

İZMİR KATİP ÇELEBİ ÜNİVERSİTESİ ★ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE KIYILARINDA DAĞILIM GÖSTEREN *SYNGNATHUS*
(SYNGNATHIDAE) CİNSİNE AİT TÜRLERİN FİLOGENETİK
İLİŞKİLERİNİN BELİRLENMESİ**

DOKTORA TEZİ

Adnan Çağlar ORUÇ

Su Ürünleri Anabilim Dalı

ARALIK 2017

İZMİR KATİP ÇELEBİ ÜNİVERSİTESİ ★ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE KIYILARINDA DAĞILIM GÖSTEREN *SYNGNATHUS*
(SYNGNATHIDAE) CİNSİNE AİT TÜRLERİN FİLOGENETİK
İLİŞKİLERİNİN BELİRLENMESİ**

DOKTORA TEZİ

**Adnan Çağlar ORUÇ
(D120107002)**

Su Ürünleri Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Semih ENGİN

ARALIK 2017

İzmir Kâtip Çelebi Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü'nün D120107002 numaralı Doktora öğrencisi, “Adnan Çağlar ORUÇ”, ilgili yönetmeliklerin belirlediği gerekli tüm şartları yerine getirdikten sonra hazırladığı “**Türkiye Kıyılarında Dağılım Gösteren *Syngnathus* (*Syngnathidae*) Cinsine Ait Türlerin Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesi**” başlıklı tezini, aşağıda imzaları olan jüri önünde başarı ile sunmuştur.

Tez Danışmanı : **Prof. Dr. Semih ENGİN**
İzmir Kâtip Çelebi Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi

Jüri Üyeleri : **Yrd. Doç. Dr. Erhan IRMAK**
İzmir Kâtip Çelebi Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi

Doç. Dr. Yusuf BEKTAŞ
Recep Tayyip Erdoğan Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi

Doç. Dr. Mehmet ÇULHA
İzmir Kâtip Çelebi Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi

Doç. Dr. Deniz İNNAL
Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi

Teslim Tarihi: 30 Kasım 2017
Savunma Tarihi: 13 Aralık 2017

ÖNSÖZ

Bu çalışma, İzmir Kâtip Çelebi Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Su Ürünleri Anabilim Dalı doktora programında yapılmış olup İKÇÜ Bilimsel Araştırmalar Koordinatörlüğü “2016-TDR-FEBE-0027” kodlu proje tarafından desteklenmiştir.

Bu tez çalışmasının danışmanlığını yürüten, bilgisini, ilgisini ve yardımlarını hiçbir zaman esirgemeyen sayın hocam Prof. Dr. Semih ENGİN’e, tez izleme jürimde bulunan sayın hocalarım Doç. Dr. Yusuf BEKTAŞ’a ve Yrd. Doç. Dr. Erhan IRMAK’a, her koşulda desteğini esirgemeyen değerli ekip arkadaşım Araş. Gör. Dilruba SEYHAN ÖZTÜRK’e yardımlarından dolayı sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmalarım süresince iyi dileklerini ve desteklerini sürekli hissettiğim başta eşim olmak üzere tüm aileme teşekkürlerimi borç bilirim

Aralık 2017

Adnan Çağlar ORUÇ
(Su Ürünleri Yüksek Mühendisi)

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖNSÖZ.....	V
İÇİNDEKİLER	VII
KISALTMALAR	IX
ÇİZELGE LİSTESİ.....	XI
ŞEKİL LİSTESİ.....	XIII
ÖZET.....	XV
SUMMARY	XVII
1. GİRİŞ	1
1.1. Syngnathidae Familyasının Genel Özellikleri	4
1.2. <i>Syngnathus</i> Linnaeus, 1758 Cinsine Ait Türler	9
1.3. Türkiye Kıyılarında Dağılım Gösteren <i>Syngnathus</i> Cinsine Ait Türler.....	10
1.4. Sistematikte Kullanılan Genetik Teknikler	12
1.4.1. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR).....	12
1.4.2. DNA dizileme analizi.....	13
1.4.3. Mitokondriyal DNA (mtDNA)	15
1.4.4. Filogenetik analizler ve filogenetik ağaçların oluşturulması	19
1.4.5. Mesafe temelli metotlar.....	19
1.4.5.1. Aritmetik ortalama kullanarak ağırlıksız gruplama yöntemi UPGMA (Unweighted pair group method using arithmetic averages)	19
1.4.5.2. Neighbour joining-komşu birleştirme metodu	19
1.4.6. Karakter temelli metotlar	20
1.4.6.1. MP (Maximum parsimony) farklılıkları en aza indirme yöntemi.....	20
1.4.6.2. ML (Maximum likelihood) en yüksek ihtimal metodu.....	20
1.4.6.3. Bayesian çıkarsama metodu.....	20
1.5. Önceki Çalışmalar.....	21
1.6. Çalışmanın Amacı	26
2. MATERYAL – YÖNTEM	27
2.1. Araştırma Materyali	27
2.1.1. <i>Syngnathus abaster</i> Risso, 1826	27
2.1.2. <i>Syngnathus acus</i> Linnaeus, 1758	27
2.1.3. <i>Syngnathus schmidtii</i> Popov, 1927.....	28
2.1.4. <i>Syngnathus tenuirostris</i> Rathke, 1837	29
2.1.5. <i>Syngnathus typhle</i> Linnaeus, 1758.....	29
2.2. Araştırma Sahası.....	30
2.3. Yöntem	31
2.3.1. Örneklem çalışmaları	31
2.3.1.1. Dalarak örneklem	31
2.3.1.2. Örneklerin muhafazası	33
2.3.2. Laboratuvar çalışmaları.....	33
2.3.2.1. Morfolojik çalışmalar.....	33

2.3.2.2. Moleküler analizler	37
3. BULGULAR	41
3.1. <i>Syngnathus abaster</i> Risso, 1826.....	42
3.1.1. Habitat tercihi	42
3.1.2. Morfolojik özellikleri	42
3.1.3. Renklenme.....	43
3.2. <i>Syngnathus acus</i> Linnaeus, 1758	45
3.2.1. Habitat tercihi	45
3.2.2. Morfolojik özellikleri	45
3.2.3. Renklenme.....	46
3.3. <i>Syngnathus schmidti</i> Popov, 1927.....	48
3.3.1. Habitat tercihi	48
3.3.2. Morfolojik özellikleri	48
3.3.3. Renklenme.....	49
3.4. <i>Syngnathus tenuirostris</i> Rathke, 1837.....	51
3.4.1. Habitat tercihi	51
3.4.2. Morfolojik özellikleri	51
3.4.3. Renklenme.....	52
3.5. <i>Syngnathus typhle</i> Linnaeus, 1758	54
3.5.1. Habitat tercihi	54
3.5.2. Morfolojik özellikleri	54
3.5.3. Renklenme.....	55
3.6. Temel Bileşenler (PCA) Analizi Sonuçları.....	60
3.7. Moleküler Bulgular	62
4. TARTIŞMA	73
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	85
KAYNAKÇA	87
ÖZGEÇMİŞ.....	101

KISALTMALAR

A	: Adenin
Bç	: Baz çifti
BR	: Gövde halka sayısı
C	: Cytosin; Sitozin
COI	: Sitokrom C oksidaz
Cyt-b	: Sitokrom oksidaz b
D	: Dorsal yüzgeç
DD	: Eksik veri
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilendiamin tetraasetikasit
g	: Gram
G	: Guanin
HCl	: Hidroklorik asit
kb	: Kilo baz
LC	: Düşük risk
mA	: Mili Amper
mg	: Miligram
MgCl₂	: Magnezyum Klorür
ml	: Mililitre
mRNA	: Messenger RNA
ms	: Milisaniye
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
n	: Birey sayısı
NaCl	: Sodyum klorür
ng	: Nanogram
NT	: Tehdite açık
OD	: Optik yoğunluk
P	: Pektoral yüzeç
pM	: Pikomol
rRNA	: Ribozomal RNA
SDR	: Subdorsal halka sayısı
SDS	: Sodyum dodesil sülfat
T	: Timin
TBE	: Tris/Borate/EDTA
TE	: Tris-EDTA
TNES	: Tris-NaCl-EDTA-SDS
TR	: Kuyruk halka sayısı
tRNA	: Transfer RNA
µl	: Mikrolitre

ÇİZELGE LİSTESİ

	<u>Sayfa</u>
Çizelge 1: <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin dağılım alanları.....	9
Çizelge 2: Akdeniz ve Türkiye’de dağılım gösterdiği bildirilen <i>Syngnathus</i> cinsine ait türler.....	12
Çizelge 3: Maxam ve Gilbert kimyasal kırılma yönteminde kullanılan kimyasallar.....	14
Çizelge 4: <i>Syngnathus</i> Cinsine Ait Türlerin Tayin Anahtarı.....	34
Çizelge 5: Karadeniz Havzasındaki <i>Syngnathus</i> Cinsine Ait Türlerin Tayin Anahtarı...	35
Çizelge 6: Kullanılan metrik karakterler ve açıklamaları.....	36
Çizelge 7: Kullanılan meristik karakterler ve açıklamaları.....	36
Çizelge 8: Filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde kullanılan primerler.....	38
Çizelge 9: İstasyonlara göre örneklenen tür sayıları.....	41
Çizelge 10: <i>S. abaster</i> morfometrik oranlar.....	44
Çizelge 11: <i>S. acus</i> morfometrik oranlar.....	47
Çizelge 12: <i>S. schmidti</i> morfometrik oranlar.....	50
Çizelge 13: <i>S. tenuirostris</i> morfometrik oranlar.....	53
Çizelge 14: <i>S. typhle</i> Ege, Marmara ve Karadeniz popülasyonlarının morfometrik oranları.....	58
Çizelge 15: Örneklenen <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin meristik karakterlerinin birey bazında dağılımları.....	59
Çizelge 16: Nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları.....	62
Çizelge 17: <i>Syngnathus</i> türlerine ait haplotiplerin lokalitelere göre dağılımları.....	63
Çizelge 18: Tür içi genetik uzaklık değerleri.....	64
Çizelge 19: mtDNA COI bölgesi veri setine göre oluşturulan türler arası K2P genetik uzaklık matrisi.....	66
Çizelge 20: <i>S. typhle</i> popülasyonları için mtDNA cyt-b bölgesi veri setine göre oluşturulan türler arası K2P genetik uzaklık matrisi.....	67
Çizelge 21: Kıyılarımızda dağılım gösterdiği tespit edilen <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin morfometrik oranları.....	75
Çizelge 22: Bu çalışma kapsamında ve diğer araştırmacıların çalışmalarında tespit ettikleri meristik karakterler.....	77

ŞEKİL LİSTESİ

	Sayfa
Şekil 1: <i>Hippocampus sp.</i> genel morfolojisi.....	5
Şekil 2: <i>Syngnathus sp.</i> genel morfolojisi.	7
Şekil 3: Deniz iğnelerinde cinsinde yavru kesesinin konumu.....	8
Şekil 4: PCR çoğalmasının basamakları.....	13
Şekil 5: Hücrede DNA' nın yapısı.	15
Şekil 6: Balık mitokondrisinde genlerin dizilimi.....	17
Şekil 7: <i>S. abaster</i> genel morfolojisi.	27
Şekil 8: <i>S. acus</i> genel morfolojisi.	28
Şekil 9: <i>S. schmidti</i> genel morfolojisi.	28
Şekil 10: <i>S. tenuirostris</i> genel morfolojisi.	29
Şekil 11: <i>S. typhle</i> genel morfolojisi.	29
Şekil 12: Örneklem istasyonları.	30
Şekil 13: Dalıcı sürütme ağı.....	32
Şekil 14: Sualtı çalışmaları.....	32
Şekil 15: Morfolojik incelemelerde kullanılan dijital kumpas ve stereo mikroskop	33
Şekil 16: Genetik analizlerde kullanılan laboratuvar ekipmanları.....	37
Şekil 17: Jelde kontrol edilen PCR ürünlerinin görüntüsü.....	39
Şekil 18: Bioedit programında kontrol edilerek hizalanan diziler.....	40
Şekil 19: <i>S. abaster</i> (A, B: yandan görünüm, C: üstten görünüm).....	42
Şekil 20: Sualtında fotoğraflanan <i>S. abaster</i> örneği.....	43
Şekil 21: <i>Syngnathus acus</i> (A: yandan, B: üstten görünüm, C: Dorsal yüzgeç ve yanal çizgi, D: yavru kesesi).....	45
Şekil 22: Sualtında fotoğraflanan <i>S. acus</i> örneği.....	46
Şekil 23: <i>S. schmidti</i> erkek birey genel morfolojisi.	48
Şekil 24: <i>S. schmidti</i> fikse edilmiş birey renklenmesi ve baş morfolojisi.....	49
Şekil 25: <i>S. tenuirostris</i> (A: yandan görünüm, B: burun morfolojisi, C: başın üstte görünümü).....	51
Şekil 26: Sualtında fotoğraflanan <i>S. tenuirostris</i> örneği.....	52
Şekil 27: A: Ege, B: Karadeniz popülasyonuna ait bireylerin baş yapısı.....	55
Şekil 28: <i>S. typhle</i> (Ege denizi popülasyonuna ait örnek).....	56
Şekil 29: <i>S. typhle</i> (Karadeniz popülasyonuna ait örneğin sualtı fotoğrafı).....	56
Şekil 30: <i>S. typhle</i> A: Ege; B: Marmara; C: Karadeniz popülasyonlarına ait dişi ve erkek bireyler.....	57
Şekil 31: PCA analiz sonucu. (■: <i>S. abaster</i> , *: <i>S. acus</i> , ▲: <i>S. schmidti</i> , ●: <i>S. tenuirostris</i> , +: <i>S. typhle</i>).....	60
Şekil 32: PCA analiz sonucu. (●: <i>S. typhle</i> : Karadeniz, ▲: Marmara ve ■: Ege Denizi popülasyonlarına ait bireyleri).....	61

Şekil 33: <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin mtDNA COI dizlerine ait ML metoduna dayalı filogenetik ağacı.....	68
Şekil 34: <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin mtDNA COI dizlerine ait ME metoduna dayalı filogenetik ağacı.....	69
Şekil 35: <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin mtDNA COI dizlerine ait NJ metoduna dayalı filogenetik ağacı.....	70
Şekil 36: Ülkemiz kıyılarında dağılım gösteren <i>Syngnathus</i> türleri arasındaki ilişkiyi gösteren haplotip ağı.	71
Şekil 37: <i>Syngnathus</i> cinsine ait türlerin mtDNA cyt-b dizleri ile oluşturulan NJ metoduna dayalı filogenetik ağaç	72
Şekil 38: <i>S. acus</i> ve <i>S. variegatus</i>	83
Şekil 39: <i>S. phlegon</i> ve <i>S. schmidti</i>	84

TÜRKİYE KIYILARINDA DAĞILIM GÖSTEREN *SYNGNATHUS* (SYNGNATHIDAE) CİNSİNE AİT TÜRLERİN FİLOGENETİK İLİŞKİLERİNİN BELİRLENMESİ

ÖZET

Bu çalışmada ülkemiz kıyusal deniz ekosistemlerinde bulunan deniz iğnelerinden *Syngnathus* (Syngnathidae) cinsine ait türlerin detaylı morfolojik özellikleri incelenmiş ve filogenetik ilişkileri araştırılmıştır. Ayrıca taksonomik açıdan statüleri tartışmalı olan bazı türlerin durumları morfolojik ve moleküler teknikler bir arada kullanılarak değerlendirilmiştir.

Gerçekleştirilen çalışmada *S. abaster*, *S. acus*, *S. schmidt*, *S. tenuirostris* ve *S. typhle* türlerine ait 33 istasyondan toplam 146 birey örneklenmiştir. Fakat kıyılarımızda dağılım gösterdiği bildirilen *S. variegatus* ve *S. phegon* türlerine rastlanmamıştır.

Türlerin detaylı morfometrik özellikleri incelendiğinde en uzun burun boyu *S. typhle* (Pro/HL: %66,7±5,1), en kısa burun boyu *S. abaster* (Pro/HL: %47,75±2,5), en ince burun yapısı ise *S. schmidt* (SD/HL: %4,7±0,6) türünde tespit edilmiştir. *S. acus*'un en yüksek (Bd-Afo/SL: %3,47±0,3) ve geniş (Bw-Afo/SL: %3,12±0,2) gövde yapısına sahip olduğu, *S. schmidt*'nin ise en düşük gövde değerlerine sahip olduğu (Bd-Afo/SL: %2,21±0,2), (Bw-Afo/SL: %1,67±0,3) tespit edilmiştir. Ayrıca *S. schmidt*'nin incelenen diğer türlere kıyasla dorsal yüzgeç uzunluğu vücut uzunluğuna oranının (Dfl/SL: %18,9±0,4) ve göz çapı baş boyu oranı (ed/HL: %14,8±0,8) daha fazla olduğu tespit edilmiştir. Meristik karakterlerde ise en fazla gövde halka sayısı (BR) *S. acus* 18-20 ve *S. typhle* 16-20, kuyruk halka sayısı (TR) 41-44 *S. tenuirostris*, dorsal yüzgeç altında kalan halka sayısı (SDR) 14-15 adet olarak *S. schmidt* türünde tespit edilmiştir.

Syngnathus türlerine ait barkod verilerine dayalı analizler sonucunda tür içi genetik uzaklığın %0-1,2 (ortalama %0,3± 0,003) arasında iken türler arasındaki genetik uzaklığın %2,3-29,98 (ortalama %18,3± 0,05) arasında değiştiği saptanmıştır. Buna bağlı olarak ülkemiz kıyılarında dağılım gösteren en yakın ilişkili deniz iğnesi türleri %2,3 genetik mesafeyle *S. typhle* ve *S. abaster* olarak tespit edilirken; Cyt-b analiz verilerine göre *S. typhle* ve *S. abaster* türleri %1,3 genetik mesafe ile yine birbirlerine en yakın türler olarak tespit edilmiştir. *S. typhle* popülasyonları arasındaki genetik mesafenin ise ortalama %0,2±0.001 olduğu ve tür içi varyasyon sınırları içinde kaldığı saptanmıştır.

Bu çalışma, Akdeniz ve Karadeniz'de yayılış gösteren *Syngnathus* genusuna ait beş türün farklı popülasyonlarının morfolojik ve moleküler analizler kullanarak değerlendirildiği ve türlerin birbirleriyle karşılaştırıldığı ilk çalışmadır. Elde edilen veriler morfolojik olarak kolayca karıştırılabilen *Syngnathus* türlerinin tüm yayılış alanlarındaki popülasyonlarının morfo-genetik analizlerle değerlendirilerek revizyonlarının yapılması gerekliliği sonucunu ortaya çıkarmaktadır.

Anahtar Kelimeler: *Syngnathus*, DNA barkodlama, COI geni, Morfoloji, Filogenetik ilişkiler.

DETERMINATION OF THE PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF *SYNGNATHUS* (SYNGNATHIDAE) SPECIES IN TURKISH SEAS

SUMMARY

In this study, detailed morphological characteristics and phylogenetic relationships of the pipefishes in *Syngnathus* genus (Syngnathidae) that distributed in our coastal marine ecosystems were examined. In addition, morphological and molecular techniques have been used in combination to assess the status of some taxonomically controversial species.

Totally 146 specimens were sampled from *S. abaster*, *S. acus*, *S. schmidtii*, *S. tenuirostris* and *S. typhle* species in 33 stations. However, the specimens of *S. variegatus* and *S. phegon* could not be sampled although they have reported from our coasts.

It has been determined that the longest nose belongs to *S. typhle* (Pro/HL: %66,7±5,1), the shortest nose belongs to *S. abaster* (Pro/HL: %47,75±2,5) and the thinnest nose belongs to *S. schmidtii* (SD/HL: %4,7±0,6) specimens according to detailed morphometric examination. In addition, while the highest (Bd-Afo/SL: %3,47±0,3) and the widest (Bw-Afo/SL: %3,12±0,2) trunk belongs to *S. acus* specimens, *S. schmidtii* has the lowest trunk values (Bd-Afo/SL: %2,21±0,2), (Bw-Afo/SL: %1,67±0,3). Controversially, the ratio of dorsal fin length to body length (DfL/SL: %18,9±0,4) and the ratio of eye diameter to head length (ed/HL: %14,8±0,8) of *S. schmidtii* were highest from the other species. In the meristic characters, it is determined that the largest number of trunk rings (BR) belongs to *S. acus* (18-20) and *S. typhle* (16-20) the largest number of tail rings (TR) belongs to *S. tenuirostris* (41-44) and the largest number of rings under the dorsal fin (SDR) belongs *S. schmidtii* (14-15).

DNA barcoding analysis of the *Syngnathus* species showed that the intraspecific distance were ranged between %0-1,2 and with mean %0,3± 0,003 while the mean interspecific distance of the species were determined as %19,5± 0,06. In addition, the interspecific distance of the congeners was ranged between %2,3-29,98 and with mean %18,3± 0,05. The closest pipefishes distributed in our coasts were determined as *S. typhle* and *S. abaster* with %2,3 genetic distance. The analysis of Cyt-b sequences also indicated that *S. typhle* and *S. abaster* species are closest to each other with %1,3 genetic distance. The mean genetic distance between *S. typhle* populations were determined as %0,2±0.001 that also indicates the distance between these populations is in intraspecific variation.

This is the first study that contains comparative evaluation of the results of both morphological and molecular analyzes of *Syngnathus* species that distributed in the Mediterranean and the Black Sea. The obtained results reveal the necessity of revision of the genus with morpho-genetic analyzes.

Key word: *Syngnathus*, DNA barcoding, COI gene, Morphology, Phylogenetic relationship.

1. GİRİŞ

Zengin denizel biyoçeşitliliğe sahip olan ülkemiz kıyısal suları Akdeniz'in en doğu kesiminde yer almakta olup farklı ekolojik ve hidrografik karakterlerdeki Karadeniz, Marmara Denizi, Ege Denizi ve Levantin Denizi ile çevrelenmiştir.

Asya ve Avrupa Kıtaları arasında yarı-kapalı bir iç deniz olan Karadeniz'in yüzey alanı 423.000 km² olup ortalama ve maksimum derinliği ise sırasıyla 1240 ve 2200 m'dir. Karadeniz, İstanbul Boğazı ile Marmara Denizi, Çanakkale Boğazı ile Ege Denizi'ne bağlanmaktadır. Mevsimsel ve bölgesel değişimler gösteren yüzey suyu sıcaklığı Karadeniz'de Şubat ve Mart gibi kış aylarında ortalama 6–7 °C; güney kesimlerinde 8–9 °C, kuzey kesimlerinde ise 2–3 °C'ye kadar düşmektedir. Temmuz ve Ağustos gibi yaz aylarında ise ortalama 20–22 °C olan yüzey suyu sıcaklığı, doğu ve güney kıyılarında 24–25 °C'ye kadar yükselmektedir (Balkaş ve diğ., 1990). Kuzeyden Karadeniz'e dökülen Kuban, Dinyeper, Dinyester, Tuna ve Don nehirlerinin Karadeniz'in tuz yoğunluğu ve akıntılarının şiddeti üzerinde etkili olmaktadır. Tuzluluk Karadeniz'de diğer denizlerimize oranla daha düşük olmakla birlikte en yüksek değerler orta kesimlerde yaklaşık ‰18 iken, akarsuların denize ulaştığı yüzey kesimlerde ‰4-5 seviyelerine kadar inebilmektedir (Balkaş ve diğ., 1990). Karadeniz'in tatlı su girdisi miktarının, buharlaşma yoluyla gerçekleşen kayıptan fazla olması nedeniyle düşük tuzluluktaki Karadeniz suyu Ege Denizi'ne doğru yüzey suyu halinde taşınmaktadır (Ünlüata ve diğ., 1990). Oksijence zengin yüzey suyunun altında, derin dip suları oksijensiz ve tabana doğru artan yüksek oranda hidrojen sülfür içermektedir (Yılmaz, 2002). Canlı hayatı kısıtlayan hidrojen sülfürlü oksijensiz tabaka Karadeniz'in kıyısal kesimlerinde yaklaşık 160-180 m, iç kesimlerinde ise 100-120 m derinliklerde başlamakta, oksijence zengin yüzey tabakasından ise bir geçiş tabakası ile ayrılmaktadır (Tuğrul ve diğ., 1992; Saydam ve diğ., 1993; Baştürk ve diğ., 1994).

Marmara Denizi 11500 km² alana sahip, doğu Akdeniz'in Ege havzası ile Karadeniz arasındaki su geçişinin sağlandığı bir iç denizdir. Çanakkale ve İstanbul Boğazı olmak üzere iki dar uzun su yoluna sahiptir. Marmara Denizi ayrıca boğazlar nedeniyle

uluslararası öneme sahip bir su yolu olma özelliği de taşımaktadır. Çanakkale Boğazı'nın genişliği 1,2-7 km arasında olup, 62km uzunlukta ve ortalama 55 m derinliktedir. İstanbul Boğazı'nın ise genişliği 0,7 ile 3,5 km arasında olup, 31 km uzunlukta ve ortalama derinliği 35m' dir. Karadeniz kaynaklı düşük tuzlulukta sular 15-20 m üst su tabakası, dipte ise Çanakkale Boğazı'ndan giren Akdeniz kaynaklı yüksek tuzlulukta sular yer almaktadır (Beşiktepe ve diğ, 1994). Su sıcaklıkları yüzey tabakasında kışın 4-5 °C'ye kadar düşerken, yaz aylarında 25 °C'ye kadar yükselmektedir. Marmara Denizi'nin tuzluluk değerleri boğazlar sistemi boyunca meydana gelen karışımlar sebebiyle değişkenlikler göstermekte olup İstanbul Boğazı'nda %16-18, Çanakkale Boğazı'nda ise %23-28 aralığında değişmektedir (Oğuz ve Tuğrul, 1998). Ege Denizi'nden Marmara Denizi'ne giren oksijen zengin Akdeniz suları burada kendi yoğunluk düzeylerine kadar batmaktadır (Beşiktepe ve diğ, 1993).

İrili ufaklı yüzlerce adacık barındıran Ege Denizi kompleks taban topoğrafyası ve kıyı şeridinde sahiptir. Ege Denizi tür çeşitliliği bakımından Akdeniz ile birlikte Marmara ve Karadeniz'e oranla daha zengindir. Yüzey alanı yaklaşık 180000 km² olan Ege Denizi Kuzey çukuru, orta Ege çukuru ve Girit Havzası olmak üzere 3 derin çukurdan oluşmaktadır. En güney kesimde yer alan Girit havzası Ege Denizi'nin en derin bölgesidir ve derinlik 2000 m'yi aşmaktadır. Ege Denizi Girit adasının iki tarafında yer alan boğazlar ile doğu Akdeniz'e bağlanmaktadır. Su sıcaklıkları yıl içerisinde 13-24 °C arasında değişmekte olup, tuzluluk ise kuzeyden güneye doğru artmakta ve %31-39 arasında değişmektedir. Ege Denizi birincil üretim ve besin elementleri açısından nispeten fakir olup akarsuların ve Çanakkale Boğazı'nın taşıdığı yüzey sularının etkin olduğu bölgelerde belirgin besin tuzu ve fitoplankton yoğunluğuna sahip bir denizdir (Küçüksezgin ve diğ, 1995).

Kuzeyde ülkemiz kıyıları, güneyde Mısır, doğuda İsrail, Lübnan ve Suriye tarafından çevrelenen Levant Denizi batıda Girit geçidi ile Ege Denizi ve doğu Akdeniz'in diğer bölümlerine bağlanmaktadır. Kuzey Levant Denizi'nin önemli çukurları Rodos (4000 m), Antalya (2500 m), Kilikya (1000 m) ve Latakya (1500 m)'dir. Dünya denizleri arasında Levant Denizi en oligotrofik alanlardan biridir. Düşük karasal ve atmosferik girdi nedeniyle Levant Denizi besin tuzları bakımından oldukça fakirdir (Salihoğlu ve diğ, 1990).

Buharlaşmanın tatlı su girdisinden daha fazla olan Levant Denizi'nin yüzey sularındaki ısınma ve buharlaşma kaynaklı olarak tuzluluk %38-39 olup, sıcaklık kış aylarında 15-16 °C, yaz aylarında ise 25 °C'ye ulaşmaktadır (Özsoy ve diğ, 1989; 1991;1993). Türkiye'nin Levant Denizi kıyıları gerek bölgede büyük limanların yer alması gerekse Süveyş Kanalına yakınlığı nedeniyle son yıllarda istilacı türlerin önemli yerleşim alanı olmuştur.

Akdeniz sular sisteminin bir parçasını oluşturan Türkiye denizleri ekolojik ve coğrafik özellikler bakımından farklılıklar göstermektedir. Balık çeşitliliği açısından değerlendirildiğinde 449 tür ile Ege Denizi ilk sırada yer alırken, Levantin kıyıları 441, Marmara Denizi 257 ve Karadeniz'de ise 154 balık türü yaşam sürmektedir (Bilecenoglu ve diğ, 2014).

Akdeniz'deki deniz atı ve deniz iğnesi türleri zararlı av araçlarının, turizm ve kentleşme sonucu meydana gelen habitat tahribatlarının, akvaryum sektöründeki talep ve kurutularak uzak doğu ülkelerine ticareti gibi nedenlerin tehditi altındadır. IUCN kırmızı listesinde Akdeniz'de dağılım gösteren 13 Syngnathid türünden *Hippocampus hippocampus* (Linnaeus, 1758) ve *Hippocampus guttulatus* Cuvier, 1829 tehdiye açık (NT), *Nerophis ophidion*; *Syngnathus abaster* Risso, 1827; *Syngnathus acus* Linnaeus, 1758 ve *Syngnathus typhle* Pallas, 1814 düşük risk (LC), *Minyichthys sentus* Dawson, 1982; *Nerophis ophidion* (Linnaeus, 1758); *Syngnathus phlegon* Risso, 1827; *Syngnathus rostellatus* Nilsson, 1855; *Syngnathus schmidti* Popov, 1928; *Syngnathus taenionotus* Canestrini, 1871 ve *Syngnathus tenuirostris* Rathke, 1836 ise yetersiz verili (DD) olarak değerlendirilmektedir (IUCN 2017).

Türlerin tanımlanmasında klasik taksonomik çalışmaların yanı sıra DNA barkodlama gibi moleküler uygulamalarla daha doğru sonuçlar elde edilebilmektedir.

20. yüzyılın ortalarında moleküler belirteçlerin keşfi ve geliştirilmesi evrim ve ekoloji alanlarında birçok taksonomik seviyede genetik çeşitliliğin ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde güçlü bir araç olarak kullanılmasını sağlamıştır (Parker ve diğ, 1998; Jones ve Arden, 2003; Avise, 2004; Chauhan ve Rajiv, 2010; Mobley ve diğ, 2011). Fakat yeni türlerin tanımlanmasında sadece barkod verilerinin kullanımının yeterli olmayacağı, çok disiplinli bir taksonomik çalışmanın gerekliliği unutulmamalıdır (Keskin ve Atar, 2013).

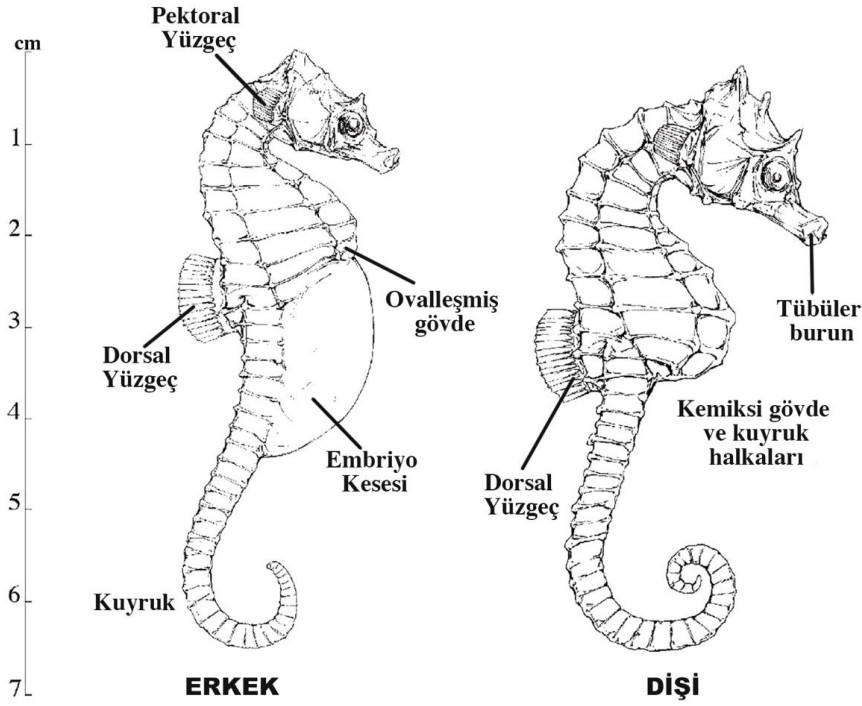
Syngnathidae familyasında gözlenen habitata özgü morfolojik adaptasyonlar, familyaya ait türlerin kesin tayini ve koruma stratejilerinin belirlenmesinin morfolojik özelliklerin yanı sıra ancak moleküler analizlerle mümkün olabilmektedir (Kuitler, 2009). Gerçekleştirilen tez çalışmasında Türkiye kıyusal deniz ekosisteminde dağılım gösteren *Syngnathus* (Syngnathidae) cinsine ait türlerin filogenetik ilişkilerinin morfolojik ve moleküler yöntemler kullanılarak belirlenmesi amaçlanarak ülkemiz kıyılarındaki deniz iğnesi türlerinin (*Syngnathus spp.*) güncel ve geçerli durumlarının ortaya koyulması hedeflenmiştir.

1.1 Syngnathidae Familyasının Genel Özellikleri

Zengin tür çeşitliliğine sahip familyalardan biri olan Syngnathidae, oldukça ilgi çeken deniz atı (örn. *Hippocampus*), deniz iğnesi (örn. *Syngnathus* ve *Nerophis*) ve deniz ejderi (örn. *Phycodurus eques*, *Phyllopteryx taeniolatus*) türlerini de içeren 57 cins ve yaklaşık 300 türü kapsamaktadır (Dawson, 1986; Froese ve Pauly, 2017; Eschmeyer ve diğ, 2017).

Syngnathid türlerinin vücut şekli, renklenme, burun fenotipi ve boyutları yüksek çeşitlilik sergilemektedir. Çene yapıları kaynaşık olup dişleri yoktur. Burun genellikle uzamış ve tübüler yapıdadır (Dawson, 1986; Lourie ve diğ, 1999). Tüm yüzgeçleri yumuşak ışıklı olup, pelvik ve ikinci dorsal yüzgeçleri bulunmaz. Vücutları pul yerine kemiksi sert plakalarla kaplı halkalardan oluşmaktadır (Kuitler, 2009). Bu kemiksi koruyucu plakalar türleri predatörlere, sıcaklık, tuzluluk ve diğer büyük çevresel dalgalanmalara karşı dirençli hale getirmekte fakat hareket yeteneklerini sınırlamaktadır (Hilomen-Garcia ve diğ, 2003; Wilson ve Veraguth, 2010).

Genel olarak syngnathidlerin yaşam döngüleri 1-5 yıl arasında olup yapılan son araştırmalarda bazı türlerin 7-8 yaşına ulaşabildiği bildirilmiştir (Franzoi ve diğ, 1993; Barrows ve diğ, 2009; Miersch, 2012). Yaşamlarının ilk aylarında hızlı büyüme gösterirlerken, üreme olgunluğuna eriştikten sonra büyüme yavaşlamaktadır (Fritzsche, 1980; Woods, 2005).



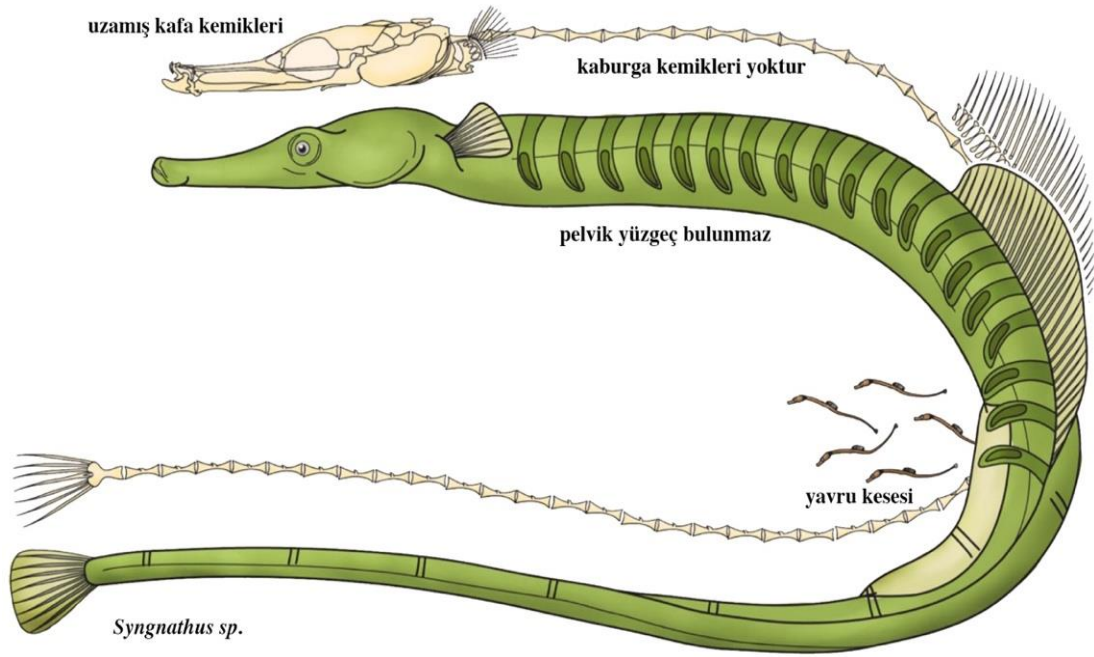
Şekil 1: *Hippocampus* cinsi genel morfolojisi (Lourie ve diğ., 2004).

Syngnathidler yaşamak ve üremek için ılıman-tropik karakterdeki kıyısal korunaklı sularda, vejetasyon açısından zengin, kayalık-mercan resifleri, mangrov ormanları, deniz çayırları, kumul siltli zeminler, haliçler ve nehirlerde dağılım göstermektedir (Allen ve diğ., 2006; Howard ve Koehn, 1985; Pollard, 1984; Franzoi ve diğ., 1993; Erzini ve diğ., 2002; Teixeira ve Vieira, 1995).

Besin zincirinin alt basamaklarında yer aldıklarından dolayı predatörlerden gizlenmek amacıyla yosunları, mercanları ve süngerleri kullanarak kamufle olurlar (Foster ve Vincent, 2004; Kendrick ve Hyndes, 2003). İleri düzeydeki kamuflej yetenekleri sayesinde buldukları habitata göre renk deseni, benek, filament ve siğiller oluşturabilirler (Kuitert, 2003). Deniz çayırı yataklarında en fazla dağılım gösteren kıyısal balık türü syngnathidlerdir (Polard, 1984; Howard ve Koehn, 1985; Tipton ve Bell, 1988). Bazı türler birçok farklı habitat tipinde yaşamını sürdürebilirken bazıları da sadece türe özel habitatlarda dağılım göstermektedir (Foster ve Vincent, 2004). Kış aylarındaki su sıcaklığı değişimleri ve kıyısal sulardaki vejetasyonun ölmesi nedeniyle daha derin sulara göç ederler (Lazzari ve Able, 1990; Franzoi ve diğ., 1993; Teixeira, 1995; Bolland ve Boettcher, 2005).

Syngnathidlerin beslenme stratejileri ve organelleri oldukça gelişmiştir (Roos ve diğ, 2009; Leysen ve diğ, 2011). Deniz atları ve iğneleri avlarına dikey yaklaşmakta ya da burnu yukarı bakacak şekilde bir av geçene kadar sabit durarak beklemektedir (Muller, 1987; Foster ve Vincent, 2004; Leysen ve diğ, 2011). Sonrasında başını hızlıca avına yöneltip, tübüler yapıdaki ağzını aniden açmakta ve oluşan bukkal genişlemenin meydana getirdiği su emiş kuvveti ile avını yakalamaktadır. Pivot beslenme adı verilen bu aksiyonda baş hedefe yaklaşmakta beden ise sabit durmaktadır (Van Wassenbergh ve diğ, 2008). Ağza doğru oluşan su akış oranı burun çapının küçülmesiyle artmaktadır. Kemikli balıklar içerisinde kaydedilen en hızlı avcılar olup 6 ms gibi çok kısa bir sürede avlarını yakalamaktadırlar (Muller ve Osse, 1984; Bergert ve Wainwright, 1997; de Lussanet ve Muller, 2007; Roos ve diğ, 2009). Yapılan çalışmalarda syngnathidlerin besinlerini ağız açıklığına bağlı olarak copepoda, amphipoda, isopoda, küçük krustase ve balıkların oluşturdukları tespit edilmiştir (Mercer, 1973; Howard ve Koehn, 1985; Ryer ve Orth, 1987; Franzoi ve diğ, 1993; Vizzini ve Mazzola, 2004; Oliviera ve diğ, 2007). Örneğin *Syngnathus abaster* deniz çayrıkları arasında gizlenen küçük boyutlu copepodlarla beslenirken (Franzoi ve diğ, 2004), *Syngnathus typhle* ise krill, karides ve gobid türleriyle beslenmektedir (Franzoi ve diğ, 1993; Kendrick ve Hyndes, 2005a; Oliveira ve diğ, 2007).

Syngnathidler su sıcaklığı ve enlem konumuna bağlı olarak yıl boyunca üreyebilmektedir (Barrows ve diğ, 2009; Ishihara ve Tachihara, 2009; Campbell ve Able, 1998; Lyons ve Dunne, 2003; Takahashi ve diğ, 2003; Foster ve Vincent, 2004; Bolland ve Boeticher, 2005). Bu bağlamda kuzey popülasyonlarının üreme sezonlarının güney popülasyonlarına göre daha kısa olduğu bildirilmiştir (Campbell ve Able, 1998). Syngnathid türleri erkek ebeveynliği evriminin incelenmesi için son derece uygun canlılardır. Deniz atları ve deniz iğneleri hayvanlar aleminde erkek tarafından gerçekleştirilen bakımın son derece özelleşmiş özelliklerini sergilemektedir (Wilson ve diğ, 2001). Erkekler bir yada birkaç olgun dışiden yumurta alabilmekte olup döllenme yavru kesesi içerisinde gerçekleşmektedir. Örneğin Movcan (1988) *S. typhle* 'nin farklı embriyonik aşamadaki yumurtalarının aynı anda yumurta kesesinde geliştiğini tespit etmiştir.

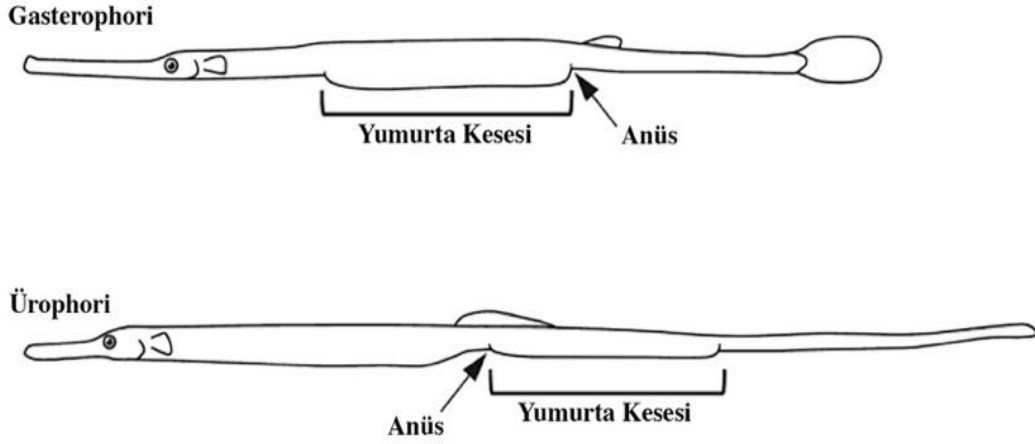


Şekil 2: *Syngnathus* cinsinin genel morfolojisi (Small ve diğ, 2016).

Tüm syngnathidler yavru kesesi tipine göre gruplara ayrılmaktadır (Herald ve diğ, 1959; Wilson ve diğ, 2001).

- *Nerophis* ve *Entelurus* cinsine ait erkek bireylerde yumurtalar vücudun ventralinde herhangi bir koruyucu kese ya da zar olmaksızın yapışık halde konumlanır.
- *Solegnathus* ve *Doryrhamphus* cinsinde yumurtalar membranöz katman tarafından korunan kuluçka kesesinde inkübe edilir.
- *Corythoichthys* cinsinde dişiden transfer edilen yumurtalar erkek bireylerin dorsalinde süngerimsi yumuşak doku içine doğru batık şekilde konumlanır. Karşılıklı olarak yumurtaları örten deri dokusu kavuşmadığı için embriyolar açıktadır.
- *Oostethus* cinsinde yumurta kesesi deri plakalarıyla korunmaktadır.
- *Syngnathus* cinsine ait türlerde yumurta kesesinin üzeri karşılıklı katlanmış deri dokusuyla örtülüdür ve yumurtalar çevreden izole durumdadır.
- *Hippocampus* cinsinde dişiden alınan yumurtalar tamamen kapalı, bir gözenek ile dışarıya açılan kese içerisinde döllenip korunmaktadır.

Syngnathidae familyası filogenetik açıdan gastropori ve uropori olarak iki temel soya ayrılmaktadır (Wilson ve diğ, 2003; Stölting ve Wilson, 2007). Gastroporide dişiler yumurtaları erkeklerin abdomen bölgesine (*Nerophis*, *Dunkerocampus*), üropori de ise anal yüzgeç ile kuyruk arasında kalan bölgedeki yumurta kesesine aktarmaktadır (*Syngnathus*, *Hippocampus*) (Şekil 3).



Şekil 3: Deniz iğnelerinde yavru kesesinin konumu.

1.2 *Syngnathus* Linnaeus, 1758 Cinsine Ait Türler

Dünya genelinde *Syngnathus* Linnaeus 1758 cinsine ait 35 geçerli deniz ve tatlı su türü tanımlanmıştır. Bunlardan ise 11 tanesi Akdeniz' de rapor edilmiştir. (Fritzsche, 1980; Dawson, 1982, 1986; Paulus, 1992; Kuitert, 2009; Naseka ve Bogutskaya, 2009; Eschmeyer ve diğ., 2017; Kullander, 2016; Matsunuma, 2017). *Syngnathus* cinsine ait türler ve bu türlerin dağılım alanları Çizelge 1'de belirtilmiştir.

Çizelge 1: *Syngnathus* cinsine ait türlerin dağılım alanları (Dawson, 1986; Kuitert, 2009; Matsunuma, 2017; Froese ve Pauly, 2017)

Tür	Dağılım Alanı
1- <i>S. abaster</i> Risso, 1827	Doğu Atlantik
2- <i>S. acus</i> Linnaeus, 1758	Doğu Atlantik
3- <i>S. affinis</i> Eichwald, 1831	Karadeniz endemiği, Ukrayna kıyıları
4- <i>S. auliscus</i> (Swain, 1882)	Doğu Pasifik
5- <i>S. californiensis</i> Storer, 1845	Doğu Pasifik
6- <i>S. caribbaeus</i> Dawson, 1979	Batı Atlantik
7- <i>S. carinatus</i> (Gilbert, 1892)	Doğu Pasifik, Kaliforniya körfezi
8- <i>S. dawsoni</i> (Herald, 1969)	Batı Atlantik, ABD Virgin Adaları
9- <i>S. euchrous</i> Fritzsche, 1980	Doğu Pasifik, Kaliforniya ve Meksika Kıyıları
10- <i>S. exilis</i> (Osburn & Nichols, 1916)	Doğu Pasifik, Kaliforniya ve Meksika Kıyıları
11- <i>S. floridae</i> (Jordan & Gilbert, 1882)	Batı Atlantik, Karayip Adaları, Bahama
12- <i>S. folletti</i> Herald, 1942	Güney-batı Atlantik, Uruguay
13- <i>S. fuscus</i> Storer, 1839	Batı Atlantik, Kanada, Florida, Meksika kıyıları
14- <i>S. insulae</i> Fritzsche, 1980	Doğu Pasifik, Guadalupe adaları endemiği
15- <i>S. louisianae</i> Günther, 1870	Batı Atlantik, Virjinya, Bermuda, Meksika Körfezi
16- <i>S. leptorhynchus</i> Girard, 1854	Doğu Pasifik, Alaska, Kaliforniya ve Meksika kıyıları
17- <i>S. macrobrachium</i> Fritzsche, 1980	Güney-doğu Pasifik
18- <i>S. macrophthalmus</i> Duncker, 1915	Batı Hint Okyanusu, Kızıldeniz ve Şüveys kanalı
19- <i>S. makaxi</i> Herald & Dawson, 1972	Batı Atlantik, Meksika
20- <i>S. pelagicus</i> Linnaeus, 1758	Batı Atlantik, Bermuda, Meksika Körfezi, Arjantin
21- <i>S. phlegon</i> Risso, 1827	Doğu Atlantik, Akdeniz kıyıları
22- <i>S. rostellatus</i> Nilsson, 1855	Kuzey-doğu Atlantik kıyıları
23- <i>S. safina</i> Paulus, 1992	Batı Hint Okyanusu, Aqaba Körfezi
24- <i>S. schlegeli</i> Kaup, 1853	Kuzey-batı Pasifik
25- <i>S. schmidti</i> Popov, 1928	Karadeniz, Azak, Marmara denizi
26- <i>S. scovelli</i> (Evermann & Kendall, 1896)	Batı Atlantik, Meksika Körfezi, Karayipler
27- <i>S. springeri</i> Herald, 1942	Batı Atlantik, Kanada, Bahama, Panama
28- <i>S. taenionotus</i> Canestrini, 1871	Akdeniz, Kuzey-batı Adriatik
29- <i>S. tenuirostris</i> Rathke, 1836	Akdeniz, Güney Adriatik Kıyıları
30- <i>S. typhle</i> Linnaeus, 1758	Doğu Atlantik, Norveç, Baltık Denizi-Fas
31- <i>S. variegatus</i> Pallas, 1814	Karadeniz ve Azak Denizi
32- <i>S. watermayeri</i> Smith, 1963	Afrika
33- <i>S. chihiroae</i> Matsunuma, 2017	Yakushima Adası, Doğu Çin denizi
34- <i>S. argentatus</i> Pallas, 1814	Karadeniz ve Azak Denizi
35- <i>S. caspius</i> Eichwald, 1831	Hazar Denizi

1.3. Türkiye Kıyılarında Dağılım Gösteren *Syngnathus* Cinsine Ait Türler

Ülkemiz kıyılarında *Syngnathus* cinsine ait *Syngnathus abaster* Risso, 1826, *Syngnathus acus* Linnaeus, 1758, *Syngnathus phlegon* Risso, 1827, *Syngnathus schmidtii* Popov, 1927, *Syngnathus tenuirostris* Rathke, 1837, *Syngnathus typhle* Linnaeus, 1758 ve *Syngnathus variegatus* Pallas, 1811 ve *Syngnathus rostellatus* Nilsson, 1855 olmak üzere sekiz türün dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Gökoğlu ve diğ., 2004; Bilecenoğlu ve diğ., 2014).

Kuiter (2009) ülkemiz kıyılarında kayıtlı olan türler dışında Akdeniz havzasında *Syngnathus taenionotus* Castrini, 1871, Karadeniz havzasında ise *Syngnathus affinis* Eichwald, 1831 ve *Syngnathus argentatus* Pallas, 1814 türlerinin varlığından bahsetmektedir. Slastanenko (1956) *Syngnathus typhle argentatus* Pallas, 1811, *Syngnathus rubescens* Risso, 1810, *S. tenuirostris*, *S. schmidtii*, *Syngnathus nigrolineatus* Eichwald, 1841 ve *S. nigrolineatus maeoticus* Slastanenko, 1938 olmak üzere altı türün bulunduğunu belirtmiştir. Eschmeyer ve diğ. (2017) güncel verileri incelendiğinde *S. rubescens* *S. acus*'un, *S. nigrolineatus* ve *S. nigrolineatus maeoticus* türlerinin ise *Syngnathus abaster*, türünün sinonimi olarak verilmektedir.

Karadenizde dağılım gösteren ve 2016 yılına kadar *S. typhle*'nin sinonimi olarak kabul edilen *Syngnathus argentatus* Pallas 1814'in geçerli tür olarak kabul edilmesiyle ülkemiz denizlerinden kaydı verilen *Syngnathus* cinsine ait tür sayısı dokuza yükselmiştir (Eschmeyer ve diğ., 2017).

S. abaster Biskay Körfezi'nin güneyinden Cebelitarık Boğazı'na kadar ki Doğu Atlantik, Akdeniz ve Karadeniz kıyıları başlıca dağılım alanlarını oluşturmaktadır (Dawson, 1986). Ülkemizin Akdeniz, Ege, Marmara ve Karadeniz kıyılarında dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ., 2014).

S. acus kuzey doğu Atlantik, Kuzey doğu Afrika ve Akdeniz kıyılarında dağılım göstermektedir (Kuiter, 2009). Ülkemizde Akdeniz, Ege Denizi, Marmara Denizi ve Karadeniz'de dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ., 2014).

S. schmidtii Karadeniz ve Azak Denizi'nde dağılım gösteren bir deniz iğnesi türüdür (Dawson, 1986, Kuiter, 2009). Ülkemizde Karadeniz ve Marmara Denizi'nde dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ., 2014).

S. tenuirostris çoğunlukla Karadeniz, Adriatik Denizi'nin güneyi ve Azak Denizi olmak üzere batıda Fransa'ya kadar Akdeniz'de farklı lokasyonlarda yayılış göstermektedir (Dawson, 1986; Kuitler, 2009). Ülkemizin tüm denizlerinde dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ, 2014)

S. typhle güneyde Fas olmak üzere Norveç'in Atlantik kıyılarından İngiliz adalarına, merkezde Baltık Denizi, Akdeniz, Karadeniz ve Azak Denizi'nde dağılım göstermektedir (Dawson, 1986). Ülkemizin tüm denizlerinde dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ, 2014). Bu türün karadeniz popülasyonundaki konkav burun yapısı şeklindeki morfolojik varyasyon nedeniyle araştırmacılar tarafından günümüze kadar farklı düşünceler ortaya atılmıştır. Bunlardan ilki Pallas (1814) tarafından Karadeniz popülasyonunun *Syngnathus argentatus* olarak tanımlanmasıdır. Sonrasında Eichwald (1831), Rathke (1837), Nordmann (1840), Kessler (1859) ve Slastanenکو (1956) *S. argentatus*'u geçerli kabul etmiştir. Bu düşünceye zıt olarak ise Günther (1870), Dunker (1915), D' Ancona (1934), Slastanenکو (1938), Berg (1949), Wheeler (1973) ve Kottelat (1997) *S. argentatus*' u *S. typhle*' nin sinonimi olarak değerlendirmiştir. Son on yılda ise Kuitler (2009) *S. typhle* Karadeniz popülasyonunu bölgeye endemik *S. argentatus* olarak tekrar geçerli tür olarak bildirmiştir. Fakat Eschmeyer ve diğ. (2017)'in Kuitler (2009)'i referans alarak *S. argentatus* 'u geçerli tür saymasına rağmen Froese ve Pauly (2017) *S. typhle*' nin sinonimi olarak kabul etmektedir.

S. variegatus çok fazla bilinen bir deniz iğnesi türü olamamakla birlikte Karadeniz ve Azak Denizi endemiği olması muhtemel bir türdür (Kuitler, 2009). Ülkemizde ise Karadeniz kıyılarında dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ, 2014).

S. rostellatus kuzey doğu Atlantik kıyılarında dağılım göstermektedir (Dawson, 1982). Ülkemizde Gökoğlu ve diğ. (2004) tarafından Antalya Körfezi'nden kaydı verilmiştir. Fakat Bilecenoğlu ve diğ. (2014) tarafından gerçekleştirilen tür listesi çalışmasında yer almamaktadır.

S. phlegon çoğunlukla batı Akdenizde olmak üzere Akdenizin genelinde ve Atlantik kıyılarının Cebelitarık Boğazı'na bitişik kesiminde dağılım göstermektedir (Dawson, 1986). Ülkemizde Akdeniz, Ege ve Marmara Denizi'nde dağılım gösterdiği bildirilmiştir (Bilecenoğlu ve diğ, 2014).

Çizelge 2: Akdeniz ve Türkiye’de dağılım gösterdiği bildirilen *Syngnathus* cinsine ait türler.

	Dawson (1986) Akdeniz+ Karadeniz	Kuiter (2009) Akdeniz+ Karadeniz	Froese ve Pauly (2017) Akdeniz+ Karadeniz	Froese ve Pauly (2017) Türkiye	Bileceneoğlu ve diğ. (2002-2007-2014)													
	1985	2009	2017	2017	2002				2007				2014					
					K	M	E	L	K	M	E	L	K	M	E	L		
<i>Syngnathus abaster</i>	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Syngnathus acus</i>	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Syngnathus phlegon</i>	x	x	x	x	-	-	x	x	-	-	x	x	-	x	x	x	x	x
<i>Syngnathus schmidti</i>	x	x	x	x	x	x	-	-	x	x	-	-	x	x	-	-	x	x
<i>Syngnathus tenuirostris</i>	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Syngnathus typhle</i>	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Syngnathus variegatus</i>	x	x	x	x	x	-	-	-	x	-	-	-	x	-	-	-	-	-
<i>Syngnathus rostellatus</i>	x	x	x	-	-	-	-	-	-	-	-	-	x	-	-	-	-	-
<i>Syngnathus taenionotus</i>	x	x	x	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Syngnathus argentatus</i>	-	x	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Syngnathus affinis</i>	-	x	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

(K: Karadeniz; M: Marmara Denizi; E: Ege Denizi; L: Levantin kıyıları.)

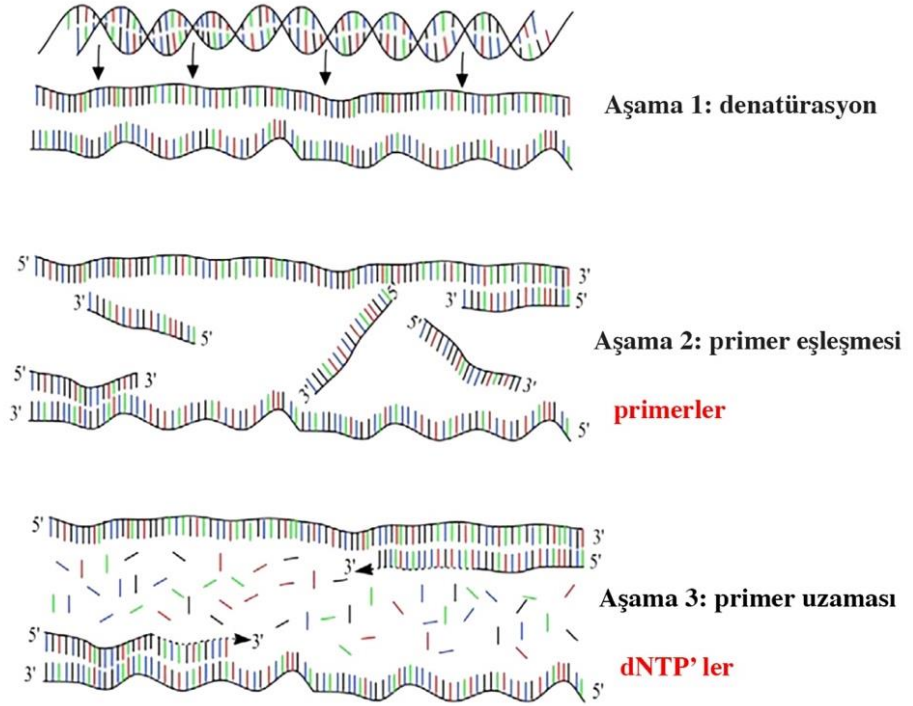
1.4. Sistematikte Kullanılan Genetik Teknikler

1.4.1. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR)

Polimeraz zincir reaksiyonunun K. Mullis ve arkadaşları tarafından 1985 yılında geliştirilmesi ile birlikte moleküler biyoloji ve tıp alanında yeni bir dönem başlamıştır (Saiki ve diğ., 1988). PCR uygulamasında DNA tüpler içerisinde çoğaltılmaktadır. İstenilen miktarda DNA elde edilene kadar kalıp olarak kullanılan ikili zincir açılmakta ve sentezlenen yeni tamamlayıcı DNA parçaları ile birleşmektedir.

İlk olarak yüksek sıcaklıkta (92-95°C) çift zincirli DNA molekülünün denatürasyonu gerçekleştirilerek sarmalların birbirinden ayrılması sağlanmaktadır. İkinci basamakta oligonükleotidlerin (primerler) kalıp zincirlere 3'-OH ucundan bağlanır ve tamamlayıcı zincirlerin oluşması sağlanır. Son olarak ısıya dayanıklı Taq DNA polimeraz enzimi yardımı ile DNA sentezi gerçekleşmektedir. Taq polimeraz 5' ucundan 3' ucuna doğru nükleotidlerin eklenmesini ve primerlerin uzamasını sağlamaktadır. Kopyalanan DNA boya eklenerek agaroz jel elektroforezi ya da poliakrilamid jel elektroforezi ile gözlemlenebilmektedir (Mullis ve Faloona, 1987).

1 döngünün 3 aşaması



Şekil 4: PCR çoğalmasının basamakları (Vierstraete, 1999)

1.4.2. DNA dizileme analizi

Nükleik asit dizisinin bir diğerine hibridizasyonunu temel alan, DNA birincil yapısı ve nükleotid baz diziliminin belirlenmesinde kullanılan analiz tekniğidir. Günümüzde DNA dizi analizinde, DNA'nın hazırlanması, PCR reaksiyonlarının gerçekleştirilmesi ve yüksek voltajlı jel elektroforezi olmak üzere üç temel basamaktan oluşan Maxam ve Gilbert kimyasal kırılma yöntemi (Maxam ve Gilbert, 1977) ve Sanger zincir sonlanma yöntemi (Sanger ve diğ., 1977) yöntemleri kullanılmaktadır.

Maxam ve Gilbert kimyasal kırılma yöntemi hidrazin, dimetilsülfat veya formikasitin, DNA'daki bazları değiştirmesine sonrasında ise eklenen piperidinin değişikliğe uğrayan nükleotitlerin bulunduğu noktalardan zinciri kırması prensibine dayanmaktadır. İlk olarak DNA parçası bir ucundan işaretlenir ve sonrasında DNA dört parçaya ayrılır. Her bir parçaya bazlardan sadece birisini yıkıma uğratabilecek kimyasallar ilave edilir. Bu metotta kullanılan özgül bazlar ve kırıcı kimyasallar Çizelge 3'de gösterilmiştir.

Çizelge 3: Maxam ve Gilbert kimyasal kırılma yönteminde kullanılan kimyasallar

Özgül Baz	Baza Özgül Kimyasal	Baz Ayırmada Kullanılan Kimyasal	Zincir Kırmada Kullanılan Kimyasal
G	Dimetil Sülfat	Piperidin	Piperidin
A+G	Asit	Asit	Piperidin
C+T	Hidrazin	Piperidin	Piperidin
C	Hidarazin+Baz	Piperidin	Piperidin
A > C	Baz	Piperidin	Piperidin

Genom sekans verisinin belirlenmesinde en yaygın yöntem Sanger-Coulson zincir sonlama metodudur. Tek seferde dizi analizi yapılamayacak kadar büyük olan DNA'lar önce bu yöntemde küçük parçalara bölünmektedir. Elde edilen parçalar plazmite klonlanmakta ve tek tek dizilenmektedir. Sonrasında bu diziler biyoinformatik çalışmalarla birleştirilerek DNA parçasının uzun dizisi elde edilmektedir. Diziler kapiller jel elektroforezinde okunmaktadır. Fakat bu yöntemin yüksek hassasiyeti ve güvenilir sonuçlarına rağmen analiz sayısının fazlalığı ve yüksek iş gücü gerektirmesi nedeniyle otomatik dizi analizi yöntemleri yaygınlaşmıştır.

Otomatik DNA dizi analizinde Sanger' in enzimatik DNA sentezine dayanan zincir sonlanma yöntemi kullanılmaktadır. Otomatik DNA dizi analiz cihazları bilgisayarda yüklü programlar ve bu programların yönetimindeki elektroforez sistemini içermektedir. Lazer ışık kaynağı ile monokromatik bir ışık oluşturulmakta ve DNA'nın bulunduğu jel matriks bu ışık ile taranmaktadır. Elektroforez süresince lazer ışık ile uyarılan boya kendi için karakteristik olan dalga boyunda ışığı geri yansıtmakta ve yansıyan bu ışık demeti bilgisayar tarafından kaydedilmektedir. Veriler bilgisayar programları tarafından işlenerek sonuçlar grafiksel ya da matematiksel olarak bilgisayara aktarılmaktadır. DNA dizi analizi cihazlarında 6 bazdan 1000 baza kadar güvenilir okumalar gerçekleştirilmektedir (Sambrook ve diğ, 1989).

Filogenetik, canlılar arasındaki moleküler benzerlikleri ve genomik bilgiyi kullanarak atasal ve akrabalık ilişkilerini anlamlandırmaya çalışan bilim dalıdır. Canlıların genom benzerlikleri protein ya da DNA dizileri incelenerek tespit edilmektedir. Bu dizilerden elde edilen bilgi ile filogenetik ağaçlar çizilmekte olup verilerin özetlenip şematize edilmesi sağlanmaktadır.

Yirminci yüzyılın ortalarında moleküler belirteçlerin ortaya çıkışı ve ilerleyen yıllardaki gelişimi, evrim ve ekoloji alanlarında taksonomik seviyelerdeki filogenetik

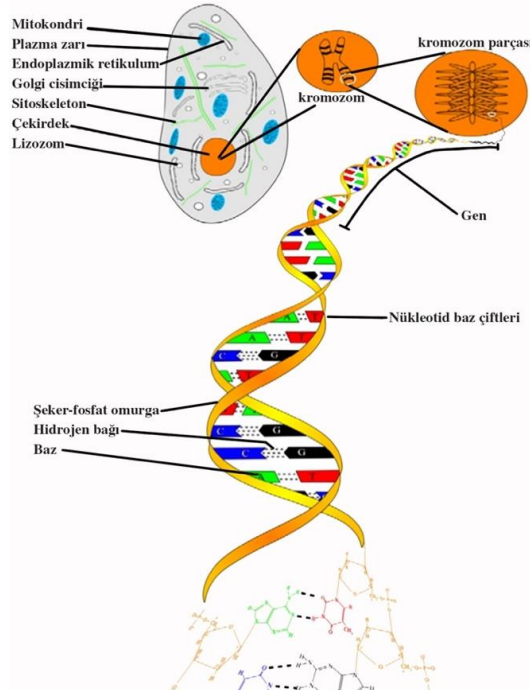
ilişkilerin saptanmasında çok önemli bir araç haline getirmiştir (Parker ve diğ, 1998; Jones ve Ardren, 2003; Avise, 2004; Chauhan ve Rajiv, 2010; Mobley ve diğ, 2011).

Birçok canlı türünde olduğu gibi balıklar üzerinde gerçekleştirilen sistematik çalışmalarda da genellikle klasik morfolojik karakterlerden yararlanılmaktadır. Aynı türün bireyleri arasında morfolojik ve anatomik yapıların yaşadıkları habitatlardan dolayı farklılıklar gösterebilmesi taksonomik çalışmalarda morfolojik verilerin tek başına yeterli olmasını engellemekte, moleküler uygulamaların gerekliliğini ortaya çıkartmaktadır.

1.4.3. Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Günümüz taksonomi ve filogeni çalışmalarında özellikle mitokondriyal DNA üzerine moleküler teknikler çoğunlukla kullanılmakta olup mtDNA analizi populasyon gen akışı, yapısı, biyocoğrafya, hibridizasyon ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için olarak sağlamıştır (Moritz, 1994).

Mitokondriyal DNA' da intronların bulunmayışı, sınırlı rekombinasyona mağruz oluşu, tüm hücrelerdeki kopya sayısının yüksekliği, haploid özelliği ve maternal kalıtımı ile nDNA' ya göre avantaj sağlamaktadır (Özdemir ve Doğru, 2006).



Şekil 5: Hücrede DNA' nın yapısı (Vierstraete, 1999).

Mitokondri DNA'sı maternal kalıttır ve hücrelerde enerji üretiminden sorumlu organel olan mitokondrilerin içinde bulunur. Kendi DNA'sına sahip olan mitokondriyal DNA (mtDNA) çekirdek DNA'dan farklıdır. mtDNA'nın evrilme hızı çekirdek DNA'dan 5-10 kat fazladır (Brown ve diğ, 1979). mtDNA'nın farklı bölgeleri arasındaki evrim hızı farklılığı taksonlar arasındaki genetik araştırmaların yapılmasına olanak sağlar (Kocher ve Stepien, 1997). Filogenetik analizlerde akraba türler ve popülasyonlar arası bilgi sağlayan yüksek evrimleşme hızı çoğunlukla karşılaşılan parça ve nokta mutasyonların meydana gelmesinden kaynaklanmaktadır (Brown ve diğ, 1982). mtDNA kontrol bölgesi aynı türün bireyleri arasında bile değişkenlik gösterebilmekte olup alttürler ve popülasyonlar arasındaki filogenetik çalışmalarda da kullanılmaktadır (Zhang ve Hewitt, 1997).

Balıklarda yaklaşık 16-17 kb uzunluğunda olan mitokondriyal DNA halkasal ve çift zincirli bir yapıya sahiptir. mtDNA da 13 protein kodlayan (ND1-6, cyt b, COI-III, ATP 6 ve 8), 22 adet tRNA, 2 adet rRNA (12S rRNA ve 16S rRNA) ve 1 kontrol bölgesi (D-loop) olmak üzere 38 bölgeden oluşmaktadır.

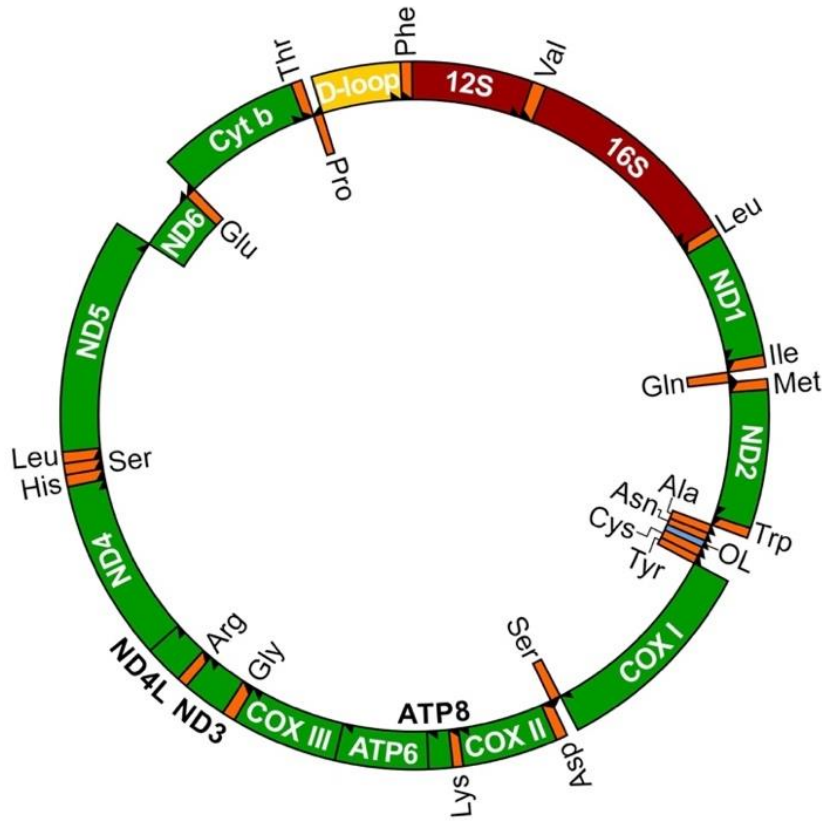
12S rDNA, mtDNA'nın hızlı evrimleşmesine rağmen iyi korunmuş bir gen bölgesi olup şube ve alt şube gibi yüksek kategorilerdeki filogenetik ilişkilerin belirlenmesine olanak sağlamaktadır. 16S rDNA gen bölgesinin 12S gen bölgesine nazaran daha değişken oluşu sebebiyle aile ve cins düzeyi filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde çoğunlukla kullanılmaktadır (Ballard, 1992).

Mitokondriyal DNA'nın cyt-b (sitokrom oksidaz b), NADH Dehidrogenaz, ND, ND 5/6, D-Loop (mtDNA kontrol bölgesi) ve COX I, II, III (Sitokrom C Oksidaz) gen bölgelerinin kullanımı sistematik ve filogenetik çalışmalarında yoğunlaşmaktadır.

Sitokrom oksidaz b (cyt-b) 8 adet transmembran segmente sahiptir. Hem yavaş hem de hızlı gelişen kodon pozisyonları ve çok sayıda değişken bölge içermekte olup mitokondride solunum ve elektron transferini kontrol eder. Filogenetik ilişkilerin belirlenebilmesi için yeterli düzeyde korunmuş yapıya sahip olup sistematik ve filogenetik çalışmalarda taksonomik durumun belirlenmesi için yaygın olarak kullanılan bir bölgedir (Meyer ve Wilson, 1990). NADH Dehidrogenaz genleri mtDNA'nın protein kodlayan genleri ve 7 alt birimden oluşmaktadır (ND 1, ND 2, ND 3, ND 4, ND 4L, ND 5, ND 6). ND5 ve ND6 gen bölgesi hücre metabolizmasının solunum zincirinde rol alan önemli bir transmembran proteindir. ND bölgesi

populasyon genetiği çalışmalarında üst taksonomik basamaklara kadar ilişkilerin analizi için kullanılabilir (Birmingham ve diğ, 1997; Lydeard ve Roe, 1997).

Mitokondriyal DNA kontrol Bölgesi (D-Loop) replikasyonun başladığı gen bölgesi olup 1 kb uzunluğundadır ve genetik çalışmalarda sıklıkla kullanılan bir gen bölgesidir. Öncelikle 5'-3' yönüne doğru ağır zincirin replikasyon orijinininden sentez başlamaktadır. Sentezlenen guanince zengin ağır zincir, sitozince zengin hafif zincirin replikasyon orijinine geldiğinde, ters yönde ilerler ve hafif zincir sentezlenir.



Şekil 6: Balık mitokondrisinde genlerin dizilimi (Meyer, 1993).

Mitokondriyal DNA transkripsiyonu D-Loop bölgesindeki promotordan birbirine ters yönde başlar ve iki zincir de eş zamanlı olarak transkripsiyona uğramaktadır. D-Loop, mitokondriyal DNA'nın protein kodlaması yapmayan tek bölgesidir ve yüksek evrim hızına sahiptir. mtDNA'nın D-Loop bölgesinin mutasyon hızı diğer bölgelere göre %2-4 kat, nDNA'ya göre ise en az 10 kat daha hızlıdır (Özdemir ve Doğru, 2007). mtDNA'nın D-Loop bölgesi gen üretmediği için kodlanmadığı, ve bu nedenle dizi varyasyonunun özel aminoasit dizilerini değiştirmemesi gerektiği düşünülmektedir

(Özdemir ve Doğru, 2007). Tüm bu özelliklerinden dolayı mitokondriyal DNA'nın kontrol bölgesi D-Loop filogenetik ve tür çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır (Saccone, 1991).

Mitokondriyal genler filogenetik performans açısından iyi (ND4, ND5, ND2, cyt-b, ve COI), orta (COII, COIII, ND1, ve ND6), zayıf (ATPase 6, ND3, ATPase 8, ve ND4L) olarak sınıflandırılmıştır (Çakmak, 2008).

DNA barkodlama tekniği, mitokondriyal DNA sitokrom c oksidaz I geninin 600-700 baz çifti uzunluğundaki standart bir bölgesinin hızlı ve güvenilir şekilde tür tanımlamada kullanılması temeline dayanmaktadır (Hebert ve Gregory, 2005).

Bir gen bölgesinin DNA barkodlamasında kullanılabilmesi için, tür seviyesinde genetik varyasyon ve ayırım gücüne sahip olması, geniş taksonomik ölçekli canlılara uygun primerle çoğaltılabilen korunmuş uç bölgeleri olması, DNA izolasyonu ve PCR işlemlerinde pratik kısa dizi uzunluğunda olması gereklidir (Keskin ve Atar, 2013).

Standart barkod geni olarak COI nin seçilmesindeki asıl neden türler arası gösterdiği belirgin ayırım gücü ile tür içi ve türler arasındaki uzaklığın çakışmadığı tipik varyasyon modelidir (Hebert ve diğ, 2003).

Günümüze kadar yapılan çalışmalarda, mitokondriyal sitokrom c oksidaz alt ünite I (COI) geninin yaklaşık 655 baz çiftlik bölümü kullanılarak balıklar, kuşlar ve kelebekler gibi karmaşık gruptaki ait birçok canlı türünün tanımlaması %98-100 seviyelerinde başarılı olarak gerçekleştirilmiştir. Barkodlama yönteminin kullanımı ile ayırımı zor ve yeni türlerin tanımlanması mümkün olmuş, filogenetik ilişkilerin çözümlenebilmesi sağlanmıştır (Aravind ve diğ, 2007).

COI geninde gerçekleşen evrim hızı yakın türlerin ayırımına ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi varyasyonun ortaya konmasına imkân tanımaktadır (Bucklin ve diğ, 2011).

Araştırmacılar elde ettikleri gen dizilerini GenBank, BOLD (Barcode of Life Data Systems) NCBI (National Center for Biotechnology Information), ENA (European Nucleotide Archive) ve EMBL-EBI (The European Bioinformatics Institute) gibi erişime açık veri tabanlarına yükleyebilmekte ve diğer araştırmacıların verilerine ulaşabilmektedir.

1.4.4. Filogenetik analizler ve filogenetik ağaçların oluşturulması

Türler arası ya da aynı türün popülasyonları arasındaki evrimsel ilişkinin açıklığa kavuşturulması için moleküler analizler sonucu elde edilen verilerden çeşitli istatistiksel analizler ve akış şemaları kullanılarak ağaçlar oluşturulmaktadır (Freeman ve Herron, 1999).

Filogenetik ağaç oluşturmada veri kaynağı olarak kullanılacak moleküler ve morfometrik karakterler homolog, bağımsız, taksonlar arasında farklılık göstermeli, homoplasiye dirençli olmalı ve verilerin analizinde en uygun metod seçilmelidir (Freeman ve Herron, 1999).

Filogenetik ağaçlar, mesafe temelli fenetik metotlar ve karakter temelli kladistik metotlar olmak üzere iki ana kategori içerisinde sınıflandırılabilir. Fenetik metotlar; aritmetik ortalama kullanan ağırlıksız çift grup metodu (UPGMA) ve Komşu Katılım (Neighbour-joining) metodlarıdır. Kladistik metotlar ise Maksimum parsimoni (farklılıkları en aza indirgeme), Maksimum likelihood (en yüksek ihtimal) ve Bayesian Çıkarsama Metodlarıdır.

1.4.5. Mesafe temelli metotlar

1.4.5.1. Aritmetik ortalama kullanarak ağırlıksız gruplama yöntemi UPGMA (Unweighted pair group method using arithmetic averages)

Geniş veri setlerinin hızlı bir şekilde analiz edilmesinde kullanılan aritmetik ortalamayı kullanan ağırlıksız çift grup metodu karakter analizinde kullanılmamaktadır. Herhangi bir taksonun uzaklık matriksi incelenirken en az uzaklık matriksi temel alınmaktadır (Michener ve Sokal, 1957).

1.4.5.2. Neighbour joining-komşu birleştirme metodu

Cluster analizi içeriğini kapsayan komşu birleştirme metodu dallar boyunca moleküler değişikliklerin eşit olmayan oranları analiz edilmektedir. Analiz aşamalarında uzaklık matriksi düğümlerin her çifti arasında ayarlanan dal uzunluklarının etkisindedir. Olası tüm ağaç topolojilerinin değerlendirilmediği bu metotta tek bir ağaç oluşturulmakta ve geniş veri setlerinin analizi yapılabilmektedir (Saitou ve Nei, 1987).

1.4.6. Karakter temelli metotlar

1.4.6.1. MP (Maximum parsimony) farklılıkları en aza indirme yöntemi

Olası birçok filogenetik ağaç arasından hangi dallanma modelinin evrimsel tarihi en doğru biçimde yansıttığını tanımlamada yol göstermektedir. Olası en muhtemel ağaç, açığa çıkmış olan evrimsel değişikliğin toplam miktarını en aza indirgeyen ağaçtır. En az farklı olan birimler, aralarında çok yakın ve en çok benzeyen birimlerden oluşmaktadır. (Mount, 2008). Bu sebeplerden dolayı Parsimoni (MP), Minimum Evrimsel Metod (parsimoni = tutumluluk) olarak tanımlanabilmektedir.

1.4.6.2. ML (Maximum likelihood) en yüksek ihtimal metodu

Bu metotta olası ağaç topolojileri değerlendirilmekte sonuç olarak değerlendirilen ağaç topolojilerinden en yüksek gerçekleşme olasılığı olan ağaç seçilmektedir. Nükleotid, aminoasit sekansları ve diğer data tiplerine uygulanabilen Maximum likelihood yöntemi karakter ve oran analizlerinde de kullanılabilir. Kullanılan metodlar arasında en kararlı olanıdır (Edwards, 1972).

1.4.6.3. Bayesian çıkarsama metodu

Maximum likelihood metoduyla benzerlikler taşıyan bu metotta sonraki olasılık kullanımı nedeniyle farklılık göstermektedir. Günümüzde yaygın olarak kullanılan bu metotta mevcut gözlemlere dayalı gözlemlenmeyen bir durum hakkında bilgi sahibi olma prensibine dayanmaktadır. Temel alınan önceki olasılık kavramı analiz öncesi tüm ağaç topolojileri için geçerli olasılığı ifade etmektedir (Alfaro ve Huelsenbeck, 2006).

1.5. Önceki Çalışmalar

Deniz iğneleri farklı vücut morfolojileri ve erkeklerin yumurta inkübasyonunu gerçekleştirmesi sebebiyle araştırmacılar tarafından oldukça ilgi görmektedir. Gerçekleştirilen çalışmalar türün taksonomisini, filogenisini içermekle birlikte ağırlıklı olarak türün biyoekolojisini konu almaktadır. Moleküler tekniklerin gelişmesi sonrasında deniz iğneleri ve diğer syngnathidlerin filogenetik ilişkileri üzerine üzerine çalışmalar artmıştır. Ülkemizde ise *syngnathus* cinsine ait ilk çalışmalar Erazi (1942), Slastenenko (1956) ve Bozkurt (1955) tarafından gerçekleştirilmiştir.

Syngnathidler üzerine yapılan ilk moleküler tabanlı çalışma Jones ve Avise tarafından 1997 yılında yayınlanmış olup mikrosatelitler ve mitokondriyal belirteçler kullanılmıştır. Jones ve Avise, (1997; 2001); McCoy ve diğ. (2001); Mobley ve Jones (2009); Hubner ve diğ. (2013) ise Syngnathidlerdeki erkek gebeliğini araştırmışlardır. Wilson ve diğ. (2001; 2003); Lourie ve diğ. (2005); Teske ve diğ. (2005) ve Mobley ve diğ. (2010) ise Syngnathidlerdeki filogenetik ilişkiler üzerine çalışmalar gerçekleştirmiştir.

Syngnathidler üzerine yapılan filocoğrafik çalışmalar incelendiğinde Lourie ve diğ. (2005); Teske ve diğ. (2005); Sanna ve diğ. (2013) sınırlı alanlarda ki popülasyonların yapısını, Lourie ve Vincent (2004); Lourie ve diğ. (2005); Wilson (2006) uzaklık temelli izolasyonları, Lourie ve diğ. (2005); Mobley ve diğ. (2011) ise geniş coğrafik alanlardakidaki panmiktik popülasyonların tespiti gibi farklı genetik konuları araştırdıkları görülmektedir.

Franzoi ve diğ. (1993) Po Nehri deltasında (Kuzey Adriatik) *S. taenionotus* ve *S. abaster* türlerinin yaşam döngülerini ve beslenme alışkanlıklarını incelemiştir.

Jones ve diğ. (1999) Batı İsveç sahilinden elde ettikleri *S. typhle* örneklerinde cinsiyetin rolünü ve çiftleşme sistemlerini genetik olarak incelemiştir.

Wilson ve diğ. (2001) 12S, 16S rDNA ve cyt-b gen bölgesi kullanarak *S. abaster*, *S. acus*, *S. nigrolineatus*, *S. rostellatus*, *S. taenionotus* ve *S. typhle* türlerinin filogenetik ilişkilerini incelemiş olup , *S. nigrolineatus*, *S. rostellatus*, *S. taenionotus* ve *S. typhle* yakın ilişkili olduğunu fakat *S. acus*' un ise bu gruba daha uzak olduğunu bildirmiştir.

Cakić ve diğ. (2002) Azak denizi, Karadeniz, Ukrayna tatlı sularından ve Tuna nehrinden elde ettikleri *S. abaster* populasyonlarının biyometrik analizlerini yapmışlardır. Ve popülasyonlar arasında morfolojik farklılıklar olduğunu tespit etmiştir.

Gürkan (2004) Doktora tez çalışmasında Çamaltı Tuzlası (İzmir Körfezi)'nda dağılım gösteren deniz iğnelerinin ekomorfolojik özelliklerini incelemiştir.

Gökoğlu ve diğ. (2004) Antalya körfezinden indo-pasifik kökenli *Hippocampus fuscus* ve Atlantik kökenli *S. rostellatus* türlerinin Türkiye kıyıları için ilk kaydı rapor etmişlerdir.

Gürkan ve Taşkavak (2007) Ege denizinde *S. acus*, *S. typhle*, *N. ophidion* türlerinin boy-ağırlık ilişkilerini incelemiştir. Boy ağırlık ilişkisinin *S. acus* için pozitif allometri gösterdiği, *S. typhle* için izometrik olduğu, *N. ophidion* için de negatif allometrik olduğu belirtilmiştir.

Malavasi ve diğ. (2007) İtalya kıyılarında (Venedik) *S. typhle*, *S. abaster* ve *N. ophidion* türlerinin habitat tercihleri ve mekânsal ayrımlarını incelemiştir.

Oliveira ve diğ. (2007) Güney Portekiz kıyılarında *S. typhle* türünün beslenme özelliklerini incelemiştir. Başlıca beslenmesinde Copepod, Mysidacea, küçük karidesler ve küçük balıkların (Gobiidae) önemli olduğunu belirtmişlerdir.

Gürkan (2008) İzmir körfezi, Çamaltı lagünündeki deniz iğnesi türlerinin biyometrik analizlerini gerçekleştirdikleri çalışmada *S. typhle* dişilerinin ağız genişliğinin, yüksekliğinin, göz çapı ve dorsal yüzgeç uzunluğunun erkeklerden daha fazla olduğunu, *N. ophidion* için de dişilerin göz çapının erkeklerden daha küçük olduğunu tespit etmiştir.

Gürkan ve Çulha (2008) Sinop yarımadasında Syngnathid türlerinin bölgesel ve mevsimsel dağılımlarını incelemiştir. Çalışmada familyaya ait zostera yataklarında 6 deniz iğnesi ve iki deniz atı türünün dağılım gösterdiğini tespit etmişlerdir. Yaz aylarında türlerin abundansının arttığını belirtmişlerdir.

Amor ve diğ. (2008) Atlantik kökenli *S. rostellatus* türünün Tunus kıyılarından varlığını bildirmişlerdir.

Gürkan ve diğ. (2009) Çamaltı lagününde (Ege denizi) *S. acus* türünün üreme biyolojisini incelemiştir. Bu türün Mart ile Eylül ayları arasında ürediğini,

erkeklerin ortalama 31 embriyo taşıdığı, yumurta çapının ortalama 1,42 mm olduğu tespit edilmiştir.

Hablützel (2009), yüksek lisans tezinde gerçekleştirdiği çalışmada mitokondriyal kontrol bölgesini ve nükleer lokus A1 bölgelerini kullanmıştır. Bu çalışmada Avrupa deniz iğnelerinden *S. typhle* ve *S. taenionotus*' un parafiletik, diğer türlerin ise monofiletik hatlar olduğunu, *S. abaster*' in ise Avrupa deniz iğnesi hattında farklılaşan ilk *Syngnathus* türü olduğunu bildirmiştir. Fakat bu çalışma popülasyonlardaki sınırlı bir aralıkta gerçekleştirilmiş ve moleküler dizileri Genbankta yayınlanmamıştır.

Wilson ve Veraguth (2010) Avrupa *S. typhle* popülasyonları üzerine en geniş coğrafik ölçekli genetik çalışmayı gerçekleştirmiştir. Yapılan çalışmada mitokondriyal kontrol bölgesi, nükleer Lokus A1 ve 9 mikrosatelit losi incelenmiş ve *S. typhle* popülasyonlarını coğrafik ayrımlardan etkilenmiş aynı atadan gelen Kuzey Denizi ve Atlantik kıyıları, batı Akdeniz, Adriatik Denizi ve Marmara & Karadeniz hattı olmak üzere dörde ayırmıştır.

Alaya ve diğ. (2011) çalışmalarında batı Akdeniz deki *S. abaster* popülasyonlarının filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir. 12S, 16S rDNA, cyt-b ve kontrol bölgesinin ikinci segmentini inceledikleri Tunus' un kuzeyi ve Mauguio lagünü ve Fransa' dan örneklenen *S. abaster* popülasyonlarının birbirinden ayrı iki grup oluşturduklarını bildirmişlerdir. Gürkan ve Taşkavak (2011) Ege denizi kıyılarında dağılım gösteren *Syngnathus abaster*, *Syngnathus acus*, *Syngnathus typhle*, *Nerophis ophidion* türlerinin mevsimsel olarak kondisyon faktörlerini incelemişlerdir.

Leysen (2011) Doktora tez çalışmasında deniz atları ve deniz iğnelerinin özelleşmiş burun yapısının evrimsel morfolojisini incelemiştir. Çalışmasında syngnathidlerin çevresel koşullara adaptasyon ve beslenme için burun morfolojilerinin farklılaşabileceğini tespit etmiştir.

Gürkan ve Taşkavak (2012) İzmir körfezinden elde ettikleri 174 adet *S. typhle* bireylerinde seksüel dimorfizm özelliklerini incelemişlerdir. Dişilerin aburun yüksekliğini erkeklerden daha fazla olduğunu tespit etmişlerdir.

Gürkan ve Uncumusaoğlu (2012) Sinop kıyılarında *S. acus*, *S. typhle*, *S. tenurostris*, *S. variegatus*, *S. abaster*, *N. ophidion* türlerinin beslenme rejimlerini incelemişlerdir. Bu türlerin temel olarak bentik ve planktonik krustase gruplarıyla beslendiklerini tespit etmişlerdir.

Gürkan ve Taylan (2013) Sinop yarımadasında *Syngnathus acus*, *Syngnathus typhle*, *Syngnathus variegatus*, *Syngnathus tenuirostris*, *Nerophis ophidion* türlerinin yumurta çaplarını incelemişlerdir. En büyük yumurta çapını *S. acus* türünde tespit etmişlerdir.

Kiryukhina (2013) Volga deltası, Karadeniz ve Hazar denizinden örneklediği *S. abaster* popülasyonlarının sitokrom b gen bölgesini incelediği çalışmada, Hazar popülasyonunun genetik olarak tamamen izole olduğunu ve Karadeniz-Volga deltası popülasyonlarının birbirlerine genetik olarak daha yakın olduğunu tespit etmiştir.

Kolangi-Miandare ve diğ. (2013) gerçekleştirdiği çalışmada Hazar denizinden örnekledikleri *S. abaster* bireylerinde sitokrom oksidaz I (COI) gen bölgesini kullanarak barkodlama çalışması gerçekleştirmişlerdir.

Sanna ve diğ. (2013) gerçekleştirdikleri kapsamlı çalışmada İspanya, Fransa, Korsika ve Sardunya, İtalya ve Cezayir-Tunus'ta dağılım gösteren *S. abaster* popülasyonlarında kontrol bölgesinin ikinci hiper-değişken bölümü (HVS-II), 12S rRNA, 16S rRNA ve cyt-b genini incelemişlerdir. Tunus grubunun ayrılma sürecinde daha yeni bir köken aldığını ve Pleistosen buzul döneminde deniz seviyesindeki değişikliklerin *S. abaster*'in kolonizasyonunda önemli bir rol oynadığını bildirmişlerdir.

Acarlı ve diğ. (2014) Homa lagününde yaptıkları çalışmada *S. acus* ve *S. typhle* türlerinin boy-ağırlık ilişkilerini incelemişlerdir.

Artüz (2015) *Syngnathus phlegon* türünü Marmara denizinden rapor etmiştir.

Çulha ve diğ. (2015) gerçekleştirdikleri çalışmada Çandarlı körfezinde sığ sulardan (0,5-5m) Syngnathidae familyasına ait türleri mevsimsel olarak değerlendirmiş ve *Syngnathus abaster*'in en baskın tür olduğunu tespit etmiştir.

Gürkan ve diğ. (2015) Ege denizi kıyılarında *S. typhle* türünün yumurta çaplarını, ilk üreme boyunu ve üreme periyodunu belirlemişlerdir. Çalışmada türün ilk üreme boyunun dişilerde 7 cm, erkeklerde ise 14,8 cm olduğu tespit edilmiştir.

Khrystenko ve diğ. (2015) Dinyeper nehrinden elde ettikleri *S. abaster* bireylerinin boy-ağırlık ilişkilerini ve morfolojik değişkenliklerini incelemişlerdir.

Varvara (2015) gerçekleştirdiği çalışmada Yunanistan kıyılarında dağılım gösteren *S. abaster* ve *S. typhle* popülasyonlarının biyolojilerini, genetik ve fenotipik özelliklerini incelemiştir. mtDNA ve nDNA analizleri çoğu durumda *S. abaster*' in İyon ve Ege

Denizi bireyleri arasındaki haplotip paylaşımının dikkat çekici düzeyde az olduğunu tespit etmiştir. *S. typhle*'de ise uzak popülasyonlar arasında bile ortak bir gen havuzundan köken aldıkları izlenimi veren haplotiplerin çokluğu bildirilmiştir.

Yıldız ve diğ. (2015) Batı Karadeniz'de *S. acus* türünün biyometrik analizlerini yapmışlardır.

Wang ve diğ. (2016) yılında yeni nesil dizileme metoduyla (NGS) *S. typhle*'nin 16,488 bp'lik tüm mitokondriyal dizilimini tespit etmişlerdir.

Zhi ve diğ. (2016) Çin denizlerinde gerçekleştirdikleri çalışmada yerel ihtiyologlar tarafından daha önce *S. acus* olarak tanımlanan deniz iğnesinin sitokrom oksidaz I (COI) gen bölgesini kullanarak esasen *S. schlegeli* olduğunu bildirmişlerdir.

Matsunuma (2017) doğu Çin Denizinden *Syngnathus chihiro* türünü tanımlamıştır.

Müller ve Erzini (2017) Portekiz'de lagüner alanlardan elde ettikleri *S. typhle* ve *S. abaster* türlerinin habitat tercihlerindeki farklılıkları deneysel olarak incelemişlerdir.

Zhang ve diğ. (2017) gerçekleştirdikleri çalışmada sitokrom oksidaz I (COI) gen bölgesini kullanarak Syngnathidae familyasındaki birçok türü gasterophori ve ürophori oluşlarıyla bağlantı kurarak incelemişlerdir.

1.6. Çalışmanın Amacı

Bu çalışma konusunun belirlenmesinde farklı ihtiyofauna araştırma projeleri kapsamında gerçekleştirilen çalışmaları *Syngnathus* cinsine ait örneklerin tanımlanmasında karşılaşılan zorluklar yada yanlış tanımlamalar ve literatürde ifade edilen taksonomik karışıklıklar etkili olmuştur.

Bu amaçla gerçekleştirilen doktora tezi çalışmasında Türkiye kıyılarında dağılım gösteren *Syngnathus* (Syngnathidae) cinsine ait türlerin detaylı morfolojik özelliklerinin ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi;

Syngnathus argentatus'un geçerli bir tür mü, yoksa *S. typhle*'nin sinonimi olan bir popülasyon mu olduğunun araştırılması;

Filogenetik ilişkiler ve morfolojik veriler ışığında literatürdeki tartışmalı tüm popülasyonların taksonomik açıdan değerlendirilmesi ve ülkemiz kıyılarında dağılım gösteren *Syngnathus* cinsine ait türlerin güncel dağılımları ve habitat tercihleri gibi elde edilen verilerle, bölgesel ve global seviyedeki koruma çabalarına katkı sağlanması amaçlanmıştır.

2. MATERYAL – YÖNTEM

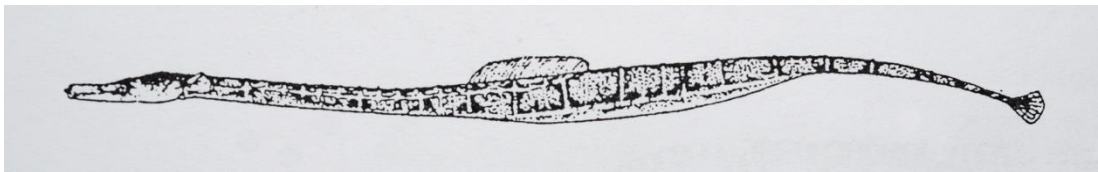
2.1. Araştırma Materyali

Yapılan çalışmada günümüze kadar Türkiye kıyılarında dağılım gösterdiği rapor edilmiş olan Syngnathidae familyası dahilindeki *Syngnathus* cinsine ait tüm türleri kapsamayı amaçlamıştır. Ancak ülkemiz kıyılarında yapılan örnekleme çalışmaları kapsamında elde edilen *S. abaster*, *S. acus*, *S. schmidtii*, *S. tenuirostris* ve *S. typhle* türleri araştırma materyalini oluşturmuştur.

2.1.1. *Syngnathus abaster* Risso, 1826

Mensup olduğu cins içerisinde Akdenizde en küçük boylara sahip olan deniz iğnesi *S. abaster* genellikle kumlu çamurlu dip yapısında, deniz çayırıları ve makroalg yataklarının bulunduğu 5 m'den sığ kıyusal sularda dağılım gösteren bentik, örihalin syngnathid türüdür. Renkleri kahverengi yeşil arası tonlarda olup gövde ve kuyrukta çizgiler bulunmaktadır. Burun uzunluğu baş boyunun yarısından daha kısadır. Üreme dönemleri çoğunlukla Nisan-Ekim ayları arasındadır (Dawson, 1986). Maksimum 15 cm uzunluğa erişebilen *S. abaster* bireyleri Karadeniz'de 21cm uzunluğa ulaşabilmektedir (Kuitert, 2009).

R: 14-18+32-41. D: 24-40. P: 10-14



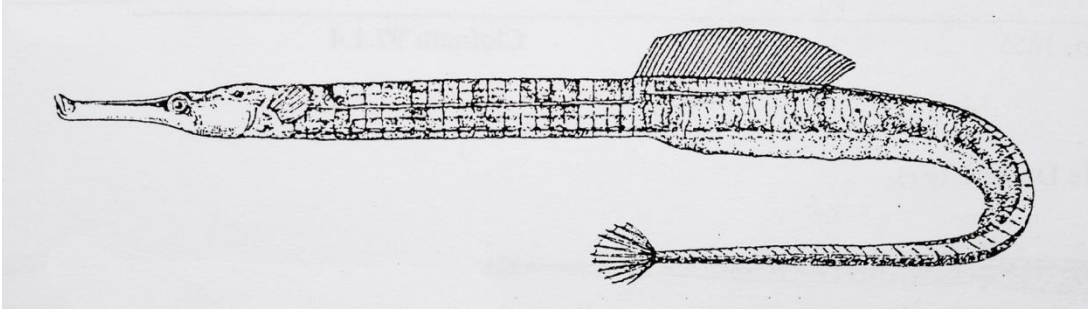
Şekil 7. *S. abaster* genel morfolojisi (Dawson, 1986).

2.1.2. *Syngnathus acus* Linnaeus, 1758

Akdeniz havzasında yayılış gösteren deniz iğnesi türlerinden 46 cm boyla en büyüğü olan *Syngnathus acus* denizlerin kumlu, çamurlu, sert dip yapısına sahip kıyusal bölgelerde ve nehir ağızlarında dağılım göstermektedir. Makroalg ve deniz çayırıların arasında yaşayan *S. acus*'un rengi yeşil-kahve tonlarındadır ve genellikle

dikine koyu bantları vardır. Üreme dönemleri çoğunlukla Mayıs-Ağustos ayları arasındadır (Dawson 1986). İlk tanımlanan deniz iğnesi türlerinden biri olup burun geniş ve uzun, baş ise kısmen hörgüçlüdür. Genellikle 15 m' den sığ sularda gözlenen *S. acus* 90m' ye derinliğe kadar olan trol çalışmalarında taşlık, çakıllı zeminden örnekleri de elde edilmiştir (Kuitler, 2009).

R: 17-19+41-44. D: 33-39. P: 12-14

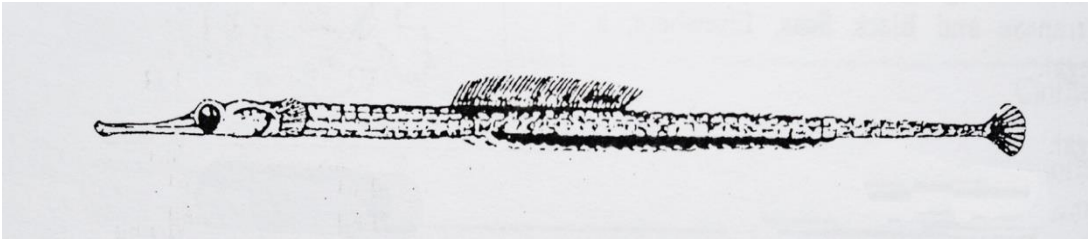


Şekil 8. *S. acus* genel morfolojisi (Dawson, 1986).

2.1.3. *Syngnathus schmidti* Popov, 1927

Karadeniz endemiği *S. schmidti* nadir görülen, açık denizde yüzeyin hemen altında ya da orta su sathında yaşayan bir deniz iğnesi türüdür. Maksimum 12 cm ye kadar büyüebildiği bildirilmiş olan türün burun ince ve uzunluğu baş boyunun yarısından fazla olup yüksekliği ise göz çapından daha küçüktür (Kuitler 2009). Vücut halkaları belirgin olup ergin ve genç bireylerinde halkaların üst tarafında dikensi çıkıntılar bulunmaktadır (Dawson, 1986).

R: 16-17+36-42. D: 39-47. P: 15-16

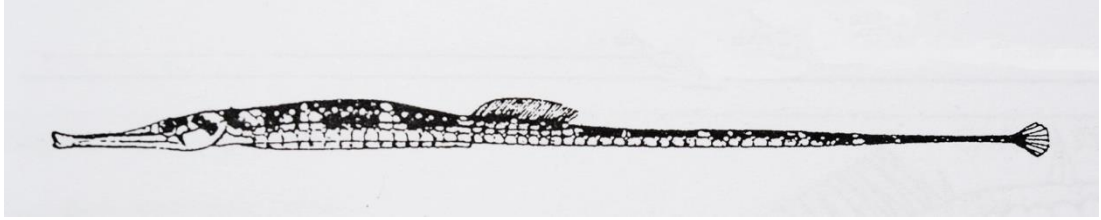


Şekil 9. *S. schmidti* genel morfolojisi (Dawson, 1986).

2.1.4. *Syngnathus tenuirostris* Rathke, 1837

İnce ve uzun burun yapısıyla *S. tenuirostris* Akdeniz havzasındaki diğer deniz iğnelerinden kolayca ayrılmaktadır. Renkleri koyu gri ile kahverengi tonlarında olup gövde ve kuyrukta açık sarı bantlar bulunmaktadır. Dorsal yüzgeçte koyu benekler vardır. Burun baş boyunun yarısından daha uzun ve oldukça düz formdadır. 25 m'ye kadar sığ, vejetatif ya da çakıllı kıyısız alanlarda yaşarlar. Yaklaşık olarak 40 cm uzunluğa ulaşabilmektedirler (Dawson, 1986; Kuitert, 2009).

R: 17-19+41-44. D: 33-39. P: 12-14

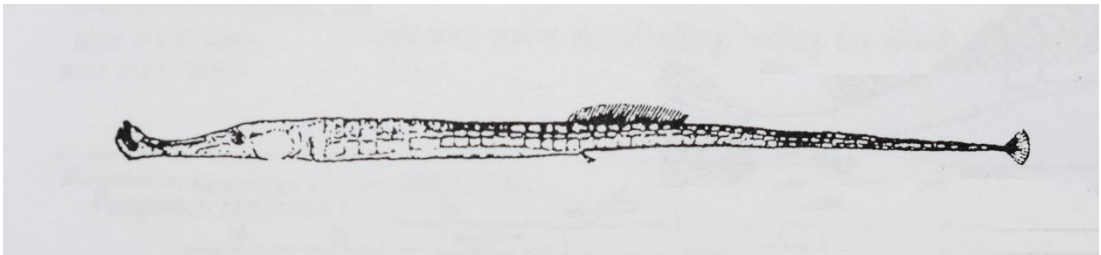


Şekil 10. *S. tenuirostris* genel morfolojisi (Dawson, 1986).

2.1.5. *Syngnathus typhle* Linnaeus, 1758

Yanlardan oldukça yassılaştırmı burun yapısıyla diğer deniz iğnelerinden ayrılan *S. typhle* 6m' ye kadar olan sığ sularda yaşamaktadır (Dawson, 1986). Boyları 35cm' ye ulaşabilmektedir. Cinsi olgunluğa 11-12 cm boyda erişen *S. typhle* bireylerinin ömrü 2-3 yıldır ve üreme dönemleri çoğunlukla Mart-Ekim ayları arasındadır (Dawson, 1986; Oliveira ve diğ, 2007). Vejetatif habitatlarda *Cymodocea nodoca*, *Posidonia oceanica*, *Zostera sp.* gibi fitobentik organizmaların arasında zeminle ilişkili olarak yaşamaktadır. Burun yüksekliğinin gövde yüksekliğine denk oluşuyla karakterizedir (Kuitert, 2009). *S. typhle*' nin renkleri kahverengi-yeşil tonlardadır ve arasında yaşadığı bitkisel habitata göre değişkenlik göstermektedir (Dawson, 1986; Vincent ve diğ, 1995; Kuitert, 2009;).

R: 18-20+31-39. D: 28-38. P:13-17



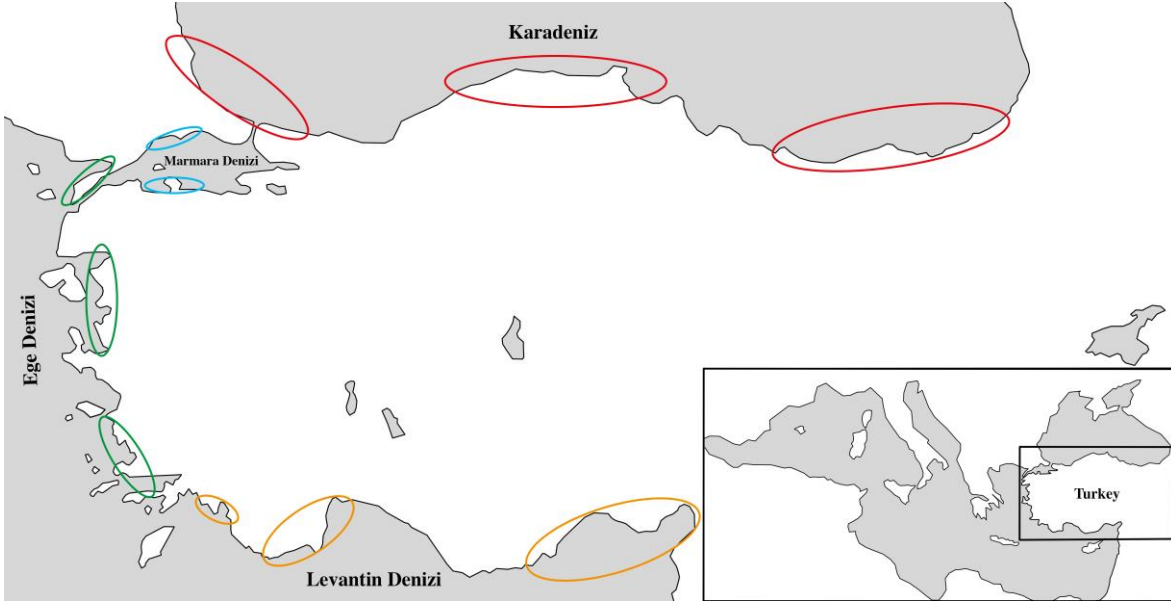
Şekil 11. *S. typhle* genel morfolojisi (Dawson, 1986).

2.2. Araştırma Sahası

Örnekleme çalışmalarının gerçekleştirileceği istasyonlar denizlerimize ait zoocoğrafik bölgeleri temsil edecek şekilde ve türlerin potansiyel habitatları dikkate alınarak 33 istasyon belirlenmiştir. Örnekleme çalışmaları ilkbahar 2013-2014 ilkbahar ve yaz aylarında gerçekleştirilmiştir.

İstasyonlar;

- Batı Karadeniz (Kocaeli (Kerpe); İğneada; Kızılköy), orta Karadeniz (Sinop; Ayancık; Amasra) ve doğu Karadeniz (Ordu; Trabzon (Çamburnu); Giresun; Rize (Çamburnu); Hopa),
- Kuzey Marmara (Marmara Ereğlisi) ve güney Marmara (Erdek),
- Kuzey Ege (Enez; İbrice; Gelibolu), orta Ege (Edremit; Ayvalık; Foça (Çaltıdere); Urla) ve güney Ege (Didim; Bodrum; Datça),
- Batı Akdeniz (Köyceğiz; Göcek; Fethiye), orta Akdeniz (Kaş; Kemer; Antalya; Alanya) ve doğu Akdeniz (Taşucu; Yumurtalık; Arsuz) bölgeleridir.



Şekil 12: Örnekleme istasyonları.

2.3. Yöntem

2.3.1. Örnekleme çalışmaları

2.3.1.1. Dalarak örnekleme

Örnekleme çalışmaları scuba ve serbest dalış tekniği ile dalarak gerçekleştirilmiştir. Çalışılan istasyonda tespit edilen kıyı tipi ve derinliğe göre uygun örnekleme şekli sahada belirlenmiştir. Farklı derinlikleri tercih eden türlerin elde edilmesi için iki dalıcı tarafından 0-30 m aralığındaki derinliklerde dalışlar gerçekleştirilmiştir. Derinden sığ alanlara doğru gerçekleştirilen planlamayla dalış güvenliği öncelikli tutulmuştur.

Sualtı örnekleme çalışmalarında deniz çayırlarının yoğun olduğu bölgelerde görerek örneklemenin oldukça güç ve verimsiz olmasından dolayı ilk kez bu çalışmada kullanılan bir örnekleme aracı olan ‘Dalıcı Sürütme Ağı’ geliştirilmiştir. Tasarlanan bu örnekleme aracı sualtında iki SCUBA dalıcısı tarafından palet gücüyle çekilebilen aktif bir sürütme av aracıdır. Dalıcı sürütme ağı, 4 m uzunluğunda 70 cm yüksekliğinde ve 4 mm göz açıklığında, orta kısmında örneklerin toplandığı 1 m uzunluğunda torba vazifesi gören av aracının mantar ve kurşun yakasında bulunmaktadır (Şekil 13). Dalıcı sürütme ağı ile yapılan örnekleme çalışmaları vejetasyonun yoğun olduğu kıyı (0,5-30 m) habitatlarında gerçekleştirilmiştir. Diğer örnekler elle veya el kepçesi kullanılarak temin edilmiştir.

Karadeniz endemiği olan ve pelajik yaşam şeklindeki *S. schmidtii* örnekleri Doğu Karadeniz bölgesinde yürütülen ihtiyoplankton çalışmalarından elde edilmiştir. Örnekler ilkbahar ve yaz aylarında kıyıdan 2-3 deniz mili açıkta, 50 cm ağız açıklığına ve 200 mikronluk plankton ağına sahip kepçeler kullanılan horizontal çekimler neticesinde elde edilmiştir.



Şekil 13: Dalıcı sürütme ağı.



Şekil 14: Sualtı çalışmaları.

2.3.1.2. Örneklerin muhafazası

Arazi çalışmalarında elde edilen örneklerden DNA izolasyonunda kullanılmak üzere sağ pektoral yüzgeçler kesilerek %96'lık etil alkolde fikse edilmiştir. Sonrasında ise örnekler morfolojik çalışmalar için %4'lük formaldehit solüsyonunda fikse edilip etiketlenerek muhafaza edilmiştir.

2.3.2. Laboratuvar çalışmaları

2.3.2.1. Morfolojik çalışmalar

Laboratuvar çalışmaları İzmir Katip Çelebi Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, Moleküler Ekoloji ve Genetik Laboratuvarı'nda yürütülmüştür. Elde edilen örneklerin morfolojik incelemeleri 0,01 hassaiyetli dijital kumpas (Yamer ABS IP54) ve stereo mikroskop (Olympus SZ2-LGB), fotoğraflamaları ise dijital fotoğraf makinesi (Nikon D800) ile gerçekleştirilmiştir.



Şekil 15. Morfolojik incelemelerde kullanılan dijital kumpas ve stereo mikroskop.

Örneklenen bireylerin tür tanımlamalarında Dawson (1986) ve Slastanenko (1955)'nin oluşturdukları tayin anahtarlarından ve Kuitert (2009)'in verilerinden faydalanılmıştır (Çizelge 4; Çizelge 5)

Çizelge 4: *Syngnathus* Cinsine Ait Türlerin Tayin Anahtarı (Dawson, 1986).

1a Burun özellikle silindirik, burun derinliği göz çapından daha kısadır.....	2
1b Burun lateralden basık, burun derinliği göz çapından fazladır.....	<i>S. typhle</i>
2a Posterior halkalar belirgin.....	3
2b Posterior halkalar belirgin ve görünür değil.....	4
3a Kuyruk halkaları 36-42 adet.....	<i>S. schmidtii</i>
3b Kuyruk halkaları 47-50 adet.....	<i>S. phlegon</i>
4a Burun uzunluğu baş uzunluğunun yarısı yada daha az.....	5
4b Burun uzunluğu baş uzunluğunun yarısı yada daha fazla.....	7
5a Gövde halkaları 13-18 adet, burun derinliği burun uzunluğunun 2-4 katı.....	6
5b Gövde halkaları 19-21 adet, burun derinliği burun uzunluğunun yaklaşık 1/5'i kadar.....	<i>S. variegatus</i>
6a Gövde halkaları 14-18 adet, toplam subdorsal halkaları 6-11 adet, genellikle dorsal yüzgeç kaidesi boyunca koyu siyah benekler yada çizgiler bulunur.....	<i>S. abaster</i>
6b Gövde halkaları 13-17 adet, toplam subdorsal halkaları 9-12 adet, dorsal yüzgeç kaidesi boyunca koyu benekler ya da çizgiler yok.....	<i>S. rostellatus</i>
7a Başın post orbital kısmında medyan dorsal yükseltisi bulunmaz.....	8
7b Başın post orbital kısmında medyan dorsal yükseltisi belirgin bir şekilde bulunur.....	<i>S. acus</i>
8a Kuyruk halka sayısı 33-39 adet, genellikle gövdenin laterali boyunca siyah çizgi bulunur.....	<i>S. taenionotus</i>
8b Kuyruk halka sayısı 41-44 adet, gövdenin laterali boyunca siyah çizgi yoktur.....	<i>S. tenuirostris</i>

Deniz iğnelerinin morfolojik özelliklerinin ortaya koyulmasında kullanılan metrik ve meristik karakterler Dawson (1986); Cakić (2002); Allen ve Kuitert, (2004)'den geliştirilerek belirlenmiştir (Çizelge 6; Çizelge 7).

Çizelge 5: Karadeniz Havzasındaki *Syngnathus* Cinsine Ait Türlerin Tayin Anahtarı
(Slastanenko, 1955)

-
- 1a.** Göğüs plakalarının nasıfları altta hareketli olup, diğer plakalarla birleşmemiş ve tek olan karın plakaları teşekkül etmemektedirler..... *S. typhle argentatus*.
- b.** Göğüs plakalarının nasıfları altta hareketsiz olup tek olan karın plağı vasıtasıyla yekdiğeriyle birleşmişlerdir.....**2**
- 2a.** Göğüs plakaları altta olup, öndeki kısmı kesiktir. Tek olan karın plağı kısadır. Burnu kalın, yüksek ve yan taraflarından yassılaştırmış..... *S. rubescens* (*S. acus* sinonimi).
- b.** Göğüs plakaları altta olup, öndeki kısmı kesik değildir. Tek olan karın plağı kısa değildir.....**3**
- 3a.** Bel plakalarının altta birleşmiş olan nısıflarının öndeki kenarı kesik veya kör yuvarlaktır. Dorsal kaidesinin uzunluğu genellikle burnundan kısadır. Burnu uzun, alçak ve boydan boya yüksekliği hemen hemen aynıdır. Kuyruk halkaları genellikle 40'tan fazladır.....*S. tenuirostris*.
- b.** Bel plakalarının altta birleşmiş olan kısımlarının öndeki kenarı sivrileştirmiştir.....**4**
- 4a.** Vücut halkalarının arka köşelerinde genellikle birer tane diken mevcuttur. Sırt yüzgecinde 40-47 adet ışın, anal yüzgeçte ise 13-15 adet ışın mevcuttur.....*S. schmidtii*
- b.** Vücudunun üzerinde dikenler mevcut değildir.....**5**
- 5a.** Sırt yüzgecinde en fazla 33-36 adet ışın mevcuttur..... *S. nigrolineatus* (*S. abaster* sinonim)
- b.** Sırt yüzgecinde en fazla 35-39 adet ışın mevcuttur.....*S. nigrolineatus maeoticus* (*S. abaster* sinonim)
-

Çizelge 6: Kullanılan metrik karakterler ve açıklamaları.

Kısaltma	Ölçülen Karakter
SL	boy (burun ucundan kuyruk sapının posterior ucuna kadar ölçülen mesafe).
HL	baş boyu (operkulumun posterior ucundan burun ucuna kadar ölçülen mesafe).
Pro	preorbital mesafe (gözün anterior ucundan ağız ucuna kadar ölçülen mesafe)
Po	postorbital mesafe (gözün posterior kısmından operkuluma sonuna kadar ölçülen mesafe)
Sd1	burun yüksekliği (gözün anterior ucundan burun yüksekliği)
Sd2	burun yüksekliği (burnun orta kısmından burun yüksekliği)
Sd3	burun yüksekliği (burnun uç kısmından burun yüksekliği)
CfL	kuyruk yüzgeç uzunluğu (kaudal yüzgeç kaidesinden kuyruğun posterior ucuna kadar ölçülen mesafe)
Ed	göz çapı (gözün yatayda ölçülen çapı)
İo	interorbital mesafe (gözler arası mesafe)
Bd-Afb	anal yüzgeç kaidesinden gövde yüksekliği
Bw-Afb	anal yüzgeç kaidesinden gövde genişliği
DfL	dorsal yüzgeç uzunluğu (dorsal yüzgecin anterior ucu ile posterior ucu arası mesafe)
PrD	predorsal mesafe (Burun ucu ile dorsal yüzgecin başlangıcı arasındaki mesafe)
PoD	postdorsal mesafe (Dorsal yüzgeç kaidesinin posterior kenarı ile kuyruk yüzgecinin başlangıcı arası mesafe)
PrA	preanal mesafe
PoA	postanal mesafe
PrP	prepektoral mesafe
Bd-PDf	dorsal yüzgeç sonundan vücut yüksekliği
Bw-PDf	dorsal yüzgeç sonundan vücut genişliği
Bd-Pfb	pektoral yüzgeç kaidesinden vücut yüksekliği
Bd-Poc	operkulum sonundan vücut yüksekliği
Bw-Lr	son kuyruk halkasından vücut genişliği
Bd-Lr	son kuyruk halkasından vücut yüksekliği

Çizelge 7: Kullanılan meristik karakterler ve açıklamaları.

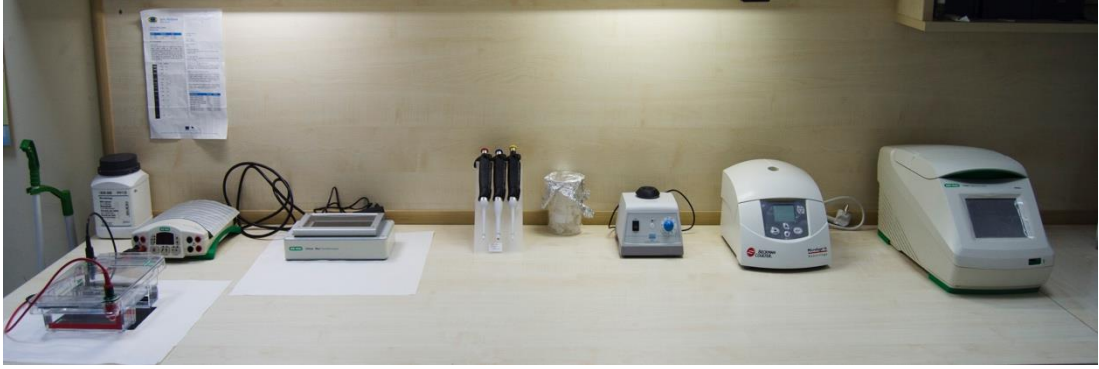
Kısaltma	Sayılan karakter
D	Dorsal yüzgeç ışın sayısı
A	Anal yüzgeç ışın sayısı
P	Pektoral yüzgeç ışın sayısı
C	Kaudal yüzgeç ışın sayısı
BR	Gövdedeki halka sayısı
TR	Kuyruktaki halka sayısı
SDR	Dorsal yüzgeç altındaki halka sayısı

Ölçülen metrik karakterler Excel paket programında veri seti oluşturulup kendi aralarında oranlanarak türler arasındaki morfolojik farklılıkları belirlemek için elde edilen değerlerden oluşan veri setine PRIMER 5 paket programında temel bileşenler

analizi (Principal Component-PCA) uygulanmıştır. Bu analiz sonucunda PC1 ve PC2 plot grafik üzerinde gösterilerek türler arasındaki farklılıklar belirlenmiştir.

2.3.2.2. Moleküler analizler

Moleküler analizlerde DNA elektroforezis tankı ve güç kaynağı (Biorad Powerpac Basic), UV transilluminator cihazı (Biorad UView-Mini), vorteks cihazı (Velp Scientifica ZX3), etüv (Ecocell), mikrosantrifüj cihazı (Beckman Coulter Microfuge 16), hassas terazi (ATX224), termal döngü cihazı (Biorad T100 Thermal Cycler) ve otoklav (NÜVE) kullanılmıştır.



Şekil 16. Moleküler analizlerde kullanılan laboratuvar ekipmanları.

2.3.2.2.1. Toplam DNA izolasyonu

Çalışmada *Sygnathus* genusuna ait toplamda 77 bireyden DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Örneklenen bireylerin total genomik DNA izolasyonu Purelink Genomik DNA Mini Kit (Invitrogen, Lifetechnologies) ve Qiagen Dneasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, USA) kullanılarak üretici firmaların önermiş olduğu protokol doğrultusunda gerçekleştirilmiştir.

DNA örneklerinin kalitesinin tespiti için %1 lik TBE-agaroz jel hazırlanmıştır. Örnekler, jel soğuduktan sonra içerisinde seyreltilmiş 1x TBE tampon bulunan elektroforez tankına koyulmuştur. DNA örnekleri 5 µl örnek ve 1 µl yükleme boyası ile karıştırılarak jeldeki kuyucuklara yerleştirilmiştir. 250 mA' de yaklaşık 45 dk. gerçekleştirilen elektroforez işlemi tamamlandıktan sonra UV transilluminatör (BioRad, UView™ Mini) cihazında görüntüleme yapılmış ve fotoğraflanmıştır. Elde

edilen total genomik DNA ise PCR uygulamalarına kadar -20 °C de muhafaza edilmiştir.

2.3.2.2.2. Mitokondriyal DNA COI ve Cyt-b bölgelerinin PCR ile çoğaltılması

Türler arasındaki filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için mitokondriyal COI (cytochrome c oxidase subunit I) geni kullanılmıştır. Bunun için universal primerler olan FishF1-FishR1, FishF2-FishR2 (Ward ve diğ, 2005) ve C_FishF2t1-C_FishR2t1 primer kokteylleri (Ivanova ve diğ, 2007) kullanılmış ve COI bölgesinin 652 bp'lık parçası polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltılmıştır. Buna ek olarak *S. typhle* ve yakın ilişkili olduğu *S. abaster* türlerine ait bireyler arasındaki ilişkiyi daha anlamlı kılmak adına mitokondriyal cyt-b bölgesi de çoğaltılmıştır. Cyt-b bölgesinin arttırımı için Wilson (2001) de belirtilen L1425 ve H15240 primerleri kullanılmıştır.

Çizelge 8: Filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde kullanılan primerler.

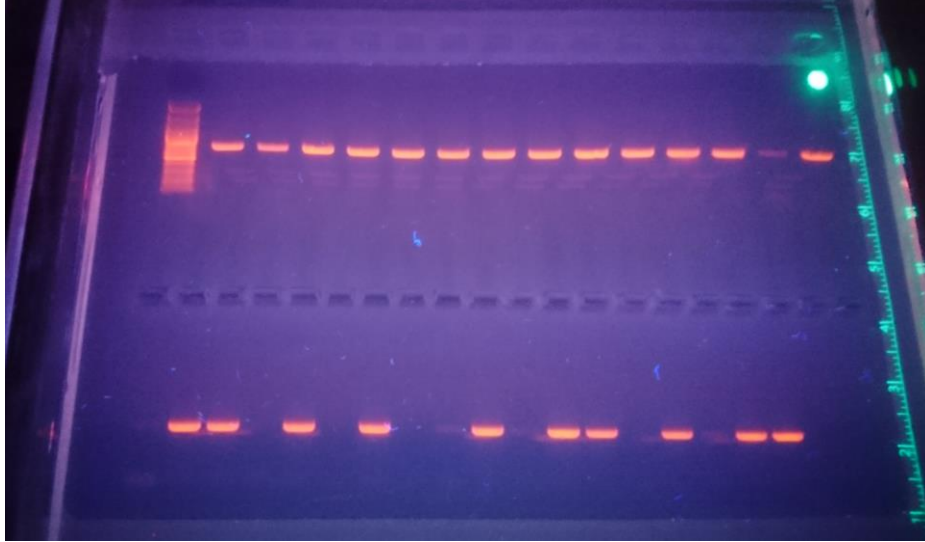
FishF1	5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3'	Ward ve diğ. (2005)
FishR1	5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3'	Ward ve diğ. (2005)
FishF2	5'- TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC-3'	Ward ve diğ. (2005)
FishR2	5'-ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3'	Ward ve diğ. (2005)
C_FishF2t1	5'-TGTAACACGACGGCCAGTCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC-3'	Ivanova ve diğ. (2007)
C_FishR2t1	5'- CAGGAAACAGCTATGACACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3'	Ivanova ve diğ. (2007)
L1425:	5'- CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG-3'	Wilson (2001)
H15240:	5'- TTRTCTACNGARAANCCNCCTCA-3'	Wilson (2001)

PCR ile mtDNA COI ve cyt-b bölgelerinin arttırımı, 5x master mix (12.5 mM MgCl₂), 10 pmol/μl her bir primer, 40-50 ng/μl kalıp DNA toplam 30 μl son reaksiyon hacminde steril saf su ile tamamlanarak gerçekleştirilmiştir.

Termal döngü koşulları COI bölgesi için; ilk olarak 94 °C'de 3 dakika denatürasyon işlemi, sonrasında 35 döngü olacak şekilde 94 °C' de 30 sn, 54°C'de 30 sn ve 72 °C'de 1 dakikalık amplifikasyon işlemi, en son olarak 72 °C'de 10 dakika son uzama safhası olarak gerçekleştirilmiştir.

Termal döngü koşulları Cyt-b bölgesi için; ilk olarak 94 °C’de 2 dakika denatürasyon işlemi, sonrasında 35 döngü olacak şekilde 94 °C’ de 1 dk, 50°C’de 1 dk ve 72 °C’de 1dk 30 sn amplifikasyon işlemi, en son olarak 72 °C’de 5 dakika son uzama safhası olarak gerçekleştirilmiştir.

Elde edilen PCR ürünlerinin büyüklükleri ise %2’lik TBE-agaroz jelde kontrol edilmiştir (Şekil 17). Agaroz jelin görüntüleme işlemi UV transliminatörde (BioRad, UView™ Mini) gerçekleştirilmiş ve fotoğraflanmıştır. Elde edilen PCR ürünleri DNA dizileme analizleri yapılmaya kadar -20 °C de muhafaza edilmiştir. PCR ürünlerinin saflaştırma ve DNA dizileme işlemleri ticari bir firma (Macrogen Inc, Amsterdam) tarafından hizmet alımı yoluyla gerçekleştirilmiştir. Dizi okumalarının doğruluğunu garanti altına alabilmek için çift yön DNA dizileme analizi yaptırılmıştır.



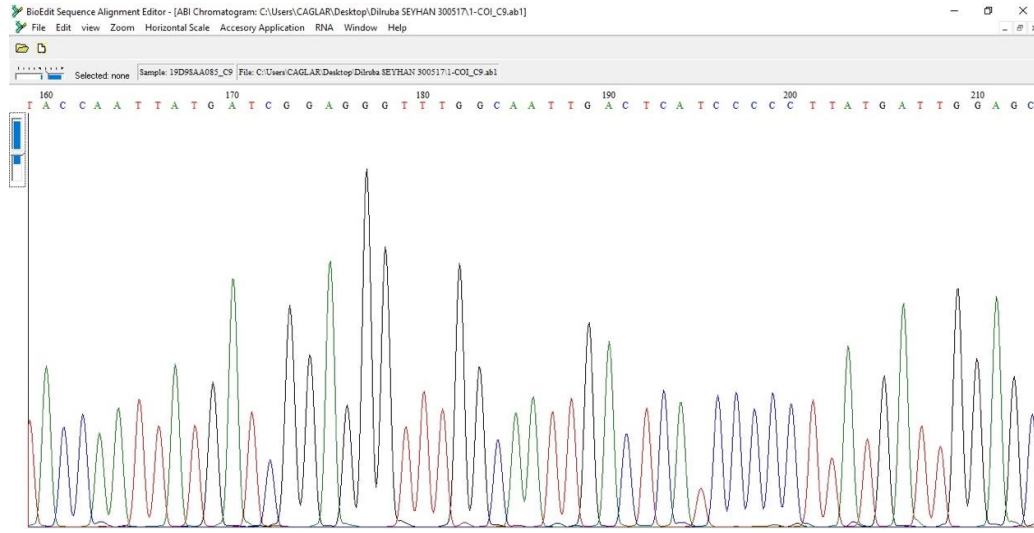
Şekil 17: Jelde kontrol edilen PCR ürünlerinin görüntüsü.

2.3.2.2.3. Veri analizleri

Dizi analizi sonucu elde edilen diziler, dış grup olarak seçilen *Pegasus volitans* Linnaeus, 1758 (GenBank erişim no: AP005984) ve *Syngnathus* genusuna ait türlerin GenBank ve BOLD veri tabanlarında bulunan dizileri BioEdit 7.0.5.3 programı ile (Hall, 1999) ile düzenlenmiş ve Clustal-W programı (Thompson ve diğ, 1994) yardımıyla hizalanmıştır (Şekil 18).

Elde edilen dizilerin %A-T oranları, değişken ve korunmuş bölgelerin analizi ile transisyon/transversiyon oranları (R) MEGA 6.0 (Tamura ve diğ, 2013) programı ile belirlenmiştir. DNA barkod bölgesi “COI” ve cyt b gen bölgesi dizilerine dayalı olarak

MEGA6.0 programı altında Kimura's two-parameter modeline (Kimura, 1980) dayalı olarak türler arası ve tür içi mesafe matrisi oluşturulmuştur. Barkod bölgesi için ortalama tür içi genetik varyasyon ile minimum türler arası genetik fark arasındaki mesafe "barkod boşluğu" diğer bir deyişle tarama eşiği olarak kullanılarak deniz iğnesi türlerinin genetik tanımlaması yapılmaya çalışılmıştır. Türler arasındaki filogenetik ilişkiler yine MEGA6.0 (Tamura ve diğ, 2013) programı altındaki maksimum likelihood (ML), Minimum evolution (ME) ve neighbour-joining (NJ) yöntemleri kullanılarak gerçekleştirilen filogenetik analizler sonucu oluşturulan ağaç topolojileri ile değerlendirilmiştir. Ağaç topolojilerinin güvenilirliği 1000 tekrarlı seç-bağla testi (Felsenstein, 1985) ile belirlenmiştir.



Şekil 18: Bioedit programında kontrol edilerek hizalanan diziler.

Örneklenen bireylerin haplotip sayısı, nükleotid ve haplotip çeşitliliği ise DnaSP v5 (Librado ve Rozas, 2009) programı ile tespit edilmiş; haplotipler arasındaki ilişkileri gösteren haplotip ağları ise Network 5 (Bandelt ve diğ, 1999-fluxus-engineering.com) programı ile çizdirilmiştir.

3. BULGULAR

Gerçekleştirilen çalışma kapsamında 33 istasyondan 146 *Syngnathus* bireyi örneklenmiş olup, temin edilen türlerin bölgelere göre dağılımı Çizelge 9’da belirtilmiştir.

Çizelge 9: İstasyonlara göre örneklenen tür sayıları.

	Karadeniz			Marmara		Ege			Levantin		
	Batı	Orta	Doğu	Kuzey	Güney	Kuzey	Orta	Güney	Batı	Orta	Doğu
<i>S. abaster</i>	3	4	5	4	4	4	6	-	-	-	-
<i>S. acus</i>	2	3		2	2	-	1	-	-	-	-
<i>S. schmidtii</i>	-	-	9	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. tenuirostris</i>	-	-	35	3	2	-	1	-	-	-	-
<i>S. typhle</i>	8	10	7	5	5	5	10	5	1	-	-

Örneklerin tür tayininde Slastanenko (1955); Dawson (1986) ve Kuitert (2009)’in kaynaklarından yararlanılmıştır. Tayin anahtarları ve türlerin genel karakterleri materyal metotta belirtilmiştir. İncelenen meristik karakterlerin ve morfometrik kısaltmaların açıklamaları Çizelge 6 ve Çizelge 7’de belirtilmiştir.

3.1. *Syngnathus abaster* Risso, 1826

3.1.1. Habitat tercihi

Sığ, korunaklı kumlu, çamurlu dip yapısındaki *Zostera* ve *Cymodocea* yataklarında 3 m'den sığ kıyısularda dağılım gösterdiği tespit edilmiştir.

3.1.2. Morfolojik özellikleri

Vücut *Syngnathus* cinsinin genel karakteristiği olan ince uzun yapıdadır. Burun baş boyunun yaklaşık yarısı kadardır (pro/HL: %43,9-50,8). Burun önden arkaya doğru genişleyen yapıdadır. Baş boyuna oranla gözler büyüktür (ed/HL: %12-15,2). Detaylı morfometrik değerler Çizelge 10.'da verilmiştir. Vücut silindiriğe yakın ancak köşeli yapısını korumaktadır. Tüm yüzgeçleri küçük ve yuvarlak kenarlıdır. Subdorsal halka sayısı 7-9, gövde halka sayısı 16-18, kuyruk halka sayısı 35-40 arasında olduğu tespit edilmiştir. Dorsal yüzgeç ışın sayısı 32-39, pektoral yüzgeç ışın sayısı 11-14, kaudal yüzgeç ışın sayısı 9-11 arasında olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 19: *Syngnathus abaster* (A, B: yandan, C: üstten görünüm)

3.1.3. Renklenme

Kararlı bir renk ve desen yapısı gözlenmemiştir. Hâkim olan ton yeşil-kahverengi tonları arasında değişmektedir. Desenlenme ise kalın, koyu tonda dikey bantların bulunmakla birlikte ince dikey bantlarda gözlenmiştir. Açık tonda baklava dilimi desenleri bazı bireylerde gözlenmiştir. Popülasyon içi, popülasyonlar ve eşeyler arası kararlı renk ve desenlenme gözlenmemiştir. Burnun alt tarafı ile operkulum arasında gözün alt kısmında kalan bölge açık tonda olduğu gözlemlenmiştir. Yüzgeçlerde herhangi bir pigmentasyon gözlenmemiştir.



Şekil 20: Sualtında fotoğraflanan *Syngnathus abaster* örneği.

Çizelge 10: *S. abaster* morfometrik oranlar.

(n:30)	Değişim Aralığı (min-max)	Ortalama± Standart Sapma
Total Boy (mm)	102,0-151,2	116,7± 12,2
Kafaya ait oranlar		
%		
ed/HL	11,4-16,9	14,09 ± 1,32
io/HL	7,8-13,4	9,80 ± 1,39
Pro/HL	43,8-55,1	47,75 ± 2,51
Po/HL	35,1-47,5	39,94 ± 2,92
Sd1/HL	13,3-22,4	18,00 ± 1,84
Sd2/HL	9,5-13,3	11,26 ± 0,95
Sd3/HL	11,1-17,4	13,36 ± 1,61
Gövdeye ait oranlar		
%		
HL/SL	10,2-14,3	12,03 ± 1,07
CFL/SL	2,2-4,5	3,31 ± 0,57
Bd-Afo/SL	2,1-4,2	2,85 ± 0,53
Bw-AFO/SL	1,9-3,7	2,64 ± 0,46
DfL/SL	9,2-11,9	10,86 ± 0,73
PrD/SL	3,4-4,4	3,93 ± 0,22
PoD/SL	4,6-5,4	4,93 ± 0,19
PrA/SL	3,7-4,6	4,06 ± 0,19
PoA/SL	5,2-7,2	6,10 ± 0,87
PrP/SL	11,3-15,6	13,04 ± 1,16
Bd-PostMDFB/SL	1,5-3,9	2,50 ± 0,89
Bw-PostMDFB/SL	1,5-3,5	2,33 ± 0,61
Bd-PFO/SL	2,6-3,8	3,03 ± 0,31
Bd-PMOperc/SL	2,6-3,5	3,10 ± 0,27
Bd-LastRingC/SL	0,4-0,9	0,65 ± 0,11
Bw-LastRingC/SL	0,4-0,8	0,68 ± 0,12

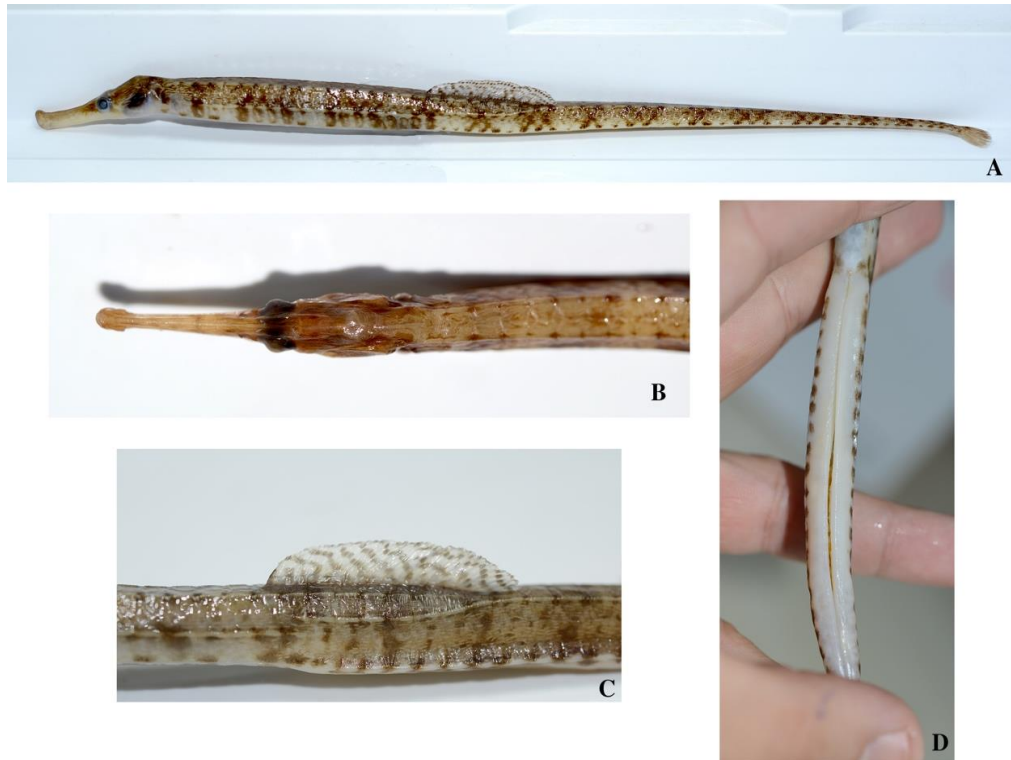
3.2. *Syngnathus acus* Linnaeus, 1758

3.2.1. Habitat tercihi

Kıyısal sularda kumul, çakıllı ve kayalık habitatlardan örneklenmiştir. Ani derinleşen liman yapılarını tercih ettikleri gözlenmiştir.

3.2.2. Morfolojik özellikleri

Vücut *Syngnathus* cinsinin genel karakteristiği olan ince uzun yapıdadır. Burun baş boyunun yarısı kadar olup, üst kısmı konkav şekilli, yanlardan yassılaştırmış ve önden arkaya genişleyen yapıdadır (pro/HL: %52-56,8). Göz ortalama büyüklükte ve burun delikleri belirgindir, operkulumun arka kısmında geniş bir yarık bulunmaktadır (ed/HL: %11,0-13,9). Detaylı morfometrik değerler Çizelge 11.'de verilmiştir. Baş hafif çıkıntılı, vücut ise oldukça köşeli yapıdadır. Gövde ve kuyruk halkaları belirgindir. Tüm yüzgeçleri gelişmiş ve yuvarlak kenarlıdır. Yumurta kesesini çevreyeleyen deri mat ve kalın yapıdadır. Subdorsal halka sayısı 9, gövde halka sayısı 18-20, kuyruk halka sayısı 38-40 arasında olduğu tespit edilmiştir. Dorsal yüzgeç ışın sayısı 41-44, pektoral yüzgeç ışın sayısı 11-12, kaudal yüzgeç ışın sayısı 10-11 arasında olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 21: *Syngnathus acus* (A: yandan profil, B: üstten profil, C: Dorsal yüzgeç ve yan çizgi, D: yavru kesesi).

3.2.3. Renklenme

Kararlı bir renk ve desen yapısı gözlenmemiştir. Hâkim renk koyu kahverengi tonları arasında değişmektedir. Vücut boyunca kalın düzensiz koyu tonda bantlar bulunmaktadır. Popülasyon içi, popülasyonlar ve eşeyler arası kararlı renk ve desenlenme gözlenmemiştir. Gözün alt kısmının ve burnun alt tarafı ile operkulum arasının kalan bölgenin açık tonda olduğu gözlemlenmiştir. Dorsal ve kaudal yüzgeçte pigmentasyon mevcut olup dorsalde yüzgeçte koyu benekler vardır (Şekil 20 °C). Pektoral yüzgeç şeffaf yapıdadır. Vücudun alt kısmı genellikle desensiz beyaz-krem renktedir.



Şekil 22: Sualtında fotoğraflanan *S. acus* örneği.

Çizelge 11: *S. acus* morfometrik oranları.

(n:10)	Değişim Aralığı (min-max)	Ortalama± Standart Sapma
Total Boy (mm)	124,1-269,8	205,1±50,5
Kafaya ait oranlar		
%		
ed/HL	11-13,9	12,15 ± 0,99
io/HL	6-7,5	6,63 ± 0,49
Pro/HL	52-58,3	54,54 ± 1,95
Po/HL	32,7-37,3	34,67 ± 1,53
Sd1/HL	12,7-17,3	15,46 ± 1,46
Sd2/HL	8,5-11,3	9,68 ± 0,97
Sd3/HL	13,7-17,5	15,10 ± 1,09
Gövdeye ait oranlar		
%		
HL/SL	13,6-16,5	14,95 ± 0,93
CFL/SL	2,6-3,8	3,09 ± 0,41
Bd-Afo/SL	3-4,2	3,47 ± 0,36
Bw-AFO/SL	2,8-3,5	3,12 ± 0,25
DfL/SL	10,4-13,1	12,02 ± 0,75
PrD/SL	40,4-44,1	41,98 ± 1,15
PoD/SL	42-47,9	45,74 ± 1,64
PrA/SL	42-45,5	44,05 ± 1,28
PoA/SL	54,5-61,5	56,88 ± 2,05
PrP/SL	14,8-17,4	15,72 ± 0,99
Bd-PostMDFB/SL	2,2-3,6	2,79 ± 0,40
Bw-PostMDFB/SL	2,1-3,8	2,75 ± 0,48
Bd-PFO/SL	3-3,6	3,45 ± 0,18
Bd-PMOperc/SL	3,4-4,2	3,66 ± 0,24
Bd-LastRingC/SL	0,6-0,9	0,80 ± 0,09
Bw-LastRingC/SL	0,7-1	0,86 ± 0,09

3.3. *Syngnathus schmidti* Popov, 1927

3.3.1. Habitat tercihi

Pelajik ve kıyıdan açıkta dağılım gösteren türün örnekleri, çevirme ağı ile avcılık yerel balıkçılardan temin edilmiştir.

3.3.2. Morfolojik özellikleri

Vücut *Syngnathus* cinsinin genel karakteristiği olan ince uzun yapıdadır. Burun baş boyunun yarısından daha uzun olup yanlardan hafif yassılaştırmış, oldukça düz ve ince yapıdadır (pro/HL: %57,4-62,7). Gözler oldukça büyük olup neredeyse baş yüksekliği kadardır (ed/HL: %13,3-16,7). Detaylı morfometrik değerler Çizelge 12.'de verilmiştir. Burun delikleri belirgindir. Vücut köşeli yapıda olup köşelerde dikenimsi çıkıntılar mevcuttur. Yavru kesesi ince yapılı olup, kese boyunca yumuşak yapılı cepçikler bulunmaktadır (Şekil 22). Post dorsal mesafe predorsal mesafeye oranla oldukça fazladır. Gövde ve kuyruk halkaları belirgindir. Subdorsal halka sayısı 14-15, gövde halka sayısı 16-17, kuyruk halka sayısı 39-42 arasında olduğu tespit edilmiştir. Dorsal yüzgeç ışın sayısı 42-46, pektoral yüzgeç ışın sayısı 15-16, kaudal yüzgeç ışın sayısı 10 olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 23: *S. schmidti* erkek birey genel morfolojisi.

3.3.3. Renklenme

Gövde ve kuyruk boyunca devam eden koyu baklava desenli kararlı bir renk ve desen yapısı gözlenmiştir. Burun ucundan başın üst kısmına doğru devam eden koyu pigmentasyon mevcut olup, operkulum ve burnun alt kısmı pigmentsizdir. Hâkim renk koyu kahverengi tonları arasında değişmektedir. Dorsal ve pektoral yüzgeç pigmentsiz şeffaf olup kaudal yüzgeç vücudun koyu renk tonlarına sahiptir. Vücudun alt kısmı genellikle desensiz açık kahve renkte olup yavru kesesi şeffaftır.



Şekil 24: *S. schmidtii* fikse edilmiş birey renklenmesi ve baş morfolojisi.

Çizelge 12: *S. schmidti* morfolometrik oranlar.

(n:9)	Değişim Aralığı (min-max)	Ortalama± Standart Sapma
Total Boy (mm)	84,32-106,51	96,53±7,93
Kafaya ait oranlar		
%		
ed/HL	13,3-16,2	14,80±0,86
io/HL	3,4-5,6	4,11±0,72
Pro/HL	57,4-63,5	60,64±2,06
Po/HL	23-27,1	24,86±1,50
Sd1/HL	10,4-12,3	11,33±0,62
Sd2/HL	3,9-5,6	4,79±0,60
Sd3/HL	8,7-10,9	9,59±0,74
Gövdeye ait oranlar		
%		
HL/SL	16,4-17,7	16,87±0,44
CFL/SL	4-4,4	4,16±0,16
Bd-Afo/SL	2-2,7	2,21±0,22
Bw-AFO/SL	1,4-2,4	1,67±0,34
DfL/SL	18,5-19,8	18,97±0,43
PrD/SL	3,6-3,8	3,71±0,09
PoD/SL	3,8-4,9	4,28±0,32
PrA/SL	3,9-4,3	4,12±0,13
PoA/SL	5,2-5,9	5,73±0,24
PrP/SL	16,8-17,9	17,32±0,39
Bd-PostMDFB/SL	1,4-2,1	1,59±0,25
Bw-PostMDFB/SL	1,1-2	1,35±0,31
Bd-PFO/SL	2,3-2,6	2,44±0,08
Bd-PMOperc/SL	2,3-2,8	2,51±0,19
Bd-LastRingC/SL	0,4-0,7	0,51±0,13
Bw-LastRingC/SL	0,5-0,9	0,68±0,10

3.4. *Syngnathus tenuirostris* Rathke, 1837

3.4.1. Habitat tercihi

Kısmen vejetasyonlu, taş-kayalık ve nadiren kumul habitatlardan dağılım gösterdiği tespit edilmiştir.

3.4.2. Morfolojik özellikleri

Vücut *Syngnathus* cinsinin genel karakteristiği olan ince uzun yapıdadır. Burun baş boyunun yarısından daha uzun olup silindirik yapıdadır (pro/HL: %60,1-70,8). Gözler küçük olup üstten incelendiğinde oldukça dışa bombelidir (ed/HL: %8-10,8). Burun delikleri belirgindir. Detaylı morfometrik değerler Çizelge 13.'de verilmiştir. Vücut köşeli yapıdadır. Yumurta kesesini oluşturan dermal yapı kalın olup dış kenar boyunca karinalıdır. Gövde ve kuyruk halkaları oldukça belirgindir. Subdorsal halka sayısı 8-9, gövde halka sayısı 17-19, kuyruk halka sayısı 41-44 arasında olduğu tespit edilmiştir. Dorsal yüzgeç ışın sayısı 34-39, pektoral yüzgeç ışın sayısı 12-14, kaudal yüzgeç ışın sayısı 9-10 arasında olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 25: *S. tenuirostris* (A: yandan görünüm, B: burun morfolojisi, C: başın üstten görünümü)

3.4.3. Renklenme

Gövde ve kuyruk boyunca devam eden koyu kahverengi bantlar vardır. Burnun uç kısmı hafif pigmentli krem tonda olup, burun deliklerinin çevresinden başlayarak kuyruk yüzgecinin sonuna kadar devam koyu kahverengi ton hakimdir. Dorsal yüzgeçte açık tonda benekler mevcuttur. Kaudal yüzgeç koyu tonlarda pigmentasyona sahiptir. Pektoral ve anal yüzgeçler ise şeffaftır.



Şekil 26. Sualtında fotoğraflanan *S. tenuirostris* örneği.

Çizelge 13. *S. tenuirostris* morfometrik oranlar.

(n:41)	Değişim Aralığı (min-max)	Ortalama± Standart Sapma
Total Boy (mm)	207,11-332,4	262,2±27,95
Kafaya ait oranlar		
%		
ed/HL	8-12,6	10,54±0,82
io/HL	5-7,6	6,22±0,57
Pro/HL	59,9-86,6	64,33±4,03
Po/HL	23,8-29	26,71±1,25
Sd1/HL	8,6-12	10,47±0,63
Sd2/HL	5,6-7,6	6,44±0,49
Sd3/HL	7,8-10,6	9,28±0,58
Gövdeye ait oranlar		
%		
HL/SL	15,6-18,4	16,60±0,66
CFL/SL	2,9-3,7	3,30±0,22
Bd-Afo/SL	1,9-3,5	2,44±0,26
Bw-AFO/SL	1,7-3,2	2,16±0,29
DfL/SL	8,5-10,8	9,95±0,52
PrD/SL	4-4,4	4,18±0,10
PoD/SL	3,4-4,9	4,67±0,58
PrA/SL	4,2-4,5	4,30±0,09
PoA/SL	5-5,9	5,66±0,15
PrP/SL	16,4-19,2	17,60±0,67
Bd-PostMDFB/SL	1,5-2,8	1,83±0,25
Bw-PostMDFB/SL	1,5-3,2	1,96±0,43
Bd-PFO/SL	2,3-3,3	2,62±0,16
Bd-PMOperc/SL	2,3-3,1	2,77±0,15
Bd-LastRingC/SL	0,4-0,8	0,57±0,07
Bw-LastRingC/SL	0,5-0,8	0,64±0,06

3.5. *Syngnathus typhle* Linnaeus, 1758

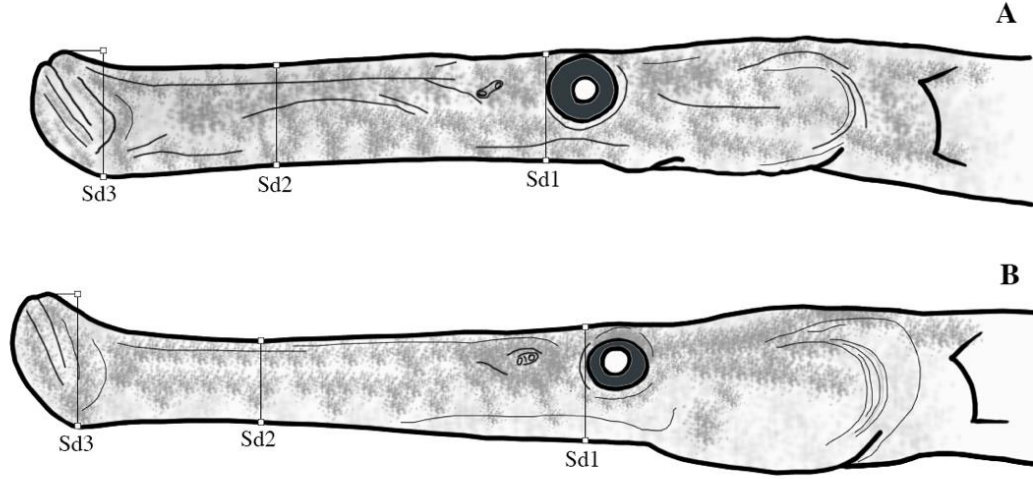
S. typhle' nin Karadeniz popülasyonlarının *S. argentatus* olarak geçerli tür sayılması nedeniyle bu türün Ege, Marmara ve Karadeniz popülasyonlarına ait bireyler detaylı olarak incelenmiştir.

3.5.1. Habitat tercihi

Tür Karadeniz ve Marmara denizinde kıyasal korunaklı liman içlerinde çoğunlukla *Zostera spp.*, nadiren ise *Cystoseria barbata* yataklarında, Ege denizinde ise sadece *Posidonia oceanica* yataklarında dağılım gösterdiği nadiren diğer vegetasyon tiplerinde ya da kayalık habitatlarda tespit edilmiştir.

3.5.2. Morfolojik özellikleri

Vücut *Syngnathus* cinsinin genel karakteristiği olan ince uzun yapıdadır. Burun yanlardan ileri seviyede yassıdır, uzunluğu baş boyunun yarısından fazladır. Ancak Karadeniz-Marmara ile Ege-Akdeniz popülasyonları arasında burun yapısı itibariyle buldukları popülasyonlarda da kararlılık gösteren fenotipik farklılık tespit edilmiştir. Karadeniz ve Marmara popülasyonlarında üstten konkav yapıda iken, Ege denizi popülasyonlarında düz ya da hafif konveks yapıda olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 14; Şekil 27; Şekil 30). Burun delikleri belirgin ve gözler diğer deniz iğnlerine göre daha küçüktür (ed/HL: %7-10,3). Detaylı morfometrik değerler Çizelge 13.'te verilmiştir. Yumurtaların yavru kesesinde 3 sıralı olarak konumlandığı tespit edilmiştir. Gövde ve kuyruk halkaları belirgin olup yüzgeçleri gelişmiştir. Subdorsal halka sayısı 8-9, gövde halka sayısı Karadeniz popülasyonu 16-18; Ege popülasyonu 18-20, kuyruk halka sayısı Karadeniz popülasyonu 34-37; Ege popülasyonu 31-33 arasında olduğu tespit edilmiştir. Dorsal yüzgeç ışın sayısı 28-38, pektoral yüzgeç ışın sayısı 13-17, kaudal yüzgeç ışın sayısı 9-11 arasında olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 27: Ege (A) ve Karadeniz (B) popülasyonuna ait bireylerin baş yapısı.

3.5.3. Renklenme

Popülasyon içi, popülasyonlar ve eşeyler arası kararlı renk ve desenlenme gözlenmemiştir. Vücut boyunca dağılım gösterdiği habitata bağlı olarak yeşil-kahverengi tonları hakimdir. Ege popülasyonuna ait bazı bireylerde burnun ucundan başlayarak vücudun üst tarafından sonuna kadar devam eden koyu renk pigmentasyon ve burunda beyaz benekler mevcutken, özellikle yeşil tonlarındaki bireylerde herhangi bir dikkat çekici pigmentasyona rastlanmamıştır. Dorsal ve pektoral yüzgeç şeffaf, kuyruk yüzgeci ise pigmentlidir.



Şekil 28: *S. typhle* (Ege denizi popülasyonuna ait örnek).



Şekil 29: *S. typhle* (Karadeniz popülasyonuna ait örneğin sualtı fotoğrafı).



Şekil 30: *S. typhle* A: Ege; B: Marmara; C: Karadeniz popülasyonlarına ait dişi ve erkek bireyler.

Çizelge 14: *S. typhle* Ege, Marmara ve Karadeniz popülasyonlarının morfolojik oranları.

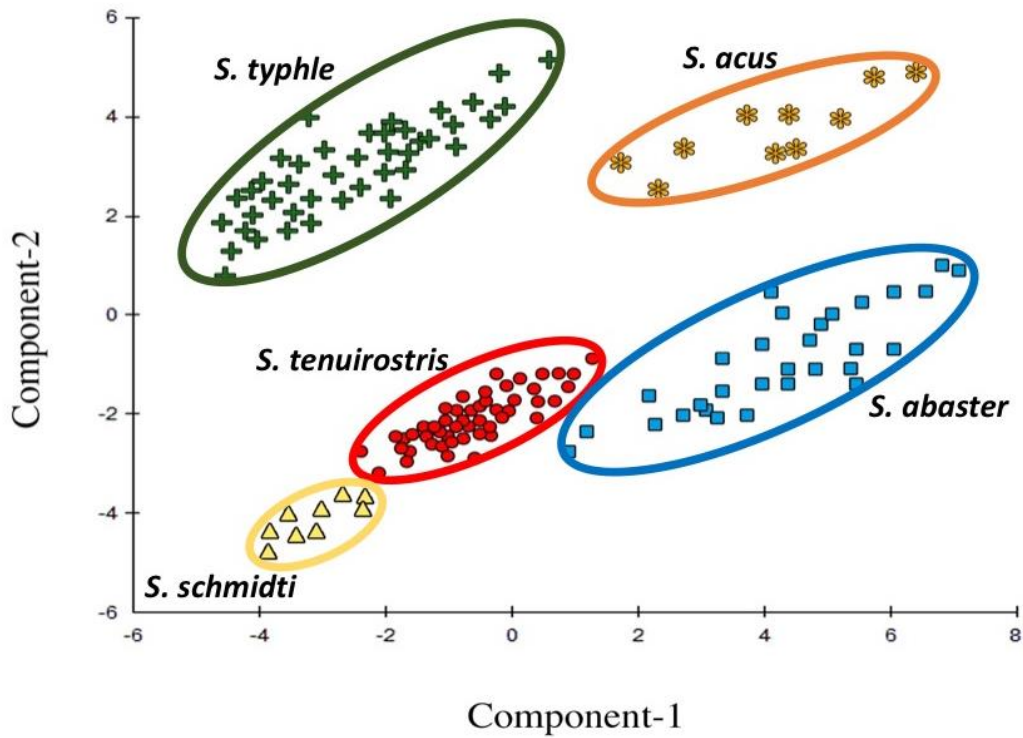
	Ege n:20			Marmara n:10			Karadeniz n:25		
	min-max			min-max			min-max		
Total Boy (mm)	111,71-220,87 ort. 152,9±25,02			85,71-191,3 ort. 108,3±41,55			126,53-252,83 ort. 193,5±43,45		
Kafaya ait oranlar %	min-maks	ort.	std.	min-maks	ort.	std.	min-maks	ort.	std.
ed/HL	7,0-9,4	8,02±0,74		7,9-10,3	8,88±0,88		7,1-10,8	8,52±1,13	
io/HL	3,2-7,6	6,12±1,04		4,9-7,2	6,58±0,85		5,1-5,7	5,58±0,51	
Pro/HL	45,8-72,6	65,19±6,01		61,3-82,9	68,96±7,42		64,9-70,5	67,49±1,67	
Po/HL	21,2-37,9	31,79±3,78		29,6-41	33,54±3,94		26,4-32,9	30,49±1,89	
Sd1/HL	8,3-15,5	12,10±2,00		9,7-11,4	10,61±0,65		7,5-11,8	10,51±1,24	
Sd2/HL	7,4-14,2	10,77±1,80		7,2-9,4	8,19±0,74		6,9-9,9	8,32±0,95	
Sd3/HL	7,9-16,8	12,12±2,03		9,3-11,9	10,16±0,96		8,0-12,1	10,59±1,23	
Gövdeye ait oranlar %									
HL/SL	15,9-25,6	18,32±2,12		16,9-20,7	19,46±1,34		18,3-20,1	19,30±0,56	
CFL/SL	3,3-5,3	4,10±0,59		3,8-4,5	4,35±0,28		3,2-4,6	3,84±0,40	
Bd-Afo/SL	1,9-3,3	2,53±0,30		1,3-2,5	2,17±0,46		2,0-2,9	2,43±0,32	
Bw-AFO/SL	1,8-2,9	2,31±0,30		1,6-3,3	2,12±0,65		1,8-2,6	2,23±0,25	
DfL/SL	10,1-13,8	10,98±0,88		11,1-12,2	11,65±0,44		10,1-12,8	11,31±0,70	
PrD/SL	47,8-53,8	50,62±1,88		49,2-54,2	51,26±1,84		46,0-51,1	49,50±1,48	
PoD/SL	34,7-39,7	37,18±1,41		37,4-44,0	39,16±2,49		36,2-42,6	38,63±2,09	
PrA/SL	41,2-54,3	49,54±3,31		48,1-53,3	50,49±1,70		46,9-53	50,32±1,74	
PoA/SL	45,7-52,6	48,10±1,97		46,6-50,2	48,14±1,27		46,5-52,3	48,75±1,96	
PrP/SL	19,1-22,1	20,20±0,83		21,5-23,1	22,23±0,56		20,2-22,2	21,09±0,67	
Bd-PostMDFB/SL	1,6-3,4	2,09±0,45		1,5-2,2	1,81±0,23		1,4-2,9	1,95±0,44	
Bw-PostMDFB/SL	1,3-2,7	1,74±0,36		1,1-1,9	1,45±0,28		1,5-2,9	1,89±0,44	
Bd-PFO/SL	2,2-3,2	2,64±0,25		2,2-2,9	2,60±0,23		2,2-3,4	2,76±0,33	
Bd-PMOperc/SL	2,4-3,5	2,73±0,31		2,6-3,4	2,93±0,28		2,6-3,4	2,98±0,30	
Bd-LastRingC/SL	0,4-0,7	0,57±0,09		0,4-0,6	0,55±0,05		0,3-0,6	0,44±0,08	
Bw-LastRingC/SL	0,6-0,8	0,67±0,07		0,5-0,7	0,64±0,05		0,4-0,7	0,55±0,07	

Çizelge 15: Örneklenen *Syngnathus* cinsine ait türlerin meristik karakterlerinin frekans dağılımları.

		Dorsal Yüzgeç Işın Sayısı (D)																		
	n	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46
<i>S. abaster</i>	30					1	1	2	2	6	9	8	1							
<i>S. acus</i>	10														1	4	3	2		
<i>S. typhle (Ege)</i>	20	1			2	7	8		2											
<i>S. typhle (Marmara)</i>	10								6	4										
<i>S. typhle (Karadeniz)</i>	25									13	8	4								
<i>S. tenuirostris</i>	41							1	5	6	11	9	9							
<i>S. schmidtii</i>	9															2	2		3	3
		Pektoral Yüzgeç Işın Sayısı (P)																		
	n	9	10	11	12	13	14	15	16	17										
<i>S. abaster</i>	30			4	8	14	4													
<i>S. acus</i>	10			4	6															
<i>S. typhle (Ege)</i>	20					2		5	9	4										
<i>S. typhle (Marmara)</i>	10							10												
<i>S. typhle (Karadeniz)</i>	25							14	8	3										
<i>S. tenuirostris</i>	41				19	16	6													
<i>S. schmidtii</i>	9							3	6											
		Kaudal Yüzgeç Işın Sayısı (C)																		
	n	9	10	11	12															
<i>S. abaster</i>	30	1	19	2																
<i>S. acus</i>	10		7	1																
<i>S. typhle (Ege)</i>	20	5	13	2																
<i>S. typhle (Marmara)</i>	10	2	3																	
<i>S. typhle (Karadeniz)</i>	25	6	9																	
<i>S. tenuirostris</i>	41	9	32																	
<i>S. schmidtii</i>	9		6																	
		Preanal Halka (BR)																		
	n	16	17	18	19	20														
<i>S. abaster</i>	30	12	16	2																
<i>S. acus</i>	10			3	3	4														
<i>S. typhle (Ege)</i>	20			9	8	3														
<i>S. typhle (Marmara)</i>	10		6	4																
<i>S. typhle (Karadeniz)</i>	25	4	9	12																
<i>S. tenuirostris</i>	41		20	18	3															
<i>S. schmidtii</i>	9	6	3																	
		Postanal Halka (TR)																		
	n	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44					
<i>S. abaster</i>	30					2	4	8	9	5	2									
<i>S. acus</i>	10								8	1	1									
<i>S. typhle (Ege)</i>	20	11	6	4																
<i>S. typhle (Marmara)</i>	10				4	6														
<i>S. typhle (Karadeniz)</i>	25				9	11	3	2												
<i>S. tenuirostris</i>	41										13	13	8	7						
<i>S. schmidtii</i>	9									4		3	3							
		Subdorsal Halka (SDR)																		
	n	7	8	9	10	11	12	13	14	15										
<i>S. abaster</i>	30	8	19	3																
<i>S. acus</i>	10			10																
<i>S. typhle (Ege)</i>	20		11	9																
<i>S. typhle (Marmara)</i>	10		4	6																
<i>S. typhle (Karadeniz)</i>	25		16	9																
<i>S. tenuirostris</i>	41		25	16																
<i>S. schmidtii</i>	9							3	6											

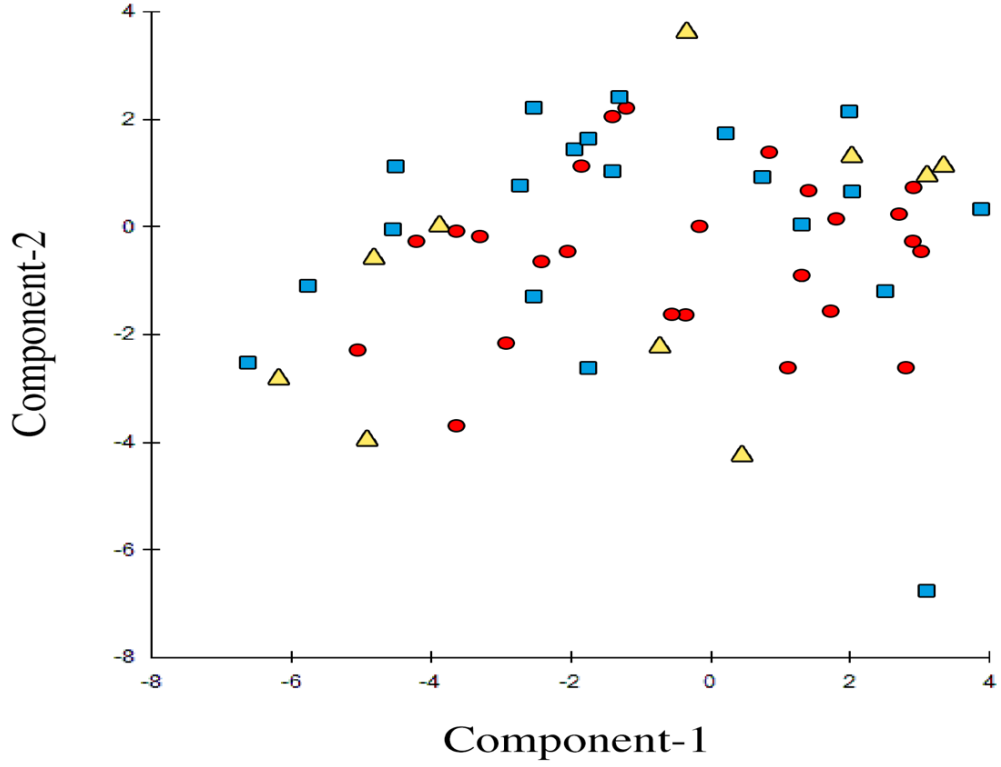
3.6. Temel Bileşenler (PCA) Analizi Sonuçları

Çalışma kapsamında elde edilen türlere ait morfometrik ve meristik verilerle oluşturulan veri setiyle PRIMER 5 paket programında Temel Bileşenler (Principal Component-PCA) Analizi gerçekleştirilmiştir. Bu analiz sonucunda PC1 ve PC2 plot grafik üzerinde gösterilerek türler arasındaki farklılıklar belirlenmiştir (Şekil 31). Elde edilen sonuca göre *Syngnathus* cinsine ait türler ayrı ayrı gruplanmıştır.



Şekil 31: PCA analiz sonucu. (■: *S. abaster*, *: *S. acus*, ▲: *S. schmidtii*, ●: *S. tenuirostris*, +: *S. typhle*).

S. typhle türünün Karadeniz, Marmara ve Ege Denizi popülasyonlarına ait morfolometrik ve meristik verilerden oluşturulan veri setiyle gerçekleştirilen Temel Bileşenler (PCA) Analizinde ise popülasyonlar arasında bir farklılık olmadığı tespit edilmiştir (Şekil 32).



Şekil 32: *S. typhle* Karadeniz (●), Marmara (▲) ve Ege Denizi (■) popülasyonlarına ait bireylerin PCA analiz sonuçları.

3.7. Moleküler Bulgular

Gerçekleştirilen örnekleme çalışmalarında kıyılarımızda dağılım gösteren *Syngnathus* genusuna ait 5 türden 64 COI barkod dizisi elde edilmiştir [*S. abaster* (10), *S. acus* (2), *S. tenuirostris* (10), *S. typhle* (37) ve *S. schmidti* (5)]; veri tabanlarından kullanılan örnekler dahil toplamda 15 farklı Syngnathid türünden 137 barkod dizisi analiz edilmiştir.

Yapılan analiz sonucunda nükleotid kompozisyonunda T bazının oranı %27,9 ile %34,3 oranında değişirken ortalama oranı %30,9, A bazının oranı %21,7 ile %27,2 arasında olup ortalama %23,3 olduğu tespit edilmiştir. C bazının oranı %23,4 ile %29,6 oranında değişirken ortalama %27,5 ve G bazının oranları %15,2 ile %20,8 arasında değiştiği ve ortalama %18,3 olarak belirlenmiştir. A-T bazlarının ortalama oranı %54,2 olduğu, G-C bazlarının ortalama oranının ise %45,8 olduğu tespit edilmiştir. DNA dizilerinin nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları Çizelge 14'te gösterilmiştir.

Analize dahil edilen toplam 137 örnekte, 652 bç uzunluktaki bölgenin analizi sonucunda 415 korunmuş, 237 değişken bölge ve 209 adet parsimoni informatif bölge olduğu saptanmıştır. Bununla birlikte kıyılarımızdan örneklenen *Syngnathus* cinsine ait 5 tür için toplam 24 haplotip tespit edilirken haplotip (h) ve nükleotid (π) çeşitliliği ise sırasıyla $0,873 \pm 0,032$ ve $0,055 \pm 0,007$ olarak tespit edilmiştir. Veri setinde türlere göre tespit edilen haplotipler ve lokalitelere göre dağılımları ise Çizelge 15'de verilmiştir.

Çizelge 16: Nükleotid çifti frekansı analizi sonuçları

Korunmuş Bölgeler	415/652
Değişken Bölgeler	237/652
Parsimoni Anlamlı Bölgeler	209/652
Tekrar Bölgeleri	28/652
R (si/sv)	6,72

Çizelge 17: *Syngnathus* türlerine ait haplotiplerin lokalitelere göre dağılımları.

Haplotip	<i>S. abaster</i>			<i>S. acus</i>		<i>S. schmidti</i>			<i>S. tenuirostris</i>		<i>S. typhle</i>						
	Ordu	Kıyıköy	Çaltdere	Kerpe	Ordu	Çayeli	Çamburnu	Hopa	Erdek	Urla	Rize	Sinop	İğneada	M.Ereğli	Erdek	Saros	Çaltdere
Hap-1										5	3	2	1	2	1	1	5
Hap-2											2						1
Hap-3																1	1
Hap-4															2	3	
Hap-5															1	2	
Hap-6												1					
Hap-7												1					
Hap-8													1				
Hap-9										1							
Hap-10	1															1	
Hap-11	3															3	
Hap-12		1															1
Hap-13		1															1
Hap-14			1														
Hap-15			2														
Hap-16			1														
Hap-17								3	7								
Hap-18						1											
Hap-19					1												
Hap-20							1										
Hap-21						1											
Hap-22					1												
Hap-23				1													
Hap-24					1												

Syngnathus cinsine ait barkod verileri ile yapılan analizler sonucunda tür içi genetik uzaklığın %0-1,2 arasında değiştiği ve ortalama $0,3 \pm 0,003$ olduğu tespit edilmiştir. Aynı genusa ait türler arasındaki genetik uzaklığın %2,3-29,98 arasında değiştiği ve ortalama $18,3 \pm 0,05$ olduğu saptanmıştır (Çizelge 16). Buna bağlı olarak, %2,3 genetik mesafe ile birbirlerine en yakın türlerin *S. typhle* ve *S. abaster* olduğu gözlemlenirken, %29,98 genetik mesafe ile *Syngnathus californiensis* Storer, 1845 ve *Syngnathus louisianae* Günther, 1870 birbirlerine en uzak olan syngnathid türleri olarak gözlemlenmiştir. Tür içi ve türler arasındaki genetik mesafenin örtüşmemesi diğer bir deyişle maksimum tür içi genetik mesafe ile türlerarası en yakın genetik mesafe arasında boşluk olması barkod bölgesi ile yapılan analizlerde oldukça önemli

olup (barkod boşluğu/ barcoding gap), yapılan analizlerde türler arası mesafenin tür-
içi mesafenin 61 katı olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 18: Tür içi genetik uzaklık değerleri.

Türler	Tür içi mesafeler
<i>S. typhle</i>	0,007
<i>S. abaster</i>	0,004
<i>S. abaster</i> (Hazar)	0,000
<i>S. tenuirostris</i>	0,000
<i>S. schmidtii</i>	0,007
<i>S. acus</i>	0,000
Bilinmeyen takson 1	0,008
<i>S. rostellatus</i>	0,002
Bilinmeyen takson 2	0,000
<i>S. pelagicus</i>	0,006
<i>S. floridae</i>	0,012
<i>S. schlegeli</i>	0,003
<i>S. californiensis</i>	0,002
<i>S. fuscus</i>	0,000
<i>S. scovelli</i>	0,004

Türler arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren ağaç topolojilerinin oluşturulması içinse, maksimum likelihood (ML), minimum evolution (ME) ve DNA barkodlama tekniğininde standart olarak kullanılan neighbour-joining (NJ) yöntemleri kullanılmıştır (Şekil 32, 33, 34). Yapılan model analizinde ise yine DNA barkodlama tekniğininde standart model olan Kimura's two-parameter mesafe matrisi en uygun model olarak belirlenmiştir. Elde edilen ağaç topolojilerinin tümünde taksonomik grupların başarılı bir şekilde kümelendiği ve ağaç topolojilerinin ise birbirleri ile uyumlu olduğu gözlemlenmiştir. Bununla beraber veri tabanlarından alınan bazı bireylerin yanlış etiketlenme ya da tanımlanmaları sonucunda olması gereken taksonların dışında kümelendiği tespit edilmiştir (Şekil 32, 33, 34).

Eschmeyer ve diğ. (2017), Kuitert (2009)'u referans olarak Kuitert *S. typhle* Karadeniz popülasyonunu bölgeye endemik *S. argentatus* olarak tekrar geçerli tür saymıştır. Fakat Froese ve Pauly (2017) *S. typhle*'nin sinonimi olarak kabul etmektedir. Hakkında farklı düşünceler bulunması ve durumun açıklığa kavuşturulması amacıyla *S. typhle* türünün Ege Denizi, Marmara Denizi ve Karadeniz popülasyonlarına ait bireyler moleküler olarak incelenmiştir. Bu duruma istinaden, mitokondriyal COI (652 bp) bölgesinin yanı sıra *S. typhle* ve en yakın ilişkili olduğu *S. abaster* türüne ait

bireylerin mitokondriyal cyt-b (470 bç) bölgesine ait dizilerde analiz edilmiştir. Mitokondriyal DNA COI bölgesine dayalı analizlerde *S. typhle* türünün Ege Denizi, Marmara Denizi ve Karadeniz popülasyonlarına ait bireyler arasındaki genetik mesafenin %0-0,4 arasında değiştiği ve ortalama $0,2 \pm 0,001$ ile tür içi varyasyon sınırları içinde kaldığı saptanmıştır.

S. typhle popülasyonlarına ait bireylerden cyt-b bölgesine ait toplam 31 cyt-b dizi verisi de elde edilmiştir. Veri bankalarından erişime açık olan *Syngnathus* cinsine ait cyt-b verileride referans alınarak gerçekleştirilen analizlerde ise nükleotid kompozisyonunun %24,1 Adenin (A), %30 Timin (T), % 27 Sitozin (C) ve %19 Guanin (G) şeklinde dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. Cyt-b dizilerine dayalı türler arası genetik uzaklığın $1-29,2 \pm 0,007$ olduğu saptanmıştır (Çizelge 18).

Türler arası minimum uzaklığın %1 ile *Syngnathus exilis* (Osburn & Nichols, 1916) ve *Syngnathus leptorhynchus* Girard, 1854 türleri arasında, türler arası maksimum uzaklığın ise %29,2 ile *S. exilis* ve *Syngnathus temminckii* Kaup, 1856 arasında olduğu tespit edilmiştir. *S. typhle* popülasyonları (Ege, Marmara, Karadeniz) arasındaki genetik uzaklığın %0-0,05 arasında değiştiği ve ortalama $0,2 \pm 0,007$ olduğu saptanmıştır. % 1,3 genetik uzaklık değeri ile *S. abaster*'in yine *S. typhle*'ye en yakın tür olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 19).

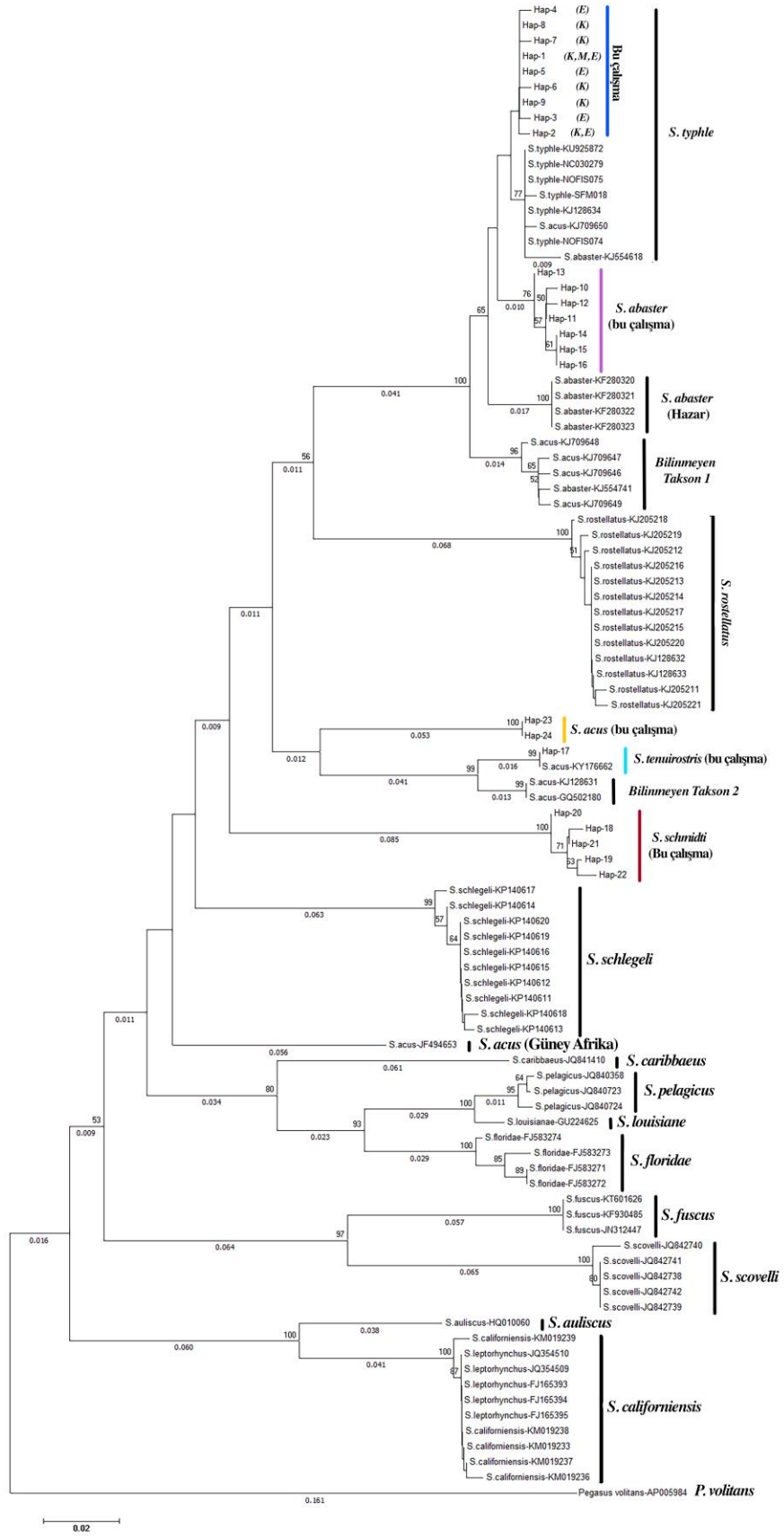
COI ve cyt-b temelli oluşturulan filogenetik ağaçlarda Karadeniz popülasyonuna ait *S. typhle* bireylerinin Ege ve Marmara Denizi popülasyonlarına ait bireylerle aynı dalda kümelendiği gözlenmiştir (Şekil 33; 34; 34; 35). Benzer olarak COI haplotipleri arasındaki ilişkileri gösteren haplotip ağda da bahsi geçen *S. typhle* popülasyonlarının özgün haplotiplerle temsil edilmediği diğer bir deyişle haplotiplerin coğrafik olarak gruplanma eğiliminde olmadıkları gözlemlenmiştir.

Çizelge 19: mtDNA COI bölgesi veri setine göre oluşturulan türler arası K2P genetik uzaklık matrisi

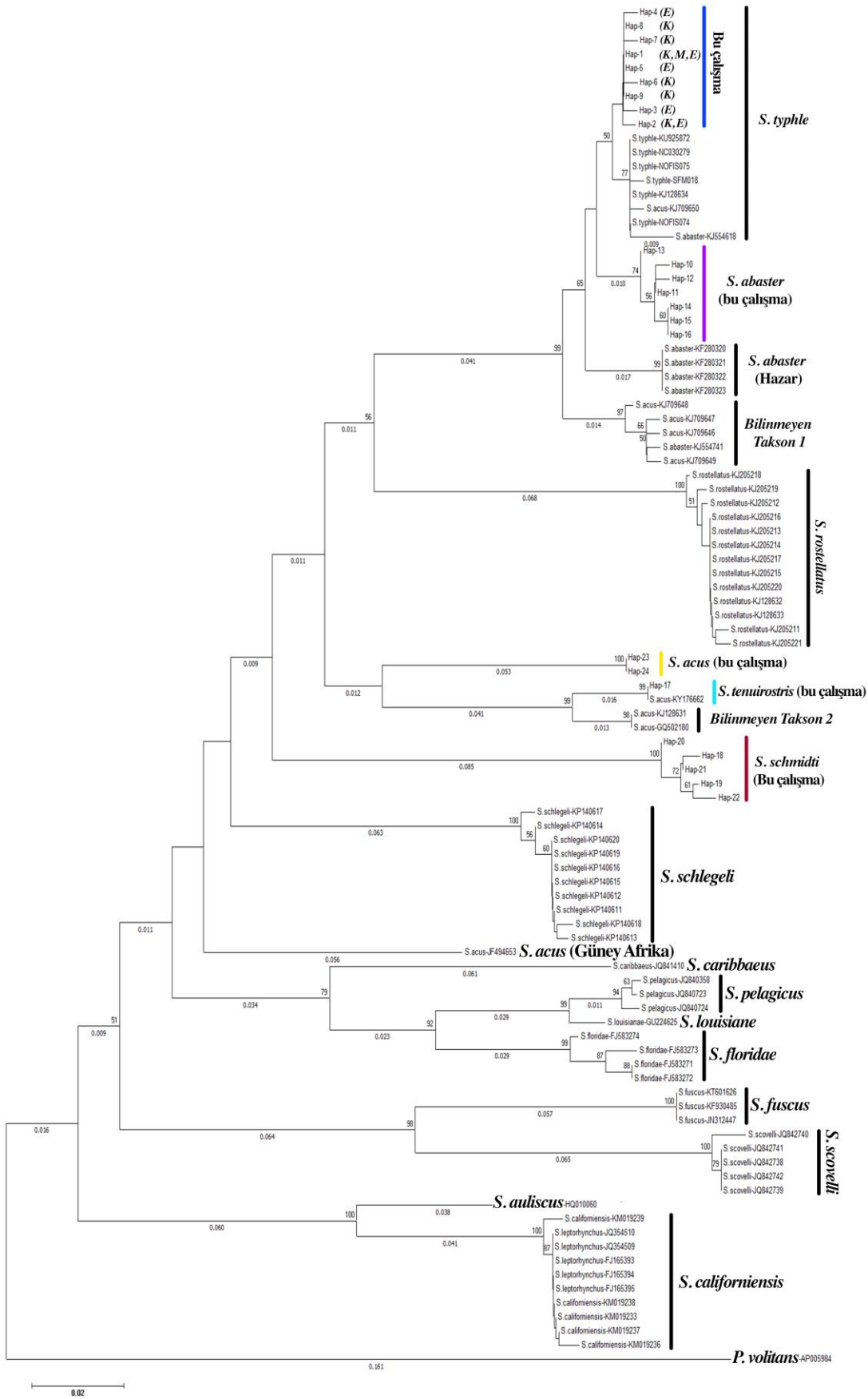
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1 <i>S. typhle</i>																		
2 <i>S. abaster</i>	0,0230																	
3 <i>S. abaster</i> (Hazar)	0,0278	0,0259																
4 <i>S. tenuirostris</i>	0,1437	0,1406	0,1329															
5 <i>S. schmidti</i>	0,1742	0,1762	0,1679	0,1827														
6 <i>S. acus</i>	0,1353	0,1443	0,1242	0,1021	0,1623													
7 Bilinmeyen takson1	0,0357	0,0460	0,0423	0,1393	0,1714	0,1401												
8 <i>S. rostellatus</i>	0,1270	0,1430	0,1430	0,1479	0,1838	0,1430	0,1348											
9 Bilinmeyen takson2	0,1341	0,1400	0,1436	0,0291	0,1804	0,1163	0,1343	0,1438										
10 <i>S. acus</i> (G.Afrika)	0,1476	0,1632	0,1427	0,1762	0,1558	0,1510	0,1571	0,1698	0,1883									
11 <i>S. pelagicus</i>	0,2093	0,2093	0,2167	0,1777	0,2360	0,1994	0,2102	0,2067	0,1627	0,1885								
12 <i>S. louisianae</i>	0,1936	0,1991	0,2151	0,1708	0,2369	0,1998	0,1886	0,1955	0,1510	0,1797	0,0234							
13 <i>S. floridae</i>	0,1838	0,1842	0,1898	0,1573	0,2397	0,1964	0,1912	0,2514	0,1556	0,1777	0,0806	0,0777						
14 <i>S. caribbaeus</i>	0,2147	0,1983	0,2091	0,1502	0,1917	0,1665	0,2094	0,1964	0,1665	0,1487	0,1156	0,1257	0,1301					
15 <i>S. schlegeli</i>	0,1648	0,1663	0,1512	0,1515	0,1752	0,1449	0,1504	0,1944	0,1524	0,1406	0,1759	0,1851	0,1790	0,1455				
16 <i>S. auliscus</i>	0,2176	0,2303	0,2111	0,1937	0,2081	0,2325	0,2164	0,2327	0,1999	0,1719	0,2668	0,2691	0,2205	0,2142	0,2292			
17 <i>S. californiensis</i>	0,2293	0,2439	0,2123	0,2087	0,1744	0,2326	0,2353	0,2168	0,2151	0,1992	0,2967	0,2998	0,2610	0,2523	0,2389	0,0838		
18 <i>S. fuscus</i>	0,2443	0,2187	0,2432	0,2584	0,2065	0,2145	0,2315	0,2425	0,2466	0,1963	0,2367	0,2449	0,2126	0,1839	0,1796	0,2142	0,2580	
19 <i>S. scovelli</i>	0,2587	0,2471	0,2377	0,2513	0,2124	0,2254	0,2389	0,2542	0,2204	0,1817	0,2452	0,2380	0,2605	0,1973	0,1881	0,2297	0,2565	0,1250

Çizelge 20: *S. typhle* popülasyonları için mtDNA cyt-b bölgesi veri setine göre oluşturulan türler arası K2P genetik uzaklık matrisi

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
1 <i>S. typhle</i> (Sinop)																							
2 <i>S. typhle</i> (Rize)	0,002																						
3 <i>S. typhle</i> (İgneada)	0,000	0,002																					
4 <i>S. typhle</i> (Saros)	0,000	0,002	0,000																				
5 <i>S. typhle</i> (M.Ereğlisi)	0,002	0,004	0,002	0,002																			
6 <i>S. typhle</i> (Erdek)	0,002	0,004	0,002	0,002	0,002																		
7 <i>S. typhle</i> (Çaltıldere)	0,002	0,004	0,002	0,002	0,004	0,004																	
8 <i>S. typhle</i> (Bodrum)	0,000	0,002	0,000	0,000	0,002	0,002	0,002																
9 <i>S. typhle</i> (Genbank)	0,009	0,011	0,009	0,009	0,012	0,012	0,010	0,009															
10 <i>S. abaster</i> (ordu+çaltıldere)	0,011	0,013	0,011	0,011	0,014	0,014	0,013	0,011	0,021														
11 <i>S. acus</i>	0,147	0,148	0,147	0,147	0,149	0,149	0,149	0,147	0,154	0,139													
12 <i>S. pelagicus</i>	0,186	0,186	0,186	0,186	0,190	0,190	0,188	0,186	0,190	0,191	0,205												
13 <i>S. schlegeli</i>	0,147	0,149	0,147	0,147	0,151	0,151	0,149	0,147	0,157	0,147	0,146	0,184											
14 <i>S. taenionotus</i>	0,013	0,015	0,013	0,013	0,016	0,016	0,015	0,013	0,021	0,014	0,145	0,184	0,153										
15 <i>S. floridae</i>	0,188	0,189	0,188	0,188	0,192	0,192	0,190	0,188	0,196	0,193	0,215	0,087	0,202	0,195									
16 <i>S. rostellatus</i>	0,160	0,162	0,160	0,160	0,164	0,164	0,160	0,160	0,162	0,156	0,181	0,238	0,164	0,166	0,228								
17 <i>S. temminckii</i>	0,186	0,188	0,186	0,186	0,190	0,190	0,189	0,186	0,192	0,200	0,140	0,223	0,204	0,191	0,239	0,218							
18 <i>S. watermeyeri</i>	0,197	0,199	0,197	0,197	0,201	0,201	0,199	0,197	0,203	0,211	0,133	0,195	0,173	0,198	0,217	0,223	0,071						
19 <i>S. leptorhynchus</i>	0,223	0,223	0,223	0,223	0,227	0,227	0,223	0,223	0,227	0,232	0,256	0,193	0,224	0,231	0,221	0,238	0,278	0,250					
20 <i>S. scovelli</i>	0,203	0,203	0,203	0,203	0,207	0,207	0,203	0,203	0,213	0,199	0,191	0,221	0,198	0,200	0,227	0,240	0,231	0,215	0,222				
21 <i>S. tenuirostris</i>	0,193	0,193	0,193	0,193	0,193	0,193	0,196	0,193	0,199	0,192	0,110	0,183	0,152	0,182	0,202	0,229	0,155	0,157	0,249	0,197			
22 <i>S. louisiane</i>	0,182	0,184	0,182	0,182	0,186	0,186	0,185	0,182	0,191	0,187	0,219	0,043	0,195	0,180	0,066	0,221	0,249	0,217	0,202	0,252	0,192		
23 <i>S. fuscus</i>	0,200	0,204	0,200	0,200	0,204	0,204	0,202	0,200	0,213	0,214	0,197	0,210	0,242	0,207	0,207	0,269	0,228	0,227	0,241	0,146	0,195	0,208	
24 <i>S. exilis</i>	0,231	0,230	0,231	0,231	0,235	0,235	0,231	0,231	0,235	0,240	0,264	0,206	0,236	0,239	0,228	0,247	0,292	0,263	0,010	0,239	0,252	0,206	0,249

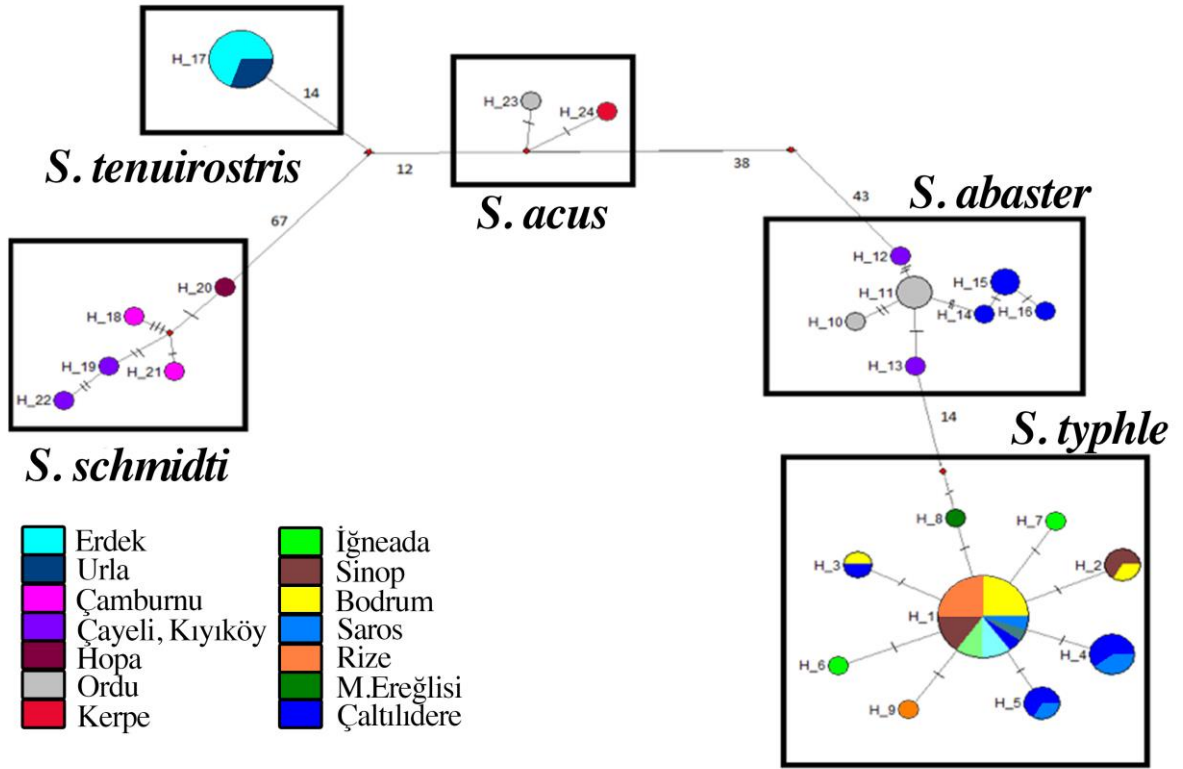


Şekil 34: *Syngnathus* cinsine ait türlerin mtDNA COI dizlerine ait ME metoduna dayalı filogenetik ağacı

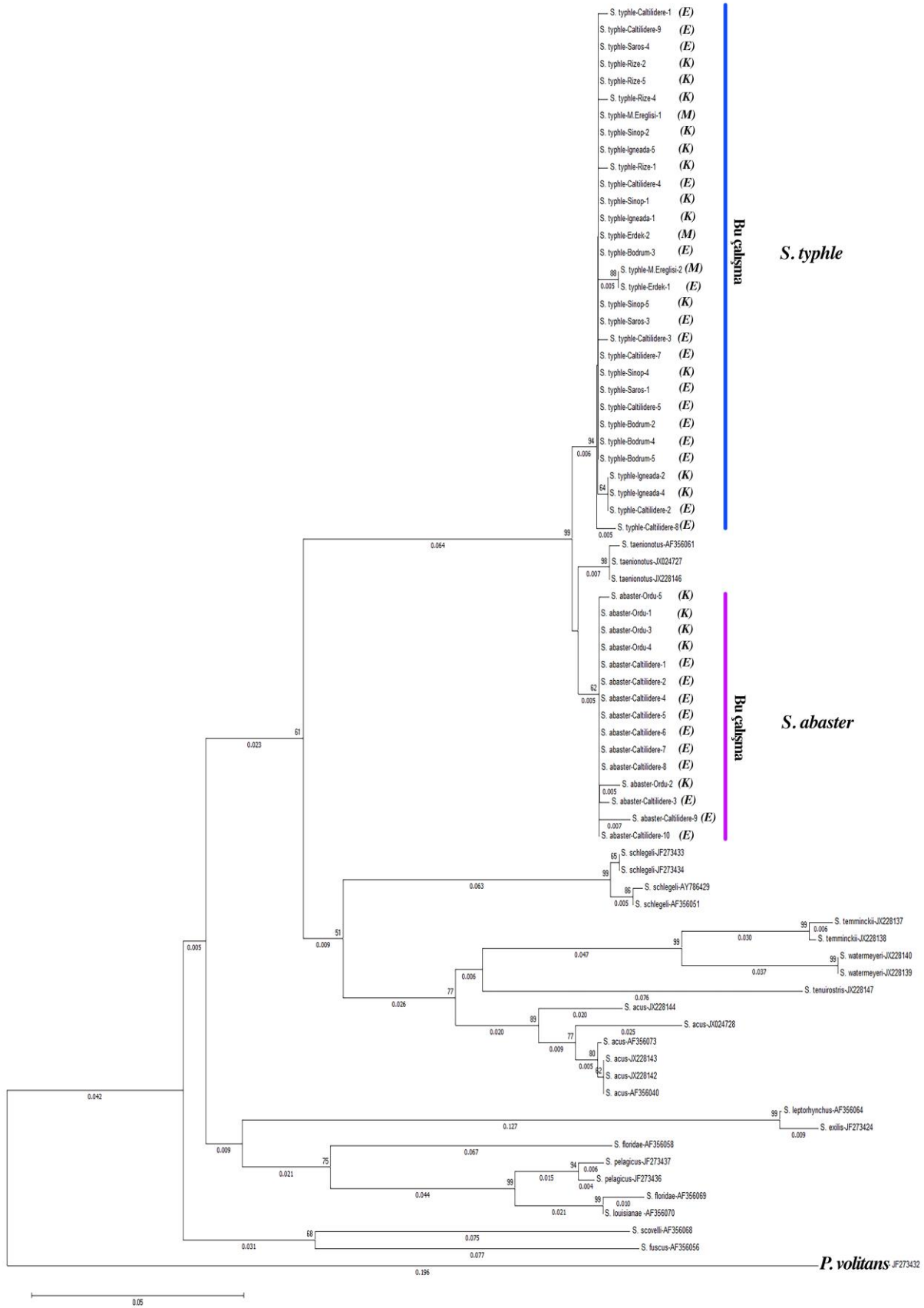


Şekil 35: *Syngnathus* cinsine ait türlerin mtDNA COI dizlerine ait NJ metoduna dayalı filogenetik ağacı

Network programı ile çizdirilen COI bölgesine ait haplotip ağında ise ülkemiz kıyılarında dağılım gösteren ve birbirinden en az 12 mutasyonal adım ile ayrılan 5 *Syngnathus* türü tespit edilmiştir (Şekil 36).



Şekil 36: Ülkemiz kıyılarında dağılım gösteren *Syngnathus* türleri arasındaki ilişkiyi gösteren COI haplotip ağı. Renkler türlerin örnekleme lokalitelerini temsil etmektedir.



Şekil 37: *Syngnathus* cinsine ait türlerin mtDNA cyt-b dizileri ile oluşturulan NJ metoduna dayalı filogenetik ağaç

4. TARTIŞMA

Bu çalışmada ülkemiz kıyusal deniz ekosistemlerinde bulunan deniz iğnelerinden *Syngnathus* (Syngnathidae) cinsine ait türlerin detaylı morfolojik özellikleri ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Ayrıca taksonomik açıdan statüleri tartışmalı olan bazı türlerin durumları morfolojik ve moleküler teknikler bir arada kullanılarak değerlendirilmesi hedeflenmiştir.

Akdeniz havzası kıyusal bölgesindeki aşırı avcılık, turizm ve kentleşme sonucu meydana gelen habitat tahribatları, akvaryum sektöründeki talep ve tıbbi amaçlı uzak doğu ülkelerindeki ticareti gibi nedenler bu canlıların neslini tehdit altına sokmaktadır. Akdeniz’de Syngnathidae familyasına yönelik bilimsel çalışmalar oldukça sınırlı olup mevcut veriler ışığında IUCN’e göre farklı seviyelerde tehdit durumları değerlendirilmiştir. Buna göre Akdeniz’de dağılım gösteren 13 Syngnathid türünden *H. hippocampus* ve *H. guttulatus* tehdiye açık (NT), *N. ophidion*, *S. abaster*, *S. acus* ve *S. typhle* düşük risk (LC), *M. sentus*, *N. ophidion*, *S. phlegon*, *S. rostellatus*, *S. schmidti*, *S. taenionotus* ve *S. tenuirostris* ise yetersiz veri (DD) statülerinde değerlendirilmektedir (IUCN, 2016).

Türkiye kıyılarında yürütülen bu çalışmada *Syngnathus* cinsine ait deniz iğnelerinden *S. abaster*, *S. acus*, *S. schmidti*, *S. tenuirostris* ve *S. typhle* türleri örneklenmiştir. Fakat ülkemiz kıyılarında Bilecenoğlu ve diğ. (2014) tarafından dağılım gösterdiği bildirilen *S. variegatus* ve *S. phlegon* türlerine rastlanamamıştır.

Yapılan çalışmada *S. typhle* bireylerinin Karadeniz ve Marmara denizi popülasyonlarının morfolojik açıdan benzerlik gösterdiği gibi habitat tercihleri açısından da benzerlik gösterdiği gözlenmiştir. Genellikle kıyusal korunaklı liman içlerinde çoğunlukla *Zostera* ve nadiren ise *Cystoseria* topluluklarında, Ege denizinde ise sadece *Posidonia oceanica* yataklarında dağılım gösterdiği nadiren diğer vegetasyon tiplerinde ya da kayalık habitatlarda tespit edilmiştir. *S. abaster* bireyleri ise genellikle *Cymodocea* ve *Zostera* yataklarında dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. *S. acus* ve *S. tenuirostris* türlerinin ise Dawson (1982, 1986) ve Kuitir (2009)’in de bildirdiği gibi kıyusal kısmen vejetasyonlu, kumul, çakıllı ve kayalık habitatlarda örneklenmiştir. Benzer şekilde Polard (1984); Howard ve Koehn (1985) ve Tipton ve

Bell (1988) Syngnathid türlerinin deniz çayırı yataklarında en fazla dağılım gösteren kıyusal balık türü olduğunu belirtmiştir. Foster ve Vincent (2004) bazı syngnathid türlerinin sadece türe özel habitatlarda dağılım gösterdiğini fakat farklı habitat tiplerinde de yaşam sürdüren türlerin olduğunu belirtmiştir. Vincent ve diğ. (1995) ile Malavasi ve diğ. (2007) *Posidonia oceanica* gibi deniz bitkilerinin yoğun olduğu bölgelerin deniz iğnelere predatörlerinden korunacakları yaşam alanları olduğunu bildirmiştir.

Bu çalışmada incelenen demersal *Syngnathus* türlerine kıyasla habitat tercihi farklı olan türün *S. schmidti* olduğu görülmüştür. Bu türün bireyleri kıyıda 2-3 mil açıkta pelajik bölgeden plankton kepçesiyle elde edilmiştir. Dawson (1986) ve Kuiter (2009) benzer şekilde *Syngnathus* cinsine ait türlerin çoğunlukla kıyusal habitatlarda bulunmalarına karşın *S. schmidti*'nin kıyıda açıkta ve pelajik bölgede dağılım gösterdiğini bildirmişlerdir.

Kıyılarımızda dağılım gösteren deniz iğnesi türlerine ait morfometrik oranlar incelendiğinde, bu genusun başlıca diagnostik özelliklerinden biri olan burun boyu değerlendirildiğinde; en büyük (uzun) burun boyu *S. typhle* (Pro/HL: %66,7±5,1) ve *S. tenuirostris* (Pro/HL: %64,3±4,0) türlerinde, en düşük (kısa) burun baş boyu ise *S. abaster* (Pro/HL: %47,75±2,5) ölçülmüştür (Çizelge 21). Kuiter (2009) *S. abaster* için diğer *Syngnathus* cinsi türlerine kıyasla en kısa burun yapısına sahip olduğunu belirtmiş olup sonuçlarımızla benzerlik göstermektedir. *S. schmidti* ise burun yüksekliğinin en küçük değere sahip tür olarak ölçülmüştür (SD/HL: %4,7±0,6). Kuiter (2009) *S. schmidti*'nin burun boyunun baş boyunun yarısından fazla ve çok ince yapılı olduğunu belirtmiştir. Muller ve Osse (1984); Bergert ve Wainwright (1997); de Lussanet ve Muller (2007); Roos ve diğ. (2009) çalışmalarında deniz iğnelerinin ağza doğru oluşan su akış hızının burun çapının küçülmesiyle arttığını belirtmiştir. Ayrıca uzun ve geniş burun yapısının sağladığı ağız boşluğunun daha fazla su emilimi sağlayarak av kapasitesini arttırdığı da Oliviera ve diğ. (2007) tarafından belirtilmiştir. Çalışma kapsamındaki türler göz önüne alındığında en uzun burun yapısına sahip *S. typhle*'nin ve pelajik yaşam süren en ince burun yapısına sahip *S. schmidti* bireylerinin beslenme açısından diğer türlere göre daha avantajlı olduğu söylenebilir. Franzoi ve diğ. (1993) ve Oliviera ve diğ. (2007) çalışmalarında *S. typhle*'nin hızlı avlarını da yakalamasında avantaj sağlayan diğer deniz iğnelerinden daha uzun burun yapısına sahip olduğunu belirtmiştir. Bu çalışmada da yürütülen sualtı gözlemlerinde

buldukları bölgelerdeki genç balıklardan (boyları 1-2 cm) Blenniid, Gobiid ve Sparidlerle beslendikleri gözlenmiştir. Ayrıca gözlemlerimiz esnasında *S. typhle*'nin zooplanktonlara göre daha hızlı ve büyük olan balık yavrularını sadece uzun burunlarının yarattığı avantajla değil aynı zamanda burun yüksekliklerinin fazla oluşu sayesinde beslenme davranışı sırasında yüksek vakum oluşturabildikleri tespit edilmiştir. Ağızları kapalı konumdayken yanlardan oldukça yassılaştırmış olan burun yapısı avını yakalama esnasında ani bir şekilde genişleyerek açılmasıyla oluşan silindirik hacmin yüksek emiş gücü sayesinde balık yavrularıyla beslenebildikleri görülmüştür.

Çizelge 21: Kıyılarımızda dağılım gösterdiği tespit edilen *Syngnathus* cinsine ait türlerin morfometrik oranları.

	<i>S. abaster</i> n:30	<i>S. acus</i> n:10	<i>S. typhle</i> n:55	<i>S. tenuirostris</i> n:41	<i>S. schmidtii</i> n:9
Kafaya ait oranlar %	ort. ± std.	ort. ± std.	ort. ± std.	ort. ± std.	ort. ± std.
ed/HL	14,09±1,32	12,15±0,99	8,36±0,99	10,54±0,82	14,80±0,86
io/HL	9,80±1,39	6,63±0,49	5,95±0,90	6,22±0,57	4,11±0,72
Pro/HL	47,75±2,51	54,54±1,95	66,71±5,15	64,33±4,03	60,64±2,06
Po/HL	39,94±2,92	34,67±1,53	31,48±3,31	26,71±1,25	24,86±1,50
Sd1/HL	18,00±1,84	15,46±1,46	11,21±1,74	10,47±0,63	11,33±0,62
Sd2/HL	11,26±0,95	9,68±0,97	9,35±1,84	6,44±0,49	4,79±0,60
Sd3/HL	13,36±1,61	15,10±1,09	11,18±1,79	9,28±0,58	9,59±0,74
Gövdeye ait oranlar %					
HL/SL	12,03±1,07	14,95±0,93	18,13±1,61	16,60±0,66	16,87±0,44
CFL/SL	3,31±0,57	3,09±0,41	4,68±0,51	3,30±0,22	4,16±0,16
Bd-Afo/SL	2,85±0,53	3,47±0,36	2,80±0,36	2,44±0,26	2,21±0,22
Bw-AFO/SL	2,64±0,46	3,12±0,25	2,55±0,36	2,16±0,29	1,67±0,34
DfL/SL	10,86±0,73	12,02±0,75	10,76±0,79	9,95±0,52	18,97±0,43
PrD/SL	39,3±0,22	41,98±1,15	51,09±1,84	41,8±0,10	37,1±0,09
PoD/SL	49,3±0,19	45,74±1,64	37,34±2,06	46,7±0,58	42,8±0,32
PrA/SL	40,6±0,19	44,05±1,28	52,03±2,57	43,0±0,09	41,2±0,13
PoA/SL	61,0±0,87	56,88±2,05	47,32±1,91	56,6±0,15	57,3±0,24
PrP/SL	13,04±1,16	15,72±0,99	20,21±1,00	17,60±0,67	17,32±0,39
Bd-PostMDFB/SL	2,50±0,89	2,79±0,40	1,87±0,43	1,83±0,25	1,59±0,25
Bw-PostMDFB/SL	2,33±0,61	2,75±0,48	1,72±0,41	1,96±0,43	1,35±0,31
Bd-PFO/SL	3,03±0,31	3,45±0,18	3,25±0,30	2,62±0,16	2,44±0,08
Bd-PMOperc/SL	3,10±0,27	3,66±0,24	3,50±0,32	2,77±0,15	2,51±0,19
Bd-LastRingC/SL	0,56±0,10	0,80±0,09	0,57±0,07	0,53±0,06	0,65±0,11
Bw-LastRingC/SL	0,80±0,09	0,86±0,09	0,64±0,06	0,64±0,04	0,68±0,12

Elde edilen örnekler arasında *S. acus* 'un en yüksek (Bd-Afo/SL: %3,47±0,3) ve geniş (Bw-Afo/SL: %3,12±0,2) gövde yapısına sahip olduğu. *S. schmidt* 'nin ise en düşük gövde değerlerine sahip olduğu (Bd-Afo/SL: %2,21±0,2),(Bw-Afo/SL: %1,67±0,3) tespit edilmiştir. Ayrıca *S. schmidt* 'nin incelenen diğer türlere kıyasla dorsal yüzgeç uzunluğunun vücut uzunluğuna oranının çok daha fazla olduğu tespit edilmiştir (DfL/SL: %18,9±0,4)(Çizelge 21). En yüksek göz çapı baş boyu oranı *S. schmidt* (ed/HL: %14,8±0,8), en düşük göz çapı baş boyu oranı ise *S. typhle* (ed/HL: %8,36±0,9) türünde tespit edilmiştir. Slastanenko (1956) *S. schmidt* için göz çapının postorbital mesafenin yarısından fazla olduğunu, Dawson (1986) ise göz çapının vücut yüksekliğinden daha fazla olduğunu belirtmiştir. Ayrıca Slastanenko (1956) *S. typhle* 'nin gözlerinin küçük ve burun uzunlununun 6-8,5'te biri olduğunu belirterek, *S. acus* 'un ense kısmının yüksekliğini vurgulamıştır.

Deniz iğnelerinin burun morfolojilerinin yanı sıra meristik karakterleri türlerin tanımlanmasında büyük önem taşımaktadır. Bu çalışma ve diğer araştırmacıların çalışmalarından elde edilen meristik karakterler Çizelge 22' de listelenmiştir.

En fazla gövde halka sayısı *S. acus* 18-20 adet ve *S. typhle* 16-20 adet olduğu belirlenmiştir. En fazla kuyruk halka sayısı ise 41-44 adet ile *S. tenuirostris* türünde tespit edilmiştir (Çizelge 22). Diğer türlere ait örneklerden farklı olarak *S. schmidt* 'nin vücut halkalarının arka kısmında Slastanenko (1956) ve Dawson (1986)'un da belirttiği gibi çıkıntılar olduğu tespit edilmiştir. En fazla dorsal yüzgeç altında kalan halka sayısı (14-15 adet) ve dorsal yüzgeç ışın sayısı (42-46 adet) *S. schmidt* 'de olduğu belirlenmiştir. Pektoral yüzgeç ışın sayılarında ise en yüksek değer *S. typhle* (15-17 adet) türünde tespit edilmiştir. Çizelge 22 incelendiğinde tespit edilen meristik karakterlerin araştırmacıların tespit ettikleri verilerle büyük ölçüde örtüştüğü görülmektedir (D'ancona 1934; Dawson 1986; Cakić ve diğ, 2002; Gürkan 2008; Kuitert 2009). Çalışmada örneklenen *S. acus* bireylerinde tespit edilen pektoral yüzgeç ışın sayısı Slastanenko (1956) ile uyum göstermemektedir. Ayrıca Gürkan (2008) 'ın İzmir Çamaltı lagününde gerçekleştirdiği çalışmada *S. acus* için tespit ettiği dorsal yüzgeç ışın sayısı bu çalışma ve D'Ancona (1934); Slastanenko (1956); Dawson (1986); Kuitert (2009) verileri ile farklılık göstermektedir (Çizelge 22).

Çizelge 22: Bu çalışma kapsamında ve diğer araştırmacıların çalışmalarında tespit ettikleri meristik karakterler.

Tür	Halka sayıları			Yüzgeç Işın Sayıları			Referans
	BR	TR	SDR	D	P	C	
<i>S. abaster</i>	16-18	35-40	7-9	32-39	11-14	9-11	<i>Bu çalışma</i>
	15-17	37-41	7-9	29-39	12-13	10	Slastanenko (1956)
	14-18	32-42	6-11	24-40	10-14	-	Dawson (1986)
	12-17	34-39	8-9	32-39	10-14	9-10	Cakić ve diğ. (2002)
	14-18	32-41	-	24-40	10-14	-	Kuiter (2009)
	13-18	33-39	7-9	25-34	10-14	8-11	Alaya ve diğ. (2011)
	13-18	31-40	5-8	28-32	11-15	10	Varvara (2015) tez
<i>S. acus</i>	18-20	38-40	9	41-44	11-12	8-10	<i>Bu çalışma</i>
	18-20	38-42	7-9	-	-	-	D'Ancona (1934)
	19-20	38-40	8-9	35-42	13-14	10	Slastanenko (1956)
	17-21	38-43	8-10	34-45	11-15	-	Dawson (1986)
	14-19	35-42	-	25-33	10	4-10	Gürkan (2008)
	17-21	38-43	-	34-45	11-12	-	Kuiter (2009)
	<i>S. typhle</i>	16-20	31-37	8-9	30-38	13-17	9-11
18-20		30-35	8-10	32-39	14-16	10	Slastanenko (1956)
16-20		31-39	7-11	28-42	13-17	-	Dawson (1986)
17-20		30-38	-	30-32	-	8-10	Gürkan (2008)
18-20		32-30	-	28-38	13-17	-	Kuiter (2009)
15-20		28-35	7-9	28-36	13-17	10	Varvara (2015) tez
<i>S. tenuirostris</i>		17-19	41-44	8-9	34-39	12-14	9-10
	17-19	40-44	8-9	35-39	12-13	-	Slastanenko (1956)
	17-19	41-44	8-9	33-39	12-14	-	Dawson (1986)
	17-19	41-44	-	33-39	12-14	-	Kuiter (2009)
<i>S. schmidtii</i>	16-17	39-42	14-15	42-46	15-16	10	<i>Bu çalışma</i>
	16-17	36-42	-	39-47	15-16	-	Slastanenko (1956)
	16-17	36-42	13-15	39-47	15-16	-	Dawson (1986)
	16-17	36-42	-	39-47	15-16	-	Kuiter (2009)

Çalışma kapsamında taksonomik statüsü tartışmalı olan *S. typhle*'nin Karadeniz, Marmara ve Ege denizi popülasyonlarına ait bireyler morfolojik olarak incelenmiştir. *S. typhle*'nin Ege denizi ve Karadeniz popülasyonlarının özellikle burun yapıları arasında kararlı bir farklılık tespit edilmiştir (Çizelge 14, Şekil 27). Popülasyonlar arasındaki burun yapısı farklılıklarının yanı sıra dorsal yüzgeç ışın sayısı, gövde ve kuyruk halka sayılarında da oldukça sınırlı farklar tespit edilmiştir (Çizelge 15). Ancak Kuiter (2009)'inde *S. typhle* (R:18-20+31-39, D:28-38, P:13-17) ve *S. argentatus* (R:16-18+34-39, D:35-42, P:15-17) için ifade ettiği meristik karakterlerin iç içe geçmesi nedeniyle bu iki popülasyonun meristik veri temelli tür ayrımının yapılamayacağı görülmektedir. Ekolojik ve coğrafik açıdan değerlendirildiğinde ise *S. typhle*'nin Karadeniz fenotipi ile Ege fenotipinin ayrılma noktalarının her iki tarafında

farklı fiziko-kimyasal ve trofik özelliklere sahip Çanakkale Boğazı olduğu görülmüştür. Oğuz ve Öztürk (2011) düşük tuzluluktaki soğuk Karadeniz suyunun Çanakkale Boğazına ulaşmakta olduğunu ve bu durum Atlanto-mediteran türlerin kuzeye yayılmasını, aynı zamanda da Ponto-Caspian türlerinde güneye doğru yayılmasını sınırlayıcı bir durum oluşturabileceği bildirilmiştir. Ayrıca çayır karakteri gösteren bitki topluluklarının, her iki fenotipin de yaşam alanlarını oluşturduğu hem bu çalışmada gözlemlenmiş hemde literatürde ifade edilmiştir (Dawson, 1986; Valle ve diğ, 2003; Moranta ve diğ, 2006; Deudero ve diğ, 2008). Ancak örnekleme çalışmaları esnasında Akdeniz endemiği olan deniz çayırlarından *Posidonia oceanica*'nın sadece Çanakkale boğazına kadar yayılış gösterdiği, Çanakkale boğazından başlayarak Marmara ve Karadeniz'de ise *Zostera* yataklarında yaygın olduğu gözlenmiştir. İki fenotipin yayılış gösterdikleri coğrafik alanlarda bahsi geçen farklılıklarının yanı sıra Marmara ve Karadeniz'deki yüksek birincil üretim Ege Denizi ile trofik farklılığa da neden olmaktadır. Özellikle burun morfolojisindeki yapısal farklılıkların buldukları ekosistemdeki trofik statüleriyle ilişkili olduğu düşünülmektedir. Ayrıca Hablützel ve Wilson (2011)' da çalışmalarında Kuitler (2009)'in *S. argentatus*'u tekrar geçerli tür olarak değerlendirmesiyle ilgili herhangi bir gerekçe belirtmediğini ifade etmiştir. Kuitler (2009) ise tüm değerlendirmelerinin yanı sıra bu türlerin taksonomik durumunun açıklığa kavuşmasında moleküler analizlerin gerekliliğini özellikle vurgulamıştır.

Çalışma kapsamında incelenen *S. acus*, *S. abaster*, *S. tenuirostris*, *S. schmidti* ve *S. typhle* türleri arasında iç içe giren bazı meristik değer aralıklarının olduğu görülmektedir (Çizelge 22). Hamilton (2017); Dawson ve Vari (1982) ve Dawson (1986) yüzgeç ışını, gövde ve kuyruk halka sayılarının *Syngnathus* cinsine ait türlerin tanımlanmasında ayırıcı karakterler olduğunu fakat varyasyonlar ve çakışmalar içerdiklerini ifade etmişlerdir. Herald (1965); Fritzsche (1980); Dawson (1986); Kuitler (2009) benzer habitatlarda yaşayan deniz iğnesi türleri arasında iç içe giren meristik değer aralıkları görüldüğünü, O'Reilly ve Horn (2004); Tzeng ve Yeh (2004) ve Tortonese (1970) farklı çevresel koşullara uyum için gövde genişliği, kafa ve burun yapısında morfolojik farklılaşmaların popülasyonlar arasında görülebileceğini belirtmiştir. Varvara (2015) gerçekleştirdiği doktora tez çalışmasında *S. abaster* ve *S. typhle*'nin Ege denizi, İyon denizi ve Adriyatik denizinde dağılım gösteren popülasyonlarının tür içi fenotipik farklılıklar gösterdiğini tespit etmiş ve bu durumun

farklı biyocoğrafik özellikteki denizler oluşuna bağlamıştır. Sanna ve diğ. (2013) ile Alaya ve diğ. (2011) çalışmalarında *S. abaster*'in Tunus ve Fransa popülasyonlarında arasında çevresel koşulların farklılığından kaynaklanan fenotipik çeşitliliğin olduğu belirtilmiştir.

DNA barkodlama filogenetik ilişkilerin belirlenmesi, türlerin moleküler olarak tanımlanması, kriptik türlerin tespiti ve taksonomik karışıklıkların aydınlatılmasında sıklıkla uygulanan önemli bir tekniktir (Hebert ve diğ, 2003; Ward ve diğ, 2005; Hubert ve diğ, 2008; Smith ve diğ, 2008, Zemlak ve diğ, 2009; Zhi ve diğ, 2016; Engin ve Seyhan, 2017; Engin ve İnnal, 2017). *Syngnathus* cinsine ait barkod verileri ile yapılan analizler sonucunda tür içi genetik uzaklığın %0-1,2 arasında değiştiği ve ortalama $0,3 \pm 0,003$ olduğu tespit edilmiştir. Türler arası ortalama genetik uzaklık $19,5 \pm 0,06$ olarak belirlenirken, aynı genusa ait türler arasındaki genetik uzaklığın ise %2,3-29,98 arasında değiştiği ve ortalama $18,3 \pm 0,05$ olduğu saptanmıştır. Buna bağlı olarak ülkemiz kıyılarında dağılım gösteren en yakın ilişkili deniz iğnesi türleri %2,3 genetik mesafeyle *S. typhle* ve *S. abaster* olarak tespit edilirken; Cyt-b analiz verilerine göre *S. typhle* ve *S. abaster* türleri %1,3 genetik mesafe ile yine birbirlerine en yakın türler olarak tespit edilmiştir. Syngnathidlerde barkod bölgesi ile yapılan çalışmalarda da tür içi ve türler arası genetik mesafelerin benzer sınırlar içinde kaldığı gözlemlenmiştir. Şöyle ki; Zhang ve diğ. (2017) deniz atları da dahil toplam 1002 Syngnathid örneği ile yaptıkları çalışmada ve tür içi genetik uzaklığın %0,15-1,57 arasında, türler arası genetik uzaklığın ise %2,58-29,31 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Zhi ve diğ. (2016) ise 12 farklı *Syngnathus* türü ile gerçekleştirdikleri çalışmada ortalama tür içi ve türler arası uzaklıkları sırasıyla %0,52 ve %13,88 olarak bildirmişlerdir. Buna ek olarak Syngnathidlerde morfolojik benzerliklerden kaynaklanan ve sıklıkla karşılaşılan yanlış tanımlama sorununa değinerek Çin kıyılarında *S. acus* olarak bildirilen türün aslında *S. schlegeli* olduğunu ifade etmişlerdir.

Çalışma kapsamında moleküler veri tabanlarında karşılaştırmalı morfolojik tanımlama yapılmadığı için hatalı etiketlenmiş olabileceği düşünülen bazı verilerin olduğu belirlenmiştir. GenBank veri tabanından alınan ve *S. acus* olarak etiketlenmiş tüm bireylerin tanımlandığı takson dışında gruplandığı gözlenmiştir. Knebelberger ve Thiel (2014) pozitif morfolojik tür tanımlamasının moleküler tanımlamadan önce yapılması gereken önemli bir aşama olduğuna dikkat çekmiştir. GenBank veri

tabanında *S. acus* olarak etiketlenen KJ709650 ve *S. abaster* olarak etiketlenen KJ554618 erişim numarasına sahip verilerin, bu çalışmada detaylı morfolojik inceleme sonucunda tür tayini yapılan *S. typhle*'ye, KY1761662 erişim numaralı *S. acus* olarak etiketlenen verinin ise yine bu çalışmada tür tayini gerçekleştirilen *S. tenuirostris*'e dahil olduğu belirlenmiştir. Gerçekleştirilen çalışmada GenBank veri tabanından alınan JF494653 erişim numarasına sahip ve Güney Afrika kıyılarından örneklenen *S. acus* olarak etiketlenen verinin bu çalışmadaki *S. acus* bireyleri arasında %15,1 genetik mesafe olduğu bu nedenle de *S. acus* olamayacağı tespit edilmiştir. Kuitert (2000) güney Afrika kıyılarında *S. acus* olarak bildirilen türün Doğu Atlantik ve Akdeniz'de dağılım gösteren *S. acus* bireylerinden farklı olduğunu bildirmiştir. Güney Afrika kıyılarındaki bu *Syngnathus* popülasyonu *S. acus*'un sinonimi olarak kabul edilen *S. temminckii* Kaup, 1856 tekrardan geçerli olarak kabul edilmiştir (Mwale ve diğ., 2013). Eschmeyer ve diğ. (2017)'e göre Güney Afrika kıyılarındaki popülasyonunun geçerli statüdeki *S. temminckii* olduğu, fakat Froese ve Pauly (2017)'ye göre ise *S. acus*'un sinonimi olduğu ifade edilmektedir. Bu çalışma ile Mwale ve diğ. (2013) sonuçları bir arada değerlendirildiğinde *S. temminckii*'nin geçerli bir tür olduğu ortaya çıkmaktadır.

Kolangi-Miandare ve diğ. (2013) tarafından *S. abaster* olarak etiketlenen KF280320-KF280323 erişim numaralı bireylerinde kıyılarımızdan elde edilen *S. abaster* bireyleriyle aynı taksonda yer almadığı ve aralarında %2,6 genetik farklılıkla bağımsız bir takson olduğu görülmektedir. Hazar denizinin İran kıyılarından örneklenen bireylerden elde edilen veri seti, söz konusu örneklerin deniz iğneleri içerisinde geçerliliği tartışmalı olan bir diğer popülasyona ait olduğu görülmektedir. Eschmeyer ve diğ. (2017)'e göre Hazar denizindeki *Syngnathus* türü *S. Caspius*, fakat Froese ve Pauly (2017)'ye göre ise bu tür *S. abaster*'in sinonimi olarak değerlendirilmektedir. Hazar popülasyonlarının morfoloji temelli teşhis karakterleri incelendiğinde büyük ölçüde *S. abaster*'e benzer olduğu görülmektedir (Kuitert 2009; Coad 2015). Fakat, Naseka ve Bogutskaya (2009), Coad (2015) ve Esmaeili ve diğ. (2010, 2014, 2017) Hazar denizinde dağılım gösteren türün *S. caspius* olduğunu kabul etmektedir. Kiryukhina (2013) cyt-b mtDNA gen bölgesini kullanarak gerçekleştirdiği çalışmada Karadeniz ve Hazar denizi popülasyonlarının genetik olarak birbirlerinden izole olduklarını tespit etmiştir. Dolayısıyla Hazar denizinden *S. abaster* olarak veri kaydı gerçekleştirilmiş olan KF280320-KF280323 kodlu örneklerin *S. abaster* değil,

Syngnathus caspius Eichwald, 1831 olarak değerlendirilmesi gerekmektedir. Kiryukhina (2013)'nın sonuçları ve bu çalışmada elde edilen veriler bir arada değerlendirildiğinde *Syngnathus* cinsine ait Hazar denizi popülasyonunun *S. caspius* olarak geçerli statüde bir tür olduğu sonucu ortaya çıkmaktadır.

Çalışmada yine Genbank veri tabanından alınan KJ709646, KJ709647, KJ709648, KJ709649 ve KJ554741 erişim numaralı *S. acus* ve *S. abaster* türlerine ait verilerin taşıdıkları etiketlere ait taksonlarla kümelenmediği ve grup halinde ayrı bir takson oluşturdukları gözlemlenmiştir. Yanlış tanımlandıkları düşünülen ve geçerli türlerden hangisi olabileceği yönünde yorum yapılamayan bu bireylerin en yakın ilişkili *S. typhle* ile %3.5 mesafeyle türler arası mesafenin üzerinde bir değerde olduğu gözlemlenmiştir. Bu çalışmada bu veri gurubu '*Bilinmeyen takson 1*' olarak ifade edilmiştir.

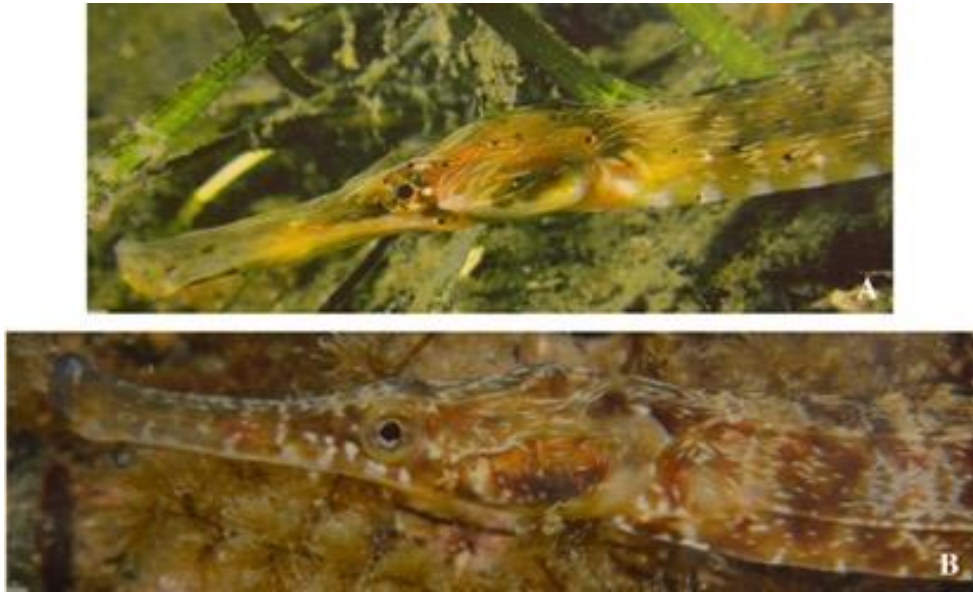
Çalışma kapsamında GenBank veri tabanından alınan KJ128631 ve GQ502180 erişim numarasına sahip ve Atlantik kıyılarından örneklenen *S. acus* bireyleri ile çalışmamızdaki *S. acus* bireyleri arasında %11,6 genetik mesafe olduğu bu nedenle de bu bireylerin *S. acus* olamayacağı ortaya çıkmaktadır. Bu nedenle çalışmada '*Bilinmeyen takson 2*' olarak ifade edilen bu veri seti türler arası mesafenin üzerinde %2,9 değerle *S. tenuirostris* türüne yakın olduğu görülmektedir.

Çalışmamızda aynı takson içinde kümelenen *Syngnathus californiensis* Storer, 1845 (KM019233; KM019236; KM019237; KM019238; KM019239) ve *Syngnathus leptorhynchus* Girard, 1854 (FJ165393; FJ165394; FJ165395; JQ354509; JQ354510) olarak etiketlenen bireylerin aynı zoocoğrafik bölgeden örneklediği ve her iki türünde doğal dağılımlarının ABD'nin Kaliforniya eyaleti kıyıları olduğu görülmektedir (Herald 1941 Miller ve Lea 1972; Fritzsche 1980; Kuitert 2009). Dağılım alanlarının çakışmasının yanı sıra *S. leptorhynchus* popülasyonlarında klinal varyasyon bulunduğu ve bu iki türün diagnostik karakterlerinde de iç içe girdiği ifade edilmiştir (Herald 1941; Kuitert 2009). Ancak Eschmeyer ve diğ. (2017) ve Froese ve Pauly (2017) her iki türünde geçerli statüde kabul etmektedir. Diğer taraftanda Eschmeyer ve diğ. (1983) kuzey ABD' nin Pasifik okyanusu kıyılarında yayılış gösteren balıklar için oluşturdukları saha rehberinde ise morfolojik olarak *S. californiensis*'e en çok benzeyen deniz iğnesi türünün *S. leptorhynchus* olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışma kapsamında elde edilen filogenetik analiz sonuçları değerlendirildiğinde iki olasılık ortaya çıkmaktadır. Bunlardan birincisi; Genbank'taki bu veri setlerinden birinin

yanlış etiketlenmiş olabileceğidir. İkinci olasılık ise; bu türlerin diagnostik karakterlerinin tür ayrımı için yeterli olmadığı da düşünüldüğünde ve bu çalışmada ortaya çıkan filogenetik ağaç topoloji birlikte düşünüldüğünde *S. leptorhynchus*'un *S. californiensis*'in sinonimi olabileceği sonucunu ortaya çıkmaktadır.

Moleküler yapıda farklılık gözlenmeksizin Syngnathid türlerinin burun morfolojilerinde beslenmeye yönelik bölgesel adaptasyonlardan kaynaklanan morfolojik farklılıklar görülebilmektedir (West-Eberhard, 1989; Van Buskirk, 2002; Doughty ve Reznick, 2004; Kendrick ve Hyndes, 2005b; Latta ve diğ., 2007; Ghalambor ve diğ., 2007). Benzer durum ülkemizin farklı ekolojik karakterdeki Karadeniz-Marmara ile Ege-Akdeniz kıyılarında yayılış gösteren *S. typhle* popülasyonları arasında görülmektedir. Bahsi geçen popülasyonlar arası oluşan morfolojik değişimler zaman içinde bazı araştırmacılar tarafından Karadeniz popülasyonunun *S. argentatus* olarak ayrı bir tür olarak tanımlanmasına sebep olmuştur. Burun yapısının üst profili konkav olan *S. typhle* popülasyonu düşük tuzlulukta Karadeniz ve Marmara denizi kıyılarında, burun yapısının üst profili düz yapıdaki *S. typhle* popülasyonu ise yüksek tuzlulukta Ege-Akdeniz kıyılarımızda yayılış göstermektedir. Burun yapısına ve zoocoğrafik özelliklerine bağlı oluşturulan iki grup arasında metrik ve meristik karakterlerde kararlı bir ayrım gözlenmezken burun yapısındaki farklılığın ise coğrafik dağılımla birlikte kararlı olduğu gözlenmiştir. Ancak oluşturulan gruplara dahil popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değerlendirildiğinde ortalama $0,2 \pm 0,001$ olduğu ve tür içi varyasyon sınırları içinde kaldığı saptanmıştır. Mitokondriyal COI ve cyt-b temelli oluşturulan filogenetik ağaçlarda tüm *S. typhle* popülasyonlarına ait bireylerin aynı dalda kümelendikleri gözlenmiştir (Şekil 33;34;35;37). Ayrıca haplotip ilişkilerini gösteren analizlerde bahsi geçen *S. typhle* popülasyonlarına özgü bir yapılanmanın sergilenmediği belirlenmiştir. Çalışmamızdan elde edilen tüm morfolojik ve moleküler veriler *S. typhle*'nin Karadeniz ekosisteminde *S. argentatus* olarak tanımlanan popülasyonu arasında bazı morfolojik farklılıklar olmasına rağmen bu iki popülasyon arasındaki genetik farklılığın tür içi varyasyon sınırları içinde kaldığını ve *S. argentatus*'un *S. typhle*'nin sinonimi olduğu sonucunu ortaya çıkarmıştır.

Dawson (1986) ve Kuitler (2009)'de *S. variegatus* için ifade edilen diagnostik karakterler (19-21+38-41, D:31-42, P:12-14), habitat tercihi ve genel morfolojik özellikleri tamamen *S. acus* (17-21+38-43, D:34-45, P:11-15) ile iç içe geçmektedir. Ayrıca Slastanenko (1956)'da *S. variegatus*'u, *S. acus*' un sinonimi olarak belirtilmiştir. Kuitler (2009)'in bu türlere ait ifade ettiği diagnostik veriler ve fotoğrafları arasında da herhangi bir fark tespit edilememiştir (Şekil 38). Tüm bu değerlendirmeler ışığında *S. variegatus*'un da, *S. acus*'un sinonimi olabileceği yönünde kanaat oluşturmaktadır.



Şekil 38: A: *S. acus*; B: *S. variegatus* (Kuitler 2009).

Ülkemiz kıyılarında Levantin, Ege ve Marmara denizinde dağılım gösterdiği bildirilen *S. phlegon* için Dawson (1986) ve Kuitler (2009)'in ifade ettikleri diagnostik karakterler kuyruk halka sayıları haricinde (17-19+47-50, D:38-49, P:14-16), *S. schmidtii* (16-17+36-42, D:39-47, P:15-16) ile iç içe geçtiği görülmektedir. Kuitler (2009)'in bu türlere ait ifade ettiği diagnostik verilerde ve fotoğrafları arasında da herhangi bir fark görülememektedir (Şekil 39). Bu iki türün pelajik yaşam sürdürmeleri, karakteristik olarak vücut halkalarının üst kısımlarındaki çıkıntıları, başın yarısından uzun ve ince burun yapısı ve iri gözlere sahip olmaları bu iki türün ortak özellikleridir. *S. phlegon*'nun tip lokalitesi olan Fransa kıyılarından örnek temin edilememiş ve genetik veri bankalarında türe ait dizilerin olmaması nedeniyle karşılaştırma yapılamamıştır. Ancak *S. argentatus* ve *S. variegatus* gibi Karadeniz

endemiği olarak tanımlanan *S.schmidti*'nin de, *S. phlegon*'un sinonimi olabileceği düşünülmüştür.



Şekil 39: A: *S. phlegon*; B: *S. schmidti* (Kuitert 2009).

Gökoğlu ve diğ. (2004) tarafından Antalya körfezinden *S. rostellatus*'un kaydı verilmesine rağmen Hablutzel ve Wilson (2011) *S. rostellatus*'un Türkiye ve Tunus'tan verilen kayıtlarının hatalı olduğunu ifade etmiştir. Levantin kıyımızdan kaydı verilen türün uzun burun yapılı, kuyruk halka sayısının fazla olduğunu, uygun ölçüm metodunun kullanılmadığını ve bu türün *S. tenuirostris* ya da *S. acus* olabileceğini belirtilmiştir. Doğal yayılışı Avrupa'nın Kuzey Atlantik kıyıları olan bu tür Bilecenoğlu ve diğ. (2014) tarafından da Türkiye denizel ihtiyofaunasına dahil edilmemiştir. Çalışmamızda da *S. rostellatus* türüne Levantin kıyılarındaki örnekleme istasyonlarında rastlanmamıştır.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışma *Syngnathus* cinsine ait deniz iğnelerinden Akdeniz ve Karadeniz’de yayılış gösterdiği bilinen ve bu çalışmada ulaşılabilen beş türün, morfolojik ve moleküler taksonomik teknikler kullanılarak bir arada değerlendirildiği ilk çalışma olmuştur.

Çalışma sonucunda elde edilen tüm morfolojik ve moleküler veriler, *S. typhle*’nin Karadeniz ekosisteminde *S. argentatus* olarak tanımlanan popülasyonu arasında bazı morfolojik farklılıklar olmasına rağmen bu iki popülasyon arasındaki genetik farklılığın türüçi varyasyon sınırları içinde kaldığını ve *S. argentatus*’un *S. typhle*’nin sinonimi olduğu sonucunu ortaya çıkarmıştır.

Literatürde Genbank ve BOLD gibi moleküler veri tabanlarındaki *Syngnathus* cinsine ait yanlış etiketlenen bazı veriler değerlendirilerek, Akdeniz ve Karadeniz’de yayılış gösteren *S. typhle*, *S. acus*, *S. tenuirostris*, *S. schmidtii* ve *S. abaster* türlerine ait karşılaştırmalı morfolojik tanımlamayla doğrulanmış genetik barkod verileri ilk kez üretilmiştir.

Canlı türlerine ait koruma çabalarının etkili olabilmesi, bir bölgede yayılış gösteren hedef organizma türlerinin doğru bilinmesiyle mümkün olabilecektir. IUCN kapsamında koruma stratejilerinin doğru ve etkili olabilmesi için özellikle taksonomik karışıklıklardan uzak ve popülasyon seviyesinde değerlendirmelere ihtiyaç olduğu bilinmektedir. Bu çalışmayla aynı zamanda *Syngnathus* cinsindeki bazı taksonomik karışıklıklar giderilmiş olup, türlere ait popülasyonların ülkemiz kıyılarındaki güncel yayılışları ve bazı ekolojik özellikleri ile ilgili temel veriler elde edilmiştir.

Gerçekleştirilen çalışma sonucunda araştırma konusunu oluşturan *Syngnathus* cinsinin tüm yayılış alanlarındaki popülasyonlarının morfo-genetik analizlerle değerlendirilerek revizyonlarının yapılmasının gerekliliği sonucu ortaya çıkmıştır.

KAYNAKÇA

- Acarlı, D., Kara, A., Bayhan, B.** (2014). Length–Weight Relations For 29 Fish Species From Homa Lagoon, Aegean Sea, Turkey. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 44 (3): 249–257. doi: 10.3750/AIP2014.44.3.09
- Alaya, B. H., Sanna, D., Casu, M., Biagi, F., Francalacci, P., Carcupino, M., Galzin, R., Quignard, J.P., Trabelsi, M.** (2011). Analysis of meristic and mitochondrial DNA variation in *Syngnathus abaster* (Teleostea: Syngnathidae) from two western Mediterranean lagoons. *Biologia* 66(6), 1140-1147.
- Alfaro, M.E., Huelsenbeck, J.P.** (2006). Comparative performance of Bayesian and AIC-based measures of phylogenetic model uncertainty. *Syst Biol.* 55:89–96.
- Allen, G.R., Kuitert, R.H.** (2004). *Dunckerocampus naia*, a new pipefish (Pisces: Syngnathidae) from the western Pacific. *Aqua, J. Ichth. Aq. Biol.*, 9: 1-6.
- Allen, L.G., Yoklavich, M.M., Cailliet, G.M., Horn, M.H.** (2006). Bays and estuaries. In: Pondella, D.J., Horn, M.H. (Eds.), *The Ecology of Marine Fishes: California and Adjacent Waters*. University of California Press, Berkeley, CA, pp. 119–148.
- Aravind, K., Ravikanth, G., Shaanker, R.U., Chandrashekara, K., Kumar, A.R.V., Ganeshiah, K.N.** (2007). DNA Barcoding: An exercise in futility or utility? *Current Science*, 92(9): 1213-1216.
- Artüz, M.L.** (2015). On the First Record of *Syngnathus phlegon* Risso, 1827 from the Sea of Marmara, Turkey. *IJSR*, ISSN(online): 2319-7064.
- Avise, J.C.** (2004). *Molecular Markers, Natural History, and Evolution* (Second Edition). Sinauer, Sunderland, MA.
- Balkaş, T., Dechev, G., Mihnea, R., Serbanescu, O., Ünlüata, Ü.** (1990). State of the marine environment in the Black Sea Region, *UNEP Regional Seas Reports and Studies* No: 124
- Ballard, W.B.** (1992). Bear predation on moose: a review of recent North American studies and their management implications. *Alces* 1: 162-176.
- Bandelt, H.J., Forster, P., Röhl, A.** (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16, 37–48.
- Barrows, A.P.W., Martin-Smith, K.M., Baine, M.S.P.** (2009). Population variables and life-history characteristics of the alligator pipefish *Syngnathoides biaculeatus*, in Papua New Guinea. *Journal of Fish Biology*, 74(4), 806-819.
- Baştürk, O., Saydam, C., Salihoğlu, I., Eremeeva, L.V., Kononov, S.K., Stoyanov, A., Dimitrov, A., Cociasu, A., Dorogan, L., Altabet, M.** (1994). Vertical variations in the principle chemical properties of the Black Sea in the autumn of 1991. *J. Marine Chem.*, 45, 149–165.

- Ben Amor, M.M., Ben Salem, M., Ben Soussi, J., Capape, C.** (2008). Occurrence of Nilsson's Pipefish *Syngnathus rostellatus* (Osteichthyes: Syngnathidae) in the Gulf of Tunis (Central Mediterranean). *Vie et Milieu—Life and Environment*, 58, 189–192.
- Berg, L.S.** (1949). Ryby presnych vod SSSR I sopredelnykh stan (Freshwater fishes of the U.S.S.R. and adjacent countries). 4th. ed., vol. 3. Moskva. No. 30: 927-1328.
- Bergert, B.A., Wainwright, P.C.** (1997). Morphology and kinematics prey capture in the syngnathid fishes *Hippocampus erectus* and *Syngnathus floridae*. *Marine Biology*, 127:653-570.
- Bermingham, E., Mccafferty, S.S., Martin, J.C.** (1997). Fish biogeography and molecular clocks: perspectives from the Panamanian isthmus. *Molecular Systematics of Fishes*, (T.D. Kocher and C.A. Stepien, eds.). *Academic Press*, San Diego.
- Beşiktepe, Ş., Özsoy, E., Ünlüata, Ü.** (1993). Filling of the Marmara Sea by the Dardanelles lower layer inflow. *Deep Sea Research Part 1*, 40(9), 1815-1838.
- Beşiktepe, Ş., Sur, H.I., Özsoy, E., Latif, M.A., Oğuz, T., Ünlüata, U.** (1994). The circulation and hydrography of the Marmara Sea. *Progress in Oceanography* 34: 285–334.
- Bilecenoğlu, M., Kaya, M., Cihangir, B., Çiçek, E.** (2014). An updated check-list of the marine fishes of Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 38: 901-929. doi: 10.3906/zoo-1405-60
- Bolland, J., Boettcher, A.** (2005). Population structure and reproductive characteristics of the gulf pipefish, *Syngnathus scovelli*, in Mobile Bay, Alabama. *Estuaries*, 28(6), 957-965
- Brown, W.M., George, M.Jr., Wilson, A.C.** (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76, 1967-1971.
- Brown, W.M., Prager, E.M., Wang, A., Wilson A.C.** (1982). Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution. *J. Mol. Evol.*, 18:225–239
- Bucklin, A., Steinke, D., Blanco-Bercial, L.** (2011). DNA barcoding of marine metazoa. *Annual Reviews of Marine Science*, 3: 471-508.
- Cakić, P., Lenhardt, M., Mićković, D., Sekulić, N., Budakov, L. J.** (2002). Biometric Analysis of *Syngnathus abaster* populations. *Journal of Fish Biology*, 60, 1562-1569.
- Campbell, B.C., Able, K.W.** (1998). Life history characteristics of the northern pipefish, *Syngnathus fuscus*, in southern New Jersey. *Estuaries* 21(3), 470-475.
- Chauhan, T., Rajiv, K.** (2010). Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 1, 281-291.

- Coad, B.W.** (2015). Review of the sticklebacks and pipefishes of Iran (Families Gasterosteidae and Syngnathidae). *Iran J. Ichthyol.* 2(3):133-147.
- Çakmak, E.** (2008). Dikenli Yılan Balığı (*Mastacembelus mastacembelus*)'nın Morfolojik ve Moleküler Özelliklerinin Belirlenmesi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Yüksek Lisans Tezi.
- Çulha, M., Alparslan, M., Türk Çulha, S., Aksoy, Ö., Tatarhan, G.E.** (2015). Çandarlı körfezinde dağılım gösteren bentik yumuşakça (mollusca) türleri ile syngnathidae familyasına ait türlerin yumurta ve larva (ihtiyoplankton) faunasının biyo-ekolojik özelliklerinin belirlenmesi. Proje No: 2013-1-FMBP-02, 77s, İzmir.
- D'ancona, U.** (1934). Le specie mediterrane del genere *Syngnathus*. Mem. R. Com. Talassografico Italiano Venezia, N210, 77 pp.
- Dawson, C.E.,** (1982). Part Eighth: Syngnathidae. In: J.E. Bohlke (ed) *Fishies of the Western North Atlantic*. Sears Foundation, Yale Univ., New Haven.
- Dawson, C.E.** (1986). Syngnathidae. In: Whitehead P.J.P., Bauchot M.L., Hereau J.C., Nielsen J., Tortonese, E. (eds). *Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean*. Pp, 628-639. Paris: UNESCO.
- Dawson, C.E., Vari, R.P.** (1982). Fishes of the Western North Atlantic. Number 1, Part Eight. Order Gasterosteiformes. Suborder Syngnathoidei. New Haven. University Yale, U. S. 198 p.
- de Lussanet, M.H.E., Muller, M.** (2007). The smaller your mouth, the longer your snout: predicting the snout length of *Syngnathus acus*, *Centriscus scutatus* and other pipette feeders. *Journal of the Royal Society Interface*, 4, 561–573.
- Deudero, S., Morey, G., Frau, A., Moranta, J. & Moreno, I.** (2008). Temporal trends of littoral fishes at deep *Posidonia oceanica* seagrass meadows in a temperate coastal zone. *Journal of Marine Systems* 70, 182–195.
- Doughty, P.E., Reznick, D.N.** (2004). Patterns and analysis of adaptive phenotypic plasticity in animals. Pp. 126–150 in T. J. DeWitt and S. M. Scheiner, eds. *Phenotypic plasticity: functional and conceptual approaches*. Oxford Univ. Press, Oxford, U.K.
- Duncker, G.** (1915). Revision der Syngnathidae. Erster Teil. Mitteilungen aus dem Naturhistorischen Museum in Hamburg: 32: 9–120.
- Edwards A.W.F.** (1972). Likelihood; an account of the statistical concept of likelihood and its application to scientific inference. Cambridge (UK): *Cambridge University Press*.
- Eichwald, E.** (1831). *Zoologia specialis, Vilnae, III (Pisces)*, pp. 57-116.
- Engin, S., İnnal, D.** (2017). A new species of *Pomatoschistus* (Teleostei: Gobiidae) from Southern Anatolia. *Zoology in the Middle East*. 63:4.
- Engin, S., Seyhan, D.** (2017). A new species of *Pomatoschistus* (Teleostei, Gobiidae): the Mediterranean's smallest marine fish. *Journal of Fish Biology*. 91(4) 1208-1223.
- Erzini, K., Bentes, L., Coelho, R., Correia, C., Lino, P. G., Monteiro, P., Ribeiro, J., Goncalves, J.M.S.** (2002). Recruitment of Sea Breems (Sparidae)

and Other Commercially Important Species in the Algarve (Southern Portugal). DG XIV/99/061-Final Report.

- Eschmeyer, W.N., Herald, E.S., Hammann, H.** (1983). A field guide to Pacific coast fishes. Houghton Mifflin, Boston, MA.
- Eschmeyer, W. N., Fricke, R., and Van der Laan, R.** (2017). Catalog of Fishes. California Academy of Sciences, San Francisco. Retrieved from <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>
- Esmaili, H.R., Coad, B.W., Gholamifard, A., Nazari, N., Teimory, A.** (2010). Annotated checklist of the freshwater fishes of Iran. *Zoosystematica Rossica* 19: 361–386.
- Esmaili, H.R., Coad, B.W., Mehraban, H.R., Masoudi, M., Khaefi, R., Abbasi, K., Mostavavi, H., Vatandoust, S.** (2014). An updated checklist of fishes of the Caspian Sea basin of Iran with a note on their zoogeography. *Iranian Journal of Ichthyology* 1(3): 152-184.
- Esmaili, H.R., Coad, B.W., Mehraban, H.R., Abbasi, K., Keinvany, Y., Coad, B.** (2017). Review and updated checklist of freshwater fishes of Iran: Taxonomy, distribution and conservation status. *Iran. J. Ichthyol.* 4(1):1-114.
- Felsenstein, J.** (1985). Phylogenies and the comparative method. *The American Naturalist* 125(1), 1-15.
- Foster, S.J., Vincent, A.** (2004). Life history and ecology of seahorses: implications for conservation and management. *Journal of Fish Biology* 65, 1-61.
- Franzoi, P., Maccagnani, R., Rossi, R., Ceccherelli, V.U.** (1993). Life cycles and feeding habits of *S. taenionotus* and *S. abaster* (Pisces, Syngnathidae) in a brackish bay of the Po River Delta (Adriatic Sea). *Marine Ecology Progress Series* 97, 71-81.
- Franzoi P., Riccato F., Franco A., Torricelli P.** (2004). Dietary differences in three pipefish species (Osteichthyes, Syngnathidae) related to snout morphology. *Biologia Marina Mediterranea* 11, 592-594.
- Freeman, S., Herron, J.C.** (1999). *Evolutionary Analysis*, New York: Prentice Hall, Inc.pp.
- Fritzsche, R.A.** (1980). A revisionary study of the eastern Pacific Syngnathidae (Pisces: Syngnathiformes), including both recent and fossil forms. *Proceedings of the California Academy of Sciences* 42(6), 181-227.
- Froese, R., Pauly, D.** (2017). FishBase. Version 10/2015. Available from: <http://www.fishbase.org> (Accessed 27 Jul. 2017)
- Ghalambor, C.K., Mckay, J. K., Carrol, S.P., Reznick, D.N.** (2007). Adaptive versus non-adaptive phenotypic plasticity and the potential for contemporary adaptation in new environments. *Funct. Ecol.* 21, 394–407.
- Gökoğlu, M., Bodur, T., Kaya, Y.** (2004). First records of *Hippocampus fuscus* and *Syngnathus rostellatus* (Osteichthyes: Syngnathidae) from the

- Anatolian coast (Mediterranean Sea). *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 84, 1093–1094.
- Graybeal, A.** (1993). The phylogenetic utility of Cytochrome b: Lessons from bufonid frogs. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2, 256–269. <https://doi.org/10.1006/mpev.1993.1024>
- Günther, A.** (1870). Catalogue of the Fishes in the British Museum. London., British Museum (Natural History). vol 8.
- Gürkan, Ş.** (2004). Çamaltı Tuzlası (İzmir Körfezi)'nda Dağılım Gösteren deniz iğnelerinin (Familya: Syngnathidae) Ekomorfolojik Özelliklerinin Araştırılması. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi, 215, İzmir.
- Gürkan, Ş., Taşkavak, E.** (2007). Lengthweight relationships for syngnathid fishes of the Aegean Sea, Turkey, *Belgian Journal of Zoology*, 137(2): 219–222.
- Gürkan, Ş.** (2008). The biometric analysis of pipefish species from Çamaltı Lagoon (İzmir Bay, Aegean Sea). *EU J Fish Aquat Sci* 25: 53–56.
- Gürkan Ş., Çulha, M.** (2008). Regional and seasonal distributions of some Syngnathid species in the coastal waters of Sinop peninsula (Black Sea). *J. Fisheries Science* 2: 536–544.
- Gürkan, Ş., Taşkavak, E., Hoşsucu, B.** (2009). The reproductive biology of the Great Pipefish *Syngnathus acus* (Family: Syngnathidae) in the Aegean Sea, *North-western Journal of Zoology*, 5(1): 179-190.
- Gürkan, Ş., Taşkavak, E.** (2011). Ege Denizi Kıyılarında dağılım Gösteren Bazı Syngnathid Türlerinin Mevsimsel Kondisyon Faktörleri. *Ege Üniversitesi Su Ürünleri Dergisi*, Cilt/Volume 28, Sayı/Issue 1: 21-24."
- Gürkan, Ş., Taşkavak, E.** (2012). Sexual dimorphism of the broadnosed pipefish, *Syngnathus typhle*, from Aegean Sea (Turkey). *North-West J. Zool.* 8: 41–45.
- Gürkan, Ş., Unsumacıoğlu, A.** (2012). Sinop Yarımadası (güney Karadeniz) Kıyısız Sularındaki Bazı Syngnathid Türlerinin (*Syngnathus sp.*, *Nerophis sp.*, *Hippocampus sp.*) Besin Kompozisyonları. *Karadeniz Fen Bilimleri Dergisi*. 2(7):29-38
- Gürkan, Ş., Taylan, B.** (2013). The first observations of oocyte diameters for the pipefish from the southern Black Sea. *Journal of Black Sea*. 19(2) 206-216.
- Gürkan, Ş., Taylan, B., Taşkavak, E.** (2015). Breeding success of broad-nosed pipefish (*Syngnathus typhle*) from coasts of Aegean Sea, Turkey. *IJFBS*. 2(4):18-22.
- Hablützel, P.** (2009). Hybridization in European *Syngnathus*. Master Thesis, Institute of Evolutionary Biology and Environmental Studies, University of Zurich, Zurich.
- Hablützel, P., Wilson, A.B.** (2011). Notes on the occurrence of *Syngnathus rostellatus* (Teleostei: Syngnathidae) in the *Mediterranean*. *Marine Biodiversity Records* 4, 57.

- Hall, T.A.** (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl Acids Symp Ser.*, 41:95–98.
- Hamilton, H., Saarman, N., Short, G., Sellas, A.B., Moore, B., Hoang, T., Grace, C., Gomon, M.** (2017). Molecular phylogeny and patterns of diversification in syngnathid fishes. *Mol. Phylogenet. Evol.* 107:388–403. doi:10.1016/j.ympev. 2016.10.003
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., Waard J.R.** (2003). Biological identifications through DNA barcodes, *Proc. R. Soc. Lond B*, 270:313–321. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hebert, P.D.N., Gregory. T.R.** (2005). Article Navigation The Promise of DNA Barcoding for Taxonomy. *Systematic Biology* 54(5), 852-859.
- Herald, E.S.** (1941). A systematic analysis of variation in the western American pipefish, *Syngnathus californiensis*. *Stanford Ichthyological Bulletin* 2, 49–73.
- Herald, E.S.** (1959). From pipefish to seahorse—a study of phylogenetic relationships. *Proceedings of the California Academy of Sciences* 29, 465–473.
- Herald, E.S.** (1965). Studies on the Atlantic American pipefishes with descriptions of new species. *Proceedings of the California Academy of Sciences*, 32 : 363-375.
- Hilomen-Garcia G.V., Delos Reyes R., Garcia C.M.H.** (2003). Tolerance of seahorse *Hippocampus kuda* (Bleeker) juveniles to various salinities. *Journal of Applied Ichthyology*. 19, 94-98.
- Howard, R. K., Koehn, J. D.** (1985). Population dynamics and feeding ecology of pipefish (Syngnathidae) Associated with eelgrass beds of Western Port, Victoria. *Australian Journal of Marine and Freshwater Research* 36: 361–370.
- Hubert, N., Hanner, R., Holm, E., Mandrak, N. E., Taylor, E., BurrIDGE, M., Watkinson, D., Dumont, P., Curry, A., Bentzen, P., Zhang, J., April, J., Bernatchez, L.** (2008). Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. *Plos One* 3, e2490.
- Hubner, K., Gonzalez-Wanguemert, M., Diekmann, O.E., Serrão, E.A.** (2013). Genetic Evidence for Polygynandry in the Black-Striped Pipefish *Syngnathus abaster*: A Microsatellite-Based Parentage Analysis. *Journal of Heredity* 104(6), 791.
- Ishihara T., Tachihara K.** (2009). The maturity and breeding season of the bellybarred pipefish, *Hippichthys spicifer*, in Okinawa-jima Island rivers. *Ichthyological Research* 56(4), 388-393.
- IUCN.** (2016). IUCN Red List of Threatened Species. Retrieved from <http://www.iucnredlist.org>.
- Ivanova, N.V., Zemlak, T.S., Hanner, R.H., Hebert, P.D.N.** (2007). Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*. 7(4) 544-548

- Jones, A.G., Rosenqvist, G., Berglund, A., Avise, J.C.** (1999). Clustered microsatellite mutations in the pipefish *Syngnathus typhle*. *Genetics* 152, 1057-63.
- Jones, A.G., Arden, W.R.** (2003). Methods of parentage analysis in natural populations. *Molecular Ecology*. 12, 501-528.
- Jones, A.G., Avise, J.C.** (1997). Polygynandry in the dusky pipefish *Syngnathus floridae* revealed by microsatellite DNA markers. *Evolution* 51, 1611-1622.
- Jones, A.G., Avise, J.C.** (2001). Mating systems and sexual selection in male-pregnant pipefishes and seahorses: insights from microsatellite-based studies of maternity. *Journal of Heredity* 92, 150-158.
- Kendrick, A.J., Hyndes, G.A.** (2003). Patterns in the abundance and size-distribution of syngnathid fishes among habitats in a seagrass-dominated marine environment. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 57:631-640.
- Kendrick, A.J., Hyndes, G.A.** (2005a). Patterns in the abundance and size-distribution of syngnathid fishes among habitats in a seagrass-dominated marine environment. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 57:631-640.
- Kendrick, A.J., Hyndes, G.A.** (2005b). Variations in the dietary compositions of morphologically diverse syngnathid fishes. *Environmental Biology of Fishes* 72(4), 415-427.
- Keskin, E. ve Atar, H.H.** (2013). DNA barkodlama: Mitokondriyal COI geni kullanılarak moleküler tanımlama. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 6 (2): 1-8.
- Kessler, K.** (1859). Auszüge aus dem Berichte über eine an die nordwestlichen Küsten des Schwarzen Meeres und durch die, westliche Krim unternommene Reise. *Ibid.* XXXII. 464 pp.
- Khrystenko, D., Kotovska, G., Novitskij, R.** (2015). Length-Weight Relationships and Morphological Variability of Black-Striped Pipefish *Syngnathus abaster* Risso, 1827 in the Dnieper River Basin. *TJFAS*. 15:609-618
- Kimura, M.** (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16(2), 111-20.
- Kiryukhina, N.A.** (2013). Morphological variability in black-striped pipefish *Syngnathus nigrolineatus* in relation to its invasion into the Volga basin reservoirs. *Russian Journal of Biological Invasions*, 4(3). 149–155. doi: 10.1134/S2075111713030053.
- Kocher, T.D., Stepien, C.A.** (1997) Molecular Systematics of Fishes. *Academic Press*. 314pp.
- Küçüksezgin, F., Balcı, A., Konaş, A., Altay, O.** (1995). Distribution of nutrients and chlorophyll-a in the Aegean Sea. *Oceanologica Acta*. 18 (3): 343-352.
- Kolangi-Miandare, H., Askari, G., Fadakar, D., Aghilnegad, M., Azizah, S.** (2013). The Biometric and Cytochrome Oxidase sub unit I (COI) Gene

sequence Analysis of *Syngnathus abaster* (Teleostei: Syngnathidae) in Caspian Sea. *MBRC*. 2(4):133-142.

- Kottelat, M.** (1997). European freshwater fishes. *Biologia*, 52, Suppl. 5:1-271
- Kuiter, R.H.** (2003). Seahorses, pipefishes and their relatives. A comprehensive guide to Syngnathiformes revised edition. TMC Publishing, Chorleywood. p. 237.
- Kuiter, R.H.** (2009). Seahorses and Their Relatives. Seaford: Aquatic Photographics, 334pp.
- Kullander, S.O.** (2016). G. J. Billberg's (1833) 'On the ichthyology, and description of some new fish species of the pipefish genus *Syngnathus*. *Zootaxa*. 4066(2).
- Latta, L.C., Bakelar, J.W., Knapp, R.A., Pfrender, M.E.** (2007). Rapid evolution in response to introduced predators II: the contribution of adaptive plasticity. *BMC Evol. Biol.* 7, 21
- Lazzari, M.A., Able, K.W.** (1990). Northern pipefish, *Syngnathus fuscus*, occurrences over the Mid-Atlantic Bight continental shelf: evidence of seasonal migration. *Environmental Biology of Fishes*. 27, 177-185.
- Leysen, H.** (2011). Evolutionary morphology of the extremely specialized feeding apparatus in seahorses and pipefishes (Syngnathidae). Ghent University. PhD thesis.
- Leysen, H., Roos G., Adriaens D.** (2011). Morphological Variation in Head Shape of Pipefishes and Seahorses in Relation to Snout Length and Developmental Growth. *Journal of Morphology* 272(10), 1259-1270.
- Librado P., Rozas J.** (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25, 1451-1452.
- Lourie, S.A., Vincent A.C.J., Hall H.J.** (1999). Seahorses: an identification guide to the worlds species and their conservation. Project Seahorse, London.
- Lourie, S.A., Vincent, A.C.J.** (2004). Using biogeography to help set priorities in marine conservation. *Conservation Biology* 18, 1004-1020.
- Lourie, S.A., Green D.M., Vincent A.C.J.** (2005). Dispersal, habitat differences, and comparative phylogeography of Southeast Asian seahorses (Syngnathidae: *Hippocampus*). *Molecular Ecology* 14, 1073-1094.
- Lydeard, C., Roe, K.J.** (1997). The phylogenetic utility of the mitochondrial cytochrome b gene for inferring relationships among actinopterygian fishes-chapter 17. In: *Molecular systematics of fishes*. Academic Press.1997.
- Lyons, D.O., Dunne J.J.** (2003). Reproductive costs to male and female wormpipe fish. *Journal of Fish Biology* 62, 767-773.
- Malavasi, S., Franco, A., Riccato, F., Valerio, C., Torricelli, P., Franzoi, P.** (2007). Habitat selection and spatial segregation in three pipefish species. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 75, 143-150.

- Martin, A.P., Kessing, B.D., Palumbi, S.R.**, (1990). Accuracy of Estimating Genetic Distance Between Species from Short Sequences of Mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*, 7: 485-488.
- Matsunuma, M.** (2017). *Syngnathus chihiro*, a new species of pipefish (Syngnathidae) from southern Japan. *Zootaxa*. 4232(3):385-396.
- Maxam, A.M., Gilbert, W.** (1977). A new method for sequencing DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 74: 560–564.
- McCoy, E.E., Jones A.G., Avise J.C.** (2001). The genetic mating system and tests for cuckoldry in a pipefish species in which males fertilize eggs and brood offspring externally. *Molecular Ecology*. 10, 1793-800.
- Mercer, L.P.** (1973). The comparative ecology of two species of pipefish (Syngnathidae) in the York River, Virginia. M.S. Thesis, College of William and Mary. 37 p.
- Meyer, A., Wilson, A.C.** (1990). Origin of Tetrapods Inferred from Their Mitochondrial DNA Affiliation to Lungfish. *Journal of Molecular Evolution*. 31:359-364.
- Meyer, A.** (1993). Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: Hochachka and Mommsen (eds.). *Biochemistry and molecular biology of fishes*, vol. 2, Elsevier Science Publishers B.V.f
- Michener, C.D., Sokal, R.R.** (1957). A quantitative approach to a problem of classification. *Evolution*. 11:490–499.
- Miersch, L.** (2012). Life History Patterns of *Syngnathus typhle*: an experimental approach (thesis), Christian-Albrechts-Universität.
- Miller, D.J., Lea, R.N.** (1972). Guide to the Coastal Marine Fishes of California. Sacramento, U.S.A.: *California Department of Fish and Game*.
- Mobley, K.B., Jones, A.G.** (2009). Environmental, demographic, and genetic mating system variation among five geographically distinct dusky pipefish (*Syngnathus floridae*) populations. *Molecular Ecology* 18, 1476-1490.
- Mobley, K.B., Small, C.M., Jue, N.K., Jones, A.G.** (2010). Population structure of the dusky pipefish (*Syngnathus floridae*) from the Atlantic and Gulf of Mexico, as revealed by mitochondrial DNA and microsatellite analyses. *J. Biogeogr.* 37:1363-1377.
- Mobley, K.B., Small, C.M., Jones, A. G.** (2011). The genetics and genomics of Syngnathidae (pipefishes, seahorses and seadragons). *Journal of Fish Biology*. 78, 1624-1646.
- Moritz, C.** (1994). Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. *Mol. Ecol. Resour.* 3:401–411.
- Moranta, J., Palmer, M., Morey, G., Ruiz, A., Morales-Nin, B.** (2006). Multi-scale spatial variability in fish assemblages associated with *Posidonia oceanica* meadows in the Western Mediterranean Sea. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 68, 579–592.
- Mount, D.W.** (2008). Maximum Parsimony Method for Phylogenetic Prediction. *Cold Spring Harbor Protocols* (5):pdb. top32. doi:10.1101/pdb.top43

- Movčan, Y. V.** (1988). Fauna Ukrainy (Ryby). [Fauna of Ukraine (Fishes)]. Kiev: Naukova Dumka (in Russian).
- Muller, M., Osse, J.W.M.** (1984). Hydrodynamics of suction feeding in fish. *Transactions of the Zoological Society of London* 37:51–135
- Muller, M.** (1987). Optimization principles applied to the mechanism of neurocranium levation and mouth bottom depression in bony fishes (Halecostomi). *J. theor. Biol.* 126:343-368.
- Mullis, K.B., Faloona, F.** (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via polymerase chain reaction. *Methods Enzymol*, 155, 350–355.
- Müller, C., Erzini, K.** (2017). Interspecific differences in habitat selection of syngnathids in the Ria Formosa lagoon, Portugal. *Euarine, Coastal and Shelf Science*. 189:235-242.
- Mwale, M., Kaiser, H., Barker, N.P., Wilson, A.B., Teske, P.R.** (2013). Identification of a uniquely southern African clade of coastal pipefishes *Syngnathus* spp. *Journal of Fish Biology* 82(6), 2045-2062.
- Naseka, A.M., Bogutskaya, N.G.** (2009). Fishes of the Caspian Sea: zoogeography and updated check-list. *Zoosystematica Rossica* 18(2): 295-317.
- Nordman, A.V.** (1840). Observations sur la fauna pontique Démidoff, A. eds. Voyage dans la Russie méridionale et la Crimée. Vol III, Voyage Russie Mérid Paris 353635
- Oğuz, T., Tuğrul, S.** (1998). “Denizlerimizin Genel Oşinografik Özelliklerine Toplu Bir Bakış” (Editör: Görür, N.). *Türkiye Denizlerinin ve Çevre Alanlarının Jeolojisi*, İstanbul, 1-21.
- Oğuz, T., Öztürk, B.** (2011). Mechanisms impeding natural Mediterraneanization process of Black Sea fauna. *Journal of Black Sea/Mediterranean Environment*, 17: 234-253
- Oliveira, F., Erzini, K., Gonçaves, J.M.S.** (2007). Feeding habits of the deep-snouted pipefish *Syngnathus typhle* in a temperate coastal lagoon. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 72(1-2), 337-347.
- O’Reilly, K.M., Horn, M.H.** (2004). Phenotypic variation among populations of *Atherinops affinis* (Atherinopsidae) with insights from a geometric morphometric analysis. *J. Fish. Biol.*, 64: 1117-1135.
- Özdemir, M., Doğru, U.** (2007). Genetik karakterizasyonda mitokondriyal DNA kullanımı. *Atatürk Üniv. Zir. Fak. Derg.* 38 (1) 105-111.
- Özsoy, E., Hecht, A., Ünlüata, Ü.** (1989). “Circulation and hydrography of the Levantine Basin. Results of the POEM coordinated experiments 1985–1986”, *Progress in Oceanography*, 22: 125–170,
- Özsoy, E., Hecht, A., Ünlüata, U., Brenner, S., Oguz, T., Bishop, J., Latif, M. A. and Rozenraub, Z.** (1991). “A review of the Levantine Basin circulation and its variability during 1985–1988”, *Dynamics of Atmospheres and Oceans*, 15:421–456,
- Özsoy, E., Hecht, A., Ünlüata, U., Brenner, S., Sur, H., Bishop, J., Oguz, T., Rozenraub, Z. and Latif, M.A.** (1993). “A synthesis of the Levantine

- basin circulation and hydrography”, 1985–1990, *Deep-Sea Research*, 40(6):1075–1119
- Pallas, P.S.** (1814). Zoographia Rosso-Asiatica, sistens omnium animalium in extenso Imperio Rossico et adjacentibus maribus observatorum recensionem, domicilia, mores et descriptiones, anatomen atque icones plurimorum. 3 vols [1811–1814]. Petropoli. *Zool. Rosso-Asiatica* v. 3(I–vii): 1–428
- Parker, P. G., Snow, A. A., Schug, M. D., Booton, G. C., Fuerst, P. A.** (1998). What molecules can tell us about populations: choosing and using a molecular marker. *Ecology* 79, 361–382
- Paulus, T.** (1992). *Syngnathus safina* n. sp. and first record of *S. macrophtalmus* Duncker, 1915 from the Gulf of Aqaba, Red Sea (Pisces: Osteichthyes: Syngnathidae). – *Senckenbergiana biologica* 72:27–33.
- Pollard, D.A.** (1984). A review of ecological studies on seagrass- fish communities, with particular reference to recent studies in Australia. *Aquatic Botany* 18, 3-42.
- Rathke, H.** (1837). Beitrag zur fauna der Krym (Poissons) Mem. Sov. Etr. Sc. Sc-St-Petersburg. III, 309-354 pp.
- Roos, G., Wassenbergh S.V., Herrel A., Aerts P.** (2009). Kinematics of suction feeding in the seahorse *Hippocampus reidi*. *Journal of Experimental Biology* 212, 3490-3498.
- Ryer, C.H., Orth, R J.** (1987). Feeding ecology of the northern pipefish *Syngnathus fuscus* in a seagrass community of the lower Chesapeake Bay. *Estuaries* 10(4):330-336.
- Saccone, C., Pesole, G., Sbisà, E.,** (1991). The main regulatory region of mammalian mitochondrial DNA: Structure-function model and evolutionary pattern. *J. Mol.Evol.* 33: 83–91
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S.S., Scharf, J.R. Higuchi, G.T. Horn, K. B. Mullis, Erlich, H.A.** (1988). Primer-directed enzymatic amplification of DNA with thermostable DNA polymerase. *Science* 239:487–491.
- Saitou, N., Nei, M.** (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Salihoğlu, I., Saydam, C., Baştürk, O., Yılmaz, K., Göçmen, D., Hatipoğlu, E., Yılmaz, A.** (1990). Transport and distribution of nutrients and chlorophyll a by mesoscale eddies in the northeastern Mediterranean. *Marine Chemistry*, 29: 375-390.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T.** (1989). *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*, Second ed. Cold Spring Harbor Press, New York.
- Sanger, F., Nicklen, S., Coulson, A.R.** (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors., *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74, 5463-7.
- Sanna, D., Biagi F., Alaya, H.B., Maltagliati, F., Addis A., Romero, A., De Juan, J., Quignard, J.P., Castelli, A., Franzoi, P., Torricelli, P., Casu, M., Carcupino, M., Francalacci, P.** (2013). Mitochondrial DNA

variability of the pipefish *Syngnathus abaster*. *Journal of Fish Biology* 82(3), 856-876.

- Saydam, C., Tuğrul, S., Baştürk, O., Oğuz, T.** (1993). Identification of the oxic/anoxic interface by isopycnal surfaces in the Black Sea. *Deep Sea Research Part 1*. 40(7) 1405-1412
- Slastanenکو, E.** (1938). Catalogue of fishes of the Black and of the Azow Sea. *Trav. Arnold. Boil. St. II. Novorossjisk*.
- Slastenenکو, E.** (1955-1956). Karadeniz havzası balıkları. İstanbul: Et ve Balık Kurumu Yayınları (in Turkish).
- Small, C.M., Bassham, S., Catchen, J., Amores, A., Fuiten, A.M., Brown, R.S., Jones, A.G., Cresko, W.A.** (2016). The genome of the Gulf pipefish enables understanding of evolutionary innovations. *Genome Biol.* 17, 258. <http://dx.doi.org/10.1186/x13059-016-1126-6>
- Smith, P.J., McVeagh, S.M., Steinke, D.** (2008). DNA barcoding for the identification of smoked fish products. *Journal of Fish Biology* 72, 464–471.
- Stölting, K.N., Wilson, A.B.** (2007). Male pregnancy in seahorses and pipefish: Beyond the mammalian model. *BioEssays* 29, 884-896.
- Takahashi, E., Connolly, R.M., Lee, S.Y.** (2003). Growth and reproduction of double-ended pipefish, *Syngnathoides biaculeatus*, in Moreton Bay, Queensland, Australia. *Environmental Biology of Fishes* 67, 23-33.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S.** (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30, 2725-2729.
- Teixeira, R.L., Vieira J.P.** (1995). The breeding population of the pipefish, *Syngnathus folletti* (Pisces: Syngnathidae) from southern Brazil. *Atlântica, Rio Grande* 17, 123-134.
- Teixeira, R.L.** (1995). Reproductive and feeding biology of selected syngnathids (Pisces: Teleostei) of the western Atlantic. PhD thesis. College of William and Mary, Williamsburg (VA).
- Teske, P.R., Hamilton, H., Palsboll, P.J., Choo, C.K., Gabr, H., Lourie, S.A., Santos, M., Sreepada, A., Cherry, M.I., Matthee, C.A.** (2005). Molecular evidence for longdistance colonization in an Indo-Pacific seahorse lineage. *Marine Ecology Progress Series* 286, 249-260.
- Thompson, J.D., Higgins, D.G., and Gibson, T. J.** (1994). Clustal w: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* 22(22), 4673-4680.
- Tipton, K., Bell, S.S.** (1988). Foraging patterns of two syngnathid fishes: Importance of harpacticoid copepods. *Marine Ecology Progress Series* 47:31-43.
- Tortonese, E.** (1970). Osteichthyes (Pesci ossei) Parte prima (Osteichthyes (Bony fishes) First part. In: *Fauna d'Italia*. 564 pp.

- Tuğrul, S., Baştürk, O., Saydam, C., Yılmaz, A.** (1992). Changes in hydrochemistry of the Black Sea inferred from water density profiles. *Marine Chemistry*. 41: 265-270.
- Tzeng, T.D., Yeh, S.Y., Hui, C.F.** (2004). Population genetic structure of the kuruma prawn (*Penaeus japonicus*) in East Asia inferred from mitochondrial DNA sequences. *ICES J. Mar. Sci.*, 61:913-920.
- Ünlüata, Ü., Oğuz, T., Latif, M.A., Özsoy, E.** (1990). On the Physical Oceanography of the Turkish Straits, In: Pratt, L.J. (ed.), the On the Physical Oceanography of Sea Straits, NATO ASI Ser., Kluwer Acad. Norwell, Mass, 25–60
- Valle, C., Bayle J.T., Ramo, A.A.** (2003). Weight-length relationships for selected fish species of the western Mediterranean Sea. *Journal of Applied Ichthyology* 19, 261-262.
- Van, Wassenbergh S., Strother, J.A., Flammang, B., Ferry-graham, L.A., Aerts, P.** (2008). Extremely fast prey capture in pipefish is powered by elastic recoil. *Journal of Royal Society Interface*. 5:285-296.
- Van Buskirk, J.** (2002). A comparative test of the adaptive plasticity hypothesis: relationships between habitat and phenotype in anuran larvae. *Am. Nat* 160:87–102. Crossref, *PubMed*.
- Varvara, L.** (2015). Study on the biology of the Syngnathidae Family in Greece. Phd. Thesis.
- Vierstraete, A.** (1999). "Principle of the PCR." 11 Aug. 1999. University of Ghent. 6 Aug. 2008.
- Vincent, A.C.J., Berglund, A., Ahnesjo, I.** (1995). Reproductive ecology of five pipefish species in one eelgrass meadow. *Environmental Biology of Fishes* 44, 347-361.
- Vizzini, S., Mozzola, M.** (2004). The trophic structure of pipefish community (Pisces: Syngnathidae) from a western Mediterranean seagrass meadow based on stable isotope analysis. *Estuaries* 27:325-333.
- Wang, X., Zhang, Y., Zhang, H., Meng, T., Lin, Q.** (2016). Complete mitochondrial genome sequence of the longsnout seahorse *Hippocampus reidi* (Ginsburg, 1933; Gasterosteiformes: Syngnathidae). *Mitochondrial DNA*, 27, 1401–1402.
- Ward, R.D., Zemplak, T.S., Innes, B.H., Last, P.R., Hebert, P.D.N.** (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.*, 360, 1847–1857. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>
- West-Eberhard, M.J.** (1989). Phenotypic plasticity and the origins of diversity. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 20:249–278.
- Wheeler, A.** (1973). Syngnathidae. Check-list of the fishes of the north-eastern Atlantic and of the Mediterranean (C.L.O.F.N.A.M.). Ed. J. C. Hureau & Th. Monod; Unesco. Paris. 1:274-279.
- Wilson, A.B., Vincent, A., Ahnesjo, I., Meyer, A.** (2001). Male pregnancy in seahorses and pipefishes (Family Syngnathidae): Rapid diversification

of paternal brood pouch morphology inferred from a molecular phylogeny. *American Genetics Association* 92, 159-166.

- Wilson, A.B., Ahnesjö, I., Vincent, A.C.J., Meyer, A.** (2003). The dynamics of male brooding, mating patterns, and sex roles in pipefishes and seahorses (Family Syngnathidae) *Evolution* 57(6), 1374-1386.
- Wilson A.B.** (2006). Genetic signature of recent glaciation on populations of a nearshore marine fish species (*Syngnathus leptorhynchus*). *Molecular Ecology* 15, 1857-1871.
- Wilson A.B., Veraguth I.E.** (2010). The impact of Pleistocene glaciation across the range of a widespread European coastal species. *Molecular Ecology* 19, 4535-4553.
- Woodall, L.C., Koldewey, H.J., Shaw, P.** (2011). Historical and contemporary population genetic connectivity of the European short snouted seahorse, *Hippocampus hippocampus*, and implications for management. *Journal of Fish Biology*. 78, 1738-1756.
- Woods, C.M.C.** (2005). Reproductive output of male seahorses, *Hippocampus abdominalis*, from Wellington Harbour, New Zealand: implications for conservation. *New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research* 39, 881-888.
- Yıldız, T., Uzer, U., Karakulak, F.S.** (2015). Preliminary report of a biometric analysis of greater pipefish *Syngnathus acus* Linnaeus, 1758 for the western Black Sea. *Turk J. Zool.* 39:917-924.
- Yılmaz, A.** (2002). Türkiye Denizlerinin Biyo jeokimyası: Dağılımlar ve Döngüler, *Turkish J. Eng. Env. Sci.* 26, 219 – 235.
- Zemlak, T.S., Ward, R.D., Connell, A.D., Holmes, B.H., Hebert, P.D.N.** (2009). DNA barcoding reveals overlooked marine fishes. *Molecular Ecology Resources*, 9 (S1): 237-242
- Zhang, D.X., Hewitt, G.M.** (1997). Insect mitochondrial control region: a review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25: 99-120.
- Zhang, Y.H., Qin, G., Zhang, H.X., Wang, X., Lin, Q.** (2017). DNA barcoding reflects the diversity and variety of brooding traits of fish species in the family Syngnathidae along China's coast. *Fisheries Research*, 185 : 137-144.
- Zhi, C., Yan, Z., Zhiqiang, H.** (2016). Morphological characters and DNA barcoding of *Syngnathus schlegeli* in the coastal waters of China. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*. Doi: <http://dx.doi.org/10.1007/s00343-017-6206-2>

URL 1- <http://www.bio.davidson.edu/courses/bio111/seq.html>.15.09.2012

ÖZGEÇMİŞ



Ad-Soyad : Adnan Çağlar ORUÇ
Doğum Tarihi ve Yeri : 01/01/1985 İZMİR
E-posta : acaglaroruc@gmail.com

ÖĞRENİM DURUMU:

- **Lisans** : 2008, Ege Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi
- **Yükseklisans** : 2012, Ege Üniversitesi, Su Ürünleri Yetiştiriciliği Anabilim Dalı
- **Doktora** : 2017, İzmir Katip Çelebi Üniversitesi, Su Ürünleri Anabilim Dalı

MESLEKİ DENEYİM

- 2012-2017 İzmir Katip Çelebi Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi'nde Araştırma Görevlisi olarak çalıştı.

DOKTORA TEZİNDEN TÜRETİLEN YAYINLAR

- **Oruç, A. Ç., Engin, S.** 2017. Morphological and Genetic Comparison of Black Sea and Aegean Sea Populations of Broadnosed Pipefish, *Syngnathus typhle* (Syngnathidae). Submitted to *Zoology in the Middle East*.
- **Oruç, A. Ç., Seyhan, D., Engin, S.** 2017. Morphological Comparison of Frequently Misidentified Two Mediterranean Pipefish. *XIII. Congress of Ecology and Environment With International Participation*. Edirne, Turkey.