



Derleme



## Lessepsiyen Biyoistilasının Genetik Değerlendirmesi

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

Adres: Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Su Ürünleri Mühendisliği Bölümü

06110 Dışkapı Ankara, E-posta: keskin@ankara.edu.tr

Geliş tarihi : 22.04.2011

Kabul tarihi: 10.05.2011

### Giriş

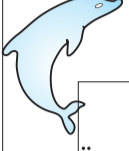
Biyoistilaların karasal ve deniz ortamları üzerindeki ekonomik ve ekolojik etkileri giderek artmaktadır. Bu etkiler, aynı zamanda deniz ortamındaki ekolojik ve evrimsel süreci izlemek bakımından da önemli bir fırsat olarak da görülmektedir. Bu konuda yapılan çalışmalar çoğunlukla bu istilaların ekolojik sonuçları, önlenmeleri ve kontrol altında tutulmalarına yöneliktir. Son zamanlarda birçok alanda sıklıkla başvurulan genetik yaklaşımlar, biyoistilalar konusunda da uygulanmaya başlamıştır. Genetik yaklaşımlar, genellikle istilaların oluşumu, yayılma süreçleri, kaynakları, başlangıç süreçlerinin tahmini ve tarihsel biyocoğrafyasını yanıtlamaya yönelik olarak kullanılmaktadır (Bernardi vd., 2010).

Yeni bir çevrede populasyon oluşturan istilacı türler farklı seleksiyon baskılarıyla karşılaşmaktadırlar. İstilacı türlerin genetik çeşitlilikleri, populasyon genetiğinin temellerine uygun olarak, adaptasyon yeteneklerinin bir parçasını oluşturmaktadır. Kuramsal ve deneysel

veriler bu türlerin istila girişimlerinin başarısının, eklemeli genetik çeşitlilik, epistazi, hibridizasyon ve gen alış verişi gibi genetik özellikler ile ilişkili olduğunu desteklemektedir (Lee, 2002). Bununla birlikte, biyoistilacılar genellikle mevcut gen havuzlarının belirli bir kısmını muhafaza ederler. Genellikle, genetik çeşitliliklerinde meydana gelen azalmalar, populasyonları, özellikle de çevre koşullarına adaptasyon yetenekleri bakımından kırılğan bir hale getirmektedir.

İstila sürecinin başlangıcında, yeni ortama uyum sağlama aşamasında oluşabilecek genetik kayıp, istilayı başlatan bireylerin genetik çeşitliliği ile tespit edilebilir ve bu çeşitlilik asıl köken aldıkları populasyonun genetik çeşitliliğine dayalıdır. Bazı durumlarda, başlangıçta oluşan genetik darboğazlar birden fazla istila girişimi ve bunu takip eden yüksek gen akışı ile bastırılabilir ve böylece istilacı populasyonlar sürdürülebilir bir genetik çeşitliliğe ulaşabilirler (Bernardi vd., 2010).





Biyoistila çalışmalarında sıkıntı yaratan en önemli problem, biyoistilacıların ilk istila sürecinden çok sonra, yeni ortamlarıyla uyum sağladıktan sonra gözlemlenmeye başlamalarıdır. Bunun bir problem olarak ortaya çıkmasının nedeni, bu süreçten sonra istilanın ilk olarak ne zaman meydana geldiğinin, bir veya birden çok istila sonucunda mı oluştuğunun belirlenmesinin zorluğudur. Başarısızlıkla sonuçlanan istila girişimleri genellikle tespit bile edilememektedir.

Lessepsiye istilacılar, Kızıl Deniz'den köken alıp, 1869 yılında açılan Süveyş Kanalı üzerinden Akdeniz'e geçiş yapan canlılardır. Lessepsiye türlerin göçü; 71'i balık (Bilecenoglu vd., 2008), 300'den fazla yeni türle, dünyadaki istilacı balık türlerinin yaklaşık olarak yarısının dahil olduğu, en önemli biyocoğrafik fenomen olarak karşımıza çıkmaktadır (Por, 1978). Bu göç, her yıl yeni türlerin düzenli olarak eklendiği bir süreç olarak karşımıza çıkmakta ve hızlı evrimsel değişimler üzerinde çalışılmasına olanak sağlayan bir sistem olarak karşımıza çıkmaktadır. Akdeniz'de bulunan İndo-Pasifik kökenli canlıların büyük bir çoğunluğu Lessepsiye göç sonucunda bu sularda popülasyonlar oluşturmuşlardır.

Lessepsiye istilanın oluşumu incelendiğinde, uzun bir zaman dilimine yayıldığı

görülmektedir. İlk istilaların tarihi, 1900'lerin sonundan günümüze kadar uzanmaktadır. Farklı Lessepsiye istilacılar için bu süre değişkenlik gösterdiğinden, türün ilk istila girişiminin kesin kaydı genetik veriler açısından büyük önem taşımaktadır. Lessepsiye göçmenlerin istila zamanı, istilanın yönü ve istilacı türlerin coğrafik kökeni bilindiğinden, kuramsal tahminler kolaylıkla yapılabilmekte ve bu özelliklerinden dolayı büyük önem taşımaktadırlar (Bernardi vd., 2010).

Bu derlemedeki amacımız, Lessepsiye göçmenlere ilişkin genetik çalışmaların karşılaştırılması ve bu özel biyoistila sürecinde etkili olan süreçlerin ortaya koyulmasında genetik yaklaşımların ne kadar yeterli olduğunun değerlendirilmesidir.

#### Genetik Yaklaşımlar

Lessepsiye göçmenlerin incelenmesinde kullanılan genetik yaklaşımlar, moleküler ekoloji ve evrim alanında kullanılan yaklaşımlarla aynı doğrultudadır. Bu alandaki ilk çalışmalar, hızlı, uygulaması kolay ve diğer yöntemlere oranla daha ekonomik olan allozim analizlerine dayanmaktadır (Tablo 1).

**Tablo 1.** Lessepsiye göçmenler üzerine gerçekleştirilen genetik çalışmalar (Bernardi vd., 2010).

Organizmalar	Türler	Tahmini istila tarihi	Veri türü	Genetik darboğaz / Varyasyonda azalma
Bitkiler	<i>Halophyla stipulacea</i>	1895	RAPD	- / +
			ITS	- / -
Omurgasızlar	<i>Brachydontes pharaonsis</i>	1876	Allozim, SSCP, COI	- / -
	<i>Cerithium scabridum</i>	1883	Allozim	- / -
	<i>Modiolus auriculatus</i>	1900'lerin başı	Allozim	- / -
	<i>Lysidice collaris</i>	1962	ITS, COI	- / -
	<i>Asterina burtoni</i>	1966	RAPD	+ / -
	<i>Minona ileanae</i>	bilinmiyor	ISSR	- / -
Balıklar	<i>Siganus rivulatus</i>	1927	SSCP, RFLP, ISSR	- / -
	<i>Upeneus pori</i>	1950	Allozim	- / -
	<i>Upeneus moluccensis</i>	1947	Allozim, SSCP	- / -
	<i>Atherinomorus lacunosus</i>	1902	DL	- / -
	<i>Siganus luridus</i>	1956	SSCP, RFLP, ISSR, DL	- / -





Bu tür çalışmalar deniz ortamındaki biyoistilacıların nasıl bir genetik model gösterdiğinin anlaşılmasında temel oluşturmuşlardır. Fakat bu çalışmaların sonuçlarında, beklenenin aksine Lessepsiye göçmenlerde meydana gelen bir genetik darboğaza ve bununla ilişkili genetik çeşitliliğin azalması yönünde bulgulara rastlanamamıştır. Allozim analizine dayalı yöntemlerde genel eleştiriler, genetik çözünürlüğün düşük olması ve seleksiyon baskısının ortaya koyulmaması noktasında gerçekleşmiştir.

Bunun üzerine bir sonraki aşamada DNA belirteçleri kullanılmaya başlanmıştır. Bu noktada devreye populasyon genetiğinin vazgeçilmez belirteçleri olan mitokondriyal DNA dizileri girmiştir. Beklenenin aksine, bu çalışmalar da daha önce allozimlerle gerçekleştirilen çalışmaları doğrular nitelikte sonuçlar vermiştir. Sonuçta, Lessepsiye göçmenlerinde ortaya koyulamayan genetik darboğazın, allozim analizlerine dayalı yöntemlerin yetersizliğinden değil, fakat gerçekten de var olan bir durum olduğu mitokondriyal belirteçlerle de ortaya koyulmuştur (Bucciarelli vd., 2002).

Kullanılması ihtiyacı da gözden kaçırılmamalıdır. Bu amaçla mikrosatelitler ve SNP'ler en uygun yaklaşım olarak görülebilir. Lessepsiye DNA dizilerinin kullanılması, Lessepsiye göçmenlerin genetiğini anlamada çok önemli sonuçlar vermiş olmakla birlikte, daha büyük veri kümelerinin ve değişkenliği daha yüksek belirteçlerin göçmenlerinde bu yaklaşımlar henüz sıklıkla kullanılmamakla beraber, yakında bu tür çalışmalarında artmasıyla Lessepsiye göç sisteminin çözümlenmesinde somut adımlar atılmış olacaktır (Bernardi vd., 2010).

Lessepsiye göçmenleri üzerine gerçekleştirilen çalışmalar 1994 yılında başlamıştır. Bugüne kadar 14 tür, yani bilinen istilacı türlerin sadece %5'i üzerinde çalışılmıştır (Tablo 1). Bu 14 tür içerisinde 1 çiçekli bitki, 6 omurgasız türü ve 7 balık türü bulunmaktadır. Bu 14 türün ortak özelliği, Akdeniz'de ortaya çıkmalarından çok kısa bir süre sonra fark edilmeleridir. Lessepsiye istilacılar konusunda uygulanan moleküler yöntemler, genellikle yerel populasyonlarla istilacı populasyonları arasındaki

genetik farklılık düzeylerini ayırt etmeye ve istilacı populasyonların kendi içerisindeki genetik yapılanmasını tespit etmeye yönelik olmuştur.

### İstilacıların Genetik Çeşitliliği

Populasyon darboğazları, genetik değişkenliğin kaybolmasıyla ilişkilendirilen ve biyolojik istila süreçlerinin ortak özelliği olan bir durumdur. Tablo 1.'de verilen 14 türden 12'sinde böyle bir darboğaz görülmektedir. Belirgin bir şekilde bu 12 Lessepsiye istilacı türün 10'unda, Kızıl Deniz'den Akdeniz'e geçişleri sonrasında oluşması beklenen genetik değişkenliklerinde azalmaya ilişkin herhangi bir sonuca rastlanamamıştır.

Yapılan çalışmaların büyük bir çoğunluğunda, ilk istila olayı uzun zaman önce gerçekleşmiştir (Tablo 1).

Daha önceden gelen ve başarılı olmuş istilacı populasyonlar, yeni gelen populasyonlara katılarak, ilk yerleşme olayının genetik izlerini tespit etmeyi zor hale getirmiştir. Bu zorluk, istila kaynağı dışında meydana gelen önceki istila girişimlerinin incelenmesi ile aşılabılır. Bu durumun etkilerini bertaraf etmenin yolu, büyük ihtimalle istila kaynağından başka bir yerde meydana gelen önceki istila girişimlerine odaklanmaktır.

Son yıllarda bu yöntemin uygulandığı çalışmalar yayınlanmış (Azzuro vd., 2006; Terranova vd., 2006; Golani vd., 2007) ve yeni yerleşen populasyonların incelenmesinde karşılaşılan zorlukların bu şekilde aşılmasıyla Lessepsiye istilacılarının dinamiklerine ilişkin önemli gelişmeler kaydedilmiştir.

*Brachidontes pharaonis* örneğinde, haplotip ve nükleotid çeşitliliği bakımından, doğu Akdeniz'den örneklenen en genç ve en eski istilacı populasyonlar arasında herhangi bir farklılığa rastlanamamıştır (Terranova vd., 2006). Akdeniz'de gerçekleştirilen çalışmalarda bu türe ilişkin bölgesel kümeleşmeler ve farklı haplotiplerin varlığı ortaya koyulmuş, fakat en olası neden olarak larvaların balast sularıyla taşınması gösterilmiştir (Shefer vd., 2004).





*B. pharaonsis* (Terranova vd., 2006; Shefer vd., 2004), *Atherinomorus lacunosus* (Bucarielli vd., 2002), *Siganus luridus*, *Siganus rivulatus* (Bonhomme vd., 2003; Hassan vd., 2003), *Upeneus pori* ile *Upeneus moluccensis* (Golani ve Ritte, 1999; Hassan ve Bonhomme, 2005) gibi bazı balık türlerinin Akdeniz ve Kızıl Deniz popülasyonları arasında herhangi bir genetik farklılık bulunamaması, Lessepsiye göçte çok fazla bireyden oluşan popülasyonların erken safhalardan itibaren sürecin içinde olmaları ve Kızıl Deniz'den tek bir girişim değil, sürekli bir gen akışı sağlayacak sıklıkta göç etmeleri ile açıklanmaktadır.

Bu bulgular, daha sonra gerçekleştirilen bir çalışma ile de desteklenmiştir (Azzuro vd., 2006). Akdeniz ve Kızıl Deniz'den örneklenen *S. luridus* popülasyonlarını içeren çalışmada, popülasyonlar arasında herhangi bir genetik farklılığa rastlanmamıştır. Daha da önemlisi, mitokondriyal çeşitlilik bakımından, en genç popülasyon ile en batıdaki (Linosa, İtalya) popülasyon arasında herhangi bir farklılık saptanamamış ve bu durumun genetik çeşitliliğin en baştan beri bu şekilde olması, herhangi bir ilk yerleşme olayından etkilenmemesi ile açıklanabileceği sonucuna varılmıştır. Aynı çalışmada, Kızıl Deniz ve Akdeniz popülasyonları arasında zayıf fakat tespit edilebilir bir genetik

farklılığa da dikkat çekilmiştir. Bu genetik farklılıklar daha önce gerçekleştirilen benzer çalışmaların (Bonhomme vd., 2003; Hassan vd., 2003) daha geniş bir coğrafik alanı kapsayan örneklemelerle desteklenmesiyle elde edilmiş ve örneklemin sadece Lessepsiye istilacının giriş noktasından değil, yayılım gösterdiği tüm alan boyunca gerçekleştirilmesinden kaynaklanabileceği vurgulanmıştır. Birçok benzer denizel istilacı da bu örneklerle benzer şekilde istila ettiği bölgeye yerleşirken çok az veya hiçbir genetik erozyona maruz kalmadan bu süreci tamamlamıştır (Wares, 2005). Bunun arkasında yatan ana unsurun, başarıyla yerleşen popülasyonun çok büyük olması veya farklı kaynaklardan köken alan istilaların sürekliliği olduğu düşünülmektedir.

Bu örneklerin aksine, *Fistularia commersonii*'de yapılan bir çalışmada (Golani vd., 2007), sadece Akdeniz'de 2 haplotipinin bulunması, ki bu durum en az iki dişi birey kaynaklı istila olduğunu göstermektedir, gerçekten bir genetik darboğaz durumunun yaşandığına dair çok önemli kanıtları ortaya koymaktadır. Çalışmaya konu olan *F. commersonii*, Akdeniz'e henüz giriş yapmış olmasına rağmen hızla doğu ve batı bölgelerinde yayılım göstermeye başlamıştır ve "En İstilacı 100 Tür" arasında kabul edilmektedir.



Lessepsiye türlerden, sadece, bir deniz yıldızı türü olan *Asterina burtoni*'nin belirgin bir genetik çeşitlilik kaybına uğradığı bildirilmiştir (Karako vd., 2002). Fakat bu durumun türün yeni ortamlarına adaptasyon sürecinde üremesi ile ilgili gerçekleştirdiği bir değişiklikten meydana geldiği ortaya koyulmuştur.

### Genetik Çeşitlilik ve İstila Başarısı

Birçok istilacı tür, ilk yerleşme girişimi ile bunu takiben devam eden popülasyon artışı ve yayılım aşaması arasında çeşitli süreçlerden geçer. Bu süreçler biyolojik istilaların ortak özelliği olmakla beraber (Kowarik, 1995) bunun çeşitli ekolojik ve demografik nedenleri olabilmekte, hatta yeni ortamlarına adaptasyon için gerekli evrimsel sürecin etkisi altına girmeleri bile söz konusu olabilmektedir (Holt vd., 2005).

Lessepsiye türler söz konusu olduğunda, zamansal dinamikleri veya adaptasyon süreçlerine ilişkin ekolojik temelli herhangi bir neden genetik çalışmalarca ortaya koyulamamıştır. Bu konuda örnek olarak gösterilebilecek sadece iki çalışma bulunmaktadır: birincisi *Siganus luridus* popülasyonlarının ilk kez Sicilya Kanalı'nda görülmelelerinden yaklaşık 30 yıl sonra Linosa'da yerleşik popülasyonlar oluşturması (Azzuro vd., 2006) ve ikincisi de *B. Pharaonis*'in İsrail kıyılarına yerleşmesinden yaklaşık 120 yıl sonra popülasyon patlaması oluşturmasıdır (Rilov vd., 2004). Lessepsiye türler arasında bu kadar kısıtlı sayıda örnek bulunması, istilacı türlerin yerleşmelerinde, evrimsel adaptasyon sürecinin etkilerinin nadiren tespit edilebilir bir durum olmasından kaynaklanmaktadır.

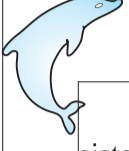
Egzotik bir türün, girdiği yeni ortam koşullarına genetik olarak adaptasyon sağlamamış olması veya sağladığına dair bir veri elde edilememesi, açıklanması kolay bir durum değildir. Bugüne kadar gerçekleştirilen çalışmalarda hep başarıyla sonuçlanan istila süreçleri görülmekteydi. Fakat, *F. commersonii*

örneğinden sonra genetik çeşitliliğin, hiçbir genetik kaybın yaşanmadığı durumlar ile ciddi genetik darboğazlar yaşandığı durumlar olmak üzere iki zıt kutup arasında değişiklik gösterebileceği anlaşılmaktadır (Golani vd., 2007). *F. commersonii* örneği, aşırı bir genetik darboğazın yaşandığı durumlarda bile popülasyonun, büyümeye ve hızlı bir coğrafik yayılım göstermeye devam edebildiğini açık bir şekilde ortaya koymaktadır.

Bu bilgiler ışığında, Lessepsiye göçmenler için genetik çeşitlilik ile istila başarısı arasında bugüne kadar ortaya koyulmuş belirgin bir ilişkiden söz edilememektedir. Genetik belirteçlerin adaptasyonla ilgili durumlarda, kalıtsal varyasyonu saptamada çok ideal araçlar olmadığı, ancak farklı yaklaşımlar geliştirilmesi sonrasında yeni bir modele ilişkin somut verilerin ortaya koyulabileceği unutulmamalıdır (Bernardi vd., 2010). Buna ek olarak Lessepsiye türlerin istila başarılarını ortaya koymada yüksek genetik varyasyonun çok etkili olmadığı, bunun yerine bu canlıların ekolojik özelliklerinden (Golani, 1993) daha önemli çıkarımlar yapılabileceği düşünülmektedir.

Lessepsiye istilacıların kısa geçmişi göz önüne alındığında, bazı türlerin hayatta kalmak, üremek ve yeni ortamlarında başarılı bir şekilde yerleşmek için evrimsel bir adaptasyon sürecine gerek duyurmayacak boyutta bir fenotipik esnekliğe sahip olduğu düşünülebilir. Bu durum özellikle ilk yerleşme zamanı ile popülasyon patlamalarının yaşanması arasında zamansal bir gecikme olmayan türler için daha olası gözükmektedir. Allendorf ve Lundquist (2003), bazı türlerin rekabetçi bir ortamda evrim geçirmeleri sebebiyle, doğaları gereği daha başarılı rekabetçiler olduğunun altını çizmiş, Lessepsiye türlerin de tür sayısı bakımından çok zengin bir deniz olan Kızıl Deniz gibi bir rekabet ortamından geldikleri düşünüldüğünde bu özelliklerinin de göz ardı edilmemesinin önemini vurgulamıştır.





Akdeniz sahillerinin farklılık gösteren kıyı sistemine başarıyla adapte olmuş görünen veya ön adaptasyonunu tamamlayan Lessepsiyen göçmenlerin, bu performanslarının biyotik ve abiyotik değişkenlere bağlı bir eşiği olabileceği de unutulmamalıdır. Örnek olarak, *F. commersonii* popülasyonlarında soğuk geçen kış mevsimleri sonrasında gözlemlenen toplu ölümler gösterilebilir (Bernardi vd., 2010).

Akdeniz'de karşılaşılan yeni biyotik ve abiyotik koşullar, Lessepsiyen türler üzerinde farklı selektif baskılar oluşturacak ve bu baskıların doğrudan popülasyonlar üzerindeki etkileri de, bugüne kadar bunu destekleyen bir çalışma olmasa da, zamanla bir şekilde ortaya çıkacaktır. Bu seçici baskılar, sıcaklık veya foto periyod gibi çevresel etkiler veya rekabetçi türler, yırtıcılar ve parazitler gibi biyolojik değişkenlere bağlı olarak ortaya çıkabilirler (Bernardi vd., 2010).

#### Sonuçlar

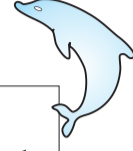
Moleküler teknikler istila biyolojisi alanında yeni bir yaklaşım olarak karşımıza çıkmaktadır. Ayrıca Lessepsiyen göçleri, sadece küçük bir kısmı hali hazırda Kızıl Deniz'den Akdeniz'e yerleşmiş türleri içeren, henüz yeni başlamış bir süreç sayılabilir. Bu yerleşen türlerden birçoğunun genetik yapıları hakkında henüz net bir fikir sahibi değiliz ve zaten yeni ortamlarına yerleşme sürecini başından

itibaren gözlemleme fırsatını kaçırdık. Fakat şu an Akdeniz'i istila etme süreçlerine yeni başlayan birçok tür bulunmakta ve birçok farklı canlı türü yayılım alanlarını Akdeniz'e doğru genişleterek bizlere istila sürecini en başından takip etme fırsatını sunmaktadırlar.

İstilaçı popülasyon içerisindeki genetik farklılıklar, örneklemeden kaynaklanan problemlerden dolayı gözden kaçabilmektedir. Bu nedenle istila sürecinin en erken safhasında çalışmayı başlatmak ve türün mümkün olan en geniş coğrafik dağılımını temsil eden örnekleme gerçekleştirmek başarılı bir genetik karşılaştırma için büyük önem taşımaktadır.

İstila süreçlerinin erken safhalarda çalışılmaya başlanması teorik kısmın daha sağlam temellere oturtulmasında ve popülasyonun yeni ortama yerleşme sürecindeki temel etkenlerin saptanmasında büyük kolaylıklar sağlayacaktır. Ayrıca bu etkenlerin tespit edilmesinde kullanmayı seçtiğimiz moleküler tekniğin yeterliliği de sonuçlar açısından belirleyici olacaktır. Lessepsiyen türlerin incelenmesinde, Mikrosatelitler ve SNP'ler gibi yöntemlerin, daha önce gözden kaçmış sonuçları ortaya çıkarmada daha büyük bir potansiyele sahip olduğunu söylemek yanlış olmaz. Açıkça görülmektedir ki, ne kadar fazla Lessepsiyen tür hakkında genetik bilgiye sahip olursak bu sürecin altında yatan etkenleri tam anlamıyla ortaya çıkarmaya o kadar yaklaşıcağız (Bernardi vd., 2010).





Lessepsiyeen göçmenler söz konusu olduğunda, herhangi bir türün kendine özgü yapısından veya Akdeniz'de meydana gelen hızlı çevresel değişikliklerden dolayı değişkenlik gösteren sonuçlar da mutlaka olacaktır. İşleyişi bakımından, Lessepsiyeen göç süreci, düzenli ve her tür için sabit bir süreç olmaktan uzaktır. Hiç şüphesiz bunun nedenlerinden başında Süveyş Kanalı'nın tarih boyunca maruz kaldığı çevresel ve insan kaynaklı değişimler (Süveyş kanalının açılmasından sonra kuzey ve güney uçlarında bulunan göllerdeki tuzluluğun azalması gibi) gelmektedir. Bu şekilde değerlendirildiğinde, kanalın genetik bir bariyer görevi görüp, yerel ve egzotik türler arasında filocoğrafik bir sınır oluşturma kapasitesi, açıldığı günden bu yana belirgin bir farklılık

#### Kaynaklar

- Allendorf, F.W. ve Lundquist, L.L. 2003. Introduction: population biology, evolution, and control of invasive species. *Conservation Biology*, 17: 24-30. DOI: 10.1046/j.1523-1739.2003.02365.x.
- Azzurro, E., Golani, D., Bucciarelli, G. ve Bernardi, G. 2006. Genetics of the early stages of invasion of the Lessepsian rabbitfish *Siganus luridus*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 333: 190-201. DOI:10.1016/j.jembe.2005.12.002.
- Bernardi, G., Golani, D. ve Azzurro, E. 2010. The genetics of Lessepsian bioinvasions. D. Golani, B. Appelbaum-Golani (eds), *Fish Invasions of the Mediterranean Sea: Change and Renewal*, Sofia: 71-84.
- Bilecenoglu, M., Yokes, M.B. ve Eryigit, A. 2008. First record of *Vanderhorstia mertensi* Klausewitz, 1974 (Pisces, Gobiidae) in the Mediterranean. *Aquatic Invasions*, 3: 487-490. DOI: 10.3391/ai.2008.3.4.21.
- Bonhomme, F., Baranes, A., Golani, D. ve Harmelin-Vivien, M. 2003. Lack of mitochondrial differentiation between Red Sea and Mediterranean populations of the Lessepsian rabbitfish, *Siganus rivulatus* (Perciformes: Siganidae). *Scientia Marina*, 67: 215-217. DOI: 10.3989/scimar.2003.67n2215.
- Bucciarelli, G., Golani, D. ve Bernardi, G. 2002. Genetic cryptic

göstermektedir (Bernardi vd., 2010).

Hepsinden önemlisi, Akdeniz'de görülen sıcaklık artışları, Lessepsiyeen göçmenler için daha uygun ekolojik koşulların oluşmasına neden olmaktadır. Sonuçta bu termofilik türler, ılıman bir denize geçiş yapmakta ve sayılarındaki artış ile yeni ortamlarına yerleşmelerindeki başarıları, Akdeniz'de etkili olan iklim değişikliği ile çok belirgin bir biçimde korelasyon göstermektedir (Bernardi vd., 2010). Lessepsiyeen istilacılarda gözlenen bu evrimsel adaptasyon süreci, Akdeniz'in çevre koşullarının, yerel türlerin ihtiyaçları doğrultusunda değil de, aksine bu tropik türlerin adaptasyon sürecini kolaylaştıracak yönde değişimler geçirdiği gözden kaçırılmaması gereken bir gerçektir.

species as biological invaders: the case of Lessepsian fish migrant, the hardyhead silverside *Atherinomorus lacunosus*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 273: 143-149. DOI: 10.1016/S0022-0981(02)00138-7.

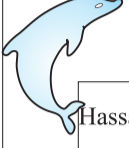
Golani, D. 1993. The sandy shore of the Red Sea launching pad for Lessepsian (Suez Canal) migrant fish colonizers of the eastern Mediterranean. *Journal of Biogeography* 20: 579-585.

Golani, D. ve Ritte, U. 1999. Genetic relationship in goatfishes (Mullidae: Perciformes) of the Red Sea and the Mediterranean, with remarks on Suez Canal migrants. *Scientia Marina*, 63: 129-135.

Golani, D., Azzurro, E., Corsini-Foka, M., Falautano, M., Andaloro, F. ve Bernardi, G. 2007. Genetic bottlenecks and successful biological invasions: the case of a recent Lessepsian migrant. *Biology Letters*, 3: 541-545. DOI: 10.1098/rsbl.2007.0308.

Hassan, M. ve Bonhomme, F. 2005. No reduction in neutral variation of mitochondrial and nuclear genes for a Lessepsian migrant, *Upeneus moluccensis*. *Journal of Fish Biology*, 66: 865-870. DOI: 10.1111/j.0022-1112.2005.00643.x.





- Hassan, M., Harmelin-Vivien, M. ve Bonhomme, F. 2003. Lessepsian invasion without bottleneck: example of two rabbitfish species (*Siganus rivulatus* and *Siganus luridus*). *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 291: 219-232. DOI:10.1016/S0022-0981(03)00139-4.
- Holt, J., Barfield, M. ve Gomulkiewicz, R. 2005. Theories of niche conservatism and evolution: could exotic species be potential tests? In: Sax, D.F., J.J. Stachowicz and S.D. Gaines (eds.), *Species invasions: insights into ecology, evolution, and biogeography*, Sunderland: Sinauer, 259-290 pp.
- Karako, S., Achituv, Y., Perl-Treves, R. and Katcoff, D. 2002. *Asterina burtoni* (Asteroidea; Echinodermata) in the Mediterranean and the Red Sea: Does asexual reproduction facilitate colonization? *Marine Ecology Progress Series*, 234: 139-145.
- Kowarik, I. 1995. Time lags in biological invasions with regard to the success and failure of alien species. In: Pylek, P., K. Prach, M. Rejmanek ve M. Wade (eds.). *Plant invasions general aspects and special problems*. Amsterdam (The Netherlands): SPB Academic Publishers, 15-38 pp.
- Lee, C.E. 2002. Evolutionary genetics of invasive species. *Trends in Ecology ve Evolution*, 17: 386-391. DOI:10.1016/S0169-5347(02)02554-5.
- Por, F.D. 1978. Lessepsian migration the influx of Red Sea biota into the Mediterranean by way of the Suez Canal. Berlin: Springer-Verlag. 228 pp.
- Rilov, G., Benayahu, Y. ve Gasith, A. 2004. Prolonged lag in population outbreak of an invasive mussel: a shifting-habitat model. *Biological Invasions*, 6: 347-364. DOI: 10.1023/B:BINV.0000034614.07427.96.
- Shefer, S., Abelson, A., Mokady, O. and Geffen, E. 2004. Red to Mediterranean Sea bioinvasion: natural drift through the Suez Canal, or anthropogenic transport? *Molecular Ecology*, 13: 2333-2343. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2004.02227.x.
- Terranova, M.S., Lo Brutto, S., Arculeo, M. and Mitton, J.B. 2006. Population structure of *Brachidontes pharaonis* (P. Fisher, 1870) (Bivalvia, Mytilidae) in the Mediterranean Sea, and evolution of a novel mtDNA polymorphism. *Marine Biology*, 150: 89-101. DOI: 10.1007/s00227-006-0330-4.
- Wares, J.P., Hughes, A.R. ve Grosberg, R.K. 2005. Mechanisms to drive evolutionary change: insights from species introductions ve invasions. D.F., Sax, J.J. Stachowicz ve S.D. Gaines (eds.) *Species invasions: insights into ecology, evolution ve biogeography*. Sunderland, Mass.: Sinauer Associates. 229-257 pp.

