

Isparta ve Kahramanmaraş *Salmo trutta* (L., 1758) Populasyonlarının Genetik Karşılaştırılması

Cemal TURAN¹, Deniz ERGÜDEN¹, Mevlüt GÜRLEK¹, Deniz YAĞLIOĞLU¹,
Vedat YEĞEN²

¹Balıkçılık Genetiği Laboratuvarı, Mustafa Kemal Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, 31040,
Antakya/HATAY

²Su Ürünleri Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, 32500 Eğirdir/ISPARTA
cturan@ymail.com

ÖZET

Türkiye’de geniş bir zoocoğrafik dağılım gösteren *Salmo trutta* (L., 1758) iç su balıkları içerisinde ekonomik değeri en yüksek balıklardan biri olup populasyonları üzerinde aşırı av baskısı bulunmaktadır.

Bu çalışmada parçacık uzunluk polimorfizmi (RFLP) tekniği ile Isparta ve Kahramanmaraş bölgelerinde bulunan *S. trutta* populasyonlarının genetik yapıları incelenerek populasyonlar arasındaki farklılığın derecesi tespit edilmiştir.

MtDNA’nın 16 S rDNA gen bölgesi PCR-RFLP yöntemi ile çoğaltılarak yedi kesim enzimi (*RsaI*, *EheI*, *Hin6I*, *BsurI*, *FspbI*, *Bsh1236I*, *XhoI*) ile kesilmiştir. PCR-RFLP sonucunda toplam 50 alabalık bireyinde 3 farklı haplotip saptanmıştır.

Populasyonlar içi ortalama haplotip çeşitliliği 0.3933, nükleotid çeşitliliği 0.001128 olarak populasyonlar arasındaki nükleotid çeşitlilik değerleri (0.001151) ve nükleotid farklılık değerleri (0.000023) olarak belirlenmiştir.

Monte-Carlo (X^2) İkili Karşılaştırma Analizi sonucu populasyonlar arasında önemli derecede genetik farklılıklar olmadığı belirlenmiştir ($P>0.05$).

Anahtar Kelimeler: *Salmo trutta*, Populasyon yapısı, Genetik, PCR-RFLP.

Genetic Comparison of *Salmo trutta* (L., 1758) Populations from Isparta and Kahramanmaraş Regions

ABSTRACT

Salmo trutta (L., 1758) is one of most important fish species with high economic value and is under threat from over-fishing. Effective and successful fishery management relies on implementation of programs on conservation and perpetuation of stocks. Restriction fragment length polymorphism (RFLP) is one of the most commonly used technique to determine genetic structure of populations.

In the present study RFLP is used to analyze population structure of *S. trutta* from Isparta and Kahramanmaraş regions.

The complete 16 S rDNA region of mtDNA amplified by PCR-RFLP was digested with seven restriction enzymes, *RsaI*, *EheI*, *Hin6I*, *BsurI*, *FspbI*, *Bsh1236I*, *XhoI*. As a result, a total of 3 haplotypes were detected from 50 individuals.

The average haplotype diversity and nucleotid diversity within populations were 0.3933 and 0.001128 respectively. The average nucleotid diversity and nucleotide divergence between populations were 0.001151 and 0.000023 respectively.

In Monte Carlo (X^2) pairwise comparisons significant differences between populations ($P>0.05$) were not observed.

Key Words: *Salmo trutta*, Population structure, Genetics, PCR-RFLP.

GİRİŞ

Ülkemizde doğal olarak bulunan ve yüksek ekonomik değere sahip bir tür olan kahverengi alabalık, *Salmo trutta*, geniş bir yayılıma sahiptir. *S. trutta* Avrupa'nın kuzeyi, güneyde Korsika ve Sardunya adaları ile Cezayir, Doğuda ise İran ve Himalaya Dağları'nın eteklerine kadar uzanan bir alanda bulunmaktadır (Tortonese, 1954; Frost ve Brown, 1973; Ladiges ve Vogt, 1979; Dorofeeva ve ark., 1986; Geldiay ve Balık, 1996; Kara ve ark. 2007).

Salmonidae familyasının mensubu olan *S. trutta* (Geldiay ve Balık, 1996; Froese ve Pauly, 2008) *Salmo* cinsine dahil olup ülkemizde tek tür ve 4 alt tür ile temsil edilmektedir. Bu türlerden *S. t. abanticus* Abant Gölü'nde, *S. t. caspius* Hazar Denizi bölgesinde, *S. t. labrax* Karadeniz bölgesinde, *S. t. macrostigma* ise Akdeniz Bölgesinde dağılım göstermektedir. Tortonese, (1954) ve Geldiay, (1968) Akdeniz Bölgesinde alt tür olarak bilinen *S. t. macrostigma*'nın kuzey kaynaklı olduğunu, buzul dönemle birlikte Akdeniz'e ve Akdeniz'e kıyısı olan ülkelere ve Anadolu iç sularına geçtiğini bildirmektedirler.

Alabalıklar çok sayıda farklı coğrafik formdan oluşmuş olmalarından dolayı, önemli ölçüde çeşitlilik göstermektedirler. Morfolojik özelliklerinin yüksek değişiminden dolayı bu türün sınıflandırılmasında hala büyük sıkıntılar doğmaktadır. Ancak bugüne kadar yapılan genetik çalışmalara (Behnke, 1986; Bernatchez, 2001; Bardakçı ve ark. 2006) göre ülkemizde farklı alt tür olarak kabul edilen ve morfolojik olarak farklı olan çok sayıda alabalık populasyonu arasında moleküler düzeyde belirgin bir genetik farklılık bulunmadığı ve bu türlerin *S. trutta* olarak tek tür ile temsil edilmesi gerekliliği bildirilmektedir.

Batı Avrupa'da en çok çalışılan balık türlerinden biri olmasına rağmen ülkemizdeki *S. trutta* populasyonları ile ilgili genetik çalışmalar (Plan ve ark., 1998; Togan ve ark. 1995; 1999; Aksungur, 2005) söz konusu habitatlarının coğrafik konumları nedeni ile son derece sınırlı kalmıştır. Türkiye'de şu ana kadar *S. trutta* populasyonları ile ilgili en kapsamlı filogenetik çalışma Bardakçı ve ark. (2006) tarafından yapılmıştır. Avrupa'da bulunan alabalıkların genetik haritasının çıkartılması ve kökenlerin açıklanması amacıyla yürütülen

çalışmalarda, ülkemizde bulunan alabalık populasyonları da dahil olmak üzere dokuz farklı yapı (alt tür, genotip, fenotip) gözlenmesine karşın (Elliot, 1994; Bagliniere ve Maisse, 1999) geçerli isimlendirme halen tartışma konusudur.

Dünyada canlılar arasındaki farklılığı ortaya çıkaran moleküler belirteçlerin (Allozim, PCR-RFLP, Mikrosatelit) son 30 yılda gelişmesiyle birlikte, alabalık populasyonların taşıdığı genetik çeşitliliğin tespit edilmesi ile ilgili çalışmalarda bu teknikler balıkçılıkta yoğun bir şekilde kullanılmaya başlanmıştır (Karakousis ve Triantaphyllidis, 1988; Hindar ve ark. 1991; Bernatches ve Osinov, 1995; Apostodilis ve ark., Bardakçı ve ark. 2006 1996; Turan, 2002; Bernatches, 2001;).

Alabalık populasyonları çevresel faktörlere karşı hassaslığından dolayı artan nüfus ve endüstrileşmeye bağlı olarak ortaya çıkan evsel, endüstriyel ve tarımsal kirlenmeden dolayı en çok etkilenen balıkların başında gelmektedir (Alp ve ark. 2003). Nehirlerde yapılan düzenlemeler, barajlar, içme suyu alımları gibi birçok faaliyetlerle de alabalık populasyonlarının yaşam ortamları olumsuz şekilde zarar görmektedir. Bu durumda ülkemizdeki alabalık stoklarının her geçen gün azalmasına ya da yok olma noktasına gelmesine neden olmaktadır.

Ekonomik olarak yüksek öneme sahip ülkemizde yetiştiriciliği ve tüketimi yoğun olan gökkuşağı alabalığı *Oncorhynchus mykiss* 'e göre tüketimi daha çok tercih edilen (Bilgin ve ark. 2007), tatlı su balıkları içerisinde ekonomik değeri en yüksek balıklardan biri olan *S. trutta* populasyonları üzerinde yasadışı ve aşırı şekilde bir av baskısının olduğu ve yaşam alanlarının ve populasyonlarının tehlikede olduğu yapılan çalışmalarda açıkça dile getirilmektedir (Alp ve Kara, 2004; Gülle ve ark., 2007).

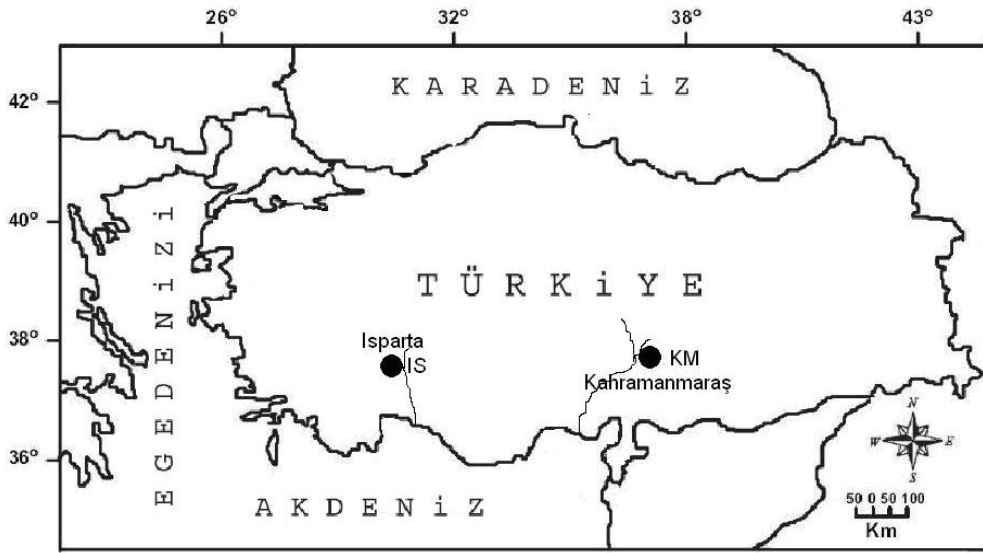
Ülkemizde ekonomik olarak büyük önem arz eden *S. trutta* populasyonları üzerine genetik düzeyde en kapsamlı çalışmalar, Togan ve ark., 1995, 1999) Aksungur ve ark. (2005) ve Bardakçı ve ark. (2006), tarafından mtDNA'nın NADH 1, NADH 5/6, D-loop ve Sitokrom b gen bölgeleri üzerine yapılmıştır. Bu çalışmada ise yukarıda çalışılan genlere ilaveten, mtDNA'nın 16S rDNA gen bölgesi

PCR-RFLP analizi tekniği kullanılarak Isparta ve Kahramanmaraş bölgesindeki *S. trutta* populasyonlarının karşılaştırılması ve populasyonlar arası moleküler farklılıkların ortaya koyulması amaçlanmıştır.

MATERYAL ve YÖNTEMLER

Araştırma Mustafa Kemal Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Balıkçılık Genetiği Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

Çalışmada *S. trutta* populasyonlarını temsilen 25'er adet olmak üzere toplam 50 adet birey incelenmiştir. Örnekler Isparta bölgesinden Köprüçay Irmağı ve Kahramanmaraş Bölgesinden Fırınz Çayı'ndan, temin edilmiştir. Örneklerin toplandığı istasyonlar Şekil 1'de harita üzerinde belirtilmiştir. Örnekleme bölgeleri, populasyon, avlanma tarihi, ortalama standart boy ve standart sapma değerleri ise Çizelge 1'de verilmiştir.



Şekil 1. *S. trutta* örneklerine ait bölgeler ve bölge kısaltmaları. (●); örnekleme bölgelerini göstermektedir.

Çizelge 1. Toplanan *Salmo trutta* örneklerinin özellikleri

Örnekleme Bölgesi	Populasyon Kodu	Populasyon	Avlanma Tarihi	Std. boy (cm) ±SD
Isparta	IS	Köprüçay	03.09.2008	16,82 ± 3,07
Kahramanmaraş	KM	Fırınz Çayı	20.08.2008	22,17 ± 4,11

Genomik DNA'nın elde edilmesinde Blin ve Stafford (1976) tarafından verilen standart fenol kloroform yöntemi uygulanmıştır. Alabalık örneklerinin gövde üzerindeki kas dokusundan alınan ve %95'lik etil alkolde muhafaza edilen dokulardan mitokondrial DNA ekstraksiyonu yapılmıştır.

Populasyonlar arasındaki genetik farklılığın derecesini belirlemek amacıyla mitokondrial DNA 16S rDNA gen bölgesindeki polimorfizm kullanılmıştır. Çalışmada incelenen populasyonlar ile ilgili daha önceden mtDNA'nın 16S rDNA gen bölgesi PCR-RFLP analizi tekniği kullanılarak gen bölgesi üzerine

araştırma bulunmadığından, mtDNA üzerinde bulunan diğer gen bölgelerine göre kısmen daha uzun olan 16S rDNA gen bölgesi incelenmiştir. DNA eldesinden sonra, evrensel primerler kullanarak ile 16S rDNA gen bölgesi PCR Metodu çoğaltılmıştır (Saiki ve ark. 1988). Çoğaltılan genler agaroz jel üzerinde kontrol edilmiştir.

Bunun için aşağıda dizinleri verilen evrensel primerlerden yararlanılmıştır. Primerler İONTEK (İstanbul) firmasından sağlanmıştır.

16S- Forward: 5'-CG (CT) AAG GGA A (ACT) G CTG AAA-3'

16S-Reverse: 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG TAG-3'

Çoğaltılan gen bölümü agaroz jel üzerinde incelenmiştir.

Çalışmada 7 adet kesim enzimi (*RsaI* (*AfaI*), *EheI*, *Hin6I* (*HhaI*), *BsurI* (*HaeIII*), *FspbI* (*BfaI*), *Bsh1236I* (*FnuDII*), *XhoI*) kullanılmıştır.

Poliakrilamid jele yüklenen örnekler gümüş nitrat boyama tekniği ile jel üzerinde görüntülenmiştir. Jellerin fotoğrafları çekilip görüntüleri dijital ortama aktarıldıktan sonra Image J (versiyon 1.37) programında DNA ve DNA büyüklük standartları bantlarının uzunlukları cm olarak tespit edilmiştir. Tespit edilen uzunluklar DNA-FRAG (versiyon 3.03) Programı kullanılarak DNA uzunluk ölçü birimi olan bç (baz çifti)'ne çevrilmiştir. Elde edilen bu bantların uzunluğu, sayısı ve buldukları yere göre her enzim için referans haplotipler belirlemiştir. Haplotiplerin yapısına göre populasyonlar arasındaki genetik farklılığın ve ilişkinin derecesi tespit edilmiştir. Elde edilen genetik verilerin analizinde REAP (McElroy ve ark., 1992) ve TFPgAv1.3, PHYLIP (Felsenstein, 2002) genetik paket programları kullanılmıştır. Nei (1978) ve Nei ve Tajima (1981)'ya göre genetik farklılık ve genetik uzaklık verileri kullanılarak populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın derecesi belirlenmiştir.

BULGULAR

Isparta ve Kahramanmaraş Bölgeleri'nde bulunan *S. trutta* populasyonlarını temsilen her populasyondan 25'er örnek sağlanarak, toplam 50 örnek ile populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin şekli ve derecesi belirlenmeye çalışılmıştır. DNA izolasyonu sonunda toplam DNA *S. trutta* populasyonlarından başarılı bir şekilde elde edilmiştir.

PCR ile mtDNA 16S rDNA genleri çoğaltıldıktan sonra, RFLP yöntemi ile 7 polimorfik kesim enzimi (*RsaI*, *EheI*, *Hin6I*, *BsurI*, *FspbI*, *Bsh1236I*, *XhoI*) uygulanarak örneklerde toplam 3 haplotip belirlenmiştir. Çalışmada mtDNA'nın 16S bölgesinin *RsaI* (*AfaI*), *EheI*, *Hin6I* (*HhaI*), *BsurI* (*HaeIII*), *FspbI* (*BfaI*), *Bsh1236I* (*FnuDII*), *XhoI* sınırlama enzimi ile elde edilen haplotiplerde, toplam gen uzunluğu ~1,98 kb olarak bulunmuştur.

Haplotip çeşitliliği bakımından; Isparta populasyonu'nda (IS) 3, Kahramanmaraş populasyonu'nda (KM) 3 çeşit haplotip gözlenmiştir. Çizelge 2'de görülen haplotiplerden en yaygın olan 1 nolu haplotip (AAAAAAA), çalışmada incelenen 50 bireyin %76' sında tespit edilmiştir. İkinci olarak en yaygın belirlenen BAAAAAA haplotipi ise yine örneklerin %16'ında tespit edilmiştir (Çizelge 3).

Populasyon içi ortalama haplotip çeşitliliği (0,3933) ve nükleotid çeşitliliği (0,001128) değerleri ise oldukça düşük olduğu gözlemlenmiştir. Bununla birlikte populasyon düzeyinde nükleotid çeşitlilik değerlerinin, Isparta populasyonu'nda 0,000825 olarak gözlemlenirken, Kahramanmaraş populasyonu'nda ise bu değerlerin Isparta populasyonuna göre kısmen biraz daha yüksek (0,001432) olduğu görülmüştür (Çizelge 2).

Çizelge 2. *S. trutta* populasyonların 16 S rDNA gen bölgesinden elde edilen haplotip ve frekansları. Haplotiplerin elde edilmesinde kullanılan enzimler soldan sağa: *RsaI*, *EheI*, *Hin6I*, *BsurI*, *Fspbl*, *Bsh1236I*, *XhoI*. *H*: haplotip çeşitlilik; *N*: nükleotid çeşitlilik; *S.E.* = standard hata.

Haplotipler	Sınırlama Enzimleri							Örnekleme Bölgeleri		
	<i>RsaI</i>	<i>EheI</i>	<i>Hin6I</i>	<i>BsurI</i>	<i>Fspbl</i>	<i>Bsh1236I</i>	<i>XhoI</i>	IS	KM	Total
1	A	A	A	A	A	A	A	21	17	38
2	B	A	A	A	A	A	A	2	6	8
3	C	A	A	A	A	A	A	2	2	4
Total								25	25	50
								Ortalama		
<i>H</i>								0,2933	0,4933	0,3933
<i>S.E.(+/-)</i>								0,11215	0,009356	0,01000
<i>N</i>								0,000825	0,001432	0,001128

Populasyonlar arasındaki nükleotid çeşitlilik değerlerinin kısmen yüksek 0,001151, nükleotid farklılık değerlerinin 0,000023 ise daha düşük olduğu görülmektedir.

Yapılan Monte-Carlo (X^2) İkili Karşılaştırma Analizi sonucuna göre ise populasyonlar arasındaki genetik farklılığın istatistikî olarak önemli olmadığı tespit edilmiştir ($P>0,05$).

TARTIŞMA ve SONUÇ

Isparta ve Kahramanmaraş'tan toplanan *S. trutta* örneklerinden izole edilen 16S rDNA gen bölgesinin 7 farklı restriksiyon enzimi ile kesilmesi sonucu populasyonlarda 3 farklı haplotip belirlenmiştir.

Çalışmada elde edilen sonuçlara göre Akdeniz'deki iki bölgede dağılım gösteren *S. trutta* populasyonları arasında Bardakçı ve ark. (2006)'nın yaptıkları çalışmaya göre bir fark bulunmasına rağmen bu farkın istatistiksel olarak önemli derecede olmadığı belirlenmiştir. Ülkemizde yapılan, yayımlanmış en kapsamlı çalışmaların birinde Bardakçı ve ark. (2006) bu gen bölgelerinde 27 populasyondan toplam 27 farklı haplotip tespit etmişler ve elde ettikleri bu değerlerin (haplotip çeşitlilik: 0.1397; nükleotid çeşitlilik: 0,000416) oldukça düşük

olduğunu belirtmişlerdir. Ancak, Akdeniz bölgesinde bulunan Fırnız Çayı ve Köprü Çay (Isparta ve Maraş Bölgeleri) populasyonlarını da içine alan 19 populasyonda ise, haplotip ve nükleotid çeşitliliğine rastlamamışlardır. Bu çalışmamızda mtDNA'nın 16S gen bölgesiyle elde ettiğimiz sonuçların, Bardakçı ve ark. (2006) tarafından *S. trutta* populasyonları için mtDNA'nın, ND5/6, Sitokrom b ve D-loop gen bölgeleri üzerine yapmış oldukları RFLP çalışmasıyla kısmen benzer sonuçlar gösterdiği görülmektedir. Bu çalışmada da Akdeniz'e dökülen iki populasyonun aralarında önemli derecede farklılık bulunmaması, yapılan bu çalışmayı destekler durumdadır. Populasyonlar arasında önemli derecede farklılık bulunmamasının bir başka temel sebebi olarak, örnek sayısı, bölgelerin birbirine yakın nehir sistemlerinde olması gösterilebilir.

Genetik çalışmalarla birlikte benzer sonuçların morfometrik sonuçlarla da desteklendiği Kara ve ark. (2007) tarafından yapılan başka bir çalışmada belirtilmiştir. Kara ve ark. (2007) Yukarı Ceyhan nehir sistemine bağlı Fırnız, Aksu, Nergete, Törbüzek, Hurman, Kömür ve Söğütlü çaylarında *S. trutta*'ya ait yakaladıkları toplam 618 adet örnekten, 118 örneğin akarsu sistemlerine göre morfometrik özelliklerini belirlemişler ve

yapılan analizler sonucunda birçoğunun farklılık arz etmediğini tespit etmişlerdir. Aksungur ve ark., (2005) rastgele örnekledikleri 142 adet Karadeniz *Salmo trutta labrax* populasyonlarını hem mitokondrial DNA (ND1 ve ND 5-6 gen bölgeleri) ile hem de meristik özellikleri açısından incelemişler ve yine bu populasyonlar arasında önemli derecede bir farklılık bulamadıklarını belirtmişlerdir. Çalışmalarının bütününden elde ettikleri sonuçların değerlendirdiklerinde; morfolojik açıdan en farklı görünenlerin bile genetik yapı olarak *S. trutta* türünün kendi içindeki populasyonların gösterdiği kadar fark kadar gösterdiğini (Bernatchez ve Osinov 1995; Apostolidis ve ark. 1996) belirtmişlerdir.

Bernatchez (2001) mtDNA PCR-RFLP ve dizi analizi verilerini kullanarak coğrafik ve fenotipik olarak farklı olan alabalık populasyonlarının analizi sonucu, Atlantik (AT), Tuna (DA), Akdeniz (ME), Marmara (MA) ve Adriyatik (AD) olmak üzere beş ana evrimsel soy hattının varlığını ortaya koyarak, Türkiye’de ise bu soy hattından iki tanesinin (AD, DA) bulunduğunu rapor etmiştir. Bu soy hatlarından AD Akdeniz ve Adriyatik Denizi Havzasında, DA ise Karadeniz, Hazar Denizi ve Aral Denizi Havzalarında dağılım göstermektedir. Bardakçı ve ark. (2006) yaptıkları çalışmalarında AD soy hattında, Akdeniz ve Fırat nehri havzası alabalık populasyonlarının bulunduğunu, DA soy hattında Karadeniz, Marmara ve Ege Denizi havzası populasyonlarının bulunduğunu belirlemişlerdir.

Avrupa’da alabalıklar üzerine yapılan benzer RFLP çalışmalarında mtDNA’nın ND-1; ND 5/6 gen bölgeleri ile yapılan incelemelerde, kuzey bölgelerinde çeşitli varyasyonlar görüldüğü (Hall ve Nawrocki, 1995; Hansen ve ark. 1997, Hansen ve Mensberg, 1998) fakat Atlantik ve Akdeniz formları arasında önemli bir fark olmadığı bildirilmiştir (Fidan, 1995; Plan, 1999; Togan ve ark. 1999).

Elde ettiğimiz genetik bulgular sonucunda incelenen diğer gen bölgeleri gibi 16S rDNA gen bölgesi içinde Isparta ve Kahramanmaraş Bölgelerindeki populasyonlar arasında önemli derecede genetik farklılıkların bulunamaması, *S. trutta* populasyonları arasında bu çalışmanın

şu ana kadarki diğer tüm çalışmalarla paralellik gösterdiğini ve belki tüm genomun incelendikten sonra *S. trutta* populasyonları hakkında daha kesin bir kaniya varabileceğini sonucunu göstermektedir.

KAYNAKLAR

- Aksungur, M., Togan, İ., Zengin, M., Tabak, İ., Aksungur, N. 2005. Doğu Karadeniz Kıyılarında Dağılım Gösteren Karadeniz Alabalığı (*Salmo trutta labrax*, Palas, 1811) Populasyonunun Mitokondrial ve Meristik Özellikler Bakımından Karşılaştırılması. Türk Sucul Yaşam Dergisi, 146-153.
- Alp, A., Kara, C., Büyükçapar, H.M., 2003. Reproductive biology of brown trout, *Salmo trutta macrostigma* Dumeril 1858, in a tributary of the Ceyhan River which flows into the eastern Mediterranean Sea, J. Appl. Ichtyol. 19: 346-351.
- Alp, A., Kara, C., 2004. Ceyhan, Seyhan ve Fırat Havzalarındaki Doğal Alabalıklarda (*Salmo trutta macrostigma* Dumeril, 1858 ve *Salmo platycephalus* Behnke, 1968) Boy, Ağırlık ve Kondüsyon Faktörleri. Ege Üniversitesi Su Ürünleri Dergisi 21 (1-2): 9-15.
- Apostolidis, A.P., Karakousis, Y. and Triantaphylidis, C., 1996. Genetic divergence and phylogenetic relationship among *Salmo trutta* L. (brown trout) population from Greece and European countries. Heredity, 76: 551-560.
- Baglinière, J.L. and Maisse, G. 1999. Biology and Ecology of the Brown and Sea Trout, Praxis Publishing Ltd, Chichester, UK.
- Balık, S. 1985. Trakya Bölgesi İçsu Balıklarının Bugünkü Durumu ve Taksonomik Revizyonu. Doğa Bilim Dergisi. Seri A2, 9 (2): 147-190.
- Balık, S. 1986. Systematic and zoogeographic investigations on inland water fishes of the Mediterranean Region of Turkey, Turk J. Zool., D 12(2): 156-179.
- Bardakçı, F., Degerli, N., Ozdemir, O., Basıbüyük, H.H. 2006. Phylogeography of the Turkish brown trout *Salmo trutta* L.: mitochondrial DNA PCR-RFLP variation. J. Fish Biol.. 68: 36-55.

- Behnke, R.J. 1986. Brown Trout. Trout. 27: 42-47.
- Bernatchez, L. and Osinov, A., 1995. Genetic diversity of trout (genus: *Salmo*) from its most eastern native range based on mitochondrial DNA and nuclear gen variation. Molecular Ecology, 4: 285-297.
- Bernatchez, L. 2001. The evolutionary history of Brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. Evolution, 33: 351-379.
- Bilgin, Ş., Ertan, Ö., İzci L. 2007. Farklı Sıcaklıklarda Depolanan Sıcak Dumanlanmış *Salmo trutta macrostigma*, Dumeril 1858'in Kimyasal Kompozisyonundaki Değişimlerin İncelenmesi. Journal of FisheriesSciences.com 2: 68-80.
- Blin, N., Stafford, D.W. 1976. A general method for isolation of high molecular weight DNA from eukaryotes. Nucleic Acids Res. 3: 2303-2308.
- Dorofeeva, E.a., Vukovich, T., Kosorich, D. 1986. Morphological features of mediterranean Trouts as Related to their Position in the polymorphic species *Salmo trutta* L. (Salmonidae), Morp. Ecol. of Fishes 154: 66-75.
- Elliot, J.M., 1994. Quantitative ve Ecology and the Brown Trout. Oxford Univ. Press, Oxford, 286.
- Felsenstein, J. 2002. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) Version 3.6a3. Distributed By the Author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Fidan, A.Z., 1995. A study on the structure of natural trout populations in Turkey, ODTÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Froese, R., Pauly, D. (Eds.), 2008. Fishbase (www Database). World Wide Web Electronic Publications. URL: <http://www.fishbase.org> version/ (09/2008).
- Frost, W.E. Brown, M.E., 1973. The Trout Collins the Fontana New Naturalist, Lon. Glasgow, 316.
- Geldiay, R., Balık, S. 1996. Türkiye Tatlısu Balıkları, Ege Üniversitesi Fen Fak. Kitaplar Serisi. 97, 519.
- Gülle, İ., Küçük, F., Güçlü, S.S., Gümüş, E., Demir, O. 2007. Dağ Alabalığı (*Salmo trutta macrostigma* (Dumeril, 1858))'nın Türkiye'nin Batı Akdeniz Havzası'ndaki Yayılış Alanı, Populasyon ve Habitat Özellikleri, Turkish Journal of Aquatic Life, Yıl: 3-5, Sayı: 5-8, 189-198.
- Hall, H.J., Nawrocki, L.W., 1995. A rapid method for detecting mitochondrial DNA variation in the Brown trout, *Salmo trutta*. J. Fish Biol. 46: 360-64.
- Hansen, M.M., Mensberg, K.D. Rasmussen, G., Simonsen, V., 1997. Genetic variation within and among Danish Brown trout (*Salmo trutta* L.) hatchery strains, assessed by PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA segments. Aquaculture, 153: 15-29.
- Hansen, M.M., and Mensberg, K.D. 1998. Genetic differentiation and relationship between genetic and geographical distance in Danish sea trout (*Salmo trutta* L.) populations. Heredity, 81: 54-67.
- Hindar, K., Jonsson, B., Ryman, N., Stahl, G. 1991. Genetic relationships among landlocked, resident and anadromous Brown trout, *Salmo trutta* L. Heredity, 66: 83-91.
- Kara, C., Alp, A., Emre, Y. 2007. *Salmo Trutta Macrostigma* Dumeril, 1858'nin Ceyhan Nehir Sistemi'nde Dağılımı Ve Bazı Morfometrik Özellikleri. Turkish Journal of Aquatic Life yıl 3-5 sayı 5-8, 77-86.
- Karakousis, Y., Triantaphyllidis, C.D. 1988. Genetic relationship among three Greek Brown trout (*Salmo trutta* L.) populations. Polskie Archiwum Hydrobiologii, 35: 279-285.
- Ladiges, W., Vogt, D. 1979. Die Süßwasserfische Euro. Paul Parey, Hamburg, Berlin, 299.
- McElroy, D., Moran, P., Bermingham, E., Kornfield, J., 1991. Reap: The restriction enzyme analysis package, version 4.0. Department of Zoology, University of Maine, Orono, ME.

- Nei, M., 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York
- Nei, M., Tajima, F., 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. Genetics. 97: 145-163.
- Plan, E., Gezgin, F., Kocabaş, M., Togan, I., 1998. Protein polymorphism in south-west Anatolian Brown trout *Salmo trutta* L. population. M.S. Çelikkale, E. Düzgüneş, Okumuş, C. Mutlu (Editors), The Proceedings of the First International Symposium of Fisheries and Ecology, 2-4 Sept., 196-198.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S.J. and Beddington, J.R. 1988. Primer-directed Enzymatic Amplification of DNA with a Thermostable DNA Polymerase. Science, 239: 487-491.
- Togan, İ., Fidan, A. Z., Yain, E., Ergüven, A., Emre, Y. 1995. Genetic Structure of Turkish Brown Trout Populations, Journal of Fish Biology, 47 (Supplement A): 164-169.
- Togan, İ., Ergüven, A., Emre, Y., Gezgin, F., Plan, E., Koban, E. 1999. Abant Gölü'nde ve Batı Akdeniz'de Bulunan Doğal Alabalık (*Salmo trutta* L.) Toplumlarının Genetik Yapılarının Korunması, Proje No: VHAG-1396, ODTÜ, Ankara.
- Tortonese, E. 1954. The trouts of Asiatic Turkey. İstanbul Üniv. Fen Fak. Hidrobioloji Enstitüsü Dergisi, Seri B2, 1-26.
- Turan, C., 2002. Genetik. Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı, Yayın No: 2, Hatay, 169.