

## Kahverengi Alabalıkta Genetik Yaklaşımlı Anaç Yönetimi;Türkiye Soy Gruplarının Multipleks PZR ile Belirlenmesi

Şirin FİRİDİN<sup>1\*</sup>, Oğuzhan EROĞLU<sup>1</sup>, Zehra Duygu BAK<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü-Trabzon

e-posta: sfiridin@sumae.gov.tr, oeroglu@sumae.gov.tr,  
dbak@sumae.gov.tr

GelişTarihi: 26.04.2012  
Kabul Tarihi: 06.12.2012

### Abstract

#### Genetic Aspect of Brood Stock Manegment in Brown Trout; Identification of Strain in Turkey by Multiplex PCR

In recent years, molecular studies of fishes such techniques has been widely used for diagnosis and determination of the origin. One of these branches broodstock management applications. For this purpose, the selection of stocks mixed broodstock according to methods conventionally used in the multiplex PCR method faster and more sensitive. In thisstudy the nurse as a candidate that is kept different farms Brown trout tail part of 2-3 cm of tissue. Examples are 1.5ml tubes of 98% with ethanol is retained. It is made using DNA extraction consistent with commercial kits. PCR amplified with primers specific to groups using them mtDNA line ages in dloop gel images obtained from the Danube and the Adriatic line age group for a group of 410 bp and 150 bp product size were determined respectively. As a result, the 5-line age group of Brown trout in these cond line age group in Turkey were determined by multiplex PCR. Aquaculture is a fast method for the determination of the stocks mixed broodstock. However, determining the effectiveness of Turkey increased haplo type native trout.

**Keywords:** Brown trout, Multiplex PCR, Broodstock managment, Türkiye

### Özet

Son yıllarda balıkların tür teşhisinde ve orijin belirlenmesi çalışmalarında moleküler teknikler yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu kullanım alanlarından bir tanesi de anaç yönetim uygulamalarıdır. Bu amaçla öncelikle karışık anaç stoklarının seçilmesinde multipleks PZR yöntemi geleneksel olarak kullanılan metotlara göre daha hızlı ve hassastır. Bu çalışmada farklı çiftliklerde anaç adayı olarak tutulan Kahverengi alabalıkların kuyruk yüzgeçlerinden 2-3 cm'lik doku parçası alınarak yapılmıştır. Alınan örnekler 1,5 ml'lik tüplere konularak %98'lik etanolde muhafaza edilmiştir DNA eldesi ticari kitler kullanılarak yapılmıştır. PZR kullanılarak mtDNAdloop bölgesi soy gruplarına özgü primerler ile çoğaltılarak elde edilen jel görüntülerinden Tuna soy grubu için 410 bp ve Adriyatik soy grubu için ise 150 bplik ürün boyu belirlenmiştir. Sonuç olarak Kahverengi Alabalıklar da bulunan 5 soy grubundan Türkiye'de bulunan 2 soy grubu multipleks PZR yöntemi ile belirlenmiştir. Yetiştiricilik de karışık anaç stoklarının belirlenmesinde hızlı bir yöntemdir. Fakat Türkiye doğal alabalık haplotiplerinin belirlenerek etkinliği artırılmalıdır.

**Anahtar Kelimeler:** Kahverengi Alabalık, multipleks PZR, anaç yönetimi, Türkiye

### Giriş

Alabalıklar deniz ve tatlısularda dağılım gösterirler ve Avrupa ve Kuzey Afrika'da yaygın olarak bulunurlar. Kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.), somon (*Salmo salar*), kaynak/Alp alası(*Salvelinus fontinalis*, *Salvelinus alpinus*) ve diğer alabalık türleri gibi Salmonidae familyasına dâhil bir türdür. Yüksek derecede

politipik tür olduğu düşünülür. Bu nedenle ekolojik ve fenotipik farklılıklarına bağlı olarak önceleri değişik türler, alt türler ve morflar altında sınıflandırılmıştır. Salmonidae ailesinin diğer bireyleri gibi, kahverengi alabalıklar da anadrom (Deniz alası) ve anadrom olmayan formlara sahiptir.

Son 20 yıl içerisinde genetik çeşitliliğin belirlenmesi için çok çalışma yapılmıştır ve birçok belirteç kullanılmıştır. MtDNA ile yapılan önceki çalışmalar göstermiştir ki Alabalıklarda (Pleistocene döneminde büyük oranda allopatrik olarak) Atlantik (AT), Tuna (DA), Akdeniz (ME), Marmoratus (MA) ve Adriyatik (AD) olmak üzere 5 ana evölüsyon soyu bulunmaktadır (Bernatchez vd., 1992).

Fakat çeşitli insan aktiviteleri sonucunda birçok popülasyonu karışmıştır. Yalnız soyguruları değil soy içerisinde de karışmalar olmuştur. Buda lokal popülasyonların genetik yapısını bozmuştur ve stoklar arası genetik varyasyonun azalmasına neden olmakla birlikte hibridizasyon görülmektedir (Hansen, 2002; Çiftçi vd., 2002; Eroğlu vd., 2011a).

Özellikle yetiştiricilik faaliyetleri kapsamında, balıklar bir yerden başka bir yere taşınmakta ve hatta ülke dışından yumurta getirilmektedir. Tam kontrollü olmayan ortamlarda balıklar doğaya kaçabilmekte ya da kültür ortamında üretimde kullanılmaktadır. Bu durumlarda doğal popülasyonlar ile yakın özelliğe sahip bireyler arasında hibridizasyon sıklıkla görülebilmektedir. Dünyada ve Ülkemizde son yıllarda Kahverengi alabalıklarla kültür çalışmaları yürütülmektedir. Ülkemizde kültürü yapılan kahverengi alabalıkların başında Karadeniz Alabalığı *S. trutta labrax* gelmektedir. Deniz alabalığı tam olarak Karadeniz'de dağılımı bilinmemekle birlikte Karadeniz'e dökülen birçok akarsuda bu alttürün bulunduğu düşünülmektedir. Bununla birlikte lokal izole popülasyonların kalmış olması ihtimali göz ardı edilmemelidir.

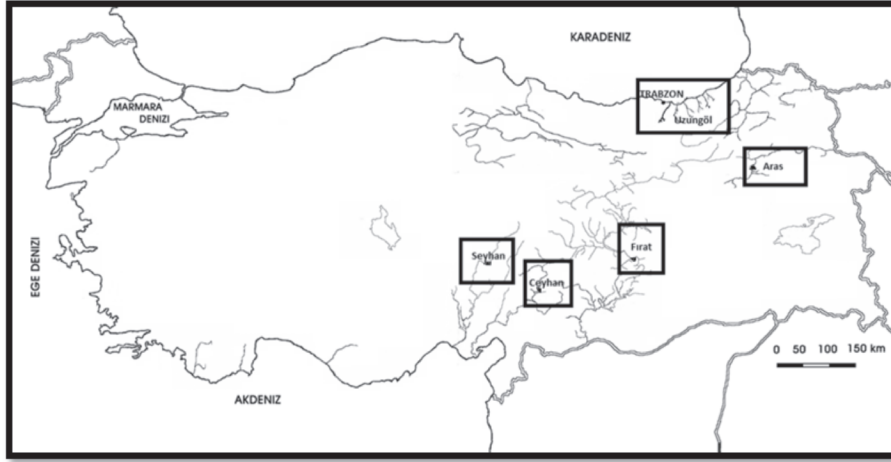
Anaç yönetimi planlanırken elde tutulan anaçların genetik yapısının bilinmesi bizlere orijini ve genetik varyasyonu gibi bazı özelliklerinin bilinmesini sağlar. Genetik analizersonucunda elde edilen temel çıktılar ile ancak saf bir hat elde edilebilir ve bu hattın genetik

çeşitliliği korunarak devamının nasıl sağlanacağına karar verilir. Bir kısım balık anaç içerisinde ayrılır yada yeni bireyler anaç adayı olarak tutulur.

Moleküler belirteç teknolojisi su ürünlerinde de hastalıktan, yetiştiriciliğe, balıkçılıktan gıdaya kadar çok farklı amaç için kullanım imkanı bulmuştur. Doğal stok yapılarının analizi, canlı türleri arasındaki genetiksel farklılığın belirlenerek taksonomi veya sistematik çalışmalar, kültür balıkçılığında ıslah-seleksiyon gibi uygulamalar, gen kaynaklarının karakterize edilmesi ve gıda ve orijin tespitine yönelik yeni yöntemler ortaya koymuştur. Ayrıca bir ortama sonradan sokulan türler gibi faaliyetlerin genetik farklılık üzerine etkisini belirlemeye yönelik çalışmalar yapılmaktadır. Su ürünlerinde tür ve orijin tespitinde kullanılan protein tabanlı klasik metotlar artık yerini genomik DNA ve mtDNA üzerindeki bölgelerde; RT-PCR, RFLP, mikrosatellit, SNP ve DNA baz dizilimi gibi moleküler tekniklere bırakılmaktadır. Bu yöntemlerle taze, dondurulmuş ve hatta protein denatürasyonu gerçekleştirilmiş konserve, tuzlama, tütsüleme gibi işleme süreçlerine tabi tutulmuş örneklerin hangi orijinden olduğu rahatlıkla tespit edilebilir. Su ürünlerinde genetik kaynakların kontrol altında tutulması ve korunması için uygun genetik belirteçlerin kullanımı büyük bir öneme sahiptir (Eroğlu vd., 2011b).

### Materyal-Metot

Bu çalışmada; Fırat Nehri, Uzun Göl, Seyhan Nehri, Ceyhan Nehri, Aras Nehri kollarından ve bir yetiştiricilik tesislerinden (Trabzon) örneklemeler yapılmıştır. Balığın kuyruk yüzgecinden 2-3 cm'lik doku alınarak balığa zarar verilmeden uygulanan örnekleme metodu kullanılmıştır. Alınan doku % 98'lik etanol içerisinde DNA elde edilene kadar saklanmıştır.



Şekil 1. Örnekleme bölgesi.

Toplam DNA ticari kitler (QIAamp DNA mini kit ile QIAcube DNA ekstraksiyon cihazında) kullanılarak izole edilmiştir. DNA örneklerinin konsantrasyonu ve saflığının tahmini UV/visible spektrofotometre (BIO-RAD, The Smart Spec Plus) kullanılarak, 260 ve 280 nm dalga boyunda optik yoğunluğunun okunmasıyla yapılmıştır.

### Multipleks-PZR

Kahverengi Alabalıktan kuyruk dokusundan elde edilen toplam DNA içerisinden mitokondriyal DNA'nın tRNA<sup>pro</sup>-Dloop bölgesi Kahverengi Alabalıkların 5 soy grubuna ait olan spesifik primer setleri (ileri veya geri yönlü) kullanılarak (Tablo 1) Thermal Cycler (BIO-RAD) yardımıyla çoğaltılmıştır. PZR işlemi, her bir örnek DNA'sı 1 µl ile birlikte 20 µl'lik PZR

(Polimerize Zincir Reaksiyonu) karışımıyla yürütülmüş ve sırasıyla; 1 µl (10 pm) forward primerler (16C, 41T, 128A, 212C, 278C) ve 1 µl (10 pm) reverse primer (Common R), 10 µl PZR Master Mix 2x (QIAGEN) ve 6,5 µl ddH<sub>2</sub>O karışımından oluşan solüsyon hazırlanmış ve PZR tüplerine dağıtılmıştır. Oluşturulan farklı karışımlar; 95°C de 5dk ilk denatürasyon, 95°C de 30sn, 54°C de 90sn, 72°C de 30 sn olacak şekilde 28 kez döngü ve son olarak 60°C de 30dk bekleterek gerçekleştirilmiştir. PZR arttırılmasının sonucu 5 µl ürün 1xTBE tampon sistemi ve %1,5'lik agaroz jelde yürütülmüş, etidyum bromide boyanarak UV illüminatörle görüntülenmiş ve kontrol edilmiştir (Şekil 1). Jel görüntüleri jel dokümantasyon sistemi (Biostep, Darkhood DH 30/32) ve termal yazıcı (Mitsubishi PS1D) kullanılarak kaydedilmiştir.

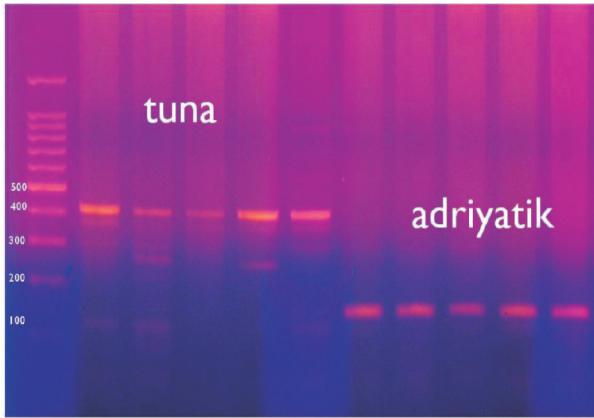
Tablo 1: Primer isimleri, soy ve sekans bölgeleri

| Primer ismi | Sekans                         | DA  | AT  | MA  | ME  | AD  |
|-------------|--------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|
| 16C         | F:5'-AATTAAACTATCCTCTGAC-3'    | +   |     |     |     |     |
| 41T         | F:5'-GCTATGTACAATAACAATT-3'    |     | +   |     |     |     |
| 128A        | F:5'-CCATATATATAATATAGCATGA-3' |     |     | +   |     |     |
| 212C        | F:5'-GGTTTACATAAAGCC-3'        |     |     |     | +   |     |
| 278C        | F:5'-TATATCAATAAACTCCAC-3'     |     |     |     |     | +   |
| Genel       | R:5'-GATGCAGCCTAATAC-3'        |     |     |     |     |     |
|             | PCR ürün boyu (bp)             | 411 | 386 | 304 | 214 | 152 |

## Sonuçlar ve Tartışma

Kahverengi alabalıklar geniş bir yayılım alanı göstermekte ve sistematik sınıflandırması kişilere ve bölgelere göre farklılık arz etmektedir. Özellikle de Türkiye popülasyonlarında tür ve alt tür düzeyinde sınıflandırmanın yanında soy hattı düzeyinde de yapılan farklı sınıflandırmalar kullanılmaktadır. Bu çalışmada göstermiştir ki multipleks PZR yöntemi ile Türkiye'de ki 2 ana filogenetik mitokondriyal soy grubu başarılı bir şekilde belirlenmiştir.

Multipleks PZR sonucuna göre; 2 soy grubunu 2 farklı boyda Adriyatik 150 bp (Seyhan, Ceyhan ve Fırat) ve Danubian-Tuna 410 bp (Uzungöl, Aras ve Altıntaş Tesisi) örneklerinden tespit edilmiştir (Şekil 2).



Şekil 2. PCR ürün boyları Tuna ve Adriyatik.

Bernatchez vd.(1992)'nin geniş bir coğrafyada yaptığı çalışmada, mtDNA'nın D loop bölgesi nükleotit dizisi temel alınmış ve beş önemli filocoğrafik soy hattının varlığı ortaya çıkarılmıştır. Bu güne kadar yapılan çalışmalar göstermektedir ki Kahverengi alabalıklar geniş bir yayılım alanı göstermekte ve sistematik sınıflandırması kişilere ve bölgelere göre farklılık arz etmektedir. Özellikle de Türkiye popülasyonlarında tür ve alt tür düzeyinde sınıflandırmanın yanında soy hattı düzeyinde de yapılan farklı bir sınıflandırma kullanılmaktadır.

Kahverengi alabalıkların geniş dağılım

alanlarındaki kompleks evrimsel tarihleri, mtDNA farklılığının analiziyle çalışılmıştır. Bernatchez (2001)'in kapsamlı araştırması pleistosen (buzul dönem) dönemindeki coğrafik izolasyon sonucunda bağımsız olarak 5 ayrı ırkın oluştuğunu ve bu ırkların allopatrik olarak kaldığını doğrulamıştır. İlk ayrışma üç ana drenaj havzası arasındaki allopatrik fregmantasyonu içermektedir. Bunlar: Atlantik ırkı, Tuna (Karadeniz-Hazar) ırkı ve Akdeniz ırkı'dır. Bu bölünme, Akdeniz havzası içinde eş zamanlı olarak Akdeniz, Marmoratus ve Adriyatik ırkları şeklinde farklılaşmayla devam etmiştir. Kahverengi alabalık kompleksi içinde en önemli genetik bölünme, ana iklimsel değişimlerle ve buzullaşma sonucunda Avrupa'da oluşan havza izolasyonları ile ilişkilidir. Fiziksel izolasyonlara ilave olarak biyolojik faktörler de hibridizasyon ve dağılımlarının sınırlandırılmasında etkili olmaktadır (Bernatchez, 2001).

Son buzul döneminde alabalık soy hatlarının coğrafik izolasyonu, soy hatları arasında kısmi genetik uyumsuzluğun gelişmesine yol açmıştır. Genetik uyumsuzluk nedeni ile saf ırk yavrular ile hibritler karşılaştırıldığında, hibritler arasında çok yüksek embriyonik ölüm oranı görülmüştür (Lu ve Bernatchez, 1998). Her bir ırkın evrimsel tarihi habitatın yok olması üzerine buzullaşmanın farklı enlemsel etkileriyle şekillenmiştir.

Tuna ırkının atasal merkezi olarak Karadeniz'in drenaj havzası kabul edilir. Diğer üç ırk için coğrafik dağılımın farklı yapısı, yerleşilen Akdeniz barınak havzalarını geniş olarak doğrular. Bu alanlar: Güneybatı (İbero-Akdeniz), Merkez (Adriyatik-Akdeniz veya İtalyan) ve Doğu (Balkanlar-Anadolu) barınak alanlarıdır. Akdeniz ırkı baskın olarak Batı havzası akıntısı ile ilişkilidir. Marmoratus ırkı temel olarak Po ırmağı havzasında sınırlıdır. Fakat Hırvatistan ve Slovenya'dan gelen ana drenajları içermektedir. Adriyatik ırkı ise Balkan ve Anadolu ırkı orijindir (Bernatchez, 2001).

Son buzul döneminde alabalık soy hatlarının coğrafik izolasyonu, soy hatları arasında kısmi genetik uyumsuzluğun gelişmesine yol açmıştır. Genetik uyumsuzluk nedeni ile saf ırk yavrular ile hibritler karşılaştırıldığında, hibritler arasında çok yüksek embriyonik ölüm oranı görülmüştür (Lu ve Bernatchez, 1998). Her bir ırkın evrimsel tarihi habitatın yok olması üzerine buzullaşmanın farklı enlemsel etkileriyle şekillenmiştir.

Tuna ırkının atasal merkezi olarak Karadeniz'in drenaj havzası kabul edilir. Diğer üç ırk için coğrafik dağılımın farklı yapısı, yerleşilen Akdeniz barınak havzalarını geniş olarak doğrular. Bu alanlar: Güneybatı (İbero-Akdeniz), Merkez (Adriyatik-Akdeniz veya İtalyan) ve Doğu (Balkanlar-Anadolu) barınak alanlarıdır. Akdeniz ırkı baskın olarak Batı havzası akıntısı ile ilişkilidir. Marmoratus ırkı temel olarak Po ırmağı havzasında sınırlıdır. Fakat Hırvatistan ve Slovenya'dan gelen ana drenajları içermektedir. Adriyatik ırkı ise Balkan ve Anadolu ırkı orijindir (Bernatchez, 2001).

Alabalık popülasyonlarına ait genetik farklılıkla birlikte dağılımın coğrafik modelleri, Pleistosen dönemindeki ilk çevresel koşullar ile birleştirildiğinde DA soy hattının Karadeniz, AD soy hattının Balkanlar ve Anadolu Havzalarıyla ilişkili drenajlardan köken aldığı öne sürülmüştür (Bernatchez, 2001). Ülkemizdeki doğal alabalıklar Balık (1988) ve Geldiay ve Balık (1988) tarafından derlenmiş ve tek tür (*S. trutta*) ile bu türe ait 4 alttür olarak sınıflandırılmıştır. Bunlar *S. truttamacro stigma*, *S. trutta labrax*, *S. trutta caspius* ve *S. trutta abanticus* alttürleridir. Bunlardan *S. t. macrostigma* alttürü daha çok Akdeniz Havzası, *S. t. labrax* Karadeniz Havzası, *S. t. caspius* Hazar Denizi Havzası ve *S. t. abanticus* Abant Gölü'ne ait alabalıklar olarak tanımlanmıştır. Ayrıca, Behenke (1968) Seyhan Nehri Havzasındaki Zamanti Deresi'ndeki alabalıkları farklı bir alt cins altında *Salmo (Platysalmo) platycephalus* olarak

tanımlamıştır. Ancak mtDNA analizi (Susnik vd., 2004; Bernatchez, 2001; Bardakçı vd., 2006) bu sınıflandırmayı desteklemeyen sonuçlar vermiş ve bu popülasyonun Akdeniz Havzasında bulunan AD soy hattı ile aynı grupta olduğunu saptamıştır. Ayrıca Bardakçı vd. (2006), *S. t. abanticus* olarak tanımlanan ve Abant Gölü'ne endemik olduğu rapor edilen alabalık popülasyonunun, DA soy hattı içinde yer alan diğer alabalık popülasyonlarından genetik olarak önemli bir farklılığının olmadığını tespit etmişlerdir.

Kahverengi alabalıklar için yeni popülasyon oluşturma çalışmaları Avrupa'da da gittikçe yaygınlaşmaktadır. Türler arası hibritleşme balık taksonu içinde yaygındır. İlişkili türler genus içerisinde birbiriyle çiftleşebilir. *Salma trutta L.* (2n=80) doğal olarak *Salmo salar* (2n=58) ve *Salvelinus* genusu içindeki bazı türlerle hibridize olabilir (Youngson vd., 1993). Farklı ekolojik kondisyonlarda, iki türün simpatrik olarak bulunduğu alanlarda ve farklı enlemlerdeki farklı Atlantik salmonlar arasında doğal hibritleşme olduğu çoğu araştırmacı tarafından rapor edilmiştir. Popülasyon örnekleri içerisinde bulunan hibrit oranları %0.1 (İsveç) den %18 (İngiltere)'e kadar dağılım gösterir (Gephard vd., 2000). Normal olarak iki tür de alansal ve davranışsal olarak ayrılmışlardır (Heggberget vd., 1988). Bu izolasyon mekanizmasının faydası bilinmemektedir. Hibridizasyon belki hem çevresel faktörler tarafından (Örn: çevre biyolojik veya fiziksel olarak karıştırıldığı zaman) hem de popülasyonların spesifik karakterleri tarafından harekete geçirilebilir (Jansson ve Öst, 1997).

Matthews vd. (2000), Norveç ve İskoçyada yoğun olarak salmon kültürü yapılan yerlerin yakınındaki nehirlerde Atlantik salmon x kahverengi alabalık hibritleşmenin gözlemlenmiştir. Bu gözlemin iki tür arasındaki üreme izolasyonunun kırılması için gösterge olması muhtemeldir.



Youngson vd. (1989)'ne göre, çiftlikten kaçan dişi salmon balıkları (İskoçya'nın kuzey ve batısında) doğada yaşayan kendi türlerinin yerine çok sık olarak kahverengi alabalıklarla hibridize olmaktadır. Atlantik salmon X kahverengi alabalık hibritleşmesindeki aşırı artış ayrıca Jansson ve Öst (1997) tarafından İsveç nehirlerinde de gözlenmiştir. Araştırmacılara göre kuluçkahane orjinli balıkların yoğun olarak nehirlere bırakılması ve çevresel zorlamalar Atlantik salmon ve kahverengi alabalıkların hibritleşmesi için öncülük etmektedir.

Genetik araçlar 20 yıldan fazla bir zamandır kuluçkahane ve doğal alabalık ayırt etmek ve genetik "etiketleri" belirlemek ve balıkçılık yönetimi konusunda uzun bir süredir kullanılmaktadır (Taggart ve Ferguson, 1986). Daha sonraları, genetik stok tanımlama (GSI) teknikleri geliştirilerek göç yollarının açıklanmasına ve karışık stok balıkçılığın stok oranlarının tahmin edilmesi gibi konularda kullanılmaya başlamıştır. Teknikler geliştikçe ebeveyn belirlemeye dayalı teknikler gelişmiştir. Karışık stok analizleri gibi uygulamalarda çoklu lokus aile izi testleri (family printing) yapılabilir fakat popülasyonların yada ailelerin genetik olarak homojen olmaması gerekir (Bernatchez ve Duchesne, 2000; Eldridge vd, 2002; Letcher ve King, 1999).

Duftner vd. (2003) çalışmasında kontrol bölgesinin komple sekansını alarak Avusturya Kahverengi alabalık popülasyonları arasında ki genetik farklılığı belirlemiştir. Örnekleri %75'i Tuna hapotipi, % 25'nin ise Atlantik haplotipine sahip olduğunu belirlemişlerdir. Haçeri popülasyonu içerisinde ise 3 bireyde Atlantik haplotipine sahip olduğu belirlemişlerdir. Elde edilen sonuçlar bizlere bu tür için özellikle tuna soy grubu içerisinde ek sekans verileri sağlamıştır.

Weiss vd. (2000) yaptığı çalışmasında Avusturya'nın birçok akarsuyunda İki soyu grubu Atlantik ve Tuna soyunu içermektedir.

Çalışılan 3 popülasyonda yalnız tuna soyu görülmüştür.

Ülkemizde 1990 yıllarda birkaç protein elektroforez çalışmaları yürütülmüştür. Togan vd. (1999) Abant alası üzerine protein elektroforez yöntemiyle yapmış oldukları genetik çalışmada, Abant alasının Doğu Karadeniz popülasyonları ile aynı soy grubu içinde yer aldıklarını ve Abant alasının özgün bir genetik yapı göstermemesinden dolayı endemik bir popülasyon olduklarına dair bir kanıt bulunamadığını vurgulamışlardır. Genetik tekniklerin gelişimine paralel 2000'li yıllarda PZR tabanlı çalışmalar yapıldığı görülmektedir. Bu çalışmalarda en çok RFLP analizi yapılarak ND1/2, ND5/6, Sitokrom b-dloop gen bölgeleri çalışılmıştır (Gezgin, 1999; Aksungur vd., 2005; Bardakçı vd., 2006; Çiftçi vd., 2007; Atabeyoğlu, 2007; Turan vd., 2008). Yine 2000'li yıllardan sonra bir başka DNA tabanlı analiz olan mikrosatellitler ilgili çalışmaları da görmek mümkün olmakla birlikte az sayıda popülasyonda sınırlı sayıda lokusla çalışılmıştır. Ceyhun (2007) Türkiye'de bulunan 2'si göl 3'ü dereye yasayan 5 doğal *Salmo trutta* L. popülasyonu arasındaki fenotipik özellikler ve 10 mikrosatellit markır kullanılarak genotipik varyasyon araştırılmıştır ve toplam 62 allel belirlenmiştir.

Genetik analizlerin çoğu için bir referans veri koleksiyonuna ihtiyaç vardır. Mitokondriyal sekansların büyük bir kısmı ulaşılabilir veri kaynaklarında mevcuttur (Gen-Bank, EMBL). Fakat bu bankalar sekans verilerini içermesine rağmen allel frekansları ya da haplotiplerin dağılımı gibi popülasyon hakkında yeterince bilgi içermemektedir. Ayrıca bazı metodlar için (SSCP, PCR-AFLP, mikrosatellit vb.) referans örneklerinin oluşturulması gerekmektedir. Bu nedenle daha çok bilgiyi içeren özel bir veri tabanı bu amaç için kullanışlı bir araç olacaktır. Ülkemizde doğal alabalık popülasyonları üzerine yapılan sınırlı sayıda çalışma bulunmak-

tadır. Ayrıca bu çalışmaların büyük çoğunluğunda ise metodolojik farklılıklardan dolayı popülasyon verilerinin karşılaştırmalarda kullanılması mümkün değildir (Eroğlu vd., 2011a).

Bu çalışmada göstermiştir ki multipleks PZR yöntemi ile Türkiye'de ki 2 ana filogenetik mitokondriyal soy grubu başarılı bir şekilde belirlenmiştir. Bu metod güvenilir, ucuz ve kolay bir yöntem olmasından dolayı anaç yönetimi,

orijin belirleme gibi çalışmalarda etkidir. Yalnız Türkiye doğal alabalık mtDNA haplotipleri belirlenerek geliştirilen primerler kullanılarak etkinliği daha da artırılmalıdır.

Ayrıca mtDNA belirteçlerinin yanında çekirdek DNA genomunda çalışılarak genetik varyasyonunun yanında orijin ve hibridizasyon gibi soruların cevap bulmasını gerekmektedir. Bu şekilde oluşturulacak anaçların üretimde kullanılması ile ancak saf hatlar korunabilir.

## Kaynaklar

- Aksungur, M., Togan, İ., Zengin, M., Tabak, İ. ve Aksungur, N. 2005. Doğu Karadeniz Kıyılarında Dağılım Gösteren Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax*, Palas, 1811) Popülasyonunun Mitokondriyal ve Meristik Özellikler Bakımından Karşılaştırılması. Türk Sucul Yaşam Dergisi, 146-153.
- Atabeyoğlu, K., 2007. Bölgemizde ki Aras, Karasu ve Çoruh havzalarından yakalanan yerli alabalıkların (*Salmo trutta sp.*) mtDNA d-loop F1 ile 12S1-H bölgesi arasındaki genetik farklılığın PZR-RFLP ve mikrosatellit yöntemleriyle belirlenmesi çalışması. Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek lisans Tezi. Erzurum.
- Balık, S. 1988. Systematic and zoogeographic investigations on inland water fishes of the Mediterranean region of Turkey. Turk. J. Zool., 12: 156-179.
- Bardakçı, F., Degerli, N., Ozdemir, O. ve Basıbüyük, H.H. 2006. Phylogeography of the Turkish Brown trout *Salmotrutta* L.: mitochondrial DNA PCR-RFLP variation. J. Fish Biol., 68: 36-55.
- Behenke, R.J. 1968. A new subgenus and species of trout *Salmo* (*Platysalmo*) *plathycephalus*, from South-central Turkey with comments on the classification of the subfamily Salmoninae. Mitteilungen aus dem Hamburgischen Museum und Institut 66, 1-15
- Bernatchez, L. 2001. The evolutionary history of Brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nestedclade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. Evolution, 33: 351379.
- Bernatchez, L. ve Duchesne, P., 2000. Individual-based genotype analysis in studies of parentage and population assignment: how many loci, how many alleles? Can. J. Fish. Aquat. Sci. 57, 112
- Bernatchez, L., Guyomard, R. ve Bonhomme, F. 1992. DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European Brown trout *Salmo trutta* populations. MolEcol:161173.
- Ceyhun, S.B. 2007. Yerli Alabalıklar (*Salmo trutta Sp. L.*) Arasındaki Genetiksel Varyasyonun Mikrosatellit Markırlar Kullanılarak Belirlenmesi. Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi. Erzurum.
- Çiftçi, Y. ve Okumuş, İ., 2002. Fish Population Genetics and Applications of Molecular Markers To Fisheries and Aquaculture: I- Basic Principles of Fish Population Genetics, Tur. J. Fish. and Aq. Sc., 2, 145-155.
- Çiftçi, Y., Eroğlu, O., Firidin Ş. ve Ertekin A., 2007. Türkiye Kahverengi Alabalık (*Salmo trutta* L.) Popülasyonlarının Genetik Yapısının Belirlenmesi, PROJE NO:TAGEM/HAYSÜD/2001/09/03/08, Trabzon.
- Duftner, N., Weiss, S., Medgyesy, N. ve Sturmbauer, C. 2003. Enhanced phylogeographic information about Austrian Brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences. Journal of Fish Biology, 62: 427435. doi: 10.1046/j.1095-8649.2003.00038.x.
- Eldridge, W.H., Bacigalupi, M.D., Adelman, I.R., Miller, L.M. ve Kapuscinski, A.R., 2002. Determination of relative survival of two stocked walleye populations and resident natural-origin fish by microsatellite DNA parentage assignment. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 59, 282290.

- Erođlu, O., Çiftçi Y. ve Firidin, Ş., 2011a. Altındere Alabalık Popülasyonundaki Genetiksel Deđişimin Belirlenmesi. Balıkçılık ve Akuatik Bilimler Sempozyumu (FABA), 7-9 Eylül 2011, SAMSUN.
- Erođlu, O., Firidin, Ş. ve Çiftçi, Y., 2011b. Alabalıklarda Sekans ve RFLP Analizi ile Tür ve Orijin Belirlenmesi Üzerine Çalışma. *Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi*, 4 (1): 77-83.
- Geldiay, R. ve Balık, S. 1988. Türkiye Tatlısu Balıkları. Ege Üniv. Fen Fak. Kitaplar Serisi No: 97, Ege Üniv. Basımevi, İzmir, 519 s.
- Gephard, S., Moran, P. ve Garcia-Vazquez, E. 2000. Evidence of successful natural reproduction between brown trout and mature male Atlantic salmon parr. *Transactions of the American Fisheries Society*, 129: 301-306.
- Gezgin, F.A. 1999. Preliminary study on genetic differentiation among Turkish Brown trout (*Salmo trutta* L.) populations as revealed by RFLP analysis of PCR amplified mitochondrial DNA segments, (Yüksek Lisans Tezi), O.D.T.Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Hansen, M.M. 2002. Estimating the long-term effects of stocking domesticated trout into wild Brown trout (*Salmo trutta*) populations: an approach using microsatellite DNA analysis of historical and contemporary samples. *MolEcol* 11:1003 1015.
- Hegberger, T.G., Haukebo, T., Mork, J. ve Stahl, G. 1988. Temporal and spatial segregation of spawning in sympatric populations of Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and brown trout, *Salmo trutta* L. *Journal of Fish Biology*, 33: 347-356.
- Jansson, H. ve Öst, T. 1997. Hybridization between Atlantic salmon (*Salmo salar*) and brown trout (*S. trutta*) in a restored section of the River Dalalven, Sweden. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 54: 2033-2039.
- Letcher, B.H. ve King, T.L., 1999. Targeted stock identification using multilocus genotype 'familyprinting'. *Fish. Res.* 43, 99111.
- Lu, G. ve Bernatchez, L. 1998. Experimental evidence for reduced hybrid viability between dwarf and normal ecotypes of lake whitefish (*Coregonus clupeaformis* Mitchill). *Proceedings of the Royal Society, London. Series B* 265: 10251030.
- Matthews, M.A., Poole, W.R., Thompson, C.E., McKillen, J., Ferguson, A., Hindar, K. ve Wheelan, K.F. 2000. Incidence of hybridization between Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and brown trout, *Salmo trutta* L., in Ireland. *Fisheries Management and Ecology*, 7: 337-347.
- Susnik, S., Schöffmann, J. ve Snoj, A. 2004. Phylogenetic position of *Salmo (platysalmo) platycephalus* Behnke 1968 from south-central Turkey, evidenced genetic data. *Journal Fish Biology*, 64: 947-960.
- Taggart, J. B. and Ferguson, 1986. Electrophoretic evaluation of a supplemental stocking programmes for brown trout (*Salmo trutta* L.). *Aquaculture and Fisheries Management* 17, 155-162.
- Togan, İ., Ergüven, A., Emre, Y., Gezgin, F., Plan, E. ve Koban, E. 1999. Abant Göl'ünde ve Batı Akdeniz'de bulunan doğal alabalık (*Salmo trutta* L.) toplumlarının genetik yapılarının korunması, Proje No: VHAG-1396, TUBİTAK, Ankara.
- Turan, C. , Ergüden, D., Gürlek, M., Yađlıođlu, D., ve Yeğen, V., 2008. Isparta ve Kahramanmaraş *Salmo trutta* (L., 1758) Populasyonlarının Genetik Karşılaştırılması. Süleyman Demirel Üniversitesi Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi Cilt: 4 Sayı: 1 2.
- Youngson, A.F., Martin, S.A.M, Jordan, W.C. ve Verspoor, E. 1989. Genetic protein variation in farmed Atlantic salmon in Scotland: comparison of farmed strains with their wild source populations. *Scottish Fisheries Research Report* Number 42.
- Youngson, A. F., Webb, J. H., Thompson, C. E., ve Knox, D. 1993. Spawning of escaped farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*): hybridization of females with brown trout (*Salmo trutta*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 50:1986-1990.
- Weiss, S., Antunes, A., Schlötterer, C., and Alexandrino, P. 2000. Mitochondrial haplotype diversity among Portuguese brown trout *Salmo trutta* L. populations: relevance to the post-Pleistocene recolonization of northern Europe. *Molecular Ecology*, 9: 691698.