10 kat daha yüksek evrim hızına sahiptir (Zhang vd., 2003). D-loop bölgesi *S. trutta* soy hatlarını belirlemek için yaygın olarak kullanılmaktadır (Bernatchez, 2001; Kalaycı, 2018; Özen, 2013; Bardakçı vd., 2006). Bardakçı vd. (2006), Türkiye'de 27 kahverengi alabalık popülasyonunu filocoğrafik ve filogenetik açıdan değerlendirmek için D-loop ve Cyt-b gen bölgesinin analizini yapmıştır. Analiz sonucunda 27 haplotip belirlenmiş ve popülasyonlar 3 filogenetik grupta toplanmıştır. Abant gölü alabalığının, Karadeniz/Marmara Denizi'ndeki diğer popülasyonlarla birlikte kümelenmiş ekolojik bir form olduğunu göstermiş dolayısıyla kahverengi alabalığın ekolojik formlarına ilişkin daha önceki çalışmaları destekleyerek (Krieg & Guyomard, 1985; Bernatchez vd., 1992; Cross vd., 1992) ayrı bir filogenetik takson olarak sınıflandırılmayacağını belirtmiştir. Kalaycı vd., 2018 ise Tuna soy hattından gelen ve alttür veya farklı tür olarak tanımlanan alabalıklar (*S. labrax*, *S. caspius*, *S. fario* ve en uzağı *S. abanticus*) arasında dört baz farklılığı bulmuştur.

Genetik mesafeyi COI için %0.02–0.06, D-loop için %0.002-0.005 ve Cyt-b için %0.002-0.004 olarak belirleyerek bu türler arasında genetik farklılaşmanın çok az olduğunu ortaya çıkarmıştır. Üreme izolasyonunun olmaması ve bu dört baz farklılığın biyolojik tür tanımına göre aslında bir şey ifade etmediği gözükmemektedir. Özen (2013) 34 alabalık popülasyonunda 242 bireyde D-loop ve ITS analizi yaparak Türkiye’deki alabalıkların filogenisi ortaya çıkarmıştır. Analizler sonucunda Dloop bölgesi için Türkiye’ye ait 33 yeni haplotip belirlemiştir. Haplotip çeşitliliği Hd: 0.9368 ve nükleotid çeşitliliği Pi: 0.07786 olarak hesaplanmıştır. Çalışmamızda ise haplotip çeşitlilik ve nükleotid çeşitlilik sırasıyla COI için; 0,907 ve 0,00432 Cyt-b için 0,889 ve 0,00534 ITS için 0,659 ve 0,00529 D-loop için 0,903 ve 0,00927 bulunmuştur. Çalışmamızda ayrıca haplotipler arası baz farkı en fazla 8 baz olarak Cyt-b, ITS için 7 baz ve COI için 6 baz bulunmuştur. Bizim çalışmamızdaki baz farklılığının fazla olmasının sebebi Türkiye genelindeki alabalıkların tamamını içeren bir çalışma olmasından kaynaklanmaktadır. Çalışmada kullanılan COI analizinde havzalara göre bir fark bulunamazken Cyt-b kısmen Akdeniz Seyhan Fırat ve Dicle havzalarının birbirinden ayırmaktadır. ITS bölgesi ise kısmen Akdeniz, Ceyhan ve Batı Karadeniz havzalarını birbirinden ayırmaktadır. Susnik vd. (2005)’de Türkiye’de kahverengi alabalıklar üzerine yaptığı mtDNA D-loop dizi analizi çalışması sonucunda Çatak popülasyonu örneklerinin ayrı bir soy hattı Tigris (TI) oluşturduğunu ortaya çıkarmıştır. Bardakçı vd. (2006) Türkiye’de bulunan 27 kahverengi alabalık popülasyonlarında mtDNA’nın NADH 5/6 ve cyt-b/D-loop bölgeleri PZR-RFLP analizini gerçekleştirerek yaptığı çalışmada Dicle havzası Çatak popülasyonuna ait balıkların farklı bir dalda kümelendiği ve ayrı bir soy hattı oluşturduğunu belirtmiştir. Özen 2013’de ise Türkiye’deki *Salmo trutta* popülasyonlarının filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amacıyla yaptığı çalışmada Dloop analizi sonucunda Çatak örneklerinin diğer örneklerden ayrı bir dal oluşturduğunu göstermiştir. Bu çalışmada da Van/Çatak örneklerinin bazıları ayrı bir dal oluşturarak önceden yapılan çalışmaları desteklemektedir.

Kahverengi alabalık türüne ait popülasyonların genetik yapısını belirlemek amacıyla çalışmamızda 12 farklı mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. Mikrosatelit belirteçlerin yeniden tasarlanıp geliştirilmesi zahmetli ve maliyetli bir süreç olduğundan, bu çalışmada kullanılan belirteçler, çeşitli araştırmacıların daha önce doğal alabalıklar için kullandığı belirteçlerden seçilmiştir (Kalaycı, 2018; Afan, 2023; Arslan & Bardakçı 2006; Ceyhun 2007; Ceyhun & Çiltaş 2013; Bardakçı, 2010). 12 lokusun tamamında Hardy-Weinberg dengesinden yüksek oranda istatistiksel sapma gözlenmiş olup tüm lokusların polimorfik olduğu belirlenmiştir.

Null alel frekansının yüksek olması ve heterojen dağılım göstermesi, heterozigot eksikliği, birçok alelin popülasyonlarda tespit edilmesi Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın bir göstergesi olabilir. Ayrıca bazı popülasyonlardaki örnek sayısının az olması da Hardy-Weinberg dengesini etkilemektedir.

Kahverengi alabalığın Türkiye popülasyonlarında mikrosatelit lokuslar kullanılarak yapılan birçok çalışma bulunmaktadır. Arslan (2006) 27 kahverengi alabalık popülasyonunda toplam 304 örnek ile yapılan bir çalışmada 37 alel saptamış ve alel ortalaması 7,4 olarak hesaplamıştır. Başka bir çalışmada ise Türkiye’de 5 farklı alabalık popülasyonunun (Balıklı göl, Abant gölü, Fırat havzası, Aras havzası ve Çoruh havzası) genotipik farklılığı 10 mikrosatelit belirteç kullanarak karşılaştırılmıştır. Toplamda 62 alel saptanmış ve ortalama alel sayısı 4,34 olarak belirlenmiştir (Ceyhun vd., 2013). Ortalama alel sayısı en yüksek 9 (Strutta-12 lokusunda) en düşük 2 (MST-73 lokusunda) görülmektedir. Telli ve Gürleyen (2017), 7 mikrosatelit belirteç kullanarak doğal ve çiftlik şatlarında bulunan *S. abanticus*’un alel sayısının 86 ve ortalama alel sayısının 6,79 olduğunu belirtmiştir. Kalaycı (2018)’de 16 mikrosatelit lokus kullanarak yaptığı çalışmada ortalama alel sayısı bakımından en düşük grup *S. abant* X *S. caspius* grubunda 3,0 olurken en yüksek grup *S. labrax* X *S. caspius* grubunda 5,063 hesaplanmıştır. Afan (2023), 76 popülasyonda 11 mikrosatelit belirteç kullanarak yaptığı çalışmada, toplam 243 alel ve ortalama alel sayısını 22,1 olarak belirlemiştir. Lokuslardaki alel sayılarının ise 6-56 arasında değiştiği gözlenmiştir. Avrupa alabalık popülasyonlarında yapılan mikrosatelit çalışmalarda ise popülasyonları ortalama alel sayısı 2,8 ile 8,44 arasında değişim göstermektedir (Estoup vd., 1998; Hansen, 2002; Jensen vd., 2005; Samuiloviene vd., 2009; Skuza vd., 2014; Nechifor vd., 2017; Kuciński vd., 2021). Bu tez çalışmasında ise 37 popülasyona ait 1047 örneğin 12 mikrosatelit belirteç ile analizi gerçekleştirilmiştir. Lokuslarda gözlenen ortalama alel sayısı 27,25 olup, 6 (Omy7) ile 57 (T3-13) arasında değişim göstermiştir. Toplam alel sayısı ise 327 olarak belirlenmiştir. Yaptığımız çalışmada alel sayısının ve ortalamasının fazla olmasının sebebi popülasyon sayısının ve örnek sayısının çok fazla olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Çalışmamızda ayrıca Gözlenen (H_o) ve Beklenen (H_E) heterozigosite değerleri ise sırasıyla 0,131-0,863 ve 0,146-0,879 arasında değişim göstermiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri ise sırasıyla 0,319 ve 0,511 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen heterozigoluk değeri popülasyon içi varyasyonun önemini belirtmektedir. Arslan ve Bardakçı (2010) yaptığı çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk değerini 0,254 beklenen heterozigotluk değerini ise 0,565 olarak belirlemiştir.

Türkiye’ de yapılan başka bir çalışmada ise ortalama gözlenen heterozigotluk değeri 0,623, ortalama beklenen heterozigotluk değerini ise 0,640 bulunmuştur (Ceyhun, 2007). Afan (2023) yaptığı çalışmada ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerini sırasıyla 0,252-0,689 belirlemiştir. Çalışmamızdaki ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değeri Arslan (2006) ve Afan (2023)’ün çalışmalarıyla benzerlik göstermektedir.

Ebeveyn analizi sonucuna göre 12 havzaya ait 36 popülasyonun 25 popülasyonundaki ebeveynlerin aynı ebeveynler oluşu bu popülasyona ait örneklenen bireylerin farklı havzalardaki popülasyonlara ait bireyler ile hibritleşmediğini işaret etmektedir. Geriye kalan 11 popülasyondaki bireylerin ebeveynlerin bir kısmının farklı popülasyonlardaki bireylerden olabileceğinin belirlenmesi tür içi hibritleşmeyi işaret etmektedir. Bu 11 popülasyon içerisindeki 4 popülasyon için belirlenen muhtemel ebeveynlerin aynı havza içerisinde örneklenen farklı istasyonlardan oluşu, havza içi gen akışının olabileceğine işaret etmektedir. Alabalığın besin ve üreme göçü yaptığı bilinmektedir. Havza içerisindeki popülasyonları ayıran doğal veya yapay bir bariyerin olmaması durumunda, alabalıkların havza içerisinde hareket edebilmesi ve popülasyonlar arası gen akışının olabilmesi muhtemel gözükmektedir. 11 popülasyon arasında geriye kalan 7 popülasyondaki bireyler için yapılan ebeveyn tahminlerinin farklı havzalardaki bireylerden oluşu insan eli ile müdahalenin olabileceğine işaret etmektedir. Havzalar arası doğal akarsu bağlantılarının olmamasından dolayı havzalar arasında doğal bariyerler olduğu kabul edilmektedir. Bu da alabalıkların doğal olarak havzalar arası göç yapamayacağı anlamına geldiğinden farklı havzalardaki popülasyonlar arası doğal gen akışının, yani tür içi hibritleşmenin olamayacağını göstermektedir. Farklı havzalardaki alabalıklar arasında belirlenen muhtemel hibritleşme olasılığı, insan eli ile alabalıkların balıklandırma, yetiştiricilik veya sportif balıkçılığı desteklemek amacı ile havzalar arası balık taşınımının bir sonucu olabilir.

5. SONUÇLAR

Bu çalışmada, ülkemizde bulunan kahverengi alabalık popülasyonlarının genetik yapısını ve popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek amacıyla mtDNA'nın COI, Cyt-b ve D-loop bölgeleri ile nDNA'nın ITS bölgesinin dizilim analizi yapılmıştır. Ayrıca, 12 mikrosatelit bölgesinin (BS131, Omy7, Strutta58, Ssa410Uos, Ssa85, Str60INRA, Omy1011, SsoSL417, T3-13, SsoSL438, Str73INRA, Str15INRA) analizi gerçekleştirilmiştir. Bu çalışma sonucunda;

- 1- 726 örneğin 574 bç'lik COI gen bölgesinin analizi ile 12 havzanın tamamında 23 haplotip varlığı tespit edilmiştir. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği sırasıyla 0,907 ve 0,00432 olarak belirlenmiştir. H3 en yaygın haplotip olup 6 havzada (Çoruh, Kuzey Ege, Fırat, Doğu Karadeniz, Batı Karadeniz, Kura) 136 örnekte gözlemlenmiştir.
- 2- 673 örneğin 578 bç uzunluğundaki Cyt-b gen bölgesi analiz edilmiş ve 27 haplotip varlığı tespit edilmiştir. H6 en yaygın haplotip olup 7 havzada (Batı Karadeniz, Doğu Karadeniz, Marmara, Aras, Fırat, Çoruh, Kura) 126 örnekte gözlemlenmiştir. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği sırasıyla 0,889 ve 0,00534 olduğu belirlenmiştir.
- 3- 725 örneğin 544 bç uzunluğundaki ITS bölgesi analiz edilmiş ve analiz sonucunda 21 haplotip, varlığı tespit edilmiştir. H2 en yaygın haplotip olup 9 havzada (Ceyhan, Akdeniz ve Aras hariç), 402 örnekte görülmektedir. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği sırasıyla 0,659 ve 0,00529 olduğu belirlenmiştir.
- 4- 542 örneğin 451 bç uzunluğundaki D-loop bölgesi analizi sonucunda 87 haplotip belirlenmiştir. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği sırasıyla 0,903 ve 0,00927 belirlenmiştir. H21 en yaygın haplotip olup 44 örnekte 6 havzada (Batı Karadeniz, Doğu Karadeniz, Çoruh, Marmara, Dicle, Fırat) gözlemlenmiştir.
- 5- COI gen bölgesinin dizi analizi ile havzalar arasında 6 baz fark Cyt-b gen bölgesinin dizi analizi ile 8 baz fark ve ITS bölgesi dizi analizinde 7 bazlık fark belirlenmiştir,
- 6- mtDNA'ya ait gen bölgelerine dayalı analizlerin sonucunda havzalar arasında kısmen genetik farklılık görülmektedir.

- 7- mtDNA gen bölgelerinin analizi ile havzalar arasında hesaplanan genetik farklılık değerleri (F_{ST}) havzalar arasında önemli genetik farklılaşmanın olmadığını göstermektedir.
- 8- Filogenetik analizler sonucunda COI ve Cyt-b gen bölgesi için oluşturulan Maximum likelihood soy ağacında havzalar iki ana dala ayrılmıştır. Dicle ve Aras havzalarındaki bazı örnekler bir dalı oluştururken diğer tüm havzalardaki örnekler ikinci dalı oluşturmuştur. ITS için oluşturulan ağaçta ise kahverengi alabalıklar yine iki dalda kümelenemiştir.
- 9- Çalışmada kullanılan 12 mikrosatelit belirtecin Hardy-Weinberg dengesine uyumu test edildiğinde yapılan 481 testin 199'unda Hardy-Weinberg dengesinden sapma tespit edilirken, yanlış keşif değeri düzeltilmesi yapıldıktan sonra 171 testte görülen sapmanın istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir.
- 10- Mikrosatelit lokusların alel sayıları 6 (Omy7) ile 57 (T3-13) arasında değişiklik göstermiştir.
- 11- Lokuslara göre alellik zenginlik değerleri 1,118 (Str15INRA) ile 5,527 (T3-13) arasında değişim göstermiştir.
- 12- Çalışmada gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri sırasıyla 0,043-0863 ve 0,146-0,879 arasında değişim göstermiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri ise sırasıyla 0,319 ve 0,511 olarak belirlenmiştir.
- 13- Gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri sırasıyla 0,131(Str15INRA) ile 0,863(Strutta58) arasında değişim göstermiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigosite değerleri ise sırasıyla 0,319 ve 0,511 olarak belirlenmiştir.
- 14- Structure analizine göre olası kümeleme sayısı $K=4$ olarak belirlenmiştir. Tüm havzaların ortak alel paylaştığı görülmektedir. Structure analizi ile havzalar arası fark belirlenememiştir.
- 15- Mantel testi sonucuna göre ise coğrafik mesafe ile genetik mesafe arasında zayıf bir ilişki belirlenirken bu istatistiksel olarak önemli bir ilişki olarak belirlenmiştir. Örnekleme istasyonları arasındaki coğrafi mesafe arttıkça genetik farklılığında arttığı görülmüştür.
- 16- Çalışmamızda Türkiye'de morfolojik olarak yeni tür olarak tanımlanan popülasyonlardan alınan örneklerle yapılan analizlerde bu popülasyonların diğer *Salmo trutta* popülasyonlarıyla birlikte kümelendiği görülmüştür. Dolayısıyla,

yalnızca morfolojik özelliklere ve mitokondriyal cyt-b gen bölgesindeki birkaç baz farklılıklara dayanarak yeni tür tanımlamak oldukça yanıltıcı olabilir.



6. ÖNERİLER

Çalışmamızda Türkiye’de dağılım gösteren 12 havzaya ait 37 alabalık popülasyonunun filogenetik ilişkileri mtDNA, nDNA ve mikrosatelit belirteçler kullanılarak incelenmiştir.

Çalışma sonucunda; mtDNA ve mikrosatelit analizler sonucunda *Salmo trutta* popülasyonlarında net bir ayrım olmadığı ve birçok popülasyonun ortak aleli paylaştığı görülmektedir. Ayrıca yeni tür olarak adlandırılan türlerin genellikle Türkiye’de dağılım gösteren diğer *Salmo trutta* popülasyonlarıyla birlikte kümелendiği görülmüştür. Yani yeni tür tanımlaması yaparken morfolojik çalışmalarla genetik çalışmaların birlikte yürütülmesi ve sonuçlarının birbirini desteklemesi daha güvenilir sonuçlar ortaya çıkarabilir. Çalışmanın devamında Türkiye’de tür tanımlaması yapılan tüm popülasyondan birkaç örneğin tüm genom sekans yapısı çıkarılarak alabalıklar arasındaki benzerlik ya da farklılık yapısı ortaya çıkarılıp aralarındaki tür kargaşası giderilebilir.

Ülkemizde doğal olarak bulunan alabalıklar son zamanlarda kaçak avcılık, dere ıslah çalışmaları, aşırı avcılık gibi nedenlerden dolayı bazı akarsularda nesli tükenme noktasına gelmiştir. Çalışmamızda örnekleme alanlarında birçok popülasyonda birden fazla alabalık türüne rastlanılmıştır. Bu sonuç bize popülasyonlar arasında gen akışı olduğunu veya dışarıdan su kaynaklarına insan eli ile istemli veya istemsiz müdahale edildiğini göstermektedir. Dolayısıyla gen kaynaklarını korunması için balıklandırmadan daha ziyade mevcut balıkları yerinde korunması gerekliliği gibi stratejiler geliştirilmelidir.

7. KAYNAKLAR

- Abdul-Muneer, &P.M. (2014). “Applcaton of mcrosatellte markers n conservaton genetcs and fsheres management: recent advances n populaton structure analyss and conservaton strateges”, *Genetics Research International*, <https://do.org/10.1155/2014/691759>
- Afan, F., (2023). Türkiye Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta* L.) Popölasyonlarının Genetik Yapısının Mikrosatelit Yöntemiyle Belirlenmesi, *Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı Doktora Tezi*, 106s.
- Allendorf, F. W., Luikart, G. H., & Aitken, S. N. (2012). *Conservation and the genetics of populations*. John Wiley & Sons.
- Amstutz, U., Gger, T., Champgneulle, A., Day, P.J.R., Largadèr, C.R. 2006. “Dstnct temporal patterns of Transaldolase 1 gene expresson n future mgratory and sedentary brown trout (*Salmo trutta*)”, *Aquaculture*, 260(1–4), 326-36.
- Aparicio, E., García-Berthou, E., Araguas, R. M., Martínez, P., & García-Marín, J. L. (2005). Body pigmentation pattern to assess introgression by hatchery stocks in native *Salmo trutta* from Mediterranean streams. *Journal of Fish Biology*, 67(4), 931-949.
- Apostolidis, A. P., Karakousis, Y., & Triantaphyllidis, C. (1996). Genetic differentiation and phylogenetic relationships among Greek *Salmo trutta* L.(brown trout) populations as revealed by RFLP analysis of PZR amplified mitochondrial DNA segments. *Heredity*, 77(6), 608-618.
- Apostolidis, A. P., Madeira, M. J., Hansen, M. M., & Machordom, A. (2008). Genetic structure and demographic history of brown trout (*Salmo trutta*) populations from the southern Balkans. *Freshwater Biology*, 53(8), 1555-1566.
- Apostolidis, A. P., Triantaphyllidis, C., Kouvatsi, A., & Economidis, P. S. (1996). Mitochondrial DNA sequence variation and phylogeography among *Salmo trutta* L.(Greek brown trout) populations. *Molecular ecology*, 6(6), 531-542.
- Aras, M. S., Bircan, R., & Aras, N. M. (1995). Genel Su Ürünleri ve Balık Üretim Esasları. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Erzurum*.
- Arslan, S., (2006). Türkiye Doğal Alabalık (*Salmo trutta* L., 1758) Popölasyonlarında Mikrocoğrafik ve Makrocoğrafik Mikrosatelit DNA Varyasyonu, Doktora Tezi, Cumhuriyet Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Sivas.
- Arslan, S., & Bardakça, F. (2010). Genetic structure of brown trout (*Salmo trutta*) populations from Turkey based on microsatellite data. *Biochemical genetics*, 48, 995-1014.

- Bagliniere, J. L. (1999). Introduction: The brown trout (*Salmo trutta* L.)—its origin, distribution and economic and scientific significance. *Biology and ecology of the brown and sea trout*, 1-12.
- Ballard, J. W. O., Olsen, G. J., Faith, D. P., Odgers, W. A., Rowell, D. M., & Atkinson, P. W. (1992). Evidence from 12 S ribosomal RNA sequences that onychophorans are modified arthropods. *Science*, 258(5086), 1345-1348.
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.
- Barcz, A., & Bernas, R. (2023). Parentage-based tagging and parentage analyses of stocked sea trout in Vistula River commercial catches. *Journal of Applied Genetics*, 64(2), 341-350.
- Bardakci, F., Degerli, N., Ozdemir, O., & Basibuyuk, H. H. (2006). Phylogeography of the Turkish brown trout *Salmo trutta* L.: mitochondrial DNA PZR-RFLP variation. *Journal of Fish Biology*, 68(A), 36-55.
- Bark, O. H., & Havey, M. J. (1995). Similarities and relationships among populations of the bulb onion as estimated by nuclear RFLPs. *Theoretical and Applied Genetics*, 90, 407-414.
- Barrett, R. D., & Schluter, D. (2008). Adaptation from standing genetic variation. *Trends in ecology & evolution*, 23(1), 38-44.
- Bartley, D. M., Rana, K., & Immink, A. J. (2000). The use of inter-specific hybrids in aquaculture and fisheries. *Reviews in fish biology and fisheries*, 10, 325-337.
- Bektas, Y., & Belduz, A. O. (2008). Molecular phylogeny of Turkish *Trachurus* species (Perciformes: Carangidae) inferred from mitochondrial DNA analyses. *Journal of Fish Biology*, 73(5), 1228-1248.
- Benjamini, Y., & Hochberg, Y. (1995). Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal statistical society: series B (Methodological)*, 57(1), 289-300.
- Bentzen, P., Harris, A. S., & Wright, J. M. (1991). Cloning of hypervariable minisatellite and simple sequence microsatellite repeats for DNA fingerprinting of important aquacultural species of salmonids and tilapia. *DNA fingerprinting: Approaches and applications*, 243-262.
- Bernatchez, L. (2001). The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution*, 55(2), 351-379.
- Bernatchez, L., & Osinov, A. (1995). Genetic diversity of trout (genus *Salmo*) from its most eastern native range based on mitochondrial DNA and nuclear gene variation. *Molecular Ecology*, 4(3), 285-298.

- Bernatchez, L., Dempson, J. B., & Martin, S. (1998). Microsatellite gene diversity analysis in anadromous arctic char, *Salvelinus alpinus*, from Labrador, Canada. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55(5), 1264-1272.
- Bernatchez, L., Guyomard, R., & Bonhomme, F. (1992). DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular Ecology*, 1(3), 161-173.
- Berrebi, P., Caputo Barucchi, V., Splendiani, A., Muracciole, S., Sabatini, A., Palmas, F., ... & Marić, S. (2019). Brown trout (*Salmo trutta* L.) high genetic diversity around the Tyrrhenian Sea as revealed by nuclear and mitochondrial markers. *Hydrobiologia*, 826, 209-231.
- Caballero, P., Morán, P., & Marco-Rius, F. (2013). "A Review of the Genetic And Ecological Basis Of Phenotypic Plasticity in Brown Trout", Researchgate, Spain.
- Cairney, M., Taggart, J. B., & Høyheim, B. (2000). Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids, *Molecular Ecology*, 9(12), 2175–2178.
- Cano, R. J., Poinar, H. N., Pieniazek, N. J., Acra, A., & Poinar Jr, G. O. (1993). Amplification and sequencing of DNA from a 120–135-million-year-old weevil. *Nature*, 363(6429), 536-538.
- Ceyhun, S. B. & Çiltaş, A., (2013). Determination of genetic variations of five different indigenous trout species in Turkey (*Salmo trutta* sp. L.) by microsatellite markers, *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 13(5), 785-793.
- Chapuis, M. P., & Estoup, A. (2007). Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular biology and evolution*, 24(3), 621-631.
- Chauhan, T., & Rajiv, K. (2010). Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 1(4), 281-291.
- Crete-Lafreniere, A., Weir, L. K., & Bernatchez, L. (2012). Framing the *Salmonidae* family phylogenetic portrait: a more complete picture from increased taxon sampling.
- Cross, T. F., Mills, C. P. R., & de Courcy Williams, M. (1992). An intensive study of allozyme variation in freshwater resident and anadromous trout, *Salmo trutta* L., in western Ireland. *Journal of Fish Biology*, 40(1), 25-32.
- Çiftci, Y. (2006). Türkiye alabalık (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 ve *Salmo platycephalus* Behnke, 1968) popülasyon-larının genetik yapısının mtDNA-RFLP analiz yöntemiyle belirlenmesi. *Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı Doktora Tezi*, 195s.
- Devlin, B., Roeder, K., & Ellstrand, N. C. (1988). Fractional paternity assignment: theoretical development and comparison to other methods. *Theoretical and Applied Genetics*, 76, 369-380.

- Elliott, J. M. (1989). Wild brown trout *Salmo trutta*: an important national and international resource. *Freshwater Biology*, 21(1), 1-5.
- Elliott, J., M., (1994). Quantitative ecology and the Brown trout. Oxford Series in Ecology and Evolution, Oxford: Oxford University Press.
- Endicott, P., Ho, S. Y., Metspalu, M., & Stringer, C. (2009). Evaluating the mitochondrial timescale of human evolution. *Trends in ecology & evolution*, 24(9), 515-521.
- Ertuğrul, M., Dellal, G., Elmacı, C., Akın, O., Karaca, O., Altın, T. & Cemal, İ. (2005). Hayvansal Gen Kaynaklarının Koruma ve Kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisleri Odası VI. Teknik Kongresi. 3-7 Ocak, 275-290.
- Estivill, X., & Armengol, L. (2007). Copy number variants and common disorders: filling the gaps and exploring complexity in genome-wide association studies. *PLoS genetics*, 3(10), e190.
- Estoup, A., Presa, P., Krieg, F., Vaiman, D., & Guyomard, R. (1993). (CT) n and (GT) n microsatellites: a new class of genetic markers for *Salmo trutta* L.(brown trout). *Heredity*, 71(5), 488-496.
- Estoup, A., Rousset, F., Michalakis, Y., Cornuet, J. M., Adriamanga, M., & Guyomard, R. (1998). Comparative analysis of microsatellite and allozyme markers: a case study investigating microgeographic differentiation in brown trout (*Salmo trutta*). *Molecular ecology*, 7(3), 339-353.
- Fahy, E. (1978). Variation in some biological characteristics of British sea trout, *Salmo trutta* L. *Journal of Fish Biology*, 13(1), 123-138.
- Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164(4), 1567-1587.
- Ferguson, A. (1989). "Genetic differences among brown trout stocks and their importance for the conservation and management of the species", *Freshwater Biology*, 21, 35-46.
- Ferguson, A. (2004). Brown trout genetic diversity: origins, importance and the impacts of supplemental stocking. *Proceedings of the Institute of Fisheries Management 34th Annual Study Course*, 32-49.
- Ferguson, A., Reed, T. E., Cross, T. F., McGinnity, P., & Prodöhl, P. A. (2019). Anadromy, potamodromy and residency in brown trout *Salmo trutta*: the role of genes and the environment. *Journal of Fish Biology*, 95(3), 692-718.
- Firidin, S., Ozturk, R.Ç., Alemdag, M., Eroğlu, O., Terzi, Y., Kutlu, İ., Duzgüneş, Z.D., Çakmak, E., & Aydın, I., (2019). Population genetic structure of turbot (*Scophthalmus maximus* L., 1758) in the Black Sea. *Journal of Fish Technology*, 97, 1154-1164.

- Geldiay, R., & Balık, S. (1999). *Türkiye tatlısu balıkları*. Ege Üniversitesi Basımevi.
- 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(2), 309-310.
- Goudet, J. (1995). FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of heredity*, 86(6), 485-486.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A. Ball, S.L., & Waard, J.R. (2002). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society*, 270(1512), 313-321.
- Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. In *Nucleic acids symposium series* (Vol. 41, No. 41, pp. 95-98).
- Haldar, C. & Nath, S., (2020). Nanotechnology: A novel technique for aquaculture and fisheries development. *International Journal of Fauna and Biological Studies*, 7(6), pp.23-27.
- Hansen, M.M. (2002). Estimating the long-term effects of stocking domesticated trout into wild brown trout (*Salmo trutta*) populations: an approach using microsatellite DNA analysis of historical and contemporary samples, *Molecular Ecology*, 11(6), 1003-1015.
- Hardesty, B. D., Hubbell, S. P., & Bermingham, E. (2006). Genetic evidence of frequent long-distance recruitment in a vertebrate-dispersed tree. *Ecology Letters*, 9(5), 516-525.
- Hindar, K., Jonsson, B., Ryman, N., & Ståhl, G. (1991). Genetic relationships among landlocked, resident, and anadromous brown trout, *Salmo trutta* L. *Heredity*, 66(1), 83-91.
- Huusko, A., Vainikka, A., Syrjänen, J. T., Orell, P., Louhi, P., & Vehanen, T. (2017). Life-history of the adfluvial brown trout (*Salmo trutta* L.) in eastern Fennoscandia. *Brown trout: Biology, ecology and management*, 267-295.
- Işık, K., (2003). Türkiye’de Biyolojik Çeşitlilik: Flora, Fauna ve Ekosistem Çeşitliliği. FAO / UNTG Türkiye’de Biyolojik Çeşitlilik ve Organik Tarım Çalıştayı: 15-16 Nisan. Ankara.
- Jansson, H., & Öst, T. (1997). Hybridization between Atlantic salmon (*Salmo salar*) and brown trout (*S. trutta*) in a restored section of the River Dälälven, Sweden. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 54(9), 2033-2039.
- Jeffreys, A. J., Wilson, V., & Thein, S. L. (1985). Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA. *Nature*, 314(6006), 67-73.

- Jensen, L. F., Hansen, M. M., Carlsson, J., Loeschcke, V. & Mensberg, K. L. D., (2005). Spatial and temporal genetic differentiation and effective population size of brown trout (*Salmo trutta*, L.) in small Danish rivers, *Conservation Genetics*, 6(4), 615-621.
- Jones, A. G., & Ardren, W. R. (2003). Methods of parentage analysis in natural populations. *Molecular ecology*, 12(10), 2511-2523.
- Jones, A. G., Small, C. M., Paczolt, K. A., & Ratterman, N. L. (2010). A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular ecology resources*, 10(1), 6-30.
- Jones, J.W., (1959). *The Salmon*, Collins, London, UK.
- Kahilainen, A., Puurtinen, M., & Kotiaho, J. S. (2014). Conservation implications of species–genetic diversity correlations. *Global Ecology and Conservation*, 2, 315-323.
- Kalayci, G., Ozturk, R. C., Capkin, E., & Altinok, I. (2018). Genetic and molecular evidence that brown trout *Salmo trutta* belonging to the Danubian lineage are a single biological species. *Journal of Fish Biology*, 93(5), 792-804.
- Kalinowski, S. T., & Taper, M. L. (2006). Maximum likelihood estimation of the frequency of null alleles at microsatellite loci. *Conservation Genetics*, 7, 991-995.
- Kalinowski, S. T., Taper, M. L., & Marshall, T. C. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular ecology*, 16(5), 1099-1106.
- Karaiskou, N., Apostolidis, A. P., Triantafyllidis, A., Kouvatsi, A., & Triantaphyllidis, C. (2003). Genetic identification and phylogeny of three species of the genus *Trachurus* based on mitochondrial DNA analysis. *Marine Biotechnology*, 5, 493-504.
- Karık, Ü., Nadeem, M. A., Habyarimana, E., Ercişli, S., Yildiz, M., Yılmaz, A., & Baloch, F. S. (2019). Exploring the genetic diversity and population structure of Turkish laurel germplasm by the iPBS-retrotransposon marker system. *Agronomy*, 9(10), 647.
- Keskin, E., & Atar, H.H. (2013). DNA barcoding commercially important fish species of Turkey. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 6(2), 1-8.
- Khristoforov, O.L. ve Murza, I.G., (2001). Seasonal races of the Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): some features of a physiological status and behaviour of migrants. In: Veselov, A.E., Danilov, P.I., Ieshko, E.P., Kitaev, S.P., Kuznetsov, O.L. & Nemova, N.N., (Eds.) *Biodiversity of the European North*. International conference. September 3-7, 2001. Abstracts: 253-254. Petrozavodsk: Institute of Biology of Karelian Research Centre.
- King, T. L., Eackles, M. S., & Letcher, B. H. (2005). Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes*, 5(1), 130-132.

- Klemetsen, A. (2013). The most variable vertebrate on Earth. *Journal of Ichthyology*, 53, 781-791.
- Klemetsen, A., Amundsen, P. A., Dempson, J. B., Jonsson, B., Jonsson, N., O'connell, M. F., & Mortensen, E. (2003). Atlantic salmon *Salmo salar* L., brown trout *Salmo trutta* L. and Arctic charr *Salvelinus alpinus* (L.): a review of aspects of their life histories. *Ecology of freshwater fish*, 12(1), 1-59.
- Kocabaş, M. (2009). Türkiye doğal alabalık (*Salmo trutta*) ekotiplerinin kültür şartlarında büyüme performansı ve morfolojik özelliklerinin karşılaştırılması. Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi.
- Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A., & Mayrose, I. (2015). Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources*, 15(5), 1179-1191.
- Kottelat, M., & Freyhof, J. (2007). *Handbook of European freshwater fishes* (Vol. 13). Cornol, Switzerland: Publications Kottelat, 646 s.
- Krieg, F., & Guyomard, R. (1985). Population genetics of French brown trout (*Salmo trutta* L): large geographical differentiation of wild populations and high similarity of domesticated stocks. *Génétique sélection évolution*, 17(2), 225-242.
- Kuciński, M., Kozłowski, J., Kozłowski, K., Dynowski, P., Fopp-Bayat, D. & Ocalewicz, K., (2021). Genetic characteristics of brown trout *Salmo trutta* from the Tatra National Park in Poland, *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 21, 10.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6), 1547-1549.
- Küçük, F., Kalaycı, G., Güçlü., S.S., Oral, M., & Turan, D. (2024). A new species of trout from the Köprüçay River, a drainage of Mediterranean Sea, Türkiye (Salmoniformes, Salmonidae). *Zoosystematics and Evolution*, 100(2), 391-403.
- L'Abée-Lund, J. H., Jonsson, B., Jensen, A. J., Saettem, L. M., Heggberget, T. G., Johnsen, B. O., & Naesje, T. F. (1989). Latitudinal variation in life-history characteristics of sea-run migrant brown trout *Salmo trutta*. *The Journal of animal ecology*, 525-542.
- Larios-López, J. E., Tierno De Figueroa, J. M., Alonso-Gonzalez, C., & Nebot Sanz, B. (2015). Distribution of brown trout (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758) (Teleostei: Salmonidae) in its southwesternmost European limit: possible causes. *Italian Journal of Zoology*, 82(3), 404-415.
- Leigh, J. W., Bryant, D., & Nakagawa, S. (2015). POPART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology & Evolution*, 6(9).

- Li, X., Shen, X., Chen, X., Xiang, D., Murphy, R. W., & Shen, Y. (2018). Detection of potential problematic Cytb gene sequences of fishes in GenBank. *Frontiers in genetics*, 9, 30.
- Liu, K., & Muse, S. V. (2005). PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21(9), 2128-2129.
- Liu, Z. J., & Cordes, J. F. (2004). DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238(1-4), 1-37.
- Mace, G.M., & Purvis, A. (2008). Evolutionary biology and practical conservation: bridging a widening gap. *Molecular Ecology*, 17(1), 9-19.
- Makhrov, A. A., Artamonova, V. S., Christoforov, O. L., Murza, I. G., & Altukhov, Y. P. (2004). Hybridization between Atlantic salmon *Salmo salar* L. and brown trout *S. trutta* L. upon artificial propagation. *Russian Journal of Genetics*, 40, 1258-1263.
- Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer research*, 27(2_Part_1), 209-220.
- Maric, S., Nikolic, V., & Simonovic, P. (2004). Pilot study on the morphological identity of wild brown trout (*Salmo trutta*) stocks in the streams of the Danube river basin (Serbia). *Folia Zoologica*, 53(4), 411-416.
- Matthews, M. A., Poole, W. R., Thompson, C. E., McKillen, J., Ferguson, A., Hindar, K., & Wheelan, K. F. (2000). Incidence of hybridization between Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and brown trout, *Salmo trutta* L., in Ireland. *Fisheries Management and Ecology*, 7(4), 337-347.
- Mayer, L. (2001). Salmoniden hybriden. *Fischer & Teichwirt*, 2, 65-67.
- McCormick, E. M., Muraresku, C. C., & Falk, M. J. (2018). Mitochondrial Genomics: A complex field now coming of age. *Current genetic medicine reports*, 6, 52-61.
- McGinnity, P., Prodöhl, A., Ferguson, A., Rosaleen, H., Niall, M. & Natalie, B. (2003). Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. *Proceedings Biological Sciences* 270(1532), 2443-2450.
- Mezzera, M., Largiader, C. R., & Scholl, A. (1997). Discrimination of native and introduced brown trout in the River Doubs (Rhône drainage) by number and shape of parr marks. *Journal of Fish Biology*, 50(3), 672-677.
- Moritz, C. (1991). The origin and evolution of parthenogenesis in *Heteronotia binoei* (Gekkonidae): evidence for recent and localized origins of widespread clones. *Genetics*, 129(1), 211-219.
- Moritz, C. (1994). Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. *Molecular Ecology*, 3(4), 401-411.

- Morris, D. B., Richard, K. R., & Wright, J. M. (1996). Microsatellites from rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and their use for genetic study of salmonids. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53(1), 120-126.
- Nechifor, R., Popa, G. O., Samu, M., Dudu, A., Bănăduc, D., Costache, M. & Georgescu, S. E., (2017). The genetic profiles of two salmonid populations from Romania obtained through nuclear markers analysis, *Animal Science and Biotechnologies*, 50(1), 74-78.
- Nelson, J. S., Grande, T. C., & Wilson, M. V. (2016). *Fishes of the World*. John Wiley & Sons.
- Nielsen, R., Mattila, D. K., Clapham, P. J., & Palsbøll, P. J. (2001). Statistical approaches to paternity analysis in natural populations and applications to the North Atlantic humpback whale. *Genetics*, 157(4), 1673-1682.
- O'Reilly, P. T., Hamilton, L. C., McConnell, S. K., & Wright, J. M. (1996). Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PZR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53(10), 2292-2298.
- Özen, N. (2013). Türkiye'deki alabalıkların (*Salmo trutta* L.) moleküler filogenisi, Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Aydın.
- Öztürk, R.Ç., 2018. Beyaz kum midyesi (*Chamelea gallina*, linnaeus,1758) popülasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi, Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Palermo, M., Latourelle, S., & Elwess, N. L. (2012). Genetic analysis of the brown, brook and tiger trout populations in the Lake Champlain basin. *The Journal of Experimental Secondary Science*, 2(1), 40-43.
- Perrier, C., Grandjean, F., Le Gentil, J., Cherbonnel, C., & Evanno, G. (2011). A species-specific microsatellite marker to discriminate European Atlantic salmon, brown trout, and their hybrids. *Conservation Genetics Resources*, 3, 131-133.
- Pettersson, J.C.E., Hansen, M.M., & Bohlin T. (2001) Does dispersal from landlocked trout explain the coexistence of resident and migratory trout females in a small stream? *Journal of Fish Biology*, 58(2), 487-95.
- Poteaux, Bonhomme, & Berrebi. (1999). Microsatellite polymorphism and genetic impact of restocking in Mediterranean brown trout (*Salmo trutta* L.). *Heredity*, 82(6), 645-653.
- Presa, P., & Guyomard, R. (1996). Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology*, 49(6), 1326-1329.
- Presa, P., Pardo, B. G., Martínez, P., & Bernatchez, L. (2002). Phylogeographic congruence between mtDNA and rDNA ITS markers in brown trout. *Molecular Biology and Evolution*, 19(12), 2161-2175.

- Rasmussen, G. O. R. M. (1986). The population dynamics of brown trout (*Salmo trutta* L.) in relation to year-class size. *Polskie Archiwum Hydrobiologii*, 33(3/4), 489-508.
- Rousset, F. (2008). Genepop'007: A complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources*, 8(1), 103-106.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular biology and evolution*, 34(12), 3299-3302.
- Saber, M. H., Noveiri, S. B., Pourkazemi, M., Nowruzfashkhami, M., Yarmohammadi, M., & Kashani Sabet, A. (2011). DNA markers in hybrids of female Caspian kutum *Rutilus frisii* kutum and male grass carp *Ctenopharyngodon idella*: possible production of gynogenic progeny. *Progress in Biological Sciences*, 1(1), 49-102.
- Samuiloviene, A., Kontautas, A., & Gross, R., (2009). Genetic diversity and differentiation of sea trout (*Salmo trutta*) populations in Lithuanian rivers assessed by microsatellite DNA variation, *Fish physiology and biochemistry*, 35(4), 649-659.
- Savary, R., Dufresnes, C., Champigneulle, A., Caudron, A., Dubey, S., Perrin, N., & Fumagalli, L. (2017). Stocking activities for the Arctic charr in Lake Geneva: Genetic effects in space and time. *Ecology and Evolution*, 7(14), 5201-5211.
- Sedgwick, S. D. (1995). *Trout farming handbook*, Sixth edition, Oxford, U.K., 164 s.
- Segherloo, I. H., Freyhof, J., Berrebi, P., Ferchaud, A. L., Geiger, M., Laroche, J., & Bernatchez, L. (2021). A genomic perspective on an old question: *Salmo trouts* or *Salmo trutta* (Teleostei: Salmonidae)? *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 162, 107204.
- Skuza, L., Achrem, M., Pilecka-Rapacz, M., Czerniawski, R., Domagała, J. & Kirczuk, L., (2014). Genetic variability of *Salmo trutta* L. species from the catchment areas of the Drawa and Rega rivers evaluated using RAPD and SSR markers, PUBLISHER UWM, 161.
- Slettan, A., Olsaker, I., & Lie, Ø. (1995). Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOL85, SSOSL311, SSOSL417 loci., *Animal Genetics*, 26, 281-282.
- Smouse, P. E., & Peakall, R. O. D. (1999). Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. *Heredity*, 82(5), 561-573.
- Soulé, M. E., (1996). *The Science of Scarcity and Diversity*. Sunderland, MA: Sinauer & Associates. *Conservation Biology*
- Sönmezoğlu, Ö. A., Yıldırım, A., & Güleç, T. E. (2010). Tek nükleotid farklılıkları (Snp) ve buğdayda kullanımı. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, (2), 55-66.
- Spies, I. B., Brasier, D. J., O'reilly, P. T. L., Seamons, T. R., & Bentzen, P. (2005). Development and characterization of novel tetra-, tri-, and dinucleotide microsatellite

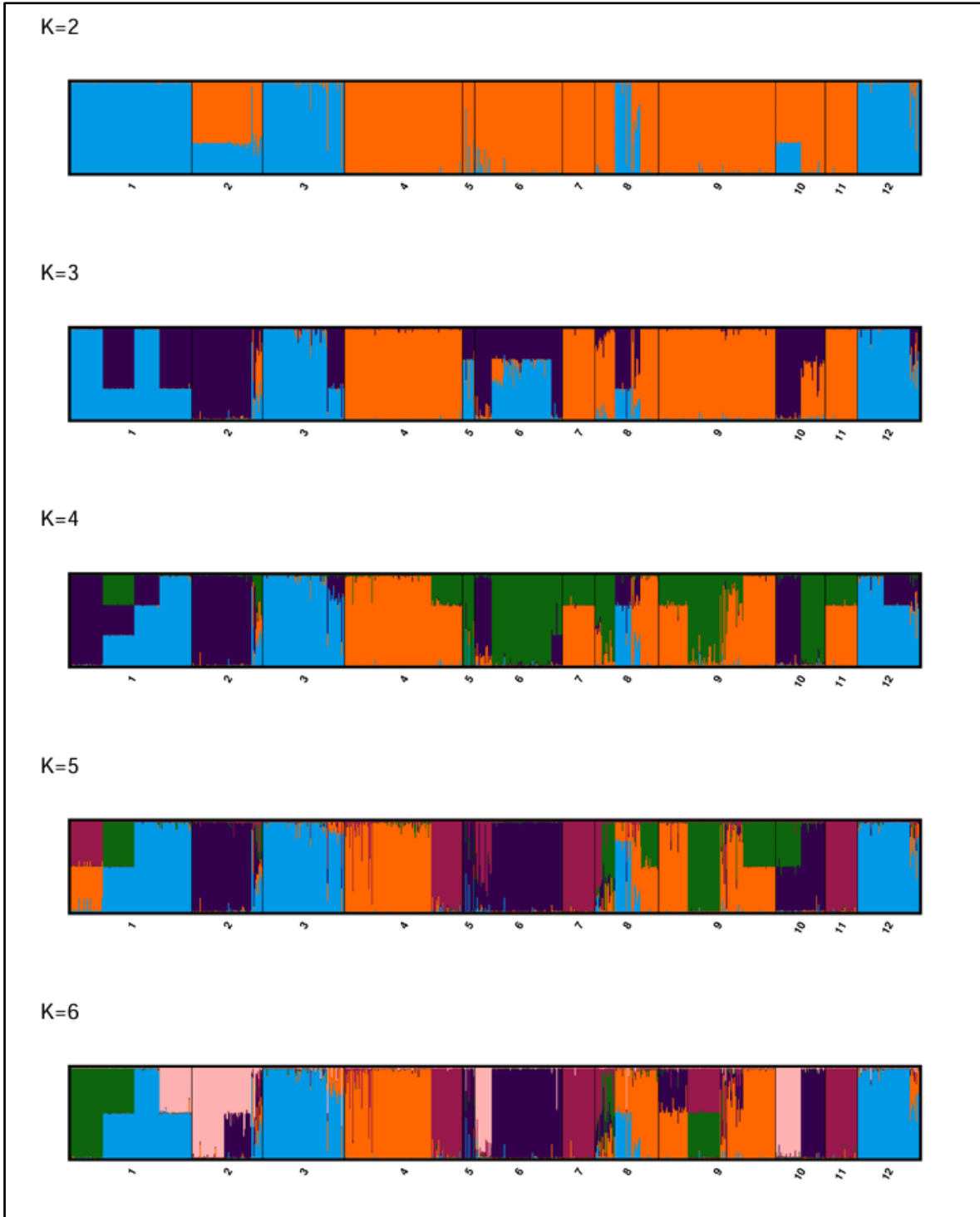
- markers in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes*, 5(2), 278-281.
- Susnik, S., Schöffmann, J., & Weiss, S. (2005). Genetic verification of native brown trout from the Persian Gulf (Catak Cay River, Tigris basin). *Journal of Fish Biology*, 67(3), 879-884.
- Sušnik, S., Snoj, A., Wilson, I. F., Mrdak, D., & Weiss, S. (2007). Historical demography of brown trout (*Salmo trutta*) in the Adriatic drainage including the putative *S. letnica* endemic to Lake Ohrid. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44(1), 63-76.
- Taanman, J. W. (1999). The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*, 1410(2), 103-123.
- Tabak, İ., Aksungur, M., Zengin, M., Yılmaz, C., Aksungur, N., Alkan, A., Zengin, B. ve Mısırlı, D. S., (2001). Karadeniz alabalığı (*Salmo trutta labrax* Palas, 1811)'nın biyoekolojik özelliklerinin tespiti ve kültüre alınabilirliğinin araştırılması projesi, Sonuç raporu No: TAGEM/HAYSUD/98/12/01/007 Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü, Trabzon, 178 s.
- Tautz, D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic acids research*, 17(16), 6463-6471.
- Telli, M. & Gürleyen, B., (2017). Genetic and morphological divergences between wild and captive-bred populations of *Salmo trutta abanticus*, *Aquaculture Research*, 48(11), 5624-5630.
- TEPGE, (2018). Tarımsal Ekonomi ve Politika Geliştirme Enstitüsü. Su Ürünleri, Tarım Ürünleri, No:24.
- Terzi, Y., (2021). Kültür ortamında yetiştirilerek Doğu Karadeniz derelerine bırakılan kahverengi alabalık (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758)'ın büyüme ve beslenmesinin ve belirlenmesi, Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Turan, C., Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., & Yeğen, V. (2008). Isparta ve Kahramanmaraş *Salmo trutta* (L., 1758) Popülasyonlarının Genetik Karşılaştırılması. *Süleyman Demirel Üniversitesi Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi*, 4(1), 45-52.
- Turan, D., Doğan, E., Kaya, C., & Kanyılmaz, M. (2014). *Salmo kottelati*, a new species of trout from Alakır Stream, draining to the Mediterranean in southern Anatolia, Turkey (Teleostei, *Salmonidae*). *ZooKeys*, (462), 135.
- Turan, D., Kalaycı, G., Bektaş, Y., Kaya, C., & Bayçelebi, E. (2020). A new species of trout from the northern drainages of Euphrates River, Turkey (Salmoniformes: *Salmonidae*). *Journal of Fish Biology*, 96(6), 1454-1462.
- Turan, D., Kottelat, M., & Bektas, Y. (2011). *Salmo tigridis*, a new species of trout from the Tigris River, Turkey (Teleostei: *Salmonidae*). *Zootaxa*, 2993(1), 23-33.

- Turan, D., Kottelat, M., & Engin, S. (2009). Two new species of trouts, resident and migratory, sympatric in streams of northern Anatolia (Salmoniformes: *Salmonidae*). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 20(4), 333-364.
- Turan, D., Kottelat, M., & Engin, S. (2012). The trouts of the Mediterranean drainages of southern Anatolia, Turkey, with description of three new species (Teleostei: *Salmonidae*). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 23(3), 219.
- Turan, D., Kottelat, M., & Engin, S. (2014). Two new species of trouts from the Euphrates drainage, Turkey (Teleostei: *Salmonidae*). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 24(3), 275-287.
- Turan, D., Kottelat, M., & Engin, S. (2014). Two new species of trouts from the Euphrates drainage, Turkey (Teleostei: *Salmonidae*). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 24(3), 275-287.
- Turan, D., Kottelat, M., & Kaya, C. (2017). *Salmo munzuricus*, a new species of trout from the Euphrates River drainage, Turkey (Teleostei: *Salmonidae*), *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 28, 56-63.
- URL-1. (2024). <https://www.tuik.gov.tr/>
- URL-2.(2024). <https://evrimagaci.org/tur-nedir-farkli-tur-tanimlari-nelerdir-canlilari-nasil-tur-gruplarina-ayiriyoruz>
- URL-3. (2024). <http://www.turktarim.gov.tr/Haber/299/orman-ici-sulara-22-milyon-alabalik-birakildi>.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P., & Shipley, P. (2004). MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular ecology notes*, 4(3), 535-538.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T. V. D., Hornes, M., & Zabeau, M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic acids research*, 23(21), 4407-4414.
- Weber, J. L., & Wong, C. (1993). Mutation of human short tandem repeats. *Human molecular genetics*, 2(8), 1123-1128.
- Weiss, S., Antunes, A., Schlötterer, C., & Alexandrino, P. (2000). Mitochondrial haplotype diversity among Portuguese brown trout *Salmo trutta* L. populations: relevance to the post-Pleistocene recolonization of northern Europe. *Molecular Ecology*, 9(6), 691-698.
- Wenburger, J.K., Bentzen, P., & Foote, C. J. (1998). "Microsatellite analyses of genetic population structure in endangered salmonid: the coastal cutthroat trout", *Molecular Ecology*, 7, 733-749.

- Williams, J. G., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A., & Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic acids research*, 18(22), 6531-6535.
- Wilson, E. O., (1992). *The Diversity of Life*. Cambridge, MA: The Belknap Press of Harvard University Press.
- Wollebæk, J., Røed, K. H., Brabrand, Å., & Heggenes, J. (2012). Interbreeding of genetically distinct native brown trout (*Salmo trutta*) populations designates offspring fitness. *Aquaculture*, 356, 158-168.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., & Erkoyuncu, M. T. (2015). Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2), 1-12.
- Youngson, A. F., Webb, J. H., Thompson, C. E., & Knox, D. (1993). Spawning of escaped farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*): hybridization of females with brown trout (*Salmo trutta*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 50(9), 1986-1990.
- Yue, G. H., & Xia, J. H. (2014). Practical considerations of molecular parentage analysis in fish. *Journal of the World Aquaculture Society*, 45(2), 89-103.
- Zhang, D. X., & Hewitt, G. M. (1997). Insect mitochondrial control region: a review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25(2), 99-120.
- Zhang, D. X., & Hewitt, G. M. (2003). Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. *Molecular ecology*, 12(3), 563-584.

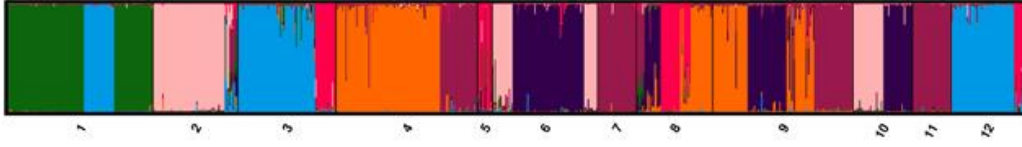
8. EKLER

Ek Tablo 1. Mikrosatelit Veriler Kullanılarak Oluřturulan Structure Bar Grafięikleri (K:2 ile 11 Arasında)

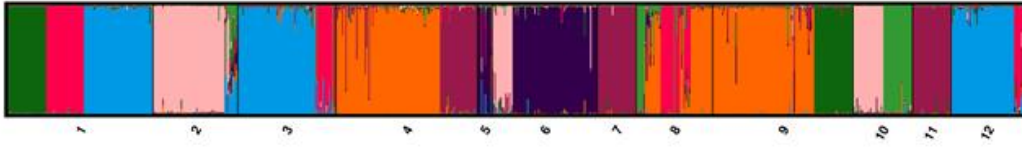


Ek 1'in devamı

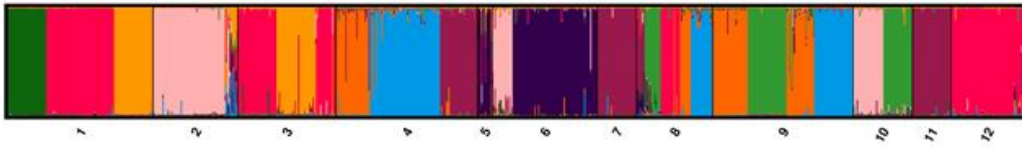
K=7



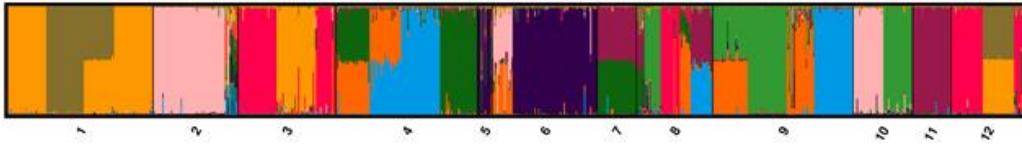
K=8



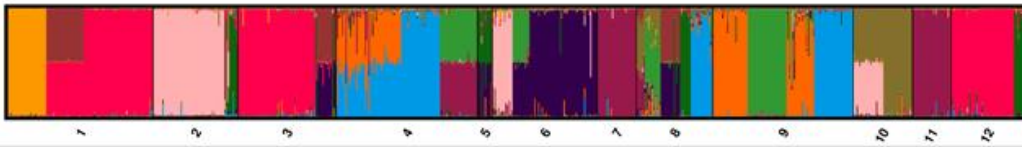
K=9



K=10



K=11



Ek Tablo 2. COI Gen Bölgesi Haplotiplerinin İstasyonlardaki Örnek Sayısına Göre Dağılımı (Parantez İçinde Yazanlar Birey Sayılarını İfade Etmektedir).

H1: Antalya/Alakır (24), Mersin/Tarsus (22), Isparta/Aksu (22), Maraş/Elbistan (11), İğdır/Tuzluca (1), Ağrı/Taşlıçay (2)
H2: Artvin/Borçka (23), Çanakkale/Ayazma (2), Ordu/Çambaşı (5), Rize/Çamlıhemşin (24)
H3: Artvin/Şavşat (20), Çanakkale/Ayazma (21), Erzurum/Ömertepe (11), Erzurum/Oltu (1), Erzurum/Uzundere (19), Giresun/Dereli (13), Kırklareli/Dolapdere (23), Ordu/Çambaşı (16), Ardahan/Tora (12)
H4: Bartın/Merkez (5), Giresun/Dereli (6)
H5: Bolu/Abant (1), Çankırı/Çerkeş (16), Kütahya/Domaniç (23), Erzurum/Oltu (14), Giresun/ Dereli (2), Ardahan/Tora (1)
H6: Bolu/ Abant (8), Erzurum/Oltu (9), Giresun/ Dereli (1), Gümüşhane/Gümüştuğ (1)
H7: Van/Çatak (5)
H8: Van/Çatak (3), İğdır/Tuzluca (8)
H9: Kayseri/Sarız (11)
H10: Kayseri/ Sarız (13), Kayseri/Pınarbaşı (14), Niğde/Çamardı (22)
H11: Erzurum/Karayazı (21), Erzincan/Tercan (21)
H12: Erzurum/Hınıs (21), Sivas/Tohma (23), Malatya/Sürgü (24), Tunceli/Munzur (22)
H13: Maraş/Merkez (23), Sivas/Akdere (22), Maraş/Söğütlü (12), Kayseri/Pınarbaşı (2)
H14: Giresun/Dereli (1), Ardahan/Tora (4)
H15: Gümüşhane/Gümüştuğ (18)
H16: Gümüşhane/Gümüştuğ (1), Ardahan/Tora (3)
H17: Antalya/Gündoğmuş (21)
H18: Antalya/Gündoğmuş (2)
H19: İğdır/Tuzluca (2), Kars/Susuz (19)
H20: Kastamonu/Merkez (21), Ordu/Çambaşı (1)
H21: Ardahan/Tora (1)
H22: Ardahan/Tora (3)
H23: Ağrı/Taşlıçay (2)

Ek Tablo 3. Cyt-b Gen bölgesi Haplotiplerinin İstasyonlardaki Örnek Sayısına Göre Dağılımı

H1: Antalya/Alakır (24), Mersin/Tarsus (20), Maraş/Merkez (21), Sivas/Akdere (21), Maraş/Söğütlü (12), Kayseri/Pınarbaşı (2)
H2: Iğdır/Taşlıçay (6)
H3: Artvin/Borçka (24), Ordu/Çambaşı (6), Rize/Çamlıhemşin (23)
H4: Artvin/Şavşat (1), Çanakkale/Ayazma (19)
H5: Artvin/Şavşat (23), Bolu/Abant (13), Erzurum/Ömertepe (7), Erzurum/Oltu (5), Erzurum/Uzundere (8), Giresun/Dereli (12), Gümüşhane/Gümüştuğ (2), Kastamonu/Merkez (20), Kırklareli/Dolapdere (11), Ordu/Çambaşı (7), Ardahan/Tora (10)
H6: Bartın/Merkez (5), Çankırı/Çerkeş (22), Kütahya/Domaniç (15), Erzurum/Karayazı (24), Erzincan/Tercan (15), Erzurum/Oltu (6), Giresun/Dereli (10), Kars/Susuz (23), Ardahan/Tora (5), Bolu/Abant (1)
H7: Çankırı/Çerkeş (1), Kayseri/Sarız (21), Niğde/Ecemiş (16), Kayseri/Pınarbaşı (11)
H8: Mersin/Tarsus (2)
H9: Çanakkale/Ayazma (2)
H10: Erzurum/Hınıs (4)
H11: Erzurum/Hınıs (18), Tunceli/Munzur (15), Sivas/Tohma (24)
H12: Erzurum/Uzundere (13), Kastamonu/Merkez (1)
H13: Erzurum/Uzundere (13)
H14: Gümüşhane/Gümüştuğ (21)
H15: Gümüşhane/Gümüştuğ (1), Ardahan/Tora (1)
H16: Antalya/Gündoğmuş (22)
H17: Iğdır/Tuzluca (1), Maraş/Söğütlü (11)
H18: Iğdır/Tuzluca (3), Van/Çatak (2)
H19: Iğdır/Tuzluca (1)
H20: Iğdır/Tuzluca (1)
H21: Isparta/Aksu (14)
H22: Kastamonu/Merkez (3)
H23: Malatya/Sürgü (20)
H24: Ordu/Çambaşı (9)
H25: Ardahan/Tora (1)
H26: Van/Çatak (1)
H27: Van/Çatak (7)

Ek Tablo 4. ITS Bölgesi Haplotiplerinin İstasyonlardaki Örnek Sayısına Göre Dağılımı

H1: Antalya/Alakır (13), Mersin/Tarsus (21)
H2: Artvin/Borçka (24), Artvin/Şavşat (20), Çanakkale/Ayazma (22), Bartın/Merkez (8), Bolu/Abant (20), Çankırı/Çerkeş (16), Kütahya/Domaniç (23), Erzurum/Ömertepe (14), Erzurum/Uzundere (24), Giresun/Dereli (23), Gümüşhane/Gümüştuğ (19), Erzurum/Hınıs (16), Kayseri/ Pınarbaşı (16), Kırklareli/Dolapdere (22), Tunceli/Munzur (23), Erzurum/Oltu (17), Ordu/Çambaşı (21), Sivas/Tohma (23), Ardahan/Tora (19), Rize/Çamlıhemşin (22), Van/Çatak (10)
H3: Artvin/Şavşat (1)
H4: Mersin/Tarsus (1)
H5: Mersin/Tarsus (1)
H6: Kayseri/Sarız (21), Niğde/Ecemiş (19), Antalya/Gündoğmuş (22), Sivas/Akdere (7)
H7: Kayseri/Sarız (1)
H8: Kayseri/Sarız (1)
H9: Erzincan/Tercan (21), Erzurum/Karayazı (23), Kars/Susuz (23), Kastamonu/Merkez (19), Ardahan/Tora (2), Ağrı/Taşlıçay (7)
H10: Maraş/Merkez (24), Maraş/Söğütlü (23)
H11: Iğdır/Tuzluca (1)
H12: Iğdır/Tuzluca (7)
H13: Isparta/Aksu 824)
H14: Kars/Susuz (1)
H15: Kastamonu/Merkez (2)
H16: Kastamonu/Merkez (3)
H17: Malatya/Sürgü (21)
H18: Sivas/Akdere (10)
H19: Ardahan/Tora (1)
H20: Ardahan/Tora (1)
H21: Rize/Çamlıhemşin (1)

Ek Tablo 5. D-loop Bölgesi Haplotiplerinin İstasyonlardaki Örnek Sayısına Göre Dağılımı

H1: Ağrı/Taşlıçay (9)
H2: Ağrı/Taşlıçay (5)
H3: Ağrı/Taşlıçay (2)
H4: Antalya/Alakır (8), Erzurum/Hınıs (14), Malatya/Sürgü (12), Tunceli/Munzur (15), Niğde/Ecemiş (16), Kayseri/ Çörekdere (13), Mersin/Tarsus (18), Kayseri/Pınarbaşı (8), Sivas/Tohma (24)
H5: Antalya/Alakır (6)
H6: Antalya/Alakır (1)
H7: Antalya/Gündoğmuş (2)
H8: Antalya/Gündoğmuş (9)
H9: Antalya/Gündoğmuş (1)
H10: Antalya/Gündoğmuş (1)
H11: Antalya/Gündoğmuş (1)
H12: Antalya/Gündoğmuş (1)
H13: Artvin/Boçka (12), Artvin/Şavşat (12), Çanakkale/Ayazma (6), Erzurum/Uzundere (15), Giresun/Dereli (2), Kastamonu/Merkez (12), Ordu/Çambaşı (6), Van/Çatak (3), Erzurum/Ömerteppe (14)
H14: Artvin/Borçka (1)
H15: Artvin/Borçka (2)
H16: Artvin/Borçka (1)
H17: Artvin/Şavşat (1)
H18: Artvin/Şavşat (1)
H19: Artvin/Şavşat (1)
H20: Artvin/Şavşat (1)
H21: Bolu/Abant (1), Çankırı/Çerkeş (11), Erzurum/Oltu (3), Erzincan/Tercan (1), Giresun/Dereli (4), Gümüşhane/Gümüştuğ (1), Kütahya/Domaniç (19), Rize/Çamlıhemşin (2), Van/Çatak (2)
H22: Bolu/Abant (11), Erzurum/ Oltu (2)
H23: Bolu/Abant (1), Erzincan/Tercan (2)
H24: Bolu/Abant (1), Kastamonu/Merkez (3)
H25: Çanakkale/Ayazma (1)

Ek 5'in devamı

H26: Çanakkale/Ayazma (2)
H27: Çanakkale/Ayazma (1)
H28: Çanakkale/Ayazma (1)
H29: Çanakkale/Ayazma (1)
H30: Çanakkale/Ayazma (1)
H31: Çanakkale/Ayazma (1)
H32: Çankırı/Çerkeş (1)
H33: Çankırı/Çerkeş (3)
H34: Erzurum/Karayazı (16)
H35: Erzurum/Oltu (1)
H36: Erzurum/Oltu (2)
H37: Erzurum/Oltu (1)
H38: Erzurum/Oltu (1)
H39: Erzurum/Oltu (2)
H40: Erzurum/Oltu (2)
H41: Erzurum/Oltu (1)
H42: Erzurum/Uzundere (1)
H43: Erzincan/Tercan (3)
H44: Erzincan/Tercan (2)
H45: Erzincan/Tercan (2)
H46: Erzurum /Hınıs (1)
H47: Erzurum /Hınıs (1)
H48: Giresun/Dereli (1)
H49: Giresun/Dereli (1)
H50: Giresun/Dereli (7), Gümüşhane/Gümüştuğ (15), Ordu/Çambaşı (5), Rize/Çamlıhemşin (12)
H51: Isparta/Aksu (2)
H52: Isparta/Aksu (1)
H53: Isparta/Aksu (8)
H54: Isparta/Aksu (1)
H55: Isparta/Aksu (1)
H56: Isparta/Aksu (1)

Ek 5'in devamı

H57: Isparta /Aksu (1)
H58: Isparta/Aksu (1)
H59: Maraş/ Fırnız (6)
H60: Maraş/ Fırnız (1)
H61: Maraş/ Fırnız (1)
H62: Maraş/ Fırnız (1)
H63: Maraş/Söğütlü (4)
H64: Maraş/Söğütlü (12), Sivas/Akdere (17)
H65: Kars/Susuz (11)
H66: Kars/Susuz (1)
H67: Kars/Susuz (1)
H68: Kars/Susuz (1)
H69: Kars/Susuz (1)
H70: Kastamonu/Merkez (13)
H71: Kırklareli/Dolapdere (14)
H72: Kırklareli/Dolapdere (1)
H73: Tunceli/Munzur (1)
H74: Ordu/Çambaşı (5)
H75: Kayseri /Çörekdere (11), Kayseri/Pınarbaşı (1)
H76: Kütahya/Domaniç (1)
H77: Ardahan/Tora (7)
H78: Ardahan/Tora (8)
H79: Ardahan/Tora (1)
H80: Rize/Çamlıhemşin (1)
H81: Van/Çatak (1)
H82: Van/Çatak (1)
H83: Van/Çatak (1)
H84: Van/Çatak (1)
H85: Iğdır/Tuzluca (1)
H86: Iğdır/Tuzluca (1)
H87: Iğdır/Tuzluca (2)

ÖZGEÇMİŞ

İlköğrenimini Trabzon Merkez Yeşilyurt Köyü İlköğretim Okulu'nda bitirdikten sonra lise eğitimini 2004 yılında Trabzon Yunus Emre Lisesi'nde tamamladı. 2008 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi, Maçka Meslek Yüksekokulu, Su Ürünleri Bölümü'ne başladı. 2010 yılında mezun olup aynı yıl yapılan Dikey Geçiş Sınavı ile Karadeniz Teknik Üniversitesi, Deniz Bilimleri Fakültesi'ne geçiş yaptı ve 2014 yılında öğrenimini tamamladı. Aynı yıl Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim dalında tezli yüksek lisans programına başladı. “Anadolu'da Dağılım Gösteren Bazı Kahverengi Alabalıkların (*Salmo trutta labrax*, *S. t. caspius*, *S. t. abanticus*) ve Hibritlerinin Kromozom Sayısı ve Yapısının Tespiti” başlıklı yüksek lisans tezini 2017 yılında tamamladı. 2018 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı'nda Doktora Öğrenimine başladı ve halen devam etmektedir.