

ANKARA ÜNİVERSİTESİ  
BİYOTEKNOLOJİ ENSTİTÜSÜ

TEMEL BİYOTEKNOLOJİ  
DOKTORA TEZİ

TÜRKİYE'DEKİ EKONOMİK ÖNEME SAHİP SU ÜRÜNLERİNİN  
DNA BARKODLARININ ÇIKARILMASI

EMRE KESKİN

DANIŞMAN ÖĞRETİM ÜYESİ  
PROF. DR. HASAN HÜSEYİN ATAR

MAYIS  
2013

## **ETİK BEYAN**

Bu tez çalışmasının; akademik kural ve etik ilkelere bağılı kalınarak hazırlandığını, çalışmada yararlanılan ve bu çalışma ürünü olmayan bütün bilgiler için kaynak yayınlara atıfta bulunulmuş olduğunu beyan ederim.

Emre Keskin

Prof. Dr. Hasan Hüseyin ATAR danışmanlığında, Emre KESKİN tarafından hazırlanan bu çalışma 21/05/2013 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan : Prof. Dr. F. Güler EKMEKÇİ

İmza :

Üye : Prof. Dr. Hasan Hüseyin ATAR

İmza :

Üye : Prof. Dr. Okan ERTUĞRUL

İmza :

Üye : Doç. Dr. Hilal ÖZDAĞ

İmza :

Üye : Yrd. Doç. Dr. Süleyman BEKCAN

İmza :

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Aykut ÖZKUL

Enstitü Müdürü

# ÖZET

Doktora Tezi

Türkiye’deki Ekonomik Öneme Sahip Su Ürünlerinin DNA Barkodlarının Çıkarılması

Emre Keskin

Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü

Danışman: Prof. Dr. Hasan Hüseyin Atar

Bu çalışmada Türkiye iç su ve denizlerinde dağılım gösteren ve ekonomik öneme sahip 114 sucul canlının genetik karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesinde DNA barkodlama yönteminden yararlanılmıştır. Çalışma kapsamında DNA barkodlamada kullanılacak doku örneğinin seçimi ve uygulanan saklama koşullarının DNA miktar ve kalitesine etkisi de araştırılmış, DNA barkodlamanın tür içi ve türler arası genetik uzaklıkların ortaya çıkarılmasındaki etkinliği analiz edilmiş, ortaya çıkarılan bu genetik uzaklıklar kullanılarak oluşturulan evrimsel ilişki ağaçlarının çiziminde kullanılan model ve yöntemlerin sonuca etkisi detaylı bir şekilde değerlendirilmiştir.

Çalışma sonucunda Türkiye iç su ve denizlerinden örneklenen; 4 şube, 7 sınıf, 30 takım ve 58 familyadan toplam 114 ekonomik öneme sahip sucul türe ilişkin 654 baz çifti uzunluğunda DNA barkodları oluşturulmuş ve uluslararası veri tabanlarına ülkemizden ilk DNA barkod kayıtları olarak girişleri yapılmıştır.

Farklı veri setleri (Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca) üzerinden yapılan değerlendirmeler sonucunda türlerin tamamının özgün bir DNA barkod dizisine sahip olduğu belirlenmiş ve DNA barkodlarının türlerin, tür içi ve türler arası genetik karakterizasyonunda etkili bir araç olduğu sonucuna varılmıştır.

2013, 336 sayfa

**Anahtar kelimeler:** Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria, *COI*, DNA Barkodlama, Mitokondriyal DNA, Mollusca.

## ABSTRACT

Ph.D. Thesis

DNA Barcoding Commercially Important Aquatic Species of Turkey

Emre Keskin

Ankara University Biotechnology Institute

Supervisor: Prof. Dr. Hasan Hüseyin Atar

In this study, DNA barcoding was used in genetic characterization of 114 commercially important aquatic species found in Turkish fresh water and marine environments. Effects of tissue sampling and storage conditions on DNA quantity and quality, efficiency of DNA barcoding approach in determination of intraspecific and interspecific genetic distance and effects of choosing proper model and method in construction of evolutionary relationship trees to results were evaluated comprehensively within the context of this study.

654 base pair long DNA barcodes were generated for 114 commercially important aquatic species belonging to 4 phyla, 7 classes, 30 orders and 58 families from Turkish fresh water and marine environment and submitted to international data bases as first DNA barcode records from Turkey.

After analyzing separate data sets (Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria and Mollusca), all of the species were characterized with a unique DNA barcode sequence and DNA barcoding approach was evaluated as an effective molecular tool in characterization of intraspecific and interspecific relationship among these species.

2013, 336 pages

**Keywords:** Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria, *COI*, DNA Barcoding, Mitochondrial DNA, Mollusca.

## TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca bana her türlü araştırma olanağını sağlayan, tez çalışmamın her aşamasında bilgi ve önerileriyle bana yol gösteren değerli tez danışmanım, Sayın Prof. Dr. Hasan Hüseyin Atar'a,

Tez çalışmam boyunca, laboratuvar çalışmalarım sırasında benden bilgisini ve yardımlarını esirgemeyen değerli hocam Sayın Doç. Dr. Hilal Özdağ'a,

Yüksek lisans eğitimim başından bu zamana kadar her türlü konuda bilgi ve desteğini sunan, mevcut bilgi birikimim ve vizyonumun oluşmasına yardımcı olan değerli hocam Prof. Dr. Alp CAN'a,

Yüksek lisans ve doktora çalışmalarım boyunca bana her konuda destek olan ve çalışmalarım farklı bir bakış açısı kazandıran Dr. Nalan Oya San'a,

Tezin yazım aşamasında ve düzenlenmesinde büyük emek harcayan yüksek lisans öğrencisi Esra Mine Ünal'a,

Ayrıca benim bu günlere gelmemde her türlü destek ve teşviklerini esirgemeyen, emeklerini asla ödeyemeyeceğim değerli aileme, dostlarıma ve çalışma arkadaşlarıma sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Şunu da belirtmek isterim ki, üç buçuk senede tamamladığım bu çalışmayı, araştırma görevlisi kadromun sona erdirilmesi kaygısı ile yasal sürem en son limiti olan altı senede tamamlamaya beni zorlayan 2547 sayılı kanunun 50/d maddesine, belirsiz bir geleceğe rağmen çalışmalarım konsantre olabilme becerimi geliştirmeme yardımcı olmasından dolayı teşekkürü bir borç bilirim.

Emre Keskin  
Ankara, Mayıs 2013

**“Beni öldürmeyen şey, beni güçlendirir.”**

**“Was mich nicht umbringt, macht mich stärker.”**

**- Friedrich Nietzsche**

## İÇİNDEKİLER

ETİK BEYAN .....	i
ONAY SAYFASI .....	ii
ÖZET .....	iii
ABSTRACT .....	iv
TEŞEKKÜR.....	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	xiv
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	xvii
SİMGELER DİZİNİ .....	xix
<b>1. GİRİŞ.....</b>	<b>1</b>
1.1. Biyoçeşitlilik .....	1
1.2. Ekonomik Öneme Sahip Su Ürünleri .....	2
1.3. Tür Tanımlama.....	3
1.4. Tür Tanımlamada Kullanılan Moleküler Yöntemler .....	5
1.5. DNA Barkodlama .....	6
<b>2. KURAMSAL TEMELLER.....</b>	<b>8</b>
2.1. DNA Barkodlama Nedir? .....	8
2.2. DNA Barkodlamanın Diğer Yöntemlerden Farkı .....	8
2.3. Neden <i>Sitokrom C Oksidaz Alt Ünite I (COI)</i> Geni? .....	9
2.4. DNA Barkodlamanın Uygulanması .....	13
2.5. DNA Barkodlama İş Akışı .....	14
2.6. Uygulamada Karşılaşılan Zorluklar .....	17



2.6.1. Heteroplazmi .....	17
2.6.2. Psödogenler .....	18
2.6.3. Formalin .....	18
2.6.4. Hatalı diziler .....	19
2.6.5. Hibridizasyon .....	19
2.7. Sucul Canlılarda DNA Barkodlamanın Kullanımı .....	20
2.8. Çalışma Kapsamında Örnekleme Yapılan Gruplardaki Mevcut Durum .....	24
2.8.1. Arthropoda .....	24
2.8.2. Cnidaria .....	26
2.8.3. Mollusca .....	27
2.8.4. Balıklar .....	27
2.9. DNA Barkodlamanın Taksonomi, Filogeni ve Populasyon Genetiği ile İlişkisi.....	29
2.9.1. DNA barkodlama – taksonomi .....	29
2.9.2. DNA barkodlama – filogeni .....	29
2.9.3. DNA barkodlama – populasyon genetiği .....	31
2.10. DNA Barkodlama Konusunda Gerçekleştirilen Önceki Çalışmalar	32
3. GEREKÇE VE AMAÇ .....	73
4. MATERYAL VE YÖNTEM .....	74
4.1. Materyal .....	74
4.2. Yöntem.....	79
4.2.1. Örneklerin elde edilmesi.....	79
4.2.2. Doku diseksiyonu ve saklama .....	80
4.2.3. Moleküler analizler .....	80
4.2.3.1. Doku örneklerinden DNA izolasyonu.....	80
4.2.3.1.1. Fenol:kloroform:izoamilalkol yöntemi ile dokudan DNA izolasyonu .....	80
4.2.3.1.2. Promega Wizard Genomic DNA Purification Kit ile DNA izolasyonu .....	82
4.2.3.1.3. Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit ile DNA izolasyonu .	83
4.2.3.2. DNA kalite ve miktarının tayini.....	84
4.2.3.3. DNA bütünlüğünün görüntülenmesi .....	84
4.2.3.4. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR).....	85
4.2.3.5. Saflaştırma .....	87
4.2.3.6. DNA dizi analizi.....	87
4.2.3.7. Etanol/EDTA/Sodyum Asetat presipitasyonu .....	88

4.2.4. Veri analizleri .....	89
4.2.4.1. Dizilerin hizalanması .....	89
4.2.4.2. Tür içi genetik analizler .....	90
4.2.4.3. Türler arası genetik analizler .....	90
4.2.4.3.1. Nükleotid kompozisyonu.....	90
4.2.4.3.2. Nükleotid çifti frekansı analizi .....	91
4.2.4.3.3. Kodon kullanımı .....	91
4.2.4.3.4. Nükleotid substitüsyon modelinin belirlenmesi.....	91
4.2.4.3.5. Substitüsyon matrisi ve transisyon/transversiyon oranı (R) .....	92
4.2.4.3.6. Genetik uzaklık.....	92
4.2.4.3.7. Neutrality testi.....	92
4.2.4.3.8. Evrimsel ilişki analizi .....	92
5. ARAŞTIRMA BULGULARI .....	94
5.1. Moleküler Analizler.....	94
5.1.1. Farklı doku saklama yöntemlerinin DNA kalitesine etkisi .....	94
5.2. Veri Analizleri.....	96
5.2.1. Tür içi genetik analizler.....	96
5.2.1.1. Haplotip analizi .....	96
5.2.1.2. Tür içi genetik uzaklık .....	111
5.2.2. Türler arası genetik analizler .....	114
5.2.2.1. Nükleotid kompozisyonu .....	118
5.2.2.2. Nükleotid çifti frekansı analizi.....	123
5.2.2.3. Kodon kullanımı.....	124
5.2.2.4. Nükleotid substitüsyon modelinin belirlenmesi.....	129
5.2.2.5. Substitüsyon matrisi ve transisyon/transversiyon oranı (R)	130
5.2.2.6. Neutrality testi .....	131
5.2.2.7. Genetik uzaklık.....	132
5.2.2.8. Evrimsel ilişki analizi.....	137
5.2.2.8.1. Ağaç çiziminde kullanılan yöntemlerin sonuca etkisinin değerlendirilmesi .....	137
5.2.2.8.2. Evrimsel ilişkinin gruplara göre oluşturulan veri setlerine göre analiz edilmesi .....	145
5.2.2.8.2.1. Arthropoda .....	145
5.2.2.8.2.2. Mollusca .....	145
5.2.2.8.2.3. Actinopterygii ve Chondrichthyes.....	147
5.2.2.8.2.3.1. Acipenseridae.....	148
5.2.2.8.2.3.2. Carangidae.....	148
5.2.2.8.2.3.3. Clupeiformes.....	149
5.2.2.8.2.3.4. Cyprinidae .....	150
5.2.2.8.2.3.5. Gobiidae .....	151

5.2.2.8.2.3.6. Mugilidae .....	152
5.2.2.8.2.3.7. Mullidae .....	152
5.2.2.8.2.3.8. Pleuronectiformes .....	154
5.2.2.8.2.3.9. Scombridae .....	154
5.2.2.8.2.3.10. Scorpaeniformes .....	156
5.2.2.8.2.3.11. Serranidae .....	157
5.2.2.8.2.3.12. Sparidae .....	158
5.2.2.8.2.3.13. Perciformes (diğer).....	160
5.2.2.8.2.3.14. Actinopterygii (diğer) ve Chondrichthyes .....	160
5.2.2.8.2.4. Cnidaria .....	163
<b>6. TARTIŞMA VE SONUÇ .....</b>	<b>165</b>
6.1. Farklı Doku Saklama Yöntemlerinin DNA Kalitesine Etkisinin Değerlendirilmesi.....	165
6.2. Evrensel Primerlerin Amplifikasyon Başarısının Değerlendirilmesi	168
6.3. Tür İçi Genetik Uzaklığın Değerlendirilmesi.....	169
6.4. Türler Arası Genetik Uzaklığın Değerlendirilmesi .....	171
6.4.1. Nükleotid kompozisyonu .....	171
6.4.2. Nükleotid çifti frekanslarının değerlendirilmesi.....	173
6.4.3. Kodon kullanımının değerlendirilmesi .....	175
6.4.4. COI barkodlarının karşılaştırıldığı veri tabanlarının yeterliliğinin değerlendirilmesi.....	176
6.4.5. Genetik uzaklığın değerlendirilmesi .....	180
6.4.6. Evrimsel ilişkinin oluşturulan ağaçlar üzerinden değerlendirilmesi .....	186
6.5. Sonuç ve Öneriler .....	191
<b>KAYNAKLAR.....</b>	<b>194</b>
<b>EKLER .....</b>	<b>212</b>
EK 1: <i>Acipenser gueldenstaedtii</i> .....	212
EK 2: <i>Acipenser nudiventris</i> .....	213
EK 3: <i>Acipenser stellatus</i> .....	214
EK 4: <i>Alburnus alburnus</i> .....	215
EK 5: <i>Alburnus tarichi</i> .....	216
EK 6: <i>Alosa alosa</i> .....	217
EK 7: <i>Anguilla anguilla</i> .....	218
EK 8: <i>Argyrosomus regius</i> .....	219
EK 9: <i>Atherina hepsetus</i> .....	220
EK 10: <i>Aurelia aurita</i> .....	221

EK 11: <i>Auxis thazard</i> .....	222
EK 12: <i>Balistes capriscus</i> .....	223
EK 13: <i>Belone belone</i> .....	224
EK 14: <i>Boops boops</i> .....	225
EK 15: <i>Callinectes sapidus</i> .....	226
EK 16: <i>Cancer pagurus</i> .....	227
EK 17: <i>Capoeta capoeta</i> .....	228
EK 18: <i>Carcinus aestuarii</i> .....	229
EK 19: <i>Chelidonichthys cuculus</i> .....	230
EK 20: <i>Chelidonichthys lucerna</i> .....	231
EK 21: <i>Citharus linguatula</i> .....	232
EK 22: <i>Clarias gariepinus</i> .....	233
EK 23: <i>Cyprinus carpio</i> .....	234
EK 24: <i>Dentex dentex</i> .....	235
EK 25: <i>Dentex macrophthalmus</i> .....	236
EK 26: <i>Dicentrarchus labrax</i> .....	237
EK 27: <i>Diplodus annularis</i> .....	238
EK 28: <i>Diplodus cervinus</i> .....	239
EK 29: <i>Diplodus puntazzo</i> .....	240
EK 30: <i>Diplodus sargus</i> .....	241
EK 31: <i>Diplodus vulgaris</i> .....	242
EK 32: <i>Dussumieria elopsoides</i> .....	243
EK 33: <i>Engraulis encrasicolus</i> .....	244
EK 34: <i>Epinephelus aeneus</i> .....	245
EK 35: <i>Epinephelus marginatus</i> .....	246
EK 36: <i>Epinephelus tauvina</i> .....	247
EK 37: <i>Esox lucius</i> .....	248
EK 38: <i>Euthynnus alletteratus</i> .....	249
EK 39: <i>Gobius niger</i> .....	250
EK 40: <i>Homarus gammarus</i> .....	251
EK 41: <i>Lichia amia</i> .....	252
EK 42: <i>Lithognathus mormyrus</i> .....	253
EK 43: <i>Liza aurata</i> .....	254
EK 44: <i>Liza carinata</i> .....	255
EK 45: <i>Lobotes surinamensis</i> .....	256
EK 46: <i>Loligo vulgaris</i> .....	257
EK 47: <i>Lophius piscatorius</i> .....	258
EK 48: <i>Maja squinado</i> .....	259
EK 49: <i>Marsupenaeus japonicus</i> .....	260
EK 50: <i>Melicertus kerathurus</i> .....	261
EK 51: <i>Merlangius merlangus</i> .....	262
EK 52: <i>Merluccius merluccius</i> .....	263
EK 53: <i>Mugil cephalus</i> .....	264
EK 54: <i>Mullus barbatus</i> .....	265

EK 55: <i>Mullus surmuletus</i> .....	266
EK 56: <i>Mytilus galloprovincialis</i> .....	267
EK 57: <i>Necora puber</i> .....	268
EK 58: <i>Neogobius kessleri</i> .....	269
EK 59: <i>Neogobius melanostomus</i> .....	270
EK 60: <i>Nephrops norvegicus</i> .....	271
EK 61: <i>Oblada melanura</i> .....	272
EK 62: <i>Octopus vulgaris</i> .....	273
EK 63: <i>Pagellus erythrinus</i> .....	274
EK 64: <i>Pagrus auriga</i> .....	275
EK 65: <i>Pagrus pagrus</i> .....	276
EK 66: <i>Palinurus elephas</i> .....	277
EK 67: <i>Pecten jacobaeus</i> .....	278
EK 68: <i>Platichthys flesus</i> .....	279
EK 69: <i>Pomatomus saltatrix</i> .....	280
EK 70: <i>Pontastacus leptodactylus</i> .....	281
EK 71: <i>Psetta maxima</i> .....	282
EK 72: <i>Rapana bezoar</i> .....	283
EK 73: <i>Salmo trutta</i> .....	284
EK 74: <i>Sander lucioperca</i> .....	285
EK 75: <i>Sarda sarda</i> .....	286
EK 76: <i>Sardina pilchardus</i> .....	287
EK 77: <i>Sargocentron rubrum</i> .....	288
EK 78: <i>Sarpa salpa</i> .....	289
EK 79: <i>Saurida undosquamis</i> .....	290
EK 80: <i>Scardinius erythrophthalmus</i> .....	291
EK 81: <i>Scomber japonicus</i> .....	292
EK 82: <i>Scomber scombrus</i> .....	293
EK 83: <i>Scomberomorus commerson</i> .....	294
EK 84: <i>Scorpaena porcus</i> .....	295
EK 85: <i>Scorpaena scrofa</i> .....	296
EK 86: <i>Scyllarides latus</i> .....	297
EK 87: <i>Scyllarus arctus</i> .....	298
EK 88: <i>Sepia officinalis</i> .....	299
EK 89: <i>Seriola dumerili</i> .....	300
EK 90: <i>Serranus cabrilla</i> .....	301
EK 91: <i>Serranus scriba</i> .....	302
EK 92: <i>Silurus glanis</i> .....	303
EK 93: <i>Solea solea</i> .....	304
EK 94: <i>Sparisoma cretense</i> .....	305
EK 95: <i>Sparus aurata</i> .....	306
EK 96: <i>Sphyræna sphyraena</i> .....	307
EK 97: <i>Spicara smaris</i> .....	308
EK 98: <i>Spondylisoma cantharus</i> .....	309

EK 99: <i>Sprattus sprattus</i> .....	310
EK 100: <i>Squatina squatina</i> .....	311
EK 101: <i>Squilla mantis</i> .....	312
EK 102: <i>Thunnus alalunga</i> .....	313
EK 103: <i>Thunnus thynnus</i> .....	314
EK 104: <i>Tinca tinca</i> .....	315
EK 105: <i>Trachinotus ovatus</i> .....	316
EK 106: <i>Trachurus mediterraneus</i> .....	317
EK 107: <i>Trachurus trachurus</i> .....	318
EK 108: <i>Trigla lyra</i> .....	319
EK 109: <i>Umbrina cirrosa</i> .....	320
EK 110: <i>Upeneus moluccensis</i> .....	321
EK 111: <i>Xiphias gladius</i> .....	322
EK 112: <i>Venerupis decussatus</i> .....	323
EK 113: <i>Vimba vimba</i> .....	324
EK 114: <i>Zeus faber</i> .....	325
EK 115: ME yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç .....	326
EK 116: UPGMA yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç.....	327
EK 117: ML yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç .....	328
EK 118: MP yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç .....	329
EK 119: NJ yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç.....	330
<b>ÖZGEÇMİŞ</b> .....	<b>331</b>
<b>TEZDEN ÜRETİLEN YAYINLAR</b> .....	<b>336</b>

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. DNA barkod bölgesi .....	9
Şekil 2.2. Mitokondriyal genomda bulunan genler .....	10
Şekil 2.3. Tür içi ve türler arası genetik uzaklıkların varsayımsal dağılım frekansları.....	11
Şekil 2.4. Genomik ve DNA barkodlama çalışmalarındaki genetik bilgi ve taksonomik çeşitlilik matrisi .....	12
Şekil 2.5. DNA barkodlama çalışmalarındaki ana unsurlar ve bunların taksonomi, moleküler filogeni ve populasyon genetiği çalışmalarındaki rolleri .....	15
Şekil 2.6. DNA barkodlama iş akış şeması .....	17
Şekil 2.7. DNA barkodlama, populasyon genetiği ve moleküler filogenetik ilişkisi.....	31
Şekil 2.8. Lepidoptera familyasından 4.260 örneğin <i>COI</i> barkodlarının ağaç şeklinde gösterimi .....	34
Şekil 2.9. K2P uzaklıklarına göre 207 balık türüne ait 754 örnek kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.....	38
Şekil 2.10. K2P modeli kullanılarak hesaplanan tür içi ve türler arası <i>COI</i> gen dizisi farklılıkları.....	42
Şekil 2.11. <i>Lepidopus caudatus</i> ve <i>Zeus faber</i> türlerinin farklı populasyonları arasındaki genetik uzaklığın NJ ağacı üzerindeki gösterimi.....	46
Şekil 2.12. Kuzey Line Adaları ve Moorea'dan elde edilen <i>Pocillopora</i> örneklerinden elde edilen <i>COI</i> dizisi benzerlik değerleri.....	48
Şekil 2.13. Coğrafik dağılımlarına göre tür içerisinde %2,0 eşik değerinin üzerinde farklılık gösteren türler .....	51
Şekil 2.14. Liparidae familyasından 19 türün <i>COI</i> dizilerinin K2P modeline göre hesaplanan genetik uzaklıkları kullanılarak oluşturulan NJ ağacı .....	52
Şekil 2.15. Kuşlarda (a) ve balıklarda (b) tür içi, türler arası ve familya içi, %0,5-10 aralığında hesaplanan DNA dizi değişkenlikleri .....	54
Şekil 2.16. Türlerin bir veya birden çok türle temsil edildiği örneklemelerden elde edilen, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P uzaklık dağılımları .....	57
Şekil 2.17. Farklı özelliklere sahip kromotogram görüntüleri.....	58
Şekil 2.18. Tür içi, kopepod türleri arası ve farklı gruplardan türler arası K2P genetik uzaklık değerlerinin frekans dağılımları.....	60

<b>Şekil 2.19.</b> a) Ticari olarak “Acara” adı altında gruplanan balıkların morfolojik ve genetik incelemeleri sonrasında tespit edilen tür isimleri. b) Mitokondriyal gen haplotiplerine göre oluşturulan NJ ağacı. ....	62
<b>Şekil 2.20.</b> “Surubim” adı altına pazarlanan bütün balık ve fileto balık örneklerinden analiz edilen türlerin grafiksel dağılımı .....	63
<b>Şekil 2.21.</b> Konkolojik olarak benzer iki <i>Gafrarium</i> türüne ilişkin barkod verileri kullanılarak oluşturulan maximum likelihood ağacı .....	66
<b>Şekil 2.22.</b> <i>Piabina</i> örneklerinin <i>COI/sitokrom b</i> dizileri kullanılarak oluşturulan yedi ana grubun NJ ağacı .....	70
<b>Şekil 2.23.</b> Maximum parsimony yöntemi ile dokuz yayın balığı (ve bir <i>Ictalurus</i> hibriti) için oluşturulan ağaç .....	72
<b>Şekil 4.1.</b> Örnekleme yapılan istasyonlar .....	75
<b>Şekil 5.1.</b> Farklı koşullarda saklanan dokulardan elde edilen DNA’ların agaroz jel görüntüleri .....	94
<b>Şekil 5.2.</b> Dokulardan elde edilen ortalama DNA miktarları .....	95
<b>Şekil 5.3.</b> FishF1-R1, Fish F2-R2 ve LCO1490-HCO2198 primer çiftleri kullanılarak çoğaltılan PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüleri.....	96
<b>Şekil 5.4.</b> Tüm veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri .....	134
<b>Şekil 5.5.</b> Actinopterygii seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri .....	135
<b>Şekil 5.6.</b> Arthropoda veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri .....	135
<b>Şekil 5.7.</b> Veri setlerine göre hesaplanan türler arası K2P genetik uzaklıklar .....	136
<b>Şekil 5.8.</b> Veri setlerine göre hesaplanan tür içi K2P genetik uzaklıklar .....	136
<b>Şekil 5.9.</b> Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin <i>COI</i> dizileri kullanılarak oluşturulan ME ağacı .....	140
<b>Şekil 5.10.</b> Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin <i>COI</i> dizileri kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı.....	141
<b>Şekil 5.11.</b> Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin <i>COI</i> dizileri kullanılarak oluşturulan ML ağacı .....	142
<b>Şekil 5.12.</b> Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin <i>COI</i> dizileri kullanılarak oluşturulan MP ağacı.....	143



<b>Şekil 5.13.</b> Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin <i>COI</i> dizileri kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.....	144
<b>Şekil 5.14.</b> Arthropoda veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	146
<b>Şekil 5.15.</b> Mollusca veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	147
<b>Şekil 5.16.</b> Acipenseridae veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	148
<b>Şekil 5.17.</b> Carangidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	149
<b>Şekil 5.18.</b> Clupeiformes veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	150
<b>Şekil 5.19.</b> Cyprinidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	151
<b>Şekil 5.20.</b> Gobiidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	152
<b>Şekil 5.21.</b> Mugilidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	153
<b>Şekil 5.22.</b> Mullidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	153
<b>Şekil 5.23.</b> Pleuronectiformes veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	155
<b>Şekil 5.24.</b> Scombridae veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	155
<b>Şekil 5.25.</b> Scorpaeniformes veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	156
<b>Şekil 5.26.</b> Serranidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	157
<b>Şekil 5.27.</b> Sparidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	159
<b>Şekil 5.28.</b> Perciformes (diğer) veri seti için oluşturulan NJ ağacı.....	161
<b>Şekil 5.29.</b> Actinopterygii (diğer) ve Chondrichthyes veri seti için oluşturulan NJ ağacı	162
<b>Şekil 5.30.</b> Cnidaria veri seti için oluşturulan NJ ağacı .....	164

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<b>Çizelge 2.1.</b> Tür seviyesinde en çok kullanılan belirteçler.....	16
<b>Çizelge 2.2.</b> Sınıf ve takımlara göre tanımlanan, DNA barkodlaması yapılan ve DNA barkodlaması başarılı olmayan tür sayıları.....	22
<b>Çizelge 2.3.</b> Şubelere göre sucul canlılarda barkodlanan tür sayıları .....	25
<b>Çizelge 4.1.</b> Çalışmada kullanılan türlerin isimleri ile örneklendikleri istasyonların numaraları, adları ve koordinatları .....	76
<b>Çizelge 4.2.</b> <i>COI</i> geninin çoğaltılmasında kullanılan primer çiftlerinin dizileri.....	85
<b>Çizelge 4.3.</b> PCR amplifikasyonunda (50 µl toplam hacim) kullanılacak reaktiflerin miktar ve konsantrasyonları.....	86
<b>Çizelge 4.4.</b> PCR döngü koşulu .....	86
<b>Çizelge 4.5.</b> DNA dizi analizi reaksiyonu için optimize edilen protokol.....	88
<b>Çizelge 4.6.</b> DNA dizi analizi reaksiyonu döngü koşulu .....	88
<b>Çizelge 4.7.</b> DNA dizilerinin hizalanmasında kullanılan parametreler.....	90
<b>Çizelge 5.1.</b> Veri setinde türlere göre tespit edilen haplotip sayısı, çeşitliliği, frekansları ve değişken lokuslar .....	97
<b>Çizelge 5.2.</b> Tür içi genetik uzaklık (d) ve standart hata (S.H.) değerleri.....	111
<b>Çizelge 5.3.</b> Çalışma kapsamındaki türler için oluşturulan <i>COI</i> barkodlarının BOLD ve GenBank veri tabanlarındaki kayıt numaraları ile ilk kez girişi yapılan türler .....	114
<b>Çizelge 5.4.</b> Actinopterygii veri setindeki örneklerin nükleotid kompozisyonları (%) ....	118
<b>Çizelge 5.5.</b> Arthropoda veri setindeki örneklerin nükleotid kompozisyonları (%) .....	121
<b>Çizelge 5.6.</b> Chondrichthyes veri setindeki örneğin nükleotid kompozisyonu (%).....	122
<b>Çizelge 5.7.</b> Cnidaria veri setindeki örneğin nükleotid kompozisyonu (%) .....	122
<b>Çizelge 5.8.</b> Mollusca veri setindeki örneklerin nükleotid kompozisyonları (%).....	122
<b>Çizelge 5.9.</b> Tüm örneklere ilişkin veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları.. .....	123
<b>Çizelge 5.10.</b> Actinopterygii veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları .....	123
<b>Çizelge 5.11.</b> Arthropoda veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları .....	124
<b>Çizelge 5.12.</b> Mollusca veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları.....	124

<b>Çizelge 5.13.</b> Ortak veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları.....	125
<b>Çizelge 5.14.</b> Actinopterygii veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları .....	126
<b>Çizelge 5.15.</b> Arthropoda veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları .....	127
<b>Çizelge 5.16.</b> Mollusca veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları.....	128
<b>Çizelge 5.17.</b> Nükleotid substitüsyon modellerinin BIC, AICc ve lnL değerleri .....	129
<b>Çizelge 5.18.</b> Ortak veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi.....	130
<b>Çizelge 5.19.</b> Actinopterygii veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi .....	130
<b>Çizelge 5.20.</b> Arthropoda veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi .....	131
<b>Çizelge 5.21.</b> Mollusca veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi	131
<b>Çizelge 5.22.</b> Kodon temelli Z-testi (ZT) yöntemi kullanılarak elde edilen ve P değerleri 0,05'den büyük hesaplanan karşılaştırmalar .....	132
<b>Çizelge 5.23.</b> Veri setlerine göre oluşturulan ortalama K2P genetik uzaklık değerleri ....	132
<b>Çizelge 5.24.</b> Veri setlerine göre oluşturulan gruplar arası K2P genetik uzaklık matrisi .	133
<b>Çizelge 5.25.</b> Tüm veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri .....	133
<b>Çizelge 5.26.</b> Actinopterygii veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri .....	133
<b>Çizelge 5.27.</b> Arthropoda veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri .....	134

## SİMGELER DİZİNİ

°C	Derece Selsiyus
µl	Mikrolitre
µm	Mikrometre
µM	Mikromolar
A	Adenin
C	Sitozin
d	Genetik uzaklık
D	Doğu
DMSO	Dimetil sülfoksit
DNA	Deoksiribonükleik asit
DNAz	Deoksiribonükleaz
EDTA	Etilen diamin tetra asetik asit
G	Guanin
g	Ağırlık/hızlanma kuvveti
gr	Gram
HCl	Hidroklorik asit
ii	Eş çiftler
K	Kuzey
lnL	Maximum likelihood benzerlik değeri
mM	Milimolar
M	Molar
mg	Miligram
MgCl <sub>2</sub>	Magnezyum Klorür
ml	Mililitre
NaCl	Sodyum klorür
ng	Nanogram
nm	Nanometre
OD	Optik densite
pH	H iyonu konsantrasyonunun 10 tabanında (-) logaritması
pM	Pikomol
rRNA	Ribozomal ribonükleik asit
S.H.	Standart hata
SDS	Sodyum dodesil sülfat
si	Transisyonel çiftler
STE	Sodyum tris EDTA
sv	Transversiyonel çiftler
T	Timin
U	Ünite/Urasil
UV	Ultraviyole

# 1. GİRİŞ

## 1.1. Biyoçeşitlilik

Yaklaşık 48.000 tür içeren Chordata (Omurgalılar) şubesi içerisinde tür çeşitliliği bakımından ilk sırayı balıklar almaktadır. Biyolojinin beş temel omurgalı hayvan sınıfı içerisinde, balıklar yaklaşık 32.000 tür, amfibiler 4.300 tür, sürüngenler 6.000 tür, kuşlar 9.000 tür ve memeliler 4.800 tür ile temsil edilmektedirler<sup>1</sup>. Literatürde, 2010 yılı kayıtlarına göre 32.042 balık türü tanımlanmıştır. Bunlardan 15.170 (%47,4)'i tatlı sularda, 16.764 (%52,3)'ü denizlerde, 108 (%0,3)'i de acı sulardan bildirilmiştir<sup>2</sup>.

Arthropoda (Eklembacaklılar) şubesi altında yer alan Malacostraca sınıfı ise 16 takım altında 25.000'in üzerinde türü barındırmaktadır. İçerdiği yaklaşık 85.000 tür ile sucul canlıların %23'ünü kapsayan Mollusca (Yumuşakçalar) şubesi altında bulunan Bivalvia (Midyeler ve İstiridyeler) sınıfı 8.000 sucul tür, Cephalopoda (Kafadan bacaklılar) sınıfı 800 tür ve Gastropoda (Karından bacaklılar) sınıfı 35.000 sucul tür içermektedir<sup>3,4</sup>.

Ülkemiz denizlerinde bulunan balık türlerinin çeşitliliğine yönelik yapılan çalışmalar 694 türün kayıtlı olduğunu göstermektedir<sup>5</sup>. Türlerin denizlere göre dağılımı incelendiğinde Karadeniz'de 151, Marmara Denizi'nde 249, Ege Denizi ve Akdeniz'de ise 389'ar tür yer almaktadır<sup>6</sup>. Denizlerimiz fauna benzerliği açısından karşılaştırıldığında iki ana grup dikkati çekmektedir. Bunlardan birincisi, barındırdıkları türler bakımından %56 benzerlik gösteren Karadeniz ve Marmara Denizi'dir. İkincisi ise ortak türler bakımından %83'lük benzerlik gösteren Ege Denizi ile Akdeniz'dir. Birbirine coğrafik olarak en uzak iki denizimiz; Karadeniz ile Akdeniz'in fauna benzerlikleri karşılaştırıldığında ise %30 gibi düşük bir oran ortaya çıkmaktadır<sup>7</sup>.

Ege Denizi ve Akdeniz biyolojik çeşitlilik açısından en önemli bölgeler olarak öne çıkmaktadır. Oşinografik ve biyolojik özellikleri açısından farklı özelliklere sahip olan Ege

Denizi, bölgesel konumu, jeomorfolojik yapısı, hidrografik ve ekolojik özellikleri ile Akdeniz ekosisteminin önemli bir parçasını oluşturmaktadır. Coğrafik konum açısından incelendiğinde, Karadeniz ve Akdeniz sularının buluşma noktasını oluşturan Ege Denizi, kuzeyde Karadeniz'den gelen soğuk ve düşük tuzluluğa sahip suların, güneyde ise Akdeniz'den gelen sıcak ve yüksek tuzluluğa sahip suların etkisi altındadır<sup>8</sup>. Bu durum, Ege Denizi'nin kuzeyi ile güneyi arasında sıcaklık ve tuzluluk bakımından belirgin farklar oluşmasına neden olmaktadır. Bu ekolojik özellikleri nedeniyle, oşinografik olarak kuzey ve güney kökenli suların buluştuğu noktayı oluşturmakta ve bu durum biyolojik özelliklerine de yansiyarak Ege Denizi'ni soğuk su ve sıcak su canlılarının buluşma noktası haline getirmektedir. Bu nedenle Ege Denizi'nin kuzey ve güney bölgeleri, farklı zoo-coğrafyalardan canlı türlerini barındırmaktadır. Kuzey Ege'de Karadeniz kökenli subarktik ve subantartik türlere rastlanırken, güney Ege'de subtropikal ve İndo-Pasifik kökenli türler baskın durumdadır<sup>7</sup>.

## **1.2. Ekonomik Öneme Sahip Su Ürünleri**

Türkiye; akarsu, göl, gölet, baraj gölü gibi iç su kaynakları ve denizleri ile zengin su kaynaklarına ve geniş bir biyolojik çeşitliliğe sahiptir. Yaklaşık 25 milyon hektarlık deniz ve iç su kaynaklarının yüzey alanı tarım alanlarına eşit, orman alanlarından ise daha fazladır. Yaklaşık 700.000 ton olan ülkemizin su ürünleri üretimi, dünya su ürünleri üretiminin %0,7'sini oluşturmaktadır. 2011 yılı verilerine göre bu üretimin %61,44'ü deniz balıklarından, %6,45'i diğer deniz canlılarından, %5,27'si iç su canlılarından ve %26,83'ü de yetiştiricilik yoluyla gerçekleştirilmiştir. Bu oranlar değerlendirildiğinde, iç su canlılarının payı, ülkemizin yüksek iç su üretim potansiyeli düşünüldüğünde, oldukça düşük kalmıştır. Farklı ekolojik özelliklere sahip denizlerimizde, bu özelliklere uyum sağlamış, farklı ekonomik değerlere sahip çok sayıda tür bulunmaktadır. Denizlerimizde ve iç sularımızda yaşayan yaklaşık 4.000 hayvan türü ve 1.000 bitki türünün çok küçük bir kısmı ekonomik anlamda değerlendirilmektedir. Denizlerde ve iç sularda yaşayan ve ekonomik öneme sahip türler denildiği zaman en başta ticari avcılığı yapılan balık türleri akla gelmektedir. Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) tarafından yayınlanan 2011 yılı verileri incelendiğinde, 65 deniz balığı türü, 26 diğer deniz canlısı türü, 20 iç su balığı türü ve 3 diğer iç su canlısı türü olmak üzere toplam 114 tür ekonomik olarak değerlendirilen su ürünleri

kapsamında deęerlendirilmiřtir. Bu kapsamda deęerlendirilen trler hem balıkçılıęımıza girdi saęlanması bakımından, hem de uzun kıyısal kuřakta yařayan insanlarımızın beslenmesinde, istihdamında ve ekonomisinde byk neme sahiptir <sup>9</sup>.

### **1.3. Tr Tanımlama**

Su rnleri avcılıęı ve ynetiminde karřılařılan en temel sorun balık trlerinin tanımlanmasında ortaya çıkmaktadır. lkemizdeki trlerin tamamı ticari isimleri ile satıřa sunulmaktadır. Bu isimler blgeler arasında, hatta aynı blge ierisinde bile farklılıklar gsterebilmektedir. Su rnleri avcılıęında srdrlebilirlięin saęlanması iin avlanan trlerin doęru olarak tanımlanması bir zorunluluk olarak karřımıza çıkmaktadır <sup>10</sup>.

Sucul canlıların geleneksel olarak tanımlanmasında, isimlendirilmesinde ve sınıflandırılmasında morfolojik karakterler kullanılmaktadır. Her ne kadar gnmz taksonomik alıřmalarında anatomik zellikler, fizyolojik zellikler, davranıřsal karakterler, izoenzim profilleri ve coęrafik veriler deęerlendiriliyor olsa da, taksonominin temelini morfolojik karakterler oluřturmaktadır <sup>11</sup>.

Bugne kadar tanımlanmıř yaklaşık 230.000 deniz canlısı tr bulunmakta ve 1.000.000'dan fazla keřfedilmeyi ya da isimlendirilmeyi bekleyen deniz canlısı tr olduęu tahmin edilmektedir. Denizlerdeki yařama iliřkin bilgilerimizin henz eksik olduęu, hatta hassas ve ekstrem habitatlarda yařayan canlılara iliřkin bilgilerimizin daha bařlangı seviyesinde olduęu da bildirilmektedir. Bu alanda gerekleřtirilen alıřmalarda, denizlerdeki yařama iliřkin bu eřitlilięin, daha yksek taksonomik seviyeler, fonksiyonel gruplar, trler, populusyonlar ve bireyleri kapsayan farklı organizasyon seviyelerinde analiz edilmesi ile anlaşılabilieceęine vurgu yapılmaktadır. Mevcut ve yeni trlerin tespit edilmesine ynelik yrtlen bu titiz rnekleme, sınıflandırma ve tanımlama srecinin gelecek on yıllarda da devam etmesi ngrlmektedir. Bu sre zarfında, denizlerdeki mevcut biyoeřitlilik ve daęılım modellerinin aıklanabilmesine ynelik yeni yntemlerin geliřtirilmesine de ihtiya duyulacaęı aıktır <sup>12</sup>.

Sucul canlıların gelişimlerinin çeşitli aşamalarında, vücut parçası örneklerinden ve gıda olarak işlenmiş ürünlerin tanımlanmasında yalnızca morfoloji üzerine kurulu bir yaklaşımın işletilmesi kullanışlı olamamaktadır. Bazı durumlarda kullanılan ayırt edici morfolojik karakterler o kadar belirsiz olabilmektedir ki, konusunda uzman bir taksonomist bile bu karakterler üzerinden tanımlama yapmakta büyük zorluklar yaşayabilmektedir <sup>13</sup>.

Biyoeçitlilik çalışmalarının temelini, en çok zaman alan ve en zor kısmını, halen türlerin tanımlanması ve ayırt edilmesi aşaması oluşturmaktadır. Sucul canlıların çok geniş bir biyocoğrafik yayılım gösterdikleri bilinmektedir. Oşinograflar ve deniz biyologları halen okyanusların zoocoğrafik bölgelerinin belirlenmesi ve metazoan türlerin çeşitlilikleri ile dağılımlarını tanımlamak için uğraş vermektelerdir <sup>12</sup>.

Geniş ölçekli balıkçılık araştırmalarında tek bir örneklemede elde edilen türlerin tanımlanmasında bile birçok uzmana ihtiyaç duyulmaktadır. Bu durum hem ekonomik hem de zamansal anlamda büyük zorluklara yol açmaktadır. Ayrıca tüm örneklerin tanımlanması için ilgili literatüre ulaşıp herhangi bir uyumsuzluk olup olmadığının kontrol edilmesi ve tanımlamanın kesin bir şekilde gerçekleştirilmesi zahmetli bir süreçtir. Morfolojik karakterler üzerinden tanımlamaya dayalı bu zorluklar, küresel anlamda balık biyoeçitliliğinin belirlenmesi, gerekli koruma önlemlerinin alınması ve balıkçılığın yönetilmesini sınırlayan bir faktör olarak değerlendirilmektedir <sup>13</sup>.

Tür tanımlamaları doğru olarak gerçekleştirilmiş olan canlılara ait verilerin kullanılmasıyla oluşturulacak daha doğru balıkçılık düzenlemeleri ile korumaya yönelik yönetim önlemlerinin alınabileceği belirtilmektedir. Bu amaçla moleküler biyoloji temelli yöntemlerden yararlanılarak hızlı ve ekonomik yoldan tür tanımlamalarının gerçekleştirilmesi, morfolojik olarak tanımlanması mümkün olmayan örneklerin (farklı yaşam evrelerinde olan türler, morfolojik ayırım karakterleri henüz oluşmamış türler, vücut bütünlüğü bozulmuş türler, işlenmiş türler vb.) doğru bir şekilde tanımlanmaları olanaklı hale gelmektedir <sup>14</sup>.



#### 1.4. Tür Tanımlamada Kullanılan Moleküler Yöntemler

Bazı sucul canlı taksonlarında ortaya çıkan taksonomik karmaşaya çözüm bulunması, başarılı bir balıkçılık yönetimi ve su ürünleri ticaretinin düzenlenmesi gibi konularda türlerin doğru olarak tanımlanması gereksinimi, moleküler biyolojiden yararlanılması eğilimini de beraberinde getirmiştir <sup>15</sup>.

Kullanılan en eski ve en klasik genetik belirteç sistemi fenotipin incelenmesidir. Daha gelişmiş protein veya DNA dizisi temelli genetik belirteç sistemleri geliştirilmesine rağmen, klasik fenotip/genotip analizleri halen çevresel genetik çalışmalarında başarıyla kullanılmaktadır. Ölüm oranı, gelişim bozuklukları, DNA zinciri kırılmaları, fizyoloji ve metabolizma gibi fenotipik karakterler de populasyon çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır. Populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan gelişmiş yöntemler içerisinde en klasik yöntem protein polimorfizmlerinin incelenmesi şeklinde gerçekleştirilen allozim analizidir. Bu yaklaşım geçtiğimiz 30 yıl boyunca allozim genotipi ile kimyasal maddelere maruz bırakma arasındaki ilişkilerin incelenmesinde kullanılmıştır. Göreceli olarak daha ekonomik ve metodolojik olarak da basit olan bu yöntem, polimorfik olan enzim/protein lokuslarının sınırlı sayıda olması ve varyasyon miktarının türden türe büyük ölçüde farklılık göstermesi gibi bazı dezavantajlar taşımaktadır <sup>16</sup>.

DNA temelli yöntemleri incelediğimizde, protein temelli yöntemlere göre en belirgin üstünlüklerinin DNA molekülünün daha az bozulması (degrede olması) ve yumurtadan ergine tüm yaşam evrelerinde elde edilebilir olmasıdır <sup>17</sup>. Ayrıca DNA temelli yaklaşımlarla eş mutasyonlar tespit edilebilir ve polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) kullanılarak, analizler çok küçük miktarlarda doku örnekleri ile gerçekleştirilebilmektedir. En önemlisi de DNA dizisi verilerinin ve bu verilerin analizlerinin, kolaylıkla farklı laboratuvarlarda tekrarlanabilir bir nitelik taşımasıdır. Bugüne kadar, DNA dizileri üzerinden gerçekleştirilen tür ayrımı çalışmalarında birçok gen hedef alınmış ve bu genlerin farklı bölgeleri analiz edilmiştir <sup>13</sup>.

Çevresel genetik uygulamalarında kullanılan başlıca genetik belirteç sistemleri; mtDNA (mitokondriyal DNA), PCR-RFLP (PCR-Restriction Fragment Length Polymorphisms), RAPDs (Random Smplicated Polymorphic DNA's), SSR (Simple Sequence Repeats) ve AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms) olarak sınıflandırılmaktadır. Mitokondriyal DNA gen bölgeleri, PCR yöntemi ile çoğaltılıp doğrudan dizi analizinde veya restriksiyon enzimleri ile kesilerek RFLP analizlerinde kullanılmaktadır <sup>18</sup>. Mitokondriyal DNA'nın PCR-RFLP yöntemi ile analizindeki en önemli avantaj, incelenen genetik lokuslardaki homozigotluk ve heterozigotluk değerleri ile allel/genotip frekanslarının belirlenebilmesi ve daha geleneksel olan Hardy-Weinberg analizleri ile uyumlu olmasıdır. RAPD, SSR ve AFLP gibi teknikler kullanılarak da çok sayıda hem monomorfik hem de polimorfik genetik belirteçler oluşturulmuştur. Bunun sonucunda PCR ile çoğaltılan bu belirteçler tüm genomu kapsayacak kapasiteye ulaşmış ve çevresel yanıt genleri ile kuvvetli bir bağlantı (linkaj) kurulması olanaklı olmuştur. RAPD analizleri göreceli olarak daha ekonomik olup, omurgalıların genomik DNA'sının birkaç yüz ile 1.500 baz çiftini kapsayan DNA belirteçleri ile sonuç verebilmektedir. Minisatelit ve mikrosatelit SSR belirteçleri, tekrarlanan satelit dizilerinin klonlanması ve dizi analizlerinin gerçekleştirilmesi için kısa tri, tetra, penta gibi oligonükleotidlerin sentezine ihtiyaç duyduğundan çok fazla zaman isteyen bir yöntem olarak bilinmektedir. Bir başka moleküler belirteç yöntemi ise RFLP ve RAPD tekniklerinin birleşimi olan AFLP yöntemidir <sup>19</sup>. AFLP belirteçleri hem dominant hem kodominant olarak bulunur ve RAPD ile SSR'a göre genom başına on kat daha fazla sayıda potansiyel belirteç oluşturma kapasitesine sahiptir. Gerek RAPD gerekse AFLP ampikonları kullanılarak bireylerin populasyon içi-populasyonlar arası genetik karşılaştırmaları ve çevresel yanıt genlerinin kalıtımının tespit edilerek izlenmesi gerçekleştirilebilir <sup>16</sup>.

### **1.5. DNA Barkodlama**

DNA barkodlama terimi, literatürde yaygın olarak kullanılmaya başlanan bir ifadedir <sup>20</sup>. Bu yöntem temelde standart bir DNA bölgesinin hızlı, doğru ve otomatik bir şekilde tür tanımlamada kullanılmasına dayanmaktadır <sup>21</sup>. Fakat DNA barkodlama incelendiğinde çok da yeni bir kavram olmadığı görülmektedir. "DNA barkodu" terimi ilk kez 1993 yılında, bilimsel çevrelerin çok da dikkatini çekmeyen bir çalışmada <sup>22</sup> kullanılmıştır. Hatta

moleküler araçlar kullanılarak tür tanımlamalarının gerçekleştirilmesi ifadesi, bundan da eski bir kavram olarak, Sanger dizileme tekniğinden de önce ortaya çıkmıştır. Fakat DNA barkodlamanın gerçek “altın çağı” 2003 yılında başlamış<sup>20</sup> ve konuyla ilgili yayınların sayısı hızla artarak, günümüzde bu konuda yayınlanmış makale sayısı 250’yi aşmıştır. DNA barkodlamanın potansiyel kullanıcıları sadece taksonomistler değildir. Bu yöntem adli bilimler, biyoteknoloji, gıda endüstrisi ve hayvan besleme gibi birçok alanda kullanılacak bir araç olarak literatürdeki yerini almıştır<sup>23</sup>.

Yapılan çalışmalarda, mitokondriyal *sitokrom c oksidaz alt ünite I (COI)* geninin yaklaşık 655 baz çiftlik küçük bir bölümü kullanılarak kuşlar, balıklar ve kelebekler gibi karmaşık gruplara ait birçok canlı türünde %98-100 seviyelerinde tanımlama başarıyla gerçekleştirilmiştir. Barkodlama yönteminin kullanılmasıyla önceden tek bir tür olarak tanımlanan birçok kriptik türün ortaya çıkarılması mümkün olmuştur. Barkodlama ile hızlı ve güvenilir tür tanımlamanın yanı sıra, farklı gruplar arasındaki filogenetik ilişkiler de daha kolay çözümlenebilir olmaktadır<sup>11</sup>.

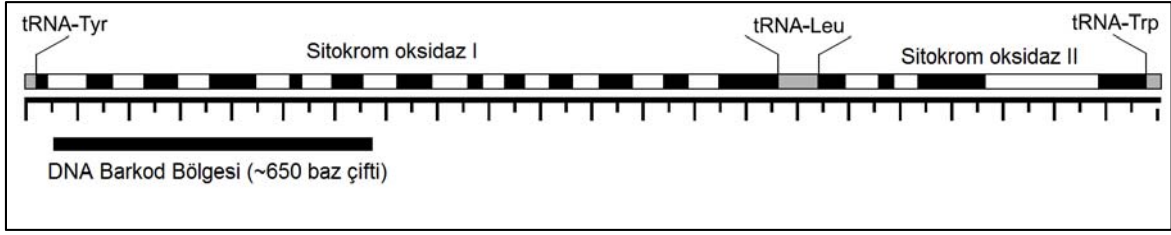
## **2. KURAMSAL TEMELLER**

### **2.1. DNA Barkodlama Nedir?**

Türlere özgü DNA profillerini ortaya çıkaran DNA barkodlama yöntemi, temelde basit bir önermeye dayanmaktadır. Bu önerme, organizmaların genomlarının küçük parçalarındaki DNA dizisi farklılıklarının herhangi bir canlının tür seviyesinde tanımlanmasını sağlayacak biyolojik barkodlar olarak kullanılabilir. Böylece, tanımlanamayan türlerin DNA dizileri ile DNA barkod veri tabanlarındaki DNA dizilerin eşleştirilmesi yöntemiyle bu türlerin tanımlanmasını sağlayacak evrensel bir tür teşhis anahtarı oluşturulması mümkün olmaktadır. Bu amaçla kısa DNA dizilerinin kullanılmasının temelinde, dizinin tür içerisindeki farklılık seviyesinin türler arasındaki farklılık seviyesinden daha düşük olduğu varsayımı bulunmaktadır. Yöntem canlılardan elde edilen doku örneklerinden DNA izolasyonu gerçekleştirilmesi, bu DNA'nın PCR ile hedeflenen bölgenin çoğaltılmasında kullanılması ve çoğaltılan bölgenin DNA dizi analizinin gerçekleştirilmesi aşamalarından oluşmaktadır. Bu işlemler sonucunda elde edilen DNA dizileri türlerin tanımlanmasında kullanılan barkodlar olarak veri bankalarına kayıt edilmektedir <sup>11</sup>.

### **2.2. DNA Barkodlamının Diğer Yöntemlerden Farkı**

DNA barkodlamayı diğer yöntemlerden ayıran temel özellik tek bir gen bölgesi kullanılarak tüm hayvan türlerine yönelik evrensel bir biyolojik tanımlama sistemi prensibine sahip olmasıdır <sup>20</sup>. *COI* geninin 5' ucundan 655 baz çiftlik bölgesi (Şekil 2.1), farklı şubelerden birçok canlıya göre tasarlanabilen primerler ile çoğaltılabilmesi nedeniyle DNA barkodlama için en uygun bölge olarak belirlenmiştir <sup>24</sup>.



Şekil 2.1. DNA barkod bölgesi (Roe and Sperling <sup>25</sup> den değiştirilerek alınmıştır)

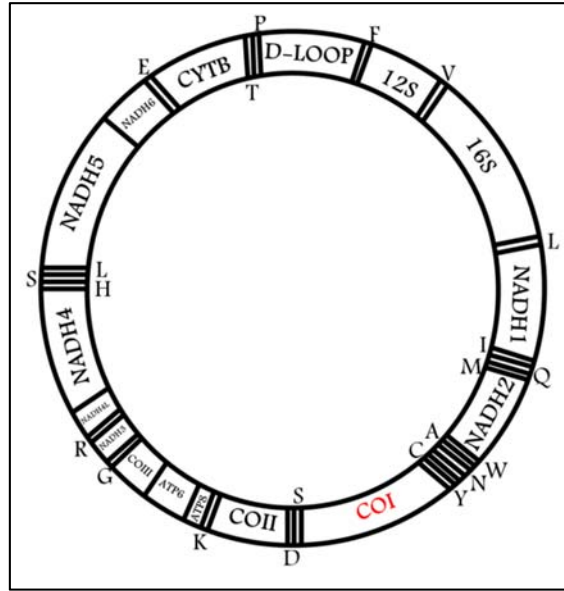
Bir gen bölgesinin DNA barkodu kadar kullanışlı olabilmesi için üç özelliğe sahip olması gerekmektedir. Bu özellikler: 1. tür seviyesinde belirgin bir genetik varyasyon ve ayırım gücüne sahip olması, 2. geniş bir taksonomik ölçekten canlılar için uygun evrensel primerler ile çoğaltılabilen, korunmuş uç bölgelerine sahip olması ve 3. DNA ekstraksiyonu ve PCR sırasında sorun yaratmayacak kısa dizi uzunluğuna sahip olması şeklinde sıralanabilir. *COI* geni tüm bu özelliklere sahip olduğundan dolayı hayvanlarda tür seviyesinde ayırım gücüne sahip, standardize edilmiş barkodlama bölgesi olarak kabul görmüştür <sup>26</sup>.

### 2.3. Neden *Sitokrom C Oksidaz Alt Ünite I (COI) Geni*?

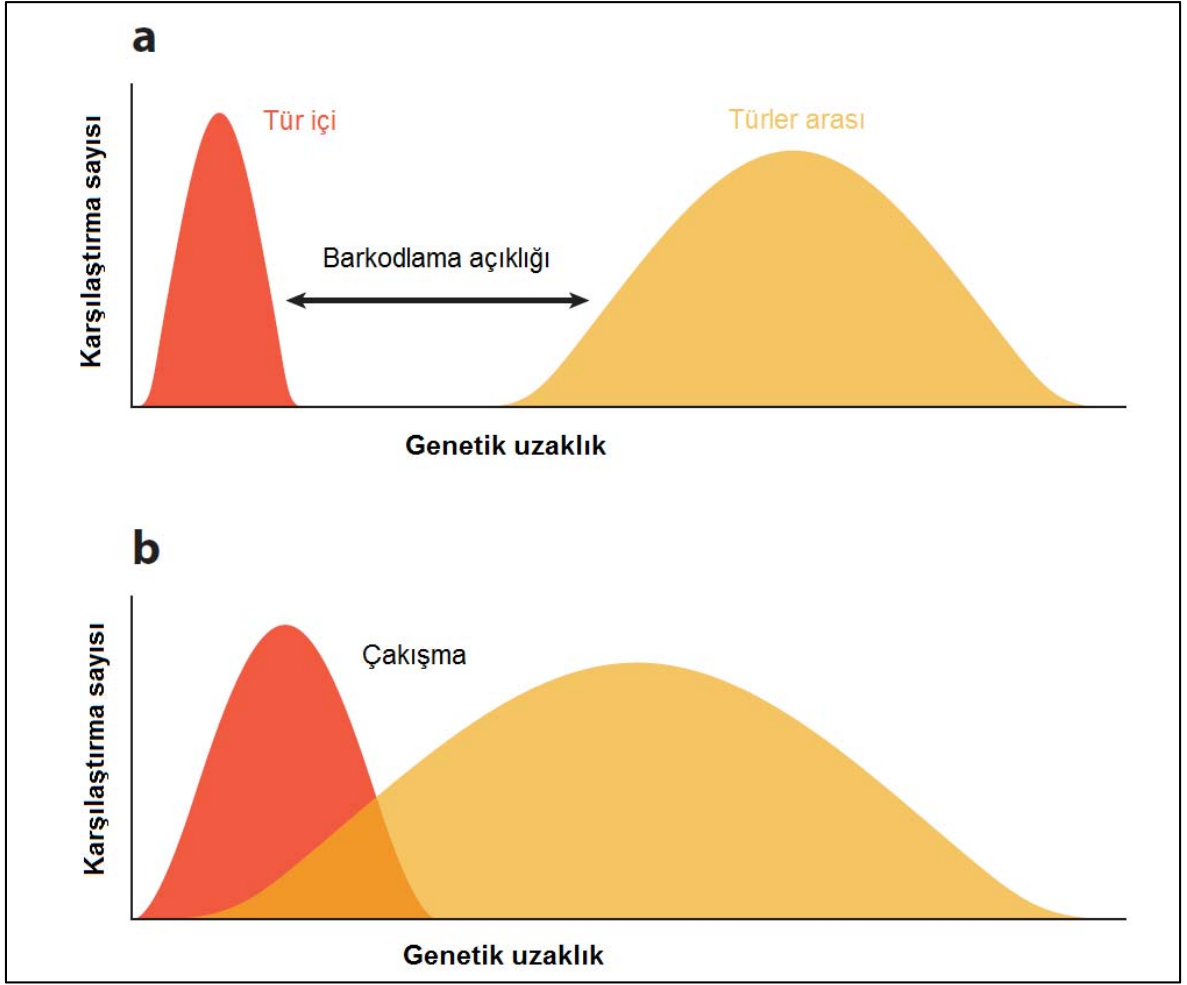
*COI* barkod bölgesinin, metazoan mitokondriyal genomu bakımından tür içerisinde %3'ten küçük, türler arasında ise ortalama %10-25 arasında belirgin bir farklılık gösterdiği yapılan çalışmalar ile ortaya koyulmuş bir gerçektir <sup>27</sup>. Günümüzde metazoan türler için kullanılan standart barkodun tanımı, *COI* geninin 5' ucundan 652-658 baz çiftlik bölgesi olarak ifade edilmektedir <sup>20</sup>. Metazoan türler için evrensel bir barkod bölgesi arayışında, mitokondriyal genomun nükleer genoma kıyasla birçok avantajı söz konusudur. Bu avantajlar intronların bulunmaması, rekombinasyona sınırlı şekilde maruz kalması, tüm hücrelerde yüksek kopya sayısı, haploit özellikte olması ve maternal bir kalıtıma sahip olması şeklinde sıralanabilir. Geçmişte yapılan birçok sistematik analiz çalışmasında kullanılan *12S rRNA* ve *16S rRNA* genleri, göstermiş oldukları yüksek insersiyon ve delesyon frekansı nedeniyle elde edilen dizilerin hizalanmasında ve karşılaştırılmasında büyük zorluklara neden olmuştur. Metazoan türlerin mitokondriyal genomlarında (Şekil 2.2.) bulunan 13 protein kodlayan gen genellikle bu insersiyon ve delesyonları içermektedir. *COI* geninin diğer protein kodlayan

mitokondriyal genlerden üstünlüğü metazoan türler için evrensel primer çiftleri <sup>24</sup> kullanılarak çoğaltılabilmesi ve birçok farklı taksonomik seviyede kullanılabilir bir filogenetik sinyale sahip olmasıdır. *COI* geninde bulunan kodonların üçüncü pozisyondaki nükleotidleri yüksek oranda substitüsyon göstermekte ve böylece mitokondriyal rRNA genlerine oranla üç kat daha yüksek moleküler evrim hızına sahip olarak değerlendirilmektelerdir. Bir başka önemli nokta da *COI* geninde gerçekleşen evrimin, yakın türlerin ayırma imkanı tanıyan ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi varyasyonu ortaya koyabilecek hızda gerçekleşmesidir <sup>12</sup>.

*COI* geninin standart barkod geni olarak seçilmesindeki asıl neden, birden fazla tür için göstermiş olduğu belirgin ayırma gücü ve tür içi ile türler arasındaki uzaklığın çakışmadığı tipik varyasyon modelidir <sup>27</sup>. Tür içi ve türler arası varyasyonda çakışma meydana gelmemesi Meyer and Paulay <sup>28</sup> tarafından “barkodlama açıklığı” (Şekil 2.3.) olarak adlandırılmış ve barkod genlerin isabet ve güvenilirliğinde en önemli nokta olarak kabul edilmiştir.



Şekil 2.2. Mitokondriyal genomda bulunan genler







Şekil 2.3. Tür içi ve türler arası genetik uzaklıkların varsayımsal dağılım frekansları

(a) tür içi varyasyon (kırmızı) ve türler arası varyasyonun (sarı) ayrı dağılımından doğan barkodlama açıklığı, (b) tür içi ve türler arası varyasyonun çakışan dağılımı sonucu barkodlama açıklığının bulunmaması (Meyer and Paulay<sup>28</sup> den değiştirilerek alınmıştır)

Tüm bu özelliklerine rağmen *COI* geninin çözümleyemediği bazı canlı grupları da bulunmaktadır. Bunlara örnek, Porifera (süngerler), Ctenophora (taraklılar) ve Anthozoa (mercanlar) olup, mitokondriyal DNA evrimsel hızının diğer metazoan gruplara kıyasla 10-20 kat daha yavaş olduğu ileri sürülmektedir<sup>29</sup>. Dahası *COI* barkodlarından elde edilen verilerin bazı canlı gruplarında, yakın ilişkili türlerin güvenilir bir şekilde ayrımlarının gerçekleştirilmesinde yetersiz kaldığı da belirtilmektedir<sup>30</sup>.

Bu istisnalar dışında, coğrafik olarak geniş yayılım gösteren farklı türlerin, türler arası ve tür içi varyasyonlarını da içeren birçok çalışma sonucunda elde edilmiş birbirleriyle tutarlı veri setleri, *COI* geninin barkodlama çalışmalarında kullanılan standart belirteç olarak benimsenmesinde büyük rol oynamıştır <sup>31</sup>. *COI* geninin standart belirteç olarak benimsenmesinin sonuçları NCBI (National Center for Biotechnology Information) GenBank ve BOLD (Barcode of Life Data Systems) gibi geniş, halka açık veri tabanlarına da açık bir şekilde yansımıştır. Barkodlama geninde gerçekleştirilen standardizasyon sonrasında GenBank ve BOLD gibi veri tabanlarına *COI* gen dizilerinin girişinde büyük bir artış yaşanmıştır. Bu veri çeşitliliği ve yoğunluğu, G-C değişimleri gibi nükleotid kompozisyonundaki evrimsel değişimler de dahil olmak üzere hayvanlar <sup>32</sup>, bitkiler ve mantarlardaki <sup>33</sup> birçok moleküler evrimsel hipotezin incelenmesine olanak sağlamıştır. *COI* barkod bölgesi, nükleotid kompozisyonunun tahmininde özellikle tercih edilen bir dizi olmamasına ve mitokondriyal genomun herhangi bir bölgesinden bu anlamda çok farklı olmasına rağmen, farklı taksonlardan gerçekleştirilen yoğun örnekleme sonucunda barkod kütüphanelerinde bunlara ilişkin birçok kayıt oluşmakta ve böylece çok sınırlı sayıda diziyeye sahip (Şekil 2.4.) “tüm mitokondriyal genom” veri tabanlarının sunamadığı karşılaştırma yapılacak bir referans DNA kütüphanesi imkanı araştırmacılara sunmaktadır <sup>12</sup>.

	 <b>DNA Barkodlama</b>	 <b>Genomik</b>
<b>Tür Sayısı</b> 	<b>Hepsi (Çok)</b>	<b>Tek (Az)</b>
<b>Gen Bölgesi Sayısı</b> 	<b>Tek (Az)</b>	<b>Hepsi (Çok)</b>

Şekil 2.4. Genomik ve DNA barkodlama çalışmalarındaki genetik bilgi ve taksonomik çeşitlilik matrisi (Kress and Erickson <sup>26</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)



*COI* gen bölgesinin tür seviyesinde tanımlamalarda etkin bir şekilde kullanılabilirliği günümüzde birçok omurgalı ve omurgasız hayvan grubu için kabul edilmiştir<sup>34</sup>. Barkodlama ayrıca hayvan hücre hatlarının tanımlanmasında da kullanılabilen<sup>35,36</sup> ve biyoçeşitlilik veri tabanlarındaki materyallerin karakterizasyonunda önerilen bir uygulama olarak da karşımıza çıkmaktadır<sup>37</sup>. Bunlarla birlikte, *COI* geninin aynı bölgesi kırmızı makro alglerin tür tanımlanmasında<sup>38</sup>, tek hücreli protistlerde (*Tetrahymena*<sup>39</sup>) ve bazı mantarlarda<sup>40</sup> da kullanılmaktadır. Bu kadar geniş ölçekte uygulama alanına sahip bu bölgenin ayırım gücünün temelinde nükleotid dizilerinde aynı anda meydana gelen değişikliklerdeki sıklık yer almaktadır<sup>41</sup>.

## 2.4. DNA Barkodlamanın Uygulanması

Geniş veri dijitalleştirme projeleri sayesinde, tüm dünyada biyoçeşitlilik çalışan araştırmacılar taksonomik literatüre rahatlıkla ulaşabilmektedir. İnternet erişimi tabanlı veri bankaları ile geçerli taksonomik isimlendirmeler ve sinonimlerinin de takip edilmesi kolaylaşmış durumdadır. Tüm bunlar çevrimiçi tür tayin anahtarları ve yüksek çözünürlükte dijital görüntüler ile birlikte değerlendirildiğinde taksonomik bilgi hiç olmadığı kadar kolay ulaşılabilir hale gelmektedir. Tüm bu gelişmelere rağmen morfolojik analizler halen kriptik türlerin, larvaların, yavruların ve vücut parçalarının tür seviyesinde tanımlanmasına olanak sağlamamaktadır. Türlerin daha iyi karakterize edilmesi ve tanımlanmasında, morfolojik tanımlanması gerçekleştirilmiş örneklerden elde edilen standart, referans DNA dizilerinden yararlanılabilir. Çok geniş taksonomik ölçekteki örnekler arasından elde edilen belirli standartta DNA dizileri herkesin ulaşabileceği ortak bir veri tabanı altında toplanabilir. Bilinmeyen türlerin tanımlanması için bu şekilde bir veri tabanının oluşturulması ve kullanılması zorunludur. Önceki çalışmalar incelediğinde, GenBank veri tabanında omurgalılara ilişkin DNA dizisi kayıtlarının büyük çoğunluğunu *sitokrom b* dizileri oluşturmaktaydı. Bunun nedeni *sitokrom b* genini çoğaltmak için kullanılan birçok primer çiftinin bulunmasıydı<sup>42</sup>. Günümüzde ise bu dengesizlik *COI* dizileri yönünde değişmiştir. Balıklarda ve diğer sucül canlılarda *sitokrom b* dizisine ilişkin yaklaşık 3.000 türden 15.000 örneğe ilişkin kayıt bulunurken bugün *COI* dizilerinden oluşan yaklaşık 8.500 türe ilişkin 70.000'in üzerinde kayıt bulunmaktadır ve *sitokrom b* kayıtlarındaki heterojenliğin aksine tüm *COI* kayıtları genin standart bir bölgesine aittir. Ayrıca BOLD veri tabanında kayıtlı bu

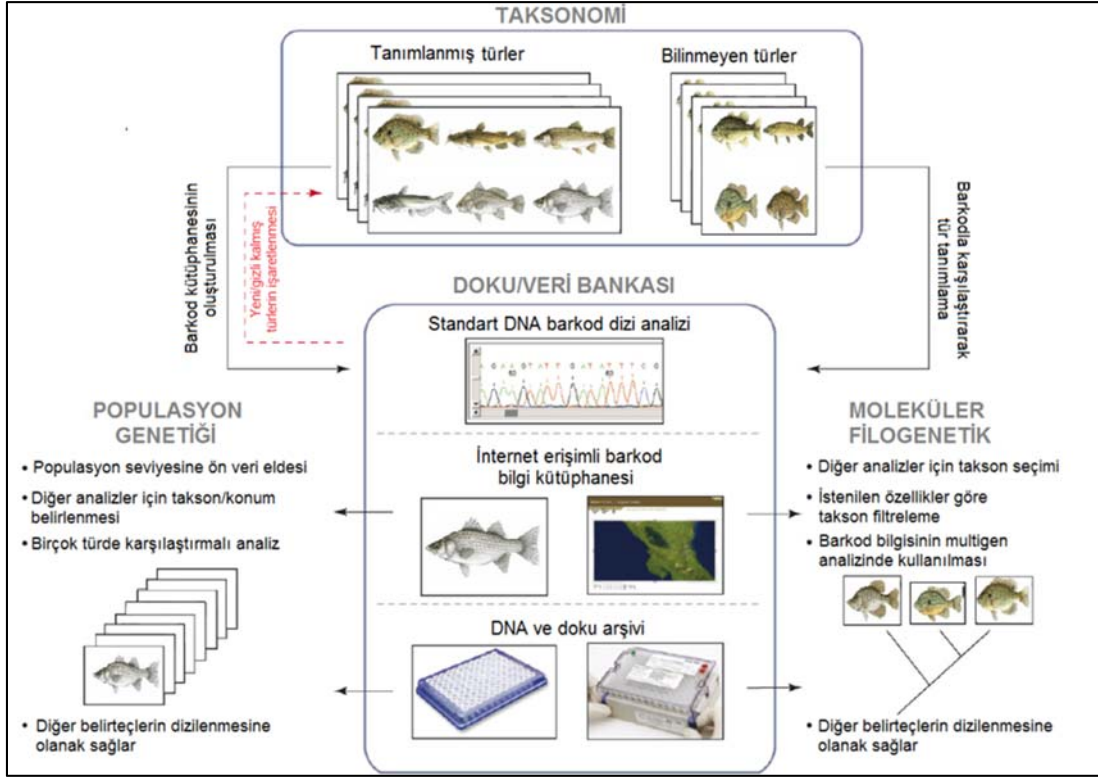
diziler “barkod” olarak kabul edilebilmeleri açısından belirli standartlara tabi olduklarından bilinmeyen türlerin tanımlanmasında güvenilir bir temel oluşturmaktadırlar<sup>13</sup>.

Sucul canlılarda uygulanan barkodlama çalışmalarında genel olarak pahalı olmayan, yüksek hacimli ekstraksiyon<sup>43</sup> ve dizileme protokolleri<sup>44</sup> uygun evrensel primerler kullanılarak<sup>45</sup> uygulanmaktadır. Barkodlamada taze, dondurulmuş veya uygun şekilde saklanmış doku örnekleri kullanılabilen, hatta pişirilmiş veya işlenmiş doku örneklerinden de barkodlama gerçekleştirilebilmektedir<sup>13</sup>.

## 2.5. DNA Barkodlama İş Akışı

Barkodlama yolu ile tür tanımlanması genel olarak, incelenen örnekten elde edilen genomun standart bir kısmından elde edilmiş ve barkod adı verilen kısa DNA dizisinin kullanılmasıyla gerçekleştirilir. Bilinmeyen tür örneklerinden elde edilen bu barkod dizileri, tanımlanması gerçekleştirilmiş ve veri tabanına kaydedilmiş barkodlar ile karşılaştırılır. Veri tabanında kayıtlı barkodlardan biri ile eşleşirse tür tanımlaması gerçekleşir. Eşleşme gerçekleşmediği takdirde, benzerlik oranlarına göre, kayıtlı türlere ilişkin yeni bir barkod kaydı olarak (haplotip veya coğrafik varyete) veya potansiyel yeni bir tür olarak değerlendirilir (Şekil 2.5.).

Tür seviyesinde biyosistemik tanımlamalarda birçok gen bölgesi kullanılmış (Çizelge 2.1.) fakat DNA barkodlama için evrensel bir standart oluşturulması fikri sonucunda daha öncede belirtildiği üzere, hayvanlar için *COI* geninin 5' ucundan 655 baz çiftlik bölgesi kabul görmüştür. Bu boyda bir dizi seçilerek konvansiyonel dizileme platformlarında tek seferde güvenle okunabilecek bir barkod oluşturulmuştur. DNA'da oluşan degradasyon sonucu 655 baz çiftlik bölgenin çoğaltılamayacağı durumlarda *COI* geninin daha kısa bölgeleri de (mini barkodlar) tür tanımlamada kullanılabilir<sup>46</sup>.



Şekil 2.5. DNA barkodlama çalışmalarındaki ana unsurlar ve bunların taksonomi, moleküler filogeni ve popülasyon genetiği çalışmalarındaki rolleri (Hajibabaei *et al.* <sup>47</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Bazı araştırmacılar, türlerin tanımlanmasında alternatif lokuslardan yararlanılabileceğini savunmaktadır. Örnek olarak Blaxter <sup>48</sup>, toprak nematodları ve benzer gruptaki canlıların tanımlanmasında *18S rRNA* dizilerinin kullanıldığı ve “DNA taksonomisi” adını verdiği bir yöntem geliştirmiştir. Fakat bu yaklaşımda, DNA barkodlamada olduğu gibi dizi analizi ile elde edilen genetik özelliğin Linnaeus taksonomisindeki türler ile eşleştirilmesi gibi bir amaç yoktur. Bu durumda da DNA taksonomisi yaklaşımı yalnızca detaylı taksonomik düzene sahip olmayan canlı gruplarında kullanılabilir olmaktadır. *COI* dizilerinin yeterli sayıda bulunmadığı durumlarda tür içerisinde ayırım yapabildiği tespit edilen <sup>49</sup> veya kriptik bir türün ortaya çıkarılmasında moleküler kanıt olarak kullanılabilen alternatif belirteçler de <sup>50</sup> kullanılmıştır. Ayrıca bitkiler gibi bazı gruplarda *COI* tür seviyesinde ayırım yapabilecek hızda evrimleşmediğinden de alternatif belirteçler kullanılmaktadır <sup>51,52</sup>. DNA barkodlamanın farklı hayvan gruplarındaki etkinliğini gösteren çeşitli çalışmalar mevcuttur <sup>20,27,45,46,50,53,54</sup>. Bu çalışmalar ile DNA barkodlaması gerçekleştirilen türlerin %95’inden fazlası için özgün bir *COI* barkod dizisi elde edilmiş ve tür seviyesinde tanımlamalar düzenli

bir şekilde yürütülmüştür. İlk gerçekleştirilen barkodlama çalışmaları örneklemelerin kısıtlı bir taksonomik ve coğrafik kapsamda gerçekleştirilmesi nedeniyle eleştirilmiştir <sup>55</sup>. Daha sonra yapılan çalışmalarda tropikal ortamlarda bulunan türleşme bakımından zengin taksonlar <sup>46</sup> ve belirli taksonomik gruplardaki türlerin tamamı hedef alınarak <sup>28</sup> detaylı analizler gerçekleştirilmiştir. Çalışmalardaki asıl hızlanma, araştırma kuruluşları tarafından oluşturulan uluslararası bir birlik olan ve DNA barkodlamanın tür tanımlanmasında uluslararası bir standart olmasını destekleyen CBOL (Consortium for the Barcode of Life)'un kurulması <sup>56</sup> ile DNA barkodları için küresel, çevrimiçi bir veri yönetim sistemi olan BOLD'un geliştirilmesi ile mümkün olmuştur <sup>57</sup>.

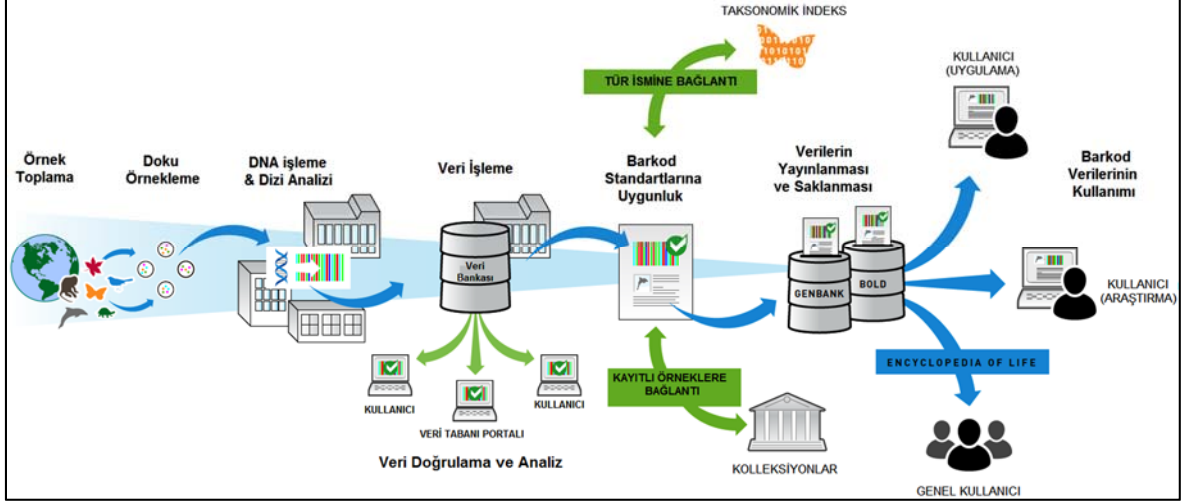
Çizelge 2.1. Tür seviyesinde en çok kullanılan belirteçler <sup>47</sup>

Gen*	Köken	Dizi kayıt sayıları			
		Hayvanlar	Bitkiler	Protistler	Mantarlar
<i>COI</i>	Mitokondri	195.777	520	1.931	410
<i>16S rDNA</i>	Mitokondri	41.381	221	2.059	285
<i>cytb</i>	Mitokondri	88.324	165	1.920	1.084
<i>ITS1-rDNA</i>	Nükleus	12.175	57.693	68.839	56.675
<i>ITS2-rDNA</i>	Nükleus	13.923	58.065	67.332	56.349
<i>18S-rDNA</i>	Nükleus	21.063	17.121	32.290	33.327
<i>rbcL</i>	Plastid	-	30.663	37.328	-

\*Gen kısaltmaları: *COI*, sitokrom c oksidaz I; *cytb*, sitokrom b; *ITS*, internal transcribed spacer; *ribuloz 1,5-bifosfataz karboksilaz/oksijenaz geniş alt ünite*.

Barkodlama çalışmaları genel olarak belirli taksonomik gruplardan örneklerin elde edilmesi (mümkünse morfolojik karakterler gibi klasik taksonomik yöntemler kullanılarak tanımlanması), DNA barkod dizilerinin (*COI* geninin 655 baz çiftlik kısmı) elde edilmesi ve diğer bilgiler ile bir araya getirilerek kataloglanması şeklinde yapılmaktadır (Şekil 2.6.). DNA barkod verilerinin analizinin son aşamasında neighbor joining (NJ) gibi uzaklık temelli

kümeleme yöntemleri kullanılarak <sup>58</sup> tür içi ve türler arası uzaklık sonuçları değerlendirilebilmektedir <sup>44</sup>.



Şekil 2.6. DNA barkodlama iş akış şeması (www.barcodeoflife.org/content/about/what-dna-barcoding, 2012)

## 2.6. Uygulamada Karşılaşılan Zorluklar

### 2.6.1. Heteroplazmi

Bilinen şekli ile mitokondriyal DNA'daki maternal kalıtım; homoplazmi (tüm hücre veya bireylerde tek tip mtDNA) ile sonuçlanır. Fakat nükleer psödogenlerin farklı çoğalmaları <sup>59</sup>, paternal aktarımlar <sup>60</sup>, somatik mutasyonlar <sup>61</sup> ve tür çaprazlamaları <sup>62</sup> heteroplazmiye (tüm hücre veya bireylerde birden fazla mitokondriyal DNA'nın karışımının bulunması) neden olabilmektedir. Bilinen mitokondriyal DNA kalıtımına istisna olarak *Mytilus edulis* türü midyeler gösterilebilir. Bu midye türlerinde heteroplazmik mitokondriyal DNA yapısına sahip homoplazmik bireyler saptanmıştır <sup>63</sup>. Bu saptamalar *Mytilus* türlerinde biparental kalıtımın meydana gelebilmesi hipotezi ile açıklanmaktadır <sup>64,65</sup>. *Mytilus* türlerinin barkodlarının ve diğer mitokondriyal genlerin analizinde karşılaşılan zorluğun, türler

arasındaki hibridizasyon sonrasında başlayan rekombinasyondan kaynaklandığı ileri sürülmektedir <sup>66</sup>.

### **2.6.2. Psödogenler**

Nükleusta bulunan mitokondriyal psödogenlerin (numt; nonfunctional copies of mtDNA in the nucleus) birçok önemli ökaryotik organizma grubunda tespit edildiği bilinmektedir. Bu psödogenler korunmuş evrensel primerler kullanıldığı zaman kolaylıkla mitokondriyal DNA ile birlikte amplifiye olabilmekteledir. Bu durum, nükleusta meydana gelen nükleotid substitüsyonlarının mitokondriyal genomdakiler kadar hızlı gerçekleşmemesi nedeniyle <sup>67</sup> özellikle DNA barkodlama açısından sorun yaratmaktadır. Fakat son yıllarda yapılan çalışmalarda barkodlama sonuçlarının psödogenler nedeniyle yanlış değerlendirilmesinin önüne geçen analiz yöntemlerinin de geliştirilmiş olduğu ifade edilmektedir <sup>68,69</sup>.

### **2.6.3. Formalin**

Sucul organizmaların barkodlanmasında en sık karşılaşılan problemlerin başında doku örneklerinin pH'sı iyi ayarlanmamış formalin çözeltilerinde saklanması gelmektedir. pH dengesi ayarlanmamış formalinin hızlı asidifikasyonunun arşivlenmiş örneklerden zaten zor olan DNA ekstraksiyonunu bir kat daha zorlaştırdığı belirtilmektedir <sup>70</sup>. Bilinenin aksine, dokuların pH dengesi ayarlanmış formalin içerisinde uzun zaman saklanması moleküler analizde kullanılmasına bir engel oluşturmamaktadır. Formalin içerisinde saklanmış dokulardan DNA ekstraksiyonuna yönelik birçok protokol bulunmakta, dahası formalin içerisinde saklanmış zooplankton <sup>71,72</sup> ve balık <sup>73</sup> örneklerinden elde edilmiş DNA barkodlarına da literatürde rastlanmaktadır. Mevcut sorunun aşılmasına yönelik yeni protokoller geliştirilmekle beraber, moleküler analizde kullanılacak sucul organizmaların dokularının saklanmasında yine de en uygun yöntem olarak etanol içerisinde veya dondurularak saklanması gösterilmektedir <sup>70</sup>.

#### 2.6.4. Hatalı diziler

Sucul organizmaların *COI* dizilerine ilişkin kayıtların NCBI GenBank veri tabanında hızla artması sayesinde bu canlıların karşılaştırmalı tanımlanmasında kaynak oluşturacak kullanışlı ve detaylı bir kütüphane meydana gelmiştir ve bu kütüphane gün geçtikçe de büyümektedir. Fakat dikkatli bir şekilde incelendiğinde GenBank veri tabanında taksonomik tanımlamanın yanlış yapıldığı, DNA dizisinin uygun bir şekilde kontrol edilmediği (dizinin yanlış hizalanması, stop kodonların oluşması, okuma çerçevesindeki insersiyon ve delesyonlar), bilinmeyen psödogenler içeren ve mikrobiyal kontaminasyonlara maruz kalmış birçok hatalı diziye de rastlandığı da ifade edilmektedir <sup>12</sup>. Bu hatalı dizilerin ancak belirli taksonların karşılaştırmalı olarak incelenmesi ile tespit edilebildiği vurgulanmaktadır <sup>74</sup>.

#### 2.6.5. Hibridizasyon

Türler arası hibridizasyon kuşkusuz barkodlama çalışmalarında önemli bir sorun teşkil etmektedir. Bilindiği gibi barkod geni olan *COI*, mitokondriyal bir gen dir ve genellikle maternal olarak aktarılır. Bu sebepten ötürü hibrit bir balık kaçınılmaz bir şekilde ve hatalı olarak maternal türle aynı tür olarak tanımlanacaktır. Eğer tanımlaması yapılacak türün hibritleşebilen türler arasında olduğu biliniyorsa ve doğru bir tanımlama yapmak isteniyorsa mutlaka DNA barkodlama ile birlikte bilinen türe özgü nükleer DNA allelleri de analiz edilmesi önerilmektedir. Eğer örnek gerçekten hibrit ise barkodlama sonucunda maternal tür belirlenecek, nükleer DNA dizisi yardımıyla da paternal tür ortaya çıkarılacaktır. Çok sayıda kemikli iç su balığı (139 tür <sup>75</sup>) ve deniz balığında (58 tür <sup>76</sup>) hibridizasyon tespit edilirken, kıkırdaklı balıklarda bugüne kadar tespit edilmiş bir hibridizasyon bulunmadığı bilinmektedir <sup>76</sup>. Bunun en önemli nedeni kemikli balıklarda görülen dış dölleme yerine, kıkırdaklı balıklarda iç döllemenin gerçekleşmesidir. Buna rağmen kemikli balıklar içerisinde bile hibridizasyon, türlerin yalnızca %1'inde görülmektedir <sup>13</sup>.

## 2.7. Sucul Canlılarda DNA Barkodlamanın Kullanımı

DNA barkodlama uygulamaları en çok avcılık kotalarının belirlenmesi, hedef dışı avlanan türlerin izlenmesi ve sürdürülebilir balıkçılık gibi sucul türlerin korunması<sup>77,78</sup> ve yönetilmesi alanlarında kullanılmaktadır<sup>79</sup>. Barkodlamanın tür tanımlamada sağladığı en önemli avantajlardan biri de kriptik türlerin ortaya çıkarılmasıdır<sup>53,80</sup>. Gıda güvenliği ve tüketicinin yanlış bilgilendirilmesi alanlarında gerçekleştirilen DNA barkodlama çalışmaları, market ve restoranlardan elde edilen örneklerin %25'inin yanlış etiketlenmiş veya değiştirilmiş olduklarını ortaya koymaktadır<sup>81</sup>. Konserve yapımı sırasında yüksek basınç ve sıcaklığa maruz kalmasından dolayı degrades olmuş DNA içeren örneklerde ise mini barkod olarak adlandırılan daha kısa nükleotid dizilerinden oluşan bölgeler kullanılmaktadır<sup>13</sup>. Bunun gibi avantajlara ve geniş kullanım alanına sahip olan DNA barkodlama yöntemi Amerikan Gıda ve İlaç Bakanlığı'nda (US Food and Drug Administration) balık ve diğer su ürünlerinin tür tanımlamasında, daha zahmetli bir teknik olan protein izoelektrik odaklama yönteminin yerini alarak standart protokol haline gelmiştir<sup>82</sup>.

DNA barkodlama sistemi, tüm hayvan türleri için kullanılabilen, DNA tabanlı evrensel bir tür tanımlama sistemi olarak sucul türlerin ve onlardan elde edilen ürünlerin tanımlanmasında basit ve kullanışlı bir araç olarak karşımıza çıkmaktadır. Karşılaştırma yapabileceğimiz bir referans DNA veri tabanı olduğu takdirde, elimizdeki yeni türün veya ürünün DNA'sı veri tabanındaki DNA ile karşılaştırılarak tanımlama gerçekleştirilir. *COI* bölgesinin birbirinden farklı hayvan gruplarından, birbirine yakın türlere kadar geniş ölçekte taksonomik seviyedeki canlılar arasındaki ayrımı başarıyla gerçekleştirdiği Hebert *et al.*<sup>53,54</sup> tarafından gösterilmiş, ayrıca deniz ve iç su balıklarında da başarıyla sonuç veren birçok çalışma yayınlanmıştır<sup>44,45,83-85</sup>. Barkodlama sisteminin başarısını destekleyen çalışmalar omurgasızlardan kuşlara kadar uzanan bir ölçekte gerçekleştirilmiş, günümüzde de mantarlardan insanlara kadar birçok organizma üzerinde çalışmalar artarak devam etmektedir. Tür çeşitliliğinin izlenmesinin standardizasyonuna yönelik gerçekleştirilen bu çalışmalardan elde edilen sonuçlar kriptik türlerin ortaya çıkarılması sürecini de hızlandırmıştır. Son yıllarda yaklaşık 8.500 balık türüne ilişkin DNA barkod kaydı



oluřturulmuř ve elde edilen bu *COI* dizileri BOLD ve GenBank veri tabanlarına kayıt edilmiřtir <sup>15</sup>.

Günümüzde bilinen yaklařık 31.000 balık türü 6 sınıf, 62 takım ve 540 familya altında toplanmaktadır <sup>2</sup>. Bu balık türlerinin 2011 yılı bařı itibariyle yaklařık 7.800 (%25)'ü en az bir DNA barkod kaydı altında karakterize edilmiřtir (Çizelge 2.2.). Yapılan çalıřmalar sonucunda familyaların birçoğundan (%89) en az bir tür barkodlanarak kayıt altına alınmıřtır. En az bir örneğın barkodlanması řeklinde gerçekteřtirilen analizlerde hata oranı %3 seviyesinde iken en az iki örneğın barkodlandıėı durumlarda hata oranı %3'ün de altına inmektedir. Sistematik olarak hata veren herhangi bir takım veya familya göze çarpmazken, hata oranlarının taksonomik seviyeler arasında eřit bir daėılım gösterdiėi söylenmektedir. *Pristiformes* ve *Torpediformes* (*Elasmobranchii*); *Albuliformes*, *Batrachoidiformes* ve *Gobiesociformes* (*Actinopterygii*); ile *Petromyzontiformes* (*Cephalaspidomorphi*) gibi bazı gruplarda hata oranı %10'un üzerinde tespit edilmiřtir <sup>86</sup>.

Çizelge 2.2. Sınıf ve takımlara göre tanımlanan, DNA barkodlaması yapılan ve DNA barkodlaması başarılı olmayan tür sayıları <sup>86</sup>

Sınıf/Takım	Tür sayısı	Barkodlanan tür sayısı	Barkodlanan tür %	Başarısız olunan tür sayısı	Başarısız olunan tür %
<b>Elasmobranchii</b>					
Carcharhiniiformes	270	154	57	2	1,3
Heterodontiformes	9	5	55,6	0	0
Hexanchiformes	5	5	100	0	0
Lamniformes	16	15	93,8	0	0
Orectolobiformes	41	23	56,1	1	4,2
Pristiformes	7	6	85,7	1	14,3
Pristiophoriformes	6	3	50	0	0
Rajiformes	550	239	43,5	14	5,5
Squaliformes	124	59	47,6	0	0
Squatiniiformes	22	13	59,1	0	0
Torpediniiformes	64	17	26,6	5	22,7
<b>Actinopterygii</b>					
Acipenseriformes	30	21	70	0	0
Albuliformes	10	4	40	2	33,3
Amiiformes	1	1	100	0	0
Anguilliformes	892	181	20,3	5	2,7
Ateleopodiformes	13	2	15,4	0	0
Atheriniiformes	326	55	16,9	0	0
Aulopiformes	254	102	40,2	3	2,9
Batrachoidiformes	81	14	17,3	4	22,2
Beloniformes	267	42	15,7	4	8,7
Beryciformes	159	70	44	1	1,4
Cetomimiformes	34	5	14,7	0	0
Characiformes	1.919	281	14,6	12	4,1
Clupeiformes	386	96	24,9	7	6,8
Cypriniformes	3.819	467	12,2	16	3,3
Cyprinodontiformes	1.189	116	9,8	5	4,1
Elopiformes	8	6	75	0	0
Esociformes	13	10	76,9	0	0
Gadiformes	608	198	32,6	9	4,3
Gasterosteiformes	27	10	37	0	0
Gobiesociformes	158	16	10,1	4	20
Gonorynchiiformes	37	7	18,9	0	0
Gymnotiformes	158	16	10,1	0	0
Lampriformes	24	18	75	0	0
Lepisosteiformes	7	6	85,7	0	0
Lophiiformes	327	69	21,1	5	6,8

Çizelge 2.2. (devam)

Sınıf/Takım	Tür sayısı	Barkodlanan tür sayısı	Barkodlanan tür %	Başarısız olunan tür sayısı	Başarısız olunan tür %
Mugiliformes	81	29	35,8	0	0
Myctophiformes	254	120	47,2	1	0,8
Notacanthiformes	28	10	35,7	1	9,1
Ophidiiformes	491	71	14,5	3	4,1
Osmeriformes	318	95	29,9	2	2,1
Osteoglossiformes	230	40	17,4	0	0
Perciformes	10.461	3.445	32,9	91	2,6
Percopsiformes	9	6	66,7	0	0
Pleuronectiformes	766	231	30,2	8	3,3
Polymixiiformes	10	3	30	0	0
Polypteriformes	18	3	16,7	0	0
Saccopharyngiformes	29	5	17,2	0	0
Salmoniformes	206	29	14,1	0	0
Scorpaeniformes	1.561	500	32	10	2
Siluriformes	3.377	360	10,7	13	3,5
Stephanoberyciformes	44	15	34,1	0	0
Stomiiformes	412	98	23,8	0	0
Synbranchiformes	109	7	6,4	0	0
Syngnathiformes	318	95	29,9	0	0
Tetraodontiformes	431	193	44,8	3	1,5
Zeiformes	33	23	69,7	0	0
<b>Myxini</b>					
Myxiniformes	74	13	17,6	1	7,1
<b>Cephalaspidomorphi</b>					
Petromyzontiformes	42	24	57,1	6	20
<b>Holocephali</b>					
Chimaeriformes	46	27	58,7	2	6,9
<b>Sarcopterygii</b>					
Coelacanthiformes	2	0	0	0	0
Ceratodontiformes	1	1	100	0	0
Lepidosireniformes	8	1	12,5	0	0
<b>Toplam</b>	<b>31.220</b>	<b>7.796</b>	<b>25,0</b>	<b>241</b>	<b>3,0</b>

## 2.8. Çalışma Kapsamında Örneklem Yapılan Gruplardaki Mevcut Durum

Sucul ekosistemler içerisinde bulunan ve geniş bir çeşitlilik gösteren metazoan türler, *COI* barkodlarının geniş taksonomik seviyelerde tür tanımlama, türleri birbirinden ayırma ve yeni türlerin ortaya çıkarılmasındaki başarısını incelemek açısından eşsiz bir fırsat sunmaktadır<sup>12</sup>. Sucul ekosistemlerdeki önemli metazoan gruplarında taksonlar arasında gerçekleştirilen DNA barkodlama çalışmaları Çizelge 2.3.'de gösterilmiştir. Bu tez çalışması içinde incelenmiş canlı grupları olan omurgasızlardan Cnidaria, Decapoda ve Mollusca ile omurgalılarından balık türlerine yönelik gerçekleştirilen DNA barkodlama çalışmalarındaki mevcut durum incelenerek aşağıda özetlenmiştir.

### 2.8.1. Arthropoda

Birçok Arthropod türü erişkin formlarına ulaştıklarında morfolojik olarak rahatlıkla tanımlanabilirken, larval veya yavru formlarında morfolojik karakterler üzerinden tür tanımlaması yapabilmek neredeyse imkansızdır. Bazı durumlarda larvalar arasındaki farklar belirlense bile, ergin formu ile eşleştirmek çok zordur. Doğu Pasifik'teki *Munidopsis* ıstakozlarında (Galatheidae) gerçekleştirilen DNA barkodlama çalışmalarında yeni türler tanımlanmış ayrıca aynı türlerin uzak populasyonları arasında yüksek bir gen akışı tespit edilmiştir<sup>87</sup>. Yine barkodlar kullanılarak kuzeybatı Hint Okyanusu'ndaki *Uca* yengeç türleri (Ocypodidae) ve Japonya'nın Ryukyu takımadalarındaki *Clibanarius* yengeç türlerinin (Diogenidae) ayrımları gerçekleştirilmiştir<sup>88,89</sup>. Plaisance *et al.*<sup>90</sup> un mercan resiflerinden örnekledikleri Decapod türlerine ilişkin oluşturdukları barkodlar GenBank veri tabanında herhangi bir türle eşleşme göstermese de, elde edilen veriler tür sayısının tespiti açısından önem taşımaktadır<sup>90</sup>. Güneydoğu Pasifik Okyanusu'ndaki *Cancer* yengeç türlerinin (Cancridae) larvaları üzerinde gerçekleştirilen bir barkodlama çalışması<sup>91</sup> sonucunda morfolojik teşhise yönelik karakterler ortaya çıkarılmıştır. *COI* kullanılarak Arthropodlarda gerçekleştirilen bir filocoğrafik analiz çalışmasında ise Afrika'nın doğu sahil şeridindeki mangrov yengeçlerinden gizli kalmış bir tür olan *Perisesarma guttatum* (Sesarmidae) ortaya çıkarılmıştır<sup>92</sup>.

Çizelge 2.3. Şubelere göre sucul canlılarda barkodlanan tür sayıları <sup>12</sup>

Şube	Bilinen tür sayısı	Barkodlanan tür sayısı	Barkodlanan türler %
Acanthocephala	600	10	1,7
Annelida	12.148	635	5,2
Arthropoda	47.217	3.580	7,6
Brachiopoda	550	35	6,4
Bryozoa	5.700	20	0,4
Chaetognatha	121	23	19,0
Chordata	21.517	7.279	33,8
Cnidaria	9.795	594	6,1
Ctenophora	166	0	0,0
Cycliophora	1	1	100,0
Echinodermata	7.000	771	11,0
Echiura	176	2	1,1
Entoprocta	170	0	0,0
Gastrotricha	400	0	0,0
Gnathostomulida	97	8	8,2
Hemichordata	106	2	1,9
Kinorhyncha	130	0	0,0
Loricifera	18	0	0,0
Mollusca	52.525	4.813	9,2
Nematoda	12.000	180	1,5
Nematomorpha	5	0	0,0
Nemertina	1.230	81	6,6
Orthonectida	24	0	0,0
Phoronida	10	0	0,0
Platyhelminthes	15.000	124	0,8
Porifera	5.500	67	1,2
Priapulida	8	1	12,5
Rhombozoa	82	0	0,0
Rotifera	50	20	40,0
Sipuncula	144	15	10,4
Tardigrada	212	9	4,2
<b>Toplam</b>	<b>192.702</b>	<b>18.270</b>	<b>9,5</b>

## 2.8.2. Cnidaria

Cnidaria (Sölenterler) altında bulunan Anthozoa sınıfına (deniz anemonları, mercanlar ve deniz tüylerini içerir) ait türlerde saptanan çok düşük seviyelerdeki *COI* polimorfizmleri, bu grup altında toplanan türlerin tanımlanmasında ve ayrımında barkod bölgesinin sınırlı bir kullanılabilirliğe sahip olduğunu göstermektedir <sup>29</sup>. Bu durumun altında yatan evrimsel dinamik, nükleer genlerde gerçekleşen normal hızdaki substitüsyonların aksine, mitokondriyal genlerde çok yavaş substitüsyon gerçekleşmesi şeklinde açıklanmaktadır <sup>93</sup>. Shearer and Coffroth <sup>94</sup>, birçok Anthozoa türü arasındaki *COI* dizisi değişkenliğindeki bu düşük seviyeden dolayı, bu canlılarda alternatif belirteçlerin kullanılması gerektiğini savunmaktadır. Bu genel durumun dışında kalan istisnalar da bulunmaktadır. Mesela Akdeniz’de bulunan yelpaze mercanlarından (Gorgonacea) dört türün ayrımı *COI* barkodları ile başarılı bir şekilde gerçekleştirilmiştir <sup>95</sup>. Yine *COI* barkodları kullanılarak Zoantharia takımından türlerin ayrımları gerçekleştirilmiş <sup>96</sup>; tür, cins ve familya seviyelerinde ayrı ayrı tespit edilen genetik farklılıklar *COI*’in Zoanthid türlerin sınıflandırılmasında kullanılabileceğini göstermektedir <sup>97</sup>.

Cnidaria altında bulunan Hydrozoa ve Scyphozoa sınıflarında gerçekleşen *COI* evrimi ise diğer metazoan gruplardaki canlılarda gerçekleşen *COI* evrimi ile daha çok benzerlik göstermektedir <sup>30</sup>. Birçok kriptik Hydrozoa türü *COI* temelli yöntemler kullanılarak ortaya çıkarılmıştır <sup>98,99</sup>. Diğer birçok gen ile birlikte, *COI* geni de Campanulariidae familyasındaki (Hydrozoa) türlerin ayrımlarının gerçekleştirilmesinde ve sistematik ilişkilerinin çözümlenmesinde kullanılmıştır <sup>100</sup>. Scyphozoa sınıfındaki türlerin tanımlanması, evrimsel ilişkilerinin incelenmesi ve kriptik türlerin ortaya çıkarılmasında *COI* geni kullanılan birçok çalışma gerçekleştirilmiştir <sup>101-105</sup>. *COI* geninin Hydrozoa, Cubozoa ve Scyphozoa sınıfları altında yaklaşık 3.800 tür içeren Medusozoa alt şubesindeki türlerin tanımlanması ve kriptik türlerin ortaya çıkarılmasında başarıyla kullanılabileceği Ortman *et al.* <sup>106</sup> tarafından da gösterilmiştir.

### 2.8.3. Mollusca

DNA barkodlama çalışmaları Polyplacophora (Kitonlar) <sup>107</sup>, Gastropoda <sup>28,108-113</sup>, Bivalvia <sup>114-117</sup> ve Cephalopoda <sup>118,119</sup> grupları gibi sucul yumuşakçalar üzerinde de gerçekleştirilmiştir. Sıklıkla karıştırılan türlerin ayırımında başarıyla kullanılan barkodlama ile güneybatı tropik Pasifik Okyanusu'nda bulunan *Nerita* türlerinin (Gastropoda) ayırmaları gerçekleştirilmiştir <sup>120</sup>. Bir başka çalışmada derin denizlerdeki hidrotermal deliklerde bulunan en baskın ve en geniş çeşitliliğe sahip Lepetodrilidae familyasından deniz minarelerinin 14 farklı türü ortaya çıkarılmış ve birçok kriptik tür tanımlanmıştır <sup>121</sup>. Kuzeydoğu Afrika sahillerindeki Siphonoariidae familyasından bazı deniz minaresi türlerinin DNA barkodlarında genetik farklılığa rastlanmamış ve bunların tek bir türün morfolojik varyeteleri olduğu belirlenmiştir <sup>122</sup>. Yine bir başka çalışmada *Donax* cinsine ait iki deniz tarağı türünün barkod analizleri sonucunda tek bir türe ait oldukları tespit edilmiştir <sup>123</sup>. Barkodların Gastropod türlerinin larvalarının ayırımında da başarıyla kullanılabileceği Puillandre *et al.* <sup>113</sup> tarafından açıkça gösterilmiştir.

### 2.8.4. Balıklar

Sucul metazoan türler içerisinde en kapsamlı örnekleme yapıldığı ve üzerinde en çok çalışmanın gerçekleştirildiği gruba balıklar oluşturmaktadır. Günümüzde (Mayıs 2013) 9.769 balık türüne ilişkin 88.757 barkod kaydı oluşturulmuştur ve bunların çoğunluğunu deniz türleri oluşturmaktadır (The Fish Barcode of Life Initiative; <http://www.fishbol.org>, 2013).

Balıklarda gerçekleştirilen barkodlama çalışmaları ticari balıkçılık ile ilgili konularda duyulan endişelerin (tür doğrulama, kota yönetimi vb.) artması üzerine başlamıştır. Daha sonra türlerin evrimsel değişimlerinin ve ekolojik interaksiyonlarının daha iyi anlaşılması noktasında da etkin bir şekilde kullanılmaya başlanmıştır <sup>13</sup>.

Bugüne kadar gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda balıklar için geliştirilen ve optimizasyonu tamamlanan analitik protokoller arasında yüksek kalitede DNA ekstraksiyon protokolü ve PCR amplifikasyon protokolleri <sup>43,124</sup>, belirli gruplara spesifik primer tasarımları <sup>45,125</sup>, primer kokteylleri <sup>124</sup> ve taksonomik açıdan daha spesifik primer gerektiren bazı gruplara (Elasmobranchii ve Muraneidae) yönelik oluşturulan primer tasarımları ile PCR protokolleri <sup>126</sup> gösterilebilir.

DNA barkodlama bütün bir balığın tanımlanmasında kullanılabildiği gibi; filetolar, yüzgeçler, balık parçaları, larvalar ve yumurtalar kullanılarak da gerçekleştirilebilmektedir. Bütün haldeki balık dışındaki örneklerin morfolojik karakterler yardımı ile tanımlanması daha zor olduğundan bu örneklerin tanımlanmasında DNA barkodlamanın önemi daha da artmaktadır. DNA barkodlama ile kuzey Avustralya sularında yasa dışı avlanan balıkçılardan elde edilen köpekbalığı yüzgeçleri, daha önceki yıllarda oluşturulan kapsamlı veri tabanı karşılaştırmaları ile tür seviyesinde tanımlanmıştır <sup>77</sup>. *COI* barkodlaması ile Avustralya'daki Büyük Set Resifi <sup>127</sup>, Karayipler <sup>128</sup> ve Pasifikten <sup>129,130</sup> elde edilen balık larvalarının tanımlanmaları gerçekleştirilmiştir. Balık barkodlamaya yönelik ilk çalışmada <sup>45</sup> morfolojik tanımlama sonrasında kısmi olarak tanımlanabilmiş bazı taksonlar incelenmiştir. Birbirine morfolojik olarak çok benzeyen türler, barkodlama ile birbirinden ayrılabilmiş, bazıları ise barkodlamanın hemen ardından isimlendirilmiştir. Squalidae familyasından oldukları tespit edilen ve *Squalus* sp. B, C, D, E ve F olarak adlandırılan türlerin DNA barkodlama sonrasında bilimsel isimlendirilmeleri gerçekleştirilmiştir <sup>131,132</sup>. Yeni balık türlerinin tanımlandığı ve barkodlamanın taksonomi ile birlikte kullanılmasının ne kadar faydalı olabileceğini gösteren birçok önemli çalışma bulunmaktadır. Bu çalışmalar arasında tür tanımlamasında *COI* barkodu kullanılan ilk omurgalı canlı olan *Coryphopterus kuna* <sup>128</sup> ve onu izleyen *Brachionichthys australis* <sup>133</sup>, *Bathyraja* sp. (*cf. eatonii*) <sup>134</sup>, *Coryphopterus bol* <sup>135</sup> ve *Chromis* cinsinden beş tür (*C. abyssus*, *C. circumaurea*, *C. degruyi*, *C. brevirostris* ve *C. earina*) <sup>136</sup> bulunmaktadır.



## **2.9. DNA Barkodlamannın Taksonomi, Filogeni ve Populasyon Genetiđi ile İliřkisi**

### **2.9.1. DNA barkodlama-taksonomi iliřkisi**

Taksonomik alıřmalarla birlikte yrtlen DNA barkodlamannın, rneklerin tr seviyesinde tanımlanmalarında sađladıđı faydalar ne kadar byk olsa da, barkodlama hibir zaman kapsamlı taksonomik analizini yerini alacak bir uygulama olarak grlmemelidir. Bilinmeyen bir rnek barkod veri tabanından bir tr ile eřleřme sađlamaz ise, bu bilinmeyen rneđe ait barkod dizisi onun yeni bir tr olarak deđerlendirilmesini sađlamaz. Aksine bu rnekler kapsamlı bir taksonomik analize tabi tutulurlar. Bu tanımlanamayan rneklerin klasik taksonomik yntemler erevesinde deđerlendirilmesi, barkodlama analizinden ok daha uzun srse de yeni bir trn ortaya ıkarılmasında daha yksek bir potansiyele sahiptir <sup>46</sup>. Detaylı olarak alıřılmamıř taksonomik gruplarda gerekleřtirilen alıřmalarda, klasik taksonomik alıřma ncesinde gerekleřtirilecek DNA barkodlama alıřması ile rneklerin hızla genetik olarak farklı gruplara ayrılması sađlanabilir ve taksonomik alıřmanın iř yk azaltılabilir. Yeni trlerin teřhisi ve tanımlanması en nihayetinde kapsamlı bir taksonomik alıřma ile gerekleřtirilse de, DNA barkodlama bu sreci belirgin bir biimde hızlandırmakta ve kolaylařtırmaktadır. Genellikle morfolojik ve ekolojik verilerin toplanmasını da gerektiren klasik taksonomik alıřma yntemleri, farklı taksonomik gruplara gre deđiřkenlik gsterirken (rneđin kuřlarla balıkların taksonomik tanımlanması farklı yntem ve tecrbe gerektirir), barkodlama analizi ok geniř canlı grupları iin (rneđin tm hayvan taksonları) hemen hemen standart hale getirilmiřtir <sup>137</sup>.

### **2.9.2. DNA barkodlama-filogeni iliřkisi**

DNA dizisi verilerinin iřin iine girmesiyle filogenetik alıřmalarda son yirmi yılda ok nemli bir geliřme yařanmıř <sup>138</sup> ve farklı canlı gruplarına ynelik geniř lekli projelerin sayısında artıř grlmřtr. Molekler filogeni temelli bir projede ncelikle analiz edilecek hedef grubun leđinin (rneđin familya) belirlenmesi, hedef grubu temsil edecek taksonların belirlenmesi, DNA dizisi bilgilerinin elde edilmesi ve filogenetik ađaların

oluşturulmasında en uygun yöntemin belirlenmesi (Maximum Likelihood, Maximum Parsimony veya Bayesian analizi) gerekmektedir. Bu işlemler detaylı olarak farklı çalışmalarda anlatılmakla beraber <sup>139</sup> güçlü bir şekilde desteklenebilen filogenetik ağaçların oluşturulmasında lokusların ve hedef grubu temsil edecek taksonların seçimi çok önemlidir. Kısa bir zaman öncesine kadar hedef gen seçiminde dizi analizinde sıkıntı yaratmayan özellikte dizilere sahip olan ve evrensel primerler ile çoğaltılabilen ribozomal genler tercih edilmekteydi. Fakat günümüzde, mevcut teknolojik gelişmeler ışığında daha stratejik gen seçimleri mümkün hale gelmiştir. Dolayısıyla, son zamanlarda gerçekleştirilen çalışmalarda filogenetik analizlerde farklı genomik kısımlardan (örneğin nükleus, mitokondri veya kloroplast), birden fazla lokustan, toplamda birkaç kilobaz uzunluğunda DNA dizileri elde edilmektedir. Böylece farklı taksonomik seviyelerden elde edilen filogenetik çözünürlüğün artırılması sağlanmakta <sup>46</sup> ve tek bir gene spesifik hataların önüne geçilebilmektedir <sup>140</sup>.

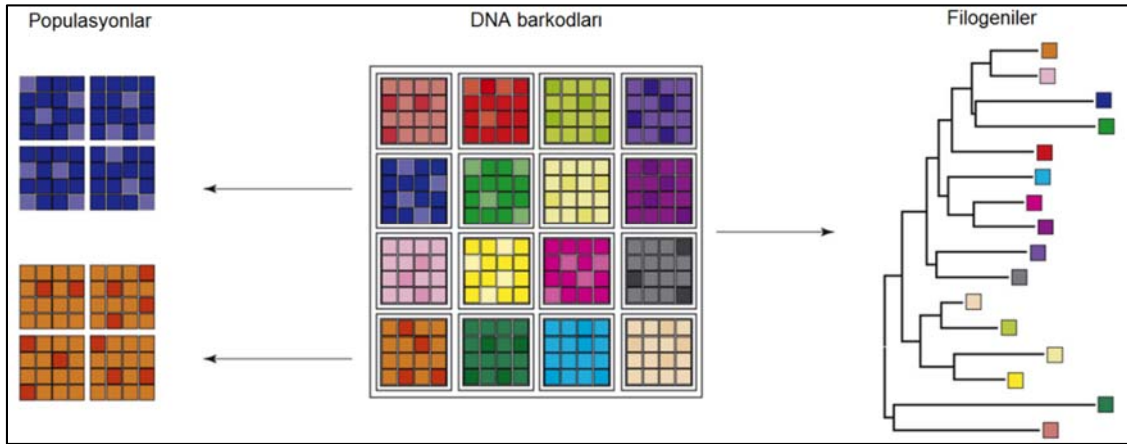
Bir başka gözden kaçırılan nokta ise takson örneklemelerine, lokus seçimine gösterildiği kadar özen gösterilmemesidir. Fakat takson örneklemelerinin artırılması dal uzunluklarının kışalmasına ve homoplasi sayısının azalmasını sağlayarak doğru filogenetik ağacın oluşturulmasına yardımcı olmaktadır. Aksi takdirde dal uzunlukları ve homoplaside görülecek artış, yanlış bir filogeni oluşturulması ile sonuçlanabilir <sup>141,142</sup>. Birçok araştırmacı filogeninin çözünürlüğünü artırmak için daha fazla gen eklemektense daha fazla takson eklemenin çok daha faydalı olduğunu savunmaktadır <sup>143,144</sup>. Veri setine daha fazla takson eklemek analize yardımcı olmakla beraber analizler sırasında hesaplamaya ilişkin faktörler nedeniyle analiz edilebilecek takson sayısı sınırlı olduğundan eklenecek taksonların seçimi iyice önem kazanmaktadır. Bu sınırlayıcı nedenlerden ötürü araştırmacılar, yüksek sayıda takson içeren filogenetik veri setleriyle (örneğin yüzlerce tür) çalışırken daha bulgusal ve basit analitik yöntemlerden yararlanmaktadır <sup>47</sup>.

Her ne kadar barkod kütüphaneleri ile moleküler filogenetik veri setleri benzerlikler gösterebilir de (her ikisi de canlı gruplarına ilişkin DNA dizi bilgisi içermektedir), DNA barkodları genellikle evrimsel ilişkileri derinlemesine çözümleyebilecek yeterlilikte filogenetik sinyale sahip değildir <sup>45</sup>. DNA barkodlama çalışmaları, filogeni oluşturma çalışmalarına takson seçiminde yardımcı olarak katkıda bulunabilmektedir. DNA barkodları

hem tür tanımlamada hem de kriptik veya yeni türlerin ortaya çıkarılması noktasında etkili olduğundan, kapsamlı filogenetik analiz gerektiren taksonların belirlenmesinde kullanılabilir bir moleküler araçtır.

### 2.9.3. DNA barkodlama-populasyon genetiği ilişkisi

Biyolojik ilişkilerin ortaya çıkarılmasında kullanılan araçlar ve uygulamalar biyolojinin iki önemli dalı tarafından geliştirilmiştir: moleküler filogenetik ve populasyon genetiği. Bu bilim dalları canlılar arasındaki ilişkilerin farklı seviyelerine odaklanmıştır. Moleküler filogenetik çalışmalarda genellikle canlı grupları arasındaki daha derin evrimsel ilişkiler üzerine yoğunlaşılırken, populasyon genetiği çalışmalarında tek bir türün kendi içindeki ve farklı populasyonları arasındaki varyasyon hedef alınmaktadır <sup>47</sup>. Bu bağlamda, DNA barkodlama türler bakımından kapsamlı bir içeriğe sahipken, birbirleriyle ilişkilerinden çok tanımlanmalarına odaklanarak iki disiplinin ortasında bir yerde kendine yer bulmaktadır (Şekil 2.7.).



Şekil 2.7. DNA barkodlama, populasyon genetiği ve moleküler filogenetik ilişkisi

DNA barkod verileri hem populasyon genetiği ile hem de filogenetik verileri ile ilişkilidir ve iki çalışma alanı arasında bulunmaktadır. Şekildeki her küçük kare bir bireyi temsil etmektedir. Farklı türler farklı renklerle, tür içi varyasyon aynı rengin farklı tonları ile gösterilmiştir (Şekil Hajibabei *et al.* <sup>47</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

## 2.10. DNA Barkodlama Konusunda Gerçekleştirilen Önceki Çalışmalar

Folmer *et al.* <sup>24</sup> gerçekleştirdikleri çalışmada, 11 omurgasız canlı grubunda (Echinodermata, Mollusca, Annelida, Pogonophora, Arthropoda, Nemertinea, Echiura, Sipuncula, Platyhelminthes, Tardigrada, Coelenterata ve Vestimentifera) mitokondriyal *COI* geninin 710 baz çiftlik bölümünü, PCR ile çoğaltmak için evrensel primer çiftleri tasarlamışlardır. Bu primer çiftleri ile yaptıkları denemeler sonucunda evrensel *COI* primerlerini kullanarak elde ettikleri dizilerin tür seviyesinde ve daha yüksek taksonomik seviyelerde filogenetik ilişkilerin ortaya çıkarılmasında kullanılabileceği sonucuna ulaşmışlardır. Bu çalışma sonrasında oluşturulan evrensel primer çiftleri, omurgasız canlıların DNA barkodlarının çıkarılmasında günümüzde de kullanılmaktadır.

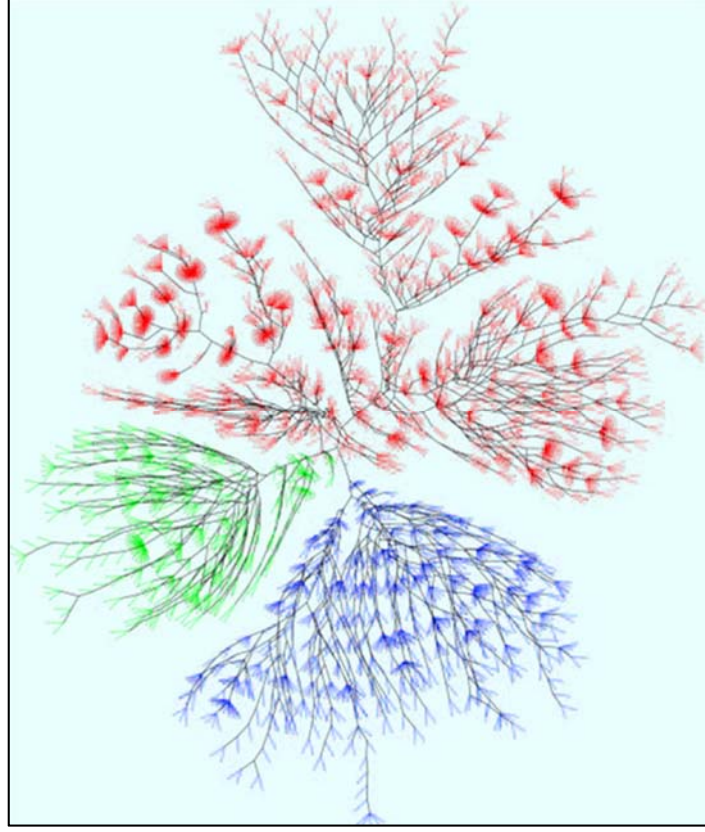
Hebert *et al.* <sup>20</sup> doğrudan DNA borkodlamayı anlatan ilk çalışmalarında, tür tanımlamanın sürdürülebilir şekilde devam edebilmesi için DNA dizilerinin takson barkodları olarak kullanılacağı bir sistemin oluşturulması gerektiğinin altını çizmiş ve bu amaçla mitokondriyal *COI* geninden yararlanılabileceğini bildirmiştir. Bu sistemin başarısını test etmek için önce çeşitli taksonomik seviyelerden oluşturdukları örnek gruplarının doğru takım veya sınıflar altında toplandığını göstermişler, ardından da oluşturdukları *COI* profillerini kullanarak tür seviyesinde tanımlamalar gerçekleştirmişlerdir. Araştırmacılar, örnek olarak oluşturdukları *COI* profilinde birbirine çok yakın 200 Lepidoptera türünden, tür başına yalnızca bir örnek kullanarak %100 başarı ile tür seviyesinde bir ayırım gerçekleştirmişlerdir. Çalışmanın sonunda ise bu sistemin tam anlamıyla geliştirilmesi sonrasında tür tanımlamada yaşanan zorluklara güvenilir, ekonomik ve kolay erişilebilir bir çözüm olabileceğinin üzerinde durmuşlardır.

İlk kez 1775 yılında tanımlanan *Astrapes fulgurator* (Lepidoptera: Hesperidae) geniş bir dağılıma sahip, neotropik bir kelebek türüdür. Hebert *et al.* <sup>53</sup>, 25 yıl boyunca kuzeybatı Kosta Rika'da yapılan gözlemler sonucu oluşturulan morfolojik veriler ile müze örneklerinin DNA barkodlarının çıkarılmasıyla oluşturulan moleküler verileri bir arada kullanarak *A. fulgurator*'un, bölgede bulunan 10 farklı türün çeşitli zamanlarda çaprazlanması sonucu ortaya çıktığını ortaya koymuşlardır. Büyük oranda simpatrik olan bu taksondaki türitil

türlerinin erişkinleri çok zor fark edilebilecek morfolojik ayırım özelliklerine sahip olduğunu bildiren araştırmacılar, tropik bölgelerde böyle kriptik türlere çok sık rastlandığını belirtip, DNA barkodlama ile bu türlerin tespit edilerek küresel tür çeşitliliğinin kayıt altına alınmasında kullanılmasının önemini vurgulamaktadırlar. Çalışmanın sonunda, DNA barkodlamanın klasik taksonomik tanımlama ile birlikte kullanıldığı zaman ortaya çıkan sonuçların önemi de ayrıca vurgulanmaktadır.

Hebert *et al.*<sup>54</sup>, omurgalı canlılar arasında en geniş ve en çok çalışılan gruplardan biri olan kuşların ayırımlarını gerçekleştirmede *COI* barkodlarından yararlanmışlardır. Kuzey Amerika kökenli 260 kuş türü için elde edilen *COI* barkodlarının tür ayırımında hiç şüphe bırakmayan sonuçlar verdiğini belirten araştırmacılar, çalışmada kullanılan türlerin hepsinin farklı *COI* barkodlarına sahip olduklarını ayrıca birbirine yakın türler arasındaki farklılığın, tür içerisinde tespit edilen farklılıktan ortalama 18 kat daha fazla olduğunu gözlemlemişlerdir. Çalışma sonucunda elde edilen verilerden yola çıkarak dört muhtemel yeni kuş türünün tanımlandığını ve dünya çapında gerçekleştirilecek benzer çalışmaların birçok yeni kuş türünün tespit edilmesini sağlayacağını öngörmüşdürler. Araştırmacılar, bu çalışmadan elde ettikleri sonuçların diğer canlı gruplarındaki sonuçlar ile birlikte değerlendirdiğinde, DNA dizi farklılıklarındaki standart eşik değerlerinin takip edilmesi ile birçok yeni hayvan türünün hızla ortaya çıkarılabileceği konusunda görüş belirtmişlerdir.

Hajibabaei *et al.*<sup>145</sup>, DNA barkodlamanın türlerce zengin tropik biyotalardaki başarısını belirleyebilmek için kuzeybatı Kosta Rika'nın Area de Conservacion Guanacaste (ACG) bölgesinde bulunan üç Lepitoptera familyasına ait türleri barkodlamışlardır (Şekil 2.8.). Çalışma sonucunda örnekleme yapılan 521 türün %97,9'unun farklı *COI* barkoduna sahip olduğu tespit edilmiştir. Birbirine çok yakın bazı türlerde ise interspesifik DNA dizi çakışmaları tespit edilmiştir. Ayrıca her biri tek bir tür olarak kabul edilen 13 türün içerisinde farklı barkod dizileri tespit edilmiştir. Bu veriler, ekolojik ve morfolojik veriler ile birlikte değerlendirilmiş ve gözden kaçan hibrit türlerin varlığı ortaya çıkarılmıştır. Araştırmacılar, çalışmanın sonuçlarının genellenmesi durumunda DNA barkodlamanın tropik bölgelerde tür tanımlamada ve tür keşfinde çok önemli rol oynayabileceğini bildirmişlerdir.



Şekil 2.8. Lepidoptera familyasından 4.260 örneğin *COI* barkodlarının ağaç şeklinde gösterimi

NJ algoritması kullanılarak, Kimura 2-parameter (K2P) uzaklıklarına göre oluşturulan ağaçta Hesperidae, Sphingidae ve Saturniidae (sırasıyla kırmızı, mavi ve yeşil) familyalarının ayrımı açık bir şekilde gösterilmiştir (Şekil Hajibabaei *et al.* <sup>145</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Yabancı türlerin biyogüvenlik açısından moleküler tanımlanmasında DNA barkodları ilk kez Armstrong and Ball <sup>146</sup> tarafından kullanılmıştır. Araştırmacılar, barkodlama yöntemi ile Yeni Zelanda’da son 10 yılda örneklenen çalı güvesi ve meyve sineği türlerinin DNA dizi analizlerini gerçekleştirmişlerdir. Barkodlama ile elde edilen veri setleri nükleer rDNA üzerinden PCR-RFLP yöntemi kullanılarak elde edilen veri setleri karşılaştırılmış ve %90-96 oranında bir uyum sağladığı gözlemlenmiştir. Çalışma sonucunda farklı yöntemlerle tanımlama sonucunda “bilinmeyen tür” olarak etiketlenen çalı güvesi örnekleri familya, cins veya tür seviyesinde tanımlanmış ve meyve sinekleri içerisinde hibrit türler tespit edilmiştir. Araştırmacılar DNA barkodlama yönteminin uygulanabilirlik ve tanımlama becerisi gibi özelliklerini vurgulamış ve istilacı türlerin tanımlanmasında büyük kolaylıklar sağlayacak bir moleküler araç olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Janzen *et al.* <sup>147</sup>, *COI* geninin barkodlamada kullanılmasını destekledikleri çalışmalarında, kuzeybatı Kosta Rika'daki yağmur ormanlarında 1000'in üzerinde simpatrik Lepidoptera türünü örnekleyerek ayrımlarını DNA barkodlama ile gerçekleştirmiştir. Elde edilen sonuçlar, böylesine karmaşık bir biyotadan örneklenen 1000'in üzerindeki türün %97'sinin ayrımlarının doğru olarak gerçekleştirildiğini göstermektedir. Barkodları çakışan az sayıdaki tür incelendiğinde ise bunların çok yakın türler oldukları ve diğer türlerle karıştırılmadıkları bildirilmiştir. Araştırmacılar morfolojik olarak tanımlanmış türler içerisinde azımsanamayacak sayıda kriptik tür olduğunu da tespit ederek, bu türlerin morfolojik ayrımlarının gerçekleştirilmesinin çok güç olduğunu ileri sürmüştürler. Araştırmacılar, çalışmanın sonunda, DNA barkodlamanın tam anlamıyla işlevselliğini kazanabilmesi için gerekli şartları; müzelerdeki eski örneklerin hızlı ve ekonomik bir şekilde barkodlanabilmesi, müzeler ile işbirliği içerisinde geniş örnek koleksiyonlarının saklanabilir hale getirilmesi, barkodlama ile ortaklık halinde taksonomik çalışmaların da desteklenmesi ve pratik, arazi tipi barkodlama cihazlarının geliştirilmesi şeklinde sıralamışlardır.

Sucul canlılar üzerinde gerçekleştirilen en kapsamlı DNA barkodlama çalışmalarından biri Meyer and Paulay <sup>28</sup> in, yüksek oranda türleşme gösteren Cypraeidae familyasından deniz salyangozu türlerine ilişkin çalışmadır. Araştırmacılar mevcut yöntemleri kullanarak barkodlamanın kullanılabilirliğini ve bu sayede intraspesifik varyasyon ile interspesifik farklılığın hesaplanmasında yeni bir yaklaşımı literatüre yerleştirmeyi amaçladıklarını belirtmişlerdir. Çalışmada hata oranları belirlenerek örneklerin iyi belirlenmiş filogenilere karşı tanımlanmaları ve kısmen bilinen gruplar içerisinde yeni türlerin keşfedilmesine olanak sağlanmıştır. Elde edilen sonuçlar tür tanımlamadaki hata oranının %4 olduğunu ve barkodlamanın eksik örnekleme yapılan gruplarda başarılı olamadığını göstermektedir. Eksik örnekleme sonrasında, önceki çalışmalarda açıklanan "barkodlama açıklığı" varsayımının aksine, interspesifik farklılık ile intraspesifik varyasyon arasında bir çakışma tespit edilmiştir. Sonuçlar, barkodlama çalışmalarında takson örneklemesinin ne kadar önemli olduğunu bir kez daha üzerinden geçmektedir.

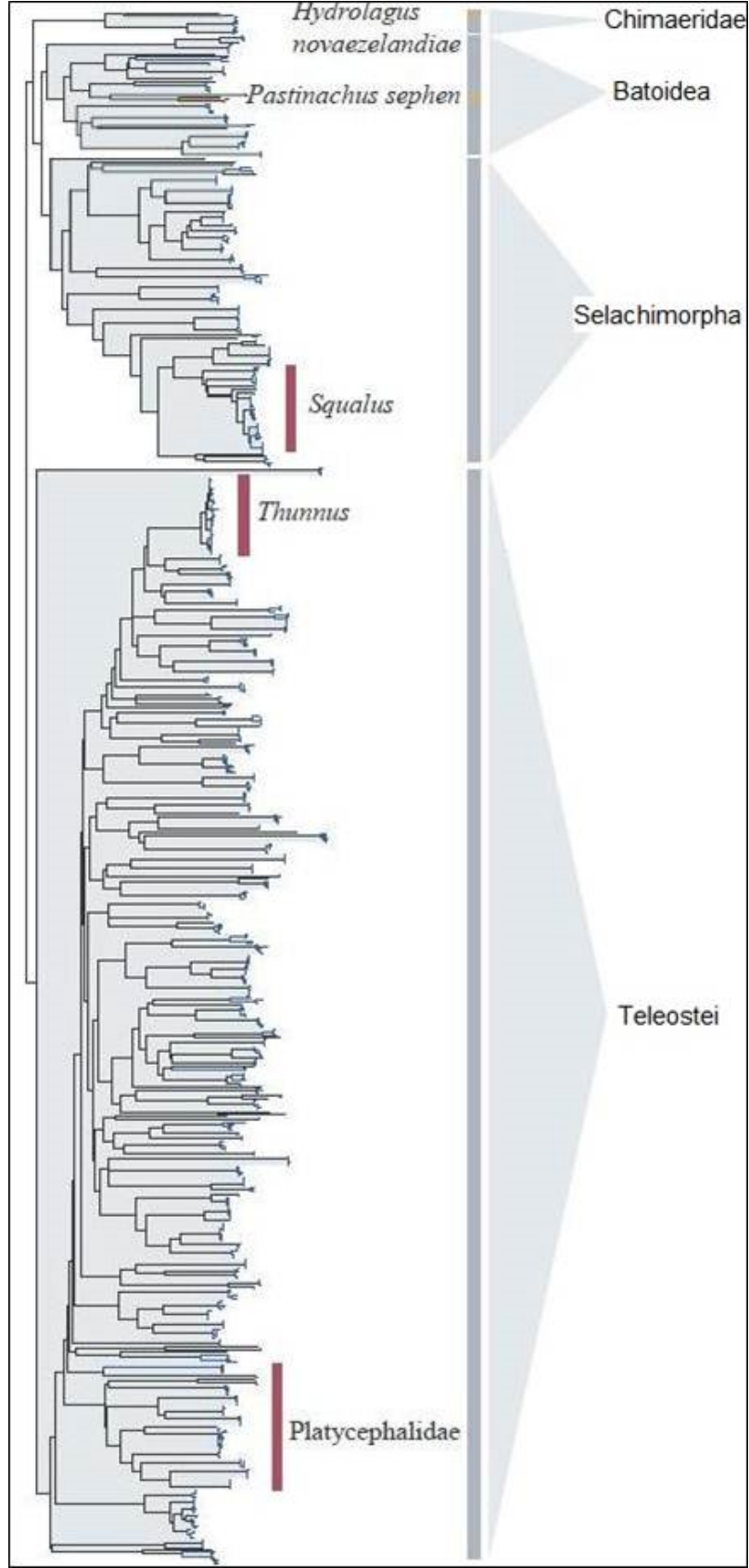
Deniz makro algleri, özellikle de Rhodophyta grubu Saunders <sup>38</sup> tarafından basit morfolojik ve anatomik yapıları ile birlikte fenotipik esneklikleri nedeniyle tanımlanması çok zor canlılar olarak belirtilmiştir. Araştırmacı algal taksonominin son zamanlarda moleküler araçlar

üzerinden gerçekleşmeye başlamasını bu özellikleri ile örtüştürmüş, fakat kullanılan belirteçler bakımından çok büyük bir çeşitlilik olmasının çalışmalar arasında karşılaştırma yapabilme imkanını kısıtladığını bildirmiştir. DNA barkod bölgesi olarak kabul edilen *COI* geninin standart bir bölge olarak belirlenmesi ve araştırmacıların aynı belirteç üzerinden çalışmalarını gerçekleştirmeleri sonucunda, farklı araştırma grupları arasında elde edilen verilerin karşılaştırılabilmesi imkanı doğması algal sistematikteki gelişimin hızını artıracığı araştırmacı tarafından özellikle vurgulanmıştır. Araştırmacı bu amaçla, kırmızı alglerde bilinen üç hibrit tür (kuzeydoğu Pasifik'te bulunan *Mazzaella* türleri, yine kuzeydoğu Pasifik'te bulunan *Dilsea* ve *Neodilsea* türleri ile *Asteromenia* türleri) üzerinden *COI* barkodlama tekniği kullanılarak bir deneme gerçekleştirmiştir. Bu türlerin hepsinin daha önce moleküler araçlar kullanılarak çalışılan türler olması ve tür sayısı ile dağılımları konularında halen karışıklık bulunmasından dolayı özellikle seçtikleri belirtilmiştir. Çalışma sonucunda DNA barkodlama ile her üç grup içinde isabetli ve tartışmaya yer bırakmayan tanımlamalar gerçekleştirildiği, ayrıca taksonomik araştırma ile de desteklenerek potansiyel yeni türler için çalışmanın geliştirilmesi gerektiği bildirilmiştir.

Smith *et al.* <sup>148</sup> DNA barkodlamayı, türleşmenin en çok görüldüğü Arthropoda şubesinde test etmek için Madagaskar'daki karınca türlerini kullanmıştır. Araştırmacılar DNA barkodlamanın mevcut biyoçeşitliliğin ortaya koyulmasında, özellikle de tür zenginliğinin ve farklı coğrafik konumlarda türleşmenin arttığı karmaşık durumların çözümlenmesinde çok yararlı bir moleküler araç olarak kullanılabilirdiğini belirtmişlerdir. Örnekleme yapılan istasyonlarda, tür çeşitliliğinin tespit edilmesinde yöntem olarak morfolojik taksonomi veya DNA dizi farklılığı eşikleri (MOTU) kullanıldığı zaman biyoçeşitlilikteki zenginliğinin tam anlamıyla ortaya koyulamadığını savunan araştırmacılar, barkodlama temelli yaklaşımlar ile daha yüksek çözünürlükte bir türleşme tespit edilebildiğini belirtmişlerdir. Morfolojik ve moleküler yöntem ile elde edilen sonuçların örnekleri farklı gruplar altında sınıflandırdığı durumlarda, morfolojik tahmin sonuçlarının daha az değişkenlik gösterdiğini savunan araştırmacılar, ortalama %16'ya kadar DNA dizisi farklılığı gösteren moleküler grupların aynı grup altında toplanmak zorunda kaldığını bildirmişlerdir. Araştırmacılar böyle yüksek farklılık gösteren grupların yaşam döngülerinin daha yakından incelenmesini; bu taksonlarda mutlaka daha detaylı bir genetik, morfolojik ve davranışsal analiz gerçekleştirilmesi gerektiğinin altını çizmişlerdir.



Ward *et al.* <sup>45</sup>, gerçekleştirdikleri çalışma ile çoğunluğu deniz balığı olmak üzere Avustralya'dan toplamda 207 balık türünün mitokondriyal *COI* geninin DNA dizisini analiz etmişlerdir. Çalışmadaki tüm türler, birden çok örnek ile temsil edilmiş ve sonuçta 754 DNA dizisi elde edilmiştir. Nükleotid kompozisyonları incelendiğinde, 143 kemikli balıkta (Osteichthyes) saptanan G-C içeriği (%47,1), 61 kıkırdaklı balıkta (Chondrichthyes) tespit edilenden (%42,2) daha yüksek olarak belirlenmiş ve bunun sebebi olarak da kemikli balıkların kodonlarındaki üçüncü bazın G-C içeriğinin (%41,1) kıkırdaklı balıklarınkinden (%29,9) daha yüksek olması gösterilmiştir. Yine benzer şekilde kıkırdaklı balıklardan vatoz türleri (Batoidea), köpekbalığı türlerine (Selachimorpha) göre kodonlarındaki üçüncü baz bakımından daha yüksek oranda G-C içerdiklerinden, vatozların G-C içerikleri (%44,7) köpekbalıklarınınkinden daha yüksek (%41,0) olarak tespit edilmiştir. Ortalama tür, cins, familya, takım ve sınıf içi K2P genetik uzaklıkları sırasıyla %0,39, %9,93, %15,46, %22,18 ve %23,27 olarak hesaplanmıştır. Tüm türler *COI* dizilerine göre ayırım göstermiş ve bazı türlerin farklı örnekleri arasında haplotipler tespit edilmiştir. DNA barkodlama türlerin tanımlanmasının iyileştirilmesine yönelik kullanılıyor olsa da, araştırmacıların elde edilen verilerde belirgin filogenetik sinyallere de rastlamak mümkün olmuştur. Çalışma sonucunda elde edilen 754 DNA dizisi kullanılarak oluşturulan NJ ağacında (Şekil 2.9.) dört belirgin grup göze çarpmaktadır: Chimaeridae, Teleostei, Selachimorpha ve Batoidea. Türler doğru cinsler altında, cinsler de doğru familyalar altında istisnasız olarak kümelenmiştir. Karmaşık taksonomik gruplardan *Squalus* ve *Thunnus* cinsi üyeleri ile Platycephalidae familyası üyeleri daha detaylı olarak analiz edilmiş, bootstrap testleri sonrasında oluşan gruplar beklentileri karşılar nitelikte bulunmuştur. Araştırmacılar, bu çalışmadan elde edilen sonuçların *COI* geninin barkodlanmasının balıklarda tür tanımlamada kullanılabileceğini gösterdiğini belirtmişlerdir.



Şekil 2.9. K2P uzaklıklarına göre 207 balık türüne ait 754 örnek kullanılarak oluşturulan NJ ağacı (Şekil Ward *et al.*<sup>45</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Böcek parazitoidlerinin küresel biyoçeşitliliğin ana bileşenlerinden biri olduğu ve konaklarının populasyon dinamikleri üzerine doğrudan etki gösterdiklerini bildiren Smith *et al.*<sup>50</sup>, bu canlıların tanımlanmalarının genellikle çok zor olduğunu ve birçok gizli kalmış tür olabileceğini belirtmişlerdir. Araştırmacılar bu noktadan yola çıkarak, *COI* barkodları kullanılarak kuzeybatı Kosta Rika'nın ACG bölgesindeki tırtıllardan elde edilen 20 farklı *Belvosia* parazitoid sinek türünü (Diptera: Tachinidae) tanımlamayı ve gizli kalan türleri ortaya çıkarmayı hedeflemişlerdir. Sonuçlar barkodlamanın konağa özgü 17 ACG *Belvosia* türü arasında ayırım gerçekleştirmekle kalmayıp, her üç türden birinin konağa özgü kriptik türlerin hibriti olduğunu da ortaya çıkararak tür sayısını 32'ye yükseltmiştir. Elde edilen sonuçlar genellendiğinde, küresel tür zenginliğinin tahmin edilenden fazla olduğu ve tropik konak-parazit interaksiyonlarının bilinenden daha karmaşık olabileceği fikri araştırmacılar tarafından öne sürülmüştür.

Moleküler taksonominin öne sürdüğü iki anahtar özellik olan tür tanımlama (DNA barkodlama) ve ağaç oluşturulmasına dayalı yeni tanımlama kriterlerinin yüksek başarı oranını araştırmak üzere gerçekleştirilen çalışmada Meier *et al.*<sup>149</sup>, 449 Diptera türünden elde edilen 1333 mitokondriyal *COI* genine ait DNA dizisinden yararlanmışlardır. Sonuçlarda tespit edilen yanlış tanımlamaların intraspesifik ve interspesifik genetik varyasyon arasındaki çakışmalardan kaynaklandığı ve bunun sonucunda sorgulanan tüm DNA dizilerinin %6,5'inin allospesifik veya allospesifik ile konspesifik karışımı (%3,6) uyumlu barkodları tespit edilmiştir. Araştırmacılar her iki *COI* gen dizisinin de aynı olduğu durumlarda bile %6 ihtimalle farklı türlere ait olma ihtimalleri bulunduğunu belirtmişlerdir.

Büyük Bariyer Resifi (Great Barrier Reef)'nin sığ mercan resiflerinin bulunduğu kısımlarında gerçekleştirilen çalışmada, Pegg *et al.*<sup>127</sup> ilkbahar-yaz mevsiminin yeni ay dönemlerinde (Ekim-Şubat) ışık tuzakları ve ağı yakalama araçları kullanarak planktonik larva örneklemeleri gerçekleştirmişlerdir. Larvaların cinslerine ve türlerine göre tanımlanmasında tropik balık türlerinin mitokondriyal *HVRI* (*hypervariable region 1*) gen dizisi verileri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçtan yararlanılmıştır. Gerçekleştirilen analizler mitokondriyal *HVRI* gen dizilerindeki varyasyonun tür içinde %1-3 arasında değiştiğini, aynı cinsten türler arasındaki varyasyonun ise %50'ye kadar artabildiğini göstermiştir. Çalışma sonucunda *HVRI* bölgesinin mitokondriyal *COI* gen bölgesine

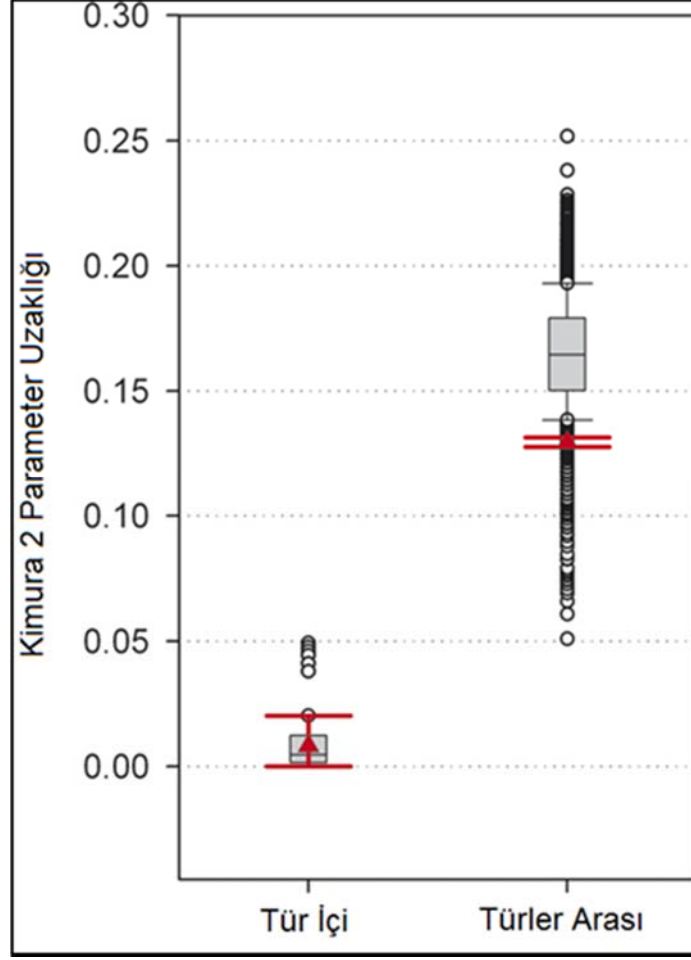
alternatif olarak kullanılabileceğini vurgulayan araştırmacılar ayrıca çalışma kapsamında resif balıklarının *COI* gen bölgesini çoğaltabilme yeterlilikleri bakımından primer setlerinin karşılaştırıldığını ve en iyi sonuçların Ward *et al.*<sup>45</sup> tarafından bildirilen FishF1 ve FishR1 primer setinden elde edildiği belirtilmiştir.

*COI* geninin başarı ile çoğaltılmasının balıkların DNA barkodlamasına yönelik çalışmaların en kritik noktasını oluşturduğunu belirten Ivanova *et al.*<sup>124</sup> gerçekleştirdikleri çalışmada barkod bölgesinin çoğaltılmasını daha verimli hale getirebilmek için çeşitli primer kokteylleri dizayn etmişlerdir. Araştırmacılar PCR ile gerçekleştirilen amplifikasyonların başarısını ve bu PCR ürünleri kullanılarak elde edilen DNA dizilerinin kalitesini değerlendirmek için 94 balık familyasından örneklerden izole edilen DNA örnekleri üzerinde üç farklı primer kokteyllerini denemişlerdir. Sonuçlar M13 primer kokteyllerinin konvansiyonel dejenere primerlerden daha etkili olduğunu ve farklı taksonomik türlerin barkodlanmasına olanak sağladığını göstermektedir.

DNA barkodlamanın ökaryotik türlerin DNA temelli tanımlanmalarında kullanılabilmesi için standart bir referans kütüphanesi oluşturmayı amaçladığını belirten Kerr *et al.*<sup>150</sup>, bu yaklaşımın uygulanabilirliği ve sınırlamalarının iyi karakterize edilmiş taksonomik gruplar üzerinde denenmesi gerektiğini savunmuşlardır. Bu amaçla gerçekleştirdikleri çalışmada Amerika Birleşik Devletleri ve Kanada'nın kuş faunasındaki yerleşik ve pelajik türlerin %93'ünü kapsayan, Kuzey Amerika kuş türlerinden 643 türün DNA barkodlarını analiz etmişlerdir. Türlerin büyük bir kısmı (%94) ortalama %98'lik NJ bootstrap değerleri ile farklı barkod kümeleri oluşturmuştur. Türlerin kalan %6'luk dilimindeki türler ise düzenli olarak hibritleşme gösteren, birbirine çok yakın türlerin oluşturduğu küçük kümeler olarak yapılanmışlardır. Bilinen türlerden 15 tanesi (%2) iki farklı barkod kümesi ile tanımlandığından araştırmacılar bunun kriptik türler olarak yorumlanabileceğini söylemişlerdir. İntraspesifik varyasyon ile populasyon büyüklüğü ve tür yaşı arasında zayıf bir ilişki tespit edilmiştir. Çalışma sonunda DNA barkodlamanın Kuzey Amerika kuş türlerinin tanımlanmasında çok etkin bir şekilde kullanılabilmesine kanaat getirmişlerdir. Bu geniş ölçekte örnekleme yapılan türlere ilişkin veri setlerinin analizi sonucunda tespit edilen kısıtlı intraspesifik mitokondriyal varyasyon seçici yayılımın mitokondriyal çeşitliliği sınırladığına dair öne sürülen fikirleri desteklemektedir.

Mikkelsen *et al.* <sup>116</sup> DNA barkodlamanın standart gen bölgesi olarak önerilen *COI* genindeki varyasyonu Bivalvia sınıfından *Ennucula*, *Nucula*, *Yoldiella* ve *Thyasira* cinslerinden türler üzerinde araştırmıştır. İntraspesifik ve interspesifik varyasyon seviyesinde herhangi bir çakışmaya rastlamayan araştırmacılar bu çalışma kapsamında örneklenen türler bakımından DNA barkodlamanın çok net ayrımlar gerçekleştirebildiğini belirtmişlerdir. Araştırmacılar GenBank üzerinden gerçekleştirilen BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) aramaları sonucunda birçok elde edilen dizinin doğru şube altında gösterilmediğini belirterek DNA barkod eşleştirmelerinin gerçekleştirilebileceği daha başarılı DNA kütüphanelerinin gerekliliğinin de altını çizmişlerdir.

Ekrem *et al.* <sup>151</sup> Chironomidler (Diptera: Chironomidae)'in tanımlanmasında *COI* gen bölgelerinin barkod olarak kullanılabilirliğini incelemişlerdir. Bu amaçla *Cladotanytarsus*, *Micropsectra*, *Parapsectra*, *Paratanytarsus*, *Rheotanytarsus*, *Tanytarsus* ve *Virgatanytarsus* cinslerinden 47 türe ait 97 örneğin DNA'ları analiz edilmiştir. Araştırmacılar sonuç kısmında farklı yaşam evrelerinden örneklerin *COI* gen bölgelerinin standart DNA barkodlama primerleri kullanılarak kolayca çoğaltılabildiğini vurgulamışlardır. Konspesifik DNA dizileri arasındaki K2P uzaklık değerleri (Şekil 2.10.) %4,9'a kadar değişkenlik göstermesine rağmen konspesifik diziler maksimum parsimoni analizde %91-100 arasında değişen yüksek bootstrap değerleri ile kümelenmişlerdir. Bu sonuçlar ışığında, *COI* barkodlarının hali hazırda barkod kütüphanelerinde kayıtlı olan türlerin tanımlanmasında çok başarılı araçlar olduğu özellikle vurgulanmıştır.



Şekil 2.10. K2P modeli kullanılarak hesaplanan tür içi ve türler arası *COI* gen dizisi farklılıkları

Gri kutular %75'lik kısmı, çizgiler %90'lık kısmı ve noktalar da dışarıda kalan kısmı temsil etmektedir (Şekil Ekrem *et al.* <sup>151</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

İşlenmiş su ürünlerinin tanımlanmaları amacıyla da kullanılmaya başlayan DNA barkodlama yönteminin bu alanda ne kadar yeterli olup olmadığını araştırmak için Wong and Hanner <sup>81</sup> tarafından gerçekleştirilen çalışmada su ürünleri pazarlarından elde edilen örnekler kullanılmıştır. Elde edilen sonuçlar, DNA kütüphanelerinin halen tam anlamıyla oluşturulmamasına rağmen barkodlanan 91 örnekten 90'ının %97'nin üzerinde benzerlik oranı ile tanımlanabildiğini göstermektedir. Araştırmacılar DNA barkodlamanın örneklerin %25'inin yanlış etiketlendiğini tür seviyesinde ortaya çıkardığını ve sonuçların işlenmiş su ürünlerinin tanımlanmasında ne kadar etkili olduğunu gösterdiğini belirtmişlerdir.

DNA barkodlamanın amacı Hubert *et al.*<sup>84</sup> tarafından “mitokondriyal *COI* geninin 5' ucundan türlere spesifik moleküler etiketler oluşturarak tür seviyesinde tanımlamaların gerçekleştirilmesi” şeklinde ifade edilmiştir. Yöntemin türler arasındaki DNA dizi farklılıklarını belirlemede ve tür seviyesinde tanımlamaların gerçekleştirilmesindeki doğruluğunun, tür içerisindeki ortalama genetik uzaklığının benzer türler arasındaki ortalama genetik uzaklıktan fazla olmadığı durumlarda geçerli olduğunu belirtmişlerdir. Balıkların omurgalı canlıların gelişim sürecinde çok derin fenotipik değişimlerden geçen üyeleri olduğunun altını çizen araştırmacılar balık türlerinin tanımlanmasının zahmetli bir çalışma olduğunu ve DNA barkodlamanın balık sistematigi ve ekolojisi alanlarında yeni bakış açıları kazandırdığını öne sürmüştürler. Araştırmacılar DNA barkodlamanın etkinliğini göstermek için Kanada faunasında bulunan ve Salmonidae ile Acipenseridae gibi yüksek ekonomik öneme sahip balık familyalarını da içeren yaklaşık 200 tatlı su balığı üzerinde bir çalışma gerçekleştirmişlerdir. Çalışmada, Kanada'nın 203 tatlı su balık türünden 190 (%95)'ına ait 1360 örneğin *COI* gen bölgesinin 652 baz çiftlik barkod bölgesinin çift yönlü DNA dizi analizleri gerçekleştirilmiştir. Türlerin çoğu birden fazla örnek (ortalama 7,6) ile temsil edilmiştir. Türler arasındaki ortalama genetik uzaklık tür içerisindeki ortalama genetik uzaklığın 27 katı olarak hesaplanmış, türler arasındaki ortalama K2P uzaklık tahmini %8,3, tür içerisinde ise %0,3 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar 15 türde (%8) ise benzer türler arası görülen ortak polimorfizmler tespit etmişlerdir. Bu türlerde örnekler ile türler arasındaki K2P uzaklıkları çakışma göstermiş ve tanımlamalar yalnızca DNA barkodlama ile gerçekleştirilebilmiştir. Bu türlerin aksine, iki türde saptanan derin genetik farklılıklar ise kriptik türlerin olduğu şeklinde bildirilmiştir. Çalışmanın sonucunda DNA barkodlamanın tatlı su balık türlerinde etkin bir biçimde kullanılabileceğini savunan araştırmacılar, oluşturulan *COI* kütüphanesinin ekoloji ve sistematik alanında gerçekleştirilecek sonraki çalışmalarda kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

DNA barkodlamayı “klasik taksonomik tanımlamanın kolay uygulanabilir olmadığı, geniş bir alanı kapsayan ekolojik ve biyoçeşitliliğin korunmasına yönelik çalışmalarda, tür tanımlamalarının genomun küçük bir parçasına ait DNA dizileri kullanılarak gerçekleştirildiği bir yöntem” şeklinde tanımlayan Lahaye *et al.*<sup>152</sup>, DNA barkodlamanın hayvanlarda standart hale geldiğini fakat bitkiler açısından evrensel olarak kabul görmüş bir barkod bulunmadığını belirtmiştir. Bu amaçla çok kapsamlı bir arazi çalışması gerçekleştiren araştırmacılar, iki önemli biyoçeşitlilik merkezinden (Mezo-Amerika ve

Afrika'nın güneyi) 1600'ün üzerinde örnekleme gerçekleştirip, 8 potansiyel barkodu karşılaştırmışlardır. Bundan önce gerçekleştirilen bitki çalışmalarından farklı olarak, intraspesifik varyasyon ile interspesifik varyasyon arasında ne ölçüde bir "barkodlama açıklığı" bulunduğunu analiz edebilmek için tüm türlerden birden çok örnekleme gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda vermiş olduğu tutarlı varyasyon oranları, kolay çoğaltılabilir ve hizalanabilir olması gibi özelliklerinden dolayı plastid *matK* geni çiçekli bitkilerde evrensel barkod olarak kullanılmaya uygun olarak tespit edilmiştir. Ayrıca 1000'den fazla Mezo-Amerikan orkide türünü analiz eden araştırmacılar, *matK* barkodlarının tek başına kriptik türleri ortaya çıkarmada yeterli olduğunu ve "Convention on International Trade of Endangered Species" (CITES) listesinde bulunan türlerin tanımlanmasında kullanılabileceğini öne sürmüşlerdir.

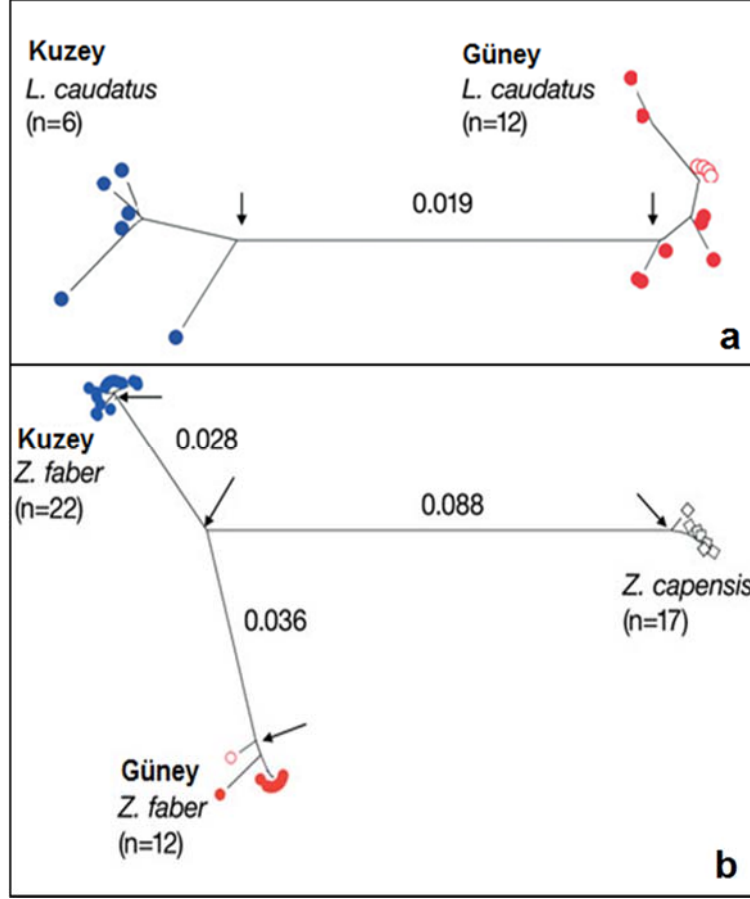
Rock *et al.*<sup>153</sup> Scotia Denizi'nden örnekledikleri 35 balık türüne ait *COI* barkodlarını analiz etmiş, elde ettikleri moleküler sonuçları arazi sırasında oluşturulan morfolojik tanımlamalar ile GenBank ve BOLD veri tabanlarından elde ettikleri ilave DNA dizileri ile karşılaştırmışlardır. Gerçekleştirilen karşılaştırmalar sonrasında morfolojik ve moleküler veriler arasında uyum gözlemlendiği, *COI* barkodlarının örneklerin tür seviyesinde tanımlanmasında başarılı olduğu bildirilmiştir. *COI* dizilerinde herhangi bir coğrafik varyasyona rastlanmadığı da vurgulanmıştır. Liparidae ve Zoarcidae familyaları için morfolojik tanımlamalar taksonomik ayrımları gerçekleştirilmede yetersiz kalırken, aynı örneklerin moleküler tanımlamaları sonucunda tür seviyesinde tanımlamalar gerçekleştirilmiştir. Moleküler veri seti sadece *Bathyraco* ve *Artedidraco* cinslerinin tür seviyesinde tanımlanmasında yetersiz kalırken, bu cinslerin *sitokrom b* dizisi üzerinden gerçekleştirilen analizlerinin de tanımlama yapmakta yetersiz kaldığı hatırlatılmıştır. Araştırmacılar sonuçları ilave taksonomik çalışmalar gerçekleştirilmesi çerçevesinde değerlendirerek, DNA barkodlamanın popülasyon çalışmaları öncesinde çok önemli bir çerçeve oluşturduğunu ve farklı yaşam evrelerinde türlerin tanımlanmasında mutlaka yararlanılması gereken bir araç olduğunu belirtmişlerdir.

DNA barkodlamanın tür tanımlamada ve biyoçeşitliliğin belirlenmesinde kullanımının giderek yaygınlaşmaya başlaması ile bu yöntemin, fenotipik esneklikten etkilenen morfolojik yöntemlerden farklı olarak taş mercanı (*Scleractinia*) türlerinin çeşitli yaşam



evrelerinde (larva, yavru veya erişkin) tanımlanıp tanımlanamayacağı sorusu Shearer and Coffroth <sup>94</sup> tarafından sorulmuştur. Taş mercanlarının tür tanımlamalarında *COI* genine ilişkin dizilerin kullanılmasının ne kadar etkili olduğunu belirlemek isteyen araştırmacılar intraspesifik ve interspesifik genetik varyasyon seviyelerini araştırarak tür içi varyasyonu türler arası varyasyondan ayıran eşik değerini belirlemeye çalışmışlardır. Çalışma sonucunda elde edilen düşük genetik değişkenlik seviyesi sonucu oluşan intraspesifik varyasyonla interspesifik varyasyon arasındaki çakışma, taş mercanları için bir eşik değeri oluşturmayı mümkün kılmamış ve birçok türde *COI* dizileri kullanılarak ayırım gerçekleştirilememiştir.

Kuzey (Atlantik ve Akdeniz) ve güney (Avustralya ve Asya) yarım küredeki denizlerden toplanan 15 balık türüne ait toplam 149 örneğin *COI* barkodlamalarını gerçekleştiren Ward *et al.* <sup>154</sup>, bunlardan 13 türün uzaklığa bağlı genetik farklılığa ait önemli bir sonuç ortaya koymadığını bildirmiştir. Deniz balıkları bakımından değerlendirme yapan araştırmacılar türün dağılım gösterdiği bir alandan elde edilen barkodların türün dağılım gösterdiği diğer tüm alanlarda da tanımlanmasında kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir. Çalışmada örneklenen türlerden ikisinin kuzey ve güney populasyonları arasında büyük bir farklılık (FST değerleri 0,84 ve 0,86) olduğu tespit edilmiştir. Bu türlerden biri *Lepidopus caudatus* olarak bildirilmiş ve kuzey ile güney populasyonları arasında %2,75'lik bir genetik uzaklık tespit edilmiştir (Şekil 2.11a.). İkinci tür ise *Zeus faber* olarak bildirilmiş ve kuzey ile güney populasyonları arasında %7,44'lük bir genetik uzaklık olduğu belirtilmiş ve bu iki türe ait tüm örneklerin doğru populasyonlar altında kümelendiği vurgulanmıştır (Şekil 2.11b.). Araştırmacılar her iki taksonunda bugüne kadar farkına varılmamış kriptik türler içerdiklerini öne sürmüş ve bunlar üzerinde daha detaylı taksonomik ve genetik araştırmalarda bulunulması gerektiğini savunmuşlardır.



Şekil 2.11. *Lepidopus caudatus* ve *Zeus faber* türlerinin farklı populasyonları arasındaki genetik uzaklığın NJ ağacı üzerindeki gösterimi

a) Kuzey Atlantik (kuzey: mavi) ve güney denizlerinden (güney: kırmızı; Avustralya ve Yeni Zelanda: boş daireler; Güney Afrika: renkli daireler; oklar arası genetik uzaklık gösterilmiştir) örneklenen *Lepidopus caudatus* bireylerinin K2P uzaklıklarına göre oluşturulmuş köksüz NJ ağaçları. b) Kuzey Atlantik ve Akdeniz (kuzey: mavi) ile güney denizlerinden (güney: kırmızı; Avustralya ve Yeni Zelanda: boş daireler; Güney Afrika: renkli daireler; oklar arası genetik uzaklık gösterilmiştir) örneklenen *Zeus faber* ve *Zeus capensis* (boş dörtgenler) bireylerinin K2P uzaklıklarına göre oluşturulmuş köksüz NJ ağaçları (Şekil Ward *et al.* <sup>154</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

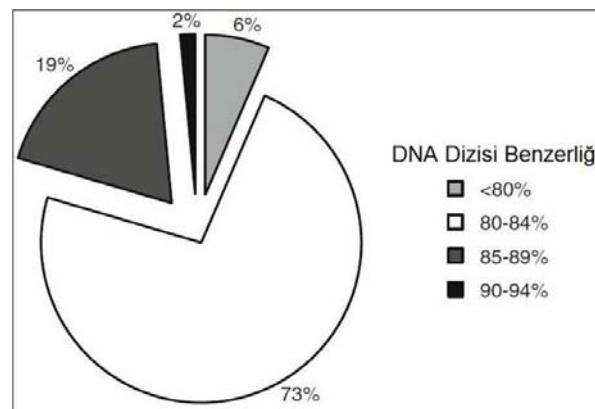
Hebert *et al.* <sup>155</sup>, gerçekleştirdikleri çalışmada Kuzey Amerika'nın doğu yarısından örnekledikleri 1300'den fazla Lepidoptera türüne ilişkin oluşturdukları DNA barkodlarını bildirmişlerdir ve bunların %99,3'ünün tanımlayıcı özellikte olduğunu belirtmişlerdir. Çalışmada ortalama intraspesifik genetik farklılık 0,43 olarak hesaplanmış ama farklılıklar genel olarak ortalamanın altında olarak gözlemlenmiştir. Ortalamadaki artışı türlerin %5,1'inde tespit edilen ve genellikle iki barkod kümesinin simpatrik olarak ortaya çıkışını

içeren derin barkod farklılıkları sağlamıştır. Bugüne kadar bu örneklerin çok az bir kısmının detaylı olarak analiz edildiğini belirten araştırmacılar mevcut taksonomik sistemin gözden kaçırdığı türler olduğu gerçeğinin bu çalışmayla bir kez daha ortaya çıktığını bildirmişlerdir. Çalışmanın bir başka sonucu ise barkod dizilerindeki bölgesel farklılıkların geniş ölçekte değerlendirilmesi sonucu, Kuzey Amerika'nın doğusundan örneklenen Lepidoptera türleri arasında, 2800 km uzaklığa sahip populasyonlarda bile çok küçük farklılıklar olduğu şeklinde bildirilmiştir. Araştırmacılar yaptıkları değerlendirmede, bu bölgedeki Lepidoptera türlerinin tanımlanmasına yönelik gerçekleştirilecek çalışmalarda, türler arasındaki düşük intraspesifik varyasyon göz önünde bulundurulduğunda, tür başına daha az örnek sayısı ile de etkin bir barkodlama çalışması gerçekleştirilebileceğini öne sürmüştürler.

Balıkçılık düzenlemeleri ile ilgilenen yetkililer ile tüm dünyada bu alanda çalışan bilim insanlarının köpekbalığı ve vatoz türleri ile ilgili temel bilgilerin eksikliğinden dolayı sıkıntılar yaşadığı ve bunun başlıca nedenlerinden birinin kıkırdaklı balık türlerinin ve vücut kısımlarının yanlış tanımlanmaları olduğu Holmes *et al.* <sup>77</sup> tarafından bildirilmiştir. Morfolojik olarak benzer türler ile uygun koşullarda saklanmamış örnekler veya anahtar karakteristik özellikleri kaldırılmış örneklerin tanımlanmasının zor olabileceği de araştırmacılar tarafından vurgulanmıştır. DNA barkodlamanın bu probleme bir çözüm olup olmayacağını denemek için gerçekleştirdikleri bu çalışmada araştırmacılar Avustralya sularında yasadışı balıkçılık yapan ticari av teknelerinin geride bıraktığı, 211 kurutulmuş pektoral yüzgeç örneğinden tür tanımlamasının başarısını ölçmüştürler. Örneklerin 193 tanesinden (%91,5) kıkırdaklı balık türlerine ilişkin DNA dizileri elde edilirken, 18 yüzgeç örneğinden DNA dizisi elde edilememiş veya mikrobiyal DNA dizileri elde edilmiştir. DNA dizileri elde edilen tüm örnekler DNA barkod veri tabanındaki örnekler ile eşleşme gösterip tür seviyesinde tanımlama gerçekleştirilebilmiştir. Çalışma sonunda yirmisi köpekbalığı yedisi vatoz olmak üzere 27 kıkırdaklı balık türü tanımlanmıştır. Tespit edilen türler içinde en baskın tür (yüzgeçlerin %22'si) *Carcharhinus dussumieri* olarak tespit edilmiştir. Tespit edilen türlerin birçoğu Dünya Doğa ve Doğal Kaynakları Koruma Birliği (IUCN; International Union for Conservation of Nature) tarafından oluşturulan “Kırmızı Liste” içerisinde bulunmakta, hatta aralarından bir türün durumunun (*Anoxypristis cuspidata*) “kritik olarak tehlike altında” şeklinde olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar DNA barkodlamanın yasadışı balıkçılığa hedef olan türlerin tanımlanmasında etkin bir şekilde

kullanılabileceğini ve böyle bir aracın balıkçılık yönetimi ve türlerin korunmasına yönelik çalışmalarda büyük kolaylık sağlayacağını altını çizmişlerdir.

Mercan resifleri ekosistemlerindeki biyoçeşitliliğin büyük bir bölümünü oluşturan karmaşık faunaya ilişkin tür çeşitliliği hesaplamalarının bu grup altındaki canlıların örneklenmesi ve tanımlanmasındaki zorluklardan ötürü genellikle gözden kaçtığını bildiren Plaisance *et al.*<sup>90</sup>, resiflerde yaşayan kabukluların çeşitliliğini belirlemede DNA barkodlama yaklaşımından yararlanmışlardır. Pasifik Okyanusu'nun beş noktasından (Kuzey Line Adaları'ndan dört atolden ve Fransız Polinezyası'ndaki Moorea'den) benzer ölçülerde 22 parça *Pocillopora* mercan türü 10 metre derinlikten örneklenmiştir. Mercanlarda bulunan tüm kabuklu canlılar çıkartılmış ve elde edilen 403 örneğin *COI* DNA dizi analizleri gerçekleştirilmiştir. DNA dizi analizi sonucunda %5'benzerlik sınırı içerisinde (Şekil 2.12.) 135 farklı takson tespit edilmiştir. Tanımlanan kabukluların genellikle ender rastlanan türler olduğunu bildiren araştırmacılar, bunların %44'ünün tek bir örnekle temsil edildiğini, %33'ünün ise birden çok örnek ile temsil edildiğini ve beş istasyondan yalnızca birinden örneklediğini belirtmişlerdir. Kuzey Line Adaları ile Moorea arasında sadece 11 ortak tür tespit edildiği bildirilmiş ve tür zenginliği istatistiği yöntemiyle (Chao1 ve ACE) gerçekleştirilen hesaplama sonrasında toplam kabuklu tür sayısının Moorea için 90, Kuzey Line Adaları için 150 olduğu tahmin edilmiştir. Araştırmacılar DNA barkodlama ile çok sınırlı bir habitattan gerçekleştirilen makul bir örnekleme sonucunda beklenenden çok yüksek sayıda tür tespit edildiğini vurgulamışlardır.



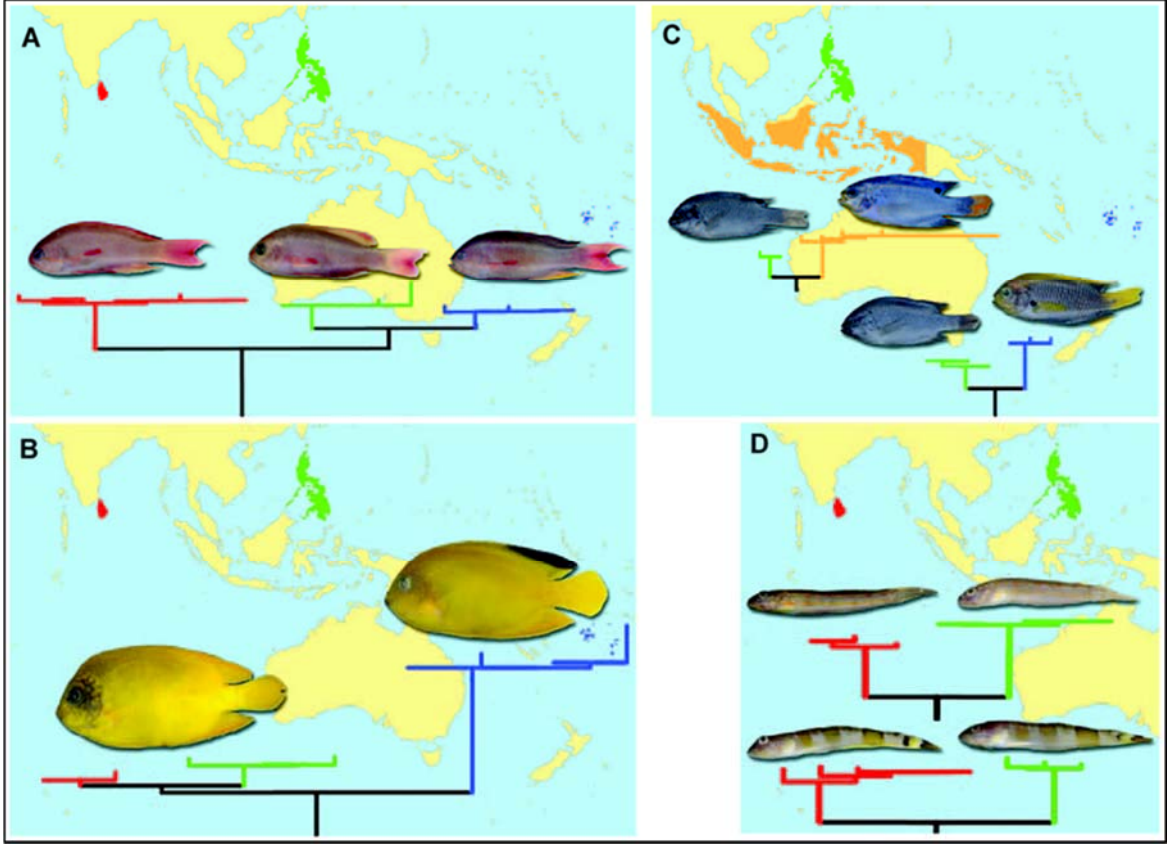
Şekil 2.12. Kuzey Line Adaları ve Moorea'dan elde edilen *Pocillopora* örneklerinden elde edilen *COI* dizisi benzerlik değerleri (Şekil Plaisance *et al.*<sup>90</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Radulovici *et al.* <sup>156</sup> deniz kabuklularının morfolojik ve ekolojik çeşitliliği yüksek bir grup oluşturduğunun bilindiğini, tür tanımlamalarının klasik yaklaşımlar ile gerçekleştirilmesinin zor olduğunu ve bu canlıların tanımlanmasında uzman taksonomistlerin bile yardıma ihtiyaç duyabileceklerini söylemişler ve hızlı ve kolay bir tanımlama yöntemi olan DNA barkodlamadan bu konuda yararlanılabileceğini belirtmişlerdir. Birçok kabuklu türünün de dahil olduğu metazoan canlıların tanımlanmasında etkin bir araç olarak görülen DNA barkodlamanın kullanıldığını bu çalışmada Estuary ve St. Lawrence Körfezi'nden Malacostraca sınıfına ait 80 türe ilişkin DNA barkodlaması gerçekleştirilerek mevcut veri tabanına kayıt edildiği bildirilmiştir. Elde edilen 460 örneğe ilişkin DNA dizilerinin %95'inde, örnekler bilinen morfolojik türlere karşılık gelen gruplar altında sınıflandırılmıştır. Türler arasındaki genetik mesafenin türler içindeki genetik mesafeden ortalama 25 kat daha yüksek olduğunu bildiren araştırmacılar ayrıca 4 türde saptanan yüksek tür içi değişkenliğin (%3,78-13,6) kriptik türlerin olabileceği şüphesini uyandırdığını belirtmişlerdir. Çalışma sırasında St. Lawrence Körfezi'nde gerçekleştirilen örneklemelelerde istilacı bir amfipod türün tespit edildiğini bildiren araştırmacılar, kabuklu türlerin tanımlanmasında DNA barkodlamanın çok etkin bir uygulama olduğunun altını çizmişlerdir.

Kuzey Amerika'da ticari öneme sahip yedi salmon ve alabalık türünün güvenilir bir şekilde tanımlanabilmesi için DNA barkodlamanın yeterliliğini araştıran Rasmussen *et al.* <sup>79</sup> bu amaçla geniş bir coğrafik alandan 1000'den fazla salmon ve alabalık örnekleme gerçekleştirilmişlerdir. Bu örneklerden izole edilen DNA'lar kullanılarak mitokondriyal *COI* geninin 650 baz çiftlik standart barkod bölgeleri çoğaltılarak analiz edilmiştir. DNA barkodlarından elde edilen sonuçlar tür içi farklılığın düşük (%0,04-1,09; ortalama %0,26), farklı cinslerden türler arası farklılığın ise ortalama %8,22 (%3,42-12,67) ile tür içinden 32 kat daha yüksek olduğunu göstermektedir. Araştırmacılar türler arası en küçük farklılığın tür içi en büyük farklılıktan her zaman daha büyük olduğunu ve bu türlerin DNA barkodları kullanılarak güvenilir bir şekilde tanımlanabileceğini belirtmişlerdir. Bununla birlikte, *in silico* koşullarda mini barkod olarak adlandırılan 109-208 baz çiftlik bölgeler kullanılarak da bu 8 türün ayrımları başarı ile gerçekleştirilmiş ve bu özellikleriyle mini barkodların işlenmiş su ürünlerinin tanımlanmasında da başarıyla kullanılabileceği vurgulanmıştır.

Smith *et al.*<sup>157</sup> taksonomik sınıflandırmada en çok sorun yaratan taksonların başında gelen parazitoid sivrisinek familyaları (Ichneumonidae, Braconidae, Cynipidae ve Diapriidae) ile bunların tam tersi özellikte olan, çeşitliliğin çok az olduğu Formicidae familyasından türleri örnekleyip bunlardan elde ettiği barkodları kullanarak filogenetik farka dayalı akümülyasyon eğrileri oluşturmuşlardır. Morfolojik verilerden elde edilen akümülyasyon eğrilerinin hem eğimleri bakımından hem de eğrilerden elde edilen ölçekleri bakımından örnekler arasında belirgin değışiklikler gösterdiği belirtilmiştir. Araştırmacılar bu farklılığın bu böcek taksonlarında bilinen büyük değışiklikten kaynaklanabileceğini belirtmişlerdir.

Egzotik omurgalı hayvan ticaretindeki en önemli bileşeni akvaryum balıklarının ithalat ve ihracatı olduğunu öne süren Steinke *et al.*<sup>158</sup>, çoğunlukla doğadan toplanan bu türlerin sürdürülebilirliğinin sağlanması ve toplandıkları bölgelerin tam olarak tespit edilmesi amacıyla bu ticaretin artan bir denetim baskısı altına girdiğini belirtmişlerdir. Bu denetlemelerin en önemli aşamalarından birini de ticareti gerçekleştirilen bu türlerin tanımlanması olduğunu söyleyen araştırmacılar, söz konusu tür sayısının çok fazla olması nedeniyle klasik yöntemler ile gerçekleştirilmesinin çok zor olduğunu özellikle belirtmişlerdir. Bu amaçla Kuzey Amerika’da ithal edilen akvaryum balıklarının neredeyse yarısını kapsayan bir DNA barkod referans dizi kütüphanesi oluşturarak tür tanımlamalarının kolayca gerçekleştirilmesi için çalışmalara başlayan araştırmacılar, sekiz mercan resifi bölgesinden 391 türün *COI* gen dizilerini analiz etmişlerdir. Analizler sonucunda bu türlerin %98’i için farklı barkod tanımlamaları gerçekleştirilebilmiştir. Türlerin birçoğunda çok düşük (ortalama %0,21) intraspesifik varyasyon gözlenirken dokuz türde %2,19 ile %6,52 arasında bir varyasyon tespit edilmiştir (Şekil 2.13.). Tür içinde bu büyüklükteki bir varyasyon gözlemlenmesi araştırmacılar tarafından gözden kaçan hibrit türler olabileceği şeklinde yorumlanmıştır. Bunun aksine üç taksonda ise barkodları bakımından hiçbir farklılık göstermeyen ikili veya üçlü tür grupları tespit edilmiş ve olası nedenleri olarak da en çok hibridizasyon ihtimali üzerinde durulmuştur. Araştırmacılar çalışmanın sonunda, eksikleri olsa da, oluşturulan bu DNA kütüphanesinin akvaryum balıklarının denetlenmesine ilişkin konularda faydalanılabilecek bir araç olarak düşünülmesi gerektiğini belirtmişlerdir.

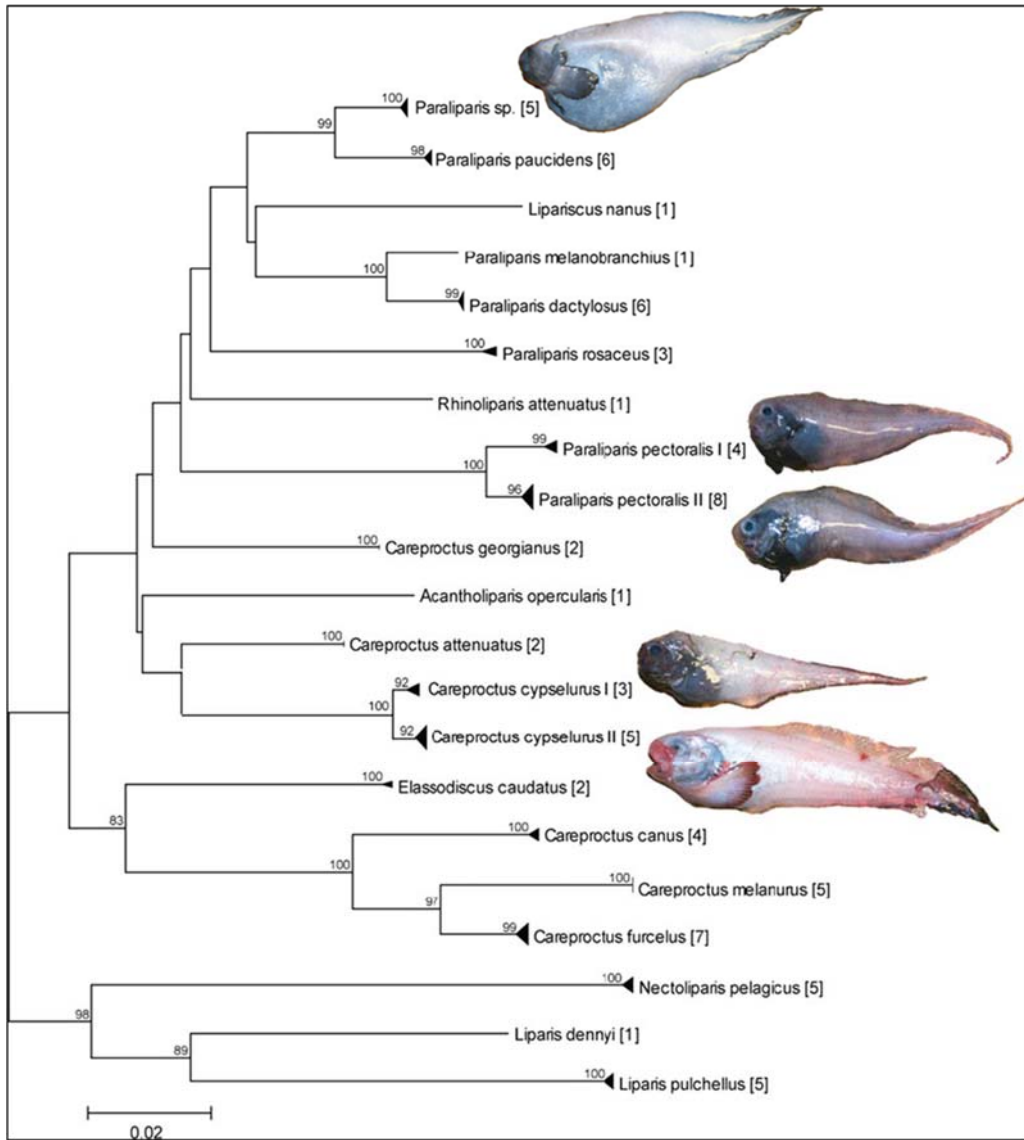


Şekil 2.13. Coğrafik dağılımlarına göre tür içerisinde %2,0 eşik değerinin üzerinde farklılık gösteren türler

a) *Pseudanthias squamipinnis*, b) *Centropyge heraldi*, c) *Chrysiptera cyanea* ve *Chrysiptera starcki*, d) *Valencienna puellaris* ve *Valencienna wardii*. Dal renkleri örneklerin elde edildikleri ülkelere göre değişkenlik göstermektedir (Şekil Steinke *et al.* <sup>158</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

DNA barkodlamayı, *COI* geninin standart bir bölgesinin DNA dizi analizi ile tür seviyesinde hızlı ve isabetli tanımlamaların gerçekleştirilebileceğini belirten Steinke *et al.* <sup>78</sup> DNA barkodlama ile Kanada'nın Pasifik sahillerinden örnekledikleri 201 balık türünün %98'inde ayırım gerçekleştirebilmişlerdir. Tür içerisindeki ortalama varyasyon %0,25, aynı cinsten türler arasındaki ortalama genetik uzaklık ise %3,75 olarak tespit edilmiştir. Türler arasındaki genetik uzaklığın daha önceki çalışmalardaki sonuçlardan düşük olması, araştırmacılar tarafından Kanada faunasının *Sebastes* cinsine ait türlerin baskısı altında olmasıyla açıklanmıştır. *Sebastes* cinsine ait türlerin birçoğu ayrımlarının gerçekleştirilebileceği *COI* dizilerine sahipken, yalnızca dört türde ayırım gerçekleştirilememiştir. Bu durum nedeniyle azalan ortalama genetik varyasyonu kısmen

dengeleyecek sonuçlar ise *Paraliparis* cinsine ait barkod kayıtlarından elde edilmiş, geniş bir dağılıma sahip *Paraliparis pectoralis*'in aslında iki farklı türü içerdiği ihtimali ortaya çıkarılmıştır (Şekil 2.14.). Araştırmacılar bu çalışmadan elde edilen sonuçların, Kanada'nın Pasifik kıyılarında bulunan türlerin hemen hemen tamamının diğer türlerden kesin bir şekilde ayrılmasını sağlayacak özgün bir barkod dizisine sahip olduklarını ama aynı zamanda bazı türlerin de detaylı bir taksonomik incelemeden geçirilmesi gerektiğini gösterdiğini belirtmişlerdir.



Şekil 2.14. Liparidae familyasından 19 türün *COI* dizilerinin K2P modeline göre hesaplanan genetik uzaklıkları kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

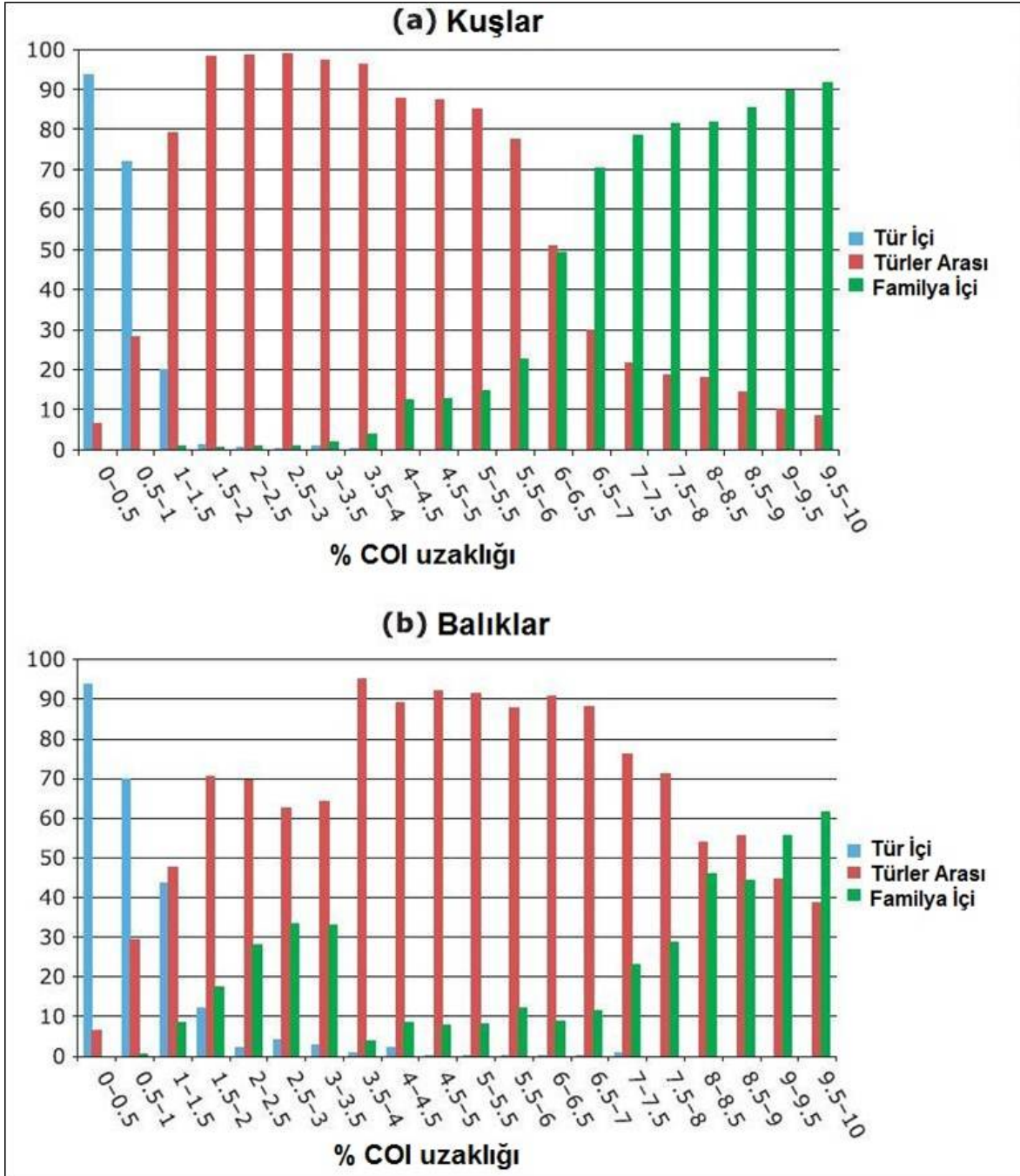
Düğüm üzerindeki sayılar bootstrap değerlerini, tür isimlerinin yanındaki sayılar örnek sayısını belirtmektedir (Şekil Steinke *et al.* <sup>78</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)



Valdez-Moreno *et al.* <sup>159</sup> Meksika ve Guatemala tatlı su faunasının birçok endemik türle birlikte toplam 600'den fazla balık türü içerdiğini belirtmiş ve bu faunanın üyelerinin DNA dizi yapılarını tespit etmek için 36 cins altında toplanan 61 balık türünün *COI* barkodlarından yararlanmışlardır. Tür içerisindeki ortalama farklılık %0,45, türler arasındaki ortalama farklılık ise %5,1 olarak hesaplanmıştır. Orta Meksika bölgesindeki farklı krater göllerinde bulunan ve karmaşık bir taksonomik geçmişe sahip olmakla beraber her biri buldukları göle endemik olarak kabul edilen *Poblana* cinsinden 3 türün barkod analizleri sonucunda herhangi bir farklılık bulunmamış ve bu durum coğrafik izolasyonlarının çok kısa bir süre önce gerçekleşmiş olabileceği şeklinde yorumlanmıştır. Çok karmaşık ve tam olarak çalışılmamış bir familya olan Cichlidae familyasının üyelerinin barkodlama ile kesin bir şekilde ayrımlarının gerçekleştirildiğini bildiren araştırmacılar, Characidae familyasının da farklılık oranlarının düşük olduğunu (ortalama %2) fakat yine de ayırım gerçekleştirmeye yeterli düzeyde varyasyonun tespit edildiğini belirtmişlerdir. Çalışmadan elde edilen bir başka önemli sonuç olarak da tek bir tür olarak bilinen *Opisthemon aenigmaticum* türünden iki farklı barkod elde edilmesi ve bunlardan birinin muhtemel yeni bir endemik tür olması gösterilmiştir. Araştırmacılar bu spesifik durumlar dışında genel bir değerlendirme yaparak, Orta Amerika'dan örneklenen tatlı su balıklarının ayrımlarının gerçekleştirilmesinde DNA barkodlarının çok etkili bir araç olduğunu ve taksonomik destekli yeni araştırmalar ile çok önemli sonuçlar elde edilebileceğini belirtmişlerdir.

DNA barkodlarının hayvan türlerinin moleküler tanımlama aracı olarak her geçen gün daha fazla kullanılmaya başladığını belirten Ward *et al.* <sup>13</sup> veri tabanlarındaki *COI* dizilerinden yararlanarak 657 kuş türü ve 1088 balık türü için oluşturulan barkodların analizini gerçekleştirmiştir. Barkodlar kullanılarak ayırımı gerçekleştirilemeyen türlerin oranı yaklaşık olarak kuşlarda %6,4, balıklarda ise %2,1-2,5 olarak hesaplanmıştır. Tüm taksonomik seviyeler bakımından (tür, cins, familya, takım, sınıf) balıklar kuşlardan daha yüksek *COI* değişkenliği gösterdiğini (Şekil 2.15.) belirleyen araştırmacılar, birbiriyle aynı barkoda sahip örneklerin aynı türden olma olasılığının kuşlar ve balıklar için %98-99 arasında değiştiğini ve değişkenlik oranı arttıkça tür içi varyasyon ihtimalinin hızla azaldığını belirtmişlerdir. Bu durum %2'lik bir *COI* değişkenliğinde kuşlarda %1'lik, balıklarda ise %3'lük bir ihtimal olarak tespit edilmiştir. Kuşlar ile balıklar arasındaki bu belirgin farklılık henüz ortaya çıkarılmamış kriptik türler ve hibritleşmeler ile açıklanmıştır. Araştırmacılar bu ihtimallerin kuşların ve balıkların toplanmış verilerinden elde edildiğini bildirmiş ve her durumda geçerli

olamayabileceğini, yakın zamanda ortaya çıkan hibrit türlerin aynı barkoda sahip olma olasılıklarının daha yüksek olabileceğini, barkod verilerinin artmasıyla daha kesin istatistiksel analizler gerçekleştirmenin mümkün olabileceğini vurgulamışlardır.



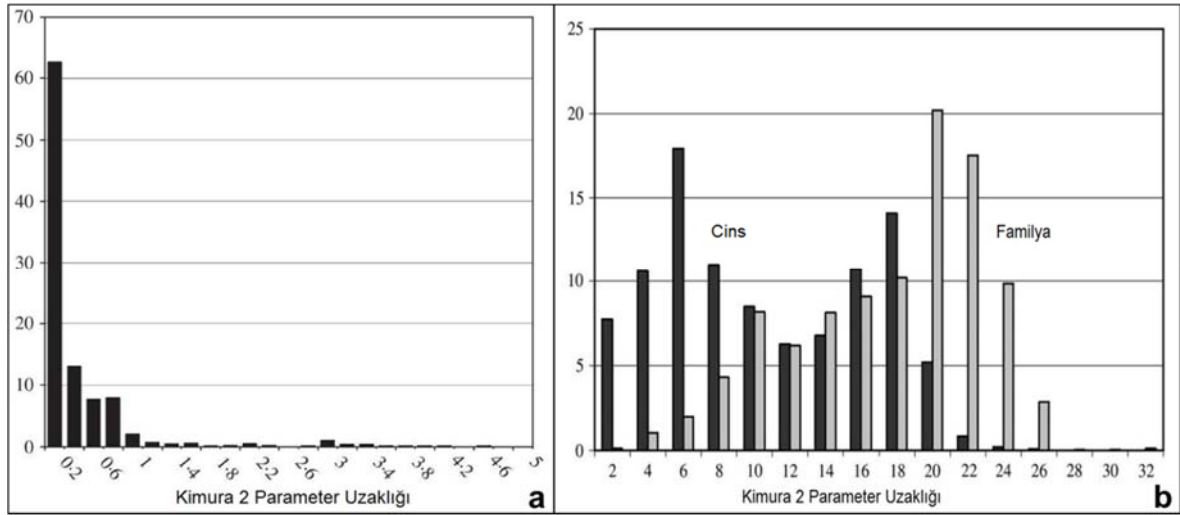
Şekil 2.15. Kuşlarda (a) ve balıklarda (b) tür içi, türler arası ve familya içi, %0,5-10 aralığında hesaplanan DNA dizi değişkenlikleri (Şekil Ward *et al.*<sup>13</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Dünya genelindeki köpekbalığı avcılığının genellikle kontrol altında olmadığını fakat son zamanlarda ortaya çıkan köpekbalığı yüzgeci endüstrisi nedeniyle bu canlıların avcılığının ve ticaretinin izlenmesi konularının önem kazandığı Wong *et al.*<sup>160</sup> tarafından bildirilmiş ve bu izlemenin gerçekleştirilmesinde moleküler araç olarak DNA barkodlamanın kullanılabileceğini öne sürmüştürler. Fakat BOLD tarafından hayata geçirilen genetik uzaklık temelli tür tanımlama yönteminin, bazı durumlarda koruma ve kontrol amaçlı yasal uygulamalar için gerekli olan kesin tanımlama sonuçlarını veremeyebildiğini belirtilmiştir. Bunun nedeni, genetik uzaklık kullanılarak referans veri tabanlarında gerçekleştirilen aramalarda %100'lük bir eşleşmenin gerçekleşmesinin her zaman mümkün olmamasıdır. Tür içerisindeki varyasyon seviyelerine yönelik kabul edilebilir seviyede eşik değerleri ortaya koyulmasına rağmen bilinmeyen türlerin tanımlanmasında genetik uzaklığın kullanılmasına ilişkin yeterli kesinliğe sahip olmayan istisnaların bulunması bu eşik değerlerinin kabul edilmesini zorlaştırdığı, araştırmacılar tarafından önemle vurgulanmıştır. Bu noktadan yola çıkarak, tür farklılıklarının kesin bir şekilde tanımlanmasında farklı moleküler karakterlerden yararlanılmasını öneren araştırmacılar, DNA barkodlama ve farklı moleküler karakterlerden yararlanma yöntemlerinin performanslarını, veri tabanlarında bulunan ve Elasmobranchii alt sınıfından 1000'den fazla DNA barkodunu kapsayan bir veri kümesi üzerinde denemişlerdir. Çalışmanın sonunda barkodların tanımlanmasında, belirli özelliklere dayalı, nükleotid teşhis yönteminin uygulanabilir olduğu ve birbirine yakın köpekbalığı türleri arasındaki haplotip değişkenliği yapısına farklı bir bakış açısı getirdiği sonucuna varılmıştır.

Tanımlanmış 15.000'in üzerinde deniz canlısı içerisinde balıkların, deniz yaşamının en belirgin, en çok çeşitlilik gösteren ve her geçen gün daha çok tehditle karşı karşıya kalan türleri olduğunu belirten Zemlak *et al.*<sup>161</sup>, büyük vücutlu balık türlerinin neredeyse tamamının tanımlandığı görüşünün yaygın olduğunu fakat bu sonuca mevcut taksonomik sistemin kusursuz olduğu varsayımı ile ulaşıldığını bildirmiştir. Araştırmacılar Hint Okyanusu'nun karşı yönlerinden, hem kıyı hem açık deniz yaşamlarını temsil edecek şekilde seçilmiş 35 balık türünün populasyonları arasındaki farkı incelemede *COI* geninin standart DNA barkod bölgesindeki nükleotid dizisi farklılıklarından yararlanmışlardır. Güney Afrika ve Avustralya denizlerinden örneklenen kıyı balığı türlerinin önemli bir kısmında (ortalama %5,10) populasyonlar arasında derin bir farklılık olduğu tespit edilmiş, yine benzer bir yapının bazı kıyı türlerinde de gözlemlendiği (ortalama %0,84) fakat açık deniz türlerinde

gözlemlenmediği (%0,26) belirtilmiştir. Belirli kıyı ve açık deniz taksonlarında belirlenen bu tür farklılıklara genellikle tek bir türün popülasyonları arasında değil, aynı cinsten türler arasında rastlamanın mümkün olduğunu söyleyen araştırmacılar mevcut taksonomik sistemlerin tür çeşitliliğini olduğundan az gösterdiğini öne sürmüştürler. Araştırmacıların Güney Afrika ile Avustralya denizleri arasındaki köprüyü oluşturan denizlerdeki yaklaşık 1000 balık türünün hemen hemen üçte birinin aslında iki taksonu temsil ettiğini savunmuşlardır.

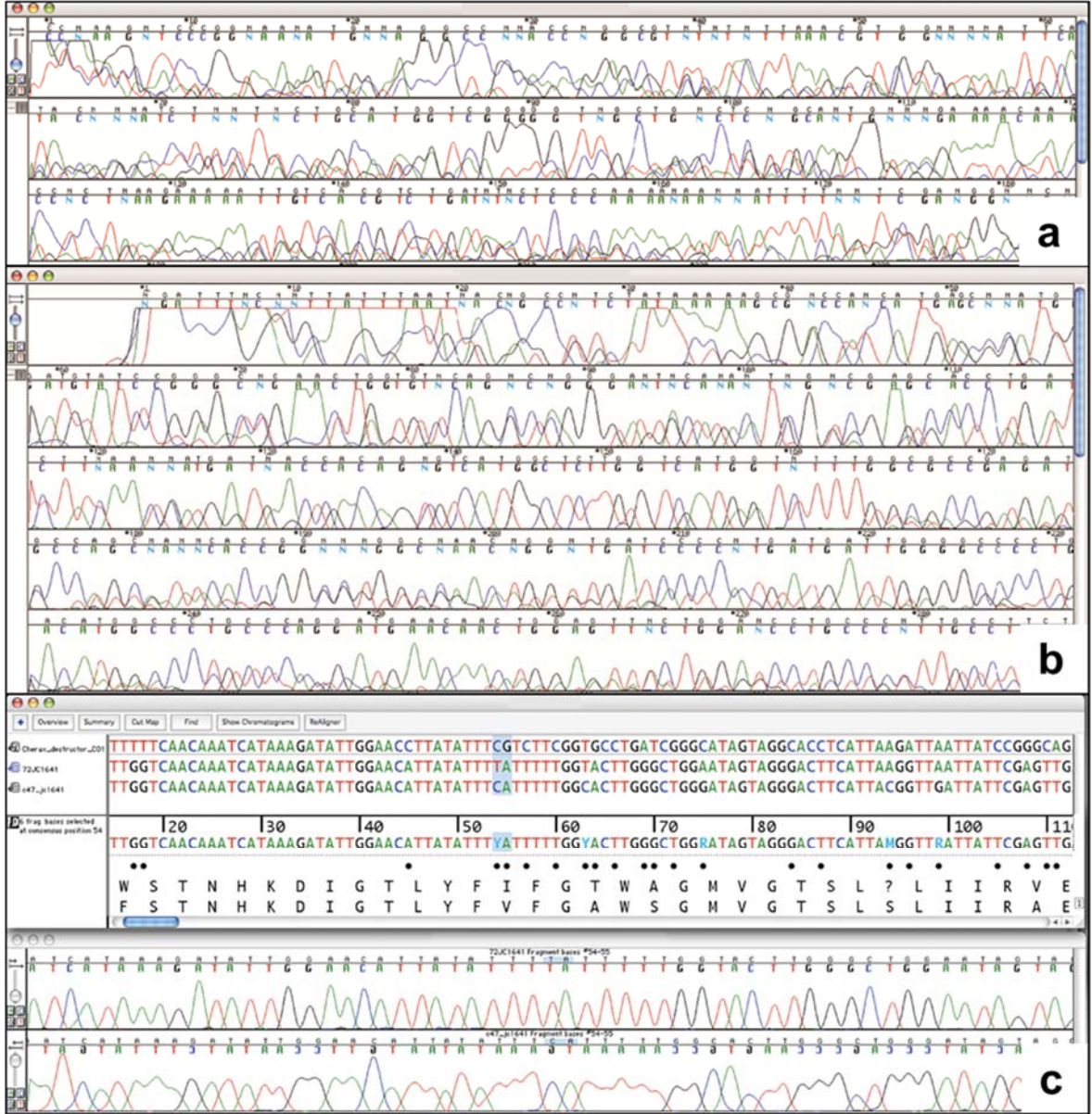
Ward *et al.*<sup>13</sup> DNA barkodlamanın balık türlerinin tanımlanmasındaki etkinliğini ve mevcut gelişimini göstermek için daha önce yayınladıkları dört çalışmayı<sup>41,45,132,154</sup> derleyip, çoğunluğunu deniz balıklarının oluşturduğu fakat bazı iç su ve acı su türlerinin de bulunduğu toplam 546 balık türüne ilişkin 1677 örneği kapsayan bir analiz gerçekleştirmişlerdir. Birden fazla örnek (tür başına ortalama örnek sayısı 4,85) ile temsil edilen 294 türde, ortalama tür içi genetik uzaklık (d, K2P modeli kullanılmıştır) %0,35, yine birden fazla örnek (cins başına ortalama örnek sayısı 3,67) ile temsil edilen 102 cinsten, türler arası uzaklık ise %8,11 olarak hesaplanmıştır (Şekil 2.16.). Araştırmacılar sonuçların aynı türler veya aynı cinsler altındaki türler arasındaki uzaklık bakımından, barkodlama çalışmalarında görmeye alışkın olduğumuz şekilde, morfolojik taksonomi ile moleküler uzaklık bakımından güçlü bir korelasyon gösterdiğini belirtmişlerdir. Her türün tek bir örnek ile temsil edildiği durumda türler arasındaki uzaklığın %9,64'e çıktığını belirten araştırmacılar, tür başına örnek sayısı bakımından yeterli örnekleme yapılan çalışmalarda daha düşük genetik uzaklık değerlerinin elde edildiği şekline görüş bildirmişlerdir.



Şekil 2.16. Türlerin bir veya birden çok türle temsil edildiği örneklemelerden elde edilen, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P uzaklık dağılımları

a) Bütün türlerin birden çok örnek ile temsil edildiği, 294 türe ilişkin, K2P uzaklık (%) dağılımları. b) Her türün tek bir birey ile temsil edildiği, 546 türe ilişkin türler arası (siyah) ve familya içi (gri) K2P uzaklık (%) dağılımları (Şekil Ward *et al.*<sup>13</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Biyoeçeşitliliğin belgelenmesine yönelik küresel anlamda gerçekleştirilen çabalarda *COI* geninin öne çıktığı ve filogenetik ile filocoğrafik çalışmalarda sıklıkla kullanılmaya başladığı Buhay<sup>74</sup> tarafından bildirilmiştir. Araştırmacı, bu genin tür tanımlama barkodu olarak kullanılmasındaki artış sonrasında kalite kontrol ve DNA dizisi homolojileri meselelerinin yeniden ortaya çıktığının altını çizmiştir. Taylor and Knouft<sup>162</sup> un *Orconectes* cinsi tatlı su ıstakozu türlerinin *COI* dizileri kullanılarak tanımlanmasını gerçekleştirdiği çalışmayı örnek gösteren araştırmacılar çalışmada kullanılan mitokondriyal DNA dizilerinin numt içeren veya dizileme hataları içeren diziler olduğunu (Şekil 2.17.) ve GenBank'a bildirilen 86 dizinin 22'sinin stop kodonlar ve indeller içerdiğinden "COI benzeri dizi" olarak işaretlendiğini belirtmişlerdir. Daha sonra GenBank'ta "COI benzeri dizi" olarak işaretlenmiş diziler taranmış ve Crustacea altında toplanan birçok taksonun olduğu yayınlanmış veya yayınlanmamış çalışmanın varlığı tespit edilerek kalite kontrol, psödogenler ve DNA dizi içeriği gibi konuların mutlaka gözden geçirilmesi gerektiğinin altını çizmiştir.



Şekil 2.17. Farklı özelliklere sahip kromotogram görüntüleri

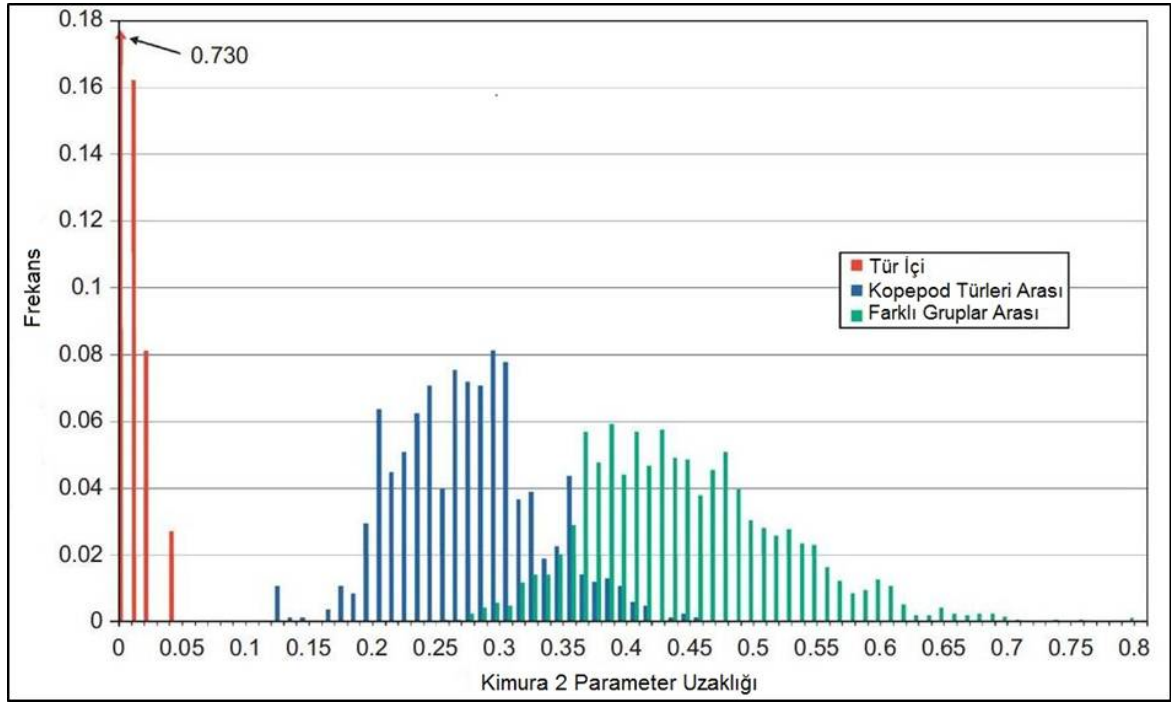
a) numt içeren PCR ürününün DNA dizi analizi sonucunda elde edilen bir kromotogram örneği. b) Pürifikasyon aşaması iyi yapılmamış fakat kısmen okunabilen bir *COI* dizisine ait kromotogram örneği. c) Başarılı bir DNA dizi analizi sonucunda elde edilmesi gereken kromotogram görüntüsü (Şekil Buhay<sup>74</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Tüketicilerin gıda güvenliği ve izlenebilirliği bakımından her geçen gün daha da bilinçlenmekte olduğunu ve özellikle işlenmiş su ürünlerinin içerikleri ile kökenleri hakkında bilgi bakımından daha talepkar olmaya başladıklarını söyleyen Barbuto *et al.*<sup>163</sup>, ticareti gerçekleştirilen birçok türün maruz kaldığı çeşitli işleme aşamaları sonrasında önemli tanımlayıcı morfolojik özelliklerini kaybettiklerini ve bu durumun üretimde farklı

türlerin kullanılması veya hatalı ürün etiketlenmesini artırdığını öne sürmüştürler. Araştırmacılar bu duruma ilişkin gerçekleştirdikleri çalışmada İtalya’da yerel dilde “palombo” olarak adlandırılan (yerel su ürünleri kanunlarına göre *Mustelus mustelus* ve *Mustelus asterias* olarak tanımlanmış) köpekbalığı filetoalarının hangi balıklardan elde edildiğini tespit etmek için DNA barkodlama yaklaşımından yararlanmışlardır. Çalışma kapsamında örneklenen tüm doku örneklerinden standart *COI* barkod bölgesinin en az 550 baz çiftlik kısmı elde edilmiş ve farklı veri tabanlarındaki (GenBank ve BOLD) referans barkod dizileri ile karşılaştırılmaları gerçekleştirilmiştir. Bu karşılaştırmalar sonucunda analiz edilen “palombo” örneklerinin yaklaşık olarak %80’inin *M. mustelus* ve *M. asterias* haricinde türlerden elde edildikleri ortaya çıkarılarak büyük çapta bir ticari sahtekarlık durumu saptandığı öne sürülmüş ve bunun tüketici bakımından ekonomik etkileri araştırmacılar tarafından tartışılmıştır.

Bucklin *et al.* <sup>164</sup> zooplankton türlerindeki çeşitlilik ile dağılımın Arktik Okyanusu’ndaki çevresel değişimlerin gözlemlenmesinde büyük öneme sahip olduğunu ve bu hassas ekosistemdeki iklime bağlı değişikliklere karşı hızlı tepki veren indikatörler olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir. DNA barkodlarının bilinen türlerin doğru bir şekilde tanımlanmasında alternatif bir yaklaşım oluşturduğu ve zooplankton örneklerinin rutin analizlerinin hızlandırılmasında kullanılabileceğini bildiren araştırmacılar 2004-2008 yılları arasında Arktik Okyanusu ve Çukçi Denizi’nden örnekleedikleri türlerin tanımlanmasında DNA barkodlamadan yararlanmışlardır. Mitokondriyal *COI* geninin yaklaşık 700 baz çiftlik bölgesine ait 82 örneğin DNA dizilerinin analiz edilmesi sonucunda 41 tür ortaya çıkarılmıştır. Filogenetik analizlerde NJ algoritması ve K2P uzaklık modeli kullanılmış, doğrulukları 1000 tekrarlı bootstrap testleri ile gösterilmiştir. Tür içi K2P genetik uzaklıkların 0,0 ile 0,2 arasında değişiklik gösterdiği, türler arasındaki genetik uzaklığın ise 0,1 ile 0,7 arasında değiştiği belirtilmiştir (Şekil 2.18.). Birden fazla örnek ile temsil edilen 26 türün tamamında monofiletik yapı gözlemlenmiş ve bu durum mitokondriyal *COI* gen ağacı ile gösterilmiştir. Birden fazla örneğin analiz edildiği yedi cinsten dördü monofiletik özellik gösterirken üç cinsten analizinde tutarlı sonuçlar elde edilememiştir. Daha yüksek taksonomik seviyeler bakımından analiz edildiğinde sadece Copepoda takımı %83’lük bootstrap değeri ile çözümlenmiştir. Araştırmacılar mitokondriyal *COI* barkodlarının Arktik Okyanusu’ndan örneklenen 10 taksonomik gruba ilişkin türlerin ayrımını ve tanımlanmasını gerçekleştirdiğini belirtmiş ve Arktik Okyanusu’nda bulunan yaklaşık 300 holozooplankton

türü için oluşturulacak bir referans veri tabanı ile bu iklimden çok etkilenen okyanus ekosistemindeki türlerin çeşitliliğinin ve dağılımının hızlı bir şekilde belirlenmesinde kullanılabileceğini öne sürmüştürler.



Şekil 2.18. Tür içi, kopepod türleri arası ve farklı gruplardan türler arası K2P genetik uzaklık değerlerinin frekans dağılımları

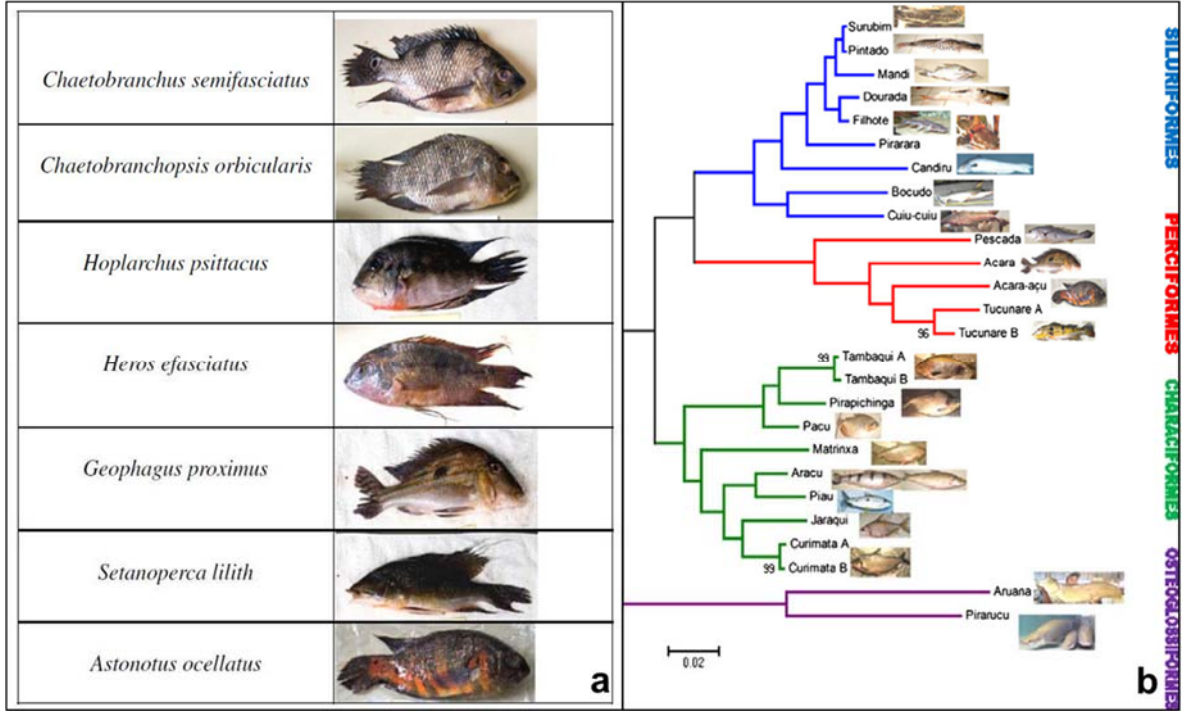
Histogramın ilk çubuğu ölçek dışında olduğundan ok ile 0,730 olarak işaretlenmiştir. Dağılımlar arasındaki farkın anlamlı olduğu yapılan t-testleri ile tespit edilmiştir (Şekil Bucklin *et al.* <sup>164</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Mimikri ve geniş coğrafik alt tür polimorfizmlerinin kelebek cinslerinden *Mechanitis* (Lepidoptera; Nymphalidae) türlerinin tanımlanmasını zorlaştırdığını söyleyen Dasmahapatra *et al.* <sup>165</sup> tür limitlerinin belirlenmesinde mitokondriyal DNA barkodlama, nükleer DNA dizileri ve AFLP genotipleme yöntemlerinden yararlanmışlardır. Bundan önce gerçekleştirilen morfoloji temelli çalışmalar sonucunda toplamda sadece dört tür tespit edilirken, DNA barkodlama ile sekiz çok net ayrım gösteren hoplogrup belirlenmiş ve dört yeni kriptik türün olabileceği öne sürülmüştür. Ancak bu dört kriptik türün sadece biri AFLP belirteçler kullanılarak biyolojik bakımdan anlamlı bulunmuştur. Araştırmacılar bu cinste



mitokondriyal DNA barkodlama ile ortaya çıkarılan derin genetik farklılıkların nükleer genomdaki yansımalarının tespit edilemediğini belirtmiş ve AFLP belirteçlerinin mitokondriyal DNA barkodlama çalışmalarında bir doğrulama aracı olarak kullanılabileceğini öne sürmüştürler.

Ardura *et al.*<sup>14</sup>, DNA barkodlamanın biyolojik türlerin tanımlanmasında kullanıldığını ve DNA temelli bu yöntemin yanlış tanımlanmış türler içeren gıdaların tespit edilmesinde en çok tercih edilen adli yöntem olduğunu belirtmiştir. Gerçekleştirdikleri çalışmanın amacını, ticari öneme sahip Amazon balık türlerinin isabetli ve güvenilir bir şekilde tanımlanmasını sağlayacak DNA temelli bir belirteç geliştirmek olarak tanımlayan araştırmacılar bu amaçla yerel marketlerde satılan ve yerel uzmanlar tarafından görsel olarak tanımlanan örneklerden DNA örnekleri izole etmişlerdir. Bu kalıp DNA'lar kullanılarak mitokondriyal *12S rRNA* ve *COI* genleri PCR yöntemi ile çoğaltılmış ve Amazon Nehri'nden elde edilip yerel marketlerde satılan en değerli 29 balık türü moleküler olarak ilk defa bu çalışma ile tanımlanmıştır. Çoğaltılan iki mitokondriyal gen bölgesinin DNA dizilerine göre oluşturulan filogenetik ağaçlar, türleri taksonomik sınıflandırma ile uyumlu şekilde kümelere ayırmıştır. DNA barkodlama tekniği ile Acara adı altında yedi farklı balık türü satıldığını tespit eden araştırmacılar (Şekil 2.19.) bu türlere ilişkin bugüne kadar herhangi bir stok bilgisinin bulunamadığını bildirmişlerdir. Araştırmacılar, balık pazarlarında satılan türlerin tanımlamalarında ve kontrolünde genetik belirteçlerden yararlanılarak hedef türlerin doğru şekilde belirlenebileceğini ve böylece Amazon havzasındaki balık kaynaklarının korunmasına katkıda bulunabileceğinin altını çizmişlerdir.



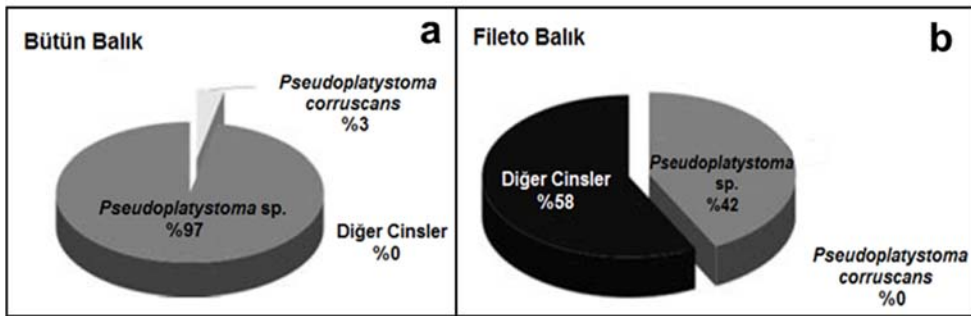
Şekil 2.19. a) Ticari olarak “Acara” adı altında gruplanan balıkların morfolojik ve genetik incelemeleri sonrasında tespit edilen tür isimleri. b) Mitokondriyal gen haplotiplerine göre oluşturulan NJ ağacı

Tür içi ayrımlarda bootstrap değerleri verilmiştir. Siluriformes, Perciformes, Characiformes ve Osteoglossiformes gruplarını temsil eden dallar sırasıyla mavi, kırmızı, yeşil ve mor renkte gösterilmiştir (Şekil Ardura *et al.* <sup>14</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Lara *et al.* <sup>166</sup>, Küba’da türlerin ve ekosistemin korunmasına yönelik çalışmaların sürdürüldüğünü, fakat habitatlardaki bozulmalar, aşırı kullanım ve yabancı türlerin girişleri nedeniyle yerel iç su balık türlerinin büyük bir tehlike altında olduğunu bildirmiştir. İç su ihtiyofaunasının sistematığına ilişkin geniş bir bilgi birikimi olmasına rağmen bu bilgilerin, Küba iç sularında bulunan balık türlerinin çeşitliliğine ilişkin büyük resmin çok uzağında kaldığını belirten araştırmacılar, Küba’daki iç su balıklarının yaklaşık %40’ının, hatta daha da fazlasının endemik olduğunu öne sürmüştürler. Bu çeşitliliğin belirlenmesine yönelik gerçekleştirdikleri çalışmada 10 familya ve 17 cins altında toplanan 27 tanımlanmış balık türüne ilişkin 126 birey örneklenerek mitokondriyal *COI* geninin 652 baz çiftlik bölgesinden yararlanılmıştır. Analizler K2P genetik uzaklıklarına göre gerçekleştirilmiş, dört cins için ayrıca karaktere dayalı analizde (populasyon kümeleme analizi) gerçekleştirilmiştir. Ortalama tür içi, türler arası ve familya içi genetik uzaklık değerleri sırasıyla %0,6, %9,1 ve

%20,2 şeklinde hesaplanmıştır. Analiz edilen sonuçların %96,4'ünde moleküler tür tanımlama sonuçları ile mevcut taksonomik sınıflandırma uyum göstermiş, NJ ağaçlarında bir örnek dışında aynı cinse ait türler aynı grup altında kümelenmiştir. Araştırmacılar *Gambusia* cinsine ilişkin genetik farklılık analizlerinin en az dört farklı kriptik tür olabileceğine işaret ettiğini, buna karşılık *Rivulus insulaepinorum* ile *Ribulus cylindraceus* türleri arasındaki düşük genetik uzaklık doğrultusunda ikisinin tek bir tür altında toplanabileceğini öne sürmüştürler. Genetik uzaklık ve karaktere dayalı analizlerinin birbirleriyle tutarlı sonuçlar vermesinin tür tanımlama sonuçlarının güvenilirliğini artırdığına değinen araştırmacılar, DNA barkodlamanın Küba iç su balık türlerini tanımlamada ve daha detaylı taksonomik inceleme gerektiren grupları belirlemede etkili olduğunu belirtmişlerdir.

Moleküler belirteçlerin yanlış etiketlenen veya yanlış tanımlanan ticari su ürünlerinin belirlenmesinde büyük katkısı olduğunu belirten Carvalho *et al.* <sup>167</sup>, bu araçlar sayesinde, azalan doğal stoklar da göz önünde bulundurulduğunda, hızla artması beklenen düşük ticari değere sahip türlerin yüksek ticari değere sahip türlermiş gibi satılmasının önüne geçilebileceğini öne sürmüştürler. Gerçekleştirdikleri çalışmada, Brezilya balık marketlerinde Surubim (*Pseudoplatystoma* spp.) yerel adı ile satılan bütün balıkların ve filetolar gibi işlenmiş ürünlerin COI barkodları çıkarılarak moleküler tanımlamaları gerçekleştirilmiştir. Elde edilen sonuçlar %80'in üzerinde hatalı etiketleme yapıldığını ve bunun daha çok filetolarda gerçekleştirildiğini göstermektedir (Şekil 2.20.). Araştırmacılar sonuçların Brezilya'daki satış kısıtlamaları ve düzenlemelerindeki açıkları gözler önüne serdiğini belirtmişlerdir.

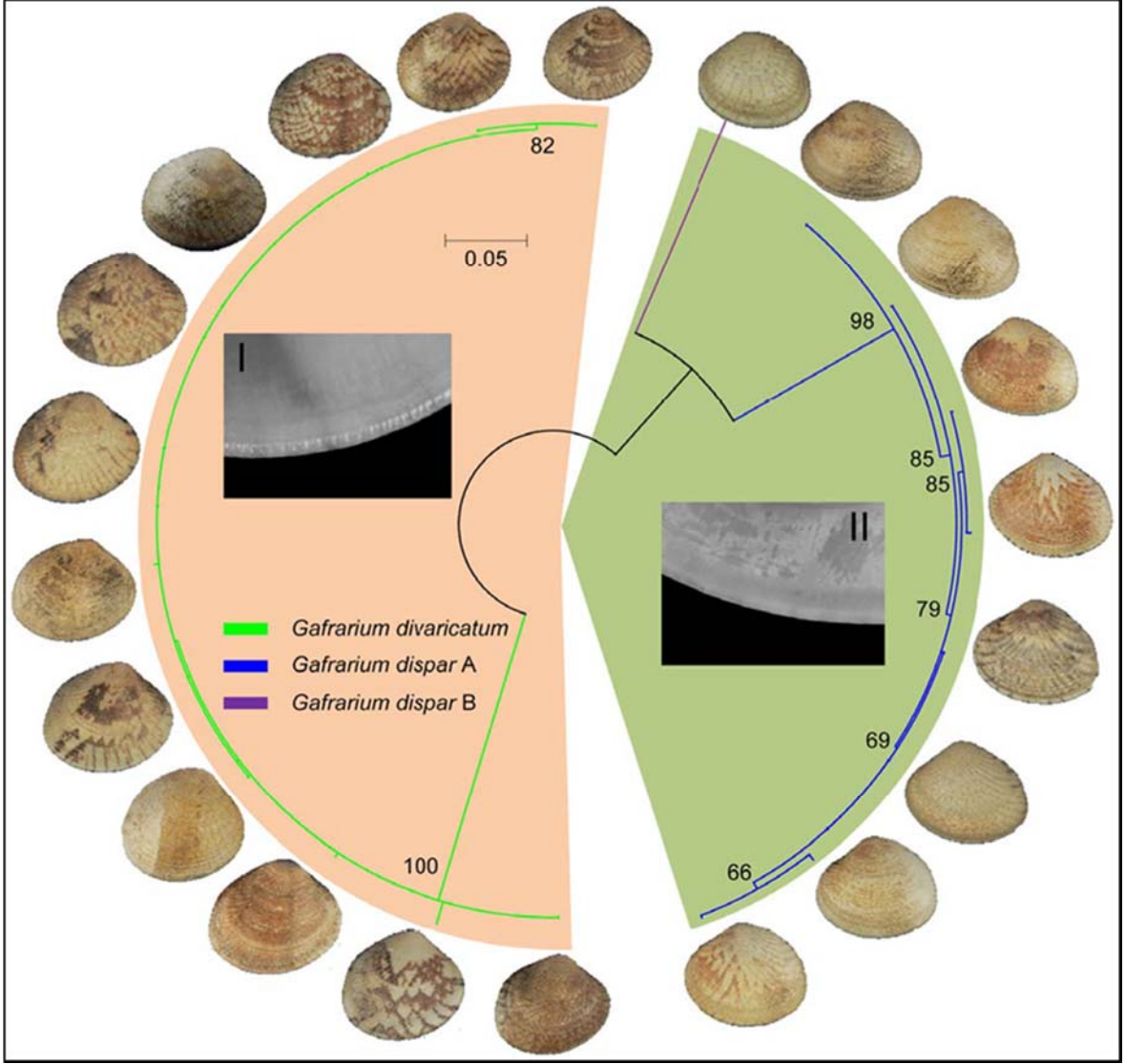


Şekil 2.20. Surubim adı altına pazarlanan bütün balık ve fileto balık örneklerinden analiz edilen türlerin grafiksel dağılımı (Şekil Carvalho *et al.* <sup>167</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

Doukakis *et al.* <sup>168</sup> Madagaskar'da gerçekleştirilen köpekbalığı avcılığının fazla çalışılmadığını, coğrafik uzaklığın balıkçılığın kontrolünü zorlaştırdığını ve köpekbalığı yüzgeçlerinin yüksek ticari değerleri ile Madagaskar'daki aşırı yoksulluk bir araya gelince köpekbalıkları üzerinde çok büyük bir av baskısı oluştuğunu belirtmiştir. Araştırmacılar kuzeydoğu Madagaskar'da bulunan Antongil Körfezi'ndeki köpekbalığı avcılığını belirlemek için DNA barkodlamadan yararlanarak 2001 ve 2002 yıllarında toplanan 19 türe ait 239 örneği analiz etmişlerdir. En baskın dört türün *Sphyrna lewini*, *Rhizoprionodon acutus*, *Carcharhinus brevipinna* ve *Carcharinus sorrah* olduğunu tespit eden araştırmacılar, Antongil Körfezi'nin *C. brevipinna*, *C. leucas* ve *S. lewini* için üreme alanı olabileceğini öne sürmüştürler. Araştırmacılar yerel isimlerin avcılıkla elde edilen türlerin kontrolünde yanıltıcı olabildiğini, üzerinde yoğun av baskısı bulunan türlerin doğru bir şekilde tanımlanarak bunlara ilişki kontrol ve denetleme mekanizmalarının oluşturulması gerektiğini vurgulamışlardır.

DNA dizilerinden elde edilen verilerin analiz edilmesiyle sadece filogenetik ilişkilerden çıkarımlar yapılmadığını söyleyen Feng *et al.* <sup>114</sup>, bu yöntem ile DNA barkodlama ilkeleri doğrultusunda tür seviyesinde tanımlamaların da gerçekleştirileceğini belirtmiştir. Araştırmacılar DNA barkodlamanın etkinliğini görebilmek için Pectinidae familyasından sekiz türe ait 63 örneğin mitokondriyal *COI* ve *16S rRNA* genlerine ilişkin dizileri analiz etmişlerdir. Ayrıca veri setine aynı familyadan dört farklı türün de GenBank'tan elde edilen DNA dizileri eklenmiştir. Tür içi ve türler arası DNA dizisi farklılığı karşılaştırmaları sonucunda türler arasındaki varyasyonun tür içi varyasyondan fazla olduğu tespit edilmiştir. *COI* ve *16S rRNA* genlerinin NJ algoritması kullanılarak gerçekleştirilen analizinde türlerin monofiletik gruplar altında, yüksek bootstrap değerleri ile kümelendiği gözlemlenmiştir. Araştırmacılar bu sonuçların deniz tarağı türlerinin DNA barkodlama yöntemi ile birbirlerinden kolaylıkla ayrılabilirdiğini ve tür seviyesinde tanımlamaların gerçekleştirilebildiğini gösterdiğini, elde edilen sonuçların yavruların kabuk yapısı ile morfolojik karakterlerine göre sınıflandırıldığı "Waller Sınıflandırması" ile neredeyse birebir örtüştüğünü bildirmişlerdir.

Tür içi ve türler arası fenotipik varyasyonun düşük olduğu Veneridae familyasının türlerini sadece morfolojik özelliklerinden yola çıkarak tanımlamanın zorluklarını dile getiren Chen *et al.* <sup>169</sup>, insan aktiviteleri sonucu meydana gelen taşımalar sonrasında görülmemiş bir biyoçeşitlilik probleminin ortaya çıktığını öne sürmüştürler. Bu karmaşık, Bivalvia grubundan canlıların biyolojik çeşitliliklerinin belirlenmesi ve korunabilmesi için türlerin dağılım sınırlarını hızlı ve kolay bir biçimde belirlemede kullanılabilecek bir yöntem ihtiyacı duyulduğunu belirten araştırmacılar, DNA barkodlamanın bu amaçla kullanıldığı durumlarda etkili olduğunu bildirmişlerdir. DNA barkodlamanın etkinliğini Çin faunası üzerinde denemeye karar veren araştırmacılar böylece yöntemin tür ayrımlarını gerçekleştirmede ne kadar hassas olduğunu, taksonomik veriler ile ne kadar uyum gösterebildiğini ve tür çeşitliliğini ne ölçekte ortaya koyabileceğini denemek için Veneridae familyasından yaklaşık 60 türe ilişkin 315 örneği analiz etmişlerdir. Morfolojik özelliklerine göre ayrılan örneklerin neredeyse tamamı farklı barkodlar altında kümelenmiştir (Şekil 2.21.). Analizler sonucunda elde edilen beş monofiletik kümenin muhtemel yeni türler olduğunu bildiren araştırmacılar, klasik morfometrik yöntemler ile ayrımı yapılamayan beş gizli kalmış türün de ortaya çıkarıldığını bildirmişlerdir. Araştırmacılar elde edilen sonuçların DNA barkodlamanın türlerin ayrımlarının gerçekleştirilmesinde, tekrar üzerinden geçilmesi gereken türlerin belirlenmesinde ve daha önce tespit edilmemiş türlerin ortaya çıkarılmasında ne kadar etkin bir yöntem olduğunu vurgulamışlardır.



Şekil 2.21. Konkolojik olarak benzer iki *Gafrarium* türüne ilişkin barkod verileri kullanılarak oluşturulan maximum likelihood ağacı

Bootstrap değerleri düğümlerin yanında gösterilmiştir. Barkodlarla gerçekleştirilen ayırım dışında morfolojik ayrımları da gösterilmiştir. I) *G. divaricatum*'un iç kenarlarının yuvarlak yapısı II) *G. dispar* A ve B'nin iç kenarlarının düz yapısı (Şekil Chen *et al.* <sup>169</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

DNA barkodlamayı standardize edilmiş tek bir DNA parçasını kullanarak tür tanımlamanın gerçekleştirildiği moleküler bir teşhis yöntemi şeklinde tanımlayan Kim *et al.* <sup>170</sup>, hayvan türlerinde bu amaçla en çok mitokondriyal *COI* geninin kullanıldığını belirtmiştir. Moleküler tanımlamada kullanılacak çeşitli yöntemler olduğunu bildiren araştırmacılar bunları özelliklerine göre sekans benzerliğine, elde edilen PCR ürün büyüklüğüne veya hibridizasyona dayalı yöntemler olarak sınıflandırmıştır. Daha önce gerçekleştirdikleri bir çalışmada geliştirdikleri “Balıklar için İnternet Tabanlı Tanımlama Sistemi”ni kullanarak

Kore'den 53 iç su balığı türünü, Markov modeli ve DNA dizi benzerliklerine dayalı bir yöntemle tanımladıklarını, bu kez benzer bir moleküler tanımlamayı 16 oligonükleotid probundan oluşan DNA çipleri ile gerçekleştirdiklerini bildirmişlerdir. Kore'den örneklenen 11 iç su balığı için türe spesifik tasarlanan oligonükleotid problemlerinin tasarımında DNA barkod bölgesinin en uygun bölge olduğunu tespit eden araştırmacılar bu problemlerin kullanıldığı çipler ile elde edilen sonuçların tür tanımlama bakımından yüksek çözünürlüğe sahip olduklarını öne sürmüştürler. Araştırmacılar çalışmanın sonunda *COI* geninin DNA çipleri ile kullanılması yönteminin geliştirilmesiyle biyoçeşitlilik çalışmalarında büyük kolaylık sağlanabileceğini vurgulamışlardır.

DNA barkodlamanın son yıllarda hayvan türleri için küresel bir biyolojik tanımlama sistemi olarak kabul görmeye başladığını belirten Lakra *et al.*<sup>15</sup>, Hindistan'da gerçekleştirilen ulusal bir DNA barkodlama programı kapsamında, 2006 yılında Hint Okyanusu'ndan örnekledikleri 37 familyadan 79 cins altında toplanan 115 deniz balığı türüne ilişkin mitokondriyal *COI* barkodlarının ilk kez bu çalışma ile incelendiğini bildirmiştir. Çalışma kapsamında örneklenen tüm türlerin birden fazla tür ile temsil edildiğini ve bu bağlamda toplam 397 DNA dizi verisi oluşturulduğunu belirten araştırmacılar elde edilen *COI* dizilerinin tüm barkodlarda standart olabilmesi için 655 baz çifti uzunlukta olacak şekilde standardize edildiklerini belirtmişlerdir. Araştırmacılar ortalama K2P uzaklıklarını tür, cins, familya ve takım içinde sırasıyla %0,30, %6,60, %9,91 ve %16,00 olarak hesaplamışlardır. Barkodlama temelli tür tanımlamanın dışında türler arasındaki filogenetik ilişkiye yönelik analizlerinde gerçekleştirildiğini söyleyen araştırmacılar, NJ yöntemi ile oluşturulan ağacın türlerin mevcut taksonomik sınıflandırmaları ile uyumlu kümelenmeler gösterdiğini belirtmişlerdir.

Kongo Nehri'nin Pool Malebo'dan başlayıp Boma'ya kadar uzanan 350 kilometrelik kısmının dünyanın en büyük nehir akıntısını oluşturduğunu bildiren Lowenstein *et al.*<sup>171</sup>, Kongo Nehri ihtiyofaunasının yüksek habitat heterojenliği, birçok doğal bariyer ve havzanın akış yönünde bulunması gibi sebeplerden ötürü aşırı çeşitlilik ve endemiklik gösteren özellikte olduğunu belirtmiştir. Araştırmacılar Kongo Nehri ihtiyofaunasının belirlenmesine DNA barkodlama yöntemini entegre etmek istedikleri bu çalışmada toplam 328 tür tanımlamışlar ve bunların %25'inin endemik olduğunu öne sürmüştürler. Araştırmacılar bu çalışma kapsamında detaylı bir referans DNA kütüphanesinin oluşturulduğunu belirtmiş,

oluşturulan bu kütüphanenin bundan sonraki çalışmalarda standart barkod referansları olarak kullanılabilceğini bildirmişlerdir. Elde edilen bu DNA barkod verisi ile türlere spesifik tanımlayıcı karakterler oluşturulabileceğini söyleyen araştırmacılar bununla birlikte Cyprinidae familyasından *Labeo* cinsine ait türler gibi morfolojik ayrımların problemli olduğu taksonlarda taksonomik çalışmalara destek olunabileceğini de belirtmişlerdir. Elde edilen sonuçların uzun zamandır tartışılan bazı türlerin taksonomik sınıflandırmadaki yerini doğruladığını belirten araştırmacılar tüm monofiletik ve morfolojik olarak tanımlanabilen türler için moleküler tayin anahtarı oluşturduklarını da eklemişlerdir. Çalışma kapsamında elde edilen moleküler veriler Kongo havzasının orta ve batı Afrika kısımlarından örneklenen bazı türlerin parafiletik olduklarını göstermektedir. Araştırmacılar özellikle türlerin taksonomik sınıflandırılmasını tam anlamıyla gerçekleştirilmediği ve coğrafik dağılımlarının tespit edilemediği bölgelerde referans DNA barkodlarının oluşturulmasını ve bu barkodlardan yararlanarak tür tanımlamalarının gerçekleştirilmesinin çok etkili bir yöntem olduğunu özellikle vurgulamışlardır.

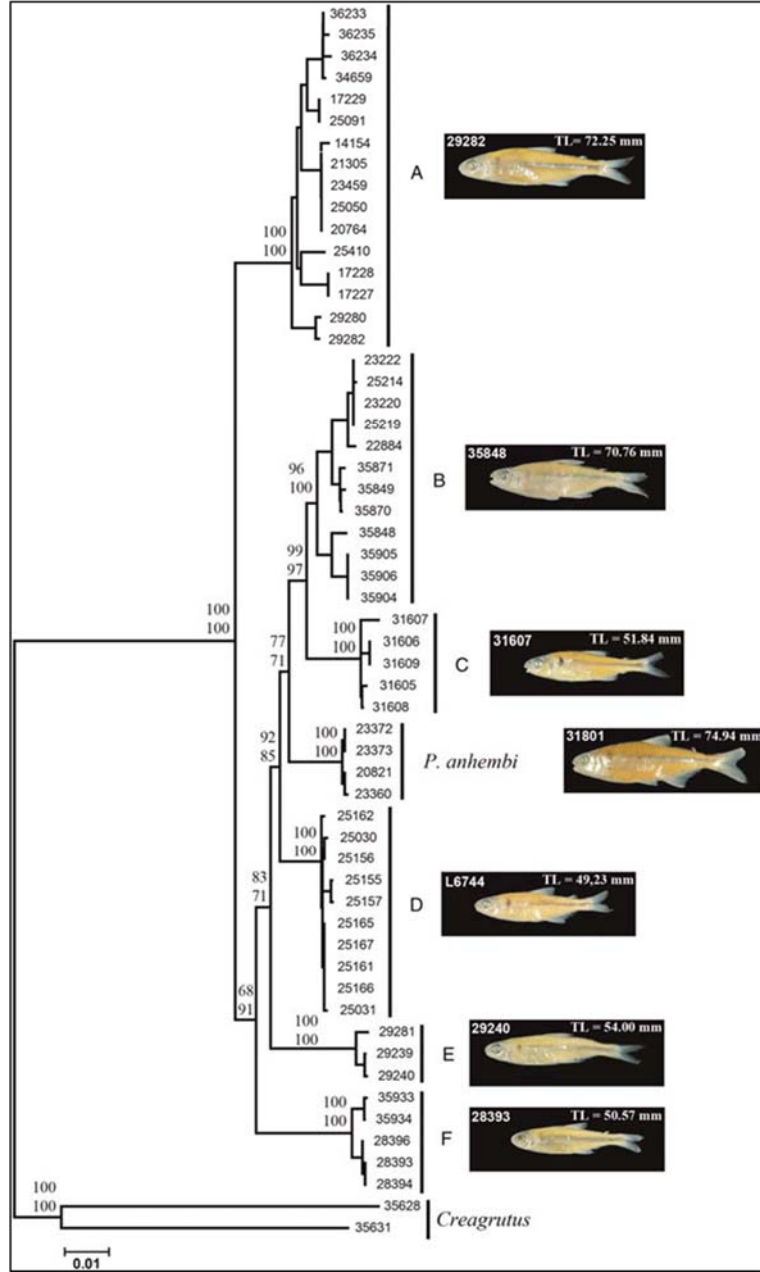
Zhang and Hanner<sup>172</sup> DNA barkodlamanın tür tanımlamasındaki etkinliğini denemek için gerçekleştirdikleri çalışmada Japonya'dan 158 deniz balığı türüne ilişkin 229 *COI* DNA dizisini analiz etmişlerdir. Türler arasındaki ortalama genetik uzaklığı tür içi ortalama genetik uzaklıktan 60 kat daha fazla olarak hesaplayan araştırmacılar, tür içi K2P genetik uzaklığını %0,3, türler arasındaki ise %17,6 olarak bulduklarını belirtmişlerdir. Tür içi ve türler arası K2P genetik uzaklıkları arasında herhangi bir çakışmaya rastlamayan araştırmacılar NJ yöntemi ile oluşturulan dendrogramların türleri mevcut taksonomik sınıflandırmayla uyumlu şekilde kümelendirdiğini tespit etmişlerdir. BOLD veri tabanındaki eşleştirmeler sonucunda iki tür arasında (*Kyphosus vaigiensis* ve *Pterocaesio digramma*) hibridizasyon olduğu da bu çalışma ile tespit edilmiştir.

Balıkların insan beslenmesi için gerekli olan hayvansal proteinin en önemli kaynağı olduğunu ayrıca sucul ekosistemler ve besin zincirlerinde de çok önemli bir rol oynadığı Nwani *et al.*<sup>173</sup> tarafından belirtilmiştir. Söz konusu tropik balık türleri olduğunda, göstermekte oldukları büyük çeşitlilik nedeniyle tür tanımlamalarında, özellikle de vücut bütünlüğü olmayan örneklerin veya larval yapıda olanların tanımlanmalarında büyük sıkıntı yaşandığını bildiren araştırmacılar, mitokondriyal *COI* geninin 5' bölgesini kullanan DNA



barkodlamayı biyoçeşitlilik çalışmalarında kullanılan, tür seviyesinde tanımlamaya imkan sağlayan, standardize edilmiş bir araç olarak tanımlamaktadırlar. Araştırmacılar güneydoğu Nijerya’da bulunan üç farklı nehirde örnekledikleri balıkları morfolojik olarak tanımlayıp, dijital olarak kaydettikten sonra DNA izolasyonlarını gerçekleştirmiş ve standart barkod bölgesinin çift yönlü DNA dizi analizini gerçekleştirmişlerdir. Toplamda 38 cins altında toplanan 70 türe ait 363 örneğe ilişkin barkod kaydı oluşturan araştırmacılar, barkod bilgilerini BOLD veri tabanı altında kayıt ederek BOLD’un geliştirmiş olduğu analitik araçlar ile tür tanımlamadaki etkinliklerini analiz etmişlerdir. NJ uzaklık karşılaştırmalarını gerçekleştiren araştırmacılar türler arası uzaklığın tür içi uzaklıktan 60 kat daha fazla olduğunu tespit etmiş ve tür içi ortalama genetik uzaklığı %0,17, türler arasındaki ortalama genetik uzaklığı ise %10,29 olarak hesaplamışlardır. Tür içi ortalama genetik uzaklığın düşük seviyede olduğu tespit edilmekle birlikte sekiz türde nehir sistemine özgü haplotiplerin tespit edildiği de belirtilmiştir. Araştırmacılar çalışmanın sonunda DNA barkodlamanın Nijerya iç su balıklarının tür tanımlamalarını başarıyla gerçekleştirdiğini bildirmişlerdir.

Pereira *et al.* <sup>174</sup>, Parana havzasından yakaladıkları, sınırlı bir coğrafi alanda bulunan neotropik bir balık türü olan ve bir hipoteze göre sınırlı dağılım özelliklerinden yola çıkarak birden fazla tür içerdiği düşünülen *Piabina argentea* örneklerinin gerçekten birden fazla türü içerip içermediğini tespit etmek için DNA barkodlama yönteminden yararlanmışlardır. Belirlenen 13 farklı istasyondan örneklenen 58 örneğin *COI* ve *sitokrom b* genlerinin belirli bölgelerini PCR tekniği ile çoğaltan araştırmacılar daha sonra DNA dizi analizlerini gerçekleştirmişler ve filogenetik analizler sonucunda altı farklı *P. argentea* grubu tespit etmişlerdir (Şekil 2.22.). K2P genetik uzaklık analizleri sonrasında *COI* ve *sitokrom b* genleri için sırasıyla %2-5,6 ve %2,3-5,4 değişkenlik tespit edilmiş ve bu değerler ortalama tür içi değerlerinden dokuz kat daha fazla olarak tespit edilmiştir. Gruplar arasındaki FST değerlerinin çok yüksek olduğunu belirten araştırmacılar ayrıca haplotip network analizi sonucunda bağlantısı olmayan yedi örnek tespit etmişlerdir. Araştırmacılar bu sonuçların *P. argentea* türünün birden fazla (muhtemelen altı) tür içerdiği hipotezini doğrular nitelikte olduğunu ve DNA barkodlamanın neotropik iç su balıklarının gizli kalmış çeşitliliklerinin ortaya çıkarılmasında etkin ve kullanışlı bir araç olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 2.22. *Piabina* örneklerinin *COI/sitokrom b* dizileri kullanılarak oluşturulan yedi ana grubun NJ ağacı

Düğümün bitişinde, üstte NJ kullanılarak altta maximum parsimony kullanılarak elde edilen bootstrap değerleri görülmektedir (Şekil Pereira *et al.* <sup>174</sup> dan değiştirilerek alınmıştır)

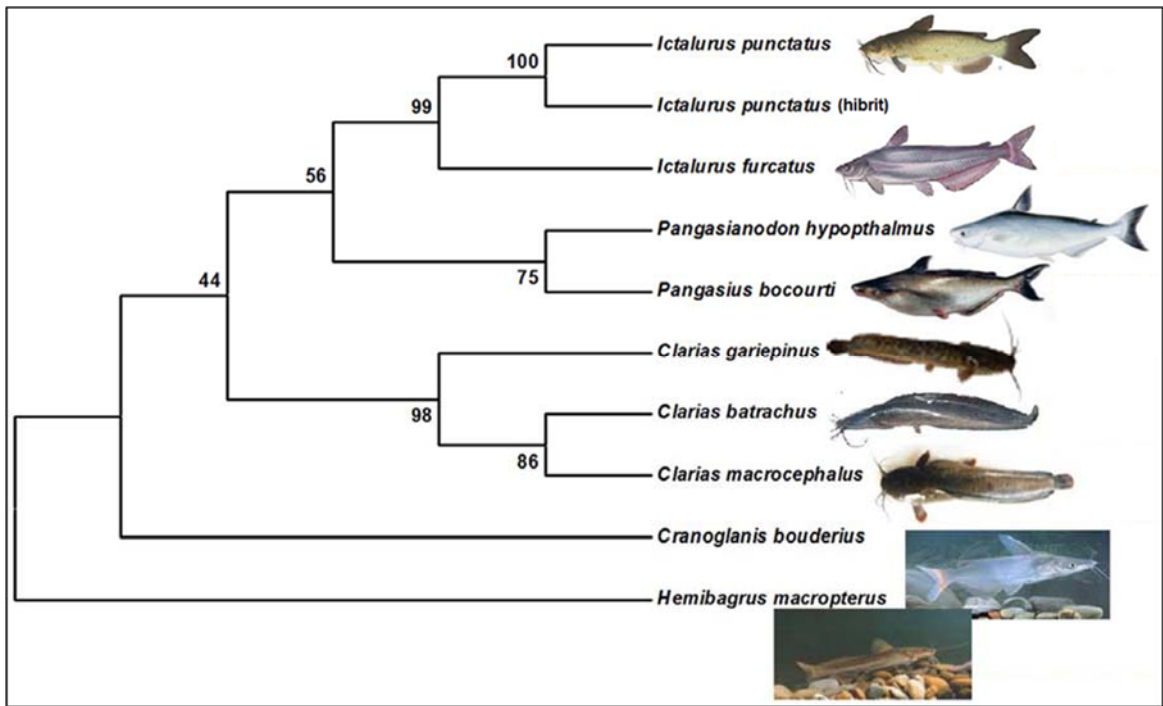
Tür çeşitliliği bakımından zengin Balkanlar ihtiyofaunasındaki 37 iç su balığının tanımlanmasında DNA barkodlama yöntemini kullanan Triantafyllidis *et al.* <sup>175</sup>, oluşturulan barkodların neredeyse tamamının morfolojik taksonomi çalışmalarıyla uyum içerisinde türleri birbirinden ayırdığını belirtmişlerdir. Bu durumun tür içi ve türler arası K2P genetik

uzaklık deęerleri ile de doęrulandıęını öne süren arařtırcılar, türler arası genetik farklılıęın tür ii genetik farklılıktan 5,6 kat daha fazla olduęunu ve önceki alıřmalarda tespit edilen deęerlerden düşük olan bu farkın kısıtlı örnekleme ve mevcut taksonomik deęiřikliklerden kaynaklandıęını belirtmiřlerdir. Arařtırcılar *Scardinus erythrophthalmus*, *Perca fluviatilis* ve *Rutilus rutilus* popülasyonlarının tür ii deęiřkenlik deęerlerinden yola ıkarak bu popülasyonların farklı türler ierebileceęini; *Barbus* ve *Rhodeus* popülasyonlarındaki türler arası uzaklıkların beklenen deęerlerin altında olduęunu ve *Cobitis* türlerinde barkodlamanın etkili olmadıęını belirtmiř ve bunun nedeninin de türün karmařık üremesiyle ilgili olduęunu öne sürerek, bu grupların daha detaylı olarak incelenmelerini önermiřlerdir.

Zhang <sup>176</sup>, DNA barkodlamayı kısa ve standart DNA dizilerini kullanarak tür tanımlamasının gerekleřtirildięi bir moleküler yöntem olarak tanımlamıř ve mitokondriyal *COI* geninin bu 652 baz iftlik standart bölgesini in'de örneklenen deniz balıklarının tanımlanmasında kullanmıřtır. Türler arasındaki genetik uzaklıęı tür ii genetik uzaklıktan 50 kat fazla olarak tespit eden arařtırıcı, ortalama K2P genetik uzaklıęını türler arasında %15,742, tür ierisinde ise %0,319 olarak hesaplamıřtır. Introgresif hibridizasyon meydana geldięi tespit edilen *Pampus* cinsi dıřında tür ii ve türler arası genetik varyasyonda bir akıřmaya rastlanmamıřtır. Arařtırıcı alıřmanın sonunda DNA barkodlamanın türlerin tanımlanmasında ok etkili bir yöntem olduęunu belirtmiř ve bu yöntemle üzerinde fazla durulmamıř biyotalarda kriptomatik veya yeni türlerin keřfedilmesinin mümkün olduęunu öne sürmüřtür.

Avcılık ve yetiřtiricilik ile elde edilen su ürünlerine yönelik küresel pazardaki ürün eřitlilięinin artıřı ile gıda güvenlięi bakımından bu ürünlerin yanlış etiketlenmesine yönelik endiřelerin gittike arttıęını belirten Wong *et al.* <sup>177</sup>, uygun etiketleme uygulamaları iin moleküler tür tanımlama yöntemlerinin hızlı ve güvenilir bir özüm aracı olabileceęini öne sürmüřtürler. Arařtırcılar bu alıřmada A.B.D.'de yetiřtirilen ve ihra edilen yayın balıęı türlerinin ayırımında DNA barkodlarından yararlanarak, standart DNA barkodlama protokollerine uygun řekilde dokuz türe (ve bir *Ictalurus* hibriti) ait örneklerin *COI* genlerinin 651 baz iftlik bölgesinin DNA dizi analizlerini gerekleřtirmiřtir. Bu örnekler arasında yetiřtiricilięi yapılan *Ictalurus* cinsine ait türler ile Clariidae ve Pangasiidae familyalarından ihra edilen türler bulunmaktadır. Türlerden elde edilen DNA dizileri

kullanılarak morfolojik sistematikle uyumlu barkodlar oluşturulduğunu belirten arařtırıcılar, bu barkodlar kullanılarak veri tabanlarında (GenBank, BOLD) bulunan sınırlı sayıdaki DNA dizisi ile karşılařtırma yapma imkanı oluşturulduğunu bildirmişlerdir. Oluřturulan barkodların kullanılmasıyla donmuş ve taze ürünlerde gerçekteřirilen dođrulama çalıřmasında, tüm yayın türlerinin ayırımının dođru řekilde gerçekteřirilebildiđi belirtilmiştir (řekil 2.23.). Arařtırıcılar geliřtirilen protokoller ve barkodların, A.B.D. su ürünleri pazarındaki türlerin yanlış etiketlenmesi konusunda alınacak tedbirlere ve kontrol yöntemlerine alternatif bir çözüml getirdiđini öne sürmüşlerdir.



řekil 2.23. Maximum parsimony yöntemi ile dokuz yayın balıđı türü (ve bir *Ictalurus* hibriti) için oluşturulan ağaç

Bootstrap (1000 tekrarlı) test sonuçları dalların yanında verilmiştir. Dış grup olarak *Hemibagrus macropterus* kullanılmıştır (řekil Wong *et al.* <sup>177</sup> dan deđiřtirilerek alınmıştır)

### 3. GEREKÇE VE AMAÇ

DNA barkodlama yöntemi, tek bir gen bölgesi kullanılarak tüm canlı türlerine yönelik evrensel bir moleküler tanımlama sistemi olup son yıllarda uluslararası ölçekte en çok kullanılan moleküler tür tanımlama yöntemi haline gelmiştir. DNA barkodlama kullanılan çalışmalar incelendiğinde, ülkemiz sularında yaşayan ekonomik öneme sahip omurgalı ve omurgasız türlerinin DNA barkodlarının belirlenmesine yönelik bugüne kadar gerçekleştirilen bir çalışmanın bulunmaması, mevcut doktora tezi için orijinal çıkış noktasını oluşturmaktadır.

Bu özgün gerekçe ile kurgulanan doktora tez çalışmasında; Türkiye'nin iç su ve denizlerinde dağılım gösteren ve ticari değeri olan sucul canlıların standart DNA barkodlarının oluşturulması ve bu barkodlar kullanılarak tür tanımlamalarının gerçekleştirilmesi amaçlanmıştır.

Bu amaca ulaşmada sırasıyla aşağıda tanımlanan çalışmalar gerçekleştirilmiştir:

- DNA izolasyonu gerçekleştirilecek dokuların seçimi,
- Uygulanan doku saklama yönteminin DNA kalitesi ve miktarına etkisinin araştırılması,
- DNA barkodlarının oluşturulması ve uluslararası veri tabanlarına kayıt edilmesi,
- Tür içi genetik varyasyonun incelenmesi,
- Türler arası genetik varyasyonun incelenmesi,
- Taksonomik seviye-genetik varyasyon ilişkisinin ortaya koyulması,
- Filogenetik ağaçların çiziminde kullanılan yöntem ve modellerin sonuca etkisinin analiz edilmesi,
- Sonuçlarının mevcut taksonomik sınıflandırma ile uyumunun karşılaştırılması.

Bu doktora tez çalışması ile oluşturulacak kayıtlar sayesinde; biyoçeşitliliğin kayıt altına alınmasına, balıkçılık kaynaklarının korunmasına, daha güvenilir avcılık kayıtlarının tutulmasına, nesli tehlike altında olan türlerin durumlarının takip edilmesine ve satışa sunulan ürünlerde ambalaj üzerinde belirtilen tür adının doğruluğunun kontrol edilmesine katkıda bulunulabilecektir.

## 4. MATERYAL VE YÖNTEM

### 4.1. Materyal

Çalışma kapsamında, 2008-2012 yılları arasında Türkiye denizleri ve iç sularında bulunan sucul canlılar içerisinde, ekonomik öneme sahip 114 türe ilişkin örneklemeler gerçekleştirilmiştir. Türlerin biyolojik özelliklerine ilişkin bilgiler Ek 1-114'te verilmiştir. Materyali oluşturacak türlerin belirlenmesinde FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) tarafından oluşturulan "Fishery Resources" (<http://www.fao.org/fishery/topic/2681/en>, 2012), TÜİK tarafından oluşturulan "Su Ürünleri İstatistikleri" (<http://www.tuik.gov.tr>, 2012) ve Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı tarafından oluşturulan "Denizlerdeki Balıklar", "Denizlerdeki Diğer Su Ürünleri", "İç Su Balıkları" ve "İç Sulardaki Diğer Su Ürünleri" ([http://www.bsgm.gov.tr/genel/su\\_urunlerimiz.html](http://www.bsgm.gov.tr/genel/su_urunlerimiz.html), 2012) raporlarından faydalanılmıştır. Raporların yanı sıra 2006-2011 yılları boyunca Ankara, Antalya, İstanbul, İskenderun, İzmir, Mersin, Sinop ve Trabzon illerindeki su ürünleri hallerinde satışa sunulan türler düzenli olarak takip edilerek tür listesi sürekli güncellenmiştir. Çalışma kapsamında yer almasına karar verilen bütün türler 20'şer örnek ile temsil edilmiştir. Yalnızca Acipenseridae familyasından üç tür (*Acipenser gueldenstaedtii*, *A. nudiiventris* ve *A. stellatus*) yeterli sayıda birey elde edilemediğinden 15'er örnek ile temsil edilmiştir. Örneklenen türlerin elde edildiği istasyonların numaraları Şekil 4.1.'de harita üzerinde gösterilmiş; ilgili istasyon numaralarına karşılık gelen istasyonların adları, koordinatları ve istasyondan çalışmada kullanılan hangi türlerin örneklendiğine ilişkin bilgiler Çizelge 4.1.'de sunulmuştur.



Şekil 4.1. Örnekleme yapılan istasyonlar

Çizelge 4.1. Çalışmada kullanılan türlerin isimleri ile örneklendikleri istasyonların numaraları, adları ve koordinatları

Tür	İstasyon		
	No.	Adı	Koordinat
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	1	Kızılırmak (Samsun)	41°42'55"K 35°56'48"D
<i>Acipenser nudiventris</i>	1	Kızılırmak (Samsun)	41°42'55"K 35°56'48"D
<i>Acipenser stellatus</i>	1	Kızılırmak (Samsun)	41°42'55"K 35°56'48"D
<i>Alburnus alburnus</i>	2	İznik Gölü	40°25'56"K 29°30'12"D
<i>Alburnus tarichi</i>	3	Van Gölü	38°36'34"K 42°41'44"D
<i>Alosa alosa</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Anguilla anguilla</i>	5	Asi Nehri	36°03'14"K 35°58'15"D
<i>Argyrosomus regius</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Atherina hepsetus</i>	8	Edremit Körfezi	39°28'34"K 26°41'12"D
<i>Aurelia aurita</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Auxis thazard</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Balistes capriscus</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Belone belone</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Boops boops</i>	8	Edremit Körfezi	39°28'34"K 26°41'12"D
<i>Callinectes sapidus</i>	11	Beymelek	36°15'53"K 30°03'19"D
<i>Cancer pagurus</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Capoeta capoeta</i>	12	Karasu Irmağı	38°35'42"K 43°13'52"D
<i>Carcinus aestuarii</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Chelidonichthys cuculus</i>	7	Karataş	36°32'58"K 35°27'41"D
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Citharus linguatula</i>	8	Edremit Körfezi	39°28'34"K 26°41'12"D
<i>Clarias gariepinus</i>	14	Köprüçay Nehri	36°50'05"K 31°10'41"D
<i>Cyprinus carpio</i>	15	Beyşehir Gölü	37°44'35"K 31°32'45"D
<i>Dentex dentex</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Dentex macrophthalmus</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Dicentrarchus labrax</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Diplodus annularis</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Diplodus cervinus</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Diplodus puntazzo</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Diplodus sargus</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Diplodus vulgaris</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Dussumieria elopsoides</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Engraulis encrasicolus</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Epinephelus aeneus</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Epinephelus marginatus</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Epinephelus tauvina</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Esox lucius</i>	17	Işıkli Baraj Gölü	38°14'19"K 29°55'35"D
<i>Euthynnus alleteratus</i>	18	Fethiye	36°34'42"K 28°56'14"D
<i>Gobius niger</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D



Çizelge 4.1. (devam)

Tür	İstasyon		
	No.	Adı	Koordinat
<i>Homarus gammarus</i>	19	Saros Körfezi	40°30'09"K 26°22'06"D
<i>Lichia amia</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Lithognathus mormyrus</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Liza aurata</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Liza carinata</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Lobotes surinamensis</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Loligo vulgaris</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Lophius piscatorius</i>	20	Marmara Denizi	40°44'12"K 28°14'15"D
<i>Maja squinado</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Marsupenaeus japonicus</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Melicertus kerathurus</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Merlangius merlangus</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Merluccius merluccius</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Mugil cephalus</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Mullus barbatus</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Mullus surmuletus</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Necora puber</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Neogobius melanostomus</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Nephrops norvegicus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Oblada melanura</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Octopus vulgaris</i>	6	Yumurtalık	36°44'18"K 35°43'55"D
<i>Pagellus erythrinus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Pagrus auriga</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Pagrus pagrus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Palinurus elephas</i>	19	Saros Körfezi	40°30'09"K 26°22'06"D
<i>Pecten jacobaeus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Platichthys flesus</i>	22	Trabzon	40°59'57"K 39°50'10"D
<i>Pomatomus saltatrix</i>	20	Marmara Denizi	40°44'12"K 28°14'15"D
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	21	Eğirdir Gölü	38°03'36"K 30°53'25"D
<i>Ponticola kessleri</i>	22	Trabzon	40°59'57"K 39°50'10"D
<i>Rapana bezoar</i>	22	Trabzon	40°59'57"K 39°50'10"D
<i>Ruditapes decussatus</i>	20	Marmara Denizi	40°44'12"K 28°14'15"D
<i>Salmo trutta</i>	23	Ceyhan Nehri	36°50'38"K 35°33'59"D
<i>Sander lucioperca</i>	21	Eğirdir Gölü	38°03'36"K 30°53'25"D
<i>Sarda sarda</i>	20	Marmara Denizi	40°44'12"K 28°14'15"D
<i>Sardina pilchardus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Sargocentron rubrum</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Sarpa salpa</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Saurida undosquamis</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D

Çizelge 4.1. (devam)

Tür	İstasyon		
	No.	Adı	Koordinat
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	24	Durusu Gölü	41°20'09"K 28°34'04"D
<i>Scomber japonicus</i>	20	Marmara Denizi	40°44'12"K 28°14'15"D
<i>Scomber scombrus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Scomberomorus commerson</i>	7	Karataş	36°32'58"K 35°27'41"D
<i>Scophthalmus maximus</i>	4	Sinop	41°48'17"K 35°24'54"D
<i>Scorpaena porcus</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Scorpaena scrofa</i>	8	Edremit Körfezi	39°28'34"K 26°41'12"D
<i>Scyllarides latus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Scyllarus arctus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Sepia officinalis</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Seriola dumerili</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Serranus cabrilla</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Serranus scriba</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Silurus glanis</i>	25	Ceyhan Nehri (Menzelet)	37°42'30"K 36°52'33"D
<i>Solea solea</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Sparisoma cretense</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Sparus aurata</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Sphyræna sphyraena</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Spicara smaris</i>	8	Edremit Körfezi	39°28'34"K 26°41'12"D
<i>Spondyliosoma cantharus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Sprattus sprattus</i>	26	Samsun	41°29'31"K 36°25'11"D
<i>Squatina squatina</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Squilla mantis</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Thunnus alalunga</i>	18	Fethiye	36°34'42"K 28°56'14"D
<i>Thunnus thynnus</i>	18	Fethiye	36°34'42"K 28°56'14"D
<i>Tinca tinca</i>	27	Kovada Gölü	37°38'08"K 30°52'56"D
<i>Trachinotus ovatus</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Trachurus mediterraneus</i>	9	İzmir Körfezi	38°37'29"K 26°39'11"D
<i>Trachurus trachurus</i>	26	Samsun	41°29'31"K 36°25'11"D
<i>Trigla lyra</i>	16	Antalya Körfezi	36°35'00"K 30°46'24"D
<i>Umbrina cirrosa</i>	13	İskenderun Körfezi	36°36'30"K 35°55'33"D
<i>Upeneus moluccensis</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D
<i>Vimba vimba</i>	28	Sapanca Gölü	40°43'14"K 30°17'41"D
<i>Xiphias gladius</i>	18	Fethiye	36°34'42"K 28°56'14"D
<i>Zeus faber</i>	10	Mersin Körfezi	36°37'58"K 34°36'12"D

## 4.2. Yöntem

### 4.2.1. Örneklerin elde edilmesi

Türlere ilişkin örneklerin elde edilmesinde yerel ticari balıkçı teknelerinden ve yerel avcılardan yardım alınmıştır. Bu şekilde elde edilemeyen bazı türlere ilişkin örnekler ise balıkçı teknelerinin av sonrası karaya indirme noktalarından elde edilmiştir. Her iki durumda da, dokuların bozulmaması için soğuk zincir şartlarına önem gösterilmiştir. Örnekler morfolojik tanımlamanın gerçekleştirilebilmesi için vücut bütünlüğü korunarak derhal buz içerisinde koruma altına alınmış ve laboratuvar ortamına taşınmıştır. Örneklerin morfolojik olarak tanımlanmasında tür tayin anahtarlarından <sup>178</sup> ve internet veri tabanlarından (<http://www.fishbase.org>, 2012; <http://www.fishtrace.org>, 2012) yararlanılmıştır.

### 4.2.2. Doku diseksiyonu ve saklama

Morfolojik tanımlamalar tamamlandıktan sonra tüm balık örneklerinden DNA izolasyonu için pul, yüzgeç, karaciğer, kas dokusu, solungaç, kalp ve göz; diğer canlı türlerine ilişkin örneklerden ise sadece kas dokusu diseksiyon ile elde edilmiştir. Yalnızca *Aurelia aurita* (denizanası) örneklerinde DNA izolasyonu için canlılığın tamamı kullanılmıştır. Elde edilen doku örnekleri DNA izolasyonu öncesinde en iyi saklama koşulunun belirlenmesi için ön bir çalışma ile dört farklı saklama çözeltisi (%100 etanol, %70 etanol, %95 etanol+100 µM EDTA (pH: 8,0) ve DMSO/NaCl tampon çözelti) içerisinde ve dört farklı ortam sıcaklığında (oda sıcaklığı, 4°C, -20°C ve -80°C) muhafaza edilmiştir.

### 4.2.3. Moleküler analizler

#### 4.2.3.1. Doku örneklerinden DNA izolasyonu

Türlere ilişkin örneklerden elde edilen dokulardan DNA izolasyonunun gerçekleştirilmesinde ön çalışma aşamasında Sambrook and Russell<sup>179</sup> dan uyarlanan fenol:kloroform:izoamilalkol yönteminden yararlanılmıştır. Ön çalışma sonrasında ise elde edilen DNA'nın miktar ve kalitesini karşılaştırmak amacıyla iki farklı ticari DNA izolasyon kiti (Promega Wizard Genomic DNA Purification Kit ve Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit) üretici firmanın önerdiği protokollere uygun şekilde kullanılmıştır.

##### 4.2.3.1.1. Fenol:kloroform:izoamilalkol yöntemi ile dokudan DNA izolasyonu

DNA izolasyonu gerçekleştirilmeden önce gerekli çözeltiler hazırlanmıştır:

- Sodyum Asetat (3M, pH: 7,0)

408,1 gr sodyum asetat (Sigma S2889) 800 ml distile suda eritildikten sonra pH 7,0 olacak şekilde ayarlanır ve toplam hacim 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanır. Çözelti DNA izolasyonunda kullanılmadan önce otoklavlanır (Hirayama Hiclave HVA110).

- Sodyum Dodesil Sülfat (SDS)

68°C sıcaklıkta su banyosunda (Labline Aquabath) 100 gr SDS (Sigma L4390) 1000 ml distile su içerisinde eritilir. Daha sonra HCl (Riedel-de Haen 07102) ilavesi ile pH 7,2 olacak şekilde ayarlanır. DNA izolasyonunda kullanılmadan önce 0,20 µm gözenek çapına sahip steril filtreden (Sartorius Minisart) geçirilir.

- Sodyum Tris EDTA (STE)

1 mM EDTA (pH: 8,0, Sigma E5134), 0,1 M NaCl (Sigma S5886) ve 10 mM TrisHCl (Sigma T5941) karıştırılarak hazırlanır.

- Tris EDTA (TE)
  - 0,2 ml EDTA (0,5 M, pH: 8,0) ile 1 ml TrisHCl (1M, pH: 8,0) karıştırılarak distile suyla 100 ml'ye tamamlanır. DNA izolasyonunda kullanılmadan önce otoklavlanır.
- Çözeltiler hazırlandıktan sonra en fazla 10 mg doku örneği sıvı nitrojen ile dondurulur ve porselen havan içerisinde toz haline gelinceye kadar dövülür.
- Toz haline gelen doku örnekleri 1,5 ml'lik santrifüj tüpleri (Isolab ETTP0003) içerisine alınır ve üzerlerine 30 µl %10 SDS, 5 µl Proteinaz-K (800 U/ml, Fermentas E00491) ve 3µl RNAz (100.000 U/ml, BioLabs RNase If M0243L) ilave edilir.
- Etüv (WTB Binder FD) içerisinde, 56°C'de bir gece boyunca inkübasyona bırakılır.
- Üzerine 500 µl fenol:kloroform:izoamilalkol (hacmen 25:24:1, Fluka 77617) eklenir ve tüpün ağzı kapatılarak beyaz renk alıncaya kadar vorteks (LabTech LVM-202) yardımıyla yüksek hızda karıştırılır.
- Karıştırıldıktan sonra soğutmalı santrifüj (Hettich Mikro 22R) yardımı ile 4°C sıcaklıkta, 14.000 g'de 2 dakika santrifüjlenir.
- Santrifüj sonrası oluşan üst faz yeni bir santrifüj tüpüne aktarılır ve tekrar 500 µl fenol: kloroform: izoamilalkol eklenerek işlem tekrar edilir.
- Oluşan üst faz tekrar temiz bir santrifüj tüpüne alınır ve bu kez üzerine eşit hacimde %95 etanol (AppliChem A4230) ve 1/10 hacimde sodyum asetat eklenir.
- Tüpün ağzı kapatıldıktan sonra yavaşça alt üst edilerek karıştırılır. Bu işlem sonrasında DNA iplikçikleri beyaz bir bulut şeklinde tüpün içerisinde görülür.
- Daha sonra örnek soğutmalı santrifüj ile 4°C'de, 18.000 g'de 10 dakika santrifüjlenir.
- Bu işlem sonrasında DNA pelet halinde tüpün dibine çökeceğinden peleti kaldırmadan alkol dökülerek tüpten uzaklaştırılır.
- Sodyum asetat nedeniyle ortamda oluşan tuzu uzaklaştırmak için tüpe 500 µl %70 etanol ilave edilir ve DNA peleti tüpün dibine yavaşça vurularak kaldırılır.
- Ardından 4°C'ye ayarlanmış soğutmalı santrifüjde 14.000 g'de 2 dakika santrifüjlenir. Tüpteki alkol yavaşça dökülür ve geri kalan alkol pipet (Gilson Pipetman) yardımıyla tüpten uzaklaştırılır.
- Tamamen ortamdan uzaklaşması için tüpler kapakları açık şekilde 15 dakika boyunca çeker ocak (ChemFree 2000) altında bekletilir.

- Son olarak pelet üzerine 100 µl distile su eklenir ve 37°C’de 3-4 saat inkübasyona bırakılır.

#### **4.2.3.1.2. Promega Wizard Genomic DNA Purification Kit ile DNA izolasyonu**

- Sıvı nitrojen ile dondurulup porselen havanda toz haline getirilen 10 mg doku örneği, içerisinde 600 µl soğutulmuş Nuclei Lysis Solution (Promega A7943) bulunan 1,5 ml’lik santrifüj tüpüne aktarılır.
- Tüp 30 dakika boyunca 65°C’ye ayarlanmış etüv içerisinde inkübasyona bırakılır.
- İnkübasyon sonrasında üzerine 3 µl RNase A (4mg/ml, Promega A7973) eklenir ve alt üst edilerek karıştırıldıktan sonra etüvde 37°C sıcaklıkta 30 dakika boyunca inkübasyona bırakılır.
- İnkübasyon sonrasında örnek 5 dakika oda sıcaklığında bekletilir ve ardından 200 µl Protein Precipitation Solution (Promega A7953) eklenir ve vorteks yardımıyla 20 saniye süresince yüksek hızda karıştırılır.
- Karıştırılan örnek soğuması için 5 dakika boyunca buz üzerinde bekletilir ve ardından 16.000 g’de 4 dakika santrifüjlenir.
- DNA’yı içeren üst faz dikkatli bir biçimde pipet yardımıyla alınarak içerisinde 600 µl izopropanol (Riedel-de Haen 24137) içeren temiz santrifüj tüpüne aktarılır. Örnek alt üst edilerek karıştırılarak DNA iplikçikleri görünür hale getirilir.
- Örnek 16.000 g’de 1 dakika santrifüjlenir ve üst faz pipet yardımıyla uzaklaştırılır.
- Örnek üzerine 600 µl %70 etanol eklenir ve alt üst edilerek karıştırıldıktan sonra bir kez daha 16.000 g’de 1 dakika boyunca santrifüjlenir.
- Tüpteki etanol pipet yardımı ile uzaklaştırılır ve örnekler 15 dakika boyunca çeker ocak altında kurumaya bırakılır.
- Kurutma işleminin ardından DNA peleti üzerine 100 µl DNA Rehydration Solution (Promega A7963) eklenir ve 65°C’ye ayarlanmış etüv içerisinde 1 saat inkübasyona bırakılır.

#### 4.2.3.1.3. Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit ile DNA izolasyonu

- Sıvı nitrojen ile dondurulup porselen havanda toz haline getirilen 10 mg doku örneği 1,5 µl'lik santrifüj tüpü içerisine alınır ve üzerine 180 µl Buffer ATL (Qiagen 19076) ile 20 µl proteinaz K (Qiagen 19133) eklenerek vorteks yardımıyla yüksek hızda karıştırılır.
- Ardından örnekler 3 saat 56°C'de etüvde inkübasyona bırakılır.
- İnkübasyonun ardından örnek üzerine 4 µl RNase A (100mg/ml, Qiagen 19101) eklenir ve vorteks yardımıyla karıştırılarak 2 dakika oda sıcaklığında inkübasyona bırakılır.
- Örnek üzerine 200 µl Buffer AL (Qiagen 19075) eklenip vorteksle karıştırılır ve sonra 200 µl %96 etanol eklendikten sonra bir kez daha vorteks yardımıyla karıştırılır.
- Elde edilen karışım pipet yardımıyla 2 ml'lik tüp içerisine yerleştirilen DNeasy Mini Spin kolona (Qiagen 19201) aktarılır ve 6.000 g'de 1 dakika santrifüjlenir.
- DNeasy Mini Spin kolon yeni bir tüpe aktarılır ve üzerine 500 µl Buffer AW1 (Qiagen 19081) eklenerek 6.000 g'de santrifüjlenir.
- Ardından DNeasy Mini Spin kolon tekrar yeni bir tüpe alınır ve üzerine 500 µl Buffer AW2 (Qiagen 19072) eklenerek 18.000 g'de 3 dakika santrifüjlenerek kolonun membranı kurutulur.
- DNeasy Mini Spin kolon yeni bir santrifüj tüpüne aktarılır ve 200 µl Buffer AE (Qiagen 19077) doğrudan memba üzerine pipetle bırakılır.
- 1 dakika oda sıcaklığında inkübasyona bıraktıktan sonra 6.000 g'de 1 dakika santrifüjlenerek DNA'nın kolondan tüpe aktarılması sağlanır.

#### 4.2.3.2. DNA kalite ve miktarının tayini

DNA izolasyonlarının gerçekleştirilmesinin ardından kalıp DNA'ların kalite ve miktarlarının tayininde spektrofotometre (NanaDrop ND-1000) kullanılmıştır. DNA miktarının spektrofotometrik analizi çift zincir DNA'nın 260 nm'de 1 OD'nin 50 ng/ml absorpsiyon değerine sahip olması temel alınarak gerçekleştirilmiştir. DNA kalitesinin tayininde ise protein kontaminasyonu (260/280 nm) ve fenol kontaminasyonu (260/230 nm) değer eşiklerinden yararlanılmıştır. Bu eşik 1,70-2,00 olarak ayarlanmıştır.

#### 4.2.3.3. DNA bütünlüğünün görüntülenmesi

Elde edilen kalıp DNA'larda degradasyon olup olmadığının belirlenmesinde agaroz jel elektroforezinden yararlanılmıştır. Agaroz jel elektroforezinin öncesinde gerekli çözeltiler hazırlanmıştır:

- 5X Trisma Base EDTA (TBE)  
54 gr Trisma Base (Sigma T6066), 27,5 gr Borik Asit (Sigma B6768) ve 20 ml EDTA (5M, pH: 8,0) 1.000 ml distile su içerisinde çözülür.
- DNA Ladder  
1 tüp DNA Ladder (Fermentas Gene Ruler 100 bp DNA Ladder) üzerine 166 µl 6X Loading Dye (Fermentas 0611) ve 734 µl distile su eklenerek vorteks yardımıyla karıştırılır.
- Ethidyum Bromid (10 mg/ml)  
1 gr ethidyum bromid (Sigma E7637) 100 ml su içerisinde manyetik karıştırıcı yardımıyla çözülür.
- %1'lik Agaroz Jel  
Hassas terazi (Shimadzu BX320H) yardımı ile 1 gr agaroz (Sigma A5093) tartılır ve 100 ml 1X Trisma Base EDTA (TBE) içerisinde mikrodalga fırın yardımı ile çözülür. Soğutulduktan sonra içerisine 5 µl ethidyum bromid eklenir ve çalkalanarak homojen



hale getirilir. Son olarak jel plakası üzerine dökülerek 30 dakika boyunca oda sıcaklığında donması beklenir.

Hazırlanan %1'lik agaroz jel, içerisinde 1X TBE bulunan elektroforez tankına (Scie-Plas HU10W) yerleştirilir ve DNA örnekleri 6X Loading Dye ile karıştırılarak kuyulara yüklenir. Örnek büyüklüklerinin tespit edilebilmesi için agaroz jelin ilk kuyusuna DNA Ladder yüklenir. Örnekler 80 voltta 45 dakika yürütüldükten sonra agaroz jel UV görüntüleme sistemine (Syngene Gene Genius Bio Imaging System) aktarılır. Jel üzerindeki DNA'nın görüntüsü GeneSnap 7.12.01 yazılımı ile analiz edilerek degradasyon olup olmadığı tespit edilmiştir.

#### 4.2.3.4. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

*COI* geninin PCR ile çoğaltılmasında balıklar için Fish F1-R1 ve Fish F2-R2, omurgasız türler için LCO1490-HCO2198 primer çiftleri (Çizelge 4.2.) kullanılmıştır.

Çizelge 4.2. *COI* geninin çoğaltılmasında kullanılan primer çiftlerinin dizileri

Primer Adı	Primer Dizisi	Referans
Fish F1	5'-TCAACCAACCACACCGACATTGGCAC-3'	Ward <i>et al.</i> <sup>45</sup>
Fish R1	5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3'	Ward <i>et al.</i> <sup>45</sup>
Fish F2	5'-TCGACTAATCATAAAGATATCGGGAC-3'	Ward <i>et al.</i> <sup>45</sup>
Fish R2	5'-ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3'	Ward <i>et al.</i> <sup>45</sup>
LCO1490	5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'	Folmer <i>et al.</i> <sup>24</sup>
HCO2198	5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'	Folmer <i>et al.</i> <sup>24</sup>

Gradient termal döngü cihazında (MJ Research DNA Engine Tetrad2), farklı bağlanma sıcaklıkları ve farklı MgCl<sub>2</sub> konsantrasyonları ile gerçekleştirilen optimizasyon çalışmaları sonucunda uygun döngü koşulları ve kullanılacak reaktif miktarları saptanmıştır (Çizelge 4.3. ve 4.4.).

Çizelge 4.3. PCR amplifikasyonunda (50 µl toplam hacim) kullanılacak reaktiflerin miktar ve konsantrasyonları

Reaktif	FishF1-R1/FishF2-R2	LCO1490-HCO2198	Konsantrasyon
	Miktar	Miktar	
10XBuffer (Fermentas B38)	4,5 µl	5 µl	10 X
MgCl <sub>2</sub> (Fermentas R0971)	2,5 µl	4 µl	25 mM
F-R Primer (10 pM/µl)	0,5 µl	1 µl	10 pM/µl
dNTP (Fermentas R0192)	1 µl	1,25 µl	10 mM
Taq Polimeraz (Fermentas EP0402)	1,5 µl	1 µl	5 U/µl
DNA	2 µl	2 µl	50 ng/µl
Distile Su	38 µl	35,75 µl	

Çizelge 4.4. PCR döngü koşulu

FishF1-R1/FishF2-R2		LCO1490-HCO2198		Döngü
Sıcaklık	Süre	Sıcaklık	Süre	
95°C	2 dakika	95°C	2 dakika	1
94°C	30 saniye	95°C	1 dakika	35
54°C	30 saniye	50°C	1 dakika	35
72°C	1 dakika	72°C	1 dakika	35
72°C	10 dakika	72°C	10 dakika	1

Belirtilen şartlarda negatif kontrol kullanılarak gerçekleştirilen reaksiyonlar sonrasında çoğaltılan DNA'lar %2'lik agaroz jele yüklenerek 100 voltta 30 dakika yürütülmüştür. Ardından UV görüntüleme sisteminde uygun bant boyu ve negatif kontrol bakımından değerlendirilerek saflaştırma işlemi öncesinde 4°C'de saklanmıştır.

#### 4.2.3.5. Saflaştırma

Saflaştırma işlemi Wizard SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega A9282) kullanılarak üretici firmanın önerdiği protokole göre gerçekleştirilmiştir:

- Her PCR örneği için bir tane SV Mini kolon (Promega A129B) tüp (Promega A130B) içerisine yerleştirilir ve PCR ürünü SV Mini kolona aktararak oda sıcaklığında 1 dakika inkübasyona bırakılır.
- İnkübasyon sonrasında 16.000 g'de 1 dakika boyunca santrifüjlenir ve tüpe geçen sıvı dökülerek uzaklaştırılır.
- Ardından tüpe tekrar yerleştirilen kolon üzerine 700 µl Membrane Wash Solution (Promega A929C) eklenir ve 16.000 g'de 1 dakika santrifüjlenir.
- Tüpe geçen kısım döküldükten sonra yıkama işlemi 500 µl Membrane Wash Solution eklenerek bu kez 16.000 g'de 5 dakika santrifüjlenecek şekilde tekrarlanır.
- Tüpe geçen kısım dökülerek boşaltıldıktan sonra kolonlar temiz santrifüj tüplerine aktarılır ve pipet yardımıyla kolonun ortasına 50 µl Nuclease Free Water (Promega P119E) membrana değmeyecek şekilde bırakılır.
- Bu şekilde oda sıcaklığında 1 dakika inkübasyona bırakılır ve ardından 16.000 g'de 1 dakika santrifüjlenir.
- Kolon tüpün içerisinden çıkarılır ve tüp içerisinde kalan pürifiye PCR ürünleri DNA dizi analizinde kullanılmaya kadar 4°C'de saklanır.

#### 4.2.3.6. DNA dizi analizi

DNA dizi analizini gerçekleştirmek için Beckman Coulter CEQ Dye Terminator Cycle Sequencing (DTCS) Quick Start Kit (Beckman Coulter 608120) kullanılmıştır. DNA dizi analizi reaksiyonu için optimize edilen protokol ve döngü koşulu Çizelge 4.5. ve Çizelge 4.6.'da gösterilmiştir.

Çizelge 4.5. DNA dizi analizi reaksiyonu için optimize edilen protokol

<b>Bileşen</b>	<b>Hacim</b>
DTCS Quick Start Master Mix	4 µl
Primer (1,6 pM/µl)	1 µl
DNA	2 µl
Distile Su	2 µl
Tampon*	1 µl
Toplam Hacim	10 µl

\*Beckman Coulter Sequencing Reaction Buffer (S505175)

Çizelge 4.6. DNA dizi analizi reaksiyonu döngü koşulu

<b>Sıcaklık</b>	<b>Süre</b>	<b>Döngü</b>
96°C	20 saniye	30
50°C	20 saniye	30
60°C	4 dakika	30

#### 4.2.3.7. Etanol/EDTA/Sodyum Asetat presipitasyonu

- Dideoksinükleotid zincir sonlanması reaksiyonu sonrasında elde edilen ürünler 96 kuyulu sekans plakalarına (Beckman Coulter 609801) aktarılır.
- Örneklerin üzerine 2 µl EDTA (125 mM), 2 µl sodyum asetat (3M) ve 50 µl %100 etanol otomatik dispenser (Brandy Handy Step) yardımı ile ilave edilir. Plakaların üzeri alüminyum bant ile kapatılıp ve alt üst edilerek karıştırılır.
- 15 dakika oda sıcaklığında inkübasyona bırakılan plakalar 4°C sıcaklıkta, 1.650 g'de 45 dakika santrifüjlenir.

- Santrifüj işlemi sonrasında plakaların üzerinden alüminyum bant çıkarılıp plakalar ters şekilde kurutma kağıtları üzerinde santrifüj cihazına (Beckman Coulter Allegra X15-R) yerleştirilir ve 185 g'de 1 dakika boyunca santrifüjlenir.
- Bu işlemin ardından örneklerin üzerine 70 µl %100 etanol eklenir ve 4°C sıcaklıkta, 1.650 g'de 15 dakika santrifüjlenir.
- Ardından haznelere tekrar kurutma kağıdı yerleştirilerek plakalar üzerine ters olarak koyulur ve 1.650 g'de 1 dakika boyunca son kez santrifüjlenir.
- Presipitasyon işlemi tamamlanan örnekler otomatik sekans cihazına (Beckman Coulter CEQ8000 Genetic Analysis System) yerleştirilmeden önce üzerlerine 20 µl sıvı formamid (Amersham Biosciences 324838) eklenir ve üzerlerine buharlaşmayı engellemek için birer damla mineral yağ (Beckman Coulter S505019) damlatılır.
- Bu işlemlerin ardından sekans plakaları otomatik sekans cihazına yerleştirilerek örneklerin DNA dizi analizleri gerçekleştirilir.

#### **4.2.4. Veri analizleri**

##### **4.2.4.1. Dizilerin hizalanması**

Tüm örneklere ilişkin DNA dizileri GenBank ve BOLD veri tabanlarından elde edilen referans diziler yardımı ile ClustalW <sup>180</sup>, MEGA 5.1 <sup>181</sup> ve Sequencher 5.0 yazılımları kullanılarak hizalanmıştır. Veri tabanında aynı türe ilişkin referans gen bölgesi bulunamayan örneklerin hizalanmasında aynı cinsten en yakın türlerin dizilerinden yararlanılmıştır. Dizilerin en son halinin verildiği MEGA 5.1 yazılımında kullanılan hizalama parametreleri Çizelge 4.7.'de gösterilmiştir.

Çizelge 4.7. DNA dizilerinin hizalanmasında kullanılan parametreler

<b>Parametre</b>	<b>Değer</b>
<b>Pairwise Hizalama</b>	
Gap opening penalty	15
Gap extension penalty	6.66
<b>Çoklu Hizalama</b>	
Gap opening penalty	15
Gap extension penalty	6.66
DNA weight matrix	IUB
Transition weight	0.5
Use negative matrix	Kapalı
Delay divergent cutoff (%)	30
Keep predefined gaps	Kapalı

#### 4.2.4.2. Tür içi genetik analizler

Çalışma kapsamında örnekleme yapılan türlerin, haplotip analizleri DNASP v5<sup>182</sup> ve Arlequin 3.5<sup>183</sup> yazılımı kullanılarak haplotip analizi gerçekleştirilmiştir. Haplotipler belirlendikten sonra, genetik analizlerin geri kalanında, popülasyonları temsil eden haplotiplerden oluşan veri seti kullanılmıştır.

#### 4.2.4.3. Türler arası genetik analizler

##### 4.2.4.3.1. Nükleotid kompozisyonu

Hizalanması gerçekleştirilen DNA dizilerinin nükleotid kompozisyonları ve ortalama A-T/G-C içerikleri yüzde olarak, veri setleri 5 grup (Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca) altında ayrılarak analiz edilmiştir. Analizlerin gerçekleştirilmesinde MEGA 5.1 ve Sequencher 5.0 yazılımları kullanılmıştır.

#### **4.2.4.3.2. Nükleotid çifti frekansı analizi**

DNA dizilerinin nükleotid çifti frekansı analizleri tüm örneklerin bir arada değerlendirilmesi ve gruplar altında değerlendirilmesi şeklinde gerçekleştirilmiş ve her veri setine ilişkin sonuç tabloları oluşturulmuştur. Chondrichthyes ve Cnidaria grupları tek bir tür ile temsil edildiğinden bu gruplar altında bulunan türler (*Squatina squatina* ve *Aurelia aurita*) tüm örneklerin bir arada analiz edildiği veri setinde değerlendirilmiştir. Analizler MEGA 5.1 ve Arlequin 3.5 yazılımları ile gerçekleştirilmiştir.

#### **4.2.4.3.3. Kodon kullanımı**

DNA dizilerinin oluşturduğu kodonlar analiz edilmiş ve kodon frekansları ile RSCU (Relative Synonymous Codon Usage) oranları tespit edilmiştir. RSCU oranları, gözlenen kodon frekanslarının beklenen kodon frekanslarına (aynı amino asit için kullanılan tüm eş kodonların eşitliği durumunda) oranı olarak hesaplanmıştır<sup>184</sup>. Analizler ortak veri seti ve gruplara ayrılmış veri setleri üzerinden MEGA 5.1 yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

#### **4.2.4.3.4. Nükleotid substitüsyon modelinin belirlenmesi**

Veri setinin filogenetik analizlerinde kullanılacak modelin belirlenmesinde MEGA 5.1 yazılımı kullanılarak belirlenen BIC (Bayesian Information Criterion) değerlerinden yararlanılmıştır. En düşük BIC değerine sahip model veri setinin substitüsyon yapısını en iyi yansıtacak model olarak belirlenmiştir<sup>185</sup>. Her model için BIC değerinin yanı sıra AICc (Akaike Information Criterion, corrected) ve lnL (maximum likelihood benzerlik değeri) değerleri de hesaplanmıştır.

#### **4.2.4.3.5. Substitüsyon matrisi ve transisyon/transversiyon oranı (R)**

Substitüsyon yapısının ve oranlarının hesaplanmasında General Time Reversible (GTR) modeli kullanılmıştır <sup>186</sup>. Ortak ve gruplara ayrılmış veri setlerinde oluşan bir bazdan diğerine substitüsyon ihtimalleri transisyonlar ve transversiyonlar olarak MEGA 5.1 yazılımında hesaplanmıştır.

#### **4.2.4.3.6. Neutrality testi**

Diziler arasındaki baz substitüsyonlarının istatistiksel olarak anlamlı olup olmasının değerlendirilmesinde MEGA 5.1 yazılımında kodon temelli Z-testi <sup>187</sup> yöntemi kullanılmıştır. P değeri 0,05'den küçük olan değerler anlamlı olarak kabul edilmiştir.

#### **4.2.4.3.7. Genetik uzaklık**

Tür içi, türler arası ve taksonomik seviyelerde gruplar arası ortalama genetik uzaklık analizleri ortak veri seti ile gruplara ayrılmış veri setleri üzerinden K2P <sup>188</sup> modeli kullanılarak MEGA 5.1 ve Arlequin 3.5 yazılımları ile gerçekleştirilmiştir. Uzaklık değerlerinin standart hata hesaplamalarında 1000 tekrarlı bootstrap testleri kullanılmıştır.

#### **4.2.4.3.8. Evrimsel ilişki analizi**

Evrimsel ilişki analizlerinin gerçekleştirilmesinde MEGA 5.1, PAUP 4.0 <sup>189</sup> ve PHYLIP <sup>190</sup> yazılımları kullanılmıştır. Örnekler arasındaki evrimsel ilişkinin hesaplanmasında kullanılan yöntemin sonuca etkisinin değerlendirilebilmesi için en çok kullanılan üç olasılık analiz yöntemi olan minimum evolution (ME), neighbor joining (NJ) ve unweighted pair group method with arithmetic average (UPGMA) yöntemleri, en çok kullanılan parsimoni yöntemi



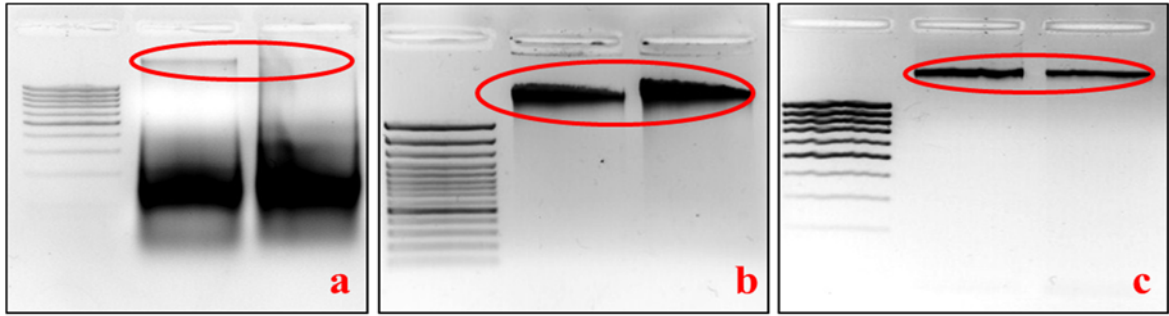
olan maximum parsimoni (MP) ile yeni bir olasılık yöntemi olan maximum likelihood (ML)'dan yararlanılmıştır <sup>181</sup>. Çalışmada DNA barkodlaması gerçekleştirilen türlerin tamamının birbirleriyle olan ilişkilerini gösteren ve taksonomik grupların işaretlendiği veri seti kullanılarak oluşturulan ağaçların yanı sıra daha detaylı bir değerlendirme gerçekleştirebilmek amacıyla Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca şubeleri altında toplanan canlıların çeşitli taksonomik kümelere ayrılmasıyla oluşturulan veri setlerine ilişkin ağaçlar da oluşturulmuştur.

## 5. ARAŞTIRMA BULGULARI

### 5.1. Moleküler Analizler

#### 5.1.1. Farklı doku saklama yöntemlerinin DNA kalitesine etkisi

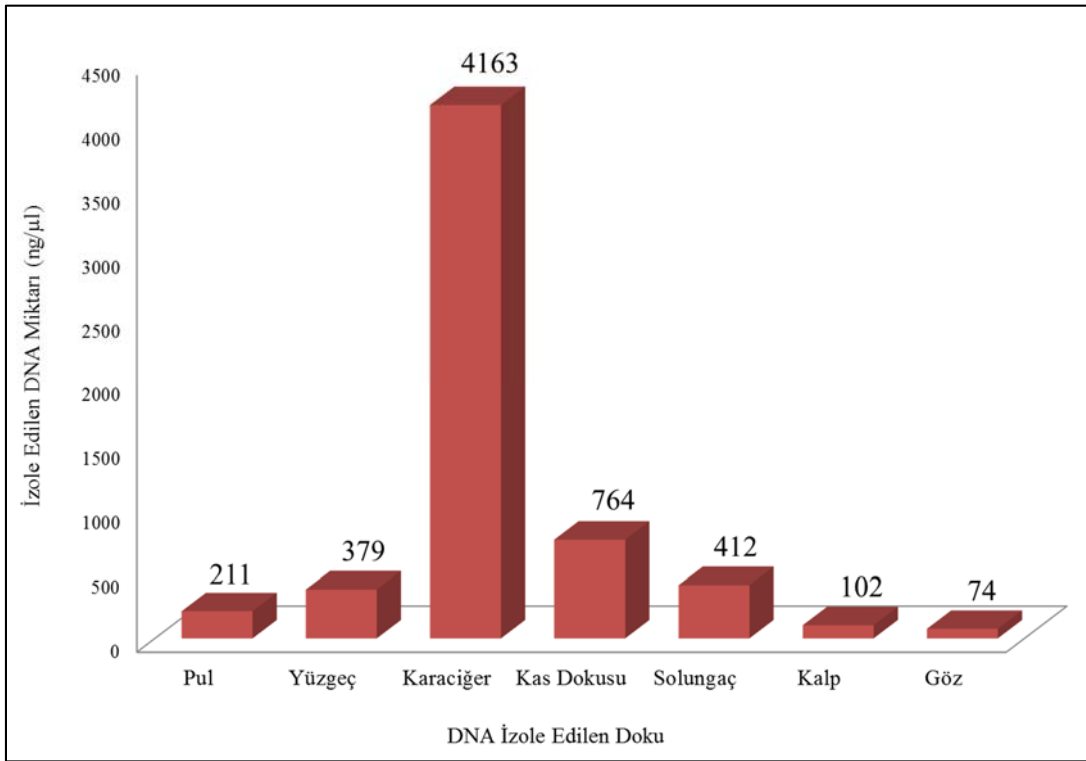
Saklama çözeltilerinde en iyi sonuç (en az DNA degradasyonu) %100 etanol kullanımı sonrasında elde edilmiştir. -20°C’de saklanan örneklerden gerçekleştirilen DNA izolasyonları sonrasında elde edilen DNA’larda, oda sıcaklığı ve 4°C’de saklanan örneklerden yapılan DNA izolasyonları sonucunda elde edilen DNA’lara oranla daha az degradasyon tespit edilmiş, -80°C’de saklanan örneklerle arasında ise belirgin bir farklılığa rastlanmamıştır. Farklı koşullarda saklanan ve farklı dokulardan elde edilen DNA’ların agaroz jel görüntüleri Şekil 5.1.’de, elde edilen DNA miktarları ise Şekil 5.2.’de verilmiştir.



Şekil 5.1. Farklı koşullarda saklanan dokulardan elde edilen DNA’ların agaroz jel görüntüleri

DNA izolasyonları aynı yöntem ile 2 tekrarlı olarak gerçekleştirilmiştir. a) DMSO/NaCl tampon çözelti içerisinde 4°C’de saklanan karaciğer dokusundan izole edilen DNA’ların görüntüsü. DNA miktarı az ve yüksek oranda degradasyon görülmekte. b) %100 etanol içerisinde -20°C’de saklanan karaciğer dokusundan izole edilen DNA’ların görüntüsü. DNA miktarı yüksek ve neredeyse degradasyon görülmemekte. c) %100 etanol içerisinde -20°C’de saklanan kas dokusundan izole edilen DNA’ların görüntüsü. DNA miktarı karaciğerden az fakat hiç degradasyon görülmemekte

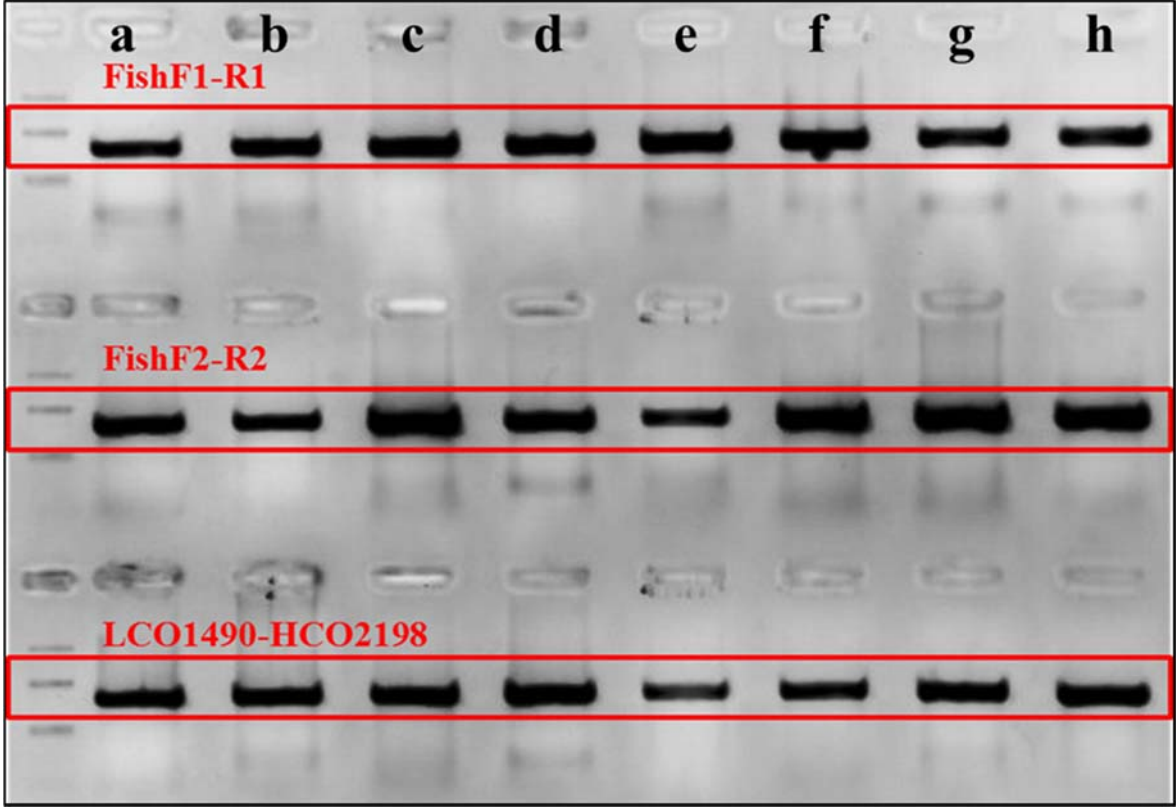
Yapılan ön çalışma sonucunda karaciğer dokusunun, %100 etanol içerisinde, -20°C’de saklanması, DNA kalitesi ve miktarı bakımından en iyi sonucu verdiği görülmüştür. Bununla birlikte enzimatik aktivitesi yüksek bir doku olmasından dolayı, karaciğer dokusunun örnekten alınır alınmaz soğuk zincir altına alınması zorunluluğu bazı arazi şartlarında tam olarak gerçekleştirilemediğinden dokuda bozulmalar meydana gelebilmektedir. Bu nedenle hemen soğuk zincir sağlanamayacak durumlarda örneklemin kas dokusundan yapılması, miktar bakımından karaciğer kadar yüksek olmasa da yeterli miktarda ve degrades olmamış DNA’nın izolasyonuna imkan sağladığı gözlemlenmiştir.



Şekil 5.2. Dokulardan elde edilen ortalama DNA miktarları

260/280 nm ve 260/230 nm’de 1,70-2,10 arasında absorbans veren DNA örnekleri dikkate alınmıştır

Çalışmanın devamında, %100 etanol içerisinde, -20°C’de saklanan dokulardan izole edilen kalıp DNA’lar kullanılarak tüm dokulardan, FishF1-R1, Fish F2-R2 ve LCO1490-HCO2198 primer çiftleri kullanılarak hedeflenen bölge başarı ile çoğaltılmıştır (Şekil 5.3.).



Şekil 5.3. FishF1-R1, Fish F2-R2 ve LCO1490-HCO2198 primer çiftleri kullanılarak çoğaltılan PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüleri

a) göz, b) pul, c) karaciğer, d) yüzgeç, e) kalp, f) kas dokusu (balık), g) kas dokusu (diğer), h) solungaç

## 5.2. Veri Analizleri

### 5.2.1. Tür içi genetik analizler

#### 5.2.1.1. Haplotip analizi

Tür içi genetik analizlerin gerçekleştirilmesinde 114 türün tamamına ait toplam 2265 *COI* barkod dizisi analiz edilmiştir. *COI* barkod dizilerinin karşılaştırılması sonrasında her tür için 1-6 arasında değişen, toplam 322 haplotip belirlenmiştir (Çizelge 5.1.).

Çizelge 5.1. Veri setinde türlere göre tespit edilen haplotip sayısı, çeşitliliği, frekansları ve değişken lokuslar

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	3	0,5143	<i>Acipenser gueldenstaedtii 1</i>	10	0,667	CGC
			<i>Acipenser gueldenstaedtii 2</i>	4	0,267	TAC
			<i>Acipenser gueldenstaedtii 3</i>	1	0,0667	CAT
<i>Acipenser nudiventris</i>	2	0,2476	<i>Acipenser nudiventris 1</i>	13	0,867	CT
			<i>Acipenser nudiventris 2</i>	2	0,133	TC
<i>Acipenser stellatus</i>	4	0,6762	<i>Acipenser stellatus 1</i>	8	0,533	CATCT
			<i>Acipenser stellatus 2</i>	3	0,2	CACCC
			<i>Acipenser stellatus 3</i>	3	0,2	CATTC
			<i>Acipenser stellatus 4</i>	1	0,0667	TCTCT
<i>Alburnus alburnus</i>	2	0,4421	<i>Alburnus alburnus 1</i>	14	0,7	GGAT
			<i>Alburnus alburnus 2</i>	6	0,3	CAGC
<i>Alburnus tarichi</i>	2	0,4421	<i>Alburnus tarichi 1</i>	14	0,7	CTCAGATC
			<i>Alburnus tarichi 2</i>	6	0,3	TCTGAGCT
<i>Alosa alosa</i>	2	0,5211	<i>Alosa alosa 1</i>	11	0,55	A
			<i>Alosa alosa 2</i>	9	0,45	GGAT
<i>Anguilla anguilla</i>	3	0,6789	<i>Anguilla anguilla 1</i>	9	0,45	AGCTTACC
			<i>Anguilla anguilla 2</i>	6	0,3	AACCCACC
			<i>Anguilla anguilla 3</i>	5	0,25	GGTTTGTG
<i>Argyrosomus regius</i>	3	0,6368	<i>Argyrosomus regius 1</i>	10	0,5	ACCAT
			<i>Argyrosomus regius 2</i>	7	0,35	AAAAC
			<i>Argyrosomus regius 3</i>	3	0,15	CCCCT
<i>Atherina hepsetus</i>	2	0,3947	<i>Atherina hepsetus 1</i>	15	0,75	ATC
			<i>Atherina hepsetus 2</i>	5	0,25	GCT

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Aurelia aurita</i>	2	0,3947	<i>Aurelia aurita</i> 1	15	0,75	ACACTC
			<i>Aurelia aurita</i> 2	5	0,25	GAGACA
<i>Auxis thazard</i>	4	0,7316	<i>Auxis thazard</i> 1	9	0,45	CCTGG
			<i>Auxis thazard</i> 2	4	0,2	CTAGA
			<i>Auxis thazard</i> 3	4	0,2	TCTAG
			<i>Auxis thazard</i> 4	3	0,15	CTAAG
<i>Balistes capriscus</i>	5	0,7	<i>Balistes capriscus</i> 1	10	0,5	TCGGCATT
			<i>Balistes capriscus</i> 2	5	0,25	GTAGCAAT
			<i>Balistes capriscus</i> 3	2	0,1	TCAATGTT
			<i>Balistes capriscus</i> 4	2	0,1	GTGACATT
			<i>Balistes capriscus</i> 5	1	0,05	GTGATGTA
<i>Belone belone</i>	3	0,6947	<i>Belone belone</i> 1	8	0,4	CGGGTTTACTG
			<i>Belone belone</i> 2	6	0,3	GCTAGCGGTCG
			<i>Belone belone</i> 3	6	0,3	CGGAGCGGTCA
<i>Boops boops</i>	2	0,4789	<i>Boops boops</i> 1	13	0,65	CTATGGCC
			<i>Boops boops</i> 2	7	0,35	TATCTCGT
<i>Callinectes sapidus</i>	2	0,3947	<i>Callinectes sapidus</i> 1	15	0,75	TATCT
			<i>Callinectes sapidus</i> 2	5	0,25	CGATG
<i>Cancer pagurus</i>	2	0,5053	<i>Cancer pagurus</i> 1	12	0,6	AGCCTCCTCACTGTTTA
			<i>Cancer pagurus</i> 2	8	0,4	CATTCTTCTTTCAAAG
<i>Capoeta capoeta</i>	1	-	<i>Capoeta capoeta</i>	20	-	-
<i>Carcinus aestuarii</i>	1	-	<i>Carcinus aestuarii</i>	20	-	-

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Chelidonichthys cuculus</i>	4	0,7737	<i>Chelidonichthys cuculus 1</i>	7	0,35	AGACAGAATAC
			<i>Chelidonichthys cuculus 2</i>	5	0,25	AGATAGAGCAT
			<i>Chelidonichthys cuculus 3</i>	4	0,2	GAGCGGAATGC
			<i>Chelidonichthys cuculus 4</i>	4	0,2	GAGTAAGGTGC
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	4	0,7421	<i>Chelidonichthys lucerna 1</i>	8	0,4	TTCGCATCGGTAT
			<i>Chelidonichthys lucerna 2</i>	6	0,3	CTCGTACTGGCGT
			<i>Chelidonichthys lucerna 3</i>	3	0,15	TTTACGCCAATAC
			<i>Chelidonichthys lucerna 4</i>	3	0,15	TCTGTATCGATGC
<i>Citharus linguatula</i>	2	0,4421	<i>Citharus linguatula 1</i>	14	0,7	TCTATT
			<i>Citharus linguatula 2</i>	6	0,3	CTCTCC
<i>Clarias gariepinus</i>	1	-	<i>Clarias gariepinus</i>	20	-	-
<i>Cyprinus carpio</i>	2	0,3368	<i>Cyprinus carpio 1</i>	16	0,8	GCC
			<i>Cyprinus carpio 2</i>	4	0,2	CTT
<i>Dentex dentex</i>	5	0,7895	<i>Dentex dentex 1</i>	7	0,35	TATTCGTT
			<i>Dentex dentex 2</i>	5	0,25	AATCCGTT
			<i>Dentex dentex 3</i>	4	0,2	TTATTGGT
			<i>Dentex dentex 4</i>	3	0,15	TTTCCGTA
			<i>Dentex dentex 5</i>	1	0,05	AAATCATT
<i>Dentex macrophthalmus</i>	3	0,6789	<i>Dentex macrophthalmus 1</i>	9	0,45	ACGAGG
			<i>Dentex macrophthalmus 2</i>	6	0,3	TTAACG
			<i>Dentex macrophthalmus 3</i>	5	0,25	TCGTCA
<i>Dicentrarchus labrax</i>	2	0,4789	<i>Dicentrarchus labrax 1</i>	13	0,65	ACCT
			<i>Dicentrarchus labrax 2</i>	7	0,35	TTTA

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Diplodus annularis</i>	3	0,6526	<i>Diplodus annularis</i> 1	10	0,5	TTATGAGCCGGTGTACCCCGTTACG
			<i>Diplodus annularis</i> 2	6	0,3	ACACATATAAACGCTTACCATCCGCG
			<i>Diplodus annularis</i> 3	4	0,2	TCGCGAGTAAACTTTTATTAGTCGTA
<i>Diplodus cervinus</i>	3	0,6263	<i>Diplodus cervinus</i> 1	11	0,55	GGAGCTT
			<i>Diplodus cervinus</i> 2	5	0,25	TCTAGTC
			<i>Diplodus cervinus</i> 3	4	0,2	GGTGGCC
<i>Diplodus puntazzo</i>	2	0,2684	<i>Diplodus puntazzo</i> 1	17	0,85	TGC
			<i>Diplodus puntazzo</i> 2	3	0,15	GAT
<i>Diplodus sargus</i>	5	0,7737	<i>Diplodus sargus</i> 1	8	0,4	ACGACGTATTTA
			<i>Diplodus sargus</i> 2	4	0,2	GTCGCACACTTA
			<i>Diplodus sargus</i> 3	4	0,2	GTGACATATTTG
			<i>Diplodus sargus</i> 4	3	0,15	ATGATGTGTCTG
			<i>Diplodus sargus</i> 5	1	0,05	GCCATGTATTCG
<i>Diplodus vulgaris</i>	2	0,5053	<i>Diplodus vulgaris</i> 1	12	0,6	GAT
			<i>Diplodus vulgaris</i> 2	8	0,4	AGC
<i>Dussumieria elopsoides</i>	2	0,5211	<i>Dussumieria elopsoides</i> 1	11	0,55	TCCCTT
			<i>Dussumieria elopsoides</i> 2	9	0,45	CTTTCC
<i>Engraulis encrasicolus</i>	3	0,5842	<i>Engraulis encrasicolus</i> 1	12	0,6	CAA
			<i>Engraulis encrasicolus</i> 2	5	0,25	TAG
			<i>Engraulis encrasicolus</i> 3	3	0,15	TGA
<i>Epinephelus aeneus</i>	4	0,7737	<i>Epinephelus aeneus</i> 1	7	0,35	ATTACACA
			<i>Epinephelus aeneus</i> 2	5	0,25	ACTACCCG
			<i>Epinephelus aeneus</i> 3	4	0,2	CTTTTACA
			<i>Epinephelus aeneus</i> 4	4	0,2	CTCACATG



Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Epinephelus marginatus</i>	5	0,6263	<i>Epinephelus marginatus 1</i>	12	0,6	CTATCAGTAT
			<i>Epinephelus marginatus 2</i>	3	0,15	CTAAACGCTT
			<i>Epinephelus marginatus 3</i>	2	0,1	CTGTACGTAT
			<i>Epinephelus marginatus 4</i>	2	0,1	CTATACGTAC
			<i>Epinephelus marginatus 5</i>	1	0,05	TCAAACCCAT
<i>Epinephelus tauvina</i>	2	0,1895	<i>Epinephelus tauvina 1</i>	18	0,9	ATACCT
			<i>Epinephelus tauvina 2</i>	2	0,1	GCGTTC
<i>Esox lucius</i>	4	0,7	<i>Esox lucius 1</i>	10	0,5	TCGGTATCGCC
			<i>Esox lucius 2</i>	4	0,2	TTAGTGTTACC
			<i>Esox lucius 3</i>	3	0,15	TCAACATTGTT
			<i>Esox lucius 4</i>	3	0,15	CCAGCACTGCC
<i>Euthynnus alletteratus</i>	3	0,6789	<i>Euthynnus alletteratus 1</i>	9	0,45	AACTCAA
			<i>Euthynnus alletteratus 2</i>	6	0,3	GAACCGT
			<i>Euthynnus alletteratus 3</i>	5	0,25	ATAGTAT
<i>Gobius niger</i>	4	0,4368	<i>Gobius niger 1</i>	15	0,75	CCCTCCA
			<i>Gobius niger 2</i>	2	0,1	CATTTTCG
			<i>Gobius niger 3</i>	2	0,1	CATGCTG
			<i>Gobius niger 4</i>	1	0,05	ACTGCCA
<i>Homarus gammarus</i>	2	0,4789	<i>Homarus gammarus 1</i>	13	0,65	ATTCCA
			<i>Homarus gammarus 2</i>	7	0,35	GAAAGG
<i>Lichia amia</i>	3	0,6263	<i>Lichia amia 1</i>	11	0,55	ATT
			<i>Lichia amia 2</i>	5	0,25	CGC
			<i>Lichia amia 3</i>	4	0,2	ATC

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Lithognathus mormyrus</i>	4	0,6579	<i>Lithognathus mormyrus 1</i>	11	0,55	TCCTTAACTTG
			<i>Lithognathus mormyrus 2</i>	4	0,2	AGGCTAAGCCC
			<i>Lithognathus mormyrus 3</i>	3	0,15	ACCTTGGGCCC
			<i>Lithognathus mormyrus 4</i>	2	0,1	AGGTAAAGCCC
<i>Liza aurata</i>	3	0,6789	<i>Liza aurata 1</i>	9	0,45	CAAA
			<i>Liza aurata 2</i>	6	0,3	TGAG
			<i>Liza aurata 3</i>	5	0,25	TAGA
<i>Liza carinata</i>	2	0,2684	<i>Liza carinata 1</i>	17	0,85	AGC
			<i>Liza carinata 2</i>	3	0,15	GAT
<i>Lobotes surinamensis</i>	5	0,7895	<i>Lobotes surinamensis 1</i>	7	0,35	ACGCTGTGCTTC
			<i>Lobotes surinamensis 2</i>	5	0,25	AGGCTGTGCTCC
			<i>Lobotes surinamensis 3</i>	4	0,2	ACATAGCGCTTT
			<i>Lobotes surinamensis 4</i>	3	0,15	GCATTACACTTT
			<i>Lobotes surinamensis 5</i>	1	0,05	GCATTACATCTC
<i>Loligo vulgaris</i>	3	0,5421	<i>Loligo vulgaris 1</i>	13	0,65	TTTATTTT
			<i>Loligo vulgaris 2</i>	4	0,2	ACCGAATT
			<i>Loligo vulgaris 3</i>	3	0,15	TTCAATCA
<i>Lophius piscatorius</i>	3	0,6158	<i>Lophius piscatorius 1</i>	11	0,55	AGCC
			<i>Lophius piscatorius 2</i>	6	0,3	AATT
			<i>Lophius piscatorius 3</i>	3	0,15	TGTC
<i>Maja squinado</i>	3	0,5842	<i>Maja squinado 1</i>	12	0,6	TTAACCTATGTC
			<i>Maja squinado 2</i>	5	0,25	TTAGACAGCGCC
			<i>Maja squinado 3</i>	3	0,15	CCGACTGGCATG

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Marsupenaeus japonicus</i>	3	0,4842	<i>Marsupenaeus japonicus 1</i>	14	0,7	GTGC
			<i>Marsupenaeus japonicus 2</i>	4	0,2	ATTCCA
			<i>Marsupenaeus japonicus 3</i>	2	0,1	GATT
<i>Melicertus kerathurus</i>	2	0,4421	<i>Melicertus kerathurus 1</i>	14	0,7	TAAGGC
			<i>Melicertus kerathurus 2</i>	6	0,3	AGGATT
<i>Merlangius merlangus</i>	3	0,5842	<i>Merlangius merlangus 1</i>	12	0,6	GACC
			<i>Merlangius merlangus 2</i>	5	0,25	AAGC
			<i>Merlangius merlangus 3</i>	3	0,15	GTCA
<i>Merluccius merluccius</i>	2	0,3947	<i>Merluccius merluccius 1</i>	15	0,75	ACG
			<i>Merluccius merluccius 2</i>	5	0,25	GTA
<i>Mugil cephalus</i>	3	0,6789	<i>Mugil cephalus 1</i>	9	0,45	TGATA
			<i>Mugil cephalus 2</i>	6	0,3	CAGCA
			<i>Mugil cephalus 3</i>	5	0,25	CAATC
<i>Mullus barbatus</i>	2	0,4421	<i>Mullus barbatus 1</i>	14	0,7	TTT
			<i>Mullus barbatus 2</i>	6	0,3	CCC
<i>Mullus surmuletus</i>	2	0,4789	<i>Mullus surmuletus 1</i>	13	0,65	GTT
			<i>Mullus surmuletus 2</i>	7	0,35	CCC
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	1	-	<i>Mytilus galloprovincialis</i>	20	-	-
<i>Necora puber</i>	2	0,3947	<i>Necora puber 1</i>	15	0,75	GTC
			<i>Necora puber 2</i>	5	0,25	AAT
<i>Neogobius melanostomus</i>	2	0,2684	<i>Neogobius melanostomus 1</i>	17	0,85	CT
			<i>Neogobius melanostomus 2</i>	3	0,15	AC
<i>Nephrops norvegicus</i>	1	-	<i>Nephrops norvegicus</i>	20	-	-

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Oblada melanura</i>	4	0,7	<i>Oblada melanura 1</i>	10	0,5	ATCGATTGAGG
			<i>Oblada melanura 2</i>	4	0,2	ATTTATTAGGC
			<i>Oblada melanura 3</i>	3	0,15	ATCTGTAGGGC
			<i>Oblada melanura 4</i>	3	0,15	GCCTACTGAAA
<i>Octopus vulgaris</i>	5	0,7263	<i>Octopus vulgaris 1</i>	9	0,45	TTCCCTTACTTACCAAATATGTTTAACTAAGC
			<i>Octopus vulgaris 2</i>	5	0,25	TTCCCTAACTAACCAAATATGTTTAACTAAGC
			<i>Octopus vulgaris 3</i>	4	0,2	TTCACTAACTAACTAAATACATCTGACTAAGC
			<i>Octopus vulgaris 4</i>	1	0,05	CCTCTAAGTTATTCTCTCTTAACTATTTTGAT
			<i>Octopus vulgaris 5</i>	1	0,05	TTCCCTAACAAACCAAATATGTTAAACAAAGC
<i>Pagellus erythrinus</i>	3	0,6263	<i>Pagellus erythrinus 1</i>	11	0,55	GTACAT
			<i>Pagellus erythrinus 2</i>	5	0,25	GCATGT
			<i>Pagellus erythrinus 3</i>	4	0,2	CTGTAC
<i>Pagrus auriga</i>	2	0,3947	<i>Pagrus auriga 1</i>	15	0,75	TT
			<i>Pagrus auriga 2</i>	5	0,25	CC
<i>Pagrus pagrus</i>	3	0,4684	<i>Pagrus pagrus 1</i>	14	0,7	AGTGC
			<i>Pagrus pagrus 2</i>	5	0,25	TGAGC
			<i>Pagrus pagrus 3</i>	1	0,05	AATAT
<i>Palinurus elephas</i>	2	0,5053	<i>Palinurus elephas 1</i>	12	0,6	ATCC
			<i>Palinurus elephas 2</i>	8	0,4	GATA
<i>Pecten jacobaeus</i>	1	-	<i>Pecten jacobaeus</i>	20	-	-
<i>Platichthys flesus</i>	2	0,3368	<i>Platichthys flesus 1</i>	16	0,8	CTA
			<i>Platichthys flesus 2</i>	4	0,2	TCG

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Pomatomus saltatrix</i>	5	0,7368	<i>Pomatomus saltatrix 1</i>	9	0,45	TGTCCAT
			<i>Pomatomus saltatrix 2</i>	5	0,25	TGCCCAA
			<i>Pomatomus saltatrix 3</i>	3	0,15	TCTTCAT
			<i>Pomatomus saltatrix 4</i>	2	0,1	TGCCCGA
			<i>Pomatomus saltatrix 5</i>	1	0,05	CGTCTAA
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	1	-	<i>Pontastacus leptodactylus</i>	20	-	-
<i>Ponticola kessleri</i>	2	0,2684	<i>Ponticola kessleri 1</i>	17	0,85	CG
			<i>Ponticola kessleri 2</i>	3	0,15	AA
<i>Rapana bezoar</i>	1	-	<i>Rapana bezoar</i>	20	-	-
<i>Ruditapes decussatus</i>	2	0,1895	<i>Ruditapes decussatus 1</i>	18	0,9	TA
			<i>Ruditapes decussatus 2</i>	2	0,1	AG
<i>Salmo trutta</i>	4	0,6158	<i>Salmo trutta 1</i>	8	0,4	AAGA
			<i>Salmo trutta 2</i>	10	0,5	AGGC
			<i>Salmo trutta 3</i>	1	0,05	AGGA
			<i>Salmo trutta 4</i>	1	0,05	GAAA
<i>Sander lucioperca</i>	1	-	<i>Sander lucioperca</i>	20	-	-
<i>Sarda sarda</i>	3	0,5842	<i>Sarda sarda 1</i>	12	0,6	CCATT
			<i>Sarda sarda 2</i>	5	0,25	CGATC
			<i>Sarda sarda 3</i>	3	0,15	TCGCT
<i>Sardina pilchardus</i>	4	0,7	<i>Sardina pilchardus 1</i>	9	0,45	TCCGCG
			<i>Sardina pilchardus 2</i>	6	0,3	TCCGTA
			<i>Sardina pilchardus 3</i>	4	0,2	TCCATG
			<i>Sardina pilchardus 4</i>	1	0,05	GTTGCG

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Sargocentron rubrum</i>	2	0,4789	<i>Sargocentron rubrum 1</i>	13	0,65	CAA
			<i>Sargocentron rubrum 2</i>	7	0,35	TGT
<i>Sarpa salpa</i>	3	0,6789	<i>Sarpa salpa 1</i>	9	0,45	GGACAC
			<i>Sarpa salpa 2</i>	6	0,3	GTTCGA
			<i>Sarpa salpa 3</i>	5	0,25	TTATGA
<i>Saurida undosquamis</i>	3	0,6368	<i>Saurida undosquamis 1</i>	10	0,5	TTAC
			<i>Saurida undosquamis 2</i>	7	0,35	TCGC
			<i>Saurida undosquamis 3</i>	3	0,15	ATAT
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	5	0,7474	<i>Scardinius erythrophthalmus 1</i>	8	0,4	CCGTGAG
			<i>Scardinius erythrophthalmus 2</i>	5	0,25	CCGTAAC
			<i>Scardinius erythrophthalmus 3</i>	5	0,25	CCAAGAG
			<i>Scardinius erythrophthalmus 4</i>	1	0,05	TTGTGAG
			<i>Scardinius erythrophthalmus 5</i>	1	0,05	CCGTGGG
<i>Scomber japonicus</i>	5	0,7632	<i>Scomber japonicus 1</i>	8	0,4	CACCAA
			<i>Scomber japonicus 2</i>	5	0,25	TACCAG
			<i>Scomber japonicus 3</i>	4	0,2	CGCAA
			<i>Scomber japonicus 4</i>	2	0,1	CATAAA
			<i>Scomber japonicus 5</i>	1	0,05	TATCGA
<i>Scomber scombrus</i>	5	0,7895	<i>Scomber scombrus 1</i>	8	0,4	GCATC
			<i>Scomber scombrus 2</i>	3	0,15	ATATC
			<i>Scomber scombrus 3</i>	3	0,15	GTGTC
			<i>Scomber scombrus 4</i>	3	0,15	GCGCT
			<i>Scomber scombrus 5</i>	3	0,15	GCGCC

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Scomberomorus commerson</i>	3	0,6895	<i>Scomberomorus commerson 1</i>	8	0,4	AATTT
			<i>Scomberomorus commerson 2</i>	7	0,35	GCCTT
			<i>Scomberomorus commerson 3</i>	5	0,25	GCCCC
<i>Scophthalmus maximus</i>	2	0,5211	<i>Scophthalmus maximus 1</i>	11	0,55	TCGGA
			<i>Scophthalmus maximus 2</i>	9	0,45	CGATC
<i>Scorpaena porcus</i>	4	0,7737	<i>Scorpaena porcus 1</i>	7	0,35	TATCCC
			<i>Scorpaena porcus 2</i>	5	0,25	CAACAG
			<i>Scorpaena porcus 3</i>	4	0,2	TAATAC
			<i>Scorpaena porcus 4</i>	4	0,2	TCACCG
<i>Scorpaena scrofa</i>	2	0,4421	<i>Scorpaena scrofa 1</i>	14	0,7	ACTTCCT
			<i>Scorpaena scrofa 2</i>	6	0,3	GGGATGC
<i>Scyllarides latus</i>	3	0,5421	<i>Scyllarides latus 1</i>	12	0,6	TTA
			<i>Scyllarides latus 2</i>	7	0,35	CAG
			<i>Scyllarides latus 3</i>	1	0,05	TAG
<i>Scyllarus arctus</i>	2	0,3368	<i>Scyllarus arctus 1</i>	16	0,8	TTTC
			<i>Scyllarus arctus 2</i>	4	0,2	GGCT
<i>Sepia officinalis</i>	3	0,6263	<i>Sepia officinalis 1</i>	11	0,55	CC
			<i>Sepia officinalis 2</i>	5	0,25	AG
			<i>Sepia officinalis 3</i>	4	0,2	CG
<i>Seriola dumerili</i>	4	0,6684	<i>Seriola dumerili 1</i>	10	0,5	TAT
			<i>Seriola dumerili 2</i>	6	0,3	CGT
			<i>Seriola dumerili 3</i>	3	0,15	TGT
			<i>Seriola dumerili 4</i>	1	0,05	CAA

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Serranus cabrilla</i>	3	0,6789	<i>Serranus cabrilla 1</i>	9	0,45	GAAGCT
			<i>Serranus cabrilla 2</i>	6	0,3	CAGGCC
			<i>Serranus cabrilla 3</i>	5	0,25	CTAATT
<i>Serranus scriba</i>	3	0,6789	<i>Serranus scriba 1</i>	9	0,45	CTAC
			<i>Serranus scriba 2</i>	6	0,3	CATT
			<i>Serranus scriba 3</i>	5	0,25	TTAT
<i>Silurus glanis</i>	1	-	<i>Silurus glanis</i>	20	-	-
<i>Solea solea</i>	2	0,4789	<i>Solea solea 1</i>	13	0,65	AGA
			<i>Solea solea 2</i>	7	0,35	GAG
<i>Sparisoma cretense</i>	2	0,4421	<i>Sparisoma cretense 1</i>	14	0,7	AAT
			<i>Sparisoma cretense 2</i>	6	0,3	GGC
<i>Sparus aurata</i>	3	0,6368	<i>Sparus aurata 1</i>	10	0,5	TTCCT
			<i>Sparus aurata 2</i>	7	0,35	AATCT
			<i>Sparus aurata 3</i>	3	0,15	TTCTG
<i>Sphyraena sphyraena</i>	4	0,7263	<i>Sphyraena sphyraena 1</i>	9	0,45	TCAGTCC
			<i>Sphyraena sphyraena 2</i>	5	0,25	TTAGTTT
			<i>Sphyraena sphyraena 3</i>	3	0,15	TCGATCC
			<i>Sphyraena sphyraena 4</i>	3	0,15	CCAGCCC
<i>Spicara smaris</i>	2	0,2684	<i>Spicara smaris 1</i>	17	0,85	GAG
			<i>Spicara smaris 2</i>	3	0,15	CGC
<i>Spondyliosoma cantharus</i>	5	0,7737	<i>Spondyliosoma cantharus 1</i>	8	0,4	CTATCA
			<i>Spondyliosoma cantharus 2</i>	4	0,2	CTACTA
			<i>Spondyliosoma cantharus 3</i>	4	0,2	CCATCG
			<i>Spondyliosoma cantharus 4</i>	3	0,15	TCATCA
			<i>Spondyliosoma cantharus 5</i>	1	0,05	TCGTCA



Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Sprattus sprattus</i>	3	0,6789	<i>Sprattus sprattus 1</i>	9	0,45	ACAA
			<i>Sprattus sprattus 2</i>	6	0,3	ATGA
			<i>Sprattus sprattus 3</i>	5	0,25	CTAG
<i>Squatina squatina</i>	4	0,7263	<i>Squatina squatina 1</i>	9	0,45	TTGAG
			<i>Squatina squatina 2</i>	5	0,25	GTAAG
			<i>Squatina squatina 3</i>	3	0,15	TCGGG
			<i>Squatina squatina 4</i>	3	0,15	TCGAA
<i>Squilla mantis</i>	2	0,5211	<i>Squilla mantis 1</i>	11	0,55	TTTG
			<i>Squilla mantis 2</i>	9	0,45	GCGA
<i>Thunnus alalunga</i>	3	0,5842	<i>Thunnus alalunga 1</i>	12	0,6	TTTCC
			<i>Thunnus alalunga 2</i>	5	0,25	CTTTT
			<i>Thunnus alalunga 3</i>	3	0,15	CGGCC
<i>Thunnus thynnus</i>	3	0,5421	<i>Thunnus thynnus 1</i>	13	0,65	CATA
			<i>Thunnus thynnus 2</i>	4	0,2	TACA
			<i>Thunnus thynnus 3</i>	3	0,15	TGTT
<i>Tinca tinca</i>	2	0,4789	<i>Tinca tinca 1</i>	13	0,65	TC
			<i>Tinca tinca 2</i>	7	0,35	CT
<i>Trachinotus ovatus</i>	2	0,4421	<i>Trachinotus ovatus 1</i>	14	0,7	AGT
			<i>Trachinotus ovatus 2</i>	6	0,3	TCA
<i>Trachurus mediterraneus</i>	2	0,4789	<i>Trachurus mediterraneus 1</i>	13	0,65	GCT
			<i>Trachurus mediterraneus 2</i>	7	0,35	CTC
<i>Trachurus trachurus</i>	3	0,6789	<i>Trachurus trachurus 1</i>	9	0,45	TGCT
			<i>Trachurus trachurus 2</i>	6	0,3	CATT
			<i>Trachurus trachurus 3</i>	5	0,25	TACC

Çizelge 5.1. (devam)

Tür	Haplotip sayısı	Haplotip çeşitliliği	Haplotipler	Haplotip frekansı	Bağlı frekans	Değişken lokuslar
<i>Trigla lyra</i>	4	0,6684	<i>Trigla lyra 1</i>	10	0,5	ACTCG
			<i>Trigla lyra 2</i>	6	0,3	AGTCA
			<i>Trigla lyra 3</i>	3	0,15	AGCTG
			<i>Trigla lyra 4</i>	1	0,05	GGTTG
<i>Umbrina cirrosa</i>	3	0,6368	<i>Umbrina cirrosa 1</i>	10	0,5	CAGG
			<i>Umbrina cirrosa 2</i>	7	0,35	TATA
			<i>Umbrina cirrosa 3</i>	3	0,15	TCGA
<i>Upeneus moluccensis</i>	3	0,5842	<i>Upeneus moluccensis 1</i>	12	0,6	ATCAG
			<i>Upeneus moluccensis 2</i>	5	0,25	GCCAC
			<i>Upeneus moluccensis 3</i>	3	0,15	ATTGG
<i>Vimba vimba</i>	1	-	<i>Vimba vimba</i>	20	-	-
<i>Xiphias gladius</i>	4	0,7263	<i>Xiphias gladius 1</i>	9	0,45	CTTTTG
			<i>Xiphias gladius 2</i>	5	0,25	CATCTA
			<i>Xiphias gladius 3</i>	3	0,15	TACTTG
			<i>Xiphias gladius 4</i>	3	0,15	TTCTCG
<i>Zeus faber</i>	6	0,8211	<i>Zeus faber 1</i>	7	0,35	TCAACCTAGC
			<i>Zeus faber 2</i>	4	0,2	TCAATTTAAC
			<i>Zeus faber 3</i>	3	0,15	CTAATCTAGT
			<i>Zeus faber 4</i>	3	0,15	TCGACCCAGC
			<i>Zeus faber 5</i>	2	0,1	TCAGCCTGAC
			<i>Zeus faber 6</i>	1	0,05	TCAGTCTGAC

### 5.2.1.2. Tür içi genetik uzaklık

Haplotip veri seti kullanılarak, K2P yöntemi ile gerçekleştirilen tür içi genetik uzaklık analizi sonuçları Çizelge 5.2.'de verilmiştir. Tür içi ortalama genetik uzaklık 0,006 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.2. Tür içi genetik uzaklık (d) ve standart hata (S.H.) değerleri

<b>Tür</b>	<b>d</b>	<b>S.H.</b>
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	0,003	0,002
<i>Acipenser nudiventris</i>	0,003	0,002
<i>Acipenser stellatus</i>	0,004	0,002
<i>Alburnus alburnus</i>	0,006	0,003
<i>Alburnus tarichi</i>	0,012	0,004
<i>Alosa alosa</i>	0,002	0,001
<i>Anguilla anguilla</i>	0,008	0,003
<i>Argyrosomus regius</i>	0,005	0,002
<i>Atherina hepsetus</i>	0,005	0,003
<i>Aurelia aurita</i>	0,009	0,004
<i>Auxis thazard</i>	0,005	0,002
<i>Balistes capriscus</i>	0,007	0,002
<i>Belone belone</i>	0,011	0,003
<i>Boops boops</i>	0,012	0,004
<i>Callinectes sapidus</i>	0,009	0,004
<i>Cancer pagurus</i>	0,028	0,006
<i>Capoeta capoeta</i>	-	-
<i>Carcinus aestuarii</i>	-	-
<i>Chelidonichthys cuculus</i>	0,010	0,003
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	0,012	0,003
<i>Citharus linguatula</i>	0,009	0,004
<i>Clarias gariepinus</i>	-	-
<i>Cyprinus carpio</i>	0,005	0,003
<i>Dentex dentex</i>	0,006	0,002
<i>Dentex macrophthalmus</i>	0,006	0,002
<i>Dicentrarchus labrax</i>	0,003	0,003
<i>Diplodus annularis</i>	0,027	0,005
<i>Diplodus cervinus</i>	0,007	0,003
<i>Diplodus puntazzo</i>	0,005	0,003
<i>Diplodus sargus</i>	0,009	0,003
<i>Diplodus vulgaris</i>	0,005	0,003

Çizelge 5.2. (devam)

<b>Tür</b>	<b>d</b>	<b>S.H.</b>
<i>Dussumieria elopsoides</i>	0,009	0,004
<i>Engraulis encrasicolus</i>	0,003	0,002
<i>Epinephelus aeneus</i>	0,007	0,002
<i>Epinephelus marginatus</i>	0,007	0,002
<i>Epinephelus tauvina</i>	0,009	0,004
<i>Esox lucius</i>	0,009	0,003
<i>Euthynnus alletteratus</i>	0,008	0,003
<i>Gobius niger</i>	0,006	0,002
<i>Homarus gammarus</i>	0,009	0,004
<i>Lichia amia</i>	0,002	0,002
<i>Lithognathus mormyrus</i>	0,009	0,003
<i>Liza aurata</i>	0,004	0,002
<i>Liza carinata</i>	0,005	0,003
<i>Lobotes surinamensis</i>	0,010	0,003
<i>Loligo vulgaris</i>	0,008	0,003
<i>Lophius piscatorius</i>	0,004	0,002
<i>Maja squinado</i>	0,013	0,004
<i>Marsupenaeus japonicus</i>	0,004	0,002
<i>Melicertus kerathurus</i>	0,009	0,004
<i>Merlangius merlangus</i>	0,004	0,002
<i>Merluccius merluccius</i>	0,005	0,003
<i>Mugil cephalus</i>	0,005	0,002
<i>Mullus barbatus</i>	0,005	0,003
<i>Mullus surmuletus</i>	0,005	0,003
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	-	-
<i>Necora puber</i>	0,006	0,003
<i>Neogobius melanostomus</i>	0,003	0,002
<i>Nephrops norvegicus</i>	-	-
<i>Oblada melanura</i>	0,009	0,003
<i>Octopus vulgaris</i>	0,022	0,004
<i>Pagellus erythrinus</i>	0,006	0,002
<i>Pagrus auriga</i>	0,003	0,002
<i>Pagrus pagrus</i>	0,005	0,002
<i>Palinurus elephas</i>	0,006	0,003
<i>Pecten jacobaeus</i>	-	-
<i>Platichthys flesus</i>	0,005	0,003
<i>Pomatomus saltatrix</i>	0,005	0,002
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	-	-
<i>Ponticola kessleri</i>	0,003	0,002
<i>Rapana bezoar</i>	-	-
<i>Ruditapes decussatus</i>	0,003	0,002

Çizelge 5.2. (devam)

<b>Tür</b>	<b>d</b>	<b>S.H.</b>
<i>Salmo trutta</i>	0,003	0,002
<i>Sander lucioperca</i>	-	-
<i>Sarda sarda</i>	0,005	0,002
<i>Sardina pilchardus</i>	0,005	0,002
<i>Sargocentron rubrum</i>	0,005	0,003
<i>Sarpa salpa</i>	0,006	0,002
<i>Saurida undosquamis</i>	0,004	0,002
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	0,004	0,002
<i>Scomber japonicus</i>	0,005	0,002
<i>Scomber scombrus</i>	0,004	0,002
<i>Scomberomorus commerson</i>	0,005	0,002
<i>Scophthalmus maximus</i>	0,008	0,003
<i>Scorpaena porcus</i>	0,005	0,002
<i>Scorpaena scrofa</i>	0,011	0,004
<i>Scyllarides latus</i>	0,003	0,002
<i>Scyllarus arctus</i>	0,006	0,003
<i>Sepia officinalis</i>	0,003	0,002
<i>Seriola dumerili</i>	0,003	0,002
<i>Serranus cabrilla</i>	0,006	0,002
<i>Serranus scriba</i>	0,004	0,002
<i>Silurus glanis</i>	-	-
<i>Solea solea</i>	0,005	0,003
<i>Sparisoma cretense</i>	0,005	0,003
<i>Sparus aurata</i>	0,005	0,002
<i>Sphyraena sphyraena</i>	0,005	0,002
<i>Spicara smaris</i>	0,005	0,002
<i>Spondylisoma cantharus</i>	0,004	0,002
<i>Sprattus sprattus</i>	0,004	0,002
<i>Squatina squatina</i>	0,004	0,002
<i>Squilla mantis</i>	0,006	0,003
<i>Thunnus alalunga</i>	0,005	0,002
<i>Thunnus thynnus</i>	0,004	0,002
<i>Tinca tinca</i>	0,003	0,002
<i>Trachinotus ovatus</i>	0,005	0,003
<i>Trachurus mediterraneus</i>	0,005	0,003
<i>Trachurus trachurus</i>	0,004	0,002
<i>Trigla lyra</i>	0,004	0,002
<i>Umbrina cirrosa</i>	0,004	0,002
<i>Upeneus moluccensis</i>	0,005	0,002
<i>Vimba vimba</i>	-	-
<i>Xiphias gladius</i>	0,005	0,002
<i>Zeus faber</i>	0,007	0,002

### 5.2.2. Türler arası genetik analizler

Çalışma sonucunda oluşturulan 114 türe ait 322 haplotipin mitokondriyal *COI* bölgesinin 5' ucundan 655 baz çiftlik (okuma çerçevesinin kaymaması için 654 baz çiftlik kısım kullanılmıştır) nükleotid dizileri GenBank (erişim numaraları KC500088-KC501912; KC789074-789513) ve BOLD veri tabanlarına (proje adı: DNA Barcoding Commercially Important Aquatic Species of Turkey; proje kodu: DNATR; örnek numaraları: DNATR115-DNATR2379) kayıt edilmiştir. Çalışma kapsamında oluşturulan 114 türe ilişkin *COI* barkodlarının tamamı Türkiye'den gerçekleştirilen ilk DNA barkod kayıtları olma özelliğini taşımaktadır. Kayıt edilen nükleotid dizilerinin BOLD ve GenBank veri tabanlarına erişim numaraları ile BOLD ve GenBank veri tabanlarına ilk kez bu çalışma ile girişi yapılan türlerin listesi Çizelge 5.3.'te verilmiştir.

Çizelge 5.3. Çalışma kapsamındaki türler için oluşturulan *COI* barkodlarının BOLD ve GenBank veri tabanlarındaki kayıt numaraları ile ilk kez girişi yapılan türler

Tür	BOLD no.	GenBank no.	Kayıt Durumu
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	DNATR115-129	KC500088-500102	
<i>Acipenser nudiiventris</i>	DNATR130-144	KC500103-500118*	G*
<i>Acipenser stellatus</i>	DNATR145-159	KC500119-500132	
<i>Alburnus alburnus</i>	DNATR160-179	KC500133-500152	
<i>Alburnus tarichi</i>	DNATR180-199	KC500153-500172	B
<i>Alosa alosa</i>	DNATR200-219	KC500173-500192	B
<i>Anguilla anguilla</i>	DNATR220-239	KC500193-500212	
<i>Argyrosomus regius</i>	DNATR240-259	KC500213-500232	B, G
<i>Atherina hepsetus</i>	DNATR280-299	KC500253-500272	
<i>Aurelia aurita</i>	DNATR1940-1959	KC789074-789093	
<i>Auxis thazard</i>	DNATR300-319	KC500273-500292	
<i>Balistes capriscus</i>	DNATR320-339	KC500293-500312	
<i>Belone belone</i>	DNATR340-359	KC500313-500332	G*
<i>Boops boops</i>	DNATR360-379	KC500333-500352	G*
<i>Callinectes sapidus</i>	DNATR1960-1979	KC789094-789113	

Çizelge 5.3. (devam)

<b>Tür</b>	<b>BOLD no.</b>	<b>GenBank no.</b>	<b>Kayıt Durumu</b>
<i>Cancer pagurus</i>	DNATR1980-1999	KC789114-789133	G*
<i>Capoeta capoeta</i>	DNATR380-399	KC500353-500372	G*
<i>Carcinus aestuarii</i>	DNATR2000-2019	KC789134-789153	B, G*
<i>Chelidonichthys cuculus</i>	DNATR260-279	KC500233-500252	
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	DNATR400-419	KC500373-500392	
<i>Citharus linguatula</i>	DNATR420-439	KC500393-500412	
<i>Clarias gariepinus</i>	DNATR440-459	KC500413-500432	
<i>Cyprinus carpio</i>	DNATR460-479	KC500433-500452	
<i>Dentex dentex</i>	DNATR480-499	KC500453-500472	B, G
<i>Dentex macrophthalmus</i>	DNATR500-519	KC500473-500492	G
<i>Dicentrarchus labrax</i>	DNATR520-539	KC500493-500512	G*
<i>Diplodus annularis</i>	DNATR540-559	KC500513-500532	
<i>Diplodus cervinus</i>	DNATR560-579	KC500533-500552	G*
<i>Diplodus puntazzo</i>	DNATR580-599	KC500553-500572	B, G
<i>Diplodus sargus</i>	DNATR600-619	KC500573-500592	
<i>Diplodus vulgaris</i>	DNATR620-639	KC500593-500612	G
<i>Dussumieria elopsoides</i>	DNATR640-659	KC500613-500632	
<i>Engraulis encrasicolus</i>	DNATR660-679	KC500633-500652	
<i>Epinephelus aeneus</i>	DNATR680-699	KC500653-500672	G
<i>Epinephelus marginatus</i>	DNATR700-719	KC500673-500692	
<i>Epinephelus tauvina</i>	DNATR720-739	KC500693-500712	
<i>Esox lucius</i>	DNATR740-759	KC500713-500732	
<i>Euthynnus alletteratus</i>	DNATR760-779	KC500733-500752	
<i>Gobius niger</i>	DNATR780-799	KC500753-500772	
<i>Homarus gammarus</i>	DNATR2020-2039	KC789154-789173	
<i>Lichia amia</i>	DNATR800-819	KC500773-500792	
<i>Lithognathus mormyrus</i>	DNATR820-839	KC500793-500812	G*
<i>Liza aurata</i>	DNATR840-859	KC500813-500832	
<i>Liza carinata</i>	DNATR860-879	KC500833-500852	B, G*
<i>Lobotes surinamensis</i>	DNATR880-899	KC500853-500872	
<i>Loligo vulgaris</i>	DNATR2040-2059	KC789174-789193	G*

Çizelge 5.3. (devam)

<b>Tür</b>	<b>BOLD no.</b>	<b>GenBank no.</b>	<b>Kayıt Durumu</b>
<i>Lophius piscatorius</i>	DNATR900-919	KC500873-500892	
<i>Maja squinado</i>	DNATR2060-2079	KC789194-789213	
<i>Marsupenaeus japonicus</i>	DNATR2080-2099	KC789214-789233	
<i>Melicertus kerathurus</i>	DNATR2100-2119	KC789234-789253	G*
<i>Merlangius merlangus</i>	DNATR920-939	KC500893-500912	
<i>Merluccius merluccius</i>	DNATR940-959	KC500913-500932	
<i>Mugil cephalus</i>	DNATR960-979	KC500933-500952	
<i>Mullus barbatus</i>	DNATR980-999	KC500953-500972	G*
<i>Mullus surmuletus</i>	DNATR1000-1019	KC500973-500992	G*
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	DNATR2120-2139	KC789254-789273	B
<i>Necora puber</i>	DNATR2140-2159	KC789274-789293	
<i>Neogobius melanostomus</i>	DNATR1020-1039	KC500993-501012	G*
<i>Nephrops norvegicus</i>	DNATR2160-2179	KC789294-789313	
<i>Oblada melanura</i>	DNATR1040-1059	KC501013-501032	G*
<i>Octopus vulgaris</i>	DNATR2180-2199	KC789314-789333	
<i>Pagellus erythrinus</i>	DNATR1060-1079	KC501033-501052	
<i>Pagrus auriga</i>	DNATR1080-1099	KC501053-501072	
<i>Pagrus pagrus</i>	DNATR1100-1119	KC501073-501092	G
<i>Palinurus elephas</i>	DNATR2200-2219	KC789334-789353	G*
<i>Pecten jacobaeus</i>	DNATR2220-2239	KC789354-789373	
<i>Platichthys flesus</i>	DNATR1120-1139	KC501093-501112	
<i>Pomatomus saltatrix</i>	DNATR1140-1159	KC501113-501132	
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	DNATR2240-2259	KC789374-789393	B
<i>Ponticola kessleri</i>	DNATR1160-1179	KC501133-501152	
<i>Rapana bezoar</i>	DNATR2260-2279	KC789394-789413	B
<i>Ruditapes decussatus</i>	DNATR2280-2299	KC789414-789433	B
<i>Salmo trutta</i>	DNATR1180-1199	KC501153-501172	G*
<i>Sander lucioperca</i>	DNATR1200-1219	KC501173-501192	G*
<i>Sarda sarda</i>	DNATR1220-1239	KC501193-501212	G*
<i>Sardina pilchardus</i>	DNATR1240-1259	KC501213-501232	
<i>Sargocentron rubrum</i>	DNATR1260-1279	KC501233-501252	



Çizelge 5.3. (devam)

<b>Tür</b>	<b>BOLD no.</b>	<b>GenBank no.</b>	<b>Kayıt Durumu</b>
<i>Sarpa salpa</i>	DNATR1280-1299	KC501253-501272	G*
<i>Saurida undosquamis</i>	DNATR1300-1319	KC501273-501292	
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	DNATR1320-1339	KC501293-501312	
<i>Scomber japonicus</i>	DNATR1340-1359	KC501313-501332	
<i>Scomber scombrus</i>	DNATR1360-1379	KC501333-501352	
<i>Scomberomorus commerson</i>	DNATR1380-1399	KC501353-501372	
<i>Scophthalmus maximus</i>	DNATR1400-1419	KC501373-501392	
<i>Scorpaena porcus</i>	DNATR1420-1439	KC501393-501412	B, G*
<i>Scorpaena scrofa</i>	DNATR1440-1459	KC501413-501432	G*
<i>Scyllarides latus</i>	DNATR2300-2319	KC789434-789453	B
<i>Scyllarus arctus</i>	DNATR2320-2339	KC789454-789473	B
<i>Sepia officinalis</i>	DNATR2340-2359	KC789474-789493	
<i>Seriola dumerili</i>	DNATR1460-1479	KC501433-501452	
<i>Serranus cabrilla</i>	DNATR1480-1499	KC501453-501472	G*
<i>Serranus scriba</i>	DNATR1500-1519	KC501473-501492	G*
<i>Silurus glanis</i>	DNATR1520-1539	KC501493-501512	
<i>Solea solea</i>	DNATR1540-1559	KC501513-501532	
<i>Sparisoma cretense</i>	DNATR1560-1579	KC501533-501552	
<i>Sparus aurata</i>	DNATR1580-1599	KC501553-501572	
<i>Sphyræna sphyraena</i>	DNATR1600-1619	KC501573-501592	G
<i>Spicara smaris</i>	DNATR1620-1639	KC501593-501612	G
<i>Spondyliosoma cantharus</i>	DNATR1640-1659	KC501613-501632	
<i>Sprattus sprattus</i>	DNATR1660-1679	KC501633-501652	
<i>Squatina squatina</i>	DNATR1680-1699	KC501653-501672	
<i>Squilla mantis</i>	DNATR2360-2379	KC789494-789513	
<i>Thunnus alalunga</i>	DNATR1700-1719	KC501673-501692	
<i>Thunnus thynnus</i>	DNATR1720-1739	KC501693-501712	
<i>Tinca tinca</i>	DNATR1740-1759	KC501713-501732	
<i>Trachinotus ovatus</i>	DNATR1760-1779	KC501733-501752	G*
<i>Trachurus mediterraneus</i>	DNATR1780-1799	KC501753-501772	G
<i>Trachurus trachurus</i>	DNATR1800-1819	KC501773-501792	

Çizelge 5.3. (devam)

<b>Tür</b>	<b>BOLD no.</b>	<b>GenBank no.</b>	<b>Kayıt Durumu</b>
<i>Trigla lyra</i>	DNATR1820-1839	KC501793-501812	G*
<i>Umbrina cirrosa</i>	DNATR1840-1859	KC501813-501832	G
<i>Upeneus moluccensis</i>	DNATR1860-1879	KC501833-501852	G*
<i>Vimba vimba</i>	DNATR1880-1899	KC501853-501872	
<i>Xiphias gladius</i>	DNATR1900-1919	KC501873-501892	
<i>Zeus faber</i>	DNATR1920-1939	KC501893-501912	

B: BOLD veri tabanında ilk kayıt, G: GenBank veri tabanında ilk kayıt, G\*: GenBank veri tabanında en az 648 baz çifti içeren ilk kayıt

### 5.2.2.1. Nükleotid kompozisyonu

Hizalanmaları gerçekleştirilen DNA dizilerinin nükleotid kompozisyonları ile ortalama A-T ve G-C içerikleri yüzde olarak beş grup altında (Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca) Çizelge 5.4.-5.8.'de verilmiştir.

Çizelge 5.4. Actinopterygii veri setindeki örneklerin nükleotid kompozisyonları (%)

	<b>A</b>	<b>C</b>	<b>G</b>	<b>T</b>	<b>A-T</b>	<b>G-C</b>
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	22,73	30,02	19,93	27,32	50,05	49,95
<i>Acipenser nudiiventris</i>	23,09	30,73	19,57	26,61	49,69	50,31
<i>Acipenser stellatus</i>	22,44	30,35	20,18	27,03	49,46	50,54
<i>Alburnus alburnus</i>	24,16	27,06	19,04	29,74	53,90	46,10
<i>Alburnus tarichi</i>	23,47	28,36	19,65	28,52	51,99	48,01
<i>Alosa alosa</i>	22,86	29,36	20,26	27,52	50,38	49,62
<i>Anguilla anguilla</i>	25,33	27,62	18,14	28,90	54,23	45,77
<i>Argyrosomus regius</i>	22,32	29,10	20,18	28,39	50,71	49,29
<i>Atherina hepsetus</i>	21,64	32,57	19,04	26,76	48,39	51,61
<i>Auxis thazard</i>	23,59	28,78	18,39	29,24	52,83	47,17
<i>Balistes capriscus</i>	23,85	27,68	17,89	30,58	54,43	45,57

Çizelge 5.4. (devam)

	A	C	G	T	A-T	G-C
<i>Belone belone</i>	25,89	23,80	15,55	34,76	60,65	39,35
<i>Boops boops</i>	23,70	28,98	17,97	29,36	53,06	46,94
<i>Capoeta capoeta</i>	27,06	29,36	16,82	26,76	53,82	46,18
<i>Chelidonichthys cuculus</i>	21,14	32,19	19,07	27,60	48,74	51,26
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	21,44	31,57	18,92	28,06	49,50	50,50
<i>Citharus linguatula</i>	23,93	26,99	18,96	30,12	54,05	45,95
<i>Clarias gariepinus</i>	27,06	26,15	17,74	29,05	56,12	43,88
<i>Cyprinus carpio</i>	26,45	28,06	17,35	28,13	54,59	45,41
<i>Dentex dentex</i>	23,21	27,71	18,65	30,43	53,64	46,36
<i>Dentex macrophthalmus</i>	21,97	28,19	19,67	30,17	52,14	47,86
<i>Dicentrarchus labrax</i>	22,32	27,98	18,96	30,73	53,06	46,94
<i>Diplodus annularis</i>	24,57	27,37	17,89	30,17	54,74	45,26
<i>Diplodus cervinus</i>	24,11	26,40	18,91	30,58	54,69	45,31
<i>Diplodus puntazzo</i>	24,54	26,53	17,74	31,19	55,73	44,27
<i>Diplodus sargus</i>	23,82	27,40	18,47	30,31	54,13	45,87
<i>Diplodus vulgaris</i>	23,55	26,22	19,27	30,96	54,51	45,49
<i>Dussumieria elopsoides</i>	24,16	25,69	19,57	30,58	54,74	45,26
<i>Engraulis encrasicolus</i>	25,13	26,04	18,45	30,38	55,50	44,50
<i>Epinephelus aeneus</i>	25,00	27,94	17,51	29,55	54,55	45,45
<i>Epinephelus marginatus</i>	24,31	27,49	17,74	30,46	54,77	45,23
<i>Epinephelus tauvina</i>	24,62	27,37	17,89	30,12	54,74	45,26
<i>Esox lucius</i>	23,24	26,83	17,28	32,65	55,89	44,11
<i>Euthynnus alletteratus</i>	22,63	28,49	19,11	29,77	52,40	47,60
<i>Gobius niger</i>	22,67	29,20	18,65	29,47	52,14	47,86
<i>Lichia amia</i>	23,96	25,38	18,09	32,57	56,52	43,48
<i>Lithognathus mormyrus</i>	21,64	27,48	20,41	30,47	52,10	47,90
<i>Liza aurata</i>	23,70	28,80	18,35	29,15	52,85	47,15
<i>Liza carinata</i>	22,48	28,98	18,65	29,89	52,37	47,63
<i>Lobotes surinamensis</i>	22,51	28,23	18,23	31,04	53,55	46,45
<i>Lophius piscatorius</i>	23,09	30,43	18,60	27,88	50,97	49,03
<i>Merlangius merlangus</i>	24,97	25,28	16,51	33,23	58,21	41,79

Çizelge 5.4. (devam)

	A	C	G	T	A-T	G-C
<i>Merluccius merluccius</i>	22,78	33,72	18,20	25,31	48,09	51,91
<i>Mugil cephalus</i>	24,62	26,66	17,69	31,04	55,66	44,34
<i>Mullus barbatus</i>	21,10	29,28	19,42	30,20	51,30	48,70
<i>Mullus surmuletus</i>	20,64	30,96	19,34	29,05	49,69	50,31
<i>Neogobius melanostomus</i>	21,48	29,36	19,88	29,28	50,76	49,24
<i>Oblada melanura</i>	23,09	28,71	18,96	29,24	52,33	47,67
<i>Pagellus erythrinus</i>	22,68	27,12	18,86	31,35	54,03	45,97
<i>Pagrus auriga</i>	23,39	26,76	18,96	30,89	54,28	45,72
<i>Pagrus pagrus</i>	23,19	27,47	18,86	30,48	53,67	46,33
<i>Platichthys flesus</i>	24,08	29,05	19,19	27,68	51,76	48,24
<i>Pomatomus saltatrix</i>	23,61	28,04	18,65	29,69	53,30	46,70
<i>Ponticola kessleri</i>	23,55	27,29	18,43	30,73	54,28	45,72
<i>Salmo trutta</i>	22,52	30,01	17,81	29,66	52,18	47,82
<i>Sander lucioperca</i>	24,01	27,22	17,89	30,89	54,89	45,11
<i>Sarda sarda</i>	23,34	28,75	17,84	30,07	53,41	46,59
<i>Sardina pilchardus</i>	20,57	28,59	21,98	28,86	49,43	50,57
<i>Sargocentron rubrum</i>	24,16	25,92	18,12	31,80	55,96	44,04
<i>Sarpa salpa</i>	23,50	27,98	18,76	29,77	53,26	46,74
<i>Saurida undosquamis</i>	20,03	30,58	20,23	29,15	49,18	50,82
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	25,17	25,78	19,05	30,00	55,17	44,83
<i>Scomber japonicus</i>	22,91	30,24	19,05	27,80	50,70	49,30
<i>Scomber scombrus</i>	23,33	28,87	18,10	29,69	53,03	46,97
<i>Scomberomorus commerson</i>	23,50	28,75	17,84	29,92	53,41	46,59
<i>Scophthalmus maximus</i>	22,17	27,29	19,19	31,35	53,52	46,48
<i>Scorpaena porcus</i>	24,92	27,71	18,27	29,09	54,01	45,99
<i>Scorpaena scrofa</i>	24,92	26,76	17,89	30,43	55,35	44,65
<i>Seriola dumerili</i>	23,20	28,67	19,19	28,94	52,14	47,86
<i>Serranus cabrilla</i>	23,34	25,64	19,47	31,55	54,89	45,11
<i>Serranus scriba</i>	24,31	26,15	17,89	31,65	55,96	44,04
<i>Silurus glanis</i>	24,16	29,82	18,96	27,06	51,22	48,78
<i>Solea solea</i>	24,69	29,97	16,90	28,44	53,13	46,87

Çizelge 5.4. (devam)

	A	C	G	T	A-T	G-C
<i>Sparisoma cretense</i>	23,55	29,43	18,65	28,36	51,91	48,09
<i>Sparus aurata</i>	23,96	26,96	17,94	31,14	55,10	44,90
<i>Sphyraena sphyraena</i>	24,62	26,57	18,50	30,31	54,93	45,07
<i>Spicara smaris</i>	23,70	27,75	17,35	31,19	54,89	45,11
<i>Spondylisoma cantharus</i>	23,18	29,39	18,41	29,02	52,20	47,80
<i>Sprattus sprattus</i>	24,01	27,17	19,22	29,61	53,62	46,38
<i>Thunnus alalunga</i>	24,01	27,98	18,91	29,10	53,11	46,89
<i>Thunnus thynnus</i>	24,06	28,08	18,71	29,15	53,21	46,79
<i>Tinca tinca</i>	26,15	25,84	17,43	30,58	56,73	43,27
<i>Trachinotus ovatus</i>	24,31	27,45	17,81	30,43	54,74	45,26
<i>Trachurus mediterraneus</i>	23,39	25,92	19,19	31,50	54,89	45,11
<i>Trachurus trachurus</i>	23,19	26,20	19,01	31,60	54,79	45,21
<i>Trigla lyra</i>	22,02	31,19	18,62	28,17	50,19	49,81
<i>Umbrina cirrosa</i>	22,83	29,31	18,96	28,90	51,73	48,27
<i>Upeneus moluccensis</i>	23,96	27,22	19,16	29,66	53,62	46,38
<i>Vimba vimba</i>	25,38	27,37	17,89	29,36	54,74	45,26
<i>Xiphias gladius</i>	22,90	29,89	18,31	28,90	51,80	48,20
<i>Zeus faber</i>	24,11	27,73	17,48	30,68	54,79	45,21
<b>Ortalama</b>	<b>23,55</b>	<b>28,14</b>	<b>18,59</b>	<b>29,72</b>	<b>53,27</b>	<b>46,73</b>

Çizelge 5.5. Arthropoda veri setindeki örneklerin nükleotid kompozisyonları (%)

	A	C	G	T	A-T	G-C
<i>Callinectes sapidus</i>	25,23	22,02	17,13	35,63	60,86	39,14
<i>Cancer pagurus</i>	25,69	20,95	17,81	35,55	61,24	38,76
<i>Carcinus aestuarii</i>	25,54	18,04	19,42	37,00	62,54	37,46
<i>Homarus gammarus</i>	27,91	20,64	17,97	33,49	61,39	38,61
<i>Maja squinado</i>	25,79	20,59	18,14	35,47	61,26	38,74
<i>Marsupenaeus japonicus</i>	26,55	18,45	19,11	35,88	62,44	37,56
<i>Melicertus kerathurus</i>	25,08	19,04	20,34	35,55	60,63	39,37
<i>Necora puber</i>	24,92	18,43	17,97	38,69	63,61	36,39

Çizelge 5.5. (devam)

	<b>A</b>	<b>C</b>	<b>G</b>	<b>T</b>	<b>A-T</b>	<b>G-C</b>
<i>Nephrops norvegicus</i>	27,98	16,82	18,50	36,70	64,68	35,32
<i>Palinurus elephas</i>	26,99	21,87	17,51	33,64	60,63	39,37
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	25,38	15,29	20,18	39,14	64,53	35,47
<i>Scyllarides latus</i>	25,23	20,39	18,91	35,47	60,70	39,30
<i>Scyllarus arctus</i>	26,15	22,63	19,42	31,80	57,95	42,05
<i>Squilla mantis</i>	26,83	18,27	19,04	35,86	62,69	37,31
<b>Ortalama</b>	<b>26,09</b>	<b>19,53</b>	<b>18,67</b>	<b>35,71</b>	<b>61,80</b>	<b>38,20</b>

Çizelge 5.6. Chondrichthyes veri setindeki örneğin nükleotid kompozisyonu (%)

	<b>A</b>	<b>C</b>	<b>G</b>	<b>T</b>	<b>A-T</b>	<b>G-C</b>
<i>Squatina squatina</i>	25,42	24,39	16,67	33,52	58,94	41,06

Çizelge 5.7. Cnidaria veri setindeki örneğin nükleotid kompozisyonu (%)

	<b>A</b>	<b>C</b>	<b>G</b>	<b>T</b>	<b>A-T</b>	<b>G-C</b>
<i>Aurelia aurita</i>	24,96	20,31	19,24	35,50	60,46	39,54

Çizelge 5.8. Mollusca veri setindeki örneklerin nükleotid kompozisyonları (%)

	<b>A</b>	<b>C</b>	<b>G</b>	<b>T</b>	<b>A-T</b>	<b>G-C</b>
<i>Loligo vulgaris</i>	28,95	17,33	16,11	37,61	66,56	33,44
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	25,69	15,14	22,94	36,24	61,93	38,07
<i>Octopus vulgaris</i>	28,81	19,85	14,37	36,97	65,78	34,22
<i>Pecten jacobaeus</i>	19,11	15,14	23,70	42,05	61,16	38,84
<i>Rapana bezoar</i>	23,09	16,21	20,18	40,52	63,61	36,39
<i>Ruditapes decussatus</i>	21,87	15,29	23,17	39,68	61,54	38,46
<i>Sepia officinalis</i>	25,89	19,27	17,07	37,77	63,66	36,34
<b>Ortalama</b>	<b>24,77</b>	<b>16,89</b>	<b>19,65</b>	<b>38,69</b>	<b>63,46</b>	<b>36,54</b>

### 5.2.2.2. Nükleotid çifti frekansı analizi

DNA dizilerinin farklı veri setlerine ayrılmış nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları Çizelge 5.9.-5.12.'de gösterilmiştir. Analizler tüm örneklerin bir arada değerlendirilmesi ve şubeler altına ayrılarak değerlendirilmesi şeklinde gerçekleştirilmiştir. Chondrichthyes ve Cnidaria grupları tek bir tür ile temsil edildiğinden bu grup altında bulunan *S. squatina* ve *A. aurita* tüm örneklerin bir arada analiz edildiği veri setinde değerlendirilmiştir.

Çizelge 5.9. Tüm örneklere ilişkin veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları

<b>Korunmuş Bölgeler</b>	162/654	
<b>Değişken Bölgeler</b>	492/654	
<b>Parsimoni Anlamli Bölgeler</b>	430/654	
<b>Tekrar Bölgeleri</b>	62/654	
	<b>Ortalama</b>	<b>Kodon 1/2/3</b>
<b>Eş Çiftler (ii)</b>	504	194/211/99
<b>Transisyonel Çiftler (si)</b>	81	16/3/62
<b>Transversiyonel Çiftler (sv)</b>	69	7/5/57
<b>R (si/sv)</b>	1,17	2,20/0,55/1,09

Çizelge 5.10. Actinopterygii veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları

<b>Korunmuş Bölgeler</b>	283/654	
<b>Değişken Bölgeler</b>	371/654	
<b>Parsimoni Anlamli Bölgeler</b>	342/654	
<b>Tekrar Bölgeleri</b>	29/654	
	<b>Ortalama</b>	<b>Kodon 1/2/3</b>
<b>Eş Çiftler (ii)</b>	525	205/216/104
<b>Transisyonel Çiftler (si)</b>	74	10/1/62
<b>Transversiyonel Çiftler (sv)</b>	56	3/2/51
<b>R (si/sv)</b>	1,32	3,79/0,50/1,22

Çizelge 5.11. Arthropoda veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları

<b>Korunmuş Bölgeler</b>	363/654	
<b>Değişken Bölgeler</b>	291/654	
<b>Parsimoni Anlamlı Bölgeler</b>	274/654	
<b>Tekrar Bölgeleri</b>	17/654	
	<b>Ortalama</b>	<b>Kodon 1/2/3</b>
<b>Eş Çiftler (ii)</b>	526	197/213/116
<b>Transisyonel Çiftler (si)</b>	66	16/2/47
<b>Transversiyonel Çiftler (sv)</b>	62	5/2/55
<b>R (si/sv)</b>	1,06	3,22/1,17/0,86

Çizelge 5.12. Mollusca veri setinin kullanıldığı nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları

<b>Korunmuş Bölgeler</b>	226/654	
<b>Değişken Bölgeler</b>	428/654	
<b>Parsimoni Anlamlı Bölgeler</b>	338/654	
<b>Tekrar Bölgeleri</b>	90/654	
	<b>Ortalama</b>	<b>Kodon 1/2/3</b>
<b>Eş Çiftler (ii)</b>	483	172/195/116
<b>Transisyonel Çiftler (si)</b>	74	23/9/42
<b>Transversiyonel Çiftler (sv)</b>	97	22/14/60
<b>R (si/sv)</b>	0,76	1,03/0,62/0,69

### 5.2.2.3. Kodon kullanımı

DNA dizi analizi sonrasında elde edilen 654 baz çiftlik nükleotid dizilerinin ortak veri seti ve şubelere ayrılmış veri setleri kullanılarak analizi sonrasında tespit edilen kodon frekansları ve RSCU oranları Çizelge 5.13.-5.16.'da verilmiştir.



Çizelge 5.13. Ortak veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları

Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU
UUU(F)	6,8	0,95	CCA(P)	4,6	1,25	GAU(D)	2,3	0,65
UUC(F)	7,4	1,05	CCG(P)	0,9	0,25	GAC(D)	4,8	1,35
UUA(L)	6	1,03	ACU(T)	3,2	1	GAA(E)	1,7	1,58
UUG(L)	1	0,18	ACC(T)	3,1	0,97	GAG(E)	0,4	0,42
CUU(L)	9,8	1,69	ACA(T)	5,7	1,76	UGU(C)	0	1,2
CUC(L)	6,5	1,11	ACG(T)	0,9	0,27	UGC(C)	0	0,8
CUA(L)	8,4	1,46	GCU(A)	6,5	1,14	UGA(W)	4,1	1,63
CUG(L)	3,1	0,54	GCC(A)	8,8	1,56	UGG(W)	0,9	0,37
AUU(I)	12,3	1,4	GCA(A)	6,4	1,12	CGU(R)	0,5	0,65
AUC(I)	5,3	0,6	GCG(A)	1	0,18	CGC(R)	0,2	0,19
AUA(I)	7	1,2	UAU(Y)	2,6	1,08	CGA(R)	2,4	2,89
AUG(M)	4,7	0,8	UAC(Y)	2,2	0,92	CGG(R)	0,2	0,27
GUU(V)	5	1,41	<b>UAA(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGU(S)	1	0,61
GUC(V)	2,7	0,76	<b>UAG(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGC(S)	2,2	1,35
GUA(V)	5,6	1,57	CAU(H)	1,5	0,76	<b>AGA(**)</b>	<b>0,1</b>	<b>0,07</b>
GUG(V)	0,9	0,26	CAC(H)	2,5	1,24	<b>AGG(**)</b>	<b>0</b>	<b>0,02</b>
UCU(S)	3,1	1,86	CAA(Q)	3,2	1,36	GGU(G)	4,5	0,86
UCC(S)	2,9	1,75	CAG(Q)	1,5	0,64	GGC(G)	3,1	0,58
UCA(S)	3,3	1,99	AAU(N)	4,1	0,92	GGA(G)	8,6	1,64
UCG(S)	0,6	0,36	AAC(N)	4,9	1,08	GGG(G)	4,9	0,92
CCU(P)	4,6	1,26	AAA(K)	0,8	1,75			
CCC(P)	4,6	1,24	AAG(K)	0,1	0,25			

\* Stop kodonlar koyu olarak gösterilmiştir. Kodonlar omurgalı mitokondriyal genomuna göre kodlanmıştır

\*\* AGA ve ACG kodonlarının RSCU oranlarında tespit edilen sırasıyla 0,07 ve 0,02 değerleri omurgasızlar grubundan canlı türlerinin nükleotid dizilerinden kaynaklanmaktadır. Omurgasızlarda AGA ve AGG kodonları mitokondriyal genomda stop kodunu ile sonuçlanmamaktadır. Tüm veri seti değerlendirilirken omurgalı canlılar ağırlıkta olduğundan omurgalılara göre kodon kodlaması yapılmıştır.

Çizelge 5.14. Actinopterygii veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları

Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU
UUU(F)	6,1	0,88	CCA(P)	4,7	1,26	GAU(D)	1,9	0,56
UUC(F)	7,8	1,12	CCG(P)	0,9	0,25	GAC(D)	5	1,44
UUA(L)	4,3	0,74	ACU(T)	2,8	0,87	GAA(E)	1,6	1,55
UUG(L)	0,8	0,13	ACC(T)	3,2	1	GAG(E)	0,5	0,45
CUU(L)	10,3	1,76	ACA(T)	6	1,85	UGU(C)	0	2
CUC(L)	7,2	1,23	ACG(T)	0,9	0,28	UGC(C)	0	0
CUA(L)	8,9	1,53	GCU(A)	6,3	1,06	UGA(W)	4,1	1,62
CUG(L)	3,6	0,61	GCC(A)	9,9	1,67	UGG(W)	0,9	0,38
AUU(I)	12,2	1,36	GCA(A)	6,4	1,09	CGU(R)	0,4	0,5
AUC(I)	5,8	0,64	GCG(A)	1,1	0,18	CGC(R)	0,2	0,21
AUA(M)	5,9	1,07	UAU(Y)	2,6	1,05	CGA(R)	2,3	3,02
AUG(M)	5,2	0,93	UAC(Y)	2,3	0,95	CGG(R)	0,2	0,27
GUU(V)	4,6	1,32	<b>UAA(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGU(S)	0,5	0,26
GUC(V)	3	0,85	<b>UAG(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGC(S)	2,5	1,2
GUA(V)	5,5	1,59	CAU(H)	1,4	0,68	<b>AGA(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
GUG(V)	0,8	0,23	CAC(H)	2,7	1,32	<b>AGG(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
UCU(S)	2,8	1,31	CAA(Q)	3,2	1,32	GGU(G)	4,2	0,81
UCC(S)	3,1	1,47	CAG(Q)	1,7	0,68	GGC(G)	3,4	0,66
UCA(S)	3,2	1,49	AAU(N)	3,7	0,83	GGA(G)	8,2	1,57
UCG(S)	0,6	0,27	AAC(N)	5,3	1,17	GGG(G)	5	0,97
CCU(P)	4,3	1,14	AAA(K)	0,9	1,75			
CCC(P)	5	1,35	AAG(K)	0,1	0,25			

\* Stop kodonlar koyu olarak gösterilmiştir. Kodonlar omurgalı mitokondriyal genomuna göre kodlanmıştır

Çizelge 5.15. Arthropoda veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları

Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU
UUU(F)	9,6	1,24	CCA(P)	3,8	1,17	GAU(D)	4	1,05
UUC(F)	5,9	0,76	CCG(P)	0,7	0,22	GAC(D)	3,6	0,95
UUA(L)	13	2,51	ACU(T)	5,6	1,79	GAA(E)	1,9	1,79
UUG(L)	1,5	0,29	ACC(T)	2,5	0,79	GAG(E)	0,2	0,21
CUU(L)	7,3	1,41	ACA(T)	4	1,25	UGU(C)	0	0
CUC(L)	2,8	0,54	ACG(T)	0,5	0,17	UGC(C)	0	0
CUA(L)	5,9	1,14	GCU(A)	8,2	1,71	UGA(W)	4,5	1,79
CUG(L)	0,5	0,1	GCC(A)	3,5	0,73	UGG(W)	0,5	0,21
AUU(I)	11,6	1,6	GCA(A)	6,1	1,28	CGU(R)	1,9	1,59
AUC(I)	2,9	0,4	GCG(A)	1,4	0,28	CGC(R)	0,1	0,09
AUA(M)	14,3	1,74	UAU(Y)	2,8	1,34	CGA(R)	2,5	2,14
AUG(M)	2,2	0,26	UAC(Y)	1,4	0,66	CGG(R)	0,2	0,18
GUU(V)	8,4	1,87	<b>UAA(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGU(S)	3,8	2,03
GUC(V)	1,6	0,36	<b>UAG(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGC(S)	0,3	0,15
GUA(V)	6,8	1,5	CAU(H)	2,3	1,11	AGA(S)	0,5	0,27
GUG(V)	1,2	0,27	CAC(H)	1,8	0,89	AGG(S)	0,2	0,1
UCU(S)	4,4	2,38	CAA(Q)	3	1,78	GGU(G)	5	0,85
UCC(S)	1	0,54	CAG(Q)	0,4	0,22	GGC(G)	1,3	0,23
UCA(S)	4,1	2,21	AAU(N)	6	1,43	GGA(G)	13,2	2,27
UCG(S)	0,6	0,31	AAC(N)	2,4	0,57	GGG(G)	3,8	0,65
CCU(P)	6,5	1,98	AAA(K)	0,1	2			
CCC(P)	2,1	0,63	AAG(K)	0	0			

\* Stop kodonlar koyu olarak gösterilmiştir. Kodonlar omurgasız mitokondriyal genomuna göre kodlanmıştır

Çizelge 5.16. Mollusca veri setinin analizi sonucunda oluşan kodonlar, frekansları ve RSCU oranları

Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU	Kodon	Frekans	RSCU
UUU(F)	12,4	1,51	CCA(P)	4,3	1,27	GAU(D)	0,1	0,25
UUC(F)	4,1	0,49	CCG(P)	0,9	0,28	GAC(D)	4,4	1,23
UUA(L)	17,9	2,97	ACU(T)	5,4	1,71	GAA(E)	2,8	0,77
UUG(L)	3,6	0,6	ACC(T)	1,8	0,56	GAG(E)	3	1,66
CUU(L)	6,3	1,04	ACA(T)	4,3	1,37	UGU(C)	0,1	0,67
CUC(L)	2,1	0,34	ACG(T)	1,1	0,36	UGC(C)	0,3	1,33
CUA(L)	5,5	0,91	GCU(A)	6,4	1,89	UGA(W)	3,9	1,33
CUG(L)	0,8	0,13	GCC(A)	1,4	0,4	UGG(W)	2	0,67
AUU(I)	14,1	1,79	GCA(A)	5	1,47	CGU(R)	0,8	0,6
AUC(I)	1,7	0,21	GCG(A)	0,8	0,24	CGC(R)	0,3	0,2
AUA(M)	11,8	1,67	UAU(Y)	2,9	1,23	CGA(R)	3,5	2,8
AUG(M)	2,3	0,33	UAC(Y)	1,8	0,77	CGG(R)	0,5	0,4
GUU(V)	5,9	1,8	<b>UAA(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGU(S)	3,5	1,58
GUC(V)	0,9	0,27	<b>UAG(*)</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	AGC(S)	0,6	0,25
GUA(V)	4,7	1,44	CAU(H)	2,6	1,24	AGA(S)	1,2	0,54
GUG(V)	1,6	0,5	CAC(H)	1,6	0,76	AGG(S)	0,2	0,08
UCU(S)	5,5	2,48	CAA(Q)	2,1	1,84	GGU(G)	8,3	1,56
UCC(S)	1,8	0,82	CAG(Q)	0,2	0,16	GGC(G)	0,5	0,09
UCA(S)	4,1	1,83	AAU(N)	6,8	1,4	GGA(G)	8,5	1,6
UCG(S)	0,9	0,42	AAC(N)	2,9	0,6	GGG(G)	3,9	0,74
CCU(P)	6,8	2,02	AAA(K)	0,9	1,75			
CCC(P)	1,4	0,43	AAG(K)	2,9	1,23			

\* Stop kodonlar **koyu** olarak gösterilmiştir. Kodonlar omurgasız mitokondriyal genomuna göre kodlanmıştır

#### 5.2.2.4. Nükleotid substitüsyon modelinin belirlenmesi

Filogenetik analizlerde kullanılacak substitüsyon modelinin belirlenmesi için tüm modellerin BIC, AICc ve lnL değerleri hesaplanmıştır. Yapılan hesaplamalar sonucunda veri setinin substitüsyon yapısını en iyi yansıtacak model olarak en düşük BIC değerine sahip olan GTR+G+I modeli belirlenmiştir. Analiz edilen modellerin hesaplanan BIC, AICc ve lnL değerleri Çizelge 5.17.'de verilmiştir.

Çizelge 5.17. Nükleotid substitüsyon modellerinin BIC, AICc ve lnL değerleri

<b>Model</b>	<b>BIC</b>	<b>AICc</b>	<b>lnL</b>
GTR+G+I	75668,81	68995,12	-33844,54
TN93+G+I	75785,73	69142,77	-33921,38
HKY+G+I	75815,92	69183,21	-33942,61
GTR+G	75904,91	69241,46	-33968,72
TN93+G	75932,40	69299,69	-34000,85
HKY+G	75963,87	69341,41	-34022,71
T92+G+I	76190,42	69578,20	-34142,11
T92+G	76342,70	69740,72	-34224,38
K2+G+I	76622,10	70020,12	-34364,08
K2+G	76776,26	70184,54	-34447,30
JC+G+I	79860,36	73268,63	-35989,34
JC+G	79998,56	73417,08	-36064,57
GTR+I	84745,68	78082,23	-38389,10
TN93+I	85055,81	78423,10	-38562,55
HKY+I	85070,88	78448,41	-38576,21
T92+I	85416,65	78814,67	-38761,36
K2+I	85501,73	78910,00	-38810,03
JC+I	88245,03	81663,54	-40187,80
GTR	89465,45	82812,25	-40755,12
TN93	89814,56	83192,09	-40948,05
HKY	89823,93	83211,71	-40958,87
T92	90128,56	83536,83	-41123,44
K2	90262,64	83681,16	-41196,61
JC	92916,16	86344,92	-42529,50

GTR: General Time Reversible; HKY: Hasegawa-Kishino-Yano; TN93: Tamura-Nei; T92: Tamura 3-parameter; K2: Kimura 2-parameter; JC: Jukes-Cantor; +G: Gama dağılımı; +I: Evrimsel sabit.

### 5.2.2.5. Substitüsyon matrisi ve transisyon/transversiyon oranı (R)

Ortak veri seti ve şubelere ayrılmış veri setlerinden GTR+G+I modeli kullanılarak hesaplanan substitüsyon oranları ve transisyon/transversiyon oranı (R) Çizelge 5.18.-5.21.'de gösterilmiştir. Transisyonlar koyu olarak gösterilmiştir. Sonuçların kolay anlaşılır olabilmesi için substitüsyon değerlerinin toplamı 100 olacak şekilde düzenlenmiştir.

Çizelge 5.18. Ortak veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi

	<b>A</b>	<b>T</b>	<b>C</b>	<b>G</b>
<b>A</b>	-	7,06	2,95	<b>11,52</b>
<b>T</b>	5,47	-	<b>20,03</b>	1,54
<b>C</b>	2,62	<b>22,95</b>	-	3,46
<b>G</b>	<b>14,82</b>	2,55	5,01	-

Hesaplama da kullanılan nükleotid frekansları: A=%23,84, T=%30,77, C=%26,85 ve G=%18,54. Transisyon oranları **koyu** olarak gösterilmiştir. Transisyon/Transversiyon oranı (R) 2,35 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.19. Actinopterygii veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi

	<b>A</b>	<b>T</b>	<b>C</b>	<b>G</b>
<b>A</b>	-	5,32	3,71	<b>12,59</b>
<b>T</b>	4,19	-	<b>20,59</b>	2,90
<b>C</b>	3,09	<b>21,75</b>	-	2,14
<b>G</b>	<b>15,86</b>	4,64	3,24	-

Hesaplama da kullanılan nükleotid frekansları: A=%23,44, T=%29,77, C=%28,18 ve G=%18,60. Transisyon oranları **koyu** olarak gösterilmiştir. Transisyon/Transversiyon oranı (R) 2,54 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.20. Arthropoda veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi

	A	T	C	G
A	-	11,38	0,74	<b>8,11</b>
T	8,35	-	<b>15,03</b>	3,46
C	0,97	<b>26,85</b>	-	3,46
G	<b>11,36</b>	6,60	3,69	-

Hesaplamada kullanılan nükleotid frekansları: A=%26,04, T=%35,49, C=%19,86 ve G=%18,61. Transisyon oranları **koyu** olarak gösterilmiştir. Transisyon/Transversiyon oranı (R) 1,47 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.21. Mollusca veri seti kullanılarak oluşturulan nükleotid substitüsyon matrisi

	A	T	C	G
A	-	12,40	1,85	<b>10,30</b>
T	8,55	-	<b>10,39</b>	1,98
C	2,72	<b>22,12</b>	-	5,11
G	<b>15,22</b>	4,23	5,14	-

Hesaplamada kullanılan nükleotid frekansları: A=%26,26, T=%38,07, C=%17,88 ve G=%17,78. Transisyon oranları **koyu** olarak gösterilmiştir. Transisyon/Transversiyon oranı (R) 1,23 olarak hesaplanmıştır.

#### 5.2.2.6. Neutrality testi

Kodon temelli Z-testi yöntemi kullanılarak, 114 türden 322 haplotip arasında hesaplanan ve toplam 103.362 farklı karşılaştırmayı içeren baz substitüsyonlarının değerlendirilmesinde sadece iki tür arasındaki genetik uzaklık, istatistiksel olarak anlamsız olarak sonuçlanmıştır. Diğer tüm karşılaştırmalar (Tür içi ve farklı şubeler arasındaki karşılaştırmalar hariç) 0,05 değerinden küçük P değerlerine sahip olduğundan istatistiksel olarak anlamlı olarak kabul edilmiştir. İstatistiksel olarak anlamlı kabul edilmeyen karşılaştırmalar Çizelge 5.22.'de verilmiştir.

Çizelge 5.22. Kodon temelli Z-testi (ZT) yöntemi kullanılarak elde edilen ve P değerleri 0,05'den büyük hesaplanan karşılaştırmalar

1.Tür	2.Tür	P (ZT)
<i>Trachurus mediterraneus</i> 1	<i>Trachurus trachurus</i> 1	0,063
<i>Trachurus mediterraneus</i> 2	<i>Trachurus trachurus</i> 1	0,080

### 5.2.2.7. Genetik uzaklık

Ortalama K2P genetik uzaklık 114 türden 322 haplotipin tamamı için 0,2838, Actinopterygii veri seti için 0,2333, Arthropoda veri setinde 0,2304 ve Mollusca veri setinde 0,3493 olarak hesaplanmıştır. Gruplara (Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca) göre oluşturulan veri setlerine ilişkin grup içi genetik uzaklık ve gruplar arası genetik uzaklık değerleri hesaplanarak Çizelge 5.23.-5.24.'te verilmiştir. Farklı taksonomik seviyelerde gruplara ve veri setlerine göre hesaplanan genetik farklılık değerleri Çizelge 5.25.-5.27.'de ve grafikler Şekil 5.4.-5.8.'de gösterilmiştir. Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca veri setlerinde aynı cins, familya ve takımdan farklı türler bulunmadığı için bu veri setlerine ilişkin hesaplama yapılmamıştır. Neutrality testi sonucunda istatistiksel olarak anlamlı olmadığı hesaplanan karşılaştırmalar genetik uzaklık analizlerinde kullanılmamıştır.

Çizelge 5.23. Veri setlerine göre oluşturulan ortalama K2P genetik uzaklık değerleri

	d	S.H.
<b>Actinopterygii</b>	0,2333	0,0137
<b>Arthropoda</b>	0,2304	0,0142
<b>Chondrichthyes*</b>	0,0041	0,0017
<b>Cnidaria*</b>	0,0092	0,0035
<b>Mollusca</b>	0,3493	0,0175

d: genetik uzaklık, S.H.: standart hata

\*Chondrichthyes ve Cnidaria veri setleri tek tür ile temsil edildiğinden gösterilen değer *Squatina squatina* ve *Aurelia aurita* türü için tür içi genetik varyasyon değeridir.



Çizelge 5.24. Veri setlerine göre oluşturulan gruplar arası K2P genetik uzaklık matrisi

	Actinopterygii	Arthropoda	Chondrichthyes	Cnidaria	Mollusca
Actinopterygii		<b>0,0287</b>	<b>0,0235</b>	<b>0,0255</b>	<b>0,0200</b>
Arthropoda	0,4603		<b>0,0261</b>	<b>0,0241</b>	<b>0,0344</b>
Chondrichthyes	0,3952	0,4366		<b>0,0199</b>	<b>0,0239</b>
Cnidaria	0,4751	0,4581	0,3943		<b>0,0253</b>
Mollusca	0,3007	0,4561	0,3621	0,4260	

Standart hatalar **koyu** olarak gösterilmiştir.

Çizelge 5.25. Tüm veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri

Taksonomik Seviye	En Küçük	En Büyük	Ortalama	Standart Hata
Aynı Tür	0,0015	0,0271	0,0063	0,0004
Aynı Cins	0,0124	0,1703	0,0969	0,0026
Aynı Familya	0,0865	0,2653	0,1640	0,0007
Aynı Takım	0,1061	0,3212	0,2298	0,0003

Çizelge 5.26. Actinopterygii veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri

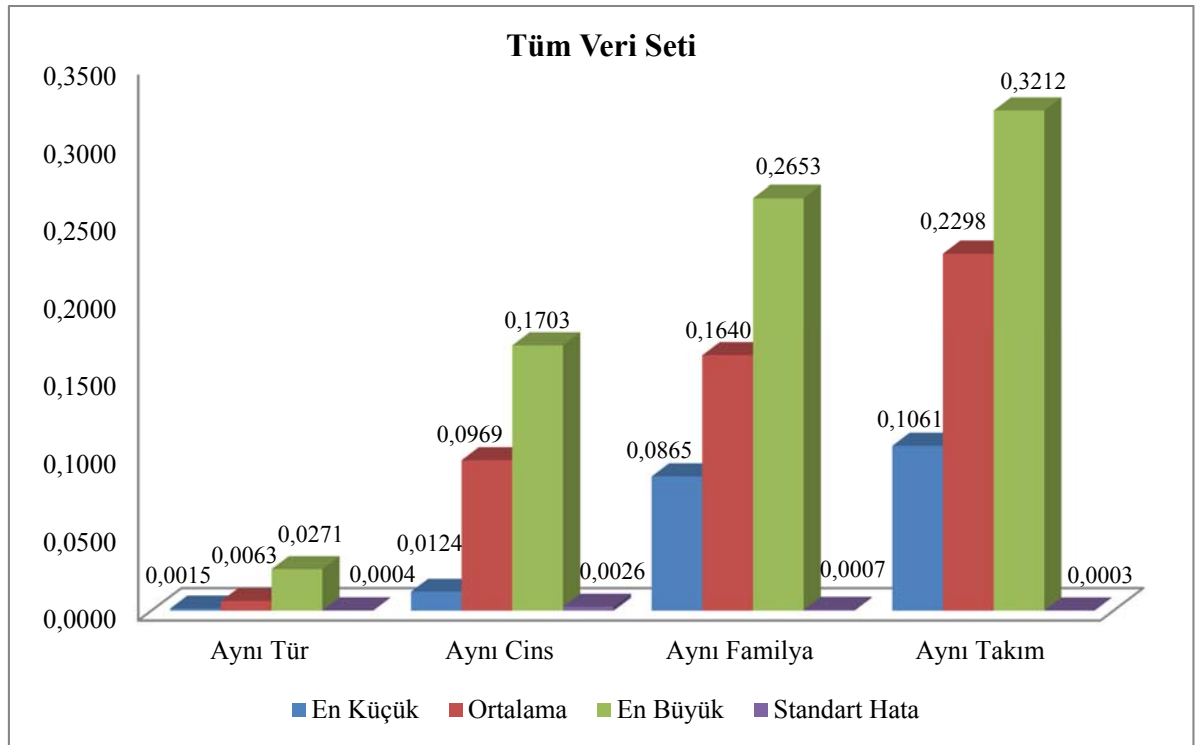
Taksonomik Seviye	En Küçük	En Büyük	Ortalama	Standart Hata
Aynı Tür	0,0015	0,0271	<b>0,0059</b>	0,0004
Aynı Cins	0,0124	0,1703	0,0969	0,0026
Aynı Familya	0,0865	<b>0,2491</b>	<b>0,1636</b>	0,0007
Aynı Takım	0,1061	0,3212	0,2298	0,0003

Tüm veri seti kullanılarak hesaplanan değerlerden sapmalar **koyu** olarak gösterilmiştir.

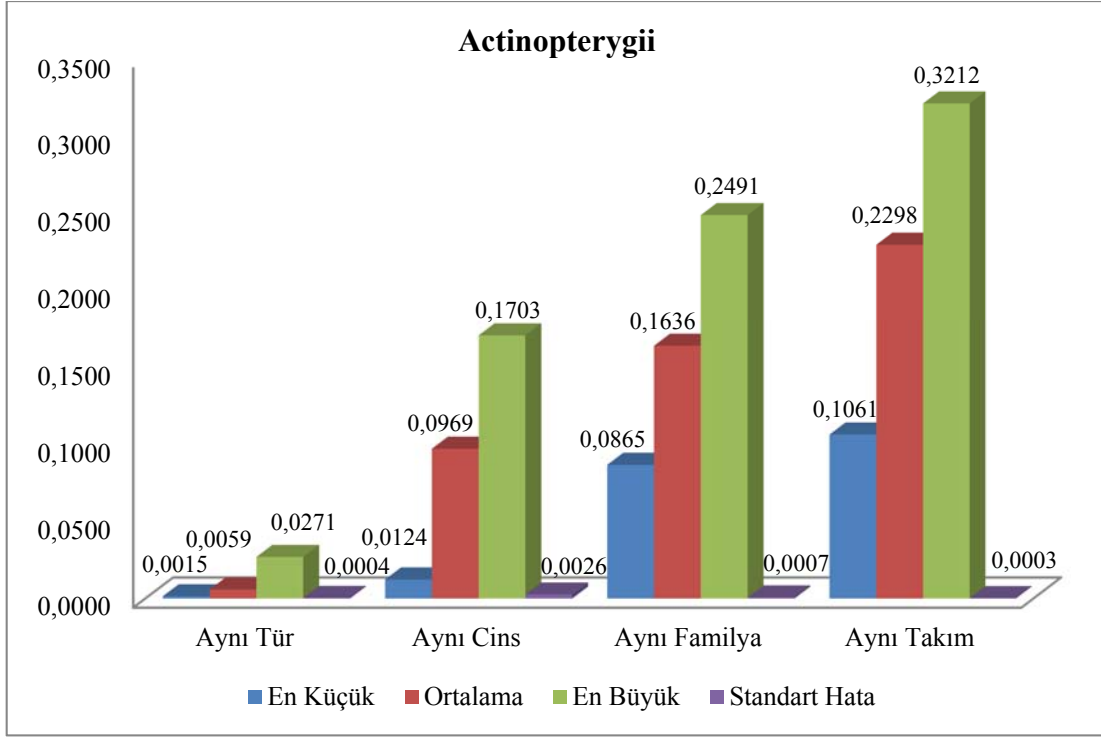
Çizelge 5.27. Arthropoda veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri

Taksonomik Seviye	En Küçük	En Büyük	Ortalama	Standart Hata
Aynı Tür	<b>0,0031</b>	<b>0,0265</b>	<b>0,0087</b>	0,0020
Aynı Familya	<b>0,1242</b>	0,2653	<b>0,1945</b>	0,0098
Aynı Takım	<b>0,1894</b>	<b>0,2858</b>	<b>0,2428</b>	0,0012

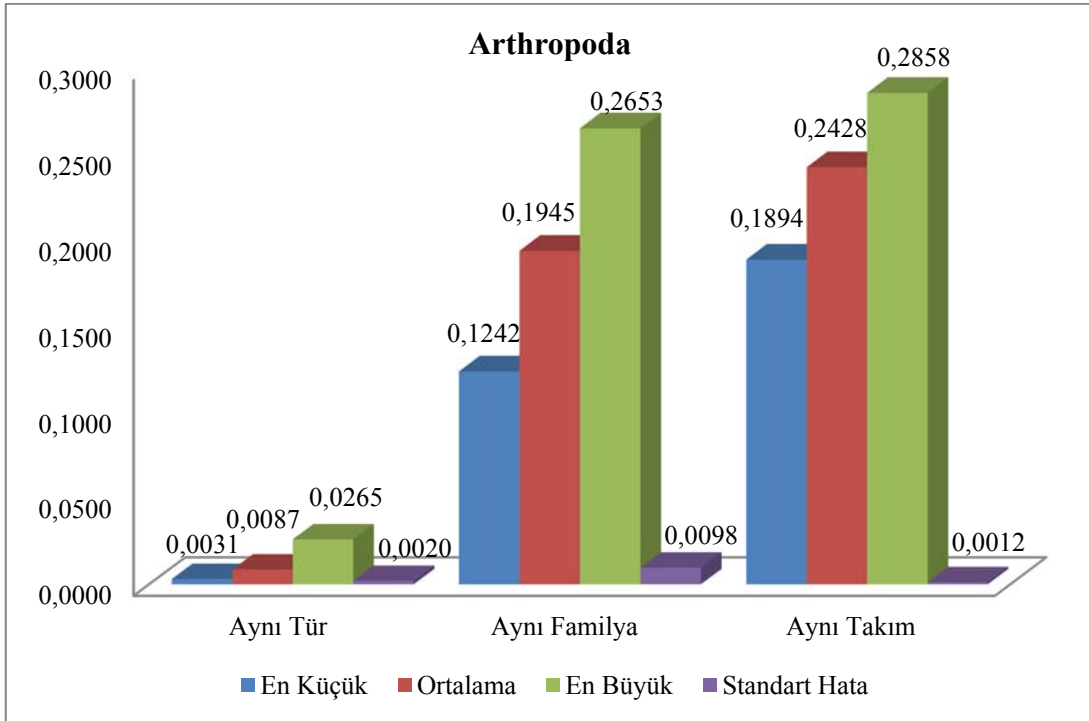
Aynı cinsten farklı türler bulunmadığı için cins içi genetik uzaklık hesaplanmamıştır. Tüm veri seti kullanılarak hesaplanan değerlerden sapmalar **koyu** olarak gösterilmiştir.



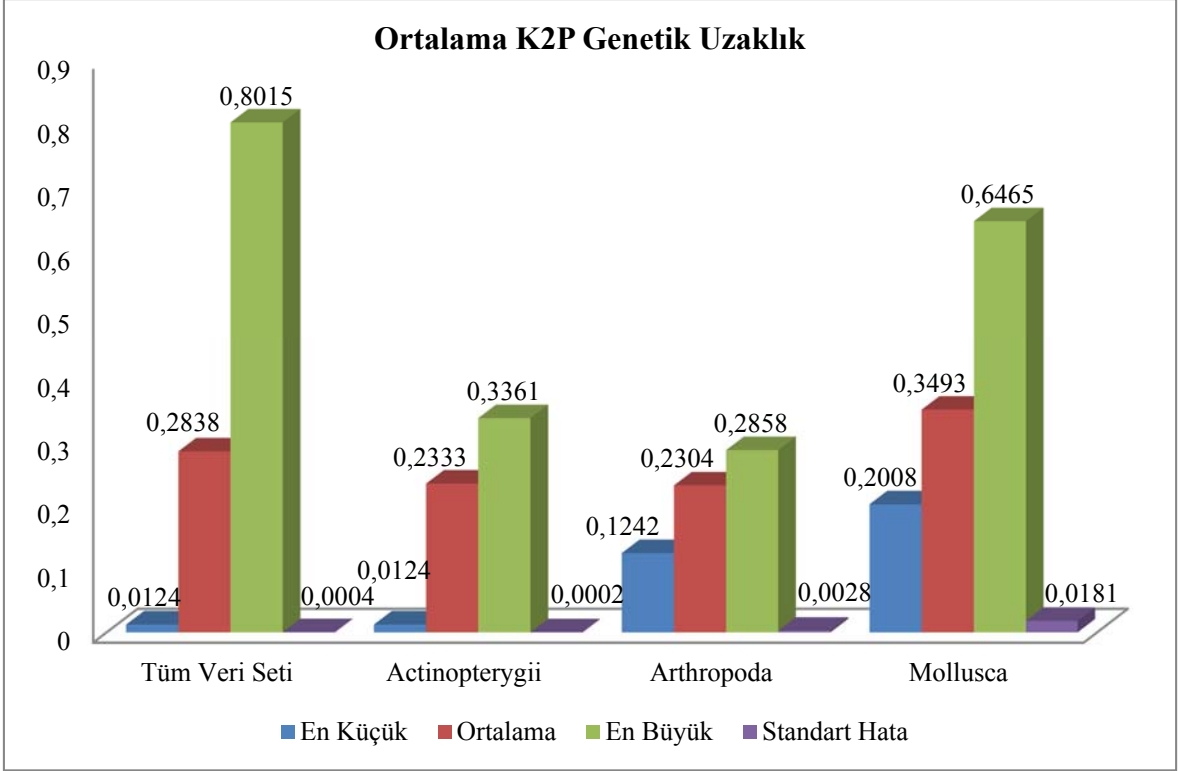
Şekil 5.4. Tüm veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri



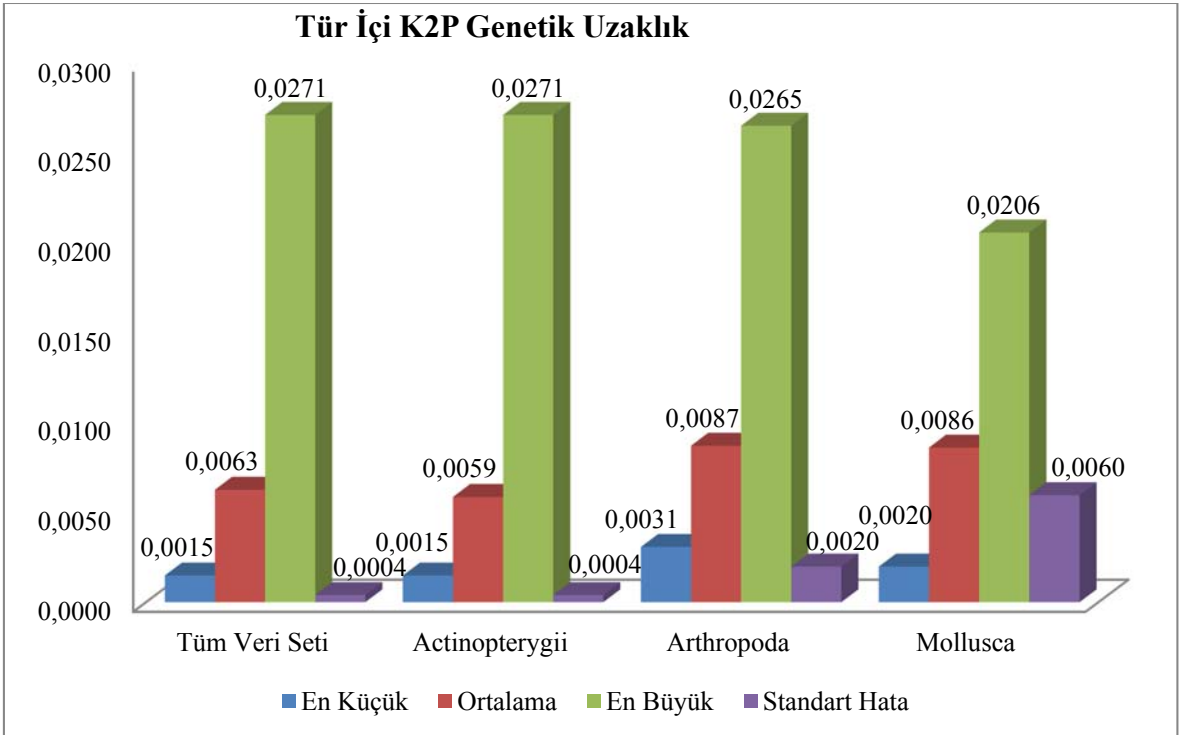
Şekil 5.5. Actinopterygii seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri



Şekil 5.6. Arthropoda veri seti kullanılarak oluşturulan, farklı taksonomik seviyelerdeki K2P genetik uzaklık değerleri



Şekil 5.7. Veri setlerine göre hesaplanan türler arası K2P genetik uzaklıklar (En küçük genetik uzaklıklara tür içi genetik uzaklık değerleri dahil edilmemiştir)



Şekil 5.8. Veri setlerine göre hesaplanan tür içi K2P genetik uzaklıklar

### 5.2.2.8. Evrimsel ilişki analizi

Örnekler arasındaki evrimsel ilişkinin analizinde benzer çalışmalardan elde edilen sonuçlarla karşılaştırma yapabilmek için literatürde en çok kullanılan ve DNA barkodlamada standart olarak kullanılan model olan K2P kullanılmıştır. Ağaçların çizilmesinde kullanılan yöntemin sonuca etkisini değerlendirilebilmek amacıyla, en çok kullanılan üç olasılık yöntemi (ME, NJ, UPGMA), parsimoni yöntemi (MP) ve yeni bir yöntem olan ML yöntemi kullanılarak çizilen ağaçlar (Şekil 5.9.-5.13.) arasında oluşan kümeler bakımından farklar olduğu tespit edilmiştir. Beş farklı yöntem kullanılarak çizilen detaylı ağaçlar Ek 115-119'da verilmiştir. Çizilen ağaçların tamamında türlerin hepsi farklı dallar altında kümelenecek, tür seviyesinde %100 isabet sağlanmıştır.

#### 5.2.2.8.1. Ağaç çiziminde kullanılan yöntemlerin sonuca etkisinin değerlendirilmesi

Farklı yöntemler (ME, UPGMA, ML, MP ve NJ) ile çizilen evrimsel ağaçların genel yapıları Şekil 5.9.-5.13.'te verilmiştir. Çizilen ağaçlar gerek oluşturdukları dallanma profili gerekse oluşturdukları kümeler bakımından birbirlerinden farklılık göstermektedir. Mevcut taksonomik sınıflandırmadan sapmalar işaretlenerek belirtilmiştir.

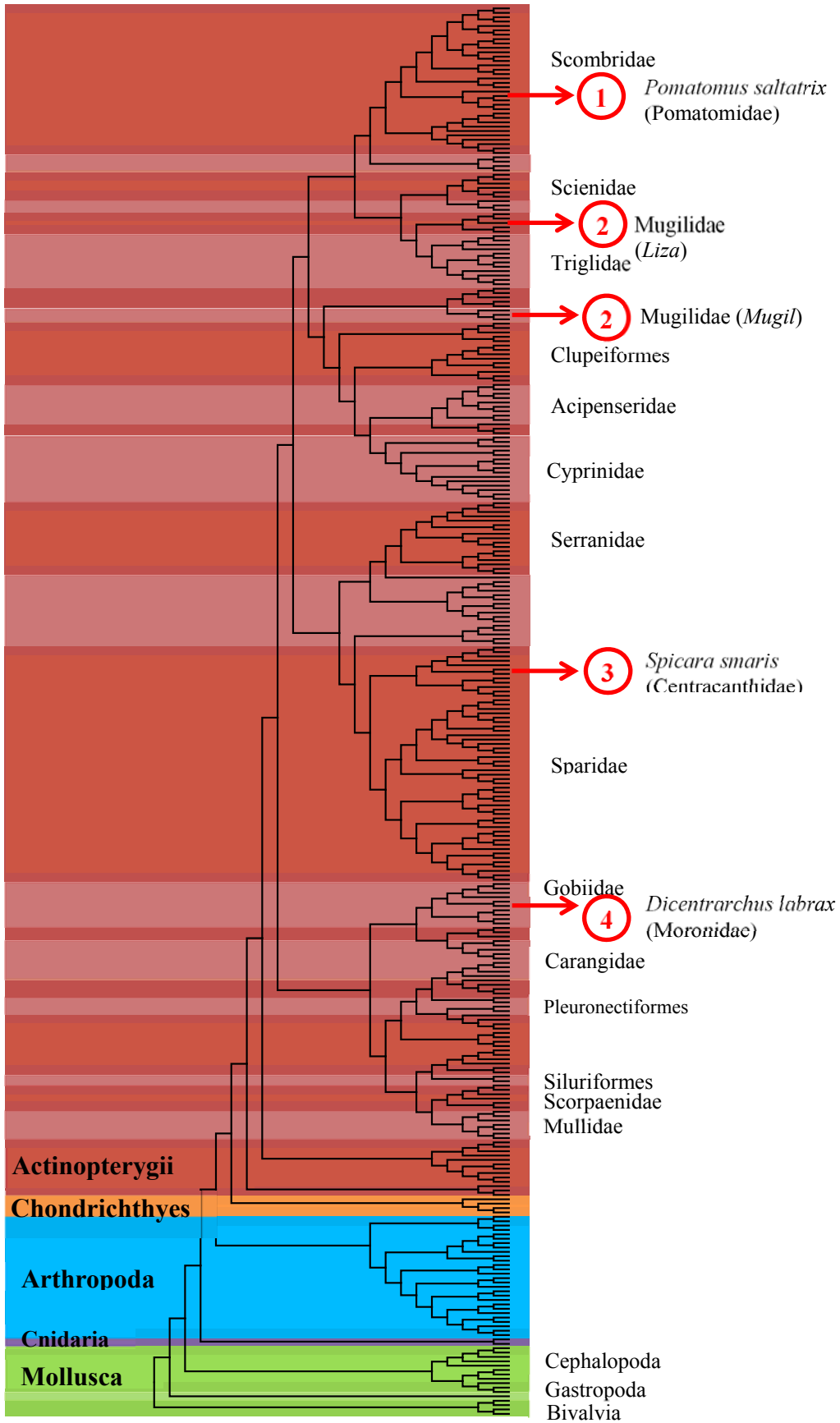
ME yöntemi kullanılarak oluşturulan ağaç (Şekil 5.9.) incelendiğinde Pomatomidae familyasından *P. saltatrix*'in Scombridae familyasından türler ile birlikte kümelendiği görülmektedir. Mugilidae familyasının iki farklı cinsi olan *Liza* ve *Mugil*, tek bir dal altında değil, ağacın farklı dalları altında kümelenebilir. Bir başka göze çarpan farklılık Centranchidae familyasından *S. smaris*'in Sparidae familyasındaki türler ile birlikte kümelenebilir olarak görülmektedir. Son olarak Moronidae familyasından olan *D. labrax*, Gobiidae familyasından türler ile birlikte kümelenebilir.

UPGMA yöntemi ile oluşturulan ağaca (Şekil 5.10.) bakıldığında en belirgin farklılıkların ME yöntemi ile oluşturulan ağaç ile benzer şekilde Pomatomidae familyasından *P. saltatrix*'in Scombridae familyasından türler ile birlikte kümelenmesi, Mugilidae familyasından iki cinsin ağacın farklı bölgelerinde bulunması ve Centracanthidae familyasından *S. smarís*'in Sparidae familyası altında kümelenmesi görülmektedir. Bunların dışında, Gobiidae ve Clupeidae familyalarının farklı cinslerinin ağacın farklı dallarında kümelenmesi ile birlikte en çok göze çarpan farklılık Mollusca şubesinin ikiye bölünerek Bivalvia sınıfındaki türlerin, Cephalopoda ve Gastropoda sınıfındaki türlerden ayrılması ve ağacın farklı bir dalında kümelenmesi olarak görülmektedir.

Ağaç çizme yöntemleri içerisinde yeni bir yöntem olan ML kullanılarak çizilen ağaç (Şekil 5.11.) incelendiğinde ME ve UPGMA yöntemleri ile oluşturulan ağaçlarla benzer şekilde *S. smarís*'in Sparidae grubu ile birlikte kümelendiği, Mugilidae familyasının cinslerinin ağacın farklı dallarına ayrılması, Moronidae familyasından *D. labrax*'ın Gobiidae familyası altındaki türlerle birlikte kümelenmesi ve Cnidaria şubesi altında bulunan *A. aurita*'nın Mollusca şubesi altında bulunan Bivalvia sınıfını, Cephalopoda ve Gastropoda sınıflarından ayırdığını görmekteyiz.

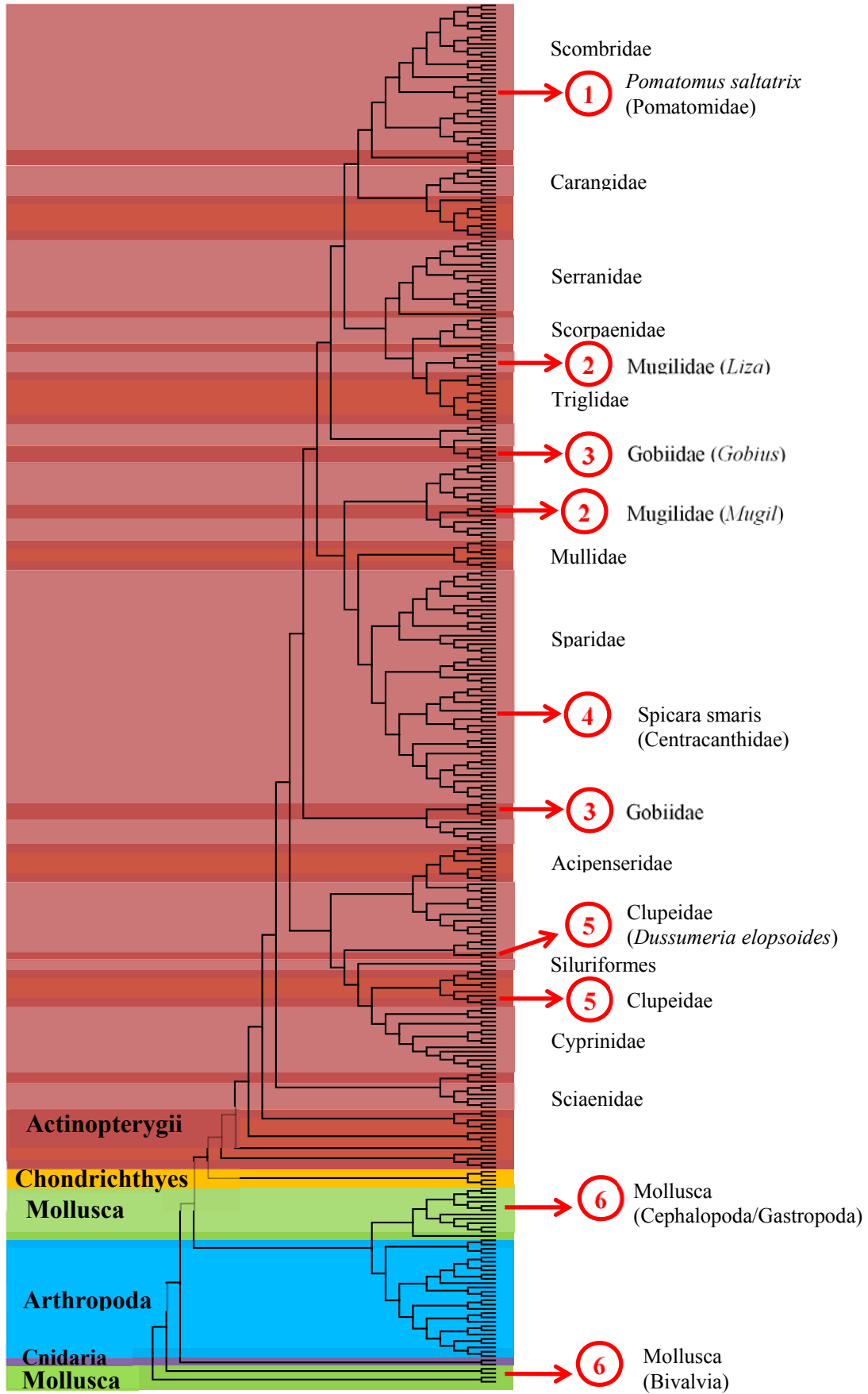
Diğer üç yöntemden farklı bir algoritmaya sahip MP yöntemi kullanılarak çizilen ağaçta (Şekil 5.12.) fark edilen ilk değişiklik, ağaçtaki şubelerin yerlerinin ilk üç ağacın tam tersi sıralanmaları olarak göze çarpmaktadır. Diğer üç yöntem ile çizilen ağaçlar ile benzer şekilde Cnidaria şubesi altında bulunan *A. aurita*'nın Mollusca şubesi altında bulunan Bivalvia sınıfını, Cephalopoda ve Gastropoda sınıflarından ayırdığını, Gobiidae familyasının farklı cinslerinin ağacın farklı dalları altında kümelendiğini, Centracanthidae familyasından *S. smarís*'in Sparidae familyası altında kümelendiğini ve Mugilidae familyasının iki farklı cinsi olan *Liza* ve *Mugil*'in ağacın farklı dalları altında kümelendiklerini görmekteyiz. Bunların dışında Serranidae familyası altındaki *Serranus* ve *Epinephelus* cinslerinin ağacın farklı dalları altında ayrılması ve Scombridae familyasından *Scomber* cinsinin diğer cinslerden farklı bir dal altında kümelenmesi en belirgin farklılıklar olarak görülmektedir.

DNA barkodlama çalışmalarında standart yöntem olarak NJ yöntemi ile oluşturulan ağacı (Şekil 5.13.) incelediğimizde diğer yöntemler ile oluşturulan ağaçlar ile benzer şekilde Moronidae familyasından *D. labrax*'ın Gobiidae familyası altındaki türlerle birlikte kümelenmesi, Mugilidae familyasının farklı cinslerinin ağacın farklı dallarına ayrılması, Pomatomidae familyasından *P. saltatrix*'in Scombridae familyasından türler ile birlikte kümelenmesi ve Centracanthidae familyasından *S. smaris*'in Sparidae familyasındaki türler ile birlikte kümelenmesi göze çarpan farklılıklar olarak belirlenmiştir. Mollusca şubesi ise UPGMA, ML ve MP yöntemleri ile çizilen ağaçların aksine tek bir dal altında kümelenmiştir. Mollusca şubesi altında bulunan üç sınıf (Bivalvia, Cephalopoda ve Gastropoda) birbirlerinden kesin bir şekilde ayırım göstermektedir. Cnidaria şubesi altında bulunan *A. aurita*'da Arthropoda ve Mollusca şubelerinden net bir şekilde ayrılarak farklı bir dal altında bulunmaktadır.

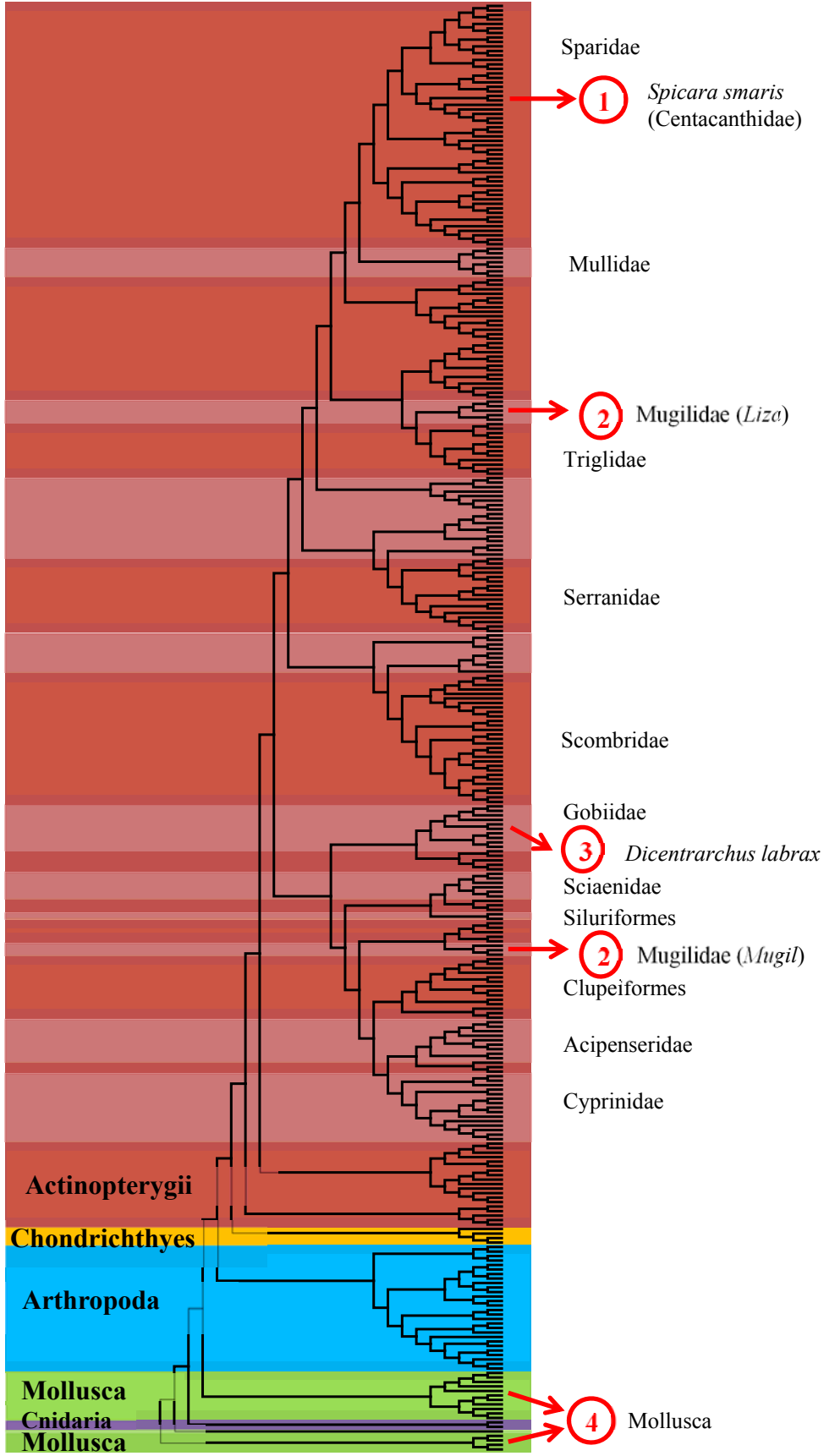


Şekil 5.9. Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin *COI* dizileri kullanılarak oluşturulan ME ağacı

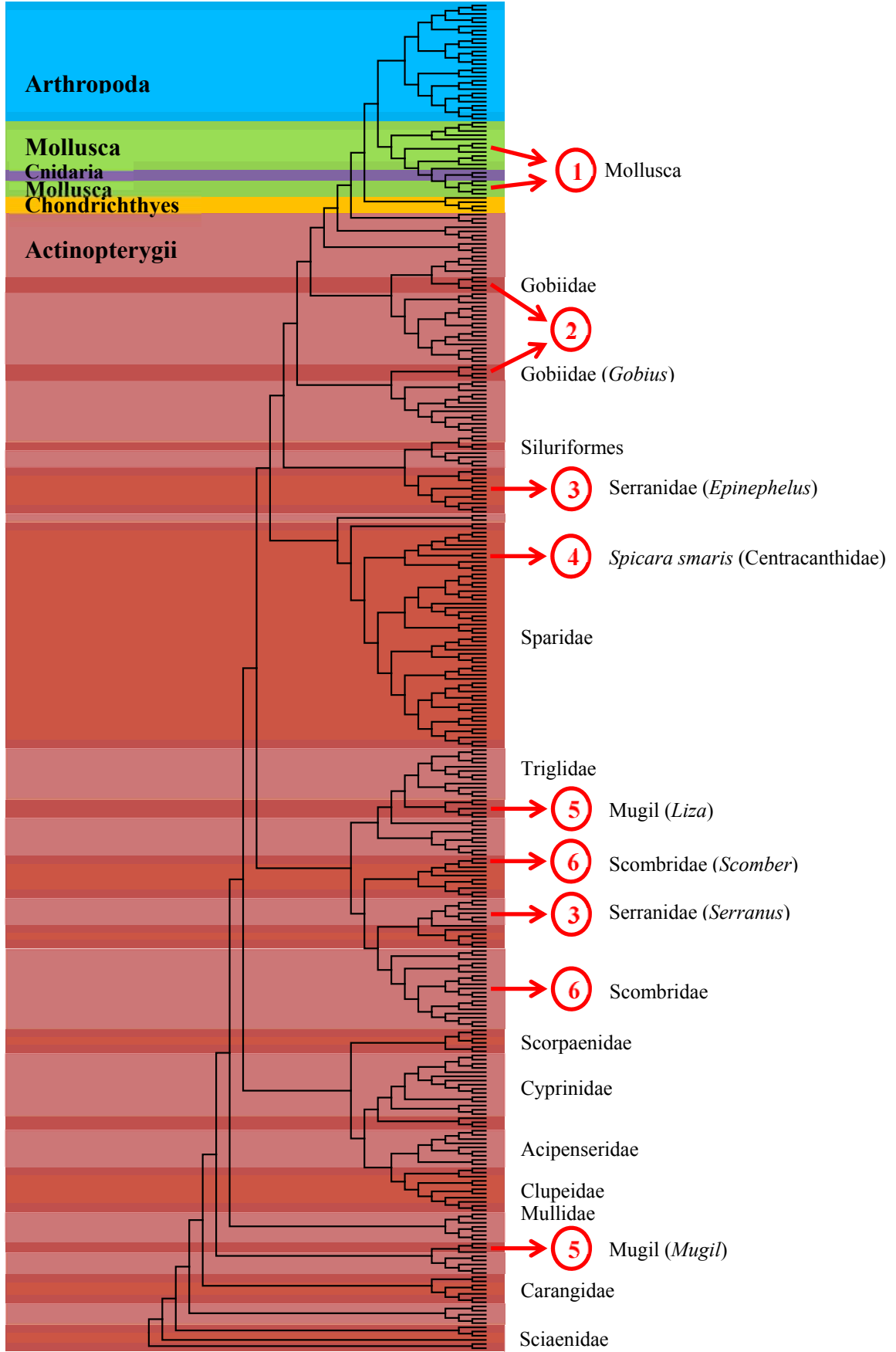




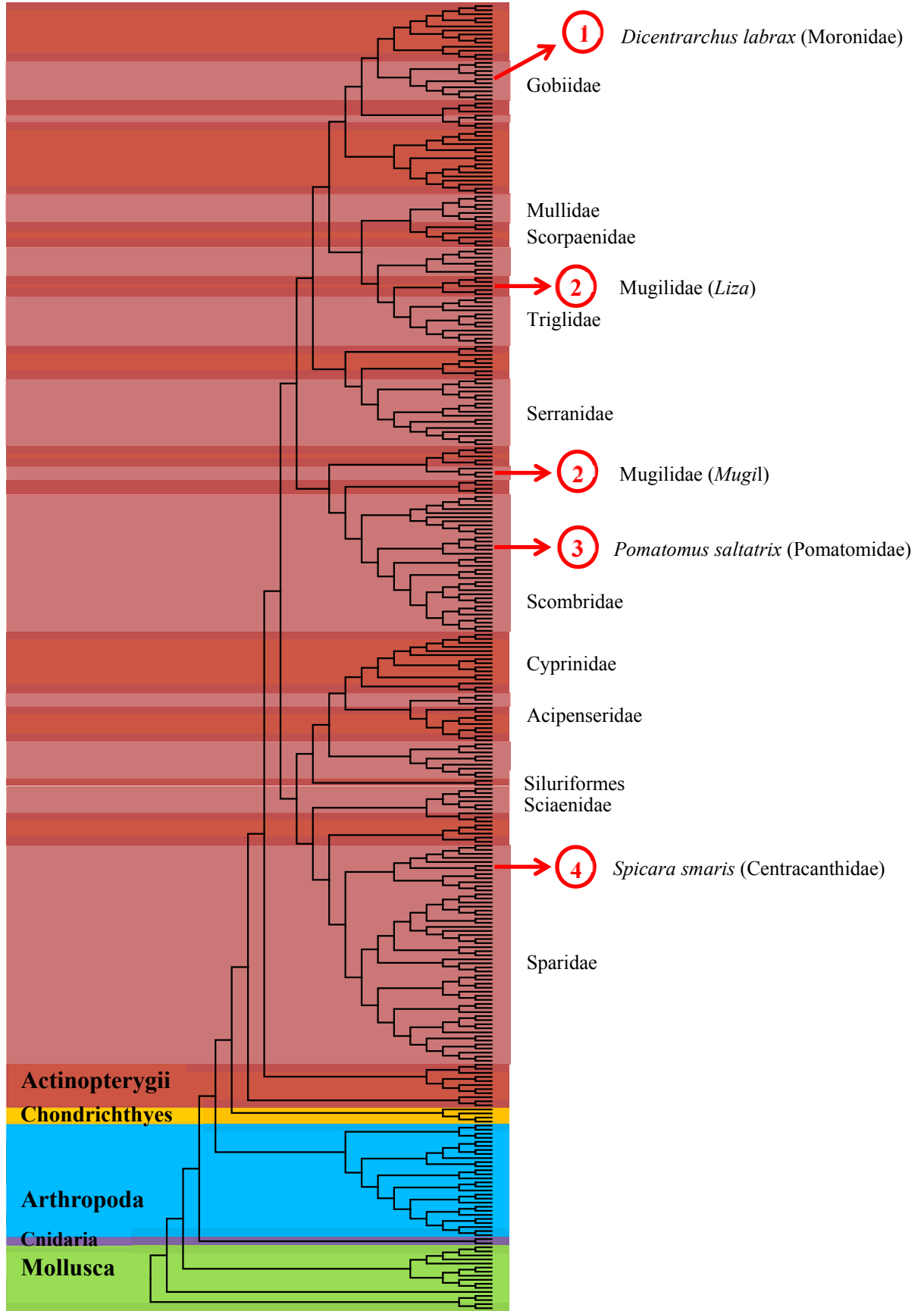
Şekil 5.10. Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin *COI* dizileri kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı



Şekil 5.11. Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin *COI* dizileri kullanılarak oluşturulan ML ağacı



Şekil 5.12. Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin *COI* dizileri kullanılarak oluşturulan MP ağacı



Şekil 5.13. Veri setinde bulunan farklı taksonomik grupların ayrımını gösteren, 114 türün 322 haplotipine ilişkin *COI* dizileri kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

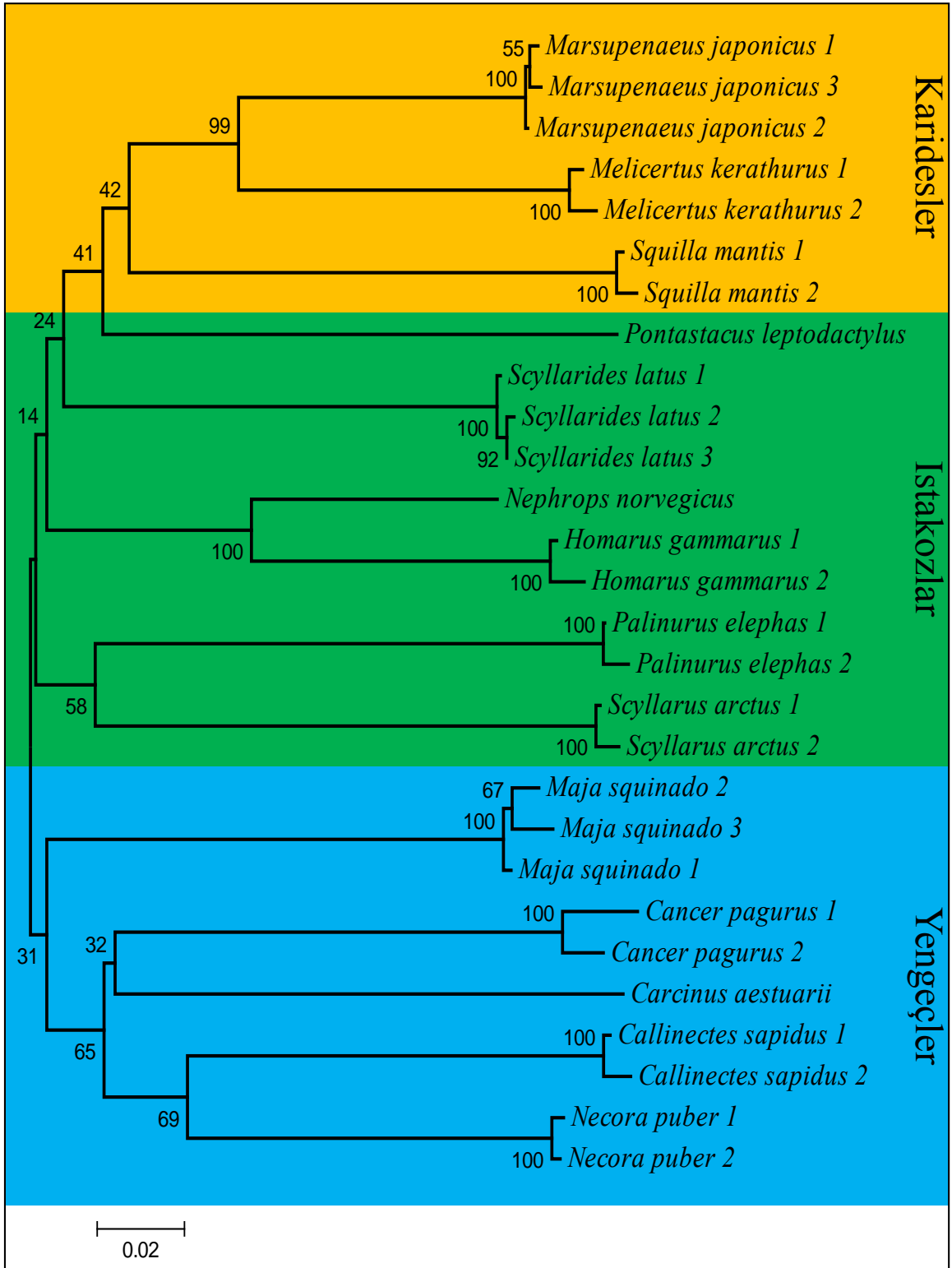
## 5.2.2.8.2. Evrimsel ilişkinin gruplara ayrılmış veri setlerine göre analiz edilmesi

### 5.2.2.8.2.1. Arthropoda

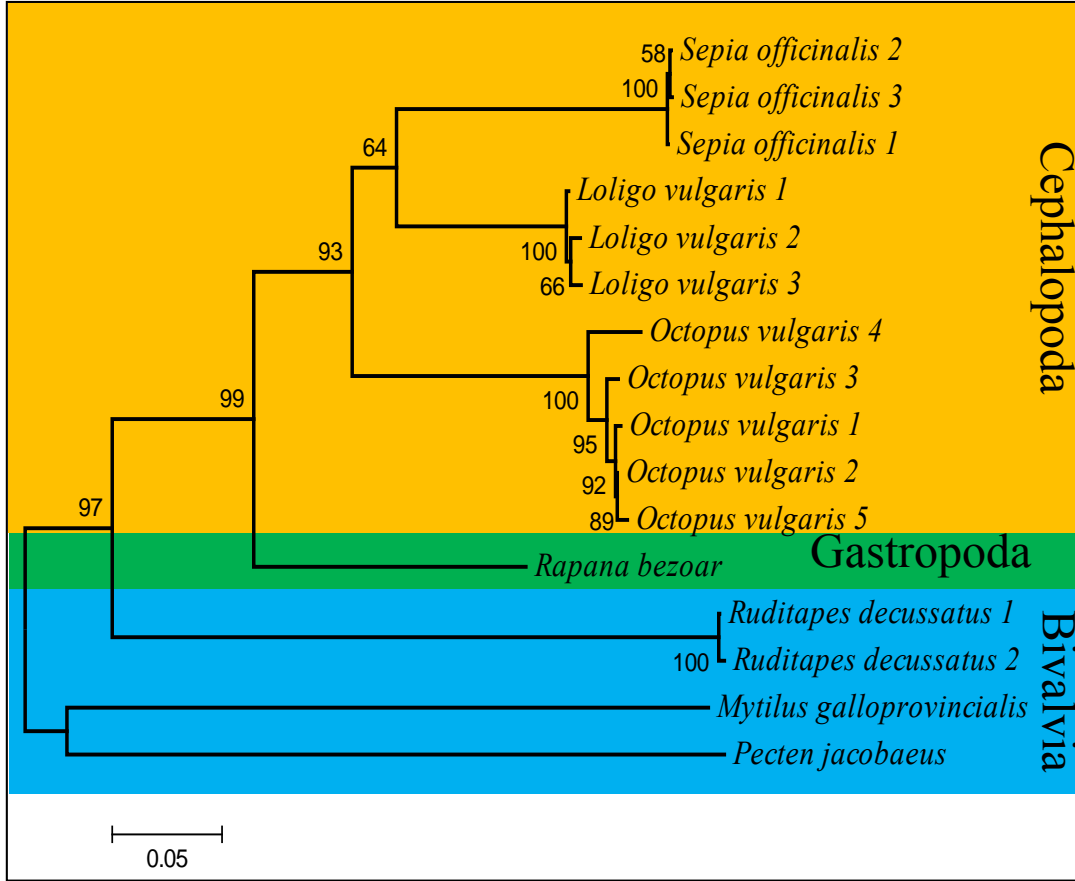
Arthropoda veri seti 9 familya ve 14 türden 28 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,2304 (S.H.=0,0142) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=66) ile ortalama transversiyonel çiftlerin sayısının (sv=62) hemen hemen eşit olduğu ve ortalama 1,06'lık bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal yengeç türleri olan *N. puber*, *C. sapidus*, *C. aestuarii*, *C. pagurus* ve *M. squinado*'yu belirgin bir biçimde ayırırken ikinci ana dal altında ıstakoz türleri olan *S. arctus*, *P. elephas*, *H. gammarus*, *N. norvegicus*, *S. latus* ve *P. leptodactylus* ile karides türleri olan *S. mantis*, *M. kerathurus* ve *M. japonicus* kümelenmiştir. İkinci ana dalda dikkat çeken bir nokta ise tatlı su ıstakoz türü olan *P. leptodactylus*'un deniz ıstakozlarının kümelenmediği dalın altında değil de karideslerin kümelenmediği dalın altında bulunmamasıdır (Şekil 5.14.). Bootstrap değerleri %14-100 arasında tespit edilmiştir.

### 5.2.2.8.2.2. Mollusca

Mollusca veri seti 7 farklı familya ve 7 türden 16 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,3493 (S.H.=0,0175) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=74) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısının (sv=97) altında ve ortalama 0,76'lık bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dalda Bivalvia sınıfından *P. jacobaeus* ve *M. galloprovincialis* türleri kümelenirken ikinci ana dal altında Bivalvia sınıfındaki türlerden ayrılan *R. decussatus* ve ondan net bir şekilde ayırım gösteren iki sınıfın üyeleri olan Gastropoda sınıfından *R. bezoar* ile Cephalopoda sınıfından *O. vulgaris*, *L. vulgaris* ve *S. officinalis* bulunmaktadır. İkinci ana dal altında bulunan Cephalopoda sınıfına ait türler kendi dalları altında kümelenirken en çok göze çarpan *R. decussatus*'un diğer Bivalvia sınıfı türlerinden ayrılarak birinci ana daldan ayrı kümelenmiş olmasıdır (Şekil 5.15.). Bootstrap değerleri %58-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.14. Arthropoda veri seti için oluşturulan NJ ağacı



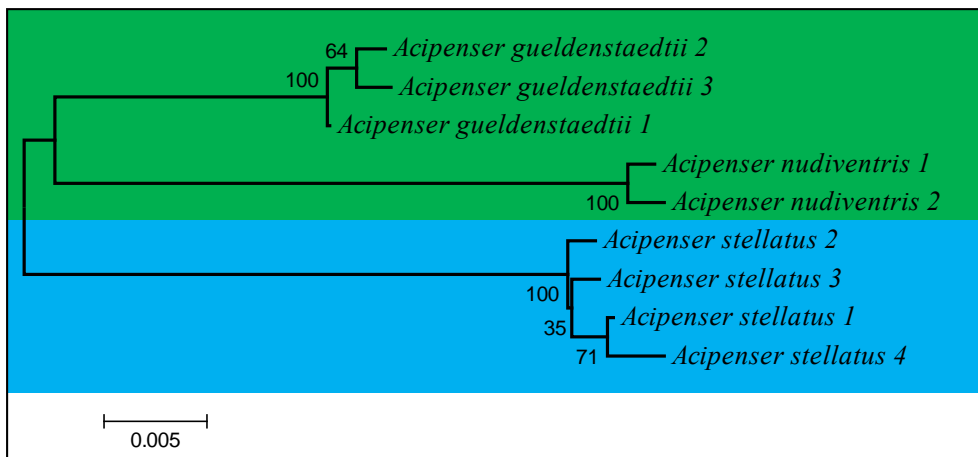
Şekil 5.15. Mollusca veri seti için oluşturulan NJ ağacı

### 5.2.2.8.2.3. Actinopterygii ve Chondrichthyes

Actinopterygii ve Chondrichthyes veri seti Actinopterygii sınıfından 91, Chondrichthyes sınıfından 1 olmak üzere toplamda 92 türden 276 haplotipi kapsadığından, daha detaylı incelenebilmesi bakımından daha küçük veri setleri halinde analiz edilmiştir. Anlamlı bootstrap testleri gerçekleştirebilmek için en az 3 farklı türe ait DNA dizisinin karşılaştırılması gerektiğinden üçten az sayıda tür ile temsil edilen taksonomik gruplar başka türler ile birlikte analiz edilmiştir. Veri setinin tamamı göz önüne alındığında, ortalama genetik uzaklık 0,2352 (S.H.=0,0138) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=74) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=56) fazla ve ortalama 1,32'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir.

### 5.2.2.8.2.3.1. Acipenseridae

Acipenseridae veri seti aynı cinsten 3 türden 9 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,0370 (S.H.=0,0050) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=22) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=2) fazla ve ortalama 13,86'lık bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *A. stellatus* türünü, ikinci ana dal altında kümelenen *A. nudiventris* ve *A. gueldenstaedtii* türlerinden ayırmaktadır (Şekil 5.16.). Bootstrap değerleri %35-100 arasında tespit edilmiştir.

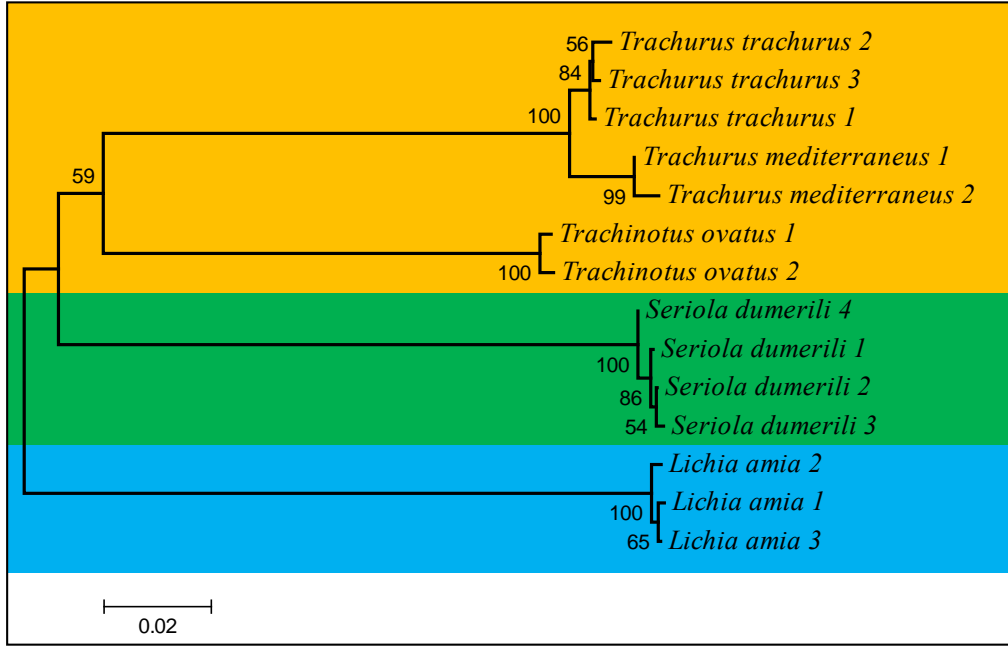


Şekil 5.16. Acipenseridae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

### 5.2.2.8.2.3.2. Carangidae

Carangidae veri seti 4 farklı cins ve 5 türden 14 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1701 (S.H.=0,0128) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=64) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısının (sv=31) neredeyse yarısı ve ortalama 2,07'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal *Lichia* cinsinden *L. amia* türünü bulundururken ikinci ana dal altında *Seriola* cinsinden *S. dumerili*, *Trachinotus* cinsinden *T. ovatus* ile *Trachurus* cinsinden *T. trachurus* ve *T. mediterraneus*'un birbirinden net bir şekilde ayrıldıklarını ve *Trachurus* cinsine ait türlerin aynı dal altında kümelendiklerini görmekteyiz (Şekil 5.17.). Bootstrap değerleri %54-100 arasında tespit edilmiştir.

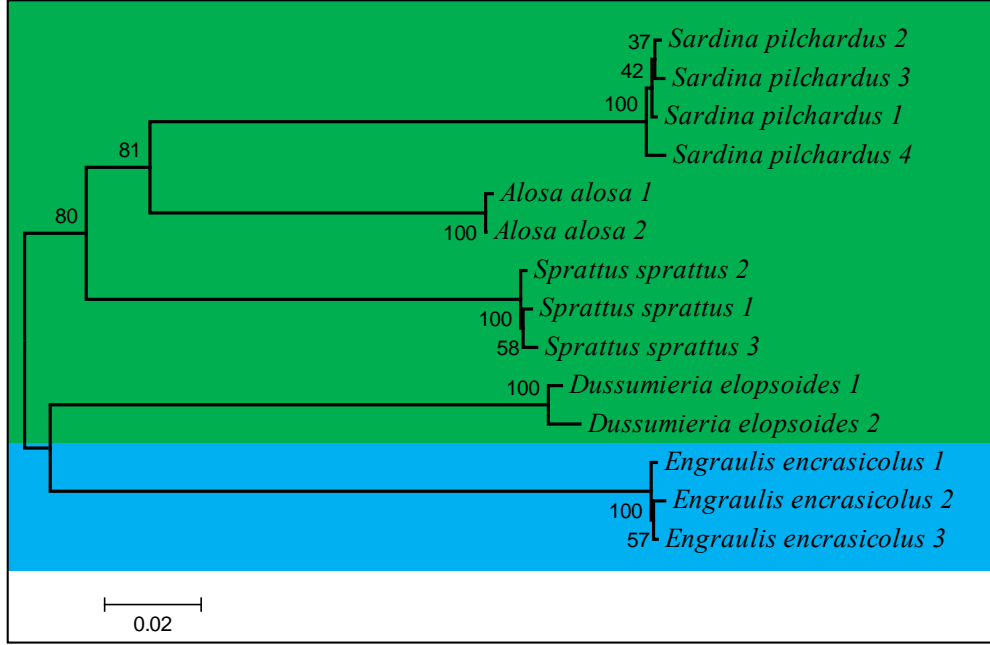




Şekil 5.17. Carangidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

### 5.2.2.8.2.3.3. Clupeiformes

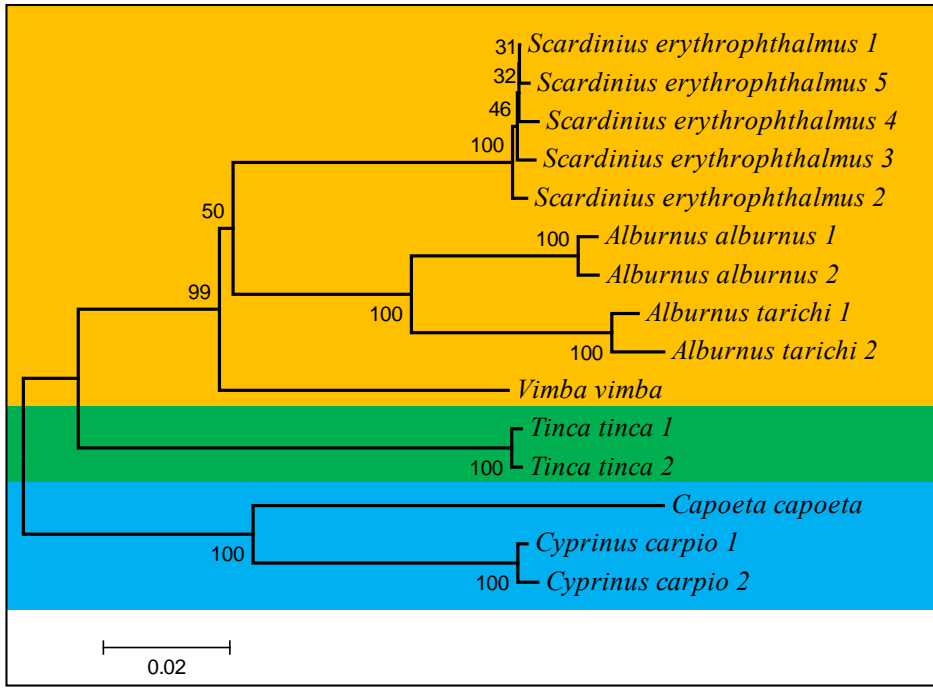
Clupeiformes veri seti 2 farklı familya ve 5 türden 14 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1896 (S.H.=0,0125) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=65) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=40) fazla ve ortalama 1,64'lük bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal Engraulidae familyasından *E. encrasicolus* ile Clupeidae familyasından *D. elopsoides*'i kapsamaktadır. Bu iki tür birbirlerinden belirgin bir biçimde ayrılmıştır. İkinci ana dal ise Clupeidae familyasından *S. sprattus*, *A. alosa* ve *S. pilchardus*'u içermektedir. Bunlar arasında *S. sprattus* diğer iki türden farklı bir dal altında ayrılmıştır. Birinci ana dalda bulunan *D. elopsoides* ise diğer Clupeidae familyası türleri ile birlikte değil, Engraulidae familyasından *E. encrasicolus* ile birlikte kümelenmiştir (Şekil 5.18.). Bootstrap değerleri %37-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.18. Clupeiformes veri seti için oluşturulan NJ ağacı

#### 5.2.2.8.2.3.4. Cyprinidae

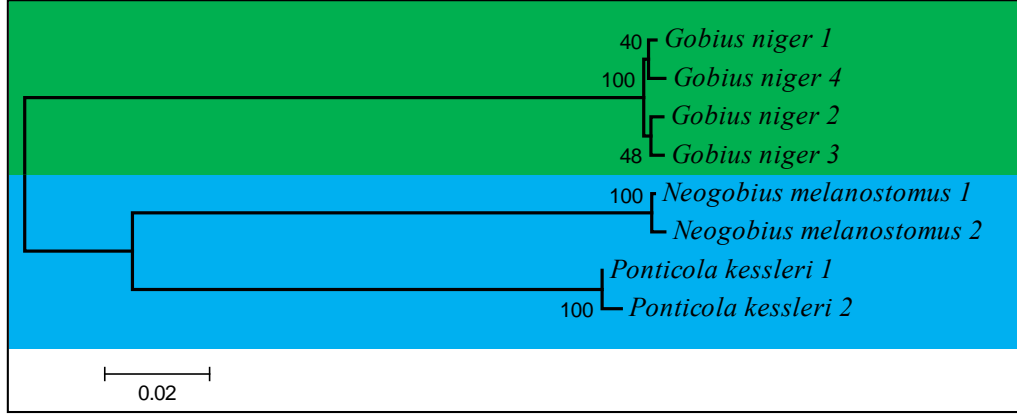
Cyprinidae veri seti 6 farklı cins ve 7 türden 15 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1219 (S.H.=0,0098) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı ( $s_i=52$ ) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısının ( $sv=19$ ) iki katından fazla ve ortalama 2,67'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal Cyprininae alt familyasından *C. carpio* ile *C. capoeta*'yı birbirinden belirgin biçimde ayrılmış şekilde içerirken, ikinci ana dal *T. tinca* ile ondan ayrılan Leuciscinae alt familyasına ait *V. vimba*, *A. tarichi*, *A. alburnus* ve *S. erythrophthalmus* türlerini içermektedir. Bunlar arasında *Alburnus* cinsi altındaki türlerin bir arada kümelendiği görülmektedir (Şekil 5.19.). Bootstrap değerleri %31-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.19. Cyprinidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

#### 5.2.2.8.2.3.5. Gobiidae

Gobiidae veri seti 3 cins ve 3 türden 8 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1647 (S.H.=0,0125) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=59) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=32) fazla ve ortalama 1,86'lık bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *P. kessleri* ve *N. melanostomus* türlerini ikinci ana dal altında kümelenen *G. niger*'den ayırmaktadır (Şekil 5.20.). Bootstrap değerleri %40-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.20. Gobiidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

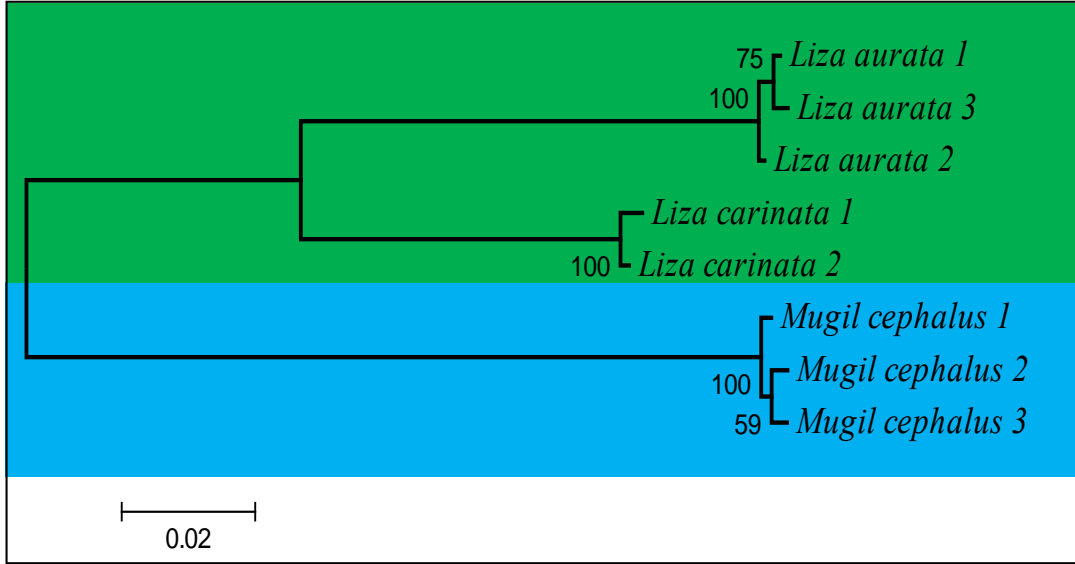
#### 5.2.2.8.2.3.6. Mugilidae

Mugilidae veri seti 2 cins ve 3 türden 8 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1647 (S.H.=0,0125) olarak hesaplanmıştır. Ortalama genetik uzaklık 0,1435 (S.H.=0,0113) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=61) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=19) fazla ve ortalama 3,19'luk bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *Mugil* cinsinden *M. cephalus*'u, ikinci ana dal altında kümelenen *Liza* cinsinden *L. carinata* ve *L. aurata*'dan ayırmaktadır (Şekil 5.21.). Bootstrap değerleri %59-100 arasında tespit edilmiştir.

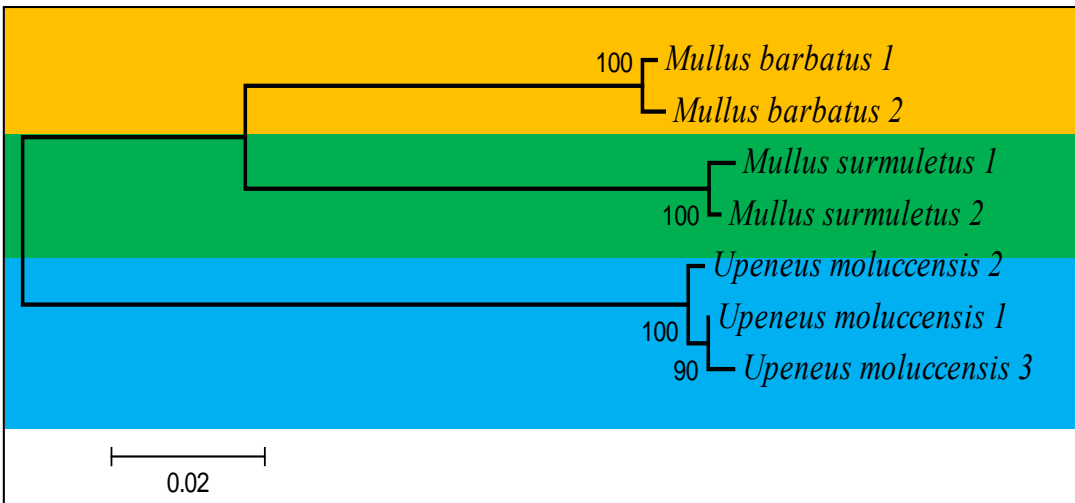
#### 5.2.2.8.2.3.7. Mullidae

Mullidae veri seti 2 cins ve 3 türden 7 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1251 (S.H.=0,0114) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=46) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=27) fazla ve ortalama 1,72'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *Upeneus* cinsinden *U. moluccensis*'i, ikinci dal altında kümelenen

*Mullus* cinsine ait türler olan *M. surmuletus* ve *M. barbatus*'tan ayırmaktadır (Şekil 5.22.). Bootstrap değerleri %90-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.21. Mugilidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı



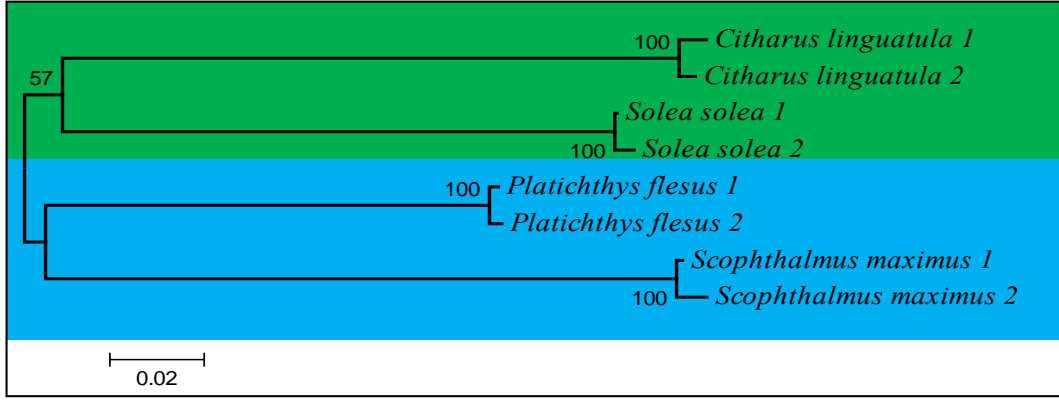
Şekil 5.22. Mullidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

#### 5.2.2.8.2.3.8. Pleuronectiformes

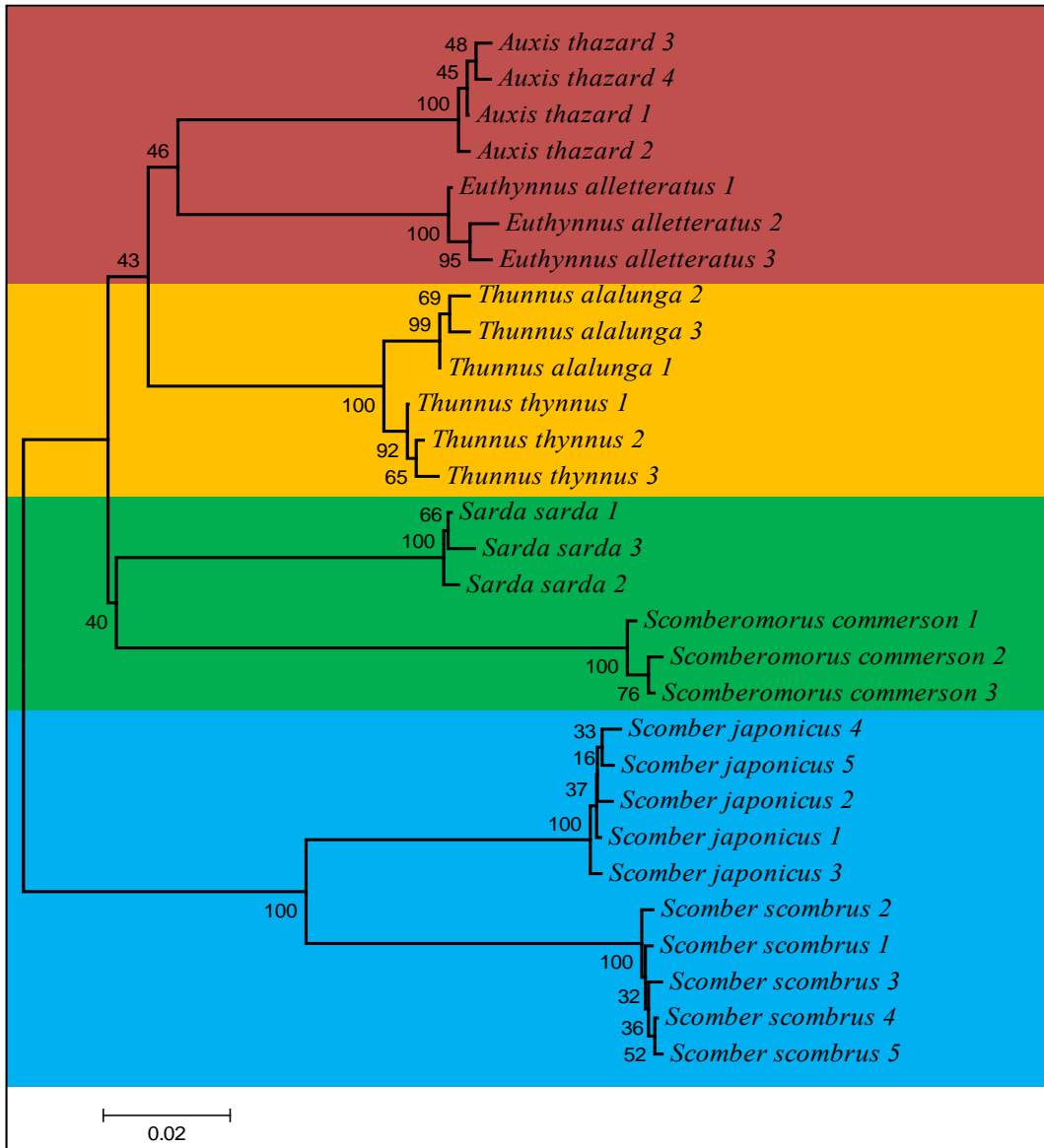
Pleuronectiformes veri seti 4 familya ve 4 türden 8 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Türler arasındaki ortalama genetik uzaklık 0,2182 (S.H.=0,0149) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=67) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=52) fazla ve ortalama 1,28'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal *S. maximus* ve *P. flesus* türlerini kapsarken, ikinci ana dalda ise *S. solea* ve *C. linguatula* bulunmaktadır. *C. linguatula*'nın diğer Pleuronectidae familyasından türler ile birlikte değil Soleidae familyasından *S. solea* ile birlikte kümelenmesi en önemli farklılık olarak göze çarpmaktadır (Şekil 5.23.). Bootstrap değerleri %57-100 arasında tespit edilmiştir.

#### 5.2.2.8.2.3.9. Scombridae

Scombridae veri seti 6 farklı cins ve 8 türden 29 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1268 (S.H.=0,0097) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=51) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısının (sv=23) iki katından fazla ve ortalama 2,20'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal *Scomber* cinsinden *S. scombrus* ile *S. japonicus* türlerini içermektedir. İkinci ana dalda ise *Scomberomorus* cinsinden *S. commerson*, *Sarda* cinsinden *S. sarda*, *Thunnus* cinsinin iki üyesi *T. thynnus* ile *T. alalunga*, *Euthynnus* cinsinden *E. alleteratus* ve *Auxis* cinsinden *A. thazard* kümelenmiştir. *Thunnus* cinsine ait iki tür kendilerine ait bir dal altında kümelenirken *Auxis* ve *Euthynnus* cinsleri aynı dal altında belirgin biçimde ayrılarak kümelenmiştir. İkinci ana dalda *Scomberomorus* ve *Sarda* cinsleri ayrı bir dalda, *Thunnus*, *Euthynnus* ve *Auxis* cinsleri ayrı bir dalda kümelenmiştir (Şekil 5.24.). Bootstrap değerleri %16-100 arasında tespit edilmiştir.



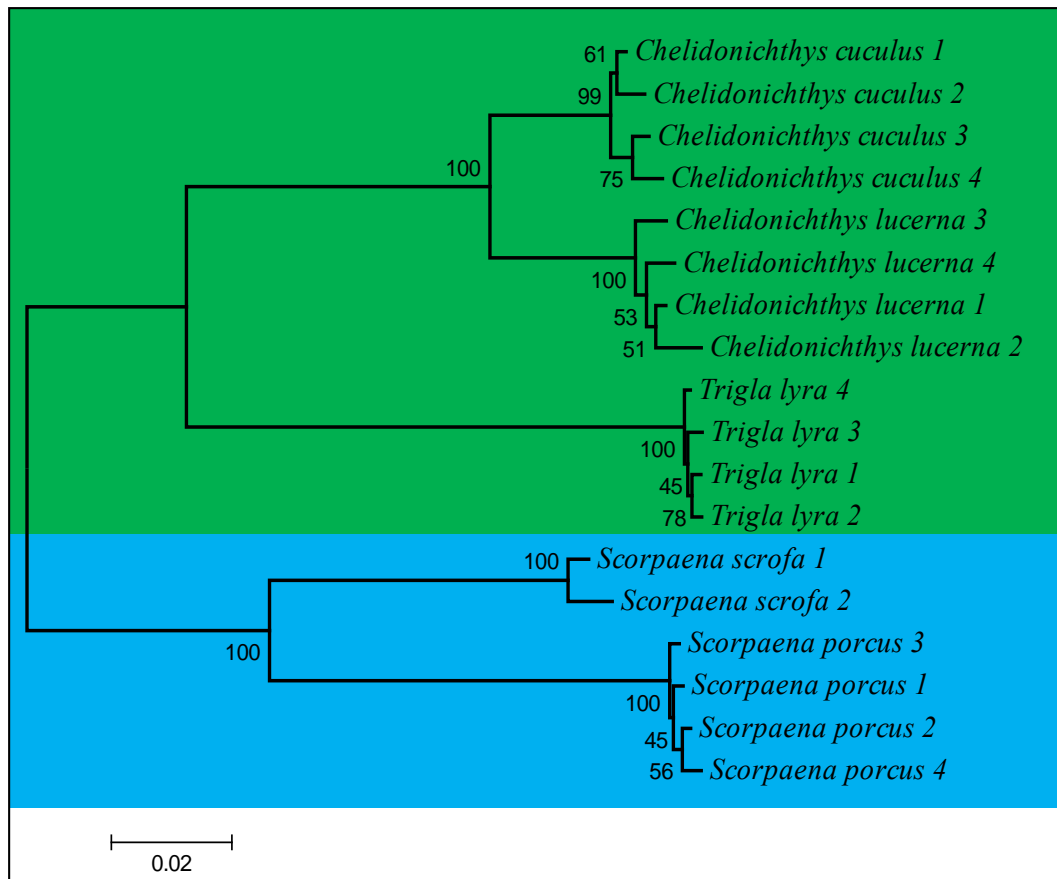
Şekil 5.23. Pleuronectiformes veri seti için oluşturulan NJ ağacı



Şekil 5.24. Scombridae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

### 5.2.2.8.2.3.10. Scorpaeniformes

Scorpaeniformes veri seti 2 farklı familya ve 5 türden 18 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1477 (S.H.=0,0112) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=54) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=30) fazla ve ortalama 1,82'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal Scorpaenidae familyası üyeleri olan *S. porcus* ile *S. scrofa*'yı içermektedir. İkinci ana dalda ise Triglidae familyasından *T. lyra*, *C. lucerna* ve *C. cuculus* birlikte kümelenirken, *Trigla* cinsinden *T. lyra*, *Chelidonichthys* cinsinden *C. lucerna* ve *C. cuculus*'tan belirgin bir biçimde ayrılmaktadır (Şekil 5.25.). Bootstrap değerleri %45-100 arasında tespit edilmiştir.

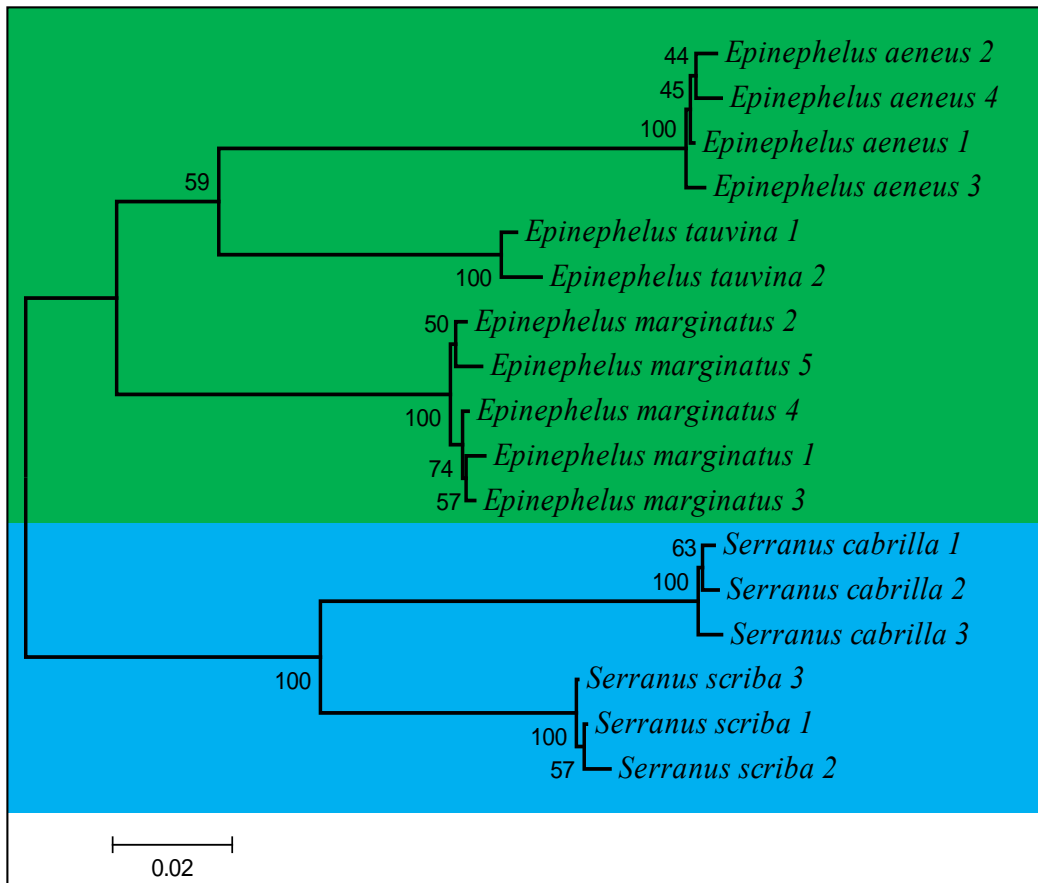


Şekil 5.25. Scorpaeniformes veri seti için oluşturulan NJ ağacı



### 5.2.2.8.2.3.11. Serranidae

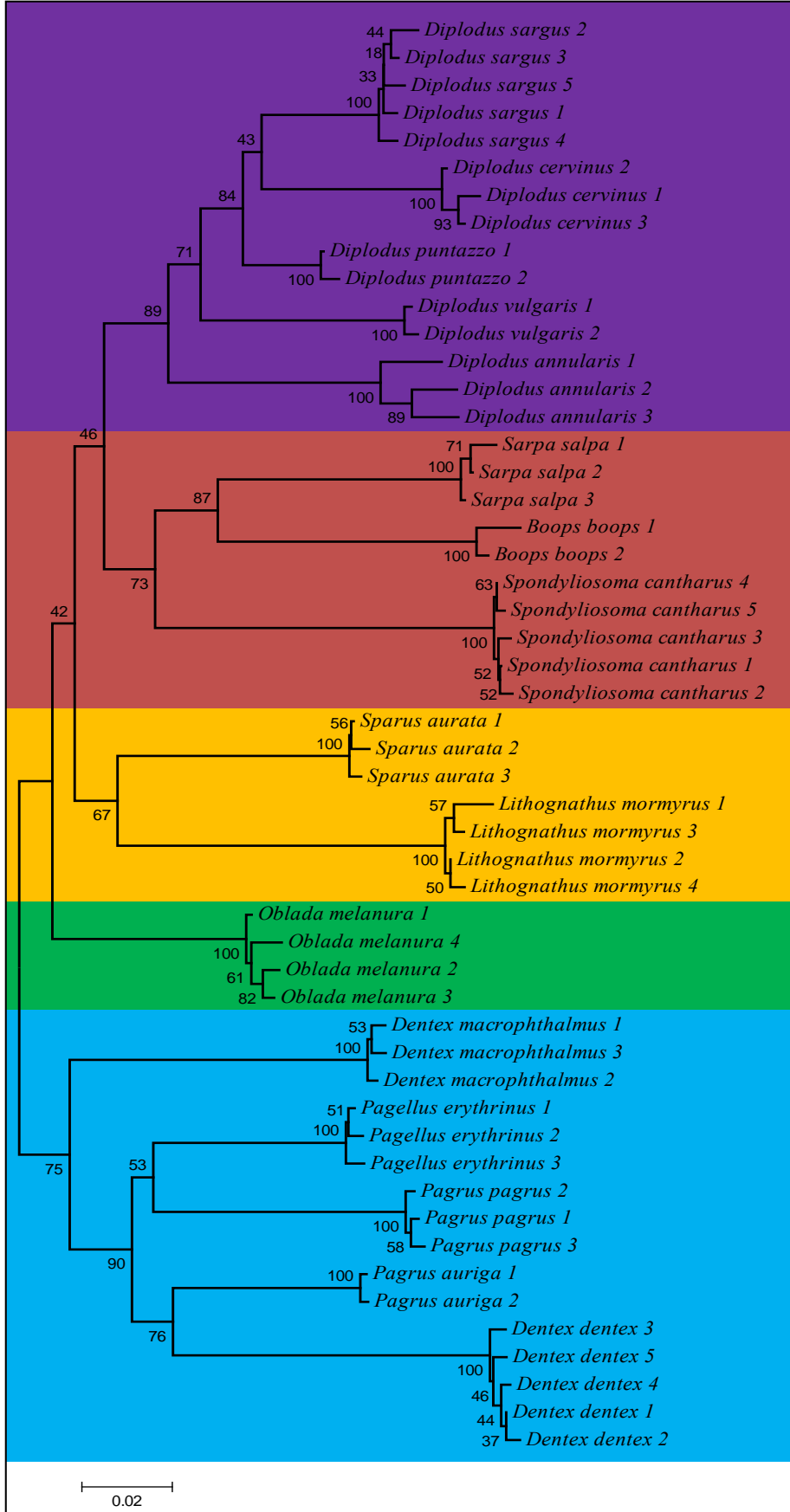
Serranidae veri seti 2 farklı cins ve 5 türden 17 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1426 (S.H.=0,0110) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=51) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=31) fazla ve ortalama 1,63'lük bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal *Serranus* cinslerinin birbirlerinden net bir şekilde ayrılan iki üyesi *S. scribe* ve *S. cabrilla*'yı içermektedir. İkinci ana dal altında ise *Epinephelus* cinsinin üç üyesi olan *E. marginatus*, *E. tauvina* ve *E. aeneus* kümelenmiştir. Bunlar içerisinde *E. marginatus* diğer iki *Epinephelus* türünden belirgin bir biçimde ayrılmış, diğer iki *Epinephelus* türü ise aynı dal altında kümelenmiştir (Şekil 5.26.). Bootstrap değerleri %44-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.26. Serranidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

### 5.2.2.8.2.3.12. Sparidae

Sparidae veri seti 10 farklı cins ve 16 türden 52 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,1497 (S.H.=0,0099) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=60) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=26) fazla ve ortalama 2,30'luk bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal *Dentex* cinsinden *D. dentex* ile *D. macrophthalmus*'u, *Pagrus* cinsinden *P. auriga* ile *P. pagrus*'u ve *Pagellus* cinsinden *P. erythrinus*'u içermektedir. İkinci ana dal 7 farklı cinsten 11 türü kapsamaktadır. Bunlar içerisinde *Oblada* cinsinden *O. melanura* diğerlerinden belirgin bir biçimde ayrılmıştır. Diğer bir kümeyi ise *Lithognathus* cinsinden *L. mormyrus* ve *Sparus* cinsinden *S. aurata* oluşturmaktadır. Bir diğer dalda ise *Spondylisoma* cinsinden *S. cantharus*, *Boops* cinsinden *B. boops* ve *Sarpa* cinsinden *S. salpa* birlikte kümelenmiştir. *Diplodus* cinsinden *D. annularis*, *D. vulgaris*, *D. puntazzo*, *D. cervinus* ve *D. sargus* türlerini içeren son dal ise diğer cinslerden belirgin bir biçimde ayırım göstermektedir. Oluşan ağaçta ilk göze çarpan *P. erythrinus*'un *P. pagrus*'a olan yakınlığının diğer *Pagrus* türü olan *P. auriga*'dan daha fazla olması ve birlikte kümelenmeleridir. Yine iki *Dentex* türünün birlikte değil de, *D. dentex*'in *P. auriga* ile birlikte kümelenmesi de dikkat çekmektedir. İkinci ana dalı oluşturan 11 tür içerisinde *O. melanura*'nın diğerlerinden çok belirgin bir ayırım göstermesi ve yine *Diplodus* cinsine ait türlerin tek bir küme halinde bulunması Sparidae veri seti kullanılarak oluşturulan ağaçtaki dikkat çekici noktalar olarak gözükmemektedir (Şekil 5.27.). Bootstrap değerleri %18-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.27. Sparidae veri seti için oluşturulan NJ ağacı

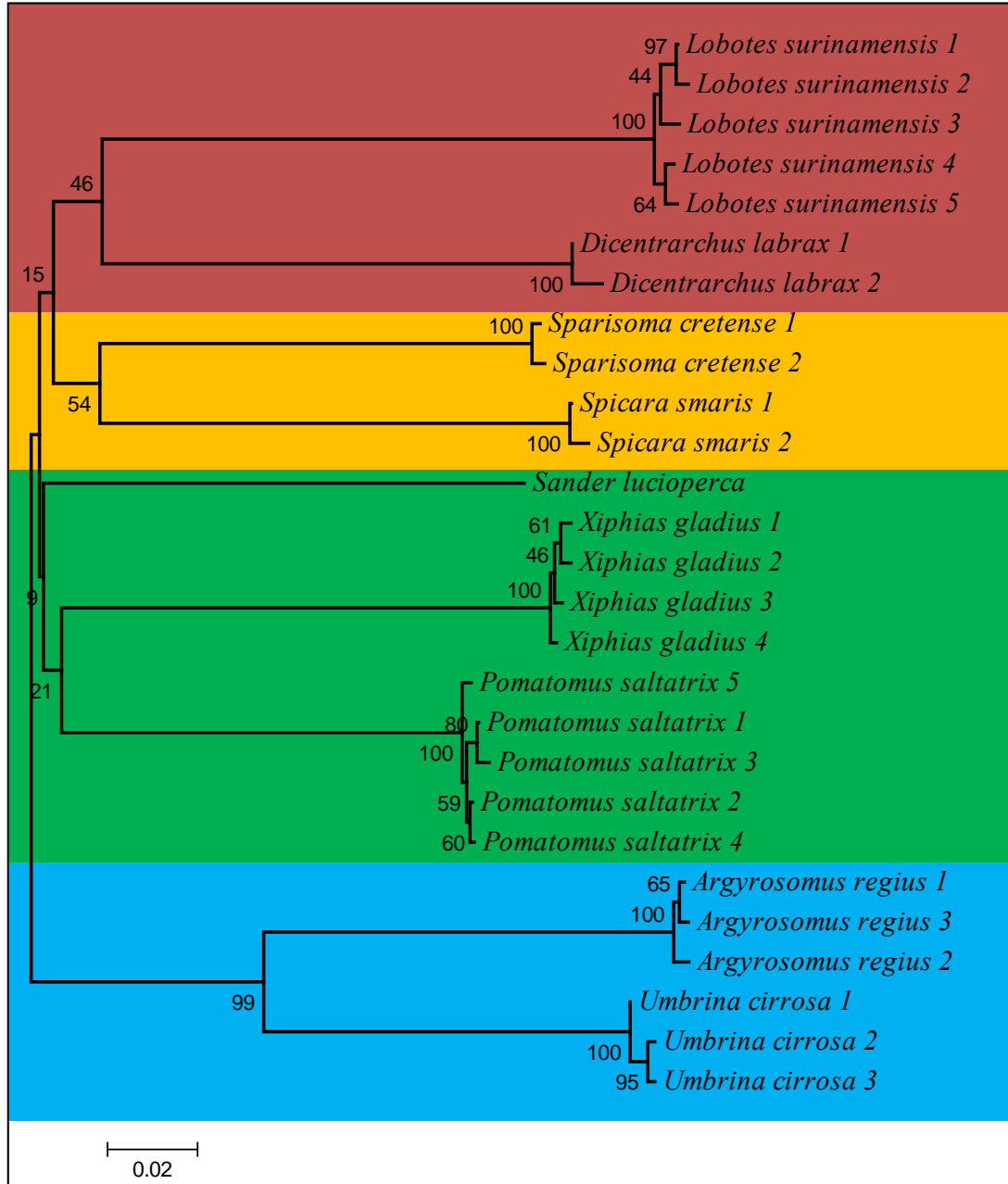
### 5.2.2.8.2.3.13. Perciformes (diğer)

Perciformes (diğer) veri seti, Perciformes takımından olup diđer gruplar altında toplanmayan 11 familya ve 16 türden 27 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,2198 (S.H.=0,0138) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=71) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=50) fazla ve ortalama 1,43'lük bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dalda Sciaenidae familyasından *U. cirrosa* ve *A. regius*'u içermektedir. İkinci ana dal 4 dal altında kümelenmiş 7 türü içermektedir. İlk ayrılan dalda *P. saltatrix* ve *X. gladius* bulunmaktadır. Hemen ardından gelen ikinci dalda *S. lucioperca* tek başına diđer türlerden ayrılmaktadır. Üçüncü dalda *S. smarıs* ve *S. cretense*, dördüncü dalda ise *D. labrax* ve *L. surinamensis* diđer türlerden ayrılmaktadır. Perciformes (diđer) veri seti kullanılarak oluşturulan ağaç incelendiğinde Sciaenidae familyasının kendi kümesini oluşturduđunu ve diđerlerinde belirgin bir şekilde ayrıldıđı görülmektedir (Şekil 5.28.). Bootstrap deđerleri %9-100 arasında tespit edilmiştir.

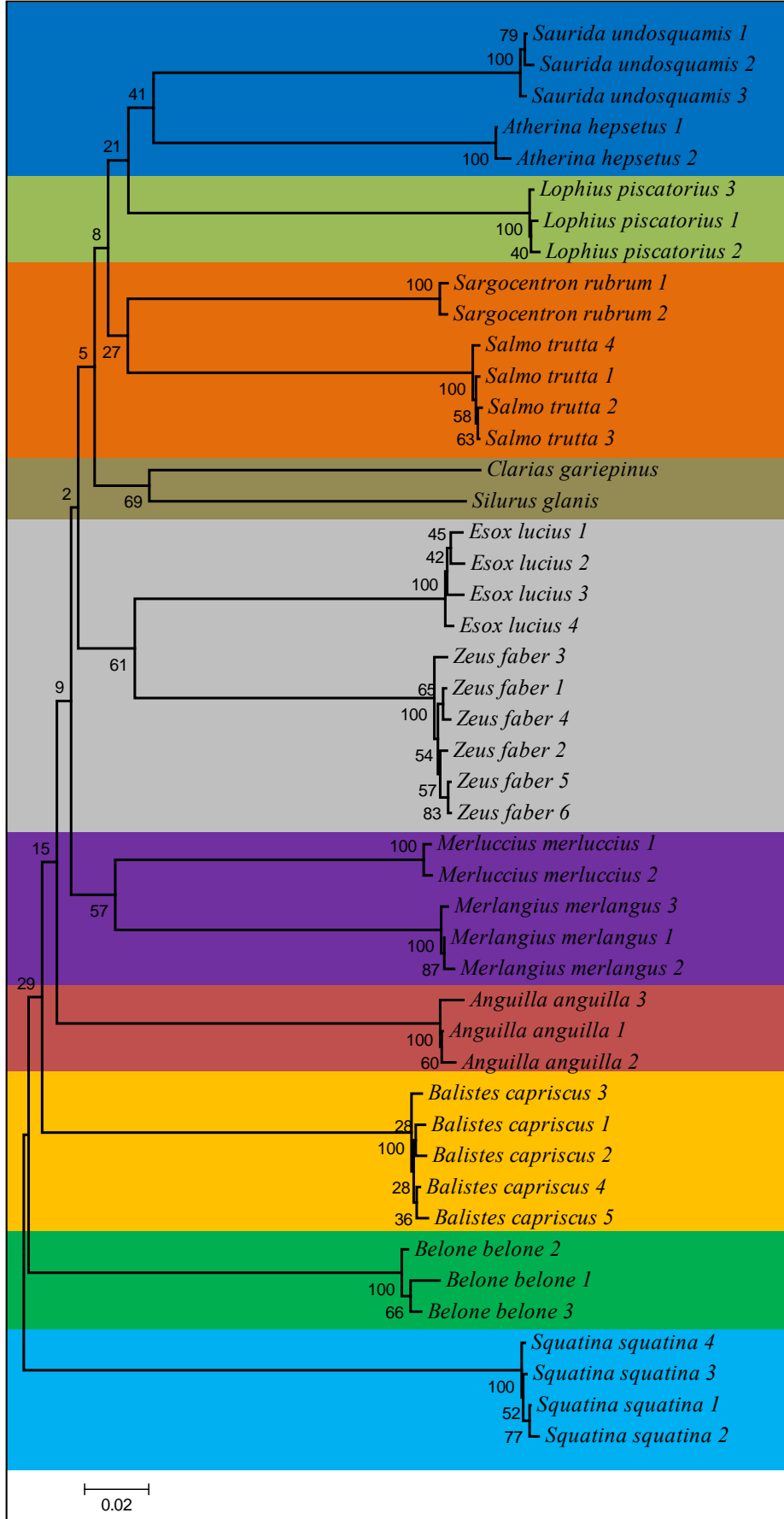
### 5.2.2.8.3.3.14. Actinopterygii (diđer) ve Chondrichthyes

Actinopterygii (diđer) ve Chondrichthyes veri seti, Actinopterygii sınıfından olup diđer gruplar altında toplanmayan 14 tür ve Chondrichthyes sınıfından tek türe ait toplam 46 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,2410 (S.H.=0,0145) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=74) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısından (sv=58) fazla ve ortalama 1,28'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dal veri setinde Chondrichthyes sınıfı altında bulunan tek tür olan *S. squatina*'yı diđer tüm türlerden belirgin biçimde ayırmıştır. İkinci ana dalda Belonidae familyasından *B. belone*, Balistidae familyasından *B. capriscus* ve Anguillidae familyasından *A. anguilla* diđer gruplardan ayrılmış olarak görülmektedir. Daha sonra Gadiformes takımından *M. merlangus* ve *M. merluccius*'un oluşturduđu küme ile *Z. faber* ile *E. lucius* türlerini içeren küme bulunmaktadır. Ardından Siluriformes takımından *S. glanis* ve *C. gariepinus*'u içeren küme diđerlerinden belirgin bir şekilde ayrılmaktadır. En son dalın ilk kümesini *S. trutta* ve *S.*

*rubrum* türlerini içeren dallar oluştururken ikinci kümeyi *L. piscatorius*'dan oluşan dal ile *A. hepsetus* ve *S. undosquamis*'i bulandıran dal oluşturmaktadır. *S. squatina*'nın veri setinin tamamından belirgin bir şekilde ayrılması ve *B. belone*, *B. capriscus* ve *A. anguilla* türlerinin diğer gruplardan belirgin bir şekilde ayrılması Actinopterygii (diğer) ve Chondrichthyes veri seti kullanılarak çizilen NJ ağacında en çok dikkat çeken farklılıklar olarak göze çarpmaktadır (Şekil 5.29.). Bootstrap değerleri %2-100 arasında tespit edilmiştir.



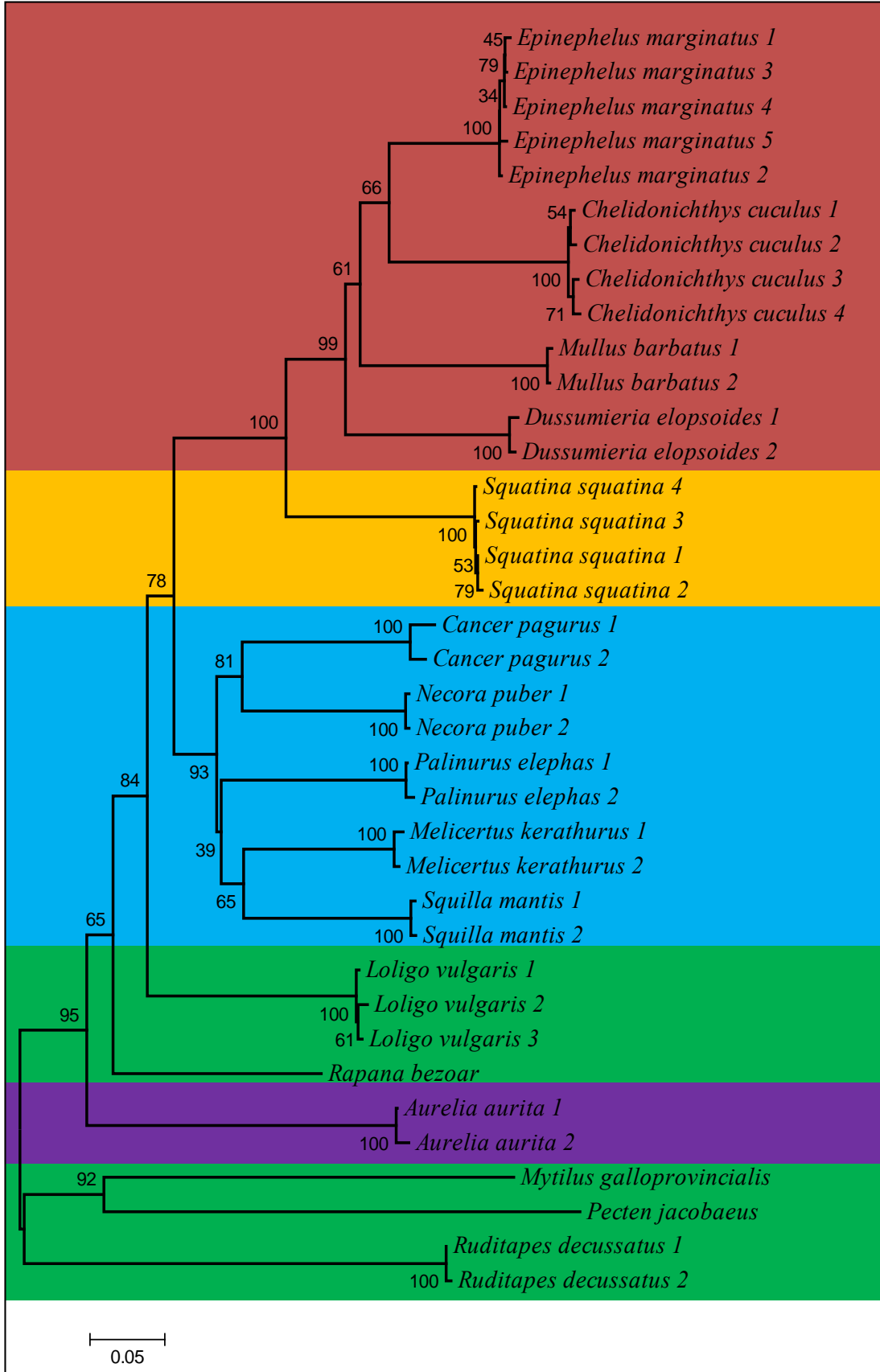
Şekil 5.28. Perciformes (diğer) veri seti için oluşturulan NJ ağacı



Şekil 5.29. Actinopterygii (diğer) ve Chondrichthyes veri seti için oluşturulan NJ ağacı

#### 5.2.2.8.2.4. Cnidaria

Cnidaria veri seti, Cnidaria şubesinin tek temsilcisi olan *A. aurita* türüne genetik olarak en yakın ve en uzak olacak şekilde Cnidaria hariç her 3 şubeden (Arthropoda, Chordata (Actinopterygii+Chondrichthyes) ve Mollusca) 5 türe ait toplam 37 haplotipe ilişkin *COI* barkodları kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık 0,3900 (S.H.=0,0195) olarak hesaplanmıştır. Ortalama transisyonel çiftlerin sayısı (si=91) ortalama transversiyonel çiftlerin sayısının (sv=100) altında ve ortalama 0,91'lik bir orana sahip oldukları görülmektedir. NJ ağacı iki ana dala ayrılmıştır: birinci ana dalda Mollusca şubesinin Bivalvia sınıfının 3 temsilcisi olan *R. decussatus*, *P. jacobaeus* ile *M. galloprovincialis* kümelenirken ikinci ana dal altında Cnidaria şubesinin tek temsilcisi olan *A. aurita* diğer türlerin tamamından belirgin bir biçimde ayrılmıştır. Ardından gelen dalda Gastropoda sınıfından *R. bezoar* gelirken, Mollusca şubesinin bir diğer sınıfı olan Cephalopoda sınıfının temsilcisi olan *L. vulgaris*'i içeren dal belirgin bir şekilde diğerlerinden ayrılmaktadır. Cephalopoda türlerini takip eden son iki dalda ise Arthropoda şubesinin türleri ve Chordata şubesinin Chondrichthyes ve Actinopterygii sınıfına ait türler birbirlerinden belirgin bir biçimde ayrılarak kendi kümelerini oluşturmaktadır. Cnidaria şubesinin Mollusca şubesinin Bivalvia sınıfı ile Gastropoda ve Cephalopoda sınıflarının arasına yerleşerek Mollusca şubesini ikiye ayırması Cnidaria veri seti kullanılarak oluşturulan ağaçta en dikkat çeken farklılık olarak karşımıza çıkmaktadır (Şekil 5.30.). Şube ayrımları için hesaplanan bootstrap değerleri %34-100 arasında tespit edilmiştir.



Şekil 5.30. Cnidaria veri seti için oluşturulan NJ ağacı



## 6. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bu çalışma sonucunda; 4 şube, 7 sınıf, 30 takım ve 58 familyadan, Türkiye denizleri ve iç sularında bulunan, ekonomik öneme sahip 114 sucul canlı türü DNA barkodları oluşturularak kayıt altına alınmış ve genetik karakterizasyonları gerçekleştirilmiştir. DNA barkodu çıkarılan türlerin tamamı en az 15 birey ile temsil edilmiş ve dizilerin tamamı çift yönlü dizi analizleri ile oluşturulmuştur. Bu kadar geniş bir taksonomik aralıkta gerçekleştirilen çalışmada PCR amplifikasyonlarının tamamında sadece 3 farklı evrensel primer çifti kullanılmış ve türlerin tamamı için *COI* geninin 5' ucundan 654 baz çiftlik kısım başarı ile çoğaltılmıştır. Elde edilen nükleotid dizilerinin hiçbirinde delesyon ve insersiyonlar gözlemlenmemiş, ayrıca stop kodonlarına rastlanmamıştır. Bu durum amplifiye edilen tüm mitokondriyal dizilerin fonksiyonel mitokondriyal *COI* dizileri olduğunu desteklemektedir<sup>15</sup>. Toplamda 654 baz çifti uzunluğunda diziler elde edilmesi ve diziler içerisinde stop kodonlarının bulunmaması numt olarak adlandırılan mitokondriyal DNA kökenli nükleer DNA dizilerinin PCR amplifikasyonları sırasında karışmadığını göstererek benzer çalışmalardaki sonuçlarla uyum göstermiştir<sup>15,45</sup>. Ayrıca dizilerde numt haricinde, stop kodon içeren kısa nükleotid dizileri veya kontaminasyon kaynaklı diziler de bulunmamış ve bu durum amino asit translasyonları sırasında veya veri tabanlarına yüklenirken kullanılan dijital kontaminant görüntüleme araçları kullanılarak kesinleştirilmiştir. Çalışma balık türleri üzerinde yoğunlaşmakla beraber Arthropoda, Cnidaria ve Mollusca şubelerinden örneklere ilişkin de DNA barkodları oluşturularak DNA barkodlamanın sucul canlıların tanımlanmasındaki etkinliğini ortaya koymuş ve gelecek çalışmalar için önemli bir referans oluşturulmuştur.

### 6.1. Farklı Doku Saklama Yöntemlerinin DNA Kalitesine Etkisinin Değerlendirilmesi

DNA dizi analizi gerçekleştirilecek herhangi bir genetik çalışmadaki başarının temelini DNA izolasyonu aşaması oluşturmaktadır. Taberlet *et al.*<sup>191</sup> DNA izolasyonu yapılacak çalışmalarda iki farklı doku örnekleme yöntemi kullanılabileceğini belirtmiş ve bunlardan birini yıkıcı yöntem diğerini ise yıkıcı olmayan yöntem şeklinde adlandırmıştır. Araştırmacılar yıkıcı yöntemde genetik analiz için gerekli doku örneği temin edilmeden önce canlının

öldürüldüğünü ve bu durumun soy çalışmalarında veya küçük gruplarla çalışırken dezavantaj haline gelebildiğini bildirmiştir. Yıkıcı olmayan örnekleme ise canlının öldürülmesine gerek kalmadan iç dokulardan (kan ve kas gibi) veya dış dokulardan (pul ve yüzgeç gibi) temin edilebileceğini belirten araştırmacılar, özellikle hayvan davranışı ve fizyolojisinin önemli olduğu çalışmalarda bu tür örnekleme tercih edildiğini belirtmişlerdir. Bizim çalışmamızda en uygun dokunun tespit edilmesi amacıyla yedi farklı dokudan (göz, kalp, karaciğer, kas, pul, solungaç ve yüzgeç) örnekleme gerçekleştirilmiş, fakat örnekleme tamamında balıkçılar tarafından yakalanmış, canlı olmayan bireyler kullanılmıştır. Ayrıca doku örnekleri sadece DNA izolasyonu amacı ile kullanılacağından, canlının davranış ve fizyolojisinin etkisi olmadığından yıkıcı olmayan örnekleme gerek duyulmamıştır.

DNA bütünlüğünün korunmasına; kullanılan dokunun türü, dokunun saklandığı kimyasal ve fiziksel çevre şartları ile saklama süresinin etkili olduğu bilinmektedir <sup>192</sup>. Çalışma kapsamında optimum DNA kalitesinin elde edilmesi amacıyla yedi farklı doku örneği, dört farklı saklama sıvısı (%100 etanol, %70 etanol, %95 etanol+100 µM EDTA (pH: 8,0) ve DMSO/NaCl tampon çözelti) ile dört farklı saklama sıcaklığının (oda sıcaklığı, 4°C, -20°C ve -80°C) etkileri değerlendirilmiştir. Doku seçiminde en iyi sonuçlar karaciğer ve kas dokusundan elde edilmiştir. Karaciğer dokusunda özellikle miktar bakımından kas dokusuna oranla çok daha yüksek miktarda DNA elde edilmiştir. Kas dokusu ise soğuk zincirin tam olarak uygulanmadığı durumlarda kantite bakımından karaciğer dokusuna göre daha az degrade olmuş DNA elde edilmesine olanak sağlamıştır.

Seçilen dokunun DNA kalitesi üzerindeki etkisini Lopera-Barrero *et al.* <sup>193</sup> hücresel içerikleri ile ilişkilendirmiştir. Araştırmacı larvalardan elde edilecek DNA kalitesinin yüzgeç örneklerinden elde edilecek DNA kalitesinden daha iyi olacağını çünkü larvanın protein, lipid ve kas partikülleri gibi hücresel içeriğinin daha az olması nedeniyle daha saf DNA eldesine imkan tanıdığını öne sürmüştür. Aynı örnekte larvanın vitellin kesesini tüketmemiş olması durumunda ise tam tersi bir durum yaşanacağını bildiren araştırmacılar bazı protein ve lipidlerin varlığının Taq DNA polimerazın aktivitesini inhibe edebileceğini veya amplifikasyonda kullanılan magnezyum ile etkileşime geçerek kelat oluşumuna neden olabileceğini belirtmiştir. Kullanılan doku türünün DNA kalitesine etkisi bitkilerde <sup>194-196</sup>,

kuşlarda <sup>197</sup> ve karıncalarda <sup>198</sup> da denenmiş ve sonuçlar bizim çalışmamızla benzer şekilde bulunmuştur.

Çalışma kapsamında DNA kalitesine etkisi değerlendirilen bir başka faktör de saklama sıcaklığı olarak tespit edilmiştir. Karşılaştırma yapılan dört farklı saklama sıcaklığı arasında en başarılı sonuçlar -20°C’de elde edilmiştir. Oda sıcaklığı ve 4°C’nin saklama süresi uzadıkça etkinliğini kaybettiği, -80°C’nin ise DNA izolasyonu için -20°C’den bariz bir üstünlüğünün bulunmadığı tespit edilmiştir. Dondurulmuş örneklerin saklama süresinden bağımsız olarak iyi kalitede DNA izolasyonuna imkan tanıdığına bildiren Chakraborty *et al.* <sup>199</sup>, bu şekilde saklanan dokulardan elde edilen DNA kullanılarak büyük DNA fragmentlerinin sorunsuz bir şekilde amplifiye edilebileceğini ve dizi analizlerinin gerçekleştirilebileceğini belirtmiştir. Dondurularak saklanacak dokuların saklanmasında fiksatif bir kimyasal kullanılmasına gerek olmadığını belirten Chakraborty *et al.* <sup>199</sup>, bu sayede DNA’nın herhangi bir kompleks oluşturmayacağını ve izolasyon sırasında daha temiz DNA elde edilebileceğini öne sürmektedir.

Kullanılan doku çeşidi ve saklama solüsyonu ile karşılaştırıldığı zaman, saklama süresi ile saklama sıcaklığının DNA degradasyonuna etkisinin ikinci planda kaldığını bildiren Dawson *et al.* <sup>192</sup>, bu durumun saklama süresindeki artışın DNA kalite ve miktarında meydana getirdiği azalma <sup>200,201</sup> ile saklama sıcaklığı azaldıkça DNA degradasyon hızının azalması <sup>200,202</sup> gerçeğini değiştirmediğini önemle vurgulamıştır. Saklama sıcaklığının DNA miktar ve kalitesine etkisine yönelik tüm bu çalışmalardan elde edilen sonuçlar bizim çalışmamızdan elde edilen sonuçlar ile paralellik göstermektedir.

Çalışmamızda DNA kalitesine etkisi değerlendirilen son faktör kullanılan saklama sıvısı olmuştur. Çalışma kapsamında üç farklı konsantrasyonda etanol ve en iyi sonuç verdiği Dawson *et al.* <sup>192</sup> tarafından bildirilen DMSO/NaCl tampon çözeltisi karşılaştırılmıştır. Çalışma sonunda en iyi sonucun %100 etanol içerisinde saklama sonucunda elde edildiği saptanmıştır. Benzer şekilde %95 etanol de çok yakın sonuçlar vermiştir. DMSO/NaCl tampon çözeltisi ve EDTA içeren etanol çözeltisine göre daha başarılı olmasının nedenini DNA ile kompleks oluşturabilecek kimyasal içeriğinin daha az olması şeklinde

değerlendirmek mümkündür. Ayrıca bu sonuç etanolün dokuyu dehidre etmesi sonucunda katabolik enzimleri de içeren proteinlerin denatüre olmasıyla da<sup>203</sup> açıklanabilmektedir.

Çalışmamızda elde edilen sonuçlar ile benzer şekilde, etanolün DNAs'lar gibi hücrel enzimleri inhibe etmesinden dolayı dokuyu başarıyla koruduğunu bildiren Chakraborty *et al.*<sup>199</sup>, bu sayede DNA kalitesinin bozulmadığını veya uzun süreler sonunda sadece göz ardı edilebilir miktarda degradasyona uğradığını belirtmiştir. Araştırmacılar saklama sıvısı olarak etanol kullanıldığında izolasyon öncesi etanolün etkili bir şekilde uzaklaştırılması ve yüksek sıcaklıkta uzun süre inkübasyona bırakılarak parçalama aşamasının gerçekleştirilmesi ile DNA miktar ve kalitesinde artış sağlanabileceğini vurgulamaktadırlar. Araştırmacılar, etanol kullanımının ekonomik olmadığı durumlarda balıktan bir parça dokunun etanol içerisinde saklanması, örneğin geri kalanının ise formalin gibi daha ekonomik fiksasyon sıvılarında saklanması gerektiğini belirtmektedirler.

## 6.2. Evrensel Primerlerin Amplifikasyon Başarısının Değerlendirilmesi

PCR inhibitörleri, primer uyumsuzlukları veya DNA degradasyonları nedeniyle başarısız PCR amplifikasyonları ve dizi analizleri meydana gelebilmektedir<sup>124</sup>. Benzer çalışmalarda meydana gelen hataların ana sebebinin mukopolisakkaritler gibi bilinen PCR inhibitörlerini içeren degrede olmuş dokular oluşturmaktadır<sup>79</sup>. DNA barkodlamanın bu kadar çabuk benimsenmesindeki ana sebeplerden birini de belirli evrensel primer çiftleri kullanılarak çok geniş bir taksonomik ölçekten canlı grubuna ait *COI* barkod bölgelerini kolaylıkla çoğaltılabilmesi ve dolayısıyla primer sorunu yaşanmaması oluşturmaktadır.

Bizim çalışmamızda Chordata (Actinopterygii+Chondrichthyes) şubesi altındaki canlıların tamamının *COI* bölgeleri Fish F1-R1 primer çifti ile (deneme amacı ile Fish F2-R2 primer çifti de kullanılmıştır), Arthropoda, Cnidaria ve Mollusca şubesindeki canlıların tamamı ise LCO1490-HCO2198 primer çifti kullanılarak başarıyla çoğaltılmıştır. Bu çalışmada DNA barkodları çıkarılan 114 tür için evrensel DNA barkodlama primerlerinin başarıyla çalıştıklarını söylemek mümkündür.

Hebert *et al.*<sup>20</sup>, *COI* geninin 5' bölgesinin DNA barkodlama sistemi için belirlenmesindeki nedenlerden birini, bu bölgenin farklı taksonlardan canlılarda evrensel primerler ile çoğaltılmaya uygun olması şeklinde açıklamıştır. Benzer çalışmalarda Aquino *et al.*<sup>204</sup> Laguna Körfezi'ndeki balık türlerinin tamamının PCR amplifikasyonlarında başarı sağladığını; Ward *et al.*<sup>45</sup> Avustralya'dan örneklediği 211 tür içerisinde sadece beş tanesi için ikinci bir primer çifti kullanma gereksinimi doğduğunu ve Lakra *et al.*<sup>15</sup> Hindistan'dan örneklediği 115 türün tamamını tek bir primer çifti ile gerçekleştirdiğini bildirerek bizim sonuçlarımızla uyumlu sonuçlar elde etmişlerdir. Folmer *et al.*<sup>24</sup> tasarladıkları primer çifti olan LCO1490-HCO2198'in omurgasız metazoanların büyük kısmının mitokondriyal *COI* genini amplifiye etmekte başarılı olduğunu bildirmiştir.

### 6.3. Tür İçi Genetik Uzaklığın Değerlendirilmesi

DNA barkodlamanın tür içi genetik farklılıkları ortaya koymadaki yeterliliklerinin değerlendirilmesi amacıyla 114 farklı türden toplam 2265 örnek kendi türlerine ait diğer örnekler ile karşılaştırılmıştır. Gerçekleştirilen haplotip analizi sonucunda veri setinin tamamında 322 haplotip tespit edilmiştir. Türlerle ait haplotip sayıları 1-6, değişken lokus sayısı 2-32 ve haplotip çeşitliliği 0,1895-0,8211 arasında türlere göre değişiklik göstermiştir.

En fazla haplotip sayısına sahip tür 6 haplotip ile Chondrichthyes veri setinden *Zeus faber* olarak tespit edilirken, Arthropoda veri setinde üçer haplotip ile *Maja squinado*, *Marsupenaeus japonicus* ve *Scyllarides latus*; Mollusca veri setinde ise 5 haplotip ile *Octopus vulgaris*, veri setlerine göre en fazla sayıda haplotipe sahip türler olarak tespit edilmiştir. Tek haplotipe sahip tür sayısı, Chondrichthyes veri setinde 5, Arthropoda ve Mollusca veri setlerinde ise 3 olarak hesaplanmıştır. Chondrichthyes veri setinin tek temsilcisi *Squatina squatina*'nın 4, Cnidaria veri setinin tek temsilcisi *Aurelia aurita*'nın ise 2 haplotipi tespit edilmiştir.

En yüksek haplotip çeşitliliği 0,8211 ile Chondrichthyes veri setinden *Zeus faber*'de tespit edilirken, Arthropoda veri setinde 0,5842 ile *Maja squinado* ve Mollusca veri setinde 0,7263 ile *Octopus vulgaris* en yüksek haplotip çeşitliliğine sahip türler olarak belirlenmiştir. Haplotip çeşitliliği, Chondrichthyes veri setinin tek temsilcisi olan *Squatina squatina* için 0,7263 ve Cnidaria veri setinin tek temsilcisi *Aurelia aurita* için 0,3947 olarak hesaplanmıştır.

Tür içi K2P ortalama genetik uzaklıklar değerlendirildiğinde en yüksek tür içi varyasyon, %2,71 ile Actinopterygii veri setinden *Diplodus annularis*'te tespit edilmiştir. Arthropoda veri setinde en yüksek tür içi varyasyon %2,65 ile *Cancer pagurus*'ta tespit edilirken, Mollusca veri setinde en yüksek tür içi varyasyon %2,06 ile *Octopus vulgaris*'te hesaplanmıştır. Elde edilen tür içi ortalama genetik uzaklık değerlerinin tamamı tür içi genetik varyasyon sınırı olarak kabul edilen <sup>20</sup> %3 seviyesinin altında bulunmuştur.

Bu çalışmada örneklenen türlerin, tür içi A-T oranlarındaki varyasyon yakın zamanda meydana gelen genetik farklılaşma ve denizler arasında geçmişte meydana gelen izolasyonlar sonucu ortaya çıkmış olabilir. Geçmiş izolasyonlara ek olarak Akdeniz'de meydana gelen dip akıntıları, yüzey akıntıları ve izotermier bazı popülasyonların izolasyonuna neden olmuş olabilir <sup>205</sup>. Tüm veri setinde tür içi ortalama genetik uzaklığın %0,63 olarak hesaplanması, *COI* barkodunun tür içi genetik farklılığın tespit edilmesinde etkin bir moleküler araç olarak kullanılabilirliğini göstermektedir.

Yerel ve bölgesel ölçekte meydana gelen genetik yapılanmalara getirilen açıklamalardan biri de pelajik larval formların geniş bir coğrafik alana yayılmaları ve bunun sonucunda gen akışı meydana gelmesidir <sup>206-208</sup>. Zhang and Hanner <sup>209</sup> gerçekleştirdikleri çalışmada tür içi farklılığın Carangidae, Sciaenidae ve Mullidae familyalarında sifıra kadar düştüğünü fakat bazı türlerde (*Acentrogobius caninus*, *Scomber japonicus*, *Terapon jarbua*, *Upeneus sulphureus*, *Elops hawaiiensis*, *Gymnothorax pseudothyrsoides* ve *Dendrophysa russelii*) ise bizim çalışmamızla benzer şekilde %1'in üzerinde genetik uzaklık değerleri saptadıklarını belirtmişlerdir.

Avisé *et al.*<sup>210</sup> tür içi genetik farklılıkların %2'den büyük olmasının çok ender bir durum olduğunu belirtirken, tür içi farklılıkların genellikle %1 seviyesinde olduğunu vurgulamıştır. Bu görüşe katılan Hebert *et al.*<sup>27</sup> bu seviyeden yüksek olarak tespit edilen tür içi genetik varyasyonların genellikle coğrafik izolasyonlar sonucu oluştuğunu belirtmiştir. Çalışmamız sonucunda elde ettiğimiz %0,63'lük ortalama tür içi genetik varyasyon bu sonuçları destekler niteliktedir.

DNA barkodlama kullanılarak gerçekleştirilen tür içi genetik varyasyon çalışmalarında genellikle %1 ve altında varyasyon tespit edilmiştir. Rasmussen *et al.*<sup>79</sup> Kuzey Amerika'daki salmon ve alabalık türlerinde ortalama tür içi genetik varyasyonu %0,27 (% 0-1,95), Hubert *et al.*<sup>84</sup> Kanada'dan 194 balık türünde %0,30 (% 0-7,42), Ward *et al.*<sup>45</sup> Avustralya'dan örneklediği 207 tür için %0,39 (% 0-14,08), Yancy *et al.*<sup>82</sup> Amerika Birleşik Devletleri'ndeki ticari öneme sahip 72 tür için %0,99 (muhtemel yanlış tanımlamalar veri setinden çıkarılırsa %0,19) ve Nwani *et al.*<sup>173</sup> %0,17 olarak hesaplamışlardır.

#### **6.4. Türler Arası Genetik Uzaklığın Değerlendirilmesi**

##### **6.4.1. Nükleotid kompozisyonu**

*COI* barkodları oluşturulan 114 türün nükleotid kompozisyonları beş grup altına ayrılarak incelenmiş ve Chordata şubesi altında toplanan Actinopterygii ve Chondrichthyes sınıflarından balık türlerinin ortalama G-C oranlarının Arthropoda, Cnidaria ve Mollusca şubeleri altında toplanan canlılardan farklılık gösterdiği göze çarpmaktadır (Çizelge 4.4-4.8).

Toplamda 91 tür içeren Actinopterygii veri seti değerlendirildiğinde ortalama G-C değerinin %46,73 olarak hesaplandığı görülmektedir. Veri seti içerisindeki türler değerlendirildiğinde en yüksek ortalama G-C oranına sahip türün %51,91 ile *Merluccius merluccius* olduğunu, en düşük G-C değerine sahip olan türün ise %39,35 ile *Belone belone* olduğunu görmekteyiz.

Chondrichthyes veri seti içerisindeki tek tür olan *Squatina squatina* için G-C değeri %41,06 hesaplanmıştır.

Ward *et al.*<sup>45</sup> Avustralya'dan örnekledikleri balık türlerinin *COI* barkodlarına ilişkin nükleotid kompozisyonu değerlendirmelerinde Actinopterygii sınıfından balık türlerinin G-C oranını, bizim elde ettiğimiz sonuçla (%46,73) çok benzer şekilde %47,1 olarak, Chondrichthyes sınıfından balık türlerinin G-C oranını da yine çalışmamızda elde ettiğimiz oran (%41,06) ile uyumlu olarak %42,2 olarak hesaplamışlardır. Benzer şekilde Saccone *et al.*<sup>211</sup> Actinopterygii sınıfından 9 balık türü ve Chondrichthyes sınıfından üç balık türünün mitokondriyal genomlarının tamamını kullanarak gerçekleştirdiği nükleotid kompozisyonu analizlerinde Actinopterygii sınıfından balık türleri için ortalama G-C oranını %43,2, Chondrichthyes sınıfından balık türleri için ise %38,4 olarak hesaplamıştır. Bu ve benzer çalışmalardan elde edilen sonuçlar ile bizim çalışmamızdan elde ettiğimiz veriler birlikte değerlendirildiğinde Actinopterygii sınıfından balık türlerinin Chondrichthyes sınıfından balık türlerine oranla daha yüksek G-C oranlarına sahip olduğu açıkça görülmektedir. Ward *et al.*<sup>45</sup>, en çok eş zamanlı mutasyonun kodonun üçüncü bazında gerçekleştiğini, daha sonra az miktarda birinci bazda gerçekleştiğini ve ikinci bazda hemen hemen hiç değişiklik olmadığını bildirmiş ve Actinopterygii ile Chondrichthyes sınıflarından türler arasındaki G-C oranı farklılıklarının temel nedenini kodonun üçüncü bazında meydana gelen değişimler olduğunu belirtmiştir. Costa *et al.*<sup>212</sup> *COI* barkodlarından elde edilen nükleotid kompozisyonu oranlarının mitokondriyal genomun tamamına ilişkin bir tahmin aracı olarak kullanılabileceğini belirtmiştir.

Arthropda şubesinde canlılara ilişkin veri setinin nükleotid kompozisyonu sonuçları incelendiğinde, ortalama G-C değerinin %38,20 olarak hesaplandığı ve bunun Actinopterygii veri setine oranla çok düşük olduğunu görmekteyiz. Arthropda veri setinde en yüksek G-C oranı %42,05 ile *Scyllarus arctus*'da, en düşük G-C oranı ise %35,32 ile *Nephrops norvegicus*'da tespit edilmiştir. Mollusca şubesinde canlı türlerinin değerlendirildiği veri setinin nükleotid kompozisyonu analizleri sonucunda ortalama G-C oranı %36,54 olarak hesaplanmıştır. Ortalama G-C değeri bakımından değerlendirildiğinde Mollusca veri setindeki değerlerin Arthropoda veri setine yakın, Chordata veri setinden ise uzak olduğunu görmekteyiz. Mollusca veri seti içerisinde en yüksek G-C oranına sahip canlı



türü %38,84 ile *Pecten jacobaeus* olarak tespit edilirken, en düşük G-C oranı ise %33,44 ile *Loligo vulgaris*'de görülmektedir. Çalışmamızda Cnidaria şubesi altında bulunan tek tür olan *Aurelia aurita*'nın nükleotid kompozisyonu da incelenmiş ve G-C oranının %39,54 ile Arthropoda ve Mollusca veri setlerindeki türlere daha yakın bir yapıda olduğu tespit edilmiştir.

Literatürde Actinopterygii ve Chondrichthyes sınıflarından balık türlerine ilişkin nükleotid kompozisyonu verilerine rastlanmaktadır ve çalışmamız sonucunda elde ettiğimiz veriler bu çalışmalar ile birlikte değerlendirilmiştir. Fakat Arthropoda, Cnidaria ve Mollusca şubesinden canlıların *COI* barkodlarının nükleotid kompozisyonuna ilişkin çalışmalar bakımından literatürde eksiklikler bulunduğundan, elde ettiğimiz veriler her bir tür için 20 örnek üzerinden elde edildiği de göz önüne alınırsa benzer çalışmalar için referans oluşturacak niteliktedir.

#### **6.4.2. Nükleotid çifti frekanslarının değerlendirilmesi**

*COI* barkodlarındaki nükleotid dizilerinin değişkenlik özelliğini değerlendirmek bakımından dört farklı şube altında bulunan canlıların bir arada değerlendirildiği veri seti kullanılarak gerçekleştirilen nükleotid çifti analizleri sonucunda, 654 baz çifti uzunluğundaki bölgenin %24,77'lik bir kısmının hiçbir değişikliğe uğramadığı ve veri setindeki canlıların tamamında korunduğu görülmektedir. Veri seti içerisindeki canlıların çok geniş ölçekte bir taksonomik dağılıma sahip olduğu düşünüldüğünde barkodlama açısından seçilen bölgenin korunmuşluk bakımından önemli bir bölge olduğu görülmektedir. Aynı veri seti üzerinden yapılan değerlendirmede eş çiftlerin en çok ikinci kodonda, daha sonra birinci kodonda ve en az üçüncü kodonda olduğu görülmektedir. Transisyonel çiftler ve transversiyonel çiftler bakımından değerlendirildiğinde ise en yüksek üçüncü kodonda, daha sonra birinci kodonda ve en düşük ikinci kodonda olduğu tespit edilmiştir. Transisyonel çiftlerin transversiyonel çiftlere oranı olarak hesaplanan R değeri ise en yüksek birinci kodonda, daha sonra üçüncü kodonda ve en düşük olarak ise ikinci kodonda hesaplanmıştır. Ortalama R değeri olan 1,17'ye en yakın sonuç üçüncü kodondan elde edilmiştir. Bu veriler

*COI* barkodlarının nükleotid çifti frekanslarına ilişkin önemli bir referans bilgisi oluşturmaktadır.

Actinopterygii sınıfından canlı türlerini içeren veri setinin nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları değerlendirildiğinde korunmuş bölge oranının %43,27'ye çıktığını görmekteyiz. Bu artış veri setinin tek bir sınıftan canlı türlerini içeriyor olmasından kaynaklanan, ön görülebilir bir artıştır. Gen bölgesi bakımından değerlendirildiğinde ise %43,27 oranındaki korunmuşluk, Actinopterygii gibi geniş bir sınıf için *COI* barkod bölgesinin korunmuşluk bakımından uygun bir bölge olduğunu göstermektedir. Eş çiftler, transisyonel çiftler ve transversiyonel çiftler ile R değeri bakımından kodonlardaki dağılım incelendiğinde ise tüm canlı türlerinin bir arada değerlendirildiği veri seti ile uyumlu bir yapı görülmektedir. Ortalama R değeri ise 1,32 ile tüm canlı türlerinin değerlendirildiği veri setinden daha yüksek olarak tespit edilmiştir.

Arthropoda şubesi altında toplanan türlerin değerlendirildiği veri setine ilişkin sonuçları incelediğimizde, korunmuş bölge oranının %55,50 ile daha da yüksek olduğunu görmekteyiz. Her ne kadar kesin bir yargıya varabilmek için daha çok familya ve cinsten türler içeren bir veri seti oluşturularak örnekleme yapılması gerekmele beraber, Actinopterygii veri setine göre hesaplanan %10'dan büyük bir fark Arthropoda şubesi altındaki canlıların *COI* barkodları bakımından balık türlerinden daha korunmuş bir nükleotid yapısına sahip olduğu genellemesini yapmaya imkan tanımaktadır. Arthropoda veri seti değerlendirilirken göze çarpan bir başka önemli detay ise ikinci kodondaki R değerinin, değerlendirilen ilk iki veri setinin aksine üçüncü kodondaki R değerinden yüksek çıkmasıdır. Bunun nedeni belirgin bir şekilde ikinci kodonda meydana gelen transisyon sayısının transversiyon sayısından daha az olmasıdır. Arthropoda veri setinde tespit edilen bu farklılık bu şube altındaki canlıların *COI* barkodlarının nükleotid çifti yapısı hakkında bir temel oluşturulmasında referans oluşturabilecek özelliindedir.

Mollusca şubesinde canlı türlerini içerisinde bulunduran veri seti değerlendirildiğinde, %34,56 ile en düşük korunmuş bölge oranının hesaplandığı görülmektedir. Ayrıca ortalama R değeri de 0,76 ile 1'in altında olan tek veri seti olarak da diğerlerinden ayrılmaktadır.

Bunun nedeni toplam transversiyonel çiftlerin sayısı transisyonel çiftlerin sayısından fazla olmasıdır. *COI* barkod özelliği bakımından bu özellik Mollusca şubesinde canlıların nükleotid çifti değerlendirmelerinde referans bilgi olarak kullanılabilir. Eş çiftler, transisyonel çiftler ve transversiyonel çiftler ile R değeri bakımından kodonlardaki dağılım incelendiğinde ise tüm canlı türlerinin bir arada değerlendirildiği ve Actinopterygii veri seti ile paralel bir yapı görülmektedir.

#### **6.4.3. Kodon kullanımının değerlendirilmesi**

DNA barkodlama yönteminin güvenilirliği konusunda duyulan endişelerin başında *COI* psödogenlerinin PCR sırasında olası amplifikasyonları gelmektedir. Buna göre, nükleer mitokondriyal DNA tanımlamasının kısaltılmasıyla oluşturulan ve numt adı verilen, nükleer genoma geçiş yapmış mitokondriyal DNA dizilerinin çoğaltılması sonucunda hatalı diziler elde edilmekte ve tanımlamalar doğru yapılamamaktadır<sup>69,74,213,214</sup>. Venkatesh *et al.*<sup>215</sup> ise bu durumun balıklarda kolaylıkla tespit edilebildiğini çünkü numt dizilerinin stop kodonlar içerdiklerini bildirmiş ve bu stop kodonların BOLD veri tabanında yükleme sırasında tespit edilip sistemin sizi uyardığına dikkat çekmiştir.

Çalışmamız kapsamında 114 türe ilişkin oluşturulan *COI* barkodlarının tamamına ilişkin kodon kullanım analizleri gerçekleştirilmiş ve *COI* barkodlarının hiç birinde stop kodon oluşumu gözlenmemiştir. Moleküler genetik veriler veya moleküler evrimsel analizler ile tecrübesi yeterli düzeyde olmayan araştırmacıların sıklıkla düştüğü yanlışların başında DNA dizi analizi sonucunda temiz bir kromotogram elde etmenin yeterli olması düşüncesi olduğunu söyleyen Buhay<sup>74</sup>, araştırmacıların elde ettikleri dizilerin numt içerip içermediklerini mutlaka kontrol etmelerini önemle vurgulamaktadır.

Buhay<sup>74</sup>, bu riski azaltmak için iki öneride bulunmaktadır. Öncelikli olarak kalıp DNA'nın elde edileceği dokunun, mitokondri içeriği yüksek olanlardan seçilmesini öneren araştırmacı bu uygulamanın numt amplifikasyon riskini belirgin biçimde düşüreceğini öne sürmektedir. Bizim çalışmamızın %80,70'ini oluşturan balık türlerine ilişkin doku örneklemelerinin

tamamı kas dokusu ile birlikte, mitokondri içeriği en yüksek dokulardan olan karaciğerden gerçekleştirilmiştir. Araştırmacı benzer şekilde Malacostraca sınıfından türlere ilişkin doku örneği seçiminde ise abdomen kısmı yerine karapaksın altından, solungaçların bulunduğu kısımlardan elde edilen dokuların mitokondri içeriği daha yüksek olduğundan numt amplifikasyonu riskinin daha düşük olduğunu belirtmiştir. Çalışmamızda örneklenen Malacostaraca sınıfından 14 canlı türünün tamamından doku örnekleri karapaks bölgesinden alınmış ve bu şekilde hatalı amplifikasyon riski en düşük düzeyde tutulmuştur. İkinci bir önlem olarak da elde edilen DNA dizilerinin veri tabanlarında yayınlanmış en yakın canlı türüne ilişkin tüm mitokondriyal genomu ile karşılaştırılmasını önermektedir. Sadece *COI* genlerine ilişkin diziler, karşılaştırılan dizilerin de hatalı olabilmesi ihtimaline sahipken, tüm mitokondriyal genom dizilerinde böyle bir hatalı amplifikasyon riski bulunmamaktadır. Çalışmamız boyunca oluşturduğumuz *COI* barkodlarının tamamı hem BOLD tarafından sunulan stop kodon kontrolünden geçmiş, hem kullandığımız yazılımlar yardımı ile tüm kodonları tek tek incelenmiş ve mümkün olan durumlarda ilgili tüm mitokondriyal genomlar ile karşılaştırılmıştır.

#### **6.4.4. *COI* barkodlarının karşılaştırıldığı veri tabanlarının yeterliliğinin değerlendirilmesi**

DNA barkodlama tekniğinin uygulanmasının temelinde, karşılaştırma yapılan veri tabanında aynı türe ilişkin veya ona çok yakın başka kayıtların olup olmadığı yatmaktadır. Bu sebepten veri tabanlarında ilgili taksonlardaki canlıların büyük bir kısmını kapsayacak miktarda referans *COI* dizilerinin olması gerekmektedir. Bugüne kadar tanımlanmış balık türlerini göz önüne alırsak, 6 sınıf, 62 takım ve 540 familyadan toplam tür sayısı yaklaşık 31.000 olarak bildirilmiştir <sup>2</sup>. Balık türlerine ilişkin DNA barkodları oluşturan “FishBOL” çalışma grubunun resmi internet sitesinde (<http://www.fishbol.org>, 2013) yayınlanan en son bilgilere göre 9769 (%31,73) balık türüne ilişkin DNA barkodu oluşturulmuştur. GenBank veri tabanındaki dizileri de kullanan BOLD veri tabanında kayıtlı toplam balık türü sayısı ise 15.520 (%50,06) olarak gözükmektedir.

Becker *et al.* <sup>86</sup>, Temmuz 2010 itibariyle hemen hemen her familyanın (%89) en az bir tür ile temsil edildiğini belirtmiştir. Araştırmacılar sistematik olarak hatalı olduğu tespit edilen bir familya veya takıma rastlanmadığını, fakat bazı takımlarda (Pristiformes, Torpediniformes, Albuliformes, Batrachoidiformes, Gobiesociformes ve Petromyzontiformes) çok yüksek bir hata payı olan %10'un üzerinde hata payları hesaplandığını bildirmişlerdir.

Arthropoda'ya baktığımız zaman yaklaşık 1.170.000 türden bahsedilmektedir <sup>216</sup> ve BOLD veri tabanında 148.823 (%12,72) türe ilişkin DNA barkodu kaydı bulunmaktadır. Bu türler içerisinde yaklaşık olarak 85.000 sucul tür olduğu düşünüldüğünde ve bunlar içerisinde bizim çalışmamızdaki Arthropodların tamamının içerisinde bulunduğu Malacostraca dikkate alındığında bu sınıf altında bulunan yaklaşık 25.000 tür olduğu <sup>217</sup> ve BOLD veri tabanında bunlardan 4.078 (%16,31) türün barkodlandığı görülmektedir.

Çalışmanın bir başka önemli grubunu oluşturan Mollusca şubesine ilişkin yaklaşık 85.000 tanımlanmış yaşayan tür olduğu bildirilmiştir <sup>218</sup>. Bir başka çalışmaya <sup>219</sup> göre ise Mollusca şubesi altında yaşayan tanımlanmış tür sayısı yaklaşık olarak 93.000 ve bunun %23'ünü (21.390 tür) de sucul türler oluşturmaktadır. BOLD veri tabanındaki DNA barkodu çıkarılmış kayıtlı Mollusca şubesinden tür sayısına baktığımızda 7.633 (%35,68) tür olduğunu ve bunlardan 7.457 (%34,86) türün çalışmamız kapsamındaki Bivalvia, Cephalopoda ve Gastropoda sınıfından türlere ilişkin kayıtlar olduğu görülmektedir.

Çalışma kapsamında tek örnekle temsil edilen Cnidaria şubesinde bilinen yaklaşık 10.000 tür olduğu belirtilmektedir <sup>176</sup>. BOLD veri tabanındaki Cnidaria şubesine ait 730 (%7,30) DNA barkod kaydı bulunmaktadır. Çalışmamız kapsamında sadece bir Cnidaria türüne ilişkin karşılaştırma yapıldığından ve bu tür kayıtlı olduğundan herhangi bir sorunla karşılaşılmamıştır.

Çalışma kapsamında oluşturulan *COI* barkodlarına baktığımızda 14 (%12,28) tanesinin BOLD veri tabanına türün ilk kaydı olarak girildiği, 11 (%9,65) *COI* barkodunun ise GenBank veri tabanı için türe ilişkin ilk kayıt olduğu görülmektedir. Yine GenBank veri

tabanı bakımından değerlendirildiğinde 28 (%24,56) türün de *COI* barkod olarak değerlendirilebilmesi için gerekli en az 648 baz çifti uzunluğuna sahip türün ilk kayıtları olduğu tespit edilmiştir. Çalışma kapsamında *COI* barkod kayıtları gerçekleştirilen türlerden 3 tanesi (%2,63) hem BOLD hem de GenBank veri tabanları için türe ilişkin ilk *COI* barkod girişi olarak kaydedilmiştir.

Çalışma boyunca oluşturulan 114 türe ilişkin *COI* barkodlarından, GenBank veri tabanı 103 (%90,35) tanesini, BOLD veri tabanı ise 100 (%87,72) tanesini tür seviyesinde tanımlamada başarılı olmuşlardır. Her iki veri tabanı birlikte kullanıldığında ise 114 türün 111 (%97,37) tanesi tür seviyesinde başarıyla tanımlanmıştır. GenBank veri tabanı kullanılarak gerçekleştirilen DNA dizisi karşılaştırmalarında elde edilen ortalama benzerlik oranı %98,12, BOLD veri tabanı kullanılarak gerçekleştirilen karşılaştırmalarda ise %97,96 olarak hesaplanmıştır. Her iki veri tabanının ortalama benzerlik oranı %98,04 olarak hesaplanmış ve bunun karşılaştırılan diziler arasında 1-13 baz çifti arasında bir farklılığa denk geldiği hesaplanmıştır.

GenBank veri tabanı kullanılarak elde edilen veriler incelendiğinde 11 *COI* barkodunun tür seviyesinde tanımlanmasının gerçekleştirilemediği görülmektedir. Bu 11 *COI* barkodunun 10'u (%8,77) cins seviyesinde, biri (%0,88) familya seviyesinde eşleşmeler ile sonuçlanmıştır. Tür seviyesinde gerçekleşen bu eşleşmelerin hiçbirinde tür seviyesinde yanlış eşleşmeye rastlanmamış, farklı seviyeden eşleşmelerin nedeninin veri tabanında türün *COI* barkoduna ilişkin referans kayıt bulunmaması nedeniyle gerçekleştiği görülmüştür. GenBank veri tabanı kullanılarak gerçekleştirilen karşılaştırmalar sonucunda 89 (%78,07) *COI* barkodu %99 benzerlik oranı ile eşleşmiştir. *COI* barkod bölgesini 654 baz çifti uzunluğunda olduğu göz önüne alınırsa bu %1'lik farklılığın 1-6 baz çifti uzunluğunda olduğu görülmektedir. Bu 89 *COI* barkod kaydına %98 benzerlik gösteren dokuz (%7,89) barkodu da eklersek 114 türün 98'inin (%85,96) yüksek benzerlik oranlarıyla tanımlandığını, varyasyon seviyesinin 654 baz çiftinde 1-13 baz çifti aralığında olduğunu görmekteyiz.

GenBank veri tabanında gerçekleştirilen karşılaştırmalarda, tür seviyesinde eşleşme sağlanıp, %98'in altında benzerlik oranına sahip sadece altı (%5,26) *COI* barkodu tespit edilmiştir. Yalnız dört (%3,51) *COI* barkodu %100 benzerlik oranı göstermiş fakat eşleştikleri referans diziler 600 baz çiftinden kısa diziler olduklarından karşılaştırılmayan bölgelerdeki olası varyasyonlar göz önünde bulundurularak en yakın diğer diziden elde edilen benzerlik oranı değerlendirilmeye alınmıştır. Referans diziler ile karşılaştırma sonucunda elde edilen benzerlik oranları değerlendirildiğinde sadece bir (%0,88) *COI* barkodunda %90'dan daha düşük eşleşme oranları elde edilmiştir. *Epinephelus aeneus*'a ait dizi tür seviyesinde bir eşleşme gerçekleştirilememiş ve aynı cinsten bir türe ait referans dizi ile %89 oranında bir benzerlik göstermiştir.

BOLD veri tabanı kullanılarak gerçekleştirilen karşılaştırmalar analiz edildiğinde, tür seviyesinde karşılaştırma gerçekleştirilemeyen *COI* barkodu sayısının 14 (%12,28) olduğunu görmekteyiz. Bunlar içerisinde 11'i (%9,65) cins seviyesinde, üçü (%42,63) familya seviyesinde eşleşme göstermiştir. GenBank veri tabanında elde edilen sonuçlar ile benzer şekilde farklı eşleşmelerin sebebi veri tabanında aynı türe ilişkin referans dizinin bulunmaması olarak görülmektedir. BOLD veri tabanı kullanılarak gerçekleştirilen eşleştirmeler sonucunda 87 (%76,32) *COI* barkodu %99 benzerlik oranı göstermiştir. Bu 87 barkoda, en az %98 benzerlik gösteren 6 (%5,26) barkod kaydı da eklenince 114 türün 93'ü (%81,58) için oluşturulan barkodların 1-13 baz çifti aralığında bir varyasyon ile eşleşme sağladığı görülmektedir. Tür seviyesinde eşleşme sağlanmasına rağmen benzerlik oranı %98'den küçük olan *COI* barkodlarının sayısı dokuz (%7,89) olarak tespit edilmiştir. Bu sayının GenBank'ta tespit edilen sayıdan daha fazla olmasının ana nedeni BOLD veri tabanının benzerlik oranlarını sıfırdan sonra iki hane şeklinde gösteriyor olması. Bu nedenle GenBank veri tabanında %97,50 ve daha büyük tüm benzerlik oranları %98 olarak değerlendirilmektedir. BOLD veri tabanında %100 benzerlik gösteren bir eşleşme gerçekleştirilmemiştir. GenBank'ta bulunan standart *COI* barkodundan kısa dizilerin BOLD veri tabanında bulunmaması bunun en önemli sebebi olarak görülmektedir. Son olarak BOLD veri tabanında %90'ın altında eşleşme gösteren dört (%3,51) *COI* barkodu tespit edilmiştir. Bunlar sırasıyla cins seviyesinde eşleşme gösteren *Carcinus aestuarii* (%89,35), *Rapana bezoar* (%86,48), *Scyllarides latus* (%88,94) ve *Scyllarus arctus* (%84,34). Balık türleri (Actinopterygii ve Chondrichthyes) içerisinde %90'ın altında eşleşme gösteren türe rastlanmamıştır.

#### 6.4.5. Genetik uzaklığın değerlendirilmesi

Genetik uzaklık hesaplamalarının gerçekleştirilmesinde DNA barkodlama çalışmalarının standart modeli olan K2P'den yararlanılmıştır. Veri setinin tamamı analiz edildiğinde ortalama genetik uzaklık 0,2838 olarak hesaplanmıştır. Veri setinin gruplara göre ayrılması ile oluşturulan alt veri setlerinde ise, Mollusca şubesi dışında, ortalama genetik uzaklığın beklendiği şekilde düştüğünü görmekteyiz. Actinopterygii veri seti için 0,2333 ve Arthropoda veri seti için 0,2304 ortalama genetik uzaklık hesaplanırken, Mollusca veri setinde dört farklı şubeden canlıların bulunduğu veri setinden bile yüksek şekilde 0,3493 olarak hesaplanmıştır.

Üç farklı sınıftan 7 farklı tür arasında hesaplanan genetik uzaklık değerlerinin yüksek çıkmasının asıl nedeni Bivalvia sınıfından canlılar arasındaki genetik uzaklığın genel ortalamayı etkilemesi olarak gözükmektedir. Bivalvia sınıfından türlerin kendi aralarındaki genetik uzaklık (K2P) hesaplandığında %62,02 gibi yüksek bir genetik uzaklık değeri karşımıza çıkmaktadır. Benzer şekilde Bivalvia sınıfından türlerin Gastropoda sınıfından türler ile karşılaştırılmasında hesaplanan uzaklık değeri %57,83, Cephalopoda sınıfından türleri ile karşılaştırmalarında hesaplanan genetik uzaklık ise %56,20 olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu yüksek genetik uzaklık değerinin Mollusca şubesinden mi yoksa Bivalvia sınıfına özel mi olduğunu anlamak için yapılan analizlerde, Cephalopoda sınıfından türlerin kendi aralarındaki genetik uzaklığın %23,49, Gastropoda ile Cephalopoda sınıflarına ait türler arasındaki genetik farklılığın %30,46 olduğu tespit edilmiştir. Bu sonuçlar, Mollusca şubesi içerisindeki yüksek genetik uzaklığın Bivalvia sınıfındaki canlılardan kaynaklandığını göstermektedir.

Gruplar arası ortalama genetik uzaklık değerlerine göre hesaplanan değerler incelendiğinde, en düşük genetik farklılığın Actinopterygii ile Mollusca şubeleri arasında, %30,07 ile hesaplandığı, en yüksek genetik farklılığın ise %47,51 ile Cnidaria ile Actinopterygii şubeleri arasında gözlemlendiği göze çarpmaktadır.



Çalışma kapsamında tür, cins, familya ve takım şeklinde gruplara ayrılmış veri setlerinde hesaplanan en yüksek, en düşük ve ortalama genetik değerleri detaylı bir şekilde incelenmiştir. Buna göre aynı türden örnekler arası en büyük genetik uzaklık %2,71 (*Diplodus annularis*), en küçük genetik uzaklık %0,15 (*Alosa alosa*) ve ortalama genetik uzaklık %0,63 olarak hesaplanmıştır. Aynı cinsten türler arası en büyük genetik uzaklık %17,03 (*Epinephelus marginatus-Epinephelus aeneus*), en küçük genetik uzaklık %1,24 (*Thunnus thynnus-Thunnus alalunga*) ve ortalama genetik uzaklık %9,69 olarak hesaplanmıştır. Aynı familyadan türler arası genetik uzaklık hesaplamaları sonucunda en büyük genetik uzaklık %26,53 (*Carcinus aestuarii-Callinectes sapidus*), en küçük genetik uzaklık %8,65 (*Euthynnus alleteratus-Thunnus thynnus*) ve ortalama genetik uzaklık %16,40 olarak tespit edilmiştir. Aynı takım altında toplanan türlere ilişkin veri setinin analizi sonucunda en büyük genetik uzaklık %32,12 (*Sphyraena sphyraena-Lithognathus mormyrus*), en küçük genetik uzaklık %10,61 (*Spicara smaris-Spondylisoma cantharus*) ve ortalama genetik uzaklık %22,98 olarak hesaplanmıştır. Veri setlerinin taksonomik seviyesi arttıkça ortalama genetik uzaklık değerlerinin de beklendiği şekilde arttığı gözlemlenmiştir.

Aquino *et al.* <sup>204</sup> gerçekleştirdikleri çalışmada, bizim çalışmamızla benzer şekilde artan taksonomik seviye ile doğru orantılı olarak K2P genetik uzaklık değerlerinin de arttığını belirtmiştir.

*COI* barkod bölgesinin mitokondriyal gen standartlarının da üzerinde bir mutasyon hızına sahip olduğunu belirten Hubert *et al.* <sup>84</sup>, gerçekleştirdikleri çalışmada tür içi genetik varyasyonu %0,3, aynı cinsten türler arasındaki ortalama genetik uzaklığı ise %7,5-%8,3 arasında hesaplamışlardır. Araştırmacılar, iç su balıkları için hesaplanan bu değerlerin deniz balıkları için hesaplanan ortalama genetik uzaklık değerlerinden daha düşük olduklarını ve bunun genellenebileceğini vurgulamışlardır. Literatürdeki veriler ile benzer şekilde, bizim çalışmamızda da çoğunluğu (80/92; %86,96) deniz balıklarından oluşan veri setinin (*Actinopterygii+Chondrichthyes*) analizi sonucu elde edilen ortalama tür içi genetik uzaklık değeri %0,59, yalnızca iç su balıklarınıninki ise %0,34 olarak hesaplanmıştır.

Nwani *et al.* <sup>173</sup>, Nijerya'dan örnekleedikleri tatlı su balıklarına ilişkin oluşturdukları *COI* barkodlarının genetik uzaklıklarını karşılaştırdıklarında, tür içi genetik uzaklığı çok düşük (%0,17), aynı cinsten türler arasındaki genetik uzaklığı bizim çalışmamızla (%9,3) benzer şekilde %10,29 olarak hesaplamışlardır.

Hindistan'da gerçekleştirilen bir başka DNA barkodlama çalışmasında ise, Lakra *et al.* <sup>15</sup> 115 deniz balığı türünü barkodlamış ve tür içi genetik uzaklığı %0,30, aynı cinsler arasındaki genetik uzaklık değerini ise %6,60 olarak hesaplamıştır. Taksonomik seviyeyi yükselten araştırmacılar ortalama genetik uzaklığı familya seviyesinde %15,5, takım seviyesinde %22,20 ve sınıf seviyesinde ise %23,35 olarak hesaplamışlardır. Cins seviyesinin üzerindeki taksonomik seviyeden elde edilen bu sonuçlar bizim çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçlar ile çok büyük benzerlik göstermektedir. Tür içi genetik uzaklık değerindeki fark ise tür başına örneklenen birey sayısının (1-5), bizim çalışmamızdakinin dörtte biri olması nedeniyle daha düşük hesaplandığı sonucuna varılmıştır.

Salmonidae familyasından türlerin DNA barkodlarına ilişkin bir çalışma gerçekleştiren Rasmussen *et al.* <sup>79</sup>, tür içi ortalama genetik uzaklığı %0,26 olarak bulmuş ve bunu çok düşük olarak yorumlamış; aynı cinsten türler arasındaki genetik farklılığı ise bizim çalışmamız ve diğer çalışmalarla paralel bir şekilde %8,22 olarak hesaplamıştır.

Balıklarda gerçekleştirilen DNA barkodlama alanında yapılmış en geniş kapsamlı derleme çalışmalarından birini gerçekleştiren Ward *et al.* <sup>13</sup>, 273 cinsten, 546 türe ilişkin oluşturulan 1677 *COI* barkodunu kullanarak çeşitli taksonomik seviyelerde genetik uzaklık değerlerini karşılaştırmışlardır. Buna göre tür içi ortalama genetik uzaklık %0,35, aynı cinsten türler arası ortalama genetik uzaklık %8,11, aynı familyadan türler arası ortalama genetik uzaklık %16,19, aynı takımdan türler arası ortalama genetik uzaklık %21,74 ve aynı sınıftan türler arası ortalama genetik uzaklık %24,46 olarak hesaplanmıştır. Elde edilen bu sonuçlar tür içi (ki bu fark aynı türden örneklenen birey sayısındaki fazlalık ile açıklanmıştır) ortalama genetik uzaklık dışında çalışmamız ile çok büyük benzerlik göstermektedir.

DNA barkodlamının Arthropoda şubesinde canlıların tanımlanmasında başarılı bir moleküler araç olduğu Radulovici *et al.* <sup>156</sup> tarafından belirtilmiştir. Araştırmacılar, St. Lawrence Körfezi'nden örnekledikleri 80 türden 460 örneği, %95 başarı ile morfolojik olarak tanımlanmış, bilinen türler ile eşleştirmişlerdir. Bu oran bizim çalışmamızda %100 olarak bulunmuştur.

Arthropoda şubesinde canlıların örneklendiği çalışmalardan birinde ise Costa *et al.* <sup>212</sup>, Crustacea alt şubesinde canlılarda gerçekleştirdikleri DNA barkodlama çalışmasında tür içi genetik uzaklığı %0,46, aynı cinsten türler arasındaki genetik uzaklık değerini de %17,16 olarak hesaplamışlardır. Bizim çalışmamızda Arthropoda şubesi altındaki canlılara ilişkin aynı cinsten türler bulunmadığından, tür içi ve aynı familyadan türler arası genetik uzaklıklar hesaplanabilmiştir. Bizim çalışmamızda hesaplanan tür içi genetik farklılık %0,87 ile neredeyse iki kat daha yüksek olarak hesaplanmıştır.

Bu çalışmada örneklenen Arthropod türlerinin, *Squilla mantis* (Stomatopoda) hariç tamamını Decapoda takımından türler oluşturmaktadır. Decapoda takımından türler, erişkin formlarında, morfolojik olarak kolaylıkla tanımlanabilir olmakla beraber larval veya yavru formlarında morfolojik tanımlanmalarının gerçekleştirilmesi zordur <sup>12</sup>. Çalışmamızda, *COI* barkodlarından yararlanarak Malacostraca sınıfından 280 örneğin tamamını 14 tür altında başarıyla sınıflandırılmıştır. Malacostraca sınıfından canlılara yönelik benzer çalışmalarda, kuzeybatı Hint Okyanusu'ndan örneklenen *Uca* cinsinden yengeçler <sup>88</sup> ve Japonya'nın Ryuku Takım Adaları'ndan örneklenen *Clibanarius* cinsi yengeçler <sup>89</sup>, *COI* barkodları kullanılarak başarıyla tür seviyesinde tanımlanmıştır.

Arthropoda şubesinde canlılara ilişkin benzer çalışmalarda tür içi ortalama genetik uzaklık, sucül türlerde %0,91 <sup>156</sup>, karasal türlerde ise %0,25 <sup>27</sup> olarak hesaplanmıştır. Bizim çalışmamızda, Arthropoda şubesinde türlere ilişkin hesaplanan tür içi ortalama genetik uzaklık (%1,1) beklendiği şekilde sucül türlerde hesaplanan değere yakın bulunmuştur.

Çalışmamızda, Cnidaria şubesinden tek tür olan *Aurelia aurita*, avlanması sırasında gördükleri hasar nedeniyle morfolojik olarak tanımlanması neredeyse imkansız bir şekilde örneklenmiş, fakat *COI* barkodları kullanılarak iki farklı haplotip halinde tür seviyesinde başarıyla tanımlanmıştır. Daha önce gerçekleştirilen birçok çalışmada <sup>98,99,101-106</sup> *COI* barkodlarının Cnidaria şubesinden türlerin tanımlanmasında başarıyla kullanılabileceği gösterilmiştir.

Arthropoda ve Cnidaria şubesinden türler ile benzer şekilde, Mollusca şubesinden türlerin, özellikle de bizim çalışmamızda bulunan *Bivalvia* <sup>114-116</sup>, Cephalopoda <sup>118,119</sup> ve Gastropoda <sup>28,109,110</sup> sınıflarındakilerin DNA barkodlama yardımı ile tür seviyesinde tanımlanmalarının başarıyla gerçekleştirildikleri ortaya koyulmuştur. Mollusca şubesinden türlere ilişkin tek sıkıntının, veri tabanlarına karşılaştırılabilir referans dizi bulma olduğu Puillandre *et al.* <sup>113</sup> tarafından belirtilmiştir. Çalışmamızda elde edilen referans diziler, bu eksikliğin giderilmesine de katkıda bulunacaktır.

Feng *et al.* <sup>114</sup>, Mollusca şubesinin *Bivalvia* sınıfından Pectinidae familyasına ait sekiz farklı türe ilişkin 63 örneğin tür seviyesinde tanımlanmasında DNA barkodlama yaklaşımını denemişlerdir. Tür içi ve türler arası K2P genetik uzaklıkları hesaplayan araştırmacılar, tür içi genetik uzaklığı 0,000-0,020 (ortalama 0,0048) arasında, türler arası uzaklığı ise 0,133-0,344 (ortalama 0,284) arasında hesaplamışlardır. Elde edilen bu sonuçlar, bizim çalışmamızdaki Mollusca türlerinin ortalama tür içi genetik uzaklıkları (0,0020-0,0206; ortalama 0,0036) ile benzerlik göstermektedir.

Mollusca şubesinin bir başka önemli familyası olan Veneridae familyasından, 60 türe ilişkin 315 örnek üzerinde çalışan Chen *et al.* <sup>169</sup>, DNA barkodlama yöntemi ile bir örnek hariç tüm örneklerin tür seviyesinde tanımlandığını ve toplamda beş monofiletik küme oluştuğunu ve bunların, Çin'den ilk defa bildirilen türler olduklarını belirtmişlerdir. Tür içi genetik uzaklığı %0-3,17 arasında tespit eden araştırmacılar, farklı türler arasındaki genetik uzaklığı ise %5,45-34,17 aralığında hesaplamışlardır. Mollusca şubesinden türlere ilişki elde edilen tür içi genetik uzaklık değerleri bizim çalışmamızda hesaplanan değerler ile örtüşmektedir.

Çalışmamızda elde edilen genetik uzaklık verileri farklı taksonomik seviyelerde incelendikten sonra, taksonomik gruplara göre oluşturulan veri setlerine göre değerlendirilmeye tabi tutulmuştur. Oluşturulan 322 haplotipe ilişkin DNA barkodlarının tamamını kapsayan veri seti kullanılarak gerçekleştirilen genetik uzaklık (K2P) analizi sonucunda en büyük genetik uzaklık 0,8015 (*Merluccius merluccius-Pecten jacobaeus*), en küçük (aynı türün haplotipleri arası hariç) genetik uzaklık 0,0124 (*Thunnus alalunga-Thunnus thynnus*) ve ortalama genetik uzaklık 0,2838 olarak hesaplanmıştır. Actinopterygii (+Chondrichthyes) grubu altında toplanan türlere ilişkin *COI* barkodlarından oluşan veri seti incelendiğinde en büyük genetik uzaklığın 0,3611 (*Argyrosomus regius-Squatina squatina*), en küçük genetik uzaklığın 0,0124 (*Thunnus alalunga-Thunnus thynnus*) ve ortalama genetik uzaklığın 0,2333 olduğu görülmektedir. Benzer şekilde Arthropoda şubesinde türlere ilişkin *COI* barkodlarının değerlendirildiği veri setinde, en büyük genetik uzaklık 0,2858 (*Callinectes sapidus-Scyllarus arctus*), en küçük genetik uzaklık 0,1242 (*Hommarus gammarus-Nephrops norvegicus*) ve ortalama genetik uzaklığın 0,2304 şeklinde ortaya çıktığı görülmektedir. Taksonomik seviyelere göre oluşturulan veri setlerinde en yüksek genetik uzaklıkların tespit edildiği Mollusca şubesi altında toplanan türlere ilişkin *COI* barkodları incelendiğinde taksonomik gruplara göre oluşturulan veri setlerinde de en yüksek genetik uzaklık değerlerinin bu grup altında toplanan canlılara ait *COI* barkodlarının karşılaştırılması sonucunda elde edildiği gözükmektedir. En yüksek genetik uzaklık 0,6465 (*Mytilus galloprovincialis-Ruditapes decussatus*) olarak tespit edilirken, en küçük genetik uzaklık 0,2008 (*Loligo vulgaris-Sepia officinalis*) ve ortalama genetik uzaklık 0,3493 olarak tespit edilmiştir.

Bu değerlendirme sonucunda en yüksek genetik farklılığın Mollusca veri seti ile Actinopterygii veri seti arasında gözlemlendiği görülmektedir. Tüm veri setinde tespit edilen en küçük genetik uzaklık ise Scombridae familyasının aynı cinse ait iki üyesi olan *Thunnus alalunga* ve *Thunnus thynnus* arasında tespit edilmiştir. Ayrıca balık türleri içerisinde tespit edilen en yüksek genetik uzaklık beklendiği şekilde Actinopterygii sınıfından bir balık türü olan *Argyrosomus regius* ile veri setinde Chondrichthyes sınıfından tek balık türü olan *Squatina squatina* arasında bulunmuştur. Arthropoda grubu incelendiğinde, Actinopterygii ile benzer bir ortalama genetik uzaklık değerine sahip olduğu ve en küçük genetik uzaklık değerinin Nephrophidae familyasının iki üyesi arasında gözlemlendiği görülmektedir. Genetik uzaklık değerlerinin en yüksek olduğu Mollusca şubesinde ise en büyük genetik

uzaklık Bivalvia sınıfının iki üyesi arasında, en küçük genetik uzaklık ise Cephalopoda sınıfının üyeleri arasında tespit edilmiştir.

#### **6.4.6. Evrimsel ilişkinin oluşturulan ağaçlar üzerinden değerlendirilmesi**

Beş farklı yöntem (ME, UPGMA, ML, MP ve NJ) kullanılarak çizilen ağaçların tamamı incelendiğinde taksonomik grupların birbirlerinden çok net bir şekilde ayrıldığı görülmektedir. Çalışma kapsamında değerlendirilen beş veri seti olan Actinopterygii, Arthropoda, Chondrichthyes, Cnidaria ve Mollusca, kullanılan ağaç çizim yönteminden bağımsız olarak her koşulda birbirlerinden ayrılmaktadır. Yalnızca Mollusca veri setinde, UPGMA, ML ve MP yöntemi ile çizilen ağaçlarda Bivalvia sınıfının diğer iki sınıf olan Cephalopoda ve Gastropoda'dan ayrıldığı, fakat diğer veri setleri ile de karışmadığı gözlemlenmektedir. Her beş yöntem ile de çizilen ağaçlarda Mollusca veri seti içerisindeki canlıların sınıflarına göre de ayırım gösterdiği gözükmektedir. Çalışmada tek bir tür (*Aurelia aurita*) ile temsil edilen Cnidaria veri seti de yine çizilen ağaçlarda diğer veri setlerinden tek başına ayrılmaktadır. Arthropoda veri setini incelediğimizde ise, diğer veri setleri ile karışmadığını, hatta kendi içerisinde familyalara göre bile bir kümelenme olduğunu görmekteyiz. Portunidae, Nephropidae ve Penaeidae familyalarının kendilerine özel kümeler oluşturduğu açık bir şekilde görülmektedir. Çalışma kapsamında COI barkodu oluşturulan türlerin yaklaşık %80'ini oluşturan Actinopterygii veri seti ile sadece *Squatina squatina* ile temsil edilen Chondrichthyes veri seti beklendiği şekilde birbirlerinden belirgin biçimde ayrılmaktadır. Actinopterygii veri seti incelendiğinde ise türlerin familyalarına, hatta cinslerine göre kümelendikleri ve ağaç çizimde kullanılan yöntemlere göre bazı türlerde görülen istisnalar dışında oluşan kümelerin türleri cinslerine ve familyalarına göre net bir şekilde gruplandırıldığı görülmektedir.

Ağaç üzerinde oluşan gruplar incelendiğinde biri önemli olmak üzere toplamda dokuz göze çarpan nokta olduğu görülmektedir. Bunlar içerisinde en önemlisi UPGMA, ML ve MP yöntemleri kullanılarak oluşturulan ağaçlarda Mollusca şubesinin Bivalvia takımının, Cephalopoda ve Gastropoda takımlarından ayrı olarak gruplandırılması görülmektedir. Bu durum yine kullanılan ağaç çizim yöntemleri ile alakalı olmakla beraber, Bivalvia takımının

tüm veri seti içerisinde, diğer türlerden en çok genetik uzaklık gösteren takım olması da etkili olmuştur.

Bir başka önemli farklılık, Moronidae familyasından *Dicentrarchus labrax*'ın Gobiidae familyasından türler ile birlikte kümelenmesi olarak bulunmuştur. Bu durum ME, ML ve NJ yöntemleriyle çizilen ağaçlarda görülmektedir. Bu durum, veri seti içerisinde Moronidae familyasına ait başka tür bulunmadığından, diğer türlere olan uzaklık ve yakınlıklarına göre muhtemel en yakın familya olarak Gobiidae'nin belirlenmesi ile açıklanmaktadır.

MP yöntemi kullanılarak çizilen ağaç incelendiğinde diğer ağaçlarda görülmeyen bir farklılık dikkati çekmektedir. Veri setinde tür sayısı bakımından önemli bir yere sahip olan iki familyadan Serranidae'de *Epinephelus* ve *Serranus* cinslerinin birbirlerinden ayrılması; bir diğer önemli familya olan Scombridae'de ise *Scomber* cinsinin diğerlerinden ayrılması belirgin bir şekilde görülmektedir. Diğer hiçbir ağaçta görülmeyen bu durumun tamamen parsimoni tabanlı yöntem ile oluşturulan ağaç ile alakalı olduğu düşünülmektedir.

Benzer şekilde UPGMA ve MP yöntemleri kullanılarak oluşturulan ağaçlarda Gobiidae familyasının üyelerinden *Gobius niger*'in, familyanın diğer türlerinden ayrı olarak gruplandırılmış olduğu görülmektedir. Bu hata da yine ağaç çiziminde kullanılan yöntem ile ilişkilendirilmiştir.

Gruplandırma sırasında tüm gözlenen bir başka durum ise *Spicara smaris*'in, beş farklı yöntem (ME, UPGMA, ML, MP ve NJ) kullanılarak çizilen ağaçta da Sparidae familyası üyeleri ile birlikte kümelendiği görülmektedir. Oysa bilindiği üzere *Spicara smaris* Centranchidae familyası altında bulunan bir türdür. Veri seti incelendiğinde bu türün kendi familyasının tek temsilcisi olduğu görülmekte ve bu nedenle kendi familyasından türlerin birlikte kümelendiği bir dal bulunmamaktadır. Bu nedenle kullanılan beş yöntemle de bu tür, genetik olarak en yakın veya en az uzak oldukları türlerin ait olduğu familyanın altında kümelendiği görülmüştür.

Bir başka tek tür ile temsil edilen familya olan Pomatomidae için de benzer bir durum söz konusudur. Pomatomidae familyasından *Pomatomus saltatrix*, ME, UPGMA ve NJ yöntemleri ile çizilen ağaçlarda Scombridae familyasından türler ile birlikte kümelenmiştir. Veri seti içerisinde tek tür ile temsil edilen bazı familyalarda görülen bu durum, türün en yakın genetik uzaklık ilişkisine sahip olduğu türlerin bulunduğu grup altında sınıflandırılması ile açıklanmaktadır.

Beş yöntemin tamamında da gözlemlenen bir başka durum ise Mugilidae familyası içerisindeki iki cins olan *Mugil* ve *Liza*'nın ağacın farklı dalları altında kümelenmesidir. Beş yöntemin tamamında da bu şekilde bir sonuç elde edilmesi, iki cins arasındaki nükleotid değişikliklerinin parsimoni anlamlı bölgelerde ortaya çıkmasından dolayı, ağaç çiziminde kullanılan algoritmaların bu değişikliği sayısal olarak küçük fakat anlamsal olarak büyük kabul etmesiyle ilişkilendirilmiştir.

Son olarak, Clupeidae familyası içerisinde bulunan türlerden yalnızca *Dussumeria elopsoides*'in diğer türlerden ayrı olarak ağacın farklı bir dalında kümelenmesi yalnızca UPGMA yöntemi ile çizilen ağaçta gözlemlene bir durum olduğundan, farklılığın yöntemden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Ağaçlar genel olarak değerlendirildiğinde, en az sayıda (4) beklenmeyen kümelenmenin ME, ML ve NJ yöntemleri ile çizilen ağaçlarda tespit edildiği görülmektedir. Bunlar arasında ML yöntemi ile çizilen ağaçta, önemli bir farklılık olarak değerlendirilen Mollusca şubesinin iki farklı grup altında toplanması görüldüğünden ME ve NJ yöntemleri daha başarılı olarak değerlendirilmiştir. Bu iki yöntem içerisinde de NJ yöntemi, çizilen ağacın hem mevcut taksonomik sınıflandırma ile daha uyumlu hem de daha yüksek bootstrap değerlerine sahip olmasından dolayı ME yönteminden daha başarılı bulunmuştur.

Elde edilen bu veriler ışığında, en uygun ağaç çizme yönteminin, *COI* barkodlama çalışmalarının standart yöntemi olan NJ yöntemi olduğu bu çalışma ile de bir kez daha ortaya koyulmuştur. Diğer *COI* barkodlama çalışmalarının aksine, birden fazla şubeden canlıları



kapsayan veri seti kullanılması, bu çalışmanın sonuçlarını literatüre yapılmış önemli bir katkı haline getirmektedir.

DNA barkodlama çalışmalarında standart yöntem olarak kullanılan NJ yöntemi kullanılarak çizilen ağaç, bizim çalışmamızda da mevcut taksonomik sınıflandırma ile en uyumlu sonuçları verdiği için K2P bootstrap modeli bu ağaç üzerinde kullanılarak değerlendirilmiştir.

Genel anlamda bootstrap değerleri incelendiğinde tür seviyesindeki ayırım düğümlerindeki tüm değerlerin %100 olduğu görülmektedir. Tür seviyesinin üzerindeki düğümlerin (%10'dan küçük bootstrap değerleri hesaplamada kullanılmamıştır) ortalama bootstrap değeri ise %61,89 olarak hesaplanmıştır. Haplotipler arasındaki ayırım düğümlerindeki ortalama bootstrap değeri ise %58,41 olarak hesaplanmıştır. Yüksek seviyeden taksonların kümelenmesindeki daha düşük bootstrap değerleri, veri setinin dört farklı sınıftan canlıları içermesi ile açıklanmaktadır. Bu kadar geniş bir taksonomik aralıkta oluşturulan bir veri seti için bu seviyedeki bootstrap değerleri beklenen bir sonuçtur. Haplotiplerin ayırım düğümlerindeki ortalama bootstrap değeri ise haplotipler arasındaki %0,6 seviyesindeki düşük genetik varyasyondan kaynaklandığı düşünülmektedir. Daha önce de belirtildiği üzere DNA barkodlama çalışmalarında beklenen türlerin net bir şekilde ayrılması ve filogenetik ilişkilerine yönelik bir ön veri sağlayabilmesidir. Bu nedenle yüksek taksonomik seviyelerde hesaplanan düşük bootstrap değerleri bu çalışmanın kapsamı bakımından değerlendirildiğinde bir sorun oluşturmamaktadır.

Lakra *et al.*<sup>15</sup> in gerçekleştirdiği çalışmanın sonuçları incelendiğinde, bizim çalışmamızla benzer şekilde yakın türlerin aynı dallar altında kümelendikleri, birbirinden uzak türlerin ise farklı dallar altında kümelendikleri görülmektedir. Araştırmacılar *COI* barkodlarının öncelikli olarak türlerin birbirinden ayrılması amacıyla kullandıklarını, fakat oluşturulan ağaçlar incelendiğinde, bu diziler üzerinden gerçekleştirilen analizlerde belirgin bir filogenetik sinyalin de tespit edildiği belirtilmiştir.

Bu filogenetik sinyal Ward *et al.* <sup>45</sup> tarafından da ortaya koyulmuş ve oluşturulan ağaçların aynı cins veya aynı familya altında toplanan türlerin filogenetik ilişkileri hakkında bilgi verebildiği belirtilmiştir. Araştırmacılar mitokondriyal bir genin yalnızca 655 baz çiftlik bir bölgesinden elde edilen filogenetik sinyalin, hiçbir zaman derinlemesine bir filogenetik veri olarak değerlendirilmemesi gerektiğini ancak gerçekleştirilmesi düşünülen bir filogenetik çalışma öncesinde bir fikir sahibi olunması bakımından önem taşıdığını vurgulamışlardır.

Tüm bu sonuçlar, *COI* barkodlarının kullanışlılığı çerçevesinden değerlendirildiğinde, tür ayrımlarının gerçekleştirilmesi ve sonrasında temel filogenetik ilişkilerin ortaya koyulmasında *COI* barkodlarının etkinliği ve güvenilirliği bugüne kadar gerçekleştirilen birçok çalışma ile birlikte bu çalışma sonucunda da ortaya koyulmuştur.

Benzer bir çalışmada Costa *et al.* <sup>212</sup>, *COI* barkodlarının Crustacea alt şubesindeki türlerin ayırımında %95'lik bir etkinlik ile sonuç verdiğini ortaya koymuştur. Pectinidae familyasından türlerin ayırımında *COI* barkodlarından yararlanan Feng *et al.* <sup>114</sup>, *COI* barkodlarının daha önce bu familyadaki türlerin ayırımında kullanılan *16S rRNA* dizilerine göre çok daha uygun bir moleküler belirteç olduğunu belirtmiştir.

Bir başka çalışmada, Holmes *et al.* <sup>77</sup>, Chondrichthyes sınıfındaki türlerin *COI* barkodları kullanılarak başarılı bir şekilde tür seviyesinde tanımlanabildiğini bildirmiştir. Kuzey Amerika'daki tatlı su balıklarına ilişkin *COI* barkodlarından oluşturulan bir veri setinin değerlendirildiği çalışmada ise Hubert *et al.* <sup>84</sup>, veri setindeki türlerin tamamının ayrı bir *COI* barkodu ile tanımlanabildiğini ve filogenetik ilişkileri hakkında fikir sahibi olunabileceğini belirtmiştir.

Pegg *et al.* <sup>127</sup>, özellikle balık türlerinin tanımlanmasında *COI* barkodlarının çok etkili olduğunu, benzer şekilde *HVRI* geni kullanılarak da ayrımların gerçekleştirilebildiğini fakat *COI* barkodlarının çok geniş bir veri tabanına sahip olması nedeniyle tür seviyesinde tanımlamada daha başarılı olduklarını belirtmiştir.

*COI* barkodlarını diğer gen dizileri ile karşılaştıran Radulovici *et al.* <sup>156</sup>, diğer genlerde karşılaşılan en önemli sorunun PCR amplifikasyonları sırasında numt olarak adlandırılan nükleer gen bölgelerinin de farkında olmadan çoğaltılmasını ve elde edilen dizilerin çok fazla insersiyon ve delesyon içermesi olduğunu belirtmiştir. Araştırmacılar, *COI* barkodlarının diğer genlerden ayrımında en önde gelen avantajlarından birinin, çoğaltılan bölge bakımından PCR amplifikasyonlarında en az sorun yaşanan bölge olması şeklinde bir değerlendirme gerçekleştirmişlerdir.

Benzer şekilde Zhang and Hanner <sup>209</sup> de *16S rRNA* ve *18S rRNA* dizilerindeki insersiyon ve delesyonların dizilerin hizalanması sırasında sorunlara neden olduğunu, benzer sorunların *sitokrom b* geninin amplifikasyonunda da gözlemlendiğini belirtmiştir. Diğer genler ile karşılaştırıldığında hem PCR amplifikasyonu hem de delesyon ve insersiyon içermemesi bakımından *COI* barkodlarının daha uygun moleküler belirteçler olduğu bildirilmiştir.

Steinke *et al.* <sup>78</sup>, *COI* barkodlarının etkinliğini değerlendirirken, farklı yaşam evrelerinde gerçekleştirilen örneklemelerde de başarılı sonuçlar verdiğini ve özellikle istilacı türlerin yaşam evrelerinin erken safhalarında tanımlanarak gerekli önlemler alınmasını kolaylaştırdığını belirtmiştir.

## **6.5. Sonuç ve Öneriler**

Çalışma sonucunda, ülkemiz denizleri ve iç sularında bulunan, ekonomik öneme sahip sucul canlılar üzerinde gerçekleştirilen moleküler analizler *COI* gen bölgesi bakımından DNA barkodlarının benzer bir genetik yapıya sahip olduğunu ortaya koymuştur. Veri seti içerisinde değerlendirilen türlerin tamamının, farklı bir mitokondriyal DNA dizisine sahip olduğu tespit edilmiş ve *COI* barkodlarının tür tanımlamada ve tür içi haplotipleri belirlemede etkin bir moleküler araç olduğuna ilişkin görüşleri destekleyen sonuçlar elde edilmiştir.

Bu çalışmada oluşturulan veri setinin analiz edilmesi ile elde edilen sonuçlar, FAO tarafından oluşturulan morfolojik tanımlamalara göre gerçekleştirilen taksonomik sınıflandırma ile uyum içerisinde bulunmuştur. Çalışmada elde edilen veriler *COI* barkodlarının sucul canlıların tanımlanmasındaki etkinliğini belirgin şekilde ortaya koymaktadır.

Çalışma kapsamında analiz edilen türler bakımından değerlendirildiğinde, çalışmamız Türkiye denizleri ve iç sularında bu denli geniş bir taksonomik kapsamda gerçekleştirilen ilk DNA barkodlama çalışması olarak benzer çalışmalardan ayrılmaktadır. Çalışma kapsamında örneklenip, moleküler analizleri gerçekleştirilen türlerin tamamı bölgesel veya daha geniş çapta ticari öneme sahip olup, Türkiye'nin sucul biyoçeşitliliği üzerinde doğrudan ekolojik ve ekonomik etkiye sahiptir.

Oluşturulan *COI* barkod kütüphanesi ile ileride gerçekleştirilecek su ürünleri avcılığı takip ve etiketleme çalışmaları hızlı ve güvenilir bir şekilde uygulanabilecektir. Böylece, bu moleküler araç kullanılarak aşırı avcılığı yapılan veya başka tür adı altında avlanan veya satılan, tehlike altındaki türler kesin bir şekilde teşhis edilerek balıkçılık yönetim çalışmaları daha etkin hale getirilebilecektir. Çalışmamızda oluşturulan referans DNA kütüphanesi sayesinde, ülkemiz sularında bulunan ve ticari öneme sahip en önemli türler bundan sonra hızlı bir şekilde tanımlanabilecektir. Bir türün tehlike altında olup olmadığını tespit etmenin ilk adımının, o türün doğru olarak tanımlanması olduğu unutulmamalıdır.

DNA barkodlama yaklaşımı ile sucul canlıların yalnızca yumurtaları, larvaları, filetoları ve yüzgeçleri kullanılarak bile tür tanımlamaları gerçekleştirilebilir, sucul canlıların korunmasına yönelik genetik çalışmalar ortaya koyulabilir. Sistemik bir bakış açısıyla değerlendirildiğinde, *COI* barkodları kullanılarak belirli tanımlayıcı karakterlere sahip türlerin hızlı bir şekilde ayrımları gerçekleştirilebilir. DNA barkodlama sonrasında yapılacak ve farklı karakterlerin kullanılacağı bir taksonomik analiz ile biyoçeşitliliğin kayıt altına alınması çok daha kolay gerçekleşecektir.

Türkiye denizleri ve iç sularındaki türlere yönelik oluşturulacak bir ulusal DNA barkod veri tabanı ile morfolojik tanımlamalarında zorluk yaşanan örnekler veya farklı yaşam evrelerindeki örnekler, çok kısa sürede ve etkin bir şekilde tür seviyesinde tanımlanabilir. Ayrıca bu çalışma ile BOLD ve GenBank veri tabanlarına kayıtları gerçekleştirilen türlerin tamamı Türkiye'den bildirilen ilk örnekleri, bir kısmı ise o türe ilişkin ilk *COI* barkod kayıtlarını oluşturarak bundan sonra gerçekleştirilecek çalışmalar için referans diziler olarak kullanılabilir.

İnsan davranışları belirgin biçimde değişmediği takdirde 2050 yılı itibariyle biyoçeşitlilik ve ekosistemlerde önemli değişimlerin meydana geleceği tahmin edilmektedir <sup>220</sup>. Bu çalışmada uygulanan barkodlama tekniği kullanılarak daha güvenilir avcılık kayıtları tutulabilir, tehlike altında olan türlerin tükenme durumları takip edilebilir ve satışa sunulan ürünlerin kontrolleri gerçekleştirilerek, balıkçılık kaynaklarının korunmasına katkıda bulunulabilir.

Sonuçta, DNA barkodlama yönteminin ülkemiz sularından örneklenen ve geniş bir taksonomik ölçekte dağılım gösteren türlerin tamamını başarı ile tür seviyesinde tanımlayabildiği ortaya koyulmuştur. Ülkemiz sucul canlılarına yönelik oluşturulan bu referans *COI* barkodları, bundan sonra gerçekleştirilecek çalışmalar için önemli bir moleküler kaynak oluşturacaktır.

## KAYNAKLAR

1. Helfman G, Collette BB, Facey DE, Bowen BW. *The Diversity of Fishes: Biology, Evolution, and Ecology*. 2nd ed. Chichester, United Kingdom: Wiley-Blackwell; 2009:720 p.
2. Eschmeyer W, Fricke R, Fong J, Polack D. Marine fish diversity: history of knowledge and discovery (Pisces). *Zootaxa*. 2010;50:19–50.
3. Barnes RSK, Calow PP, Olive PJW, Golding DW, Spicer JI. *The Invertebrates: A Synthesis*. 3rd ed. Malden, USA: Wiley-Blackwell; 2001:512 p.
4. Huber M. *Compendium of bivalves. a full-color guide to 3'300 of the world's marine bivalves. a status on bivalvia after 250 years of research*. Hackenheim, Germany: Conch Books; 2010:901 p.
5. Fricke R, Bilecenoglu M, Sari H. Annotated checklist of fish and lamprey species (Gnathostomata and Petromyzontomorphi) of Turkey, including a Red List of threatened and declining. *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde (A)*. 2007;706:1–174.
6. Bilecenoglu M, Taskavak E, Mater S, Kaya M. *Check list of marine fishes of Turkey*. Auckland, New Zealand: Magnolia Press; 2002:194 p.
7. Can A, Bilecenoglu M. *Türkiye denizlerinin dip balıkları atlası*. Ankara, Türkiye: Arkadaş Yayınları; 2005:224 s.
8. Kocataş A, Bilecik N. *Ege Denizi ve canlı kaynakları*. Bodrum, Türkiye: Tarım ve Köyşleri Bakanlığı Yayınları; 1992:88 s.
9. Karakaş H, Türkoğlu H. Su ürünlerinin dünyada ve Türkiye'deki durumu. *Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*. 2005;9(3):21–28.
10. Marko PB, Lee SC, Rice AM, Gramling JM, Fitzhenry TM, McAlister JS, Harper GR, Moran AL. Fisheries: mislabelling of a depleted reef fish. *Nature*. 2004;430:309–310.
11. Aravind K, Ravikanth G, Uma Shaanker R, Chandrashekara K, Kumar ARV, Ganeshaiyah KN. DNA barcoding: An exercise in futility or utility? *Current Science*. 2007;92(9):1213–1216.
12. Bucklin A, Steinke D, Blanco-Bercial L. DNA barcoding of marine metazoa. *Annual Review of Marine Science*. 2011;3(1):471–508.
13. Ward RD, Hanner R, Hebert PDN. The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal of Fish Biology*. 2009;74(2):329–356.
14. Ardura A, Linde A. DNA barcoding for conservation and management of Amazonian commercial fish. *Biological Conservation*. 2010;143(6):1438–1443.

15. Lakra WS, Verma MS, Goswami M, Lal KK, Mohindra V, Punia P, Gopalakrishnan A, Singh KV, Ward RD, Hebert P. DNA barcoding Indian marine fishes. *Molecular Ecology Resources*. 2011;11(1):60–71.
16. D'Surney SJ, Shugart LR, Theodorakis CW. Genetic Markers and Genotyping Methodologies: An Overview. *Ecotoxicology*. 2001;10(4):201–204.
17. Hanner R, Corthals A, Dessauer HC. Salvage of genetically valuable tissues following a freezer failure. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2005;34(2):452–455.
18. Mamuris Z, Stamatis C, Bani M, Triantaphyllidis C. Taxonomic relationships between four species of the Mullidae family revealed by three genetic methods: allozymes, random amplified polymorphic DNA and mitochondrial DNA. *Journal of Fish Biology*. 1999;55(3):572–587.
19. Liu Z, Li P, Kucuktas H, Nichols A, Tan G, Zheng X, Argue BJ, Dunham RA, Yant DR. Development of amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers suitable for genetic linkage mapping of catfish. *Transactions of the American Fisheries Society*. 1999;128(2):317–327.
20. Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2003;270:313–321.
21. Hebert PDN, Gregory TR. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*. 2005;54(5):852–859.
22. Arnot DE, Roper C, Bayoumi RAL. Digital codes from hypervariable tandemly repeated DNA sequences in the Plasmodium falciparum circumsporozoite gene can genetically barcode isolates. *Molecular and Biochemical Parasitology*. 1993;61(1):15–24.
23. Chase MW, Salamin N, Wilkinson M, Dunwell JM, Kesanakurthi RP, Haidar N, Savolainen V. Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London - Series B: Biological Sciences*. 2005;360:1889–1895.
24. Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*. 1994;3(5):294–9.
25. Roe AD, Sperling FAH. Patterns of evolution of mitochondrial cytochrome c oxidase I and II DNA and implications for DNA barcoding. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2007;44(1):325–45.
26. Kress WJ, Erickson DL. DNA barcodes: genes, genomics, and bioinformatics. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008;105(8):2761–2.

27. Hebert PDN, Ratnasingham S, DeWaard JR. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2003;270:96–99.
28. Meyer CP, Paulay G. DNA barcoding: error rates based on comprehensive sampling. *PLoS Biology*. 2005;3(12):2229–2238.
29. Shearer TL, Van Oppen MJH, Romano SL, Wörheide G. Slow mitochondrial DNA sequence evolution in the Anthozoa (Cnidaria). *Molecular Ecology*. 2002;11(12):2475–2487.
30. Huang D, Meier R, Todd PA, Chou LM. Slow mitochondrial *COI* sequence evolution at the base of the metazoan tree and its implications for DNA barcoding. *Journal of Molecular Evolution*. 2008;66(2):167–74.
31. Stockle MY, Hebert PDN. Barcode of life. *Scientific American*. 2008;299(4):82–88.
32. Min XJ, Hickey DA. DNA barcodes provide a quick preview of mitochondrial genome composition. *PloS one*. 2007;2(3):e325.
33. Clare EL, Kerr KCR, Von Königslöw TE, Wilson JJ, Hebert PDN. Diagnosing mitochondrial DNA diversity: applications of a sentinel gene approach. *Journal of Molecular Evolution*. 2008;66(4):362–367.
34. Waugh J. DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. *BioEssays : News and Reviews in Molecular, Cellular and Developmental Biology*. 2007;29(2):188–197.
35. Lorenz JG, Jackson WE, Beck JC, Hanner R. The problems and promise of DNA barcodes for species diagnosis of primate biomaterials. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 2005;360:1869–1877.
36. Cooper JK, Sykes G, King S, Cottrill K, Ivanova NV, Hanner R, Ikonomi P. Species identification in cell culture: a two-pronged molecular approach. *In Vitro Cellular & Developmental Biology-Animal*. 2007;43(10):344–51.
37. Hanner RH, Gregory TR. Genomic Diversity Research and the Role of Biorepositories. *Cell Preservation Technology*. 2007;5(2):93–103.
38. Saunders GW. Applying DNA barcoding to red macroalgae: a preliminary appraisal holds promise for future applications. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 2005;360:1879–88.
39. Chantangsi C, Lynn DH, Brandl MT, Cole JC, Hetrick N, Ikonomi P. Barcoding ciliates: a comprehensive study of 75 isolates of the genus *Tetrahymena*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2007;57:2412–25.
40. Seifert KA, Samson RA, Dewaard JR, Houbraken J, Lévesque CA, Moncalvo J-M, Louis-Seize G, Hebert PDN. Prospects for fungus identification using *COI* DNA barcodes, with *Penicillium* as a test case. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2007;104(10):3901–3906.



41. Ward RD, Holmes BH. An analysis of nucleotide and amino acid variability in the barcode region of cytochrome c oxidase I (cox1) in fishes. *Molecular Ecology Notes*. 2007;7(6):899–907.
42. Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX, Wilson AC. Dynamics of Mitochondrial DNA Evolution in Animals: Amplification and Sequencing with Conserved Primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1989;86(16):6196–6200.
43. Ivanova NV, Dewaard JR, Hebert PDN. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology Notes*. 2006;6(4):998–1002.
44. Hajibabaei M, DeWaard JR, Ivanova N V, Ratnasingham S, Dooh RT, Kirk SL, Mackie PM, Hebert PDN. Critical factors for assembling a high volume of DNA barcodes. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 2005;360:1959–67.
45. Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN. DNA barcoding Australia’s fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*. 2005;360:1847–57.
46. Hajibabaei M, Smith MA, Janzen DH, Rodriguez JJ, Whitfield JB, Hebert PDN. A minimalist barcode can identify a specimen whose DNA is degraded. *Molecular Ecology Notes*. 2006;6(4):959–964.
47. Hajibabaei M, Singer GAC, Hebert PDN, Hickey DA. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*. 2007;23(4):167–72.
48. Blaxter ML. The promise of a DNA taxonomy. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London - Series B: Biological Sciences*. 2004;359:669–679.
49. Vences M, Thomas M, Bonett RM, Vieites DR. Deciphering amphibian diversity through DNA barcoding: chances and challenges. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*. 2005;360:1859–1868.
50. Smith MA, Woodley NE, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN. DNA barcodes reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera: Tachinidae). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2006;103(10):3657–62.
51. Kress WJ, Wurdack KJ, Zimmer EA, Weigt LA, Janzen DH. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2005;102(23):8369–8374.
52. Rubinoff D, Cameron S, Will K. A genomic perspective on the shortcomings of mitochondrial DNA for “barcoding” identification. *The Journal of Heredity*. 2006;97(6):581–594.

53. Hebert PDN, Penton EH, Burns JM, Janzen DH, Hallwachs W. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2004;101(41):14812–7.
54. Hebert PDN, Stoeckle MY, Zemplak TS, Francis CM. Identification of Birds through DNA Barcodes. *PLoS Biology*. 2004;2(10):1657–1663.
55. Moritz C, Cicero C. DNA barcoding: promise and pitfalls. *PLoS Biology*. 2004;2(10):1529–1531.
56. Marshall E. Will DNA bar codes breathe life into classification? *Science*. 2005;307:1037.
57. Ratnasingham S, Hebert PDN. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*. 2007;7(3):355–364.
58. Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 1987;4(4):406–425.
59. Bensasson D. Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses. *Trends in Ecology & Evolution*. 2001;16(6):314–321.
60. Kvist L. Paternal Leakage of Mitochondrial DNA in the Great Tit (*Parus major*). *Molecular Biology and Evolution*. 2003;20(2):243–247.
61. Moum T, Bakke I. Mitochondrial control region structure and single site heteroplasmy in the razorbill (*Alca torda*; Aves). *Current Genetics*. 2001;39(3):198–203.
62. Barbará T, Palma-Silva C, Paggi GM, Bered F, Fay MF, Lexer C. Cross-species transfer of nuclear microsatellite markers: potential and limitations. *Molecular Ecology*. 2007;16(18):3759–67.
63. Hoeh W, Blakley K, Brown W. Heteroplasmy suggests limited biparental inheritance of *Mytilus* mitochondrial DNA. *Science*. 1991;251:1488–1490.
64. Ort BS, Pogson GH. Molecular population genetics of the male and female mitochondrial DNA molecules of the California sea mussel, *Mytilus californianus*. *Genetics*. 2007;177(2):1087–99.
65. Śmietanka B, Burzyński A, Wenne R. Molecular population genetics of male and female mitochondrial genomes in European mussels *Mytilus*. *Marine Biology*. 2009;156(5):913–925.
66. Riginos C, Henzler CM. Patterns of mtDNA diversity in North Atlantic populations of the mussel *Mytilus edulis*. *Marine Biology*. 2008;155(4):399–412.
67. Brown WM. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1979;76(4):1967–1971.

68. Smith MA, Wood DM, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN. DNA barcodes affirm that 16 species of apparently generalist tropical parasitoid flies (Diptera, Tachinidae) are not all generalists. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2007;104(12):4967–72.
69. Song H, Buhay JE, Whiting MF, Crandall KA. Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008;105(36):13486–13491.
70. Tang EPY. *Path to Effective Recovering of DNA from Formalin-Fixed Biological Samples in Natural History Collections: Workshop Summary*. Washington, USA: National Academies Press; 2006:70 p.
71. Bucklin A, Allen LD. mtDNA sequencing from zooplankton after long-term preservation in buffered formalin. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2004;30(3):879–82.
72. Kirby RR, Lindley JA. Molecular analysis of Continuous Plankton Recorder samples, an examination of echinoderm larvae in the North Sea. *Journal of the Marine Biological Association of the UK*. 2005;85(3):451–459.
73. Zhang J. Exploiting formalin-preserved fish specimens for resources of DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*. 2010;10(6):935–941.
74. Buhay J. “COI-like” sequences are becoming problematic in molecular systematic and DNA barcoding studies. *Journal of Crustacean Biology*. 2009;29(1):96–110.
75. Scribner KT, Page KS, Bartron ML. Hybridization in freshwater fishes: a review of case studies and cytonuclear methods of biological inference. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*. 2000;10(3):293–323.
76. Gardner JPA. Hybridization in the sea. *Advances in Marine Biology*. 1997;31:1–78.
77. Holmes BH, Steinke D, Ward RD. Identification of shark and ray fins using DNA barcoding. *Fisheries Research*. 2009;95(2-3):280–288.
78. Steinke D, Zemlak TS, Boutillier JA, Hebert PDN. DNA barcoding of Pacific Canada’s fishes. *Marine Biology*. 2009;156(12):2641–2647.
79. Rasmussen RS, Morrissey MT, Hebert PDN. DNA barcoding of commercially important salmon and trout species (*Oncorhynchus* and *Salmo*) from North America. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2009;57(18):8379–8385.
80. Sriwattanothai N, Steinke D, Ruenwongsa P, Hanner R, Panijpan B. Molecular and morphological evidence supports the species status of the Mahachai fighter *Betta* sp. Mahachai and reveals new species of *Betta* from Thailand. *Journal of Fish Biology*. 2010;77(2):414–424.
81. Wong EH-K, Hanner RH. DNA barcoding detects market substitution in North American seafood. *Food Research International*. 2008;41(8):828–837.

82. Yancy H, Zemplak T. Potential use of DNA barcodes in regulatory science: applications of the Regulatory Fish Encyclopedia. *Journal of Food Protection*. 2008;71:210–217.
83. Steinke D, Vences M, Salzburger W, Meyer A. TaxI: a software tool for DNA barcoding using distance methods. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 2005;360:1975–1980.
84. Hubert N, Hanner R, Holm E, Mandrak NE, Taylor E, BurrIDGE M, Watkinson D, Dumont P, Curry A, Bentzen P, Zhang J, April J, Bernatchez L. Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. Ellegren H, ed. *PloS one*. 2008;3(6):e2490.
85. Lakra WS, Goswami M, Gopalakrishnan A. Molecular identification and phylogenetic relationships of seven Indian Sciaenids (Pisces: Perciformes, Sciaenidae) based on 16S rRNA and cytochrome c oxidase subunit I mitochondrial genes. *Molecular Biology Reports*. 2009;36(5):831–839.
86. Becker S, Hanner R, Steinke D. Five years of FISH-BOL: brief status report. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):3–9.
87. Jones WJ, Macpherson E. Molecular Phylogeny of the East Pacific Squat Lobsters of the Genus *Munidopsis* (Decapoda: Galatheidae) with the Descriptions of Seven New Species. *Journal of Crustacean Biology*. 2007;27(3):477–501.
88. Shih H-T, Kamrani E, Davie PJF, Liu M-Y. Genetic evidence for the recognition of two fiddler crabs, *Uca iranica* and *U. albimana* (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae), from the northwestern Indian Ocean, with notes on the *U. lactea* species-complex. *Hydrobiologia*. 2009;635(1):373–382.
89. Hirose M, Osawa M, Hirose E. DNA barcoding of hermit crabs of genus *Clibanarius* Dana, 1852 (Anomura: Diogenidae) in the Ryukyu Islands, southwestern Japan. *Zootaxa*. 2010;2414:59–66.
90. Plaisance L, Knowlton N, Paulay G, Meyer C. Reef-associated crustacean fauna: biodiversity estimates using semi-quantitative sampling and DNA barcoding. *Coral Reefs*. 2009;28(4):977–986.
91. Pardo LM, Ampuero D, Véliz D. Using morphological and molecular tools to identify megalopae larvae collected in the field: the case of sympatric Cancer crabs. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*. 2009;89(03):481–490.
92. Silva IC, Mesquita N, Paula J. Lack of population structure in the fiddler crab *Uca annulipes* along an East African latitudinal gradient: genetic and morphometric evidence. *Marine Biology*. 2010;157(5):1113–1126.
93. Hellberg ME. No variation and low synonymous substitution rates in coral mtDNA despite high nuclear variation. *BMC Evolutionary Biology*. 2006;6(1):24.
94. Shearer TL, Coffroth MA. DNA BARCODING: Barcoding corals: limited by interspecific divergence, not intraspecific variation. *Molecular Ecology Resources*. 2008;8(2):247–255.

95. Calderón I, Garrabou J, Aurelle D. Evaluation of the utility of *COI* and ITS markers as tools for population genetic studies of temperate gorgonians. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 2006;336(2):184–197.
96. Sinniger F, Reimer JD, Pawlowski J. Potential of DNA sequences to identify zoanths (Cnidaria: Zoantharia). *Zoological Science*. 2008;25(12):1253–1260.
97. Sinniger F, Reimer JD, Pawlowski J. The Parazoanthidae (Hexacorallia: Zoantharia) DNA taxonomy: description of two new genera. *Marine Biodiversity*. 2010;40(1):57–70.
98. Folino-Rorem NC, Darling JA, D'Ausilio CA. Genetic analysis reveals multiple cryptic invasive species of the hydrozoan genus *Cordylophora*. *Biological Invasions*. 2009;11(8):1869–1882.
99. Moura CJ, Harris DJ, Cunha MR, Rogers AD. DNA barcoding reveals cryptic diversity in marine hydroids (Cnidaria, Hydrozoa) from coastal and deep-sea environments. *Zoologica Scripta*. 2007;31:93–108.
100. Govindarajan AF, Boero F, Halanych KM. Phylogenetic analysis with multiple markers indicates repeated loss of the adult medusa stage in Campanulariidae (Hydrozoa, Cnidaria). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2006;38(3):820–34.
101. Dawson MN. *Cyanea capillata* is not a cosmopolitan jellyfish: morphological and molecular evidence for *C. annaskala* and *C. rosea* (Scyphozoa: Semaestomeae: Cyaneidae) in south-eastern Australia. *Invertebrate Systematics*. 2005;19(4):361.
102. Dawson MN. Morphologic and molecular redescription of *Catostylus mosaicus conservativus* (Scyphozoa: Rhizostomeae: Catostylidae) from south-east Australia. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*. 2005;85(03):723–731.
103. Dawson MN. Renaissance taxonomy: integrative evolutionary analyses in the classification of Scyphozoa. *Journal of the Marine Biological Association of the UK*. 2005;85(3):733–739.
104. Dawson MN, Jacobs DK. Molecular Evidence for Cryptic Species of *Aurelia aurita* (Cnidaria, Scyphozoa). *The Biological Bulletin*. 2001;200(1):92–96.
105. Holland BS, Dawson MN, Crow GL, Hofmann DK. Global phylogeography of *Cassiopea* (Scyphozoa: Rhizostomeae): molecular evidence for cryptic species and multiple invasions of the Hawaiian Islands. *Marine Biology*. 2004;145(6):1119–1128.
106. Ortman BD, Bucklin A, Pagès F, Youngbluth M. DNA Barcoding the Medusozoa using mt*COI*. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*. 2010;57(24-26):2148–2156.
107. Kelly RP, Sarkar IN, Eernisse DJ, DeSalle R. DNA barcoding using chitons (genus *Mopalia*). *Molecular Ecology Notes*. 2007;7(2):177–183.

108. Hunt B, Strugnell J, Bednarsek N, Linse K, Nelson RJ, Pakhomov E, Seibel B, Steinke D, Würzberg L. Poles apart: the “bipolar” pteropod species *Limacina helicina* is genetically distinct between the Arctic and Antarctic oceans. Finkel Z, ed. *PLoS one*. 2010;5(3):e9835.
109. Jennings RM, Bucklin A, Ossenbrügger H, Hopcroft RR. Species diversity of planktonic gastropods (Pteropoda and Heteropoda) from six ocean regions based on DNA barcode analysis. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*. 2010;57(24-26):2199–2210.
110. Krug PJ, Ellingson RA, Burton R, Valdes A. A new poecilogonous species of sea slug (Opisthobranchia: Sacoglossa) from California: comparison with the planktotrophic congener *Alderia modesta* (Loven, 1844). *Journal of Molluscan Studies*. 2007;73(1):29–38.
111. Puillandre N, Baylac M, Boisselier M-C, Cruaud C, Samadi S. An integrative approach to species delimitation in *Benthomangelia* (Mollusca: Conoidea). *Biological Journal of the Linnean Society*. 2009;96(3):696–708.
112. Puillandre N, Samadi S, Boisselier MC, Cruaud C, Bouchet P. Molecular data provide new insights on the phylogeny of the Conoidea (Neogastropoda). *Nautilus*. 2009;123(3):202–210.
113. Puillandre N, Strong EE, Bouchet P, Boisselier M-C, Couloux A, Samadi S. Identifying gastropod spawn from DNA barcodes: possible but not yet practicable. *Molecular Ecology Resources*. 2009;9(5):1311–1321.
114. Feng Y, Li Q, Kong L, Zheng X. DNA barcoding and phylogenetic analysis of Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) based on mitochondrial *COI* and 16S rRNA genes. *Molecular Biology Reports*. 2011;38(1):291–9.
115. Lorion J, Duperron S, Gros O, Cruaud C, Samadi S. Several deep-sea mussels and their associated symbionts are able to live both on wood and on whale falls. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2009;276:177–185.
116. Mikkelsen NT, Box PO, Schander C, Willassen E, Museum B. Local scale DNA barcoding of bivalves (Mollusca): a case study. *Zoologica Scripta*. 2007;36(5):455–463.
117. Nuryanto A, Duryadi D, Soedharma D, Blohm D. Molecular phylogeny of giant clams based on mitochondrial DNA cytochrome C oxidase I gene. *HAYATI Journal of Biosciences*. 2007;14(4):162.
118. Allcock AL, Barratt I, Eléaume M, Linse K, Norman MD, Smith PJ, Steinke D, Stevens DW, Strugnell JM. Cryptic speciation and the circumpolarity debate: A case study on endemic Southern Ocean octopuses using the *COI* barcode of life. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*. 2011;58(1-2):242–249.
119. Undheim EAB, Norman JA, Thoen HH, Fry BG. Genetic identification of Southern Ocean octopod samples using mt*COI*. *Comptes Rendus Biologies*. 2010;333(5):395–404.

120. Spencer HG, Waters JM, Eichhorst TE. Taxonomy and nomenclature of black nerites (Gastropoda: Neritimorpha: Nerita ) from the South Pacific. *Invertebrate Systematics*. 2007;21(3):229–237.
121. Johnson SB, Warén A, Vrijenhoek RC. DNA Barcoding of Lepetodrilus Limpets Reveals Cryptic Species. *Journal of Shellfish Research*. 2008;27(1):43–51.
122. Teske PR, Barker NP, McQuaid CD. Lack of genetic differentiation among four sympatric southeast African intertidal limpets (Siphonariidae): phenotypic plasticity in a single species? *Journal of Molluscan Studies*. 2007;73(3):223–228.
123. Carstensen D, Laudien J, Leese F, Arntz W, Held C. Genetic variability, shell and sperm morphology suggest that the surf clams *Donax marincovichi* and *D. obesulus* are one species. *Journal of Molluscan Studies*. 2009;75(4):381–390.
124. Ivanova NV, Zemlak TS, Hanner RH, Hebert PDN. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*. 2007;7(4):544–548.
125. Paine M. Specific identification of western Atlantic Ocean scombrids using mitochondrial DNA cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) gene region sequences. *Bulletin of Marine Science*. 2007;80:353–367.
126. Spies IB, Gaichas S, Stevenson DE, Orr JW, Canino MF. DNA-based identification of Alaska skates (*Amblyraja*, *Bathyraja* and *Raja*: *Rajidae*) using cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) variation. *Journal of Fish Biology*. 2006;69:283–292.
127. Pegg GG, Sinclair B, Briskey L, Aspden WJ. mtDNA barcode identification of fish larvae in the southern Great Barrier Reef, Australia. *Scientia Marina*. 2006;70:7–12.
128. Victor B. *Coryphopterus kuna*, a new goby (Perciformes: Gobiidae: Gobiinae) from the western Caribbean, with the identification of the late larval stage and an estimate. *Zootaxa*. 2007;1526:51–61.
129. Hubert N, Delrieu-Trottin E, Irisson J-O, Meyer C, Planes S. Identifying coral reef fish larvae through DNA barcoding: a test case with the families Acanthuridae and Holocentridae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2010;55(3):1195–203.
130. Paine MA, McDowell JR, Graves JE. Specific identification using *COI* sequence analysis of scombrid larvae collected off the Kona coast of Hawaii Island. *Ichthyological Research*. 2008;55(1):7–16.
131. Last P, White W, Pogonoski J. *Descriptions of New Dogfishes of the Genus Squalus* (*Squaloidea: Squalidae*). Hobart, Tasmania: CSIRO; 2007:130 p.
132. Ward R, Holmes B, Zemlak T. DNA barcoding discriminates spurdogs of the genus *Squalus*. In: Last P, White W, Pogonoski J, eds. *Description of new dogfishes of the genus Squalus* (*Squaloidea: Squalidae*). Hobart, Australia: CSIRO; 2007:117–130.

133. Last P, Gledhill D, Holmes B. A new handfish, *Brachionichthys australis* sp. nov. (Lophiiformes: Brachionichthyidae), with a redescription of the critically endangered spotted handfish, *B. hirsutus* (Lacepede). *Zootaxa*. 2007;1666:53–68.
134. Smith PJ, McVeagh SM, Steinke D. DNA barcoding for the identification of smoked fish products. *Journal of Fish Biology*. 2008;72(2):464–471.
135. Victor B. Redescription of *Coryphopterus tortugae* (Jordan) and a new allied species *Coryphopterus bol* (Perciformes: Gobiidae: Gobiinae) from the tropical western. *Journal of the Ocean Science Foundation*. 2008;1:1–19.
136. Pyle R, Earle J, Greene B. Five new species of the damselfish genus *Chromis* (Perciformes: Labroidei: Pomacentridae) from deep coral reefs in the tropical western Pacific. *Zootaxa*. 2008;1671:3–31.
137. Hajibabaei M, Singer GAC, Clare EL, Hebert PDN. Design and applicability of DNA arrays and DNA barcodes in biodiversity monitoring. *BMC Biology*. 2007;5:24.
138. Pagel M. Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature*. 1999;401:877–84.
139. Felsenstein J. Inferring phylogenies. *Journal of Classification*. 2004;22(1):139–142.
140. Foster PG, Hickey DA. Compositional Bias May Affect Both DNA-Based and Protein-Based Phylogenetic Reconstructions. *Journal of Molecular Evolution*. 1999;48(3):284–290.
141. Huelsenbeck JP. Performance of Phylogenetic Methods in Simulation. *Systematic Biology*. 1995;44(1):17–48.
142. Kolaczkowski B, Thornton JW. Performance of maximum parsimony and likelihood phylogenetics when evolution is heterogeneous. *Nature*. 2004;431:980–984.
143. Zwickl DJ, Hillis DM. Increased taxon sampling greatly reduces phylogenetic error. *Systematic Biology*. 2002;51(4):588–598.
144. Pollock KH, Nichols JD, Simons TR, Farnsworth GL, Bailey LL, Sauer JR. Large scale wildlife monitoring studies: statistical methods for design and analysis. *Environmetrics*. 2002;13(2):105–119.
145. Hajibabaei M, Janzen DH, Burns JM, Hallwachs W, Hebert PDN. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2006;103(4):968–971.
146. Armstrong KF, Ball SL. DNA barcodes for biosecurity: invasive species identification. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London - Series B: Biological Sciences*. 2005;360:1813–1823.



147. Janzen DH, Hajibabaei M, Burns JM, Hallwachs W, Remigio E, Hebert PDN. Wedding biodiversity inventory of a large and complex Lepidoptera fauna with DNA barcoding. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 2005;360:1835–1845.
148. Smith MA, Fisher BL, Hebert PDN. DNA barcoding for effective biodiversity assessment of a hyperdiverse arthropod group: the ants of Madagascar. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 2005;360:1825–34.
149. Meier R, Shiyang K, Vaidya G, Ng PKL. DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*. 2006;55(5):715–728.
150. Kerr KCR, Stoeckle MY, Dove CJ, Weigt LA, Francis CM, Hebert PDN. Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology Notes*. 2007;7:535–543.
151. Ekrem T, Willassen E, Stur E. A comprehensive DNA sequence library is essential for identification with DNA barcodes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2007;43(2):530–42.
152. Lahaye R, Van der Bank M, Bogarin D, Warner J, Pupulin F, Gigot G, Maurin O, Duthoit S, Barraclough TG, Savolainen V. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008;105(8):2923–2928.
153. Rock J, Costa FO, Walker DI, North AW, Hutchinson WF, Carvalho GR. DNA barcodes of fish of the Scotia Sea, Antarctica indicate priority groups for taxonomic and systematics focus. *Antarctic Science*. 2008;20(03):253–262.
154. Ward R, Costa F, Holmes B, Steinke D. DNA barcoding of shared fish species from the North Atlantic and Australasia: minimal divergence for most taxa, but *Zeus faber* and *Lepidopus caudatus* each probably constitute two species. *Aquatic Biology*. 2008;3:71–78.
155. Hebert PDN, Dewaard JR, Landry J-F. DNA barcodes for 1/1000 of the animal kingdom. *Biology Letters*. 2009;6(3):359–362.
156. Radulovici AE, Sainte-Marie B, Dufresne F. DNA barcoding of marine crustaceans from the Estuary and Gulf of St Lawrence: a regional-scale approach. *Molecular Ecology Resources*. 2009;9(1):181–187.
157. Smith MA, Fernandez-Triana J, Roughley R, Hebert PDN. DNA barcode accumulation curves for understudied taxa and areas. *Molecular Ecology Resources*. 2009;9(1):208–216.
158. Steinke D, Zemplak TS, Hebert PDN. Barcoding nemo: DNA-based identifications for the ornamental fish trade. *PloS one*. 2009;4(7):e6300.

159. Valdez-Moreno M, Ivanova NV, Elías-Gutiérrez M, Contreras-Balderas S, Hebert PDN. Probing diversity in freshwater fishes from Mexico and Guatemala with DNA barcodes. *Journal of Fish Biology*. 2009;74(2):377–402.
160. Wong EH-K, Shivji MS, Hanner RH. Identifying sharks with DNA barcodes: assessing the utility of a nucleotide diagnostic approach. *Molecular Ecology Resources*. 2009;9(1):243–56.
161. Zemplak TS, Ward RD, Connell AD, Holmes BH, Hebert PDN. DNA barcoding reveals overlooked marine fishes. *Molecular Ecology Resources*. 2009;9(1):237–42.
162. Taylor CA, Knouft JH. Historical influences on genital morphology among sympatric species: gonopod evolution and reproductive isolation in the crayfish genus *Orconectes* (Cambaridae). *Biological Journal of the Linnean Society*. 2006;89(1):1–12.
163. Barbuto M, Galimberti A, Ferri E, Labra M, Malandra R, Galli P, Casiraghi M. DNA barcoding reveals fraudulent substitutions in shark seafood products: The Italian case of “palombo” (*Mustelus* spp.). *Food Research International*. 2010;43(1):376–381.
164. Bucklin A, Hopcroft RR, Kosobokova KN, Nigro LM, Ortman BD, Jennings RM, Sweetman CJ. DNA barcoding of Arctic Ocean holozooplankton for species identification and recognition. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*. 2010;57(1-2):40–48.
165. Dasmahapatra KK, Elias M, Hill RI, Hoffman JI, Mallet J. Mitochondrial DNA barcoding detects some species that are real, and some that are not. *Molecular Ecology Resources*. 2010;10(2):264–273.
166. Lara A, Ponce de Leon JL, Rodríguez R, Casane D, Côté G, Bernatchez L, García-Machado E. DNA barcoding of Cuban freshwater fishes: evidence for cryptic species and taxonomic conflicts. *Molecular Ecology Resources*. 2010;10(3):421–430.
167. Carvalho DC, Neto DAP, Brasil BSAF, Oliveira DAA. DNA barcoding unveils a high rate of mislabeling in a commercial freshwater catfish from Brazil. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):97–105.
168. Doukakis P, Hanner R, Shivji M, Bartholomew C, Chapman D, Wong E, Amato G. Applying genetic techniques to study remote shark fisheries in northeastern Madagascar. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):15–20.
169. Chen J, Li Q, Kong L, Yu H. How DNA barcodes complement taxonomy and explore species diversity: the case study of a poorly understood marine fauna. *PloS one*. 2011;6(6):e21326.
170. Kim S, Koo H, Kim J-H, Jung J-W, Hwang SY, Kim W. DNA chip for species identification of Korean freshwater fish: A case study. *BioChip Journal*. 2011;5(1):72–77.

171. Lowenstein JH, Osmundson TW, Becker S, Hanner R, Stiasny MLJ. Incorporating DNA barcodes into a multi-year inventory of the fishes of the hyperdiverse Lower Congo River, with a multi-gene performance assessment of the genus *Labeo* as a case study. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):52–70.
172. Zhang J-B, Hanner R. DNA barcoding is a useful tool for the identification of marine fishes from Japan. *Biochemical Systematics and Ecology*. 2011;39(1):31–42.
173. Nwani CD, Becker S, Braid HE, Ude EF, Okogwu OI, Hanner R. DNA barcoding discriminates freshwater fishes from southeastern Nigeria and provides river system-level phylogeographic resolution within some species. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):43–51.
174. Pereira LHG, Pazian MF, Hanner R, Foresti F, Oliveira C. DNA barcoding reveals hidden diversity in the Neotropical freshwater fish *Piabina argentea* (Characiformes: Characidae) from the Upper Paraná Basin of Brazil. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):87–96.
175. Triantafyllidis A, Bobori D, Koliamitra C, Gbandi E, Mpanti M, Petriki O, Karaiskou N. DNA barcoding analysis of fish species diversity in four north Greek lakes. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(1):37–42.
176. Zhang J. Species identification of marine fishes in china with DNA barcoding. *Evidence-based Complementary and Alternative Medicine*. 2011:978253.
177. Wong LL, Peatman E, Lu J, Kucuktas H, He S, Zhou C, Na-nakorn U, Liu Z. DNA barcoding of catfish: species authentication and phylogenetic assessment. *PloS one*. 2011;6(3):e17812.
178. Whitehead PJP. Clupeidae. In: Whitehead PJP, Bauchot M-L, Hureau J-C, Nielsen J, Tortonese E, eds. *Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean*. Paris, France: UNESCO; 1986:268–281.
179. Sambrook J, Russell D. *Molecular cloning: a laboratory manual. Volume 1–3*. Melbourne, Australia: Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2001:2344 p.
180. Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*. 1994;22(22):4673–4680.
181. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*. 2011;28(10):2731–2739.
182. Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*. 2009;25(11):1451–1452.
183. Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*. 2005;1:47–50.

184. Sharp PM, Li W-H. An evolutionary perspective on synonymous codon usage in unicellular organisms. *Journal of Molecular Evolution*. 1986;24(1-2):28–38.
185. Nei M, Kumar S. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. New York, USA: Oxford University Press; 2000:339 p.
186. Tavaré S. Some Probabilistic and Statistical Problems in the Analysis of DNA Sequences. *Lectures on Mathematics in the Life Sciences*. 1986;17:57–86.
187. Nei M, Gojobori T. Simple methods for estimating the numbers of synonymous and nonsynonymous nucleotide substitutions. *Molecular Biology and Evolution*. 1986;3(5):418–426.
188. Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*. 1980;16(2):111–120.
189. Swofford D. *PAUP\*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (\*and Other Methods). Version 4*. Massachusetts, USA: Sinauer Associates; 2002:142 p.
190. Felsenstein J. *Phylogenetic inference package (PHYLIP), version 3.5c*. Seattle, USA: University of Washington; 1993.
191. Taberlet P, Waits LP, Luikart G. Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology & Evolution*. 1999;14(8):323–327.
192. Dawson MN, Raskoff KA, Jacobs DK. Field preservation of marine invertebrate tissue for DNA analyses. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*. 1998;7(2):145–52.
193. Lopera-Barrero N, Povh J. Comparación de protocolos de extracción de ADN con muestras de aleta y larva de peces: extracción modificada con cloruro de sodio. *Ciencia e investigación agraria*. 2008;35:77–86.
194. Pyle MM, Adams RP. In situ preservation of DNA in plant systematics. *Taxon*. 1989;38:576–581.
195. Chase MW, Hills HH. Silica gel : an ideal material for field preservation of leaf samples for DNA studies. *Taxon*. 1991;40(2):215–220.
196. Rogstad S. Saturated NaCl-CTAB solution as a means of field preservation of leaves for DNA analyses. *Taxon*. 1992;41:701–708.
197. Seutin G, White BN, Boag PT. Preservation of avian blood and tissue samples for DNA analyses. *Canadian Journal of Zoology*. 1991;69(1):82–90.
198. Altschmied J, Hornung U, Schlupp I, Gadau J, Kolb R, Scharl M. Isolation of DNA suitable for PCR for field and laboratory work. *BioTechniques*. 1997;23(2):228–229.

199. Chakraborty A, Sakai M, Iwatsuki Y. Museum fish specimens and molecular taxonomy: a comparative study on DNA extraction protocols and preservation techniques. *Journal of Applied Ichthyology*. 2006;22(2):160–166.
200. Post RJ, Flook PK, Millest AL. Methods for the preservation of insects for DNA studies. *Biochemical Systematics and Ecology*. 1993;21(1):85–92.
201. Reiss RA, Schwert DP, Ashworth AC. Field preservation of Coleoptera for molecular genetic analyses. *Environmental Entomology*. 1995;24:716–719.
202. Poinar HN, Hoss M, Bada JL, Paabo S. Amino Acid Racemization and the Preservation of Ancient DNA. *Science*. 1996;272:864–866.
203. Flournoy LE, Adams RP, Pandey RN. Interim and archival preservation of plant specimens in alcohols for DNA studies. *BioTechniques*. 1996;20(4):657–60.
204. Aquino LMG, Tango JM, Canoy RJC, Fontanilla IKC, Basiao ZU, Ong PS, Quilang JP. DNA barcoding of fishes of Laguna de Bay, Philippines. *Mitochondrial DNA*. 2011;22(4):143–153.
205. Magoulas A, Castilho R, Caetano S, Marcato S, Patarnello T. Mitochondrial DNA reveals a mosaic pattern of phylogeographical structure in Atlantic and Mediterranean populations of anchovy (*Engraulis encrasicolus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2006;39(3):734–746.
206. Chenoweth SF, Hughes JM. Genetic population structure of the catadromous Perciform: *Macquaria novemaculeata* (Percichthyidae). *Journal of Fish Biology*. 1997;50(4):721–733.
207. Dudgeon CL, Gust N, Blair D. No apparent genetic basis to demographic differences in scarid fishes across continental shelf of the Great Barrier Reef. *Marine Biology*. 2000;137(5-6):1059–1066.
208. Bernardi G, Holbrook SJ, Schmitt RJ. Gene flow at three spatial scales in a coral reef fish, the three-spot dascyllus, *Dascyllus trimaculatus*. *Marine Biology*. 2001;138(3):457–465.
209. Zhang J, Hanner R. Molecular approach to the identification of fish in the South China Sea. *PloS one*. 2012;7(2):e30621.
210. Avise JC. Phylogeography. In: Brenner S, ed. *Encyclopedia of Genetics*. New York, USA: Academic Press; 2001:2800 p.
211. Saccone C, De Giorgi C, Gissi C, Pesole G, Reyes A. Evolutionary genomics in Metazoa: the mitochondrial DNA as a model system. *Gene*. 1999;238(1):195–209.
212. Costa FO, DeWaard JR, Boutillier J, Ratnasingham S, Dooh RT, Hajibabaei M, Hebert PDN. Biological identifications through DNA barcodes: the case of the Crustacea. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 2007;64(2):272–295.

213. Thalmann O, Hebler J, Poinar HN, Pääbo S, Vigilant L. Unreliable mtDNA data due to nuclear insertions: a cautionary tale from analysis of humans and other great apes. *Molecular Ecology*. 2004;13(2):321–335.
214. Sword GA, Senior LB, Gaskin JF, Joern A. Double trouble for grasshopper molecular systematics: intra-individual heterogeneity of both mitochondrial 12S-valine-16S and nuclear internal transcribed spacer ribosomal DNA sequences in *Hesperotettix viridis* (Orthoptera: Acrididae). *Systematic Entomology*. 2007;32(3):420–428.
215. Venkatesh B, Dandona N, Brenner S. Fugu genome does not contain mitochondrial pseudogenes. *Genomics*. 2006;87(2):307–310.
216. Thomas CD. Fewer species. *Nature*. 1990;347:237.
217. Kozloff EN. *Invertebrates*. Philadelphia, USA: Harcourt Brace College Publishers; 1990:866 p.
218. Chapman A. *Numbers of living species in Australia and the world*. 2nd ed. Canberra, Australia: Department of the Environment and Heritage; 2009:80 p.
219. Haszprunar G. Mollusca (Molluscs). In: *Encyclopedia of Life Sciences*. Chichester, United Kingdom: John Wiley & Sons Ltd; 2001.
220. Jenkins M. Prospects for biodiversity. *Science*. 2003;302:1175–1177.
221. FishBase. FishBase Consortium. 2012. Available at: <http://www.fishbase.org/search.php>.
222. IUCN. International Union for Conservation of Nature - Red List of Threatened Species. 2012. Available at: <http://www.iucnredlist.org>.
223. EUNIS. The European Nature Information System. 2012. Available at: <http://eunis.eea.europa.eu>.
224. Sari M. Threatened fishes of the world: *Chalcalburnus tarichi* (Pallas 1811) (Cyprinidae) living in the highly alkaline Lake Van, Turkey. *Environmental Biology of Fishes*. 2006;81(1):21–23.
225. SeaLifeBase. Sea Life Base. 2012. Available at: <http://www.sealifebase.org>.
226. EOL. Encyclopedia of Life. 2012. Available at: <http://eol.org>.
227. GBIF. Global Biodiversity Information Facility. 2012. Available at: <http://data.gbif.org/welcome.htm>.
228. Yamada S, Hauck L. Field identification of the European green crab species: *Carcinus maenas* and *Carcinus aestuarii*. *Journal of Shellfish Research*. 2001;20(3):905–912.
229. FAO. Food and Agriculture Organization. 2012. Available at: <http://fao.org/fishery/species/search/en>.

230. MarineSpecies. Marine Species Identification Portal. 2012. Available at: <http://species-identification.org/search.php>.

231. Whitehead J. *Clupeoid fishes of the world. FAO species catalogue Vol 7. An annotated and illustrated catalogue of the herrings, sardines, pilchards, sprats, anchovies and wolf herrings. Part 1: Chirocentridae, Clupeidae and Pristigasteridae*. Rome, Italy: FAO Fisheries Synopsis; 1985:303 p.

232. Neumann V. A review of the *Maja squinado* (Crustacea: Decapoda: Brachyura) species-complex with a key to the eastern Atlantic and Mediterranean species of the genus. *Journal of Natural History*. 1998;32(10-11):1667–1684.

233. Perez Farfante I, Kensley B. Les crevettes peneides et sergestides du monde. Cles d'identification et diagnose des familles et genres. *Memoires du Museum National d'Histoire Naturelle*. 1997;175:1–233.

234. Atay D. *Kabuklu su ürünleri ve üretim tekniği*. Ankara, Türkiye: Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları; 1997:348 s.

## EKLER

### EK 1: *Acipenser gueldenstaedtii*\*

# *Acipenser gueldenstaedtii*

Rus Mersini  
Russian sturgeon

## YAŞAM ALANI

- Demersal
- Anadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 1 m ve altı derinliklerde bulunurlar
- Ilıman

## MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 27-48
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-35
- Alt çene daha geride olup, merkeze kadar devam etmez
- Beş sıra halinde plakaları vardır. Bunların bulunduğu yerler ve sayıları:

Dorsal: 7-19

Lateral: 24-44 (her bir lateralde)

Ventral: 6-13 (ventralin her bir lateralinde)

- Dorsal ve ventral sıralar arasında küçük yıldız şeklinde kemik plakalar bir hat üzerine dizilmiştir

## BİYOLOJİSİ

- Tatlı sularda, büyük nehirlerin hızlı akıntılı orta kısmının dip bölgelerinde dağılım gösterirler
- Genellikle kıyı şeridinin kumlu ve balçıklı kısımlarında bulunmaktadırlar
- Bentik yumuşakçalar, kabuklular ve küçük balıklarla beslenirler
- 1-1,5 m/s hızla akan geniş nehirlerin taşlı veya çakıllı bölgelerine yumurta bırakırlar

## EKONOMİK ÖNEMİ

- Kamuya açık akvaryumlar ve tüketimde kullanılması için ticari yetiştiriciliği yapılmaktadır.



## BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Acipenseriformes
<b>Familya</b>	: Acipenseridae
<b>Cins</b>	: <i>Acipenser</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. gueldenstaedtii</i>

## BİNOMİAL ADI

*Acipenser gueldenstaedtii*  
Brandt & Ratzeburg, 1833

## IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Acipenser nudiventris*

Şip Balığı  
Ship sturgeon

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Anadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 30-60 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 45-57
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 23-37
- Burun orta uzunlukta ve sivri uçludur
- Alt çene, çene merkezinde kesintiye uğramaksızın devam eder
- Barbeller burun ucu ile ağız arasında yer alır
- Beş sıra halinde plakaları vardır. Bunların bulunduğu yerler ve sayıları:

Dorsal: 11-17

Lateral: 49-70 (her iki lateralde 55-56 adet)

Ventral: 10-16

- Dorsal ve ventral arasında daha küçük plakalar bulunmaz
- Plakaların arkası gri renktedir, ortaya doğru renk açıklar ve ortada beyazdır

### BİYOLOJİSİ

- Çamur içinde ve genelde yalnız yaşarlar
- Yumuşakçalar, amfipodlar ve chironomid larvalarıyla beslenirler
- Derin nehirlerin güçlü akıntılı, taşlı ve çakıllı tabanlarına yumurta bırakırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve yetiştiriciliği yapılır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Acipenseriformes
<b>Familiya</b>	: Acipenseridae
<b>Cins</b>	: <i>Acipenser</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. nudiventris</i>

### BİNOMİAL ADI

*Acipenser nudiventris*  
Lovetsky, 1828

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Acipenser stellatus*

Mersin Balığı  
Star sturgeon

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Anadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 10-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 40-46
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 24-29
- Beş sıra halinde plakaları vardır. Bunların bulunduğu yerler ve sayıları:

Dorsal: 11-14

Lateral: 30-36 (her iki lateralde)

Ventral: 10-11 (ventralin her bir lateralinde)

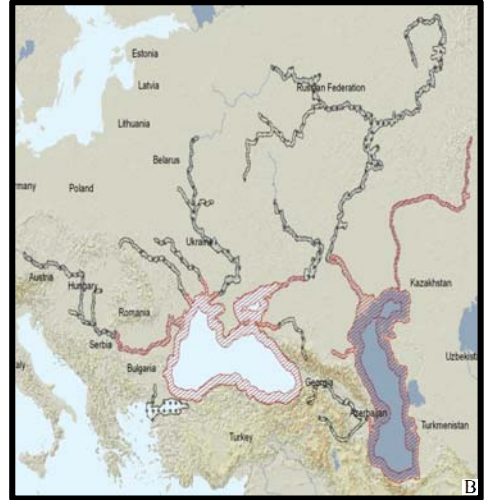
- Her iki tarafta da küçük yıldızimsı kemik plaklar ve küçük tanecikler ana plakların arasında bulunur
- Plakalar çok koyu gir renkte, neredeyse siyahtır. Ortaya doğru renk açıklar ve ortada beyazdır

### BİYOLOJİSİ

- Çoğunlukla balıklarla beslemekle beraber yumuşakçalar ve kabuklularla da beslenirler
- Derin nehirlerin güçlü akıntılı bölgelerindeki taş ve çakıllara yumurta bırakırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve yetiştiriciliği yapılır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Acipenseriformes
<b>Familya</b>	: Acipenseridae
<b>Cins</b>	: <i>Acipenser</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. stellatus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Acipenser stellatus*  
Pallas, 1771

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Alburnus alburnus*

İnci Balığı  
Bleak

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Potamodrom
- Tatlı ve acı sularda yaşarlar
- 1m ve altı derinlikler bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 2-4
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 7-9
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 14-20
- Dorsal ışınların 4. ve 5. dallanmalarının altından anal yüzgeç başlar
- Yanal çizgide 45-48+3 pul vardır
- Anal yüzgeçte 17-20 dallanmış ışın vardır
- 16-22 solungaç dikiği vardır
- Ventral omurga pelvik bölgesinden anüse kadar uzanır
- Yanal çizgi hayattayken belli değildir, korunmuş örneklerinde ise neredeyse yok gibidir
- Ağız belirgin ve ileridedir
- Kuyruk yüzgeci 19 ışınlıdır

### BİYOLOJİSİ

- Su yüzeyine düşmüş böcekler, omurgasızlar ve planktonlarla beslenirler
- Sığ, çakıllı akarsu yatakları ya da göllerin taşlı kıyılarına, bazen de su altı bitkilerinin üzerine yumurta bırakırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır
- Yetiştiriciliği genelde yem olarak kullanılmak üzere yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Alburnus</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. alburnus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Alburnus alburnus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Alburnus tarichi*

İnci Kefali  
Pearl Mullet

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Tatlı sularda yaşarlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

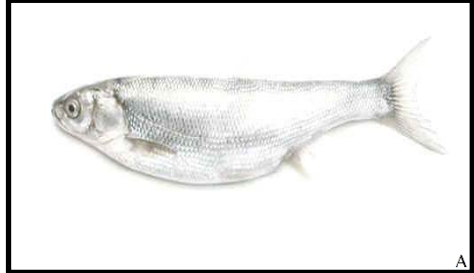
- İnci kefalinin vücut şekli fusiform olup, baş uzunluğu yaklaşık olarak bütün boyun 1/6'sı kadardır
- Ağız terminal pozisyonlu olup oldukça eğiktir ve fazla açılmaz
- Vücut uzunluğu baş uzunluğunun 4,6-5,4 katı, vücut yüksekliğinin 4,9-6,2 katıdır
- Gözler oldukça iri, ağız orta büyüklükte ve öne doğru çıkıktır
- Bıyık yoktur, ventral ve anal yüzgeçler arasında pulsuz bir karina mevcuttur
- Pullar üzerinde açık siyah renkte noktalar taşıdıklarından parlaklıklarını yitirmiştirler ve renk gümüşü yeşildir

### BİYOLOJİSİ

- Baharda üremek için nehirlere giriş yaparlar
- Göldeki zooplankton ve fitoplanktonlarla beslenirler
- Yaz aylarında gölün 25 m derinliklerine kadar dağılım gösterebilirken, kışı gölün 70 m derinliklerine kadar olan kısımlarında geçirirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılıığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Alburnus</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. tarichi</i>

### BİNOMİAL ADI

*Alburnus tarichi*  
Güldenstädt, 1814

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler FishBase<sup>221</sup>, EUNIS<sup>223</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve Sarı<sup>224</sup> dan değiştirilerek alınmıştır

## *Alosa alosa*

Tirsi  
Allis Shad

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Anadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 5 m ve altı derinliklerde bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

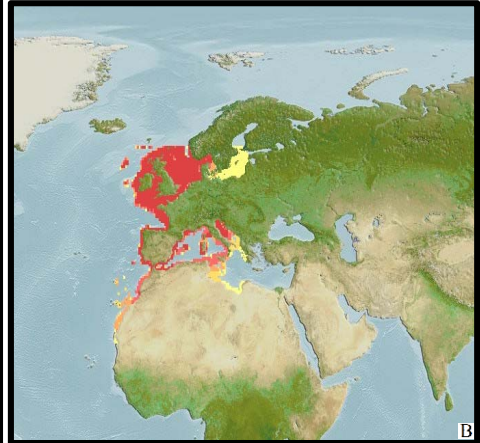
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 4-6
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-18
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3-4
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 18-24
- Vücut kısmen yanlardan basık, pektoral yüzgece kadar olan vücut derinliği kafa uzunluğundan daha geniş, alt çene üst çenenin içine oturmuş ve üst durumludur
- Solungaç kapağı açıklığının arkasında koyu bir nokta bulunmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- Genç balıklar tatlı sularda böcek larvaları, denizlerde planktonik kabuklularla, daha büyük olan yetişkinler ise küçük balıklarla beslenmektedirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve olta balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Clupeiformes
<b>Familya</b>	: Clupeidae
<b>Cins</b>	: <i>Alosa</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. alosa</i>

### BİNOMİAL ADI

*Alosa alosa*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Anguilla anguilla*

Yılan Balığı  
Common eel

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Katadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-700 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

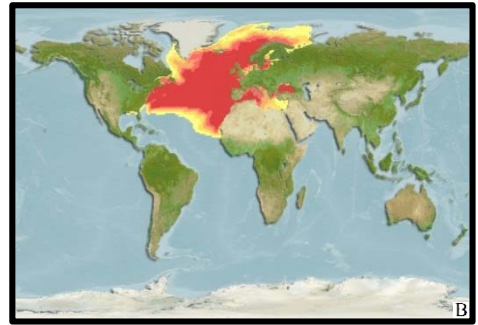
- Dorsal yüzgeç ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç ışın sayısı: 0
- Alt çene daha geride olup, merkeze kadar devam etmez
- Vücut anteriorda silindirik, posteriyorda daralmıştır
- Alt çene belirgin biçimde uzun ve çıkıntılıdır
- Solungaç açıklıkları yanlarda küçük ve diktir
- Dorsal ve anal yüzgeçler uzayarak kuyruk yüzgeciyle birleşerek, en az 500 yumuşak ışınlı özel bir yüzgeç halini almıştır
- Dorsal yüzgeç pektoral yüzgeçlerin arkasından, anal yüzgeç anüsün arkasından ve anal yüzgeç dorsal yüzgece oranla daha geriden başlar
- Pelvik yüzgeç yoktur
- Yeşilimsi kahve renklidir

### BİYOLOJİSİ

- Üremek için Sargasso Denizi'nin derinliklerine göç eder
- 3 yaşından sonra elvere dönüşürler
- Genç yılan balıkları büyüme dönemlerini, metamorfozları bitene kadar tatlı sularda geçirirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, yetiştiriciliği ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Anguilliformes
<b>Familya</b>	: Anguillidae
<b>Cins</b>	: <i>Anguilla</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. anguilla</i>

### BİNOMİAL ADI

*Anguilla anguilla*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Argyrosomus regius*

Sarıağız  
Meagre

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 15-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 10-11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 27-29
- Sert pulludur
- İkinci dorsal yüzgeç ilk yüzgecin iki katı kadar ve yumuşak ışınlıdır
- Dorsal yüzgeç dikenlidir

### BİYOLOJİSİ

- Kıyı ve sığ sularda, tabana yakın olabildikleri gibi yüzey ve orta bölümde de bulunurlar
- Sardalya ve kefal sürülerini takip ederler
- İlkbahar ve yaz aylarında yumurtlamak için kıyılarda toplanırlar
- Genç ve yarı yetişkinler nehir ağızlarına ve lagünlere giriş yaparlar
- Yetişkinler ve gençler sıcaklık değişimine bağlı olarak kıyı boyunca veya kıyından iç kısımlara doğru göç ederler
- Balıklar ve kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sciaenidae
<b>Cins</b>	: <i>Argyrosomus</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. regius</i>

### BİNOMIAL ADI

*Argyrosomus regius*  
Asso, 1801

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Atherina hepsetus*

Gümüş  
Mediterranean sand smelt

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 27-48
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-35
- Alt çene daha geride olup, merkeze kadar devam etmez
- Beş sıra halinde plakaları vardır. Bunların bulunduğu yerler ve sayıları:

Dorsal: 7-19

Lateral: 24-44 (her bir lateralde)

Ventral: 6-13 (ventralin her bir lateralinde)

- Dorsal ve ventral sıralar arasında küçük yıldız şeklinde kemik plakalar bir hat üzerine dizilmiştir

### BİYOLOJİSİ

- Genellikle kıyıya yakın, littoral bölgede bulunurlar
- Toplu halde yaşayan balıklardır
- Denizlerde, lagünlerde ve deniz-nehir bağlantılarında yaşarlar
- Pelajik kopepodlar ve bentik kabuklular ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Atheriniformes
<b>Familya</b>	: Atherinidae
<b>Cins</b>	: <i>Atherina</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. hepsetus</i>

### BİNOMIAL ADI

*Atherina hepsetus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Aurelia aurita*

Denizanası  
Common jellyfish

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- 0-120 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropik

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

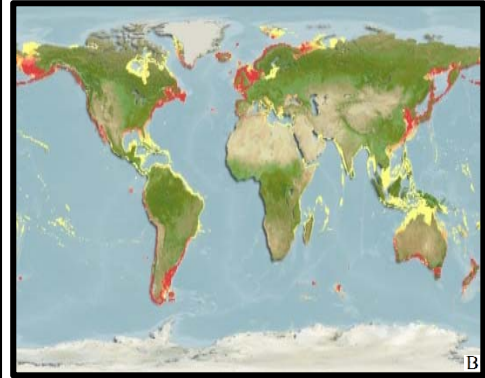
- Maksimum çapı: 50 cm
- Yükseklik: 10-12,5 cm
- Çapı 40-50 cm'ye ulaşabilir
- Şemsiyeye benzerler
- Pek çok tentakülü vardır
- Dört ağız kolu, dört cinsel organ ve halka veya at nalı şeklinde pek çok kanalcık vardır
- Renkleri genellikle saydam, mavi, mor veya hafif pembe olabilir
- Cinsel organlar daha açık renkli kırmızı veya pembe renkli olabilir

### BİYOLOJİSİ

- Yakıcı kapsülleri insan derisini delip geçemez
- Suda asılı duran hemen herşeyi yerler
- Balık larvaları, rotiferler, kopepodlar, kopepodların larvaları ve naupileri ile beslenirler
- Sonbaharın sonuna doğru ephyra aşamasındaki bireylerin artışı, çok diskli larvaların ephyra görünümüne bu dönemde geçiyor olmasından dolayıdır
- Polipler Ağustos–Eylül ayları arasında görülmeye başlar
- Kış aylarında tomurcuk oluşmaz
- İki yıl yaşayabilir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Scyphozoa
<b>Takım</b>	: Semaestomeae
<b>Familya</b>	: Ulmaridae
<b>Cins</b>	: <i>Aurelia</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. aurita</i>

### BİNOMIAL ADI

*Aurelia aurita*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Auxis thazard*

**Tombik**  
Frigate tuna

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 50 m ve altı derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

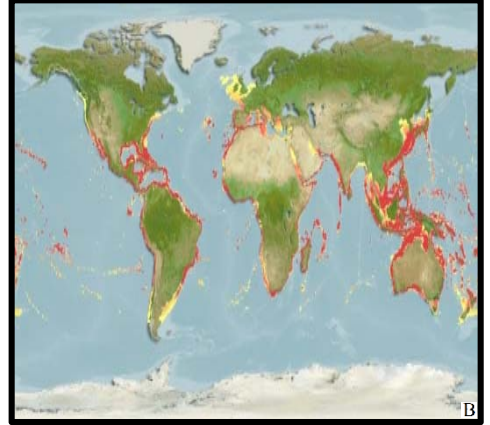
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 10 -12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10 -13
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-14
- Arkası grimsi, öne doğru koyu mor veya neredeyse siyah renk hakimdir
- Vücutları neredeyse yatay obliktir
- Yanal çizgi üstündeki pulsuz alanda koyu dalgalı çizgiler vardır
- Karın beyazdır
- Pektoral ve pelvik yüzgeçler mor, iç tarafları siyah renktedir
- Pektoral yüzgeçler kısadır
- Pelvik yüzgeçler arasında büyük tek bir sivri kapaktan oluşan yapı bulunur
- Vücut, zırh hariç çıplaktır; arka parçaları iyi gelişmiş ve daralmıştır

### BİYOLOJİSİ

- Küçük balıklar, yumuşakçalar, planktonik kabuklular ve stomatopod larvalarıyla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Auxis</i>
<b>Tür</b>	: <i>A. thazard</i>

### BİNOMİAL ADI

*Auxis thazard*  
Lacepède, 1800

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Balistes capriscus*

Çütre  
Grey triggerfish

### YAŞAM ALANI

- Resifler
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropik

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

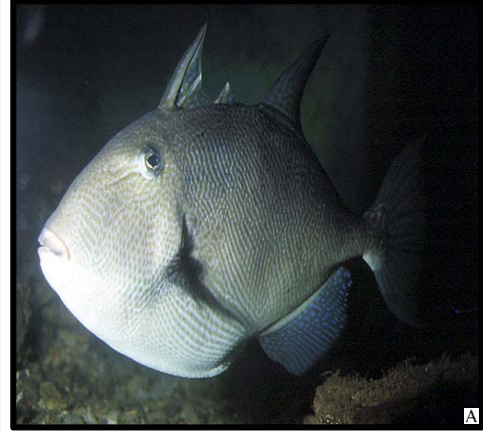
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 26-29
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 23-26
- Uzun, küçük bir ağız ve plaka gibi pullu bir yapısı vardır
- Vücutta üç adet geniş, soluk renkli, düzensiz, koyu şerit bulunur
- Çenede dar, soluk renkli, çapraz bantlar; yüzgeçlerde ve vücudun üst yarısında küçük, açık mavi noktalar; ventralde kısa, düzensiz çizgiler bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Yumuşakçalar ve kabuklular gibi bentik omurgasızlarla beslenirler
- Yumurta bırakarak çoğalırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari değere sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Tetraodontiformes
<b>Familya</b>	: Balistidae
<b>Cins</b>	: <i>Balistes</i>
<b>Tür</b>	: <i>B. capriscus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Balistes capriscus*  
Gmelin, 1789

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Belone belone*

Zargana  
Garpike

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0 m ve altı derinlik aralığında bulunurlar.
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

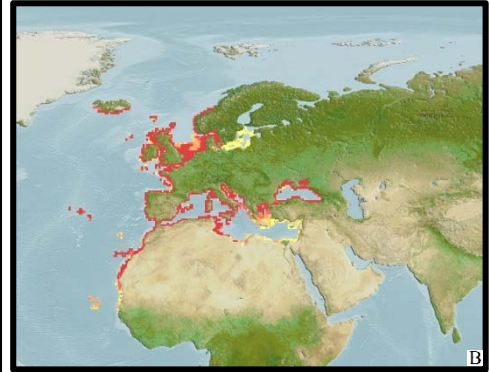
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-20
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 19-23
- Çene dişleri nispeten büyük ve geniş aralıklıdır
- Vomer dişi 20 den fazla tırnaktan oluşmuş ve uzundur
- Alt çene üst çeneden biraz daha uzundur

### BİYOLOJİSİ

- Yüze yakın yaşarlar ve uskumrulara benzer bir göç modelleri vardır
- Küçük balıklarla, özellikle de Clupeidae familyasından türler ve *Engraulis* cinsleri ile beslenirler
- Yumurta bırakarak çoğalırlar
- Yumurtalar su içindeki nesnelere tutunmuş halde bulunabilirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Beloniformes
<b>Familya</b>	: Belonidae
<b>Cins</b>	: <i>Belone</i>
<b>Tür</b>	: <i>B. belone</i>

### BİNOMİAL ADI

*Belone belone*  
Linnaeus, 1761

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Boops boops*

Kupez  
Bogue

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-350 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

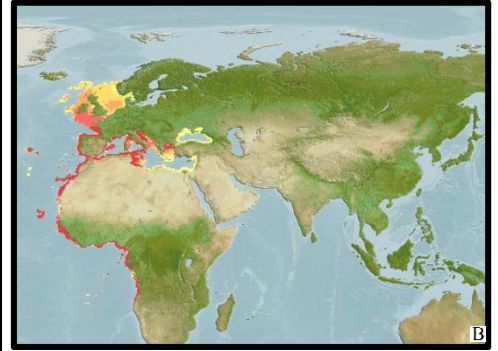
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 13-15
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-16
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 14-16
- Vücut ince, 3-5 adet altın rengi, boyuna çizgiye sahiptir ve pektoral yüzgeçte siyah nokta bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Kıyıda veya sığıklarda, pelajik olarak çeşitli tabanlarda (kum, çamur, taşlar, deniz çayıruları) bulunurlar
- Toplu halde yaşarlar ve özellikle geceleri yüzeye doğru hareket ederler
- Omnivordurlar
- Temel olarak kabuklular, ayrıca planktofagus balıklarla beslenirler
- Hermafroditler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yüksek oranda ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Yem olarak kullanılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Boops</i>
<b>Tür</b>	: <i>B. boops</i>

### BİNOMİAL ADI

*Boops boops*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## 2*Callinectes sapidus*

Mavi Yengeç  
Blue crab

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tatlı ve acı sularda yaşarlar
- 0-90 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropik

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Karapaks genişliği, boyunun iki katından daha uzun; kemerli yapıdaki anterolateral kenarda dokuz adet körelmiş sivri diş (dış yörüngedeki dişler ve güçlü yan diken dahil); önde ikisi körelmiş sivri diş (içe bakanlar hariç), sık, kıvrımlı, geniş, üçgen dişlerin iç kenarları dış kenarlarından uzundur
- Konveks dorsal yüzeyin çoğu pürüzsüzdür, enine ve dağınık ince granül çizgiler vardır
- Merkez yakınındaki oyuklar çok sayıda pürüzsüz granüllerle oldukça sert bir şekilde yükselmiştir
- Kısaçaklar güçlü, ayrı ve boyuna çıkıntılıdır
- 5. bacak yassılaştırmış pedal formundadır
- Renk grimsi, mavimsi veya kahverengimsi yeşildir

### BİYOLOJİSİ

- Kuluçka sığ deniz suları ve nehir ağızlarında gerçekleşir
- Megalopa evresini takiben larvaların gelişimi denizde devam eder
- Genç yengeçler nehir ağız sularına döner ve burada yetişkin hale gelirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Portunidae
<b>Cins</b>	: <i>Callinectes</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. sapidus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Callinectes sapidus*  
Rathbun, 1896

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Cancer pagurus*

Pavurya  
Edible crab

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

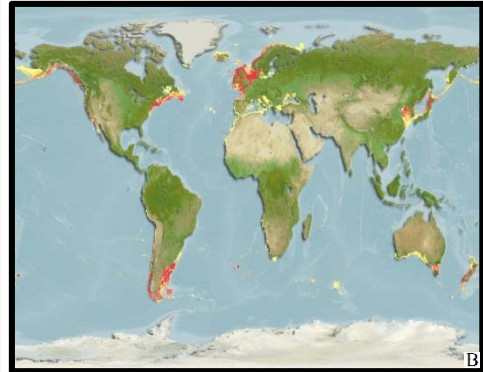
- Oval şekilli vücut yapısı ve tırtıklı, büyük siyah uçlu kısıkaçları ile diğer yengeç türlerinden kolaylıkla ayırt edilebilir
- Bu bireyler, ortalama 15 cm olmalarına rağmen çok büyük bireylerde karapaks genişliği 25 cm'ye kadar ulaşarak kırmızımsı-kahverengi renk alabilirler
- Kahverengi yengeç olarakta bilinmektedir

### BİYOLOJİSİ

- Avrupa'nın en önemli yenilebilir yengeç türüdür
- Gelgit bölgelerinde 100 m derinliğine kadar, genellikle 6-40 metre arasında bulunurlar
- Taşlık ve kumluk diplerde yaşarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Cancridae
<b>Cins</b>	: <i>Cancer</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. pagurus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Cancer pagurus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve A,BSeaLifeBase<sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Capoeta capoeta*

Siraz  
Trancaucasian barb

### YAŞAM ALANI

- Bento-pelajik
- Potamodrom
- Tatlı sularda yaşarlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

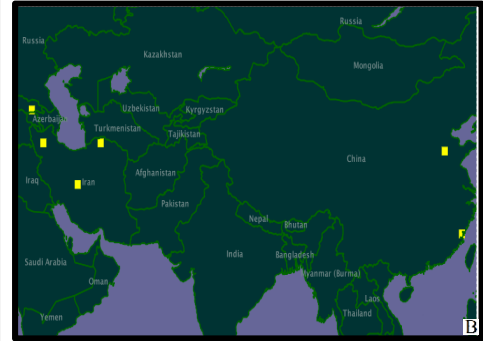
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10
- Dudaklarında dik dökülen kaplamalar vardır, alt çenede bir çift barbel bulunur
- Dorsal yüzgecin son ışını kemiksi, güçlü tırnaklıdır
- Pektoral yüzgeçler uzundur
- Baş kısmı, burun hariç küçük pulludur

### BİYOLOJİSİ

- Genel olarak dağların nehir başlangıçlarında ve nehirlerin ulaştığı kumluk bölgelerde yaşarlar
- Öncelikli besinleri planktonlardır
- Çoğunlukla nehirlerde, kayaların üzerine yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familiya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Capoeta</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. capoeta</i>

### BİNOMİAL ADI

*Capoeta capoeta*  
Güldenstädt, 1773

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup>, <sup>B</sup>GBIF <sup>227</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Carcinus aestuarii*

Akdeniz Kıyı Yengeci  
Mediterranean shore crab

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

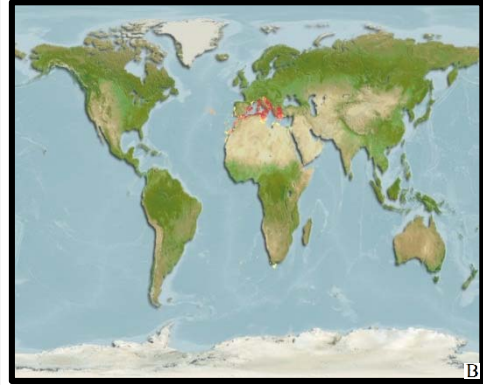
- Karapaks yelpaze şeklindedir
- Karapaksın ön kısmı (gözlerin arası) uzun ve düz olur
- Gonopodlar düzgün ve paraleldirler
- Gözlerin arkasında beş adet sivri anteriyolateral diş bulunmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- Balast suları ile taşınma yoluyla yayılım alanı artmıştır
- Açlık, sıcaklık ve tuzluluk toleransı yüksektir
- Algler, kabuklular, yumuşakçalar ve balıklarla beslenirler
- Uygun koşullar altında her iki cinsiyette bir yılda cinsel olgunluğa ulaşır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Portunidae
<b>Cins</b>	: <i>Carcinus</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. aestuarii</i>

### BİNOMİAL ADI

*Carcinus aestuarii*  
Nardo, 1847

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN<sup>222</sup>, A,B SeaLife Base 2012, Yamada ve Hauck<sup>228</sup> dan değiştirilerek alınmıştır

## *Chelidonichthys cuculus*

Dikenli Kırlangıç  
Red gurnard

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 15-400 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

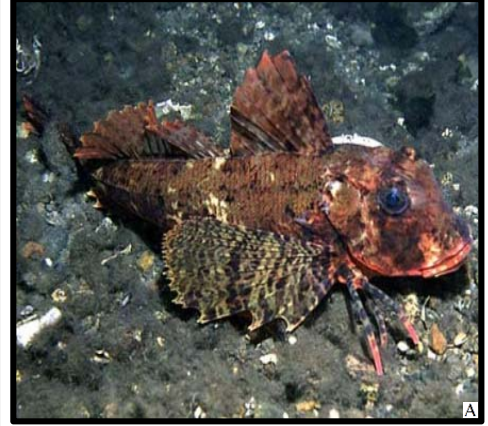
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 9-10
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 17-18
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-18
- Baş kısmı büyüktür
- İlk dorsal omur öne doğru dişli, ikinci omur uzamamıştır
- Yanal çizgi pulları plaka gibi dikey olarak genişlemiştir
- Göğüs ve karnın ön parçaları pulsuzdur
- Pektoral yüzgeç üç serbest ışınla sonlanır
- Burun dik, rostrum ileri doğru uzamış ve çift lobludur

### BİYOLOJİSİ

- Nadiren sürü oluştururlar
- Kıta sahanlığında taş, çakıl, kaya ve kumlar arasında bulunurlar
- Bentik kabuklular, diğer omurgasızlar ve dipte yaşayan balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Scorpaeniformes
<b>Familiya</b>	: Triglidæ
<b>Cins</b>	: <i>Chelidonichthys</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. cuculus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Chelidonichthys cuculus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup>, <sup>B</sup>EOL <sup>226</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Chelidonichthys lucerna*

Kırlangıç  
Tub gurnard

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 20-318 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

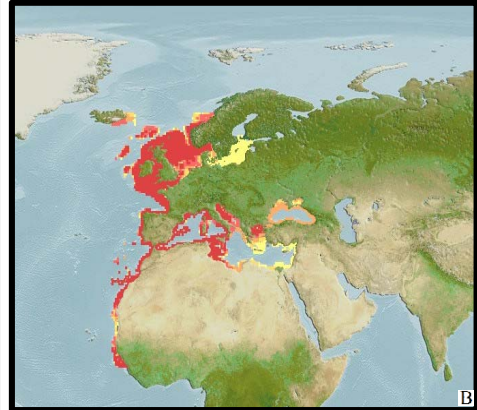
- Pektoral yüzgecin en uzun ışını anal yüzgecin ön parçasına kadar ulaşır
- Yanal çizgi pulları düz ve kırmızı renklidir

### BİYOLOJİSİ

- 8-24°C arasında yaşarlar
- Kum ve balçık tabanlarda bulunurlar
- Doğu İyonya Denizi'nde 318 m'ye kadar bulunurlar
- Balıklar, kabuklular ve yumuşakçalarla beslenirler
- Pektoral yüzgecin yalıtılmış üç özel ışını, bacak fonksiyonludur. Bu yapı balığın dinlenmesine ve yemek bulmasına yardımcı olur

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Scorpaeniformes
<b>Familya</b>	: Triglidae
<b>Cins</b>	: <i>Chelidonichthys</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. lucerna</i>

### BİNOMİAL ADI

*Chelidonichthys lucerna*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Citharus linguatula*

Kancağız Pisi  
Spotted flounder

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

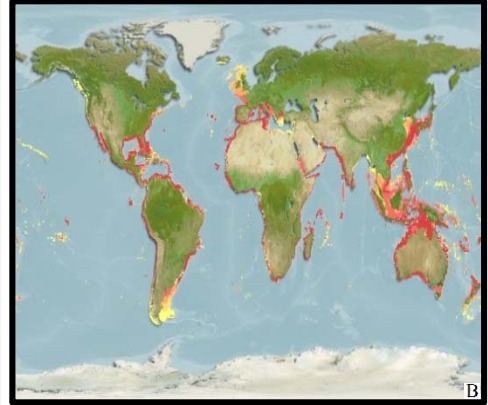
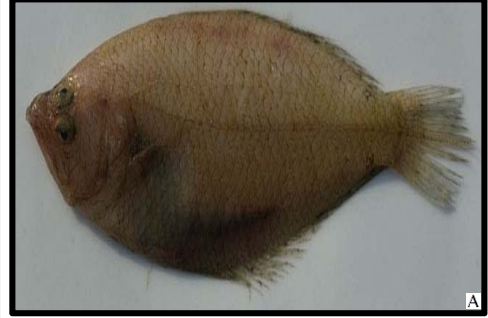
- Yivli olmamasına rağmen baş kısmı büyük, üçgenimsi, kemikli ve çok sayıda dikenli bir yapıya sahiptir
- İki parça halinde dorsal yüzgeci vardır. Bunlardan ilkinde 8-10 adet ışın, ikincisinde ise 16-17 adet yumuşak ışın vardır
- Anal yüzgeçte 16-17 adet yumuşak ışın vardır
- Pembe ya da kırmızımsı kahve renktedir
- Siyahtan altın sarısı ve beyaza kadar ventral benekler bulunur
- Pektoral yüzgecin dış yüzü pembemsi mor veya mavi, yeşil ya da beyaz lekeli ve uçları mavi ya da kırmızı lekeli olabilir. İç yüzü ise mavimsi siyah lekeli ve beyaz benekli olabilir

### BİYOLOJİSİ

- Yumuşak tabanlı kıyı şeridinde, 300 m derinliğe kadar yaşarlar
- Nadiren 200 m'nin çok daha derinlerinde avlanırlar
- Küçük balıklar ve kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Pleuronectiformes
<b>Familiya</b>	: Citharidae
<b>Cins</b>	: <i>Citharus</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. linguatula</i>

### BİNOMİAL ADI

*Citharus linguatula*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler FAO <sup>229</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Clarias gariepinus*

Karabalık  
North African catfish

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Potamadrom
- Tatlı sulara yaşarlar
- 0-80 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

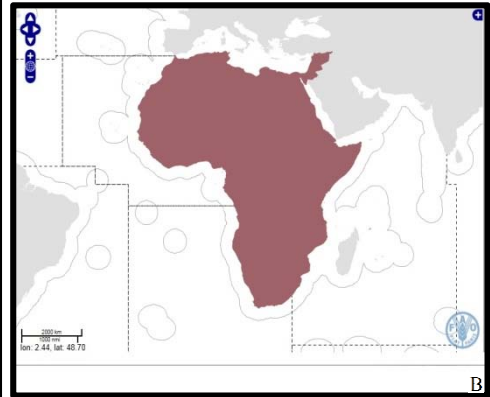
- Vücut derinliği standart uzunluğun 6-8 katıdır
- Kafa, dorsal ana hatta dikdörtgen ve sivri şekildedir, burun genişçe yayılmıştır
- Gözler superolateral pozisyonda ve nispeten küçüktür
- Çene barbelleri genellikle kafadan uzundur ve dorsal yüzgecin başlangıç noktası ile pelvik yüzgecin eklendiği yer arasındaki orta noktaya kadar uzanır
- Dış alt çene barbelleri içteki çiftten uzundur
- Yanal çizgi küçük, başın arka ucundan kuyruk yüzgeci tabanı ortasında beyaz bir çizgi olarak görünür

### BİYOLOJİSİ

- Ekstrem çevre koşullarına toleransı geniştir
- Nefes alma organı ile çok kuru şartlarda veya çok aktif olduklarında havadan nefes alabilirler
- Gece pektoral yüzgeçlerini ve dikenlerini kullanarak sudan ayrılıp karadan gıda arayışına girebilir, sığ alanlardan üreme noktalarına gidebilirler
- Böcekler, planktonlar, omurgasızlar ve balıkların yanı sıra çürümüş et, bitkiler ve küçük kuşlarla da beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, yetiştiriciliği ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Siluriformes
<b>Familya</b>	: Clariidae
<b>Cins</b>	: <i>Clarias</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. gariepinus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Clarias gariepinus*  
Burchell, 1822

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>B</sup>FAO <sup>229</sup>, <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Cyprinus carpio*

Sazan  
Common carp

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Potamodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-25 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

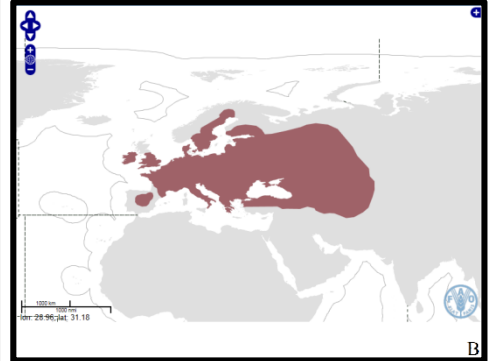
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 3-4
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 17-23
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 2-3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 5-6
- Derin, tırtıklı bir kuyruk yüzgeci vardır
- Pullar büyük ve kalındır
- Anal yüzgeçteki ışınların sonuncusu kemiksi ve arka kısma doğru tırtıklıdır
- Dört adet barbeleri vardır
- Vücut griden bronz kadar farklı renklerde olabilir

### BİYOLOJİSİ

- Genellikle büyük su kütlelerinin yavaş akan ya da durgun kesimlerindeki yumuşak zemin sedimentlerinde yaşamayı tercih ederler
- Çok çeşitli ve zor şartlara toleranslıdırlar
- Alacakaranlık ve şafak vakitlerinde çok aktiftirler
- Yetişkin ve genç bireyler çeşitli bentik organizmalar ve bitki artıkları ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yüksek oranda ticari avcılığı, yetiştiriciliği ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari değere sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Cyprinus</i>
<b>Tür</b>	: <i>C. carpio</i>

### BİNOMİAL ADI

*Cyprinus carpio*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>B</sup>FAO <sup>229</sup>, <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Dentex dentex*

Sinagrit  
Common dentex

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-12
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 7-9
- Vücut oval ve basıktır
- Her bir çenede 4-6 arasında değişen iyi gelişmiş kaniniform dişler bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Sert zeminlerde (kayalık ve çakıllık) yaşarlar
- Yetişkinler yalnız, gençler topluluk halinde yaşarlar
- Balıklar, yumuşakçalar ve kafadan bacaklılar ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, yetiştiriciliği ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Dentex</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. dentex</i>

### BİNOMİAL ADI

*Dentex dentex*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Dentex macrophthalmus*

Patlakgöz Mercan  
Large-eye dentex

### YAŞAM ALANI

- Bento-pelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 30-500 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

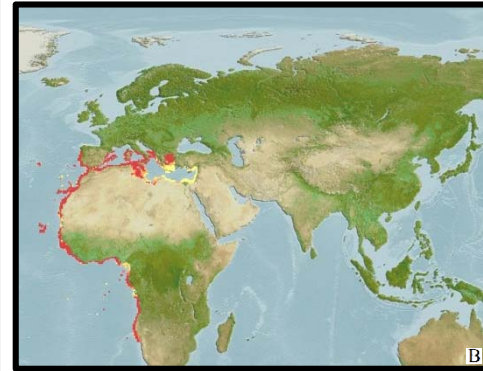
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11- 12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10 -11
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8
- Vücut ve yüzgeçler kırmızımsı; anal yüzgeç ve kuyruk yüzgecinin sonları beyazımsıdır

### BİYOLOJİSİ

- Taşlık veya kumluk alanlarda yaşarlar
- Büyüdükçe daha derinlere inerler
- Bölgesel su hareket parametrelerine ve yaşam döngülerine bağlı olarak sürüler halinde, kıyı ve derin sular arasında göç ederler
- Temel olarak balık, kabuklu ve planktonlarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Dentex</i>
<b>Tür</b>	: <i>D.macrophthalmus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Dentex macrophthalmus*  
Bloch, 1791

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Dicentrarchus labrax*

Levrek  
European seabass

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 10-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 8-10
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-13
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 10-12
- Operkulumun arka kenarı ince dişlidir, alt kenarı kuvvetli, uzamış, dişli ve çıkıntılıdır
- İki düz operkulum dikenli vardır
- Ağız ortadan uzamıştır
- Genç bireylerin vücut üst parçalarında birkaç siyah leke vardır
- Başın üstü sikloid pullarla kaplıdır

### BİYOLOJİSİ

- Başta yumuşakçalar olmak üzere, kabuklular ve balıklar ile beslenirler
- Genç balıklar omurgasızlarla beslenirken, yaş ilerledikçe daha çok balıkla beslenmeye başlarlar
- Yetişkinler pisivordur
- Toplu yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Moronidae
<b>Cins</b>	: <i>Dicentrarchus</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. labrax</i>

### BİNOMİAL ADI

*Dicentrarchus labrax*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Diplodus annularis*

İsparoz  
Annular seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-90 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

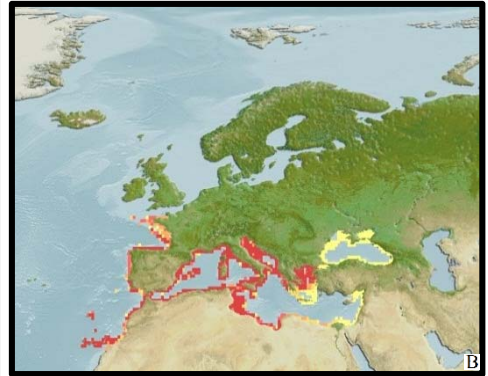
- Kaudal yüzgecin kaidesinde siyah bir bant vardır
- Genel olarak gümüşümsü gri ve sarımsıdır
- Pelvik yüzgeci sarı renkte olup diğer yüzgeçler açık renktedir
- Pektoral aksilin üzerinde siyah benekler bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Temel olarak *Zostera* ve *Posidonia* yataklarında, dip kumlarında nadiren de kayalık alanlarda bulunurlar
- Karnivordurlar
- Solucanlar, kabuklular, yumuşakçalar, ekinodermiler ve hirozoanlarla beslenirler
- Bu balıklar potansiyel hermafrodit olmakla birlikte bazıları protandrik hermafrodizm göstermektedirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Diplodus</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. annularis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Diplodus annularis*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Diplodus cervinus*

Çizgili İsparoz  
Zebra seabream

### YAŞAM ALANI

- Birleşmiş resiflerde yaşarlar
- Oseanodrom
- 3-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

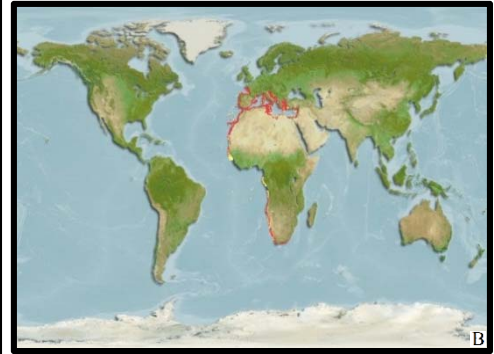
- Altınimsı yeşil ve gümüşümsi renktedir
- Vücutta beş adet geniş siyah enine bant bulunur
- Pelvik yüzgeçler koyu renkte olup diğer yüzgeçler yeşilimsidir

### BİYOLOJİSİ

- Sığ bentopelajik bölgelerin 30-80 m derinliklerdeki kayalık altlarında ve ayrıca çamurlu zeminlerde 300 m'ye kadar olan derinliklerde yaşayabilmektedirler
- Farklı boyutlarda 4-5 bireylik sürüler kurarlar
- Omnivordurlar
- Küçük omurgasızlar ve deniz bitkileri ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Diplodus</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. cervinus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Diplodus cervinus*  
Lowe, 1838

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Diplodus puntazzo*

Sivriburun Karagöz  
Sharpsnout seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

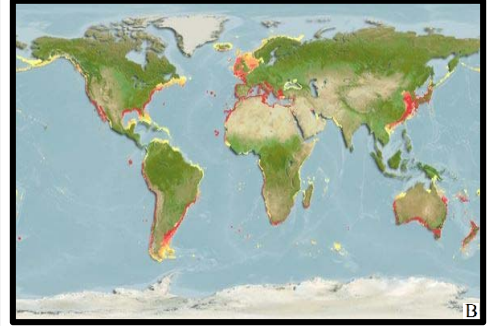
- İlk dorsal ışın çok kısadır
- Gümüşü gri renktedir
- Vücutta 11-13 adet enine siyah bant bulunmaktadır. Bunlar dönüşümlü olarak çok koyu ve solgundur
- Kuyruk yüzgeci kaidesinde siyah bir bant bulunur
- Kaudal yüzgecin arka kenarları koyu renktedir
- Diğer yüzgeçler yeşilimsi ve distalde koyu renktedir
- Pektoral yüzgecin üst kısmında çok koyu bir leke vardır

### BİYOLOJİSİ

- Deniz çayırları, solucanlar, yumuşakçalar ve karidesler ile beslenirler
- Bazıları protandrik hermafrodit (erkekler ilk cinsel olgunluklarından sonra dişiye dönüşürler), bazıları ise sürekli hermafrodit bireylerdir
- Yumurta çapı 0,85 mm, yumurtadan çıkan larvaların uzunlukları 1,7 mm'dir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Diplodus</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. puntazzo</i>

### BİNOMİAL ADI

*Diplodus puntazzo*  
Cetti, 1777

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, A,BFishBase<sup>221</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve MarineSpecies<sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Diplodus sargus*

Sargoz  
White seabream

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşayabilmektedirler
- 0-50 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

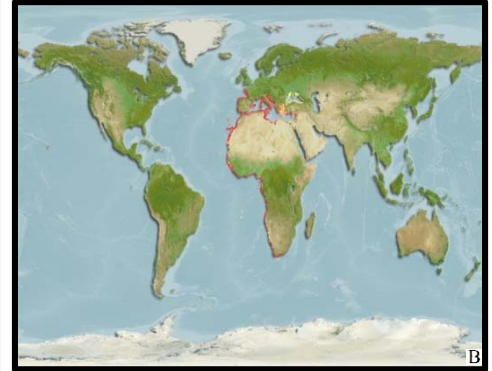
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı:11-12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı:12-15
- Anal sert ışın sayısı:3
- Anal yumuşak ışın sayısı:11-14
- Vücutta beş siyah, dört gri dikey bant bulunur
- Burun göz çapından uzundur

### BİYOLOJİSİ

- Kıyılardaki taşlık resif bölgelerinde ve *Posidonia* yataklarında yaşarlar
- Diğer Sparidler gibi çok aktif balıklardır
- Güneş doğumunun ilk saatlerinde kırılan dalga alanlarında bulunurlar
- Sedimentten kopan diğer bentik omurgasızlar ve kabuklu deniz canlıları ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, yetiştiriciliği ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Diplodus</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. sargus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Diplodus sargus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Diplodus vulgaris*

Karagöz  
Common two-banded seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-160 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Genellikle gri, kahverengimsi ve yeşilimsi renktedir
- Ensedan pektoral yüzgecin aksiline kadar geniş siyah bir bant bulunur
- Anal yüzgecin arka kısmından dorsal yüzgecin arka kısmına ve kaudal yüzgeç kaidesine kadar geniş siyah bir bant bulunur
- Pektoral yüzgecin üst kısmında siyah bir leke bulunur
- Kaudal yüzgeç koyu renkte olup uçları siyahtır

### BİYOLOJİSİ

- Gençler nadiren *Posidonia* yataklarında bulunurlar
- Yetişkin bireyler kabuklular, yumuşakçalar ve solucanlarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Diplodus</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. vulgaris</i>

### BİNOMİAL ADI

*Diplodus vulgaris*  
Forster, 1801

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Dussumeria elopsoides*

Hint Sardalyası  
Slender rainbow sardine

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-50 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

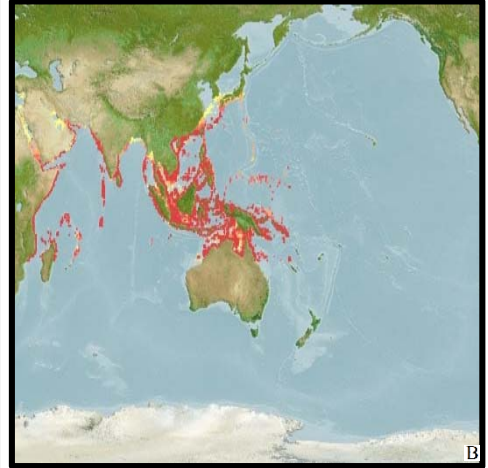
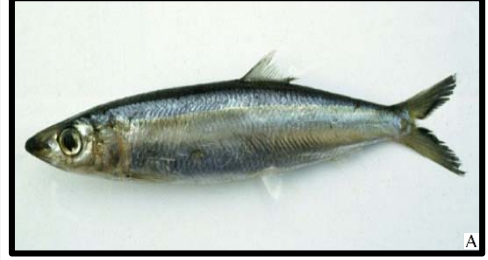
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-18
- Anal sert ışın sayısı: 0
- Anal yumuşak ışın sayısı: 14-18
- Branşiyostegal ışınlar 13-17 den fazladır
- Pulların arka kısımları çizgisizdir
- W şeklindeki pelvik yüzgeci, yarım ay şeklinde ve eşit uzunluktadır
- Anal yüzgeç ışınları fazladır

### BİYOLOJİSİ

- Pelajik evredeyken kıyı bölgelerde beslenirler
- Genellikle zooplankton, özellikle kabuklular ve küçük balıklarla beslenirler
- Üremesi genellikle ilkbaharda gerçekleşir
- Larvalar metamorfoz geçirerek serbest yüzen balıklar haline dönüşür

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Clupeiformes
<b>Familiya</b>	: Clupeidae
<b>Cins</b>	: <i>Dussumeria</i>
<b>Tür</b>	: <i>D. elopsoides</i>

### BİNOMİAL ADI

*Dussumeria elopsoides*  
Bleeker, 1849

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve Whitehead <sup>231</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Engraulis encrasicolus*

Hamsi  
European anchovy

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Tuzlu ve acı sularda yaşarlar
- 0-400 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-18
- Anal sert ışın sayısı: 0
- Anal yumuşak ışın sayısı: 13-15
- Burun sivri, altçene kısa ve ucu küt, operkulumun önüne kadar ulaşır. Ancak üst maksillanın ikinci kısmını geçmez
- Alt çenenin ucu neredeyse burun deliğine kadar uzanır
- Yan yüzeyi boyunca gri bir çizgi bulunur ve bu çizgi yaş ilerledikçe kaybolur

### BİYOLOJİSİ

- Büyük sürüler halinde bulunurlar
- Tuzluluk toleransı 5-41 ppt arasındadır
- Yazın kuzeye ve su yüzeylerine hareket etme eğilimindedirler
- Kışın ise geri çekilip tekrar derinlere inmeye başlarlar
- Planktonik organizmalarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı yapılmaktadır
- Yem olarak kullanılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Clupeiformes
<b>Familya</b>	: Engraulidae
<b>Cins</b>	: <i>Engraulis</i>
<b>Tür</b>	: <i>E. encrasicolus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Engraulis encrasicolus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Epinephelus aeneus*

Lahoz  
White grouper

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 20-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 14-16
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 7-9

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler kayalık ve kumluk-çamurluk tabanlarda bulunurlar
- Gençler mercan resiflerinde, kıyı lagünlerinde ve akarsu girişlerinde bulunurlar
- Genellikle balıklar, ayrıca stomatopod, yengeç ve kafadan bacaklılarla da beslenirler
- Protojin hermafroditler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Yetiştiriciliği deneme aşamasındadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Serranidae
<b>Cins</b>	: <i>Epinephelus</i>
<b>Tür</b>	: <i>E. aeneus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Epinephelus aeneus*  
Saint-Hilaire, 1817

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Epinephelus marginatus*

Orfoz  
Dusky grouper

### YAŞAM ALANI

- Resif birleşimlerinde ve tuzlu sularda yaşarlar
- 8-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

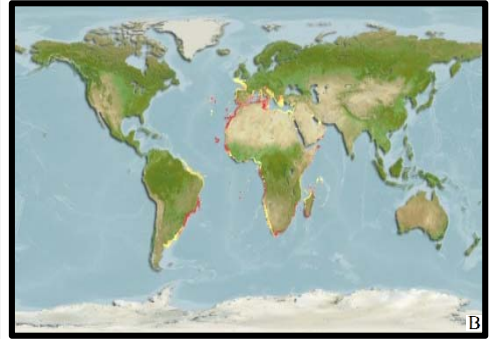
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 14-16
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 8

### BİYOLOJİSİ

- Kayalık tabanları tercih ederler
- Tek yaşarlar ve bölge belirlerler
- Gençleri sahil kenarlarında ve kayalıkların gel-git havuzlarında bulunurlar
- Yengeç ve ahtapotlarla beslenirler
- Büyük bireyler büyük balıklarla beslenirler
- Resifte bulunan bireyler genellikle protojin hermafrodit özelliktedir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Serranidae
<b>Cins</b>	: <i>Epinephelus</i>
<b>Tür</b>	: <i>E. marginatus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Epinephelus marginatus*  
Lowe, 1834

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Epinephelus tauvina*

Taş Hanisi  
Greasy grouper

### YAŞAM ALANI

- Birleşmiş resiflerde bulunurlar
- Oseanodrom
- Tuzlu suda yaşarlar
- 1-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

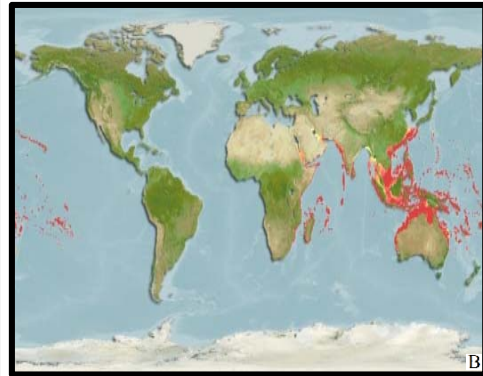
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-16
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 8
- Baş ve gövdesi soluk yeşilimsi gri ya da kahverengi olup koyu noktalar bulunmaktadır. Orta kısmı kenarlarından daha koyu olan bu noktalar koyu turuncudan, kırmızı-koyu kahveye kadar çeşitlilik gösterebilirler
- Dorsal yüzgecin son dört sert ışınında sıklıkla siyah hareler bulunur
- Vücutta yarıya kadar dik halde uzanan 5 tane koyu şeritleri vardır

### BİYOLOJİSİ

- Denizdeki yetişkinler özellikle balıklarla beslenirler
- Mercan resiflerindeki temiz su alanlarını tercih ederler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, yetiştiriciliği ve yaygın olarak sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Serranidae
<b>Cins</b>	: <i>Epinephelus</i>
<b>Tür</b>	: <i>E. tauvina</i>

### BİNOMİAL ADI

*Epinephelus tauvina*  
Forsskål, 1775

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Esox lucius*

Turna  
Northern pike

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Potamodrom
- Acı ve tatlı sularda yaşarlar
- 0-30 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 6-8
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 17-25
- Anal sert ışın sayısı: 4-7
- Anal yumuşak ışın sayısı: 10-22
- Omur sayısı: 57-65
- Uzun burunlu ve geniş ağızlıdır
- Dorsal yüzgeç çok arkada bulunur
- Pektoral yüzgeç vücudun alt kısmına doğru bulunur ve hemen solungaç kapağının altındadır
- Pelvik yüzgeç vücudun alt kısmına doğru bulunur
- Eş yüzgeçler yuvarlak ve pedal şeklindedir

### BİYOLOJİSİ

- Genellikle yalnız ve yüksek oranda bölge belirleyen türlerdir
- Yetişkinler ağırlıklı olarak kurbağalar, kerevitler ve balıklarla beslenirler
- Kanibalizm yaygındır
- Uyarı feromonları içerdiğinden, dışkıları diğer balıkları kaçıtır
- Genç balıklar, suda yaşayan böcek larvaları, kuş ve suda yaşayan memeliler ile beslenirler
- Ovipardırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, sportif balıkçılığı ve yetiştiriciliği yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Esociformes
<b>Familya</b>	: Esocidae
<b>Cins</b>	: <i>Esox</i>
<b>Tür</b>	: <i>E. lucius</i>

### BİNOMİAL ADI

*Esox lucius*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Euthynnus alletteratus*

Yazılı Orkinos  
Little tunny

### YAŞAM ALANI

- Resif birleşimlerinde yaşarlar
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 1-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

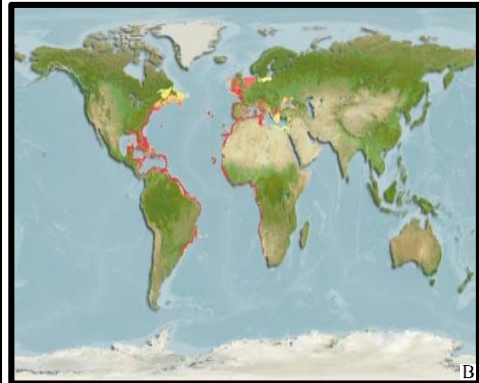
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 15-16
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-13
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-15
- Dorsal yüzgecin başlangıcındaki ışınlar, yüzgecin orta kısmındaki ışınlarla göre daha uzundur
- Bu yapı dorsal yüzgece dışa doğru sert ve konkav bir yapı kazandırır
- Pelvik yüzgeçler arasında küçük ve iki eşit parçalı çıkıntı vardır
- Geride kırık eğik çubuklar halinde 7-8 adet yüzgecimsi kaudal pedinkül mevcuttur
- Pelvik ve pektoral yüzgeçler arasında 3-7 adet koyu leke ile geride koyu çizgiler bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Fırsatçı avcılardır
- Buldukları ortamdaki her türlü canlı ile beslenirler
- Yumurta ve larvaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Euthynnus</i>
<b>Tür</b>	: <i>E. alletteratus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Euthynnus alletteratus*  
Rafinesque, 1810

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Gobius niger*

Kaya Balığı  
Black goby

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Acı su ve denizlerde yaşarlar
- 1-75 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

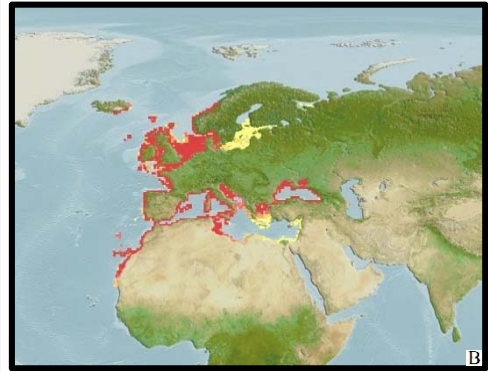
- Her dorsal yüzgecin başıyla sonu arasındaki boyun pullarında bir siyah nokta bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Haliçlerin lagün ve kıyı kesimlerinde kum veya çamur içinde bulunurlar
- *Posidonia* yatakları ve yosunlu alanlarda bulunurlar
- Kabuklular, çift kabuklular, karından bacaklılar, poliketler, chironomid larvaları ve küçük balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Gobiidae
<b>Cins</b>	: <i>Gobius</i>
<b>Tür</b>	: <i>G. niger</i>

### BİNOMİAL ADI

*Gobius niger*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Homarus gammarus*

Istakoz  
European lobster

### YAŞAM ALANI

- Bentik
- 0-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Üstünde iç içe mavi noktalar bulunmaktadır
- Alt kısmı sarımsı renktedir
- Karapaks ve karında kuvvetli diken ve çıkıntılar yoktur, sadece küçük granüller vardır
- Rostrum oldukça kısa ve dikenlidir
- Kuvvetli gastro-orbital oluk ile birlikte altında servikal oluk bulunmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- Yoğun balçık ve kaya gibi sert yüzeylerde bulunurlar
- Geceleri aktif ve bölge belirleyen canlılardır
- Yarık ve tünellerde yaşarlar
- Yumurtalı dişiler bir yıl boyunca bulunabilirler
- Yumurtalar Temmuz ayı civarı bırakılır ve 10-11 ay taşınırlar
- Çiftleşme dişiler kabuk değiştirdikten birkaç gün sonra gerçekleşir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Nephropidae
<b>Cins</b>	: <i>Homarus</i>
<b>Tür</b>	: <i>H. gammarus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Homarus gammarus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup>, MarineSpecies <sup>230</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Lichia amia*

Akya  
Leerfish

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Acı su ve denizlerde yaşarlar
- 0-50 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

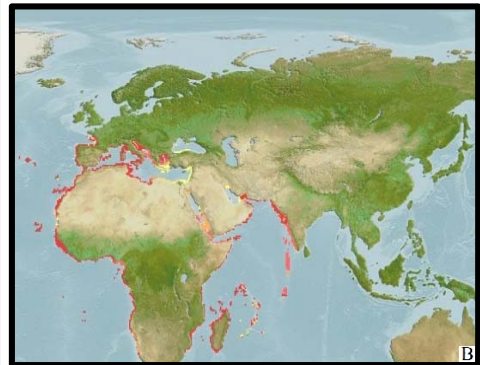
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 8
- Dorsal yüzgeç yumuşak sayısı: 19-21
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 17-21
- Üst kısmı kahverengi, yan çizginin altı gümüşü beyaz renktedir
- Dorsal ve anal yüzgecin merkezinden uzak loblar siyahtır
- Genç bireylerin her iki tarafında kahverengi-siyah bantlar bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Ana besin kaynakları balıklardır
- Gençler kabukluları tercih ederler
- Yumurtaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Carangidae
<b>Cins</b>	: <i>Lichia</i>
<b>Tür</b>	: <i>L. amia</i>

### BİNOMİAL ADI

*Lichia amia*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Lithognathus mormyrus*

Mırmır  
Striped seabream

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

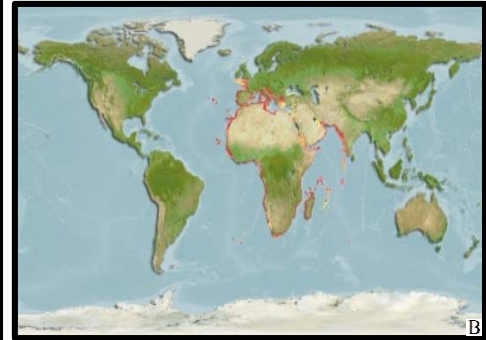
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-13
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10-11

### BİYOLOJİSİ

- Kurtlar, yumuşakçalar ve küçük kabuklularla beslenirler
- Protendrik hermafroditler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

**Alem** : Animalia  
**Şube** : Chordata  
**Sınıf** : Actinopterygii  
**Takım** : Perciformes  
**Familya** : Sparidae  
**Cins** : *Lithognathus*  
**Tür** : *L. mormyrus*

### BİNOMİAL ADI

*Lithognathus mormyrus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Liza aurata*

Altınbaş Kefal  
Golden grey mullet

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Katadrom
- Tatlı su, acı su ve denizlerde yaşarlar
- 0-10 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

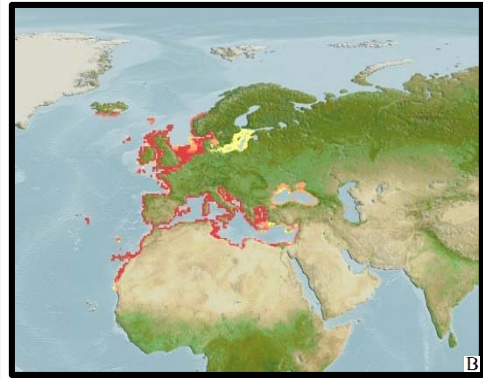
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 5
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 7-9
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Pektoral yüzgeçler uzundur ve kaidesinde siyah lekeler yoktur
- Solungaç kapağında altın renkli bir nokta bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Küçük bentik organizmalarla, detrituslarla, böceklerle ve planktonlarla beslenirler
- Temmuz'dan Kasım'a kadar denizlerde üreme alanlarında bulunurlar
- Yumurtalar pelajiktir, yapışkan değildir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Mugiliformes
<b>Familya</b>	: Mugilidae
<b>Cins</b>	: <i>Liza</i>
<b>Tür</b>	: <i>L. aurata</i>

### BİNOMİAL ADI

*Liza aurata*  
Risso, 1810

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Liza carinata*

Bıldırcın Kefal  
Keeléd mullet

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Acı su ve denizlerde bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

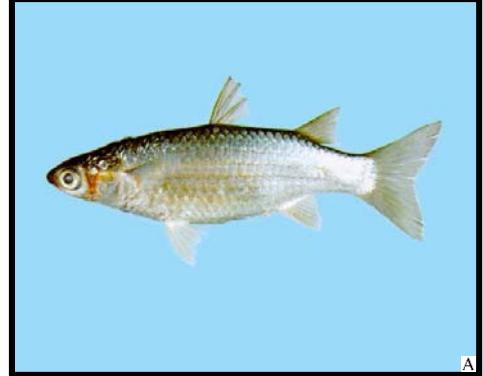
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 5
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8-9
- Anal yüzgeç sert ışın: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın: 9

### BİYOLOJİSİ

- Yumurtaları pelajiktir, yapışkan değildir
- Denizlerin sığ kesimlerinde bulunurlar.  
Ayrıca giriş sularında ve nehirlerin  
haliçlerinde bulunmaktadır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

**Alem** : Animalia  
**Şube** : Chordata  
**Sınıf** : Actinopterygii  
**Takım** : Mugiliformes  
**Familya** : Mugilidae  
**Cins** : *Liza*  
**Tür** : *L. carinata*

### BİNOMİAL ADI

*Liza carinata*  
Valenciennes, 1836

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>B</sup>EOL <sup>226</sup>, <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Lobotes surinamensis*

Üçkuyruk Balığı  
Tripletail

### YAŞAM ALANI

- Bento-pelajik
- Oseanodrom
- Acı su ve denizlerde yaşarlar
- 0-70 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

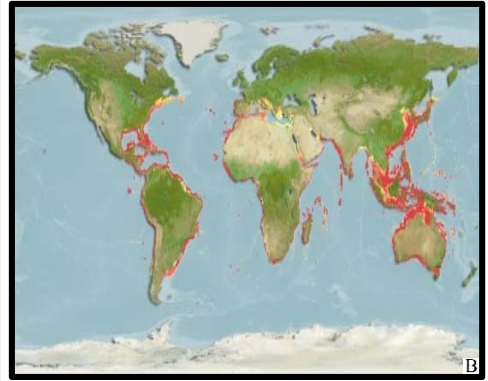
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11-12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 15-16
- Anal sert ışın: 3
- Anal yumuşak ışın: 11-12
- Yetişkinlerin sırt kısmı koyu kahve ve yeşilimsi sarı renktedir
- Alt kısımları gümüşü gri renktedir
- Pektoral yüzgeçler soluk sarı, diğer yüzgeçler vücuttan daha koyu renktedir
- Kuyruk yüzgecinin kenarları sarı renktedir
- Yuvarlak olan kuyruk yüzgeci üç parça halinde gözükür

### BİYOLOJİSİ

- Akdeniz'de yüzen cisimlerin yanında, yüzeye yakın yerlerde ağırkanlı bir şekilde yüzerler
- Genç bireyler yüzen *Sargassum* çevrelerinde bulunurlar ve yaprakları taklit ederler
- Bentik kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Lobotidae
<b>Cins</b>	: <i>Lobotes</i>
<b>Tür</b>	: <i>L. surinamensis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Lobotes surinamensis*  
Bloch, 1790

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Loligo vulgaris*

Kalamar  
European squid

### YAŞAM ALANI

- Bentopeljik
- 0-500 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Geniş manto boşluğunda birkaç büyük dorsal kromatofor ve çok sayıda ventral kromatofor bulunmaktadır
- Manto kısmında yeşil-mavi, parlak kırmızı kromatofor noktalar bulunur
- Ventral kollarında iki aboral kromatofor ve tentakülünde dört aboral kromatofor vardır

### BİYOLOJİSİ

- Maksimum yaşam süreleri dişilerde 1,5-2 yıl, erkeklerde 3-3,5 yıldır
- Litoral ortamlarda ve batiyal sistemin üst kısımlarında yaşarlar
- Yumurtalama zamanlarında bentik, diğer zamanlarda pelajik davranışlar sergilerler
- Karnivor predatördürler
- Yetişkinler balıklar, kafadan bacaklılar ve kabuklularla beslenirken; gençler kopepodlar ve mysidler gibi canlılarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Cephalopoda
<b>Takım</b>	: Teuthida
<b>Familya</b>	: Loliginidae
<b>Cins</b>	: <i>Loligo</i>
<b>Tür</b>	: <i>L. vulgaris</i>

### BİNOMİAL ADI

*Loligo vulgaris*  
Lamarck, 1798

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Lophius piscatorius*

Fener Balığı  
Angler

### YAŞAM ALANI

- Batidemersal
- Denizlerde yaşarlar
- 20-1000 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

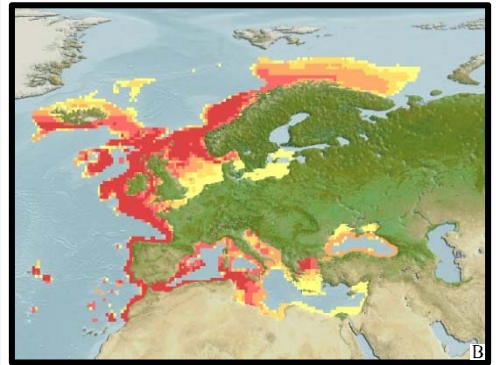
- Karın kısmı açık renklidir. Baş ve vücut basıktır
- Ağız geniş ve basıktır
- Deri ince ve gevşektir
- Pul yoktur
- İyi gelişmiş tendrilleri taşıyan uzun, kalın dorsal dikenleri vardır
- Dördüncü dorsal diken burun genişliğinden büyüktür

### BİYOLOJİSİ

- Avlanmak için sedimentte yarı gömülü olarak beklerler
- Avlarını filamentleri ile cezbederler
- Temel olarak balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Lophiiformes
<b>Familya</b>	: Lophiidae
<b>Cins</b>	: <i>Lophius</i>
<b>Tür</b>	: <i>L. piscatorius</i>

### BİNOMİAL ADI

*Lophius piscatorius*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Maja squinado*

Ayna  
Spiny spider crab

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-75 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Karapaks oval-yuvarlak yapıdadır
- Karapaks uzunluğu maksimum 18 cm'dir
- Karapaks üzerinde çok sayıda dikensi tüberküller bulunur
- Median dorsal üzerindeki tüberküller çok gelişmiştir
- Lateral karapaks dikenleri daha uzun ve düz yapıdadır

### BİYOLOJİSİ

- Alg bakımından zengin, taşlık, sublittoral bölgelerde 75 m'ye kadar olan derinliklerde bulunurlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Majidae
<b>Cins</b>	: <i>Maja</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. squinado</i>

### BİNOMİAL ADI

*Maja squinado*  
Herbst, 1788

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup>, Neumann <sup>232</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Marsupenaeus japonicus*

Kruruma Karidesi  
Kuruma shrimp

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-90 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

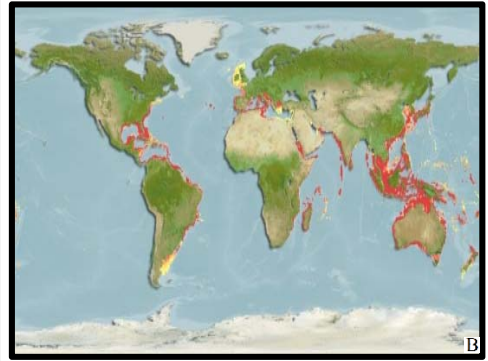
- Vücut solgun beyaz, üzerinde kahverengi bantlar bulunur
- Yürüme bacakları ve pleopodları açık sarı ve mavi renktedir
- Üropodları sarı ve mavi çizgili, kısmen kırmızı renkli
- Rostrumun üzerinde 7-11, altında 1 diş bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Maksimum karapaks genişliği erkeklerde 5,3 cm, dişilerde 6,6 cm'dir
- Zemini kumlu, çamurlu ve deniz kumu olan yerlerde bulunurlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Penaeidae
<b>Cins</b>	: <i>Marsupenaeus</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. japonicus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Marsupenaeus japonicus*  
Bate, 1888

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>EOL <sup>226</sup>, IUCN <sup>222</sup>, Pérez-Farfante and Kensley <sup>233</sup> ve <sup>B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Melicertus kerathurus*

Jumbo Karides  
Caramote prawn

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Acı suda yaşarlar
- 5-75 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

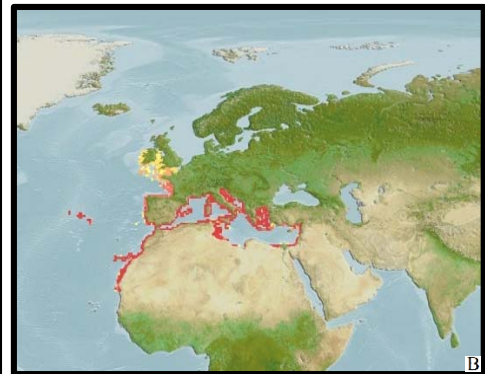
- Karapaksın üst tarafında ve yanlarında kireçten oluklar bulunur
- Sırt kısmının yanlarındaki çıkıntılar rostruma kadar uzanır
- Kuvvetli bir hepatik dikenidir
- Rostrumun üstünde 10, altında 1 diş bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Ortalama uzunluğu erkeklerde 11-14 cm, dişilerde 13-17 cm'dir
- Çamurlu kumluklarda, deniz ve haliç çevrelerinde, 5-75 m derinlik aralığında bulunurlar
- Geceleri küçük, bentik organizmalarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Penaeidae
<b>Cins</b>	: <i>Melicertus</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. kerathurus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Melicertus kerathurus*  
Forskål, 1775

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler Atay<sup>234</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase<sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Merlangius merlangus*

Mezgit  
Whiting

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 10-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

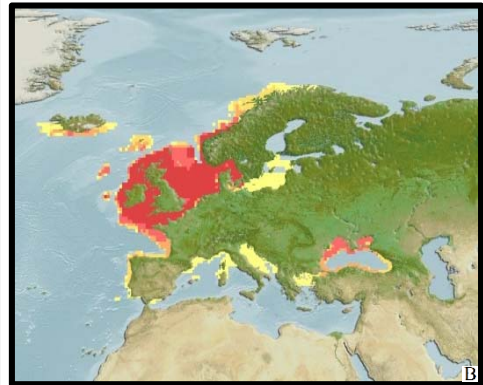
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 30-40
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 30-25
- Vücut uzamış kafa küçük, alt çene barbelleri kısa ya da hiç yoktur.
- Baş bölgesindeki yanal çizgi kanalları porlu yapıdadır
- Renk değişkendir, sarımsı kahve, koyu mavi veya yeşil, yanlar sarımsı gri, karın beyaz veya gümüşü renktedir
- Pektoral yüzgecin üst kısımlarına doğru sık ve koyu lekeler görünür

### BİYOLOJİSİ

- Karides, yengeç, yumuşakçalar, küçük balıklar, poliketler ve kafadan bacaklılarla beslenirler
- Yumurtaları pelajiktir
- Larvaları ve gençleri denizaneleri ile birlikte bulunurlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Gadiformes
<b>Familya</b>	: Gadidae
<b>Cins</b>	: <i>Merlangius</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. merlangus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Merlangius merlangus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Merluccius merluccius*

Bakalorya  
European hake

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 30-1075 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

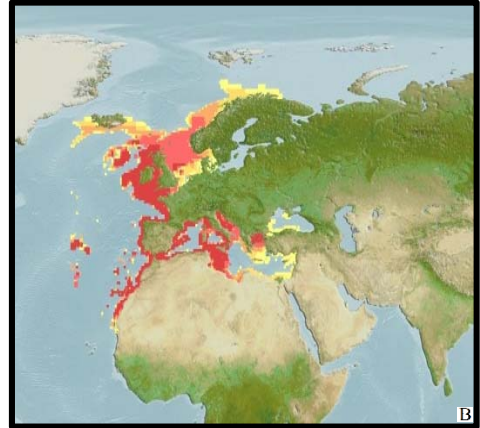
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 43-51
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 36-40.
- Ağızın içi ve branşiyal boşluk siyahtır
- İkinci dorsal yüzgeç ve anal yüzgeç çentiklidir
- İlk omur ve nöral diken kafatasına bitişiktir
- Omur sayısı 50-52 arasındadır

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler gün içinde tabana yakın olarak yaşar; geceleri zeminden yukarı doğru hareket ederler
- Yetişkinler genelde küçük balıklar ve kalamarlar ile beslenirler
- Gençler kabuklular ile beslenirler
- Toplu olarak yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Gadiformes
<b>Familiya</b>	: Merlucciidae
<b>Cins</b>	: <i>Merluccius</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. merluccius</i>

### BİNOMİAL ADI

*Merluccius merluccius*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Mugil cephalus*

Kefal  
Flathead mullet

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Katadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-120 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

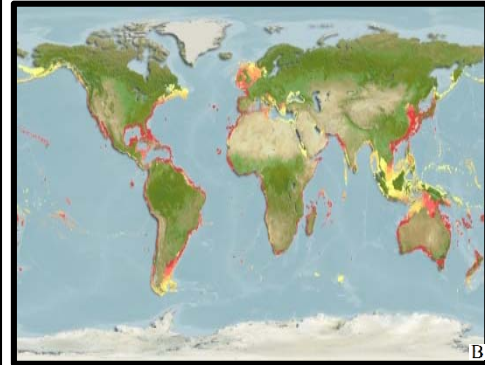
- Toplam dorsal sert ışın sayısı: 5
- Toplam dorsal yumuşak ışın sayısı: 7-9
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 8-9
- Dorsali yeşilimsi gridir
- Yanlar ventrale doğru gümüşten beyaza doğru açılmaktadır
- Yanal çizgi bazen belirgindir
- Dudaklar incedir
- Pektoral yüzgeç kısadır, öne doğru katlandığında göze ulaşmaz
- İyi gelişmiş adipoz göz kapağı vardır
- Yetişkinlerde anal diken üç adet, anal yumuşak ışın sekiz adet; larvalarda ise dokuz adettir

### BİYOLOJİSİ

- Larvalar zooplankton, detritus ve mikroalg ile beslenirler. Genç ve yetişkin balıklar ise genellikle bentik organizmalarla beslenirler
- Üreme bölgeye bağlı olarak yılın değişik zamanlarında denizlerde gerçekleşir
- Dişiler 0,8-2,6 milyon adet yumurta bırakırlar
- Cinsel olgunluğa ulaşma süresi 3-4 yıldır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı, sportif balıkçılığı ve yetiştiriciliği yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Mugiliformes
<b>Familya</b>	: Mugilidae
<b>Cins</b>	: <i>Mugil</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. cephalus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Mugil cephalus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Mullus barbatus*

Barbunya  
Red mullet

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 10-328 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

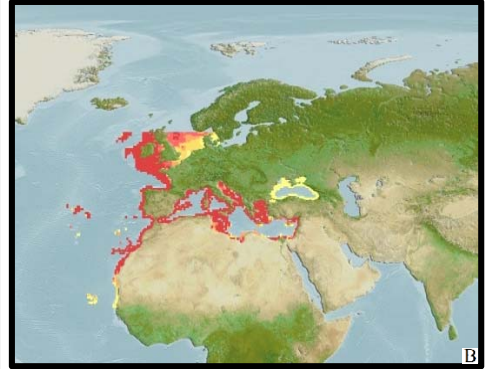
- Baş kısmı çok diktir
- Vücut ve yüzgeçlerde leke veya çizgi yoktur

### BİYOLOJİSİ

- Küçük bentik kabuklular, kurtlar ve yumuşakçalarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

**Alem** : Animalia  
**Şube** : Chordata  
**Sınıf** : Actinopterygii  
**Takım** : Perciformes  
**Familya** : Mullidae  
**Cins** : *Mullus*  
**Tür** : *M. barbatus*

### BİNOMİAL ADI

*Mullus barbatus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



## *Mullus surmuletus*

Tekir  
Striped red mullet

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 5-409 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

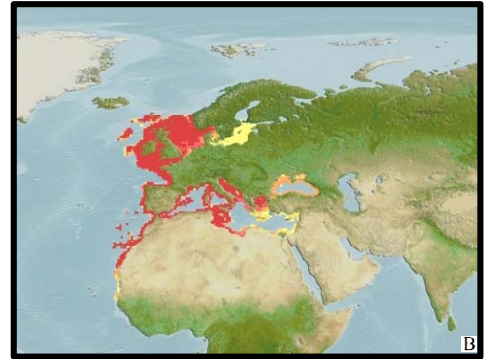
- Baş kısmı daha az diktir
- Barbeller pektoral yüzgeçten daha uzundur
- Vücut boyunca kahverengi ve kırmızı şeritler vardır
- İlk dorsal yüzgeçte koyu işaretler vardır

### BİYOLOJİSİ

- Kalamarlar, amfipodlar, yumuşakçalar ve balıklar gibi bentik organizmalarla beslenirler
- Yumurtlama dönemleri Mayıs-Temmuz ayları arasındadır
- Yumurtaları ve larvaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Mullidae
<b>Cins</b>	: <i>Mullus</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. surmuletus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Mullus surmuletus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Mytilus galloprovincialis*

Akdeniz Midyesi  
Mediterranean mussel

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 125-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

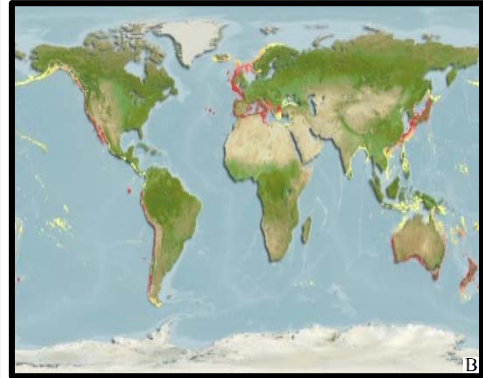
- Kabuk, gaganın altındaki üç küçük diş içeren ve yayılan sırtlardan yoksundur
- Dış kısmı mavimsi siyah, iç kısmı donuk mavidir

### BİYOLOJİSİ

- Toplam uzunluğu 10 cm civarındadır
- Gelgitler ile kayalık yüzeylere tutunarak yüze yakın ve sığ sularda yaşarlar
- Küçük bireyler kolonilerin dışlarına hareket edeler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Bivalvia
<b>Takım</b>	: Mytiloidea
<b>Familiya</b>	: Mytilidae
<b>Cins</b>	: <i>Mytilus</i>
<b>Tür</b>	: <i>M. galloprovincialis</i>

### BİNOMIAL ADI

*Mytilus galloprovincialis*  
Lamarck, 1819

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Necora puber*

Çalpara  
Velvet crab

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-50 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Mavi renklidir; ancak kırmızı çıkıntılarla birlikte kahverengi tüyleri tarafından gizlenmiştir
- Dorsal yüzeyi ince, kadifemsi bir dokudan oluşmaktadır
- Gözleri kırmızıdır

### BİYOLOJİSİ

- Hızlı hareket eden ve çok agresif bir türdür
- Gençler, kabuklular, küçük yengeçler ve midyeler gibi canlılar ile beslenirken; yetişkinler kahverengi deniz yosunları, yumuşakçalar ve kabuklular ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Portunidae
<b>Cins</b>	: <i>Necora</i>
<b>Tür</b>	: <i>N. puber</i>

### BİNOMİAL ADI

*Necora puber*  
Linnaeus, 1767

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve A,BSeaLifeBase<sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Neogobius melanostomus*

Kaya Balığı  
Round goby

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Amfidrom
- Acı, tatlı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-30 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 7-8
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-17
- Anal sert ışın sayısı: 1
- Anal yumuşak ışın sayısı: 9-14
- Omur sayısı: 31-34
- İkinci dorsal yüzgecin ilk ışını sondan bir önceki ışından daha uzundur
- Preoperkulum önünde, ensenin orta çizgisinde pul yoktur
- İlk dorsal yüzgecin posteriyoruna doğru büyük bir siyah leke bulunmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- Birkaç gün düşük oksijen içeriğine sahip suları tolere edebilmektedirler
- Ovipardırlar
- Yumurtaları demersaldır
- Yapışkan yumurtalar kayalara, kabuklara ve sucul bitkilere tutturulurlar
- Erkekler yavrular yumurtadan çıkana kadar yumurtaları korur ve genellikle üreme sezonu sonunda ölürlər
- Omurgasızlar, çoğunlukla yumuşakçalar ve küçük balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir
- Olta yemi olarak da kullanılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Gobiidae
<b>Cins</b>	: <i>Neogobius</i>
<b>Tür</b>	: <i>N. melanostomus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Neogobius melanostomus*  
Pallas, 1814

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,B,FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Nephrops norvegicus*

Norveç İstakozu  
Norway lobster

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 20-800 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

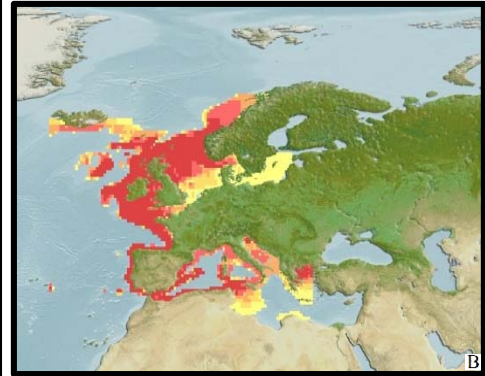
- Küçük bir istakoz türüdür
- Soluk turuncu renktedir
- Kafa ve göğüs bölgesi sefalotoraks şeklinde olup segmentsizdir
- Karın kısmı belirgin şekilde segmentlidir ve uzundur
- Yalpaze şeklinde kuyruğu vardır
- İlk üç bacağı kıskaçlıdır
- İlk bacaklar çok uzun ve dikenlidir
- İki çift anteni vardır; ikinci anten ilkinden daha uzun ve incedir
- Gözler büyük, siyah ve hareketlidir

### BİYOLOJİSİ

- Toplam vücut uzunluğu 8-24 cm arasında olup ortalama 10-20 cm arasındadır
- Kazarak tünel açtıkları çamurlu zeminlerde bulunurlar
- Geceleri avlanan bir türdür ve detritus, kabuklular ve kurtlarla beslenirler
- Dişiler bir yıl boyunca yumurtalı bulunabilirler
- Temmuz ayında yerleştirilen yumurtalar dokuzay boyunca taşınırlar
- Bir yılda damızlık boya gelirler. Postlarva uzunluğu 1,6 cm'dir ve pelajik dönemleri bir ay sürer

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Nephropidae
<b>Cins</b>	: <i>Nephrops</i>
<b>Tür</b>	: <i>N. norvegicus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Nephrops norvegicus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve A,BSeaLifeBase<sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Oblada melanura*

Melanurya  
Saddled seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 30 m ve üstü derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

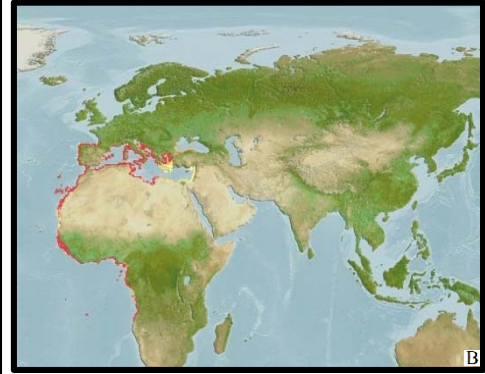
- Vücut uzun ve oval şekillidir
- Gözler iri, burun kısa ve ağız küçüktür
- Gümüşümsü gri renkte olup arka kısma doğru daha koyu bir hal alır
- Uzunlamasına ince uzun çizgileri vardır
- Kuyruk kaidelerinde beyaz bir şeritle çevrili siyah bir bant bulunur
- Tüm yüzgeçler açık renklidir

### BİYOLOJİSİ

- Sürüler halinde kayalık zeminlerde ve *Posidonia* yataklarında yaşayan, agresif yapılı balıklardır
- Omnivordurlar, temel olarak küçük omurgasızlarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Oblada</i>
<b>Tür</b>	: <i>O. melanura</i>

### BİNOMİAL ADI

*Oblada melanura*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Octopus vulgaris*

Ahtapot  
Common octopus

### YAŞAM ALANI

- Birleşmiş resiflerde bulunurlar
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

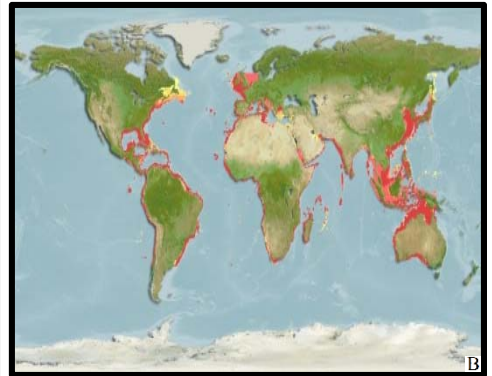
- Manto uzamış ve konik yapıdadır
- Baş geniş, gözler dışa doğru çıkık konumdadır
- İncelen uçları ile kollar kısa ve eşittir
- Her kolunda üç primer emici bulunmaktadır
- Kolun dış yüzeyinde tek sıra halinde iki adet siyah kromatofor bulunmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- İlk cinsel olgunluğa ulaştığındaki manto uzunluğu:  
Erkeklerde: 9,5 cm  
Dişilerde: 13,5 cm
- Yaygın olarak bulunduğu maksimum derinlik 150 m'dir
- Taşlık, kumluk ve çamurlu kıta sahanlıklarının sahil şeritlerinde bulunurlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Cephalopoda
<b>Takım</b>	: Octopoda
<b>Familiya</b>	: Octopodidae
<b>Cins</b>	: <i>Octopus</i>
<b>Tür</b>	: <i>O. vulgaris</i>

### BİNOMİAL ADI

*Octopus vulgaris*  
Cuvier, 1797

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup>, MarineSpecies <sup>230</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Pagellus erythrinus*

Mercan  
Common pandora

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 300 m ve üstü derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

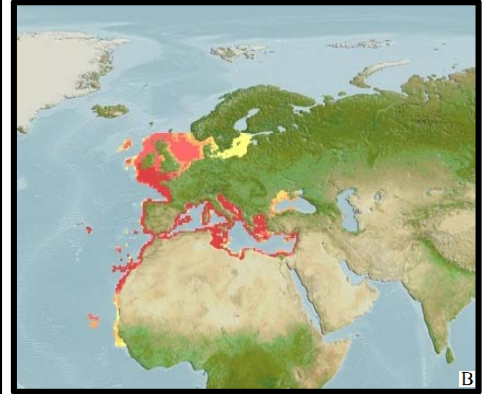
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10-11
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 8-9
- Şerit ya da çizgiler olmaksızın vücut kırmızıdır
- Burun göz çapının en az iki katıdır

### BİYOLOJİSİ

- Omnivordurlar
- Temel olarak bentik omurgasızlar ve küçük balıklarla beslenirler
- Protojinik hermafroditler. Dişiler üç yıl sonra boyları yaklaşık 17 cm olduklarında erkeğe dönüşürler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Pagellus</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. erythrinus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Pagellus erythrinus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Pagrus auriga*

Çizgili Mercan  
Redbanded seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 170 m ve üstü derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Vücut uzunlamasına ve derindir
- İlk iki dorsal yüzgeç ışını çok kısadır
- 3-5. dorsal yüzgeç ışınları çok uzun ve filament halindedir
- Gümüşümsü pembe renkte olup 4-5 adet koyulu açık bir sıra ile birbirini takip eden, enine kırmızı bantlar ile çevrelenmiştir
- Ağız açıklığından enseye kadar koyu renklidir
- Pelvik yüzgeçleri şarap kırmızısı ve uçları siyah renktedir

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler kayalık veya çakıllık sert zeminlerde yaşarlar
- Gençler sahil yakınlarında yaşarlar
- Temel olarak kafadan bacaklılar da dahil olmak üzere yumuşakçalar ve hatta kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Pagrus</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. auriga</i>

### BİNOMİAL ADI

*Pagrus auriga*  
Cuvier, 1816

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Pagrus pagrus*

Fangri  
Common seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-250 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

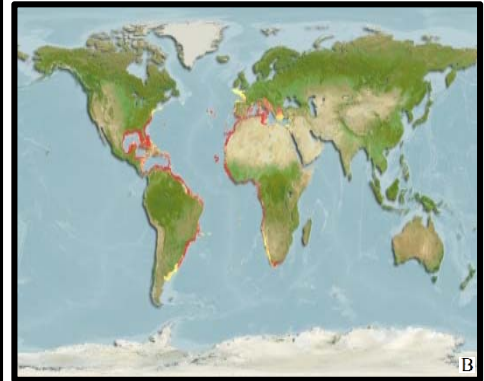
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10
- Anal sert ışın sayısı: 3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 8
- Vücudun her iki tarafının üst yarısındaki pulları silik sarı lekeli gümüşü pembe lekeler oluşturmaktadır. Bu lekeler sarı çizgili görünümünü vermektedir
- Göz çukurunun üstünde karşılıklı olarak bir adet, üst dudak ile burunda da birkaç adet sarı şerit bulunmaktadır
- Dorsal, kaudal ve pektoral yüzgeçler pembedir

### BİYOLOJİSİ

- Kabuklular, balıklar ve yumuşakçalarla beslenirler
- Toksik yapıları belirsizdir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Pagrus</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. pagrus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Pagrus pagrus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>ZZ1</sup> ve IUCN <sup>ZZZ</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Palinurus elephas*

Böcek  
Spiny lobster

### YAŞAM ALANI

- Bentik bölgede yaşamaktadırlar
- 5-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

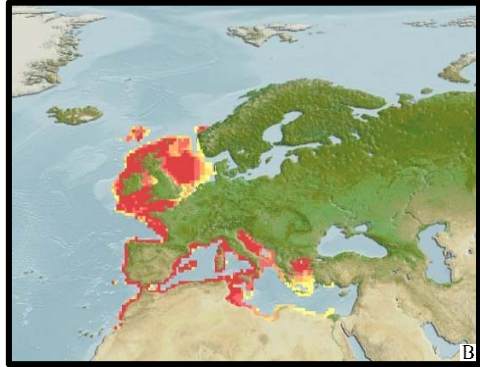
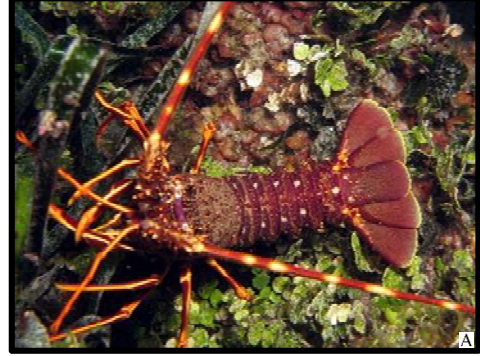
- Karapaks yarı silindirik, üzerinde çok sayıda dikensi çıkıntılar bulunur
- Gözlerin üzerinde iki kuvvetli diken ve ortalarında rostrum bulunur
- Renk kahverengi-kırmızıdan menekşeye kadar değişir ve karında siyah noktalar bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Kayalık zeminlerde saklanabilecekleri koruyucu tünel ve mikro mağaralarda 200 m derinlik ile kıyı arasında bulunmaktadırlar
- Yetişkinler tek başlarına, çiftler halinde veya küçük gruplar halinde bulunabilirler
- Yüksek derecede omnivordurlar ve dipte yaşayan kabuklu organizmalarla beslenirler
- Bentik organizmaların bolluğuna bağlı olarak fırsatçı bir beslenme şekli gösterirler
- Eylül'den Ekim'e ve Şubat'tan Mart'a kadar yumurtalı dişiler gözlenmiştir
- Haziran ve Ekim ayları arasında yılda bir kere ürerler
- Küçük dişiler üreme dönemlerinin sonuna doğru yumurtlarken, büyük dişiler daha erken eş seçip yumurtalarını daha erken bırakırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Palinuridae
<b>Cins</b>	: <i>Palinurus</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. elephas</i>

### BİNOMİAL ADI

*Palinurus elephas*  
Fabricius, 1787

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler Atay 1997, IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Pecten jacobaeus*

Tarak  
Great scallop

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-500 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Yarı dairesel bir şekle sahiptir
- Kabuklar üstten basık ve birbirine eşittir
- Kabuklar üzerinde belirgin dikey oluklar ve daha az belirgin yatay çizgiler bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Açık denizlerde bulunmaktadırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

**Alem** : Animalia  
**Şube** : Chordata  
**Sınıf** : Bivalvia  
**Takım** : Ostreoida  
**Familiya** : Pectinidae  
**Cins** : *Pecten*  
**Tür** : *P. jacobaeus*

### BİNOMİAL ADI

*Pecten jacobaeus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>B</sup>EOl <sup>226</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Platichthys flesus*

Dere Pisi  
European flounder

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Katadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu suda yaşarlar
- 1-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 53-62
- Anal sert ışın sayısı: 0
- Anal yumuşak ışın sayısı: 37-46
- Yanal çizgi düz olup pektoral yüzgeçlerin üzerinden hafif bir kavis yaparak devam etmektedir
- Zemine temas eden yüzeyi beyaz olup zeytin yeşili bir renge sahiptir
- Gözün bulunduğu tarafta rasgele kırmızı lekeler bulunmaktadır
- Yassı bir balıktır
- Vücut derinliği vücut uzunluğunun yarısından daha azdır
- Ağız küçüktür

### BİYOLOJİSİ

- Gençler en az bir yıl kadar süre ile plankton ve böcek larvaları ile beslenirler
- Bir yaşından daha büyük gençler ve yetişkinler küçük balıklar ve omurgasızlarda dahil olmak üzere bentik fauna ile beslenirler
- Geceleri aktif halde yaşarlar ve oyuklarda saklanırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Pleuronectiformes
<b>Familya</b>	: Pleuronectidae
<b>Cins</b>	: <i>Platichthys</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. flesus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Platichthys flesus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Pomatomus saltatrix*

Lüfer  
Bluefish

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu ve acı sularda yaşarlar
- 0-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

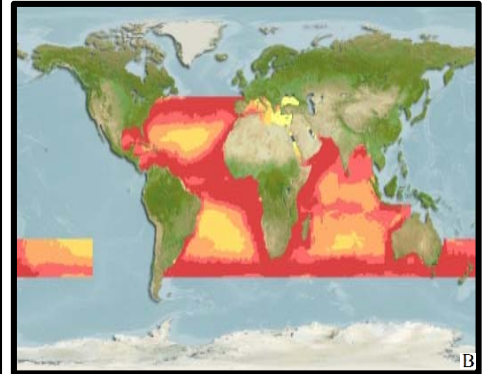
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 8-9
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 23-28
- Anal sert ışın sayısı: 2-3
- Anal yumuşak ışın sayısı: 23-27
- Dişleri keskin, belirgin, sıkıştırılmış, tek bir dizi halindedir
- İki dorsal yüzgeçten ilki kısa ve düşük bir zar ile birbirine bağlı 7 veya 8 adet güçsüz dikene sahiptir
- Arka kısmı yeşilimsi, yanları ve karnı gümüşü renktedir

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler seyrek gruplar halinde beslenme gereksinimleri fazla olmasa da genellikle sayıları çok fazla olan kefal sürülerine veya diğer balık sürülerine saldırırlar
- Diğer balıklar, kabuklular ve kafadan bacaklılar ile beslenirler
- Köpek balığı ve kılıç balıkları ile birlikte bulunurlar
- Çok iştahlı ve saldırganlardır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Olta yemi olarak kullanılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Pomatomidae
<b>Cins</b>	: <i>Pomatomus</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. saltatrix</i>

### BİNOMİAL ADI

*Pomatomus saltatrix*  
Linnaeus, 1766

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Pontastacus leptodactylus*

Kerevit  
Narrow clawed crayfish

### YAŞAM ALANI

- Tatlı ve acı sularda bulunurlar

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Toraksın kenarları çok kaba olup, soluk yeşil renkli, genellikle soluk sarı renklidir
- İki çift postorbital sırtı vardır ve ikincisinde dikenler olabilir
- Karapaksın omuz kısmı üzerinde belirgin bir tüberkül (nodül) vardır
- Kısaçaları uzun ve dardır
- Üst yüzeyleri pürüzlü ve alt gövdeleri ile aynı renktedir

### BİYOLOJİSİ

- Oldukça uysal bir türdür
- Özellikle erkekler büyük kısaçlıdır
- Göller ve kanallarda yaşarlar
- Sıcaklık değişikliklerine, az oksijen içeriğine ve suyun düşük ışık geçirgenliğine toleranslıdır
- Gündüz ve kış aylarında aktiftirler
- Omnivordurlar
- Zoobentoslarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve yetiştiriciliği yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Astacidae
<b>Cins</b>	: <i>Pontastacus</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. leptodactylus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Pontastacus leptodactylus*  
Eschscholtz, 1823

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>BEOL</sup> 226, <sup>IUCN</sup> 222 ve <sup>SeaLifeBase</sup> 225 den değiştirilerek alınmıştır

## *Ponticola kessleri*

**Kaya Balığı**  
**Bighead goby**

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Tatlı ve acı sularda yaşarlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Başlangıç ve anüs arası vücut uzunluğunun %75-95'i kadardır
- Ense ve predorsal bölge tamamen ktenoid pullarla kaplanmıştır
- Yanal çizgi üzerindeki pullar 68-72+3-4 adet şeklindedir
- Burun uzunluğu, göz çapının 1,5-2 katıdır
- İlk dorsal yüzgeci ikinci dorsal yüzgece bağlayan ışın, son ışın dizisi kadar uzundur
- İlk dorsal yüzgecin arka kısmı siyah harelidir

### BİYOLOJİSİ

- İlk yumurtlama Mart ile Mayıs ayları arasında iki yaşındayken olur
- Yapışkan yumurtalar kayalar, kabuklar ve su bitkileri üzerlerine bırakılırlar
- Erkek kuluçka süresince yumurtaları korur
- Kabuklular ve küçük balıklar ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Gobiidae
<b>Cins</b>	: <i>Ponticola</i>
<b>Tür</b>	: <i>P. kessleri</i>

### BİNOMİAL ADI

*Ponticola kessleri*  
Günther, 1861

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Rapana bezoar*

Deniz Salyangozu  
Rapa whelk

### YAŞAM ALANI

- Demersal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Tek parça olan kabuğun kanal kısmı sifon şeklindedir
- Kanal üzerindeki her kıvrımda bir sıra tüberkül bulunur
- Kabuk renkleri beyazımsı-sarımsı, iç kısımları ise açık sarı, dışa doğru parlak kırmızıdır

### BİYOLOJİSİ

- Yumuşakçalarla beslenir
- Kumlu, çamurlu zeminlerde yaşarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Gastropoda
<b>Takım</b>	: Neogastropoda
<b>Familya</b>	: Muricidae
<b>Cins</b>	: <i>Rapana</i>
<b>Tür</b>	: <i>R. bezoar</i>

### BİNOMİAL ADI

*Rapana bezoar*  
Linnaeus, 1767

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>BEOL</sup> 226, <sup>IUCN</sup> 222 ve <sup>SeaLifeBase</sup> 225 den değiştirilerek alınmıştır

## *Ruditapes decussatus*

Akivades  
Grooved carpet shell

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-20 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Kabuk genelde dört köşeli oval şeklindedir
- Arka menteşe hattı düzdür
- Posteriorun kenar boşluğu kesiklidir
- Aşağı eğimli ön kenar boşluğunda menteşe hattı dereceli olarak daralmaktadır
- Gelişme aşamaları net olarak görülmektedir
- Her valfte üç adet kardinal diş mevcuttur
- Krem rengi, sarımsı ve açık kahverengi renktedir ve sıklıkla koyu işaretleri vardır

### BİYOLOJİSİ

- Kum ve silt çamurlarında yaşarlar
- İki adet sifon aracılığıyla sudaki fitoplankton ve organik cisimleri filtre ederek beslenirler
- İki çift filamentten oluşan solungaçları plakalar arasında bulunur
- Birkaç metre derinlikte ki gelgitli bölgelerde, 15-20 cm kumun altında bulunurlar
- Ayır eşeylidirler ancak nadiren de olsa hermafrodit bireyler bulunabilir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Bivalvia
<b>Takım</b>	: Veneroida
<b>Familiya</b>	: Veneridae
<b>Cins</b>	: <i>Ruditapes</i>
<b>Tür</b>	: <i>R. decussatus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Ruditapes decussatus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, FAO<sup>229</sup>, IUCN<sup>222</sup>, MarineSpecies<sup>230</sup> ve A,B,SeaLifeBase<sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Salmo trutta*

Alabalık  
Sea trout

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Anadrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

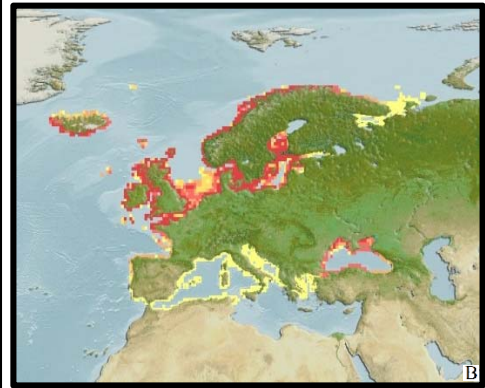
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 3-4
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10-15
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3-4
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 9-14
- Fusiform yapıdadırlar
- Kafaları küçük ve noktalıdır
- Ağız büyüktür ve genellikle gözün arkasına kadar devam eder
- Küçük pulludur
- Vücut grimsi mavi renktedir ve yanal çizginin altı da dahil çok sayıda nokta bulunur
- Vücudun üst kısmı siyahımsı renktedir
- Genellikle yanlar solgun harelerle çevrili ve turuncu renktedir
- Adipoz yüzgecin kenarları kırmızıdır

### BİYOLOJİSİ

- Soğuk ve bol oksijenli suları tercih ederler
- Uygun olmayan koşullara gökkuşağı alabalıklarından daha düşüktür
- Gençler yaygın olarak sucul ve karasal böceklerle beslenirler
- Yetişkinler yumuşakçalar, kabuklular ve küçük balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

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

### BİNOMİAL ADI

*Salmo trutta*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Sander lucioperca*

Sudak  
Pike perch

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Potamodrom
- Tatlı ve acı sularda yaşarlar
- 2-30 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 13-20
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 18-24
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 2-3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 10-14
- Omur sayısı: 45-47
- Her iki çenenin de anterior kısmında 1-2 adet genişlemiş kanin diş bulunur
- Yanal çizgi üzerinde 80-97 adet pul vardır

### BİYOLOJİSİ

- Toplu halde yaşayan pelajik balıklar ile beslenirler
- İlk cinsel olgunluklarına genellikle dördüncü yıl itibariyle gelmelerine rağmen, bu süre 3-10 yıl arasında değişmektedir
- Kısa üreme göçleri yaparlar
- Bireyler yem aramak için acı sulardan tatlı sulara girerler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı, sportif balıkçılığı ve yetiştiriciliği yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Percidae
<b>Cins</b>	: <i>Sander</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. lucioperca</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sander lucioperca*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sarda sarda*

Palamut  
Atlantic bonito

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 80-200 m derinlik aralığında yaşarlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

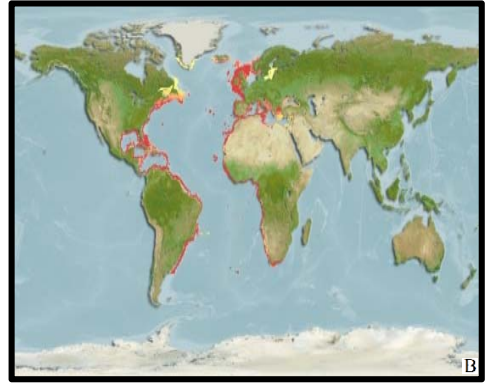
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 20-23
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 15-18
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 14-17
- Omur sayısı: 50-55
- Ağzıları oldukça geniş yapıdadır
- Vücut boyunca kırmızı renkli 21-39 adet şerit bulunmaktadır
- İnterpelvik çıkıntısı iki eşit parçalı ve küçüktür
- Posteriyora doğru bir zırh şeklini alan pullar tüm vücudu kaplamaktadır
- Eğik dorsal yüzgecin yaptığı büyük açı ile diğer *Sarda* türlerinden rahatlıkla ayrılmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- Kanizbalizm eğilimi gösterdikleri bilinmektedir
- Yetişkinler küçük balık sürülerini avlarlar
- Ayrıca kalamar ve karides gibi omurgasızlarla da beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Sarda</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. sarda</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sarda sarda*  
Bloch, 1793

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sardina pilchardus*

Sardalya  
European pilchard

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Tatlı, acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 10-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

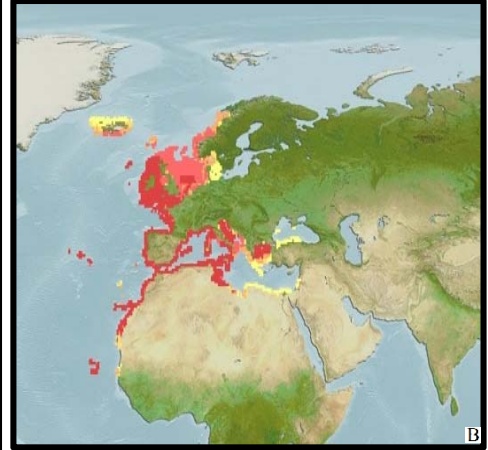
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-21
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-23
- Vücut yarı silindirik, karnı daha yuvarlaktır (gençler daha basıktır)
- Solungaç açıklığının arka kısmı daha pürüzsüz ve yuvarlaktır
- Operkulumun alt kısmından aşağı doğru vücut boyunca belirgin 3-5 adet ince şerit bulunmaktadır
- Alttaki solungaç filamentleri ilk solungaç lamelinin köşesinden daha kısa olmaz
- Son iki anal yüzgeç ışını daha geniştir

### BİYOLOJİSİ

- Temel olarak planktonik kabuklular ile beslenirler
- 1,5 mm'lik 50.000-60.000 adet yumurtayı açık deniz ya da sahil kenarlarına bırakırlar
- Toplu olarak yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Clupeiformes
<b>Familya</b>	: Clupeidae
<b>Cins</b>	: <i>Sardina</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. pilchardus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sardina pilchardus*  
Walbaum, 1792

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sargocentron rubrum*

Hindistan Balığı  
Redcoat

### YAŞAM ALANI

- Resif birleşimlerinde ve tuzlu suda yaşarlar
- 1-84 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

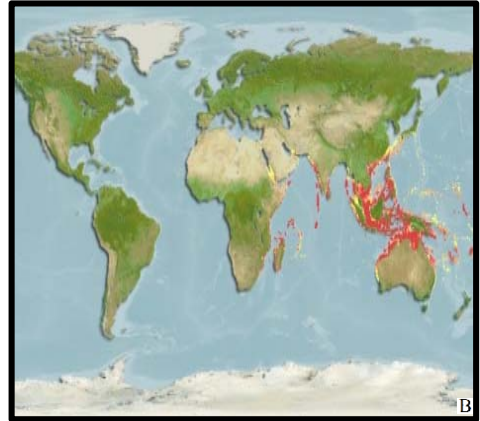
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-14
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 4
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8-10
- Vücut kahverengimsi kırmızı ve gümüşü beyaz, eşit çizgilere sahiptir
- Dikenli dorsal yüzgeç geniş, koyu kırmızı, dörtgen şeklinde ve her zarın ortasında beyazımsı leke (ilki hariç) bulunan orta bantlardan oluşmaktadır
- Posteriyör kısmı hariç dorsal membranın uçları beyazdır
- Yanak kısmında beş sıra eğik pul bulunur
- Burun kısa ve küttür
- Ağız terminal yapıda, kısmen inferiyordur
- Premaksilla çizgisi göz çukurunun anterioruna doğru sonlanır

### BİYOLOJİSİ

- Bentik yengeç ve karideslerin yanısıra küçük balıklarla da beslenirler
- Yumurta ve larvaları pelajiktir
- Preoperkulumda zehirli diken vardır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Beryciformes
<b>Familya</b>	: Holocentridae
<b>Cins</b>	: <i>Sargocentron</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. rubrum</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sargocentron rubrum*  
Forsskål, 1775

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sarpa salpa*

Sarpa  
Salema

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 5-70 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

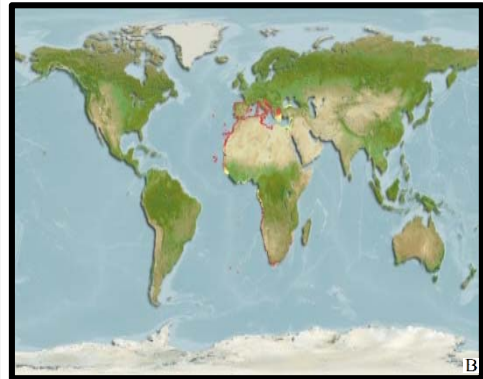
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11-12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 14-17
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-15
- Pektoral yüzgecin dibinde siyah lekeler vardır
- Vücut boyunca 10 adet altın renkli ince çizgi bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Algal büyümenin yoğun olduğu kumluk alanlarda ve taşlık zeminlerde bulunurlar
- Toplu halde yaşamalarına rağmen bazen boylanmış sürüler halinde de bulunabilmektedirler
- Gençler temelde karnivordurlar ve kabuklularla beslenirler
- Yetişkinler neredeyse sadece herbivordurlar ve deniz çayıruları ile beslenirler
- Protandrik hermafroditlerdir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Olta yemi olarak kullanılır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Sarpa</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. salpa</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sarpa salpa*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Saurida undosquamis*

Zurna Balığı  
Brushtooth lizardfish

### YAŞAM ALANI

- Resif birleşimlerinde bulunurlar
- Amfidrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 1-350 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

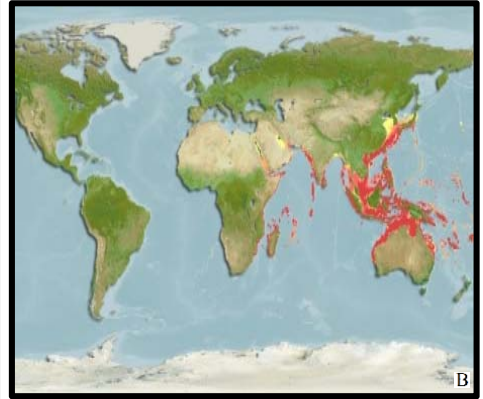
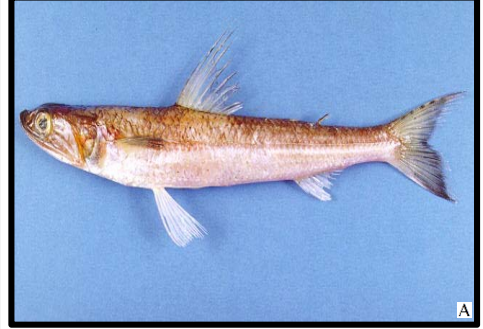
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-12
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-12
- Puro şeklinde yuvarlanmış veya hafifçe basık bir vücut yapısına sahiptirler
- Kafa kısmı noktalı ve basık şekildedir
- Burun yuvarlaklaşmıştır
- Dorsal yüzgecin başlangıcı adipoz yüzgecin başlangıcına burun ucundan daha yakındır
- Anal yüzgecin başlangıcı, kuyruk yüzgecinin kaidesine operkulumdan daha yakındır
- Alt kısmı grimsi kahve, üst kısmı krem rengidir
- Yan taraflarının orta kısımları boyunca 8-10 adet düzensiz siyah leke bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Sahil kesimlerinin kumluk ve çamurluk bölgelerinin 100 m'ye kadar olan sublitoral bölgelerinde bulunurlar
- Balıklar, kabuklular ve diğer omurgasızlarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Aulopiformes
<b>Familiya</b>	: Synodontidae
<b>Cins</b>	: <i>Saurida</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. undosquamis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Saurida undosquamis*  
Richardson, 1848

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scardinius erythrophthalmus*

Kızılkanat  
Rudd

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Potamodrom
- Tatlı ve acı sularda yaşarlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8-9
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8-12
- Omur sayısı: 36-39
- Başın sırt kısmındaki profili düz ve hafif konveks bir yapıdadır
- Burun dışa dönüktür
- Göz orta hizanın üst kısmında, uca yakındır
- Kafa ve vücut basıktır
- Tüm yüzgeçler kırmızımsı renktedir
- Pelvik yüzgeç koyu kırmızıdır

### BIYOLOJİSİ

- Planktonlar, karasal böcekler ve bitki artıkları ile beslenirler
- Bitki köklerinin ya da su altı bitkilerinin yoğun olduğu bölgelere yumurtlarlar
- Olumsuz çevre koşullarına uyum kabiliyetleri yüksektir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir
- Olta yemi olarak kullanılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Scardinius</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. erythrophthalmus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scardinius erythrophthalmus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scomber japonicus*

Kolyoz  
Chub mackerel

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

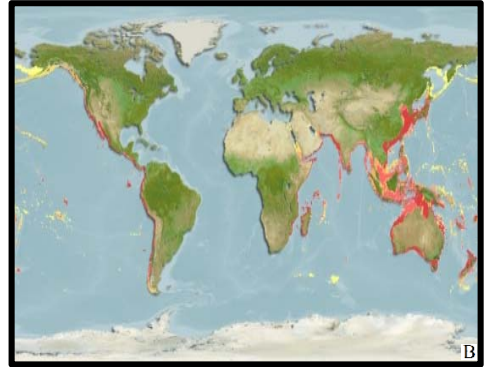
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 9-11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-12
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 1
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-14
- Omur sayısı: 31
- İnterpelvik çıkıntısı küçük ve tektir
- İyi gelişmiş bir zırhı yoktur
- Kaudal pedinkülün üstünde ve alt kenarında beş adet küçük kuyruk vardır
- Arkadaki dar çizgi zikzak biçiminde ve dalgalıdır

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler gün içinde zemine yakın dururlar
- Yetişkinler geceleri kopepod, diğer kabuklular, balıklar ve kalamarları avlayabilecekleri açık denizlere doğru giderler
- Gruplar halinde yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Genellikle olta yemi olarak kullanılır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Scomber</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. japonicus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scomber japonicus*  
Houttuyn, 1782

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Scomber scombrus*

Uskumru  
Atlantic mackerel

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-1000 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

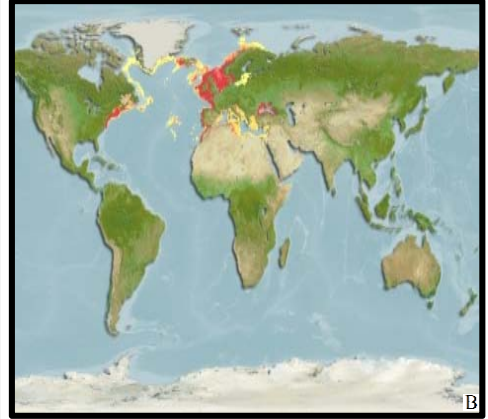
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 8-14
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-13
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 1
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-13
- İnterpelvik çıkıntısı küçük ve tektir
- İyi gelişmiş bir zırhı yoktur
- Anal yüzgeç ikinci dorsal yüzgecin tam karşısındadır
- Vertikale yakın arka eğik kısmında işaretler vardır ve nispeten daha az dalgalıdır
- Karın kısmında işaretler yoktur

### BİYOLOJİSİ

- Kışın derin sulara hareket ederler ancak baharda su sıcaklığı 11-14°C yi bulduğunda sahillere geri dönerler
- Günlük olarak zooplankton ve küçük balıklarla beslenirler
- Yumurta ve larvalar pelajiktir
- Toplu halde yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Scomber</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. scombrus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scomber scombrus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scomberomorus commerson*

Ceylan  
Narrow-barred Spanish mackerel

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 5-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Tropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

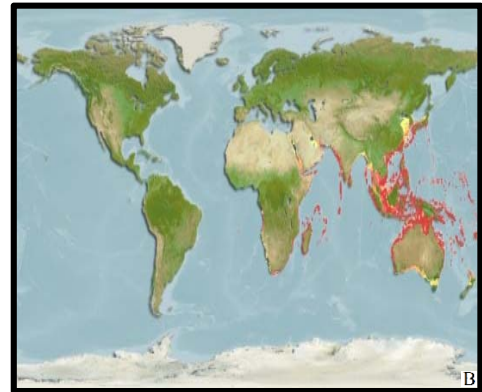
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 15-18
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 15-20
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-21
- İnterpelvik çıkıntısı küçük ve tek parçadır
- Yüzme kesesi yoktur
- Yanal çizgi aniden ikinci sırt yüzgecinin sonunun alt kısmında aşağıya doğru eğilir
- Gövde üzerinde dikey çubuklar ve bazen de kırık lekeler vardır
- Gençlerin vücutlarında oval koyu lekeler vardır
- İlk dorsal yüzgecin orta kısmındaki üç ışın beyaz, yüzgecin geri kalanı ise siyahtır

### BİYOLOJİSİ

- Küçük sürüler halinde bulunurlar
- Genellikle hamsi, Clupeidler, Carangidler, mürekkep balığı ve Penaid karidesler gibi küçük canlılarla beslenirler
- Yumurta ve larvalar pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Scomberomorus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. commerson</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scomberomorus commerson*  
Lacépède, 1800

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL <sup>226</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scophthalmus maximus*

Kalkan  
Turbot

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 20-70 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

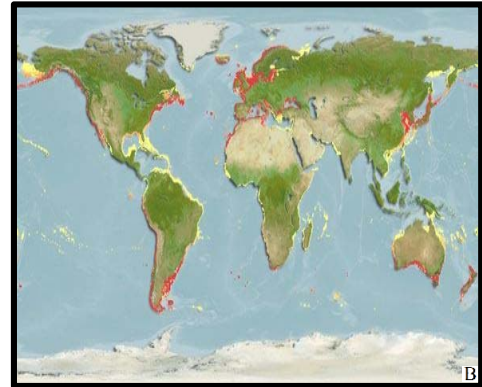
- Gözün etrafında pullar yoktur. Bunların yerine tüberkül şeklinde kemiksi plakalar vardır

### BİYOLOJİSİ

- Diğer dip balıklarıyla beslenirler
- Toplu halde yumurtlarlar
- Yumurtlama dönemleri Nisan-Ağustos ayları arasındadır
- Yumurtaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Pleuronectiformes
<b>Familiya</b>	: Scophthalmidae
<b>Cins</b>	: <i>Scophthalmus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. maximus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scophthalmus maximus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL <sup>226</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scorpaena porcus*

Lipsöz  
Black scorpionfish

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Göç etmezler
- 800 m ve üstü derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

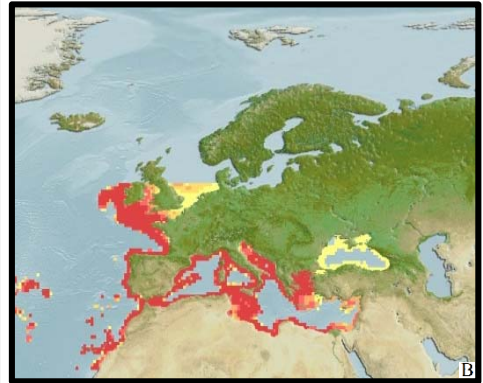
- Baş kısmı geniş, burun çapı daha küçüktür
- Oksipital çukur iyi gelişmiştir
- Dorsal yüzgecinde 12 adet diken ve 9 adet ışın bulunmaktadır
- İkinci anal yüzgece kadar ulaşabilen pektoral yüzgeçte 16-18 adet ışın bulunur
- Genellikle kahverengimsi renktedir
- Dorsal yüzgecin 8. Ve 9. ışınları arasında açık pigmentli bir bölge vardır
- Yüzgeçler genellikle kahverengi lekelidir
- Kuyruk yüzgecinde üç adet dikey bant bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Bireysel ve yerleşik yaşarlar
- Genellikle kayalar ve algler arasında yaşarlar
- Küçük balıklar, kabuklular ve diğer omurgasızlar ile beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Küçük çaplı ticari avcılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Scorpaeniformes
<b>Familiya</b>	: Scorpaenidae
<b>Cins</b>	: <i>Scorpaena</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. porcus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scorpaena porcus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL <sup>226</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scorpaena scrofa*

İskorpit  
Largescaled scorpionfish

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Göç etmezler
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 20-500 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

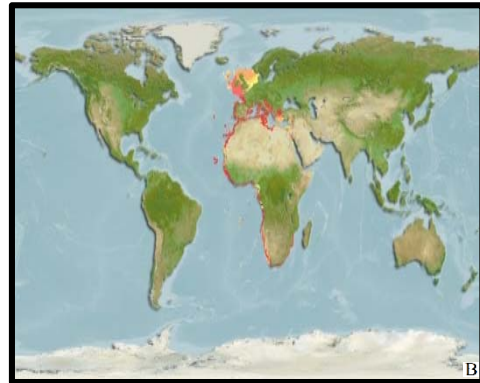
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 12
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 9
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 5
- Dikenli dorsal yüzgeç genellikle koyu lekeli

### BİYOLOJİSİ

- Kumluk, kayalık ya da çamurluk bölgelerde tek ve bölgesel olarak yaşarlar
- Balıklarla, kabuklularla ve yumuşakçalarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

Alem	: Animalia
Şube	: Chordata
Sınıf	: Actinopterygii
Takım	: Scorpaeniformes
Familya	: Scorpaenidae
Cins	: <i>Scorpaena</i>
Tür	: <i>S. scrofa</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scorpaena scrofa*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scyllarides latus*

Büyükayı Istakozu  
Mediterranean slipper lobster

### YAŞAM ALANI

- Bentik bölgede yaşamaktadırlar
- 100 m ve üstü derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Karapakstaki tüberküller yüksek ve belirgin şekildedir
- Dördüncü antennal segmentinin anterolateral dişi bağlantılı ve segmentin düzlemi bükümlüdür
- Dikkat çekici bir bazal şişlik olmaksızın ilk pareopodun karpusu ayrı bir dorsal olukta bulunur
- İlk abdomenin dairesel orta noktası, bükey bir üçgen şeklinde olan lateral lekeleri ayıran dar sarımsı halka gibi bir bölge ile ayrılmıştır
- İkinci abdomenin plevrası, posteriorda keskin bir nokta ile biter

### BİYOLOJİSİ

- Karapaks uzunluğu: 12 cm
- Kayalık ve kumluk zeminlerde 4-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Yumuşakçalar ve özellikle deniz minareleri (*Patella sp.*) ile beslenirler
- Haziran'dan Ağustos'a kadar yumurtalı dişiler görülmektedir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Scyllaridae
<b>Cins</b>	: <i>Scyllarides</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. latus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scyllarides latus*  
Latreille, 1802

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup>, MarineSpecies <sup>230</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Scyllarus arctus*

Küçükayı Istakozu  
Small European locust lobster

### YAŞAM ALANI

- Bentik
- 100 m ve üzeri derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Karında keskin bir median çıkıntı yoktur. Ancak her somitin ortasında 2-5 adet uzamış lobulat figür vardır
- Dış kenardaki segmentte 2 diş, iç kenarda ise 3-4 diş bulunur (apikal diş hariç)
- V şekilli göğüs sternumunun anteriorunun ortası oyuk şeklindedir
- Son torasik sternitte medyan tüberkül düşük ve küttür. Bu tüberkül posteriyora doğru biraz basıktır
- Kıl saçaklar olmaksızın, bacaklar daktil şeklindedir
- Renk koyu kahve, tüylenme ile kırmızımsı kahvedir
- Karın kısmındaki birinci somitin merkezinin bir kısmı keskindir ve koyu kahverengi bir nokta bulunur
- Periopod segmentleri koyu mavi bantlıdır

### BİYOLOJİSİ

- 4-50 m derinlik aralığındaki kayalık ve çamurluk bölgelerde ve hatta *Posidonia* yataklarında bulunurlar
- Dişiler Şubat ile Nisan ayları arasında yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Decapoda
<b>Familya</b>	: Scyllaridae
<b>Cins</b>	: <i>Scyllarus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. arctus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Scyllarus arctus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>BEOL</sup> 226, <sup>IUCN</sup> 222 ve <sup>SeaLifeBase</sup> 225 den değiştirilerek alınmıştır

## *Sepia officinalis*

Mürekkep Balığı  
Common cuttlefish

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Vücut geniş ve uzundur
- Manto, dorsal anterior kenarı küt, yuvarlak bir lob olarak gelişmiştir
- Yüzgeçler doğrudan mantonun ön kenarında başlar
- Kollar göreceli olarak kısa, baş ve kolların birleşik uzunluğu vücudun yarısından daha az bir kısmını oluşturur
- Kollarda dört adet emici sıra bulunur
- Kolların geniş ve merkezde bulunan çifti dorsoventral olarak yassılaştırılmıştır
- Belirgin olarak görülen, beş adet uzunlamasına emici grup tentakül sırası bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Manto uzunluğunun maksimum boyutu tropikal sularda 30 cm, ılıman sularda 45 cm'dir
- Ortalama ağırlığı tropikal sularda 2 kg, ılıman sularda 4 kg civarındadır
- 200 m derinliklerdeki gelgit bölgelerinde bulunurlar
- Küçük yumuşakçalar, yengeçler, karidesler ve ahtapotlarla beslenirler
- Gençler ise demersal balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Cephalopoda
<b>Takım</b>	: Sepiida
<b>Familya</b>	: Sepiidae
<b>Cins</b>	: <i>Sepia</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. officinalis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sepia officinalis*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>BEOL</sup> 226, <sup>IUCN</sup> 222, <sup>MarineSpecies</sup> 230 ve <sup>SeaLifeBase</sup> 225 den değiştirilerek alınmıştır



## *Seriola dumerili*

Avcı  
Greater amberjack

### YAŞAM ALANI

- Resif birleşimlerinde yaşarlar
- Oseanodrom
- Tuzlu suda yaşarlar
- 1-360 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

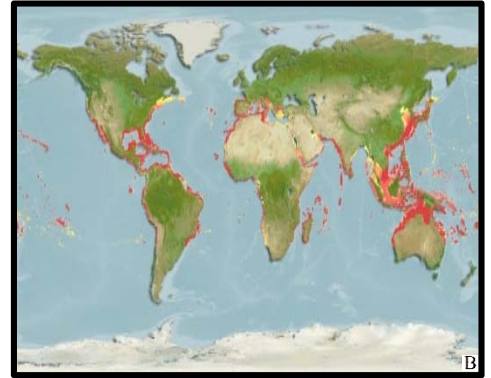
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 8
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 29-35
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 18-22
- Üst kısmı mavimsi gri ya da zeytinimsi yeşil renktedir
- Alt kısmı gümüşü beyazdır
- Yan kısmı boyunca kehribar renkli şeritleri vardır
- Yüzgeçler siyahımsıdır
- İkinci dorsal ve anal yüzgeç anteriyör lobun arkasına düşmektedir

### BİYOLOJİSİ

- Deniz resiflerinde genellikle limanların sahil girişlerinde bulunurlar
- Öncelikli olarak istavrit gibi balıklarla ve omurgasızlarla beslenmektedirler
- Genç bireyler denizlerdeki ve okyanuslardaki enkazlarda ya da yüzen bitkilerin altında yaşarlar
- Gençler küçük gruplar halinde veya yalnız olarak bulunurlar
- Yumurtaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Carangidae
<b>Familya</b>	: Carangidae
<b>Cins</b>	: <i>Seriola</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. dumerili</i>

### BİNOMİAL ADI

*Seriola dumerili*  
Risso, 1810

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL <sup>226</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Serranus cabrilla*

Asıl Hani  
Comber

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 5-500 m derinlik aralığında bulunurlar

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 10
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-15
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 7-8

### BİYOLOJİSİ

- Kayalık yamaçların üst kısımlarında ve sığ kesimlerinde, *Posidonia* yatakları, kumluk ve çamurluk zeminlerde bulunurlar
- Kabuklular, kafadan bacaklılar ve balıklarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Serranidae
<b>Cins</b>	: <i>Serranus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. cabrilla</i>

### BİNOMİAL ADI

*Serranus cabrilla*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Serranus scriba*

Yazlı Hani  
Painted comber

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 5-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

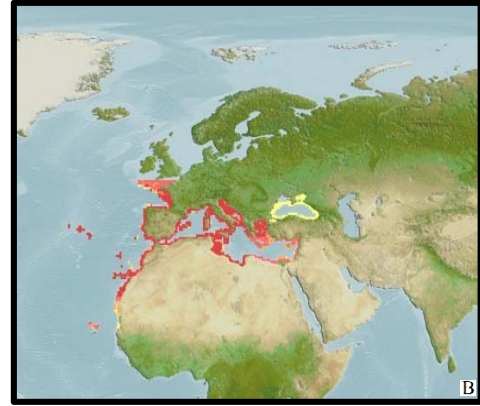
- Vücut uzamıştır ve baş kısmı genellikle noktalıdır
- Kuyruk yüzgeci kesikli ve hafifçe yuvarlaktır
- Rengi yeşil, morumsu ya da kırmızımsıdır
- Her iki tarafında da 5-7 adet koyu kahverengi dikey bant bulunur
- Baş kısmında çoğu açık renkli, dalgalı mavi ya da kırmızı lekeleri bulunur
- Vertikal yüzgeçlerde kırmızı noktalar bulunmaktadır

### BİYOLOJİSİ

- Kayalık zeminlerde ve *Posidonia* yataklarında bulunmaktadırlar
- Balık ve kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Serranidae
<b>Cins</b>	: <i>Serranus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. scriba</i>

### BİNOMİAL ADI

*Serranus scriba*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Silurus glanis*

Yayın  
Wels catfish

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Göç etmezler
- Tatlı ve acı sularında yaşarlar
- 0-30 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 1
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 4-5
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 1
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 83-95
- İki çift mental barbelleri vardır
- Vücut çıplaktır
- Büyük ve basık bir kafa yapısına sahiptir
- Kuyruk yüzgeci yuvarlak veya kesik yapıdadır
- Adipoz yüzgeci yoktur
- Anal yüzgeç ile kaudal yüzgeç birbirleri ile neredeyse bitişiktir

### BİYOLOJİSİ

- Nehirlerin alt kısmına yapılan barajların derin sularında bulunurlar
- Gece avlanan, predatör canlılardır
- Suların zeminlerinde avlanırlar
- Larvaları ve gençleri bentiktir. Çok çeşitli omurgasızlarla ve balıklarla beslenirler
- Yetişkin balıklar ve diğer sucul omurgalıları da avlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Siluriformes
<b>Familya</b>	: Siluridae
<b>Cins</b>	: <i>Silurus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. glanis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Silurus glanis*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>B</sup>EOL <sup>226</sup>, <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Solea solea*

Dil Balığı  
Common sole

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

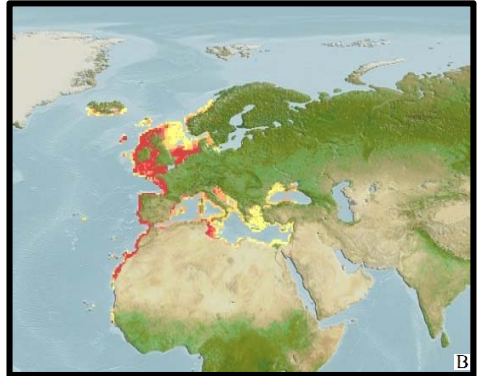
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 73-86
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 61-74
- Vücut oval, kafa yuvarlaktır
- Kör taraftaki anteriyor burun deliği genişlememiştir
- Dorsal yüzgeç başın üst kısmından başlamaktadır
- Gözün olduğu taraf büyük ve dağınık koyu lekeli olup, grimsi kahveden kırmızımısi kahveye kadar değişik renklerde olabilir
- Göz tarafındaki pektoral yüzgecin posteriyorunun sonuna doğru siyahımsı bir leke bulunur
- Kaudal yüzgecin arka parçası genellikle geri kalanından daha koyudur

### BİYOLOJİSİ

- Genellikle yalnız yaşarlar
- Kumun ya da çamurun altına yuva yaparlar
- Kış aylarında daha derin sulara doğru çekilirler
- Geceleri solucanlar, yumuşakçalar ve küçük kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Pleuronectiformes
<b>Familiya</b>	: Soleidae
<b>Cins</b>	: <i>Solea</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. solea</i>

### BİNOMİAL ADI

*Solea solea*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sparisoma cretense*

İskaroz  
Parrotfish

### YAŞAM ALANI

- Resif birleşimlerinde bulunurlar
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 20-50 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

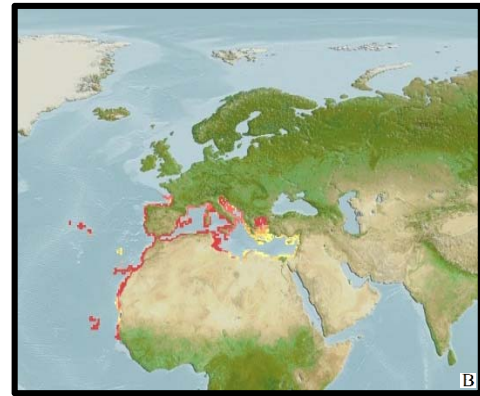
- Kafanın büyük kısmı da dahil vücut büyük pullarla kaplıdır
- Burun konik şekilli ve kısadır
- Erkekler gri-kahverengi, morumsu-kahverengi renktedir ve karın kısımları daha açık renklidir
- Dişiler kırmızımsı renk tonlarına sahiptirler ve kafa kısmına yakın büyük kahverengi bir lekeleri vardır
- Dişilerin kuyruk kaidesinin üst kısmında yeşil bir leke vardır
- Dişi ve erkeklerin her iki tarafında da boyuna beyaz çizgi şeklinde lekeler vardır

### BİYOLOJİSİ

- Sığ suların kayalık kıyılarında bulunurlar
- Küçük omurgasızlarla ve alglerle beslenirler
- Herbivor türlerde faringeal kemikler ve kaslar özelleşmiştir
- Üreme Temmuz ve Eylül ayları arasında gerçekleşir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Scaridae
<b>Cins</b>	: <i>Sparisoma</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. cretense</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sparisoma cretense*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler A,BFishBase<sup>221</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve MarineSpecies<sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sparus aurata*

Çipura  
Gilthead seabream

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 1-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

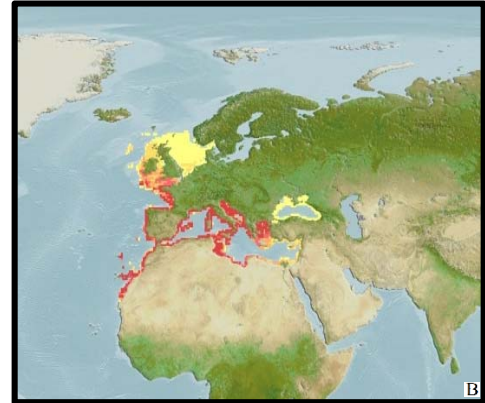
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-14
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-12
- Vücut uzun ve solungaç kapağında büyük siyah bir leke vardır
- Burun uzunluğu göz çapının iki katıdır

### BİYOLOJİSİ

- Göç etmeyen türlerdir
- Tek başlarına veya küçük topluluklar halinde bulunurlar
- Bahar aylarında sıklıkla haliçlerin veya sahil lagünlerinin acı sularında bulunurlar
- Genellikle karnivordurlar fakat bazen herbivor davranış gösterirler
- Midye, istiridye ve benzeri kabuklu canlılarla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Sparus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. aurata</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sparus aurata*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL <sup>226</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sphyraena sphyraena*

Iskarmoz  
European barracuda

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Vücut uzunlamasına dikdörtgen şeklindedir
- Çeneleri uzun ve alt çene çıkıntılıdır
- Solungaç kapağı yoktur
- Kaniniform dişleri vardır
- Pelvik yüzgeç ilk dorsal yüzgecin altındadır
- Göğüs yüzgeçlerinin uçları pelvik yüzgeçlerine kadar ulaşır
- Vücudun üst kısmı koyu altı kısmı gümüşümsü renktedir
- Çapraz çizgilerin hiçbiri belirgin değildir

### BİYOLOJİSİ

- Kıyı ve açık denizlerde bulunur
- Genellikle balıklarla, onun dışında kafadan bacaklılarla ve kabuklularla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Küçük çapta ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sphyraenidae
<b>Cins</b>	: <i>Sphyraena</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. sphyraena</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sphyraena sphyraena*  
Klein, 1778

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Spicara smarís*

İzmarit  
Picarel

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 15-328 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

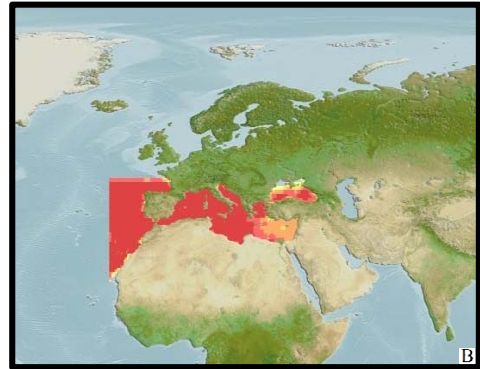
- Vücut yapısı uzundur
- Üst kısımları grimsi kahverengi, alt kısımları gümüşü renktedir

### BİYOLOJİSİ

- *Posidonia* yataklarında ve çamurlu diplerde yaşarlar
- Üreme dönemleri hariç sürüler meydana getirebilirler
- Genellikle 15-170 m derinlik aralığında bulunurlar. İyonya Denizi'nde 328 m'ye kadar bulunmaktadırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Centracanthidae
<b>Cins</b>	: <i>Spicara</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. smarís</i>

### BİNOMİAL ADI

*Spicara smarís*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, A,BFishBase<sup>221</sup>, IUCN<sup>222</sup> ve Marine Species 2012'den değiştirilerek alınmıştır

## *Spondyliosoma cantharus*

Sarıgöz  
Black seabream

### YAŞAM ALANI

- Bentopeljik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 5-300 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

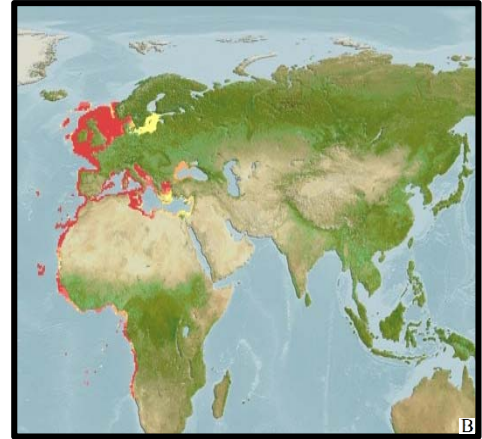
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-13
- Uzun, zayıf vücutta boyuna çizgi ve koyu noktaları yoktur
- Burun, göz çapından daha uzundur

### BİYOLOJİSİ

- *Posidonia* yatakları, kayalık ve kumlu zeminlerde bulunurlar
- Bazen büyük sürüler oluşturabilmektedirler
- Omnivordurlar
- Özellikle kabuklular, küçük omurgasızlar ve deniz çayırları ile beslenirler
- Projinik hermafrodittirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır
- Akvaryum balığı olarak ticari öneme sahiptir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sparidae
<b>Cins</b>	: <i>Spondyliosoma</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. cantharus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Spondyliosoma cantharus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Sprattus sprattus*

Çaça  
European sprat

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 10-150 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

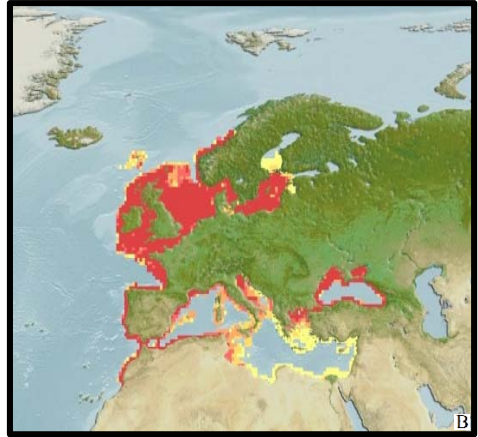
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-21
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-23
- Alt çene biraz çıkıntılıdır
- Yayılan kemiksi çizgiler solungaç kapağında yoktur
- Vomerde nadiren diş vardır
- Karın güçlü, yaprak damarı şeklinde plakalar ile kaplıdır
- Son iki anal yüzgeç ışını geniş değildir
- Yanlarda koyu lekeler yoktur

### BİYOLOJİSİ

- Kışın beslenmek yazın ise yumurtlamak için uzun göçler yaparlar
- Geceleri yüzeyde hareket ederler
- Planktonik kabuklular ile beslenirler
- Yumurtaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ticareti yapılmaktadır
- Yem olarak değerlendirilmektedir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Clupeiformes
<b>Familya</b>	: Clupeidae
<b>Cins</b>	: <i>Sprattus</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. sprattus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Sprattus sprattus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL <sup>226</sup>, A,BFishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Squatina squatina*

Keler  
Angelshark

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 150 m ve üstü derinlik aralığında bulunurlar.
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç ışın sayısı: 0
- Ocelli yoktur

### BİYOLOJİSİ

- Sahiller ve nehir ağızlarından kıta sahanlığının 150 m'den sığ kesimlerine kadar bulunurlar
- Kıyılarda (5 m'ye kadar) ortaya çıkan bentik türlerdir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Chondrichthyes
<b>Takım</b>	: Squatiniformes
<b>Familya</b>	: Squatinidae
<b>Cins</b>	: <i>Squatina</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. squatina</i>

### BİNOMİAL ADI

*Squatina squatina*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Squilla mantis*

Çekirge Karidesi  
Spottail mantis shrimp

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- 0-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

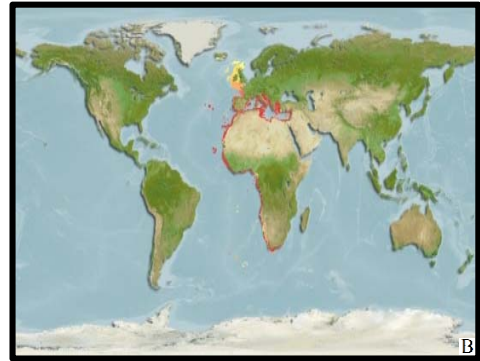
- Ortalama 12-18 cm
- Vücut siperi ile dikkat çekerler. Siper beşinci abdominal segmentle arka dikenlerin yerine geçer ve beşinci toraks segmentinin bitiş lateraline kadar uzanır
- Telsonun dorsal yüzü bir merkezi tepe ve pek çok küçük çöküntüyle iyi belirlenmiş, fakat yumruların çizgileri yoktur
- Bacağın daktili düzgün, konveks ve dış kenarlı altı dikenli ile hızlı hareket ederler
- Renk sarımsı veya kahverengimsi, sıklıkla kırmızı veya tepeleri mavimsidir
- İkinci abdominal segmentte dik açılı merkezi bir çizgi vardır
- Telson sarı işaretlidir ve beyaz bir halka çevresinde iki koyu kestane rengi işaret bulunur

### BİYOLOJİSİ

- Genellikle çamur üstünde yatarlar
- 200 m'ye kadar sublittoral bölgede, genellikle 50 m'den daha az derin yerlerde bulunurlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Malacostraca
<b>Takım</b>	: Stomatopoda
<b>Familya</b>	: Squillidae
<b>Cins</b>	: <i>Squilla</i>
<b>Tür</b>	: <i>S. mantis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Squilla mantis*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler IUCN <sup>222</sup> ve <sup>A,B</sup>SeaLifeBase <sup>225</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Thunnus alalunga*

Albakor  
Albacore

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Tuzlu sularda yaşarlar
- 0-600 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

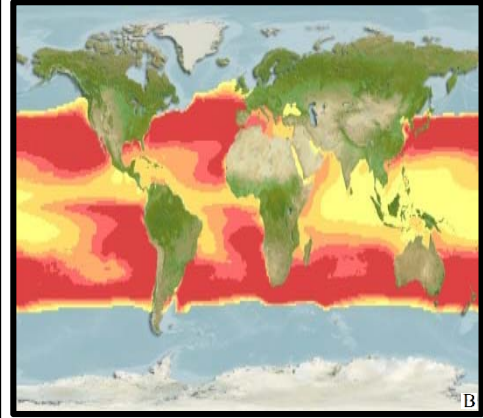
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 11-14
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 12-16
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 11-16
- Ön taraftaki sert ışınlar arka taraftakilerden çok daha yüksektir. Bu yapı türekonkav bir görünüm kazandırır
- Pelvikler arası mesafe kısadır ve iki eş parçalıdır
- Vücut çok küçük pulludur
- Pektoral yüzgeçler çatal uzunluğunun %30'u kadar (50 cm'ye yakın) hatta daha uzundur
- Karaciğerin ventral yüzeyi çizgili ve merkez lobu en büyük lobdur

### BİYOLOJİSİ

- Balıklar, yumuşakçalar ve kabuklularla beslenirler
- Yumurtalar ve larvaları pelajiktir
- 90 cm'de cinsel olgunluğa ulaşırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Thunnus</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. alalunga</i>

### BİNOMİAL ADI

*Thunnus alalunga*  
Bonnaterre, 1788

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler EOL<sup>226</sup>, A,BFishBase<sup>221</sup> ve IUCN<sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Thunnus thynnus*

Orkinos  
Northern bluefin tuna

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Acı su ve denizlerde yaşarlar
- 0-985 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

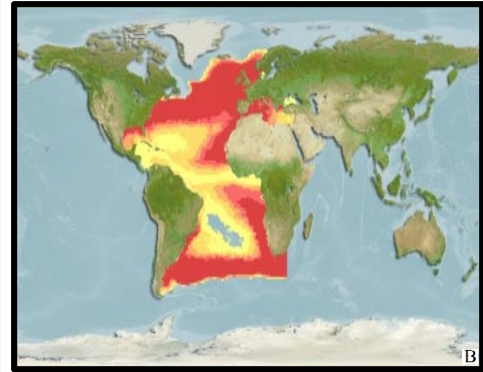
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 12-14
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 13-15
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı:0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı:13-16
- Omur sayısı: 39
- İlk dorsal yüzgecin orta tabanı çok geniştir. İkinci dorsal yüzgeç ilkinden daha yüksektir
- Pektoral yüzgeçler çok kısadır (kafanın %80'inden kısadır)
- Alt tarafı ve karnı gümüşü beyaz veya renksiz, enine çizgili ve noktalıdır
- İlk dorsal yüzgeç sarı veya mavimsi, ikincisi kırmızimsi kahverengidir
- Anal yüzgeç koyu sarı ve siyah kenarlıdır
- Orta kuyruk omuru yetişkinlerde geridedir

### BİYOLOJİSİ

- Okyanuslarda yaşarlar fakat mevsimsel olarak kıyılara gelir ve geniş sıcaklık değişimlerine dayanıklıdır
- Boylarına göre sürüler oluştururlar
- Hamsi ve uskumru gibi küçük sürülerle veya kalamarlar ve kırmızı yengeçlerle beslenirler
- Yumurta ve larvaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Scombridae
<b>Cins</b>	: <i>Thunnus</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. thynnus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Thunnus thynnus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Tinca tinca*

Kadife  
Tench

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Potamodrom
- Tatlı ve acı sulara bulunur
- 1 m ve altı derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOMETRİK KARAKTERLER

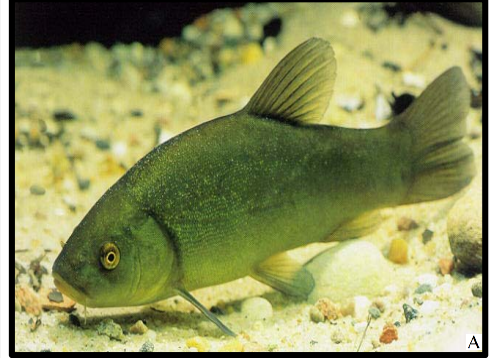
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 4
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8-9
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3-4
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 6-8
- Vücut tıknaz, ağır ve lateralardan sıkıştırılmıştır
- Kaudal pedinkül karakteristik olarak koyu ve kısadır
- Deri koyulaşmış ve yapışkandır
- Pullar küçük ve gömülüdür
- Uçtan uca renklenme zeytin yeşildir
- Bazen koyu yeşil veya siyah olabilir
- Karın yüzeyinden altınsı bir yansıma vardır
- Kafa üçgenimsi, göz turuncu-kırmızı ve küçüktür
- Burun oldukça uzundur
- Göz çukurları arası geniştir
- Ağız terminal durumludur
- Küçük, ince dudakları ve ağzın köşelerinde bir çift, iyi gelişmiş barbeleri vardır

### BİYOLOJİSİ

- Detritus, dip canlıları ve bitkisel materyallerle beslenirler
- Yetişkinler sık sık yumuşakçaları temel avları yaparlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Tinca</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. tinca</i>

### BİNOMİAL ADI

*Tinca tinca*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>B</sup>EOl <sup>226</sup>, <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Trachinotus ovatus*

Yaladerma  
Pompano

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 50-200 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- İkinci dorsal yüzgeç bölgesi uzunluğu, anal yüzgeç bölgesi uzunluğuna eşittir
- Vücudun başında ve sonunda 3-5 adet koyu çizgi vardır

### BİYOLOJİSİ

- Gelgit bölgelerinde, sığ yerlerde bulunurlar
- Temiz sularda kum ve çamur zeminlerin üzerinde bulunurlar
- Sürüler oluştururlar
- Küçük bireyler geceleri kıyının dik ve taşlık yerlerinde bulunur
- Küçük kabuklular, yumuşakçalar ve balıklarla beslenirler
- Yumurtaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Carangidae
<b>Cins</b>	: <i>Trachinotus</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. ovatus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Trachinotus ovatus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Trachurus mediterraneus*

İstavrit  
Mediterranean horse mackerel

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sularda yaşarlar
- 0-500 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Yanal çizgi dorsal omurga boyunca devam eder ve dorsal yüzgecin sekizinci yumuşak ışığında kırık bir görünüm alır
- Küçük, siyah operküler nokta bulunmaktadır
- Gövde ve başın üst kısmı neredeyse siyah, gri ya da mavimsi-yeşil renktedir
- Genellikle vücudun üçte ikisi ve baş kısmı beyazdan gümüş rengine kadar daha açık renkte olurlar

### BİYOLOJİSİ

- Genelde dip bölgelerde, nadiren su yüzeyinde, pelajik ve toplu göç halinde bulunurlar
- Diğer balıklar, özellikle sardalya, hamsi ve küçük kabuklularla beslenirler
- Yumurtaları pelajiktir

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Carangidae
<b>Cins</b>	: <i>Trachurus</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. mediterraneus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Trachurus mediterraneus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Trachurus trachurus*

İstavrit (Kraça)  
Atlantic horse mackerel

### YAŞAM ALANI

- Pelajik-neritik
- Oseanodrom
- Denizlerde yaşarlar
- 0-1050 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 9
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 30-36
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 24-32
- Üstü mavimsi yeşil, gri veya siyahtır
- Altı gümüşü beyaz, operkulum siyah noktalı
- Yan pulları uzun ve dallıdır
- Solungaç kapağında açık siyah bir nokta vardır
- İlk dorsal yüzgeci uzundur

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler kıyı bölgelerde ve kum zeminli yerlerde büyük sürüler oluşturur
- Balıklarla, kabuklularla ve kafadan bacaklılarla beslenirler
- Toplu yumurtlarlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yoğun ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Carangidae
<b>Cins</b>	: <i>Trachurus</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. trachurus</i>

### BİNOMİAL ADI

*Trachurus trachurus*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Trigla lyra*

Öksüz  
Piper gurnard

### YAŞAM ALANI

- Batidemersal
- Denizlerde yaşarlar
- 100-700 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

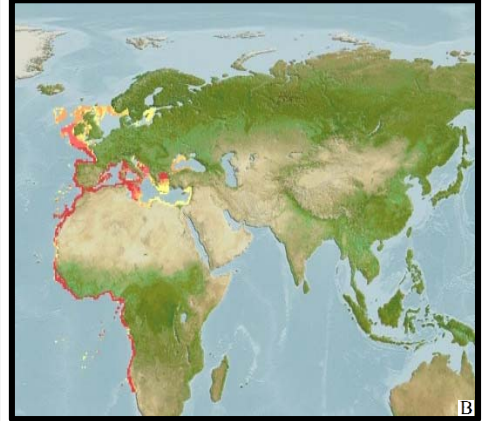
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 9-10
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 15-16
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 15-16

### BİYOLOJİSİ

- Kumlu ve çamurlu tabanlarda bulunurlar
- Yumuşakçalar ve yengeçlerle beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Scorpaeniformes
<b>Familya</b>	: Triglidae
<b>Cins</b>	: <i>Trigla</i>
<b>Tür</b>	: <i>T. lyra</i>

### BİNOMİAL ADI

*Trigla lyra*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Umbrina cirrosa*

Minekop  
Shi drum

### YAŞAM ALANI

- Demersal
- Acı su ve denizlerde yaşar
- 0-100 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Vücut uzun, derin ve basıktır
- Ağız küçük ve inferiyor yapıda, dişler viliform yapıdadır
- Kaudal yüzgeç çentiklidir
- Göğüs, burun ve suborbital bölge dışındaki pullar ktenoid yapıdadır
- Renk grimsi-gümüş renginden kahverengine kadar değişkenlik gösterir; genellikle metalik bir ton hakimdir ve uzunlamasına çizgiler bulunur
- Yüzgeçleri koyu renklidir

### BİYOLOJİSİ

- Kıyıların taşlık ve kumluk tabanlarında bulunurlar
- Gençler haliçlere giriş yaparlar
- Dip omurgasızlarıyla beslenirler

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Sciaenidae
<b>Cins</b>	: <i>Umbrina</i>
<b>Tür</b>	: <i>U. cirrosa</i>

### BİNOMİAL ADI

*Umbrina cirrosa*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup>, IUCN <sup>222</sup> ve MarineSpecies <sup>230</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Upeneus moluccensis*

Paşa Barbunu  
Goldband goatfish

### YAŞAM ALANI

- Resif çevrelerinde bulunurlar
- Acı su ve denizlerde yaşarlar
- 10-120 m derinlik aralığında bulunurlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

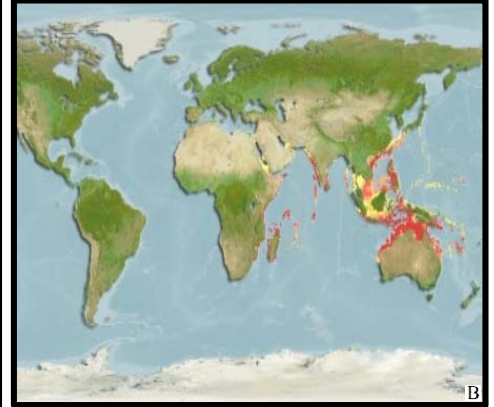
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 8
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 9
- Kırmızı kuyruk yüzgeci çizgisi vardır
- Çizgi alt lobda bulunmaz fakat bütün lob boyunca merkezin dışından kırmızı geniş bir çizgi vardır ve içe bakar şekilde zaman zaman koyulaşmıştır
- Vücudun orta lateralinde, gözden üst kuyruk yüzgeci bölgesine kadar sarı veya altın rengi bir bant bulunur
- İlk dorsal yüzgecin ucu koyudur
- Barbelleri beyazdır
- Vücut gümüşü pembe renkte, yan çizginin üst kısmı koyulaşmıştır

### BİYOLOJİSİ

- Sahillerin çamurlu tabanlarında bulunurlar
- Büyük sürüler oluştururlar
- Genellikle hızlı yüzen ve beslenmek için duran balıklardır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı yapılmakta ve balık unu olarak değerlendirilmektedir



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familya</b>	: Carangidae
<b>Cins</b>	: <i>Upeneus</i>
<b>Tür</b>	: <i>U. moluccensis</i>

### BİNOMİAL ADI

*Upeneus moluccensis*  
Bleeker, 1855

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Vimba vimba*

Eğrez Balığı  
Vimba bream

### YAŞAM ALANI

- Bentopelajik
- Anadrom
- Tatlı ve acı sularda yaşarlar
- Subtropikal

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 8-9
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 3
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-22
- Üreme sezonlarında erkeklerde yanak siyahımsı kahverengi, bazen de karınları turuncu renk alır

### BİYOLOJİSİ

- Küçük yumuşakçalar ve böcek larvaları temel besinleridir
- Hızlı akan, çakıllı nehirlerin sığ oluklarında ürerler
- Yarı anadrom populasyonlar denizlerin temiz bölgelerinde yem arar ve yumurtlamak için uzaklara göç ederler
- Göl populasyonları hızlı akan ırmak kollarına giriş yaparlar
- Yumurtlayan anaçlar yiyecek arama bölgelerine geri dönerler
- Uzaklık ve su yatağı tıkanıklıkları bu balıklar için tehdit oluşturmaktadır

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Yetiştiriciliği, ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Cypriniformes
<b>Familya</b>	: Cyprinidae
<b>Cins</b>	: <i>Vimba</i>
<b>Tür</b>	: <i>V. vimba</i>

### BİNOMİAL ADI

*Vimba vimba*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A</sup>FishBase <sup>221</sup> ve <sup>B</sup>IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

## *Xiphias gladius*

Kılıç  
Swordfish

### YAŞAM ALANI

- Pelajik
- Oseanodrom
- Denizlerde yaşarlar
- 0-800 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

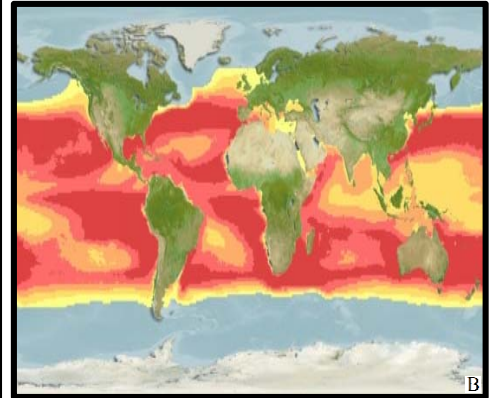
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 38-56
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 0
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 16-18
- Siyahımsı-kahverengi olan renk aşağıya doğru solarak açık kahverengiye döner; Birinci dorsal yüzgeci siyahımsı-kahverengi zarlıdır
- Uzun, düz, kılıç gibi bir burnu vardır ve pelvik yüzgeçleri yoktur

### BİYOLOJİSİ

- Yetişkinler fırsatçı beslenirler. Yüzeyden diplere kadar geniş bir bölge beslenme sahalarıdır
- Genellikle balıklarla ayrıca kabuklular ve mürekkep balıkları ile beslenirler. Avlarını öldürmek için kılıç yapısındaki burunlarını kullanırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Perciformes
<b>Familiya</b>	: Xiphiidae
<b>Cins</b>	: <i>Xiphias</i>
<b>Tür</b>	: <i>X. gladius</i>

### BİNOMİAL ADI

*Xiphias gladius*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu



\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır



## *Zeus faber*

Dülger  
John dory

### YAŞAM ALANI

- Bento-pelajik
- Oseanodrom
- Acı ve tuzlu sulara yaşarlar
- 5-400 m derinlik aralığında bulunurlar
- Ilıman

### MORFOLOJİK KARAKTERLER

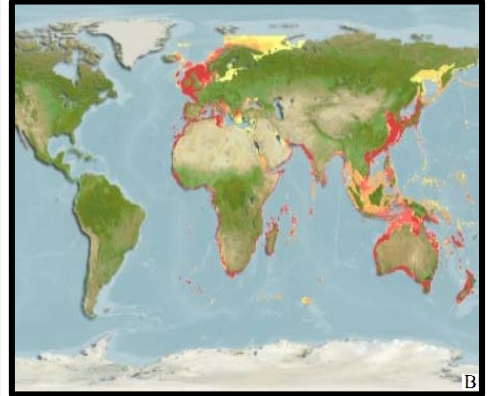
- Dorsal yüzgeç sert ışın sayısı: 9-11
- Dorsal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 22-24
- Anal yüzgeç sert ışın sayısı: 4
- Anal yüzgeç yumuşak ışın sayısı: 20-23
- Solungaç dikenleri gelişmemiştir
- Küçük pulları vardır
- Vücut çok sıkıdır
- Vücudun her iki tarafında halka şeklinde koyu lekeler vardır

### BİYOLOJİSİ

- Temel olarak kemikli balık sürüleriyle, bazen de kafadan bacaklılar ve kabuklularla beslenirler
- Üreme kuzeydoğu Atlantik'te kış sonu ve bahar başlangıcında, Akdeniz'de ise daha erkendir
- Yumurtaları pelajiktir
- Cinsel olgunluğa dört yaşlarında ulaşırlar

### EKONOMİK ÖNEMİ

- Ticari avcılığı ve sportif balıkçılığı yapılmaktadır



### BİLİMSEL SINIFLANDIRMA

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Şube</b>	: Chordata
<b>Sınıf</b>	: Actinopterygii
<b>Takım</b>	: Zeiformes
<b>Familiya</b>	: Zeidae
<b>Cins</b>	: <i>Zeus</i>
<b>Tür</b>	: <i>Z. faber</i>

### BİNOMİAL ADI

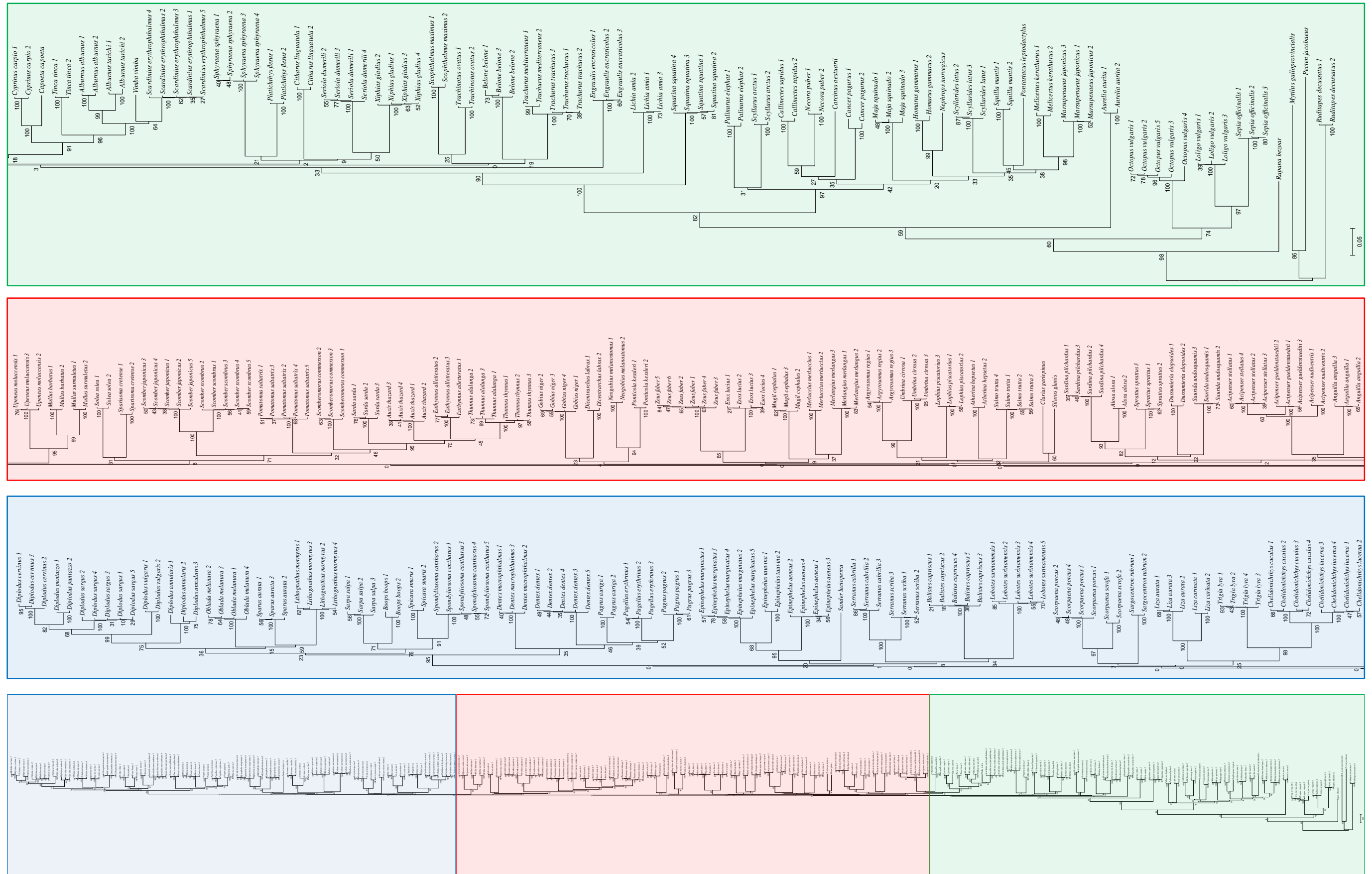
*Zeus faber*  
Linnaeus, 1758

### IUCN Kırmızı Liste Durumu

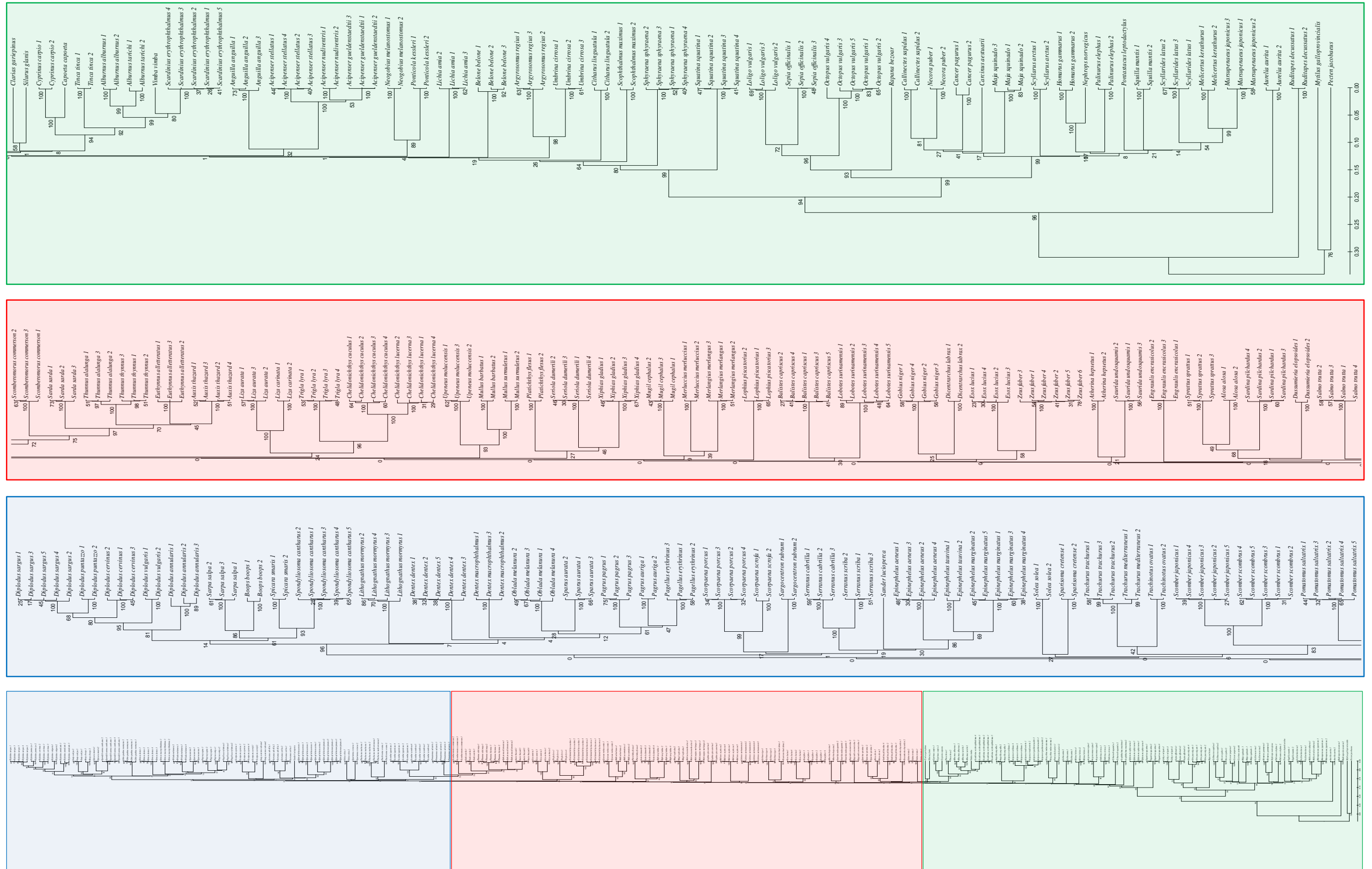


\*Bilgiler <sup>A,B</sup>FishBase <sup>221</sup> ve IUCN <sup>222</sup> den değiştirilerek alınmıştır

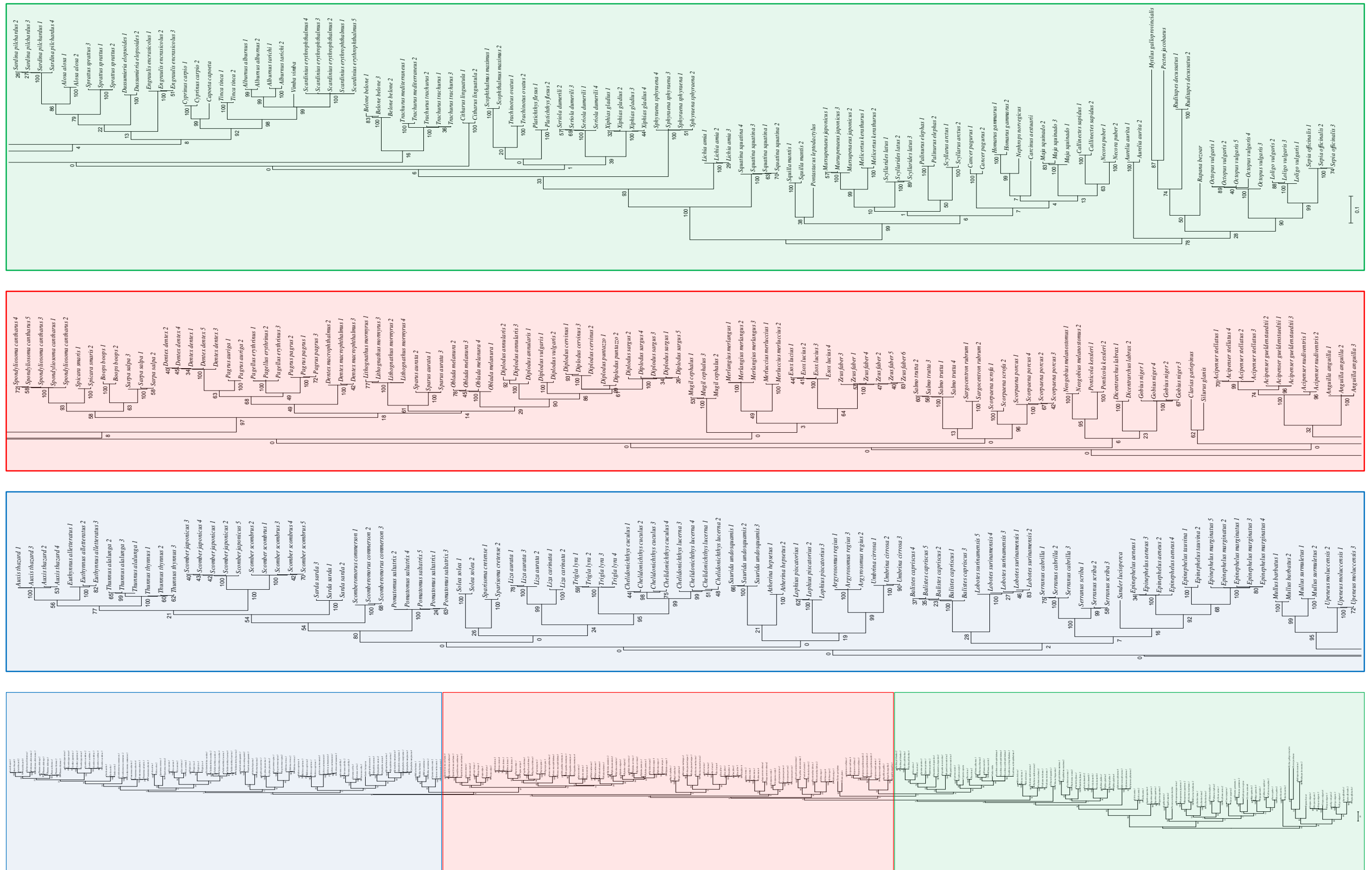
EK 115: ME yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç



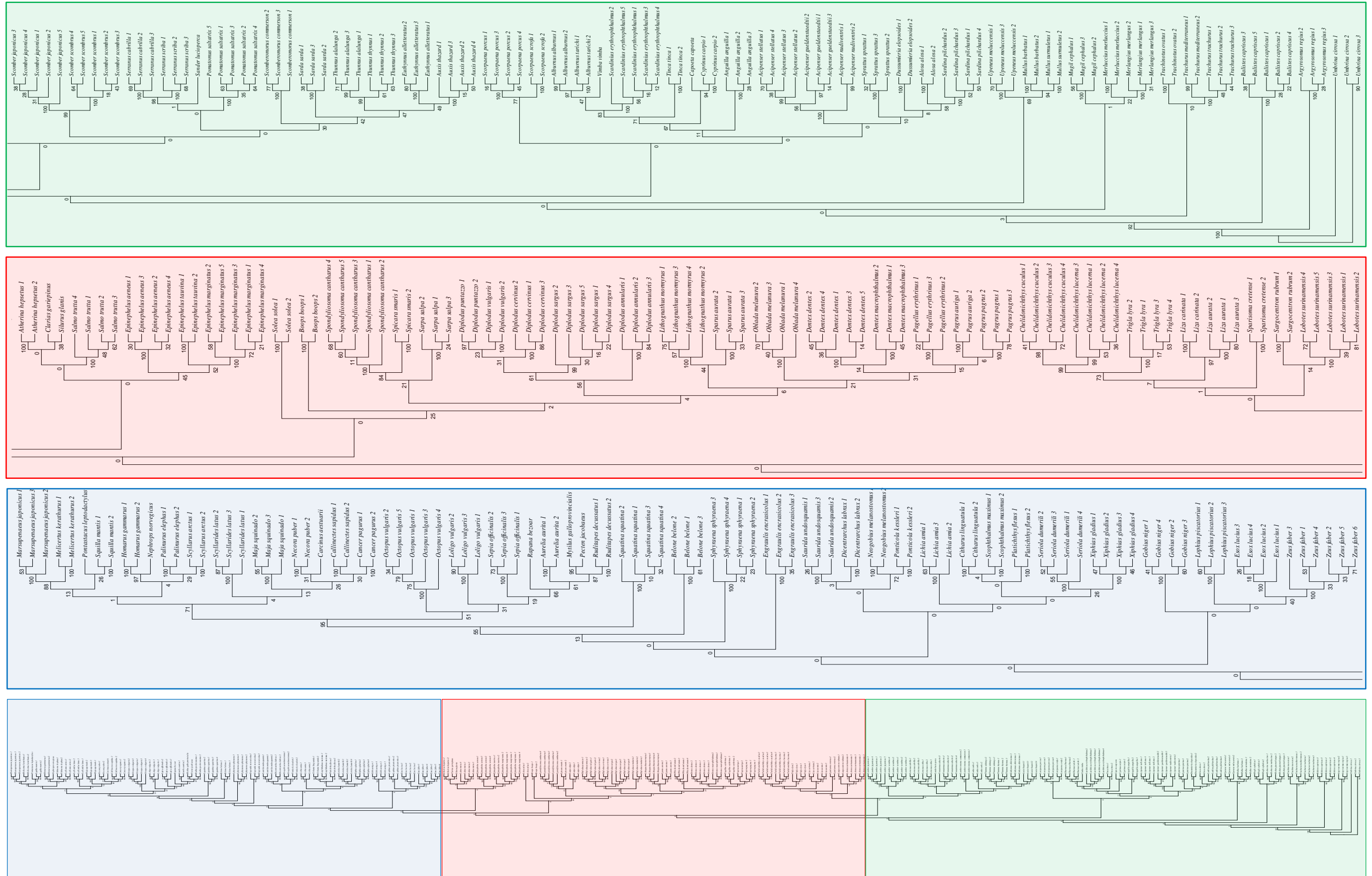
EK 116: UPGMA yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç



EK 117: ML yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç



EK 118: MP yöntemi ve K2P modeli kullanılarak çizilen ağaç





## ÖZGEÇMİŞ

**Adı Soyadı:** Emre Keskin

**Doğum Yeri:** Ankara

**Doğum Tarihi:** 30.06.1981

**Medeni Hali:** Bekar

**Yabancı Dili:** İngilizce

### Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

**Lise:** TED Ankara Koleji, 1998

**Lisans:** Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Hayvansal Üretim Programı, 2005

**Yüksek Lisans:** Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü, 2007

### İş Tecrübesi

**Kurumu:** Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Su Ürünleri Mühendisliği Bölümü

**Görevi:** Araştırma Görevlisi      **Yılları:** 2008-Devam ediyor

### Yayımlar

#### SCI'da Yer Alan Makaleler:

**Keskin E, Atar HH.** DNA Barcoding Commercially Important Fish Species of Turkey. *Molecular Ecology Resources*. 2013. doi: 10.1111/1755-0998.12120.

**Keskin E, Hayretdağ S, Çiçek K, Ayaz D, Tok CV.** Genetic Structuring of *Anguis fragilis* (L., 1758) inhabiting in the North of 40° North Latitude in Turkey. *Mitochondrial DNA*. 2013. doi:10.3109/19401736.2013.770492.

**Keskin E, Atar HH.** DNA Barcoding Commercially Important Aquatic Invertebrates of Turkey. *Mitochondrial DNA*. 2013. doi:10.3109/19401736.2012.762576.

**Keskin E, Agdamar S, Tarkan AS.** 2012.DNA Barcoding Common Non-Native Freshwater Fish Species in Turkey: Low Genetic Diversity but High Population Structuring. *Mitochondrial DNA*. 2012. doi: 10.3109/19401736.2012.748041.

**Keskin E, Atar HH.** Molecular Identification of Fish Species from Surimi Based Products Labeled as Alaska Pollock. *Journal of Applied Ichthyology*. 2012;28:811-814.

- Keskin E**, Atar HH. Genetic Structuring of European Anchovy (*Engraulis encrasicolus*) Populations through Mitochondrial DNA Sequences. *Mitochondrial DNA*. 2012;23(2):62-69.
- Keskin E**, Atar HH. Genetic divergence of *Octopus vulgaris* species in the eastern Mediterranean. *Biochemical Systematics and Ecology*. 2011;39:277-282.
- Keskin E**, Can A. Phylogenetic relationships among four species and a sub-species of Mullidae based on mitochondrial cytochrome b, 12S rRNA and cytochrome oxidase II genes. *Biochemical Systematics and Ecology*. 2009;37:653-661.

#### **Hakemli Dergilerde Yer Alan Makaleler:**

- Keskin E**, Atar HH. DNA Barkodlama: Mitokondriyal COI Geni Kullanılarak Moleküler Tanımlama. *Turkish Journal of Scientific Reviews*. 2013;6(2):01-08.
- Keskin E**, Atar HH. Türkiye'nin Akdeniz Kıyısındaki Mavi Yengeç (*Callinectes Sapidus*) Populasyonları Arasındaki Genetik Farklılığın COI Gen Dizileri Kullanılarak Değerlendirilmesi. *Fisheries Sciences*. 2012;6(2):125-131.
- Keskin E**, Atar HH. İşlenmiş Kalamar Ürünlerinde Sitokrom Oksidaz I Gen Dizileri Kullanılarak Tür Tayini. *Gıda*. 2011;36(6):343-348.
- Keskin E**, Atar HH. Lessepsiye Biyoistilasının Genetik Değerlendirmesi. *Yunus Araştırma Bülteni*, 2011;2011(2):7-14.
- Keskin E**, Atar HH. Su Ürünleri Yetiştiriciliği Doğal Balık Stokları İlişkisi. *Ziraat Mühendisliği Dergisi*, 2011;356:4-9.
- Keskin E**, Alçıçek Z. Denizlerdeki Tehlike: Biyo-istila. *Ziraat Mühendisliği Dergisi*. 2008;350:24-27.
- Alçıçek Z, **Keskin E**. Yunuslar. *Ziraat Mühendisliği Dergisi*. 2008;350:54-56.

#### **Uluslararası Kongrelerde Sunulan Bildiriler:**

- Genç E, **Keskin E**. *Philometra lateolabracis* (Nematoda: Philometridae) in *Epinephelus costae* (Osteichthyes, Serranidae): First Molecular Identification of the Histozoic Parasite from Iskenderun Bay, Northeast Mediterranean Sea. *Aqua 2012 Global Aquaculture Conference*, 01-05 September 2012, Prague, Czech Republic.
- Keskin E**, Atar HH. DNA barcoding approach in diversification of species from genus *Loligo*. *European Biotechnology Congress*, 28 September-01 October 2011, İstanbul, Turkey.
- Ağdamar S, **Keskin E**, Tarkan AS. The Genetic Characterization of Common Non-Native Species in Turkey. *The Fisheries Society of the British Isles 2011 Annual International Conference, Fish Diversity and Conservation: Current state of knowledge*, 18-22 July 2011, Bournemouth, United Kingdom.



- Keskin E**, Ağdamar S, Tarkan AN. Identifying non-native fish species (*Carassius auratus* and *Carassius gibelio*) from Turkish inland waters through mitochondrial genes. *The Fisheries Society of the British Isles 2011 Annual International Conference, Fish Diversity and Conservation: Current state of knowledge*, 18-22 July 2011, Bournemouth, United Kingdom.
- Keskin E**, Atar HH. DNA Barcoding in Identification of Raw and Smoked Salmonid Products. V. *International Conference Aquaculture & Fishery*, 01-03 June 2011, Belgrade, Serbia.
- Keskin E**, Atar HH. Phylogenetic Relationship Among Intensively Farmed Carp Species Through DNA Barcodes. V. *International Conference Aquaculture & Fishery*, 01-03 June 2011, Belgrade, Serbia.
- Keskin E**, Atar HH. Identification of Processed Seafood Through Mitochondrial DNA Sequences: Canned Tuna Case. *The International Congress on Bioinformatics and Biomics*, 18-22 May 2011, Kuşadası, Turkey.
- Keskin E**, Atar HH. Complete Sequence of Mosquitofish (*Gambusia affinis*) Mitochondrial Genome. *The International Congress on Bioinformatics and Biomics*, 18-22 May 2011, Kuşadası, Turkey.
- Keskin E**. DNA Barcoding *Charybdis hellerii*: An Invasive Crustacean from Mediterranean Sea. *New Approaches for Assessing the Impacts of Non-native Freshwater Fishes in the Mediterranean Region Workshop*, 26-29 October 2010, Muğla, Turkey.
- Keskin E**. Comparison of fish tissue storage methods for DNA extraction in phylogenetic studies. *Evolutionary Genomics, MolPhy-2, International Molecular Phylogenetics Symposium*, 18-21 May 2010, Moscow, Russia.
- Keskin E**, Atar HH, Can A. Phylogenetic relationship among Mullidae species in Turkish ichthyofauna. *13th International Biotechnology Symposium & Exhibition*, 12-17 October 2008, Dalian, China.
- Yavuzcan H, **Keskin E**. Could the plasma electrolytes in sea bream (*Sparus aurata*) and sea bass (*Dicentrarchus labrax*) be welfare indicators? *COST 867 Wellfish Meeting*, 15-17 April 2008, Krakow, Poland.

#### **Ulusal Kongrelerde Sunulan Bildiriler:**

- Keskin E**, Demir N, Fakıoğlu Ö, Balcı EÖ. Sucul Makrofitlerden *Stuckenia pectinata* Türünün Genetik Karakterizasyonu. 5. *Ulusal Limnoloji Sempozyumu*, 27-29 Ağustos 2012, Isparta.
- Keskin E**, Atar HH. DNA Barcoding the Scyphozoa. *Denizel Biyoteknoloji ve Genomik Çalıştayı*, 24-25 Mayıs 2012, Bodrum (Tam Metin).
- Bekcan S, **Keskin E**, Doğanakaya L. Genetic Variation between Wild and Cultured Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*) Populations in Turkish Marine Waters. *Denizel Biyoteknoloji ve Genomik Çalıştayı*, 24-25 Mayıs 2012, Bodrum (Tam Metin).

- Keskin E.** Mezgit Balığının (*Merlangius merlangus*) Mide İçeriğindeki Türlerin DNA Borkadlama Kullanılarak Moleküler Tayini. 16. *Ulusal Su Ürünleri Sempozyumu*, 25-27 Ekim 2011, Antalya.
- Ağdamar S, **Keskin E**, Tarkan AS. Muğla Yöresinde Yaygın Olarak Dağılım Gösteren İstilacı Tatlısu Balıklarının Genetik Karakterizasyonu. 16. *Ulusal Su Ürünleri Sempozyumu*, 25-27 Ekim 2011, Antalya.
- Keskin E.** Türkiye Sularında Görülen Lamniformes Takımına ait Köpekbalığı Türlerinin Tanımlanmasında DNA Barkodlarının Kullanımı. 16. *Ulusal Su Ürünleri Sempozyumu*, 25-27 Ekim 2011, Antalya.
- Keskin E**, Atar HH. *Engraulis* Cinsine Ait Altı Türün Filogenetik İlişkilerinin Ortaya Koyulmasında DNA Barkodlarından Yararlanılması. 1. *Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi*, 26-29 Ekim 2010, Antalya.
- Keskin E.** Determining phylogenetic relationship among species of Scombridae family from Turkish ichthyofauna using DNA barcodes. 20. *Ulusal Biyoloji Kongresi*, 21-25 Haziran 2010, Denizli.
- Ünal EM, **Keskin E.** *Oncorhynchus*, *Salmo* ve *Salvelinus* Cinsine (Salmonidae) ait Bazı Türlerin Mitokondriyal ATPaz8 ve ATPaz6 Genlerinden Yararlanılarak Filogenetik İlişkilerinin Ortaya Koyulması. 2. *Ulusal Alabalık Sempozyumu*, 06-08 Temmuz 2010, Karaman.
- Keskin E**, Atar HH. Salmoninae Alt Familyasından Üç Ana Cinsine ait *Salmonidae* Türlerinin Mitokondriyal DNA Filogenisi. 2. *Ulusal Alabalık Sempozyumu*, 06-08 Temmuz 2010, Karaman.
- Keskin E.** Zehirli balık türlerinin tespitinde filogenetik ilişkilerinden yararlanılması. 1. *Ulusal Toksikoloji Kongresi*, 28-30 Mayıs 2010, Erzurum.
- Keskin E.** Türkiye'ye Endemik ve Tehlike Altındaki Sazan Türlerinin Filogenetik İlişkilerinin Mitokondriyal Sitokrom B Geninden Yararlanılarak İncelenmesi. 4. *Ulusal Limnoloji Sempozyumu*, 04-06 Ağustos 2010, Bolu.
- Keskin E.** Türkiye'deki Potamogeton Cinsine ait Bazı Türlerin Filogenetik İlişkilerinin DNA Dizi Analizi ile İncelenmesi. 4. *Ulusal Limnoloji Sempozyumu*, 04-06 Ağustos 2010, Bolu (**En İyi Sunum Ödülü**).
- Seçer S, Korkmaz AŞ, Dinçer C, Atar HH, Seçer FS, **Keskin E.** Türkiye'de Sürdürülebilir Su Ürünleri Avcılığı. *Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi*, 11-15 Ocak 2010, Ankara (Tam Metin).
- Keskin E.** Türkiye'de bulunan Serranidae familyasına ait türlerin filogenetik ilişkilerinin belirlenmesinde mitokondriyal sitokrom b gen dizilerinin kullanılması. XVI. *Ulusal Biyoteknoloji Kongresi*, 13-16 Aralık 2009, Antalya.
- Keskin E**, San NO. Tuz Gölünden izole edilen halofilik bakteri türlerinin filogenetik analizi. XVI. *Ulusal Biyoteknoloji Kongresi*, 13-16 Aralık 2009, Antalya.
- Keskin E.** Balık genomlarının evrimi. IX. *Ulusal Ekoloji ve Çevre Kongresi*, 7-10 Ekim 2009, Nevşehir.

- Keskin E.** Türkiye ihtiyofaunasındaki Acipenseridae biyoçeşitliliğinin filogenetik analizi. *IX. Ulusal Ekoloji ve Çevre Kongresi*, 7-10 Ekim 2009, Nevşehir.
- Keskin E,** Atar HH. Türkiye'nin Endemik Türü İnci Kefali'nin Filogenetik Analizi ve Sazansılar (Cypriniformes) Takımındaki Yeri. *15. Ulusal Su Ürünleri Sempozyumu*, 01-04 Temmuz 2009, Rize.
- Atar HH, Bekcan S, **Keskin E.** Sibiryada Mersin Balığı (*Acipenser baeri*) Yetiştiriciliğinde Kuluçka ve Yavru Üretim Tekniklerinin Geliştirilmesi. *Ulusal Mersin Balığı Çalıştayı*, 30-31 Ekim 2008, Samsun.
- Yavuzcan H, Meriç İ, Ergönül B, **Keskin E.** Gökkuşığı Alabalıklarında (*Oncorhynchus mykiss*) Bazı Kan Parametrelerinin Referans Değerleri. *Ulusal Alabalık Sempozyumu*, 14-16 Ekim 2008, Isparta.

## TEZDEN ÜRETİLEN YAYINLAR

**Keskin E**, Atar HH. DNA Barcoding Commercially Important Fish Species of Turkey. *Molecular Ecology Resources*. 2013. doi: 10.1111/1755-0998.12120.

**Keskin E**, Atar HH. DNA Barcoding Commercially Important Aquatic Invertebrates of Turkey. *Mitochondrial DNA*. 2013. doi: 10.3109/19401736.2012.762576.

**Keskin E**, Atar HH. DNA Barkodlama: Mitokondriyal COI Geni Kullanılarak Moleküler Tanımlama. *Turkish Journal of Scientific Reviews*. 2013.;6(2):01-08.

# DNA barcoding commercially important fish species of Turkey

EMRE KESKİN\*† and HASAN H. ATAR†

\*Biotechnology Institute, Ankara University, Beşevler, 06110 Ankara Turkey, †Department of Fisheries and Aquaculture, Agricultural Faculty, Ankara University, Dışkapı, 06110 Ankara Turkey

## Abstract

DNA barcoding was used in the identification of 89 commercially important freshwater and marine fish species found in Turkish ichthyofauna. A total of 1765 DNA barcodes using a 654-bp-long fragment of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I gene were generated for 89 commercially important freshwater and marine fish species found in Turkish ichthyofauna. These species belong to 70 genera, 40 families and 19 orders from class Actinopterygii, and all were associated with a distinct DNA barcode. Nine and 12 of the COI barcode clusters represent the first species records submitted to the BOLD and GenBank databases, respectively. All COI barcodes (except sequences of first species records) were matched with reference sequences of expected species, according to morphological identification. Average nucleotide frequencies of the data set were calculated as  $T = 29.7\%$ ,  $C = 28.2\%$ ,  $A = 23.6\%$  and  $G = 18.6\%$ . Average pairwise genetic distance among individuals were estimated as 0.32%, 9.62%, 17.90% and 22.40% for conspecific, congeneric, confamilial and within order, respectively. Kimura 2-parameter genetic distance values were found to increase with taxonomic level. For most of the species analysed in our data set, there is a barcoding gap, and an overlap in the barcoding gap exists for only two genera. Neighbour-joining trees were drawn based on DNA barcodes and all the specimens clustered in agreement with their taxonomic classification at species level. Results of this study supported DNA barcoding as an efficient molecular tool for a better monitoring, conservation and management of fisheries.

**Keywords:** barcoding, *Cytochrome oxidase I*, freshwater fish, marine fish, mitochondrial DNA

Received 24 September 2012; revision received 10 April 2013; accepted 11 April 2013

## Introduction

Fishes are the largest vertebrate group comprising more than 30 000 species (Eschmeyer *et al.* 2010). Besides their importance in biodiversity, they also have a major impact on the economy of many nations through fisheries, providing a significant amount of world food supply. To provide sustainability, better control and management of fisheries should be implemented. Identification of fish species still stands high as one of the most basic but important issues in fisheries management. Today, many fish species are put on the market with their common names, and these names vary among regions, even within regions.

A total of 248 freshwater and 434 marine fish species have been reported in Turkey (Fricke *et al.* 2007). Among these, 17 freshwater species and 65 marine species were evaluated as commercially important major fish species according to the Ministry of Food, Agriculture and

Livestock, comprising 653 080 tons of production in which 167 141 tons was from aquaculture and 485 939 tons from capture fisheries. Fisheries industry provides an export income of 395.341.929 US\$ in 2011 (Celik *et al.* 2012), which represents the leading animal product.

Conservation and monitoring of fish biodiversity depends on incisive determination and the identification of species (Dayrat 2005). Today it is becoming more important as the influence of mankind on nature through environmental disturbances, and climate change has resulted in deterioration of many ecosystems, causing extinction of various species (Triantafyllidis *et al.* 2011). The Food and Agriculture Organization (FAO) has considered species identification as a major fisheries issue since 1960s. Data and reports gathered from FAO show that approximately 35% of the fisheries catch failed to be identified into species (Lleonart *et al.* 2006), although this level varies across regions. Identification of fish species and taxonomic knowledge is also highly variable among taxa and regions of the world. Some regions provide greater attention to taxonomic research and catch record,

Correspondence: Emre Keskin, Fax: +903123185298;  
E-mail: keskin@ankara.edu.tr

thus providing solid fisheries statistics for a healthy management and conservation policy.

Exact and reliable identification of fish species is important in many aspects, such as detection of fraudulent substitution in processed seafood (to increase profit or hide illegal catches) (Keskin & Atar 2012a), monitoring fisheries landings for stock assessment and management (Hanner *et al.* 2011), identifying species in early life stages (Victor *et al.* 2009) and for scientific purposes (Yancy *et al.* 2008). Identification of fish species has been carried out mostly by examination of morphometric and meristic characters of specimens (Strauss & Bond 1990). However, it is not always possible to identify a specimen through its morphological features, as they may not be available (as specimens may have already been processed) or not developed yet (like fish egg or larvae) (Hanner *et al.* 2011).

To implement such conservation and management effort, a quick, efficient and affordable method to identify fish species is essential; especially in such cases where it is impossible to use morphological characteristics of the specimen, molecular-level indicators like DNA may serve as unique markers to identify specimens to species level (Arnot *et al.* 1993; Floyd *et al.* 2002).

Recently, DNA barcoding has risen as a fast and reliable molecular tool for species identification. It consists of using a small portion of mitochondrial DNA from a standard agreed-upon position in the genome that can be searched and compared with sequences deposited in databases such as NCBI GenBank and BOLD. Approximately 655-bp-long fragment from the 5' region of

mitochondrial *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) gene was proposed as the standard region for DNA barcoding of animal species (Hebert *et al.* 2003a,b; Hajibabaei *et al.* 2007). One of the most important features that DNA barcoding offers is the use of same primer pairs for species from a wide taxonomic range (Roe & Sperling 2007). A good barcode is expected to exhibit a greater interspecific distance than intraspecific variation (Hebert *et al.* 2003a,b; Hajibabaei *et al.* 2007) and a pattern generally known as 'barcode gap' (Meyer & Paulay 2005). Such a global molecular identification tool that is easily applicable to most animal species will provide a simple solution for identification of fish species to develop better management and conservation policies (Lakra *et al.* 2011).

In this study, we used DNA barcoding in the identification of most of the important commercial fish species, both from freshwater and marine environments. This is the first study where DNA barcoding approach was applied to 89 species from Black Sea, Marmara Sea, Aegean Sea and Mediterranean Sea. DNA barcode records generated in this study will be available to researchers for monitoring and conservation of fish diversity in this region.

## Materials and methods

### Sampling

Sampling of 89 commercially important fish species was made from 2006 to 2011 from 26 sites around Turkey (Fig. 1, Table 1). Each species was represented with 20



Fig. 1 Sampling locations (location names were given in Table 1).

Table 1 Species, their sampling stations, station numbers and coordinates

Species	Order	Family	Station		Name	Coordinate	Accession no. GenBank	BOLD
			No.	No.				
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Acipenseriformes	Acipenseridae	1		Kızılırmak River	41°42'55"N 35°56'48"E	KC500088-500102	DNATR115-129
<i>Acipenser nuidventris</i>	Acipenseriformes	Acipenseridae	1		Kızılırmak River	41°42'55"N 35°56'48"E	KC500103-500118*	DNATR130-144
<i>Acipenser stellatus</i>	Acipenseriformes	Acipenseridae	1		Kızılırmak River	41°42'55"N 35°56'48"E	KC500119-500132	DNATR145-159
<i>Alburnus alburnus</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	2		Lake İznik	40°25'56"N 29°30'12"E	KC500133-500152	DNATR160-179
<i>Alburnus tarichi</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	3		Lake Van	38°36'34"N 42°41'44"E	KC500153-500172	DNATR180-199
<i>Alosa alosa</i>	Clupeiformes	Clupeidae	4		Sinop	41°48'17"N 35°24'54"E	KC500173-500192	DNATR200-219
<i>Anguilla anguilla</i>	Anguilliformes	Anguillidae	5		Asi River	36°03'14"N 35°58'15"E	KC500193-500212	DNATR220-239
<i>Argyrosomus regius</i>	Perciformes	Sciaenidae	6		Yumurtalık	36°44'18"N 35°43'55"E	KC500213-500232	DNATR240-259
<i>Atherina hepsetus</i>	Atheriniformes	Atherinidae	8		Edremit Bay	39°28'34"N 26°41'12"E	KC500253-500272	DNATR280-299
<i>Auxis thazard</i>	Perciformes	Scombridae	9		Izmir Bay	38°37'29"N 26°39'11"E	KC500273-500292	DNATR300-319
<i>Balistes capricornis</i>	Tetraodontiformes	Balistidae	10		Mersin Bay	36°37'58"N 34°36'12"E	KC500293-500312	DNATR320-339
<i>Belone belone</i>	Belontiiformes	Belontiidae	4		Sinop	41°48'17"N 35°24'54"E	KC500313-500332	DNATR340-359
<i>Boops boops</i>	Perciformes	Sparidae	8		Edremit Bay	39°28'34"N 26°41'12"E	KC500333-500352	DNATR360-379
<i>Capoeta capoeta</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	11		Karasu River	38°35'42"N 43°13'52"E	KC500353-500372	DNATR380-399
<i>Chelidonichthys cuculus</i>	Scorpaeniformes	Triglidae	7		Karataş	36°32'58"N 35°27'41"E	KC500233-500252	DNATR260-279
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	Scorpaeniformes	Triglidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500373-500392	DNATR400-419
<i>Citharus linguatula</i>	Pleuronectiformes	Citharidae	8		Edremit Bay	39°28'34"N 26°41'12"E	KC500393-500412	DNATR420-439
<i>Clarias gariepinus</i>	Siluriformes	Clariidae	13		Köprüçay River	36°50'05"N 31°10'41"E	KC500413-500432	DNATR440-459
<i>Cyprinus carpio</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	14		Lake Beyşehir	37°44'35"N 31°32'45"E	KC500433-500452	DNATR460-479
<i>Dentex dentex</i>	Perciformes	Sparidae	9		Izmir Bay	38°37'29"N 26°39'11"E	KC500453-500472	DNATR480-499
<i>Dentex macrophthalmus</i>	Perciformes	Sparidae	15		Antalya Bay	36°35'00"N 30°46'24"E	KC500473-500492	DNATR500-519
<i>Diplodus annularis</i>	Perciformes	Sparidae	9		Izmir Bay	38°37'29"N 26°39'11"E	KC500513-500532	DNATR540-559
<i>Diplodus cervinus</i>	Perciformes	Sparidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500533-500552	DNATR560-579
<i>Diplodus puntazzo</i>	Perciformes	Sparidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500553-500572	DNATR580-599
<i>Diplodus sargus</i>	Perciformes	Sparidae	6		Yumurtalık	36°44'18"N 35°43'55"E	KC500573-500592	DNATR600-619
<i>Diplodus vulgaris</i>	Perciformes	Sparidae	6		Yumurtalık	36°44'18"N 35°43'55"E	KC500593-500612	DNATR620-639
<i>Dussumieria elopsoides</i>	Clupeiformes	Clupeidae	10		Mersin Bay	36°37'58"N 34°36'12"E	KC500613-500632	DNATR640-659
<i>Engraulis encrasicolus</i>	Clupeiformes	Engraulidae	4		Sinop	41°48'17"N 35°24'54"E	KC500633-500652	DNATR660-679
<i>Epinephelus aeneus</i>	Perciformes	Serranidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500653-500672	DNATR680-699
<i>Epinephelus marginatus</i>	Perciformes	Serranidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500673-500692	DNATR700-719
<i>Epinephelus taurina</i>	Perciformes	Serranidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500693-500712	DNATR720-739
<i>Esox lucius</i>	Esociformes	Esocidae	16		Işıkli Dam Lake	38°14'19"N 29°55'35"E	KC500713-500732	DNATR740-759
<i>Euthynnus alletteratus</i>	Perciformes	Scombridae	17		Fethiye	36°34'42"N 28°56'14"E	KC500733-500752	DNATR760-779
<i>Gobius niger</i>	Perciformes	Gobiidae	6		Yumurtalık	36°44'18"N 35°43'55"E	KC500753-500772	DNATR780-799
<i>Lithognathus mormyrus</i>	Perciformes	Sparidae	6		Yumurtalık	36°44'18"N 35°43'55"E	KC500793-500812	DNATR820-839
<i>Liza aurata</i>	Mugiliformes	Mugilidae	9		Izmir Bay	38°37'29"N 26°39'11"E	KC500813-500832	DNATR840-859
<i>Liza carinata</i>	Mugiliformes	Mugilidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500833-500852	DNATR860-879
<i>Lobotes surinamensis</i>	Perciformes	Lobotidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC500853-500872	DNATR880-899
<i>Lophius piscatorius</i>	Lophiiformes	Lophiidae	18		Marmara Sea	40°44'12"N 28°14'15"E	KC500873-500892	DNATR900-919

Table 1 (Continued)

Species	Station			Coordinate	Accession no. GenBank	BOLD
	Order	Family	No.			
<i>Merlangius merlangus</i>	Gadiformes	Gadidae	4	Sinop	KC500893-500912	DNATR920-939
<i>Merluccius merluccius</i>	Gadiformes	Merlucciidae	9	Izmir Bay	KC500913-500932	DNATR940-959
<i>Mugil cephalus</i>	Mugiliformes	Mugilidae	6	Yumurtalık	KC500933-500952	DNATR960-979
<i>Mullus barbatus</i>	Perciformes	Mullidae	10	Mersin Bay	KC500953-500972	DNATR980-999
<i>Mullus surmuletus</i>	Perciformes	Mullidae	15	Antalya Bay	KC500973-500992	DNATR1000-1019
<i>Neogobius melanostomus</i>	Perciformes	Gobiidae	4	Sinop	KC500993-501012	DNATR1020-1039
<i>Oblada melanura</i>	Perciformes	Sparidae	15	Antalya Bay	KC501013-501032	DNATR1040-1059
<i>Pagellus erythrinus</i>	Perciformes	Sparidae	9	Izmir Bay	KC501033-501052	DNATR1060-1079
<i>Pagrus auriga</i>	Perciformes	Sparidae	12	İskenderun Bay	KC501053-501072	DNATR1080-1099
<i>Pagrus pagrus</i>	Perciformes	Sparidae	9	Izmir Bay	KC501073-501092	DNATR1100-1119
<i>Platichthys flesus</i>	Pleuronectiformes	Pleuronectidae	20	Trabzon	KC501093-501112	DNATR1120-1139
<i>Pomatomus saltatrix</i>	Perciformes	Pomatomidae	18	Marmara Sea	KC501113-501132	DNATR1140-1159
<i>Ponticola kessleri</i>	Perciformes	Gobiidae	20	Trabzon	KC501133-501152	DNATR1160-1179
<i>Salmo trutta</i>	Salmoniformes	Salmonidae	21	Ceyhan River	KC501153-501172	DNATR1180-1199
<i>Sander lucioperca</i>	Perciformes	Percidae	19	Lake Eğirdir	KC501173-501192	DNATR1200-1219
<i>Sarda sarda</i>	Perciformes	Scombridae	18	Marmara Sea	KC501193-501212	DNATR1220-1239
<i>Sardina pilchardus</i>	Clupeiformes	Clupeidae	9	Izmir Bay	KC501213-501232	DNATR1240-1259
<i>Sargocentron rubrum</i>	Beryciformes	Holocentridae	12	İskenderun Bay	KC501233-501252	DNATR1260-1279
<i>Sarpa salpa</i>	Perciformes	Sparidae	9	Izmir Bay	KC501253-501272	DNATR1280-1299
<i>Saurida undasquamis</i>	Aulopiformes	Synodontidae	15	Antalya Bay	KC501273-501292	DNATR1300-1319
<i>Scardinia erythrophthalma</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	22	Lake Durusu	KC501293-501312	DNATR1320-1339
<i>Scomber japonicus</i>	Perciformes	Scombridae	18	Marmara Sea	KC501313-501332	DNATR1340-1359
<i>Scomber scombrus</i>	Perciformes	Scombridae	9	Izmir Bay	KC501333-501352	DNATR1360-1379
<i>Scomberomorus commerson</i>	Perciformes	Scombridae	7	Karataş	KC501353-501372	DNATR1380-1399
<i>Scophthalmus maximus</i>	Pleuronectiformes	Scophthalmidae	4	Sinop	KC501373-501392	DNATR1400-1419
<i>Scorpaena porcus</i>	Scorpaeniformes	Scorpaenidae	15	Antalya Bay	KC501393-501412	DNATR1420-1439
<i>Scorpaena scrofa</i>	Scorpaeniformes	Scorpaenidae	8	Edremit Bay	KC501413-501432	DNATR1440-1459
<i>Seriola dumerili</i>	Perciformes	Carangidae	12	İskenderun Bay	KC501433-501452	DNATR1460-1479
<i>Serranus cabrilla</i>	Perciformes	Serranidae	9	Izmir Bay	KC501453-501472	DNATR1480-1499
<i>Serranus scriba</i>	Perciformes	Serranidae	9	Izmir Bay	KC501473-501492	DNATR1500-1519
<i>Silurus glanis</i>	Siluriformes	Siluridae	23	Ceyhan River	KC501493-501512	DNATR1520-1539
<i>Solea solea</i>	Pleuronectiformes	Soleidae	9	Izmir Bay	KC501513-501532	DNATR1540-1559
<i>Sparisoma cretense</i>	Perciformes	Scaridae	15	Antalya Bay	KC501533-501552	DNATR1560-1579
<i>Sparus aurata</i>	Perciformes	Sparidae	9	Izmir Bay	KC501553-501572	DNATR1580-1599
<i>Sphyrna sphyraena</i>	Perciformes	Sphyrnaeidae	15	Antalya Bay	KC501573-501592	DNATR1600-1619
<i>Spicara smaris</i>	Perciformes	Centranchidae	8	Edremit Bay	KC501593-501612	DNATR1620-1639
<i>Spodilylosoma canthiarus</i>	Perciformes	Sparidae	9	Izmir Bay	KC501613-501632	DNATR1640-1659
<i>Sprattus sprattus</i>	Clupeiformes	Clupeidae	24	Samsun	KC501633-501652	DNATR1660-1679
<i>Thunnus alalunga</i>	Perciformes	Scombridae	17	Fethiye	KC501673-501692	DNATR1700-1719



Table 1 (Continued)

Species	Order	Family	Station		Name	Coordinate	Accession no. GenBank	BOLD
			No.	No.				
<i>Thunnus thynnus</i>	Perciformes	Scombridae	17		Fethiye	36°34'42"N 28°56'14"E	KC501693-501712	DNATRI720-1739
<i>Tinca tinca</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	25		Lake Kovada	37°38'08"N 30°52'56"E	KC501713-501732	DNATRI740-1759
<i>Trachinotus ovatus</i>	Perciformes	Carangidae	13		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC501733-501752	DNATRI760-1779
<i>Trachurus mediterraneus</i>	Perciformes	Carangidae	9		Izmir Bay	38°37'29"N 26°39'11"E	KC501753-501772	DNATRI780-1799
<i>Trachurus trachurus</i>	Perciformes	Carangidae	24		Samsun	41°29'31"N 36°25'11"E	KC501773-501792	DNATRI800-1819
<i>Trigla lyra</i>	Scorpaeniformes	Triglidae	15		Antalya Bay	36°35'00"N 30°46'24"E	KC501793-501812	DNATRI820-1839
<i>Umbrina cirrosa</i>	Perciformes	Sciaenidae	12		İskenderun Bay	36°36'30"N 35°55'33"E	KC501813-501832	DNATRI840-1859
<i>Upeneus moluccensis</i>	Perciformes	Mullidae	10		Mersin Bay	36°37'58"N 34°36'12"E	KC501833-501852	DNATRI860-1879
<i>Vimba vimba</i>	Cypriniformes	Cyprinidae	26		Lake Sapanca	40°43'14"N 30°17'41"E	KC501853-501872	DNATRI880-1899
<i>Xiphias gladius</i>	Perciformes	Xiphiidae	17		Fethiye	36°34'42"N 28°56'14"E	KC501873-501892	DNATRI900-1919
<i>Zeus faber</i>	Zeiformes	Zeidae	10		Mersin Bay	36°37'58"N 34°36'12"E	KC501893-501912	DNATRI920-1939

\*GenBank accession number KC500105 was assigned to *Acipenser stellatus* (DNATRI45).

specimens, except for three species from Acipenseridae wherein only 15 specimens were collected per species. Samples were collected with the help of local commercial trawlers and local fishermen using push nets or gill nets. Major fish markets (Ankara, Antalya, İstanbul, İskenderun, İzmir, Mersin, Sinop and Trabzon) were also visited for specimen collection. Morphological identification of the specimens was performed according to fish identification keys of Whitehead (1986) and Food and Agriculture Organization (FAO) Species Identification Guide for Fishery Purposes (Fischer 1973). After morphological examination, muscle and liver tissue samples were dissected from each specimen and stored in 95% ethanol at -20 °C.

DNA isolation

DNA isolations were performed using Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit according to manufacturer's protocol, with minor modifications. Quality and quantity of extracted DNA was estimated using NanoDrop ND-1000 spectrophotometer, and DNA was diluted to a final concentration of 50 ng/μL.

PCR amplification and sequencing

DNA barcoding region, 654-bp-long fragment from the 5' region of the mitochondrial *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) gene, was amplified using universal fish barcoding primer pair Fish-F2 (5'-TCGACTAATCATAAAGA TATCGGGAC-3') and Fish-R2 (5'-ACTTCAGGGTGA CCGAAGAATCAGAA-3') (Ward *et al.* 2005). PCRs were conducted in 50-μL volumes, containing 4.5 μL of 10× Taq Buffer with KCl (100 mM Tris-HCl, 500 mM KCl, pH 8.8), 2.5 μL of MgCl<sub>2</sub> (25 mM), 1 μL of dNTPs (10 mM), 0.5 μL of each primer (10 pm/μL), 1.5 μL of Taq polymerase (5 U/μL) and 2 μL of DNA (50 ng/μL). Thermal cyclor parameters were set to 95 °C for 2 min for an initial denaturation step, followed by 35 cycles at 95 °C for 30 s, annealing at 54 °C for 30 s, 72 °C for 1 min and finally 72 °C for 10 min (Keskin & Atar 2012b). PCR products were checked for optimal fragment size using agarose gel (2%) electrophoresis. Purification of PCR products was conducted using Promega Wizard SV Genomic DNA Purification System, according to supplier's protocol. DNA sequencing was performed on a Beckman Coulter CEQ 8000 Genetic Analysis System using Beckman Coulter CEQ Dye Terminator Cycle Sequencing kit.

Data analyses

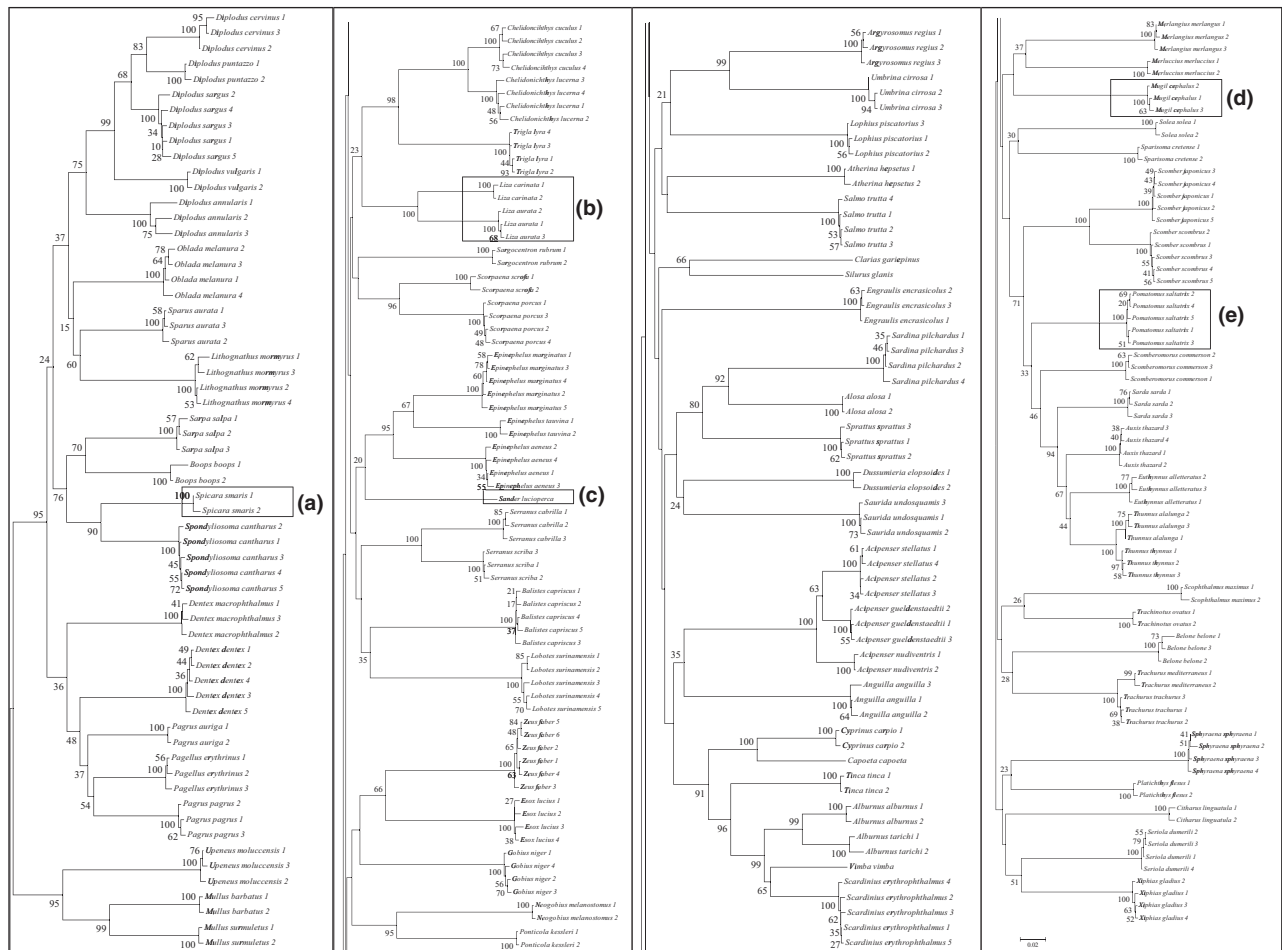
Nucleotide sequences were aligned using ClustalW (Thompson *et al.* 1994), MEGA 5 (Tamura *et al.* 2011) and

edited with Sequencher 5.0. Aligned sequences were compared with existing data and submitted to GenBank and BOLD (Table 1). Haplotypes were detected using DnaSP v5 (Librado & Rozas 2009). Nucleotide composition, nucleotide pair frequencies, transition/transversion bias, codon usage and Kimura 2-parameter (Kimura 1980) genetic distances were calculated using MEGA 5.0 software. TaxonDNA/SpeciesIdentifier v1.7.7 (Meier *et al.* 2006) was used to quantify the proportion of correctly identified queries according to Best Close Match (BCM), with a 3.0% threshold. Neighbour-joining (NJ) tree was constructed based on Kimura 2-parameter genetic distance on MEGA 5.0 with bootstrap tests of 1000 replicates to verify the robustness of the tree.

**Results**

A total of 1765 COI barcodes were generated representing 89 species, 70 genera, 40 families, 19 orders of the

Actinopterygii class. A total of 267 unique haplotypes (1–6 for each species) were present among 1765 COI barcodes. Specimens of only five species (*Capoeta capoeta*, *Clarias gariepinus*, *Sander lucioperca*, *Silurus glanis* and *Vimba vimba*) showed no intraspecific variation and clustered under a single haplotype of their own species. *Zeus faber* was found to be the species with the most haplotypes (6) in the data set. The number of specimens clustered under the same haplotype is indicated in Fig. 2. All the barcode sequences were trimmed to 654 bp. Codon usage analyses were conducted to detect any possible stop codons, but none was observed. Nucleotide composition analysis revealed the mean frequencies for the complete data set to be 29.70% for T, 28.16% for C, 23.56% for A and 18.57% for G. The highest percentage G-C at 51.99% was detected in *Merluccius merluccius*, while the lowest 39.14% was in *Belone belone*. Nucleotide pair frequency analysis of the complete data set resulted in conserved sites of 284 of 654 (43.43%) bp, variable sites



**Fig. 2** Neighbour-joining tree including all haplotypes of 89 species. NJ tree was divided into four parts from top to bottom and parts put in order from left to right. Number of individuals clustered under the same haplotype was given in parenthesis. Deviations explained in Results section were marked with a box: (a) *Spicara smaris*, (b) Mugilidae, (c) *Sander lucioperca*, (d) Mugilidae, (e) *Pomatomus saltatrix*.

of 370 of 654 (56.57%) bp, parsimony informative sites of 368 of 654 (56.27%) bp and singleton sites of 2 of 654 (0.31%) bp. The average number of identical pairs (ii) was 525 of which 205, 216 and 105 were found for first, second and third codon, respectively. Transitional pairs (si) were found to be higher (73) than transversional pairs (sv = 56). Both transitional and transversional pairs were highest at the third codon position (62 and 52 for si and sv, respectively). Ratio of si/sv (R) was 1.30 for the data set.

The Kimura 2-parameter distance model was used to infer genetic distances in terms of number of base substitution per site. Mean genetic distance was 0.32% within species, 9.62% and 17.90% between species of same genus and family, respectively, and 22.40% within order. Mean pairwise genetic distance was estimated as 0.232 among 1765 barcodes belonging to 89 fish species. Highest genetic distance was calculated between *Scophthalmus maximus*–*Sphyraena sphyraena* (0.327) and the lowest genetic distance (except intraspecific distances) was between *Thunnus alalunga*–*Thunnus thynnus* (0.012). Detailed information on mean genetic distances within taxonomic levels is shown in Table 2. When representative COI sequences for the 89 species were compared with existing data, 77 (87% of species) shared 99–100% identity with existing BOLD and GenBank database entries, 4 (4%) shared 97–98% and two shared < 97% similarity. The remaining 6 (7%) species (*Argyrosomus regius*, *Dentex dentex*, *Dentex macrophthalmus*, *Diplodus puntazzo*, *Scorpaena porcus* and *Umbrina cirrosa*) were not compared with existing entries as they were the first submissions for the species. Percentage of correct identifications according to 'Best Close Match' was calculated as 98.12%. No ambiguous or incorrect identifications were detected.

The NJ tree including 89 species with all haplotypes was given in Fig. 2. All the specimens of the same species were clustered together. No taxonomic deviation was detected at the species level. Only four species showed deviations at higher levels (genus and family). Although *Spicara smaris* is a member of Centracanthidae, specimens were clustered together (but under separate nodes) with species from Sparidae. Also *Sander lucioperca* (Percidae) clustered with species in Serranidae and *Pomatomus saltatrix* (Pomatomidae) clustered within Scombridae. In each of these three cases, they (*S. smaris*,

*S. lucioperca* and *P. saltatrix*) were clearly separated at the species level and clustered under the correct order (Perciformes); they were both single representatives of their families throughout the data set. Another deviation from expected was detected in Mugilidae. The genera *Mugil* and *Liza* were supposed to be clustered under the same family, but instead they formed two separate clusters on the NJ tree.

## Discussion

In this study, we successfully amplified a 654-bp-long sequence from 5' region of COI gene for 89 marine and freshwater fish species. The universal primer pair we used in this study was able to amplify the target region without any deletions or insertions. Also, no stop codons were found after translation of the nucleotide sequences. Lack of stop codons detected and comparison with reference sequences found in GenBank and BOLD database were used to confirm that our data set was free of numts, supporting the lack of evidence for their existence in Actinopterygii (Bensasson *et al.* 2001). The applicability of these primers to 89 marine and freshwater fish species is a significant indicator that DNA barcoding could be used as a global standard for identifying fish species.

Average G–C content of the data set was 46.74%, congruent with previous studies, such as Lakra *et al.* (2011) and Ward *et al.* (2005) who reported it as 47.1%. Comparing each specimen in the data set to reference sequences previously submitted to BOLD and GenBank database resulted in only two conflicts (intraspecific variation of > 3%). There is only one set of sequences ( $n = 10$ ) from an unpublished study to compare *Oblada melanura* sequences within the database. Sequences of this unpublished study were shorter than standard COI barcode size (592–624 bp) and have an intraspecific variation of 0.103–0.178 among specimens. The genetic distance was calculated as 0.081–0.143 between this data set and our *O. melanura* specimens. This level of high intraspecific genetic distance (8.1%) was probably a result of a misidentification in the data set we used for comparison, as an intrageneric distance of 12.5% was calculated for those sequences. We consider our identification more reliable as intraspecific variation in our *O. melanura* data

**Table 2** Mean Kimura 2-parameter genetic distance (%) within taxonomic levels

Taxonomic level	Number of comparisons	Minimum	Maximum	Average	Standard error
Conspecific	33 310	0.00	3.13	0.32	0.03
Congeneric	9875	1.24	17.03	9.62	0.04
Confamilial	72 000	5.28	24.91	17.90	0.07
Within order	390 000	10.60	32.10	22.40	0.06

set was calculated as 0.6% as expected and clustered with other species from Sparidae on the NJ tree.

Mean intraspecific genetic distance from 0.040 to 0.062 was calculated among our *Scorpaena scrofa* specimens and the data set ( $n = 6$ ) we gathered from BOLD database. Mean intraspecific genetic distance of 4% was considered high, but it is also valid among specimens of the data set gathered from the database that was calculated as 0.060. This slight deviation at the intragenic variation level could be specific to this species as they clustered together but separately with *S. porcus* from the same genus on the NJ tree as expected.

Mean intraspecific genetic distance was calculated as  $\leq 1\%$  in previous DNA barcoding studies: Rasmussen *et al.* (2009) found the intraspecific genetic distance between salmon and trout species of North America as 0.27% (0–1.95%); Hubert *et al.* (2008) found 0.30% (0–7.42%) for 194 fish species from Canada ichthyofauna; Ward *et al.* (2005) found 0.39% (0–14.08%) for 207 marine fish species from Australia; Yancy *et al.* (2008) found 0.99% for 72 commercially important fish species from United States of America; and Nwani *et al.* (2011) found 0.17% for freshwater fish species from Nigeria.

Mean genetic distance between congeneric species was found to be 30-fold greater than the conspecific individuals, which is higher than previous studies of Lakra *et al.* (2011) and Ward *et al.* (2005), who found the ratio to be 22 and 25.5, respectively. The divergence among congeneric species was found to be higher than conspecific individuals as expected. Consistent with previously published fish barcoding studies, pairwise genetic distance values were increasing at higher taxonomic levels. Kimura 2-parameter distance values of 0.32%, 9.62%, 17.90% and 22.40% were obtained for conspecific, congeneric, confamilial and within order. This increase in genetic distance through the higher taxonomic levels supports the significant change in genetic divergence at the species boundaries (Hubert *et al.* 2008; Lakra *et al.* 2011). When we compare our results with one of the most comprehensive review on fish DNA barcoding (Ward *et al.* 2009), it could be easily seen that the average genetic distances were similar. Ward *et al.* (2009) have barcoded 546 fish species belonging to 273 genera and generated 1677 unique COI barcodes with an average distance of 0.35% conspecific, 8.11% congeneric, 16.19% confamilial and 21.74% within order.

A maximum conspecific genetic distance of 0.031 (among *Diplodus annularis* specimens) was found in our data set. When we consider all the specimens from the species *D. annularis*, a mean genetic distance of 0.0187 was found among them. *D. annularis* was evaluated as the only species close to the 3% threshold, which has been cited as the genetic variation level to characterize different species (Hebert *et al.* 2003a,b).

Results of our study indicate that for the vast majority of the species analysed in our data set, the 'barcoding gap' (Meyer & Paulay 2005) was observed, and the mean intraspecific genetic distance was generally smaller than the mean interspecific genetic distance. According to our data set, overlap in the barcoding gap exists for only two genera. Congeneric genetic distance was low for *Trachurus* and *Thunnus* genera (0.015–0.025 and 0.012–0.022) and resulted in an overlap in conspecific and congeneric genetic distance. Other than these genera, the next lowest congeneric mean genetic distance was calculated as 0.041 (*Acipenser* genus), making the barcoding gap valid for the rest of the data set.

Ward (2009) indicated that at greater divergence ranges from 2%, probability of conspecificity is very low for fish species, whereas in the 2–4% range, congeneric comparisons predominate. If the divergence rate was considered more than 5%, probability of conspecificity becomes  $< 1\%$  and confamilial comparisons becomes more probable than the congeneric comparisons as the divergence increases. Our range of confamilial comparisons was calculated as 5.28% based on species in our data set.

Genetic relationship between species was shown in NJ tree. Each species was associated with a specific DNA barcode cluster, and the relationship among these species was clearly revealed. Closer species, in terms of genetic divergence, were clustered at the same nodes, and the distance between the terminal branches of the NJ tree widened as they got more distinct. When we examine the NJ tree, there is a clustering pattern that could be informative about phylogenetic relationships between conspecific, congeneric and confamilial levels. Ward *et al.* (2005) suggested that such information gathered from 655-bp fragment of a single mitochondrial gene could be used to plan a phylogenetic study, but is not suitable for deep phylogenetic resolution.

Four minor deviations were detected on the NJ tree when compared with current taxonomy of the species. *Spicara smaris* specimens were clustered separately but with specimens of Sparidae. While it is a deviation in family level, they were all species from Perciformes. This could be explained with the genetic distance between *S. smaris* specimens and specimens from Sparidae. We calculated a mean genetic distance of 0.168 between *S. smaris* and specimens from Sparidae, within threshold limits of confamilial species (17.9%) found in the data set. In addition to genetic distance, existence of no other species from the Centracanthidae in our data set resulted in clustering of *S. smaris* specimens under the genetically closest family of Perciformes. Similar explanation could be considered for *Sander lucioperca*, as it is the only species from Percidae and clustered separately, but under the same cluster with Serranidae that was the genetically

closest family to Percidae in the data set. Species under Perciformes showed a genetic distance of 0.179–0.303 with *S. lucioperca*, and the lowest genetic distance of 0.179 was detected with *Epinephelus marginatus* specimens. Also, this is valid for *Pomatomus saltatrix* as it clustered under Scombridae, which was the genetically closest family to Pomatomidae in the data set. Genetic distance between *P. saltatrix* and species other than scombrids resulted in a genetic distance range of 0.169–0.283, and mean genetic distance was calculated as 0.174 between *P. saltatrix* and scombrid species in the data set.

The only significant deviation at genus level was observed in Mugilidae as *Liza* and *Mugil* have clustered under two distinct clusters on the NJ tree. *Liza* species were clustered close to Triglidae, and *Mugil* species were clustered along with species from the Gadiformes. This could be a result of genetic distance relationships between *Mugil*, *Liza*, Gadiformes and Triglidae taxa. Mean genetic distance between *Mugil*–*Liza* and *Mugil*–Gadiformes was calculated as 0.215 and 0.221, respectively. But because the genetic distance between *Liza*–Triglidae was lower (0.210), *Liza* clustered together with Triglidae. This error was considered allowable in a data set including species from a wide range of taxa. Also the NJ tree was supposed to cluster species. A better resolution of phylogenetic relationship at different taxonomic levels was not the primary target of this COI barcoding study.

As a result, this study provides invaluable data suggesting the robustness of a DNA barcoding approach in the identification of commercially important freshwater and marine fish species of Turkey. Among 89 COI barcode clusters submitted to GenBank and BOLD databases, 12 of them were first records of the species in BOLD and 17 of them for GenBank. Also, 17 COI barcode clusters represent the first records of the species with a proper barcode length of > 648 bp. These public records will constitute a great reference for the future studies.

The NJ tree constructed in this study provides a well-matched classification with the current morphological taxonomy, with only minor discrepancies or potential misidentifications at taxonomic levels higher than species. Results clearly underline the efficiency of DNA barcoding in the identification of the fish fauna of Turkey and the Mediterranean Sea (including Aegean Sea, Marmara Sea and Black Sea). A better knowledge of the species identification supported by this approach could be used in enhancing monitoring, conservation and management of fisheries. This is the first DNA barcoding study targeting 89 commercially important species of Turkish ichthyofauna. We have already started further studies to catalogue every freshwater and marine fish species found in Turkey.

## References

- Arnot DE, Roper C, Bayoumi RAL (1993) Digital codes from hypervariable tandemly repeated DNA sequences in the Plasmodium falciparum circumsporozoite gene can genetically barcode isolates. *Molecular and Biochemical Parasitology*, **61**, 15–24.
- Bensasson D, Zhang D, Hart D, Hewitt G (2001) Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses. *Trends in Ecology & Evolution*, **16**, 314–321.
- Celik A, Metin I, Celik M (2012) Taking a photo of Turkish fishery sector: a swot analysis. *Procedia Social and Behavioral Sciences*, **58**, 1515–1524.
- Dayrat B (2005) Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, **85**, 407–415.
- Eschmeyer WN, Fricke R, Fong JD, Polack DA (2010) Marine fish diversity: history of knowledge and discovery (Pisces). *Zootaxa*, **2525**, 19–50.
- Fischer W (1973) *FAO Species Identification Sheets for Fishery Purposes Mediterranean and Black Sea (Fishing Area 37)*. FAO, Rome.
- Floyd R, Abebe E, Papert A, Blaxter M (2002) Molecular barcodes for soil nematode identification. *Molecular Ecology*, **11**, 839–850.
- Fricke R, Bilecenoglu M, Sari HM (2007) Annotated checklist of fish and lamprey species (Gnathostomata and Petromyzontomorpha) of Turkey, including a red list of threatened and declining species. *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde Serie A (Biologie)*, **706**, 1–174.
- Hajibabaei M, Singer GAC, Hebert PDN, Hickey DA (2007) DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*, **23**, 167–172.
- Hanner R, Floyd R, Bernard A, Collette BB, Shivji M (2011) DNA barcoding of billfishes. *Mitochondrial DNA*, **22**, 27–36.
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR (2003a) Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences*, **270**, 313–321.
- Hebert PDN, Ratnasingham S, Dewaard JR (2003b) Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences*, **270**, 96–99.
- Hubert N, Hanner R, Holm E *et al.* (2008) Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. *PLoS ONE*, **3**, 2490.
- Keskin E, Atar HH (2012a) Molecular identification of fish species from surimi based products labeled as Alaska Pollock. *Journal of Applied Ichthyology*, **28**, 811–814.
- Keskin E, Atar HH (2012b) Genetic structuring of European anchovy (*Engraulis encrasicolus*) populations through mitochondrial DNA sequences. *Mitochondrial DNA*, **23**, 62–69.
- Kimura M (1980) A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, **16**, 111–120.
- Lakra WS, Verma MS, Goswami M *et al.* (2011) DNA barcoding Indian marine fishes. *Molecular Ecology Resources*, **11**, 60–71.
- Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, **25**, 1451–1452.
- Leonart J, Taconet M, Lambouef M (2006) Integrating information on marine species identification for fishery purposes. *Marine Ecology Progress Series*, **316**, 231–238.
- Meier R, Kwong S, Vaidya G, Ng PKL (2006) DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*, **55**, 715–728.
- Meyer CP, Paulay G (2005) DNA barcoding: error rates based on comprehensive sampling. *PLoS Biology*, **3**, 2229–2238.
- Nwani CD, Becker S, Braid HE, Ude EF, Okogwu OI, Hanner R (2011) DNA barcoding discriminates freshwater fishes from southeastern Nigeria and provides river system-level phylogeographic resolution within some species. *Mitochondrial DNA*, **22**, 43–51.
- Rasmussen RS, Morrissey MT, Hebert PDN (2009) DNA barcoding of commercially important Salmon and Trout species (*Oncorhynchus* and *Salmo*) from North America. *Journal Of Agricultural And Food Chemistry*, **57**, 8379–8385.

- Roe AD, Sperling FAH (2007) Patterns of evolution of mitochondrial cytochrome c oxidase I and II DNA and implications for DNA barcoding. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **44**, 325–345.
- Strauss RE, Bond CE (1990) Taxonomic methods: morphology. In: *Methods for Fish Biology* (eds Schreck CB, Moyle PB), pp. 109–140. American Fisheries Society, Bethesda, MD.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S (2011) MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, **28**, 2731–2739.
- Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ (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**, 4673–4680.
- Triantafyllidis A, Bobori D, Koliamitra C *et al.* (2011) DNA barcoding analysis of fish species diversity in four north Greek lakes. *Mitochondrial DNA*, **21**, 1–6.
- Victor BC, Hanner R, Shivji M, Hyde JR, Caldwell C (2009) Identification of the larval and juvenile stages of the cubera snapper, *Lutjanus cyanopterus*, using DNA barcoding. *Zootaxa*, **2215**, 24–36.
- Ward RD (2009) DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes. *Molecular Ecology Resources*, **9**, 1077–1085.
- Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN (2005) DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, **360**, 1847–1857.
- Ward RD, Hanner R, Hebert PDN (2009) The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal of Fish Biology*, **74**, 329–356.
- Whitehead PJP (1986) Clupeidae. In: *Fishes of the North-Eastern Atlantic and the Mediterranean* Vol. 1 (eds Whitehead PJP, Bauchot ML, Hureau JC, Nielsen J, Tortonese E), pp. 268–281. UNESCO, Paris, France.
- Yancy HF, Zemlak TS, Mason JA *et al.* (2008) The potential use of DNA barcodes in regulatory science: applications of the regulatory fish encyclopedia. *Journal of Food Protection*, **71**, 210–217.

---

E.K. generated the sequences, performed the phylogenetic analyses and wrote the manuscript. H.H.A. provided help with analyses and writing the paper.

---

### Data Accessibility

DNA sequences: GenBank accessions KC500088-KC501912; BOLD Project Name: DNA Barcoding Commercially Important Aquatic Species of Turkey (DNATR).

Individual sample information including locality and accession numbers: Table 1.

FULL LENGTH RESEARCH PAPER

## DNA barcoding commercially important aquatic invertebrates of Turkey

EMRE KESKİN<sup>1,2</sup> & HASAN HÜSEYİN ATAR<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Fisheries and Aquaculture, Agricultural Faculty, Ankara University, Dışkapı, Ankara, Turkey, and

<sup>2</sup>Biotechnology Institute, Ankara University, Beşevler, Ankara, Turkey

(Received 19 October 2012; revised 18 December 2012; accepted 23 December 2012)

### Abstract

DNA barcoding was used in order to identify aquatic invertebrates sampled from fisheries bycatch and discards. A total of 440 unique *cytochrome c oxidase sub unit I* (*COI*) barcodes were generated for 22 species from three important phyla (Arthropoda, Cnidaria, and Mollusca). All the species were sequenced and submitted to GenBank and Barcode of Life Database (BOLD) databases using 654 bp-long fragment of mitochondrial *COI* gene. Two of them (*Pontastacus leptodactylus* and *Rapana bezoar*) were first records of the species for the BOLD database and six of them (*Carcinus aestuarii*, *Loligo vulgaris*, *Melicertus kerathurus*, *Nephrops norvegicus*, *Scyllarides latus*, and *Scyllarus arctus*) were first standard (> 648 bp) *COI* barcode records for the GenBank database. *COI* barcodes were analyzed for nucleotide composition, nucleotide pair frequencies, and Kimura's two-parameter genetic distance. Mean genetic distance among species was found increasing at higher taxonomic levels. Neighbor-joining trees generated were congruent with morphometric-based taxonomic classification. Findings of this study clearly demonstrate that DNA barcodes could be used as an efficient molecular tool in identification of not only target species from fisheries but also bycatch and discard species, and so it could provide us leverage for a better understanding in monitoring and management of fisheries and biodiversity.

**Keywords:** *Arthropoda*, *Cnidaria*, *cytochrome oxidase I*, *DNA barcoding*, *Mollusca*

### Introduction

Identification of the species was encountered as the primary problem in fisheries management. All around the world, fish species were commercialized with their local names. These local names vary from region to region, even inside the same region. Accurate identification of the species is mandatory in order to provide a sustainable fisheries management (Marko et al. 2004).

Morphologic characters were used in classical taxonomic identification of aquatic species. Although other characters, such as anatomical and physiological properties, behavioral characters, isoenzyme profiles, and geographic data, were also considered in today's taxonomic studies, still most of it was based

on morphological characters (Aravind et al. 2007). It is not always possible to identify specimens with only morphological characters, especially during different life stages, from specimens without integrity or species processed into products. In some cases, the morphometric key could be so doubtful that even an expert taxonomist could suffer great difficulties during the identification process (Ward et al. 2009).

It is only possible to take precautions on regulation and management of fisheries with the help of data based on accurate identification of the species. For this purpose, molecular tools were being used as a fast, accurate, and economic identification method for species of different life stages and for partial or processed specimens (Ardura et al. 2010).

Correspondence: E. Keskin, Department of Fisheries and Aquaculture, Agricultural Faculty, Ankara University, Dışkapı, Ankara, Turkey. Tel: + 903125961722. Fax: + 903123185298. E-mail: keskin@ankara.edu.tr

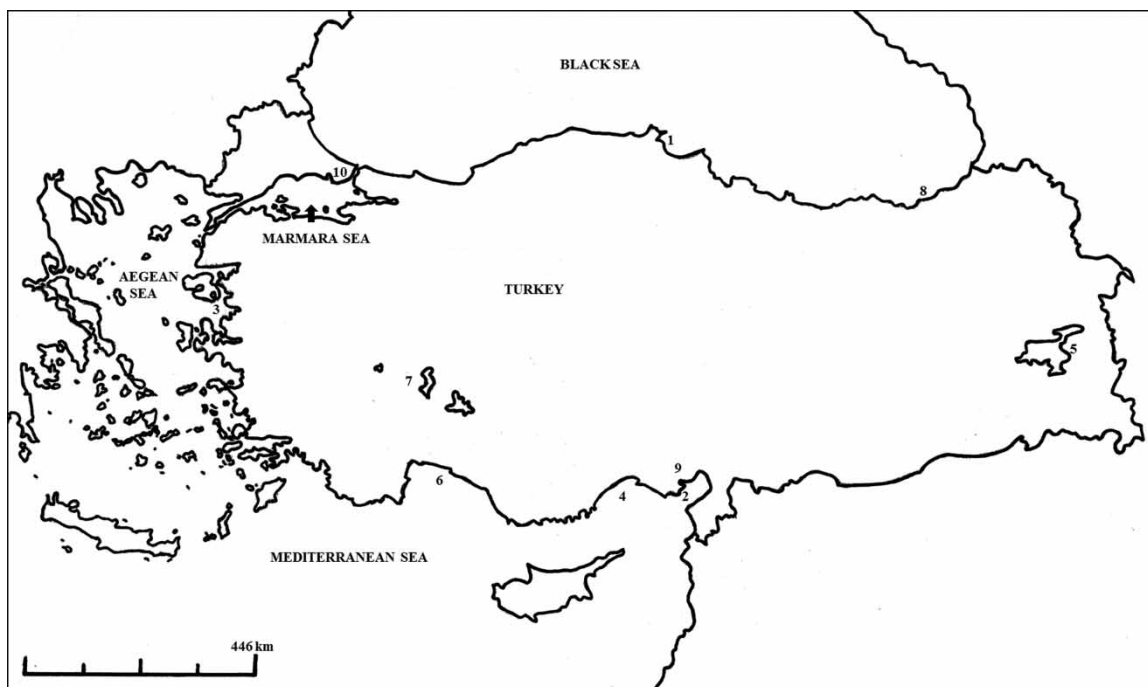


Figure 1. Sampling locations (location names are given in Table I).

DNA barcoding has become one of the most widely used molecular identification approach in recent years. This method was based on using a standard DNA fragment for fast, accurate, and automated identification of species (Hebert and Gregory 2005). Potential users of DNA barcoding method were not only taxonomists, but it is also useful in forensic science, biotechnology, food industry, and animal

nutrition (Chase et al. 2005). Previous studies demonstrated that 655 bp-long fragment of mitochondrial *cytochrome c oxidase sub unit I (COI)* gene successfully identified specimens from a wide range of taxa. Many species, previously known as same species, were found to be including more than one species and these were revealed using DNA barcoding approach.

Table I. Species, sampling information, and GenBank accession numbers.

Species	Station			GenBank no.
	No.	Name	Coordinate	
<i>Aurelia aurita</i>	1	Sinop	41°48'17"N, 35°24'54"E	KC311384–KC311385
<i>Callinectes sapidus</i>	5	Beymelek	36°15'53"N, 30°03'19"E	KC311386–KC311387
<i>Cancer pagurus</i>	1	Sinop	41°48'17"N, 35°24'54"E	KC311388–KC311389
<i>Carcinus aestuarii</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311390
<i>Homarus gammarus</i>	7	Saros Bay	40°30'09"N, 26°22'06"E	KC311391–KC311392
<i>Loligo vulgaris</i>	2	Yumurtalık	36°44'18"N, 35°43'55"E	KC311393–KC311395
<i>Maja squinado</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311396–KC311398
<i>Marsupenaeus japonicus</i>	4	Mersin Bay	36°37'58"N, 34°36'12"E	KC311399–KC311401
<i>Melicertus kerathurus</i>	4	Mersin Bay	36°37'58"N, 34°36'12"E	KC311402–KC311403
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311404
<i>Necora puber</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311405–KC311406
<i>Nephrops norvegicus</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311407
<i>Octopus vulgaris</i>	2	Yumurtalık	36°44'18"N, 35°43'55"E	KC311408–KC311412
<i>Palinurus elephas</i>	7	Saros Bay	40°30'09"N, 26°22'06"E	KC311413–KC311414
<i>Pecten jacobaeus</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311415
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	9	Lake Eğirdir	38°03'36"N, 30°53'25"E	KC311416
<i>Rapana bezoar</i>	10	Trabzon	40°59'57"N, 39°50'10"E	KC311417
<i>Ruditapes decussatus</i>	8	Marmara Bay	40°44'12"N, 28°14'15"E	KC311418–KC311419
<i>Scyllarides latus</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311420–KC311422
<i>Scyllarus arctus</i>	3	İzmir Bay	38°37'29"N, 26°39'11"E	KC311423–KC311424
<i>Sepia officinalis</i>	4	Mersin Bay	36°37'58"N, 34°36'12"E	KC311425–KC311427
<i>Squilla mantis</i>	6	İskenderun Bay	36°36'30"N, 35°55'33"E	KC311428–KC311429



Taxonomically complex groups, such as Arthropoda, Cnidaria, and Mollusca, have a great importance on fisheries. They were economically and ecologically important both as target species and as bycatch or discard species. *COI* barcodes were successfully used in identification of Cnidarian species, resolving their evolutionary relationship and revealing cryptic species (Dawson and Jacobs 2001; Holland et al. 2004; Dawson 2005a,b,c). Many of the decapods could be morphologically identified when they have reached maturity but it is almost impossible to identify them through morphometric characters when they are in larval or juvenile form. Therefore, a molecular approach in identification of decapod species seems to be the most efficient way. Same difficulties are also valid for mollusks. These easily miscible species could be correctly identified using *COI* barcodes.

It is not always possible to identify these invertebrates accurately, especially when they were caught without body integrity or key morphometric characters were missing. In this study, we used *COI* barcodes to identify commercially important aquatic invertebrates.

## Methods

### Specimens

Specimens ( $n = 20$  for each species) of commercially important aquatic invertebrates were sampled through eight locations (Figure 1 and Table I). Most of them were bycatch species gathered from local trawlers and were missing most of the morphological characteristics. Also samples in uncorrupted morphological form were obtained from eight major fish markets (Ankara, Antalya, Istanbul, Iskenderun, Izmir, Mersin, Sinop, and Trabzon) around Turkey for comparison and as a reference. Tissue samples were taken from each species and stored in 95% ethanol at  $-20^{\circ}\text{C}$ .

### DNA extraction, amplification of *COI*, and sequencing

DNA extractions were done through tissue samples using Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit, (Qiagen, Valencia, CA) according to protocol supplied by the manufacturer. Estimation of DNA quality and quantity was conducted on a NanoDrop ND-1000 spectrophotometer and each sample was diluted to a final concentration of  $100\text{ ng}/\mu\text{l}$ , in order to standardize the template DNA amount used in PCR amplifications.

HCO (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAA-ATCA-3') and LCO (5'-GGTCAACAATCATAA-AGATATTGG-3') primer pair (Folmer et al. 1994) was used to amplify barcode region of the mitochondrial *COI* gene of invertebrate samples. PCRs were set according to Keskin and Atar (2011) in  $50\text{-}\mu\text{l}$

volumes, consisting of  $5\ \mu\text{l}$  of  $10\times$  Taq Buffer with KCl ( $100\text{ mM}$  Tris-HCl,  $500\text{ mM}$  KCl, pH 8.8),  $4\ \mu\text{l}$  of  $\text{MgCl}_2$  ( $25\text{ mM}$ ),  $1\ \mu\text{l}$  of deoxyribonucleotide triphosphate (dNTPs) ( $10\text{ mM}$ ),  $1.25\ \mu\text{l}$  of each primer ( $10\text{ pM}/\mu\text{l}$ ),  $1\ \mu\text{l}$  of Taq polymerase ( $5\text{ U}/\mu\text{l}$ ),

Table II. Mean nucleotide frequencies (%) of sampled species.

	A	C	G	T	G-C
<b>Arthropoda</b>					
<i>Callinectes sapidus 1</i>	25.2	22.0	17.0	35.8	39.0
<i>Callinectes sapidus 2</i>	25.2	22.0	17.3	35.5	39.3
<i>Cancer pagurus 1</i>	25.5	21.1	17.9	35.5	39.0
<i>Cancer pagurus 2</i>	25.8	20.8	17.7	35.6	38.5
<i>Carcinus aestuarii</i>	25.5	18.0	19.4	37.0	37.5
<i>Homarus gammarus 1</i>	27.8	20.8	17.7	33.6	38.5
<i>Homarus gammarus 2</i>	28.0	20.5	18.2	33.3	38.7
<i>Maja squinado 1</i>	25.8	20.5	17.9	35.8	38.4
<i>Maja squinado 2</i>	25.8	20.6	18.2	35.3	38.8
<i>Maja squinado 3</i>	25.7	20.6	18.3	35.3	39.0
<i>Marsupenaeus japonicus 1</i>	26.5	18.5	19.3	35.8	37.8
<i>Marsupenaeus japonicus 2</i>	26.6	18.5	19.0	35.9	37.5
<i>Marsupenaeus japonicus 3</i>	26.6	18.3	19.1	35.9	37.5
<i>Melicertus kerathurus 1</i>	25.1	19.1	20.3	35.5	39.4
<i>Melicertus kerathurus 2</i>	25.1	19.0	20.3	35.6	39.3
<i>Necora puber 1</i>	24.8	18.5	18.0	38.7	36.5
<i>Necora puber 2</i>	25.1	18.3	17.9	38.7	36.2
<i>Nephrops norvegicus</i>	28.0	16.8	18.5	36.7	35.3
<i>Palinurus elephas 1</i>	26.9	22.0	17.4	33.6	39.4
<i>Palinurus elephas 2</i>	27.1	21.7	17.6	33.6	39.3
<i>Pontastacus leptodactylus</i>	25.4	15.3	20.2	39.1	35.5
<i>Scyllarides latus 1</i>	25.2	20.3	18.8	35.6	39.1
<i>Scyllarides latus 2</i>	25.2	20.5	19.0	35.3	39.4
<i>Scyllarides latus 3</i>	25.2	20.3	19.0	35.5	39.3
<i>Scyllarus arctus 1</i>	26.1	22.6	19.3	32.0	41.9
<i>Scyllarus arctus 2</i>	26.1	22.6	19.6	31.7	42.2
<i>Squilla mantis 1</i>	26.8	18.2	19.0	36.1	37.2
<i>Squilla mantis 2</i>	26.9	18.3	19.1	35.6	37.5
Average	26.0	19.9	18.6	35.5	38.5
<b>Mollusca</b>					
<i>Loligo vulgaris 1</i>	28.7	17.1	16.1	38.1	33.2
<i>Loligo vulgaris 2</i>	29.1	17.4	16.2	37.3	33.6
<i>Loligo vulgaris 3</i>	29.1	17.4	16.1	37.5	33.5
<i>Mytilus galloprovincialis</i>	25.7	15.1	22.9	36.2	38.1
<i>Octopus vulgaris 1</i>	28.6	19.9	14.4	37.2	34.3
<i>Octopus vulgaris 2</i>	28.9	19.9	14.4	36.9	34.3
<i>Octopus vulgaris 3</i>	29.1	19.9	14.4	36.7	34.3
<i>Octopus vulgaris 4</i>	28.1	19.7	14.4	37.8	34.1
<i>Octopus vulgaris 5</i>	29.4	19.9	14.4	36.4	34.3
<i>Pecten jacobaeus</i>	19.1	15.1	23.7	42.0	38.8
<i>Rapana bezoar</i>	23.1	16.2	20.2	40.5	36.4
<i>Ruditapes decussatus 1</i>	21.9	15.3	23.1	39.8	38.4
<i>Ruditapes decussatus 2</i>	21.9	15.3	23.2	39.6	38.5
<i>Sepia officinalis 1</i>	25.8	19.4	17.0	37.8	36.4
<i>Sepia officinalis 2</i>	26.0	19.1	17.1	37.8	36.2
<i>Sepia officinalis 3</i>	25.8	19.3	17.1	37.8	36.4
Average	26.3	17.9	17.8	38.1	35.7
<b>Cnidaria</b>					
<i>Aurelia aurita 1</i>	24.9	20.3	19.1	35.6	39.4
<i>Aurelia aurita 2</i>	25.1	20.0	19.4	35.5	39.4
Average	25.0	20.2	19.3	35.6	

and 2 µl of DNA (100 ng/µl). Reactions were conducted in a MJ Research DNA Engine Tetrad2 thermal cycler using a protocol set to 95°C for 2 min, followed by 30 cycles of 95°C for 1 min, 54°C for 30 s, and 72°C for 1 min, followed by a final extension at 72°C for 10 min.

Amplified fragments were mixed with ethidium bromide and loaded to 2% agarose gel and checked for contamination and optimal fragment size. PCR products were then purified with Promega Wizard SV Genomic DNA Purification Kit (Promega, Madison, WI) according to the manual. Purified products were exposed to ethanol precipitation prior to DNA sequencing. DNA sequencing reactions were conducted on a Beckman Coulter CEQ 8000 Genetic Analysis platform using Beckman Coulter CEQ Dye Terminator Cycle Sequencing Kit (Beckman Coulter, Fullerton, CA).

#### DNA sequence analyses

Alignments of the amplified *COI* fragments were performed using Sequencher 5.0 software. Aligned *COI* sequences were then trimmed to 654 bp and submitted to GenBank (Table I) and Barcode of Life Database (BOLD) databases, under project name DNA-TR. Nucleotide composition, nucleotide pair frequencies, codon test, and pairwise genetic distance were calculated using DNA barcoding standard method of Kimura's two-parameter (Kimura 1980). Evolutionary relationship among species/haplotypes was shown on a neighbor-joining (NJ) tree constructed on Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) 5 software (Tamura et al. 2011) and supported with bootstrap tests of 1000 replicates in order to verify the robustness of the tree. All the calculations were made using the haplotypes instead of the complete dataset.

#### Results

A total of 46 DNA barcodes (one to five haplotypes detected for each species) for 22 species were generated from 440 *COI* sequences of 655 bp long and matched up with 22 aquatic invertebrate species belonging to 22 genera, 17 families, 10 orders, 5 classes, and 3 phyla. One to five haplotypes were detected for each species. Nucleotide composition and nucleotide pair frequencies were calculated under three subgroups (Arthropoda, Mollusca, and Cnidaria) and are shown in Tables II and III. Nucleotide pair frequency analysis was not conducted on Cnidaria taxon as it is represented with only one species (*Aurelia aurita*). Mean nucleotide frequencies according to taxon were calculated as A = 26.0%, C = 19.9%, G = 18.6%, and T = 35.5% for Arthropoda; A = 26.3%, C = 17.9%, G = 17.8%, and T = 38.1% for Mollusca; and A = 25.0%,

Table III. Nucleotide pair frequency analyses of Arthropoda and Mollusca datasets.

<i>Arthropoda</i>		
Conserved sites	363/654	
Variable sites	291/654	
Parsimony informative sites	274/654	
Singleton sites	17/654	
	<i>Average</i>	<i>Codon 1/2/3</i>
Identical pairs (ii)	526	197/213/116
Transitional pairs (si)	66	16/2/47
Transversional pairs (sv)	62	5/2/55
<i>R</i> (si/sv)	1.06	3.22/1.17/0.86
<i>Mollusca</i>		
Conserved sites	226/654	
Variable sites	428/654	
Parsimony informative sites	3388/654	
Singleton sites	90/654	
	<i>Average</i>	<i>Codon 1/2/3</i>
Identical pairs (ii)	483	172/195/116
Transitional pairs (si)	74	23/9/42
Transversional pairs (sv)	97	22/14/60
<i>R</i> (si/sv)	0.76	1.03/0.62/0.69

C = 20.2%, G = 19.3%, and T = 35.6% for Cnidaria. Highest G-C content was calculated in *Scyllarus arctus* 2 (42.2%) for Arthropoda, *Pecten jacobaeus* (38.8%) for Mollusca, and *A. aurita* (39.4%) as only representative of the phylum Cnidaria. Species with the lowest G-C composition were *Nephtrops norvegicus* (35.3%) for Arthropoda and *Loligo vulgaris* 1 (33.2%) for Mollusca.

Average G-C content of the Arthropoda dataset was found to be 38.5% while the Mollusca dataset was calculated as 35.7%, lower than the Arthropoda dataset. The G-C content of the only Cnidarian species *A. aurita* was calculated as 39.4%. These values could be used as reference ratios as this is the first study presenting average G-C contents of 22 species (440 specimens) from Arthropoda, Cnidaria, and Mollusca.

Nucleotide pair frequency analysis revealed that the *R* value of first codon was higher than the *R* value of third codon. This ratio could be explained with higher number of transitions over transversions at the first codon, which could be considered another new finding about codon structure of Arthropod species. The low *R* ratio (0.76) calculated in the Mollusca dataset was a result of having higher number of transversional pairs over transitional pairs in second and third codons. This dominant transversional pair structure could be used as a significant key in evaluation of *COI* barcodes belonging to species from Mollusca.

Pairwise genetic distance matrix for Arthropoda and Mollusca datasets was given in Tables IV and V. Also pairwise genetic distance within species, family, order and class levels were shown in Table VI. A NJ tree including all the 22 species/46 haplotypes was given in Figure 2. When we examine the NJ tree, each phylum

Table IV. Kimura's two-parameter genetic distance matrix of Arthropoda dataset.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28			
1 <i>Callinectes sapidus 1</i>		0.003	0.020	0.020	0.023	0.022	0.022	0.021	0.022	0.022	0.023	0.022	0.023	0.022	0.022	0.018	0.018	0.021	0.023	0.023	0.025	0.022	0.022	0.022	0.024	0.024	0.024	0.023	0.023		
2 <i>Callinectes sapidus 2</i>	0.008		0.021	0.020	0.024	0.022	0.022	0.022	0.022	0.023	0.023	0.022	0.022	0.022	0.023	0.022	0.019	0.021	0.023	0.024	0.025	0.022	0.023	0.023	0.024	0.024	0.024	0.023	0.023		
3 <i>Cancer pagurus 1</i>	0.218	0.220		0.006	0.021	0.023	0.023	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.023	0.022	0.022	0.022	0.022	0.024	0.025	0.024	0.021	0.022	0.022	0.023	0.023	0.023	0.023		
4 <i>Cancer pagurus 2</i>	0.218	0.216	0.027		0.022	0.024	0.024	0.022	0.023	0.022	0.022	0.021	0.021	0.021	0.023	0.022	0.022	0.022	0.023	0.024	0.023	0.021	0.021	0.021	0.021	0.023	0.024	0.023	0.023		
5 <i>Carcinus aestuarii</i>	0.256	0.265	0.229	0.236		0.021	0.022	0.021	0.021	0.021	0.023	0.023	0.023	0.022	0.022	0.019	0.019	0.021	0.024	0.024	0.023	0.023	0.022	0.022	0.022	0.024	0.024	0.022	0.022		
6 <i>Homarus gammarus 1</i>	0.243	0.252	0.261	0.272	0.234		0.004	0.020	0.020	0.021	0.020	0.020	0.021	0.022	0.022	0.021	0.021	0.015	0.020	0.021	0.023	0.020	0.021	0.021	0.022	0.022	0.023	0.022	0.022		
7 <i>Homarus gammarus 2</i>	0.251	0.256	0.269	0.276	0.242	0.009		0.021	0.021	0.021	0.020	0.021	0.021	0.022	0.022	0.021	0.016	0.021	0.021	0.021	0.023	0.021	0.021	0.021	0.021	0.023	0.023	0.023	0.022	0.022	
8 <i>Maja squinado 1</i>	0.225	0.231	0.248	0.241	0.247	0.226	0.236		0.004	0.004	0.022	0.023	0.023	0.023	0.022	0.023	0.020	0.020	0.022	0.022	0.022	0.019	0.020	0.020	0.021	0.021	0.021	0.020	0.020	0.020	
9 <i>Maja squinado 2</i>	0.234	0.240	0.257	0.250	0.252	0.230	0.236	0.009		0.005	0.023	0.023	0.023	0.023	0.024	0.021	0.021	0.021	0.022	0.022	0.022	0.022	0.020	0.020	0.020	0.022	0.022	0.021	0.021	0.021	
10 <i>Maja squinado 3</i>	0.240	0.247	0.259	0.252	0.254	0.234	0.243	0.014	0.015		0.023	0.023	0.023	0.023	0.024	0.021	0.021	0.021	0.021	0.021	0.021	0.022	0.020	0.020	0.020	0.022	0.022	0.021	0.021	0.021	
11 <i>Marsupenaeus japonicus 1</i>	0.245	0.247	0.264	0.250	0.258	0.230	0.234	0.241	0.247	0.250		0.002	0.003	0.017	0.017	0.022	0.021	0.018	0.022	0.022	0.021	0.019	0.019	0.019	0.021	0.021	0.022	0.019	0.020	0.020	
12 <i>Marsupenaeus japonicus 2</i>	0.241	0.243	0.259	0.246	0.258	0.226	0.229	0.241	0.247	0.249	0.003		0.003	0.016	0.017	0.022	0.021	0.018	0.022	0.022	0.021	0.019	0.019	0.018	0.021	0.021	0.022	0.019	0.020	0.020	
13 <i>Marsupenaeus japonicus 3</i>	0.247	0.245	0.262	0.244	0.258	0.232	0.232	0.245	0.251	0.254	0.005	0.005		0.016	0.017	0.022	0.022	0.018	0.022	0.023	0.021	0.019	0.018	0.018	0.022	0.022	0.022	0.019	0.020	0.020	
14 <i>Melicerius kerathurus 1</i>	0.244	0.251	0.274	0.262	0.256	0.251	0.260	0.258	0.269	0.274	0.149	0.145	0.147		0.004	0.022	0.022	0.022	0.020	0.021	0.022	0.021	0.020	0.020	0.020	0.023	0.023	0.023	0.020	0.020	
15 <i>Melicerius kerathurus 2</i>	0.246	0.252	0.276	0.266	0.256	0.249	0.258	0.265	0.276	0.281	0.153	0.149	0.151	0.009		0.022	0.022	0.021	0.021	0.022	0.021	0.020	0.020	0.020	0.020	0.023	0.024	0.024	0.020	0.020	
16 <i>Necora puber 1</i>	0.181	0.187	0.239	0.234	0.206	0.231	0.237	0.215	0.227	0.229	0.245	0.243	0.247	0.245	0.245		0.003	0.020	0.024	0.024	0.024	0.024	0.021	0.021	0.021	0.022	0.022	0.023	0.023	0.023	
17 <i>Necora puber 2</i>	0.183	0.189	0.241	0.236	0.206	0.233	0.235	0.217	0.225	0.230	0.241	0.238	0.243	0.252	0.252	0.005		0.020	0.024	0.024	0.024	0.024	0.021	0.021	0.021	0.022	0.022	0.023	0.023	0.023	
18 <i>Nephrops norvegicus</i>	0.232	0.239	0.263	0.247	0.232	0.124	0.135	0.230	0.239	0.243	0.205	0.203	0.205	0.226	0.230	0.230	0.228		0.021	0.021	0.021	0.019	0.019	0.019	0.020	0.021	0.021	0.020	0.020	0.020	
19 <i>Palaemonetes pugio 1</i>	0.259	0.266	0.271	0.259	0.261	0.228	0.238	0.254	0.256	0.251	0.234	0.232	0.238	0.228	0.235	0.262	0.264	0.234		0.003	0.023	0.021	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022
20 <i>Palaemonetes pugio 2</i>	0.264	0.270	0.280	0.268	0.267	0.232	0.238	0.262	0.260	0.253	0.240	0.238	0.245	0.237	0.243	0.266	0.264	0.238	0.006		0.024	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.023	0.023	0.023	0.023	
21 <i>Pontastacus leptodactylus</i>	0.275	0.277	0.277	0.267	0.259	0.244	0.248	0.251	0.258	0.260	0.224	0.223	0.228	0.237	0.237	0.259	0.259	0.216	0.281	0.285		0.021	0.021	0.021	0.021	0.021	0.025	0.025	0.020	0.020	
22 <i>Squilla mantis 1</i>	0.248	0.255	0.237	0.219	0.262	0.225	0.231	0.206	0.212	0.217	0.196	0.192	0.193	0.210	0.214	0.241	0.239	0.209	0.233	0.241	0.223		0.003	0.002	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022
23 <i>Squilla mantis 2</i>	0.255	0.261	0.241	0.225	0.262	0.231	0.233	0.213	0.213	0.215	0.221	0.195	0.191	0.193	0.212	0.216	0.248	0.241	0.211	0.239	0.243	0.229	0.005		0.001	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022
24 <i>Squilla mantis 3</i>	0.252	0.259	0.241	0.223	0.260	0.229	0.231	0.210	0.213	0.219	0.193	0.189	0.191	0.191	0.210	0.214	0.245	0.239	0.209	0.237	0.241	0.227	0.003	0.002		0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022
25 <i>Squilla mantis 4</i>	0.274	0.281	0.254	0.256	0.276	0.262	0.273	0.233	0.244	0.244	0.233	0.233	0.237	0.256	0.262	0.244	0.244	0.240	0.230	0.239	0.268	0.240	0.242	0.244	0.003	0.003	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022
26 <i>Squilla mantis 5</i>	0.281	0.286	0.258	0.256	0.273	0.271	0.280	0.237	0.248	0.248	0.239	0.239	0.241	0.262	0.269	0.250	0.249	0.237	0.245	0.274	0.240	0.242	0.244	0.006	0.006	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022	0.022
27 <i>Squilla mantis 6</i>	0.270	0.272	0.281	0.270	0.271	0.271	0.280	0.237	0.241	0.243	0.207	0.203	0.207	0.216	0.220	0.260	0.257	0.240	0.264	0.268	0.228	0.245	0.251	0.249	0.246	0.248	0.248	0.248	0.248	0.003	0.003
28 <i>Squilla mantis 7</i>	0.269	0.269	0.281	0.270	0.278	0.273	0.280	0.238	0.243	0.245	0.213	0.209	0.211	0.222	0.224	0.262	0.259	0.244	0.268	0.273	0.235	0.251	0.258	0.256	0.248	0.246	0.246	0.246	0.006	0.006	0.006

Note: Standard error estimates were shown above the diagonal.

Table V. Kimura's two-parameter genetic distance (%) matrix of Mollusca dataset.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1																
2	0.009															
3	0.006	0.009														
4	0.581	0.591	0.588													
5	0.213	0.219	0.219	0.597												
6	0.217	0.219	0.223	0.591	0.003											
7	0.227	0.229	0.234	0.594	0.012	0.009										
8	0.223	0.225	0.229	0.591	0.008	0.036	0.039									
9	0.575	0.581	0.578	0.593	0.590	0.596	0.592	0.603								
10	0.309	0.315	0.311	0.550	0.284	0.284	0.284	0.288	0.286							
11	0.485	0.499	0.494	0.639	0.517	0.522	0.516	0.541	0.525	0.538						
12	0.487	0.496	0.497	0.647	0.519	0.525	0.519	0.545	0.532	0.625	0.464					
13	0.201	0.211	0.209	0.541	0.267	0.271	0.267	0.285	0.277	0.592	0.470	0.003				
14	0.203	0.211	0.211	0.541	0.269	0.273	0.269	0.287	0.280	0.591	0.316	0.476	0.476			
15	0.203	0.213	0.211	0.541	0.269	0.273	0.269	0.287	0.280	0.591	0.318	0.476	0.476	0.003		
16															0.002	0.001

Note: Standard error estimates were shown above the diagonal.

Table VI. Mean Kimura's two-parameter genetic distance (%) of complete dataset within taxonomic levels.

Taxonomic level	Minimum	Maximum	Average	Standard error
Conspecific	0.2	4.1	1.1	0.002
Confamilial	12.4	26.5	19.4	0.010
Within order	18.3	28.6	24.2	0.001
Within class	20.1	64.7	26.5	0.009

was significantly diverged from each other. Species from the Mollusca phylum was separated according to their classes. *A. aurita* is the only species from the Cnidaria phylum and separated from mollusks and arthropods as expected, while arthropod species were clustered according to their families in which Portunidae, Nephropidae, and Penaeidae were clustered under separate nodes.

### Arthropoda

Arthropoda dataset consists of 14 species belonging to nine different families. Average Kimura's two-parameter genetic distance was calculated as 0.230. The number of average transitional (si = 66) and transversional (sv = 62) pairs was almost the same and *R* value (si/sv) was calculated as 1.06. NJ tree was separated under two main branches. First main branch consists of crab species and divided under two nodes: species from Portunidae family were clustered together with *Cancer pagurus* under the first node and *Maja squinado* of Majidae family clustered under the second. Second main branch includes lobster (and crayfish) and shrimp species, in which lobster and shrimp species were well separated. *Scyllarus arctus* was expected to be clustered under the same node with confamilial species, *Scyllarides latus*, but instead it was clustered with *Palimurus elephas* and they were significantly separated from rest of the lobster species. *Pontastacus leptodactylus* is the only crayfish species separated from the rest of the lobster species. Penaid shrimp species (*Marsupenaeus japonicus* and *Melicertus kerathurus*) were clustered together as expected and significantly part from *Squilla mantis* (Figure 3).

### Mollusca

Mollusca dataset consists of seven species belonging to seven different families. Average Kimura's two-parameter genetic distance was calculated as 0.349. The number of average transitional pairs (si = 74) was lower than that of transversional pairs (sv = 97) and the *R* value (si/sv) was calculated as 0.76. NJ tree was separated into two main branches. First main branch consist of two bivalve species (*Pecten jacobaeus* and *Mytilus galloprovincialis*) clustered under the same node. Third bivalve species (*Ruditapes decussatus*) was clustered under the second main branch, along with

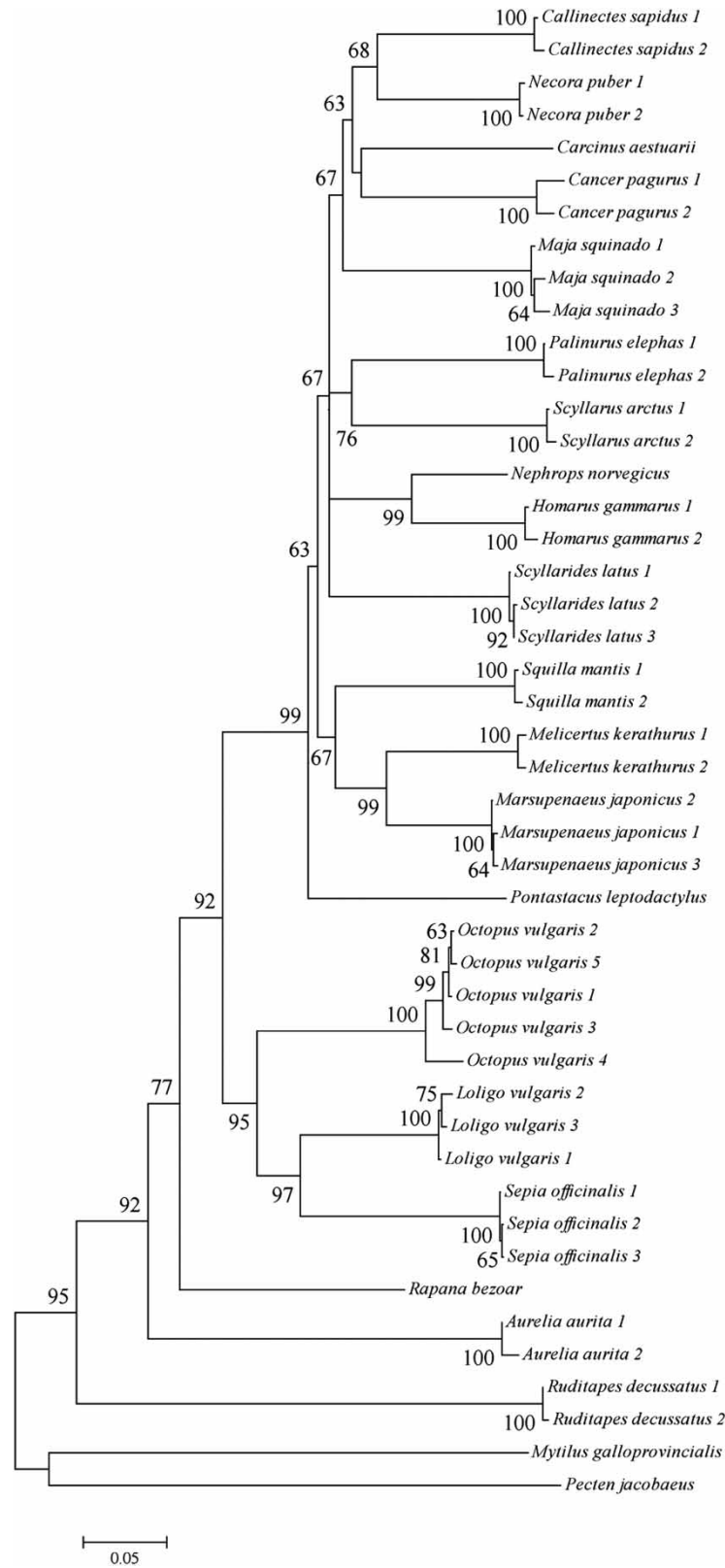


Figure 2. NJ tree of complete dataset.

gastropod and cephalopod species, but significantly separated from them. Only Gastropod species (*Rapana bezoar*) of the dataset was separated from both bivalves and cephalopods. Finally, three

cephalopod species (*Octopus vulgaris*, *Sepia officinalis*, and *L. vulgaris*) were clustered together as expected, under the same node of the second main branch (Figure 4).

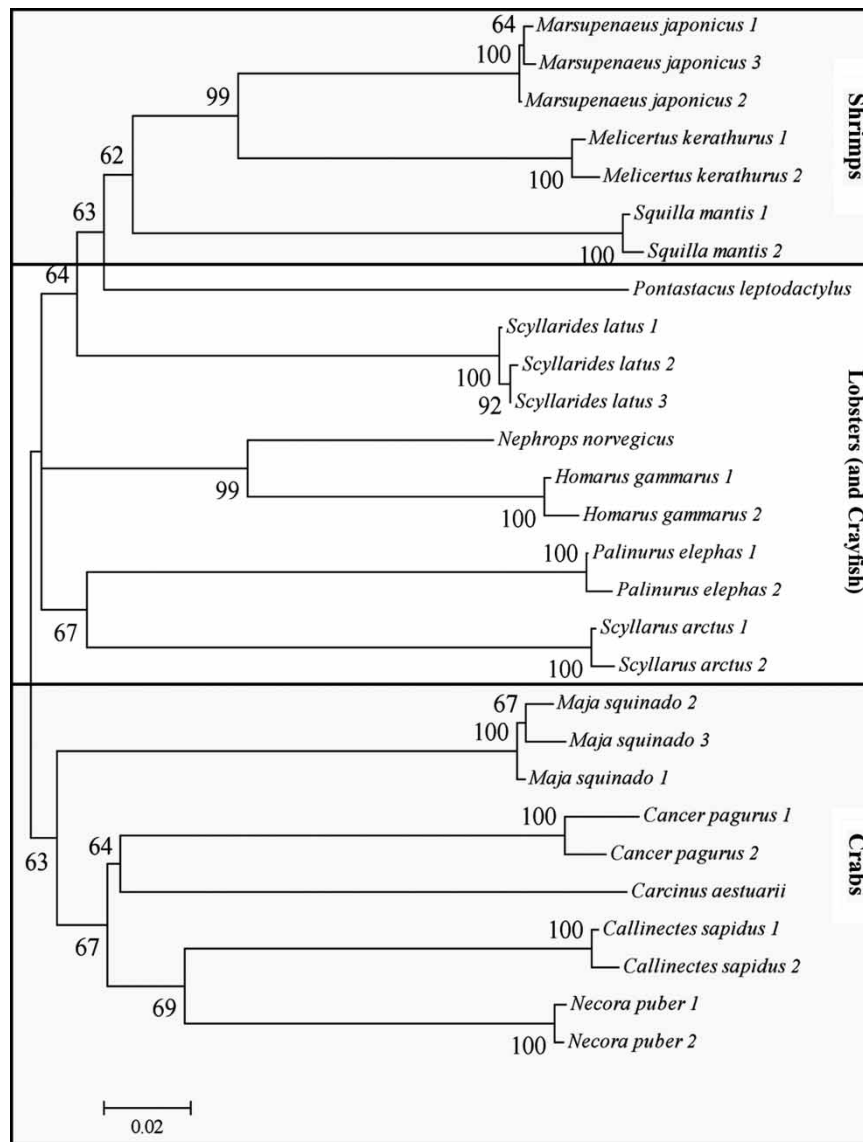


Figure 3. NJ tree of Arthropoda dataset.

## Discussion

Results of our study suggested that utility of *COI* gene as DNA barcode region in identification of aquatic invertebrates was successfully established. DNA barcoding will provide assistance to taxonomic identifications as a highly effective molecular identification tool. DNA barcoding was also evaluated as an effective molecular tool by Radulovici et al. (2009) for 80 crustacean species sampled from the Estuary and Gulf of St Lawrence. They have successfully clustered 460 specimens to known morphological species in 95% of cases, as we identified all the specimens in our study.

Mean genetic distance among conspecific and confamilial species ranged from 1.1% to 19.4%. Mean genetic distance within taxonomic levels was found increasing at higher levels. Increasing genetic distance through higher taxonomic levels supports

the robustness of genetic divergence at the species boundaries (Hubert et al. 2008; Lakra et al. 2011).

All the arthropod species identified in this study were decapods except the species *Squilla mantis* (Stomatopoda). Decapods were known to be easily distinguished as they were in adult forms but it is difficult to identify them during larval and juvenile forms (Bucklin et al. 2011). We have successfully clustered 280 Malacostracan specimens into 14 species just using their *COI* barcodes. Similar studies were conducted on fiddler crab *Uca* sampled from the northwestern Indian Ocean (Shih et al. 2009) and the hermit crab *Clibanarius* from the Ryukyu Archipelago of Japan (Hirose et al. 2010).

Previous studies targeting arthropod species calculated the mean intraspecific variation as 0.91% for aquatic species (Radulovici et al. 2009) and 0.25% for terrestrial species (Hebert et al. 2003),

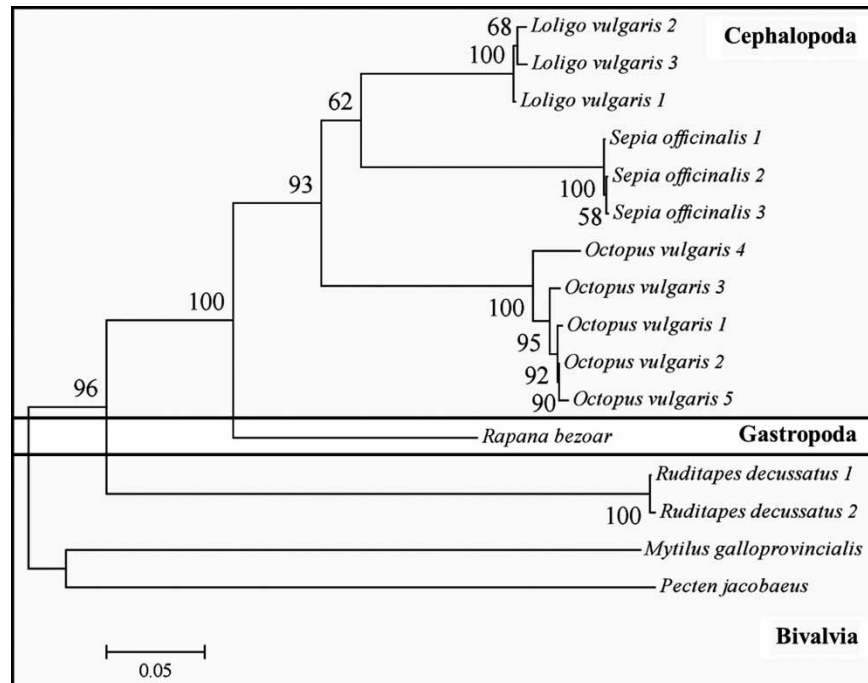


Figure 4. NJ tree of Mollusca dataset.

keeping our intraspecific variation finding (1.1%) close to aquatic species as expected. The threshold calculated for interspecific variation by Radulovici et al. (2009) was 25 times higher than the intraspecific variation. Also Hebert et al. (2003) calculated the interspecific variation 27 times higher than the intraspecific variation. Our dataset does not contain congeneric species, so we compared conspecific variation with confamilial variation, which was 18 times higher as it was found 44 times higher by Hebert et al. (2003). This difference was an expected result of high intraspecific variation calculated in our dataset.

One of the species in our study was *A. aurita* from Cnidaria, and we successfully identified two haplotypes from the remains of damaged specimens that were impossible to identify morphologically. Many other Cnidarian species were identified and cryptic species were revealed (Dawson and Jacobs 2001; Holland et al. 2004; Dawson 2005a,b,c; Moura et al. 2008; Folino-Rorem et al. 2009) using DNA barcoding. *COI* was also shown to be useful in constructing evolutionary relationship among species from Cnidarian subphylum Medusozoa (Ortman et al. 2010).

Similar to the Cnidarian and Malacostracan species, DNA barcoding has been widely used in the identification of aquatic mollusks, especially bivalves (Mikkelsen et al. 2007; Lorion et al. 2009; Feng et al. 2011), cephalopods (Allcock et al. 2010; Undheim et al. 2010), and gastropods (Meyer and Paulay 2005; Krug et al. 2007; Jennings et al. 2010). The only problem encountered in barcoding of mollusk species is that the lack of comparable sequence data available

in database for species other than inhabiting shallow water (Puillandre et al. 2009).

High level of mean genetic distance (0.349) calculated for Mollusca dataset was based on large genetic variation found in bivalve species. Kimura 2-parameter genetic distance among bivalve species was calculated as 0.626. Also genetic distances calculated among bivalves–gastropods and bivalves–cephalopods were 0.506 and 0.543, respectively. In order to understand the source of high genetic variation, we calculated the distance among cephalopod species and among cephalopods–gastropods. Results were 0.239 among cephalopod species and 0.301 between gastropods and cephalopods, almost half to one third of the genetic distance among bivalve species. These results could easily be interpreted as the reason behind the high genetic variation found in Mollusca dataset was based on species from Bivalvia class. Genetic variation levels among different taxonomic levels could not be calculated for Mollusca dataset as there are no species from the same genus, family, or order.

## Conclusions

In this study, we have successfully generated 440 *COI* barcodes belonging to 22 commercially important aquatic invertebrates from 22 genera, 17 families, 10 orders, 5 classes, and 3 phyla. Unique barcodes of 654 bp-long region of mitochondrial *COI* gene was sequenced using the same universal primer pair. None of the nucleotide sequences contain any deletions, insertions, or stop codons, indicating that all the

amplified fragments were functional mitochondrial COI sequences (Lakra et al. 2011). This lack of stop codons clearly shows that mitochondrial DNA-based nuclear DNA sequences, known as numts, were not amplified during PCR reactions. This supports our sentiment that DNA barcoding could be used as an efficient molecular tool in identification of aquatic invertebrates even if they are missing parts, in early-life forms or processed into seafood. Results gathered from analyzing our dataset were congruent with taxonomic classifications based on morphometric characters published by Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).

All the species sampled and barcoded in this study has both economic and ecologic impact on biodiversity and fisheries of Turkey. Barcode record generated in this study will help developing DNA Barcode database and creating a molecular reference that will help in monitoring and management of fisheries and biodiversity. Morphologically corrupted and unidentified bycatch species gathered from fisheries will be easily identified using those molecular references. It is a fact that the first step in management or conservation of a species is to identify it correctly. This study was just a beginning for a barcoding initiative of all the aquatic invertebrates in Turkey. Studies with wider species range have already begun and results will improve our knowledge on population structures, possible cryptic species, and biodiversity of these aquatic invertebrates.

**Declaration of interest:** The present work was supported by Ankara University Biotechnology Institute. The authors report no conflicts of interest. The authors alone are responsible for the content and writing of the paper.

## References

Allcock AL, Barratt I, Eleaume M, Linse K, Norman MD, Smith PJ, Steinke D, Stevens DW, Strugnell JM. 2010. Cryptic speciation and the circumpolarity debate: A case study on endemic Southern Ocean octopuses using the COI barcode of life. *Deep Sea Res Part II* 58(1–2):242–249.

Aravind K, Ravikanth G, Shaanker RU, Chandrashekar K, Kumar ARV, Ganeshaiyah KN. 2007. DNA barcoding: An exercise in futility or utility? *Curr Sci* 92(9):1213–1216.

Ardura A, Linde AR, Moreira JC, Garcia-Vazquez E. 2010. DNA barcoding for conservation and management of Amazonian commercial fish. *Biol Conserv* 143:1438–1443.

Bucklin A, Steinke D, Blanco-Bercial L. 2011. DNA barcoding of marine metazoa. *Annu Rev Mar Sci* 3:471–508.

Chase MW, Salamin N, Wilkinson M, Dunwell JM, Kesanakurthi RP, Haidar N, Savolainen V. 2005. Land plants and DNA barcodes: Short-term and long-term goals. *Philos Trans R Soc B* 360:1889–1895.

Dawson MN. 2005a. *Cyanea capillata* is not a cosmopolitan jellyfish: Morphological and molecular evidence for *C. amaskala* and *C. rosea* (Scyphozoa: Semaestomeae: Cyaneidae) in south-eastern Australia. *Invert Syst* 19:361–370.

Dawson MN. 2005b. Morphologic and molecular redescription of *Catostylus mosaicus conservativus* (Scyphozoa: Rhizostomeae: Catostylidae) from south-east Australia. *J Mar Biol Assoc UK* 85:723–731.

Dawson MN. 2005c. Renaissance taxonomy: Integrative evolutionary analyses in the classification of Scyphozoa. *J Mar Biol Assoc UK* 85:733–739.

Dawson MN, Jacobs DK. 2001. Molecular evidence for cryptic species of *Aurelia aurita* (Cnidaria, Scyphozoa). *Biol Bull* 200: 92–96.

Feng Y, Li Q, Kong L, Zheng X. 2011. DNA barcoding and phylogenetic analysis of Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) based on mitochondrial COI and 16S rRNA genes. *Mol Biol Rep* 38: 291–299.

Folino-Rorem N, Darling J, D'Ausilio C. 2009. Genetic analysis reveals multiple cryptic invasive species of the hydrozoan genus *Cordylophora*. *Biol Invasions* 11:1869–1882.

Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotechnol* 3(5):294–299.

Hebert PDN, Gregory TR. 2005. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Syst Biol* 54(5):852–859.

Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 270:313–321.

Hirose M, Osawa M, Hirose E. 2010. DNA barcoding of hermit crabs of genus *Clibanarius* Dana, 1852 (Anomura: Diogenidae) in the Ryukyu Islands, southwestern Japan. *Zootaxa*. 59–66.

Holland BS, Dawson MN, Crow GL, Hofmann DK. 2004. Global phylogeography of *Cassiopea* (Scyphozoa: Rhizostomeae): Molecular evidence for cryptic species and multiple invasions of the Hawaiian Islands. *Mar Biol* 145:1119–1128.

Hubert N, Hanner R, Holm E, Mandrak NE, Taylor E, Burrige M, Watkinson D, Dumont P, Curry A, Bentzen P, Zhang J, April J, Bernatchez L. 2008. Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. *PLoS ONE* 3(6):2490.

Jennings RM, Bucklin A, Ossenbrügger H, Hopcroft RR. 2010. Species diversity of planktonic gastropods (Pteropoda and Heteropoda) from six oceanregions based on DNA barcode analysis. *Deep Sea Res Part II* 57(24–26):2199–2210.

Keskin E, Atar HH. 2011. Genetic divergence of *Octopus vulgaris* species in the eastern Mediterranean. *Biochem Syst Ecol* 39: 277–282.

Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 16(2):111–120.

Krug PJ, Ellingson RA, Burton R, Valdes A. 2007. A new Poecilogonous species of sea slug (Opisthobranchia: Sacoglossa) from California: Comparison with the planktotrophic congener *Alderia modesta*. *J Mollus Stud* 73:29–38.

Lakra WS, Verma MS, Goswami M, Lal KK, Mohindra V, Punia P, Gopalakrishnan A, Singh KV, Ward RD, Hebert P. 2011. DNA barcoding Indian marine fishes. *Mol Ecol Res* 11:60–71.

Lorion J, Duperron SB, Gros O, Cruaud C, Samadi S. 2009. Several deep-sea mussels and their associated symbionts are able to live both on wood and on whale falls. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 276:177–185.

Marko PB, Lee SC, Rice AM, Gramling JM, Fitzhenry TM, McAlister JS, Harper GR, Moran AL. 2004. Mislabeling of a depleted reef fish. *Nature* 430:309–310.

Meyer CP, Paulay G. 2005. DNA barcoding: Error rates based on comprehensive sampling. *PLoS Biol* 3(12):2229–2238.

Mikkelsen NT, Schander C, Willassen E. 2007. Local scale DNA barcoding of bivalves (Mollusca): A case study. *Zool Scripta* 36(5):455–463.



- Moura CJ, Harris DJ, Cunha MR, Rogers AD. 2008. DNA barcoding reveals cryptic diversity in marine hydroids (Cnidaria, Hydrozoa) from coastal and deep-sea environments. *Zool Scripta* 31:93–108.
- Ortman B, Bucklin A, Pages F, Youngbluth M. 2010. DNA barcoding the Medusozoa using mtCOI. *Deep Sea Res Part II* 57(24–26):2148–2156.
- Puillandre N, Strong EE, Bouchet P, Boisselier MC, Couloux A, Samadi S. 2009. Identifying gastropod spawn from DNA barcodes: possible but not yet practicable. *Mol Ecol Res* 9: 1311–1321.
- Radulovici AE, Sainte-Marie B, Dufresne F. 2009. DNA barcoding of marine crustaceans from the Estuary and Gulf of St Lawrence: A regional-scale approach. *Mol Ecol Res* 9(1): 181–187.
- Shih HT, Kamrani E, Davie PJF, Liu MY. 2009. Genetic evidence for the recognition of two fiddler crabs, *Uca iranica* and *U. albimana* (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae), from the northwestern Indian Ocean, with notes on the *U. lactea* species-complex. *Hydrobiologia* 635:373–382.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. 2011. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol.* 28: 2731–2739.
- Undheim EAB, Norman JA, Thoen HH, Fry BG. 2010. Genetic identification of Southern Ocean octopod samples using mtCOI. *CR Biol* 333(5):395–404.
- Ward RD, Hanner R, Hebert PDN. 2009. The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *J Fish Biol* 74:329–356.



Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi 6 (2): 01-08, 2013  
ISSN: 1308-0040, E-ISSN: 2146-0132, www.nobel.gen.tr

## DNA Barkodlama: Mitokondriyal COI Geni Kullanılarak Moleküler Tanımlama

Emre KESKİN<sup>1,2\*</sup>

Hasan Hüseyin ATAR<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü

<sup>2</sup>Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Su Ürünleri Mühendisliği Bölümü

\*Sorumlu Yazar:

E-posta: [keskin@ankara.edu.tr](mailto:keskin@ankara.edu.tr)

Geliş Tarihi: 10 Haziran 2012

Kabul Tarihi: 24 Temmuz 2012

### Özet

Bu derlemede, günümüzde biyolojik tanımlama amacı ile en çok kullanılan moleküler yöntem olan DNA barkodlama tekniği tüm yönleri ile ele alınmıştır. DNA barkodlamanın diğer yöntemlerden farkı açıklanmış, hedef gen olarak sitokrom oksidaz c alt ünite I geninin seçildiği gerekçeleri ile birlikte verilmiş, DNA barkodlama tekniğinin uygulanması ve iş akışı ortaya koyulmuştur. DNA barkodlama ile ilgili bilgiler verilirken, uygulamada karşılaşılan zorluklar da konu kapsamına alınmış ve başlıklar altında incelenmiştir. Son olarak DNA barkodlama ile ilgili en çok tartışılan konu olan, DNA barkodlama çalışmaları ile filogeni ve populasyon genetiği çalışmalarının hangi noktalarda kesişimleri ve hangi noktalarda ayrıldıkları konusu açıklığa kavuşturulmaya çalışılarak, öneriler ortaya koyulmuştur.

**Anahtar kelimeler:** COI, DNA barkodlama, DNA kütüphanesi, mitokondriyal DNA, tür tanımlama.

## DNA Barcoding: Molecular Identification Using Mitochondrial COI Gene

### Abstract

In this review, DNA barcoding, which is the most commonly used molecular tool in biological identifications, was discussed in every respect. Difference of DNA barcoding from other molecular tools, the main reasons of using cytochrome oxidase c subunit I was given together with application and work flow of this approach. While explaining DNA barcoding, the difficulties encountered during application was also discussed under several subtitles within the scope of this review. Finally, the most contentious issue of relationship between DNA barcoding, phylogeny and population genetics was tried to be clarified along with suggestions related to subject.

**Keywords:** COI, DNA barcoding, DNA library, mitochondrial DNA, species identification.

## GİRİŞ

DNA barkodlama terimi, literatürde yaygın olarak kullanılmaya başlanan bir ifadedir. Bu yöntem temelde mitokondriyal DNA'nın 600-700 baz çifti uzunluğundaki standart bir bölgesinin hızlı, doğru ve otomatik bir şekilde tür tanımlamada kullanılmasına dayanmaktadır [1]. Fakat DNA barkodlamanın, incelendiğinde çok da yeni bir kavram olmadığı görülmektedir. "DNA barkodu" terimi ilk kez 1993 yılında, bilimsel çevrelerin çok da dikkatini çekmeyen bir çalışmada [2] kullanılmıştır. Hatta moleküler araçlar kullanılarak tür tanımlamalarının gerçekleştirilmesi ifadesi, bundan da eski bir kavram olarak, Sanger dizileme tekniğinden de önce ortaya çıkmıştır. Fakat DNA

barkodlamanın gerçek "altın çağı" 2003 yılında başlamış [3] ve konuyla ilgili yayınların sayısı hızla artarak, günümüzde bu konuda yayınlanmış makale sayısı 1000'iaşmıştır. DNA barkodlamanın potansiyel kullanıcıları sadece taksonomistler değildir. Bu yöntem adli bilimler, biyoteknoloji, gıda endüstrisi, hayvan besleme, genetik çeşitlilik, ve tür ayrımı gibi birçok alanda kullanılabilir bir araç olarak literatürdeki yerini almıştır.

Bugüne kadar gerçekleştirilen çalışmalarda, mitokondriyal sitokrom c oksidaz alt ünite I (COI) geninin yaklaşık 655 baz çiftlik küçük bir bölümü kullanılarak kuşlar, balıklar ve kelebekler gibi karmaşık gruplara ait

birçok canlı türünde %98-100 seviyelerinde tanımlama başarıyla gerçekleştirilmiştir. Barkodlama yönteminin kullanılmasıyla önceden tek bir tür olarak tanımlanan birçok ayrımı zor türün ortaya çıkarılması mümkün olmuştur. Barkodlama ile hızlı ve güvenilir tür tanımlamanın yanı sıra, farklı gruplar arasındaki filogenetik ilişkiler de daha kolay çözümlenebilir olmaktadır [4].

#### DNA Barkodlama Nedir?

Türlere özgü DNA profillerini ortaya çıkaran DNA barkodlama yöntemi, temelde basit bir önermeye dayanmaktadır. Bu önerme, organizmaların genomlarının küçük parçalarındaki DNA dizisi farklılıklarının herhangi bir canlının tür seviyesinde tanımlanmasını sağlayacak biyolojik barkodlar olarak kullanılabilir. Böylece, tanımlanamayan türlerin DNA dizileri ile DNA barkod veri tabanlarındaki DNA dizilerinin eşleştirilmesi yöntemiyle bu türlerin tanımlanmasını sağlayacak evrensel bir tür teşhis anahtarı oluşturulması mümkün olmaktadır. Kısa DNA dizilerinin kullanılmasının temelinde, dizinin tür içerisindeki farklılık seviyesinin türler arasındaki farklılık seviyesinden daha düşük olduğu varsayımı bulunmaktadır. Yöntem, canlılardan elde edilen doku örneklerinden DNA izolasyonu gerçekleştirilmesi, bu DNA'nın PCR ile hedeflenen bölgenin çoğaltılmasında kullanılması ve çoğaltılan bölgenin DNA dizi analizinin gerçekleştirilmesi aşamalarından oluşmaktadır. Bu işlemler sonucunda elde edilen DNA dizileri türlerin tanımlanmasında kullanılan barkodlar olarak veri bankalarına kayıt edilmektedir [4].

#### DNA Barkodlamanın Diğer Yöntemlerden Farkı

DNA barkodlamayı diğer yöntemlerden ayıran temel özellik tek bir gen bölgesi kullanılarak tüm hayvan türlerine yönelik evrensel bir biyolojik tanımlama sistemi prensibine sahip olmasıdır [3]. *COI* geninin 5' ucundan 655 baz çiftlik bölgesi, farklı şubelerden birçok canlıya göre tasarlanabilen primerler ile çoğaltılabilmesi nedeniyle DNA barkodlama için en uygun bölge olarak belirlenmiştir [5].

Bir gen bölgesinin DNA barkodu kadar kullanışlı olabilmesi için üç özelliğe sahip olması gerekmektedir. Bu özellikler:

1. Tür seviyesinde belirgin bir genetik varyasyon ve ayırım gücüne sahip olması,
2. Geniş bir taksonomik ölçekten canlılar için uygun evrensel primerler ile çoğaltılabilen, korunmuş uç bölgelerine sahip olması,
3. DNA ekstraksiyonu ve PCR sırasında sorun yaratmayacak kısa dizi uzunluğuna sahip olması şeklinde sıralanabilir.

*COI* geni tüm bu özelliklere sahip dolayı hayvanlarda tür seviyesinde ayırım gücüne sahip, standartlaştırılmış barkodlama bölgesi olarak kabul görmüştür [6].

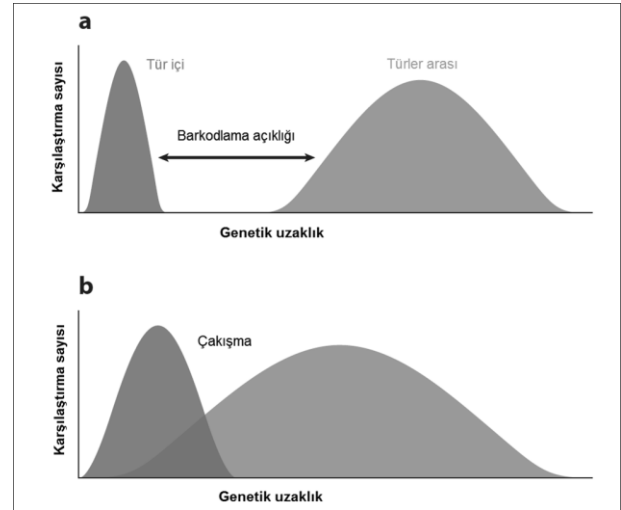
#### Neden Sitokrom C Oksidaz Alt Ünite I (*COI*) Geni?

*COI* barkod bölgesinin, metazoan mitokondriyal genomu bakımından tür içerisinde %3'ten küçük, türler arasında ise ortalama %10 ila %25 arasında belirgin bir farklılık gösterdiği yapılan çalışmalar ile ortaya koyulmuş bir gerçektir [7]. Günümüzde metazoan türler için kullanılan standart barkodun tanımı, *COI* geninin 5' ucundan 652-658 baz çiftlik bölgesi olarak ifade edilmektedir [3]. Metazoan türler için evrensel bir barkod bölgesi arayışında, mitokondriyal genomun nükleer genoma kıyasla birçok

avantajı söz konusudur. Bu avantajlar intronların bulunmaması, rekombinasyona sınırlı şekilde maruz kalması, tüm hücrelerde yüksek kopya sayısı, haploit özellikte olması ve maternal bir kalıtıma sahip olması şeklinde sıralanabilir. Geçmişte yapılan birçok sistematik analiz çalışmasında kullanılan *12S rRNA* ve *16S rRNA* genleri, göstermiş oldukları yüksek insersiyon ve delesyon frekansı nedeniyle elde edilen dizilerin hizalanmasında ve karşılaştırılmasında büyük zorluklara neden olmuştur. Metazoan türlerin mitokondriyal genomlarında bulunan 13 protein kodlayan gen genellikle bu insersiyon ve delesyonları içermektedir. *COI* geninin diğer protein kodlayan mitokondriyal genlerden üstünlüğü, metazoan türler için evrensel primer çiftleri kullanılarak çoğaltılabilmesi ve birçok farklı taksonomik seviyede kullanılabilir bir filogenetik sinyale sahip olmasıdır.

*COI* geninde bulunan kodonların üçüncü pozisyonundaki nükleotidleri yüksek oranda substitüsyon göstermekte ve böylece mitokondriyal rRNA genlerine oranla üç kat daha yüksek moleküler evrim hızına sahip olarak değerlendirilmektedirler. Bir başka önemli nokta da *COI* geninde gerçekleşen evrimin, yakın türlerin ayırımına imkan tanıyan ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi varyasyonu ortaya koyabilecek bir hızda gerçekleşmesidir [8].

*COI* geninin standart barkod geni olarak seçilmesindeki asıl neden, birden fazla tür için göstermiş olduğu belirgin ayırım gücü ve tür içi ile türler arasındaki uzaklığın çakışmadığı tipik varyasyon modelidir [7]. Tür içi ve türler arası varyasyonda çakışma meydana gelmemesi "barkodlama açıklığı" olarak adlandırılmış [9] ve barkod dizilerinin isabet ve güvenilirliğinde en önemli nokta olarak kabul edilmiştir (Şekil 1).



**Şekil 1.** Tür içi ve türler arası genetik uzaklıkların varsayımsal dağılım frekansları. (a) tür içi varyasyon ve türler arası varyasyonun ayrı dağılımından doğan barkodlama açıklığı, (b) tür içi ve türler arası varyasyonun çakışan dağılımı sonucu barkodlama açıklığının bulunmaması [9].

Tüm bu özelliklerine rağmen *COI* geninin çözümleyemediği bazı canlı grupları da bulunmaktadır. Bunlara örnek, Porifera (süngerler), Ctenophora (taraklılar) ve Anthozoa (mercanlar) olup, bu gruplardaki mitokondriyalDNA evrimsel hızının diğer metazoan gruplara kıyasla 10-20 kat daha az olduğu ileri sürülmektedir [10]. Dahası *COI* barkodlarından elde edilen verilerin bazı canlı gruplarında, yakın ilişkili türlerin güvenilir bir şekilde ayrımlarının gerçekleştirilmesinde yetersiz kaldığı da belirtilmektedir [11].

Bu istisnalar dışında, coğrafik olarak geniş yayılım gösteren farklı türlerin, türler arası ve tür içi genetik varyasyonlarını da içeren birçok çalışma sonucunda elde edilmiş birbirleriyle tutarlı veri setleri, *COI* geninin barkodlama çalışmalarında kullanılan standart belirteç olarak benimsenmesinde büyük rol oynamıştır. *COI* geninin standart belirteç olarak benimsenmesinin sonuçları NCBI (National Center for Biotechnology Information) GenBank ve BOLD (Barcode of Life Data Systems) gibi geniş, halka açık veri tabanlarına da belirgin bir şekilde yansımıştır. Barkodlama geninde gerçekleştirilen standartlaştırma sonrasında GenBank ve BOLD gibi veri tabanlarına *COI* gen dizilerinin girişinde büyük bir artış yaşanmıştır. Bu veri çeşitliliği ve yoğunluğu, *G-C* değişimleri gibi nükleotid kompozisyonundaki evrimsel değişimler de dahil olmak üzere hayvanlar, bitkiler ve mantarlardaki birçok moleküler evrimsel hipotezin incelenmesine olanak sağlamıştır. *COI* barkod bölgesi, nükleotid kompozisyonunun tahmininde özellikle tercih edilen bir dizi olmamasına ve mitokondriyal genomun herhangi bir bölgesinden bu anlamda çok farklı olmamasına rağmen, farklı taksonlardan gerçekleştirilen yoğun örneklemeler sonucunda barkod kütüphanelerinde bu bölgeye ilişkin birçok kayıt oluşmakta ve böylece çok sınırlı sayıda diziyeye sahip mitokondriyal genom veri tabanlarının sunamadığı karşılaştırma yapılacak bir referans DNA kütüphanesi imkanını araştırmacılara sunmaktadır [8].

*COI* gen bölgesinin tür seviyesinde tanımlamalarda etkin bir şekilde kullanılabilirliği günümüzde birçok omurgalı ve omurgasız hayvan grubu için kabul edilmiştir [12]. Barkodlama ayrıca hayvan hücre hatlarının tanımlanmasında da kullanılabilirlikte [13] ve biyoçeşitlilik veri tabanlarındaki materyallerin karakterizasyonunda önerilen bir uygulama olarak da karşımıza çıkmaktadır [14]. Bunlarla birlikte, *COI* geninin aynı bölgesi kırmızı makro alglerin tür tanımlanmasında [15], tek hücreli protistlerde ve bazı mantarlarda [16] da kullanılmaktadır. Bu kadar geniş ölçekte uygulama alanına sahip bu bölgenin ayırım gücünün temelinde nükleotid dizilerinde aynı anda meydana gelen değişikliklerdeki sıklık yer almaktadır.

Moleküler biyoloji yöntemleri hızla gelişmekte olduğundan günümüzde ekonomik olarak görülmeyen mikroarray ve hibridizasyon problemleri kullanılarak tek bir prob ile çok sayıda türün moleküler tür tayini uygulanabilir olacaktır. *COI* geni moleküler tür tayini özelinde değerlendirildiğinde, bugüne kadar yapılan çalışmalarda sürekli hata veren bir taksona rastlanmamış ve yukarıda bahsedilen nedenlerden ötürü en uygun moleküler belirteç olarak değerlendirilmektedir. Fakat filogenetik çalışmalarda ve populasyon çalışmalarında *COI* geni ile birlikte nükleer genlerden de en az bir belirteç kullanılması, sadece mitokondriyal bir gen ile çalışmanın doğurabileceği olası

hataları en aza indirmek bakımından göz önünde bulundurulması gereken bir başka noktadır.

#### DNA Barkodlamasının Uygulanması

Geniş veri dijitalleştirme projeleri sayesinde, tüm dünyada biyoçeşitlilik çalışan araştırmacılar taksonomik literatüre rahatlıkla ulaşabilmektedir. İnternet erişimi tabanlı veri bankaları ile geçerli taksonomik isimlendirmeler ve sinonimlerinin de takip edilmesi kolaylaşmış durumdadır. Tüm bunlar çevrimiçi tür tayin anahtarları ve yüksek çözünürlükte dijital görüntüler ile birlikte değerlendirildiğinde taksonomik bilgi hiç olmadığı kadar kolay ulaşılabilir hale gelmektedir. Tüm bu gelişmelere rağmen morfolojik analizler halen ayırımı zor türlerin, larvaların, yavruların ve vücut parçalarının tür seviyesinde tanımlanmasına yetecek kadar olanak sağlamamaktadır. Türlerin daha iyi karakterize edilmesi ve tanımlanmasında, morfolojik tanımlanması gerçekleştirilmiş örneklerden elde edilen standart, referans DNA dizilerinden yararlanılabilir. Çok geniş taksonomik ölçekteki örnekler arasından elde edilen belirli standartta DNA dizileri herkesin ulaşabileceği ortak bir veri tabanı altında toplanabilir. Bilinmeyen türlerin tanımlanması için bu şekilde bir veri tabanının oluşturulması ve kullanılması zorunludur. Önceki çalışmalar incelediğinde, GenBank veri tabanında omurgalılara ilişkin DNA dizisi kayıtlarının büyük çoğunluğunu *sitokrom b* dizileri oluşturmaktaydı. Bunun nedeni *sitokrom b* genini çoğaltmak için kullanılan birçok primer çiftinin bulunmasıydı [17]. Günümüzde ise bu denge *COI* dizileri yönünde değişmiştir. Örneğin, DNA barkodlamasının en çok kullanıldığı balıklarda ve diğer sucul canlılarda *sitokrom b* dizisine ilişkin yaklaşık 3.000 türden 15.000 örneğe ilişkin kayıt bulunurken bugün *COI* dizilerinden oluşan yaklaşık 8.500 türe ilişkin 70.000'in üzerinde kayıt bulunmaktadır ve *sitokrom b* kayıtlarındaki heterojenliğin aksine tüm *COI* kayıtları genin standart bir bölgesine aittir. Ayrıca BOLD veri tabanında kayıtlı bu diziler "barkod" olarak kabul edilebilmeleri açısından belirli standartlara sahip olmaları gerektiğinden, bilinmeyen türlerin tanımlanmasında güvenilir bir temel oluşturmaktadırlar [18].

#### DNA Barkodlama İş Akışı

Barkodlama yolu ile tür tanımlanması genel olarak, incelenen örnekten elde edilen genomun standart bir kısımdan elde edilmiş ve DNA barkodu adı verilen kısa DNA dizisinin kullanılmasıyla gerçekleştirilir. Bilinmeyen tür örneklerinden elde edilen bu barkod dizileri, tanımlanması gerçekleştirilmiş ve veri tabanına kaydedilmiş barkodlar ile karşılaştırılır. Veri tabanında kayıtlı barkodlardan biri ile eşleşirse tür tanımlaması gerçekleşir. Eşleşme gerçekleşmediği takdirde, benzerlik oranlarına göre, kayıtlı türlere ilişkin yeni bir barkod kaydı olarak (haplotip veya coğrafik varyete) veya potansiyel yeni bir tür olarak değerlendirilir.

Tür seviyesinde biyosistematiği tanımlamalarda birçok gen bölgesi kullanılmış fakat DNA barkodlama için evrensel bir standart oluşturulması fikri sonucunda daha öncede belirtildiği üzere, hayvanlar için *COI* geninin 5' ucundan 655 baz çiftlik bölgesi kabul görmüştür. Bu boyda bir dizi seçilerek konvansiyonel dizileme platformlarında tek seferde güvenle okunabilecek bir barkod oluşturulmuştur. DNA'da oluşan degradasyon sonucu 655 baz çiftlik

bölgenin çoğaltılamayacağı durumlarda COI geninin daha kısa bölgeleri de (mini barkodlar) tür tanımlamada kullanılabilir [19].

Bazı araştırmacılar, türlerin tanımlanmasında alternatif lokuslardan yararlanılabileceğini savunmaktadır. Örnek olarak, toprak nematodları ve benzer gruptaki canlıların tanımlanmasında *18S rDNA* dizilerinin kullanıldığı ve "DNA taksonomisi" adı verilen bir yöntem geliştirilmiştir [20]. Fakat bu yaklaşımda, DNA barkodlamada olduğu gibi dizi analizi ile elde edilen genetik özelliğin Linnaeus taksonomisindeki türler ile eşleştirilmesi gibi bir amaç yoktur. Bu durumda da DNA taksonomisi yaklaşımı yalnızca detaylı taksonomik düzene sahip olmayan canlı gruplarında kullanılabilir olmaktadır. *COI* dizilerinin yeterli sayıda bulunmadığı durumlarda tür içerisinde ayrım yapabildiği tespit edilen veya ayrımı zor bir türün ortaya çıkarılmasında moleküler kanıt olarak kullanılabilen alternatif belirteçler de [21] kullanılmıştır. Ayrıca bitkiler gibi bazı gruplarda *COI* tür seviyesinde ayrım yapabilecek hızda evrimleşmediğinden dolayı alternatif belirteçler kullanılmaktadır [22]. DNA barkodlamasının farklı hayvan gruplarındaki etkinliğini gösteren çeşitli çalışmalar mevcuttur [3, 7, 19, 21, 23]. Bu çalışmalar ile DNA barkodlaması gerçekleştirilen türlerin %95'inden fazlası için özgün bir *COI* barkod dizisi elde edilmiş ve tür seviyesinde tanımlamalar düzenli bir şekilde yürütülmüştür. İlk gerçekleştirilen barkodlama çalışmaları örneklemelerin kısıtlı bir taksonomik ve coğrafik kapsamda gerçekleştirilmesi nedeniyle eleştirilmiştir. Daha sonra yapılan çalışmalarda tropikal ortamlarda bulunan türleşme bakımından zengin taksonlar [19] ve belirli taksonomik gruplardaki türlerin tamamı hedef alınarak [9] detaylı analizler gerçekleştirilmiştir. Çalışmalardaki asıl hızlanma, araştırma kuruluşları tarafından oluşturulan uluslararası bir birlik olan ve DNA barkodlamasının tür tanımlanmasında uluslararası bir standart olmasını destekleyen CBOL (Consortium for the Barcode of Life)'un kurulması ve DNA barkodları için küresel, çevrimiçi bir veri yönetim sistemi olan BOLD'un geliştirilmesi ile mümkün olmuştur [24].

Barkodlama çalışmaları genel olarak belirli taksonomik gruplardan örneklerin elde edilmesi (mümkünse morfolojik karakterler gibi klasik taksonomik yöntemler kullanılarak tanımlanması), DNA barkod dizilerinin (*COI* geninin 655 baz çiftlik kısmı) elde edilmesi ve diğer bilgiler ile bir araya getirilerek kataloglanması şeklinde yapılmaktadır. DNA barkod verilerinin analiz aşaması ise elde edilen nükleotid dizilerinin hizalanması ile başlar. Hizalanan diziler, kontrol amacı ile kodon analizinden geçirilir ve herhangi bir delesyon, insersiyon veya stop kodon oluşumu olup olmadığı tespit edilir. Ardından Kimura 2-parameter (K2P) modeline göre genetik uzaklık matrisi oluşturulur ve karşılaştırılan diğer türler ile ilişkisi neighbor-joining (NJ) yöntemine göre çizilen ağaçlar ile gösterilerek tür içi ve türler arası sonuçları değerlendirilebilmektedir [25].

### Uygulamada Karşılaşılan Zorluklar

#### Heteroplazmi

Bilinen şekli ile mitokondriyal DNA'daki maternal kalıtım; homoplazmi (tüm hücre veya bireylerde tek tip mtDNA) ile sonuçlanır. Fakat nükleer psödogenlerin farklı çoğalmaları [26], paternal aktarımlar [27], somatik mutasyonlar [28] ve tür çaprazlamaları [29] heteroplazmiye

(tüm hücre veya bireylerde birden fazla mitokondriyal DNA'nın karışımının bulunması) neden olabilmektedir. Bilinen mitokondriyal DNA kalıtımına istisna bir örnek olarak *Mytilus edulis* türü midyeler gösterilebilir. Bu midye türlerinde heteroplazmik mitokondriyal DNA yapısına sahip homoplazmik bireyler saptanmıştır [30]. Bu saptamalar *Mytilus* türlerinde biparental kalıtımın meydana gelebilmesi hipotezi ile açıklanmaktadır [31]. *Mytilus* türlerinin barkodlarının ve diğer mitokondriyal genlerin analizinde karşılaşılan zorluğun, türler arasındaki hibridizasyon sonrasında başlayan rekombinasyondan kaynaklandığı ileri sürülmektedir [32].

#### Psödogenler

Nükleusta bulunan mitokondriyal psödogenlerin (numt; nonfunctional copies of mtDNA in the nucleus) birçok önemli ökaryotik organizma grubunda tespit edildiği bilinmektedir. Bu psödogenler korunmuş evrensel primerler kullanıldığı zaman kolaylıkla mitokondriyal DNA ile birlikte amplifiye olabilmektedirler. Bu durum, nükleusta meydana gelen nükleotid substitüsyonlarının mitokondriyal genomdakiler kadar hızlı gerçekleşmemesi nedeniyle [33] özellikle DNA barkodlama açısından sorun yaratmaktadır. Fakat son yıllarda yapılan çalışmalarda barkodlama sonuçlarının psödogenler nedeniyle yanlış değerlendirilmesinin önüne geçen analiz yöntemlerinin geliştirilmesi ifade edilmektedir [34].

#### Formalin

DNA barkodlamada en sık karşılaşılan problemlerin başında doku örneklerinin pH'sı iyi ayarlanmamış formalin çözeltilerinde saklanması gelmektedir. pH dengesi ayarlanmamış formalinin hızlı asidifikasyonunun arşivlenmiş örneklerden zaten zor olan DNA ekstraksiyonunu bir kat daha zorlaştırdığı belirtilmektedir [35]. Bilinen aksine, dokuların pH dengesi ayarlanmış formalin içerisinde uzun zaman saklanması moleküler analizde kullanılmalarına bir engel oluşturmamaktadır. Formalin içerisinde saklanmış dokulardan DNA ekstraksiyonuna yönelik birçok protokol bulunmakta, dahası formalin içerisinde saklanmış zooplankton [36] ve balık [37] örneklerinden elde edilmiş DNA barkodlarına da literatürde rastlanmaktadır. Mevcut sorunun aşılmasına yönelik yeni protokoller geliştirilmekle beraber, moleküler analizde kullanılacak dokuların saklanmasında yine de en uygun yöntem olarak etanol içerisinde veya dondurularak saklanması gösterilmektedir [35].

#### Hatalı diziler

Canlıların *COI* dizilerine ilişkin kayıtların NCBI GenBank veri tabanında hızla artması sayesinde bu canlıların karşılaştırmalı tanımlanmasında kaynak oluşturacak kullanışlı ve detaylı bir kütüphane meydana gelmiş ve bu kütüphane gün geçtikçe de büyümektedir. Fakat dikkatli bir şekilde incelendiğinde GenBank veri tabanında taksonomik tanımlamanın yanlış yapıldığı, DNA dizisinin uygun bir şekilde kontrol edilmediği (dizinin yanlış hizalanması, stop kodonların oluşması, okuma çerçevesindeki insersiyon ve delesyonlar), bilinmeyen psödogenler içeren ve mikrobiyal kontaminasyonlara maruz kalmış birçok hatalı diziyeye de rastlandığı da ifade edilmektedir [8]. Bu hatalı dizilerin ancak belirli taksonların

karşılaştırmalı olarak incelenmesi ile tespit edilebildiği vurgulanmaktadır [38].

#### **Hibridizasyon**

Türler arası hibridizasyon kuşkusuz barkodlama çalışmalarında önemli bir sorun teşkil etmektedir. Bilindiği gibi barkod geni olan *COI*, mitokondriyal bir gen dir ve genellikle maternal olarak aktarılır. Bu sebepten ötürü hibrit bir canlı kaçınılmaz bir şekilde ve hatalı olarak maternal türle aynı tür olarak tanımlanacaktır. Eğer tanımlaması yapılacak türün hibritleşebilen türler arasında olduğu biliniyorsa ve doğru bir tanımlama yapmak isteniyorsa mutlaka DNA barkodlama ile birlikte bilinen türe özgü nükleer DNA allelleri de analiz edilmesi önerilmektedir. Eğer örnek gerçekten hibrit ise barkodlama sonucunda maternal tür belirlenecek, nükleer DNA dizisi yardımıyla da paternal tür ortaya çıkarılacaktır. Örneğin, çok sayıda kemikli iç su balığı ve deniz balığında hibridizasyon tespit edilirken, kıkırdaklı balıklarda bugüne kadar tespit edilmiş bir hibridizasyon bulunmadığı bilinmektedir. Bunun en önemli nedeni kemikli balıklarda görülen dış döllenme yerine, kıkırdaklı balıklarda iç döllenmenin gerçekleşmesidir. Buna rağmen kemikli balıklar içerisinde bile hibridizasyon, türlerin yalnızca %1'inde görülmektedir [18]. Bu duruma örnek olarak iç su balıklarından *Carassius gibelio* türünün bazı popülasyonlarında tespit edilen ginogenetik üreme gösterilebilir. Bu üreme tipinde dişiler, erkeğin spermine yumurta gelişiminin başlayabilmesi için ihtiyaç duyar fakat embriyo oluşumuna herhangi bir katkısı olmaz [39].

#### **DNA Barkodlamının Taksonomi, Filogeni ve Populasyon Genetiği ile İlişkisi**

##### **DNA barkodlama-taksonomi ilişkisi**

Taksonomik çalışmalarla birlikte yürütülen DNA barkodlamının, örneklerin tür seviyesinde tanımlanmalarında sağladığı faydalar ne kadar büyük olsa da, barkodlama hiçbir zaman kapsamlı taksonomik analizini yerini alacak bir uygulama olarak görülmemelidir. Bilinmeyen bir örnek barkod veri tabanından bir tür ile eşleşme sağlamaz ise, bu bilinmeyen örneğe ait barkod dizisi onun yeni bir tür olarak değerlendirilmesini sağlamaz. Aksine bu örnekler kapsamlı bir taksonomik analize tabi tutulurlar. Bu tanımlanamayan örneklerin klasik taksonomik yöntemler çerçevesinde değerlendirilmesi, barkodlama analizinden çok daha uzun sürse de yeni bir türün ortaya çıkarılmasında daha yüksek bir potansiyele sahiptir [19]. Detaylı olarak çalışılmamış taksonomik gruplarda gerçekleştirilen çalışmalarda, klasik taksonomik çalışma öncesinde gerçekleştirilecek DNA barkodlama çalışması ile örneklerin hızla genetik olarak farklı gruplara ayrılması sağlanabilir ve taksonomik çalışmanın iş yükü azaltılabilir. Yeni türlerin teşhisi ve tanımlanması en nihayetinde kapsamlı bir taksonomik çalışma ile gerçekleştirilse de, DNA barkodlama bu süreci belirgin bir biçimde hızlandırmakta ve kolaylaştırmaktadır. Genellikle morfolojik ve ekolojik verilerin toplanmasını da gerektiren klasik taksonomik çalışma yöntemleri, farklı taksonomik gruplara göre değişkenlik gösterirken (örneğin kuşlarla balıkların taksonomik tanımlanması farklı yöntem ve tecrübe gerektirir), barkodlama analizi çok geniş canlı

grupları için (örneğin tüm hayvan taksonları) hemen hemen standart hale getirilmiştir [40].

##### **DNA barkodlama - filogeni ilişkisi**

DNA dizisi verilerinin işine girilmesiyle filogenetik çalışmalarda son yirmi yılda çok önemli bir gelişme yaşanmış ve farklı canlı gruplarına yönelik geniş ölçekli projelerin sayısında artış görülmüştür. Moleküler filogeni temelli bir projede öncelikle analiz edilecek hedef grubun ölçeğinin (örneğin familya) belirlenmesi, hedef grubu temsil edecek taksonların belirlenmesi, DNA dizisi bilgilerinin elde edilmesi ve filogenetik ağaçların oluşturulmasında en uygun yöntemin belirlenmesi (Maximum Likelihood, Maximum Parsimony, Bayesian analizi vb.) gerekmektedir. Bu işlemler detaylı olarak farklı çalışmalarda anlatılmakla beraber güçlü bir şekilde desteklenebilen filogenetik ağaçların oluşturulmasında lokusların ve hedef grubu temsil edecek taksonların seçimi çok önemlidir. Kısa bir zaman öncesine kadar hedef gen seçiminde dizi analizinde sıkıntı yaratmayan özellikte dizilere sahip olan ve evrensel primerler ile çoğaltılabilen ribozomal genler tercih edilmekteydi. Fakat günümüzde, mevcut teknolojik gelişmeler ışığında daha stratejik gen seçimleri mümkün hale gelmiştir. Dolayısıyla, son zamanlarda gerçekleştirilen çalışmalarda filogenetik analizlerde farklı genomik kısımlardan (örneğin nükleus, mitokondri veya kloroplast), birden fazla lokustan, toplamda birkaç kilobaz uzunluğunda DNA dizileri elde edilmektedir. Böylece farklı taksonomik seviyelerden elde edilen filogenetik çözünürlüğün artırılması sağlanmakta [19] ve tek bir gene spesifik hataların önüne geçilebilmektedir.

Bir başka gözden kaçırılan nokta ise takson örneklemelerine, lokus seçimine gösterildiği kadar özen gösterilmemesidir. Fakat takson örneklemelerinin artırılması dal uzunluklarının kısılmasını ve homoplasi sayısının azalmasını sağlayarak doğru filogenetik ağacın oluşturulmasına yardımcı olmaktadır. Aksi takdirde dal uzunlukları ve homoplaside görülecek artış, yanlış bir filogeni oluşturulması ile sonuçlanabilir [41]. Birçok araştırmacı filogeninin çözünürlüğünü artırmak için daha fazla gen eklemektense daha fazla takson eklemenin çok daha faydalı olduğunu savunmaktadır [42]. Veri setine daha fazla takson eklemek analize yardımcı olmakla beraber analizler sırasında hesaplamaya ilişkin faktörler nedeniyle analiz edilebilecek takson sayısı sınırlı olduğundan eklenecek taksonların seçimi iyice önem kazanmaktadır. Bu sınırlayıcı nedenlerden ötürü araştırmacılar, yüksek sayıda takson içeren filogenetik veri setleriyle (örneğin yüzlerce tür) çalışırken daha bulgusal ve basit analitik yöntemlerden yararlanmaktadırlar [43].

Her ne kadar barkod kütüphaneleri ile moleküler filogenetik veri setleri benzerlikler gösterebilir de (her ikisi de canlı gruplarına ilişkin DNA dizi bilgisi içermektedir), DNA barkodları genellikle evrimsel ilişkileri derinlemesine çözümleyebilecek yeterlilikte filogenetik sinyale sahip değildirler [23]. DNA barkodlama çalışmaları, filogeni oluşturma çalışmalarına takson seçiminde yardımcı olarak katkıda bulunabilmektedir. DNA barkodları hem tür tanımlamada hem de ayrımı zor veya yeni türlerin ortaya çıkarılması noktasında etkili olduğundan, kapsamlı filogenetik analiz gerektiren taksonların belirlenmesinde kullanılacak bir moleküler araçtır.

### DNA barkodlama - populasyon genetiği ilişkisi

Biyolojik ilişkilerin ortaya çıkarılmasında kullanılan araçlar ve uygulamalar biyolojinin iki önemli dalı tarafından geliştirilmiştir. Bunlar moleküler filogenetik ve populasyon genetiğidir. Bu bilim dalları canlılar arasındaki ilişkilerin farklı seviyelerine odaklanmıştır. Moleküler filogenetik çalışmalarda genellikle canlı grupları arasındaki daha derin evrimsel ilişkiler üzerine yoğunlaşılırken, populasyon genetiği çalışmalarında tek bir türün kendi içindeki ve farklı populasyonları arasındaki varyasyon hedef alınmaktadır [43]. Bu bağlamda, DNA barkodlama türler bakımından kapsamlı bir içeriğe sahipken, birbirleriyle ilişkilerinden çok tanımlanmalarına odaklanarak iki disiplinin ortasında bir yerde kendine yer bulmaktadır.

Bilinenin aksine, DNA barkodlama tür içi genetik farklılıkların ortaya çıkarıldığı populasyon genetiği çalışmalarında sıklıkla kullanılmakta ve tür içi genetik varyasyonu tespit etmekte çok başarılı bir genetik belirteç olarak kabul edilmektedir. Özellikle balık türleri üzerinde yoğunlaşan çalışmalarda DNA barkodlamanın populasyon genetiği çalışmalarında etkin bir şekilde kullanılabilceği elde edilen sonuçlar ile ortaya koyulmuştur.

Avustralya'dan toplamda 207 balık türünün COI geninin DNA dizisini analiz eden araştırmacılar [23] ortalama tür içi K2P uzaklığını %0,39 olarak hesaplamışlardır. Araştırmacılar, bu çalışmadan elde edilen sonuçların COI geninin barkodlanmasının balıklarda türlerin ve tür içi farklı populasyonların tanımlanmasında kullanılabilceğini gösterdiğini belirtmişlerdir.

Bir başka çalışmada [44], araştırmacılar DNA barkodlamanın etkinliğini göstermek için Kanada faunasında bulunan ve salmonlar ile mersin balıkları gibi yüksek ekonomik öneme sahip balık türlerinin de içeren yaklaşık 200 tatlı su balığında, türler arasındaki genetik uzaklığı tür içerisindeki ortalama genetik uzaklığın 27 katı olarak hesaplamış ve türler arasındaki ortalama K2P uzaklığı %8,3, tür içerisinde ise %0,3 olarak bildirmişlerdir. Çalışmanın sonucunda DNA barkodlamanın tatlı su balık türlerinin populasyon içi genetik uzaklıklarının hesaplanmasında etkin bir biçimde kullanılabilceğini savunan araştırmacılar, oluşturulan COI kütüphanesinin populasyon genetiği, ekoloji ve sistematik alanında gerçekleştirilecek sonraki çalışmalarda kullanılabilceğini belirtmişlerdir.

Kuzey (Atlantik ve Akdeniz) ve Güney (Avustralya ve Asya) yarım küredeki denizlerden toplanan 15 balık türüne ait toplam 149 örneğin kullanıldığı bir başka çalışmada [45] örneklenen türlerden ikisinin kuzey ve güney populasyonları arasında büyük bir farklılık (FST değerleri 0,84 ve 0,86) olduğu tespit edilmiştir. Bu türlerden biri *Lepidopus caudatus* olarak bildirilmiş ve kuzey ile güney populasyonları arasında %2,75'lik bir genetik uzaklık tespit edilmiştir. İkinci tür ise *Zeus faber* olarak bildirilmiş ve kuzey ile güney populasyonları arasında %7,44'lük bir genetik uzaklık olduğu belirtilmiş ve bu iki türe ait tüm örneklerin doğru populasyonlar altında kümelendiği vurgulanmıştır.

Hint Okyanusu'nun karşı yönlerinden, hem kıyı hem açık deniz yaşamlarını temsil edecek şekilde seçilmiş 35 balık türünün populasyonları arasındaki farkı DNA barkodlama ile inceleyen araştırmacılar [46], Güney Afrika ve

Avustralya denizlerinden örneklenen kıyı balığı türlerinin önemli bir kısmında (ortalama %5,10) populasyonlar arasında derin bir farklılık olduğu tespit etmişlerdir. Çalışmada, benzer bir yapının birkaç kıyı türünde de gözlemlendiği (ortalama %0,84) fakat açık deniz türlerinde gözlemlenmediği (%0,26) belirtilmiştir.

## SONUÇ VE ÖNERİLER

DNA barkodlama çalışmaları günümüzde hızla artarak biyoçeşitliliğe yönelik bugüne kadar gerçekleştirilen en geniş kapsamlı genomik girişim halini almıştır. Türkiye'de ise sucul canlılar üzerinde gerçekleştirilen DNA barkodlama çalışmaları [47-52] dışında henüz bu konuda yeterli sayıda çalışma bulunmamaktadır. COI gen bölgesi kullanılarak gerçekleştirilen birçok çalışma olmasına rağmen bu çalışmalarda standart DNA barkod bölgesi kullanılmamış veya uygun protokollere göre bir yöntem izlenilmemiş, Sadece mitokondriyal gen seçiminde belirteç olarak COI geninin herhangi bir parçası kullanılmıştır. Burada unutulmaması gereken en önemli nokta COI genine ilişkin diziler kullanılarak gerçekleştirilen çalışmaların "DNA Barkodlama" çalışması özelliği taşıması için çalışmanın evrensel olarak belirlenen protokollere uygun şekilde yürütülmesi gerektiğidir. Ülkemizde bu alandaki çalışmaların sayısının az olmasının başlıca nedeni ise, tüm dünyada devlet ve özel sektör tarafından maddi destek sağlanan DNA barkodlama çalışmalarının ülkemizde aynı desteği bulamaması olarak görünmektedir.

Oluşturulacak COI barkod kütüphaneleri ile ileride gerçekleştirilecek biyoçeşitlilik takip ve etiketleme çalışmaları hızlı ve güvenilir bir şekilde uygulanabilecektir. Böylece, bu moleküler araç kullanılarak aşırı avcılığı yapılan veya başka tür adı altında avlanan veya satılan, tehlike altındaki türler kesin bir şekilde tanımlanarak biyoçeşitlilik yönetim çalışmaları daha etkin hale getirilebilecektir. Bir türün tehlike altında olup olmadığını tespit etmenin ilk adımının, o türün doğru olarak tanımlanması olduğu unutulmamalıdır. DNA barkodlama yaklaşımı ile canlıların yalnızca yumurtaları, larvaları, doku örnekleri ve işlenmiş parçaları kullanılarak bile tür tanımlamaları gerçekleştirilebilir, canlıların korunmasına yönelik genetik çalışmalar ortaya koyulabilir. Sistematik bir bakış açısıyla değerlendirildiğinde, COI barkodları kullanılarak belirli tanımlayıcı karakterlere sahip türlerin hızlı bir şekilde ayrımları gerçekleştirilebilir. DNA barkodlama sonrasında yapılacak ve farklı karakterlerin kullanılacağı bir taksonomik analiz ile biyoçeşitliliğin kayıt altına alınması çok daha kolay gerçekleşecektir.

Türkiye'de bulunan türlere yönelik oluşturulacak bir ulusal DNA barkod veri tabanı ile morfolojik tanımlamalarında zorluk yaşanan örnekler veya farklı yaşam evrelerindeki örnekler, çok kısa sürede ve etkin bir şekilde tür seviyesinde tanımlanabilir. Gerçekleştirilecek DNA barkodlama çalışmaları sonrasında BOLD ve GenBank veri tabanlarına kayıtları yapılacak türlerin tamamı Türkiye'den bildirilen COI barkodlarını oluşturarak bundan sonra gerçekleştirilecek çalışmalarda referans diziler olarak kullanılabilir. Ülkemizin bulunduğu coğrafya göz önüne alındığında, özellikle endemik türlerimize yönelik başlatılacak DNA barkodlama çalışmaları ile mevcut

biyoçeşitliliğimizin evrensel standartlarda kayıt altına alınması büyük önem taşımaktadır. Bu sayede mevcut biyoçeşitliliğimizin korunmasına yönelik stratejilerin geliştirilmesinde önemli bir referans oluşturulması sağlanabilecektir.

İnsan davranışları belirgin biçimde değişmediği takdirde 2050 yılı itibarıyla biyoçeşitlilik ve ekosistemlerde önemli değişimlerin meydana geleceği tahmin edilmektedir [53]. DNA barkodlama tekniği kullanılarak daha güvenilir biyoçeşitlilik kayıtları tutulabilir, tehlike altında olan türlerin tükenme durumları takip edilebilir ve satışa sunulan ürünlerin kontrolleri gerçekleştirilerek, biyoçeşitlilik kaynaklarının korunmasına katkıda bulunulabilir.

## KAYNAKLAR

- [1] Hebert PDN, Gregory TR. 2005. The Promise of DNA Barcoding for Taxonomy. *Systematic Biology*. 54(5):852-859.
- [2] Arnot DE, Roper C, Bayoumi RA. 1993. Digital codes from hypervariable tandemly repeated DNA sequences in the *Plasmodium falciparum* circumsporozoite gene can genetically barcode isolates. *Molecular and Biochemical Parasitology*. 61:15-24.
- [3] Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences*. 270:313-321.
- [4] Aravind K, Ravikanth G, Shaanker RU, Chandrashekar K, Kumar ARV, Ganeshaiyah KN. 2007. DNA barcoding: An exercise in futility or utility? *Current Science*. 92(9):1213-1216.
- [5] Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology And Biotechnology*. 3(5):294-299.
- [6] Kress WJ, Erickson DL. 2008. DNA barcodes: Genes, genomics, and bioinformatics. *Proceedings of The National Academy Of Sciences*. 105(8):2761-2762.
- [7] Hebert PDN, Ratnasingham S, Dewaard JR. 2003b. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences*. 270:96-99.
- [8] Bucklin A, Steinke D, Blanco-Bercial L. 2011. DNA Barcoding of Marine Metazoa. *Annual Reviews of Marine Science*. 3:471-508.
- [9] Meyer CP, Paulay G. 2005. DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. *PLoS Biology*. 3(12):2229-2238.
- [10] Shearer TL, Oppen MJ, Romano SL, Wörheide G. 2002. Slow mitochondrial DNA sequence evolution in the Anthozoa (Cnidaria). *Molecular Ecology*. 11:475-87.
- [11] Huang D, Meier R, Todd PA, Chou LM. 2008. Slow mitochondrial COI sequence evolution at the base of the metazoan tree and its implications for DNA barcoding. *Journal of Molecular Evolution*. 66:167-174.
- [12] Waugh J. 2007. DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. *Bioessays*. 29:188-197.
- [13] Cooper JK, Sykes G, King S, Cottrill K, Ivanova NV, Hanner R, Ikonon P. 2007. Species identification in cell culture: a two-pronged molecular approach. *In Vitro Cellular & Developmental Biology-Animal*. 43:344-351.
- [14] Hanner R, Gregory TR. 2007. Genomic diversity research and the role of biorepositories. *Cell Preservation Technology*. 5:93-103.
- [15] Saunders GW. 2005. Applying DNA barcoding to red macroalgae: a preliminary appraisal holds promise for future applications. *Philosophical Transactions of The Royal Society B: Biological Sciences*. 360:1879-1888.
- [16] Seifert KA, Samson RA, deWaard JR, Houbraken J, Levesque CA, Moncalvo JM, Louis-Seize G, Hebert PDN. 2007. Prospects for fungus identification using CO1 DNA barcodes, with *Penicillium* as a test case. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*. 104:3901-3906.
- [17] Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX, Wilson AC. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 86:6196-6200.
- [18] Ward RD, Hanner R, Hebert PDN. 2009. The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal Of Fish Biology*. 74:329-356.
- [19] Hajibabaei M, Smith MA, Janzen DH, Rodriguez JJ, Whitfield JB, Hebert PDN. 2006. A Minimalist Barcode Can Identify A Specimen Whose DNA Is Degraded. *Molecular Ecology Notes*. 6:959-964.
- [20] Blaxter ML. 2004. The promise of a DNA taxonomy. *Philosophical Transactions Of The Royal Society B: Biological Sciences*. 359:669-679.
- [21] Smith MA, Woodley NE, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN. 2006. DNA barcoding reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera, Tachinidae). *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*. 103:3657-3662.
- [22] Kress WJ, Wurdack KJ, Zimmer EA, Weigt LA, Janzen DH. 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences. USA* 102:8369-8374.
- [23] Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions Of The Royal Society B: Biological Sciences*. 360:1847-1857.
- [24] Ratnasingham S, Hebert PDN. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System. *Molecular Ecology Notes*. 7:355-364.
- [25] Hajibabaei M, Dewaard JR, Ivanova NV., Ratnasingham S, Dooh RT, Kirk SL, Mackie PM, Hebert PDN. 2005a. Critical factors for assembling a high volume of DNA barcodes. *Philosophical Transactions Of The Royal Society B: Biological Sciences*. 360:1959-1967.
- [26] Bensasson D, Zhang D, Hartl D, Hewitt G. 2001. Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses. *Trends in Ecology & Evolution*. 16:314-321.
- [27] Kvist L, Martens J, Nazarenko AA, Orell M. 2003. Paternal leakage of mitochondrial DNA in the great tit



- (*Parus major*). Molecular Biology and Evolution. 20:243-247.
- [28] Moum T, Bakke I. 2001. Mitochondrial control region structure and single site heteroplasmy in the razorbill (*Alca torda*: Aves). Current Genetics. 39:198-203.
- [29] Barbara T, Palma-Silva C, Paggi GM, Bered F, Fay MF, Lexer C. 2007. Cross-species transfer of nuclear microsatellite markers: potential and limitations. Molecular Ecology. 16(18):3759-3767.
- [30] Hoeh WR, Blakley KH, Brown WM. 1991. Heteroplasmy suggests limited biparental inheritance of *Mytilus* mitochondrial DNA. Science, 251:1488-1490.
- [31] Śmietanka B, Burzyński A, Wenne R. 2009. Molecular population genetics of male and female mitochondrial genomes in European mussels *Mytilus*. Marine Biology, 156:913-925.
- [32] Riginos C, Henzler C. 2008. Patterns of mtDNA diversity in North Atlantic populations of the mussel *Mytilus edulis*. Marine Biology. 155:399-412.
- [33] Brown WM, George M, Wilson AC. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 76:1967-1971.
- [34] Song H, Buhay JE, Whiting MF, Crandall KA. 2008. Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. Proceedings Of The National Academy Of Sciences. 105(36):13486-13491.
- [35] Tang EPY. 2006. Path to Effective Recovering of DNA from Formalin-Fixed Biological Samples in Natural History Collections: Workshop Summary. National Academies Press, 70 p. Washington, United States of America.
- [36] Kirby RR, Lindley JA. 2005. Molecular analysis of Continuous Plankton Recorder samples, an examination of echinoderm larvae in the North Sea. Journal of The Marine Biological Association of the United Kingdom. 85:451-459.
- [37] Zhang J. 2010. Exploiting formalin-preserved fish specimens for resources of DNA barcoding. Molecular Ecology Resources. 10(6):935-41.
- [38] Buhay JE. 2009. "COI-like" Sequences are Becoming Problematic in Molecular Systematic and DNA Barcoding Studies. Journal of Crustacean Biology. 29(1):96-110.
- [39] Saat T. 1990. Morphology and chronology of maturation in oocytes of diploid and triploid forms of silver crucian carp, *Carassius auratus gibelio* Bloch *in vitro*. Soviet Journal of Developmental Biology. 20:267-276.
- [40] Hajibabaei M, Singer GAC, Clare EL, Hebert PDN. 2007b. Design and applicability of DNA arrays and DNA barcodes in biodiversity monitoring. BMC Biology. 5:24.
- [41] Kolaczowski B, Thornton JW. 2004. Performance of maximum parsimony and likelihood phylogenetics when evolution is heterogeneous. Nature. 431:980-984.
- [42] Zwickl DJ, Hillis DM. 2002. Increased taxon sampling greatly reduces phylogenetic error. Systematic Biology. 51:588-598.
- [43] Hajibabaei M, Singer GAC, Hebert PDN, Hickey DA. 2007a. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. Trends In Genetics. 23(4):167-172.
- [44] Hubert N, Hanner R, Holm E, Mandrak NE, Taylor E, Burrige M, Watkinson D, Dumont P, Curry A, Bentzen P, Zhang J, April J, Bernatchez L. 2008. Identifying Canadian Freshwater Fishes through DNA Barcodes. PLoS ONE. 3(6):2490.
- [45] Ward RD, Costa FO, Holmes BH, Steinke D. 2008. DNA barcoding of shared fish species from the North Atlantic and Australasia: minimal divergence for most taxa, but *Zeus faber* and *Lepidopus caudatus* each probably constitute two species. Aquatic Biology. 3:71-78.
- [46] Zemlak TS, Ward RD, Connell AD, Holmes BH, Hebert PDN. 2009. DNA barcoding reveals overlooked marine fishes. Molecular Ecology Resources. 9(1):237-242.
- [47] Keskin E, Atar HH. 2011a. Genetic divergence of *Octopus vulgaris* species in the eastern Mediterranean. Biochemical Systematics and Ecology. 39:277-282.
- [48] Keskin E, Atar HH. 2011b. İşlenmiş Kalamar Ürünlerinde Sitokrom Oksidaz I Gen Dizileri Kullanılarak Tür Tayini. GIDA. 36(6):343-348.
- [49] Keskin E, Atar HH. 2011c. DNA barcoding approach in diversification of species from genus *Loligo*. Current Opinion in Biotechnology. 22(S1):52.
- [50] Keskin E, Atar HH. 2012. Molecular Identification of Fish Species from Surimi Based Products Labeled as Alaska Pollock. Journal of Applied Ichthyology. 28:811-814.
- [51] Keskin E, Atar HH. 2012. Genetic Structuring of European Anchovy (*Engraulis encrasicolus*) Populations through Mitochondrial DNA Sequences. GDNA Mitochondrial DNA. 23(2):62-69.
- [52] Keskin E, Atar HH. 2012. Türkiye'nin Akdeniz Kıyısındaki Mavi Yengeç (*Callinectes sapidus*) Populasyonları Arasındaki Genetik Farklılığın COI Gen Dizileri Kullanılarak Değerlendirilmesi. Journal of Fisheries Sciences. 6(2):125-131.
- [53] Jenkins M. 2003. Prospects for biodiversity. Science. 302:1175-1177.