

Fırat ve Dicle Nehri'nde Yaşayan *Achantobrama marmid* (Heckel, 1843) Popülasyonlarında Genetik Çeşitliliğin mtDNA cyt b Gen Dizileri Kullanılarak Belirlenmesi

Arif PARMAKSIZ*, Arslan ALTUNDAĞ

Harran Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 63100 Haliliye, Şanlıurfa, Türkiye.

Geliş Tarihi: 14.03.2018

Kabul Tarihi: 07.06.2018

Özet: Fırat ve Dicle nehir sistemlerinde doğal olarak yayılış gösteren *Achantobrama marmid* (Heckel, 1843) insanlar tarafından tüketilen bir balık türü olduğu için ekonomik öneme sahiptir. Bu türün yönetilmesi ve korunması için genetik çeşitliliğinin bilinmesi gerekmektedir. Bu çalışmanın amacı *A. marmid* türünün genetik çeşitliliğinin belirlenerek yönetilmesi için gerekli bilgilerin elde edilmesidir. Bu çalışmada, Adıyaman ve Bismil lokalitelerine ait 2 popülasyondan toplamda 42 bireyde mtDNA cyt b bölgesine ait ortalama 520 bp lik bölge sekans analizi yapılarak genetik çeşitliliği araştırılmıştır. Bu gen bölgesi için 4 değişken bölge ve 5 haplotip tespit edilmiş olup, H1 haplotipinin her iki lokalitede ortak olduğu, H4 haplotipinin sadece Adıyaman'da H2, H3 ve H5 haplotiplerinin ise sadece Bismil lokalitesinde buldukları görülmüştür. Hem haplotip çeşitliliği hem de nükleotid çeşitliliği bakımından Bismil popülasyonu Adıyaman popülasyonundan daha yüksek değer almıştır. mtDNA cyt b gen bölgesi için belirlenen tüm haplotipler literatür açısından yeni sonuçlar olup bu türün genetik çeşitliliği açısından önemli bir veri seti oluşturmuştur.

Anahtar Kelimeler: *Achantobrama marmid*, Genetik çeşitlilik, mtDNA cyt b, Fırat nehri, Dicle nehri.

Determination of Genetic Diversity in *Achantobrama marmid* (Heckel, 1843) Populations of Euphrates and Tigris River by Using mtDNA cyt b Gene Sequences

Abstract: *Achantobrama marmid* (Heckel, 1843), a natural inhabitant of the Euphrates and Tigris Rivers, has economic importance since it is a fish species consumed by human. Genetic variability of this species needs to be known for management and conservation. The aim of this study was to determine the genetic diversity of *A. marmid* species with respect to mtDNA cyt b gene sequences and to obtain the information necessary for the identification and management. The present research evaluated genetic variability using sequence analysis of 520 bp locus on mtDNA cytochrome b (cyt b) on 42 individuals in 2 populations from the Adıyaman and Bismil localities. A total of 4 variable sites and 5 haplotypes were identified for this locus. It was seen that haplotype H1 was common for both localities while haplotype H4 was found only in Adıyaman and haplotypes H2, H3, and H5 were only observed in Bismil. Considering both haplotype diversity and nucleotide diversity, Bismil population had higher values than Adıyaman population. All haplotypes detected for mtDNA cyt b gene site were new results for literature and provided an important data set for genetic diversity of this species.

Keywords: *Achantobrama marmid*, Genetic diversity, mtDNA cyt b, Euphrates river, Tigris river.

Giriş

Achantobrama marmid (Heckel, 1843) Cyprinidae (Sazangiller) familyasına ait bir tür olup Türkiye, İran, Irak ve Suriye'deki tatlı sularda yayılış göstermektedir (Coad, 2013). Türkiye içinde ise Dicle, Fırat, Asi nehir sistemleri ve Seyhan barajında görülmektedir (Parlak, 2006). Genellikle akarsularda yaşamayı tercih eden bu türe göllerde de rastlamak mümkündür. *A. marmid* 'in boyu 14-20 cm, ağırlıkları ise 55-135 gram olup vücudunun genel rengi gri - sarı, yüzgeçleri ise pembemsi olup, baş ve vücut yanlardan yassılaştırmıştır (Parlak, 2006). Tahta balığı adıyla bilinen bu balık, yöre insanları tarafından tüketilmekte olduğu için ekonomik öneme sahiptir. Bu türün doğal popülasyonları balıkçılar tarafından yapılan avlanmaya maruz

kalmaktadır. Bunun yanında barajların yapılması, istilacı türlerin birey sayılarının hızla çoğalması ve habitatların tahrip edilmesi gibi çevresel faktörler *A. marmid* popülasyonlarını oldukça etkilemekte olup bu türün geleceği için risk oluşturmaktadır. Doğal popülasyonlarındaki bireylerin azalması başka hiçbir yerde bulunmayan benzersiz genotiplerin ortadan kalkmasına neden olabilir. Bu nedenle genetik kaybını durdurmak ve bu türün geleceğini korumak için gerekli önlemler alınmalıdır. Etkin bir koruma programı için öncelikle güvenilir genotipik verilerin olması gerekmektedir. Popülasyon genetiği analizi bir türün korunması ve yönetimi hakkında bilgi edinmek için etkili bir araçtır. Moleküler belirteçler, genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısını tespit

etmek için etkili yöntemlerdir (Englbrecht ve ark., 2000; Whitehead ve ark., 2003). mtDNA belirteçleri, çeşitli türlerde genetik çalışmalarda kullanılmaktadır (Xia ve ark., 2016). Nükleer DNA belirteçleri ile karşılaştırıldığında, mtDNA belirteçleri maternal kalıtım, hızlı evrim ve rekombinasyonun olmaması gibi kendine özgü özelliklere sahip olmasından dolayı mtDNA belirteçlerinin tercih edilmesine yol açmaktadır.

Bu çalışmanın amacı; Fırat ve Dicle nehrinde yaşayan *A. marmid* popülasyonlarında mtDNA cyt b gen bölgesinin dizi analizleri yapılarak genetik çeşitliliğin belirlenerek yüksek genetik çeşitliliğe sahip popülasyonun tespit edilmesidir. mtDNA gen bölgeleri balık türlerinin popülasyon içi ve popülasyonlar arasındaki genetik varvasyonlarının araştırmasında kullanılmaktadır (Saraswat ve ark., 2014). mtDNA cyt b bölgesindeki çeşitlilik sazangiller familyasına ait balıklarda popülasyon yapısı hakkında bilgiler vermektedir (Fayazi ve ark., 2006).

A. marmid türü ile ilgili olarak; spermatozoit yoğunluğu ve sperm pH'sının belirlenmesi (Özgür ve ark., 2008), serum proteinleriyle taksonomik analiz (Yılmaz ve ark., 2007), yaş- büyüme ve üreme özellikleri (Çoban ve Yüksel 2013; Uçkun ve Gökçe, 2015), sindirim sistemi içeriği (Konar ve Parlak, 2009) ve ekto-endoparazitlerin araştırılması (Korkut, 2014) gibi bir çok çalışma yapılmıştır. Fakat *A. marmid* türüne ait genetik çeşitlilik ile ilgili herhangi bir çalışma bulunmamaktadır. Bu yüzden yapılan bu çalışmada elde edilen bilgilerin tümü ilk defa ortaya çıkarıldığı için literatür açısından yeni sonuçlar olup, bu türün genetik çeşitliliği, korunması ve yönetilmesi ile ilgili önemli bir veri seti oluşturmuştur.

Materyal ve Metot

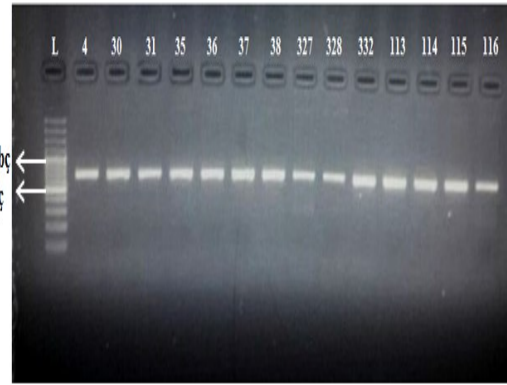
Balık örnekleri Fırat Nehri'ni temsilen Adıyaman ilinden 28 birey ve Dicle Nehri'ni temsilen ise Diyarbakır iline bağlı Bismil ilçesinden 14 birey olmak üzere toplamda 42 birey farklı balıkçılardan satın alınmış ve içinde buz aküleri bulunan kutulara konularak laboratuvara getirilmiştir. Her bir balık örneğinden 1 cm² kas dokusu alınmış ve santrifüj tüplerine konularak -20 °C de bekletilmiştir.

Şekil 1'de örnekleme yapıldığı lokaliteler görülmekte olup, çalışmada materyal olarak kullanılan DNA'lar kas dokusundan ticari bir kit (GeneJET, ThermoScientific) kullanılarak elde edilmiştir. DNA varlığını kontrol etmek amacıyla her bireye ait DNA örnekleri SYBR Green eklenen % 1'lik agaroz jeldeki kuyucuklara yerleştirilip elektroforezde yürütülmüştür. Daha sonra ultraviole

(UV) ışık veren cihazda görüntülenmiştir (Smart View Pro Imager System, Major Science). Hedef mtDNA cyt b gen bölgesini Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile çoğaltılmış olup kullanılan primer Briolay ve ark., (1998) çalışmasından alınmıştır (L15267 F:5'-GTT TGA TCC CGT TTC GTG TA-3'; H15891 R:5'-AAT GAC TTG AAG AAC CAC CGT-3; Gen bankası Accesion number: AY026411).



Şekil 1. Örnek alınan lokaliteler.



Şekil 2. Bazı bireylere ait PZR ürünlerinin jel görüntüsü (L: ladder; bç: Baz çifti).

PZR işlemi Thermal Cycler (BIO-RAD T100™) cihazında gerçekleştirilmiştir. PZR koşulları; 95°C'de 3dakika ilk denatürasyon, 95°C'de 45 saniye denatürasyon, 58°C'de 30 saniye bağlanma ve 72°C'de 1 dakika uzama safhasında toplamda 35 döngü uygulanmış ve örnekler son olarak 72°C'de 10 dakika bekletilerek program sona ermiştir. Hedef mtDNA cyt b gen bölgesinin amplifikasyonunda kullanılan PZR içeriği ise; 13.9 µl dH₂O, 2.5 µl 1x PZR buffer, 2 µl (2.5mM) MgCl₂, 0.5 µl (0.2 mM) dNTPs, 1 µl (0.5 mM) primer (L+H), 0.1 µl Taq DNA polimeraz ve 60 ng/µl DNA şeklindedir. PZR işleminden sonra oluşan ürünleri kontrol etmek amacıyla PZR ürünleri 110V elektrik akımında 30 dakika boyunca % 2 lik agaroz jelde yürütülerek UV ışık veren görüntüleme cihazında görüntülenmiştir (Şekil 2).

Daha sonra jel görüntüsünden yararlanarak doğru ürün olduğu anlaşılan bireylere ait ürünler 3500 XL Genetic Analyzer (ThermoFisherScientific) cihazı kullanılarak dizi analizi yapılmıştır. Analizi yapılan bireylere ait mtDNA cyt b sekansları ChromasPro v 2.0.1 programında incelendikten BioEdit software version 7.2.5 programı kullanılarak tüm bireylere ait sekanslar hizalanmıştır. Hem Adıyaman popülasyonu hem de Bismil popülasyonu için haplotip sayısı, haplotip ve nükleotid çeşitliliği, Tajima's D ve Fu's Fs istatistikleri DnaSP 5.10.01 (Rozas ve ark., 2003) programı yardımıyla hesaplanmıştır. Elde edilen haplotiplerin arasındaki filogenetik ilişki ise Network version 5.0 programı ile belirlenmiştir. Haplotipler arasındaki filogenetik analizler K2 parametresi kullanılarak Komşu birleştirme ağacı (Neighbor joining tree) modeline göre MEGA 7 programında gerçekleştirilmiş ve filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Kumar ve ark., 2016). Nodların (ağaç kolları) güvenilirliğinin test edilmesinde Bootstrap testi (1000 tekrarlı) kullanılmıştır.

Tablo 2. *A. marmid* popülasyonlarının genetik çeşitliliği ve nötralite testleri (N: Birey sayısı, Nh: haplotip sayısı, Hd: haplotip çeşitliliği, π : nükleotid çeşitliliği).

Nehir Sistemi	Lokalite	N	Nh	Haplotip frekansı	Hd	π	Tajima's D	Fu's Fs
Fırat Nehri	Adıyaman	24	2	H1 (0.750) H4 (0.250)	0.544	0.00126	0.34708	0.371
Dicle Nehri	Bismil	18	4	H1 (0.166) H2 (0.611) H3 (0.166) H5 (0.057)	0.648	0.00160	-0.56505	-0.990

Tablo 2'de H1 haplotipinin her iki lokalitede ortak olduğu, H4 haplotipinin sadece Adıyaman'da; H2, H3 ve H5 haplotiplerinin ise sadece Bismil lokalitesinde buldukları görülmektedir. Hem haplotip çeşitliliği hem de nükleotid çeşitliliği bakımından Bismil popülasyonu Adıyaman popülasyonundan daha yüksek değer almıştır. Bismil popülasyonunda nötralite testleri açısından negatif değerler, Adıyaman popülasyonu ise pozitif değerleri aldığı gözlenmiştir. İstatistik olarak önemsiz ($p>0.05$) olduğu için nötraliteden önemli derecede bir uzaklaşma gözlenmemiştir.

Analiz edilen *A. marmid* örnekleri için oluşturulan Median-Joining Network haplotip ağında, toplam 5 haplotip belirlenmiş olup, elde edilen network evrimsel bir bağı gösteren merkezi bir haplotip (H2) varlığını göstermektedir. Ayrıca diğer H1, H5 ve H3 haplotiplerinin H1 den türediği, H4'ün ise H1den türediğini söylemek mümkündür

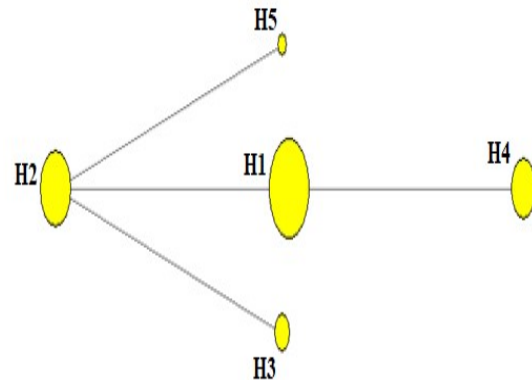
Bulgular

Fırat ve Dicle Nehir Sistemlerinden toplam 42 *A. marmid* örneğinde ortalama 520 baz çifti içeren mtDNA cyt b bölgesi sekanslanarak, 4 polimorfik bölge ve 5 haplotip tespit edilmiştir. Bu bölgeye ait haplotiplere göre nükleotid farklılıkları Tablo 1'de görülmektedir. Her iki lokalite için hesaplanan haplotip çeşitliliği, nükleotid çeşitliliği ve nötralite testlerine (Tajima's D, Fu's Fs) ait hesaplanan değerler Tablo 2'de verilmiştir.

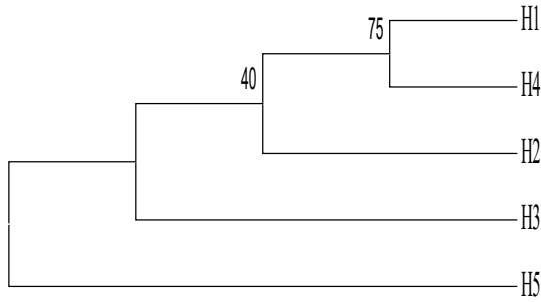
Tablo 1. Cyt b bölgesine ait nükleotid farklılıkları ve haplotipler.

Haplotipler	88	319	346	436
H1	T	A	A	T
H2	.	.	G	.
H3	.	.	G	C
H4	C	.	.	.
H5	.	G	G	.

(Şekil 3). Haplotipler arasındaki evrimsel yakınlıkta Şekil 4'te görülmektedir.



Şekil 3. *A. marmid* cyt b haplotiplerinin ağ modeli.



Şekil 4. *A. marmid* cyt b haplotiplerine dayalı olarak çizilen filogenetik ağaç.

Tartışma ve Sonuç

Balıklar insanların tükettiği mevcut proteinlerin bir kısmını oluşturmanın yanında insanlara iş ve yatırım fırsatları imkânı da sağlamaktadır (Çiftci ve Okumus, 2002). Bu yüzden akarsularda ve göllerde balıkçılık ve balık üretimi potansiyelinin kullanılması, iç ve dış piyasalarda değerlendirilmesi ülkemizin geleceğe ait hedeflerinden biri olmalıdır (Bilici, 2013). Fırat ve Dicle Nehirleri balık biyoçeşitliliği ve balıkçılık açısından doğal kaynaklar arasında önemli bir yere sahiptir. Bu nehirlerde yaşayan balık türlerinin bir kısmı önemli derecede ekonomik değeri olup (Parmaksız ve ark., 2016), bölge balıkçıları tarafından pazarlanmaktadır. Belirlenen en önemli balık türlerinden biri de *A. marmid* türüdür. Fırat ve Dicle nehirleri üzerine yapılan barajlar, durgun sular oluşturmakta ve yaşam alanı olarak akarsuları tercih etmekte olan bu türün popülasyonlarını etkilemektedir. Çalışmamızda örnek alınan lokaliteler yerleşim merkezlerine yakın oldukları için balıkçılar ve yöre insanları tarafından bu balık türü avlanmaktadır. Avlanan balıklar hem bölge halkı tarafından tüketilmekte hem de komşu illere satışı yapılmaktadır. Bu çalışmada balıkçılık faaliyetlerinin yüksek olduğu Adıyaman ve Bismil lokalitelerinden balık örnekleri alınarak popülasyonların genetik çeşitliliği mtDNA cyt b gen bölgesine ait sekanslara dayalı olarak tespit edilmiştir. Bismil popülasyonunda çalışılan örnek sayısı daha az olmasına rağmen hem haplotip çeşitliliği hem de nükleotid çeşitliliği bakımından Adıyaman popülasyonundan daha yüksek değer almıştır. Bismil lokalitesi çok fazla dereye sahip olup habitat açısından daha zengin bir akarsuya sahiptir. Fakat Adıyaman lokalitesi bir baraj gölü olup habitat açısından Bismil bölgesine göre daha fakirdir. Bu yüzden genetik çeşitliliğin Bismil popülasyonda yüksek çıkması beklenen bir durumdur. Bismil lokalitesindeki akarsuların tür çeşitliliği, popülasyonların sayısı, arazi şartlarının uygun

olması bilim adamlarının araştırma yapmasının önemli nedenlerindedir. (Bilici, 2013).

Nötralite testleri (Tajima's D, Fu's Fs) açısından incelendiğinde nötraliteden önemli derecede bir uzaklaşma gözlenmemiştir. Aynı nehir sistemlerinde yine Sazangiller familyasına ait bazı balıklarda yapılan çalışmalarda da nötraliteden önemli derecede bir uzaklaşma gözlenmemiştir (Parmaksız ve Ekşi, 2017; Parmaksız ve Eskici, 2018; Parmaksız, 2018; Parmaksız ve Şeker 2018). Median-Joining Network haplotip ağında (Şekil 3) H2 haplotipinin atasal olduğu için her iki popülasyonda görülmesi ve en yüksek frekansa sahip olması beklenirken, H1 haplotipi her iki popülasyonda ortak görülmektedir. Bunun nedeninin örnekleme yetersizliği ya da popülasyonların küçülmesinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Yakın zamanda mtDNA cyt b belirteci ile yapılan bir çalışmada (Parmaksız ve Şeker, 2018) *Arabibarbus grypus* popülasyonları için Dicle Nehri'ndeki bireylerin ortalama haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotid çeşitliliği değeri (π) sırasıyla 0.442 ve 0.00152; Fırat Nehri'ndeki bireyler için ise 0.257 ve 0,00138 olarak hesaplanmıştır. Dicle Nehri her iki değer açısından da daha yüksek olup bu çalışmayla benzerlik göstermektedir. Yine aynı lokalitelerde yaşayan *Capoeta trutta* popülasyonları için mtDNA COI belirteci ile yapılan bir çalışmada (Parmaksız ve Ekşi, 2017), Adıyaman için Hd=0.708, π =0.00150; Bismil için Hd=0.782, π =0.00178 olarak tespit edilmiş olup Bismil popülasyonu yine daha yüksek değer almıştır.

Sonuç olarak bu çalışmada, mtDNA cyt b gen bölgesi için belirlenen tüm haplotipler literatür açısından yeni sonuçlardır. Materyal olarak kullanılan balıkların birey sayısı ve popülasyon sayısı az olduğu için şansa bağlı değişimlerin ortaya çıkmış olma ihtimali vardır. Her iki nehir sisteminde farklı lokalitelerden yeteri kadar örnekler alınıp, mikrosatellit ve mtDNA D-loop gibi genetik belirteçler kullanarak çalışmaların yapılması bu türün popülasyon genetiği için daha açıklayıcı bilgilerin elde edilmesini sağlayacaktır.

Teşekkür

Bu çalışma Harran Üniversitesi Bilimsel Araştırma Komisyonu tarafından 16201 nolu yüksek lisans tez projesi ile desteklenmiştir.

Kaynaklar

Bilici S, 2013: Dicle nehrinde yaşayan *Carasobarbus luteus*, *Capoeta trutta* ve *Garra variabilis* türlerinin biyolojisi üzerine araştırmalar. Doktora Tezi, Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Diyarbakır.

- Çiftci Y, Okumus I, 2002: Fish population genetics and applications of molecular markers to fisheries and aquaculture: I- basic principles of fish population genetics. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 2: 145-155.
- Coad BW, 2013: Freshwater fishes of Iran. Canadian museum of nature, Ottawa, Ontario, Canada.
- Çoban MZ, Yüksel F, 2013: Age and Growth properties of *Acanthobrama marmid* (Heckel,1843) population inhabiting Uzunçayır dam lake (Tunceli/Turkey). *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 12(5): 644-649.
- Englbrecht CC, Freyhof J, Nolte A, Rassmann K, Schliewen U, Tautz D, 2000: Phylogeography of the bullhead *Cottus gobio* (Pisces: Teleostei: Cottidae) suggests a pre-pleistocene origin of the major central European populations. *Mol. Ecol.* 9, 709e722.
- Fayazi J, Moradi M, Rahimi G, Ashtyani R, Galledari H., 2006: Genetic differentiation and phylogenetic relationships among *Barbus xanthopterus* (Cyprinidae) populations in south west of Iran using mitochondrial DNA markers. *Pakistan Journal of Biological Science*, 9: 2249-54.
- Konar V, Parlak AE, 2009: Fırat Nehri'nde yaşayan *Acanthobrama marmid* (Heckel,1843)'ün sindirim sistemi içeriği. *Fırat Univ. Journal of Science*, 21 (2): 157-165.
- Korkut N, 2014: Göynük Çayı'nda (Bingöl) yaşayan *Capoeta trutta* (Heckel, 1843) ve *Acanthobrama marmid* (Heckel, 1843) balık türlerinin ekto ve endoparazitlerinin araştırılması. Master tezi, Bingöl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bingöl.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K, 2016: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 (MEGA 7) for bigger datasets. *Mol Biol Evol.*, 28:2731–2739.
- Özgür ME, Kaya A, Erdem D, 2008: Kemaliye'deki Karasu Nehri'nde yetişen *Acanthobrama marmid* (Heckel,1843)'ün spermatozoit yoğunluğu ve sperm pH'sının belirlenmesi üzerine bir araştırma. 5. Geleneksel Su Ürünleri Bilimsel ve Kültürel Platformu, Erzincan, Turkey.
- Parmaksız A, Ateş B, Toprak Ş, 2016: Bazı sazın türlerinde mikrosatellit DNA markörlerinin kullanılabilirliğinin araştırılması, *Harran Üniv Vet Fak Derg*, 5 (1):1-4.
- Parmaksız A, Eksi E., 2017: Genetic diversity of the cyprinid fish *Capoeta trutta* (Heckel, 1843) populations from Euphrates and Tigris rivers in Turkey based on mtDNA COI sequences. *Indian Journal of Fisheries*, 64,1, 18-22.
- Parmaksız A, 2017: Genetic variation in *Cyprinion macrostomus* Heckel, 1843 populations as revealed by partial COI sequences of mitochondrial DNA. *Applied Ecology and Environmental Research*, 16(2):1899-1907.
- Parmaksız A, Eskici HK, 2018: Genetic variation of yellow barbell (*Carasobarbus luteus* (Heckel, 1843)) from four populations using mitochondrial DNA coi gene sequences. *Applied Ecology and Environmental Research*, 16(2):1673-1682.
- Parmaksız A, Şeker Ö, 2018: Genetic diversity of the endemic species shabbout (*Arabibarbus grypus* (Heckel, 1843)) based on partial cytochrome b sequences of mitochondrial DNA. *Aquatic Research*, 1(3), 103-109.
- Parlak AE, 2006: Fırat Nehri'nde yaşayan tahta balığı (*Acanthobrama marmid* Heckel,1843)'nin sindirim sistemi içeriği. Yüksek Lisans tezi. Fırat Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Elazığ.
- Rozas J, Sanchez-DelBarrio JC, Messeguer X, Rozas R, 2003: DnaSP DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19: 2496-2497.
- Saraswat D, Lakra WS, Nautiyal P, Goswami M, Shyamakant K, Malakar A, 2014: Genetic characterization of *Clupisoma garua* (Hamilton 1822) from six Indian populations using mtDNA cytochrome b gene. *Mitochondrial DNA*, 25 (1): 70-77.
- Uçkun AA, Gökçe D, 2015: Assessing age, growth, and reproduction of *Alburnus mossulensis* and *Acanthobrama marmid* (Cyprinidae) populations in Karakaya Dam Lake (Turkey) *Turkish Journal of Zoology*. 39: 1-14.
- Whitehead A, Anderson SL, Kuivila KM, Roach JL, May B, 2003: Genetic variation among interconnected populations of *Catostomus occidentalis*, implications for distinguishing impacts of contaminants from biogeographical structuring. *Mol. Ecol.* 12, 2817e2833.
- Xia L, Guo B, Ye Y, Li J, Wu C, 2016: Determination of genetic diversity of the cuttlefish *Sepiella japonica* inhabiting Chinese coastal waters using the mitochondrial D-loop region: The valuable inspiration to artificial releasing Project. *Biochemical Systematics and Ecology*, 69, 274e282.
- Yılmaz M, Yılmaz HR, Alas A, 2007: An electrophoretic taxonomic study on serum proteins of *Acanthobrama marmid*, *Leuciscus cephalus* and *Chondrostoma regium*. *Journal of Bioscience*, 3: 22-27.

*Yazışma Adresi: Arif Parmaksız

Harran Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 63100 Haliliye, Şanlıurfa, Türkiye
e-mail: aprmksz@gmail.com