



Türkiye’de Sazan Balıklarının (*Cyprinus carpio*) Enfekte Eden Asya Balık Sestodu *Schyzocotyle acheilognathi* (Cestoda: Bothriocephalidae) Türünün Moleküler Karakterizasyonu

Ecenur MEMİŞ¹, Gökmen Zafer PEKMEZCİ^{2*}

¹ Köşk Mahallesi, Kışla Caddesi, Melikgazi, Kayseri, Türkiye

^{2*} Su Ürünleri Hastalıkları Anabilim Dalı, Veteriner Fakültesi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun, Türkiye

Received: 04.06.2024

Accepted: 26.07.2024

Published: 30.09.2024

Atf yapmak için: Memiş, E. & Pekmezci G.Z. (2024). Türkiye’de Sazan Balıklarının (*Cyprinus carpio*) Enfekte Eden Asya Balık Sestodu *Schyzocotyle acheilognathi* (Cestoda: Bothriocephalidae) Türünün Moleküler Karakterizasyonu. *Anadolu Çev. ve Hay. Dergisi*, 9(3), 397-402. <https://doi.org/10.35229/jaes.1495499>

How to cite: Memiş, E. & Pekmezci G.Z. (2024). Molecular Characterization of the Asian Tapeworm *Schyzocotyle acheilognathi* (Cestoda: Bothriocephalidae) Infecting Carp (*Cyprinus carpio*) in Türkiye. *J. Anatolian Env. and Anim. Sciences*, 9(3), 397-402. <https://doi.org/10.35229/jaes.1495499>

<https://orcid.org/0009-0004-1221-2905>
 <https://orcid.org/0000-0002-7791-1959>

***Sorumlu yazar:**

Gökmen Zafer PEKMEZCİ
Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Veterinerlik
Fakültesi, Su Ürünleri Hastalıkları Anabilim
Dalı, Samsun, Türkiye
✉: zpekmezci@omu.edu.tr

Öz: Asya Balık Sestodu *Schyzocotyle acheilognathi* (*Bothriocephalus acheilognathi*) (Yamaguti, 1934) türü istilacı bir balık parazitidir. Bu parazit farklı çevresel koşullara uyum sağlama konusunda olağanüstü bir yeteneğe sahiptir ve bu nedenle Asya’daki doğal coğrafi kökeninden Antarktika hariç her kıtayı istila etmiştir. Türkiye’de bu istilacı sestod türünün moleküler karakterizasyonu hakkında yeterince veri bulunmamaktadır. Bu çalışmada Türkiye’nin Orta Karadeniz Bölgesi Kızılırmak üzerinde kurulu olan Samsun ili Derbent Barajı’nda avlanan sazan balıklarından (*Cyprinus carpio*) toplanan ve morfolojik olarak *S. acheilognathi* türü olarak teşhis edilen parazitlerin mitokondriyal DNA *cox1* gen bölgesinin moleküler karakterizasyonu yapılmış ve dünyadaki aynı türe ait diğer izolatlar ile filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu çalışmada *S. acheilognathi* türüne ait beş izolatın mitokondriyal DNA *cox1* gen bölgesi PCR ile çoğaltılmış ve DNA dizi analizleri yapılmıştır. Buradaki beş izolatın *cox1* gen bölgelerinin kendi aralarında nükleotid farklılığı saptanmamıştır. Türkiye’nin Karadeniz Bölgesi’nden sazan balıklarında tespit edilen bu parazit türünün GZP-1 izolatının GenBank kaydı “OR632343” erişim numarası ile sağlanmıştır. GZP-1 izolatı ile Madagaskar MAD16 (MG968744), Çin CH1497 (MG968745), İngiltere UK5 (MG968746), Japonya JAP1 (KX060590), Meksika MX62 (KX060591), Çek Cumhuriyeti PBI23 (KX060592), Afrika SAF3 (KX060593), Türkiye TU1 izolatları (KX060594) ve ABD USA10 (KX060595) izolatları arasında %0,0-1,78 oranında genetik uzaklık saptanmıştır.

Keywords: *Cox1*, *Cyprinus carpio*, PCR, *Schyzocotyle acheilognathi*, Türkiye.

Molecular Characterization of the Asian Tapeworm *Schyzocotyle acheilognathi* (Cestoda: Bothriocephalidae) Infecting Carp (*Cyprinus carpio*) in Türkiye

Abstract: The Asian tapeworm *Schyzocotyle acheilognathi* (*Bothriocephalus acheilognathi*) (Yamaguti, 1934) is an invasive fish parasite. This parasite has an extraordinary ability to adapt to different environmental conditions and has therefore invaded every continent except Antarctica from its natural geographical origin in Asia. There is insufficient data on the molecular characterization of this invasive cestode species in Turkey. In the present study, molecular characterization of the mitochondrial DNA *cox1* gene region of the parasites collected from carps (*Cyprinus carpio*) fished in the Derbent Dam of Samsun province, which is located on the Kızılırmak River in the Central Black Sea Region of Turkey and morphologically identified as *S. acheilognathi* was carried out and it was aimed to determine the phylogenetic relationships with other isolates belonging to the same species in the world. In this study, the mitochondrial DNA *cox1* gene region of five isolates of *S. acheilognathi* was amplified by PCR and DNA sequence analysis was performed. There were no nucleotide differences among the *cox1* gene regions of the five isolates. The GenBank record of the GZP-1 isolate of this parasite species detected in carps from the Black Sea Region of Turkey was recorded with the accession number “OR632343”. The GZP-1 isolate has been identified with Madagascar MAD16 (MG968744), China CH1497 (MG968745), England UK5 (MG968746), Japan JAP1 (KX060590), Mexico MX62 (KX060591), Czech Republic PBI23 (KX060592), The genetic distance between Africa SAF3 (KX060593), Turkey TU1 (KX060594) and USA USA10 (KX060595) isolates was 0.0-1.78%.

***Corresponding author:**

Gökmen Zafer PEKMEZCİ
Ondokuz Mayıs University, Faculty of
Veterinary, Division of Aquatic Diseases,
Samsun, Türkiye
✉: zpekmezci@omu.edu.tr

Anahtar kelimeler: *Cox1*, *Cyprinus carpio*, PCR, *Schyzocotyle acheilognathi*, Türkiye.

GİRİŞ

Balık parazitleri arasında en patojen sestodlardan biri olarak bilinen Asya Balık Sestodu (ABS) *Schyzocotyle acheilognathi* (*Bothriocephalus acheilognathi*) Bothriocephalidea takımının bir üyesidir. Bu tür ilk olarak Japonya'nın Ogura Gölü'ndeki küçük bir sazangil balık türü olan *Acheilognathus rhombeus*'tan *B. acheilognathi* olarak tanımlanmıştır (Yamaguti, 1934). Bothriocephalidea takımının kapsamlı bir moleküler filogenetik analizi sonucunda ABS'nin *Bothriocephalus* cinsinden ziyade *Schyzocotyle* cinsinde yer alması gerektiği kanısına varılmış ve şu anda bu parazitin kabul edilen bilimsel adını ise *S. acheilognathi* olduğu kabul edilmiştir (Brabec vd., 2015). *Schyzocotyle acheilognathi* birçok çok sayıda farklı türdeki tatlı su balıklarından rapor edilen istilacı parazit olup yayılmasıyla ilgili yeni raporlar ortaya çıkmaya devam etmektedir. Bu sestod türü dünya genelinde tatlı su balıklarından özellikle de sazangiller (Cyprinidae) için ciddi bir tehdit oluşturmakta ve ölümlere neden olmaktadır. ABS'ü 1950'li ve 1960'lı yıllarda öncelikle sazan (*C. carpio*) ve ot sazani (*Ctenopharyngodon idella*) türlerinin canlı olarak nakledilmesi ile Çin'den Rusya'nın batı kısmı ile doğu ve orta Avrupa'ya yayılmıştır. Bu parazit farklı çevresel koşullara uyum sağlama konusunda olağanüstü bir yeteneğe sahiptir olduğundan Asya'daki doğal coğrafi kökeninden Antarktika hariç her kıtayı istila etmiştir. Bu sestod türü özellikle kültür ortamında göletlerde yetiştirilen yavru sazan balıklarının en önemli bir paraziti haline gelmiştir. Özellikle sazangillerin yavrularında %100 oranında ölümlere neden olduğu ya da onların yaşam süresini kısaltarak yetişkin balıkların büyümesini engellediği bilinmektedir. Ağır parazit yükleri sazanlarda bağırsağın tıkanmasına ve ciddi patolojik değişikliklere neden olarak büyüme geriliği ile balıkların hayatta kalma durumlarının azalmasına neden olmaktadır (Williams, 1994; Scholz vd., 2012; de León vd., 2018; Kuchta vd., 2018). *Schyzocotyle acheilognathi*'nin konakçısı olarak rapor edilen balık türlerinin sayısı son yıllarda önemli ölçüde artmıştır. Bu tür Dove & Fletcher, (2000) tarafından yedi takıma ait 65 tatlı su balık türünde bildirmiştir. Salgado-Maldonado & Pineda-Lopez (2003) tarafından parazitin enfekte ettiği yedi takımdan 102 balık türü listelenmiştir. Son olarak Scholz vd., (2012) tarafından bu parazit türü on takımdan 200 farklı tatlı su balık türünde rapor edilmiştir. Ülkemizde *S. acheilognathi* türü farklı coğrafi alanlarda olmak üzere çeşitli tatlı su balık türlerinde morfolojik olarak teşhis edilmiştir (Dörücü & İspir 2005; Öztürk, 2005; Aydoğdu & Server 2006; Öztürk & Özer 2014; İnnal vd., 2016; Yardımcı vd., 2018). Bu istilacı parazit türünün varlığı ülkemizin farklı coğrafi bölgelerinde çok sayıda tatlı su balık türlerinde bildirilmiş olunmasına rağmen, Türkiye'de bu istilacı sestodun

moleküler karakterizasyonu hakkında yeterince veri bulunmamaktadır. Bu çalışmada Samsun ili Derbent Barajı'nda avlanan sazan balıklarından (*C. carpio*) izole edilerek morfolojik olarak teşhis edilmiş olan *S. acheilognathi* türüne ait olan izolatların mitokondriyal parsiyel cytochrome c oxidase subunit (cox1) gen bölgesinin moleküler karakterizasyonu yapılmış ve dünyadaki aynı türe ait olan diğer izolatlar ile filogenetik ilişkileri belirlenmiştir.

MATERYAL VE YÖNTEM

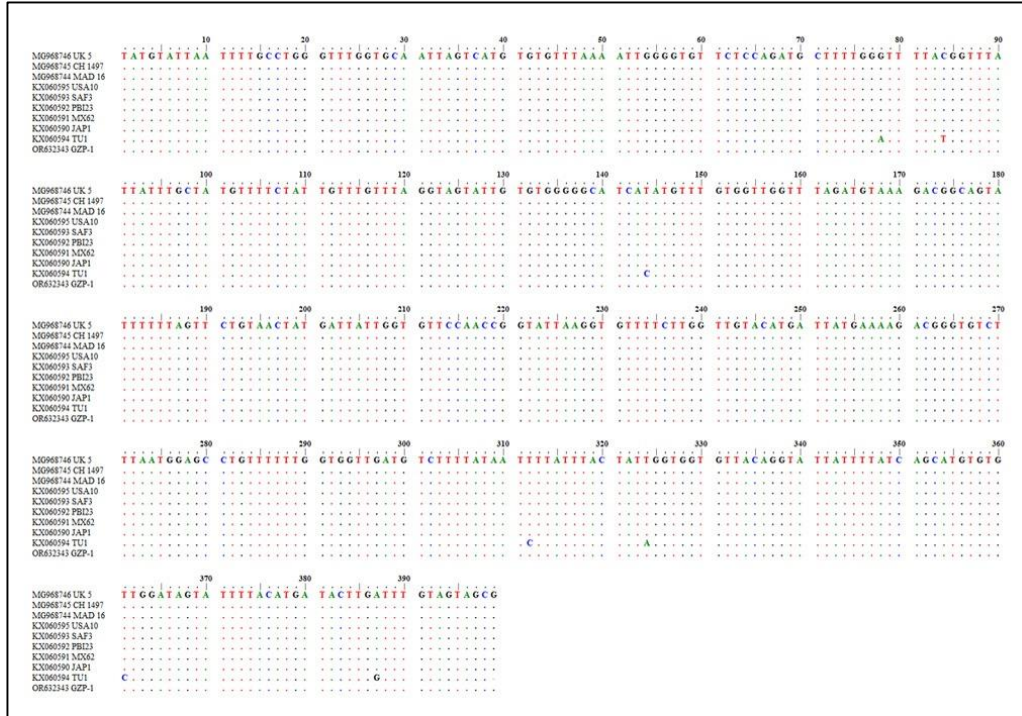
***Schyzocotyle acheilognathi* izolatlarının DNA ekstraksiyonları ve PCR analizleri:** Türkiye'nin Orta Karadeniz Bölgesi Kızıllırmak üzerinde kurulu olan Derbent Baraj Gölü'nde (41° 25' 6" Kuzey enlemi ile 35° 49' 52" Doğu boylamı) avlanan ve balıkçılardan ölü olarak satın alınan farklı sazan (*C. carpio*) bireylerinden 2020-2021 yılları içinde izole edilen ve morfolojik olarak *S. acheilognathi* (Cestoda) olarak teşhis edilen %70'lik etanolde saklanan 5 izolatın genomik DNA (gDNA) ekstraksiyonu ticari kit (Thermo) protokolüne göre yapılmıştır. Parazitlerin gDNA'larının cox1 gen bölgesini çoğaltmak için JB3 ileri (5'-TTT TTT GGG CAT CCT GAG GTT TAT-3') ve JB4.5 geri 5'-TAA AGA AAG AAC ATA ATG AAA ATG-3') yönlü primer çiftleri kullanılmıştır (Bowles vd.,1992; Yera vd., 2008; de León vd., 2018). Toplam hacim 25 µl olacak şekilde 2 µl gDNA, 10 µM ileri yönlü JB3 ve geri yönlü JB4.5 primerleri, 0,5 µl 10 mM dNTPs karışımı, 2,5 µl 10X Dream Taq PCR buffer, 1,5 µl 2 mM MgCl₂ ve 1U DreamTaq™ Hot Start DNA polimeraz içeren PCR karışımı hazırlanmıştır (de León vd., 2018). Elde edilen karışım termal siklus cihazında (PXE 0.2, Thermo Scientific) ilk denatürasyon 94 °C 3 dakika, 35 siklus 94 °C 60 saniye (denatürasyon), 45 °C 60 saniye (bağlanma), 72 °C 1 dakika (uzama) ve son uzama 72 °C 10 dakika olacak şekilde ayarlanmıştır (de León vd., 2018). Elde edilen PCR ürünleri etidyum bromid ile boyanmış %1 agaroz jel'de yürütülmüş ve jel transilluminatör cihazında ultraviyole ışık altında görüntülenmiştir. Amplifikasyonda başarılı olan PCR ürünlerinin aynı primer çiftleri ile çift yönlü DNA dizi analizleri (sanger dizileme) hizmet alımı karşılığında MacroGen (Amsterdam, NL) firmasına yaptırılmıştır.

DNA dizi analizleri ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi: Cox1 bölgesi için DNA dizi analizleri yapılan ileri ve geri yönlü dizilerin Contig Express in Vector NTI Advance 11.5 (Invitrogen) ve Geneious Prime (version 2022.2.2) programları ile kromotogramların kalite skorları analiz edilmiştir. Kromotogramların kalitesinin belirlenmesinde phred skoru 20'nin (Q₂₀) üzerinde olan bazlar dikkate alınmıştır (Ewing vd., 1998). Sonrasında cox1 gen bölgesi için 5 izolatın ayrı ayrı ileri ve geri yönlü dizilerinin birleştirmeleri yapılmış bu dizilerden primerlerin dizimleri çıkarıldıktan sonra ayrı ayrı nükleotid dizileri elde edilmiştir. Elde edilen dizilerin

GenBank veri tabanında blastn (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) analizleri (Altschul vd., 1997) yapılmış ve aynı türün diğer izolatları ile aralarındaki benzerlik oranları (%) tespit edilmiştir. GenBank'a kayıtlı olan aynı türün diğer izolatları ile bu araştırmadaki izolatların ClustalW algoritması (Thompson ve ark., 1994) kullanılarak çoklu dizi hizalamaları BioEdit programı ile yapılmıştır (Hall, 1999). Çoklu dizi hizalamalarındaki belirsiz ya da farklı hizalanan alanlar "daha az katı seçim" seçeneği işaretlenerek Gblocks 0.91b programı kullanılarak kaldırılmıştır (Castresana, 2000). İzolatların *cox 1* gen bölgesinin genetik uzaklıkları (p-distance) Kimura-2-Parameter modeli (tek tip oranlar ve %95'lik kısmi silme) kullanılarak MEGA X programı ile hizalanmış diziler üzerinden hesaplanmıştır (Kumar vd., 2018). Parsiyal *cox1* bölgesinin filogenetik ağacı maximum likelihood (ML) metodu ile akaik information criterion (AIC) göre belirlenen model (HKY) kullanılarak 1000 tekrarlı olarak MEGA X programı ile oluşturulmuştur (Kumar vd., 2018).

BULGULAR

Schyzocotyle acheilognathi türüne ait olan 5 izolatın *cox1* gen bölgesi ~450 baz olarak başarılı bir şekilde çoğaltılmış ve her bir izolat için ayrı ayrı elde edilen son nükleotid dizilerinden ileri ve geri yönlü primer dizilimleri çıkartıldıktan sonra 399 baz uzunluğunda DNA dizileri elde edilmiştir. Beş izolatın parsiyel *cox1* gen bölgelerinin kendi aralarında nükleotid farklılığı saptanmamıştır (p-distance=0,000). Bu izolatlar arasında sadece bir izolatın (GZP-1) GenBank kaydı "OR632343" erişim numarası ile sağlanmıştır. *Schyzocotyle acheilognathi* GZP-1 izolatının (OR632343) GenBank blastn analizleri sonrasında aynı türün Madagascar MAD16 (MG968744), Çin CH1497 (MG968745), İngiltere UK5 (MG968746), Japonya JAP1 (KX060590), Meksika MX62 (KX060591), Çek Cumhuriyeti PBI23 (KX060592), Güney Afrika SAF3 (KX060593) ve ABD USA10 (KX060595) izolatları ile %100 benzer olduğu ve aralarında nükleotid farklılığı olmadığı saptanmıştır (Şekil 1).



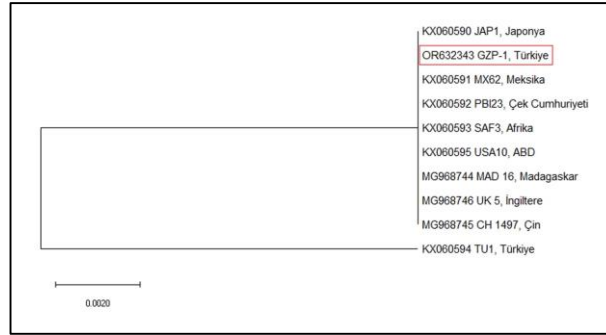
Şekil 1. *Schyzocotyle acheilognathi* izolatlarının nükleotid farklılığı.

Figure 1. Nucleotide divergence of *Schyzocotyle acheilognathi* isolates.

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	MG968746_UK_5										
2	MG968745_CH_1497	0.000%									
3	MG968744_MAD_16	0.000%	0.000%								
4	KX060595_USA10	0.000%	0.000%	0.000%							
5	KX060593_SAF3	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%						
6	KX060592_PBI23	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%					
7	KX060591_MX62	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%				
8	KX060590_JAP1	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%			
9	KX060594_TU1	1.786%	1.786%	1.786%	1.786%	1.786%	1.786%	1.786%	1.786%		
10	OR632343_GZP-1	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	1.786%

Şekil 2. *Schyzocotyle acheilognathi* izolatlarının genetik uzaklığı.

Figure 2. Genetic distance of *Schyzocotyle acheilognathi* isolates.



Şekil 3. *Schyzocotyle acheilognathi* izolatlarının filogenetik ağacı.
Figure 3. Phylogenetic tree of *Schyzocotyle acheilognathi* isolates.

Bu çalışmadaki GZP-1 izolatı (OR632343) ile Marmara Bölgesi İznik Gölü'nde avlanan gümüş balığından (*Atherina boyeri*) izole edilen TU1 izolatı (KX060594) arasında %98 oranında benzerlik bulunmuş ve GZP-1 (OR632343) ile TU1 izolatları (KX060594) arasında %1,78 oranında genetik uzaklık (Şekil 2) ile yedi nükleotid farklılığı (Şekil 1) saptanmıştır.

Schyzocotyle acheilognathi türünün farklı izolatlarının parsiyel cox1 gen bölgesinin ML metodu ve HKY modeli kullanılarak oluşturulan 1000 tekrarlı filogenetik ağacında Türkiye GZP-1 (OR632343) izolatının Madagaskar MAD16 (MG968744), Çin CH1497 (MG968745), İngiltere UK5 (MG968746), Japonya JAP1 (KX060590), Meksika MX62 (KX060591), Çek Cumhuriyeti PBI23 (KX060592), Afrika SAF3 (KX060593) ve ABD USA10 (KX060595) izolatları ile kümelendiği görülmüştür (Şekil 3).

TARTIŞMA VE SONUÇ

Günümüzde helmint sistematigi ve filogeni araştırmalarında moleküler genetik yaklaşımlar sıklıkla kullanılmaktadır. *Schyzocotyle acheilognathi* türünün yaşam döngüsü, coğrafi dağılımı ve konakçı aralıkları konusunda yayınlanmış araştırma sayısının fazla olmasına rağmen, moleküler verileri kullanan çalışmalar şaşırtıcı derecede azdır ve büyük ölçüde nükleer rRNA ITS (ITS1, ITS2) genleri ile sınırlıdır (Luo vd., 2002; Brabec vd., 2016; Boonthai vd., 2017; Li vd., 2017). Parazitin filogenetik ilişkilerinin ortaya konulmasında mitokondriyal DNA verilerinin rRNA ITS gen lokusuna göre daha iyi çözümlene sağladığını bildirildiği (Brabec vd., 2016) için bu çalışmada *S. acheilognathi* türüne ait beş izolatının mitokondriyal DNA verilerine göre moleküler karakterizasyonu yapılmış ve filogenetik ilişkileri ortaya konulmuştur. Türkiye'de bu parazit türünün moleküler karakterizasyonu hakkında yapılan literatür taramasında sadece bir araştırma yapıldığı görülmüştür (Brabec vd., 2016). Bu çalışmada Marmara Bölgesi İznik Gölü'nde avlanan gümüş balığından (*A. boyeri*) izole edilen ve morfolojik olarak teşhis edilen bu sestod türünün yurt dışındaki araştırmacılara gönderilmesi sonucunda rDNA ve mtDNA yönünden genetik yapısı

araştırılmıştır (Brabec vd., 2016). Bu istilacı sestod türünün yeni bir ortamda çok yüksek adaptasyon göstererek hızlı bir evrimleşme potansiyeline sahip olduğu bildirilmiştir (de León vd., 2018). Mitokondriyal DNA cox1 verilerine göre bu çalışmada Karadeniz Bölgesi Derbent Barajında avlanan sazan balığından (*C. carpio*) izole edilen *S. acheilognathi* GZP-1 izolatı (OR632343) ile farklı balık türlerinden (*Ptychochromis cf. inornatus*, *Saurogobio dabryi*, *Schizopyge niger*, *C. carpio*, *Gila conspersa*, *Labeobarbus kimberleyensis*, *Cyprinella lutrensis*) izole edilen Madagaskar MAD16 (MG968744), Çin CH1497 (MG968745), İngiltere UK5 (MG968746), Japonya JAP1 (KX060590), Meksika MX62 (KX060591), Çek Cumhuriyeti PBI23 (KX060592), Afrika SAF3 (KX060593) ve ABD USA10 (KX060595) izolatlarının %100 identik olduğu ve nükleotid farklılığı olmadığı saptanmıştır (p-distance=0,000) (Brabec vd., 2016; Kuchta vd., 2018). MtDNA verilerine göre aynı türün farklı balık konak izolatlarının dizileri arasındaki yüksek korunum düzeyi türün atasal kökenlerinin aynı popülasyondan gelmesi ile açıklanabilir. Buna rağmen GZP-1 izolatının (OR632343), Marmara Bölgesi İznik Gölü'nde avlanan gümüş balığından (*A. boyeri*) izole edilen TU1 izolatı (KX060594) (Brabec vd., 2016) ile arasında %1,78 oranında genetik uzaklık saptanmış ve DNA dizilerinin arasında yedi nükleotid farklılığı tespit edilmiştir. *Schyzocotyle acheilognathi* türünün Dünya'daki coğrafik alanlara göre farklı izolatları arasında mtDNA cox1 gen bölgesi açısından yüksek korunumu tespit edilmesine rağmen (Brabec vd., 2016), bu çalışmada Türkiye'ye ait iki izolat (GZP-1 ve TU1) arasındaki tespit edilen genetik farklılık izolatların birbirlerine göre türün erken farklılaşan popülasyonlara ait olmaları ile açıklanabilir.

Sonuç olarak bu çalışma ile Türkiye'nin Karadeniz Bölgesi'nde istilacı bir parazit türü olan *S. acheilognathi*'nin esas konağı olan sazan balıklarından (*C. carpio*) toplanan parazitlerin mitokondriyal DNA cox1 gen bölgesinin moleküler karakterizasyonu yapılmış ve dünyadaki aynı türe ait olan diğer izolatlar ile filogenetik ilişkileri belirlenmiştir. Türkiye'nin farklı coğrafik alanlarında varlığı bilinen bu istilacı sestod türünün farklı

tatlı su balık konaklarından elde edilecek izolatlarının moleküler karakterizasyonlarının yapılarak parazitin filogenetik ilişkileri hakkında bilgiler elde edebilmek için yeni araştırmalar yapılmalıdır.

TEŞEKKÜR

Bu araştırma “Tübitak 2209-A Üniversite Öğrencileri Araştırma Projeleri Desteği Programı (2022 Yılı 2. Dönem)” kapsamında 1919B012217506 numara ile desteklenmiştir. Laboratuvar çalışmaları sırasında yardımcı olan Ondokuz Mayıs Üniversitesi Veteriner Fakültesi Su Ürünleri Hastalıkları Anabilim Dalı Araştırma Görevlisi Esra Demirbaş’a teşekkür ederiz.

KAYNAKLAR

- Altschul, S., Madden, T., Schaffer, A., Zhang, J., Zhang Z., Miller, W. & Lipman, D.J. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, **25**(8), 3389–3402.
- Aydoğdu, A. & Selver, M. (2006). Mustafakemalpaşa Deresi (Bursa)’ndeki inci balığının (*Alburnus alburnus* L.) helmint faunası üzerine bir araştırma. *Türkiye Parazitoloji Dergisi*, **30**(1), 69-72.
- Boonthai, T., Herbst, S.J., Whelan, G.E., Van Deuren, M.G., Loch, T.P. & Faisal, M. (2017). The Asian fish tapeworm *Schyzocotyle acheilognathi* is widespread in baitfish retail stores in Michigan, USA. *Parasites Vectors*, **10**, 618.
- Bowles, J., Blair, D. & McManus, D.P. (1992). Genetic variants within the genus *Echinococcus* identified by mitochondrial sequencing. *Molecular and Biochemical Parasitology*, **54**, 165–217.
- Brabec, J., Waeschenbach, A., Scholz, T., Littlewood, D.T.J. & Kuchta, R. (2015). Molecular phylogeny of the Bothriocephalidea (Cestoda): molecular data challenge morphological classification. *International Journal for Parasitology*, **45**(12), 761-771.
- Castresana, J. (2000). Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Molecular Biology and Evolution*, **17**(4), 540-552.
- de León, G.P.P., Lagunas-Calvo, O., García-Prieto, L., Briosio-Aguilar, R. & Aguilar-Aguilar, R. (2018). Update on the distribution of the co-invasive *Schyzocotyle acheilognathi* (= *Bothriocephalus acheilognathi*), the Asian fish tapeworm, in freshwater fishes of Mexico. *Journal of Helminthology*, **92**(3), 279-290.
- Dörücü, M. & İspir, Ü. (2005). A study on endo-parasites of some fish species caught in Keban Dam Lake. *Fırat Üniversitesi Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*, **17**, 400-404.
- Dove, A.D.M. & Fletcher, A.S. (2000). The distribution of the introduced tapeworm *Bothriocephalus acheilognathi* in Australian freshwater fishes. *Journal of Helminthology*, **74**(2), 121-127.
- Ewing, B., Hillier, L., Wendl, M.C. & Green, P. (1998). Base-calling of automated sequencer traces using phred. I. Accuracy assessment. *Genome Research*, **8**(3), 175-185.
- Hall, T.A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, **41**(41), 95-98.
- İnnal, D., Aydoğdu, A. & Güçlü, S.S. (2016). Invasion of *Bothriocephalus acheilognathi* (Cestoda: Pseudophyllidea) in Turkey. *Acta Biologica Turcica*, **29**(1), 20-25.
- Kuchta, R., Choudhury, A. & Scholz, T. (2018). Asian fish tapeworm: the most successful invasive parasite in freshwaters. *Trends in Parasitology*, **34**(6), 511-523.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, **35**(6), 1547.
- Li, W.X., Zhang, D., Boyce, K., Xi, B.W., Zou, H., Wu, S.G., Ming, L. & Wang, G.T. (2017). The complete mitochondrial DNA of three monozoic tapeworms in the Caryophyllidea: a mitogenomic perspective on the phylogeny of eucestodes. *Parasites Vectors*, **10**, 314.
- Luo, H.Y., Nie, P., Zhang, Y.A., Wang, G.T. & Yao, W.J. (2002). Molecular variation of *Bothriocephalus acheilognathi* Yamaguti, 1934 (Cestoda: Pseudophyllidea) in different fish host species based on ITS rDNA sequences. *Systematic Parasitology*, **52**, 159–166.
- Öztürk, M.O. (2005). Eber Gölü (Afyon)’ndeki sazan (*Cyprinus carpio* L.)’ların metazoon parazitleri üzerine bir araştırma. *Türkiye Parazitoloji Dergisi*, **29**(3), 204-210.
- Öztürk, T. & Özer, A. (2014). Comparative invasive Asian tapeworm *Bothriocephalus acheilognathi* infections on the lower Kizilirmak delta fishes. *Journal of Academic Documents for Fisheries and Aquaculture*, **1**(1), 1-7.
- Salgado-Maldonado, G. & Pineda-López, R.F. (2003). The Asian fish tapeworm *Bothriocephalus acheilognathi*: a potential threat to native freshwater fish species in Mexico. *Biological Invasions*, **5**(3), 261-268.
- Scholz, T., Kuchta, R. & Williams, C. (2012). *Bothriocephalus acheilognathi*, In: Woo, P.T.K. & Buchmann, K. (ed), *Fish Parasites: Pathobiology and Protection*, 282-297p, CAB International,
- Williams, H. & Jones, A. (1994). *Parasitic Worms of Fish*, 1st ed, Taylor & Francis Ltd., London, 593p.
- Yamaguti, S. (1934). Studies on the helminth fauna of Japan. Part 4. Cestodes of fishes. *Japanese Journal of Zoology*, **6**, 1–112.

- Yardımcı, R.E., Ürkü, Ç. & Yardımcı, C.H. (2018).** Parasite fauna of fish in Büyükçekmece Dam Lake. *Erzincan University Journal of Science and Technology*, *11*(2), 158-167.
- Yera, H., Nicoulaud, J. & Dupouy-Camet, J. (2008).** Use of nuclear and mitochondrial DNA PCR and sequencing for molecular identification of *Dipyllobothrium* isolates potentially infective for humans. *Parasite*, *15*, 402-407.