

## Türkiye Kıyusal Sularındaki Sparidae Familyasının Mitokondri DNA Dizilerine Dayalı Çoklu Lokus Filogenisi [\*]

İsmail AKSU<sup>1\*</sup> Yusuf BEKTAŞ<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Rize, Türkiye.

<sup>2</sup> Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Rize, Türkiye.

 <https://orcid.org/0000-0002-2104-9888>,  <https://orcid.org/0000-0002-8367-9746>

Received date: 01.10.2019

Accepted date: 09.12.2019

Atıf yapmak için: Aksu, İ. & Bektaş, Y. (2019). Türkiye Kıyusal Sularındaki Sparidae Familyasının Mitokondri DNA Dizilerine Dayalı Çoklu Lokus Filogenisi. *Anadolu Çev. ve Hay. Dergisi*, 4(3), 491-499.

How to cite: Aksu, I. & Bektaş, Y. (2019) Multilocus Phylogeny of the Family Sparidae in Turkish Coastal Waters Based on Mitochondrial DNA Sequences. *Anatolian Env. and Anim. Sciences*, 4(3), 491-499.

**Öz:** Mercan balıkları en değerli balık türleri arasında olup tropik ve sıcak kıyusal sularda geniş dağılım gösteren 33 genusa ait yaklaşık 141 türden oluşmaktadır. Sparidae içindeki genus ve alt familya ilişkilerini izah edebilmek için Türkiye kıyı suları için tanımlanan 22 mercan türünün dört mitokondri DNA bölgesi (16S rDNA, COI, Cyt *b* genleri ve kontrol bölgesi)'nin 3562 bp'lik bölgesi analiz edilmiştir. Dört farklı metot (NJ, MP, ML ve BI) kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar parafiletik alt familyalara sahip Sparidae familyasının monofilisini göstermiştir. Genetik verilere dayalı olarak Türkiye kıyusal sularındaki sparid türleri, daha önceki taksonomik hipotezlerin aksine iki ana haplogruba ayrılmıştır. Elde edilen filogenetik ağaçlar Sparidae familyası içindeki alt familyaların varlığını desteklememektedir. Bu nedenle morfometrik tekniklerle belirlenen alt familya düzeyinde yapılanmayı destekleyecek ve bu gruplar içinde tutarlı olacak birleştirici karakterler araştırılmalıdır. Sparidae familyası içindeki genuslar arasındaki filogeni yeniden oluşturulmalıdır.

**Anahtar sözcükler:** Filogeni, mtDNA, Sparidae, Türkiye kıyusal suları.

## Multilocus Phylogeny of the Family Sparidae in Turkish Coastal Waters Based on Mitochondrial DNA Sequences

**Abstract:** Seabreams are among the most valuable fish species and consist of approximately 141 species in 33 genera that are largely distributed in tropical and temperate coastal waters. We analyzed a 3562 bp region of the four mitochondrial regions (16S rDNA, COI, Cyt *b* genes and control region) of 22 seabream species identified for Turkish coastal waters to clarify their genus and subfamily level their relationships. The phylogenetic trees constructed using four different methods (NJ, MP, ML and BI) showed monophyly of the family Sparidae with paraphyletic their subfamilies. Based on genetic data, the sparids in Turkish coastal waters are divided into two major groups that contradicts the previous taxonomic hypothesis. The obtained phylogenetic structure does not confirm the presence of subfamilies within Sparidae. Therefore, the unifying characters supporting the existence of these subfamilies within the Sparidae should be investigated. It should be necessary to reconstruct phylogeny between genera within Sparidae.

**Keywords:** mtDNA, phylogeny, Sparidae, Turkish coastal waters.

<sup>1\*</sup>Bu çalışma Yüksek lisans tezinden üretilmiştir.

<sup>1\*</sup>This research was produced from Master's thesis study.

## GİRİŞ

Mercan balıkları olarak da isimlendirilen Sparidae, genellikle kıyı sularında yaşayan geniş tür zenginliğine sahip önemli bir balık familyasıdır. Deniz balıkları içerisinde en fazla üyeye sahip olan Perciformes takımında yer alan Sparidae familyası yaklaşık 141 tür 33 genusla temsil edilmektedir (Nelson, 2006; Iwatsuki vd., 2015). Bu familyanın Akdeniz de 25 türü mevcuttur (Golani vd., 2006). Sparidae familyasına ait türler Doğu Atlantik'te Britanya adalarından Güney Afrika'ya kadar olan bölgede, Cape Verde, Madeira, Kanarya Adaları dahil olmak üzere Akdeniz ve nadiren Karadeniz'de dağılım göstermektedir (Bauchot & Hureau, 1986). Sparid türleri morfolojik karakterlerden diş yapısı, yüzgeç ışın sayısı, iskelet yapısı ve vücut rengine göre sınıflandırılmıştır (Akazaki, 1962; Smith, 1938; Smith & Smith, 1986). Sparidae familyası önceleri, diş yapılarına ve beslenme şekillerine dayalı olarak Boopsinae, Denticinae, Pagellinae ve Sparinae olarak dört alt familyaya ayırarak şekilde sınıflandırılmıştır (Smith, 1938; Smith & Smith, 1986). Takiben Akazaki, (1962), Sparinae'nin üyelerinin içerisinde diş yapılarına göre bir ayırım yaparak iki yeni alt familyanın (Diplodinae ve Pagrinae) varlığını ileri sürmüştür ve toplamda 6 alt familyada tanımlama yapmıştır. Ayrıca Smith ve Smith, (1986) Sparidleri baş yapısına göre de sınıflandırmıştır. Bu çalışmaların dışında Fiedler, (1991) ise Sparidleri diş yapıları ve beslenme durumlarına göre Boopsinae, Denticinae ve Sparinae olarak üç alt familyaya ayırmıştır. Smith, (1938) ve Smith ve Smith, (1986)'in çalışmalarına göre farklı Pagellinae'yi Sparinae alt familyası içerisinde değerlendirmiş olmasındır.

Morfolojik çalışmaların yanı sıra Sparidae familyası türlerini içeren bazı moleküler çalışmalar da araştırmacılar tarafından gerçekleştirilmiştir. Özellikle mtDNA'nın sitokrom *b* (cyt *b*: Orrell vd., 2002; Orrell & 2004; Chiba vd., 2009; Bektaş vd., 2016), 16S ribosomal RNA (16S rRNA: Orrell vd., 2004; Hanel & Sturmbauer, 2000; Summerer vd., 2001; Day, 2002; Cawthorn vd., 2012), 12S ribosomal RNA (12S rRNA: Cawthorn vd., 2012), kontrol bölgesi (D-loop: Summerer vd., 2001; Armani vd., 2015; Viret vd., 2018) ve sitokrom oksidaz alt ünite I (COI: Viret vd., 2018) genleri ve nükleer genomdaki mikrosatellit bölgeleri (De La Herran vd., 2001) Sparidae familyası türlerinin tespiti, sınıflandırılması ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amacıyla çok yaygın kullanılan genetik belirteçlerdir. Yapılan tüm çalışmaların sonucunda araştırmacılar Sparidae familyasının monofiletik bir grup olduğunu fakat morfolojik çalışmalar sonucunda elde edilen familya altı grupların filogenetik analizlerle uyummadığını belirtmişlerdir. Genetik çalışmaların sonucunda morfolojik çalışmalar ile 3 ila 6 arasında değişen alt familya sayısının aksine 2 soy grubunun olduğunu belirtmişlerdir (Hanel & Sturmbauer, 2000; De La Herran vd., 2001; Day, 2002; Orrell vd., 2002; Orrell & Carpenter, 2004; Chiba vd., 2009; Armani vd., 2015).

Kıyusal sularda dağılım gösteren balık türlerinin çoğunu benzer morfolojik karakterlere sahip olmaları nedeniyle doğru bir şekilde sınıflandırmak ve filogenetik ilişkileri yönünden analiz etmek oldukça zordur (Duftner vd., 2007; Westneat vd., 2005). Artan besin ihtiyacı insanları mevcut su ürünleri stoklarını daha iyi yönetmeye ve alternatifler üretmeye mecbur bıraktığı günümüzde su ürünlerinin tespiti, sınıflandırılması ve korunmasını hedefleyen balıkçılık araştırmaları ve kontrolü çalışmaları son yıllardaki modern bilimsel ve teknolojik yöntemlerin geliştirilmesi ile ivme kazanmıştır. Bünyesinde ticari olarak önemli sayılabilen çok lezzetli ve çok değerli deniz balığı türlerini içeren Sparidae familyası sadece küçük ölçekli ve yarı endüstriyel balıkçılık kapsamında değil aynı zamanda Akdeniz'deki yetiştiricilik potansiyeli nedeniyle de artan bir ekonomik öneme sahip olduğundan (Hanel & Sturmbauer, 2000) dağılım alanlarının tespiti, genetik teşhisi ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi ve su ürünleri kaynaklarının iyi yönetilmesi gerekmektedir.

Bu bağlamda, çalışmamızın hedefleri Türkiye'nin etrafını çevreleyen kıyusal sularda dağılım gösteren ve ekonomik değeri olan Sparidae familyasına ait taksonların genetik teşhisinin yapılması ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesidir.

## MATERYAL VE METOT

**Örnekleme Çalışması:** Sparidae familyasının türlerine ait bireyler, biyolojik ve ekolojik özelliklerine uygun olarak Türkiye kıyusal sularından dağılım gösterdikleri Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz sahillerinden 6 farklı istasyondan örnekledi. Sparidae familyasına ait 22 farklı türden toplam 138 adet örnek tüm denizleri temsil edecek şekilde bu bölgelerde avcılık yapan ticari balıkçılar yardımıyla toplandı (Tablo 1).

**Tablo 1.** Sparidae ailesine ait türlerin örnek sayıları ve örnekleme lokasyonları.

TÜR	İSTASYONLAR						TOPLAM
	ISK	AN	IZM	IST	SNP	TRB	
<i>Boops boops</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Dentex dentex</i>	1	-	1	-	-	-	2
<i>Dentex gibbosus</i>	1	1	1	-	-	-	3
<i>Dentex macrophthalmus</i>	2	2	2	-	-	-	6
<i>Dentex maroccanus</i>	-	1	1	-	-	-	2
<i>Diplodus annularis</i>	2	2	2	2	2	2	12
<i>Diplodus cervinus</i>	2	2	2	-	-	-	6
<i>Diplodus puntazzo</i>	2	2	2	2	2	2	12
<i>Diplodus sargus</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Diplodus vulgaris</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Lithognathus mormyrus</i>	2	-	2	2	-	1	7
<i>Oblada melanura</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Pagellus acarne</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Pagellus bogaraveo</i>	-	2	2	-	-	-	4
<i>Pagellus erythrinus</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Pagrus auriga</i>	2	2	2	-	-	-	6
<i>Pagrus caeruleostictus</i>	3	2	2	2	-	-	9
<i>Pagrus pagrus</i>	-	2	1	-	-	-	3
<i>Pagrus major</i>	-	2	-	-	-	-	2
<i>Sarpa salpa</i>	2	-	2	2	-	-	6
<i>Sparus aurata</i>	2	2	2	2	-	-	8
<i>Spondylisoma cantharus</i>	2	-	2	4	-	-	8
<b>TOPLAM</b>	<b>37</b>	<b>26</b>	<b>38</b>	<b>28</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>138</b>

ISK: İskenderun, AN: Antalya, IZM: İzmir, IST: İstanbul, SNP: Sinop, TRB: Trabzon

Örnekleme aşamasında hedeflenen türlerin teşhisi için Akazaki (1962), Smith (1938), Smith ve Smith (1986) ve Fiedler (1991)'in çalışmalarında kullandıkları vücut rengi, diş yapısı, dorsal yüzgeç sert ışın varlığı ve sayısı gibi metrik ve meristik verilerden yararlanılmıştır.

Teşhis edilen her bir numuneden alınan yüzgeç dokuları % 96 etanolde muhafaza edildi ve daha sonra DNA izolasyonu için RTEÜ Su Ürünleri Fakültesi Genetik Laboratuvarı'na getirildi. Bu çalışmada Yerel Etik Kurul ilkelerine uyulmuştur.

#### DNA İzolasyonu, PZR Uygulamaları ve DNA Dizini

**Analizi:** Total DNA, Promega Wizard® Genomik DNA İzolasyon Kit (Madison, WI, USA) prosedürüne göre alkolde muhafaza edilmiş olan yüzgeç dokusundan izole edildi ve bir sonraki aşamaya kadar -20°C de saklandı. Total DNA'nın kalitesinin belirlenmesi için öncelikle etidyum bromürle boyanmış % 0,8'lik TAE-Agaroz jelde yürütülmesi gerçekleştirildi. Sonrasında ise jel bir UV transillüminatörde görüntülendi. Total DNA miktarı ve kalitesi Spectrophotometer (2000c Thermo Scientific, USA) cihazında belirlendi.

Bu çalışmada Sparidae türlerine ait bireylerin mitokondri DNA (Cyt *b*, 16S rRNA, COI ve Dloop) gen

dizilerini artırabilmek ve dizin analizlerini gerçekleştirmek için tarafımızdan FastPCR (Kalendar vd., 2009) programı yardımıyla tasarlanan primerler (Tablo 2) kullanılarak gerçekleştirildi.

Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR), 10 µl 5X reaksiyon tamponu; 3,5 µl MgCl<sub>2</sub> (25 mM); 4 µl dNTP karışımı (10 mM); 1 µl ileri primer (10 pmol); 1 µl ters primer (10 pmol); 0,2 µl *Taq* DNA polimeraz enzimi (1 U); 3 µl total DNA (50 ng/ µl) ve 27,3 µl steril saf su ilavesi ile son hacmi 50 µl olacak şekilde hazırlandı. Polimeraz Zincir Reaksiyonunu gerçekleştirmek için Techne® TC-3000G (Bibby Scientific, Cambridge, İngiltere) model gradyan özellikli PZR cihazı kullanıldı. Isıl döngü şartları; ilk denatürasyon 1 döngü olarak 94°C de 3 dakika, akabinde 35 döngü 94°C de 1 dakika denatürasyon, Cyt *b* geni için 46°C, COI geni için 52°C, 16S geni için 59°C ve Dloop geni için 52°C de 1 dakika olmak üzere primer bağlanması, genin kopyalanması için 72°C de 1 dakika uzama işlemi ve son uzama işlemi için 1 döngü 72°C de 7 dakika olarak gerçekleştirildi. PZR ürünleri kalitesinin belirlenmesi amacıyla etidyum bromür ile boyandı ve % 1'lik TAE-Agaroz jelde yürütülerek bir UV transillüminatörde görüntülendi.

**Tablo 2.** Cyt *b*, 16S rRNA, COI genleri ve Dloop bölgesinin PZR artırımı ve dizin analizi için kullanılan primerler.

	Primerin Adı	Nükleotit Dizisi (5'-3')	Tm Değeri (°C)	Kaynak
<b>Cyt <i>b</i></b>	SpaCytF2	AATYGCTAAYCAYGCAGTAG	51,5	Bu çalışma
	SpaCytR2	AYYGTCAGCCTARBACTTT	51,3	Bu çalışma
<b>16SrRNA</b>	Dpl16SF	GTATGGGCGACAGAAAAGG	53,4	Bu çalışma
	Dpl16SR	ACTGACCTGGATTACTCCGG	56,1	Bu çalışma
<b>COI</b>	COXIF	GGCACCCCTTTACCTAGTATTTGCGG	57,4	Bu çalışma
	COXIR	AGTTTGCTTGTACTGTACGA	57,6	Bu çalışma
	SpdCOIF	GTGGCAATCACACGCTGA	56,1	Bu çalışma
	SpdCOIR	CVAAGTGGATTTTAGTTCAGG	55,5	Bu çalışma
	SprdCRF1	YCTYCAYACHTCYAARCAACG	53,5	Bu çalışma
<b>D-loop</b>	SprdCRF2	GTAARCCGRACGYCGGAGG	59,5	Bu çalışma
	SGDF	GCGCCGGTCTTGTAATCCGG	61,1	Bu çalışma
	R-Pro1	ACTCTACCCCTAGCTCCCAAAG	60,2	Ostellari vd., 1996
	SprdCRR	TGTGCCTGATACCRGCTCC	59,5	Bu çalışma

PZR ürünlerinin dizin analizleri BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystem) kullanılarak ABI PRISM 3730x1 Genetic Analyser (Applied Biosystem, USA) ile MacroGen Inc. (Amsterdam, Hollanda)'de gerçekleştirildi.

**Veri Analizi:** Mitokondri DNA üzerindeki Cyt *b*, 16S rRNA, COI geni ve Dloop bölgesi dizilerinin filogenetik analizlerde kullanılmak üzere uygun formata dönüştürmek için Bioedit versiyon 7.0.0 (Hall, 1999) programı kullanıldı. Sonrasında her bir örnek için birleştirilmiş veri seti, dört genin (Cytb+16S+COI+Dloop) uç uca eklenmesi ile elde edildi. Haplotiplerin sayısı, haplotip çeşitlilik ve nükleotit çeşitlilik değerleri DnaSP v5 (Librado & Rozas, 2009) programı yardımıyla belirlendi. Haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiler, tür içi ve türler arası genetik mesafeler ve polimorfizm MEGA versiyon 4.0 (Tamura vd., 2007) programı yardımıyla hesaplandı. Genetik mesafelerin

hesaplanmasında Kimura 2-parameter (K2P) mesafe modeli kullanıldı.

Haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiler, PAUP versiyon 4.0b10 (Swofford, 2003) programındaki komşu katılım (NJ: Neighbour-Joining), maksimum tutumluluk (MP: Maximum Parsimony), maksimum olasılık (ML: Maximum Likelihood) ve Bayesian çıkarım (BI: Bayesian Inference) metodları yardımıyla gerçekleştirilen filogenetik analizler ile inşaa edildi. ML ve BI analizleri için en uygun baz değişim modelleri, Akaike Bilgi Kriteri (AIC) ve Bayesian Akaike Bilgi Kriter (BIC)'lerini kullanarak jModelTest 0.1.1 (Posada, 2008) programında belirlenmiştir.

Komşu katılım (NJ) analizi ile elde edilen filogenetik ağaçlar, Kimura 2-parameter (K2P) mesafe modeline göre 1000 tekrar seç-bağla testi ile oluşturuldu. ML analizi ile elde edilen filogenetik ağaçlar, HKY+I+G en uygun baz değişim modeline göre 1000 tekrar seç-bağla testi ile oluşturuldu.

MP analizi ile elde edilen filogenetik ağaçlar buluşsal metoda göre TBR (Tree-bisection-reconnection) yöntemi ve 100 tekrarlı seç-bağla testi ile oluşturuldu. Bayesian çıkarsama metodu ile elde edilen filogenetik ağaçlar ise, veri setine dayalı olarak seçilen en uygun baz değişim modeline (HKY+I+G) göre ön olasılıkların tahmini Markov chain Monte Carlo (MCMC) tekniği kullanılarak MrBayes versiyon 3.1.2 (Huelsenbeck & Ronquist, 2001) programında gerçekleştirildi. *Epinephelus stictus* (GenBank erişim numarası NC\_021133), *Trachurus trachurus* (AB108498) ve *Morone saxatilis* (NC\_014353) taksonları filogenetik analizlerde dış grup olarak kullanıldı.

## BULGULAR

**Dizi Özellikleri:** Sparidae familyasına ait türlerden örneklenen 138 bireyin mitokondri DNA'sı üzerindeki üç gen bölgesi (16S rRNA + COI + Cyt b) ve kontrol bölgesi dizilenmiş ve nükleotid dizileri birleştirilerek birleştirilmiş veri seti oluşturulmuştur. Toplamda bu dört mtDNA bölgesi için 3562 bç uzunluğunda baz dizilimi çıkartılmıştır. Birleştirilmiş veri setinin (3562 bç) 2183 (% 60) nükleotid pozisyonunun korunmuş, 1309 (% 38)'unun polimorfik bilgi verici ve 1372 (%40)'sinin değişken olduğu belirlenmiştir. Birleştirilmiş veri setine dayalı olarak *D. sargus* h1 nükleotid

dizisi referans alınmak suretiyle tanımlanan toplam 1372 değişken nükleotid pozisyonu için transisyon/transversiyon (ts/tv) oranı 2.87 olarak gerçekleşmiştir. Birleştirilmiş veri setinin nükleotid dizi analizi 22 farklı Sparidae türü için toplamda 55 haplotipin varlığını ortaya koymuştur (Tablo 5). Türkiye sularında dağılım gösterdikleri hemen hemen tüm lokasyonlardan örneklenen Sparidae türlerinden *Pagellus bogaraveo*, *Dentex maroccanus*, *Dentex macropthalmus*, *Pagrus pagrus*, *Pagrus major*, *Dentex dentex* ve *Dentex gibbosus* sadece birer haplotip diğer türlerin ise en az iki haplotip ile temsil edildikleri belirlenmiştir (Tablo 5). Bunun yanı sıra birleştirilmiş nükleotid veri setlerinin dizin analizi çalışılan Sparidae türlerinin her biri için özgün olan toplamda 90 adet nükleotid pozisyonunun varlığı tespit edilmiştir (Tablo 3). Sparidae familyasına ait türlerin ikili dizi ayırımı bakıldığında birleştirilmiş veri seti için % 7,8 ile % 20,6 arasında olmak üzere geniş bir değer aralığında değiştiği belirlenmiştir (Tablo 4). Türler arası genetik mesafenin en düşük *D. sargus* - *D. cervinus* arasında ve en yüksek ise *L. mormyrus* ve *P. auriga* arasında olduğu belirlenmiştir (Tablo 4). Ayrıca birleştirilmiş veri setine ait diziler mukayese edildiğinde iki haplotip grubu arasındaki genetik mesafe 0,1821 olarak belirlenmiştir. Grup içi genetik varyasyon ise grup I için nispeten daha yüksek olup 0,1299, grup II için ise 0,1158 olarak belirlenmiştir (Şekil 1).

**Tablo 3.** Sparidae ailesine ait 22 türün birleştirilmiş veri setine dayalı olarak grup ayırımı gösteren polimorfik nükleotid pozisyonları. Noktalar, *D. sargus* nükleotid dizileri ile benzerliği göstermektedir.

	Polimorfik nükleotid pozisyonları			
	16S rRNA	COI	Cyt b	Dloop
		1111111111111122222222223333333333333333333333		
	11112222222222222222222222223333344445555555555556666677779999900033333456668444466660122224444444			44038812345556677788899901128006911146667257880113333383457133487414497778999381777555999
<b>Türler</b>	154015790578969468935808941464139101862380388453120456713278509317902610382568127014567057			
<i>D. sargus</i>	CTGAGCGCTGTTACTTTCGTTTCGCATAATTTACAGCATGTTAACCATGCTCTAATAACTTTTAACCTGATGTCTACTTTAAGCACTG			
<i>D. cervinus</i>	T.....A.....G.....T.....C.....		GC.....TA.	
<i>O. melanura</i>	T.C.....A.....G.....T.....A.....C.....		.....C.....G.....T.....	
<i>D. puntazzo</i>	T.C.....A.....T.....		.....C.....AT..ATGT..	
<i>D. vulgaris</i>	T.C.....T.....A.....	G.....C.....	.....AC..GC..T..AT..T..	
<i>D. annularis</i>	T.C.A.....T.....G.....T.....A.....C.....		.....C.....TCATGTA.	
<i>L. mormyrus</i>	T.C...T...CG.C...T...TAA.CG...T.AG..A...C.....C.....CC...TCC...GC...C...C.TGTGA			
<i>S. aurata</i>	T.C...TC...CG.C...T...A...C...TGAA..A...T.CC.....T.....C.....TCG...TCTGT..			
<i>P. bogaraveo</i>	T.C...T.ACCGTC...TA.....C.....T.AA..A...C.....G.T.....G.TCAT.T..			
<i>P. acarne</i>	T.C...T...CGTC..CT.....C.....T.AA..A...G.....G.....G.....CATCTGAAT			
<i>B. boops</i>	T.C...AT...CG.CCCTA.C...CTGCG...C.T.AAA.AA..CG...CCC..C...G...C.....C...T...C.CC...TC..GTA.			
<i>S. salpa</i>	T.C...T...CG...CCTA.C.TCTGCG...C.T.AAA.AA..C.....A.C...CG.....A.C...CT...TC.TGT..			
<i>S. cantharus</i>	T.C...T...CG...TA.C..TT.CGG..C...AA..AA..C.....C...CGT.....TC..C.C...CATC-T.TA.			
<i>D. maroccanus</i>	ACCGATATCACCG..A...AACTTT.CGC.CC.AGAA..GAACCT..AGATAA..CTCGTCCTTACCATTTCTTACATCTAGAAATCATTTA.			
<i>D. macropthalmus</i>	ACCGATATCACCGT..A...AAC.TT.CGC.CC.AGAA..GAACCCGAGATAA..CTCGTCCTTACCATTTCTCACATCTAGAAATCAT.TA.			
<i>P. erythrinus</i>	GCC..ATATCAACGT..A...ACTTA.CGTACC.AGAG..GAACCT..AGATAATCTCTCCTTAAACATTTCTTACATCCAGAACTCTGAAAT			
<i>P. pagrus</i>	ACCGATATCAGCGT..A...ACTTT.CGTACCAGAG..GAACCC..AAATAATCTCTCCTTAAACATTTCTTACATCTAGAAATCTGGAT			
<i>P. major</i>	ACCGATATCAACGT..A...AACTTT.CGTACCAGAGAA..GAACCTGAGATAA..CTCTCC.TACCATTT.CTCCATCTAGAAATCTGGAT			
<i>P. caeruleostictus</i>	ACCGATATCAGCGT..A...ACTTT.CGTACCAGAGAA..GAACCTGAGATAATCTCTCCTTACCATC.TCTTACATCCAGG.TCATGAAAT			
<i>D. dentex</i>	ACCGATATCAACGT..A...ACTTT.CGTACCAGAGAA..GAACCTGAGATAATCTCTCCTTACCATTTCTTACATCTAGAAATCTGGAT			
<i>D. gibbosus</i>	ACCGATATCAACGT..A...ACTTT.CGTACCAGAGAA..GAACCTGAGATAATCTCTCCTTACCATTTCTTACATCTAGAAATCTGGAT			
<i>P. auriga</i>	ACC..ATATCACCGT..A...CACTTT.CGTACCAGAGAA..GAACCTGAGACGATCTC..CCTTACCATTT.CTTCATCTAGAAATCTGGAT			

**Tablo 4.** Birleştirilmiş veri setlerine dayalı olarak hesaplanan Sparidae türleri arasındaki genetik mesafe matrisi.

Pc	Pp	Pm	Pac	Pe	Pb	B	Lm	Om	Ss	Sa	Dd	Dg	Dm	Pa	Dma	Sc	Da	Dc	Dp	Dv	Ds
Pc																					
Pp	0.112																				
Pm	0.126	0.119																			
Pac	0.169	0.166	0.177																		
Pe	0.136	0.101	0.126	0.159																	
Pb	0.186	0.185	0.192	0.118	0.192																
B	0.185	0.187	0.194	0.163	0.187	0.157															
Lm	0.199	0.190	0.195	0.174	0.192	0.168	0.185														
Om	0.173	0.174	0.173	0.147	0.184	0.140	0.160	0.163													
Ss	0.186	0.184	0.186	0.165	0.183	0.158	0.139	0.175	0.161												
Sa	0.175	0.174	0.181	0.152	0.179	0.147	0.161	0.160	0.143	0.159											
Dd	0.118	0.121	0.130	0.172	0.133	0.192	0.194	0.202	0.185	0.188	0.192										
Dg	0.100	0.111	0.116	0.165	0.115	0.185	0.190	0.190	0.177	0.185	0.174	0.078									
Dm	0.138	0.131	0.135	0.169	0.145	0.176	0.188	0.185	0.171	0.178	0.166	0.148	0.126								
Pa	0.116	0.135	0.141	0.190	0.144	0.194	0.200	0.206	0.184	0.189	0.190	0.122	0.110	0.151							
Dma	0.148	0.139	0.148	0.175	0.146	0.176	0.185	0.189	0.179	0.189	0.179	0.154	0.141	0.107	0.164						
Sc	0.179	0.179	0.180	0.151	0.188	0.147	0.154	0.185	0.157	0.150	0.158	0.197	0.176	0.171	0.181	0.185					
Da	0.191	0.193	0.189	0.150	0.184	0.154	0.179	0.165	0.128	0.167	0.153	0.199	0.190	0.186	0.207	0.192	0.171				
Dc	0.176	0.182	0.175	0.143	0.185	0.144	0.164	0.167	0.105	0.160	0.142	0.178	0.168	0.178	0.191	0.182	0.147	0.131			
Dp	0.173	0.173	0.174	0.136	0.183	0.124	0.147	0.152	0.083	0.155	0.134	0.180	0.173	0.172	0.188	0.180	0.146	0.122	0.091		
Dv	0.169	0.169	0.170	0.140	0.174	0.134	0.159	0.164	0.104	0.159	0.138	0.177	0.174	0.166	0.189	0.176	0.149	0.119	0.107	0.082	
Ds	0.178	0.179	0.183	0.138	0.183	0.132	0.152	0.166	0.093	0.158	0.137	0.189	0.177	0.176	0.193	0.186	0.148	0.129	0.079	0.076	0.092

Pc: *Pagrus caeruleostictus*, Pp: *Pagrus pagrus*, Pm: *Pagrus majör*, Pac: *Pagellus acarne*, Pe: *Pagellus erythrinus*, Pb: *Pagellus bogaraveo*, B: *Boops boops*, Lm: *Lithognathus mormyrus*, Om: *Oblada melanura*, Ss: *Sarpa salpa*, Sa: *Sparus aurata*, Dd: *Dentex dentex*, Dg: *Dentex gibbosus*, Dm: *Dentex maroccanus*, Pa: *Pagrus auriga*, Dma: *Dentex macrophthalmus*, Sc: *Spondyliosa cantharus*, Da: *Diplodus annularis*, Dc: *Diplodus cervinus*, Dp: *Diplodus puntazzo*, Dv: *Diplodus vulgaris*, Ds: *Diplodus sargus*.

**Tablo 5.** Birleştirilmiş veri setinin analizine dayalı olarak incelenen her bir türün örnek sayısı (N), haplotip sayısı (Nh), haplotip çeşitlilik (H) ve nükleotit çeşitlilik ( $\pi$ ) değerleri.

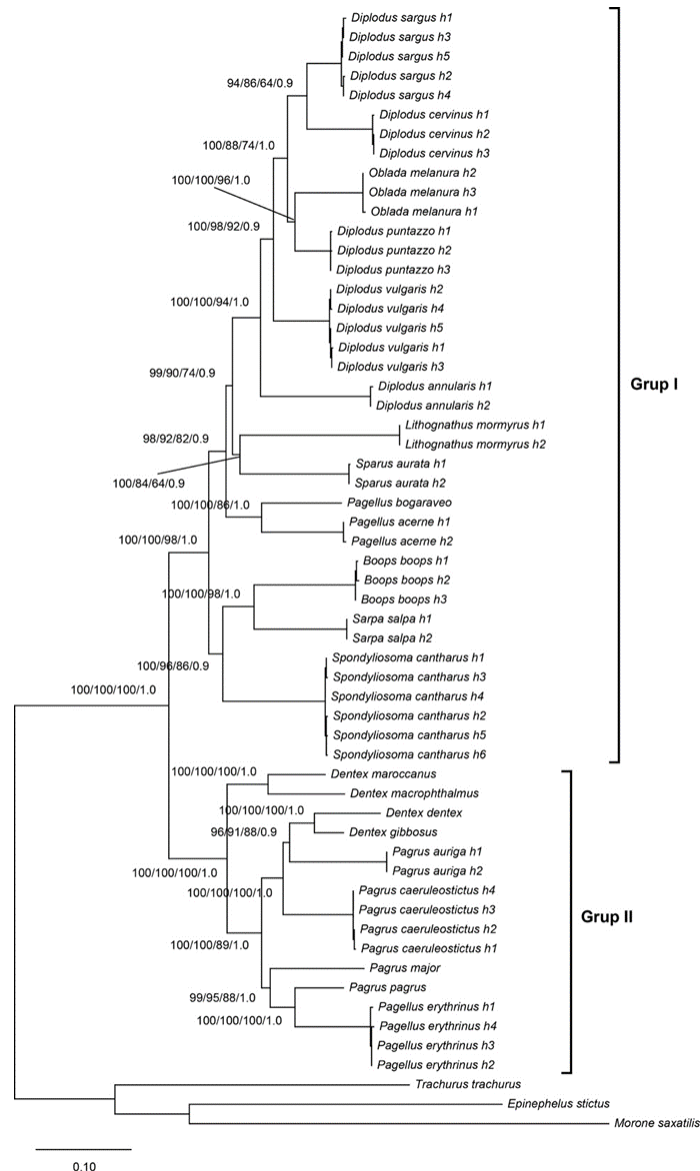
Tür Adı	16S rRNA				COI				Cyt b				D-loop				Birleştirilmiş veri seti			
	N	Nh	H	$\pi$	Nh	H	$\pi$	Nh	H	$\pi$	Nh	H	$\pi$	Nh	H	$\pi$				
Pc	9	2	0.50000	0.00050	2	0.22222	0.00245	4	0.75000	0.00331	1	0.00000	0.00000	4	0.75000	0.00077				
Pp	3	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
Pm	2	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
Pac	6	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	2	0.33333	0.00263	1	0.00000	0.00000	2	0.33333	0.00086				
Pe	6	6	1.00000	0.00231	1	0.00000	0.00000	2	0.33333	0.00292	2	0.60000	0.00956	4	0.80000	0.00233				
Pb	4	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
B	8	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	3	0.71429	0.01707	3	0.71429	0.00123				
Lm	7	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	2	0.57143	0.00683	2	0.57143	0.00049				
Om	6	2	0.60000	0.00060	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	2	0.53333	0.01700	3	0.80000	0.00106				
Ss	6	2	0.60000	0.00060	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	2	0.60000	0.00017				
Sa	8	2	0.57143	0.00057	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	2	0.57143	0.00911	2	0.57143	0.00049				
Dd	2	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
Dg	3	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
Dm	2	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
Pa	6	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	2	0.33333	0.00058	2	0.60000	0.00239	2	0.80000	0.00017				
Dma	6	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000				
Sc	8	3	0.60714	0.00067	1	0.00000	0.00000	6	0.92857	0.00304	2	0.57143	0.00911	6	0.92857	0.00184				
Da	12	2	0.54545	0.00054	1	0.00000	0.00000	2	0.54545	0.00239	1	0.00000	0.00000	2	0.54545	0.00094				
Dc	6	2	0.60000	0.00060	1	0.00000	0.00000	2	0.53333	0.00187	2	0.60000	0.00239	3	0.80000	0.00091				
Dp	12	1	0.00000	0.00000	1	0.00000	0.00000	3	0.72727	0.00127	2	0.54545	0.00217	3	0.66667	0.00058				
Dv	8	2	0.57143	0.00113	1	0.00000	0.00000	2	0.57143	0.00050	3	0.75000	0.01494	5	0.85714	0.00167				
Ds	8	2	0.57143	0.00057	1	0.00000	0.00000	2	0.57143	0.00150	3	0.75000	0.01793	5	0.85714	0.00219				
<b>Toplam</b>	<b>138</b>	<b>37</b>			<b>23</b>			<b>39</b>			<b>36</b>			<b>55</b>						

Pc: *Pagrus caeruleostictus*, Pp: *Pagrus pagrus*, Pm: *Pagrus majör*, Pac: *Pagellus acarne*, Pe: *Pagellus erythrinus*, Pb: *Pagellus bogaraveo*, B: *Boops boops*, Lm: *Lithognathus mormyrus*, Om: *Oblada melanura*, Ss: *Sarpa salpa*, Sa: *Sparus aurata*, Dd: *Dentex dentex*, Dg: *Dentex gibbosus*, Dm: *Dentex maroccanus*, Pa: *Pagrus auriga*, Dma: *Dentex macrophthalmus*, Sc: *Spondyliosa cantharus*, Da: *Diplodus annularis*, Dc: *Diplodus cervinus*, Dp: *Diplodus puntazzo*, Dv: *Diplodus vulgaris*, Ds: *Diplodus sargus*.

**Filogenetik İlişkiler:** NJ, MP, ML ve Bayesian çıkarsama analizleri sonucu ortaya çıkan ağaç topolojileri hemen hemen birbirinin aynıdır ve yüksek seç-bağla değerleri (NJ: 64-100, MP: 84-100, ML: 94-100 BI: 0.9-1,0) ile hem türlerin familia içerisindeki pozisyonlarını hem de alt familia düzeyindeki gruplanmayı desteklemektedir. Oluşturulan tüm filogenetik ağaçlarda monofiletik Sparidae familia yüksek güvenilirlik değerleri (NJ:100, MP:100, ML:100, UPGMA:100, BI:0,1) ile iki ana grup görülmektedir (Şekil 1). Birinci grup *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus*, *Sparus*, *Lithognathus*, *Sarpa*, *Boops* ve *Spondyliosoma* türlerinden, ikinci grup ise *Dentex*, *Pagrus* ve *Pagellus* türlerinden oluşmaktadır (Şekil 1).

Birinci grupta konumlanan Diplodinae alt familiaasına ait *Diplodus* türleri Boopsinae'dan *O. melanura* ile birlikte monofiletik bir grup oluşturmaktadır. Sparinae alt familiaasının ülkemizdeki tek temsilcisi olan *Sparus* genusu

birinci grup içerisinde Pagellinae alt familiaası üyeleri olan *Pagellus* ve *Lithognathus* genusu arasına yerleşmiştir. Alt familia Boopsinae'nin *Oblada* hariç bütün üyeleri (*Boops*, *Oblada*, *Sarpa*, *Spondyliosoma*, *Diplodus*, *Oblada*, *Pagellus* ve *Sparus*) birinci grup içerisinde yerleşmiştir. Pagellinae alt familiaası üyeleri (*L. mormyrus*, *P. bogaraveo*, *P. erythrinus* ve *Pagellus acarne*) bir tür hariç birinci grup altında yerleşmiş olması nedeniyle Sparidae familia içerisinde polifiletiktir. Bu alt familiaanın *Pagellus* genusuna ait *P. erythrinus* türü ikinci grup altında pozisyon almıştır diğer bir deyişle *Pagellus* genusu her iki grup içinde de temsil edilmektedir. Denticinae alt familiaasından *Dentex* ve *Pagrus* alt familiaasından *Pagrus* türleri ikinci grup içinde yerleşmiş olduğu görülmektedir. *Trachurus trachurus*, *Epinephelus stictus* ve *Morone saxatilis* filogenetik analizlerde dış grup olarak kullanılmıştır (Şekil 1).



**Şekil 1.** Sparidae türlerine ait mitokondri birleştirilmiş veri seti (16S rRNA+COI+Cytb +D-loop) için belirlenen toplam 55 adet haplotipin ML/MP/NJ/BI metotları yardımıyla oluşturulan filogenetik ağaç topolojisi.

## TARTIŞMA ve SONUÇ

Ekonomik değeri oldukça yüksek olan ve yetiştiriciliğine olan ilgi her geçen gün artan Sparidae familyası üyelerinin Türkiye denizleri için daha önce verilen bilgiler dahilinde dağılım alanlarından örnekleme gerçekleştirilmiştir. Örnekleme çalışmaları sonucu *D. annularis* ve *D. puntazzo* türlerinin tüm denizlerimizde dağılım gösterdiği belirlenirken bu türlerin dışında sadece *L. mormyrus* türü Karadeniz'den örneklenebilmiştir. Omnivor beslenme gösteren bu üç türün diğer sparid türlerinden farklı olarak Karadeniz'de de dağılım göstermeleri, beslenme tipine bağlı olarak yayılımcı eğilimleri ve tuzluluk gibi ekolojik parametrelere toleranslarına bağlanabilir. Ege Akdeniz dağılımına sahip *D. dentex*, *D. maroccanus*, *P. pagrus* ve *P. major* türleri dışındaki tüm türler Karadeniz hariç diğer denizlerimizde bulunmaktadır. Örnekleme aşamasında hedeflenen türlerin tespiti ve morfolojik olarak benzer olanların ayırımında vücut rengi ve meristik verilerden yararlanılmıştır. Bunun için örneklerin ağız pozisyonu, vücut rengi ve dorsal yüzgeçteki sert ışın varlığı ve sayısı gibi karakterlerin tür tayininde özellikle aynı genusa ait türlerin ayırımında kullanışlı olduğu saptanmıştır.

Su ürünleri kaynaklarının uygun bir şekilde yönetimi ve değerlendirilmesinin yapılabilmesi için taksonomik durumlarının, tür dağılımlarının, yaşam döngülerinin ve biyolojilerinin anlaşılmasının yanı sıra genetik özelliklerinin belirlenmesi gerekir. Bu amaçla Türkiye denizlerinde yaşamlarını sürdüren Sparid familyasının filogenetik yapısının belirlenmesini amaçlayan bu çalışmada Sparidae familyasının 10 farklı genusuna ait 22 türün dağılım gösterdiği tüm lokasyonlar temsil edilecek şekilde toplam 138 adet örnek genetik olarak incelenmiştir. Yapılan çalışmalar sonucunda 22 sparid türünün 16S rRNA geni itibarıyla 37, sitokrom oksidaz alt ünite I geni için 23, sitokrom *b* geni için 39 ve kontrol bölgesi için 36 haplotip belirlenmiştir. Birleştirilmiş veri seti üzerinden yapılan analiz sonucu 55 haplotipin varlığı ortaya konulmuştur (Tablo 5). Çalışma kapsamındaki sparid türlerinden *P. pagrus*, *P. major*, *P. bogaraveo*, *D. dentex*, *D. gibbosus*, *D. maroccanus* ve *D. macrophthalmus* örneklerinde haplotip yönünden bir çeşitlilik görülmemesi örnekleme boyutunun küçük oluşundan kaynaklanmaktadır.

Nükleotit dizilerini farklı metotlar kullanarak işlediğimiz mitokondri DNA bölgeleri mukayese edildiğinde sitokrom *b* geninden elde edilen haplotip sayısının diğerlerine oranla yüksek olması mitokondri genleri arasında en yüksek mutasyon biriktirme hızına sahip olmasıyla izah edilebilir. Diğer taraftan mitogenomik DNA üzerindeki mevcut bölgeler arasında en yüksek mutasyon hızına sahip ve mitokondriyal DNA'nın replikasyonundan sorumlu olan kontrol bölgesinin verdiği haplotip sayısının beklenenin aksine düşük olması analiz edilen kontrol bölgesi kısmı dizisinin oldukça kısa olmasından kaynaklanmaktadır.

Denizlerimizdeki sparid üyelerinin filogenisinin gerçekleştirilmesi amacıyla belirlenen tüm mitokondri DNA gen ve kontrol bölgesi nükleotid dizileri, komşu katılım, maksimum tutumluluk, maksimum olasılık ve bayesian çıkarsama metodu ile analizleri sonucu elde ettiğimiz filogenetik ağaç topolojileri birbirleriyle uyum göstermiştir. Diğer taraftan filogeni çıkarımları göstermiştir ki sparid familyası monofiletiktir yani tek bir atadan köken almaktadır ancak hiçbir filogenetik ağaçta monofiletik alt familya varlığına rastlanmamıştır. Sonuçlarımız son yıllarda yapılmış olan moleküler analizlerin sonuçlarıyla da (Hanel & Sturmbauer, 2000; Orrell vd., 2002; Orrell & Carpenter, 2004; Chiba vd., 2009) uyum göstermektedir.

Genel olarak diş yapısı, baş yapısı, yüzgeç ışın sayısı, iskelet yapısı ve vücut rengi gibi morfolojik karakterlere ve beslenme tiplerine dayalı olarak yapılan alt familya sınıflandırmaları sonucunda Sparidae familyası içerisinde 3 ila 6 alt familya yapılanması görülmüştür (Smith, 1938; Akazaki, 1962; Smith & Smith, 1986; Fiedler, 1991). Fakat mitogenomik DNA bölgelerinin her birinin yanı sıra birleştirilmiş veri setinin analizi sonucunda Sparidae familyası içinde 3 ila 6 arasında değişen bir gruplanmadan ziyade dikkate değer bir genetik mesafe (0,1821) gösteren iki belirgin haplogrup ortaya çıkmıştır. Smith, (1938), Akazaki, (1962) ve Smith ve Smith, (1986) tarafından önerilen alt familyaların hiçbiri elimizdeki veri setleri ile desteklenmemiştir. Ancak Orrell vd., (2002; 2004) ve Hanel ve Strumbauer, (2000)' çalışmalarında elde edilmiş olan bulguları destekler niteliktedir. Halbuki Kuzey Doğu Atlantik ve Akdeniz sparidlerinin 16S rDNA filogenisi daha önceden ileri sürülen alt familyaların açık bir şekilde geçerli olmadığını göstermiştir. Sitokrom *b* geni yoluyla elde edilen herbir grup içinde bu ayırım için mevcut kriterleri yansıtan belirgin bir model görülmemiştir. Orrell ve Carpanter, (2004) 486 bp'lik 16S rDNA kısmi dizisini analiz ederek genus ve alt familya düzeyinde ilişkilerini izah etmek için tanımladıkları 24 mercan türünün Sparidae içinde benzer baş özelliklerinin çoklu bağımsız orjinlerine sahip olduklarını ve hâlihazırda farklı beslenme stratejileri ve diş yapısına göre belirlenmiş olan 3 veya 4 alt familyanın yeniden tanımlanmaya ihtiyacı olduğunu göstermiştir. Çalışılan genusların çoğunun, dişlerinin düzeni ve yapısının daha az özelleşmiş atasal durumdan tekrar tekrar evrilmiş olması gerektiğini gösteren şekilde parafiletik olarak çözümlenmiştir.

Sparidae familyasının I. ana grubu Boopsinae (kesici ön dişli herbivorlar), Sparinae, Pagellinae ve Diplodinae gruplarının tüm üyelerini içerdiği halde bu grubun üyelerini birleştiren ne diş morfolojik karakter ne de ortak bir beslenme tipi (herbivor, karnivor ve omnivor) vardır. Aynı zamanda bu balık türlerini birleştiren coğrafik benzerlik için bir delil de bulunmamaktadır. Bu veriler, beslenme tiplerinin Sparidae içinde birden çok kez evrildiğini işaret etmektedir. Çalışılan tüm gen bölgelerine göre Sparidae familyası monofiletiktir. Ancak bu verilerden elde edilen filogenetik

ağaçlardan hiçbiri daha önce belirlenen Sparidae içindeki alt familya ayrımını desteklemez (Şekil 1). Yani bugün mevcut olan alt familyalar genetik verilerden elde edilen yapılanmayı izah etmek için yetersizdir. Sparidae familyası içindeki iki gruplu alt familya yapısını destekleyecek ve bu gruplar içinde tutarlı olacak bütünleşik karakterlerin varlığı araştırılmalıdır.

Dahası *Sparus* genusu farklı mitokondriyal soydan köken aldığı için *Pagrus* genusuna uzak ilişkili olarak çözümlenmiştir. *O. melanura* tüm filogenetik ağaç topolojilerinde hem filogenetik pozisyon (Şekil 1) hem de genetik mesafe olarak (0,083) (Tablo 4) *D. puntazzo*'ya kardeş tür olarak *Diplodus* grubu içinde yer almaktadır. Diğer taraftan *P. bogaraveo* ve *P. acerne* türleri I. ana grupta yer alırken *P. erythrinus*'un II. grupta *Dentex* ve *Pagrus* türleri ile konumlanması *Pagellus* genusunun parafiletik olduğunu göstermektedir.

Chiba vd., (2009) çalışmalarında tanımladıkları sparid alt familyaları Tetis denizinde farklılaşmaya başlamış olabileceğini ve bu tahmine göre sparidlerin yüksek evrimsel uyumlulukları sayesinde çeşitli besinsel ve çevresel şartların avantajlarını kullanmak için uyumsal bir yayılma geçirmiş olabileceğini ileri sürmüşlerdir. Gerçekten de bazı sparidler atalarında olmadığı halde bağımsız olarak geçirdikleri tekrarlı değişimlerle kabukluları ve zırlı yumuşakçalarla beslenmek için azı dişine benzer dişler geliştirmişlerdir (Akazaki, 1962). Bu nedenle farklılaşmış ve dünyaya dağılmış olan sparid türleri çakışan evrimden dolayı uzak gruplar arasında benzer uyumsal karakterler taşımaktadır. Bu durum morfolojik karakterlere dayalı filogenetik çalışmaların kafa karıştırmasına ve doğru olmayan hipotezler oluşturulmasına sebep olmaktadır.

Sonuç olarak, aşırı avlanan ekonomik balık türlerinin baskı altındaki populasyonlarının kabul edilebilir sınırların ötesinde sömürülmesi nedeniyle avcılığın kontrol altında tutulması ve özellikle sparid türleri gibi ekonomik değeri yüksek ve tercih edilen su ürünlerinin yetiştiriciliğe kazandırılmasını hedefleyen çalışmaların sayısının artması gerekmektedir. Bununla birlikte Türkiye karasularındaki sparid türlerine ait doğal stoklarının belirlenmesi ve populasyonlarının genetik yapısının daha iyi anlaşılabilmesi dolayısıyla balıkçılığın daha iyi yönetilebilmesi amacıyla daha fazla bilgi elde edilmelidir. Diğer taraftan yeryüzünde dağılım gösteren tüm sparid türlerini içeren daha ileri moleküler ve taksonomik çalışmalar türlerin ayrılma zamanlarının tahminine ve karmaşık evrimsel özelliklerinin ortaya konulmasına imkan verecektir.

## KAYNAKLAR

**Akazaki, M. (1962).** *Studies on the perciform fishes anatomy, phylogeny, ecology, and taxonomy.* Osaka Japan, 8 Kosugi Co. Ltd., 368 s.

**Armani, A., Guardone, L., Castigliano, L., D'Amico, P., Messina, A., Malandra, R., Gianfaldoni, D. &**

**Guidi, A. (2015).** DNA and Mini-DNA barcoding for the identification of Porgies species (family Sparidae) of commercial interest on the international market. *Food Control*, **50**, 589-596.

**Bauchot, M.L. & Hureau, J.C. (1986).** *Sparidae. 883-907p.* P.J.P. Whitehead, M.L. Bauchot, J.C. Hureau, J. Nielsen and E. Tortonese (ed), Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean, UNESCO, ISBN: 9230022152, 1473 s.

**Bektaş, Y., Aksu, İ. & Kalaycı, G. (2016).** Türkiye'deki İsparoz (*Diplodus annularis* Linnaeus, 1758) Populasyonlarının mtDNA Cyt *b* Genine Dayalı Genetik Analizi. *Journal of Anatolian Environmental & Animal Sciences*, **1**(2), 37-43.

**Cawthorn, D.M., Steinman, H.A. & Witthuhn, R.C. (2012).** Evaluation of the 16S and 12S rRNA genes as universal markers for the identification of commercial fish species in South Africa. *Gene*, **491**, 40-48. Doi: 10.1016/j.gene.2011.09.009.

**Chiba, S.N., Iwatsuki, Y., Yoshino, T. & Hanzawa, N. (2009).** Comprehensive phylogeny of the family Sparidae (Perciformes: Teleostei) inferred from mitochondrial gene analyses. *Genes and Genetic Systems*, **84**(2), 153-170. Doi: 10.1266/ggs.84.153.

**Day, J.J. (2002).** Phylogenetic relationships of the Sparidae (Teleostei: Percoidae) and implications for convergent trophic evolution. *Biological Journal of the Linnean Society*, **76**, 269-301.

**De La Herran, R., Ruiz Rejon, C., Ruiz Rejon, M. & Garrido-Ramos, M. (2001).** The Molecular Phylogeny of the Sparidae (Pisces, Perciformes) based on two satellite dna families. *Heredity*, **87** (6), 691-697. Doi: 10.1046/j.1365-2540.2001.00967.x.

**Duftner, N., Sefc, K.M., Koblmüller, S., Salzburger, W. & Taborsky, M. (2007).** Parallel evolution of facial stripe patterns in the *Neolamprologus brichardipulcher* species complex endemic to Lake Tanganyika. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **45**, 706-715.

**Fiedler, K. (1991).** *Familie Sparidae.* In: Starck D (ed) *Lehrbuch der Speziellen Zoologie. Teil 2: Fische.* Gustav Fischer Verlag, Jena, 354-355.

**Golani, D., Öztürk, B., Başusta, N. & Darom, D. (2006).** *Sparidae.* 160-167p. D. Golani (ed), Fishes of the Eastern Mediterranean, Graphis matbaa., ISBN: 9789758825127, 260 s.

**Hall, T.A. (1999).** Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium*, **41**, 95-98.

**Hanel, R. & Sturmbauer, C. (2000).** Multiple recurrent evolution of trophic types in Northeastern Atlantic and Mediterranean Seabreams (Sparidae, Percoidae). *Journal of Molecular Evolution*, **50**, 276-283. Doi: 10.1007/s002399910032.



- Huelsenbeck, J.P. & Ronquist, F. (2001).** MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics Applications Note*, **19**(12), 1572-1574. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180>.
- Iwatsuki, Y., Newman, S.J. & Russell, B.C. (2015).** *Dentex carpenteri*, a new species of deepwater seabream from Western Australia (Pisces: Sparidae). *Zootaxa*, **3957**(1), 109-119. Doi: 10.11646/zootaxa.3957.1.9.
- Kalendar, R., Lee, D. & Schulman, A.H. (2009).** FastPCR software for PCR primer and probe design and repeat search. *Genes, Genomes and Genomics*, **3**(1), 1-14.
- Librado, P. & Rozas, J., (2009).** DnaSP v5. A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, **25**, 1451-1452. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp187>.
- Nelson, J.S. (2006).** *Perciformes. 339-440p.* J.S. Nelson (ed), Fishes of the World, John Wiley and Sons Inc., ISBN: 978-0-471-25031-9, 539 s.
- Orrell, T.M. & Carpenter, K.E. (2004).** A phylogeny of the fish family Sparidae (porgies) inferred from mitochondrial sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **32**, 425-434. Doi: 10.1016/j.ympev.2004.01.012.
- Orrell, T.M., Carpenter, K.E., Musick, J.A. & Graves, J.E. (2002).** A phylogenetic and biogeographic analysis of the Sparidae (Perciformes: Percoidae) based on cytochrome *b* sequences. *Copeia*, **3**, 618-631. Doi: 10.1643/00458511(2002)-002[0618].
- Ostellari, L., Bargelloni, L., Penzo, E., Patarnello, P. & Patarnello, T. (1996).** Optimization of single-strand conformation polymorphism and sequence analysis of the mitochondrial control region in *Pagellus bogaraveo* (Sparidae, Teleostei): rationalized tools in Wsh population biology. *Animal Genetics*, **27**, 423-427.
- Posada, D. (2008).** jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. *Molecular Biology and Evolution*, **25**(7), 1253-1256.
- Smith, J.L.B. & Smith, M.M. (1986).** *Family No. 183: Sparidae. 580-594p.* M.M. Smith and P.C. Heemstra (Ed), Smith's Sea Fishes, Springer, 1050 s.
- Smith, J.L.B. (1938).** The South African fishes of the families Sparidae and Denticidae. *Transactions of the Royal Society of South Africa*, **26**, 225-305.
- Summerer, M., Hanel, R. & Sturmbauer, C. (2001).** Mitochondrial phylogeny and biogeographic affinities of sea bream of the genus *Diplodus* (Sparidae). *Journal of Fish Biology*, **59**, 1639-1652. Doi: 10.1080/17451000.2010.499438.
- Swofford, D.L. (2003).** *PAUP. Phylogenetic analysis using parsimony.* version 4. sinauer associates. Sunderland, Massachusetts.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. & Kumar, S. (2007).** MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, **24**, 1596-1599. Doi: 10.1093/molbev/msm092.
- Viret, A., Tsaparis D., Tsigenopoulos, C.S., Berrebi, P., Sabatini, A., Arculeo, M., Fassatoui, C., Magoulas, A., Marengo, M., Morales-Nin, B., Caill-Milly, N. & Durieux, E.D.H. (2018).** Absence of spatial genetic structure in common *Dentex* (*Dentex dentex* Linnaeus, 1758) in the Mediterranean Sea as evidenced by nuclear and mitochondrial molecular markers. *PLoS ONE*, **13**(9), 1-21. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0203866>.
- Westneat, M.W., Alfaro, M.E., Wainwright, P.C., Bellwood, D.R., Grubich, J.R., Fessler, J.R., Clements, K.D. & Smith, L.L. (2005).** Local phylogenetic divergence and global evolutionary convergence of skull function in reef fishes of the family Labridae. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, **272**, 993-1000.

**\*Corresponding author's:**

İsmail AKSU

Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Rize, Türkiye.

✉E-mail: ismailaksu3422@gmail.com

ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-2104-9888>

GSM : +90 (537) 742 08 00

Telefon : +90 (464) 223 33 85

Faks : +90 (464) 223 41 18