



Türkiye Denizlerinde Bulunan Kırlangiç Balıklarının (Triglidae, Dactylopteridae, Peristedidae) Morfolojik Analizi ve Moleküler Sistematığı

Program Kodu: 1001

Proje No: 212T115

Proje Yürütücüsü:

Prof. Dr. Funda TURAN

Araştırmacı(lar):

Prof. Dr. Bayram ÖZTÜRK

Bursiyer(ler):

Ali UYAN

Mehmet Nur GÜNDÜZ

**Haziran 2016
HATAY**

Önsöz

Ülkemiz üç tarafı denizlerle çevrili ve balıkçılığın yaygın ve yoğun olarak yapıldığı bir ülke olmasına rağmen, denizlerimizde bulunan türlere ait genetik çalışmaların azlığı dikkati çekmektedir. Kırlangıç balıkları denizlerimizde yaygın olarak bulunan birçok türden oluşmaktadır. Bu türlerin taksonomik sınıflandırılmasında sorunlar bulunmaktadır ve buna bağlı olarak tür, cins ve hatta familya düzeyinde taksonomik revizyonlara gidilmektedir. Bu taksonomik veya sistematik revizyonların başlıca nedenlerinden biri kırlangıç balıklarının çoğunlukla morfolojik olarak birbirlerine çok benzer yapıda olmalarından kaynaklanmaktadır ve şu ana kadar yapılan sistematik revizyonlar genetik tekniklere dayalı olarak yapılmamış ve genetik değerlendirmeler hep eksik kalmıştır.

Yapılan bu proje ile Türkiye denizlerindeki kırlangıç türleri arasındaki morfolojik ve genetik benzerliklerin ve farklılıkların analizi ile tür, cins ve familya düzeyinde sistematik sınıflandırılması yapılmıştır. Bunun yanında elde edilen moleküler veriler ile kırlangıçların filogenetik yapıları ortaya koyulmuş ve türlerin evrimsel süreçte sahip olduğu değişim ortaya çıkartılmıştır.

Çevresel baskılardan en önemlisi olan avcılık baskısı sonucu denizlerimizde türleri oluşturan populasyonlarda genetik yapı değişiklikleri oluşmakta ve populasyonlar çok kırılğan yapıya dönüşebilmektedir. Bu baskıların devamı sonucu bir türün o denizde çok azalması ve kaybı ile sonuçlanabilmektedir. Çünkü türler ve türleri oluşturan populasyonlar üzerine çok az sayıda genetik çalışma bulunmakta ve türlerin mevcut yapısı bilinmemektedir. Bu projeye kırlangıç türlerinin dağılım gösterdiği denizlerden aldığımız örneklerle yapılan sistematik analizlerde populasyon düzeyindeki kümülatif değişimler ve varyasyon dikkate alınmıştır.

Yapılan bu proje, hem dünya literatürüne sağladığı önemli taksonomik revizyon gücüyle türlerin sistematigi açısından önemli bir açığın kapatılmasını sağlamış, hem de ekonomik olarak önem arz eden kırlangıç türlerinin populasyonlarının ülkemiz denizlerinde yaşadığı çevresel baskılar sonucu genetik yapısında meydana gelen değişimler belirlenerek, türün gelecekte devamlılığı için önemli veriler ve tartışmalar ortaya konmuştur. Proje sonuçlarının, kırlangıç tür ve populasyonlarının belirlenmesi, genetik yapılarının göz önünde bulundurularak korunması ve balıkçılık idarecileri tarafından sürdürülebilirliklerinin sağlanması yönünde yönetim stratejileri geliştirilmesinde çok yararlı olacağı kanaatindeyiz.

Bu araştırma Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK)'ın Kimya, Biyoloji Araştırma Destek Grubu (KBAG) tarafından 212T115 nolu proje ile desteklenmiştir. Bu projeyi destekleyen TÜBİTAK'a tüm araştırmacılar olarak içten teşekkürlerimizi sunarız.

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖNSÖZ.....	I
İÇİNDEKİLER.....	II
ŞEKİL LİSTESİ.....	IV
TABLO LİSTESİ.....	VI
ÖZET.....	VII
ABSTRACT	IX
1. GİRİŞ.....	1
1.1 Kırlangıç Balıkları İle İlgili Genel Bilgiler.....	1
1.1.1 Triglidae Familyasına Ait Türler.....	1
1.1.1.1 <i>Chelidonichthys lucerna</i> (Linnaeus, 1758).....	1
1.1.1.2 <i>Chelidonichthys cuculus</i> (Linnaeus, 1758).....	2
1.1.1.3 <i>Chelidonichthys obscurus</i> (Walbaum, 1792).....	2
1.1.1.4 <i>Lepidotrigla dieuzeidei</i> (Blanc & Hureau, 1973).....	3
1.1.1.5 <i>Lepidotrigla cavillone</i> (Lacepède, 1801).....	3
1.1.1.6 <i>Trigloporus lastoviza</i> (Bonnaterre, 1788).....	3
1.1.1.7 <i>Trigla lyra</i> (Linnaeus, 1758).....	4
1.1.1.8 <i>Eutrigla gurnardus</i> (Linnaeus, 1758).....	4
1.1.2 Dactylopteridae Familyasına Ait Türler.....	4
1.1.2.1 <i>Dactylopterus volitans</i> (Linnaeus, 1758).....	4
1.1.3. Peristedidae Familyasına Ait türler.....	5
1.1.3.1 <i>Peristedion cataphractum</i> (Linnaeus, 1758).....	5
1.2 Tür ve Stok Tespitinde Kullanılan Teknikler.....	5
1.2.1 Fenotipik Teknikler.....	5
1.2.2 Moleküler Genetik Teknikler.....	6
2. LİTERATÜR ÖZETİ.....	10
3. GEREÇ VE YÖNTEM.....	13
3.1 Gereç.....	13
3.1.1 Çalışma Bölgeleri.....	13
3.1.2 Kırlangıç Türlerinin Sınıflandırması.....	14
3.1.2.1 Türkiye Denizlerindeki Triglidae Familyası Türlerinin	15
Tonlanması.....	16
3.2 Yöntem.....	16
3.2.1. Örneklerin	16
3.2.1.1 Kırlangıç Türlerinin Ayrımında Yardımcı Olan Karakteristik Özellikler.....	16
3.2.1.2 Örneklerin Muhafaza Edilmesi ve Laboratuvara Getirilmesi.....	23

3.2.2 Genetik İnceleme.....	23
3.2.2.1 Toplam Genomik DNA İzolasyonu.....	23
3.2.2.1.1 Genomik DNA'nın Kalite ve Kantitesinin Belirlenmesi.....	23
3.2.2.1.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu	24
3.2.2.1.3 DNA Dizin Analizi (Sequencing).....	26
3.2.3 Morfolojik İnceleme.....	27
3.2.3.1 Morfometrik Analiz.....	28
3.2.3.2 Meristik Analiz.....	29
4. BULGULAR.....	30
4.1 Kırlangıç Türlerinin Moleküler Sistematiği.....	30
4.1.1 MtDNA COIII Gen Bölgesi Analizi.....	30
4.1.2 MtDNA 16S rRNA Gen Bölgesi Analizi.....	42
4.2 Kırlangıç Türleri Morfolojik-Sistematiği.....	54
4.3 <i>Chelidonichthys lucerna</i> 'nın Populasyon Genetiği Analizi.....	64
4.3.1 Genetik Bulgular.....	64
4.3.2 Morfolojik Bulgular.....	68
5. TARTIŞMA SONUÇ.....	74
5.1 Kırlangıç Türlerinin Sistematiği.....	74
5.1.1 Moleküler Genetik Yapıları.....	74
5.1.1.1 COIII Gen Bölgesi.....	74
5.1.1.2 16S rRNA Gen Bölgesi.....	76
5.1.2 Kırlangıç Türlerinin Morfolojik Sistematiği.....	78
5.2 <i>C. lucerna</i> Populasyonlarının Genetik ve Morfolojik Durumu.....	78
5.3 Genetik ve Morfolojik Bulgular Işığında Türlerin Sistematiğinin Genel Değerlendirmesi.....	80
6. KAYNAKLAR.....	85

ŞEKİL LİSTESİ

	Sayfa
Şekil 3.1. Projede kullanılan kırlangıç türlerine ait örnekleme bölgeleri.....	13
Şekil 3.2. <i>C. lucerna</i> 'nın ayırt edici morfolojik karakterleri.....	16
Şekil 3.3. <i>C. lucerna</i> 'nın görünümü.....	17
Şekil 3.4. <i>C. cuculus</i> 'un ayırt edici morfolojik karakterleri.....	17
Şekil 3.5. <i>C. cuculus</i> 'un görünümü.....	17
Şekil 3.6. <i>L. dieuzeidei</i> 'in ayırt edici morfolojik karakterleri.....	18
Şekil 3.7. <i>L. dieuzeidei</i> 'nin görünümü.....	18
Şekil 3.8. <i>L. cavillone</i> 'nin ayırt edici morfolojik karakterleri.....	18
Şekil 3.9. <i>L. cavillone</i> 'nin görünümü.....	19
Şekil 3.10. <i>T. lastoviza</i> 'nın ayırt edici morfoloji karakterleri.....	19
Şekil 3.11. <i>T. lastoviza</i> 'nın görünümü.....	19
Şekil 3.12. <i>T. lyra</i> 'nın ayırt edici morfolojik karakterleri.....	20
Şekil 3.13. <i>T. lyra</i> 'nın görünümü.....	20
Şekil 3.14. <i>E. gurnardus</i> 'un ayırt edici morfolojik karakterleri.....	21
Şekil 3.15. <i>E. gurnardus</i> 'un görünümü.....	21
Şekil 3.16. <i>P. cataphractum</i> 'un ayırt edici morfolojik karakterleri.....	21
Şekil 3.17. <i>P. cataphractum</i> 'un görünümü.....	22
Şekil 3.18. <i>D. volitans</i> 'ın ayırt edici morfolojik karakterleri.....	22
Şekil 3.19. <i>D. volitans</i> 'ın görünümü.....	22
Şekil 3.20. DNA ekstraksiyonu sonucu örneklerin kaslarından elde edilen genomik DNA'nın %0.7'lik agaroz jel üzerinde kontrolü.....	24
Şekil 3.21. PZR'u sonucu çoğaltılan COIII geninden elde edilen ürünün %1.5'lik agaroz jel üzerinde kontrolü.....	25
Şekil 3.22. PZR'u sonucu çoğaltılan 16S rRNA geninden elde edilen ürünün %1.5'lik agaroz jel üzerinde kontrolü.....	25
Şekil 3.23. <i>Chelidonichthys cuculus</i> 'un DNA dizin analizi sonucu elde edilen 16S rRNA geninin BioEdit programı ile incelenmesi ve düzeltilmesi.....	26
Şekil 3.24. Morfometrik verilerin analizinde kullanılan noktaların kırlangıç üzerinde gösterimi.....	29
Şekil 4.1. Maksimum tutarlılık metoduna göre kırlangıç türlerinin COIII gen bölgesine göre haplotip ilişkisi.....	36
Şekil 4.2. Komşu katımlı metoduna göre kırlangıç türlerinin COIII gen bölgesine göre haplotip ilişkisi.....	37
Şekil 4.3. MtDNA COIII geni komşu katımlı soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.....	38
Şekil 4.4. MtDNA COIII geni komşu katımlı soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin dış gruplu olarak filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.....	39
Şekil 4.5. MtDNA COIII geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.....	40

Şekil 4.6.	MtDNA COIII geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin dış gruplu olarak filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.....	41
Şekil 4.7.	Maksimum tutarlılık metoduna göre haplotiplerin filogenetik ağaç üzerinde görünümü.....	48
Şekil 4.8.	Komşu katılımlı metoduna göre haplotiplerin filogenetik ağaç üzerinde görünümü.....	49
Şekil 4.9.	MtDNA 16S rRNA geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.....	51
Şekil 4.10.	MtDNA 16S rRNA geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre dış grup kullanılarak kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.....	52
Şekil 4.11.	MtDNA 16S rRNA geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.....	53
Şekil 4.12.	MtDNA 16S rRNA geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre dış grup kullanılarak kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.....	53
Şekil 4.13.	Kümeler arası korelasyon analizi sonucu türler arası morfometrik ilişkiyi gösteren grafik.....	58
Şekil 4.14.	En yakın komşu katılımlı kümeleştirme metoduna göre türler arasındaki hiyerarşik ilişkiyi gösteren soyağacı.....	59
Şekil 4.15.	Ana Bileşenler Analizine (ABA) göre türler arası farklılaşmada rol alan morfolojik karakterlerin önemlilik düzeylerinin birinci ve ikinci ana bileşenlerinin grafiklendirilmesi.....	63
Şekil 4.16.	MtDNA 16S rRNA geni komşu katılımlı metoduna <i>C. lucerna</i> populasyonlarının genetik ilişkisini gösteren filogenetik ağaç.....	67
Şekil 4.17.	Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) ile populasyonların morfolojik farklılıkları.....	72
Şekil 4.18.	<i>C. lucerna</i> populasyonları arasındaki morfolojik ilişkinin komşu katılımlı soyağacı (Neighbour Joining tree) ile gösterimi.....	73

TABLO LİSTESİ

	Sayfa
Tablo 3.1. Kırlangıç türlerinin örnekleme bölgeleri ve örnek sayıları.....	14
Tablo 3.2. Kırlangıç türlerinin mtDNA COIII, 16S rRNA ve <i>Chelidonichthys lucerna</i> populasyonlarının 16S rRNA gen bölgelerinin çoğaltılması için kullanılan universal primerler ve yapıları.....	24
Tablo 3.3. Morfometrik ve meristik analizde kullanılan karakterler ve kısaltmalar.....	28
Tablo 4.1. Morfolojik ve genetik çalışmalar için elde edilen kırlangıç türleri örneklerinin örnekleme bölgelerine göre eldesi.....	30
Tablo 4.2. Kırlangıç türlerinin mtDNA COIII geni tanımlayıcı istatistikleri.....	30
Tablo 4.3. Çalışmada kullanılan 619 baz çifti uzunluğundaki COIII geninin ortalama nükleotid kompozisyon oranları (%).....	31
Tablo 4.4. COIII geni için türler arasındaki genetik farklılık düzeyleri.....	32
Tablo 4.5. COIII geni için türler içindeki ortalama genetik farklılık değerleri.....	32
Tablo 4.6. COIII geni nükleotid değişim (Substitüsyon) matrisi.....	33
Tablo 4.7. Kırlangıç türlerinin COIII haplotiplerinin frekansları ve türlere göre dağılımı.....	34
Tablo 4.8. Kırlangıç türleri için hesaplanan haplotip çeşitlilik değerleri.....	35
Tablo 4.9. Kırlangıç türlerinin mtDNA 16S rRNA geni tanımlayıcı istatistikleri.....	42
Tablo 4.10. Çalışmada kullanılan 542 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyon oranları.....	42
Tablo 4.11. 16S rRNA geni için türler arasındaki genetik farklılık düzeyleri.....	43
Tablo 4.12. 16 S rRNA geni için türler içindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değerleri.....	44
Tablo 4.13. 16S rRNA geni nükleotid değişim (Substitüsyon) matrisi.....	44
Tablo 4.14. Kırlangıç türlerinin 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve türlere göre dağılımı.....	45
Tablo 4.15. Kırlangıç türleri için hesaplanan haplotip çeşitlilik değerleri.....	46
Tablo 4.16. Morfolojik-sistemik analizde kullanılan verilerin türlere göre değişim aralıkları.....	54
Tablo 4.17. Kümeler arası korelasyon analizinde (KKA) türlerin ayrılıklarında rol oynayan morfolojik karakterlerin önemlilik durumları.....	55
Tablo 4.18. Kümeler arası korelasyon (KKA) analizi sonucu elde edilen ana bileşenlerin içerdiği varyansın dağılımı.....	56
Tablo 4.19. Kümeler arası korelasyon (KKA) analizinde türlerin ayırımında rol oynayan morfolojik karakterlerin ana bileşenlere göre dağılımı.....	57
Tablo 4.20. Öklid uzaklık hesaplaması metoduna göre türler arası morfolojik uzaklık değerleri.....	59
Tablo 4.21. Ana Bileşenler Analizine (ABA) göre elde edilen ana bileşenlerin içerdiği varyansın dağılımı.....	61
Tablo 4.22. Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu elde edilen sekiz ana bileşen değerlerinin türlerin ayırımında etkili olan morfolojik karakterlerin önemlilik seviyeleri.....	62
Tablo 4.23. Çalışmada kullanılan 809 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu (%).....	64

Tablo 4.24. <i>C. lucerna</i> populasyonlarındaki 16S rRNA geni nükleotid değişim (Substitüsyon) matrisi.....	65
Tablo 4.25. <i>C. lucerna</i> populasyonları içindeki ortalama genetik çeşitlilik değerleri.....	65
Tablo 4.26. <i>C. lucerna</i> populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı.....	66
Tablo 4.27. <i>C. lucerna</i> populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin değişken nükleotid bölgeleri.....	66
Tablo 4.28. 16S rRNA geni için <i>C. lucerna</i> populasyonları arasındaki genetik farklılık düzeyleri.....	67
Tablo 4.29. <i>C. lucerna</i> populasyonlarının ayırımında kullanılan meristik karakterler ve minimum-maksimum değerleri.....	68
Tablo 4.30. Morfometrik ve meristik karakterlerin etkinlik derecelerine göre, Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu sıralanışı.....	69
Tablo 4.31. Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu varyansların AB'lere dağılımı.....	70
Tablo 4.32. Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) değerleri.....	70
Tablo 4.33. Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) fonksiyonlarının birbirleri ile olan istatistiksel ilişkileri.....	71
Tablo 4.34. Morfometrik ve meristik karakterlerin kümeler arası korelasyon analizi (KKA) analizi sonucunda her bir gruptaki örneklerin kendi grubuna sayısal ve % olarak	71
Tablo 4.35. <i>C. lucerna</i> populasyonları arasındaki morfolojik yakınlık matrisi.....	73

ÖZET

Bu çalışmada Türkiye denizlerinde bulunan Triglidae (*Chelidonichthys cuculus*, *Chelidonichthys lucerna*, *Chelidonichthys obscurus*, *Eutrigla gurnardus*, *Lepidotrigla cavillone*, *Lepidotrigla dieuzeidei*, *Trigla lyra*, *Trigloporus lastoviza*), Dactylopteridae (*Dactylopterus volitans*), Peristedidae (*Peristedion cataphractum*) familyalarına ait kırlangıç balıklarının sistematik analizi, genetik (mitokondriyal COIII, 16S rRNA genleri dizi analizi) ve morfolojik (morfometrik ve meristik) teknikler kullanılarak araştırılmıştır. Aynı zamanda Türkiye denizlerinde bulunan *C. lucerna* türüne ait populasyonlarının genetik ve morfolojik yapısı belirlenmiştir.

Kırlangıç türlerine üzerine mtDNA COIII gen bölgesi analizinde 619 baz çifti uzunluğunda bölge incelenmiş ve türler arası net genetik farklılığı uzaklık matrisine göre en düşük farklılık (0.001620) *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* ve en yüksek farklılık (0.427489) ise *L. dieuzeidei* ve *P. cataphractum* arasında bulunmuştur. Komşu katımlı filogenetik ağaçta, farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dala oluştuğu görülmektedir. Triglidae familyası ana ağacı iki kola yarılmış olup, birinci kolda, *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türlerinin birbirlerine en yakın türler olduğu ve *E. gurnardus*'un da bu iki türe daha yakın tür olduğu görülmektedir. Sırasıyla, bu türlere *C. cuculus* ve *T. lyra*'nın uzak türler olduğu görülmektedir. Triglidae ana dalının diğer tarafında ise *T. lastoviza* ve *C. lucerna*'nın birlikte gruplandığı, diğer familyanın temsilcilerinden olan *D. volitans*'ın bu türlere uzak olarak ayrı gruplandığı, fakat tüm türlere en uzak olan türün Peristedidae familyası üyesi olan *P. cataphractum* olduğu belirlenmiştir.

Kırlangıç türlerine üzerine mtDNA 16S rRNA gen bölgesi analizinde 542 baz çifti uzunluğunda bölge incelenmiş ve türler arasındaki net genetik farklılığın uzaklık matrisi karşılaştırmasında en yüksek genetik farklılık (0.096329) *D. volitans* ile *L. cavillone* arasında görülürken *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* arasında, *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* türleri arasında, ve *C. cuculus* ve *C. lucerna* türleri arasında genetik uzaklık değerleri sıfır olup, bu türlerin sistematik sınıflandırılmasına dikkat çekmektedir. Komşu katımlı filogenetik ağaçta, farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dal oluşmakta ve Triglidae familyası türlerinin cinsler düzeyinde birlikte gruplandığı dikkat çekmektedir. *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türleri birlikte gruplanırken bu türlere en yakın türler ise *T. lyra* ve *T. lastoviza* türleri olmuştur. Triglidae familyası *Chelidonichthys* cinsi türleri *C. cuculus* ve *C. lucerna* yine birbirlerine yakın gruplanırken *E. gurnardus* türü de bu gruba yakın bulunmuştur. *P. cataphractum* ve *D. volitans* türlerinin birbirinden ve diğer türlerden ayrı olarak gruplandığı ve filogenetik ağaçta en uzak olan türün *D. volitans* olduğu görülmüştür.

Çalışmada türleri ayırt etmede kullanılan 50 morfolojik karakterin tamamının türlerin farklılıklarında oldukça önemli ($P < 0.001$) olduğu görülmüştür. Morfolojik sınıflandırma sonuçlarının genetik sonuçlar ile bire bir uyuşmadığı görülmüş olup, kullanılan morfolojik karakterlerin analiz edilen mtDNA genlerine kısmen yansımadağı tespit edilmiştir. Dactylopteridae familyası üyesi *D. volitans* ve Peristedidae familyası üyesi *P. cataphractum* türlerinin morfolojik ve genetik sonuçlarının benzer olduğu ve Triglidae familyası türlerinden çok farklı olduğu tespit edilmiştir.

Türkiye denizlerinde bulunan *C. lucerna* türüne ait populasyonlarının genetik analizinde sadece Marmara populasyonunun diğer Ege ve Akdeniz populasyonlarından farklı çıktığı gözlenmiştir. Morfolojik analizde, genetik sonuçlardan farklı olarak sadece Karadeniz populasyonunun morfolojik olarak çok farklı olduğu görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Triglidae, Kırlangıç türleri, moleküler sistematik, DNA dizileme, morfoloji

ABSTRACT

In this study systematic analyze of the species of the family Triglidae including ten species (*Chelidonichthys cuculus*, *Chelidonichthys lucerna*, *Chelidonichthys obscurus*, *Eutrigla gurnardus*, *Lepidotrigla cavillone*, *Lepidotrigla dieuzeidei*, *Trigla lyra*, *Trigloporus lastoviza*), Dactylopteridae (*Dactylopterus volitans*), Peristedidae (*Peristedion cataphractum*) in the Turkey Seas were used to investigate with genetic (mitochondrial COIII, 16S rRNA genes sequencing), and morphological (morphometric and meristic) technics. Besides, the study was determined genetic and morphological structure of the populations of *C. lucerna* species in the Turkish Seas.

Molecular systematics of Trigladae family members by using 619 bp mtDNA COIII region was analysed and lowest (0.001620) and highest (0.427489) pairwise nucleotide differences were between *L. dieuzeidei* and *L. cavillone* and *D. volitans* and *L. cavillone*, respectively. Neighbour Joining analysis revealed three main branches. In the first branch, trigladae family was divided into two main subbranching in which *L. cavillone* and *L. dieuzeidei* showed closest relationship and *E. gurnardus* was sister to this group. *C. cuculus* and *T. lyra* were distinctly clustered to these species respectively. In the another side of Triglidae main branch, *C. lucerna* and *T. lastoviza* were grouped together. The other two family members, *D. volitans* and *P. cataphractum* were grouped highly separately from the Trigladae family members, and *P. cataphractum* showed most distinct relationship among them.

In molecular systematics of analysis with 542 bp mtDNA 16S rRNA fragment, the highest (0.096329) pairwise genetic differences was between *D. volitans* and *L. cavillone*, respectively. However, there were no genetic differences between *L. dieuzeidei* and *L. cavillone*, *Trigla lyra* ve *Trigloporus lastoviza*, and *C. cuculus* ve *C. lucerna* that indicate their systematic controversy. the Neighbour Joining analysis revealed three main branches. In the first branch, Trigladae family member were grouped together at the genus level in which *L. cavillone* and *L. dieuzeidei* were clustered together as a closest species, and *T. lyra* and *T. lastoviza* were sisterly clustered, respectively. *C. cuculus* and *C. lucerna* were clustered together and *E. gurnardus* was clustered sisterly this group in the another main branch of the Trigladae main branch. The other two family members, *D. volitans* and *P. cataphractum* were grouped highly separately from the Triglidae family members, and *D. volitans* showed most distinct relationship among them.

In the morphological analysis, 50 morphological characters used to distinguish species were highly significant ($P < 0.001$). Dactylopteridae family member of *D. volitans* and Peristediidae family members of *P. cataphractum* were found to be very different from the species of Triglidae family. The morphological classification results were not silimlar with the genetic results.

Populations structure analysis of *C. lucerna* with mtDNA16S rRNA sequencing from Turkish marine waters revealed that the Marmara populations of *C. lucerna* were genetically different from the other populations. However, in morphological analysis, only the Black Sea population was very different from the other populations.

Key words: Triglidae, Gurnard species, molecular systematic, mtDNA sequencing, morphology

1. GİRİŞ

Kırlangıç balıklarının, gerek tür zenginliği gerekse bazı türlerinin ekonomik olması sebebiyle demersal balık stokları arasında önemli bir yeri vardır. Kırlangıçlar doğu Atlantik, Akdeniz ve Karadeniz’de geniş yayılım gösterirler. Ülkemizde genel olarak Kırlangıç balığı olarak bilinen türler; Scorpaeniformes ordosuna bağlı olarak Dactylopteridae, Triglidae, Peristediidae familyalarına dahildir. Uçan kırlangıç olarak bilinen kırlangıç türü, ülkemizde Dactylopteridae familyası içerisinde *Dactylopterus volitans* olarak biline tek türdür. Triglidae familyasına mensup diğer kırlangıç türleri ise ülkemiz sularında *Chelidonichthys*, *Eutrigla*, *Lepidotrigla*, *Trigla*, *Trigloporus* cinslerine dâhil toplam sekiz tür ile temsil edilmektedir. Bu türlerden *Chelidonichthys* cinsi; *Chelidonichthys cuculus*, *Chelidonichthys lucerna*, *Chelidonichthys obscurus* olmak üzere 3 tür ile temsil edilirken, *Eutrigla* cinsi; tek tür olan *Eutrigla gurnardus* ile *Lepidotrigla* cinsi; *Lepidotrigla cavillone* ve *Lepidotrigla dieuzeidei* ile *Trigla* cinsi; *Trigla lyra* ile ve *Trigloporus* cinsi; *Trigloporus lastoviza* ile temsil edilmektedir. Yine dikenli kırlangıç balığı olarak bilinen *Peristedion cataphractum* da Peristediidae familyasına ait olarak tek tür ile ülkemiz sularında bulunmaktadır (Turan vd., 2007).

1.1 Kırlangıç Balıkları İle İlgili Genel Bilgiler

Kırlangıçlar fırsatçı bir besin arama davranışı gösteren, ağırlıklı olarak epibentik ve nektobentik organizmaları avlayan balıklardır (Stagioni vd., 2007). Kırlangıçlarda beslenme büyümeye bağlı olarak, besinlerinin büyüklüğü ve çeşitliliği bakımından değişkenlik gösterir. Bu durum kırlangıçların batimetrik bir göç davranışı sergilemesine bağlanmaktadır (Colloca vd., 1994; Morte vd., 1997). Juvenil bireyler bentik Krustasealar (genellikle Mysidacealar (Hostens ve Mees, 1999)), Amphipodlar ve Dekapodlar ile beslenmektedir (Stagioni vd., 2012). Kırlangıçlar büyüdükçe giderek artan bir şekilde Dekapodları (genellikle Portunidae ve Crangonidae) ve Teleost türleri (genellikle Callionymidae) tüketmektedirler (Frogliia, 1976; Colloca vd., 1994; Stagioni vd., 2007).

1.1.1 Triglidae Familyasına Ait Türler

1.1.1.1 *Chelidonichthys lucerna* (Linnaeus, 1758)

C. lucerna’nın başı üçgen şeklinde olup, çok sayıda irili ufaklı diken ve kemik plaklarından oluşmaktadır. Göğüste ve karnın ön kısmında pul bulunmamaktadır. Birinci sırt yüzgeci 8 adet sert ışın içerir. İkinci sırt yüzgeci 16 -18; anüs yüzgeci 15- 17; göğüs yüzgeci 11; karın yüzgeci 6 adet yumuşak ışın içerir. Göğüs yüzgecinin hemen önünde 3 adet serbest göğüs yüzgeci ışını bulunur. Solungaç kapağında ise 3 adet diken bulunur. Vücut pulları küçük ve deriye iyice gömülüdür. İlk cinsi olgunluk dışı bireylerde 2 yaşında ve yaklaşık 20 cm boyunda, erkek bireylerde ise yine 2 yaşında ve yaklaşık 18 cm

boyundayken gözlemlenir. Ülkemizde yapılan çalışmalarda *C. lucerna*'nın yumurtlama zamanı İzmir Körfezi'nde Aralık-Mart ayları arasında (Mater, 1981), Edremit Körfezi'nde Aralık-Nisan ayları arasında (Uçkun, 2005), İskenderun Körfezi'nde Aralık-Nisan ayları arasında (İşmen vd., 2004), İskenderun Körfezi'nde yapılan bir diğer çalışmada Ocak-Mart aylarında (Bastacı, 2005), Marmara Denizi'nde tüm yıl boyunca (Eryılmaz ve Meriç, 2005) ve İzmir Körfezi'nde yapılan bir diğer çalışmada ise Aralık-Mart ayları arasında (Uçkun- İlhan ve Toğulga, 2007) olduğu belirlenmiştir.

C. lucerna Akdeniz, Karadeniz ve Doğu Atlantik'te Norveç'ten Senegal'e kadar dağılım gösteren demersal bir türdür (Serena vd., 1998). 20-300 m arasında değişen derinliklerde sürüler halinde bulunan ve çoğunlukla kum, çamurlu kum veya dipteki çakıl zeminlerde yaşayan ticari açıdan önemli bir türdür (Richards ve Saksena,1990). Yıl boyunca bağlı bulunduğu derinlik aralığında bir göç hareketi gösterir. Bahar ve yaz aylarında belirgin yoğunluklarda sığ sularda bulunan bu tür, daha sonra kış aylarında yavaş yavaş derin sulara doğru hareket eder (İşmen vd., 2004).

1.1.1.2 *Chelidonichthys cuculus* (Linnaeus, 1758)

Vücudun üst kısmı açık kırmızı, karın yüzgeci pembe, anüs yüzgeci süt beyazı, göğüs ve sırt yüzgeçleri sarı renktedir. Birinci sırt yüzgeç ışını ileriye doğru tırtıklı, ikinci ışın ise uzamamıştır. Gövde ve karnın ön kısmı pulsuzdur. Maksimum boyları 50 cm'dir. Paralel çizgiler, yan sıra boyunca orta bölgede bulunur. Yanal çizgide 66'dan fazla pul vardır. Sırt yüzgeçlerinin içine gömüldüğü kanal boyunca 27'den fazla diken plak bulunur. Yan çizgi pulları plaka benzeri dikey olarak genişlemiştir. Göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının gerisindedir.

C. cuculus Dünya'da Akdeniz, Karadeniz ve Doğu Atlantik'te Moritanya'dan Norveç'e kadar ve hatta Britanya Adaları da dâhil olmak üzere dağılım gösterir. Ülkemizde ise tüm denizlerimizde yayılmış durumdadır (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.1.3 *Chelidonichthys obscurus* (Walbaum, 1792)

C. obscurus sırt kısımları kırmızı, karın kısmı şeffaf, yan tarafları parlak pembe, göğüs yüzgeçleri koyu mavidir. Diğer yüzgeçler ise gül kırmızısı rengindedir. Gövde ve karnın ön kısmı pulsuzdur. Maksimum boyları 34 cm'dir. Birinci sırt yüzgeci ışın sayısı 10-11, ikinci sırt yüzgeci ışın sayısı 17-19, anüs yüzgeci ışın sayısı 17-18, solungaç diken sayısı 7-11, omur sayısı 36-37'dir. Yan çizgi pulları dikensiz plaka benzeridir ve dikey olarak genişlememiştir. Birinci sırt yüzgecinin ikinci diken ışını uzamıştır. Nesli tehdit altında olan kırlangıç türüdür. Dünyada Britanya Adaları'nın güney sahillerinden Moritanya, Azor Adaları ve Madeira Adası'na kadar dağılım gösterir. Türkiye de ise Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.1.4 *Lepidotrigla dieuzeidei* (Blanc & Hureau, 1973)

L. dieuzeidei gözlerinin ön kısmında dikensi çıkıntı olmayan kırilangıç türüdür. Oksipital (artkafa) oluk gözlerin arkasında bulunur, dikensiz ve belirgin değildir. Solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken kısadır. Serbest göğüs yüzgeci ışınlarının en uzununu anüse kadar yetişir. Göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt yüzgeci ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. Vomerde diş bulunur. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 8-9, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 14-16, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı: 14-16, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 10, Solungaç Diken Sayısı: 8, Omur Sayısı: 30-32 dir. Baş geniş, kemikli birçok diken ve çıkıntılardan oluşmuştur. Sırt kısmı kırmızı, karın tarafı soluk renkte, göğüs yüzgecinin en uç kısmı siyahımsı ve gövde pulsuzdur. Maksimum boyları 20 cm'dir. Dünyada Batı Akdeniz'de Portekiz ve İspanya sahillerinde, Doğu Akdeniz'de Yunanistan ve İsrail sahillerinde bulunur. Türkiye de ise Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.1.5 *Lepidotrigla cavillone* (Lacepède, 1801)

L. cavillone'nin gözlerinin önünde iki adet dikensi çıkıntı bulunur. Oksipital (artkafa) oluk son derece belirgin ve dikenlidir. Solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken uzundur. *L. cavillone*'de serbest göğüs ışınların en uzununu anüse yetişmez. Göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt yüzgecinin başlangıç hizasında ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. Vomerde diş bulunmaz. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 8-10, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 14-16, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı:14-16, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 11, Solungaç Diken Sayısı:4-9, Omur Sayısı: 30-32 'dir. Maksimum boyları 20 cm'dir. Baş geniş ve sert kemik plakalarla örtülüdür. Renk pembe veya koyu renklidir. Göğüs yüzgeçleri koyu mavi, kaidesi gül kırmızıdır. Gövde pulsuzdur, vücut pulları sıkıca bağlanmıştır. Dünyada Portekiz'in güney sahillerinden Moritanya'ya kadar Akdeniz'de dahil olmak üzere dağılım gösterir. Türkiye de ise Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.1.6 *Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788)

T. lastoviza'nın vücudu kırmızı olup, baş ve sırtta koyu benekler bulunur, karın yüzgeci yüzeyi krem rengi, göğüs yüzgecinin üzeri mavi benekli olup gri renklidir. Baş büyük ve üçgen şeklinde olup, çok sayıda irili ufaklı diken ve kemik plaklarından oluşmaktadır ancak derin bir oksipital (artkafa) oluk yoktur. Gövde pulsuzdan pulluya değişkenlik gösterir, karın kısmı tamamen pulludur. Maksimum boyları 40 cm'dir. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 9-11, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 15, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı: 14-17, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 9-11, Solungaç Diken Sayısı:4-8, Omur Sayısı: 33-35'dir. Yan çizgi pulları genişlemiştir. Omurgada küçük diken plaklar bulunur. Solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken kısadır. Yanal çizgi boyunca deride uzun, enlemesine kabartı şeklinde şeritler

bulunur. Göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. Dünyada Doğu Atlantik'te Norveç'ten itibaren Ümit Burnu'na kadar, Hint Okyanusu'nda da Mozambik'e kadar sürekli olarak dağılım gösterir. Türkiye de ise Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.1.7 *Trigla lyra* (Linnaeus, 1758)

T. lyra'da baş geniştir ve baş kısmında dikensi çıkıntılar bulunur. Üst kısımları kırmızı, yan kısımları şeffaf renklidir. Sırt, anüs ve göğüs yüzgeçlerinde küçük mavi benekli koyu bir zar bulunur. Gövde pulsuz, karın kısmı kısmen pulludur. Maksimum boyları 60 cm'dir. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 9-10, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 15-16, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı:15-16, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 12, Solungaç Diken Sayısı: 7-11, Omur Sayısı: 31-32'dir Solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken oldukça uzun, sert ve göğüs yüzgecinin neredeyse ortalarına kadar uzanır. Yan çizgi pulları çok küçük ve boru şeklindedir. Birinci sırt yüzgecinin ilk ışın uzunluğu, ikinci ve üçüncü ışınlardan kısadır. Göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. Dünyada Kuzey Denizi ve Britanya Adaları'nın kuzeyinden Namibya'ya kadar, Madeira Adası ve Akdeniz'de dâhil olmak üzere dağılım gösterir. Türkiye de ise Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.1.8 *Eutrigla gurnardus* (Linnaeus, 1758)

E. gurnardus'un başı geniş olmasının yanında derin bir oksipital (artkafa) oluk yoktur. Renkleri değişken olmakla birlikte genellikle grimsi-kahverengi, vücudun arka bölümlerinde kırmızı renklenmeler görülür. Gövde ve sırt kısmı küçük beyaz beneklerle kaplıdır. Ayrıca gövde pulsuz, karın kısmı kısmen pulludur. Maksimum boyları 60 cm'dir. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 7-10, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 18-20, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı: 17-20, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 10, Solungaç Diken Sayısı:10-14, Omur Sayısı: 37-39'dur. Göğüs yüzgeçleri kısa ve nadiren anüs yüzgeci başlangıcına kadar uzanabilir. Yanal çizgi pulları vücut pullarından daha geniş ve sert dikenlidir. Birinci sırt yüzgecinde geniş yuvarlak siyah bir benek bulunur. Dünya da Norveç'ten Fas, Madeira Adası ve İzlanda'ya kadar dağılım gösterir. Aynı zamanda Akdeniz ve Karadeniz'de de bulunmaktadır. Türkiye de ise tüm denizlerimizde dağılım göstermektedir (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.2 Dactylopteridae Familyasına Ait Türler

1.1.2.1 *Dactylopterus volitans* (Linnaeus, 1758)

D. volitans'ın başı geniş, küt ve kemikli, gözler oldukça büyük, ağız ise basıktır. Vücut turuncu-kahverengi veya siyahımsı, üst kısım benekli, sık sık mavi lekeli, alt kısım pembemsidir. Göğüs yüzgeci kahverengi olup üzerinde mavi-siyah benek vardır. Maksimum

boyları 50 cm'dir. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 7, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 1+8, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı: 6, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 6, Solungaç Diken Sayısı: 10, Omur Sayısı: 19-22'dir. Birinci sırt yüzgecinde ikisi serbest, dördü zarla bağlı olmak üzere altı tane sert ışın bulunur. Göğüs yüzgeci çok büyüktür ve açıldığında kanat şeklini alır. Vücut sert bir deriyle kaplı olup, neredeyse plaka gibi pulları vardır. Kuyruk sapının her iki tarafında çıkıntılar mevcuttur. Dünyada Doğu Atlantik'te Manş Denizi'nden Angola'ya kadar Akdeniz, Madeira Adası ve Azor Adaları da dâhil olmak üzere; Batı Atlantik'te Kanada'dan Massachusetts'e kadar ve Meksika Körfezi'nden Arjantin'e kadar dağılım göstermektedir. Türkiye'de ise Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.1.3 Peristedidae Familyasına Ait Türler

1.1.3.1 *Peristedion cataphractum* (Linnaeus, 1758)

P. cataphractum'da baş geniş, kemikli birçok diken ve çıkıntılar vardır, burun geniş ve sırt-karın yönünde basık, çenede veya damakta diş yoktur. Maksimum boyları 40 cm'dir. Birinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 7-8, İkinci Sırt Yüzgeci Işın Sayısı: 18-19, Anüs Yüzgeci Işın Sayısı: 27-30, Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı: 10, Solungaç Diken Sayısı: 15-17, Omur Sayısı: 29-32'dir. Birbirine yapışık halde iki adet sırt yüzgeci vardır. Göğüs yüzgecinin en altındaki 2 ışın diğer ışınlardan ayrılmıştır. Vücut ince uzun, gövdenin yanlarında 4 sıra halinde köşeli pullar vardır. İki adet burun ucu uzantısı ve bunların yanında sakal uzantıları bulunur. Dünyada Doğu Atlantik'te Britanya Adaları ve Manş Denizi'nden Angola'ya kadar Akdeniz'de dâhil olmak üzere dağılım gösterir. Türkiye'de Marmara, Ege ve Akdeniz'de bulunur (Richards ve Saksena, 1990).

1.2 Tür ve Stok Tespitinde Kullanılan Teknikler

1.2.1 Fenotipik Teknikler

Fenotipik tekniklerin kullanımı, türlerin veya bir türe ait populasyonun tespitinde fenotipik varyasyonun direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlıdır (Kumpf, 1987). Populasyonlar arasında gözlenen fenotipik varyasyon kalıtsal veya genetiksel olmayabilir, buna rağmen, farklı çevre şartlarının etkisinden meydana gelen ve genetiğe bağlı olmayan fenotipik farklılıklar olabilmektedir. Ayrıca, fenotipik teknikler genellikle ölçülebilen ve sayılan karakterleri içerir. Buna karşılık bir stoğu genetiksel olarak karakterize ederken her bir gen için allelleri, allellerin kombinasyonunu ve frekanslarını kullanırız (Rayman ve Utter, 1987). Bundan dolayı, genetik tekniklerin stok tespiti ve yapı analizinde kullanımı önemli ölçüde yaygınlaşmış ve artmıştır. Hâlbuki fenotipik teknikler stok yapı analizinde genetik tekniklerle birlikte kullanıldığında, elde edilen veriler balıkçılık idaresinde stokların

korunması ve sürekliliğinin sağlanmasında önemli rol oynamaktadır (Ovenden, 1990). Stoklar ve türler arasındaki farklılıkların tespitinde morfolojik ve genetik teknikler kullanılarak yapılmış literatürde birçok çalışmaya rastlanılmaktadır. (Avşar, 1994; Corti vd., 1988; Villaluz ve Maccrimmon, 1988; Shepherd, 1991; Haddon ve Willis, 1995; Bembo vd., 1996; Turan vd., 1997).

Geçmiş yıllarda yapılan morfometrik çalışmalar, Hubbs ve Lagler (1947), tarafından belirlenen geleneksel ölçümlere dayandırılmaktadır. Ancak bu ölçümler son zamanlarda eleştirilmektedir. Çünkü ölçümler sadece yükseklik ve genişlikten örnekleme ile vücudun eksenini boyunca toplanmakta ve ölçümlerin çoğu baş kısmında bulunmaktadır. Ayrıca, bireysel ölçümler, çoğu kez vücudu normalden daha fazla uzatmakta ve burun ile omurganın arka ucu gibi bazı morfolojik işaretler (noktalar), ölçümlerin çoğunda merkezi nokta olarak tekrar tekrar kullanılmaktadır. Fakat ölçümlerin bu durumu hatalı sonuçlara neden olabilmektedir. Alternatif olarak tüm vücudu kapsayan morfometrik ölçüm sistemi (Strauss ve Bookstein, 1982) tür ve stok tanımlamaları için gittikçe yaygınlaşarak kullanılmaktadır (Winans, 1984; Corti vd., 1988; Swain vd., 1991; Roby vd., 1991; Baumgartner, 1995; Hauser vd., 1995, Bembo vd, 1996; Turan, 1999; Turan ve Başusta, 2001). Bu yöntem bir ağı sistemi içerisinde balığın tamamını içine almakta ve teorik olarak tür içi ya da türler arası morfometrik farklılıkları bulma olasılığını arttırmaktadır. Bir balığın iki boyutlu çerçevesi üzerindeki morfometrik ölçümlerin bölgesel tek tarafa bağlı olmayan, lokal vücut farklılıkları hakkında geleneksel ölçüm serilerinden daha fazla bilgi vermektedir (Strauss ve Bookstein, 1982; Winans, 1984). Metodunun, yakın balık sınıfları arasındaki morfolojik varyasyonların tanımlanmasında geleneksel ölçümlerden çok daha güçlü olduğu kanıtlanmıştır (Strauss ve Bookstein, 1982; Winans, 1984; Corti vd., 1988).

Balıkların morfolojik özelliklerinden biri olan meristik karakterler de farklı türlerin tanımlanması ve stoklar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Ihssen vd., 1981; Casselman vd., 1981; Bookstein, 1982; Bird vd., 1986; Friedland ve Reddin 1994; Turan, 2000). Meristik karakterler; yüzgeç ışın sayıları, yanallattaki delikli pul sayısı, omur sayısı, diş sayısı, solungaç diken sayısı gibi sayılabilen karakterlerdir.

1.2.2 Moleküler Genetik Teknikler

Genetik tekniklerin kullanımından önce, morfolojik farklılığın tamamıyla genetik farklılaşmadan kaynaklandığı farz edilmekte ve stokların tespiti, genellikle morfolojik özellikler kullanılarak yapılmaktaydı (Marr, 1957). Ancak, fenotipik tekniklerin kullanımı, bir türe ait populasyon tespitinde fenotipik varyasyonun direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlandırılmıştır (Allendorf vd., 1987). Çünkü genetik tekniklerin balıkçılıkta kullanımı ile daha önce fenotipik

olarak farklı olan birçok populasyon veya türün genetik olarak farklı olmadığı ortaya çıkmıştır. Bu nedenle tür ve populasyon çalışmalarında moleküler genetik tekniklere başvurmak ihtiyacı doğmuştur. Bu ihtiyaca karşılık vermek için birçok genetik teknik geliştirilmiştir. Populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan, Protein elektroforezi, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) (Polymerase Chain Reaction), Sınırlama Parçalarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) (Restriction Fragment Length Polymorphism), DNA Parmak izi Metodu (Genetic Fingerprinting), Mikrosatelit, Polimorfik DNA'nın Rastgele Çoğaltılması (RAPD) (Random Amplification of Polymorphic DNA) ve DNA Dizileme Metodu (DNA sequencing) gibi teknikler, günümüzde yaygın olarak tercih edilen tekniklerdir. Fenotipik teknikler, stok yapı analizinde genetik tekniklerle birlikte kullanıldığında, elde edilen veriler balıkçılık idaresinde türlerin stokların korunması ve sürekliliğin sağlanmasında önemli rol oynamaktadır (Turan vd., 1997).

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), in vitro koşullarında DNA dizilerinin çoğaltılması esasına dayanmaktadır. PCR; basit, spesifik ve hassas bir tekniktir (Saiki vd, 1985; Mullis, 1990). PCR tekniği, temelde üç aşamadan oluşmaktadır. İlk aşamada (denaturation), kalıp DNA (template DNA), 92-95 °C'de 1-2 dakika tutularak çift sarmal yapıdaki DNA iplikçikleri birbirlerinden ayrılmaktadır. İkinci aşamada (annealing), reaksiyon sıcaklığının, 37-65°C'ye düşürülerek oligonükleotid primerlerinin açılan DNA zincirlerinin kendi baz dizilerine karşılık gelen bölgeye yapışır. Bu işlem, üretilecek baz uzunluğuna bağlı olarak 30-60 saniyede gerçekleşmektedir (Innis ve Gelfand 1990). Üçüncü aşama (primer extension) ise, DNA zincirleri üzerine yapışan primerlerin DNA polimeraz enzimi (*Taq* DNA polymerase) vasıtasıyla uzatılır. *Taq* DNA polymerase 72 °C sıcaklıkta daha iyi çalıştığı için genel olarak tüm çoğaltma işlemleri bu sıcaklıkta yapılmaktadır (Erlich vd., 1991). PCR sonucunda elde edilen ürün, çoğaltılması hedeflenen DNA parçası ile iki primerin toplam uzunluğu kadardır. Üç basamaktan (denaturation, annealing, primer extension) oluşan işlem, bir PCR devrini temsil eder. Bu işlem, genel olarak 25 ile 40 defa tekrar edilerek başlangıçtaki DNA dizisinden milyonlarca yeni DNA parçacığı çoğaltılır (Hadidi vd., 1995).

Türler ve populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların tespit edilmesinde kullanılan etkin yöntemlerin başında DNA dizi analizi yöntemi gelmektedir. Zincirleme metodu, DNA düzeyinde değişim tespit etmede kullanılan en hassas tekniktir. DNA üzerinde ilgi duyulan bir bölgenin veya genin zincirleme metodu ile nükleotid dizilerin ortaya çıkarılması, bu bölgede mevcut olan polimorfizmi, azami düzeyde tespit etme imkânı sağlamaktadır (Turan, 2000).

Genom sekansının belirlenmesinde en yaygın kullanılan yöntem Sanger-Coulson zincir sonlama metodudur. Bu yöntem ile tek seferde dizi analizi yapılamayacak kadar büyük olan DNA'lar önce küçük parçalara bölünür. Elde edilen her bir parça bir plazmite klonlanır. Klonlanan plazmitler tek tek dizilenir. Bu dizilerin biyoinformatik analizlerle bir araya

getirilmesiyle uzun DNA parçasının dizisi elde edilir. Bu diziler kapiller jel elektroforezi kullanılarak okunur. Dizi analiz yönteminin hassasiyeti ve verdiği güvenilir sonuçlar bu yöntemin kullanımını oldukça yaygınlaştırmıştır. Artan analiz sayısı, uzun zaman ve yüksek iş gücü gerektirir. Bu gelişmeler sonucunda otomasyon kaçınılmaz olmuş ve otomatik DNA dizi analizleri uygulamaları yaygınlaşmıştır. Otomatik analizde de Sanger'in enzimatik DNA sentezine dayanan zincir sonlanma yöntemi kullanılmıştır. Otomatik DNA dizi analiz cihazları basit olarak, sabit bilgisayarda yüklü programlar ile bu programların yönettiği elektroforez sistemini içerir. Elektroforetik ünitelerde bulunan lazer ışık kaynağı ile monokromatik bir ışık oluşturulur. Söz konusu DNA'nın bulunduğu jelmatriks bu monokromatik ışık ile taranır. Elektroforez süresince DNA'ya bağlanan floresan boya ışık ile taranan bölgeye geldiğinde uyarılır. Uyarılan boya kendi için karakteristik olan dalga boyunda ışığı geri yansıtır. Yansıyan bu ışık demeti bir detektör tarafından kaydedilir. Kaydedilen veriler bilgisayar programları ile değerlendirilerek sonuçlar grafiksel ya da matematiksel olarak bilgisayar ekranına aktarılır. DNA dizin analizi cihazlarında 6 bazdan 1000 baza kadar güvenli okuma yapılabilmektedir (Sambrook vd., 1989).

Nükleer genom, kemikli balıklarda doğrusal şekilde olup yaklaşık 3-4 milyon bp uzunluğundadır. Nükleer DNA, tekrarlı ve tekrarsız bölümlerden oluşmaktadır. Ökaryotik genomlarda tekrarlı DNA zincirinin varlığı 1960'lı yıllarda tespit edilmiş ve DNA Fingerprinting olarak tanıtılmıştır (Park vd., 1983). nDNA üzerinde bulunan bu dizilerin varlığı balık popülasyonlarının genetik yapılarının incelenmesinde oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu dizilerin buldukları losilerin genelde kodlama yapmaması ve dolayısıyla bu losilerde görülen varyasyonun doğal seçimden etkilenmemesi bunun en büyük sebeplerinden birisidir. Tüm bu özelliklerinden dolayı nükleer DNA tabanlı yürütülen moleküler çalışmalar, popülasyon genetiği çalışmalarında oldukça önemlidir (Turan, 2000).

Evrin çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA'dır (Wilson vd.,1985). Ökaryotların çoğunda mtDNA çift iplikli, kapalı halkasal yapıda bulunur. Mitokondri DNA'sının %90'ından fazlası kodlama yapan bölgedir yani intron içermez. Büyüklükleri organizmalar arasında farklılık göstermekle beraber hayvan mtDNA'sı 15-29 kb uzunluğunda olup, 22 tRNA, 2 rRNA ve oksidatif fosforilasyonda görev yapan ve 13 mRNA'yı kodlayan protein olmak üzere toplam 37 genden oluşan bir moleküldür (Wallace, 1986). Protein genleri; sitokrom b, 7 NADH dehidrogenaz alt birimi, 3 sitokrom c oksidaz alt birimi ve 2 ATPaz alt biriminden ibarettir. Mitokondriyal DNA haploidtir yani maternal kalıtılır ve doğal seçilime uğrar. Hayvan mtDNA'sı yüksek derecede korunmuş gen içeriği ve düzenine sahiptir (Boore, 1999), rekombinasyon göstermez ve intron içermez (Moore, 1995; Sunnuck, 2000). Mitokondriyal DNA'nın etkili bir tamir mekanizmasından yoksun olması (Bogenhagen, 1999), histon gibi koruyucu proteinlerin görülmemesi, iç mitokondriyal membranda meydana gelen oksidatif fosforilasyon ile açığa çıkan ve oldukça



yüksek mutajenik etkiye sahip oksijen radikalleriyle fiziksel ilişki içerisinde bulunması (Richter, 1988), ayrıca mevcut mutant mitokondrinin etkisi ile mtDNA mutasyon hızının artması (Lightowers vd., 1997) gibi faktörler, mtDNA'da meydana gelen polimorfizmin nükleer DNA'dan daha yüksek oranda görülmesinin muhtemel sebeplerini oluşturmaktadır. mtDNA'nın evrim hızı nükleer DNA'ya göre 10-20 kat daha fazladır. Bunun nedeni, oksijen radikallerine daha fazla maruz kalması ve koruyucu mekanizmalarının olmamasıdır. Bu yüzden mtDNA mutasyonlara daha açıktır.

2. LİTERATÜR ÖZETİ

Wheeler (1969), İngiltere'nin kıyısız kesimlerinde yayılış gösteren kırlangıç balığını kullanarak yaptığı araştırmasında, bu türün morfolojisi ve biyolojisi hakkında bazı bilgiler vermiştir. Bu familyanın tüm türlerinde başın üzerinde sert ve keskin dikenlerin bulunduğu ve söz konusu dikenleri avlarını avlamada silah olarak kullandıkları; İngiltere sularında maksimum boylarının 61 cm ve maksimum ağırlıklarının 2-2.5 kg arasında değiştiğini belirtmiştir. Ayrıca bu türün yaz aylarında yumurtladığını; yumurtaların küçük ve pelajik olduğunu; genç kırlangıç yavrularının fingerling safhasına kadar geçen kısa bir zaman dilimi için pelajik ve daha sonraları taban suyuna inerek demersal kesimde dağılışı gösterdiklerini bildirmiştir.

Whitehead vd. (1986), kırlangıç balıkları üzerinde genel bir araştırma yapmıştır. Bu çalışmada bireylerin başının vücuda oranla geniş ve karın yüzgeci dış kenarının düz olduğunu; vücut üzerinde pek çok çizgi ve diken ile kemik plakaları içerdiğini; bazı türlerde burnun ileriye doğru uzadığını; ağzın terminal ve dişlerin villiform şeklinde bulunduğunu; iki adet sırt yüzgeci olduğunu, birinci sırt yüzgecinin 8-11 adet sert ışın ve ikinci sırt yüzgecinin ise 13-19 adet yumuşak ışın içerdiğini belirtmiştir. Kırlangıç balıklarının maksimum 500 m derinliklerde yaşadıkları, kumlu ve çamurlu zeminlerde buldukları, göğüs yüzgeçleri yardımıyla besin aradıkları, besinlerini kabuklu ve yumuşakçaların oluşturduğunu ve juvenillerin kısa bir pelajik safhadan sonra sığ kıyısız suların dip kısımlarına göç ettiklerini ortaya koymuştur.

Gilles vd. (2000), çalışmalarında Fransa, Tunus ve Cezayir'den temin edilen toplam 29 *Epinephelus marginatus* örneğinin sekans analizini yapmışlardır. Sekans analizi için sitokrom b (Cyt b) geni kullanılmıştır. Analiz sonuçlarına göre; Fransa, Tunus ve Cezayir popülasyonları arasında önemli derecede genetik farklılık bulunmuştur.

Obermiller vd. (2003), Elopomorpha üst sınıfına ait 33 türü 12S ve 16S rRNA gen bölgeleri ile yaptıkları sınıflandırmada ikili karşılaştırmalarda ortalama genetik mesafe değerini 0.1410, nükleotid çeşitliliğini ise sırasıyla 29.8% (A), 23.0% (G), 25.7% (C), ve 21.5% (T) olarak bulmuşlardır. En yakın iki türün uzaklık değeri (0.017), *Elops hawaiiensis* ile *Elops affinis* iken en uzak ikinci mesafe değerinin (0.083) *Megalops atlanticus* ile *Elops saurus*, *Elops hawaiiensis* ve *Elops* sp arasında olduğunu belirtmişlerdir.

Orrell vd. (2004), Sparidae familyası türlerini 16 S rRNA ve Cyt b genleri ile birleştirerek 1761 baz çifti elde etmişlerdir. Elde ettikleri baz çiftinin 753 bç'lik kısmının evrimsel süreçten etkilenmemiş, 757 bç'lik kısmının süreçten etkilenmiş, 251 bç'lik kısmının ise türler arasında belirteç görevi görmüş olduğunu saptamışlardır.

Aboim vd. (2005), Kuzey Atlantik'te 5 farklı bölgeden (Azor Adaları, Madeira, Portekiz, Yeşil Burun Adaları ve Kuzeybatı Atlantik) toplanan *Helicolenus dactylopterus*

populasyonlarının genetik yapı analizini mtDNA sekans analizi metoduyla gerçekleştirmişlerdir. Cyt b geni kullanarak yaptıkları genetik analizler sonucunda populasyonlar arasında önemli derecede bir genetik farklılık bulamamışlardır.

Su vd. (2005), çalışmalarında bir istiridye türü olan *Crassostrea rivularis* populasyonlarının DNA sekans analizi yöntemini kullanarak genetik analizini yapmışlardır. Çalışmada Qinzhou Körfezi, Zhenhai Körfezi, Changsha Körfezi ve İnci Nehri Halici bölgelerinden toplamda 105 birey incelemişlerdir. Sekans analizinde kullandıkları mtDNA 16S rRNA geni sonucunda Qinzhou Körfezi populasyonu ile diğer populasyonlar arasında önemli derecede genetik farklılık bulmuşlardır.

You vd. (2005), Çin Denizi'nde Pleuronectiromes ordosuna bağlı 10 yassı balık türünü (*Psetta maxima*, *Platichthys flesus*, *Solea solea*, *Solea senegalensis*, *Microchirus variegatus*, *Monochirus hispidus*, *Synaptura kleini*, *Paralichthys olivaceus*, *Pseudorhombus cinnamomeus* ve *Kareius bicoloratus*) 16S rRNA gen bölgesi ile inceledikleri çalışmalarında türler arasındaki genetik uzaklık değerlerini 0.0141 ile 0.2639 olarak belirlemişlerdir.

Maggio vd. (2006), *Epinephelus marginatus* türünün Atlantik ve Akdeniz'deki 5 farklı bölgeden elde edilen populasyonlar arasındaki genetik ilişkiyi DNA sekans analizi ve RFLP metotlarıyla araştırmışlardır. Sekans analizinde mtDNA sitokrom b (cyt b) geni kullanılırken RFLP analizinde ND2 geni kullanılmıştır. RFLP tekniğine dayalı analiz sonucunda Atlantik ve Akdeniz populasyonları arasında önemli derecede farklılık bulunurken sekans analizi sonucunda önemli bir farklılık bulunmamıştır. Akdeniz'deki 5 bölgenin populasyonları arasında ise her iki teknikte de önemli farklılıklar bulduklarını belirtmişlerdir.

Inoue vd. (2007), Japonya'da 3 farklı örnekleme bölgesinden elde edilen ıstakoz türü olan *Panulirus japonicus* populasyonlarının, sekans analizi metoduyla genetik yapılarını incelemişlerdir. Sekans analizinde mtDNA COI geni kullanmışlar ve çalışmanın sonucunda bu 3 populasyon arasında genetik farklılığa rastlamadıklarını ifade etmişlerdir.

Turan vd. (2009), Scorpaeniformes familyasına ait Akdeniz'de bulunan iki cins ve altı türün filogenetik ve morfolojik ilişkilerini değerlendirmelerinde morfolojik değerlendirmeler ile genetik değerlendirmelerin örtüşmediğini bildirmişlerdir.

Ergüden vd. (2010), Sekiz kefal türünün taksonomik ilişkisini mitokondrial 16 S rRNA geni ile incelemişler ve çalışmada 121 parsimoni anlamlı bölge tespit etmişlerdir. Genetik mesafe değerini, *Oedalachelis labeo* ile *Mugil cephalus* arasında 0.1357 ile en uzak değer belirlerken, *Liza saliens* ile *Liza ramada* arasında ise 0.0013 ile en yakın değer olarak bulmuşlardır.

Turan (2011), 16 S rRNA geni ile *Spicara maena*, *S. smaris*, *S. flexuosa* ve *Centracanhus cirrus* türlerinin filogenetik incelemesinde 898 bp lik bölge elde etmiş, değişken bölge sayısını 92, parsimoni anlamlı bölge sayısını 69 ve nükleotid çeşitliliğini ise 0.099 olarak tespit etmiştir. *S. alta* and *C. cirrus* arasında oldukça yüksek (0.237) genetik

farklılık tespit ederken, *Spicara maena* ve *S. smaris* türleri arasında bir farklılık bulamamış ve bu iki türün *S. flexuosa* ile olan genetik farklılık değerini 0.005 olarak belirtmiştir.

Gürlek (2012), *Caranx* cinsi türlerin filogenetik ve morfolojik ilişkilerini araştırdığı çalışmasında genetik uzaklık matrisine göre *C. hippos* ve *C. rhoncus* türlerini birbirine yakın iki tür olarak gözlemiş, *C. crysos* türünün bu iki türe daha uzak mesafede olduğunu belirtmiştir. Morfolojik farklılaşma derecesinin genetik farklılaşma ile uyumlu olmadığını ve fenotipik değişimlerin her zaman genetiğe yansımadağını belirtmiştir.

Bineesh vd. (2015), Serranidae familyası üyesi *Chelidoperca* cinsi türlerini 16S rRNA gen bölgesi incelediklerinde transition/transversion 20.64 olarak bulmuşlardır. Korunmuş bölge sayısı 511, değişken bölge sayısı 443, parsimoni anlamlı bölge sayısını 56 olarak tespit etmişlerdir. Türler arasındaki en yüksek genetik farklılığı *C. maculicauda* ve *C. santosi* (0.194) türleri arasında, en yakın ise *C. investigatoris* ve *C. pleurospilus* (0.071) türleri arasında bulmuşlardır.

Jefri vd. (2015), Serranidae familyası üyesi 7 tür (*Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispinis*, *E. coioides*, *E. ongus* ve *E. coeruleopunctatus*) arasındaki genetik ilişkinin şeklini COI geni ile incelemişler ve toplam 526 baz çifti elde etmişlerdir. *E. ongus* ile *E. coeruleopunctatus* türünün birbirlerine en yakın tür olduğunu (0.091 (9%)), *E. ongus* ve *E. merra* türlerinin ise en uzak türler olduğunu (0.178 (18%)) belirtmişlerdir.

3. GEREÇ VE YÖNTEM

3.1 Gereç

Araştırma İskenderun Teknik Üniversitesi, Deniz Bilimleri ve Teknolojisi Fakültesi Balıkçılık Genetiği ve Ekoloji Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

3.1.1 Çalışma Bölgeleri

Çalışmada belirtilen şekilde kırlangıç türlerinin örneklemeleri Akdeniz, Ege, Marmara ve Karadeniz'i kapsayacak şekilde Akdeniz'den; Antalya, Mersin, İskenderun Körfezi, Ege Denizi'nden; İzmir, Marmara Denizi'nden; Mudanya ve İstanbul, Karadeniz'den; Akçakoca, Trabzon ve Bulgaristan'ın Varna sahillerinden gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.1 ve Tablo 3.1).



Şekil 3.1. Projede kullanılan kırlangıç türlerine ait örnekleme bölgeleri ●; örnekleme bölgelerini göstermektedir.

Tablo 3.1. Kırlangıç türlerinin örnekleme bölgeleri ve örnek sayıları.

Türler	İskenderun (AD1)	Mersin (AD2)	Antalya (AD3)	İzmir (ED)	Marmara (MD)	Varna (KD1)	Akçakoca (KD2)	Trabzon (KD3)	Toplam
<i>C. lucerna</i>	152	-	66	49	24	-	71	1	363
<i>C. cuculus</i>	-	-	35	168	2	-	-	-	205
<i>C. obscurus</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	0
<i>L. dieuzeidei</i>	50	-	-	-	-	-	-	-	40
<i>L. cavillone</i>	77	-	-	1	-	-	-	-	78
<i>T. lastoviza</i>	77	-	25	29	31	-	-	-	162
<i>T. lyra</i>	-	-	16	20	6	-	-	-	42
<i>E. gurnardus</i>	-	-	-	-	3	7	-	30	40
<i>P. cataphractum</i>	23	20	-	-	-	-	-	-	43
<i>D. volitans</i>	48	-	-	-	-	-	-	-	48

Yapılan tüm saha çalışmalarında ve ikili görüşmelerde Denizlerimizde *Chelidonichthys obscurus* türüne rastlanmamıştır ve bu durum literatürlere geçilmiştir (Turan vd., 2016).

3.1.2 Kırlangıç Türlerinin Sınıflandırması

Ülkemiz sularında Kırlangıç balığı olarak bilinen türler; Scorpaeniformes ordosuna bağlı olarak üç familyaya (Dactylopteridae, Triglidae, Peristediidae) ait toplam on tür temsil edilmektedir. Bu türler; Dactylopteridae familyasına ait *Dactylopterus volitans*, Triglidae familyasına ait; *Chelidonichthys cuculus*, *Chelidonichthys lucerna*, *Chelidonichthys obscurus*, *Eutrigla gurnardus*, *Lepidotrigla cavillone*, *Lepidotrigla dieuzeidei*, *Trigla lyra* ve *Trigloporus lastoviza* ile temsil edilmektedir. *Peristedion cataphractum* ise Peristediidae familyasına ait olarak tek tür ile ülkemiz sularında bulunmaktadır. Çalışmamızda *C. obscurus* türüne denizlerimizde ulaşmak mümkün olmamış ve proje dâhilinde yapılan çalışmayla (Turan vd., 2016), bilim camiasına bu türün neslinin “kritik tehlike” (CR) düzeyinde değerlendirilmesi gerektiği bildirilmiştir.

3.1.2.1 Türkiye Denizlerindeki Triglidae Familyası Türlerinin Sınıflandırması

ÂLEM	: Animalia
ŞUBE	: Chordata
ALT ŞUBE	: Vertebrata
ÜST SINIF	: Osteichthyes
SINIF	: Actinopterygii
ALT SINIF	: Neopterygii
İNFRASINIF	: Teleostei
TAKIM	: Scorpaeniformes
FAMİLYA (1)	: Triglidae
CİNS (1)	: <i>Chelidonichthys</i>
TÜR (1)	: <i>Chelidonichthys lucerna</i> (Linnaeus, 1758)
(2)	: <i>Chelidonichthys cuculus</i> (Linnaeus, 1758)
CİNS (2)	: <i>Lepidotrigla</i>
TÜR (3)	: <i>Lepidotrigla dieuzeidei</i> (Blanc & Hureau, 1973)
(4)	: <i>Lepidotrigla cavillone</i> (Lacepède, 1801)
CİNS (3)	: <i>Trigloporus</i>
TÜR (5)	: <i>Trigloporus lastoviza</i> (Bonnaterre, 1788)
CİNS (4)	: <i>Trigla</i>
TÜR (6)	: <i>Trigla lyra</i> (Linnaeus, 1758)
CİNS (5)	: <i>Eutrigla</i>
TÜR (7)	: <i>Eutrigla gurnardus</i> (Linnaeus, 1758)
FAMİLYA (2)	: Dactylopteridae
CİNS (6)	: <i>Dactylopterus</i>
TÜR (8)	: <i>Dactylopterus volitans</i> (Linnaeus, 1758)
FAMİLYA (3)	: Peristedidae
CİNS (7)	: <i>Peristedion</i>
TÜR (9)	: <i>Peristedion cataphractum</i> (Linnaeus, 1758)

3.2 Yöntem

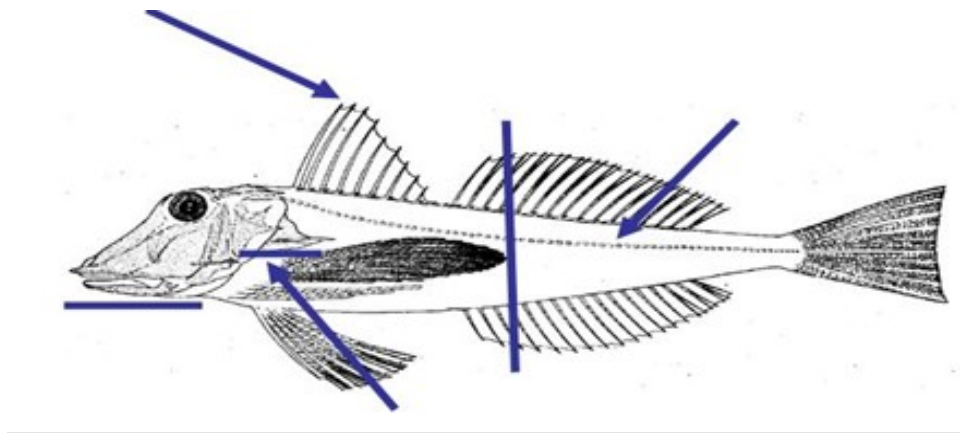
Projede hedeflenen türlerin morfolojik ve genetik yapılarının belirlenmesi ve türlerin taksonomik analizi için genetik, morfometrik ve meristik analizleri yapılmıştır. Çalışmada ayrıca Türkiye denizlerinde varlık gösteren *Chelidonichthys lucerna* (Linnaeus, 1758) türüne ait popülasyonların genetik ve morfolojik yapı analizi yapılmıştır.

3.2.1 Örneklerin Toplanması

Bu çalışmada her bir kırlangıç türüne ait popülasyonlardan buldukları denizlerin avcılığın yoğun olarak yapıldığı limanlarından o bölgeyi temsil eden farklı sayılarda örnekler temin edilebilmiştir. Bu amaçla Akdeniz'den Antalya, Mersin, İskenderun Körfezi, Ege Denizi'nden İzmir, Marmara Denizi'nden Mudanya ve İstanbul, Karadeniz'i Temsilen Akçakoca, Trabzon ve Bulgaristan'ın Varna sahilinden türlere ait örnekler temin edilmiştir. Örnekleme o bölgede avcılık yapan teknelerden limana iner inmez veya balıkçılar ile beraber avlama bölgesine gidilerek gerçekleştirilmiştir. Örnekleme, türleri çalışmada temsil edecek bölgelerden *C. obscurus* türü dışında başarıyla gerçekleştirilmiştir. *C. obscurus* türüne denizlerimizde çalışma süresince ulaşmak mümkün olmamış ve proje dâhilinde yapılan çalışmayla (Turan vd., 2016), bilim camiasına türün neslinin "kritik tehlike" düzeyinde değerlendirilmesi gerektiği bildirilmiştir. Türkiye denizlerinden örnekleme yapılan bölgeler ve örnek sayıları Tablo 3.1 de belirtilmiştir.

3.2.1.1 Kırlangıç Türlerinin Ayırımında Yardımcı Olan Karakteristik Özellikler

C. lucerna; birinci sırt yüzgecinin ilk ışını yaklaşık ikinci ve sonraki ışınla eşittir. Yanal çizgideki pulların ince bir sıra oluşturmakta ve göğüs yüzgecinin uzunluğu anüs yüzgeci başlangıcını geçmektedir. Ayrıca solungaç kapağının üzerindeki dikenin uzunluğu özellikle *Trigla lyra*'dan daha kısadır. Baş uzunluğu diğer kırlangıç türlerinden farklılık göstermektedir. (Şekil 3.2; Şekil 3.3).

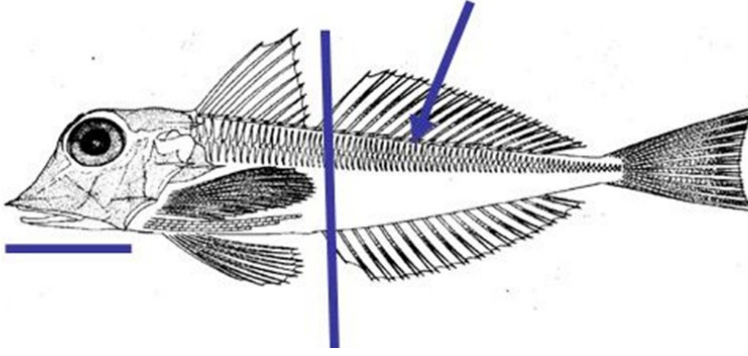


Şekil 3.2. *C. lucerna*'nın ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.3. *C. lucerna*'nın görünümü.

C. cuculus yanıl çizgideki sıra pulların yapıları, göğüs yüzgeci uzunluğunun anüs yüzgeci başlangıcına ulaşmaması ve baş uzunluğunun diğer türlerden farklı olması ile diğer türlerden ayrılmaktadır (Şekil 3.4; Şekil 3.5).

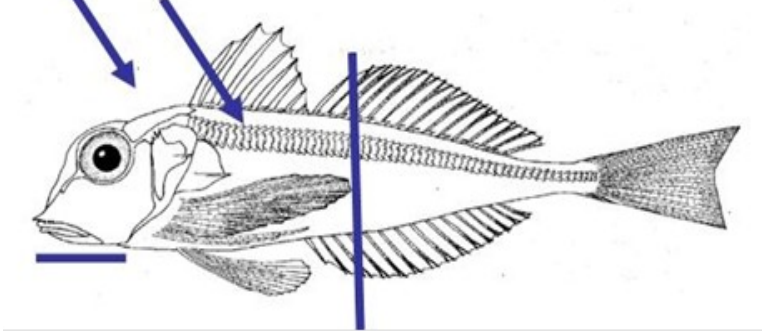


Şekil 3.4 *C. cuculus*'un ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.5. *C. cuculus*'un görünümü.

L. dieuzeidei'nin diğer kırlangıç türlerinden ayırt edici en önemli özellikleri, göğüs yüzgecinin anüs yüzgecinin başlangıç mesafesini geçmesi, yanal çizgideki pul sırasının farklılığı ve baş yapısında görülen farklılıklardır (Şekil 3.6; Şekil 3.7).

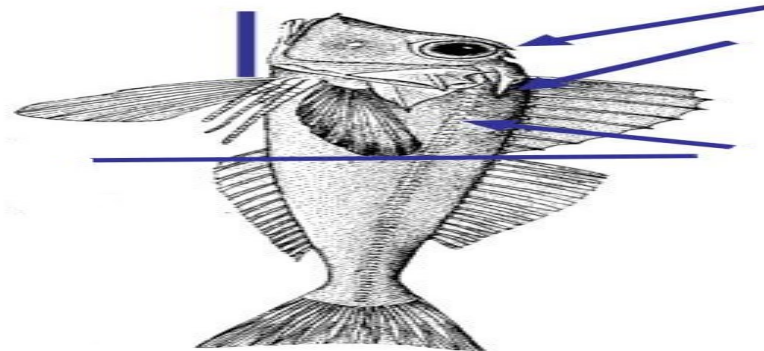


Şekil 3.6. *L. dieuzeidei*'nin ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.7. *L. dieuzeidei*'nin görünümü.

L. cavillone başın üst tarafında bulunan dikensi yapılar, solungaç kapağının üst kısmındaki dikenin uzun olması, yan hattaki pulların dizilim yapısı, göğüs yüzgecinin anüs yüzgeci başlangıcına kadar uzanıyor olması ve baş uzunluğunun kısa olması ile diğer türlerden ayırt edilir (Şekil 3.8; Şekil 3.9).

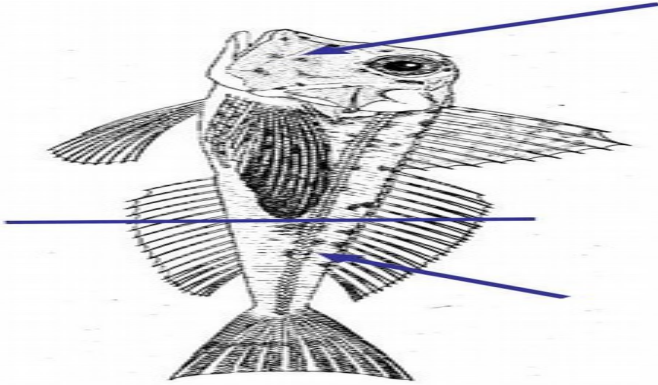


Şekil 3.8. *L. cavillone*'nin diğer ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.9. *L. cavillone*'nin görünümü.

T. lastoviza'nın diğer türlerden ayırt edici en önemli özellikleri, vücudunun tamamında bulunan siyah benekler, yanıl çizgideki pulların yapısal özelliđi ve göđüs yüzgecinin anüs yüzgeci başlangıç mesafesini geçmesidir (Şekil 3.10. Şekil 3.11).

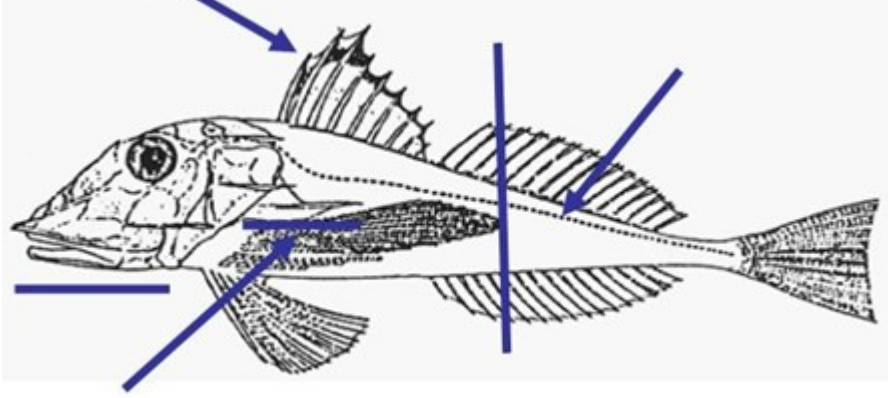


Şekil 3.10. *Trigloporus lastoviza*'nın ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.11. *T. lastoviza*'nın görünümü.

T. lyra birinci sırt yüzgecinin ilk ışınının 2. ve 3. ışıklardan kısa oluşu, solungaç kapağı üzerindeki dikenin diğer tüm kırlangıç türlerine göre uzun oluşu, yanal çizgideki pul sıra yapısının farklılığı, baş uzunluğunun diğer türlerden farklı olması, göğüs yüzgecinin anüs yüzgeci başlangıcını geçiyor olması ile diğer kırlangıç türlerinden ayrılmaktadır (Şekil 3.12 ve Şekil 3.13).

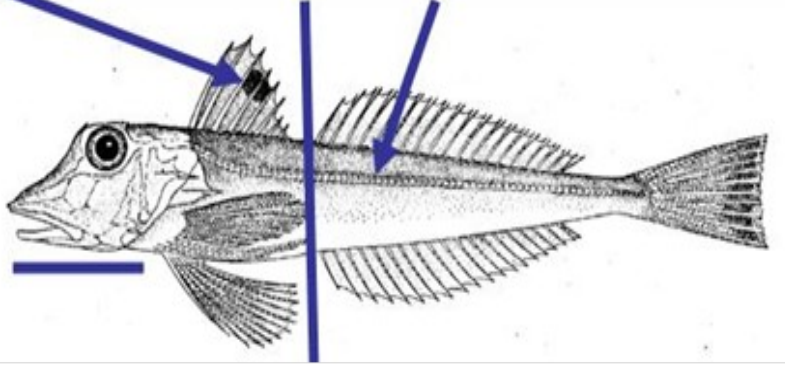


Şekil 3.12. *T. lyra*'nın ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.13. *T. lyra*'nın görünümü.

E. gurnardus birinci sırt yüzgecindeki benek ile diğer kırlangıç türlerinden kolayca ayırt edilmektedir. Bu tür için ayrıca göğüs yüzgecinin anüs yüzgeci başlangıcına kadar uzamaması, yanal çizgideki pul sıra yapısı ve baş uzunluğu gibi ayırt edici özellikler tür ayırımında kullanılmaktadır (Şekil 3.14. Şekil 3.15).

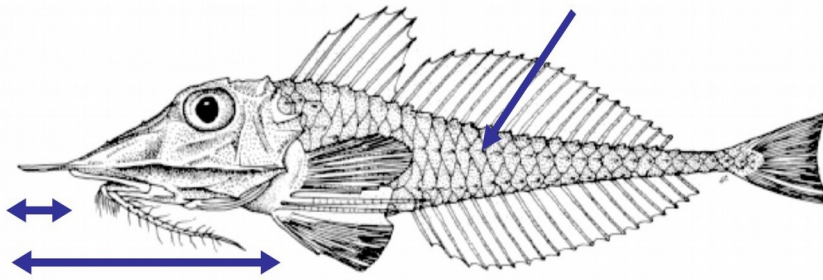


Şekil 3.14. *E. gurnardus*'un ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.15. *E. gurnardus*'un görünümü.

P. cataphractum'u diğer türlerden ayırt edici en önemli özelliği iki adet çatal şeklinde burun ucu uzantılarının oluşudur (Şekil 3.16. Şekil 3.17).

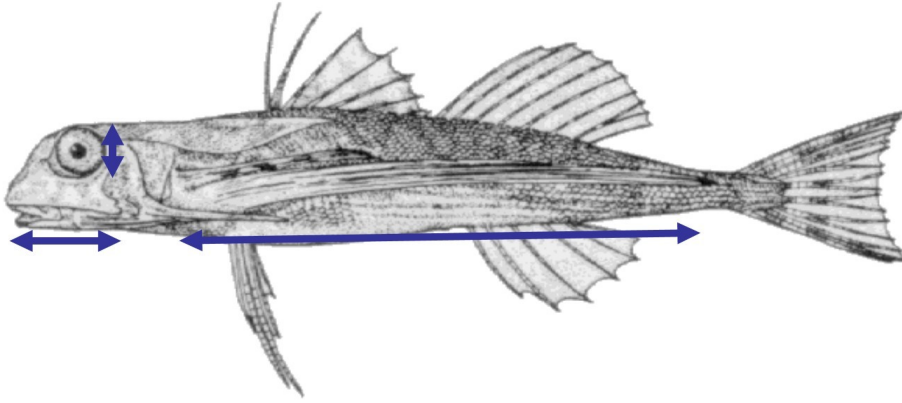


Şekil 3.16. *P. cataphractum*'un ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd., 1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.17. *P. cataphractum*'un görünümü.

D. volitans'ı ayırt edici en önemli ayırt edici özellikler olarak kafa yapısının hafif basık ve küt olması ve göğüs yüzgecinin neredeyse kuyruk yüzgeç başlangıcına kadar uzanmasıdır (Şekil 3.18. Şekil 3.19).



Şekil 3.18. *D. volitans*'ın ayırt edici morfolojik karakterleri (Whitehead vd.,1986'dan modifiye edilmiştir).



Şekil 3.19. *D. volitans*'ın görünümü.

3.2.1.2 Örneklerin Muhafaza Edilmesi ve Laboratuvara Getirilmesi

Alınan örnekler plastik poşetlere ayrı ayrı yerleştirilerek önce teknede dondurucuya veya buza konulmuş, kıyıya inildikten sonra hemen buz kaplarında önceden ayarlanan derin dondurucularda muhafaza edilmiştir. Laboratuvara getirilen örneklerden genetik analiz için öncelikle doku örnekleri alınmış ve %95'lik etil alkolde eppendorf tüpler içerisinde muhafaza edilmiştir. Doku örnekleri alınan örnekler morfometrik ve meristik yönden incelenmiştir. Türlerin tanısı ve sistematik ayrımı Akşiray (1987), Cerro (1997) ve Turan vd. (2007)'e göre yapılmıştır.

3.2.2 Genetik İnceleme

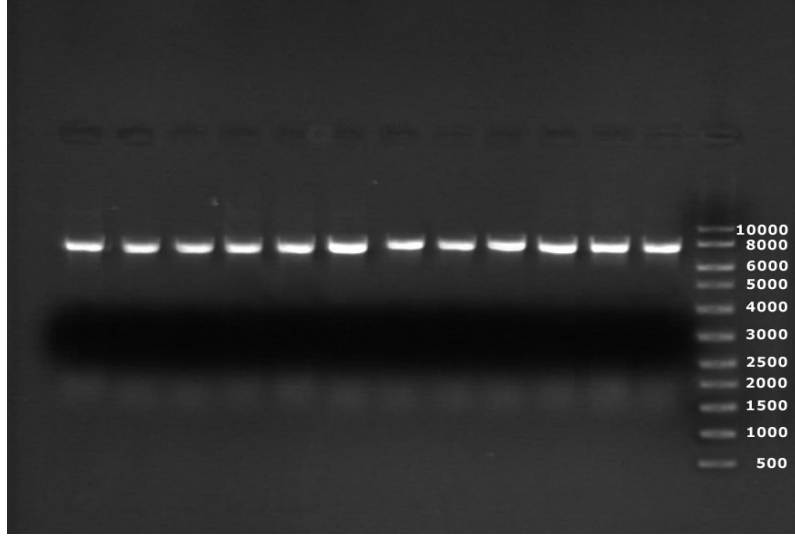
Genetik çalışmada DNA elektroforezis tankı, güç kaynağı, UV transilluminator cihazı, vorteks cihazı, inkübatör, mikrosantrifüj cihazı, Hassas terazi, PCR cihazı kullanılmıştır.

3.2.2.1 Toplam Genomik DNA İzolasyonu

Yakalanan kırlangıç örneklerinden alınan ve %98'lik etil alkolde muhafaza edilen kas dokusu, solungaç filamentleri ve yüzgeç örneklerinden DNA ekstraksiyonu ile DNA eldesi yoluna gidilmiştir. Genomik DNA ekstraksiyonu için, kırlangıç örneklerinin %98'lik etil alkolde muhafaza edilen doku örneklerinden yaklaşık 50 mg kullanılmıştır. Standart fenol-kloroform-izo-amilalkol metodu kullanılarak (Sambrook ve Russell, 2001) toplam genomik DNA izolasyonu başarılı bir şekilde gerçekleştirilmiştir. DNA ekstraksiyonunda sorun yaşanan örneklerden DNA ekstraksiyon kiti kullanılarak DNA eldesi gerçekleştirilmiştir.

3.2.2.1.1 Genomik DNA'nın Kalite ve Kantitesinin Belirlenmesi

Ekstrakte edilen genomik DNA %0,7'lik agaroz jel kullanarak elektroforezde yürütülmüş ve daha sonra UV transilluminator cihazında DNA kontrolü yapıldıktan sonra fotoğraflanarak dokümantasyonu sağlanmıştır. Bir sonraki aşamada spektrofotometre ile 260 ve 280 nm absorbans değerleri kullanılarak DNA konsantrasyonu tespit edilmiştir. Spektrofotometre ölçümü sonucu elde edilen DNA da protein ve RNA kontaminasyonları kontrol edilmiştir. Yüksek RNA veya protein kontaminasyonu gösteren örneklerden tekrar toplam genomik DNA ekstraksiyonu yapılmış ve agaroz jel ve spektrofotometre'de tekrar kontrol edilmiştir (Şekil 3.20).



Şekil 3.20. DNA ekstraksiyonu sonucu örneklerin kaslarından elde edilen genomik DNA'nın %0.7'lik agaroz jel üzerinde kontrolü.

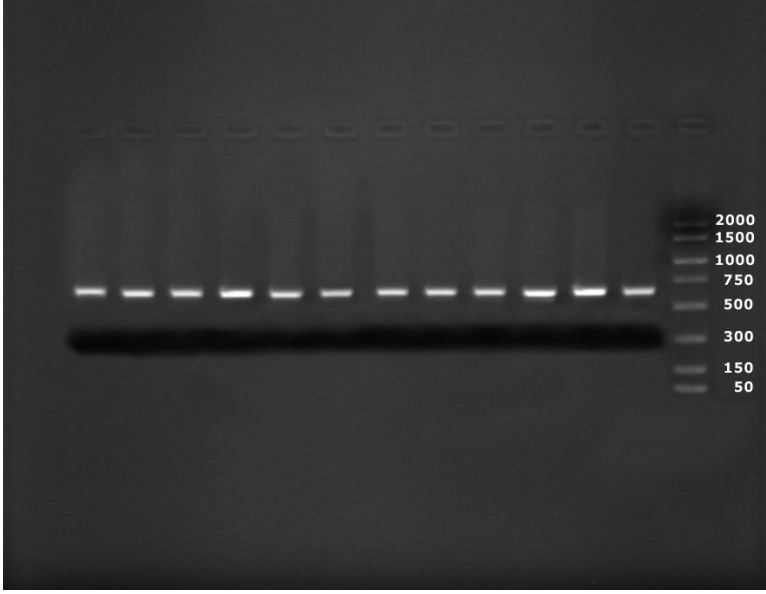
3.2.2.1.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu

Mitokondriyal DNA (mtDNA) gen bölgeleri dizin analizi için, polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ile mtDNA COIII ve 16S rRNA genleri universal primerler ile başarılı bir şekilde laboratuvarımızda çoğaltılmıştır (Tablo 3.2, Şekil 3.21 ve Şekil 3.22). Primerlerden 16S rRNA için daha önce başarılı sonuçlar alınan Turan vd. (2009) ve COIII için ise Simon vd. (1991) referans alınmıştır.

Tablo 3.2. Kırlangıç türlerinin mtDNA COIII, 16S rRNA ve *Chelidonichthys lucerna* populasyonlarının 16S rRNA gen bölgelerinin çoğaltılması için kullanılan universal primerler ve yapıları.

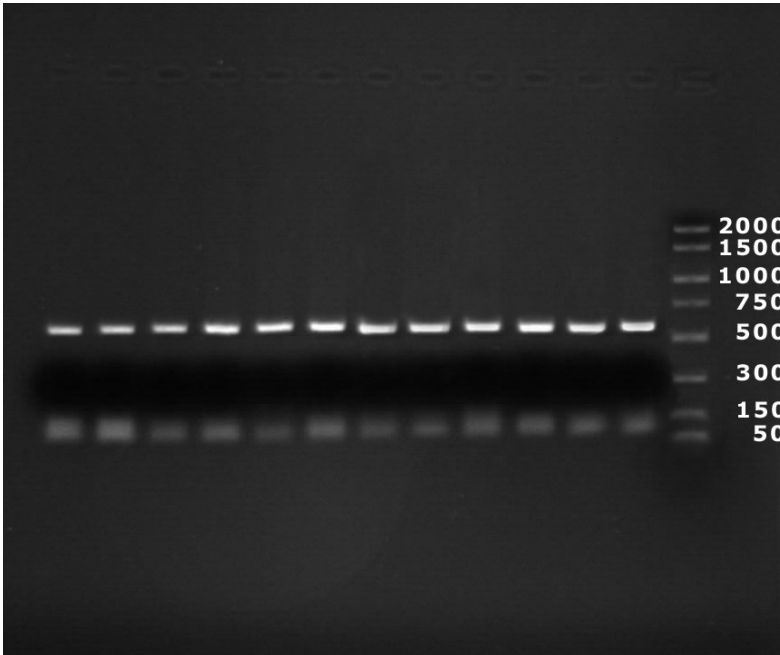
Gen Bölgeleri	Primer yapıları
COIII	F= 5'-AGC CCA TGA CCT TTA ACA GG-3' R= 5'-GAC TAC ATC AAC AAA ATG TCA GTA TCA-3'
16S rRNA	F: 5'-CGC TAA GGG AAA CTG CTG AAA-3' R: 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG TAG-3'

Mitokondriyal COIII geninin PZR ile çoğaltılması uygulamasında; ilk önce 95°C'de 5 dakika denatürasyon işlemi uygulanmıştır. Bunu takiben çoğaltma işlemi 94°C'de 30 sn, 65°C'de 45 sn, 72°C'de 2 dakikalık PZR sıcaklık profili 20 döngü olacak şekilde uygulanmış ve 72°C'de 5 dakika son uzama safhası izlenmiştir. Elde edilen PZR ürünü ise % 1.5'lik agaroz jelde kontrol edilmiştir (Şekil 3.21).



Şekil 3.21. PZR'u sonucu çoğaltılan COIII geninden elde edilen ürünün %1.5'lik agaroz jel üzerinde kontrolü.

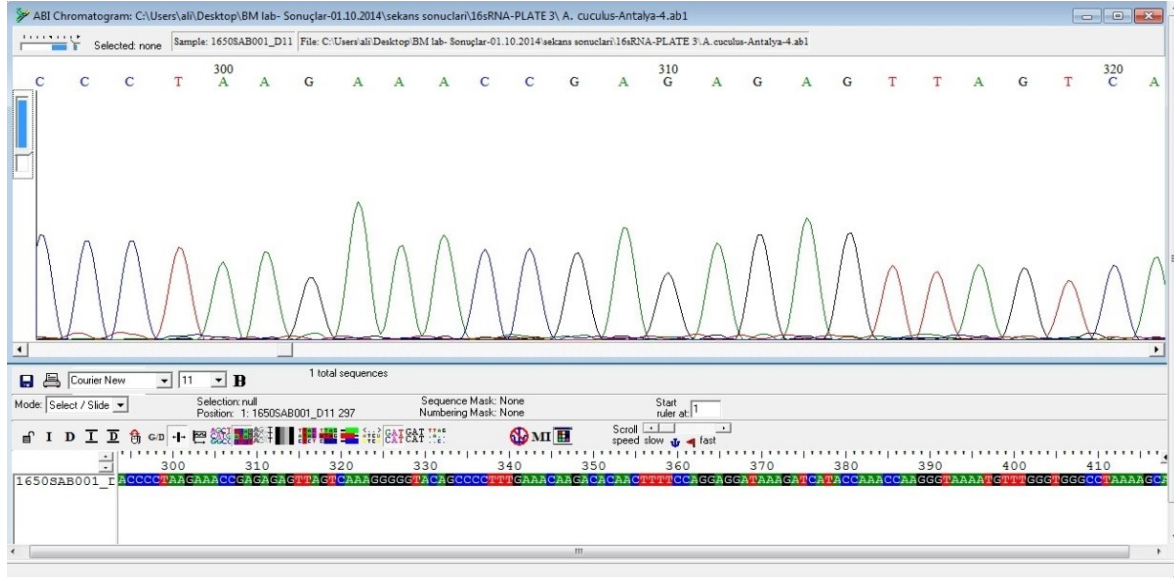
Mitokondriyal 16S rRNA geninin PZR ile çoğaltılması uygulamasında; ilk önce 94°C'de 5 dakika denatürasyon işlemi uygulanmıştır. Bunu takiben çoğaltma işlemi 94°C'de 60 sn, 50°C'de 60 sn, 72°C'de 90 sn PZR sıcaklık profili 40 döngü olacak şekilde uygulanmış ve 72°C'de 5 dakika son uzama safhası izlenmiştir. Elde edilen PZR ürünü ise % 1,5'lik agaroz jelde kontrol edilmiştir (Şekil 3.22).



Şekil 3.22. PZR'u sonucu çoğaltılan 16S rRNA geninden elde edilen ürünün %1.5'lik agaroz jel üzerinde kontrolü.

3.2.2.1.3 DNA Dizin Analizi (Sequencing)

Projede PZR analizleri başarılı bir şekilde tamamlanmış olan yeterli miktardaki PZR ürünü, PZR temizleme kiti kullanarak DNA dizin analizi için saflaştırılmıştır. DNA dizin analizi için BM firması Laboratuvarına gönderilen örneklerden DNA dizin analizi başarılı bir şekilde elde edilmiştir. BM firması tarafından DNA dizin analizi yapılan örnekler BioEdit programında kontrol edilmiş oldukça sağlıklı dizin analizleri elde edildiği gözlenmiştir (Şekil 3.23).



Şekil 3.23. *Chelidonichthys cuculus*'un DNA dizin analizi sonucu elde edilen 16S rRNA geninin BioEdit programı ile incelenmesi ve düzeltilmesi

Türler arası genetik farklılıkların tespiti için mitokondriyal DNA analizinde mtDNA'nın iki gen bölgesi (COIII, 16S rRNA), *Chelidonichthys lucerna* populasyonlarının ise 16S rRNA gen bölgesinin DNA dizileme analizi yapılmıştır. Mitokondriyal DNA'nın çalışmada kırılgan türleri üzerine yapılmış bir mtDNA dizilim çalışması bulunmadığından, kullanılan iki gen bölgesi (COIII, 16S rRNA) daha önce yapılan diğer deniz balıkları türleri ile yapılan çalışmalarda başarılı sonuçlar verdiği için (Ergüden vd., 2010; Turan vd., 2009; Turan, 2011; Nurdalila vd., 2015) ve çalışma sonunda elde edilecek sonuçların önceki çalışmalarla karşılaştırma imkânı vereceğinden dolayı kullanılması uygun görülmüştür.

Firmadan gelen DNA dizilerinin görsel olarak kontrol edilmesi, kalite düzeyine bakılarak görülen bazı hataların düzeltilmesi ve Clustal W (Thompson vd., 1994) çoklu hizalaması için BioEdit v 7.2.5 (Hall, 2013) programı kullanılmıştır ve çoklu hizalanan dosya MEGA, DNASP gibi programlarda kullanılmak üzere FASTA formatında kaydedilmiştir.

Dizilimler düzenlendikten sonra MEGA 7 programı kullanılarak istatistiksel analizler yapıldı (Kumar vd., 2016). Bu kapsamda; A, T, G ve C oranları, AT ve GC yüzdeleri, nükleotid çeşitlilik, korunmuş bölgeler, anlamlı bölgeler, değişken bölgeler, tekrar bölgeleri,

transisyonal ve transversiyonal oranları belirlendi. Ayrıca türler arası ve türler içi genetik farklılık, genetik çeşitlilik değerleri için kullanılmıştır. DNA dizilerimize en uygun olan metodu belirleyebilmek için MEGA 7 de yer alan tahmini model algoritmasından yararlanılmıştır. Filogenetik analizlerde karakter temelli analizlerden Maksimum tutarlılık (Maksimum Parsimoni, MP) soyağacı metodu kullanılmış ve mesafe temelli analizlerden ise komşu katımlı (Neighbour Joining, NJ) soyağacı metoduna göre filogenetik ilişkiler ortaya konulmuştur.

Dış grup olarak Dactylopteridae, Triglidae ve Peristedidae familyalarının dahil olduğu Scorpeniformes takımına yakın Perciformes takımı üyesi Moronidae familyasından *Dicentrarchus labrax* türü seçilmiştir. 16S rRNA gen bölgesi için dış grup GenBank: HQ731430.1 referans numarasıyla kayıtlı *Dicentrarchus labrax*, COIII gen bölgesi için ise GenBank: KJ168065.1 referans numarasıyla kayıtlı *Dicentrarchus labrax* dizilimleri kullanılmıştır.

3.2.3 Morfolojik İnceleme

Yakalanan bütün örneklerden morfometrik ve meristik ölçümler alınmış olup, meristik karakterler olarak 1. ve 2. sırt yüzgeci, kuyruk yüzgeci, anüs yüzgeci, karın ve göğüs yüzgeci ışın sayıları ile solungaç diken sayısı, omur sayısı, serbest göğüs yüzgeci ışın sayısı, sırt yüzgeci oluk ışın sayısı, solungaç kapağı diken sayısı ve ağız ön ışın sayıları sayılmıştır. Morfometrik incelemede Morfometrik analizde kullanılmak üzere, örnekler sol tarafına yatırıldıktan sonra yüzgeçleri düzeltilmiş ve dijital kamera ile resimleri çekilmiştir. Tüm bölgelerden alınan örneklerden yaş, cinsiyet, üreme durumu gibi biyolojik veriler belirlenmiştir. Yaş tayini otolitten, cinsiyet tayini ise gonadlardan yapılmıştır.

Araştırmada kullanılan kırlangıç türlerinin morfolojik ölçümlerinin kaydedilmesinde, 0.01 gr hassasiyetli terazi, binoküler mikroskop, milimetrik cetvel, 0.01 mm hassasiyetli kumpas ve diseksiyon iğnesi kullanılmıştır.

Projede kırlangıç türlerini ve *Chelidonichthys lucerna* populasyonlarını morfolojik olarak karakterize etmek amacıyla Tablo 3.3'de kısaltmaları verilmiştir. Şekil 3.24 de ise balık üzerinde gösterilen noktalar arası ölçümleri içeren morfometrik karakterler yine Tablo 3.3. de kısaltmalarıyla belirtilen meristik karakterler ile kullanılmıştır.

Tablo 3.3. Morfometrik ve meristik analizde kullanılan karakterler ve kısaltmalar.

Karakterler	Kısaltmalar	Karakterler	Kısaltmalar
Standart Boy	SB	1. Sırt Yüzgeci Dikensi Işın Sayısı	D1IS
Göz Çapı	GC	2. Sırt Yüzgeci Yumuşak Işın Sayısı	D2IS
Gözler arası Mesafe	GAM	Anüs Yüzgeci Yumuşak Işın Sayısı	AIS
Oksipital Baş Genişliği	BG	Göğüs Yüzgeci Yumuşak Işın Sayısı	PIS
Baş Yüksekliği	BY	Karın Yüzgeci Yumuşak Işın Sayısı	VIS
Baş Uzunluğu	BU	Kuyruk Yüzgeci Yumuşak Işın Sayısı	KIS
1. Sırt Yüzgeci Uzunluğu	D1YU	Solungaç Diken Sayısı	SDS
Göğüs Yüzgeci Uzunluğu	PYU	Omur Sayısı	OS
Baş Üzeri Diken Sayısı	BUD	Sırt Yüzgecindeki Benek	DB
Burun Ucu Uzantısı	RSD	Yanal Hat Pul Sayısı	LL
Karın Yüzgeci İlk Işın Uzunluğu	VYIU	Serbest Göğüs Yüzgeci Işın Sayısı	SPIS
Karın Yüzgeci Son Işın Uzunluğu	VYSIU	Sırt Yüzgeci Oluk Işın Sayısı	SYOIS
Solungaç Kapağı Son Diken Uzunluğu	OSDU	Ağız Ön Işın Sayısı	AOIS
		Solungaç Kapağı Diken Sayısı	SKDS

3.2.3.1 Morfometrik Analiz

Morfometrik analizde kullanılmak üzere, örnekler sol tarafına yatırıldıktan sonra yüzgeçleri düzeltilmiş ve dijital kamera ile resimleri çekilmiştir. Daha sonra bilgisayar ortamında, görüntü analiz yöntemi olan MorFish (Turan ve Oral, 2005) bilgisayar paket programı kullanılarak, her bir resim örneği için öncelikle kalibrasyon yapılmış ve ölçüm çeşidi pikselden mm ye çevrilmiştir. Her bir örneğin dijital resminden, balık üzerinde önceden belirlenen 13 noktanın (Şekil 3.24) x, y koordinatı alınmıştır. Her bir koordinatın teğet boşluğuna uzanan uzaklıkları ve noktalar arası mesafe mm cinsinden belirlenmiş ve Excel çalışma sayfasına aktarılmıştır. Morfometrik analizde alınan ölçümlere ek olarak, kumpas ile her bir balığın baş genişliği, göğüs yüzgeci uzunluğu, burun ucu çıkıntısı uzunluğu, solungaç kapağı son diken uzunluğu, sırt yüzgeci ilk ışın uzunluğu, karın yüzgeci ilk ışın uzunluğu, karın yüzgeci son ışın uzunluğu gibi ölçümleri alınmıştır. Balıklarda allometrik büyümeden kaynaklanan morfolojik farklılıklar aşağıda açıklanan $M_{adj} = M (L_s / L_o)^b$ (Elliott vd., 1995) formülü kullanılarak giderilmiştir.

$$M_{Ayar} = M (L_{SM} L_S^{-1})^b$$

M_{Ayar} : düzeltilmiş balık boyu,

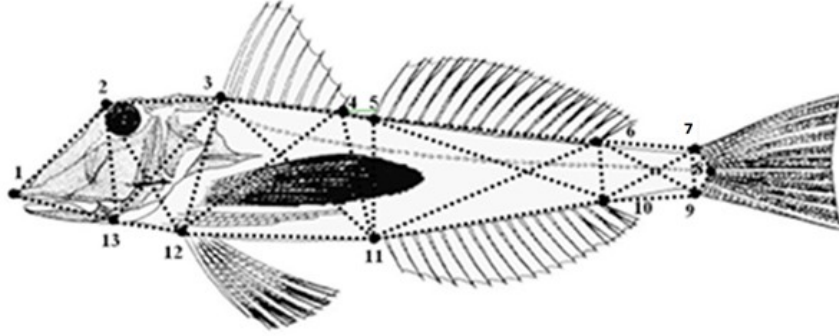
M: gerçek balık boyu,

L_{SM} : bütün balıklar dikkate alınarak elde edilen ortalama standart boy,

L_s: ele alınan balığın standart boyu,

b: bütün balıklar dikkate alınarak elde edilen regresyon katsayısı.

Türler arasındaki ilişkinin ortaya koyulması için Morfometrik verilerin analizinde Kümeler Arası Korelasyon Analizi (KKA), Ana Bileşenler Analizi (ABA) ve En Yakın Komşu Katılım Kümeleştirme metotları kullanılmıştır. Bu analizlerin kullanımında SPSS 18.0 ve SYSTAT istatistik veri analizi paket programları kullanılarak türler ve *Chelidonichthys lucerna* populasyonları arasındaki morfometrik farklılığın derecesi ve şekli belirlenmiştir.



Şekil 3.24. Morfometrik verilerin analizinde kullanılan noktaların kırlangıç üzerinde gösterimi

3.2.3.2 Meristik Analiz

Meristik analizde türlerin tespitinde ve karakterizasyonun da yaygın olarak kullanılan 1. sırt yüzgeci dikensi ışın sayısı, 2. sırt yüzgeci yumuşak ışın sayısı, anüs yüzgeci yumuşak ışın sayısı, göğüs yüzgeci yumuşak ışın sayısı, karın yüzgeci yumuşak ışın sayısı ve kuyruk yüzgeci yumuşak ışın sayısı, solungaç diken sayıları, yanıl hat pul sayısı (LL), omur sayısı (OM), serbest göğüs yüzgeci ışın sayısı (SPIS), sırt yüzgeci oluk ışın sayısı (SYOIS), ağız ön ışın sayısı (AOIS) tüm yakalanan örneklerden elde edilmiştir (Tablo 3.3). Meristik verilerin analizinde Kümeler Arası Korelasyon analizi (KKA), Ana Bileşenler Analizi (ABA) kullanılmıştır. Bu analizlerin kullanımında SPSS 18.0 ve SYSTAT istatistik veri analizi paket programları kullanılarak türler arasındaki meristik farklılığın derecesi ve şekli belirlenmiştir.

4. BULGULAR

Projede morfolojik ve genetik çalışmalarda kullanılan kırlangıç türlerinin örneklerine ait bölgeler ve bölge kısaltmaları Tablo 4.1'de verilmiştir.

Tablo 4.1. Morfolojik ve genetik çalışmalar için elde edilen kırlangıç türleri örneklerinin örnekleme bölgelerine göre eldesi.

Örnekleme Bölgeleri	Bölge Kısaltmalar	<i>C. lucerna</i>	<i>T. lastoviza</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>T. Iyra</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>P. cataphractum</i>	<i>D. volitans</i>
Akdeniz (İskenderun Körfezi)	AD1	+	+	-	-	+	+	-	+	+
Akdeniz (Mersin Körfezi)	AD2	-	-	-	-	-	-	-	+	-
Akdeniz (Antalya Körfezi)	AD3	+	+	+	+	-	-	-	-	-
Ege Denizi (İzmir Körfezi)	ED	+	+	+	+	-	+	-	-	-
Marmara Denizi (Mudanya)	MD	+	+	+	+	-	-	+	-	-
Karadeniz (Varna -Bulgaristan)	KD1	-	-	-	-	-	-	+	-	-
Karadeniz (Akçakoca)	KD2	+	-	-	-	-	-	-	-	-
Karadeniz (Trabzon)	KD3	+	-	-	-	-	-	+	-	-

4.1 Kırlangıç Türlerinin Moleküler Sistemik Analizi

4.1.1 MtDNA COIII Gen Bölgesi Analizi

Dizileri hizalanan kırlangıç türlerinin akrabalık derecelerini öğrenebilmek için filogenetik ağaç oluşturmada mevcut metodların içinde genellikle en tutarlı olan karakter temelli Maximum Parsimony (MP) ile uzaklığa dayalı yöntemlerden ise Neighbor Joining (NJ) kullanılarak kladistik ve fenetik bir yaklaşım gösterilmiştir (Saitou ve Nei 1987). Dizilemelere uyan en iyi modeli belirlemek için yapılan analiz sonucunda Kimura 2 modeli en iyi model olarak seçilmiştir (BIC: 12168.900). Analiz edilen mtDNA COIII bölgesinin dizin analizi sonucu 619 baz çifti (bç) uzunluğunda bölge elde edilmiştir. Tablo 4.2'de korunmuş bölge, tekrar bölgeleri, parsimoni anlamlı bölgeleri, Tablo 4.3'de COIII geninin ortalama nükleotid kompozisyon oranları verilmiştir.

Tablo 4.2. Kırlangıç türlerinin mtDNA COIII geni tanımlayıcı istatistikleri.

Korunmuş Bölgeler	344/619
-------------------	---------

Değişken Bölgeler	275/619
Parsimoni Anlamli Bölgeler	234/619
Tekrar Bölgeleri	41/619

Tablo 4.2'de görüldüğü gibi 619 bç'lik bölgesi çalışılan COIII geninin 344 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 275 bç'lik bölge ise türler arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 234 bç'lik bölge ise türler arasında belirteç görevi görmüştür. Toplam mutasyon tutarı ise 356 bç olarak görülmüştür. Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonu Tablo 4.3'de verilmiştir. Ortalama G-C oranı % 48.5, A-T oranı ise % 51.5 olarak bulunmuştur.

Tablo 4.3. Çalışmada kullanılan 619 baz çifti uzunluğundaki COIII geninin ortalama nükleotid kompozisyon oranları (%).

Baz Adı	Ortalama (%)
T	28.2
C	32.4
A	23.3
G	16.1

Türler arasındaki ortalama genetik farklılık değeri 0.137166 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arası genetik farklılaşma katsayısı ise 0.992833 olarak hesaplanmıştır. Türler arasındaki net ortalama genetik uzaklık (Da) değerleri Tablo 4.4'de verilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre türler arasındaki en yüksek genetik farklılık (0.427489) *P. cataphractum* ile *L. dieuzeidei* arasında görülürken, en düşük genetik farklılık (0.001620) ise *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* arasında bulunmuştur (Tablo 4.4). *P. cataphractum* diğer türlerden en yüksek genetik farklılığı gösterirken *D. volitans* ise en yüksek farklılığı gösteren ikinci tür olmuştur.

<i>T. lastoviza</i>	<i>C. lucerna</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>T. lyra</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>D. volitans</i>	<i>P. cataphractum</i>
---------------------	-------------------	---------------------	----------------------	----------------	-------------------	---------------------	--------------------	------------------------

<i>T. lastoviza</i>	–								
<i>C. lucerna</i>	0.009776	–							
<i>L. cavillone</i>	0.096455	0.094737	–						
<i>L. dieuzeidei</i>	0.094613	0.092900	0.001620	–					
<i>T. lyra</i>	0.039875	0.039896	0.057112	0.058875	–				
<i>C. cuculus</i>	0.057052	0.057224	0.072998	0.074799	0.024664	–			
<i>E. gurnardus</i>	0.053543	0.053625	0.053577	0.055388	0.012995	0.027958	–		
<i>D. volitans</i>	0.155357	0.163482	0.189180	0.189353	0.156903	0.171128	0.162893	–	
<i>P. cataphractum</i>	0.395037	0.386437	0.427293	0.427489	0.389476	0.403475	0.400373	0.347420	–

Tablo 4.4. COIII geni için türler arasındaki net ortalama genetik farklılık değerleri.

Türler içerisindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri 0.000983 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arasındaki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri (genetik farklılaşma katsayısı) ise 0.137166'dir. Türler arası ortalama nükleotid çeşitlilik değeri 0.136183 olarak bulunmuştur.

Tür içerisindeki nükleotid çeşitlilik değerleri Tablo 4.5'de oluşturulmuştur. Türler içerisindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri sonuçlarına göre en fazla *L. dieuzeidei* türünün kendi içerisinde farklılık gösterdiği görülürken *T. lyra* türünün ise kendi içerisinde en az farklılığı gösterdiği belirlenmiştir (Tablo 4.5).

Tablo 4.5. COIII geni için tür içi ortalama nükleotid çeşitlilik değerleri.

Türler	Nükleotid Çeşitlilik
<i>T. lastoviza</i>	0.000971147
<i>C. lucerna</i>	0.001294827
<i>L. cavillone</i>	0.000971061
<i>L. dieuzeidei</i>	0.001186678
<i>T. lyra</i>	0.000647359
<i>E. gurnardus</i>	0.000971109
<i>C. cuculus</i>	0.000863349
<i>D. volitans</i>	0.000862999
<i>P. cataphractum</i>	0.001078841

Yer değiştirme (substitüsyon) oranlarının maksimum olasılık (Maximum likelihood) yöntemiyle belirlenmesinde Kimura 2 parametre yöntemi (transisyon/transversiyon oranı (R): 0,79) kullanılmıştır (Tablo 4.6).

Tablo 4.6. COIII geni nükleotid değişim (Substitüsyon) matrisi*.

A	T	C	G
-	6 51	7 51	14 83
5 1	-	9 26	3 73
5 1	8 07	-	3 73
21 46	6 51	7 51	-

*Her sayı bir bazdan (sətir) diğetine (sütun) substitüsyon ihtimalini göstermektedir. Transisyonel substitüsyonlar koyu renkte, transversiyonel substitüsyonlar ise italik olarak gösterilmiştir

Substitüsyon oranları bir bazdan diğetine substitüsyon geçiş ihtimalini temsil etmektedir. Transisyonel substitüsyon oranları A/G 14,83, T/C 9,26, C/T 8,07 ve G/A 21,46 olarak bulunmuştur. Türler arasındaki farklılık değeri 0,137166 olarak hesaplanmıştır.

DNA dizin analizi ile 9 kırlangıç türü için toplam 84 haplotip gözlenmiştir. Haplotip çeşitliliği bakımından toplamda; *T. lastoviza* da 30, *C. lucerna* da 30, *L. cavillone* de 30, *L. dieuzeidei* de 30, *T. lyra* da 30, *E. gurnardus* da 30, *C. cuculus* da 30, *D. volitans* da 30, *P. cataphractum* da 30 haplotip görülmüştür (Tablo 4.7). Haplotip çeşitliliği açısından tüm türlerin farklı haplotip çeşitliliğine sahip olduğu görülmüştür. *T. lastoviza* da; 9 (Hap1 - Hap9), *C. lucerna* da; 12 (Hap10 - Hap21), *L. cavillone*'de; 9 (Hap22 - Hap30), *L. dieuzeidei*'de; 12 (Hap31 - Hap42), *T. lyra*'da; 6 (Hap43 - Hap48), *E. gurnardus*'da; 7 (Hap49 - Hap55), *C. cuculus*'ta; 9 (Hap 56 - Hap 64), *D. volitans* da; 9 (Hap65 - Hap73) ve *P. cataphractum* da ise 11 haplotip çeşitliliği (Hap74 - Hap84) gözlenmiştir (Tablo 4.7).

Tablo 4.7. Kırlangıç türlerinin COIII haplotiplerinin frekansları ve türlere göre dağılımı.

Haplotipler	<i>T. lastoviza</i>	<i>C. lucerna</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>T. lyra</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>D. volitans</i>	<i>P. cataphractum</i>	Haplotipler	<i>T. lastoviza</i>	<i>C. lucerna</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>T. lyra</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>D. volitans</i>	<i>P. cataphractum</i>
Hap 1	22	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 43	-	-	-	-	25	-	-	-	-
Hap 2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 44	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 45	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 4	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 46	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 5	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 47	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 6	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 48	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 7	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 49	-	-	-	-	-	24	-	-	-
Hap 8	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 50	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap 9	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 51	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap 10	-	19	-	-	-	-	-	-	-	Hap 52	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap 11	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 53	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap 12	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 54	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap 13	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 55	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap 14	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 56	-	-	-	-	-	-	22	-	-
Hap 15	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 57	-	-	-	-	-	-	1	-	-

Hap 16	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 58	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 17	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 59	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 18	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 60	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 19	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 61	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 20	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 62	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 21	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 63	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 22	-	-	22	-	-	-	-	-	-	Hap 64	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 23	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 65	-	-	-	-	-	-	22	-	-
Hap 24	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 66	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 25	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 67	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 26	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 68	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 27	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 69	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 28	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 70	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 29	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 71	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 30	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 72	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 31	-	-	-	19	-	-	-	-	-	Hap 73	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 32	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 74	-	-	-	-	-	-	-	-	20
Hap 33	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 75	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 34	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 76	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 35	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 77	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 36	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 78	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 37	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 79	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 38	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 80	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 39	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 81	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 40	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 82	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 41	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 83	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 42	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 84	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Toplam											30	30	30	30	30	30	30	30	30

Kırlangıç türleri için elde edilen haplotip çeşitlilik değerleri Tablo 4.8'de verilmiştir. Türler içerisinde en yüksek haplotip çeşitliliği değeri *C. lucernus* ve *L. diuziedei* de 0,6069, en düşük ise *T. lyra* 'da 0,3103 olarak görülmüştür. Elde edilen 84 haplotip çeşitliliği için türler arasındaki haplotip çeşitlilik değeri, Hd: 0.9440 olarak bulunmuştur.

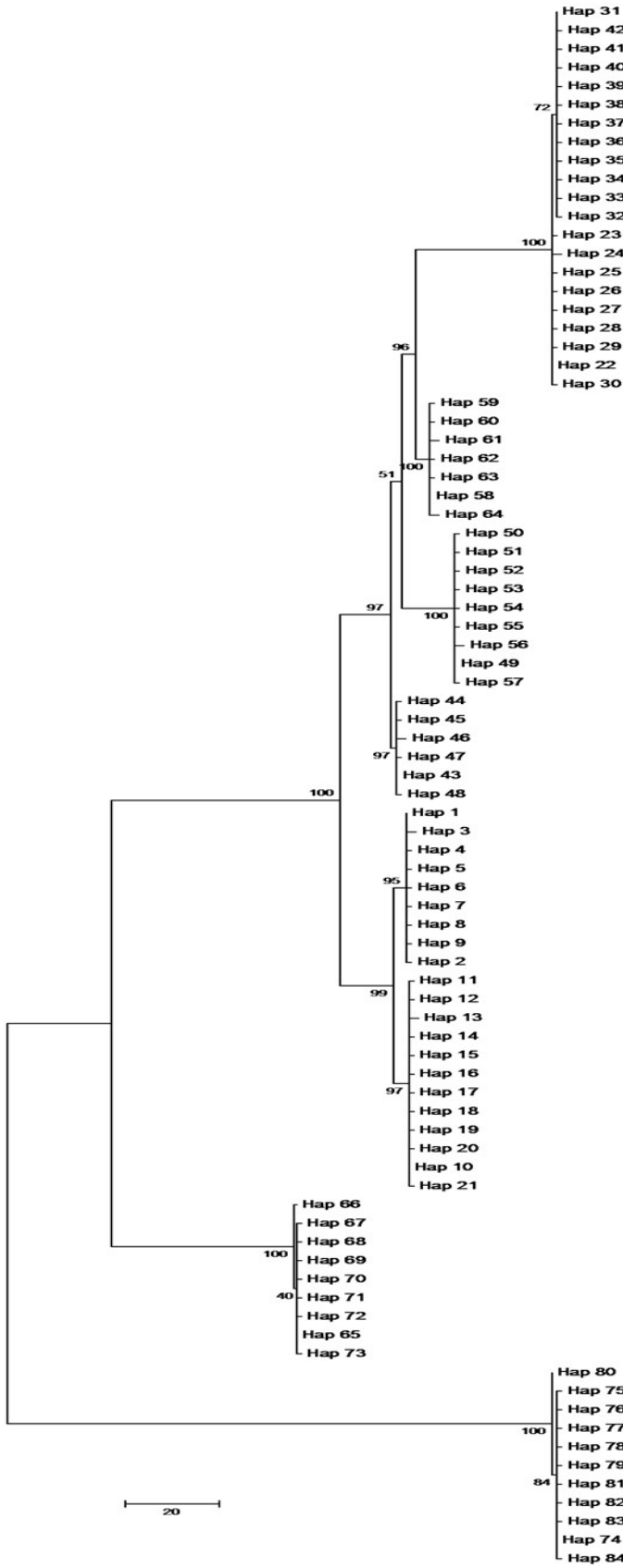
Tablo 4.8. COIII bölgesi türler içi haplotip çeşitlilik değerleri.

Türler	Haplotip Çeşitlilik
<i>T. lastoviza</i>	0,4690
<i>T. lyra</i>	0,3103
<i>C. lucernus</i>	0.6069
<i>C.cuculus</i>	0.4690
<i>E.gurnardus</i>	0,3655
<i>L. dieuziedei</i>	0,6069
<i>L. cavillone</i>	0,4690
<i>D.volitans</i>	0,4690

Kırlangıç türlerinin haplotip çeşitliliği COIII gen bölgesi filogenetik ilişkisin belirlenmesinde karakter temelli yöntemlerden maksimum tutarlılık ve mesafeye temelli yöntemlerden ise komşu katımlı soyağacı yöntemleri kullanılmıştır (Şekil 4.1 ve Şekil 4.2).

Haplotip çeşitliliği bakımından maksimum tutarlılık soyağacında tüm türlerin ayrı olarak gruplandığı görülürken *P. cataphractum*'da haplotip çeşitliliğinin; Hap74-Hap84 olarak, *D. volitans*'da; Hap65-Hap73 olarak, *C. lucerna*'da; Hap11-Hap21 olarak, *T. lastoviza*'da; Hap1-Hap9 olarak *T. lyra*'da; Hap43-Hap48 olarak, *E. gurnardus*'da; Hap49-Hap57 olarak, *C. cuculus*'da; Hap59-Hap64 olarak, *L.cavillone*'de; Hap22-Hap30 olarak ve *L. dieuziede* de ise Hap31-Hap42 olarak bulunmuştur. Şekil 4.1 de Soy ağacında *C. cuculus*'ta bulunan iki haplotipin (Hap56-Hap57) *E. gurnardus* içerisinde yer aldığı görülmüştür (Şekil 4.1).

Şekil 4.2 de ise komşu katımlı soy ağacına göre de türlerin ayrı olarak gruplandığı görülürken *C. cuculus*'ta bulunan iki haplotipin (Hap56 - Hap57), maksimum tutarlılık soy ağacında da olduğu gibi yine *E. gurnardus* içerisinde yer aldığı görülmüştür (Şekil 4.2).



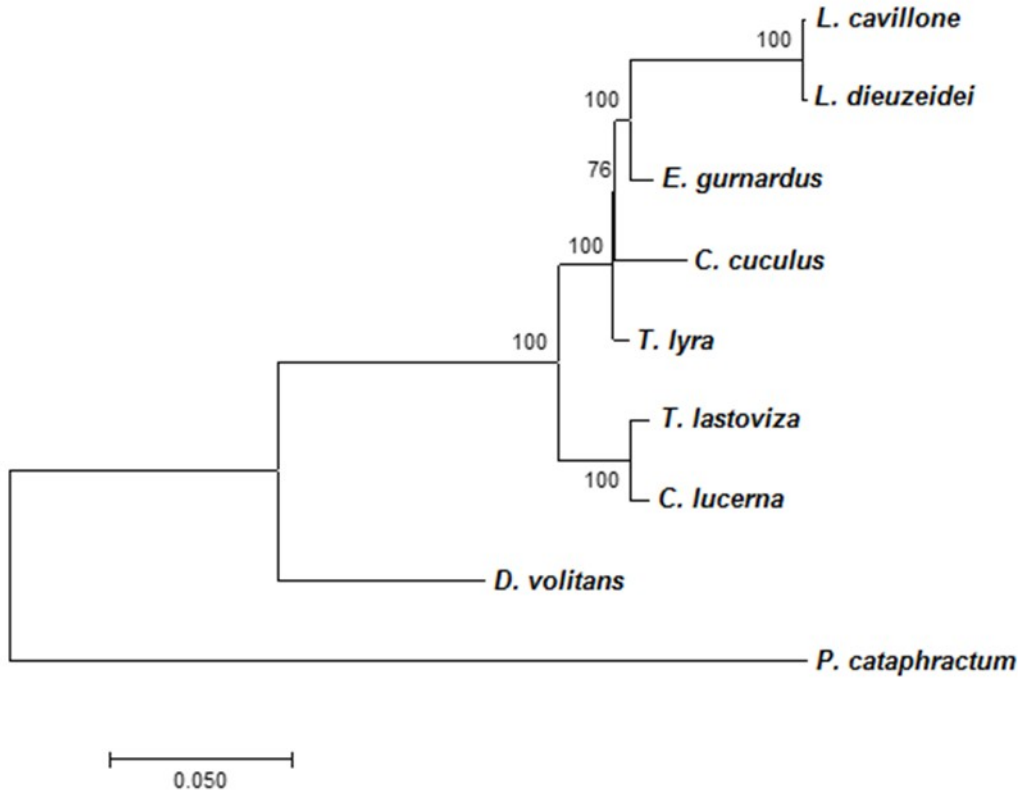
Şekil 4.1. Maksimum tutarlılık metoduna göre kırlangıç türlerinin COIII gen bölgesine göre haplotip ilişkisi.



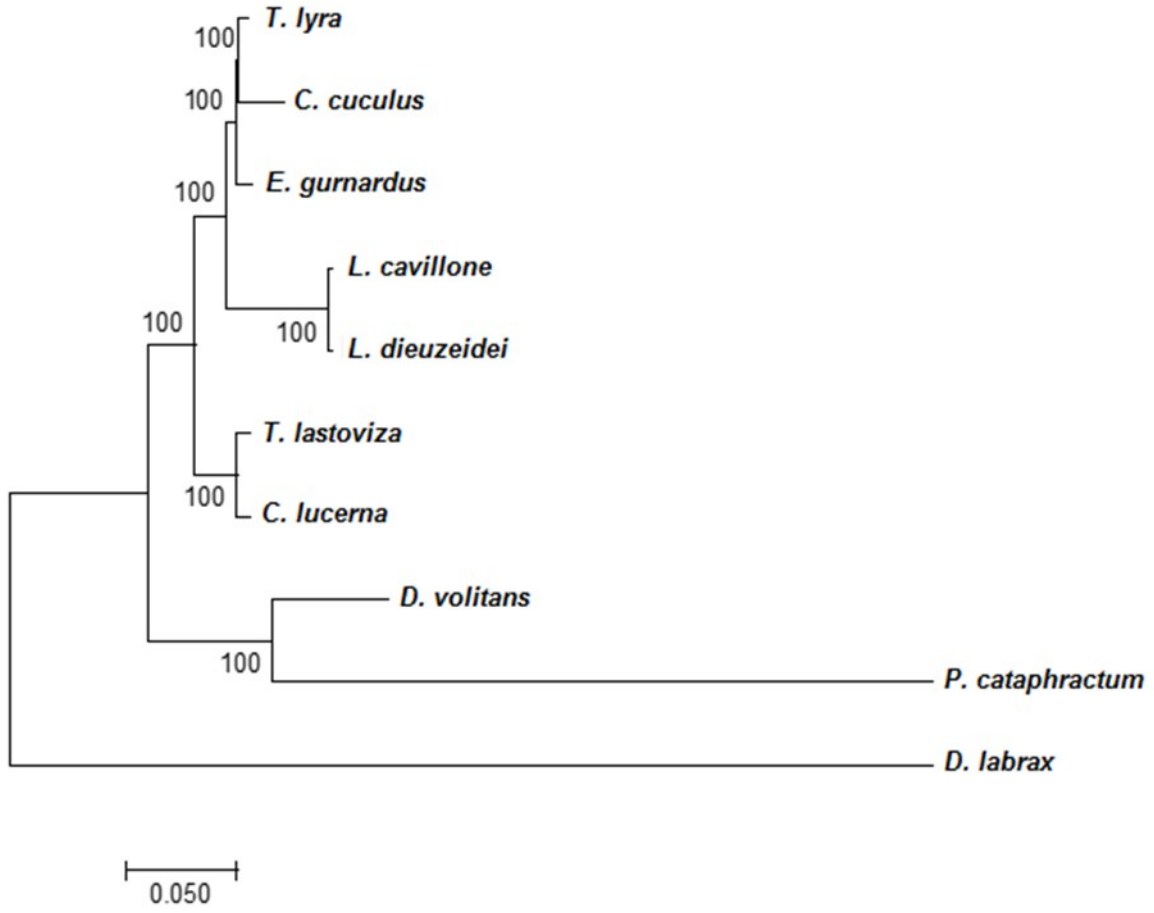
Şekil 4.2. Komşu katılımlı metoduna göre kırilangıç türlerinin COIII gen bölgesine göre haplotip ilişkisi.

Kırlangıç türlerinin nükleotid farklılıklarına dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren ağaç oluşturmada karakter temelli yöntemlerden maksimum tutarlılık ve uzaklık temelli yöntemlerden komşu katımlı soyağacı yöntemi kullanılmıştır.

Komşu katımlı soyağacı metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaçlar ise Şekil 4.3 ve Şekil 4.4'de gösterilmiştir. Şekil 4.3'de görüldüğü gibi filogenetik ağacın farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dala ayrıldığı görülmektedir. Trigladae familyası ana ağacı iki kola yarılmış olup, birinci kolda *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türlerinin birbirlerine en yakın türler olduğu ve diğer dalda *T. Iyra*'nın ve *C. cuculus*'un birbirine yakın türler olduğu ve *E. gurnardus*'un da bu iki türe daha yakın tür olduğu görülmektedir. Diğer kollarda Triglidae ana dalın diğer tarafında ise *T. lastoviza* ve *C. lucerna*'nın birbirine en yakın tür olarak sınıflandığı göze çarpmaktadır. Diğer iki familyanın birer temsilcilerinden olan *D. volitans*'ın bu türlere uzak olarak ayrı gruplandığı, fakat tüm türlere en uzak olan türün ise *P. cataphractum* olduğu belirlenmiştir. Dış gruplu komşu katımlı soyağacı metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaçta benzer filogenetik ilişkiyi vermiştir (Şekil 4.4).

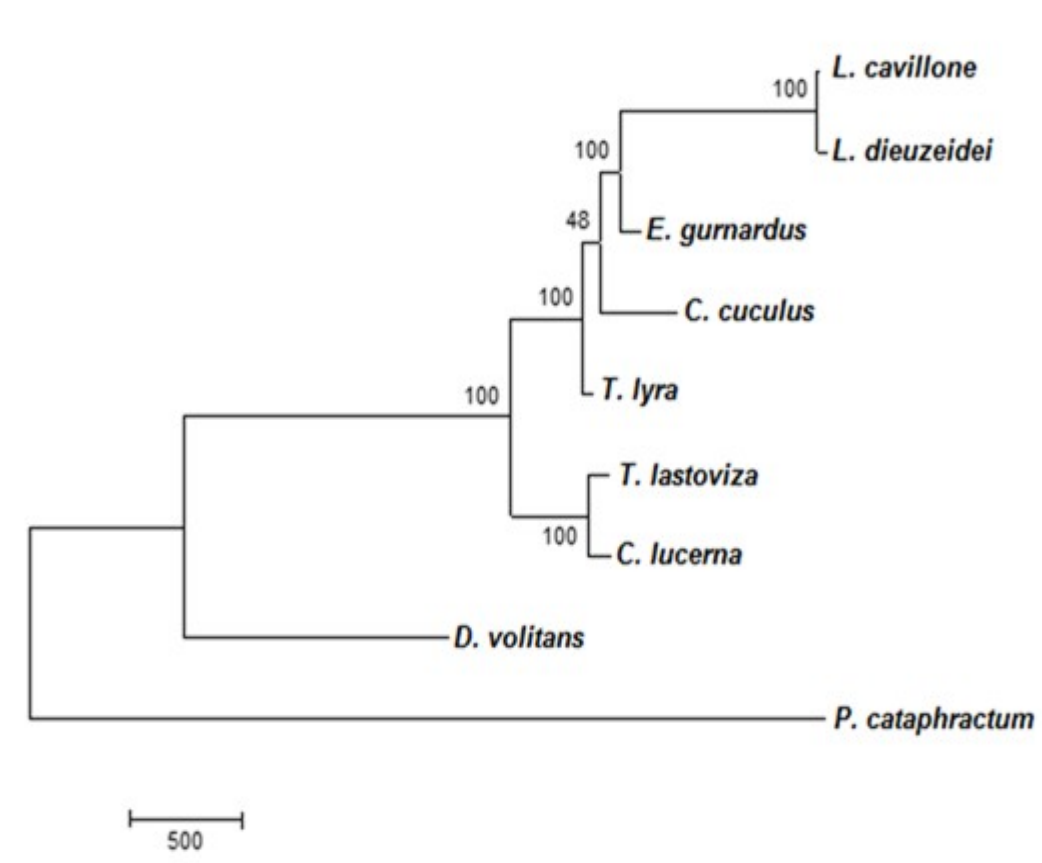


Şekil 4.3. MtDNA COIII geni komşu katımlı soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.

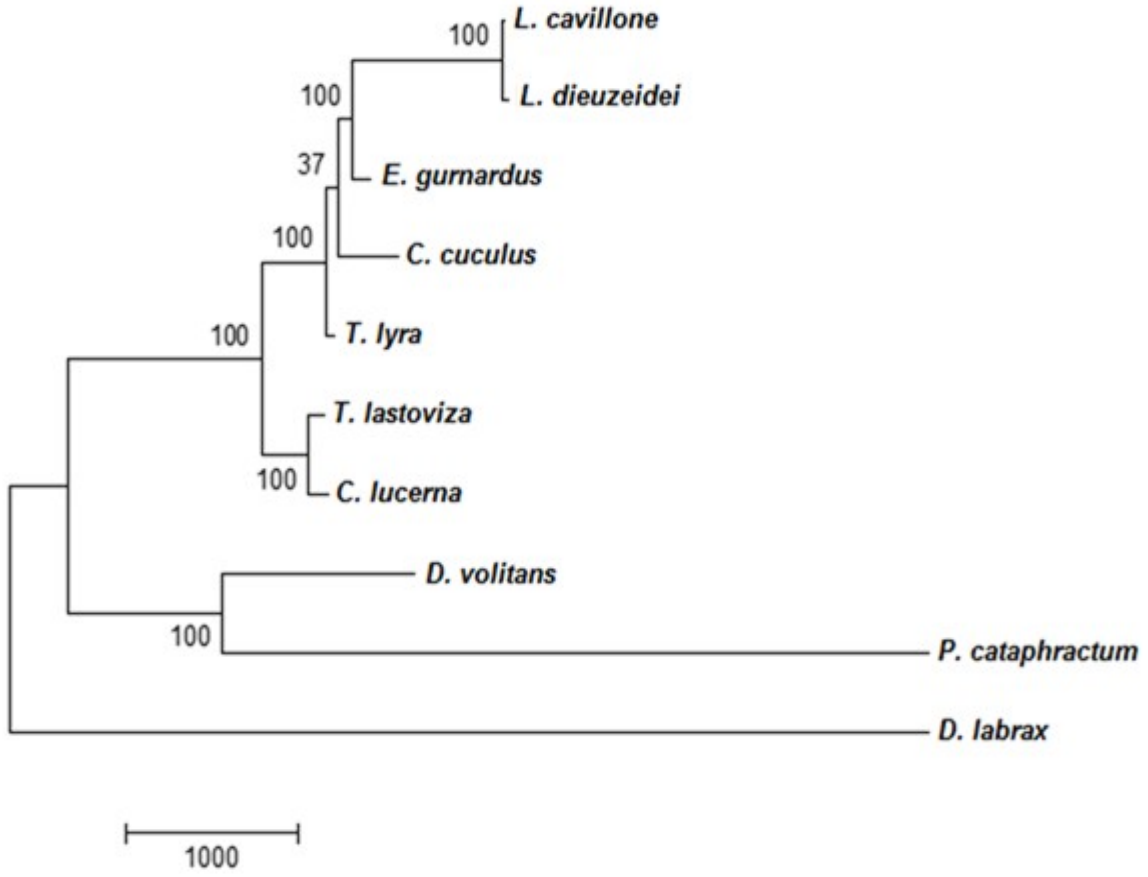


Şekil 4.4. MtDNA COIII geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin dış gruplu olarak filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.

Maksimum tutarlılık metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaçlar Şekil 4.5 ve Şekil 4.6'da verilmiştir. Şekil 4.5'te filogenetik ağacın farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dala ayrıldığı görülmektedir. Trigladae familyası ana ağacı iki kola yarılmış olup, birinci kolda, *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei*'nin birbirlerine en yakın türler olduğu ve *E. gurnardus*'un da bu iki türe daha yakın tür olduğu görülmektedir. Sırayısla, bu türlere *C. cuculus* ve *T. lyra*'nın uzak türler olduğu görülmektedir. Triglidae ana dalının diğer tarafında ise *T. lastoviza* ve *C. lucerna*'nın birlikte gruplandırıldığı ve birbirine yakın tür olduğu göze çarpmaktadır. Diğer iki familyanın birer temsilcilerinden olan *D. volitans*'ın bu türlere uzak olarak ayrı gruplandığı, fakat tüm türlere en uzak olan türün ise *P. cataphractum* olduğu belirlenmiştir. Şekil 4.6'da dış gruplu komşu katılımlı soyağacı metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaçta benzer filogenetik ilişki gözlemlenmiştir.



Şekil 4.5. MtDNA COIII geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.



Şekil 4.6. MtDNA COIII geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin dış gruplu olarak filogenetik ilişkisini gösteren ağaç.

4.1.2 MtDNA 16S rRNA Gen Bölgesi Analizi

Dizileri hizalanan kırlangıç türlerinin akrabalık derecelerini öğrenebilmek için filogenetik ağaç oluşturmada mevcut metodlar olarak karakter temelli yöntemlerden Maximum Parsimoni (MP), mesafe temelli yöntemlerden ise Neighbor Joining (NJ) ve kladistik ve fenetik bir yaklaşım gösterilmiştir (Saitou ve Nei, 1987). Dizilemelere uyan en iyi modeli belirlemek için yapılan analiz sonucunda Jukes-Cantor (1969) modeli en iyi model olarak seçilmiştir (BIC: 11280,05). Analiz edilen 16S rRNA bölgesinin dizin analizi sonucu 542 baz çifti (bç) uzunluğunda bölge elde edilmiştir. Tablo 4.9'da korunmuş bölge, tekrar bölgeleri, parsimoni anlamlı bölgeleri, Tablo 4.10'da 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyon oranları verilmiştir.

Tablo. 4.9. Kırlangıç türlerinin mtDNA 16 S rRNA geni tanımlayıcı istatistikleri.

Korunmuş Bölgeler	388/542
Değişken Bölgeler	154/542
Tekrar Bölgeleri	63/542
Parsimoni Anlamlı Bölgeler	91/542

Tablo 4.9'da görüldüğü gibi 542 bç'lik bölgesi çalışılan 16 S rRNA geninin 388 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 154 bç'lik bölge ise türler arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 63 bç'lik bölge ise türler arasında belirteç görevi görmüştür. Toplam mutasyon tutarı ise 193 bç olarak görülmüştür. Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonu Tablo 4.10'da verilmiştir. Ortalama G-C oranı % 47.8, A-T oranı ise % 52.2 olarak bulunmuştur.

Tablo 4.10. Çalışmada kullanılan 542 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyon oranları (%).

Baz Adı	Ortalama (%)
T	23,5
C	24.3
A	28.7
G	23.5

Tüm türler arasındaki ortalama genetik farklılık değeri 0.035663 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arası genetik farklılaşma katsayısı ise 0.933587 olarak hesaplanmıştır.

Türler arasındaki net ortalama genetik uzaklık (Da) değerleri Tablo 4.11'de verilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre, türler arasındaki en yüksek genetik farklılık (0.096329) *D. volitans* ile *L. cavillone* arasında görülürken, *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* arasında, *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* türleri arasında, ve *C. cuculus* ve *C. lucerna* türleri arasında genetik uzaklık değerleri sıfır olup, bu türlerin sistematik sınıflandırılmasına dikkat çekmektedir.

Tablo. 4.11. 16S rRNA geni için türler arasındaki net ortalama genetik farklılık değerleri.

	<i>T. lastoviza</i>	<i>T. lyra</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>C. lucerna</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>D. volitans</i>	<i>P. cataphractum</i>
<i>T. lastoviza</i>	–								
<i>T. lyra</i>	0.000000	–							
<i>C. cuculus</i>	0.007314	0.007307	–						
<i>C. lucerna</i>	0.007440	0.007427	0.000000	–					
<i>E. gurnardus</i>	0.005570	0.005560	0.001710	0.001849	–				
<i>L. dieuzeidei</i>	0.007322	0.007429	0.014809	0.014941	0.013056	–			
<i>L. cavillone</i>	0.007314	0.007442	0.014761	0.014880	0.012991	0.000000	–		
<i>D. volitans</i>	0.092145	0.092054	0.092103	0.092017	0.094109	0.096278	0.096329	–	
<i>P. cataphractum</i>	0.059529	0.059655	0.059568	0.059629	0.061433	0.067551	0.067473	0.094430	–

Türler içerisindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri 0.002368 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arasındaki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri ise 0.035663'dir. Türler arası ortalama nükleotid çeşitlilik değeri ise 0.033294 bulunmuştur.

Türler içerisindeki nükleotid çeşitlilik değerleri Tablo 4.12'de oluşturulmuştur. Türler içerisindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değerleri sonuçlarına göre en fazla *P. cataphractum* türünün kendi içerisinde farklılık gösterdiği görülürken *L. cavillone* türünün ise kendi içerisinde en az farklılığı gösterdiği bulunmuştur (Tablo 4.12).

Tablo 4.12. 16 S rRNA geni türler içi ortalama nükleotid çeşitlilik değerleri.

Türler	Nükleotid Çeşitlilik	Substitüsyon	
<i>T. lastoviza</i>	0.002952099		
<i>T. lyra</i>	0.002829022		
<i>C. cuculus</i>	0.002342285		
<i>C. lucerna</i>	0.002087656	oranlarının	maksimum
<i>E. gurnardus</i>	0.002096791	olasılık	(maximum
<i>L. dieuzeidei</i>	0.002097678	likelihood)	yöntemiyle
<i>L. cavillone</i>	0.001851046	belirlenmesinde	Jukes-
<i>D. ovlitans</i>	0.002220417		
<i>P. cataphractum</i>	0.002839006	Cantor parametre	yöntemi

(transisyon/transversiyon oranı (R): 0,1)) kullanılmıştır (Tablo 4.13).

Tablo 4.13. 16 S rRNA geni nükleotid değişim (Substitüsyon) matrisi*.

	A	T/U	C	G
A	-	8.33	8.33	8.33
T/U	8.33	-	8.33	8.33
C	8.33	8.33	-	8.33
G	8.33	8.33	8.33	-

*Her sayı bir bazdan (sıra) diğerine (sütun) substitüsyon ihtimalini göstermektedir. Transisyonel substitüsyonlar koyu renkte, transversiyonel substitüsyonlar ise italik olarak gösterilmiştir.

Substitüsyon oranları bir bazdan diğerine substitüsyon geçiş ihtimalini temsil etmektedir. Transisyonel substitüsyon oranları A/G 8.33, T/C 8.33 C/T 8.33 ve G/A 8.33 olarak bulunmuştur. Türler arasındaki farklılık değeri 0.137166 olarak hesaplanmıştır.

16S rRNA dizin analizi sonucu 9 kırlangıç türü için toplam 128 haplotip gözlenmiştir. Haplotip çeşitliliği bakımından; tüm türlerde 30 haplotip görülmüştür (Tablo 4.14). Haplotip çeşitliliği açısından tüm türlerin farklı haplotip çeşitliliğine sahip olduğu görülmüştür. *T. lastoviza* da; 18 (Hap1 - Hap18), *T. lyra* da; 16 (Hap1, Hap19-Hap33), *C. lucerna*'da; 15 (Hap36, ve Hap52-H65), *E. gurnardus* da; 13 (Hap66-Hap78), *L. dieuzeidei*'de 12 (Hap79-Hap90), *L. cavillone*'de; 9 (Hap91- Hap99), *D. volitans* da; 13 (Hap100-Hap112), *P. cataphractum* da; 16 (Hap113 - Hap128) haplotip çeşitliliği bulunmuştur (Tablo 4.14). Hap1; *T. lyra* ve *T. lastoviza* da, Hap36; *C. cuculus* ve *C. lucerna* da, Hap79; *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* de ortak olarak görülmüştür.

Tablo 4.14. Kırlangıç türlerinin 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve türlere göre dağılımı.

Haplotipler	<i>T. lastoviza</i>	<i>T. lyra</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>C. lucerna</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>D. voltans</i>	<i>P. cataphractum</i>	Haplotipler	<i>T. lastoviza</i>	<i>T. lyra</i>	<i>C. cuculus</i>	<i>C. lucerna</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>D. voltans</i>	<i>P. cataphractum</i>
Hap 1	13	14	-	-	-	-	-	-	-	Hap 65	-	-	-	1	-	-	-	-	-
Hap 2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 66	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 67	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 4	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 68	-	-	-	-	18	-	-	-	-
Hap 5	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 69	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 6	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 70	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 7	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 71	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 8	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 72	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 9	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 73	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 10	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 74	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 11	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 75	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 12	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 76	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 13	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 77	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 14	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 78	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 15	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 79	-	-	-	-	-	19	21	-	-
Hap 16	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 80	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 17	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 81	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 18	1	-	-	-	-	-	-	-	-	Hap 82	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 19	-	2	-	-	-	-	-	-	-	Hap 83	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 20	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 84	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 21	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 85	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 22	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 86	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 23	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 87	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 24	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 88	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 25	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 89	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 26	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 90	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap 27	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 91	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 28	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 92	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 29	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 93	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 30	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 94	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 31	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 95	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 32	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 96	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 33	-	1	-	-	-	-	-	-	-	Hap 97	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 34	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 98	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 35	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 99	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap 36	-	-	13	16	-	-	-	-	-	Hap 100	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 37	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 101	-	-	-	-	-	-	-	18	-
Hap 38	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 102	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 39	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 103	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 40	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 104	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 41	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 105	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 42	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 106	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 43	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 107	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 44	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 108	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 45	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 109	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 46	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 110	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 47	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 111	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 48	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 112	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap 49	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 113	-	-	-	-	-	-	-	-	15
Hap 50	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 114	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 51	-	-	1	-	-	-	-	-	-	Hap 115	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 52	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 116	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 53	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 117	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 54	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 118	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 55	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 119	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 56	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 120	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 57	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 121	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 58	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 122	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 59	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 123	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 60	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 124	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 61	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 125	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 62	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 126	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 63	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 127	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hap 64	-	-	-	1	-	-	-	-	-	Hap 128	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Topla										Toplam	30	30	30	30	30	30	30	30	30

Tüm türler için elde edilen haplotip çeşitlilik değerleri Tablo 4.15’de verilmiştir. Türler içerisinde en yüksek haplotip çeşitliliği değeri *T. lastoviza* ve *C. cuculus*’ta (0,8207), en düşük ise *L. cavillone*’de (0,5172) görülmüştür. Elde edilen 128 haplotip çeşitliliği için türler arasındaki haplotip çeşitlilik değeri, Hd: 0.9463, Haplotip çeşitlilik varyans değeri: 0.0000457, Haplotip çeşitliliğinin standart sapması: 0.0068 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 4.15. 16S rRNA geni türler içi haplotip çeşitlilik değerleri.

Türler	Haplotip Çeşitlilik
<i>T. lastoviza</i>	0,8207
<i>T. lyra</i>	0,7885
<i>C. cuculus</i>	0,8207
<i>C. lucernus</i>	0,7241
<i>E. gurnardus</i>	0,6483
<i>L. dieuziedeidei</i>	0,6069
<i>L. cavillone</i>	0,5172
<i>D. volitans</i>	0,6483
<i>P. cataphractum</i>	0,7586

Kırlangıç türlerinin karakter temelli maksimum tutarlılık (Maximum Parsimoni, MP) metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaç verilmiştir. Ağaçta her bir tür için ayrı dal oluşan 128 haplotipin türlere göre haplotip dağılımları gösterilmiştir (Şekil 4.7).

Şekil 4.8 de ise kırlangıç türlerinin birbirlerinden ilişkisi mesafeye dayalı yöntemlerden biri olan komşu katılımlı yöntem (Neighbour Joining, NJ) kullanılmıştır. Türler arası genetik uzaklıkların belirlenmesinde ise Jukes-Cantor yönteminden yararlanılmıştır. Komşu katılımlı metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.8’de gösterilmiştir.

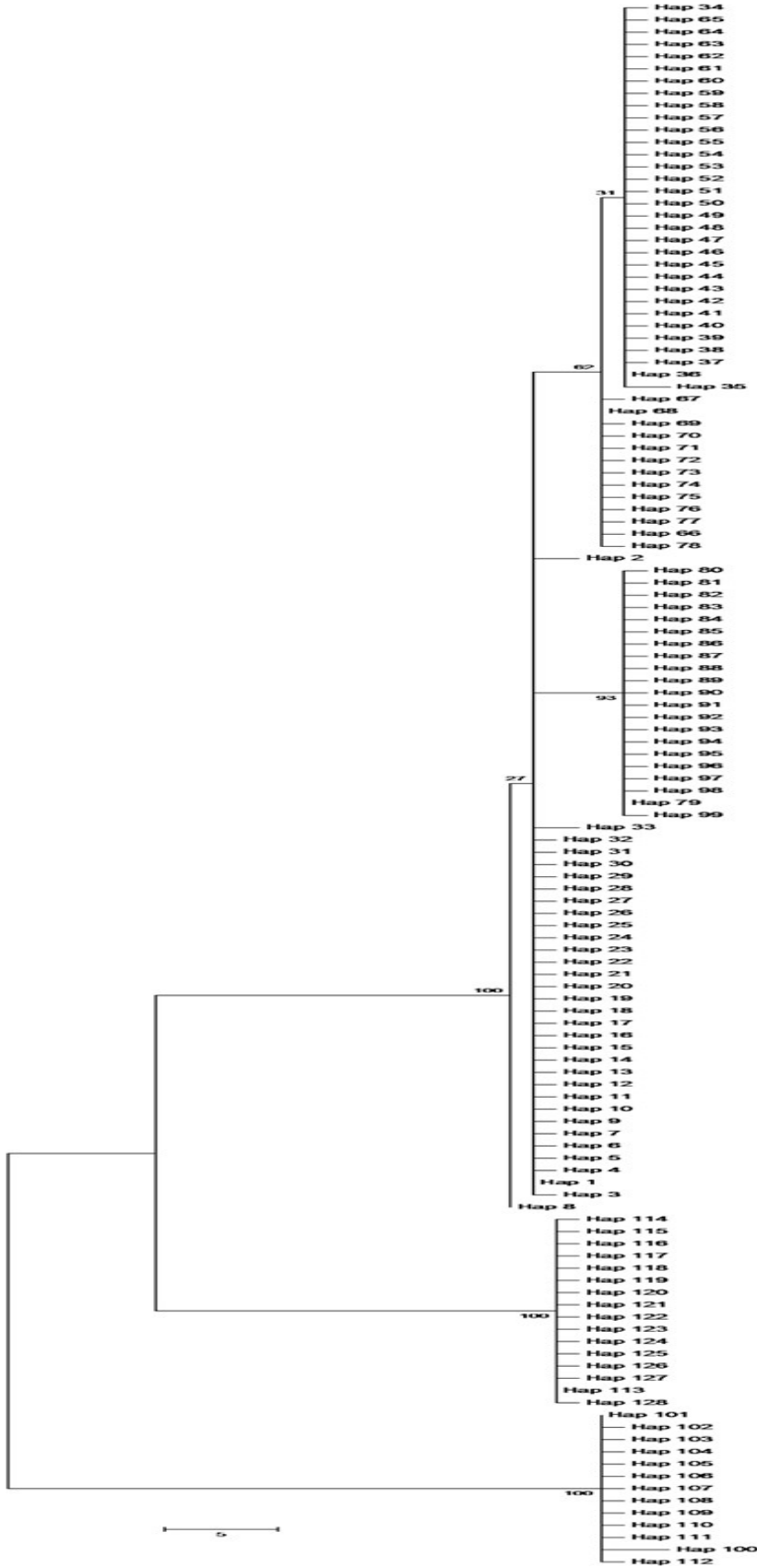
Haplotip çeşitliliği bakımından maksimum tutarlılık soyağacında *P. cataphractum* ve *D. volitans* ve *E. gurnardus*’un ayrı olarak gruplandığı *Chelidonichthys* ve *Lepidotrigla* cinsine ait türlerin ise cins düzeyinde aynı kolda gruplandıkları görülmüştür. *Trigla* ve *Trigloporus* cinslerini temsil eden iki türün ise yine haplotip çeşitliliği bakımından aynı kolda buldukları belirlenmiştir.

Şekil 4.7’de verilen maksimum tutarlılık soyağacında, haplotip çeşitliliği; *P. cataphractum* için; Hap113-Hap128, *D. volitans* için; Hap100-Hap112, *E. gurnardus* için; Hap66-Hap78, *T. lyra* ve *T. lastoviza* için; Hap1-Hap33, *L. cavillone* ve *L. dieuzeideidei* için; Hap79-Hap99, *C. cuculus* ve *C. lucerna* için; Hap34-Hap65 olarak görülmüştür.

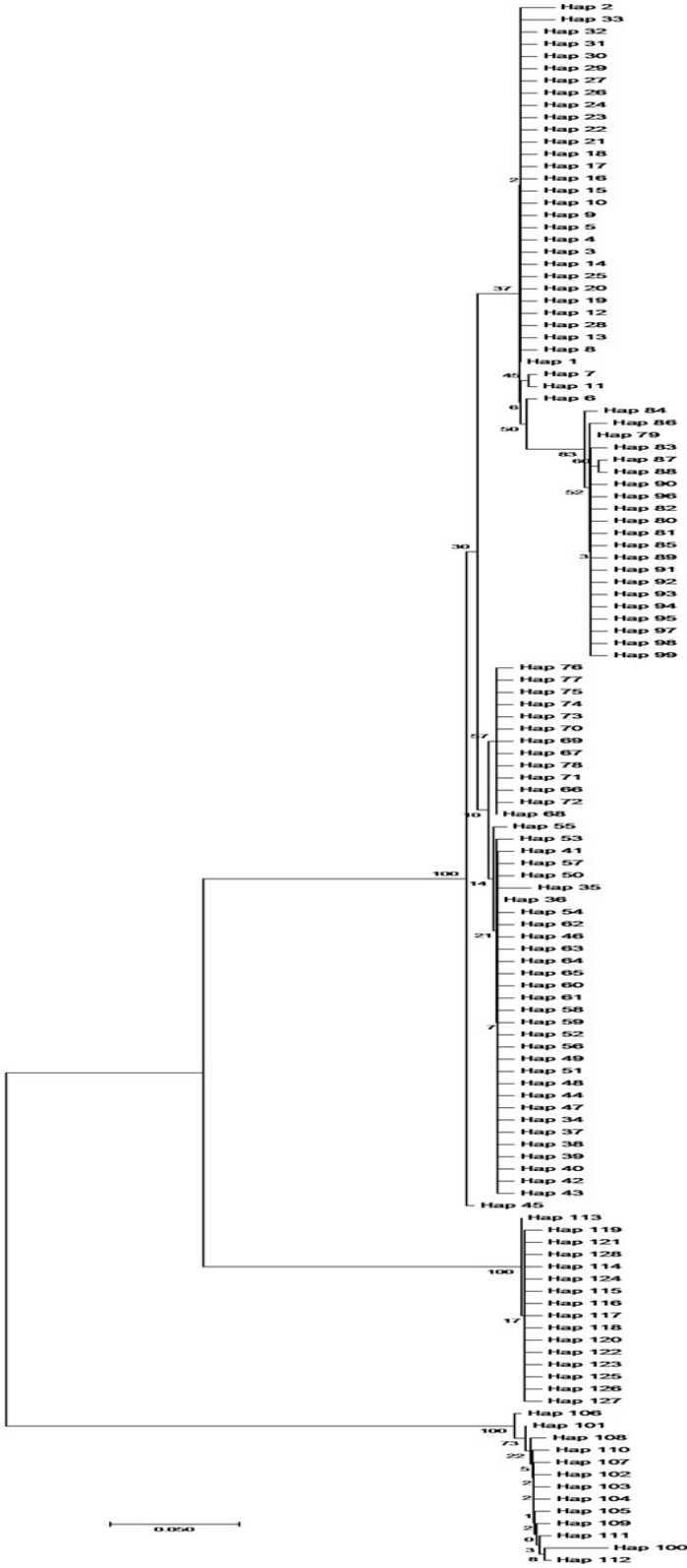
Şekil 4.8 de ise komşu katılımlı soy ağacına göre de *P. cataphractum* ve *D. volitans*’ın haplotip çeşitliliği bakımından ayrı olarak gruplandığı görülürken, *C. cuculus* ve *C. lucernus*’un aynı kolda bulunarak bu türlere en yakın olarak *E. gurnardus* belirlenmiştir. *L. cavillone* ve *L. dieuzeideidei* türlerinin ise aynı kolda yine ayrı olarak gruplandığı ve bu türlere

yakın olarak diğer bir kolda gruplanan *T. lyra* ve *T. lastoviza* türlerinin bulunduğu görülmektedir.

T. lastoviza, *T. lyra*, *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türleri için ise, Hap6'nın bu dört tür için ortak haplotip olduğu görülmüştür (Şekil 4.8). Haplotip çeşitliliği komşu katılımlı soyağacı içinde; Şekil 4.7 deki sonuçlara benzer olarak, *P. cataphractum* da; Hap113-Hap128, *D. volitans* da; Hap100-Hap112, *E. gurnardus* da; Hap66-Hap78, *T. lyra* ve *T. lastoviza* da; Hap1-Hap33, *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* de; Hap79-Hap99, *C. cuculus* ve *C. lucerna* da; Hap34-Hap65 olarak belirlenmiştir.



Şekil 4.7. Maximum tutarlılık metoduna göre haplotiplerin filogenetik ağaç üzerinde görünümü. İlişkili taksonlar her bir dalda 1000 defa tekrarlanmıştır.

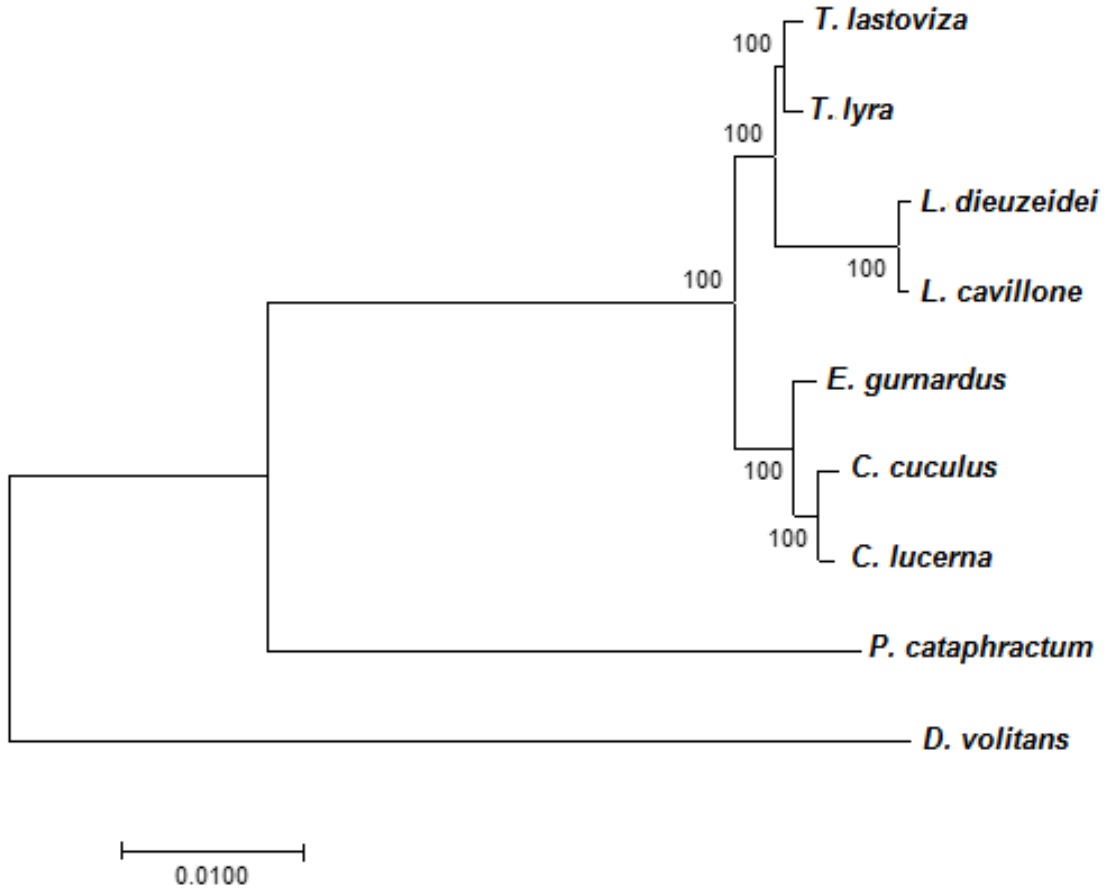


Şekil 4.8. Komşu katımlı metoduna göre haplotiplerin filogenetik ağaç üzerinde görünümü. İlişkili taksonlar her bir dalda 1000 defa tekrarlanmıştır.

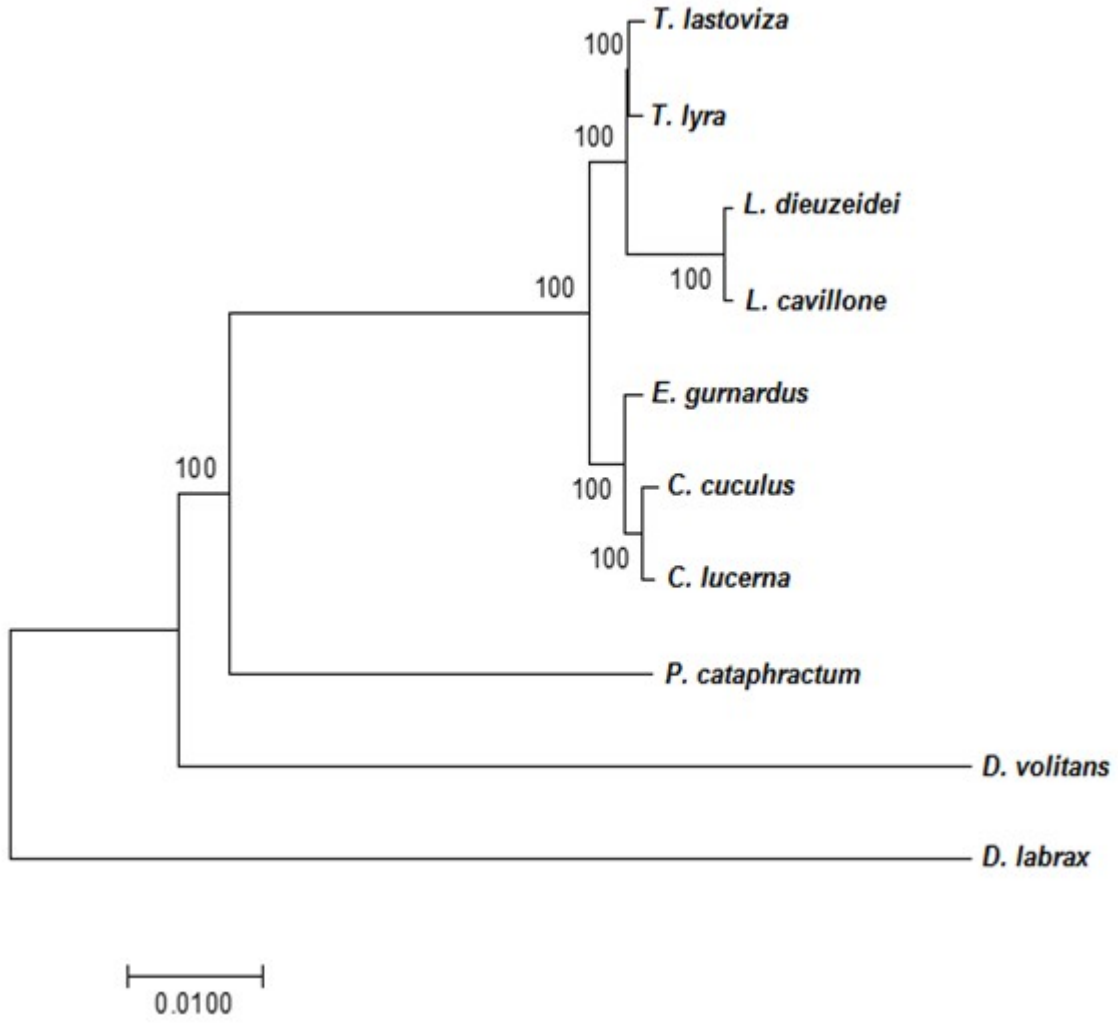
Şekil 4.9'da komşu katılımlı soyağacında görüldüğü gibi 16S rRNA analizleri sonucunda Triglidae familyası türlerinin cinsler düzeyinde birlikte gruplandığı dikkat çekmektedir. *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türleri birlikte gruplanırken bu türlere en yakın gruplanan türler ise *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* türleri olmuştur. Triglidae familyası *Chelidonichthys* cinsi türleri *C. cuculus* ve *C. lucerna* yine birbirlerine yakın gruplanırken *E. gurnardus* türü de bu gruba yakın bulunmuştur. *P. cataphractum* ve *D. volitans* türlerinin birbirinden ve diğer türlerden ayrı olarak gruplandığı ve bu durumda familya düzeyindeki beklenen farklılıktan kaynaklandığı görülmektedir.

Perciformes takımından Moronidae familyasından levrek, *Dicentrarchus labrax*'ın dış grup olarak kullanıldığı mtDNA 16S rRNA geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre de kırlangıç türlerinin yine ayrı olarak gruplandığı *D. labrax*'a genetik olarak en yakın *D. volitans*'ın ikinci olarak ise *P. cataphractum*'un yakın olduğu görülmüştür. *Chelidonichthys* cinsi türler olan; *C. cuculus* ve *C. lucerna*'ya en yakın *E. gurnardus* olurken, ayrı bir dalda gruplanan *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* ise yine ayrı olarak gruplanan Lepidotrigla cinsi türler; *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei*'ye daha yakın bulunmuştur (Şekil 4.10).

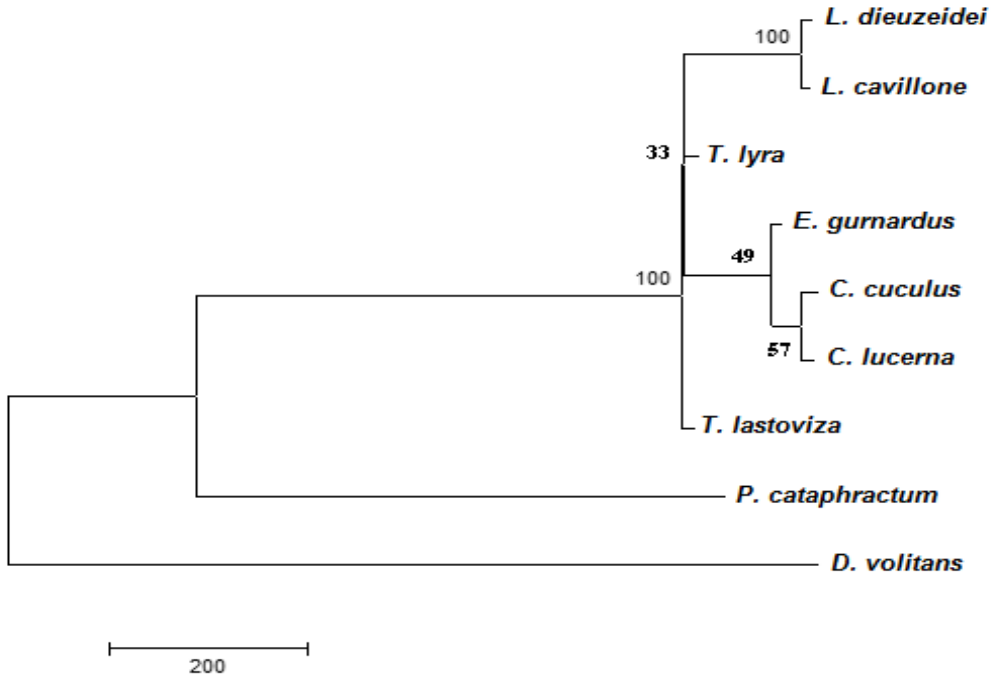
Şekil 4.11 ve Şekil 4.12'de verilen maksimum tutarlılık metoduna göre de oluşturulan filogenetik ağaçlar ile komşu katılımlı ağaçtaki sonuçlara benzer sonuçların elde edildiği görülmektedir (Şekil 4.11 ve Şekil 4.12).



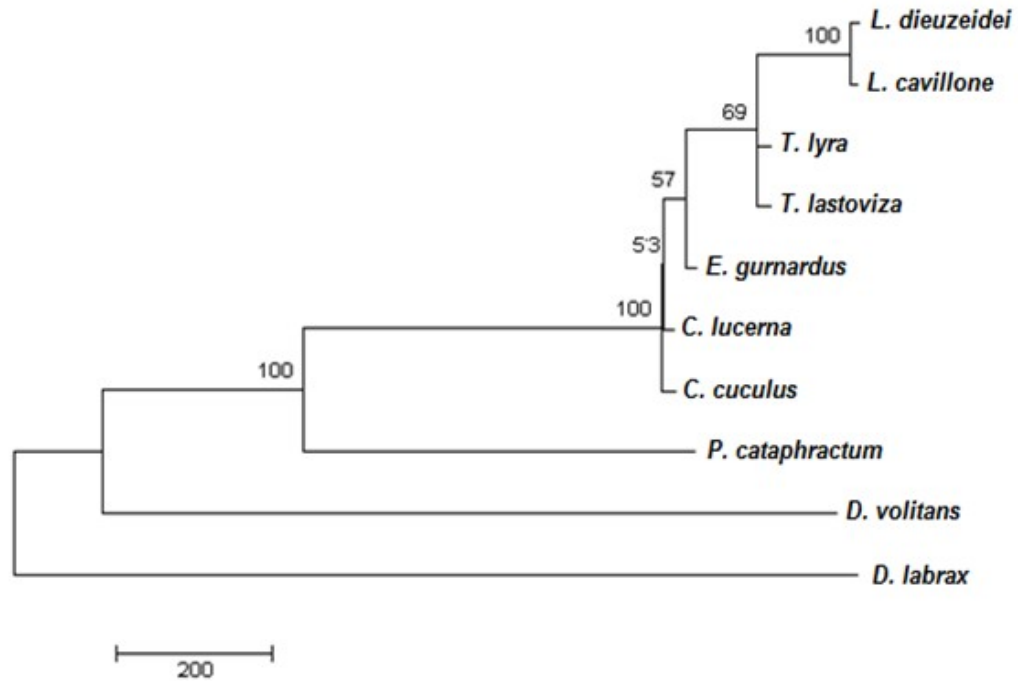
Şekil 4.9. MtDNA 16S rRNA geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.



Şekil 4.10. MtDNA 16S rRNA geni komşu katımlı soyağacı metoduna göre dış grup kullanılarak kırlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.



Şekil 4.11. MtDNA 16S rRNA geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre kirlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.



Şekil 4.12. MtDNA 16S rRNA geni maksimum tutarlılık soyağacı metoduna göre dış grup kullanılarak kirlangıç türlerinin filogenetik ilişkisi.

4.2 Kırlangıç Türleri Morfolojik-Sistematik Analizi

Kırlangıçlara ait dokuz türün morfolojik-sistematik ilişkilerinin belirlenmesinde morfometrik ve meristik karakterler birlikte kullanılmıştır. Çalışmada 13 meristik ve 27 morfometrik karakter morfolojik analizde kullanılmış meristik karakterlerin türlerde gösterdiği değişim aralıkları Tablo 4.16'da verilmiştir. Morfolojik-sistematik analizde her bir tür için farklı sayılarda toplamda 502 örnek kullanılmıştır (Tablo 4.16).

Tablo 4.16. Morfolojik-sistematik analizde kullanılan verilerin türlere göre değişim aralıkları.

Tür	Örnek sayısı														BUD
		D1IS	D2IS	AS	PS	VIS	KIS	SDS	OS	LL	SPI	DOIS	ODS	AOIS	
<i>C. lucerna</i>	70	9	15-18	13-17	9-11	6	12-19	7-11	29-36	59-64	3	22-26	3	2-8	-
<i>T. lastoviza</i>	88	9-11	13-20	12-17	9-11	5-6	10-18	5-12	28-35	50-72	3	20-28	3	0	-
<i>C. cuculus</i>	65	9-10	14-21	14-18	9-13	5-6	8-18	7-12	28-35	42-75	3	16-28	3	0-7	-
<i>T. lyra</i>	42	9	16-17	14-17	12	6	14-21	9-14	25-33	-	3	22-27	3	0-5	-
<i>L. dieuzeidei</i>	50	9	14-16	14-16	10	6	10-19	6-8	24-33	37-57	3	21-24	3	0-3	-
<i>L. cavillone</i>	56	9-10	15-17	13-16	11	6	12-17	5-10	29-35	52-59	3	20-24	3	1-3	Var
<i>E. gurnardus</i>	40	7-8	18-19	19-20	10	6	17-18	11-13	37-38	-	3	-	2	4-6	-
<i>P. cataphractum</i>	43	7	18	27-29	10	6	12-14	15-17	29-32	-	3	-	2	4-6	-
<i>D. volitans</i>	48	6-7	8-10	6	5-7	4-6	10-12	10	19-22	-	-	24-28	0	-	-

Morfometrik ve meristik verilerin analizinde Kümeler arası korelasyon analizi (KKA) ve Ana Bileşenler Analizi (ABA) metotları kullanılmıştır. Ayrıca en yakın komşu katılım kümeleştirme metoduna göre türler arasındaki hiyerarşik ilişki ortaya koyulmuştur. (Tablo 4.17).

Tablo 4.17. Kümeler arası korelasyon analizinde (KKA) türlerin ayrılıklarında rol oynayan morfolojik karakterlerin önemlilik durumları.

Karakterler	Wilks' Lambda	F değeri	KKA 1	KKA 2	Önemlilik Derecesi
1-2	0.158	317.828	8	478	0.000
2-13	0.282	152.169	8	478	0.000
1-13	0.181	270.518	8	478	0.000
2-3	0.127	412.570	8	478	0.000
3-12	0.230	200.124	8	478	0.000
12-13	0.226	204.991	8	478	0.000
3-13	0.282	152.469	8	478	0.000
2-12	0.289	147.201	8	478	0.000
3-4	0.123	427.825	8	478	0.000
4-11	0.216	216.600	8	478	0.000
11-12	0.344	114.045	8	478	0.000
3-11	0.221	210.913	8	478	0.000
4-12	0.181	269.791	8	478	0.000
4-5	0.481	64.558	8	478	0.000
5-11	0.209	226.574	8	478	0.000
5-6	0.177	277.991	8	478	0.000
6-10	0.207	229.388	8	478	0.000
10-11	0.219	212.605	8	478	0.000
5-10	0.219	213.446	8	478	0.000
6-11	0.268	162.873	8	478	0.000
6-7	0.450	73.042	8	478	0.000
7-9	0.195	247.118	8	478	0.000
9-10	0.486	63.183	8	478	0.000
6-9	0.384	95.950	8	478	0.000
7-10	0.529	53.158	8	478	0.000
7-8	0.312	131.451	8	478	0.000
8-9	0.409	86.186	8	478	0.000
TB	0.820	13.132	8	478	0.000
GÇ	0.660	30.848	8	478	0.000
GAM	0.614	37.634	8	478	0.000
BG	0.800	14.982	8	478	0.000
BY	0.386	95.049	8	478	0.000
BU	0.541	50.661	8	478	0.000
D1YU	0.321	126.392	8	478	0.000
PYU	0.190	255.395	8	478	0.000
RSD	0.008	7540.000	8	478	0.000
OSDU	0.653	31.785	8	478	0.000
VYIU	0.295	142.886	8	478	0.000
VYSIU	0.677	28.491	8	478	0.000
D1IS	0.059	946.524	8	478	0.000
D2IS	0.093	582.993	8	478	0.000
AIS	0.032	1799.000	8	478	0.000
PIS	0.071	783.431	8	478	0.000
VIS	0.591	41.333	8	478	0.000
KIS	0.471	67.218	8	478	0.000
SDS	0.188	258.047	8	478	0.000
OS	0.157	321.779	8	478	0.000
LL	0.031	1864.000	8	478	0.000
DOIS	0.014	4300.000	8	478	0.000
AÖIS	0.161	312.053	8	478	0.000

Kümeler arası korelasyon analizine (KKA) göre birinci ana bileşen, toplam varyasyonun %51,3'ünü, ikinci ana bileşenin ise toplam varyasyonun yaklaşık %20'sini ifade ettiği görülmüştür (Tablo 4.18).

Tablo 4.18. Kümeler arası korelasyon (KKA) analizi sonucu elde edilen ana bileşenlerin içerdiği varyansın dağılımı.

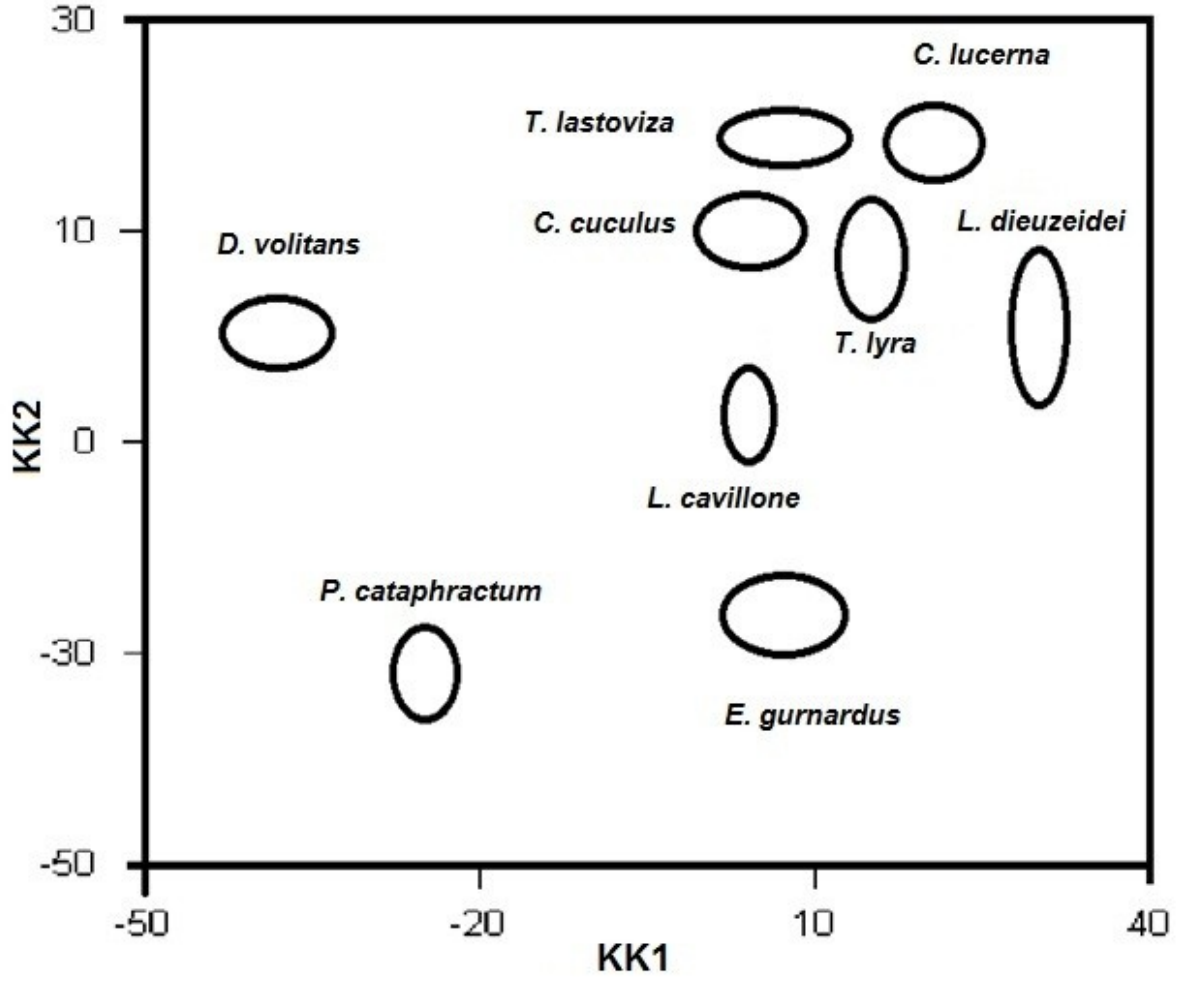
Fonksiyon	Eigen	%	%	Korelasyo
KK1	336.435	51.3	51.3	0.999
KK2	129.962	19.8	71.1	0.996
KK3	117.851	18	89.1	0.996
KK4	37.22	5.7	94.7	0.987
KK5	14.591	2.2	97	0.967
KK6	9.127	1.4	98.4	0.949
KK7	6.946	1.1	99.4	0.935
KK8	3.837	0.6	100	0.891

Kümeler arası korelasyon analizinde türleri birbirinden ayırt eden karakterlerin önemlilik düzeyleri incelendiğinde birinci ana bileşende burun ucu uzantısı durumunun öncelikli olarak rol aldığını görülmüştür (Tablo 4.19). İkinci ana bileşende anüs yüzgeci ışın sayısının, etkili olduğu 3. ana bileşende ise 1. sırt yüzgeci ışın sayısı, 1. sırt yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, 2. sırt yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, anüs yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, 2. sırt yüzgeci başlangıcı ile anüs yüzgecinin sonu arasındaki mesafe gibi karakterlerin etkili olduğu gözlenmiştir. Kümeler arası korelasyon analizinde her türün kendi grubuna doğru olarak sınıflandırmada, örneklerin toplamının % 100'nün kendi grubuna doğru olarak sınıflandırılmış olduğu tespit edilmiştir.

Kırlangıç türleri arasındaki morfolojik farklılıklar Kümeler arası korelasyon analizinde birinci ve ikinci ana bileşen kullanarak grafiksel olarak Şekil 4.13'te verilmiştir.

Tablo 4.19. Kümeler arası korelasyon (KKA) analizinde türlerin ayırımında rol oynayan morfolojik karakterlerin ana bileşenlere göre dağılımı.

Karakterler	Ana Bileşenler							
	KKA1	KKA2	KKA3	KKA4	KKA5	KKA6	KKA7	KKA8
RSD	0.566(*)	0.369	-0.039	0.067	-0.027	0.052	-0.202	0.091
DOIS	0.279	-0.478	0.350	-0.027	-0.115	0.272	-0.336	0.038
AIS	-0.224	0.279(*)	0.070	-0.253	-0.068	0.022	0.044	-0.105
D1IS	0.047	0.016	0.354(*)	0.041	-0.026	-0.030	-0.023	-0.242
3-4	0.052	-0.012	0.212(*)	0.141	-0.046	-0.090	0.089	0.005
5-6	-0.026	0.109	0.143(*)	0.009	0.132	-0.128	0.026	0.112
10-11	-0.023	0.091	0.132(*)	0.048	0.076	-0.086	0.034	-0.089
5-10	0.009	0.109	0.119(*)	0.032	0.078	-0.090	0.098	0.102
LL	0.166	0.062	0.300	-0.523	0.123	0.015	0.238	-0.026
OSDU	-0.003	-0.036	0.016	0.081(*)	-0.029	0.068	0.067	0.010
AOIS	-0.085	0.055	-0.016	-0.044	0.308(*)	0.186	-0.268	0.156
2-3	0.052	-0.108	-0.168	0.012	0.243(*)	0.035	0.191	-0.068
KIS	-0.019	0.017	0.043	0.028	0.203(*)	0.004	0.017	0.169
OS	-0.023	0.166	0.088	0.008	0.195(*)	-0.091	-0.102	0.058
D1YU	0.025	-0.025	0.111	0.037	-0.146	0.030	0.013	-0.015
6-9	0.040	0.000	-0.076	-0.049	-0.123	0.091	-0.009	0.008
4-5	0.020	0.024	-0.070	0.037	0.120*	0.045	0.007	0.042
7-8	0.067	0.003	0.010	0.098	-0.107	0.095	0.086	0.041
7-10	0.014	-0.010	-0.072	-0.026	-0.101	0.051	0.003	0.038
8-9	0.053	0.001	0.016	0.084	-0.094	0.033	0.088	0.079
9-10	0.004	-0.027	-0.074	-0.059	-0.092	0.041	-0.067	0.034
1-13	-0.099	0.027	-0.018	-0.036	-0.118	0.304(*)	-0.031	0.031
1-2	-0.093	0.072	0.049	0.028	-0.208	0.260(*)	0.113	0.156
7-9	0.081	0.069	0.040	0.088	0.050	0.253(*)	0.161	-0.048
PYU	0.070	-0.129	-0.024	0.053	0.053	-0.141	0.106	-0.073
GAM	0.011	0.011	-0.043	-0.052	-0.040	0.120(*)	0.113	0.042
VYSIU	0.017	0.006	0.039	0.038	-0.014	0.114(*)	0.051	-0.004
BU	-0.041	0.031	0.000	-0.013	-0.056	0.104(*)	-0.032	-0.045
VIS	-0.020	0.037	0.047	0.010	0.040	0.099(*)	-0.020	0.012
BG	0.016	-0.021	-0.013	-0.021	0.009	0.076(*)	0.043	-0.051
TB	0.020	-0.016	0.017	-0.002	-0.014	0.037(*)	0.012	0.025
3-12	0.000	0.088	0.043	0.156	-0.032	0.095	0.378(*)	0.177
3-13	0.026	0.006	-0.075	0.118	0.038	0.113	0.366(*)	0.132
5-11	0.035	0.113	0.012	0.125	-0.091	0.070	0.351(*)	0.143
2-12	0.025	0.007	-0.067	0.114	-0.136	0.030	0.350(*)	0.164
4-11	0.041	0.111	-0.017	0.114	-0.043	0.073	0.325(*)	0.180
4-12	0.039	0.055	0.117	0.177	0.000	0.100	0.318(*)	0.089
6-10	0.076	0.045	-0.061	0.088	-0.135	0.166	0.231(*)	0.073
6-11	-0.020	0.087	0.102	0.075	0.050	-0.050	0.130(*)	-0.019
BY	0.015	0.015	0.094	0.092	-0.006	0.044	0.117(*)	0.080
6-7	0.022	-0.016	-0.075	-0.073	-0.085	-0.017	-0.092	-0.009
PIS	-0.085	0.061	0.268	0.135	0.190	0.097	-0.080	-0.322(*)
2-13	-0.020	0.077	0.029	0.105	-0.149	0.092	0.254	0.272(*)
3-11	0.053	0.062	0.087	0.127	0.029	-0.078	0.196	0.257(*)
GÇ	0.003	0.001	0.000	0.012	-0.125	0.081	-0.011	0.239(*)
12-13	0.053	-0.084	-0.099	0.000	0.082	-0.070	0.121	-0.217
D2IS	-0.079	0.178	0.151	-0.057	0.143	-0.005	-0.188	0.211(*)
11-12	0.053	-0.007	0.058	0.053	0.151	-0.034	-0.039	0.156(*)
SDS	-0.084	0.026	-0.079	-0.148	0.047	-0.122	-0.091	0.155(*)
VYIU	0.030	0.010	0.120	0.076	0.039	-0.068	-0.011	0.152(*)



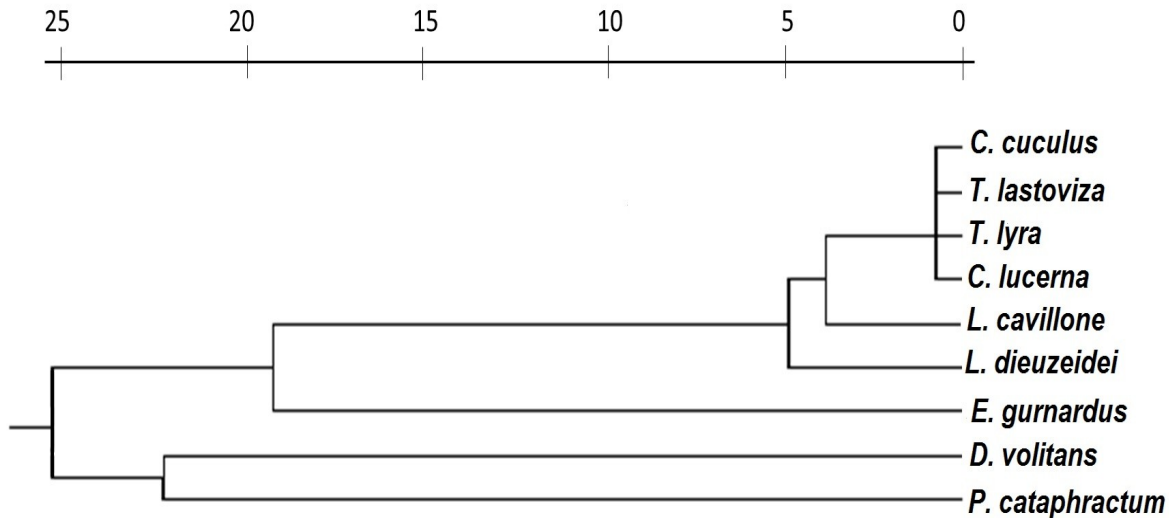
Şekil 4.13. Kümeler arası korelasyon analizi sonucu türler arası morfometrik ilişkiyi gösteren grafik. Türleri çevreleyen elipsler % 95'lik güven sınırı aralığını göstermektedir.

Öklid uzaklık hesaplamasına göre en yakın komşu katılım kümeleştirme metoduna göre türler arasındaki ilişki ortaya konmuştur. Analize göre en uzak ilişkiyi gösteren iki türün (354,584) Dactylopteridae familyası mensubu olan *D. volitans* ve Triglidae familyası mensubu olan *L. dieuzeidei* olduğu, en yakın ilişkiyi ise (15,742) aynı familyaya dahil (Triglidae) *T. lastoviza* ve *C. cuculus* türlerinin gösterdiği tespit edilmiştir (Tablo 4.20).

Türler	<i>C. cuculus</i>	<i>C. lucernus</i>	<i>T. lastoviza</i>	<i>E. gurnardus</i>	<i>L. cavillone</i>	<i>T. lyra</i>	<i>D. volitans</i>	<i>L. dieuzeidei</i>	<i>P. cataphractum</i>
<i>C. cuculus</i>	-								
<i>C. lucernus</i>	27,781	-							
<i>T. lastoviza</i>	15,742	21,018	-						
<i>E. gurnardus</i>	194,758	201,251	198,804	-					
<i>L. cavillone</i>	51,005	62,882	57,318	154,892	-				
<i>T. lyra</i>	17,158	22,136	16,552	187,799	45,72	-			
<i>D. volitans</i>	294,241	319,448	303,893	324,792	282,909	303,459	-		
<i>L. dieuzeidei</i>	67,259	47,446	59,077	196,657	86,74	57,91	354,584	-	
<i>P. cataphractum</i>	273,455	294,906	283,022	204,722	237,448	275,424	177,708	317,355	-

Tablo 4.20. Öklid uzaklık hesaplaması metoduna göre türler arası morfolojik uzaklık değerleri.

Öklid uzaklık hesaplamasına göre en yakın komşu katılım kümeleştirme metoduna göre türler arasındaki hiyerarşik ilişkiyi gösteren dendrogram elde edilmiştir (Şekil 4.5). Dendrogram görüntülemesinde *C. cuculus*, *T. lastoviza*, *T. lyra*, *C. lucerna* türlerinin birinci derecede yakınlık gösterdiği ve birlikte gruplandığı, ikincil olarak bu türlere önce *L. cavillone*'nin sonra *L. dieuzeidei* türünün daha sonrada *E. gurnardus* türünün yakınlık gösterdiği anlaşılmıştır. *D. volitans* ve *P. cataphractum* türünün ise tüm türlerden ve birbirlerinden daha uzak ilişki gösterdiği tespit edilmiştir (Şekil 4.14).



Şekil 4.14. En yakın komşu katımlı kümeleştirme metoduna göre türler arasındaki hiyerarşik ilişkiyi gösteren soyağacı.



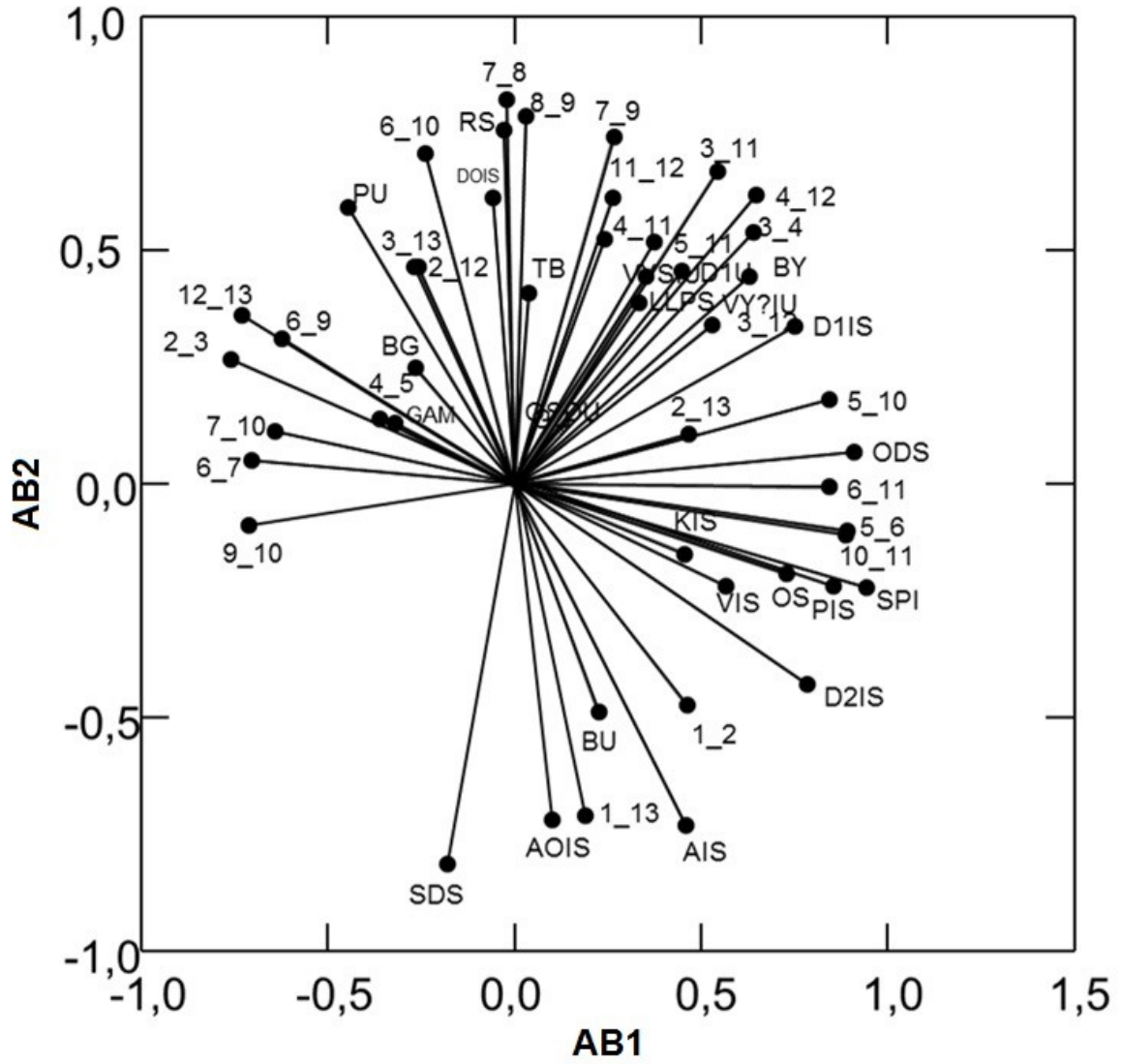
Ana Bileşenler Analizine (ABA) göre birinci ana bileşen, toplam varyasyonun %28'ini, ikinci ana bileşenin ise toplam varyasyonun %21'ini ifade ettiği görülmüştür (Tablo 4.21). Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu elde edilen sekiz ana bileşen değerlerinin türlerin ayırımında etkili olan morfolojik karakterlerin önemlilik seviyeleri incelenmesinde ve birinci ve ikinci ana bileşenlerinin grafiklendirilmesi ile görüntülenmesinde (Tablo 4.22 ve Şekil 4.15.) serbest göğüs yüzgeci ışın sayısı, solungaç kapağı diken sayısı, 2. sırt yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, anüs yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, göğüs yüzgeci ışın sayısı gibi morfolojik karakterlerin türler arasındaki farklılaşmada öncelikli olarak rol oynadığı ortaya koyulmuştur.

Tablo 4.21. Ana Bileşenler Analizine (ABA) göre elde edilen ana bileşenlerin içerdiği varyansın dağılımı.

Ana bileşenler	Toplam	% Varyans	% Toplam
1	15.064	28.970	28.970
2	11.083	21.314	50.284
3	6.332	12.177	62.460
4	3.216	6.184	68.645
5	2.697	5.186	73.831
6	1.970	3.788	77.619
7	1.233	2.372	79.991
8	1.000	1.924	81.915
9	0.947	1.822	83.736
10	0.842	1.619	85.356
11	0.751	1.444	86.800
12	0.744	1.431	88.231
13	0.627	1.206	89.437
14	0.552	1.062	90.499
15	0.500	0.961	91.460
16	0.467	0.897	92.358
17	0.426	0.819	93.176
18	0.389	0.747	93.923
19	0.320	0.616	94.539
20	0.290	0.559	95.098
21	0.272	0.522	95.620
22	0.240	0.462	96.082
23	0.224	0.432	96.513
24	0.208	0.400	96.913
25	0.192	0.368	97.281
26	0.168	0.323	97.604
27	0.157	0.302	97.906
28	0.142	0.273	98.178
29	0.117	0.225	98.403
30	0.112	0.215	98.618
31	0.101	0.195	98.813
32	0.083	0.160	98.973
33	0.070	0.134	99.107
34	0.067	0.129	99.236
35	0.057	0.109	99.345
36	0.050	0.097	99.442
37	0.041	0.079	99.522
38	0.038	0.074	99.596
39	0.031	0.060	99.656
40	0.030	0.058	99.714
41	0.028	0.053	99.768
42	0.023	0.045	99.812
43	0.021	0.040	99.852
44	0.018	0.035	99.888
45	0.017	0.032	99.920
46	0.014	0.027	99.947
47	0.010	0.020	99.967
48	0.007	0.013	99.980
49	0.005	0.009	99.989
50	0.003	0.006	99.995

Tablo 4.22. Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu elde edilen sekiz ana bileşen değerlerinin türlerin ayırımında etkili olan morfolojik karakterlerin önemlilik seviyeleri.

	Ana Bileşenler							
	AB1	AB2	AB3	AB4	AB5	AB6	AB7	AB8
SPI	0.944	-0.223	0.023	0.006	0.128	-0.022	0.104	0.051
ODS	0.911	0.069	-0.244	0.095	0.116	-0.088	0.159	0.091
5-6	0.889	-0.106	0.052	-0.228	0.049	-0.001	-0.164	0.131
10-11	0.876	-0.099	-0.054	-0.133	0.014	0.007	-0.082	-0.007
PIS	0.856	-0.219	-0.194	0.078	-0.141	0.007	0.155	0.127
5-10	0.844	0.179	0.124	-0.281	0.144	-0.005	-0.208	-0.082
6-11	0.842	-0.009	0.212	-0.061	-0.066	-0.029	-0.105	0.268
D2IS	0.786	-0.430	0.154	-0.147	0.218	0.051	0.070	-0.031
2-3	-0.759	0.267	0.022	-0.214	-0.288	0.288	-0.037	0.202
D1IS	0.752	0.338	-0.426	0.092	0.119	-0.177	0.034	0.086
12-13	-0.728	0.359	-0.135	-0.176	-0.227	0.065	-0.124	0.179
OS	0.724	-0.191	0.200	-0.334	0.278	0.168	0.009	-0.027
9-10	-0.711	-0.089	0.206	0.169	0.268	-0.195	0.212	0.211
6-7	-0.704	0.050	0.049	-0.036	0.480	-0.138	0.138	-0.230
4-12	0.649	0.617	0.210	0.039	-0.192	-0.007	0.062	0.040
BY	0.644	0.454	-0.098	0.362	-0.041	0.236	-0.081	-0.048
7-10	-0.642	0.113	0.391	0.138	0.241	-0.191	0.22	0.241
3-4	0.641	0.537	-0.362	0.118	-0.13	-0.179	-0.012	-0.027
6-9	-0.62	0.309	0.244	0.018	0.483	-0.130	0.193	-0.189
VYIU	0.619	0.438	-0.330	0.024	-0.085	-0.002	0.05	-0.169
VIS	0.566	-0.219	0.042	0.037	0.021	0.181	0.487	0.105
KIS	0.459	-0.149	-0.055	-0.292	-0.188	0.426	0.258	0.072
7-8	-0.022	0.821	0.150	0.077	0.076	-0.132	0.125	-0.038
SDS	-0.180	-0.814	0.217	-0.103	0.020	0.018	-0.211	-0.098
8-9	0.032	0.785	0.135	0.079	0.025	-0.148	0.147	-0.017
RSD	-0.025	0.765	0.118	-0.322	0.392	0.015	0.013	-0.089
7-9	0.266	0.742	0.301	-0.172	0.170	0.034	0.158	0.121
AIS	0.463	-0.739	0.332	0.023	0.196	0.014	-0.028	0.048
1-13	0.102	-0.719	0.328	0.438	-0.025	-0.025	0.123	0.048
AOIS	0.192	-0.711	0.091	-0.180	0.052	0.385	0.219	-0.060
6-10	-0.239	0.705	0.547	0.030	0.183	-0.037	0.113	0.015
3-11	0.546	0.670	0.195	-0.189	-0.061	0.006	-0.087	-0.169
11-12	0.264	0.614	-0.316	-0.341	-0.01	0.206	0.047	-0.251
PYU	-0.449	0.597	-0.447	0.082	-0.194	0.138	-0.156	0.047
BU	0.226	-0.489	0.271	0.475	0.207	0.164	-0.243	-0.069
1-2	0.460	-0.474	0.457	0.471	-0.078	-0.141	0.063	-0.041
VYSIU	0.354	0.447	0.002	0.314	0.216	0.274	0.017	0.056
4-11	0.243	0.524	0.754	-0.165	0.036	0.057	-0.071	-0.067
2-13	0.476	0.109	0.742	0.281	-0.162	-0.174	-0.043	-0.029
5-11	0.376	0.517	0.727	-0.060	0.025	-0.06	-0.108	0.012
3-12	0.546	0.348	0.667	0.055	-0.253	0.020	0.016	0.057
DOIS	-0.058	0.611	-0.667	0.168	0.008	-0.131	0.097	0.100
2-12	-0.264	0.466	0.661	0.172	-0.345	-0.114	-0.096	0.055
3-13	-0.257	0.465	0.613	-0.021	-0.449	0.167	0.000	0.111
GÇ	-0.004	0.142	0.176	0.616	0.150	0.26	-0.043	-0.353
D1 Uz	0.449	0.455	-0.408	0.487	0.083	-0.072	-0.009	-0.064
TB	0.038	0.400	-0.271	0.409	0.239	0.379	-0.285	0.005
LL	0.335	0.386	-0.349	-0.158	0.538	-0.053	-0.052	0.266
OSDU	0.009	0.148	-0.267	0.385	-0.512	0.180	0.398	-0.164
BG	-0.266	0.249	-0.129	0.319	0.208	0.490	-0.060	0.294
4-5	-0.359	0.139	0.314	-0.397	0.000	0.478	0.168	-0.182
GAM	-0.320	0.129	0.288	0.268	0.398	0.455	-0.046	0.173



Şekil 4.15. Ana Bileşenler Analizine (ABA) göre türler arası farklılaşmada rol alan morfolojik karakterlerin önemlilik düzeylerinin birinci ve ikinci ana bileşenlerinin grafiklendirilmesi. Vektör uzunluğu simgelediği özelliğin etkinlik derecesini göstermektedir.

4.3 *Chelidonichthys lucerna*'nın Populasyon Genetiği Analizi

4.3.1 Genetik Bulgular

Çoğaltılan mtDNA 16S rRNA bölgelerinin DNA dizileme reaksiyonlarının yapılması için ekstrakte edilen DNA'lar Ankara'da bulunan BM Laboratuvar Hizmetleri firmasına gönderilmiştir. DNA dizilerinin görsel olarak gözden geçirilmesi için BioEdit programı kullanılmıştır (Hall, 1999). DNA dizilerinin kirlilik düzeyine bakılarak istenilen saflık düzeyinde olan dizilerde gerekli analiz işlemleri yapılarak diziler işlenmiştir. Dizi hizalaması için Clustal W programı kullanıldı. Kopyalanan diziler Clustal W programına yapıştırılarak dizi hizalaması gerçekleştirilmiştir. (Thompson vd., 1994).

Dizileri hizalanan *C. lucerna* populasyonlarının Nei (1978) ve Nei ve Tajima (1981)'ya göre genetik çeşitlilik ve genetik uzaklık verileri kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın derecesi belirlenmiştir. Elde edilen verilerden Neighbor-Joining metodu kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılık belirlenmiştir. Yapılan model test sonucu en iyi model Jukes-Cantor modeli bulunmuştur (Jukes ve Cantor, 1969).

Analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 809 bç olarak saptanmıştır. Dizi analizi sonucunda elde edilen nükleotid kompozisyonu Tablo 4.23'de verilmiştir. Yapılan analizlerde T bazının oranı % 21.5 olarak, C bazının oranı % 26.6 olarak, A bazının oranı % 31.4 olarak, G bazının oranı ise % 20.5 olarak belirlenmiştir.

Tablo 4.23. Çalışmada kullanılan 809 baz çifti uzunluğundaki 16S rRNA geninin ortalama nükleotid kompozisyonu (%).

Bazlar	Ortalama (%)
T	21.5
C	26.6
A	31.4
G	20.5

DNA dizinin analizi yapılarında gösterilen 809 bç'lik bölgesi çalışılan 16S rRNA geninin 796 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 13 bç'lik kısmı ise populasyonlar arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 6 bç'lik bölge ise populasyonlar arasında parsimoni anlamlı bölge (belirteç) görevi görmüştür (Tablo 4.24).

Tablo 4.24. *C. lucerna* populasyonlarındaki 16S rRNA geni nükleotid değişim (Substitüsyon) matrisi.

Bazlar	A	T/U	C	G
A	-	4.66	5.77	19.86
T	6.82	-	3.52	4.46
C	6.82	2.85	-	4.46
G	30.35	4.66	5.77	-

Nükleotid değişim (Substitüsyon) oranlarının maximum likelihood yöntemiyle belirlenmesinde Jukes-Cantor metodu kullanılmıştır (Tablo 4.25). Transisyonel substitüsyonlar koyu renkte, transversiyonel substitüsyonları ise italik olarak gösterilmiştir. Nükleotid değişim oranları bir bazdan diğerine substitüsyon geçiş ihtimalini temsil etmektedir. Transisyonel nükleotid değişim oranları A/G 30.35, (T/U)/C 2.85, C/(T/U) 3.85, G/A 19.86 olarak bulunmuştur. Nükleotid frekansları; A= %31,4, T/U= %21,5, C= %26,6 ve G= %20,5 şeklinde görülmektedir.

Tablo 4.25. *C. lucerna* populasyonları içindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değerleri.

Populasyon	Genetik Çeşitlilik Değeri
Karadeniz (KD2)	0.001411
Marmara Denizi (MD)	0.001858
Ege Denizi (ED)	0.001791
Akdeniz (AD3)	0.001817
Akdeniz (AD1)	0.000462

Tablo 4.25'de gözlemlendiği üzere en düşük genetik çeşitlilik İskenderun (AD1) populasyonunda görülmüştür. En yüksek genetik çeşitlilik ise Marmara populasyonunu takiben Antalya ve İzmir populasyonlarında gözlenmiştir.

Çalışmada incelenen beş populasyonda görüldüğü gibi DNA dizin analizi ile toplam 14 haplotip gözlenmiştir (Tablo 4.26). Haplotip çeşitliliği bakımından en yüksek haploid çeşitliliğini Karadeniz (Akçakoca), en düşük haploid çeşitliliğini ise Akdeniz (İskenderun Körfezi) populasyonu göstermiştir. Populasyonlar arası ortalama haploid çeşitliliği ise 0.7292 olarak bulunmuştur.

Yapılan çalışmada aynı zamanda *C. lucernus* populasyonlarının 809 bç'lik 16S rRNA sekansından elde edilen 13 değişken bölgeden 14 adet haplotip elde edilmiştir (Tablo 4.27).

Tablo 4.26. *C. lucerna* populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin frekansları ve populasyonlara göre dağılımı.

Haplotipler	Akçakoca	Marmara	İzmir	Antalya	İskenderun
Hap1	5	-	8	-	3
Hap2	10	12	6	14	20
Hap3	-	-	-	-	2
Hap4	6	-	-	-	-
Hap5	4	3	-	-	-
Hap6	-	2	-	-	-
Hap7	-	3	-	-	-
Hap8	-	2	-	-	-
Hap9	-	3	-	-	-
Hap10	-	-	5	-	-
Hap11	-	-	3	4	-
Hap12	-	-	3	-	-
Hap13	-	-	-	3	-
Hap14	-	-	-	4	-

Tablo 4.27. *C. lucerna* populasyonlarındaki 16S rRNA haplotiplerinin değişken nükleotid bölgeleri.

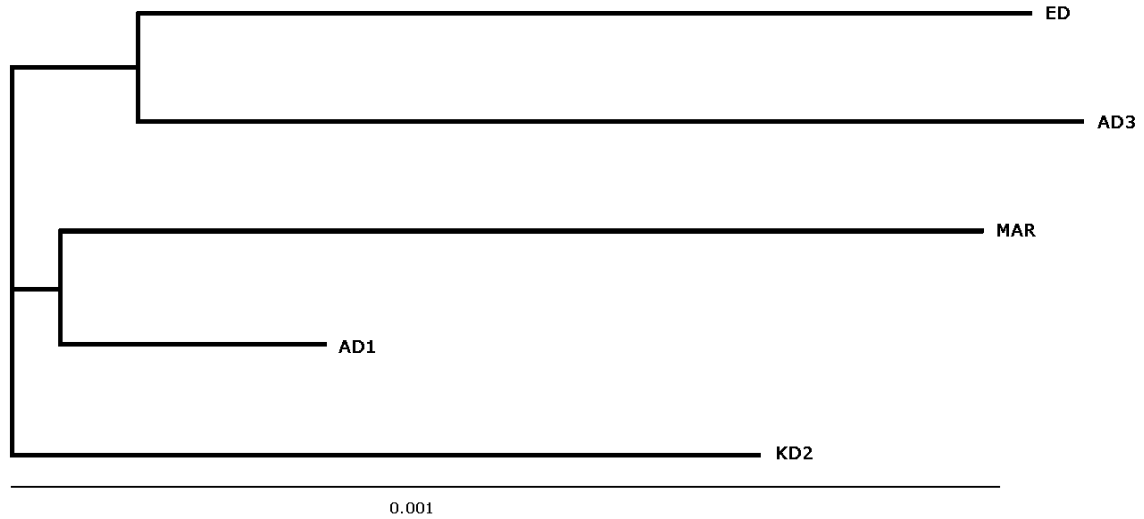
Haplotip kodu	Nükleotid Bölgesi
Hap1	CAACAGACAAAGA
Hap2	CATCAGACAAAGA
Hap3	CATCAGGCAAAGA
Hap4	CATCGGACAAAGA
Hap5	CAACAGACAAGGA
Hap6	TATCAGGCAAAGA
Hap7	CATTAGACAAAGA
Hap8	CATCAGACTAAGA
Hap9	CTACAGACAAAGA
Hap10	CATCAGACAAAAA
Hap11	CAACAGACAAAGG
Hap12	CATCAGAGAAAGG
Hap13	CAACAAACAAAGA
Hap14	CAACAGACAGAGG

Tablo 4.28'de populasyonlar arasındaki genetik farklılık düzeyleri gösterilmiştir. Buna göre Karadeniz (Akçakoca-KD2) ile Akdeniz (İskenderun Körfezi-AD1) populasyonları en az farklılaşma düzeyini göstermiştir. En yüksek genetik farklılaşma düzeyi Marmara Denizi (MD) ile Antalya (AD3) populasyonları arasında bulunmuştur. Tüm populasyonlar arasındaki ortalama genetik farklılık değeri 0.001601 olarak bulunmuştur.

Tablo 4.28. 16S rRNA geni için *C. lucerna* populasyonları arasındaki genetik farklılık düzeyleri. *, $P < 0.05$.

Populasyonlar	KD2	MD	ED	AD3	AD1
KD2	-				
MD	0.001720	-			
ED	0.001787	0.002017*	-		
AD3	0.001837	0.002067*	0.001857	-	
AD1	0.001081	0.001200	0.001355	0.001405	-

Şekil 4.16'da gösterildiği gibi populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin gösteriminde negatif branş uzunluğuna izin verilen komşu katılımlı soyağacı kullanılmıştır. Komşu katılımlı soyağacına göre, Akdeniz Antalya populasyonu (AD3) genetik olarak en farklı populasyon olarak görülmekte olup Ege Denizi populasyonu ile yakın ilişki göstermektedir. Marmara populasyonu ise Akdeniz İskenderun Körfezi populasyonu ile yakın ilişki göstermektedir. Karadeniz populasyonu ise bu populasyonlardan çok farklı bir ilişki göstermektedir (Şekil 4.16).



Şekil 4.16. MtDNA 16S rRNA geni komşu katılımlı metoduna *C. lucerna* populasyonlarının genetik ilişkisini gösteren filogenetik ağaç.

4.3.2 Morfolojik Bulgular

Chelidonichthys lucerna populasyonlarının morfolojik analizi için Doğu Akdeniz'i temsilen İskenderun Körfezi, Batı Akdeniz'i temsilen Antalya Körfezi, Ege Denizi'ni temsilen

İzmir Körfezi, Marmara Denizi'ni temsilen İstanbul, Karadeniz'i temsilen de Akçakoca'dan 25'er adet olmak üzere 5 popülasyondan toplam 125 adet birey kullanılmıştır.

Popülasyonların ayırımında kullanılan meristik karakterlerin değerleri Tablo 4.29'da verilmiştir. Tablo 4.29'e göre 1. sırt yüzgeci ışın sayısı, karın yüzgeci ışın sayısı, serbest göğüs yüzgeci ışın sayısı, solungaç kapağı diken sayısı tüm popülasyonlarda eşit çıkmıştır, bu da bu karakterlerin *C. lucerna* popülasyonlarının ayırımında etkili olmadığını göstermektedir.

Tablo 4.29. *C. lucerna* popülasyonlarının ayırımında kullanılan meristik karakterler ve minimum-maksimum değerleri.

Popülasyonlar	D1IS	D2IS	AIS	PIS	VIS	KIS	SDS	OS	LL	SPIS	DOIS	ODS	AOIS
Akçakoca (KD)	9	15-18	15-17	10	6	16-19	7-10	30-34	58-64	3	22-26	3	2-5
Marmara (MD)	9	15-18	13-17	11	6	12-17	7-11	31-35	59-62	3	22-26	3	2-8
İzmir (ED)	9	15-18	15-17	11	6	15-18	7-9	30-34	60-64	3	23-26	3	2-6
Antalya (AD3)	9	15-18	13-17	11	6	14-18	8-10	30-31	62-63	3	22-26	3	3-8
İskenderun AD1)	9	15-18	15-17	9-11	6	12-18	8-11	29-36	60-62	3	24-26	3	3-7

Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucunda birinci ana bileşen (AB1) örneklerin yaş ve boy farklılıklarından kaynaklı varyasyonu (allometri) taşıdığından analizlerde kullanılmamıştır. Popülasyonların ayırımında morfometrik ve meristik karakterlerin etkinlik derecelerine göre Ana Bileşenler Analizi (ABA) unsurlarına göre sıralanışı Tablo 4.30'da verilmiştir. Tablo 4.30'a göre, morfometrik karakterlerin meristik karakterlere göre popülasyonların ayırımında daha etkili oldukları gözlenmiş ve morfometrik karakterlerden vücut yüksekliği, karın yüzgeci başlangıcı ile anüs yüzgeci başlangıcı arasındaki mesafe, anüs yüzgeci uzunluğu, 2. sırt yüzgeci uzunluğu ölçümlerinin ayırımında daha etkili oldukları tespit edilmiştir. Popülasyonların ayırımında Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu varyansların ana bileşenlere göre dağılımı Tablo 4.31'de gösterilmiştir.

Tablo 4.30. Morfometrik ve meristik karakterlerin etkinlik derecelerine göre, Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu sıralanışı.

Değişkenler	AB2	AB3	AB4	AB5	AB6	AB7	AB8
6-9	0.147	-0.216	-0.176	0.110	0.181	0.265	-0.072
6-7	0.202	-0.258	-0.311	0.114	0.075	0.156	-0.033
6-10	0.257	-0.134	-0.159	0.336	0.091	0.077	0.025
7-10	-0.141	-0.301	-0.226	0.389	-0.203	-0.202	0.161
9-10	-0.112	-0.366	-0.245	0.401	-0.163	-0.176	0.094
7-9	-0.264	0.093	0.185	0.344	-0.023	0.263	0.051
1-2	-0.057	-0.101	0.068	0.209	0.013	0.069	-0.210
3-13	0.137	0.443	-0.201	0.445	-0.296	-0.063	-0.099
BG	0.225	-0.278	0.154	0.058	0.286	-0.087	-0.013
ODU	0.359	-0.323	-0.129	-0.046	-0.271	0.031	0.224
2-13	0.123	0.103	-0.282	0.336	-0.074	0.292	-0.045
GC	0.047	-0.368	0.135	0.381	0.226	0.175	0.178
OS	0.056	-0.195	0.155	0.214	-0.242	-0.165	-0.299
6-11	-0.808	0.086	-0.020	0.235	0.114	-0.065	0.039
3-11	0.719	0.485	0.360	-0.039	-0.027	-0.058	0.032
11-12	0.694	0.332	0.129	-0.243	0.065	-0.314	0.209
10-11	-0.678	0.204	-0.059	-0.035	0.343	0.250	-0.120
5-6	-0.551	0.307	0.445	0.016	-0.051	-0.123	0.210
AIS	-0.464	0.295	0.011	0.064	0.020	0.030	0.152
PIS	-0.444	0.328	-0.341	0.233	-0.054	-0.166	0.062
4-11	0.409	0.645	0.350	0.130	-0.068	0.149	0.144
5-11	0.230	0.585	0.307	0.324	0.166	0.059	-0.003
3-12	0.091	0.571	-0.273	0.526	0.268	0.153	-0.083
GAM	0.194	-0.508	0.469	0.292	0.295	0.028	0.007
5-10	-0.229	0.490	0.403	-0.194	0.330	0.363	0.049
4-12	0.208	0.471	-0.410	0.276	0.464	-0.328	-0.060
1-13	0.030	-0.467	-0.268	-0.245	0.259	0.332	-0.086
VDU	0.226	-0.370	0.158	0.195	0.250	0.004	0.258
2-3	0.335	0.069	-0.527	0.016	-0.124	0.217	0.054
SDS	-0.054	0.261	-0.481	-0.220	0.010	0.095	0.111
8-9	-0.075	0.024	0.447	0.361	-0.094	0.069	0.010
PYU	0.118	-0.312	0.381	0.229	0.162	-0.234	-0.017
VYSIU	-0.049	-0.195	-0.023	0.365	-0.044	0.153	0.296
12-13	0.122	0.060	0.285	0.195	-0.697	-0.086	-0.208
2-12	0.344	0.036	-0.099	0.268	-0.301	0.470	-0.236
BU	-0.012	0.007	-0.038	0.125	0.003	-0.015	0.689
3-4	0.303	0.160	-0.162	0.144	0.401	-0.345	-0.443
AIS	0.054	-0.050	0.292	-0.094	-0.085	0.200	-0.195
4-5	-0.002	0.307	0.006	-0.156	-0.314	0.340	0.229
D1IS	-0.302	-0.038	0.172	-0.055	-0.013	-0.213	0.023
BY	0.143	-0.093	0.163	0.198	0.035	-0.107	0.278
D1UZ	0.341	0.082	-0.276	-0.037	0.184	-0.050	0.306
7-8	-0.140	-0.131	0.378	0.257	0.102	0.132	-0.164
D2IS	0.185	-0.067	0.289	-0.175	0.081	0.075	-0.029
KIS	0.324	-0.151	0.120	-0.108	0.185	0.315	0.052

Tablo 4.31. Ana Bileşenler Analizi (ABA) sonucu varyansların AB'lere dağılımı.

Değişken	Varyans	Genel Toplam	Değişken	Varyans	Genel Toplam
AB1	14.346	14.346	AB24	1.094	91.826
AB2	9.874	24.220	AB25	1.031	92.857
AB3	9.277	33.497	AB26	0.919	93.776
AB4	7.425	40.922	AB27	0.872	94.649
AB5	5.972	46.893	AB28	0.813	95.462
AB6	4.980	51.873	AB29	0.699	96.161
AB7	4.083	55.956	AB30	0.635	96.796
AB8	3.730	59.686	AB31	0.615	97.411
AB9	3.402	63.088	AB32	0.527	97.939
AB10	3.012	66.100	AB33	0.451	98.390
AB11	2.847	68.947	AB34	0.361	98.751
AB12	2.688	71.635	AB35	0.230	98.982
AB13	2.483	74.119	AB36	0.223	99.205
AB14	2.297	76.416	AB37	0.182	99.386
AB15	2.200	78.616	AB38	0.171	99.557
AB16	1.974	80.590	AB39	0.123	99.681
AB17	1.724	82.314	AB40	0.097	99.777
AB18	1.625	83.939	AB41	0.075	99.852
AB19	1.559	85.498	AB42	0.060	99.912
AB20	1.535	87.033	AB43	0.047	99.959
AB21	1.353	88.386	AB44	0.026	99.984
AB22	1.206	89.592	AB45	0.016	100
AB23	1.140	90.732			

Ana Bileşenler Analizi sonucu elde edilen ana bileşenler, populasyonlar arasındaki farklılıkları ortaya çıkarmada kullanılan kümeler arası korelasyon analizinde kullanıldı. KKA sonucu 4 fonksiyon elde edildi ve birinci fonksiyon toplam varyasyonu % 50.5'ini, ikinci fonksiyon, toplam varyasyonun % 36.4'ünü, üçüncü fonksiyon toplam varyasyonun % 10.7'sini, dördüncü fonksiyon ise toplam varyasyonun % 2.4'ünü taşımıştır (Tablo 4.32).

Tablo 4.32. Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) değerleri.

Fonksiyonlar	Eigen Değişkeni	% Varyans	% Toplam	Korelasyon
1	3.419	50.5	50.5	0.880
2	2.464	36.4	86.9	0.843
3	0.723	10.7	97.6	0.648
4	0.164	2.4	100	0.376

Tablo 4.33'te gösterilen Wilks' Lambda değeri ve Ki-Kare değeri, ayrışım modelinin

gücünü belirlemek için kullanılmıştır. Wilks' Lambda, gruplar içindeki homojenliğin ölçülmesinde kullanılmıştır. Lambda, 0 ile 1 arasında değer almaktadır. 0 değeri, grup ortalamalarının farklılaştığı, 1 değeri ise, tüm grup ortalamalarının aynı olduğu anlamına gelmektedir. Wilks' Lambda değeri tabloda da görüldüğü gibi çok düşük ve 428 gibi büyük bir Ki- Kare ve 0 önemlilik değerine sahiptir. Düşük bir Wilks' Lambda değeri ve önemlilik p değeri ile büyük bir Ki-kare değeri, ayrışım modelinin etkili bir ayrıştırma gücüne sahip olduğunu gösterir (Yap vd., 2010; Gürlek, 2012).

Tablo 4.33. Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) fonksiyonlarının birbirleri ile olan istatistiksel ilişkileri.

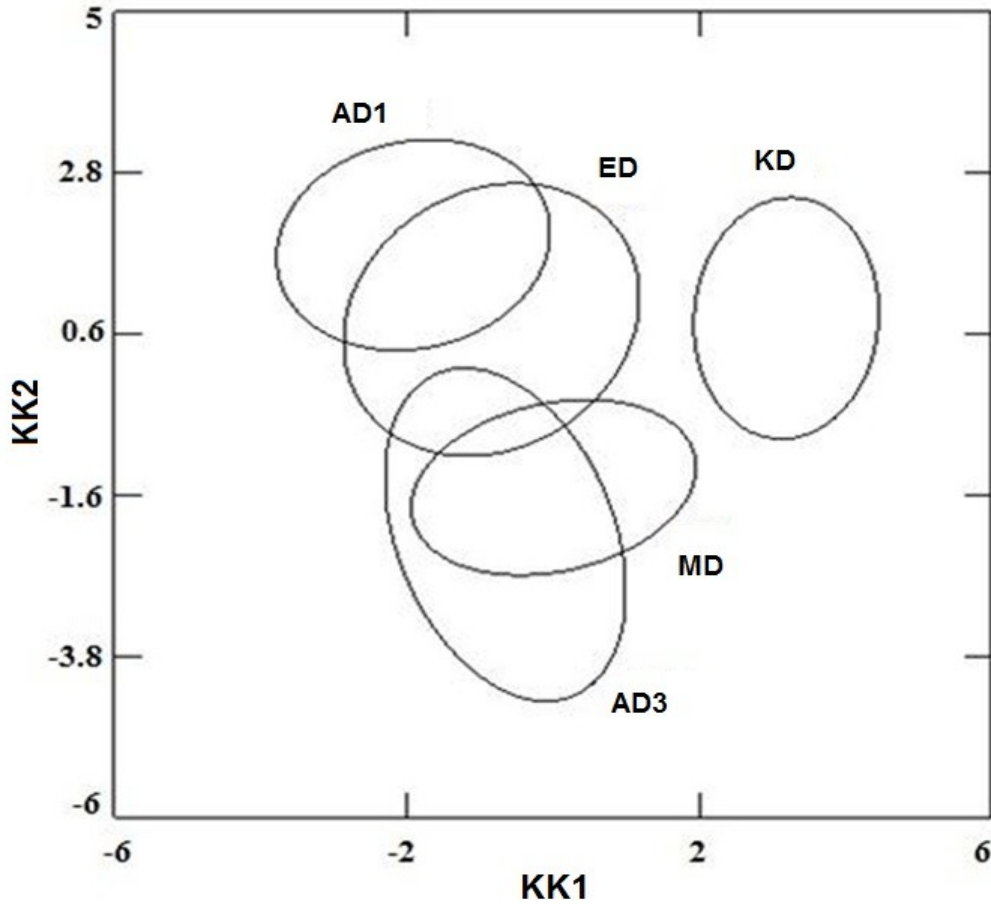
Fonksiyon Testi	Wilks'Lambda	Ki-Kare	Serbestlik Derecesi	Önem Düzeyi
1'in 4. fonksiyona olan değeri	0.033	428.104	52	0.000
2'nin 4. fonksiyona olan değeri	0.144	242.37	36	0.000
3'ün 4. fonksiyona olan değeri	0.498	87.052	22	0.000
4	0.859	19.013	10	0.040

Tablo 4.34. Morfometrik ve meristik karakterlerin kümeler arası korelasyon analizi (KKA) analizi sonucunda her bir gruptaki örneklerin kendi grubuna sayısal ve % olarak sınıflandırılması.

	STOK	KD	MD	ED	AD3	AD1	Toplam
Sayısal	KD	30	0	0	0	0	30
	MD	2	20	3	2	0	27
	ED	2	4	14	0	7	27
	AD3	0	3	0	27	0	30
	AD1	0	0	10	1	19	30
%	KD	100	0	0	0	0	100
	MD	4	83	9	4	0	100
	ED	4	13	57	0	26	100
	AD3	0	10	0	90	0	100
	AD1	0	0	33	3	64	100

Kümelerarası Korelasyon Analizi (KKA) sonucu, her bir populasyondaki örneklerin

kendi grubuna sayısal ve % olarak sınıflandırılması sonucu örneklerin tamamının % 78,7'si doğru olarak kendi orijinal grubuna göre sınıflandırılmıştır (Tablo 4.34). Kendi grubuna doğru sınıflandırmada en yüksek oran % 100 ile en anlamlı farklılaşmayı gösteren Akçakoca (KD) örnekleri olmuştur. Bu da Akçakoca populasyonunun diğer populasyonlara göre çok daha farklı olduğunu ve Karadeniz'den diğer denizlere veya Marmara'dan Karadeniz'e doğru göç olmadığını göstermiştir. Karadeniz'in akıntı sistemi ve Marmara Denizi'nde oluşmuş olan bariyer sonucu Akçakoca populasyonunun diğer populasyonlardan izole olduğu gözlenmektedir. Kümelerarası korelasyon analizi sonucunda Akçakoca populasyonunun diğer populasyonlardan ayrı gruplandığı gözlenmiştir. İzmir populasyonu ile İskenderun populasyonu ve Antalya populasyonuna ile de Marmara populasyonunun birbirlerine yakın gruplandığı görülmüştür. Birinci ve ikinci fonksiyonun grafiklendirilmesi ve populasyonlar arasındaki morfolojik varyasyonun % 95'lik güven aralığında gösterilmesi sonucu Akçakoca populasyonunun (KD2) diğer populasyonlardan tamamıyla farklı olduğu gözlenmiştir. Ancak diğer populasyonların birbirlerinden istatistiksel anlamda önemli derecede farklı olmadığı gözlenmiştir (Şekil 4.17).

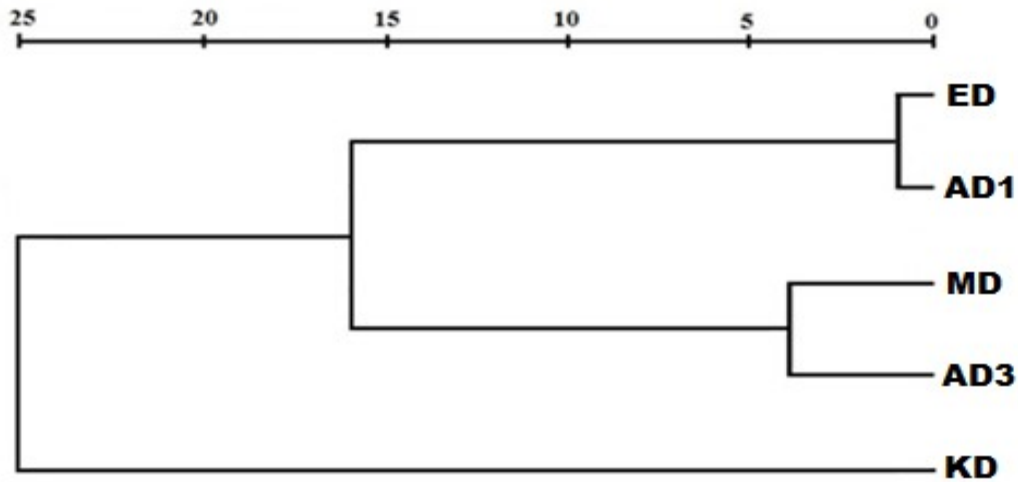


Şekil 4.17. Kümelerarası korelasyon analizi (KKA) ile populasyonların morfolojik farklılıkları. Populasyonlar arasındaki morfolojik yakınlık matrisi 0 ile 1 arasında

ölçeklendirilmiştir (Tablo 4.35). Morfolojik yakınlık matrisine göre Akçakoca (KD) ile Antalya (AD3) populasyonları birbirine en uzak populasyonlar olmuştur. İzmir (ED) ile İskenderun (AD1) populasyonları ise morfolojik olarak birbirlerine en yakın populasyonlar olmuştur.

Tablo 4.35. *C. lucerna* populasyonları arasındaki morfolojik yakınlık matrisi.

Populasyonlar	KD	MD	ED	AD3	AD1
KD	-				
MD	0.529	-			
ED	0.515	0.200	-		
AD3	1.000	0.095	0.624	-	
AD1	0.770	0.292	0.000	0.643	-



Şekil 4.18. *C. lucerna* populasyonları arasındaki morfolojik ilişkinin komşu katılımlı soyağacı (Neighbour Joining tree) ile gösterimi.

Populasyonlar arasındaki morfolojik yakınlığın komşu katılımlı soyağacı ile gösterildiği Şekil 4.18'e göre İzmir populasyonu (ED) ile İskenderun populasyonu (AD1) morfolojik olarak benzerlik göstermiştir. Marmara (MD) ve Antalya (AD3) populasyonları da birbirlerine morfolojik benzerlik göstermiştir. Komşu populasyonlar olan İzmir (ED) ve Marmara (MD) populasyonları ise birbirlerine kısmen benzer çıkmıştır. Ancak, Akçakoca populasyonu (KD2) diğer populasyonlardan tamamen farklı çıkmıştır.

5. TARTIŞMA SONUÇ

Bu çalışmada, Türkiye kıyılarında varlık gösteren kırlangıç türlerinin aralarındaki moleküler ve morfolojik ilişkiyi ortaya çıkarmak için türlerin dağılım gösterdiği alanlardan farklı kırlangıç türlerine ait örneklemeler yapılmış ve yapılan mtDNA dizin ve morfolojik karakterlerin analizi sonucu türler arası morfolojik ve genetik ilişki ortaya koyulmuştur. Aynı zamanda Türkiye kıyılarında geniş dağılım gösteren ve yüksek oranda ekonomik değeri olan *C. lucerna* türünün mtDNA dizileme ve morfolojik karakterler kullanarak Türkiye denizlerindeki popülasyonları arasındaki genetik ve morfolojik ilişki ortaya çıkartılmıştır. Projede gerçekleştirilen filogenetik çalışmada, *Chelidonichthys cuculus*, *Chelidonichthys lucerna*, *Eutrigla gurnardus*, *Lepidotrigla cavillone* ve *Lepidotrigla dieuzeidei*, *Trigla lyra*, *Trigloporus lastoviza*, *Dactylopterus volitans* ve *Peristedion cataphractum* türlerinin genetik ve morfolojik farklılıklarının derecesi ve şekli ortaya çıkarılmıştır. Kırlangıç türlerinin morfolojik tanısı ve sistematik ayrımı Akşiray (1987), Cerro, (1997), Turan vd. (2007)'ye göre yapılmıştır.

5.1 Kırlangıç Türlerinin Sistematiği

5.1.1 Moleküler Genetik Yapıları

5.1.1.1. COIII Gen Bölgesi

Mitokondriyal DNA COIII gen bölgesi ile 9 kırlangıç türünün (*T. lastoviza*, *C. lucerna*, *L. cavillone*, *L. dieuzeidei*, *T. lyra*, *E. gurnardus*, *C. cuculus*, *D. volitans*, *P. cataphractum*) türler arasındaki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri 0,137166 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arası genetik farklılaşma katsayısı ise 0,992833 olarak hesaplanmıştır. 619 bç'lik bölgesi çalışılan COIII geninin 344 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 275 bç'lik bölge ise türler arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 234 bç'lik bölge ise türler arasında belirteç görevi görmüştür. Toplam mutasyon tutarı ise 356 bç olarak görülmüştür. Transisyon/transversiyon oranı (R): 0,79 olarak bulunmuştur. Bineesh vd. (2015), Serranidae familyası üyesi *Chelidoperca* cinsi türlerini mtDNA COI geni ile incelediklerinde 675 baz çifti uzunluğunda bir bölge elde etmişlerdir. Korunmuş bölge sayısı 521, değişken bölge sayısı 154, parsimoni anlamlı bölge sayısı 131 ve tekrar bölgelerini 21 olarak bulmuşlardır. Transisyon ve transversiyon oranını 3.03 olarak saptamışlardır. Transisyon ve transversiyon oranı kırlangıç türlerine oranla yüksek olmakla birlikte bu durum kırlangıç türlerinde mutasyona uğrayan bölgelerin daha az olduğunun göstergesi olmaktadır. Haplotip çeşitliliği bakımından maksimum tutarlılık ve komşu katımlı soy ağacına göre türlerin ayrı olarak guplandığı görülürken *C. cuculus*'ta bulunan iki haplotipin (Hap56 - Hap57) *E. gurnardus* içerisinde yer aldığı görülmüştür. Çalışmamızda türler içerisindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri 0.000983, ortalama

haplotip çeşitliliği ise 0,9440 olarak hesaplanmıştır. Geraghty vd. (2013), *Carcharhinus brevipinna* türü üzeri popülasyon yapılarını incelediğinde türün 0.5984 haplotip çeşitliliğine, 0.0010 gibi değeri düşük olan nükleotid çeşitliliğine sahip New South Wales Ocean popülasyonunun avcılık baskısı altında olduğunu belirtmektedir. Turan, (2011), İzmarit türleri üzerine yapmış olduğu çalışmada ortalama nükleotid çeşitliliğinin 0.099 ve ortalama haplotip çeşitliliğinin 0.71 olduğunu belirtmiş, türler üzerinde herhangi bir avcılık baskısından bahsetmemiştir. *T. lyra* için haplotip çeşitliliği; 0,3103 ve nükleotid çeşitliliği; 0,00647, *E. gurnardus* için haplotip çeşitliliği; 0,3655 ve nükleotid çeşitliliği; 0, 0009711, *C. cuculus* için haplotip çeşitliliği; 0,4690 ve nükleotid çeşitliliği; 0,0008633, *D. volitans* için haplotip çeşitliliği; 0,4690 ve nükleotid çeşitliliği; 0,0008629, *L. cavillone* için haplotip çeşitliliği; 0,4690 ve nükleotid çeşitliliği; 0,0009710, *T. lastoviza* için haplotip çeşitliliği 0,4690 ve nükleotid çeşitliliği 0,0009711, *P. cataphractum* için haplotip çeşitliliği 0,5632 ve nükleotid çeşitliliği 0,001078, *C. lucernus* için haplotip çeşitliliği; 0,6069 ve nükleotid çeşitliliği; 0,001294, *L. dieuzeidei* için haplotip çeşitliliği; 0,6069 ve nükleotid çeşitliliği; 0,001186 olarak bulunmuştur. COIII gen bölgesi analizi sonucuna göre kırlangıç türlerinin tümünde düşük haplotip ve nükleotid çeşitliliğinin olması incelenen tüm türlerde avcılık baskısının olduğunu göstermektedir.

Kırlangıç türleri arasındaki genetik uzaklık matrisine göre en yüksek genetik farklılık (0.427489) *P. cataphractum* ile *L. dieuzeidei* arasında görülürken en düşük genetik farklılık (0.001620) ise *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* arasında bulunmuştur. Bineesh vd. (2015), en yüksek genetik farklılığı *C. maculicauda* ve *C. santosi* (0.194) türleri arasında bulurken en yakın iki türü *C. investigatoris* ve *C. pleurospilus* (0.071) olarak tespit etmişler. Jefri vd (2015), Serranidae familyası üyesi 7 tür (*Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispinis*, *E. coioides*, *E. ongus* ve *E. coeruleopunctatus*) arasındaki genetik ilişkinin şeklini COI geni ile incelemişler ve toplam 526 baz çifti elde etmişler. *E. ongus*, *E. coeruleopunctatus* türü ile en yakın tür olduğunu (0.091 (9%)), *E. ongus* ve *E. merra* türlerinin ise en uzak türler olduğunu (0.178 (18%)) belirtmişlerdir. Kırlangıç türlerinde görülen yüksek genetik farklılık karşılaştırılan türlerin familya düzeyinde de farklılık göstermesinden kaynaklanmaktadır. *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* arasında görülen en düşük genetik farklılık değeri ise türleşme düzeyinde görülebilecek bir farklılıktır..

Komşu katımlı metoduna göre dizileme analizi sonucu türlerin ilişkisi için oluşturulan filogenetik ağacın farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dala ayrıldığı görülmektedir. Trigladae familyası ana ağacı iki kola ayrılmış olup, birinci kolda, *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türlerinin birbirlerine en yakın türler olduğu ve *E. gurnardus*'un da bu iki türe daha yakın tür olduğu görülmektedir. Sırayısla, bu türlere *C. cuculus* ve *T. lyra*'nın uzak türler olduğu görülmektedir..

5.1.1.2. 16S rRNA Gen Bölgesi

Türler arasındaki ortalama genetik farklılık değeri 0,035663 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arası genetik farklılaşma katsayısı ise 0.004777 olarak hesaplanmıştır. Türler içerisindeki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri 0.002368 olarak tespit edilmiştir. Tüm türler arasındaki ortalama nükleotid çeşitlilik değeri ise 0.035663'dir. Korunmuş bölge sayısı 388, değişken bölge sayısı 154, parsimoni anlamlı bölge sayısı 63 ve tekrar bölge sayısı 542 olarak bulunmuştur. Geraghty vd., (2013), *Carcharhinus brevipinna* türü populasyon yapılarını incelediğinde, haplotip çeşitliliği 0.5984, nükleotid çeşitliliği ise 0.0010 gibi düşük değere sahip olan New South Wales Ocean populasyonunun avcılık baskısı altında olduğunu belirtmektedir. Turan (2011), İzmarit türleri üzerine yapmış olduğu çalışmada ortalama nükleotid çeşitliliğinin 0.099 ve ortalama haplotip çeşitliliğinin 0.71 olduğunu belirtmiş, türler üzerinde herhangi bir avcılık baskısından bahsetmemiştir. Avcılık için hedef tür olmamalarına rağmen sırasıyla *L. cavillone* türü için haplotip çeşitlilik değeri 0,5172, nükleotid çeşitlilik değeri 0.00185, *L. dieuzeidei* için haplotip çeşitlilik değeri 0,6069 nükleotid çeşitlilik değeri 0,00209, *D. volitans* için haplotip çeşitlilik değeri 0,6483 nükleotid çeşitlilik değeri 0,00222 olarak düşük bulunmuştur. Avcılıkta hedef türlerden birisi olan *E. gurnardus* için haplotip çeşitlilik değeri 0,6483 nükleotid çeşitlilik değeri ise 0,0209 olarak düşük bulunarak *L. cavillone*, *L. dieuzeidei*, *D. volitans* ve *E. gurnardus* için avcılık baskısından söz etmek mümkündür. Çalışmada nükleotid kompozisyonu sırasıyla T %23.5, C %24.3, A %28.7, G %23.5 olarak bulunmuştur. Guo vd. (2004), Çin kedi balıklarında (Sisoridae) mtDNA 16S rRNA geni ile gerçekleştirdikleri filogenetik analizde T bazının oranını % 22.5, C bazının oranını %23.7, A bazının oranını % 31.2 ve G bazının oranını % 22.6 olarak bulmuşlardır. Transisyon/transversiyon oranı (R):0.1 olarak bulunmuştur. Bineesh vd. (2015), Serranidae familyası üyesi *Chelidoperca* cinsi türlerini 16S rRNA gen bölgesini incelediklerinde transition/transversion 20.64 olarak bulmuşlardır. Korunmuş bölge sayısını 511, değişken bölge sayısını 443, parsimoni anlamlı bölge sayısını 56 olarak bulmuşlardır. Turan (2011), 16S rRNA geni ile *Spicara maena*, *Spicara smaris*, *Spicara flexuosa* ve *Centracanhus cirrus* türlerinin filogenetik incelemesinde 898 bp lik bölge elde etmişler, değişken bölge sayısını 92, parsimoni anlamlı bölge sayısını 69 ve nükleotid çeşitliliğini ise 0.099 olarak tespit etmiştir. Kırlangıç türlerinde Transisyon/transversiyon oranının düşük olması mutasyonun azlığını göstermektedir.

Haplotip çeşitliliği bakımından maksimum tutarlılık soyağacında *P. cataphractum* ve *D. volitans* ve *E. gurnardus*'un ayrı olarak gruplandığı *Chelidonichthys* ve *Lepidotrigla* cinsine ait türlerin ise cins düzeyinde aynı kolda gruplandıkları görülmüştür. *Trigla* ve *Trigloporus* cinslerini temsil eden iki türün ise yine haplotip çeşitliliği bakımından aynı kolda buldukları belirlenmiştir. Komşu katımlı soy ağacına göre de *P. cataphractum* ve *D.*

volitans'ın haplotip çeşitliliği bakımından ayrı olarak gruplandırıldığı görülürken, *C. cuculus* ve *C. lucernus*'un aynı kolda bulunarak bu türlere en yakın olarak *E. gurnardus* belirlenmiştir. *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türlerinin ise aynı kolda yine ayrı olarak gruplandırıldığı ve bu türlere yakın olarak diğer bir kolda gruplanan *T. lyra* ve *T. lastoviza* türlerinin bulunduğu görülmektedir.

16S rRNA bölgesinin dizin analizi sonucu türler arasındaki en yüksek genetik farklılık (0.096329) *D. volitans* ile *L. cavillone* arasında görülürken, *L. dieuzeidei* ile *L. cavillone* arasında, *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* türleri arasında, ve *C. cuculus* ve *C. lucerna* türleri arasında genetik uzaklık değerleri sıfır olup, bu türlerin sistematik sınıflandırılmasında bir revizyon gerekebileceği konusunda dikkat çekmektedir.

Bineesh vd. (2015) türler arası genetik mesafe değerlerini 0.000 ile 0.002 arasında bulurken, türler içi genetik mesafe 0.062 ile 0.118 arasında tespit etmişlerdir. En yakın iki tür *Chelidoperca occipitalis* ile *Chelidoperca investigatoris* olduğunu tespit etmişler. Turan (2011) 0.237 *S. alta* ve *C. cirrus* arasında oldukça yüksek genetik farklılık tespit ederken, *Spicara maena* ve *S. smaris* türleri arasında bir farklılık bulmazken bu iki türün *S. flexuosa* ile olan genetik farklılığı 0.005 olarak bulmuştur. Ergüden vd. (2010), sekiz kefal türünün taksonomik ilişkisini mitokondrial 16S rRNA geni ile incelemiş 121 parsimoni anlamlı bölge tespit etmiş, *Oedalachelis labeo* ile *Mugil cephalus* arasındaki genetik mesafe 0.1357 ile en uzak, *Liza saliens* ile *Liza ramada* arasında en yakın 0.0013 genetik mesafe değerine sahip bulmuşlardır. You vd. (2005) Çin denizinde Pleuronectiformes ordosuna bağlı kalkan *Psetta maxima*'nında bulunduğu 10 yassı balık türünü 16S rRNA gen bölgesi ile inceledikleri çalışmalarında türler arasındaki genetik uzaklık değerlerini 0.0141 ile 0.2639 olarak belirlemişlerdir. Familya, cins ve tür düzeylerinde görünen genetik farklılık değerleri kırlangıç türlerinde de benzer olduğu dikkat çekmektedir. En yüksek genetik farklılık iki farklı familyadan *D. volitans* ile *L. cavillone* türlerinde olması beklenen bir durum oluşturmaktadır.

Komşu katılımlı metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaçta Trigilidae familyası türlerinin genel olarak cinsler düzeyinde birlikte gruplandırıldığı dikkat çekmektedir. *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türleri birlikte gruplanırken bu türlere en yakın gruplanan türler ise *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* türleri olmuştur. Trigilidae familyası *Chelidichthys* cinsi türleri *C. cuculus* ve *C. lucerna* yine birbirlerine yakın gruplanırken *E. gurnardus* türü de bu gruba yakın bulunmuştur. *P. cataphractum* ve *D. volitans* türlerinin birbirinden ve diğer türlerden ayrı olarak gruplandırıldığı ve bu durumda familya düzeyindeki beklenen farklılıktan kaynaklandığı görülmektedir. Maksimum tutarlılık metoduna göre oluşturulan filogenetik ağaçlar değerlendirildiğinde ise benzer sonuçlar elde edilmiştir.

Sonuç olarak *P. cataphractum* ve *D. volitans* türlerinin familya düzeyinde diğer kırlangıç türlerinden ayrıldığı görülmektedir. Diğer türlerden ise en yakın ve aynı cinse ait *L.*

dieuzeidei ile *L. cavillone*'dir. *Trigla* ve *Trigloporus* cinsine ait *T. lyra* ve *T. lastoviza* türlerinin filogenetik ilişkileri ve genetik uzaklık değerleri de dikkate alındığında (0.00289) 16S rRNA genine göre bu iki cinsin tek bir cins olarak değerlendirilmesi gerekir.

5.1.2 Kırlangıç Türlerinin Morfolojik Sistematiği

Çalışmada türleri ayırt etmede kullanılan 50 morfolojik karakterin tamamının türlerin farklılıklarında oldukça önemli olduğu görülmüştür. Kümeler arası korelasyon analizinde türleri birbirinden ayırt eden karakterlerin önemlilik düzeyleri incelendiğinde birinci ana bileşende burun ucu uzantısı durumunun öncelikli olarak rol aldığını görülmüştür. İkinci ana bileşende anüs yüzgeci ışın sayısının etkili olduğu, 3. ana bileşende ise 1. sırt yüzgeci ışın sayısı, 1. sırt yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, 2. sırt yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, anüs yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, 2. sırt yüzgeci başlangıcı ile anüs yüzgeci sonu arasındaki mesafe gibi karakterlerin etkili olduğu gözlenmiştir.

Yapılan çalışmada sonuç olarak tüm türlerin birbirinden morfolojik olarak farklılığı tespit edilmiş olup *D. volitans* ve *P. cataphractum* türlerinin diğer türlerden uzaklaştığı gözlenmiştir. Yapılan çalışmada en uzak ilişkiyi gösteren iki türün (354.584) *D. volitans* ve *T. lyra* olduğu, en yakın ilişkiyi ise (15.742) *T. lastoviza* ve *C. cuculus* türlerinin gösterdiği tespit edilmiştir.

Ayrıca serbest göğüs yüzgeci ışın sayısı, solungaç kapağı diken sayısı, 2. sırt yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, anüs yüzgeci başlangıcı ile sonu arasındaki mesafe, göğüs yüzgeci ışın sayısı gibi morfolojik karakterlerin türler arasındaki farklılaşmada öncelikli olarak rol oynadığı yapılan morfolojik analizler ile ortaya koyulmuştur.

5.2 *C. lucerna* Populasyonlarının Genetik ve Morfolojik Durumu

Analiz edilen 16S rRNA bölgesinin uzunluğu 809 bp olarak saptanmıştır. Yapılan analizlerde T bazının oranı % 21.5 olarak, C bazının oranı % 26.6 olarak, A bazının oranı % 31.4 olarak, G bazının oranı ise % 20.5 olarak belirlenmiştir. Santos vd. (2003), 16S rRNA geni ile yaptıkları DNA sekans analizi çalışmasında, *Macrodon ancylodon* populasyonlarındaki nükleotid kompozisyonunu; A= % 28.7, T= % 23.6, C= % 24.4 ve G= % 23.4 bulmuşlardır. Guo vd. (2004), Çin kedi balıklarında (Sisoridae) mtDNA 16S rRNA geni ile gerçekleştirdikleri filogenetik analizde T bazının oranını % 22.5, C bazının oranını %23.7, A bazının oranını % 31.2 ve G bazının oranını % 22.6 olarak bulmuşlardır. Pardo vd. (2005), yassı balıklar (Pleuronectiformes) takımındaki türlerin 16S rRNA geni ile filogenetik analizini yaptıkları çalışmalarında A bazının oranını %29.07, C bazının oranını % 25.83, G bazının oranını % 22.83 ve T bazının oranını da % 22.74 bulmuşlardır. Ramanadevi ve Thangaraj (2013), Elopsidae familyasına ait 5 türün (*Elops saurus*, *E.*

affinis, *E. smithi*, *E. machnata* ve *E. hawaiiensis*) filogenetik analizini mtDNA 16S rRNA geni ile yapmışlardır. Çalışmada 16S rRNA geninin nükleotid kompozisyonunu; A= % 31.63, T= % 13.99, C= % 30.99 ve G= % 23.39 bulmuşlardır. Singh vd. (2013), *Puntius sophore* populasyonlarının sitokrom b (cyt b) geni ile yaptıkları dizin analizinde nükleotid frekanslarını; A=%26.8, T/U=%31.3, C=%26.7, G= %15.2 şeklinde bulmuşlardır. 16S rRNA geni ile yapılan diğer sekans analizi çalışmalarında da görüldüğü gibi adenin bazının diğer bazlara göre yüksek oranda çıkması çalışmamızdaki sonucu desteklemektedir.

C. lucerna populasyonlarının DNA dizin analizi yapılarında gösterilen 809 bç'lik bölgesi çalışılan 16S rRNA geninin 796 bç'lik kısmı evrimsel süreçten etkilenmemiş bölgelerden oluşurken 13 bç'lik kısmı ise populasyonlar arasında çeşitli sebeplerden ötürü değişen bölge olarak tespit edilmiştir. 6 bç'lik bölge ise populasyonlar arasında parsimoni anlamlı bölge (belirteç) görevi görmüştür.

Çalışmada yapılan analiz sonucunda gözleendiği üzere en düşük genetik çeşitlilik İskenderun (AD1) populasyonunda gözlenmiştir. Bu durumun, İskenderun populasyonu üzerindeki avcılık baskısının yoğunluğundan kaynaklanabileceği düşünülmektedir. En yüksek genetik çeşitlilik ise Marmara populasyonunu takiben Antalya ve İzmir populasyonlarında gözlenmiştir.

Şu ana kadar Triglidae familyasına ait türlerden 16S rRNA ve diğer mtDNA genleri üzerine yapılmış bir çalışma olmadığı için haploid çeşitliliği sonuçları diğer deniz balığı türleri üzerine yapılmış çalışmalarla karşılaştırılmıştır. Xiaodong vd. (2008), mtDNA 16S rRNA geni ile gerçekleştirdikleri sekans analizi çalışmasında *Sipunculus nudus* populasyonlarında toplam 30 bireyde 21 haplotip belirlemişler, populasyonlar arasındaki ortalama haplotip çeşitliliğini ise 0.814 olarak bulmuşlardır. Erteken vd. (2007), *Sciaena umbra* ve *Umbrina cirrosa* populasyonlarının genetik yapısını mtDNA 16S rRNA geninde incelemişlerdir. Çalışmalarında 23 tane *Sciaena umbra* bireyinde 4 adet, 22 tane *Umbrina cirrosa* bireyinde ise 8 adet haplotip belirlemişlerdir. *Sciaena umbra* ve *Umbrina cirrosa* populasyonlarındaki haplotip çeşitliliği sırasıyla 0.526 ve 0.736 olarak bulunmuştur.

C. lucerna populasyonları arasındaki genetik farklılık düzeyleri karşılaştırıldığında, Marmara populasyonunun genetik olarak Ege ve Akdeniz Antalya poplasyonlarından farklı olduğu görülmektedir. Buda Marmara denizinin kapalı yapısının, *C. lucerna*'nın diğer diğer populasyonlar ile sınırlı gen akışına sebep olabileceğini ve bunun sonucu olarak farklılaşma içerisinde olduğunun işaretini vermektedir. Tüm populasyonlar arasındaki ortalama genetik farklılık (divergence) değeri 0.001602 olarak bulunmuştur. Tuncay vd. (2014), Türkiye denizlerindeki *Mullus barbatus* populasyonlarının mtDNA dizin analizi metodu ile genetik yapısını inceledikleri çalışmalarında en düşük genetik farklılaşma düzeyini, çalışmamızdakine benzer bir şekilde Batı Karadeniz (Zonguldak) ile Marmara Denizi (Bandırma) populasyonları arasında bulmuşlardır (0.01606).

Genetik analizde komşu katılımlı soy ağacına (Neighbour Joining tree) göre, Karadeniz popülasyonunun diğer popülasyonlardan farklı bir genetik ilişki içerisinde olduğu görülmektedir. Buda, Marmara Denizinin diğer popülasyonlar arasında bir bariyer olduğunun işaretini vermektedir. Projede yapılan morfolojik analizler sonucunda yine Karadeniz popülasyonu (KD2) diğer popülasyonlardan tamamen farklı çıktığı gözlenmiştir. Karadeniz Akçakoca popülasyonunun diğer popülasyonlardan izole durumda olmasında, karadenizin kendine has ekolojik özelliklerinin morfolojik farklılıkta etkili olduğunu işaret etmektedir. Karadeniz popülasyonunun morfolojik olarak farklı bir ilişki göstermesi genetik analizde komşu katılımlı soyağacıyla da örtüşmektedir.

Sonuç olarak yapılan analizler özellikle Marmara Denizi *C. lucerna* popülasyonunun genetik olarak farklılaşma içerisinde olduğunun ve balıkçılık idarecilerinin kırlangıç stoklarından sürdürülebilir faydanın alınabilmesi için bu durumun gözlemlenmesi gerekliliğini ortaya koymaktadır.

5.3 Genetik ve Morfolojik Bulgular Işığında Türlerin Sistematığının Genel Değerlendirmesi

Chelidonichthys lucerna bütün denizlerimizde en fazla bulunan tür olup, bu türü takip eden türler *T. lastoviza*, *C. cuculus*, *L. cavillone*, *T. lyra*, *E. gurnardus*, *L. dieuzeidei*, *D. volitans* ve *P. cataphractum* türleri genel olarak az sayıda rastlanan türler olarak karşımıza çıkmaktadır. *Chelidonichthys obsucurus*'a ise çalışma sonucunda denizlerimizde hiç rastlanmamıştır.

C. lucerna'nın tür ayrımında karıştırılan türlerden biri olan *T. lyra* ile morfolojik analizler sonucu yakın türler olduğu görülmektedir. Fakat bu türlerin genetik farklılıkları farklı türler olarak değerlendirilmelerinde her iki gen bakımında tür düzeyinde yeter düzeyde olduğu görülmüştür. Bu iki türün morfolojik olarak ayrımında; *C. lucerna*'nın başı üçgen şeklinde olup, *T. lyra*'da ise baş geniş ve baş kısmında dikensi çıkıntılar bulunur. Ayrıca *T. lyra*'da karın kısmı kısmen pulludur ve solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken oldukça uzun, sert ve göğüs yüzgecinin neredeyse ortalarına kadar uzanır.

MtDNA 16S rRNA geni dizileme analizi sonucu, *C. lucerna* ve *T. lyra* türleri arası genetik mesafenin tür düzeyinde olduğu görülmektedir. MtDNA COIII geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre de *C. lucerna* ve *T. lyra* türleri arası genetik mesafenin uzak olduğu görülmüştür. Morfolojik olarak *T. lastoviza*, *C. lucerna*'dan ayıran karakterler, başın küt olması ve irili ufaklı çok sayıda diken ve kemik plak bulunması, karın kısmının pullu olması, baş ve sırtta koyu beneklerin bulunmasıdır. MtDNA 16S rRNA geni dizileme analizi sonucu *Chelidonichthys* cinsine ait iki tür *C. lucerna* ve *C. cuculus* türleri arasında genetik farklılık görülmemektedir. Fakat, COIII gen bakımından bu türler arasında farklı türler olarak değerlendirilmeleri için gerekli yeter farklılığın var olduğu görülmektedir. *C. cuculus*'da göze

çarpan önemli farklılıklar, birinci sırt yüzgecinin ilk ışını ikinci ışına göre kısa, yan çizgi pulları plaka benzeri dikey olarak genişlemiş ve göğüs yüzgeci uzunluğunun ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının gerisinde olması şeklinde sıralanmaktadır.

Morfolojik olarak *C. cuculus* türü komşu katılımlı kümeleştirme metoduna göre *T. lastoviza*, *T. lyra* ve *C. lucerna* ile birlikte gruplanmıştır. *T. lastoviza* türünde, baş ve sırtta koyu benekler bulunur, göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. *C. cuculus*'da ise baş ve sırtta koyu benekler bulunmaz, göğüs yüzgeci uzunluğu ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç mesafesini geçmez. *T. lyra*'da farklı olarak, baş geniş ve daha uzun, yan çizgi pulları çok küçük, solungaç kapağının kenarındaki diken oldukça uzun ve göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisindedir. *C. lucerna*'da ise *C. cuculus*'a göre morfolojik farkları birinci sırt yüzgecinin ilk ışını ikinci ışınla eşit, yan çizgi pulları plaka benzeri dikey olarak genişlememiş ve göğüs yüzgeci uzunluğunun ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisinde olması şeklinde sıralanmaktadır. MtDNA 16S rRNA geni dizileme analizi sonucu *Chelidonichthys* cinsine ait *C. cuculus* ve *C. lucerna* aynı dalda gruplanmıştır. MtDNA COIII geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre de *Eutrigla*, *Lepidotrigla* ve *Trigla* cinslerine daha yakın olarak görülmüştür. *C. cuculus*'un tür ayrımında karıştırılan türlerden biri olan *E. gurnardus* türünden morfolojik olarak ayrımı; *E. gurnardus*'un birinci sırt yüzgecinde bulunan siyah benek ve yan çizgi pullarının daha küçük olması şeklinde sıralanabilir. *Chelidonichthys* ve *Eutrigla* cinsi türleri olan *C. cuculus*, *C. lucerna* ve *E. gurnardus*'un her iki gen bakımından da cins düzeyinde farklı olmadıkları göze çarpmaktadır.

L. cavillone'nin tür ayrımında en çok karıştırılan tür olan *L. dieuzeidei* türüdür. Morfolojik analizler sonucu da bu iki türün birbirine yakın olarak gruplandığı görülmektedir. Bu iki türün morfolojik ayrımı *L. cavillone*'de göz üstü kafa bölgesindeki diken varlığı, solungaç kapağı kenarındaki dikenin uzunluğu, yanal hatlardaki pul sayıları ve büyüklüğü farklılığı, solungaç diken sayısı farklılığı, serbest göğüs ışınların en uzununu anüse yetişmemesi gibi karakterlerden yapılabilmektedir. Çalışmada kullanılan mtDNA 16S rRNA geni, sonuçlarına göre de *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türleri birbirine çok yakın tür olduğu görülmekte olup, diğer türlere göre en az genetik farklılık bu türler arasındadır. mtDNA COIII genine göre ise *L. cavillone* ve *L. dieuzeidei* türleri genetik olarak aynı türlerdir. *L. dieuzeidei* Akdeniz ve Ege Denizi'nde çok az miktarlarda bulunurken, *L. cavillone* Akdeniz'de orta düzeyde, Ege Denizi'nde iyi ve Marmara Denizi'nde az düzeyde bulunmaktadır. *L. cavillone*'nin genetik çeşitlilik değeri incelendiğinde ise tüm türler içerisinde kendi içerisindeki genetik çeşitliliği en az olan tür olarak dikkat çekmektedir. Türün ekonomik olmaması ve avcılık için hedef olmamasına rağmen hedef dışı (Bycatch) da olsa av baskısı altında olduğu şeklinde yorumlanabilir.

T. lastoviza'nın morfolojik analizler sonucunda *C. cuculus*, *T. lyra* ve *C. lucerna* türleriyle birlikte gruplandırıldığı görülmüştür. *T. lastoviza*'da *C. cuculus*'a göre farkları şu şekilde sıralanabilir; baş ve sırtta koyu benekler bulunması, göğüs yüzgeci uzunluğunun, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisinde olmasıdır. *T. lyra* ile morfolojik olarak farklılıklar, *T. lyra*'da baş geniş ve daha uzun olması, yan çizgi pulları çok küçük olması, solungaç kapağının kenarındaki diken oldukça uzun olması ve *T. lastoviza*'da baş ve sırtta koyu benekler bulunması şeklinde sıralanabilir. Morfolojik olarak *T. lastoviza*, *C. lucerna*'dan başın küt olması ve irili ufaklı çok sayıda diken ve kemik plak bulunması, karın kısmının pullu olması ve baş ve sırtta koyu beneklerin bulunması ile ayrılır. 16S rRNA geni genetik farklılık analizine göre iki farklı cinse (*Trigla* ve *Trigloporus*) ait *Trigla lyra* ve *Trigloporus lastoviza* türleri genetik olarak aynı türler olduğu görülsede, COII geni bakımından bu türler arasında diğer türlerle karşılaştırıldığında tür düzeyinde yeterli genetik farklılığın var olduğu görülmektedir.

E. gurnardus türü morfolojik analizler sonucu dahil olduğu Triglidae familyası üyelerine en uzak mesafede olan tür olarak dikkati çekmektedir. Başı geniş olmasının yanında derin bir oksipital (artkafa) oluk yoktur. Gövde pulsuz, karın kısmı kısmen pulludur. Göğüs yüzgeçleri kısa ve nadiren anüs yüzgeci başlangıcına kadar uzanmaktadır. Yanal çizgi pulları vücut pullarından daha geniş ve sert dikenlidir. Birinci sırt yüzgecinde geniş yuvarlak siyah bir benek bulunmaktadır. MtDNA 16S rRNA geni dizileme analizi sonucu diğer türlere oranla *C. cuculus* ve *C. lucerna* türlerine daha yakın olarak gruplandırıldığı görülmektedir. *E. gurnardus*'u *C. cuculus*'dan ayıran en önemli morfolojik karakter birinci sırt yüzgecindeki geniş yuvarlak siyah benek ve yanal çizgi pullarının daha ince olması olarak sıralanabilir. *E. gurnardus*'u *C. lucerna*'dan ayıran en önemli morfolojik karakterler, birinci sırt yüzgecindeki geniş yuvarlak siyah benek ve yanal çizgi pullarının daha kalın olması, göğüs yüzgecinin ikinci sırt yüzgeci ve anüs yüzgecine kadar uzanmıyor olması şeklinde sıralanmaktadır. MtDNA COIII geni komşu katılımlı soyağacı metoduna göre *E. gurnardus*'ün *Lepidotrigla* cinsi üyelerine ve *C. cuculus* türüne yakın gruplandırıldığı görülmektedir. *Lepidotrigla* türleri genel olarak daha küçük göz yapısına sahip olmaları, yanal çizgi pullarının daha büyük olması gibi morfolojik karakterler ile *E. gurnardus* türünden ayrılmaktadır.

T. lyra morfolojik analizler sonucu *C. lucerna*, *T. lastoviza*, *C. cuculus* türleriyle birlikte guruplanmıştır. *T. lyra*'da başın geniş ve dikensi çıkıntılar bulunması karın kısmı kısmen pullu ve solungaç kapağının kenarındaki kleitral diken oldukça uzun olması ile morfolojik olarak *C. lucerna*'dan ayrılmaktadır. *T. lyra*'nın *C. cuculus* türünden bazı morfolojik farklılıkları ise, baş daha geniş ve daha uzun, yan çizgi pulları çok küçük olması, solungaç kapağının kenarındaki diken oldukça uzun olması ve göğüs yüzgeci uzunluğu, ikinci sırt ve anüs yüzgecinin başlangıç hizasının ilerisinde olması şeklinde sıralanabilir. *T. lyra* ile *T.*

lastoviza arasındaki bazı morfolojik farklılıklar, *T. lyra*'da başın geniş ve daha uzun olması, yan çizgi pullarının çok küçük olması, solungaç kapağının kenarındaki dikenin oldukça uzun olması ve *T. lastoviza*'da baş ve sırtta koyu benekler bulunması şeklinde sıralanabilir. MtDNA 16S rRNA geni dizileme analizi sonucu *T. lyra* ile *T. lastoviza* arasındaki genetik farklılığın olmadığı görülmektedir. MtDNA COIII geni analizleri sonucu ise genel olarak diğer *Triglidae* familyası türleri ile gruplandırıldığı fakat diğer tür düzeyinde uzak olduğu görülmektedir.

D. volitans morfolojik analizler sonucu *P. cataphractum* türü ile beraber ikinci bir ana grup oluşturmuş ve tüm türlerden familya düzeyinde uzaklık göstermiştir. Çalışmada kullanılan mtDNA 16S rRNA geni, mtDNA COIII genleri sonuçlarına göre *D. volitans*'ın familya düzeyindeki farklılığı gözlenmiştir.

P. cataphractum morfolojik analizler sonucu diğer türlerden çok farklı olduğu ve bunun yanı sıra mtDNA 16S rRNA geni, mtDNA COIII genleri analizlerine göre de değerlendirilen türler içerisinde en farklı tür olduğu görülmüştür.

Genetik analizlerde türler içi nükleotid ve haploid çeşitliliklerine bakıldığında her iki gen bakımından düşük nükleotid ve haplotip çeşitliliği göze çarpmaktadır. Özellikle COIII geni 16S rRNA genine göre çok daha düşük değerlerde olduğunu görülmektedir. Bu da çevresel faktörlerin özellikle avcılık baskısının türler üzerine yoğun olduğu işaretini verdiğini söyleyebiliriz. Bu konuda türler üzerine çevresel baskıları azaltacak önlemler alınmalıdır. Yoksa daha önce denizlerimizde sık gördüğümüz ve şu an bu projede denizlerimizde olmadığını ortaya çıkardığımız *Chelidonichthys obscurus* gibi türlerin sayısı artabilir.

Tüm türlerin moleküler sistematik olarak genel değerlendirmesini yapacak olursak, şu anda literatürlerde *Triglaporus* cinsine ait *Triglaporus lastoviza* olarak kabul edilen türün geçmişte olduğu gibi *Trigla lastoviza* olarak değerlendirilmesi, *Chelidonichthys* cinsine ait *Chelidonichthys cuculus* ve *Chelidonichthys lucerna*'nın *Trigla* cinsine dahil edilerek *Trigla cuculus* ve *Trigla lucerna* olarak değerlendirilmesi ve *Eutrigla* cinsine ait *Eutrigla gurnardus*'un da *Trigla* cinsine dahil edilerek *Trigla gurnardus* olarak değişmesinin gerekliliği görülmüştür.

Kırlangıç türleri üzerine Türkiye denizleri ve Dünya literatürleri için ilk olma özelliği taşıyan, moleküler sistematik ve morfolojik teknikler kullanarak yapılan bu çalışmada, türleri karakterize eden genetik ve morfolojik yapıları birlikte ele alan ve türlerin Türkiye denizlerindeki mevcut durumlarını gözden geçiren ilk çalışma olması itibari ile bundan sonraki yapılacak çalışmalara kaynak oluşturarak ışık tutacaktır. Aynı zamanda Kırlangıç türlerinin tanımlayıcı özelliklerinin iyi bilinmesi ile türlerin doğru bir şekilde tespiti sağlanarak bu türlerden sürdürülebilir bir şekilde yararlanılması sağlanacaktır. Örneğin *C. lucerna*, *T. lastoviza*, *C. cuculus*, *T. lyra*, *E. gurnardus* gibi türlerin av veren ve aynı zamanda ekonomik öneme sahip türlerden olmasına rağmen Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) verilerine göre



TÜİK'in, kırlangıç- Red gurnard adıyla *C. cuculus* türünü ve Kırlangıç (Mazak)- *Trigla lineata* adı ile *Trigloporus lastoviza* türünü bildirdiği görülmektedir. Balıkçılık yönetimi idarecileri tarafından kullanılabilen bu istatistiklerin temel olarak türleri doğru tanımlaması gerekmektedir. Aksi takdirde denizlerimizde birçok türün ayrımı ve tanımlaması tam yapılamadığından avcılık gibi çevresel etkenlerin oluşturduğu baskı farkedilmeden türlerin yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalması muhtemeldir. Yapılan tüm saha çalışmaları ve balıkçılarla yapılan ikili görüşmeler sonucunda ülkemiz denizlerinde *Chelidonichthys obscurus* türüne rastlanılmamıştır (Turan vd., 2016). Halbuki önceki yıllarda denizlerimizde kaydı bulunan bu tür ile ilgili daha önce yapılan bilimsel çalışmalar bulunmaktadır.

6. KAYNAKLAR

- Aboim, M. A., Menezes, G. M., Schlitt, T., Rogers, A. D. 2005. "Genetic structure and history of populations of the deep-sea fish *Helicolenus dactylopterus* (Delaroche, 1809) inferred from mtDNA sequence analysis". *Molecular Ecology*, 14 (5), 1343-1354.
- Akşıray, F. 1987. "Türkiye deniz balıkları ve tayin anahtar"ı. İÜ Rektörlüğü.
- Allendorf, F. W., Ryman, N., Utter, F. 1987. *Genetics and fishery management: past, present and future.* (Ed. Ryman N. ve Utter F). In: *Pop. Gen. Fish. Man.* University of Washington Press, 1-20, Seattle, London.
- Avise, J. C., Lansman, R. A., Shade, R. O. 1979. "The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. I. Population structure and evolution in the genus *Peromyscus*". *Genetics*, 92, 279-295.
- Avşar, D. 1994. "A stock differentiation study of the sprat (*Sprattus sprattus phalericus*) off the southern coast of the Black Sea". *Fisheries Research*, 19(3), 363-378.
- Bastacı, S. 2005. "İskenderun Körfezi ve Karataş Kıyılarındaki Kırlangıç Balığı (*Chelidonichthys lucernus* (Linnaeus, 1758) Populasyonunun Üreme, Büyüme ve Ölüm Oranlarının Belirlenmesi", Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi, 66 s.
- Baumgartner, J. V. 1995. "Phenotypic, genetic and environmental integration of morphology in a stream population of the threespine stickleback, *Gasterosteus aculeatus*", *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 52, 1307-1317.
- Bembo, D. G., Carvalho, G. R., Cingolani, N., Pitcher, T. J. 1996. "Electrophoretic analysis of stock structure in Northern Mediterranean anchovies, *Engraulis encrasicolus*". *ICES Journal of Marine Science*, 53, 115-128.
- Bineesh, K. K., Mohitha, C., Vineesh, N., Basheer, V. S., Joselet, M., Akhilesh, K. V., Gopalakrishnan, A. 2015. "Molecular identification of three deepsea fish species of the genus *Chelidoperca* (Perciformes: Serranidae) from Indian waters", *Indian Journal of Fisheries*, 62(4), 104-108.
- Bird, L. J., Eppler, D. T., Checkley, D. M. 1986. "Comparison of herring otoliths using series shape analysis". *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 43, 1228-1234.
- Bogenhagen, D. F. 1999. "Repair of mtDNA in vertebrates", *American Journal of Human Genetics*, 64, 1276-1281.
- Bookstein, F. L. 1982. "Foundations of Morphometric. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 13, 451-470.
- Boore, J.L., 1999. "Animal mitochondrial genomes". *Nucleic Acid Research*, 27, 1767-1780.

- Boore, J. L. 1999. "Animal mitochondrial genomes", *Nucleic Acid Research*, 27, 1767-1780.
- Casselman, J. M., Collins, J. J., Crossman, E. J., Ihssen, P. E., Spangler, G. R. 1981. "Lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*) in the Great Lakes region", *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 38, 1772-1789.
- Cerro, L. I. 1997. "Revisió taxonòmica mundial de la família Triglidae (Pisces, Scorpaeniformes)", *Fac. Biologia, Univ. Barcelona. Doktora Tezi*, 254 s.
- Colloca, F., Ardizzone, G. D., Gravina, M. F. 1994. "Trophic ecology of gurnards (Pisces: Triglidae) in the central Mediterranean Sea". *Marine Life* 4(2), 45-57.
- Corti, M., Thorpe, R. S., Sola, L., Sbordoni, V., Cataudella, S. 1988. "Multivariate Morphometrics in Aquaculture: A Case Study of Six Stocks of the Common Carp (*Cyprinus carpio*) from Italy", *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 45(9), 1548-1554.
- Elliott, J. M. ve M. A. Hurley. 2005. "The functional relationship between body size and growth rate in fish." *Functional Ecology*, 625-627.
- Erlich, H. A, Gelfand, D. H., Sninsky, J. J. 1991. "Recent advances in polymerase chain reaction". *Science*, 252, 1643-1650.
- Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Turan, C. 2010. "Genetic Identification and Taxonomic Relationship of Mediterranean Mugilid Species Based on Mitochondrial 16S rDNA Sequence Data". *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9(2), 336-341.
- Ergüden, D. 2002. "Türkiye Denizlerinde Bulunan Levrek (*Dicentrarchus labrax* L., 1758)'in Genetik ve Morfolojik Yapısının İncelenmesi", *Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi*, 55 s.
- Erteken, A., Çiftçi, Y., Firidin, Ş., Eroğlu, O., Akbulut, B., Çakmak, E., Haşimoğlu, A., Üstündağ, C. 2010. "Mavruşgil (*Sciena umbra*) ve Kötek (*Umbrina cirrosa*) Balıklarının Biyoekolojik Özelliklerinin Belirlenmesi Projesi". *Proje Sonuç Raporu*, 51s.
- Friedland, K. D. ve Reddin, D. G. 1994. "Use of otolith morphology in stock discriminations of Atlantic salmon (*Salmo salar*)", *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 51(1), 91-98.
- Geraghty, P. T., Williamson, J. E, Macbeth, W. G., Wintner, S. P., Harry, A. V. 2013. "Population expansion and genetic structure in *Carcharhinus brevipinna* in the Southern Indo-Pacific". *PLoS ONE* 8(9), e75169.
- Gilles, A., Miquelis, A., Quignard, J. P., Faure, E. 2000. "Molecular phylogeography of western Mediterranean dusky grouper *Epinephelus marginatus*". *Comptes rendus de l'Académie des sciences*, 323, 195-205.

- Guo, X., Zhang, Y., He, S., Chen, Y. 2004. "Mitochondrial 16S rRNA sequence variations and phylogeny of the Chinese sisorid catfishes". Chinese Science Bulletin, 49(15), 1586-1595.
- Gürlek, M. 2012. "Doğu Akdeniz'deki Caranx (Carangidae) Cinsine ait Türlerinin Moleküler Filogenetiği", Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi. 64 s.
- Haddon, M. ve Willis, T. J. 1995. "Morphometric and meristic comparison of orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*: Trachichthyidae) from the Puysegur Bank and Lord Howe Rise, New Zealand, and its implications for stock structure". Marine Biology, 123(1), 19-27.
- Hadidi, A., Levy, L., Podleskis, E. V. 1995. "Polymerase chain reaction technology in plant pathology. In: Molecular Methods in Plant Pathology". (Eds. R. P. Singh, U. S. Singh.) Boca Raton: CRS Press. pp. 167-187.
- Hall, T. A. 1999. "BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT". Nucleic acids symposium series, 41, 95-98.
- Hall, T. A. 2013. "BioEdit v 7.2.5. <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/page2>". Last updated 12.11.2013.
- Hauser, L., Carvalho, G. R., Pitcher, T. J. 1995. "Morphological and genetic differentiation of the African clupeid *Limnothrissa miodon* 34 years after its introduction to Lake Kivu". Journal of Fish Biology, 47, 127-144.
- Hewitt, G. M. 2004. "Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. Philosophical Transactions of the Royal Society of London". Series B. Biological Sciences, 359, 183-195.
- Hostens, K. ve Mees, J. 1999. "The mysid-feeding guild of demersal fishes in the brackish zone of the Westerschelde estuary". Journal of Fish Biology, 55(4), 704-719.
- Hubbs, C. L. ve Follett, W. I. 1947. "*Lamna ditropis*, new species, the salmon shark of the North Pacific". Copeia, 3, 194-194.
- Ihssen, P. E., Evans, D. O., Christie, W. J., Reckahn, J. A., Des Jardine, R. L. 1981. "Life history, morphology, and electrophoretic characteristics of five allopatric stocks of lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*) in the Great Lakes region". Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 38(12), 1790-1807.
- Innis, M. A. ve Gelfand, D. H. 1990. "Optimizing of PCRs. PCR protocols". Academic Press, San Diego, California, 3-12.
- Inoue, N., Watanabe, H., Kojima, S., Sekiguchi, H. 2007. "Population structure of Japanese spiny lobster *Panulirus japonicus* inferred by nucleotide sequence analysis of mitochondrial COI gene". Fisheries Science, 73(3), 550-556.
- İşmen, A., İşmen, P. ve Başusta, N. 2004. "Age, growth and reproduction of Tub Gurnard (*Chelidonichthys lucerna* L. 1758) in the Bay of Iskenderun in the eastern

- Mediterranean". Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences, 28(2), 289-295.
- Jefri, E., Zamani, N. P., Subhan, B., Madduppa, H. H. 2015. "Molecular phylogeny inferred from mitochondrial DNA of the grouper *Epinephelus* spp. in Indonesia collected from local fish market". Biodiversitas, 16(2), 254-263.
- Jukes, T. H. ve Cantor, C. R. 1969. "Evolution of protein molecules. (Ed. H.N. Munro) In: Mammalian protein metabolism III". Academic Press, 21-132, New York.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. 2016. "MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets". Molecular Biology and Evolution, 33,1870-1874.
- Kumpf, H. E. 1987. "Proceedings of the Stock Identification Workshop: November 5-7,1985". Panama City Beach, Florida. NOAA technical memorandum NMFS SEFC (USA).
- Lightowlers, R. N., Chinnery, P. F., Turnbull, D. M., Howell, N. 1997. "Mammalian mitochondrial genetics: heredity, heteroplasmy and disease", Trends in Genetics, 13(11), 450-455.
- Maggio, T., Andaloro, F., Arculeo, M. 2006. "Genetic population structure of *Epinephelus marginatus* (Pisces, Serranidae) revealed by two molecular markers". Italian Journal of Zoology, 73(3), 275-283.
- Marr, J. C. 1957. "The problem of defining and recognizing subpopulations of fishes". Contributions to the Study of Subpopulations of Fishes, 1-6.
- Mater, S. 1981. "İzmir Körfezi'nde Bazı Teleost Balıkların Pelajik Yumurta ve Larvaları Üzerine Araştırmalar". Doçentlik Tezi, E.Ü. Fen Fak. B. Oseanografi Böl. ve Hidrobiyoloji Enst., Bornova, İzmir, 117s.
- Meyer, A. 1993. "Evolution of mitochondrial DNA in fishes". (Ed. P. H. Hochachka ve T. P. Mommsen) In: The biochemistry and molecular biology of fishes. Elsevier, 2, 1-38, Amsterdam.
- Moore, W. S. 1995. "Inferring phylogenies from mtDNA variation; Mitochondrial Gene trees versus nuclear gene trees". Evolution, 49, 718-726.
- Morte, M. S., Redon, M. J., Sanz-Brau, A. 1997. "Trophic relationships between two gurnards *Trigla lucerna* and *Aspitrigla obscura* from the Western Mediterranean". Journal of Marine Biology, 77, 527-537.
- Mullis, K. B. 1990. "The unusual origin of the polymerase chain reaction". Scientific American, 262(4), 56-61.
- Nei, M. ve Kumar, S. 2000. Molecular evolution and phylogenetics. Oxford university press.
- Nei, M. ve Tajima, F. 1983. "Maximum likelihood estimation of the number of nucleotide substitutions from restriction sites data". Genetics, 105(1), 207-217.

- Nei, M. 1978. "Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals". *Genetics*, 89(3), 583-590.
- Nurdalila, A. .A, Bunawan, H., Kumar, S. V., Rodrigues, K. F., Baharum, S. N. 2015. Homogeneous nature of Malaysian marine fish *Epinephelus fuscoguttatus* (Perciformes; Serranidae): evidence based on molecular markers, morphology and Fourier transform infrared analysis. *International Journal of Molecular Sciences* 16: 14884-14900.
- Obermiller, L. E. ve Pfeiler, E. 2003. "Phylogenetic relationships of elopomorph fishes inferred from mitochondrial ribosomal DNA sequences". *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 26(2), 202-214.
- Orrell, T. M. ve Carpenter, K. E. 2004. "A phylogeny of the fish family Sparidae (porgies) inferred from mitochondrial sequence data". *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32(2), 425-434.
- Ovenden, J. R. 1990. "Mitochondrial DNA and marine stock assessment: A review". *Australian Journal of Marine and Freshwater Research*, 41(6), 835-853.
- Pardo, B. G., Machordom, A., Foresti, F., Porto-Foresti, F., Azevedo, M. F. C., Bañon, R., Sánchez, L., Martínez P. 2005. "Phylogenetic analysis of flatfish (Order Pleuronectiformes) based on mitochondrial 16s rDNA sequences". *Scientia Marina*, 69(4), 531-543.
- Park, L. K., Brainard, M. A., Dightman, D. A. 1993. "Low levels of intraspecific variation in the mitochondrial DNA of Chum Salmon (*O. keta*)". *Molecular Marine Biology Biotechnology*, 2, 362-379.
- Ramanadevi, V. ve Thangaraj, M. 2013. "Comparative Phylogenetic Study of Four Genes of Mitochondrial Genome in Tenpounder Fishes (Order: Elopiformes)". *Notulae Scientia Biologicae*, 5(3), 282-289.
- Rayman, N., Utter, F. 1987. "Population genetics and fishery management". (Ed. Rayman, N. and Utter, F.) Washington Sea Grant Program, University of Washington Press, Seattle and London. 420 s.
- Raymond, M. ve Rousset, F. 1995. "GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism", *Journal of Heredity*, 86(3), 248-249.
- Richards, W. J. ve Saksena, V. P. 1990. Triglidae. (Ed. Quero, J.C., Hureau, J. C., Karrer, C., Post, A., Saldanha, L.). In: "Check-list of the fishes of the eastern tropical Atlantic (Clafeta)". JNICT, Lisbon, SEI, Paris and Unesco, Paris. 2: 680-684.
- Richter, C. 1988. "Do mitochondrial DNA fragments promote cancer and aging". *FEBS lett*, 241, 1-5.
- Roby, D., Lambert, J. D., Sevigny, J. M. 1991. "Morphometric and electrophoretic approaches to discrimination of capelin (*Mallotus villosus*) populations in the

- Estuary and Gulf of St. Lawrence". Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 48(11), 2040-2050.
- Saiki, R. K., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K. B., Horn, G. T., Erlich, H. A., Arnheim, N. 1985. "Enzymatic amplification of B-globulin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia". Science, 230, 1350-1354.
- Saitou, N. ve Nei, M. 1987. "The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees". Molecular Biology and Evolution, 4(4), 406-425.
- Sambrook, J., Fritsch, E. F., Maniatis, T. 1989. "Molecular Cloning: A Laboratory Manual". Second ed. Cold Spring Harbor Press, New York.
- Sambrook, J., Russell, D. W., Russell, D. 2001. "Plasmids and their usefulness in molecular cloning". Molecular cloning, 1(1), 31-35
- Santos, S., Schneider, H., Sampaio, I. 2003. "Genetic differentiation of *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae, Perciformes) populations in Atlantic coastal waters of South America as revealed by mtDNA analysis". Genetics and Molecular Biology, 26(2), 151-161.
- Schmitt, T. 2007. "Molecular biogeography of Europe: Pleistocene cycles and postglacial trends", Frontiers in Zoology, 4(11), 1-13.
- Serena, F., Voliani, A., Auteri, R., 1998. "Nursery areas and some biological information of Tub gurnard (*Trigla lucerna* L., 1758) off Tuscany coast (Italy)". Rapp. Comm. int. Mer. Medit., 35, 482-483.
- Shaklee, J. B., Tamaru, C. S., Waples, R. S. 1982. "Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of proteins", Pacific Science, 36(2), 141-157.
- Shepherd, G. 1991. "Meristic and morphological variation in Black Sea bass North of Cape hatteras, North Carolina", American Journal of Fisheries Management, 11, 139-149.
- Simon, C., Franke, A., & Martin, A. 1991. The polymerase chain reaction: DNA extraction and amplification. In Molecular techniques in taxonomy. Springer Berlin Heidelberg. Berlin. pp. 329-355.
- Singh, N. S., Behera, B. K., Sharma, A. P. 2013. "Population Structure of *Puntius sophore* Inferred from Variation in Mitochondrial DNA Sequences". International Journal of Research in Fisheries and Aquaculture, 3(3), 112-115.
- Stagioni, M., Mazzoni, E., Montanini, S., Vallisneri, M. 2007. "Strategia alimentare di *Trigla lucerna* (Teleostei, Triglidae) in Alto-Medio Adriatico: note di 7 campagne di pesca strascico". 688 Congresso Nazionale UZI, Lecce, 24-27 settembre 2007. 76 s.
- Strauss, R. E. ve Bookstein, F. L. 1982. "The truss: body form reconstructions in morphometrics". Systematic Biology, 31(2), 113-135.

- Su, T. F., Jiang S. G., Zhou F. L., Zhu C. Y., Chen, P. M. 2005. "Mitochondrial 16S rRNA gene fragment sequence analysis in populations of *Crassostrea rivularis*". High Technology Letters, 15(2), 100-103.
- Sunnuck, P. 2000. "Efficient genetic markers for population biology". Trends in Ecology and Evolution, 15, 199-203.
- Swain, D. P., Riddell, B. E., Murray, C.B. 1991. "Morphological differences between hatchery and wild populations of coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*): environmental versus genetic origin". Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 48(9), 1783-1791.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., Gibson, T. J. 1994. "CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice". Nucleic Acids Research 22(22), 4673-4680.
- Tuncay, D., Tuncay, S. S., Yılmaz, C., Bardakçı, F. 2014. "Population Genetic Structure of red mullet (*Mullus barbatus* L.) in Turkish Sea Based on Mitochondrial DNA". Front. Marine Science Conference Abstract: IMMR International Meeting on Marine Research 2014.
- Turan, C., Carvalho, G. R., Mork, J. 1997. "Molecular Genetic Analysis of Atlanto- Scandian Herring (*Clupea harengus*) Populations Using Allozymes and Mitochondrial DNA Markers". Journal of the Marine Biological Association, 78, 269-283.
- Turan, C. 1999. "A note on the examination of morphometric differentiation among fish populations: the truss system", Turkish Journal of Zoology, 23(3), 259-264.
- Turan, C. 2000. "Stok ve Tür Tespitinde Kullanılan Moleküler Genetik Teknikler", IV.Su Ürünleri Sempozyumu, Erzurum, 151-152
- Turan, C. ve Başusta, N. 2001. "Comparison of morphometric characters of twaite shad (*Alosa fallax nilotica*, Geoffroy Saint-Hilaire, 1808) among three areas in Turkish Seas". Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture, 362-363, 1027-1035.
- Turan, C. ve Oral, M. 2005. "A computer package program for morphometric identifications of fish populations: MorFISH", In ITAFE'05-International congress on information technologies in agriculture, Food and Environment, Cukurova University, Adana, Turkey, October. 12-14.
- Turan, C., Oral, M., Öztürk, B., Düzgüneş, E. 2006. "Morphometric and meristic variation between stocks of Bluefish (*Pomatomus saltatrix*) in the Black, Marmara, Aegean and northeastern Mediterranean Seas". Fisheries Research, 79(1), 139-147.

- Turan, C. (Ed.), Öztürk, B., Ergüden, D., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Keskin, Ç., Uygur, N. 2007. Türkiye Kemikli Deniz Balıkları Atlası ve Sistematığı. Nobel Yayınevi, Adana, Turkey.
- Turan, C., Gündüz, I., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Ergüden, D. 2009. "Systematics of scorpaeniformes species in the Mediterranean Sea inferred from mitochondrial 16S rDNA sequence and morphological data". Folia Biologica, 57(3-4), 219-226.
- Turan, C. 2011. "The systematic status of the Mediterranean Spicara species (Centracanthidae) inferred from mitochondrial 16S rDNA sequence and morphological data". Journal of Black Sea/Mediterranean Environment 17(1), 14-31.
- Turan, C., Ergüden, D., Gürlek, M. 2016. "Critically endangered fish species of Turkish Seas (Mediterranean and Aegean): Longfin gurnard, *Chelidonichthys obscurus* (Walbaum, 1792)". Natural and Engineering Sciences, 1, 11-15.
- Uçkun, D. 2005. "Edremit Körfezi'nde Triglidae Familyası (Kırlangıç Balıkları)'na Ait Türlerin Yaş ve Büyüme Özelliklerinin İncelenmesi". Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 22(3-4), 363-369.
- Uçkun-İlhan, D. ve Toğulga, M. 2007. "Age, growth and reproduction of tub gurnard *Chelidonichthys lucernus* Linnaeus, 1758 (Osteichthyes: Triglidae) from Izmir Bay, Aegean Sea, Eastern Mediterranean". Acta Adriatica, 48(2), 173.
- Villaluz, A. C. ve MacCrimmon, H. R. 1988. "Meristic variations in milkfish *Chanos chanos* from Philippine waters". Marine Biology, 97(1), 145-150.
- Wallace, D. C. 1986. "Mitochondrial genes and diseases". Hospital Practice, 21, 77-92.
- Watson, J. D., Gilman, M., Witkowski, J., Zoller, M. 1992. "The polymerase chain reaction. In: Recombinant DNA". Second Edition. New York. 79-98.
- Wheeler, A. 1969. "The fishes of the British Isles and North-West Europe". Macmillan, London. 613 s.
- Whitehead, P.J.P., Bauchot, M.L., Hureau, J.C., Nielsen, J., Tortonese, E. (Eds), 1986. "Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean". Paris: UNESCO. 1473 s.
- Wilson, A. C., Cann, R. L., Carr, S. M., George, M., Gyllensten, U. B., Helmbjochowski, K. M., Higuchi, R. G., Palumbi, S. R., Prager, E. M., Sage, R. D., Stoneking, M. 1985. "Mitochondrial-DNA and two perspectives on evolutionary genetics". Biological Journal of the Linnean Society, 26, 375-400.
- Winans, G. A. 1984. "Multivariate morphometric variability in Pacific salmon: Technical demonstration". Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 41(8), 1150-1159.



- Yap, B. C., Yong, D. G., Poon, W. C. 2010. "How Well do financial ratios and multiple discriminant analysis predict company failures in Malaysia". *International Research Journal of Finance and Economics*, 54, 166-175.
- You, F., Liu, J., Zhang P., Xiang, J. 2005. "Preliminary study on mitochondrial 16S rRNA gene sequences and phylogeny of flatfishes (Pleuronectiformes)". *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 23(3), 335-339.

TÜBİTAK
PROJE ÖZET BİLGİ FORMU

Proje Yürütücüsü:	Prof. Dr. FUNDA TURAN
Proje No:	212T115
Proje Başlığı:	Türkiye Denizlerinde Bulunan Kırlangıç Balıklarının (Triglidae, Dactylopteridae, Peristedidae) Morfolojik Analizi Ve Moleküler Sistematiği
Proje Türü:	1001 - Araştırma
Proje Süresi:	36
Araştırmacılar:	BAYRAM ÖZTÜRK
Danışmanlar:	
Projenin Yürütüldüğü Kuruluş ve Adresi:	İSKENDERUN TEKNİK Ü. DENİZ BİLİMLERİ VE TEKNOLOJİSİ F.
Projenin Başlangıç ve Bitiş Tarihleri:	15/05/2013 - 15/05/2016
Onaylanan Bütçe:	232561.0
Harcanan Bütçe:	193712.0
Öz:	<p>Bu çalışmada Türkiye denizlerinde bulunan Triglidae (<i>Chelidonichthys cuculus</i>, <i>Chelidonichthys lucerna</i>, <i>Chelidonichthys obscurus</i>, <i>Eutrigla gurnardus</i>, <i>Lepidotrigla cavillone</i>, <i>Lepidotrigla dieuzeidei</i>, <i>Trigla lyra</i>, <i>Trigloporus lastoviza</i>), Dactylopteridae (<i>Dactylopterus volitans</i>), Peristedidae (<i>Peristedion cataphractum</i>) familyalarına ait kırlangıç balıklarının sistematik analizi, genetik (mitokondriyal COIII, 16S rRNA genleri dizi analizi) ve morfolojik (morfometrik ve meristik) teknikler kullanılarak araştırılmıştır. Aynı zamanda Türkiye denizlerinde bulunan <i>C. lucerna</i> türüne ait popülasyonlarının genetik ve morfolojik yapısı belirlenmiştir.</p> <p>Kırlangıç türlerine üzerine mtDNA COIII gen bölgesi analizinde 619 baz çifti uzunluğunda bölge incelenmiş ve türler arası nükleotid farklılığı uzaklık matrisine göre en düşük farklılık (0.002699) <i>L. dieuzeidei</i> ile <i>L. cavillone</i> ve en yüksek farklılık (0.428622) ise <i>L. dieuzeidei</i> ve <i>P. cataphractum</i> arasında bulunmuştur. Komşu katımlı filogenetik ağaçta, farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dala oluştuğu görülmektedir. Triglidae familyası ana ağacı iki kola ayrılmış olup, birinci kolda, <i>L. cavillone</i> ve <i>L. dieuzeidei</i> türlerinin birbirlerine en yakın türler olduğu ve <i>E. gurnardus</i>'un da bu iki türe daha yakın tür olduğu görülmektedir. Sırasıyla, bu türlere <i>C. cuculus</i> ve <i>T. lyra</i>'nın uzak türler olduğu görülmektedir. Triglidae ana dalının diğer tarafında ise <i>T. lastoviza</i> ve <i>C. lucerna</i>'nın birlikte gruplandığı, diğer familyanın temsilcilerinden olan <i>D. volitans</i>'ın bu türlere uzak olarak ayrı gruplandığı, fakat tüm türlere en uzak olan türün Peristedidae familyası üyesi olan <i>P. cataphractum</i> olduğu belirlenmiştir.</p> <p>Kırlangıç türlerine üzerine mtDNA 16S rRNA gen bölgesi analizinde 542 baz çifti uzunluğunda bölge incelenmiş ve türler arasındaki nükleotid farklılığın uzaklık matrisi karşılaştırmasında en yüksek nükleotid farklılık (0.09836) <i>D. volitans</i> ile <i>L. cavillone</i> arasında görülürken en düşük nükleotid farklılık (0.00222) ise <i>L. dieuzeidei</i> ile <i>L. cavillone</i> arasında bulunmuştur. Komşu katımlı filogenetik ağaçta, farklı familyaları ve türlerini temsil eden 3 ana dal oluşmakta ve Triglidae familyası türlerinin cinsler düzeyinde birlikte gruplandığı dikkat çekmektedir. <i>L. cavillone</i> ve <i>L. dieuzeidei</i> türleri birlikte gruplanırken bu türlere en yakın türler ise <i>T. lyra</i> ve <i>T. lastoviza</i> türleri olmuştur. Triglidae familyası <i>Chelidonichthys</i> cinsi türleri <i>C. cuculus</i> ve <i>C. lucerna</i> yine birbirlerine yakın gruplanırken <i>E. gurnardus</i> türü de bu gruba yakın bulunmuştur. <i>P. cataphractum</i> ve <i>D. volitans</i> türlerinin birbirinden ve diğer türlerden ayrı olarak gruplandığı ve filogenetik ağaçta en uzak olan türün <i>D. volitans</i> olduğu görülmüştür.</p> <p>Çalışmada türleri ayırt etmede kullanılan 50 morfolojik karakterin tamamının türlerin farklılıklarında oldukça önemli olduğu görülmüştür. Morfolojik sınıflandırma sonuçlarının genetik sonuçlar ile bire bir uyuşmadığı görülmüş olup, kullanılan morfolojik karakterlerin analiz edilen mtDNA genlerine kısmen yansımadağı tespit edilmiştir. Dactylopteridae familyası üyesi <i>D. volitans</i> ve Peristedidae familyası üyesi <i>P. cataphractum</i> türlerinin morfolojik ve genetik sonuçlarının benzer olduğu ve Triglidae familyası türlerinden çok farklı olduğu tespit edilmiştir. Türkiye denizlerinde bulunan <i>C. lucerna</i> türüne ait popülasyonlarının genetik analizinde sadece Marmara popülasyonunun diğer Ege ve Akdeniz popülasyonlarından farklı çıktığı gözlenmiştir. Morfolojik analizde, genetik sonuçlardan farklı olarak sadece Karadeniz popülasyonunun morfolojik olarak çok farklı olduğu görülmüştür.</p>

Anahtar Kelimeler:	Triglidae, Kırlangıç türleri, Moleküler sistematik, mtDNA dizileme, Morfoloji
Fikri Ürün Bildirim Formu Sunuldu Mu?:	Hayır
Projeden Yapılan Yayınlar:	1- Balık tanınmasında görüntü analiz yöntemleri (Makale - Diğer Hakemli Makale), 2- Balık tanınmasında görüntü analiz yöntemleri (Bildiri - Ulusal Bildiri - Sözlü Sunum), 3- Merkez-Kenar Uzunluğu Yöntemi Kullanılarak İki Sırt Yüzgeçli Balık Türlerinin Sınıflandırılması (Bildiri - Ulusal Bildiri - Sözlü Sunum), 4- Kırlangıç <i>Chelidonichthys lucernus</i> (Linnaeus, 1758) populasyonlarının genetik ve morfolojik analizi (Tez (Araştırmacı Yetiştirilmesi) - Yüksek Lisans Tezi),

TÜBİTAK