

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**KÖYCEĞİZ GÖLÜ VE KOCAGÖL'DE YAŞAYAN COPTODON
(PERCIFORMES: CİCHLİDAE) TÜRLERİ: GENETİK VE
MORFOLOJİK VERİLER İŞİĞİNDA TANISI**

Dilara SARIBAŞ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

OCAK 2022

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**KÖYCEĞİZ GÖLÜ VE KOCAGÖL'DE YAŞAYAN COPTODON
(PERCIFORMES: CİCHLİDAE) TÜRLERİ: GENETİK VE
MORFOLOJİK VERİLER İŞİĞİNDA TANISI**

Dilara SARIBAŞ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

OCAK 2022

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**KÖYCEĞİZ GÖLÜ VE KOCAGÖL'DE YAŞAYAN COPTODON
(PERCIFORMES: CİCHLİDAE) TÜRLERİ: GENETİK VE
MORFOLOJİK VERİLER IŞIĞINDA TANISI**

**Dilara SARIBAŞ
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon
Birim tarafından FYL-2020-5417 nolu proje ile desteklenmiştir.**

OCAK 2022

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

KÖYCEĞİZ GÖLÜ VE KOCAGÖL'DE YAŞAYAN COPTODON
(PERCIFORMES: CİCHLİDAE) TÜRLERİ: GENETİK VE MORFOLOJİK
VERİLER İŞİĞİNDA TANISI

Dilara SARIBAŞ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 17/01/2022 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Şenol Akın

Prof. Dr. Z. Arzu Becer

Dr. Öğr. Üyesi Nehir Kaymak (Danışman)

ÖZET

KÖYCEĞİZ GÖLÜ VE KOCAGÖL'DE YAŞAYAN COPTODON (PERCIFORMES: CICHLIDAE) TÜRLERİ: GENETİK VE MORFOLOJİK VERİLER İŞİĞİNDE TANISI

Dilara SARIBAŞ

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

I. Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Nehir KAYMAK

II. Danışman: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Ocak 2022; 49 sayfa

Türkiye'nin Güney Ege kıyılarında yer alan Köyceğiz Gölü ve Kocagöl'e Cichlidae familyasından, *Coptodon* cinsine ait tür veya türlerin aşılandığı fakat tam olarak hangi türlerin, ne zaman ve nasıl getirildikleri bilinmemektedir. Uzun yıllardır literatürlerde özellikle Köyceğiz Gölü için birbirleriyle çelişkili ciklet tür isimleri rapor edilmiştir. Doğru yönetim ve koruma stratejilerinin geliştirilebilmesi için öncelikle her iki gölde yoğun popülasyonlar oluşturan ciklet balıklarının net bir şekilde tür tanımlamalarının yapılması gerekmektedir. Bu doğrultuda hazırlanmış olan bu çalışmada, (i) *Coptodon*'un mevcut popülasyonlarının, GenBank'ta var olan veriler referans alınarak, genetik veri ile tür tanısının yapılması ve kaynak popülasyonun tahmin edilmesi, (ii) göl içi ve göller arasındaki morfolojik farklılık/benzerlik örüntülerin morfometrik ve meristik karakterler bağlamında ortaya konması amaçlanmıştır.

Bunun için her iki gölden ve Peçenek drenaj kanalından önceden yakalanmış toplam 93 bireyin genetik analizleri için mitokondriyal kontrol bölgesi (D - loop) moleküler belirteç olarak seçilmiş ve gerekli dizi analizleri gerçekleştirilmiştir. Filogenetik analizler için maksimum olasılık (maximum likelihood, ML) ve Bayes Filogenetik (BF) yaklaşımı kullanılmıştır. Bunun yanında morfolojik örüntülerin belirlenmesi için toplam 170 bireyin 26 morfometrik ve 6 meristik karakterleri ölçülmüş ve çok değişkenli analizler yapılmıştır.

D-loop geni dizinleri arasında yapılan haplotip analizi sonucu *Coptodon* popülasyonlarında toplam 3 haplotip belirlenmiştir. Bunlar sırasıyla; Köyceğiz Gölünde 2 (H2-H3), Kocagöl için 2 (H2-H3) ve drenaj kanalı için 1 (H1) haplotip. Haplotip üç (H3) en çok paylaşılan ve her iki gölde de dağılım gösteren haplotip olup, analiz edilen

tüm bireylerin % 78,5'inde görülmüştür. Her iki ağaçtan elde edilmiş filogenetik analizler *Coptodon*'un Muğla populasyonlarının *C.zillii* kladı içerisinde yer aldığını ortaya çıkarmıştır. Morfolojik analiz sonuçları ise çoğu karakter bakımından, Peçenek populasyonundan diğer iki populasyondan ayırdığını göstermiştir. İki göl populasyonu arasında bir miktar örtüşme olmasına rağmen, birbirlerinden büyük ölçüde farklıydılar.

Sonuç olarak Kocagöl, Köyceğiz Gölü ve Peçenek sistemleri tek tür *C.zillii* ve tek kurucu populasyon tarafından, tek bir aşılama ile istila edilmiştir. Populasyonlar arasında gözlenen morfolojik varyasyonların büyük oranda genetik tabanlı olmadığı bu istilacı türün yeni bir ortamda çevresel değişime karşı yüksek derecede bir fenotipik esnekliğe sahip olduğunu göstermiştir.

ANAHTAR KELİMELEER: *Coptodon zillii*, D-loop, filogeni, istilacı tür, morfometrik parametreler

JÜRİ: Dr. Öğr. Üyesi Nehir Kaymak

Prof. Dr. Şenol Akın

Prof. Dr. Z. Arzu Becer

ABSTRACT

COPTODON (PERCIFORMES: CICHLIDAE) SPECIES LIVING IN KOYCEĞİZ LAKE AND KOCAGÖL: DIAGNOSIS IN THE LIGHT OF GENETIC AND MORPHOLOGICAL DATA

Dilara SARIBAŞ

MSc Thesis in Biology

I. Supervisor: Ass. Prof. Nehir KAYMAK

II. Supervisor: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

January 2022; 49 pages

Species belonging to the *Coptodon* genus from the Cichlidae family from Lake Köyceğiz and Kocagöl, which are located on the South Aegean coasts of Turkey were introduced, but it has not known exactly which species, when and how they were transported. Conflicting in cichlid species names have been reported in the literature for many years, especially for Köyceğiz Lake. In order to develop the right management and conservation strategies, first of all, it is necessary to clearly define the species of the cichlid fish, which creates dense populations in both lake systems. In this study, which was prepared in this direction, it is aimed to (i) identify of species from current populations of *Coptodon* with reference to existing data in GenBank, and estimation of the source population using genetic data, (ii) reveal the morphological difference/similarity patterns within and between lakes in the context of morphometric and meristic characters.

The mitochondrial control region (D - loop) was chosen as a molecular marker for genetic analysis of a total of 93 individuals previously caught from both lakes and Peçenek drainage channels and sequence analyzes were carried out. Maximum likelihood (maximum likelihood, ML) and Bayesian Phylogenetic (BF) approaches were used for phylogenetic analysis. Besides, in order to determine the morphological patterns, 26 morphometric and 6 meristic characters of 170 individuals were measured and multivariate analyzes were made.

As a result of haplotype analysis performed among D-loop gene sequences, a total of 3 haplotypes were determined in *Coptodon* populations. These are respectively; 2 (H2-H3) haplotypes for Köyceğiz Lake, 2 (H2-H3) for Kocagöl and 1 (H1) for the Peçenek

drainage channel. Haplotype 3 (H3) is the most shared haplotype and distributed in both lakes, and 78.5% of all analyzed individuals were observed. Both trees obtained from phylogenetic analyzes showed that the Muğla populations of *Coptodon* were included in the *C.zillii* clade. The results from morphological analysis showed that the Peçenek population differed from the other two populations in terms of most characters. Although there was some overlap among two lake populations, they were largely different from each other.

As a result, Kocagöl, Köyceğiz Lake and Peçenek systems were invaded by a single species of *C.zillii* and a single founder population with a single introduction. The morphological variations observed between populations are largely not genetically based, indicating that this invasive species has a high degree of phenotypic resilience to environmental change in a new environment. The morphological variations observed between populations are largely not genetically based, and showed that this invasive species has a high degree of phenotypic plasticity to environmental change in a new habitat.

KEYWORDS: *Coptodon zillii*, D-loop, invasive species, morphometric parameters, phylogeny

COMMITTEE: Dr. Nehir Kaymak

Proff. Dr. Şenol Akın

Proff. Dr. Z. Arzu Becer

ÖNSÖZ

Öncelikle danışmanlığımı üstlenen, konu seçiminden araştırmanın yürütülmesine dek her alanda beni destekleyen, zaman zaman benimle birlikte araştırmaktan ve yeni deneyimler edinmekten hiç vazgeçmeyen her zaman tüm enerjisiyle yanımda olan çok değerli hocam Dr. Öğr. Üyesi Nehir KAYMAK'a (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü), bu çalışmaya başladığım ilk günden itibaren yardımlarını esirgemeyen, çalışma kapsamında ihtiyaç duyduğum laboratuvar malzemeleri ve cihazlar için bana laboratuvarını açan, tüm çalışmalarına olduğu gibi bu çalışmaya da özen ve titizlikle yaklaşan, akademik hayattaki başarılarına ve duruşuna lisans günlerimden bu yana hayranlık duyduğum saygıdeğer ikinci danışman hocam Prof. Dr. Battal ÇIPLAK'a (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü), başım her sıkıştığında birgün bile geri çevirmeden yardımına koşan Doktora Öğrencisi Özgül YAHYAOĞLU'na (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Anabilim Dalı), bazı laboratuvar malzemeleri, cihazlar ve çalışma prensipleriyle ilgili bilgilerini benimle paylaşmaktan çekinmeyen Araştırma Görevlisi Onur ULUAR'a (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü) bu çalışmaya katkılarından dolayı sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca çalışmanın yapılması için gerekli maddi desteği sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetim Birimi'ne (Proje No: FYL-2020-5417) teşekkürlerimi bir borç bilirim.

Ayrıca beni Akademik hayatın içinde olmam konusunda motive eden tüm Ege Üniversitesi lisans dönemi hocalarıma, Yüksek lisansa başlamaya ikna eden ve tüm bu süreç boyunca her anlamda yanımda olan, desteğini esirgemeyen annem, babam ve teyzeme, beni yağmurlu bir günde mülakat sınavına neredeyse sürükleyerek götürmekte dahil olmak üzere, her an her anlamda yanımda olan, ne zaman yapamayacağımı düşünsem beni yeniden başlamaya motive eden çok değerli erkek arkadaşım ve dostlarım Özgür YALÇIN, Ömer GÜÇTEKİN ve Ezgi ATLAS'a en içten teşekkürlerimi ve sevgilerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ.....	v
AKADEMİK BEYAN.....	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	x
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK TARAMASI.....	5
2.1. Biyolojik İstila.....	5
2.2. İstilacı <i>Coptodon</i> (Cichlidae) Populasyonları.....	7
3. MATERYAL VE METOD.....	10
3.1. Çalışma Alanı ve Örnekleme.....	10
3.2. Morfolojik Veriler ve Analizleri.....	11
3.3. Moleküler Çalışmalar.....	15
3.3.1. DNA izolasyonu.....	15
3.3.2. Genetik Belirteçler ve polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR).....	16
3.3.3. Dizi Verilerinin Analizi.....	17
4. BULGULAR.....	21
4.1. Morfolojik Veriler.....	21
4.2. Meristik Veriler.....	29
4.3. Moleküler Veriler.....	33
4.3.1. mtDNA: D-loop.....	33
4.3.2. Filogenetik analizler.....	34
5. TARTIŞMA.....	39
5.1. <i>C. zillii</i> 'nin Genetik Tanısı ve Filogenisi.....	39

5.2. <i>C. zillii</i> Populasyonlarının Morfometrik Varyasyonu.....	40
6. SONUÇLAR.....	43
7. KAYNAKLAR.....	44
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Köyceğiz Gölü ve Kocagöl’de Yaşayan Coptodon (Perciformes: Cichlidae) Türleri: Genetik ve Morfolojik Veriler Işığında Tanısı” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

18./03./2022

Dilara SARIBAŞ



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Çalışılan istasyonlar (renkler istasyon içlerindeki mikrohabitatları temsil etmektedir; kırmızı renk: açık göl alanı, sarı renk: kıyı ve kanalları).....	10
Şekil 3.2. Çalışmada kullanılan <i>Coptodon</i> örneği.....	11
Şekil 4.1. Kocagöl (a), Köyceğiz Gölü (b), Peçenek (c) populasyonları içindeki fenotipik varyasyonlar.....	22
Şekil 4.2. <i>Coptodon zillii</i> populasyonları morfolojik karakterleri için temel bileşenler analizi (PCA).....	25
Şekil 4.3. <i>Coptodon zillii</i> populasyonlarının morfolojik karakterlerine dayalı DA analizi.....	28
Şekil 4.4. <i>C. zillii</i> populasyonları meristik karakterleri için temel bileşenler analizi (PCA) (Siyah noktalar: Kocagöl, Kırmızı noktalar: Köyceğiz Gölü, Yeşil noktalar: Peçenek drenaj kanalı).....	31
Şekil 4.5. <i>C. zillii</i> populasyonlarının meristik karakterlerine dayalı DA analizi.....	32
Şekil 4.6. D-loop veri seti ile ML analizinden elde edilen filogenetik ağaç.....	37
Şekil 4.7. D-loop veri seti ile BI analizinden elde edilen filogenetik ağaç.....	38

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Kordinatları ile birlikte çalışılan istasyonlar ve bireylerin sayısı, ağırlık ve standart boyları.....	12
Çizelge 3.2. Morfolojik ve meristik karakterleri ile kısaltılmış kodları.....	13
Çizelge 3.3. Çalışılan <i>Coptoton</i> türleri ve dış gruplar.....	18
Çizelge 4.1. Her populasyon için standartlaştırılmış morfolojik ölçümlerin minumun, maksimum, ortalama, standart sapmaları (SD), her karakterin varyasyon katsayısının (DA%) değerleri listelenmektedir.....	23
Çizelge 4.2. Üç istasyondan yakalanan <i>C. zillii</i> örneklerinin 25 morfolojik karakterin Kruskal-Wallis (Chi ²) ve ANOVA (F) sonuçlarının özeti. Önem seviyeleri; * - P < 0.05; ** - P < 0.01; *** - P < 0.001.....	24
Çizelge 4.3. Morfolojik karakterler ile aksisler arasındaki inter-set korelasyonu ve PCA sonuçları.....	27
Çizelge 4.4. Morfolojik karakterler temelinde DA analiz sonuçları kullanılarak gerçekleştirilen Özdeğer ve Wilks' lambda testi.....	29
Çizelge 4.5. Morfolojik karakterler için standardize edilmiş ayırma katsayıları.....	29
Çizelge 4.6. Üç istasyondan yakalanan <i>C. zillii</i> örneklerinin 6 meristik karakterin Kruskal-Wallis (Chi ²) testi sonuçlarının özeti. Önem seviyeleri; * - P < 0.05; ** - P < 0.01; *** - P < 0.001.....	30
Çizelge 4.7. Meristik karakterler ile aksisler arasındaki inter-set korelasyonu ve PCA sonuçları (>0.60 önemli değerler olarak ifade edilmektedir).....	31
Çizelge 4.8. Meristik karakterler temelinde DA analiz sonuçları kullanılarak gerçekleştirilen Özdeğer ve Wilks' lambda testi.....	32
Çizelge 4.9. Meristik karakterler için standardize edilmiş ayırma katsayıları.....	33

1. GİRİŞ

Ekosistemler küresel değişimler tarafından tehdit edilmekte ve bu tehditler bir biyoçeşitlilik krizine yol açmaktadır (Linders vd. 2019). Günümüzde sucul biyoçeşitlilik ve ekosistem sürdürülebilirliği üzerindeki en önemli tehditlerden birisi yabancı veya istilacı balık türleridir. İstilacı türlerin sucul ekosistemler üzerinde, karasal ekosistemlerden daha büyük etkileri olabilmektedir. Örneğin, 2100 yılı için istilacı türler, göllerdeki biyolojik çeşitlilik azalmasının en önemli birinci ve akarsularda (arazi kullanımı ve iklimden sonra) üçüncü en önemli nedeni olacağı tahmin edilmektedir (Sala vd. 2000). Tatlı sular gezegendeki yüzey alanı başına en yüksek tür yoğunluğuna sahip ekosistemler olduğundan bu sonuç dramatik olabilir (Dudgeon vd. 2006). Hayvan popülasyonlarının izlenmesine dayanan Yaşayan Gezegen Endeksi (*The Living Planet Index*), 1970 ve 2020 yılları arasında tatlı su ekosistemlerindeki yerli türlerin %84 oranında azaldığını rapor etmiştir (Anonim 1). Bu veriler, sucul istilacı türlerin öncelikle tür saptanması, dağılımlarının belirlenmesi ve sonrasında yerel popülasyonlar ve tatlı su ekosistemleri üzerindeki etkileri üzerine araştırmaların aciliyetini ortaya koymaktadır.

Türkiye, Akdeniz Havzasındaki ülkeler arasında tatlısu balık çeşitliliği bakımından en zengin ülkedir (Ekmekçi vd. 2013). Türkiye iç sularında 20 takım ve 34 familyaya ait toplam 384 balık türü bildirilmiştir. Bunların 208'i (%54,2) Türkiye'ye endemik ve 15'i (%3,9) ise yabancı tür olarak bildirilmiştir. Yabancı türler sırasıyla, *Carassius auratus*, *Carassius carassius*, *Carassius gibelio*, *Pseudorasbora parva*, *Ctenopharyngodon idella*, *Pterygoplichthys disjunctivus*, *Pterygoplichthys pardalis*, *Heteropneustes fossilis*, *Coregonus albula*, *Oncorhynchus mykiss*, *Salmo trutta*, *Coptodon rendalli*, *Coptodon zillii*, *Oreochromis aureus*, *Oreochromis niloticus*, *Gambusia holbrooki* ve *Lepomis gibbosus*'tur (Çiçek vd. 2020). Türkiye'nin coğrafi konumu ve geniş sınır ötesi nehir sistemleri (Asya, Afrika, Avrupa vs.) yabancı balıkların giriş riskini artırmaktadır. Bu balık türlerinin hangi şekilde ve tam olarak ne zaman giriş yaptıkları ve yayılış yolları hakkında eldeki bilgiler oldukça sınırlıdır (Innal ve Erk'akan 2006).

Türkiye’de yayılış gösteren istilacı balıklardan *Coptodon* ve *Oreochromis* cinsi, Cichlidae familyasına dâhil olup, su ürünleri yetiştiriciliği amacıyla nerdeyse tüm dünyaya (Et vd. 2017) ve uzun yıllar önce de ülkemiz tatlı sularına aşılmıştır (Altun vd. 2006). Bu balıkları aşılama süreci 1970’li yıllarda Devlet Su İşleri (DSİ) tarafından başlatılmış ve farklı ülkelerden farklı ciklet türleri (Suriye’den *Oreochromis niloticus* ve *Coptodon zillii*, İskoçya dan *C. rendalli* ve *S. galileus* ve İsrail’den *Oreochromis aureus*) Çukurova bölgesi ve Hatay civarındaki üniversite ve araştırma enstitülerine getirilmiştir. Daha sonra ise Türkiye’nin farklı illerindeki Su Ürünleri Fakültelerine ve diğer araştırma birimlerine transfer edilmiştir. Ayrıca Burdur Pınarbaşı Çayından farklı bir cichlid türünün (*Hemichromis letourneuxi*) kaydı da verilmiştir (Innal ve Sungur 2019). Dolayısıyla şu anda güncel verilere göre ülkemizde 4 cinse (*Coptodon*, *Oreochromis*, *Hemichromis* ve *Sarotherodon*) ait 7 farklı türün (*C. zillii*, *C. rendalli*, *O. niloticus*, *O. aureus*, *O. mossambicus*, *S. galilaeus* ve *H. letourneuxi*) yayılış gösterdiği rapor edilmiştir (Keskin 2018; Çiçek 2021).

Ülkemizde dağılış gösteren mevcut *Coptodon* cinsi içerisindeki bu iki tür daha önce Tilapiinae altfamilyasında, Tilapiini tribusu ve *Tilapia* cinsi içerisinde *Tilapia zillii* (Gervais, 1848) ve *T. rendalli* (Boulenger, 1896) olarak isimlendirilmekteydi. Moleküler filogenetik çalışmalar neticesinde, eskiden alt cins olan *Coptodon* Gervais, 1853, bu yeni sınıflandırma ile *Coptodonini* yeni tribusu içerisine alınmış ve *Coptodon* tip cinsi içerisine ise *Coptodon zillii* (Gervais, 1848) ve *C. rendalli* (Boulenger, 1897) olarak isimlendirilmeye başlanmıştır. Bugüne kadar yapılan morfolojiye dayalı cichlid sistematığı, moleküler filogenetikten gelen bilgilerle revize edilmeye başlanmış ve özellikle kırmızı karınlı tilapya *C. zillii* ve kırmızı göğüslü tilapya *C. rendalli* gibi yaygın türlerin genetik durumu daha fazla araştırılmaya başlanmıştır.

Özel Çevre Koruma Bölgesi olarak ilan edilmiş olan Köyceğiz-Dalaman nehir havzasının barındırdığı biyolojik çeşitliliğin bireysel ve sosyal refaha katkısı oldukça fazladır. Köyceğiz Gölü sulak alanın sahip olduğu biyolojik çeşitlilik, geniş çapta ekosistem hizmetlerine taban oluşturmakta ve bunlar da ekonomik refahını desteklemekte ve Türkiye’nin gayrisafi milli hasılasına katkıda bulunmaktadır. Maalesef bu özel

ekosistem de istilacı balıkların etkisi altında olup her geçen yıl populasyon büyüklükleri giderek artmaktadır (yerel balıkçıların gözlemi). Köyceğiz Gölü ve Kocagöl'e Cichlidae familyasına ait tür veya türlerin aşılandığı fakat tam olarak hangi türlerin, ne zaman ve nasıl getirildikleri bilinmemektedir. Köyceğiz-Dalaman nehir havzası içerisinde *Coptodon* ve *Oreochromis* cinslerine ait bazı türlerin akarsu ağzlarında ve özellikle Köyceğiz Gölünde (Akın vd. 2005, Çoban 2018) ve Kocagöl'de *Coptodon* cinsinin yoğun populasyonlar oluşturduğu bilinmektedir. Kocagöl için mevcut balık faunası ile ilgili yapılan araştırma neticesinde herhangi bir literatüre rastlanmamışken, Köyceğiz Gölü ile ilgili mevcut literatürlerde birbirleriyle çelişkili ciklet türleri rapor edilmiştir. Örneğin, Çalışkan ve Yerli (1999) Köyceğiz Gölünde *Oreochromis* cinsine ait *O. mossambica*'nın yayılış gösterdiğini, aksine Akın vd. (2005) 2 farklı cinsine ait 3 türün (*Coptodon zilli*, *Oreochromis aurea*, *Oreochromis nilotica*) varlığından söz etmişler ve teşhislerindeki zorluk nedeniyle *Tilapia* spp. olarak kaydettiklerini açıklamışlardır. Bundan sonra bu gölde yapılan çalışmalarda ise herhangi genetik veya moleküler bir çalışma yapılmadan sadece morfolojiye bağlı kalarak tek bir cinsin ve türün varlığından (*Coptodon zillii*) söz edilmeye başlanmıştır (Balık vd. 2005; Yılmaz vd. 2006; Tarkan vd. 2015; Çoban 2018). Hâlbuki *Coptodon* ve *Oreochromis* (bazı türler haricinde) cinslerini birbirinden ayırt etmek için belirgin bir karakter (dorsal yüzgeçte koyu renkli tilapya lekesi) mevcut iken *C. zillii* ve *C. rendalli* türlerini morfolojik olarak birbirinden ayırt etmek oldukça güçtür (Froese ve Pauly 2019). Çünkü iki tür arasındaki tek fark *C. zillii* türünün daha yuvarlağımsı kafa yapısına ve vücut ventralinde de daha belirgin dikey siyah şeritlere sahip olmasıdır.

Yeni istilacıların ve kökenlerinin erken tespiti ve aşılama nedenleri yabancı türlerin uygun bir biçimde yönetilmesi ve yeni ortamlara yerleşimlerinin önlenmesi anlamında oldukça elzemdir. Çünkü herhangi yabancı bir tür yeni bir ortama yerleşip orada üreyebilen ve hayatta kalabilen populasyonlar oluşturduğunda o türü ortadan kaldırmak çoğu durumda imkânsızdır (Keskin 2018). Yapılan arazi çalışmalarında çalışılan cinsin populasyonlarının özellikle Muğla bölgesinde yer alan birçok tatlı su sisteminde yaygın ve yoğun olarak bulunduğu gözlemlenmiştir. Özellikle Köyceğiz Gölü ve Kocagöl'e yayılmış *Coptodon* populasyonlarının kökeni veya soyları hakkında ve göl

içerisindeki diğer balık türleriyle veya kendi aralarındaki hibritleşme durumlarıyla ilgili hiçbir bilgi de bulunmamaktadır. Dolayısıyla hakkında oldukça az bilgi sahibi olunan ve özellikle yerel biyoçeşitlilik için tehdit oluşturma potansiyeli olan istilacı balık cinsinin içerdiği türlerin tanımlanması ve moleküler filogenetik yapılarının ortaya çıkarılacak olması ülkemizde bu konuda mevcut ciddi bir literatür boşluğunu doldurabilecektir.

Yukarıdaki literatür özeti referans alınarak, bu tez çalışmasında dört amaç hedeflenmiştir:

(i) Köyceğiz Gölü ve Kocagöl'deki *Coptodon* popülasyonlarının kaç türe ait olduğunun fenotipik ve genetik verilerle saptanması,

(ii) *Coptodon* cinsinin mevcut türlerinin, GenBank'ta var olan dizi verileri referans alınarak, genetik verilerle (mitokondriyal (D-loop) DNA belirteci) var olan tür tanısının yapılması, genetik çeşitliliklerinin belirlenmesi ve bu veriler ışığında köken popülasyonunun tahmin edilmesi,

(iii) Göl içi ve göller arasındaki morfolojik farklılık/benzerlik örüntülerinin morfometrik ve meristik karakterler bağlamında ortaya konması,

(iv) Fenotipik varyasyon mevcut ise bunların genetik mi yoksa fenotipik esneklikten mi kaynaklandığı hakkında kestirmelerde bulunulması amaçlanmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Biyolojik İstila

Biyolojik istila, doğal zoocoğrafik bir olaydır ve basitçe türlerin yeni alanlara yayılması anlamına gelir ve iklimik, jeotektonik ya da benzer doğal olaylar sonucu türlerin yeni bir yaşam alanına taşınmasıdır (Richardson ve Pysek 2006). Diğer bir doğal istila yolu ise coğrafik izolasyonun ortadan kalkmasıdır. Ancak yirminci yüzyılın ortalarında istila biyolojisinin ayrı bir bilim dalı olarak ele alınmasından sonra yeni bir istila yolu daha tanımlanmıştır; “insan kaynaklı biyolojik istilalar (*human-mediated biological invasions*)” (Richardson ve Pysek 2006).

Çoğu organizma bir ortama aşılandıktan hemen sonra yok olabilir veya sadece birkaç nesil çoğalabilir; bu nedenle, aşılama etkinliklerinin büyük çoğunluğu sürdürülebilir bir popülasyon oluşturmada başarısız olabilir. Koşullar uygun olduğunda yeterli sayıda sağlıklı birey uygun bir habitata yerleşirse, kendi kendine yeten kurucu bir popülasyon oluşabilir (Simberloff 2009). Fakat bazen yabancı türler bol ve yaygın hale gelmeden önce yıllar veya on yıllar boyunca göze çarpmayabilir (Rilov vd. 2004). Dolayısıyla bu durumda istilacı türlerin yeni ekosistemler üzerinde küçük etkilere sahip olduğu anlaşılabilir, ancak aşırı çoğalma ve yayılma sayısız sorunlara yol açmaktadır.

Belirli bir yere aşılana belirli bir türün toplam birey sayısı (propagül boyutu) ve bunların aşılama sıklığı (propagül sayısı) olarak tanımlanan propagül baskısı (Lockwood vd. 2005) kazayla ortaya çıkan türlerin oluşumu için giderek daha önemli görülmektedir (Simberloff 2009; Britton ve Gozlan 2013). Deneysel bulgular, türlerin bireysel özellikleri ve habitat özellikleri dahil olmak üzere çok çeşitli abiyotik ve biyotik faktörlerin yabancı bir türün popülasyonunun kuruluş başarısı için önemli olduğunu göstermektedir (Kolar ve Lodge 2001, Gozlan vd. 2010).

Aşılana türlerin küçük kurucu popülasyonlarının, darboğazlar nedeniyle yerel popülasyonlardan daha düşük genetik varyasyona sahip olması beklenir (Roman ve Darling 2007). Küçük popülasyonlarda, soy içi üreme olasılığı hızla artar, bu da homozigotluğun artmasına, çekinik zararlı alellerin ekspresyonuna ve sonuçta

populasyonun yok olması riskine yol açar (Hedrick ve Kalinowski 2000; Keller ve Waller 2002; Frankham 2005). İstilacı populasyonların düşük genetik çeşitlilik sorununu üstesinden nasıl geldiğini açıklamak için birkaç hipotez bulunmaktadır. İlk olarak aşılana populasyonların, doğal populasyonlarda en kolay ölçülen nötr lokuslardaki çeşitliliğinin azalmasına rağmen başarılı olabilecekleridir (Roman ve Darling 2007). Bunun nedeni, çoğu moleküler belirteçteki varyasyonun nötr olmayan genetik çeşitliliği (seçilimin etki ettiği varyasyon) hafife alınması ve dolayısıyla yeni ortamlara yanıt verme yeteneğinin değerlendirilmesinde sınırlı öneme sahip olması olabilir (Hufbauer 2004). Alternatif olarak, demografik darboğazlar, zararlı alelleri temizleyerek, yüksek oranda adapte klonal soyları eşeyssel rekombinasyondan koruyarak veya diğer genetik mekanizmalar yoluyla aşılana populasyonlar üzerinde olumlu etkilere sahip olabilir. Diğer bir öneri ise, klonun genetik başarısından dolayı, populasyonlar hiçbir genetik varyasyon olmaksızın başarılı bir şekilde istila edebilirler (Mergeay vd. 2006). Son olarak, ekolojik esneklik, genetik çeşitlilik ve istilacılık arasındaki ilişkiyi karmaşıklştırabilir. Çünkü, çeşitlilik yokluğu, nötr lokuslarda farklılaşma eksikliğiyle paralellik gösterir. Bu da, adaptasyon değil fenotipik esnekliğin, türlerin çeşitli habitatları kolonize etmesine izin verdiğini düşündürür (Roman ve Darling 2007).

2.2. İstilacı *Coptodon* (Cichlidae) Populasyonları

Cichlidae (Teleostei, Perciformes), Güney ve Orta Amerika, Madagaskar, Afrika, Orta Doğu, Hindistan ve Sri Lanka'da bulunan en çok tür içeren omurgalı ailelerinden biridir (Kocher 2004; Salzburger ve Meyer 2004) ve toplamda 202 cins ve 1762 tür içermektedir. Afrika ve Güney Amerika'da ciklet çeşitliliği çok fazladır. Afrika tek başına en az 1.600 kadar türe ev sahipliği yapmaktadır (Anonim 2).

Daha önce "*Tilapia*" olarak anılan tüm Afrika ciklet'leri, Doğu Afrika ciklet uyumsal çeşitlenmesinin yanı sıra dünya çapında önemli su ürünleri yetiştiriciliğinde kullanılan türleri içeren Haplotilapiini tribusuna ait parafiletik tür topluluklarını temsil etmektedir (Dunz ve Schlieven 2013). Yapılan son kapsamlı moleküler filogenetik çalışmalar, Haplotilapiini tribusunun monofiletik olduğunu, Haplotilapinae altfamilyası olarak taksonomik düzeyinin yenilendiği ve tüm Doğu Afrika cikletlerinin 20 Haplotilapiinae cinsi ve dokuz tribusdan oluştuğunu rapor etmişlerdir (Dunz ve Schlieven, 2013). Bu yeni sınıflandırmada, *Oreochromini* ve *Coptodonini* tribusleri, Batı Afrika cikletlerinin cins ve tür çeşitliliğinin çoğunu barındırılmaktadır (Kide vd. 2016). Eskiden alt cins olan *Coptodon* bu yeni sınıflandırma ile *Coptodonini* tribusu olarak alınmış ve *Coptodon* tip cinsi içerisinde *C. zillii* ve *C. rendalli* dâhil olmak üzere toplamda 31 tür listelenmiştir (Dunz ve Schlieven 2013).

Bu iki *Coptodon* türünün doğal yayılış alanı Batı Afrika'dan Avrasya, Fas'ın güney kesimleri, Nijer, Çad havzası, Etiyopya, Madagaskar, Tanzanya, Hawaii, Japonya, Filipinler, Singapur ve Amerika Birleşik Devletlerine kadar uzanmaktadır (Froese ve Pauly 2019). Maksimum standart boy uzunluğu 40 cm'ye, ağırlığı ise en fazla 300 g'a ulaşabilmekte ve ömür uzunluğunun 7 yıla kadar olduğu belirlenmiştir (Çoban 2018). Cinsin besin, habitat ve yumurtlama bölgeleri için hem yerli hem de yerli olmayan diğer balık türleri ile rekabet etme yeteneği oldukça yüksektir. Cinsin türleri hibritleşme, rekabet, hastalık ve parazitlerin yayılması aracılığıyla yerel türler ve ekosistemler üzerinde olumsuz etkilere sahiptirler (Esmaceli vd. 2014).

Hem Türkiye'de hem de diğer ülkelerde, bu cinse ait türlerin tatlı sulara aşılandıktan sonra sorunlu bir istilacı tür haline geldikleri ve ortamdaki diğer türler için

bir tehdit oluşturdıkları rapor edilmiştir (Altun vd. 2006; İnnal ve Erkakan 2006; Tarkan vd. 2015; Et vd. 2017). Örneğin, *C. zillii*'nin bireysel üreme başarısının oldukça yüksek olduğu ve bir yumurtlamada üretilen yumurtaların Nil tilapiasından (*O. niloticus*) sayıca daha fazla olduğu belirlenmiştir (He vd. 2013). Özellikle *C. zillii* bireylerinin yumurtlama işleminden bir ay sonra tekrar yumurta bırakabildikleri ve 0 yaş grubu bireylerinin 30-50 mm arasındaki boylarda iken bile eşey ayrımı yapılabildiği ve gonadların gelişmiş olduğu gözlemlenmiştir (Çoban 2018). Bu bulgular, yüksek seviyede döl verimi ve ekolojik esnekliğin, *C. zillii*'nin istila başarısına katkıda bulunmuş olabileceğini düşündürmektedir (Gu vd. 2016).

Bu balıklar gelişimleri ve ekolojileri bakımından oldukça esnek hayvanlardır; büyümeleri, maksimum erişebilecekleri boyları ve beslenme alışkanlıkları çevrelerinin fiziksel ve biyolojik özelliklerinden ciddi şekilde etkilenmektedir. Morfolojilerini, ekolojilerini ve davranışlarını etkileyen oldukça yüksek düzeyde genetik ve morfolojik çeşitlilik sergiledikleri yapılan çalışmalar ile rapor edilmiştir (Barlow 2000; Chakrabarty 2005). Örneğin, sıcaklık, oksijen, tuzluluk gibi çevresel faktörlere bağlı olarak *Oreochromis* ve *Coptodon* türlerinin güçlü morfolojik varyasyonlar gösterdiği belirlenmiştir (Lorenz vd. 2014; Ezeafulukwe vd. 2015; Mwanja vd. 2016). Kavembe (2015)'nin Küçük Magadi tilapya (*Alcolapia grahami*) popülasyonunları üzerine yaptığı çalışmada aynı göl içerisinde küçük ekomorfolojik farklılıkların gözlemlendiği rapor edilmiştir.

Morfolojik araştırmaların yanında özellikle son yıllarda *Coptodon* ve *Oreochromis* popülasyonları üzerinde moleküler filogenetik ilişkiler de çalışmıştır (Nagl vd. 2001; Szitenberg vd. 2012; Ndiwa, 2016; Kavembe, 2015; Gu vd. 2016; Kide vd. 2016; Ukenye vd. 2019). Ülkemiz sınırları içerisinde özellikle *Coptodon* popülasyonlarıyla ilgili genetik ve morfolojik çalışmalar maalesef oldukça sınırlıdır. Bilgimiz dâhilinde bunlardan bazıları, Çukurova ve Hatay Bölgelerinde bulunan nehir, göl ve su ürünleri yetiştiricilik istasyonlarından dört ciklet türünün, *Oreochromis aureus*, *O. niloticus*, *Coptodon zillii* ve *C. rendalli*'nin morfolojik ve yatay nişasta jel elektroforezi kullanılarak yapılmış genetik ayrımı ile ilgili çalışmalardır (Gürlek ve Turan

2005). Ayrıca son yıllarda *Coptodon* cinsinde içinde olduđu istilacı balıkların dağılımlarının belirlenmesi için moleküler yöntemler (e-DNA) kullanılarak yapılan çalışmalar da bulunmaktadır (Keskin, 2018). Fakat bu çalışmalarda Türkiye'nin birçok akarsu ve göl alanları örneklenmesine karşın Muğla ilindeki göllerden örnekleme yapılmamış ve sadece mevcut balıkların e-DNA verileri ile tür teşhisleri yapılmıştır.

İstilacı balıklar için doğru yönetim ve strateji planlarının yapılabilmesi öncelikle ülke genelinde istilacı balıkların genetik veriler ile tür teşhislerinin yapılması ve dağılımlarının belirlenmesi gerekir. Dolayısıyla bu açıdan resmin bütününe ek yapabilmek için Muğla bölgesinde yer alan Köyceğiz Gölü ve Kocagöl' de yoğun populasyonlar oluşturduğu bilinen *Coptodon* cinsine ait tür/türlerin net bir şekilde tür teşhislerinin yapılması gerekmektedir. Bu sayede Güneybatı Anadolu'da yayılış gösteren

Coptodon populasyonlarına ait genetik ve morfolojik özelliklerinin ilk kez literatüre geçmesine katkı sağlanmış olacaktır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Çalışma Alanı ve Örnekleme

Araştırma, Muğla ili sınırları içerisinde yer alan Köyceğiz Gölü, Kocagöl ve Peçenek Drenaj Kanalı'nda gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.1). Bu çalışmada kullanılan *Coptodon* cinsi örnekleri (Şekil 3.2), FBA-2018-4171 no'lu Akdeniz Üniversitesi BAP projesi kapsamında yakalanmış olan balıklardan temin edilmiştir. Bahsi geçen projede tüm balık örneklerinin yakalanması için hem Tarım Bakanlıđından hem de Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nden gerekli izin belgeleri alınmıştır. Ayrıca yine balık örneklerinin laboratuvarında analizlerin yapılması için gerekli olan etik kurul onay belgesi Burdur Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulundan alınmıştır.



Şekil 3.1. Çalışılan istasyonlar (renkler istasyon içlerindeki mikrohabitatları temsil etmektedir; kırmızı renk: açık göl alanı, sarı renk: kıyı ve drenaj kanalını)

Bahsi geçen çalışma kapsamında, balıkların yakalanması için 100 x 1,5 m boyunda, ağ göz açıklığı 18, 20, 25, 28, ve 32 mm olan fanyalı uzatma ağları ve pinterler kullanılmıştır. Balıklar farklı mikrohabitatları temsil edecek şekilde, Kocagöl'de hem göle bağlanan drenaj kanallarından pinter ile, hem de göl içerisinde kıyıya yakın bölgeden fanyalı ağlar ile yakalanmıştır. Kocagöl ile denize bağlantısını sağlayan Tersakan çayı arasında oldukça fazla sayıda dar kanallar bulunmaktadır. Köyceğiz gölünde ise gölün doğu bölgesinde Yuvarlak Çay'ın nehir ağzına yakın yerden pinter ile ve güney batı (Sultaniye bölgesi, sıcak su kaynaklarının olduğu bölge) göl açıklarında ise fanyalı ağlar ile yakalama yapılmıştır. Yakalanan balık örnekleri soğuk zincirin bozulmamasına dikkat edilerek buz aküleri içerisinde incelenmek üzere Akdeniz Üniversitesi Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Hidrobiyoloji Laboratuvarına getirilmiştir.



Şekil 3.2. Çalışmada kullanılan *Coptodon* örneği

3.2. Morfolojik Veriler ve Analizleri

Her iki gölden 2019 (Nisan, Temmuz ve Ekim ayları) ve 2020 (Mayıs ve Haziran ayları) yıllarında toplamda 170 *Coptodon* örneği temin edilmiştir (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Çalışılan istasyonlar ve bireylerin sayısı, ağırlık ve standart boyları

Lokalite	Birey Sayısı	Koordinat	Ağırlık		Standart Boy	
			Min-Mak	Ort.	Min-Mak	Ort.
Kocagöl	96	36°54'49.24"K - 28°41'29.34"D	5,48 - 152,11	48,82	57,99- 166,00	108,04
Köyceğiz Gölü	64	36°41'38.96"K - 28°49'12.95"D	6,96 - 216,86	69,95	61,29- 184,50	112,87
Peçenek Drenaj Kanalı	10	36°51'18.32"K - 28°41'1.96"D	13,97- 108,70	31,61	79,61- 108,26	90,82

Coptodon bireylerinin öncelikle standart anahtarlar kullanılarak morfolojik tür tayini yapılmıştır (Stiassny vd. 1991; Teugels ve Thys van den Audenaerde 2003; Gu vd. 2016; Kide vd. 2016; Froese ve Pauly 2019).

Daha sonra her bir birey için 29 morfolojik ve 6 meristik karakter ölçümü yapılmıştır (Boussou vd. 2010; Villeger vd. 2010; Kide vd. 2016). Morfometrik karakterler balığın sol tarafından ve 0.1 mm hassasiyetli dijital kumpas kullanılarak ölçülmüştür. Bu karakterler ve bunlara karşılık gelen kısaltmaları aşağıda gösterilmiştir (Çizelge 3.2).

Çizelge 3.2. Morfolojik ve meristik karakterleri ve kısaltılmış kodları

Morfolojik Karakterler			
Kod	Karakter	Kod	Karakter
W	Ağırlık	PDM	Predorsal mesafe
TL	Total boy	PAM	Preanal mesafe
FL	Çatal boy	PPM1	Prepektoral mesafe
SL	Standart boy	PPM2	Prepelvik mesafe
VY	Vücut yüksekliği	DYTU	Dorsal yüzgeç taban uzunluğu
VG	Vücut genişliği	AYTU	Anal yüzgeç taban uzunluğu
KSD	Kuyruk sapı derinliği	PYU1	Pektoral yüzgeç uzunluğu
KYY	Kuyruk yüzgeci yüksekliği	PYU2	Pelvik yüzgeç uzunluğu
KFU	Kafa uzunluğu	KSP	Kuyruk sapı yüksekliği
KFD	Kafa derinliği	EUDY	En uzun dorsal yüzgeç ışını boyu
İOM	İnterorbital mesafe	ATIU	Anal yüzgeçteki 3. ışının uzunluğu
GC	Göz çapı	POKU	Preorbital kemik uzunluğu
BU	Burun uzunluğu	SDPG	5. serobranşiyal diş plağının genişliği
AG	Ağız genişliği	FKU	Farinks kemik uzunluğu
AD	Ağız derinliği		
Meristik Karakterler			
SYIS	Sırt yüzgeci ışınları sayısı	YCPS	Alt yanıl çizgi boyunca pul sayısı
SYDS	Sırt yüzgeci dikenleri sayısı	1SYDS	Birinci seratobranşiyal (alt) solungaç yayındaki solungaç diken sayısı
AYIS	Anal yüzgeç ışınları sayısı	AYDS	Anal yüzgeç dikenleri sayısı

Morfometrik ve meristik karakterler, hem istatistiksel (birincisi sürekli değişken iken ikincisi kesikli değişken) hem de biyolojik (meristik karakterler gelişmenin ilk başlarında belirginleşir ve değişmezken, morfolojik karakterler çevreye daha duyarlıdır) açıdan farklı olduğundan multivariate analizlerde ayrı ayrı analiz edilmiştir. Allometrik büyümeden kaynaklanan herhangi bir varyasyonu ortadan kaldırmak için tüm morfolojik ölçümler standartlaştırılmıştır (Elliott vd. 1995):

$$Madj = Ms(Ls / Lo)^b$$

Burada **Ms** orijinal morfometrik ölçümdür, **Madj** boyuta göre ayarlanmış ölçümdür, **Lo** standart balık boyu uzunluğu ve **Ls** her bir değişken için tüm numunelerden alınan standart boy uzunluğun genel ortalamasıdır. Hesaplamalarda **b** parametresi, tüm numuneler kullanılarak **logM**'nin **log Lo**'daki regresyonunun eğimi olarak gözlemlenen verilerden her karakter için tahmin edilmiştir. Bu standartlaştırma işlemi Past 4.04exe (Anonim 3) programı kullanılarak yapılmıştır. Bundan sonraki analizlerde her numunenin toplam uzunluğu, standart uzunluğu, çatal uzunluğu ve ağırlığı son analizden çıkarılmıştır ve 25 karakter ile devam edilmiştir. Meristik karakterler ise, balık bireylerinin vücut büyüklüğü ile anlamlı bir korelasyon göstermediği için standardize edilmemiştir (Turan vd. 2006).

Morfolojik parametreler (25 adet) analizlere başlamadan önce normal dağılım (ND) gösterip göstermedikleri Shapiro Wilk testi ile test edilmiştir. ND gösteren parametrelerin populasyonlar arasındaki ortalama farkı one way ANOVA ve devamında ikili karşılaştırmalar için Tukey Post hoc testi kullanılmıştır. Parametrelerin çoğu ND göstermemiş olup ortalamalarındaki farklılıklar için Kruskal-Wallis ve devamında Dunn's Post hoc testi uygulanmıştır.

Varyasyon katsayısı (CV), farklı birimlerde ifade edilen parametreler ile karakterize edilen populasyon içi değişkenliğinin karşılaştırılmasına olanak tanır. Ortalamaya göre göreceli bir dağılım ölçüsü olarak, gerçekten farklı ortalamalara sahip alt populasyonların değişkenliğini karşılaştırırken faydalı olmaktadır. Bu sebeple, her karakter için varyasyon katsayısı (CV%) hesaplanmıştır:

$$CV\% = (Ds / \bar{x}) \times 100,$$

Ds, standart sapma ve \bar{x} , her populasyondaki standartlaştırılmış morfolojik parametrelerin ortalaması.

Yirmi beş morfolojik karakterin varyans konfigürasyonuna katkısını test etmek için temel bileşen analizi (PCA, varyant-kovaryant matrisi) kullanılmıştır. Bireyleri gruplara ayırmak için kullanılacak matematiksel bir fonksiyon üretmede bir dizi vücut

ölçüsü seçimini doğrusal bir şekilde birleştiren diskriminant analizi (DA) yapılmıştır. Wilks' lambda (λ), üç populasyon arasındaki morfolojik varyasyonu tespit etmek için kullanılmıştır. Tüm analizler için Past 4.04 ve R (R Development Core Team, 2011) programları kullanılmıştır.

3.3. Moleküler Çalışmalar

3.3.1. DNA izolasyonu

Yukarıda detaylı olarak bahsedildiği şekilde morfometrik analizleri yapılan balık örneklerinden her iki gölü de kapsayacak şekilde 93 bireyin moleküler analizleri yapılmıştır. Morfolojik ölçümler bittikten sonra her balıktan yaklaşık 50 mg'lık kas dokusu örneği alınmış ve daha sonraki DNA izolasyonu için %95'lik etanolde saklanmıştır. Total genomik DNA, Aljanabi ve Martinez (1997) tarafından tanımlanan ve daha sonra Zhang ve Tan (2010) tarafından modifiye edilen izolasyon yöntemi ile izole edilmiştir.

Total DNA izolasyonu inkübasyon kitleri ile markanın önerdiği protokol doğrultusunda yapılmıştır. Protokole göre önce lam üzerinde, bistüri yardımıyla parçalanmış doku 1,5 ml'lik Ependorf tüpüne konularak üzerine 180 µl genomik parçalama tamponu eklenmiş ve homojen hale getirildikten sonra her tüpe 20 µl proteinase K eklenerek pipetaj yapılmıştır. Ardından ağızları parafilmle kapatılan tüpler vortexlenerek 55°C'de inkübasyona bırakılmış, yaklaşık yarım saatlik aralıklarla vortexlenerek dört saat inkübe edilmiştir. İnkübasyon sonunda üç dakika oda sıcaklığında maksimum (13000) rpm'de santrifüj yapıldıktan sonra süpernatant başka bir tüpe aktarılıp üzerine 20 µl RNAase eklenip vortexlenmiş ve iki dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir. Sonrasında 200 µl genomic lysis binding buffer eklenen tüpler vortexlenmiş ve üzerlerine 200 µl etanol ilave edilmiştir. Bu işlemin ardından tekrar vortexlenen süpernatant purifikasyon safhası için column collection tüplere alınmış oda sıcaklığında 10000 rpm'de bir dakika santrifüj edilerek süpernatantı uzaklaştırılmıştır. Sonrasında 500 µl yıkama tamponu 1 ile yıkanan tüpler 10000 rpm'de bir dakika santrifüjlenip toplama tüplerine alınmış, ardından 500 µl yıkama tamponu 2 ile oda sıcaklığında maksimum (13000) rpm'de üç dakika

santrifüjlenerek, süpernatantı uzaklaştırılan DNA Ependorf tüplere alınarak üzerlerine 50 µl genomic eleme tamponu eklenen tüpler bir dakika oda sıcaklığında bekletilip maksimum (13000) rpm’de santrifüjlenmiş, sonrasında 50 µl daha ilave edilip iki dakika daha santrifüjlenen tüplerin üstlerindeki filtreler alınıp toplamda 100 µl hacimde DNA 4°C’de saklanmıştır. Uzun süreli saklamalar için DNA’lar -20°C’de muhafaza edilmiştir.

DNA varlığı ve varsa miktarı (ng/µl) ve kirlilik derecesi (DNA dışı organik molekül varlığı) jel elektroforezi ile belirlenmiştir. Jel elektroforezi yönteminde; 1X TBE tamponu kullanılarak [Tris-Base 27 g, Borik asit 13,75 g, 250 mM EDTA (ph=8,0), dH₂O 439,25 ml] hazırlanan %1’lik agaroz jele (W/V) 3 µl izolat yüklenerek 90 mv ve 50 mA (Cleaver Scientific, power supply mp-250V) 30 dakika yürütülmüş, sonrasında jel 20 dakika % 2’lik EtBr içerisine bırakılmış ve UV görüntüleme cihazında (Dnr Bio-imaging systems, minibis pro) görüntülenmiş ve izolatlarda DNA varlığından emin olunmuştur.

3.3.2. Genetik belirteçler ve Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR)

Bu çalışmada mitokondriyal kontrol bölgesi (D - loop) moleküler belirteç olarak seçilmiştir. Mitokondriyal kontrol bölgesinin yaklaşık 472 bp uzunluğunda bir parçası, Ormt-449UP (5’- CTA ACTCCCAAAGCTAGGATTCT-3’) ve Ormt-917LP (5’- CTTATGCAAGCGTCGATGAAA-3’) (Nagl vd. 2001) primerleri kullanılarak amplifiye edilmiştir. Çalışılacak gen bölgesi PZR ile çoğaltılmıştır. Her bir PZR için 0.2 ml’lik mikrofij tüpünde son hacim 50µl olacak şekilde hazırlanmış, izole edilmiş DNA’dan her bir reaksiyon tüpüne yoğunluğuna bağlı olarak değişen hacimlerde 0,5-4µl’lik kalıp DNA konulmuş; PCR, kitler üzerinde yazılı kullanıcı firmanın önerdiği protokole göre kimyasallar ve bunlara uygun miktarlardaki karışımları doğrultusunda uygulanmıştır. Çalışılan genin amplifiye olup olmadığını saptamak için agaroz jel elektroforezi kullanılmıştır. TBE tamponuyla hazırlanan %1’lik agaroz jele (W/V) yüklenen PZR ürünleri elektroforezde yürütülmüş ve sonra 20 dakika %2’lik EtBr (etidyum bromide) içerisine bırakılarak UV görüntüleme cihazında görüntülenmiştir. Amplifikasyonu yeterli bulunan PZR ampikonları hizmet alımı yoluyla diziletilmiş

(Macrogen, Hollanda) ve edinilen diziler bilgisayar tabanlı analizler için veri haline getirilmiştir.

3.3.3. Dizi verilerinin analizi

Dizileme işlemi sonrası elde edilen ham ABI kromatogramları Sequencher v.4.01 (Gene codes Corp.) programı kullanılarak forward ve reverse primerlerle üretilmiş dizilerin hizalanması ile konsensüs diziler oluşturulmuştur. İkili olarak hizalanan diziler MEGA X (Kumar vd. 2016) programında ClustalW modülü kullanılarak çoklu hizalaması yapılmış ve bir veri matrisi oluşturulmuştur.

Elde edilen veri matrisinde DnaSP v.5 (Librado ve Rozas 2009) programı ile özgün haplotipler belirlenmiştir. Daha sonra elde edilen özgün haplotip matrisi GenBank'tan indirilen *Coptodon* türlerinin dizileri (Çizelge 3.3) ile birleştirilerek yeni bir matris oluşturulmuştur. Bu matris ile filogenetik analizler gerçekleştirilmiştir. Filogenetik analizler öncesi uygun baz değişim modelleri jMODELTEST v. 3.07 (Darriba vd. 2012) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Veri matrisi Geneious v.9.0.5 (Kearse vd. 2012) altında çalışan RAxML v.8.0.9 (Stamatakis 2006) programı yardımı ile, jMODELTEST'in önerdiği substitüsyon modeli doğrultusunda maksimum olasılık (maximum likelihood, ML) algoritmaları altında, 1000 non parametrik bootstrap (Felsenstein 1985) güvenilirlik testine tabi tutularak analiz edilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışılan *Coptoton* türleri ve dış gruplar (koyu renkli olarak gösterilmiştir)

Genbank erişim numarası	Genbankta kayıtlı tür adı	Kullanılan tür adı / lokalite	Genbank erişim numarası	Genbankta kayıtlı tür adı	Kullanılan tür adı / lokalite
KU180527.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY587518.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya
KU180619.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY587521.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya
KU180516.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465487.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180608.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465486.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180515.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465488.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180595.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465484.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180558.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465482.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180606.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	FJ613474.1	<i>Tilapia zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180629.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465489.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180512.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465485.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180520.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KY465483.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Mısır
KU180519.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KU180602.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin
KU180522.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KU180599.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin
KU180607.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KU180601.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin
KU180523.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KU180627.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin
KU180592.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KU180559.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin
KU180600.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	FJ613477.1	<i>Tilapia zilli</i>	<i>C. zilli</i> İsrail
KU180616.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	EU163719.1	<i>Tilapia zilli</i>	<i>C. zilli</i> İsrail

Çizelge 3.3'ün devamı

Genbank erişim numarası	Genbankta kayıtlı tür adı	Kullanılan tür adı / lokalite	Genbank erişim numarası	Genbankta kayıtlı tür adı	Kullanılan tür adı / lokalite		
KU180628.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	FJ613479.1	<i>Tilapia zilli</i>	<i>C. zilli</i> İsrail	İç Grup	
KU180528.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	EU163717.1	<i>Tilapia zilli</i>	<i>C. zilli</i> İsrail		
KU180617.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	EU163718.1	<i>Tilapia zilli</i>	<i>C. zilli</i> İsrail		
KU180510.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	AF296499.1	<i>Tilapia guineensis</i>	<i>C. guineensis</i>		
KU180531.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	AF296506.1	<i>Tilapia ruweti</i>	<i>Tilapia ruweti</i>		
KU180564.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	KX523912.1	<i>Coptodon deckerti</i>	<i>C. deckerti</i>		
KU180618.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	MH644435.1	<i>Coptodon rendalli</i>	<i>C. rendalli</i> Tanzania		
KU180620.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	AF296503.1	<i>Tilapia rendalli</i>	<i>C. rendalli</i> Afrika_Mısır		
KU180605.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Çin	AF296505.1	<i>Tilapia rendalli</i>	<i>C. rendalli</i> Afrika_Mısır		
KY587519.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya	AF296504.1	<i>Tilapia rendalli</i>	<i>C. rendalli</i> Afrika_Mısır		
KY587522.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya	AF296498.1	<i>Tilapia bemini</i>	<i>C. bemini</i>		
KY587517.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya	AF296497.1	<i>Tilapia mariae</i>	<i>Pelmatolapia mariae</i>		Dış Grup
KY587516.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya	MG728003.1	<i>Oreochromis niloticus</i>	<i>O. niloticus</i>		
KY587523.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya	AF296491.1	<i>Oreochromis sp.</i>	<i>Oreochromis sp.</i>		
KY587520.1	<i>Coptodon zilli</i>	<i>C. zilli</i> Japonya	AY740331.1	<i>Cyprichromis leptosoma</i>	<i>C. leptosoma</i>		

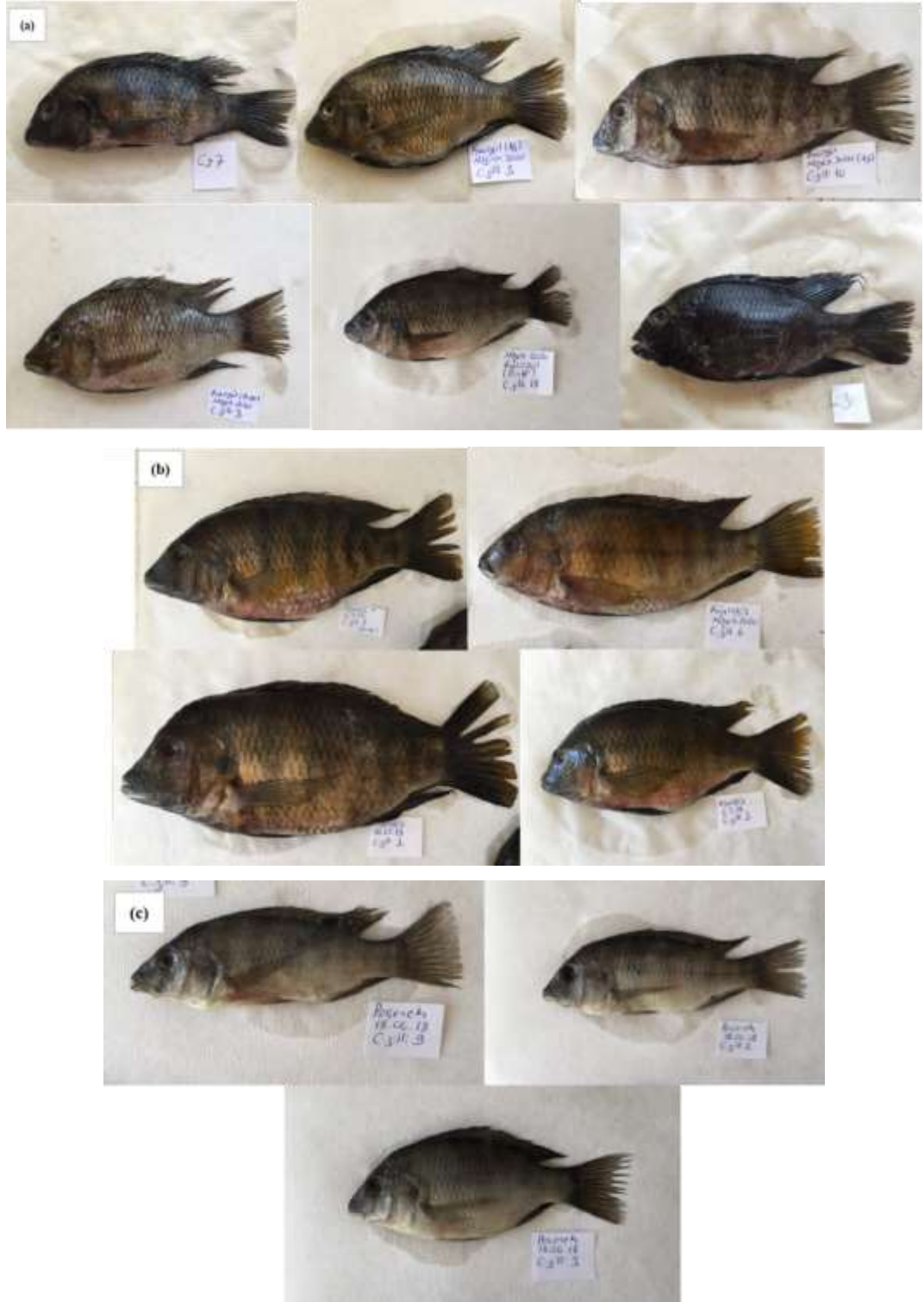
Veri matrisi ayrıca MRBAYES v.3.1.2 (Ronquist ve Huelsenbeck, 2003) programı kullanılarak, jMODELTEST'in önerdiği baz deęişim modeline göre, Bayes yaklaşımı ile de analizi edilmiştir. Bayes analizi sürecinde parametrelerin yeterlilięi (efektif örneklem büyüklüęüne ulaşıp ulaşılmadıęı) TRACER v.1.5 (Rambout ve Drummond 2009) programı yardımı ile izlenmiştir. Üretilen filogenetik ağaçlar doğrultusunda Kocagöl ve Köyceęiz gölünden alınan örneklerden belirlenen haplotiplerin yerleşimine göre taksonomik karar verilmiştir.

4. BULGULAR

4.1. Morfolojik Veriler

Araştırmada *Coptodon* populasyonlarının Türkiye iç sularında Köyceğiz Gölü, Kocagöl ve Peçenek drenaj kanalından örneklenen toplam 170 bireyin morfolojik ve meristik karakterleri karşılaştırılmış, ortalama değerler ile standart sapmaları Çizelge 4.1’de sunulmuştur. Her bir karakterin varyasyon katsayıları (CV%) %2,05 ile %18,39 arasında değişim göstermiş olup, özellikle *C. zillii*’nin Kocagöl populasyonu içerisinde sadece 5 karakterin (AD, BU, ATIU, KYY, EUDY) yüksek CV% (%12,11-18,39) değerleri gösterdiği belirlenmiştir. Aksine Köyceğiz Gölü’nde sadece KYY (%16,24) ve Peçenek kanalında VG (%12,61) karakterinde yüksek değerlere rastlanılmıştır (Çizelge 4.1). Ayrıca populasyon içindeki bireyler vücut ve kafa yapısı ve de renklenme olarak farklı fenotipik özellikler de sergilemektedirler (Şekil 4.1).

Balıkların boyu ile morfolojik karakterler arasında önemli korelasyonlar gözlenmiştir. Bu nedenle, ham verilerin boyuttan bağımsız şekil değişkenlerine dönüştürülmesi için ham veriler standartlaştırılmıştır. Morfolojik Karakterlerin bazılarının (KYY, KFU, IOM, PDM, DYTU, AYTU, PYU1, POKU ve SDPG) normal dağılım sergilediği görülmüştür. Bunların dışında kalan tüm karakterler ise normal dağılım sergilememiştir. Normal dağılım sergileyen karakterlere ANOVA ve Tukey Post hoc test, normal dağılım göstermeyen karakterlere ise Kruskal-Walis ve Dunn’s analizi uygulanmıştır. Bu testlerin anlamlılık düzeyi $\alpha=0,05$ olarak kabul edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda 26 karakterin 16’sında (%60) (VY, VG, KYY, KFU, KFD, IOM, GC, AG, AD, PDM, PPM2, PYU2, POKU, SDPG, FKU ve W) üç istasyonun populasyonları arasında önemli ölçüde farklılık olduğu ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.2). Vücut yüksekliği (VY) ve göz çapı (GC) bakımından üç populasyon arasında istatistiksel olarak farklılık belirlenmiştir. Predorsal mesafe (PDM), prepelvik mesafe (PPM2), pelvik yüzgeç uzunluğu (PYU2) ve faringeal kemik uzunluğu (FKU) Kocagöl populasyonunu diğerlerinden ayırırken, bireylerin vücut genişliği (VG) ve ağırlık (W) karakterleri ise Kocagöl ve Köyceğiz populasyonlarını birlikte gruplandırırken ve Peçenek populasyonunu diğerlerinden ayırmıştır.



Şekil 4.1. Kocagöl (a), Köyceğiz Gölü (b), Peçenek (c) populasyonları içindeki fenotipik varyasyonlar

Çizelge 4.1. Her populasyon için standartlaştırılmış morfolojik ölçümlerin minimum, maksimum, ortalama, standart sapmaları (SD), her karakterin varyasyon katsayısının (CV%) değerleri listelenmektedir

Karakter	Kocagöl					Köyceğiz Gölü					Peçenek				
	Min	Mak	Ort	SD	CV %	Min	Mak	Ort	SD	DA %	Min	Mak	Ort	SD	CV %
VY	37,35	49,27	44,14	± 2,69	6,10	36,50	55,44	46,19	± 3,71	8,04	35,34	44,41	40,60	± 2,52	6,20
VG	14,55	29,54	17,92	± 1,87	10,43	13,93	23,90	17,81	± 1,54	8,65	12,42	18,57	15,25	± 1,92	12,61
KSD	8,70	19,78	14,45	± 1,40	9,72	11,98	21,66	14,24	± 1,30	9,12	13,71	15,11	14,38	± 0,47	3,25
KYY	15,54	48,85	34,09	± 6,27	18,39	24,80	51,57	36,60	± 5,94	16,24	30,88	39,08	35,49	± 3,10	8,74
KFU	31,95	39,59	35,20	± 1,41	4,00	32,28	37,00	34,50	± 1,31	3,79	33,55	35,93	34,40	± 0,81	2,35
KFD	19,93	25,86	23,22	± 1,23	5,29	21,46	25,27	23,59	± 0,91	3,85	22,91	24,97	24,07	± 0,69	2,86
İOM	10,30	13,46	11,63	± 0,68	5,82	9,54	12,75	11,23	± 0,62	5,54	10,47	11,76	11,26	± 0,38	3,41
GC	6,62	9,36	8,21	± 0,60	7,35	7,50	9,55	8,52	± 0,48	5,65	8,96	9,55	9,26	± 0,19	2,05
BU	4,09	8,54	6,82	± 0,89	13,01	6,01	8,16	7,03	± 0,49	6,97	6,63	7,34	6,91	± 0,21	3,03
AG	4,76	11,24	8,43	± 0,91	10,78	7,08	9,31	8,01	± 0,45	5,57	7,07	8,54	8,01	± 0,43	5,38
AD	7,46	14,71	9,76	± 1,31	13,42	8,22	10,25	9,02	± 0,45	5,00	8,26	9,70	9,11	± 0,42	4,60
PDM	29,95	39,65	35,14	± 1,96	5,58	28,87	36,04	32,39	± 1,71	5,29	31,23	33,61	32,53	± 0,73	2,25
PAM	8,13	81,73	75,73	± 7,33	9,68	71,86	83,06	76,62	± 2,39	3,12	71,81	77,27	74,97	± 1,70	2,26
PPM1	34,47	43,09	39,05	± 2,15	5,50	34,97	42,71	38,53	± 2,02	5,25	36,31	39,76	37,73	± 1,22	3,23
PPM2	31,85	48,06	35,90	± 2,01	5,60	31,15	37,06	34,25	± 1,29	3,76	32,98	38,07	34,59	± 1,59	4,58
DYTU	57,47	66,09	60,75	± 1,90	3,13	52,91	65,87	61,24	± 2,18	3,56	59,32	63,28	61,58	± 1,30	2,10
AYTU	15,54	20,45	18,18	± 1,05	5,79	16,08	20,21	18,02	± 0,93	5,17	17,22	19,16	18,55	± 0,76	4,11
PYU1	25,04	37,28	30,84	± 2,35	7,62	27,93	38,96	31,90	± 1,94	6,08	27,80	32,35	30,66	± 1,47	4,78
PYU2	24,70	41,12	34,32	± 2,83	8,26	31,17	39,92	36,34	± 1,75	4,81	33,86	38,65	36,48	± 1,80	4,94
KSP	9,02	18,63	16,44	± 1,27	7,73	13,96	18,32	16,26	± 0,77	4,74	15,27	17,42	16,43	± 0,60	3,67
EUDY	19,32	37,99	28,29	± 3,51	12,40	18,19	33,45	27,46	± 2,40	8,75	24,64	32,57	27,29	± 2,51	9,20
ATIU	14,78	29,11	23,11	± 2,80	12,11	20,06	26,81	23,49	± 1,49	6,35	21,51	26,63	23,29	± 1,63	7,01
POKU	9,34	15,65	12,72	± 1,26	9,93	10,42	13,84	12,30	± 0,80	6,52	11,57	12,99	12,35	± 0,45	3,64
SDPG	11,44	15,66	13,39	± 0,88	6,54	12,59	15,21	13,86	± 0,60	4,35	12,88	15,28	13,55	± 0,67	4,94
FKU	8,09	12,46	10,51	± 0,93	8,89	10,11	13,09	11,23	± 0,57	5,05	10,76	12,47	11,25	± 0,54	4,80

Çizelge 4.2. Üç istasyondan yakalanan *C. zillii* örneklerinin 25 morfolojik karakterin Kruskal-Wallis (χ^2) ve ANOVA (F) sonuçlarının özeti. Önem seviyeleri; * $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$

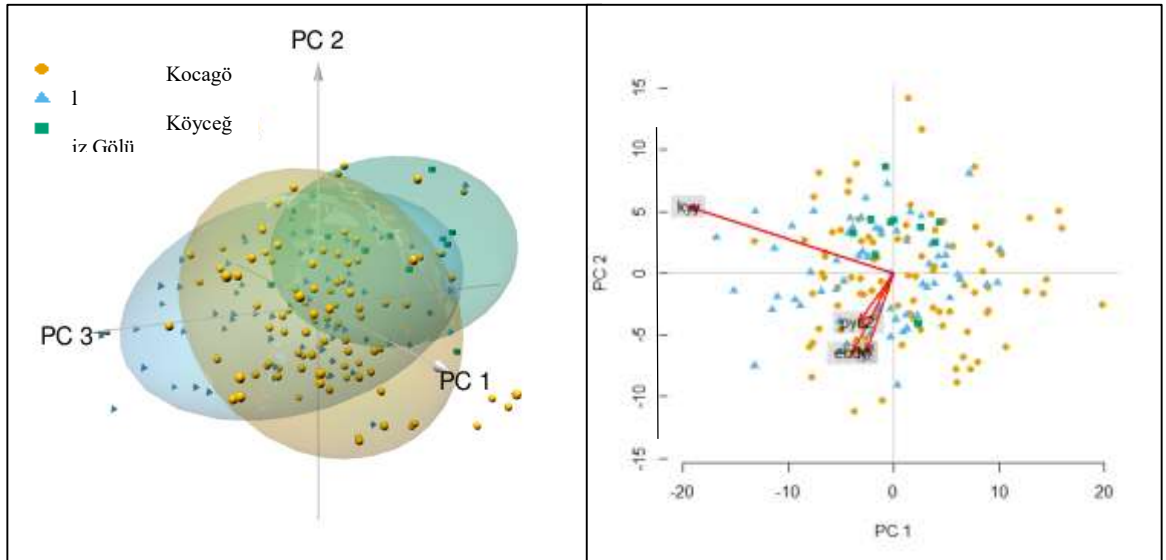
Karakter	Chi2	P	Populasyonlar	
			Dunn's Post hoc test	
VY	27,87	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü - Peçenek	***
VG	13,88	<0,001	Kocagöl - Peçenek, Köyceğiz Gölü - Peçenek	*
KSD	2,28	0,32		
KFD	7,39	<0,05	Kocagöl - Peçenek	*
GC	30,52	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü - Peçenek	***
BU	0,85	0,65		
AG	17,21	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***
AD	17,18	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***
PAM	4,95	0,08		
PPM1	5,69	0,08		
PPM2	37,54	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü, Kocagöl- Peçenek	***
PYU2	28,29	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü, Kocagöl- Peçenek	***
KSP	5,61	0,06		
EUDY	2,76	0,25		
ATIÜ	0,54	0,76		
FKU	25,99	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü, Kocagöl- Peçenek	

Karakter	F	P	Populasyonlar	
			Tukey Post hoc test	
KYY	3,39	0,04	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	*
KFU	5,96	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***
İOM	8,06	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***
PDM	46,86	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü, Kocagöl- Peçenek	***
DYTU	1,64	0,20		
AYTU	1,38	0,25		
PYU1	1,38	0,25		
POKU	3,03	0,06		
SDPG	6,99	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***

Ayrıca kuyruk yüzgeci yüksekliği (KYY), kafa uzunluğu (KFU), interorbital mesafe (IOM), ağız genişliği (AG), ağız derinliği (AD), preorbital kemik uzunluğu (POKU) ve

5. serobranşiyal diş plağının genişliği (SDPG) Kocagöl ile Köyceğiz Gölü popülasyonları arasında farklılık göstermektedir (Çizelge 4.2).

İncelenen karakterler bazında popülasyonların istatistiksel açıdan anlamlı ve bağımsız gruplara işaret edip etmediği Temel Bileşenler Analizi (PCA) ve Diskriminant Analizi (DA) ile de sınanmıştır. PCA sonuçları, ilk üç bileşenin birlikte morfolojik karakterlerdeki toplam varyansın %63,29'unu açıkladığını göstermiştir. Bunlardan birinci bileşen tüm varyasyonun %36,21'ini, ikinci bileşen %16,72'sini, üçüncü bileşen ise %10,36'sını, açıkladığı belirlenmiştir (Çizelge 4.3, Şekil 4.2).



Şekil 4.2. *Coptodon zillii* popülasyonları morfolojik karakterleri için temel bileşenler analizinin üç boyutlu görüntüsü

Morfolojik karakterlerden KYY birinci (negatif ilişki) temel bileşen boyunca meydana gelen değişimleri açıklayan en önemli karakter olmuştur (Çizelge 4.3). Diğer karakterlerden EUDY, VY, KYY, ATIU, PYU1, PYU2 ikinci, VY, PAM ve EUDY üçüncü bileşen boyunca meydana gelen değişimleri açıklayan önemli parametreler olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Analize ait şekil (Şekil 4.2) incelendiğinde popülasyonlar arasında bir gruplaşmanın meydana gelmediği ve yoğun çakışmaların olduğu görülmektedir. Dolayısıyla PCA sonuçları üç popülasyondan elde edilen 170 birey için tek bir morfometrik grubu açıkça göstermektedir.

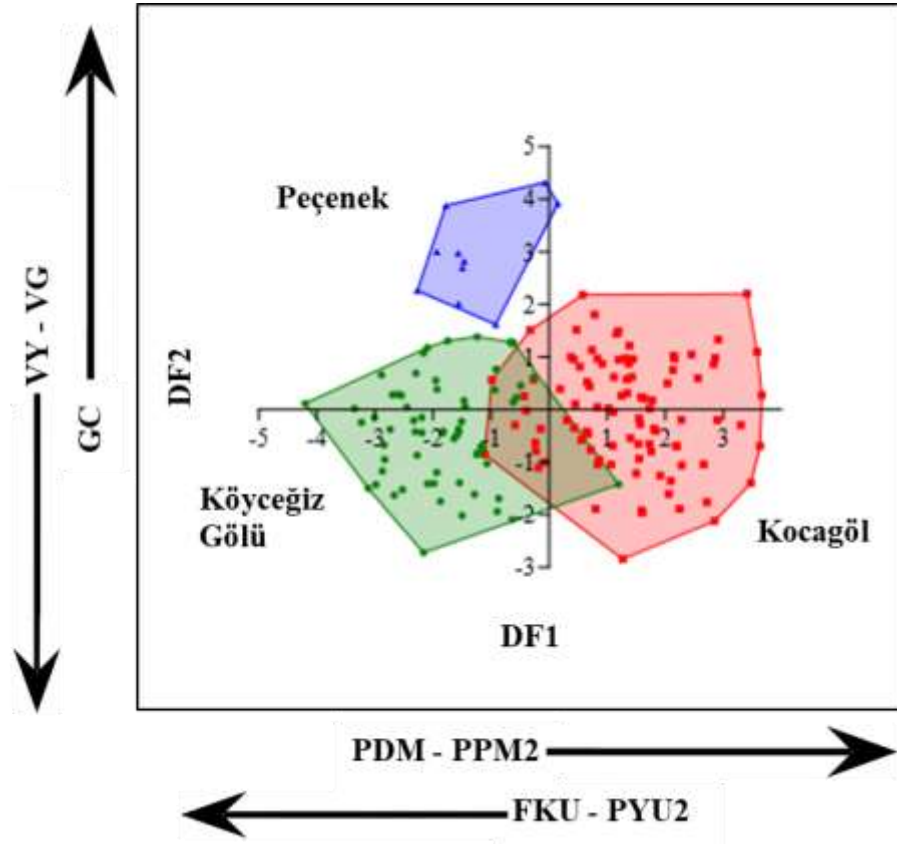
Gruplar arası varyansın grup içi varyansa oranını maksimize ederek grupları ayırmayı amaçlayan Diskriminant Analizi (DA) sonuçları PCA analizi ile kısmen uyumlu bulunmuştur. Diskriminant fonksiyon analizi, bireyleri orijinal popülasyonlarına göre %95,3 oranında doğru bir şekilde sınıflandırmıştır. Burada Köyceğiz Gölü % 96,9 ile en yüksek doğru sınıflandırma yüzdesine sahipken, onu %94,8 ile Kocagöl ve % 90 ile de Peçenek popülasyonu izlemiştir. Örnekleme yapılan popülasyonlar arasında çakışmaların olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.3). Örneğin, Kocagöl ve Köyceğiz Gölü (%5,2), Peçenek ve Köyceğiz Gölü (%10) arasında. DA sonuçları, bazı değişkenlere göre Peçenek popülasyonunun diğer iki popülasyondan daha izole olduğunu göstermektedir (Şekil 4.3).

Özdeğer ve Wilks'in Lambda değerleri incelendiğinde elde edilen fonksiyonların grupları istatistiksel olarak anlamlı şekilde ayırt ettiği görülmüştür (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.3. Morfolojik karakterler ile aksisler arasındaki inter-set korelasyonu ve PCA sonuçları

Değişkenler	PC1	PC2	PC3
Özdeğer	41,35	19,09	11,84
% varyans	36,21	16,72	10,36
Kümülatif varyans (%)	36,21	52,93	63,29
VY	-0,12	-0,42	0,69
VG	-0,09	-0,14	0,16
KSD	0,01	0,04	-0,03
KYY	-0,91	0,35	0,06
KFU	-0,06	-0,16	-0,06
KFD	-0,06	-0,09	-0,06
IOM	-0,03	-0,07	-0,01
GC	-0,02	-0,02	-0,05
BU	-0,04	-0,01	-0,04
AG	-0,01	-0,04	-0,02
AD	0,00	-0,05	-0,03
PDM	0,06	-0,21	0,07
PAM	-0,11	-0,17	0,29
PPM1	-0,07	-0,26	0,15
PPM2	0,00	-0,22	-0,02
DYTU	-0,07	-0,08	0,03
AYTU	-0,01	0,01	-0,09
PYU1	-0,11	-0,27	-0,18
PYU2	-0,16	-0,27	-0,23
KSP	-0,03	-0,08	0,01
EUDY	-0,18	-0,43	-0,46
ATIÜ	-0,15	-0,29	-0,25
POKU	-0,07	-0,06	-0,04
SDPG	-0,04	-0,08	0,01
FKU	-0,05	-0,07	-0,03

Kocagöl popülasyonu bireyleri, çoğunlukla 1. eksenin pozitif tarafında, 2. eksenin ise hem negatif hem de pozitif aralığında yayılış göstermiştir. Köyceğiz Gölü popülasyonu ise Kocagöl'ün tam tersi olarak 1. eksenin negatif tarafında, 2. eksenin ise her iki bölgesinde de yer almıştır. Peçenek ise 1. eksenin negatif, 2. eksenin pozitif tarafının oluşturduğu düzlemde bulunur.



Şekil 4.3. *Coptodon zillii* popülasyonlarının morfolojik karakterlerine dayalı DA analizi

DF1'in kanonikal korelasyon değeri 0,84, toplam varyansın %80,52'sini açıklamaktadır. DF2'nin korelasyon değeri ise 0,61 olup toplam varyansın %19,48'ini açıklamaktadır (Çizelge 4.4). DF1'in oluşmasında eldeki 25 değişken arasından sadece 3 (PDM, PPM2, FKU ve PYU2) değişkenin etkili olduğu görülmüştür. Analiz sonucunda elde edilen çizelgeye bakıldığında (Çizelge 4.5), DF1 üzerinde en fazla yük 0,48 değeri ile PDM değişkenine, en az yük ise 0,27 değeri ile PYU2 değişkenindedir. DF2'nin oluşması için ise GC, VY ve VG değişkenlerinin önemli olduğu görülmüştür (Çizelge 4.5).

Çizelge 4.4. Morfolojik karakterler temelinde DA analiz sonuçları kullanılarak gerçekleştirilen Özdeğer ve Wilks' Lambda testi

Fonksion	Özdeğer	Varyans (%)	Kümülatif varyans (%)	Kanonik Korelasyon	Wilks' Lamb.	Chi ²	f	p
DF1	2,39	80,52	80,52	0,84	0,18	64,44	2,00	0,00
DF2	0,55	19,48	100,00	0,61	0,61	5,88	5,00	0,00

Çizelge 4.5. DA analizinde morfolojik karakterler için standardize edilmiş ayırma katsayıları

Değişkenler	Fonksiyonlar	
	DF1	DF2
PDM	0,48	-0,05
PPM2	0,30	0,01
FKU	-0,29	0,05
PYU2	-0,27	0,06
AD	0,23	-0,01
İOM	0,20	-0,02
AG	0,18	-0,03
SDPG	-0,18	-0,09
KFU	0,17	-0,05
KYY	-0,13	-0,04
POKU	0,12	-0,01
EUDY	0,09	-0,03
DYTU	-0,09	0,07
BU	-0,09	-0,03
ATIÜ	-0,05	-0,02
KSP	0,05	0,04
KSD	0,05	0,03
VY	-0,15	-0,52
VG	0,07	-0,45
GC	-0,23	0,44
PAM	0,00	-0,22
AYTU	0,03	0,16
KFD	-0,12	0,15
PYU1	-0,14	-0,15
PPM1	0,09	-0,13

4.2. Meristik Veriler

Meristik karakterlerin tümü normal dağılım göstermediği için Kruskal-Wallis testi gerçekleştirilmiş ve bunun sonucunda sırt yüzgeci diken sayısı (SYDS) ile anal yüzgeç ışın sayısı (AYIS) karakterlerinin istasyonlar arasında farklılık göstermediği

belirlenmiştir (Çizelge 4.6). Fakat sırt yüzgeci ışın sayısı (SYIS) ve yanal çizgi boyunca pul sayısı (YCPS)'nin Kocagöl ve Köyceğiz Gölü populasyonları arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.6).

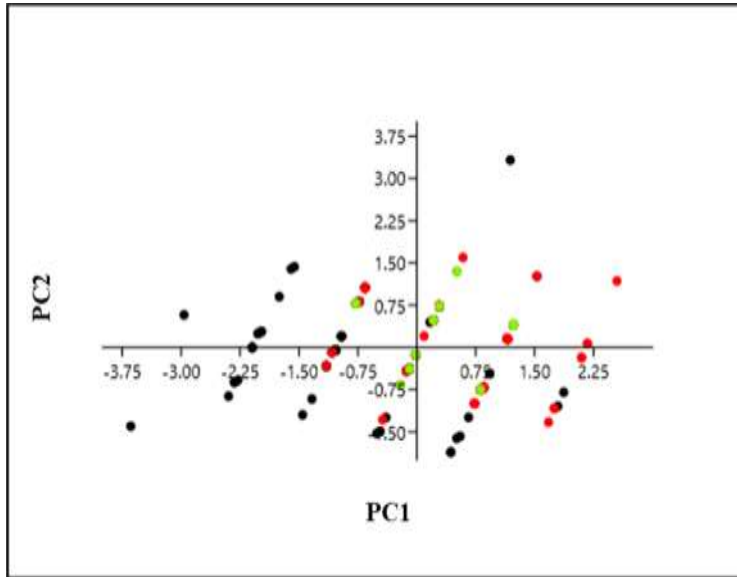
Çizelge 4.6. Üç istasyondan yakalanan *C. zillii* örneklerinin 6 meristik karakterin Kruskal-Wallis (Chi²) testi sonuçlarının özeti. Önem seviyeleri; * P < 0.05; ** P < 0.01; *** P < 0.001

Karakter	Chi ²	P	Populasyonlar	
			Dunn's Post hoc test	
SYIS	13,51	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***
SYDS	0,02	0,98		
AYIS	3,27	0,12		
YCPS	21,89	<0,001	Kocagöl - Köyceğiz Gölü	***
1SYDS	0,04	0,99		
AYDS	2,41	0,26		

Meristik karakterler için PCA analizi meydana gelen değişimin %65,72'sini açıklayan üç bileşen ortaya koymuştur. Birinci bileşen (PC1) verilerde meydana gelen değişimlerin %27,62'sini, ikinci bileşen %20,72'sini ve son değişken ise %17,33'ünü açıklamıştır. SYIS ve YCPS birinci bileşen, SYDS ve 1SYDS ikinci bileşen ve AYIS ise tek başına üçüncü bileşen boyuna meydana gelen değişimleri açıklayan en önemli karakterler olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.7, Şekil 4.4).

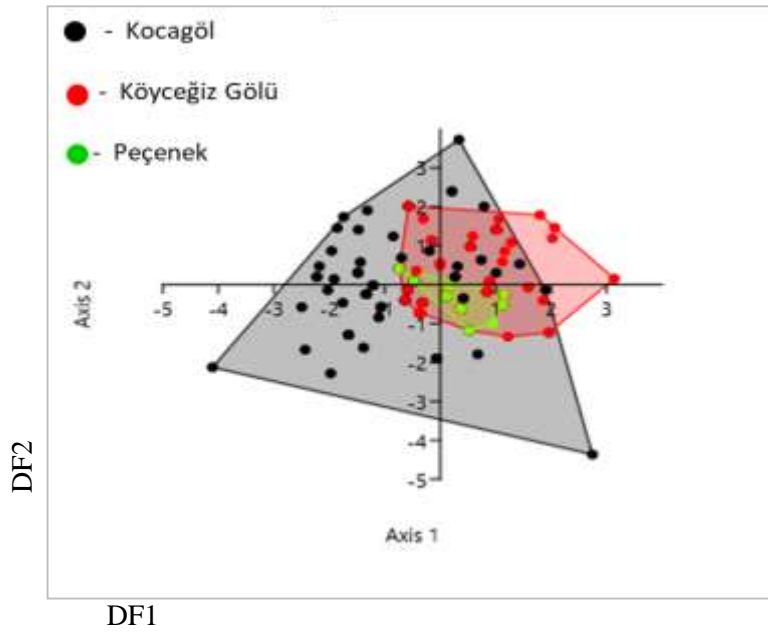
Çizelge 4.7. Meristik karakterler ile aksisler arasındaki inter-set korelasyonu ve PCA sonuçları (>0.60 önemli değerler olarak ifade edilmektedir)

Değişkenler	PC1	PC2	PC3
Özdeğer	1,660	1,243	1,040
% varyans	27,672	20,716	17,329
Kümülatif varyans (%)	27,672	48,389	65,718
SYIS	0,81	-0,24	0,16
SYDS	-0,57	0,68	0,22
AYIS	0,37	0,30	0,67
AYDS	0,30	0,31	0,39
YCPS	0,61	0,32	-0,39
1SYDS	0,28	0,66	-0,46



Şekil 4.4. *C. zillii* populasyonları meristik karakterleri için temel bileşenler analizi (PCA) (Siyah noktalar: Kocagöl, Kırmızı noktalar: Köyceğiz Gölü, Yeşil noktalar: Peçenek drenaj kanalı)

Özdeğer ve Wilks' Lambda değerleri incelendiğinde sadece 1. bileşen için grupları istatistiksel olarak anlamlı şekilde ayırt ettiği görülmüştür (Çizelge 4.4). DA analizi meristik karakterler bakımından üç populasyonun DF1 için anlamlı farklılıklar gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.5, Çizelge 4.8). DF1'in kanonik korelasyon değeri 0,47, toplam varyansın %96,6'sını açıklamaktadır. DF2'nin korelasyon değeri oldukça düşük olup, varyansa katkısı da çok düşüktür (Çizelge 4.8).



Şekil 4.5. *C. zillii* populasyonlarının meristik karakterlerine dayalı DA analizi

Çizelge 4.8. Meristik karakterler temelinde DA analiz sonuçları kullanılarak gerçekleştirilen Özdeğer ve Wilks'in lambda testi

Fonksion	Özdeğer	Varyans (%)	Kümülatif varyans (%)	Kanonik Korelasyon	Wilks' Lambda	Chi ²	f	p
DF1	0,29	6,63	96,63	0,47	0,77	3,13	2,00	0,00
DF2	0,01	3,37	100,00	0,10	0,99	1,6	5,00	0,90

DA1'in oluşmasında toplam 6 değişkenden sadece 2 değişkenin (SYIS ve YCPS) önemli olduğu görülmüştür (Çizelge 4.9). Sonuç olarak elde edilen fonksiyonların tüm grupları % 68,2 oranında doğru sınıflandırmıştır.

Çizelge 4.9. Meristik karakterler için standardize edilmiş ayırma katsayıları

Değişkenler	SYIS	SYDS	AYIS	AYDS	YCPS	1SYDS	
Fonksiyonlar	DF1	0,63	0,43	0,15	-0,09	0,75	0,09
	DF2	-0,53	-0,21	-0,18	0,00	0,11	0,85

4.2. Moleküler Veriler

4.2.1. mtDNA: D-loop

Coptodon populasyonlarına ait mtDNA D-loop geninin 472 bp'lik dizin analizinde, Muğla'da Köyceğiz Gölü için 38, Kocagöl için 53 ve Peçenek drenaj kanalı için 2 birey olmak üzere toplam da 93 bireye ait diziler kullanılmıştır.

Çalışılan türler için D-loop dizisinin 270/472'sinin korunmuş (% 27,20), 200/472'sinin değişken (% 42,37) ve 127/472'sinin (% 26,91) parsimonik bilgi verici olduğu belirlenmiştir. Polimorfik nükleotit pozisyonları için tek nokta mutasyon sayısı 70/472 (% 14,83) olarak belirlenmiştir.

Toplam 93 D-loop geni dizisinden oluşan matraste yapılan haplotip analizi sonucu, *Coptodon* populasyonlarında toplam 3 özgün haplotip belirlenmiştir. Bunlar sırasıyla; Köyceğiz Gölünde 2 (H₂-H₃), Kocagöl için 2 (H₂-H₃), Peçenek drenaj kanalı için 1 (H₁). Haplotip üç (H₃) en çok paylaşılan ve her iki gölde de dağılım gösteren haplotip olup (2019 ve 2020 yılları örneklerinde), analiz edilen tüm bireylerin % 78,5'in de mevcuttur. Haplotip iki (H₂) %19,35 dağılım oranı ile her iki gölden ve sadece 2020 yılında yakalanmış bireylerde görülmüştür. Haplotip bir (H₁) sadece Köyceğiz Gölüne bağlı olan Peçenek drenaj kanalından yakalanan bireylerde mevcut olup toplam örnek sayısı içinde %2,15 frekans değerine sahiptir.

4.2.2. Filogenetik Analizler

Örneklerden elde edilen özgün haplotip matrisi GenBank'tan indirilen *Coptodon* türlerinin dizileri ile birleştirilmiş ve sekanslar hizalanmıştır. Veri matrisini eşit uzunluğa getirmek için kesildiğinde veri setindeki bazı bilgi verici mutasyonlar kaybedileceğinden kısa diziler N ile tamamlanarak uzun dizilere eşitlenmiştir. Diziler hizalanmış sonrasında tekrar eden diziler (redundant taxa) elenmiş ve 68'i iç grup 5'i dış grup olmak üzere totalde 73 farklı haplotip elde edilmiştir.

Hazırlanan veri seti maksimum olasılık (maximum likelihood, ML) ve Bayes filogenetik (BF) yaklaşımı ile analiz edilmiştir. ML ve BF analizlerinin yapılması için öncelikli olarak dizilere en uygun baz değişim modelinin belirlenmesi amaçlanmış ve veri setine uygulanan MODELTEST v.3.6 programı ile GTR+I+G (-lnL) modeli belirlenmiştir. Önerilen model doğrultusunda RAxML v.8.0.9 programı kullanılarak ML ve MrBayes v.3.1 kullanılarak BI filogenetik analizleri yapılmıştır.

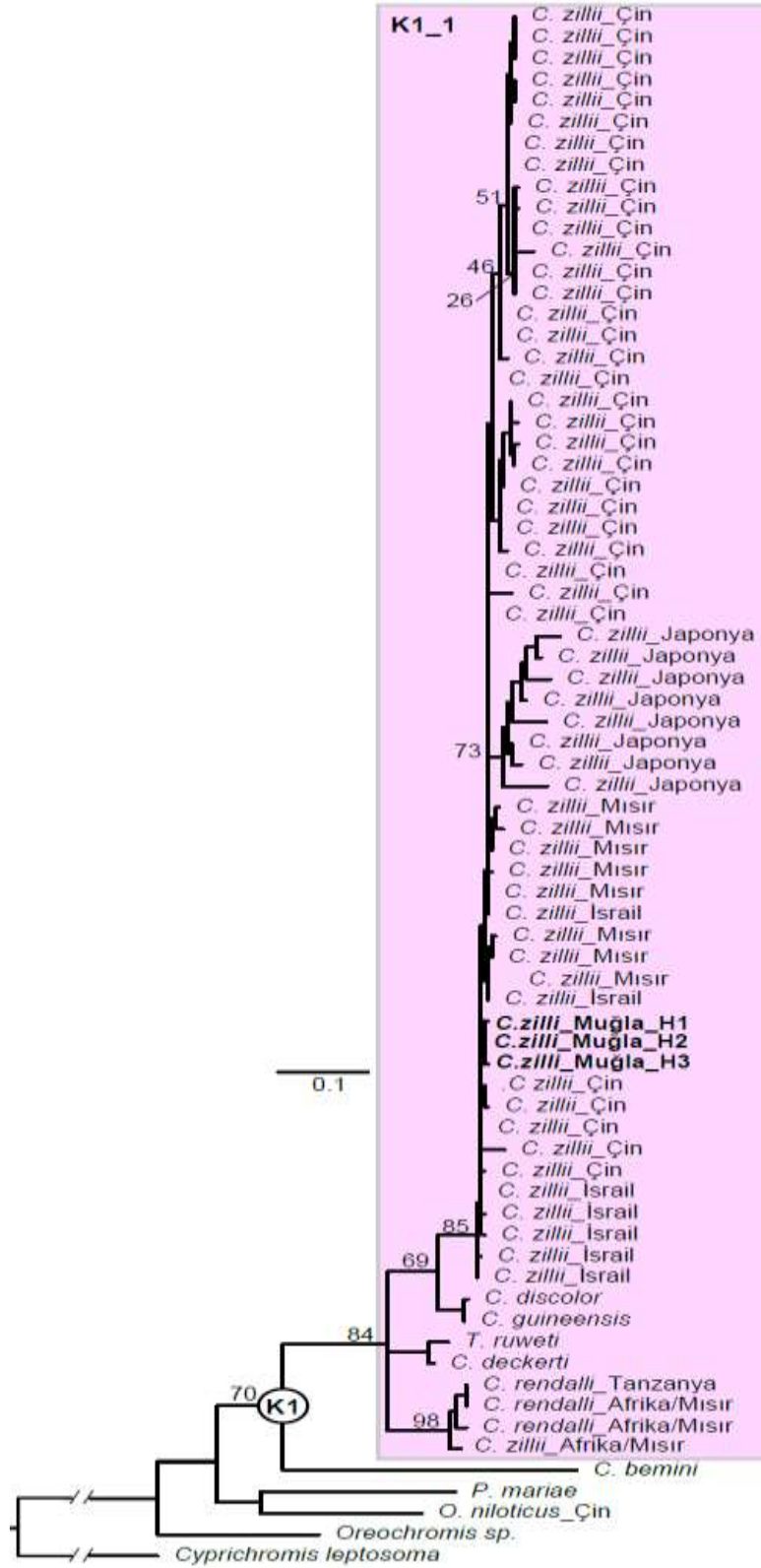
Her bir veri setinin BF ve ML filogenetik ağaçlarının topolojisi kısmen farklı çıkmıştır. Bu nedenle, Şekil 4.6 ve 4.7'de verilen D-loop BF analizlerinden elde edilen ağacın son olasılık (SO) değerleri ile birlikte verilmiş ve ML seç-bağla (SB) destek değerleri yanına eklenmiştir. Dış grupların yerleşimi ise her iki ağaçta farklılık göstermektedir. ML ağacında *Cyprichromis leptosoma*, *Oreochromis sp.*, *Oreochromis niloticus*, *Pelmatolapia mariae* iç gruptan farklı bir dallanma gösterirken *Tilapia ruweti*, *Coptodon* cinsi iç kladları içerisinde yer almıştır. BF ağacında ise *Cyprichromis leptosoma*, *Oreochromis sp.*, *Oreochromis niloticus*, *Pelmatolapia mariae*'nin *Coptodon bemini* ile, *Tilapia ruweti*'nin ise *Coptodon deckerti* ile aynı bazalda yer aldığı görülmektedir (Şekil 4.6 ve 4.7).

Veri setine uygulanan ML analizi *Coptodon* cinsine ait türlerden edinilen iç grup haplotiplerinin monofilisini 70 bootstrap destek değeri ile desteklemiştir (Şekil 4.6). *Coptodon bemini* bu haplotipleri içeren K1 kladından bazal dal olarak ayrılmaktadır. Kalan haplotiplerin monofilisi 84 bootstrap destek değeri ile desteklenmiştir. Sonraki basamakta 3 alt kladlık bir trikotomi görülmektedir: Birincisi, *C. rendalli* (1 Tanzania+

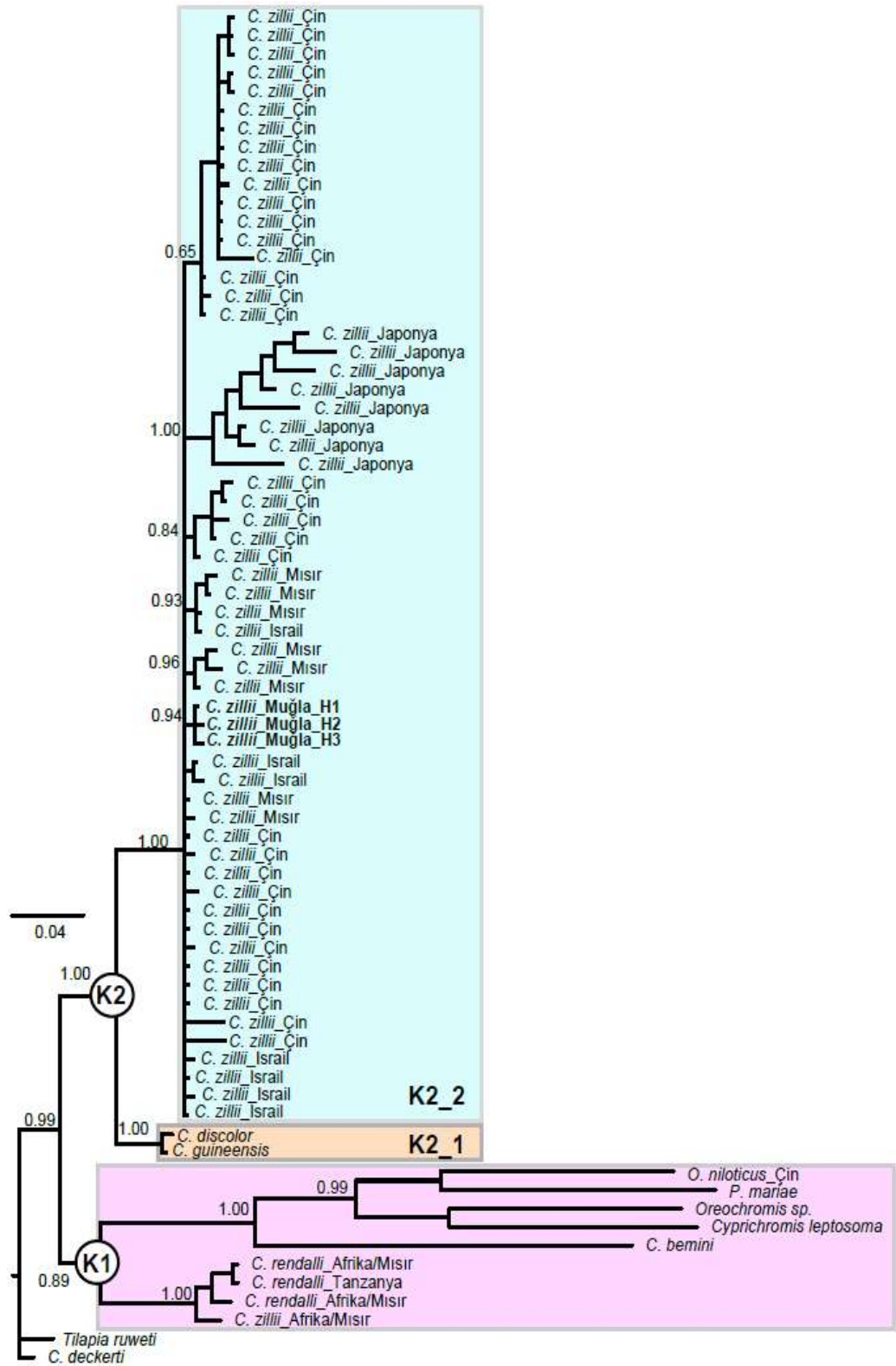
2 Mısır haplotipi) + *C. zillii* (1 Mısır haplotipi) akrabalık ilişkisi ile yüksek SB ve SO değerlerine sahiptir. İkinci alt klad, *Tilapia ruweti* + *C. deckerti* topolojisine sahiptir. Son basamakta dikotomi görülmüş ve bunun sonucunda oluşan iki altklad, kalan tüm 62 haplotipi içermektedir (Şekil 4.6). *C. discolor* + *C. guinensis* alt kladı diğer tüm haplotipleri içeren altklada kardeş grup olarak şekillenmektedir. En son altklad ise 60 haplotipten meydana gelen, 85 destek değeri almış ve tamamen *C. zillii*' ye ait haplotiplerden oluşmaktadır. Bu altkladın içerisindeki haplotiplerin ilişkisi büyük oranda çözülmemiştir, ancak ayırt edilebilir iç kladlar vardır. Bunlardan biri 73 bootstrap desteği alan ve 8 haplotipten oluşan *C. zilli* Japonya kladıdır. Çin, Mısır ve İsrail *C. zilli*'lerine ait haplotipler farklı kladlara dağılmıştır. Çalışma materyalimizde elde edilen 3 haplotip (*C. zillii* Muğla), *C. zillii* kladı içerisindeki politomik dallardan biri olarak monofletik bir klad oluşturmuştur (Şekil 4.6).

Bayes analizinden elde edilen filogenetik ağaç ML ağacından kısmen farklı bir topoloji ile sonuçlanmıştır (Şekil 4.7). Bayes ağacı *Coptodon zillii*'nin monofilisini desteklememiştir. BI ağacı bazal trikotomiye sahiptir: Bu trikotominin ilk dalını *Coptodon deckerti*, ikinci dalını *Tilapia ruweti* oluşturmuştur. Üçüncü dal 0,99 son olasılık destek değeri ile kalan tüm haplotipleri içermekte ve K1 ve K2 ile gösterilen iki ana klada ayrılmaktadır. K1 kladı dikotomi oluşturmuştur. Bunlardan ilki, tam 1,00 son olasılık destek değerine sahiptir. *Oreochromis niloticus* (1 Çin) + *Pelmatopia mariae* + *Oreochromis* sp. + *Cyprichromis leptesoma* + *Coptodon bemini* içeren klad diğer haplotipleri içeren klada kardeş grup olarak oluşmuştur. Bu kardeş grup *C. rendalli* (2 Mısır, 1 Tanzanya) ve *C. zillii* (1 Mısır) haplotiplerini içermekte ve 0,89 son olasılık destek değerine sahiptir. Diğer son klad olan K2 ise iki altklada (K2_1, K2_2) ayrılır. K2_1 *C. discolor* + *C. guinensis*, K2_2 kladı ise 1,00 son olasılık destek değeri ile 25 dallık bir politomiye sahip olup, kalan tüm *C. zillii* haplotiplerini içerir. K2_2 kladı da bazı iç kladlar içermektedir. Bunlar: 17 Çin haplotipi + 8 Japonya haplotipi + 5 Çin haplotipi + 7 Mısır haplotipi + 2 İsrail haplotipi + 3 Türkiye haplotipi + kalan İsrail, Çin ve Mısır haplotipleri birden fazla dal oluşturmuştur. Türkiyeden toplanan örneklerimiz *Coptodon zillii* kladı içerisindeki 25 politomik daldan bir tanesini oluşturmuştur (Şekil 4.7). Çalışılan 93 örnek içerisinde sadece 3 farklı haplotip saptandığından ve bu

haplatipler birbirlerinden tek baz ile farklı olduklarından genetik çeşitlilik parametreleri hesaplanmamıştır.



Şekil 4.6. D-loop veri seti ile ML analizinden elde edilen filogenetik ağaç



Şekil 4.7. D-loop veri seti ile BI analizinden elde edilen filogenetik ağaç

5. TARTIŞMA

5.1. *C. zillii*'nin genetik tanısı ve filogenisi

Saptanan 3 özgün haplotip *C.zillii* içinde bir klad oluşturduğundan Kocagöl, Köyceğiz Gölü ve Peçenek drenaj kanalında tek türün var olduğu ve bunun da *C.zillii* olduğunu göstermektedir. Ancak bu üç haplotiplik klad *C.zillii* kladı içinde bağımsız bir alt klad oluşturmaktadır. Bu alt klad başka herhangi bir klad veya coğrafyaya özgü haplotiplerle birlikte monofletik bir grup oluşturmamaktadır. Bu nedenle Kocagöl, Köyceğiz Gölü ve Peçenekteki *C.zillii* populasyonlarının kökenini saptamak olası olmamıştır. Her ne kadar Kocagöl, Köyceğiz Gölü ve Peçenek drenaj kanalını istila eden köken populasyon saptanamamış ise de bu suların tek seferde istila edildiğine işaret etmektedir. Çünkü, 93 örnekten sadece üç haplotip saptanmıştır, bu üç haplotip sadece birer baz ile farklıdır ve bu üç haplotip monofletik bir grup oluşturmaktadır. Bu saptamalar populasyon genetiği prensipleri ile uyumludur (Hedrick 2004). Başka bir ifade ile söylenecek olursa Kocagöl, Köyceğiz Gölü ve Peçenek drenaj kanallarında var olan günümüz populasyonu az sayıda bireyden oluşan bir kurucu populasyon tarafından istila edilmiş ve bu nedenle genetik çeşitlilikleri de düşüktür (Herron ve Freeman 2007). Kocagöl, Köyceğiz gölü ve Peçenek drenaj kanalındaki *C.zillii* populasyonunun genetik çeşitliliği düşük ise de üç farklı haplotipin saptanması, haplotipleri ayıran tek bazlık mutasyonların istila sonrasında oluştuğuna işaret ettiği söylenebilir. Şöyle ki H1 haplotipi sadece iki peçenek bireyinde saptanmış ve diğer iki göl sisteminden (Kocagöl ve Köyceğiz gölü) herhangi bir bireyde saptanmamıştır. Bu nedenle H1'i farklı kılan 3. baz pozisyonundaki mutasyonun Peçenek popülasyonunda oluştuğu söylenebilir. Diğer iki haplotip olan H2 ve H3 hem Kocagöl hem de Köyceğiz Gölü'nde saptanmış ve tek baz ile farklıdırlar. Bu nedenle bu mutasyonun bu göllerden birinde oluştuğunu söylemek olasıdır. Atasal haplotipin hangisi olduğu bağlamında iki senaryo olasıdır. İlki her ne kadar kesin bir kanıt yok ise de H3 frekansının daha yüksek olması (73/93) H2 frekansının daha düşük olması (18/93) nedeniyle H3'ün atasal olma olasılığı daha yüksektir. Ancak, H1 ve H2 dizinin ikinci pozisyonunda A taşırken H3'ün C taşıması ve H1 ve H3 dizinin üçüncü pozisyonunda T taşırken H2'nin C taşıması H3'ün atasal olma olasılığına zıt bir durum oluşturmaktadır. Bu durumda ikinci senaryo olarak atasal haplotipin H1 olma

olasılığı akla gelir. Ancak, daha fazla genetik veri edinildiğinde atasal haplotip için karar verilebilir. İkinci varsayım doğru kabul edildiğinde H3 haplotipinin frekansının genetik sürüklenme ile arttığı olasılığı akla gelir.

5.2. C. zillii populasyonlarının morfolojik varyasyonu

Morfolojik analizler öncelikle farklı populasyona ait bireyleri ilk olarak boy ve ağırlıklarına göre ayırmıştır. Köyceğiz Gölü populasyonu ortalama 69,95gr ağırlıkla ve 112,87 mm standart boyuyla en büyük bireylere sahipken, Kocagöl'den alınan bireylerin ise 48,82 gr ağırlığa ve 108,04 mm boya sahip oldukları belirlenmiştir. En küçük boy (90,82mm) ve ağırlığa (31,61gr) sahip bireyler ise Peçenek populasyonundan örneklenmiştir. Gözlemlenen bu farklılıkların kısmen insan eliyle yapılmış örnekleme metodunu yansıtmaktadır, fakat farklı lokalite'lerdeki balık boyu ve ağırlıklarındaki gerçek farklılıkları tamamıyla yansıtmayabilir. Bu türün vücut büyüklüğü ile ilgili literatür bilgileri bizim bulgularımızla benzer sonuçlar göstermiştir (Khaefi vd. 2014; Çoban 2018; Adedeji vd. 2019).

Çoban (2018)'in C. zillii için yaptığı çalışmasında rapor ettiği yaş dağılımları incelendiğinde üç populasyon genelinde yakaladığımız bireylerin I ila IV yaş arasında dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Bireylerin %15,88'i I yaş, %34,71'i II yaş ve %24,12'si ise III ve %25,29'u IV yaş aralığında olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmada balık bireylerinin yaşları hesaplanmadığı için daha önceki konu ile ilgili yapılmış literatür verilerinden elde edilen boy – yaş ilişkisinden tahmin edilmiştir. Çalıştığımız üç populasyon genelinde tüm yaşlardaki bireylerin oranı birbirine yakın bulunmuştur. Diğer bir yandan çalışma alanımızdan küçük boylu (<40mm), büyük olasılıkla 0 yaş grubunu temsil edecek örnekler (yaklaşık 80 adet, Emre vd. 2020) yakalanmış fakat morfolojik analizlere dâhil edilmemişlerdir. Benzer durum Çoban (2018)'in 2016-2017 yılları arasında Köyceğiz Gölü'nde yaptığı çalışmadan da elde edilmiş, C. zillii bireyinin %53,72'sinin 0 yaş bireylerden oluştuğu ve büyüyen bir populasyon özelliği sergilediğini rapor etmiştir.

Wilk's Lambda testi çalışılan populasyonlar arasında gözlemlenen morfolojik ve meristik farklılıkların, istatistiksel olarak anlamlı olduğunu göstermiş olsa da (Çizelge

4.4), PCA, tüm örneklerin birlikte gruplandığını ortaya çıkarmıştır. Sonuçlarımız baş, vücut ve yüzgeç morfometrisinde ki varyasyondan kaynaklanan Cichlid'ler için bildirilenlerden farklılık göstermiştir (Ezeafulukwe vd. 2015; Fagbuaro vd. 2015; Akinrotimi vd. 2018). Bunların aksine belirlediğimiz bulgulara benzer sonuçlar Adedeji vd. (2019) çalışmasında da rapor edilmiştir.

DA analizinin sonuçları, PCA ya benzer olsa da Peçenek popülasyonunu büyük oranda Kocagöl'den kısmen Köyceğiz Gölü popülasyonundan ayırt edebilmiştir. Peçenek popülasyonundaki bireyler daha büyük göz çapına sahip olması bakımından diğer popülasyonların bireylerinden ayrılmaktadır. Peçenek kanalının suyu yoğun evsel (kanalizasyon ve çöpler) atıklardan oluşan kirlilik ve zemindeki balçık nedeniyle tüm yıl boyunca sürekli ve oldukça bulanıktır (Emre vd. 2020). Peçenek popülasyonundaki bireylerin büyük göz çapına sahip olması görme kabiliyetini arttırmakta buda muhtemelen avları görsel olarak tanımlama ve yakalama yeteneklerini kolaylaştırmaktadır. Düşük ışık yoğunluğu, yüksek bulanıklık nedeniyle balık gözünün gelişimini etkileyebilmektedir (Masuda ve Tsokamoto 1996). Jawad vd. (2018), *C. zillii* ve *O. aureus* için bu olguyu destekleyecek kanıtlar ortaya atmışlar ve ışık yoğunluğunun bir fonksiyonu olarak gözde bazı morfolojik değişikliklerin (göz çapında artış) meydana geldiğini belirlemişlerdir. Bu sonuçlar, *C. zillii* gibi yerli olmayan balıkların büyük gözlerinin onları antropojenik olarak değiştirilmiş sistemlerde bile üstün avcılar ve rakipler haline getirdiğini göstermektedir (Moran vd. 2018).

Hem PCA hemde DA analiz sonuçları her iki göl popülasyonlarının benzer morfometrik karakterler sergilediklerini ortaya koymuştur. Dolayısıyla göller arasında herhangi bir morfolojik farklılıktan bahsetmek söz konusu değildir. Benzer şekilde genetik verilerden elde edilen sonuçlar morfolojik analizler ile tutarlı bulunmuştur, buda bize aynı kaynak popülasyonuna ait bireylerin yakın zamanda ve tek seferde her iki göle aşılınmış olduklarını ifade etmektedir.

Ortalamaya bağlı olarak varyasyonu ifade eden varyasyon katsayıları (CV%) veya ilgili istatistikler, morfolojik karakter bakımından popülasyon içi varyasyonu ölçmek ve karşılaştırmak için kullanılmaktadır (Roscher vd. 2018; Acasuso-Rivero vd. 2019; Pélabon vd. 2020). Özellikle aynı çevresel koşullar altında bulunan istilacı türlerin

fenotipik esnekliđinin karřılařtırılmasında da kullanılmıřtır (Davidson vd. 2011; Palacio-López ve Gianoli 2011). Edwinthangam vd. (2015) Cypriniformes balıkları için yaptıđı alıřmada %1 ile %12 arasındaki CV deđerlerini dūřuk varyasyon deđerleri olarak rapor etmiřtir. Buna gre, bu alıřmada her karakterin standartlařtırılmıř deđerleri için hesaplanan CV% deđerleri, zellikle Kyceđiz (KYY) ve Peenek (VG) istasyonlarında populasyon iinde tek bir karakter dıřında varyasyon gstermediklerini ortaya koymuřtur. Aynı řekilde Kocagl populasyonu iinde KYY gibi BU, AD, ATIU, EUDY karakterlerinde farklılık gsterdikleri tespit edilmiřtir. Kocagl ve Kyceđiz Glnde bireyler iki farklı mikro-habitattan yakalanmıřtır (aık gl alanından ve gln su ii vejetasyonun yođun olduđu kıyı alanından). Populasyon ii morfometrik varyasyonlar yayılıř gsterdikleri mikro-habitatlara bađlı olarak beslenme ve/veya avcılardan kamak iin farklı manevra kabiliyeti sunmalarından kaynaklandıđı dūřnlmektedir (Feilich, 2016).

6. SONUÇLAR

Özel Çevre Koruma Bölgesi olarak ilan edilmiş olan Köyceğiz Gölü ve Kocagöl sulak alanlarının sahip olduğu biyolojik çeşitlilik, geniş çapta ekosistem hizmetlerine taban oluşturmaktadır. Fakat uzun yıllar önce bu iki göle Cichlidae familyasına ait tür veya türlerin aşılandığı fakat tam olarak hangi türlerin, ne zaman ve nasıl getirildikleri bilinmemektedir. Dolayısıyla hakkında oldukça az bilgi sahibi olduğumuz ve özellikle yerel biyoçeşitlilik için tehdit oluşturma potansiyeli olan bir istilacı balık cinsinin içerdiği tür/türlerin genetik veriler ile tanımlanması, moleküler filogenetik yapılarının ve fenotipik farklılıklarının ortaya çıkarılmasının amaçlandığı bu tez çalışmasından aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir.

Bu çalışmadan elde edilen genetik ve morfolojik veriler şu çıkarsamalarda bulunmamıza olanak vermektedir: (i) Kocagöl, Köyceğiz gölü ve Peçenek su sistemleri tek tür *C.zillii* tarafından istila edilmiştir ve bugün bu su sistemlerinde tek tür bulunmaktadır, (ii) Bu su sistemleri tek kurucu popülasyon tarafından oluşturulmuştur, (iii) yakın zamanda istila olduğundan henüz bir genetik çeşitlilik biriktirme zamanı olmamıştır, (iv) böyle olsa da, Peçenek su sistemi kısmi veya küçük bir farklılaşma göstermiştir ve bu sonuçlar morfometrik analizler ile de uyumlu bulunmuştur, (v) popülasyonlar arasında morfometrik farklılık olmamasına karşın popülasyon içinde farklılıklar mevcuttur, (vi) daha net veriler daha fazla genle ve geometrik morfometrik yöntem ile çalışmayı gerektirmektedir.

7. KAYNAKLAR

- Acasuso-Rivero, C., Murren, C.J., Schlichting, C.D. and Steiner, U.K. 2019. Adaptive phenotypic plasticity for life-history and less fitness-related traits. Proc. R. Soc. B 286.
- Adedeji, H.A., Thomas, A.I., Lucky, U.O., Olukayode, A.S. 2019. Comparative morphometric and meristic characteristics of redbelly tilapia, *Coptodon zillii* (Gervais, 1848) populations from some major water bodies in Nigeria. Intl. J. of Fish and Aqua. Res.4(3): 23-27
- Akın, S., Buhan, E., Wenemiller, K.O. and Yılmaz, H. 2005. Fish assemblage structure of Koycegiz Lagoon Estuary, Turkey: spatial and temporal distribution patterns in relation to environmental variation. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 64: 671- 684.
- Akinrotimi, O.A. and Ukwe, O. 2018. Morphometric characters and meristic counts of black chin tilapia (sarotherodon page 7 of 8 melanotheron) from Buguma, Ogbakiri and Elechi Creeks, Rivers State, Nigeria. Int. J. Poul. Fish Sci. 2(1):1-8.
- Altun, T., Tekelioğlu, N., Danabaş, D. 2006. Tilapia Culture and Its Problems in Turkey. Su Ürünleri Dergisi, 23(3): 473 – 478.
- Anonim 1. <https://livingplanetindex.org/home/index>. [Son erişim tarihi: 10.01.2022]
- Anonim 2. <http://www.wikipedia.org>. [Son erişim tarihi: 21.12.2021]
- Anonim 3. <https://www.nhm.uio.no/english/research/infrastructure/past> [Son erişim tarihi: 23.12.2021]
- Balık, S., Ustaoglu, M. R., Sarı, H. M., İlhan, A. İ., Topkara, E. T. 2005. Yuvarlakçay (Köyceğiz, Muğla)'ın balık faunası, E.Ü. Su Ürünleri Dergisi, 22 (1-2). 221-223.
- Barlow, G. 2000. The cichlid fishes: the nature's grand experiment in evolution. Persuus publishing Cambridge, Massachusetts.
- Boussou, C.K., Konan, F.K., Edia, O.E., Ouattara, M., Bony, Y.K., Ouattara, A., Gourene, G. 2010. Morphometric analysis of populations of *Chromidotilapia guntheri* (Sauvage, 1882) (*Cichlidae, perciformes*) in four coastal rivers of Côte d'Ivoire(West Africa). Pan-American Journal of Aquatic Sciences, 5: 387–400.
- Britton, J.R., Gozlan, R.E. 2013. How many founders for a biological invasion? Predicting introduction outcomes from propagule pressure. Ecology, volume 94 issue 11 2558-2566
- Çalışkan, M. ve Yerli, S.V. 1999. Organochlorine Pesticide Residues In Aquatic Organisms From Köyceğiz Lagoon System, Turkey. Water, Air, and Soil Pollution 121: 1–9.
- Chakrabarty, P. 2005. Testing conjectures about morphological diversity in cichlids of Lakes Malawi and Tanganyika Copeia 2: 359–373.

- Çiçek, E. ve Sungur, S. 2020. Sultan sazlığı balık faunası ve Seyhan havzasından giriş yapan balık türlerinin çeşitlilik ve korunması üzerine etkileri. <http://acikerisim.nevsehir.edu.tr/handle/20.500.11787/3283>
- Çiçek, E. 2021. Türkiye’deki egzotik tilapya türlerinin mevcut durumu. Ege Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 38(1): 111-116.
- Çoban, G. 2018. Köyceğiz Gölü’ndeki istilacı balık türü *Coptodon zillii* (Gervais, 1848)’nin yaşam döngüsü özelliklerinin incelenmesi. Yüksek lisans tezi, Düzce Üniversitesi, Düzce
- Darriba, D., Taboada, G., Doallo, R. and Posado D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nat Methods 9, 772. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2109>.
- Davidson, A.M., Jennions, M.D. and Nicotra, A.B. 2011. Do invasive species show higher phenotypic plasticity than native species and, if so, is it adaptive? A meta-analysis. Ecology Letters 14(4): 419-31
- Dudgeon et. al. 2006. Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. Biological Reviews 81: 163–182.
- Dunz, A.R. and Schliewen, U.K. 2013. Molecular phylogeny and revised classification of the haplotilapiine cichlid fishes formerly referred to as "*Tilapia*". Mol. Phylogenet. Evol. 68(1): 64-80.
- Edwinthangam, P., Sabaridasan, A., Palanikani, R., Divya Sapphire, M. and Soranam, R. 2015. Morphometric variation studies on Cypriniformes fish of *Devario aequipinnatus* from selected rivers/streams of the Southern Western Ghats, Tamil Nadu, India. International Research Journal of Environment Sciences, 4(10): 77-86.
- Ekmekçi, F.G., Kırankaya, Ş.G., Gençoğlu, L. ve Yoğurtçuoğlu, B. 2013. Türkiye içsularındaki istilacı balıkların güncel durumu ve istilanın etkileri. İstanbul Üniv. Su Ürünleri Dergisi 28: 105-140.
- Emre, Y., Akın, Ş., Kaymak, N., Emre, N. ve Toslak, C. 2020. Yabancı Balık Türlerinin İstilacılık Özelliklerini Tetikleyen Faktörlerin ve Olası Ekolojik Etkilerin Araştırılması. Akdeniz Üniversitesi BAP Projesi Raporu, FBA-2018-4171 (yayınlanmamış), Antalya.
- Elliott, N.G., Haskard, K. and Koslow, J.A. 1995. Morphometric analysis of orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*) off the continental slope of southern Australia. Journal of Fish Biology, 46: 202-220.
- Esmaeili, H.R., Teimori, A., Owfi, F., Abbasi, K., Coad, B.W. 2014. Alien and invasive freshwater fish species in Iran: Diversity, environmental impacts and management. Iranian Journal of Ichthyology 1(2): 62-72.
- Et, A., Akaahan, T.J. and Akogwu, S.A. 2017. Variation in the Morphometry Measurements of Two Tilapia Fish Species in Relation to Their Body Weight Obtained from Lower Benue River at Makurdi, Benue State Nigeria. Fish Aqua J 8: 208.

- Ezeafulukwe, C.F, Njoku, D.C., Ekeledo, C.B. and Adaka, G.S. 2015. Morphometric characteristics of selected cichlid fishes from two aquatic environments in Imo State. Nigeria. *Inter J Vet Sci*, 4(3): 131-135.
- Fagbuaro, O. 2015. Morphometric characteristics and meristic traits of *Tilapia zillii* from three major dams of a Southwestern State. Nigeria. *J. Biological Sciences*. 8(1):1-7.
- Feilich, K.L., 2016. Correlated evolution of body and fin morphology in the cichlid fishes. *Evolution International Journal of Organic Evolution*, 70:10
- Felsenstein, J. 1985. Confidence Limits on Phylogenies: An Approach Using The Bootstrap. *Evolution*, 39: 783-791.
- Frankham, R. 2005. Genetics and extinction. *Biol. Conserv.* 126: 131-140
- Froese, R. and Pauly, D. 2019. FishBase. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, (12/2021).
- Gozlan, R.E., Britton, J.R., Cowx, I. and Copp, G.H. 2010. Current knowledge on non-native freshwater fish introductions. *Journal of fish biology*. 76(4): 751-786
- Gu, D.E., Mu, X.D., Xu, M., Luo, D., Wei, H., Li, Y.Y., Zhu, Y.J., Luo, J.R., Hu, J.R. 2016. Identification of wild tilapia species in the main rivers of south China using mitochondrial control region sequence and morphology. *Biochemical Systematics and Ecology*, 65:100-107.
- Gürlek, M. ve Turan, C. 2005. Çukurova ve Hatay Bölgelerinde Bulunan Tilapia (Cichlidae) Türlerinin Morfolojik Farklılıkları. *E.U. Journal of Fisheries & Aquatic Sciences*, 23 (1/2): 227-231.
- Hufbauer, R.A. 2004. Population genetics of invasions: can we link neutral markers to management?. *Weed Technol.* 18: 1522-1527
- He, Y.S., Lin, X.T., Sun, J. and Zhang, P.F., 2013. Study of individual fecundity of *Tilapia zillii* in the dongjiang river. *Ecol. Science* 32: 57-62.
- Hedrick, P.W. and Kalinowski, S.T. 2000. Inbreeding depression in conservation biology. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 31: 139-162
- Herron, J.C. and Freeman, S. 2007. *Evolutionary Analysis*. Pearson Prentice Hall, 834.
- Innal, D. and Erk'akan, F. 2006. Effects of exotic and translocated fish species in the inland waters of Turkey. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 16: 39-50.
- Innal, D. and Sungur, S. 2019. First Record of Non-Indigenous Fish *Hemichromis letourneuxi* (Cichlidae) From Pınarbaşı Creek. Burdur, Turkey. *Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 10 (1), pp. 90-94.
- Jawad, A., Fawziah, Sh.H., Al-Mukhta, M.A 2018. Morphometric and Meristic Characters of Two Cichlids, *Coptodon zillii* and *Oreochromis aureus* Collected from Shatt al-Arab River, Basrah, Iraq. *International Journal of Marine Science*, 8(2): 12-24

- Kavembe, G.D. 2015. Evolution of Fish in Extreme Environments: Insights from the Magadi tilapia (*Alcolapia grahmi*). PhD Thesis, University of Konstanz.
- Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S., Duran, C. 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12): 1647–1649.
- Keller, L.F. and Waller, D.M. 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends Ecol. Evol.* 17: 230-241
- Keskin, E., Tarkan, A.S. ve Atar, H.H. 2018. Türkiye İçin Mevcut ve Potansiyel Yabancı Tatlısu Balıklarına Yönelik Ulusal İzleme ve Erken Uyarı Sisteminin Oluşturulması: Hedef Türlerin Geleneksel ve Moleküler Yöntemler Kullanılarak Tespiti, Risk Analizlerinin Yapılması ve Web Tabanlı Veri Tabanı Oluşturulması. (Report No: 115Y181), Ankara.
- Kide et. al. 2016. Cichlids of the Banc d'Arguin National Park, Mauritania: insight into the diversity of the genus *Coptodon*. *Journal of fish Biology*, 88(4): 1369-1393
- Khaefi, R., Esmaeili, H.R., Zarejan, H. 2014. The first record of the redbelly tilapia, *Tilapia zillii* (Gervais, 1848), in freshwaters of Iran. *Turkish Journal of Zoology* 38(1): 96-98
- Kocher, T.D. 2004. Adaptive evolution and explosive speciation: the cichlid fish model. *Nature, Reviews Genetics* 5: 288–298
- Kolar, C.S. and Lodge, D.M. 2001. Progress in invasion biology: Predicting invaders. *Trends in Ecology & Evolution* 16(4):199-204
- Kumar, S., Stecher, G. and Tamura, K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DNASP V5: A Software for Comprehensive Analysis of DNA Polymorphism Data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452
- Linders et al. 2019. Direct and indirect effects of invasive species: biodiversity loss is a major mechanism by which an invasive tree affects ecosystem functioning. *Journal of Ecology*, 107: 2660–2672.
- Lockwood et al. 2005. The role of propagule pressure in explaining species invasions. *Trends Ecol. Evol.* 20: 223-228
- Lorenz, O.T., Smith, P., Coghill, L. 2014. Condition and morphometric changes in tilapia (*Oreochromis sp.*) after an eradication attempt in Southern Louisiana. *NeoBiota* 20: 49–59.
- Masuda R. and Tsokamoto K. 1996. Morphological development in relation to phototaxis and rheotaxis in the striped jack, *Pseudocaranx dentex*, *Marine and Freshwater Behaviour and Physiology*, 28: 75-90.

- Mergeay et al. 2006. Invasion of an asexual American water flea clone throughout Africa and rapid displacement of a native sibling species. *Proc. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 273: 2839-2844
- Moran, C.J., Ward, D.L., Gibb, A.C. 2018. Key Morphological Features Favor the Success of Nonnative Fish Species under Reduced Turbidity Conditions in the Lower Colorado River Basin. *Transactions of the American Fisheries Society*, 147(5) pp 948-958.
- Mwanja, M., Ondhoro, C., Sserwada, M., Achieng, P., Ddungu, R., Mwanja, W. 2016. Morphological variation of Nile tilapia populations from major water bodies of Uganda. *Uganda Journal of Agricultural Sciences*, 17(1): 21 – 32.
- Nagl, S., Tichy, H., Mayer, W.E., Samonte, I.E., McAndrew, B.J., Klein, J. 2001. Classification and Phylogenetic Relationships of African Tilapiine Fishes Inferred from Mitochondrial DNA Sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 20: 3, 361–374.
- Ndiwa, T.C., Nyingi, D.W., Claude, J., Agnèse, J.F. 2016. Morphological variations of wild populations of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) living in extreme environmental conditions in the Kenyan Rift Valley. *Environ Biol Fish*, 99:473–485.
- Palacio-López, K. and Gianoli, E. 2011. Invasive plants do not display greater phenotypic plasticity than their native or non-invasive counterparts: a meta-analysis. *Oikos Advancing Ecology*, 120(9): 1281-1440
- Pélabon, C., Hilde, C.H., Einum, S., Gamelon, M., 2020. On the use of the coefficient of variation to quantify and compare trait variation. *Evolution Letters*, 4(3): 180-188.
- Richardson and Pyšek. 2006. Plant invasions: merging the concepts of species invasiveness and community invasibility. *Progress in Physical Geography* 30: 409–431.
- Rilov, G., Benayahu, Y., Gasith, A. 2004. Prolonged Lag in Population Outbreak of an Invasive Mussel: A Shifting-Habitat Model. *Biological Invasions*, 6:347–364
- Roman, J. and Darling, J.A. 2007. Paradox lost: genetic diversity and the success of aquatic invasions. *Trends in Ecology & Evolution*, 22(9): 457- 464
- Ronquist, F. and Huelsenbeck, J.P. 2003. MRBAYES 3: Bayesian Phylogenetic Inference Under Mixed Models. *Bioinformatics*. 19:1572-1574.
- Roscher, C., Schumacher, J., Lipowsky, A., Gubsch, M., Weigelt, A., Schmid, B. 2018. Functional groups differ in trait means, but not in trait plasticity to species richness in local grassland communities. *Ecology* 99: 2295– 2307.
- Sala et. al. 2000. Global biodiversity scenarios for the year 2100. *Science* 287:1770–1774.
- Salzburger, W. and Meyer, A. 2004. The species flocks of East African cichlid fishes: recent advances in molecular phylogenetics and population genetics. *Naturwissenschaften* 91: 277–290.

- Simberloff, D., Vitule, J.R.S., Freire, C.A., 2009. Introduction of non-native freshwater fish can certainly be bad. *Fish and fisheries*, 10(1): 98-108
- Stiassny, M.L.J. 1991. Phylogenetic intrarelationships of the family Cichlidae: An overview. In "Cichlid Fishes. Behavior, Ecology and Evolution" (M. H. A. Keenleyside, Ed.), 1–35. Chapman & Hall, London.
- Szitenberg, A., Goren, M., Huchon, D. 2012. Mitochondrial and morphological variation of *Tilapia zillii* in Israel. *BMC Research Notes*, 5:172.
- Tarkan, A. and Marr, S. 2015. Non-native and translocated freshwater fish species in Turkey. *Fishmed Fishes in Mediterranean Environments*, 003. pp.28.
- Teugels, G.G. and Thys van den Audenaerde, D.F.E. 2003. Cichlidae. In *The Fresh and Brackish Water Fishes of West Africa* (Lévêque, C., Paugy, D. & Teugels, G. G., eds), pp. 521–600.
- Turan, C., Oral, M., Öztürk, B., Düzgüneş, E. 2006. Morphometric and Meristic Variation between stocks of Bluefish *Pomatomus saltatrix* in the Black Marmara Aegean and Northeastern Mediterranean Seas. *Fisheries Research*, 139–147.
- Villegier, S., Ramos Miranda, J., Flores Hernandez, D. and Mouillot, D. 2010. Contrasted changes in taxonomic and functional diversity of tropical fish communities after habitat degradation. *Ecological Applications*, 20(6): 1512–1522.
- Yılmaz, F. 2006. The Comparison of Heavy Metal Concentrations (Cd, Cu, Mn, Pb, and Zn) in Tissues of Three Economically Important Fish (*Anguilla anguilla*, *Mugil cephalus* and *Oreochromis niloticus*) Inhabiting Koycegiz Lake-Mugla (Turkey). *Turkish Journal of Science & Technology*, 4(1): 7-15.

ÖZGEÇMİŞ

Dilara SARIBAŞ
dilarasaribas@outlook.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2018-2022	Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Bölümü, Antalya
Lisans	Ege Üniversitesi
2012-2017	Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, İzmir