

TÜRKİYE'DE KAHVERENGİ ALABALIK POPULASYONLARININ GENETİK YAPISININ BELİRLENMESİ

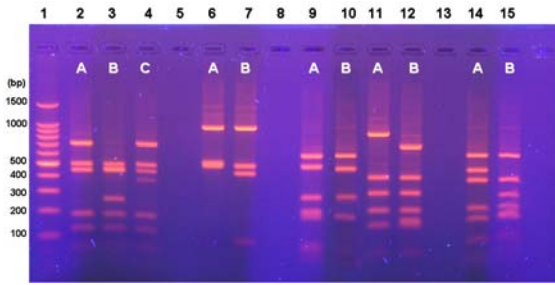
Proje Lideri: Dr. Yılmaz ÇİFTÇİ¹

Araştırmacılar: Oğuzhan EROĞLU¹, Sirin FİRİDİN¹, Adnan ERTEKEN¹

Danışman: Prof. Dr. İbrahim OKUMUŞ¹

¹ Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Trabzon Su Ürünleri Merkez Araştırma Enstitüsü

² Karadeniz Teknik Üniversitesi, Sürmene Deniz Bilimleri Fakültesi



Bu çalışmada, Türkiye'nin değişik bölgelerinde bulunan anadrom ve anadrom olmayan kahverengi alabalık (*Salmo trutta* L.) ve Anadolu alası (*Salmo platycephalus*) populasyonlarının genetik ve morfolojik yapıları mtDNA-RFLP analiz yöntemi ve Truss ağı sistemi kullanılarak çalışılmıştır.

mtDNA'nın üç farklı bölgesi Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile arttırdıktan sonra ND1 bölgesi 5, Sitokrom b/D-Loop bölgesi 5 ve ND5/6 bölgesi 7 kesici enzimle kesilmiş ve toplam 31 farklı birleşik haplotip gözlenmiştir. Birleşik haplotipler arasındaki sekans farklılığı değerleri 0,0004 - 0,0289 arasında değişim göstermiş ve oluşturulan UPGMA ağacında *Salmo platycephalus* türünün de içinde bulunduğu Tuna (DA) ve Adriyatik (AD) olarak iki ana soy grubuna ayrıldığı belirlenmiştir.

Populasyonlar arası ortalama nukleotid çeşitliliği 0,010 ve nukleotid farklılığı 0,009, populasyonlar içindeki haplotip ve nukleotid çeşitliliği değerleri ise sırasıyla ortalama 0,270 ve 0,001 olarak hesaplanmıştır.

Monte-Carlo simülasyonu ile tüm populasyonlar arası genetik heterojenite test edilmiş ve haplotip frekanslarının dağılımında istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulunmuştur ($\chi^2 = 8647,20$, $P < 0,001$). Fakat dere ve deniz ekotipleri arasında heterojenite olmadığı belirlenmiştir ($\chi^2 = 15,28$, $P = 0,1350$).

Populasyonlar arasında önemli genetik farklılık olduğu ($\Phi_{ST} = 0,92$) ve göç eden dişi balık miktarının ($N_{em} = 0,045$) düşük olduğu tespit edilmiştir. Bununla birlikte, anadrom ve yerleşik gruplar arasında genetik farklılık bulunamamış ($\Phi_{ST} = 0,084$) ve göç oranı yüksek bulunmuştur ($N_{em} = 5,5$).

Populasyon çiftleri arasındaki genetik mesafe ile coğrafik mesafe karşılaştırıldığında, 2000 km'den daha az mesafelerde ilişki olmadığı ($R^2 = 0,0136$, $P = 0,176$), fakat daha büyük coğrafik mesafeler için yüksek ilişki olduğu tespit edilmiştir ($R^2 = 0,4893$, $P < 0,001$).

Morfometrik ve meristik karakterler için populasyonlara ait bireylerin kendi orjinal gruplarına doğru sınıflandırma oranının %84,36 olduğu tespit edilmiştir. Tüm taksonlar için Diskriminant analizi yardımıyla hesaplanan Mahalanobis uzaklık matrisi sonucuna göre *S. platycephalus* ve *S. t. abanticus* diğer taksonlardan açık bir şekilde ayrılmıştır. *S. t. labrax* ile *S. t. fario* ve *S. t. caspius* ile *S. t. macrostigma* aynı alt grup içinde yer almıştır.

