T.C.
SELÇUK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

PSEPHELLUS AUCHERIANUS (DC.) BOISS. (ASTERACEAE) KOMPLEKSİNE AİT TÜR POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

MERYEM BOZKURT

DOKTORA TEZİ
Biyoloji Anabilim Dalını

Ağustos-2015
KONYA
Her Hakkı Saklıdır

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

Meryem BOZKURT

07.08.2015

ÖZET

DOKTORA TEZİ

PSEPHELLUS AUCHERIANUS (DC.) BOISS. (ASTERACEAE) KOMPLEKSİNE AİT TÜR POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

Meryem BOZKURT

SELÇUK ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ BÖLÜMÜ ANABİLİM DALI

Danışman: Doç. Dr. Tuna UYSAL

2015, 157 Sayfa

Jüri
Danışman: Doç. Dr. Tuna UYSAL
Prof. Dr. Kuddisi ERTUĞRUL
Prof. Dr. Leyla AÇIK
Prof. Dr. Muhittin DİNÇ
Doç. Dr. Emine ARSLAN

Bu tez çalışmasıyla *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba olduğu düşünülen *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* taksonları morfolojik, mikromorfolojik, karyolojik ve moleküler metotlar ile incelenmiş taksonların karakterizasyonu yapılarak, akrabalık ilişkileri ve populasyonların genetik yapıları detaylı bir biçimde ele alınmıştır. Taksonomik olarak yakın akraba takson veya grupların her ne kadar sınırlarını belirlemek kolay olmasada elde edilen veriler doğrultusunda *Ps. sintenisii*'nin *Ps. aucherianus* orjinli olduğu ve genetik sürüklenmenin etkisiyle serpantine adapte olarak hem genetik hem de taksonomik açıdan önemli derecede farklılaştığı belirlenmiştir. Uygulanan moleküler markırlar *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* taksonlarının aynı soydan türemiş yakın akraba taksonlar olduğuna işaret etmiş, karyolojik ve moleküler verilerin yanısıra küçük morfolojik farklılıklara dayalı olarak taksonlar karakterize edilmiştir. SEM analizlerinden gelen aken mikromorfolojisi verilerine göre en farklılaşmış takson olarak *Ps. sintenisii* gözükmektedir. Karyolojik veriler yakın akraba taksonların oldukça benzer karyomorfolojik özelliklere sahip olduğunu bildirmektedir. Karyotip formülleri türlere özgün olup taksonomik ayrım yapmaya imkân vermektedir. Buna göre türler diploid kromozom sayısına sahip olup (2n=30), cinse ait özgün temel kromozom sayısını (x=15) içermektedir. Moleküler veriler temel olarak ele alınan üç taksonun ortak bir orjinden kaynaklandığını ve belli gen bölgeleri açısından farklılaşmış olduklarına işaret etmekte, belirli bariyerlerin etkisi altında hızla farklılaşarak evrilmeye devam ettiklerini göstermektedir. Bununla birlikte AFLP ve *matK*'dan gelen bilgiler populasyon bazında genetik varyasyon seviyelerinin düşük olmasının taksonların geleceğine yönelik bir riskin varlığına dikkat çekmektedir. Buna bağlı olarak, *Ps. aucherianus*'a ait üç, *Ps. yusufeliensis*'e iki ve tek tip lokaliteden bilinen *Ps. sintenisii*'ye ait populasyonlar üzerinde yapılan moleküler analizler her bir populasyon arası genetik farklılaşmanın yüksek olduğunu açığa çıkarmıştır. Sonuç olarak nadir endemik türler için genel olarak öngürüldüğü gibi ele alınan taksonların genetik çeşitlilik seviyelerinin düşük olması sebebiyle, insan etkisiyle olmasa bile doğal etkiler nedeniyle nesli tükenme riski ile karşı karşıya oldukları belirlenmiştir. Oldukça izole yayılış gösteren *Ps. aucherianus*, *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* taksonlarının nispeten düşük tohum ve polen yayma kapasiteleri, kendileşmeye uygun üreme davranışları ve genetik süreklenmenin neden olduğu gen havuzundaki fakirleşmeler (genetik yapı ve populasyonların ileri seviyede farklılaşması) sonucunda lokal bir nesli tükenme tehditi ile karşı karşıya oldukları ortaya çıkarılmıştır. Populasyon gözlemlerimiz ve moleküler analizlerimizden ortaya çıkan değerlendirmelere göre Uluslararası IUCN kriteleri dikkate alındığında *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* CR (Critically Endangered/ Kritik Tehlikede), *Ps. aucherianus* ise EN (Endangered/ Tehlikede) olarak değerlendirilmiştir.

Anahtar Kelimeler: cpDNA haplotip, endemik, genetik çeşitlilik, karyomorfoloji, koruma, meyve yüzeyi, moleküler markırlar, Türkiye.

ABSTRACT

Ph. D THESIS

DETERMINATION OF THE GENETIC VARIATION IN POPULATIONS BELONGING TO *PSEPHELLUS AUCHERIANUS* (DC.) BOISS. (ASTERACEAE) COMPLEX SPECIES

Meryem BOZKURT

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK UNIVERSITY
THE DEGREE OF DOCTOR OF PHILOSOPHY IN BIOLOGY

Advisor: Assoc. Prof. Dr. Tuna UYSAL

2015, 157 Pages

Jury
Advisor: Assoc. Prof. Dr. Tuna UYSAL
Prof. Dr. Kuddisi ERTUĞRUL
Prof. Dr. Leyla AÇIK
Prof. Dr. Muhittin DİNÇ
Assoc. Prof. Dr. Emine ARSLAN

In this thesis, the relationship between *Psephellus sintenisii* and *Ps. yusufeliensis*, which are assumed to be closely related to *Ps. aucherianus* taxa, and genetic structures of their populations have been investigated in detail by characterizing taxa morphologically, micromorphologically, karyologically and molecular methods. Although it is not easy to detect the limits of closely related taxa or groups taxonomically, it is found out that *Ps. sintenisii* is originated from *Ps. aucherianus*, and with the effect of genetic drift it is differed from *Ps. aucherianus* significantly by adapting serpentine both genetically and taxonomically, using obtained data. Applied molecular markers have shown that *Ps. aucherianus*, and *Ps. yusufeliensis* taxa are closely related and have originated from the same ancestry. In addition to karyologic and molecular data, taxa have been characterized based on the minor morphological differences. According to the achene micromorphology data obtained from SEM analyses, it is found that *Ps. sintenisii* is the most differentiated taxon. Karyologic data show that closely related taxa have highly similar karyomorphologic properties. Karyotype formulas are specific for the species, and they give oppurtunity to separate species taxonomically. According to this, the species have diploid chromosomes (2n=30), and have the specific basic chromosome number (x=15) for the genus. Molecular data show that three taxa come from the same origin and differentiate in certain gene regions, and they continue to evolve rapidly under the effect of certain barriers. Besides, data obtained using AFLP and *matK* point out that there is a risk about the future of taxa because of low genetic variation level on population basis. According to the molecular analyses made using three populations of *Ps. aucherianus*, two populations of *Ps. yusufeliensis*, and one population of *Ps. sintenisii* reveal that there is a high genetic differentiation between each population. In conclusion, as generally predicted for rare endemic species, low genetical variation levels of the taxa under investigation, *Ps. aucherianus*, *Ps. sintenisii*, and *Ps. yusufeliensis* taxa are under the risk of extinction, not because of human effect, but because of natural reasons. As a result of relatively low seed and polen spreading capacity of *Ps. aucherianus*, *Ps. sintenisii*, and *Ps. yusufeliensis* taxa, production behavior appropriate for inbreeding, and impoverishment caused by genetic drift in the gene pool (differentiation of genetic structures and populations in advanced level), it is understood that these taxa, which spread isolatedly are under the local risk of extinction. According to the evaluation resulted from population observations and molecular analyses, when international IUCN criteria are taken

into consideration, *Ps. sintenisii*, *Ps. yusufeliensis* should be categorized as CR (Critically Endangered). *Ps. aucherianus* are considered as EN (Endangered), respectively.

Keywords: Conservation, cpDNA haplotype, endemic, fruit surface, genetic diversity, karyomorphology, molecular markers, Turkey.

ÖNSÖZ

Tez çalışmamın her aşamasında yol gösteren, engin bilgi ve tecrübesinden, yönlendirici katkılarından faydalandığım ve her türlü zorlukta verdikleri büyük destek için danışman hocam sayın Doç. Dr. Tuna UYSAL'a en içten saygı ve şükranlarımı sunarım. Çalışma materyallerinin elde edilmesinde ve çalışma sürecim boyunda hiçbir zaman yardımını esirgemeyen ve her zaman destek olan, bilgi birikimini benimle paylaşan ve tez izleme komitemde bulunan sayın hocam Prof. Dr. Kuddisi ERTUĞRUL'a içtenlikle teşekkürlerimi sunarım. Tez izleme komitemde bulunan ve çalışmamın yönlendirilmesine katkı sağlayan sayın hocam Prof. Dr. Leyla AÇIK'a teşekkürlerimi sunarım. Taramalı elektron mikroskop analizleri sonucu elde edilen verilerin analizinde yardımcı olan sayın hocam Doç. Dr. Feyza Candan'a teşekkür ederim. Laboratuvar çalışmalarım sırasında yardımcı olan arkadaşım Arş. Gör. Ela Nur ŞİMŞEK SEZER'e ve Betül Sena TEKKANAT'a teşekkür ederim.

Eğitim hayatım boyunca benden maddi manevi desteğini ve inancını esirgemeyen, çalışma süresince büyük anlayış gösteren ve her zaman her durumda bana verdikleri güven ve sonsuz destek için babam Hasan Hüseyin BOZKURT'a, annem Fatma BOZKURT'a, ağabeyim İsmail BOZKURT'a, ablam SİBEL ERKUL'a ve yeğenlerime en derin teşekkürlerimi sunarım.

Meryem BOZKURT
KONYA-2015

İÇİNDEKİLER

ÖZET ..... **iv**

ABSTRACT ..... **vi**

ÖNSÖZ ..... **viii**

İÇİNDEKİLER ..... **ix**

ŞEKİL VE TABLO LİSTESİ ..... **xi**

1. GİRİŞ **1**

1.1.Populasyon Genetiği Çalışmalarında Kullanılan Moleküler Yöntemler 3
1.1.1. SSR (Mikrosatellit-basit dizi tekrarları) 3
1.1.2. AFLP (Çoğaltılmış fragment uzunluk polimorfizmi) 4
1.1.3. *matK* (*Maturaz kinaz*) 6
1.2. *Psephellus aucherianus* ve Yakın Akraba Taksonların Yayılış Alanlarının Coğrafik Yapısı 7
1.3. *Psephellus aucherianus* ve Yakın Akraba Taksonların Taksonomik Problemleri ve Populasyonların Genetik Yapısı 10

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI **13**

3. MATERYAL VE YÖNTEM **22**

3.1. Materyal 22
3.2. Sitolojik Yöntem 23
3.3. Moleküler Yöntem 24
3.3.1. Moleküler markırlar 24
3.3.2. DNA izolasyonu 24
3.3.3. PZR çoğaltımları 25
3.3.4. Veri Analizi 30
3.4. Sayısal Yöntem 34
3.5. Mikromorfolojik Yöntem 34

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA **35**

4.1. Araştırma Sonuçları 35
4.1.1. Morfolojik bulgular 35
4.1.2. Sayısal bulgular 50
4.1.3. Mikromorfolojik bulgular 52
4.1.4. Sitolojik bulgular 56
4.1.5. Moleküler bulgular 62
4.2. Tartışma 89

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER **101**

5.1. Sonuçlar 101

5.2. Öneriler 102

6. KAYNAKLAR 104

EKLER 125

ÖZGEÇMİŞ 143

ŞEKİL VE TABLO LİSTESİ

Şekil 1.1. *Psephellus aucherianus* ve *Ps. sintenisii* populasyonlarının Türkiye'deki doğal yayılış alanları 11
Şekil 1.2. *Psephellus aucherianus*, *Ps. sintenisii* ve *Ps yusufeliensis* populasyonlarının Türkiye'deki doğal yayılış alanları 11
Şekil 4.1. *Ps. aucherianus* (DC.) Boiss. taksonunun yayılışı (Endemik) 38
Şekil 4.2. *Ps. aucherianus* (DC.) Boiss. 39
Şekil 4.3. *Ps. aucherianus* (DC.) Boiss. türünün tip örneği 40
Şekil 4.4. *Ps. sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal taksonunun yayılışı (Endemik) ... 43
Şekil 4.5. *Ps. sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal 44
Şekil 4.6. *C. sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal Türünün Tip örneği 45
Şekil 4.7. *Ps. yusufeliensis* Tugay & Uysal taksonunun yayılışı (Endemik) 48
Şekil 4.8. *Ps. yusufeliensis* Tugay & Uysal 49
Şekil 4.9. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken genel görünümü 52
Şekil 4.10. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken yakın yüzey görünümü 52
Şekil 4.11. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken pappus görünümü 53
Şekil 4.12. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken pappuslarının yakın görünümü 53
Şekil 4.13. Numerik analizlere dayalı veri matrisinden oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait fenetik dendogram ... 55
Şekil 4.14. Numerik analizlere ait veri matrisinden oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait fenetik temel unsur analizi (PCA) 56
Şekil 4.15. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait Metafaz kromozomlarının görünümü 58
Şekil 4.16. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait İdiogramların görünümü 59
Şekil 4.17. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait Karyogramlarının görünümü 60
Şekil 4.18. *Ps. aucherianus* (Paum ve Psau) populasyonlarına ait izole edilen DNA jel görüntüsü 62
Şekil 4.19. *Ps. aucherianus* (Padu ve Pser) populasyonlarına ait izole edilen DNA jel görüntüsü 63
Şekil 4.20. ITS+ *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ +*matK* kombine dizilerine ait kombine analizleri (Neigbor joining) ile oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlarına ait filogenetik akrabalığı gösteren soyağaç 64
Şekil 4.21. ITS+*matK* kombine dizilerine ait kombine analizleri (Parsimoni) ile oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait filogenetik akrabalığı gösteren soyağaç 66
Şekil 4.22. 12B1 primerine ait jel görüntüsü 67
Şekil 4.23. 28A7 primerine ait jel görüntüsü 67
Şekil 4.24. 21D9 primerine ait jel görüntüsü 68
Şekil 4.25. 13D10 primerine ait jel görüntüsü 68
Şekil 4.26. GENETIX programında *P. aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait 3-boyutlu Faktöriyel Bileşenler Analizi (FCA) ile oluşan dağılım görünümü 71

Şekil 4.27. GENETIX programında *Ps. aucherianus* ve yakın akraba taksonların bireylerine ait 3-boyutlu Faktöriyel Bileşenler Analizi (FCA) ile oluşan dağılım görünümü 71
Şekil 4.28. Çalışmada kullanılan AFLP primer kombinasyonları arasındaki ilişkiler 72
Şekil 4.29. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb1(700-800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü 73
Şekil 4.30. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb4 (700-800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü 74
Şekil 4.31. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb5(800) ve Komb7(700) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü 75
Şekil 4.32. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb7(800) ve Komb8(800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü 75
Şekil 4.33. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb10(700-800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü 76
Şekil 4.34. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının AFLP kombine verilerinden elde edilen Jaccard benzerlik indeksine dayalı UPGMA kümelemeyi gösteren dendogram 78
Şekil 4.35. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların kombine verilerinden elde edilen temel unsur analizi (PCA) 79
Şekil 4.36. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların kombine verilerinden elde edilen temel koordinat analizi (PCoA) 79
Şekil 4.37. *Psephellus* aucherianus ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait cpDNA'halotipleri ve nükleotid dizi değişmeleri 80
Şekil 4.38. Türkiye'de *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların haplotip ağ (network) analizi 84
Şekil 4.39. Türkiye'de *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların 14 haplotipinin coğrafik dağılım ve sıklığı 85
Şekil 4.40. Kuvarterner'de dağlık alanların yüksek kesimlerinde çok daha geniş alanlar kaplayan daimi buzullar 93

TABLO LİSTESİ

Tablo 3.1.1. Araştırmada incelenen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların kodları, toplayıcı numaraları ve lokaliteri 22
Tablo 3.1.2. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların analizlerinde kullanılan moleküler markırlar..... 22
Tablo 3.1.3. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların morfolojik, mikromorfolojik ve sitolojik analizlerinde kullanılan örnekler..... 23
Tablo 3.1.4. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların moleküler analizinde kullanılan primerler..... 29
Tablo 4.1.1. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba türlere ait populasyonların sayısal taksonomisinde kullanılan karakterler..... 51
Tablo 4.1.2. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait tohum yüzey yapılarına ait veriler..... 54
Tablo 4.1.3. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonların bireylerine ait kromozom ölçüleri..... 61
Tablo 4.1.4. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonların bireylerine ait karyotip simetrileri 61
Tablo 4.1.5. 13D10 lokusuna ait istatiksel parametreler..... 70
Tablo 4.1.6. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait AFLP primer kombinasyon sonuçları..... 76
Tablo 4.1.7. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait POPGENE programı ile hesaplanan populasyon içi genetik çeşitlilik ve populasyonlar arası farklılaşma parametreleri..... 77
Tablo 4.1.8. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait AFLP verilerine göre POPGENE programı ile genetik ilişkiler..... 77
Tablo 4.1.9. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların her bir lokalitedeki populasyonlarının haplotip dağılımı..... 83
Tablo 4.1.10. *matK* verilerine ait istatiksel hesaplamalar..... 86
Tablo 4.1.11. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının tüm haplotipleri için moleküler varyans analiz sonuçları..... 86

1. GİRİŞ

Bir ülkenin en önemli doğal kaynaklarından birisi de bitki örtüsüdür. Bu nedenle her ülke kendi florasına ait bitkileri tespit etmekte, onlar üzerinde dokümantasyon, gen kaynaklarının belirlenmesi, değerlendirilmesi ve bitkilerin doğal ortamlarında korunması gibi benzer konularda çalışmalar yapmaktadır (Uysal, 2006).

Türkiye, bitki çeşitliliği bakımından dünyanın en zengin ülkelerinden biridir. Bu oluşumun en önemli nedenleri; iklim farklılıkları, topografik, jeolojik ve jeomorfolojik çeşitlilikler, deniz, göl, akarsu gibi değişik su ortamı çeşitlilikleri, yükseklik ve ekolojik farklılıklardır (Atalay, 1994). Türkiye Florasının ilginçliği, bu farklılıkların sonucu olarak meydana gelen tür zenginliğinin yanı sıra, çok sayıda endemik tür içermesinden de kaynaklanmaktadır. Bu özellikler, ülkemiz için endemik türlerin geleceği açısından *in situ* ve *ex situ* koruma çalışmalarının önemini artırmaktadır (Tan 2010).

Ancak, iklim değişikliği, kirlenme, doğal kaynakların bilinçsiz kullanımı, sürdürülebilir olmayan kaynakların kullanımı ve hızlı nüfus artışı biyolojik çeşitliliğin azalmasına ve türlerin yok olmasına neden olmaktadır. Habitatların yok olması veya zarar görmesi, birçok bitki ve hayvan türünün neslinin tükenmesine yol açmakta ve bu sorunlardan en çok endemik türler etkilenmektedir. Bu yüzden, dünyada biyolojik çeşitliliğin korunması için çalışmalar başlatılmıştır (Demirayak, 2002).

Bu konuda, dünyada yetişen bitki türlerinin, özellikle çoğunluğu dar ve sınırlı yayılışa sahip endemiklerin korunmaları konusunda son yıllarda oldukça ciddi çalışmalar yapılmaktadır. Bu çalışmalarda öncelikle türlerin uluslararası tehlike sınıflarından (IUCN) hangisine ait oldukları saptanmaktadır. Alınacak önlemlerde öncelik halen çok baskı altında olup, nesli kaybolma tehdidi altında olanlara verilmektedir (Sözen ve Özaydın, 2009, 2010).

Dünya Doğa ve Doğal Kaynakları Koruma Birliği (IUCN) biyolojik çeşitliliği genler, türler ve ekosistem seviyesinde korumayı tavsiye etmektedir. Bu kapsamda, koruma genetiği koruma amaçları için moleküler araçları ve evrimsel genetiği kullanan uygulamalı bir bilim olarak karşımıza çıkmaktadır (Hamrick ve Godt, 1996; Frankham ve ark., 2010; Mills, 2006). Uygun koruma stratejileri populasyonlar arası ve içi genetik çeşitliliğin uzaysal dağılımının ve büyüklüğünün güvenli tahminlerini gerektirmektedir (Hamrick ve Godt, 1996; Frankham, 2005; Frankham ve ark., 2010).

Birçok nadir tür, küçük izole populasyonlarda ortaya çıkmakta ve genetik çeşitlilik seviyesinde azalma göstermektedir (Ellstrand ve Elam, 1993; Cole, 2003).

Genetik çeşitlilik adaptif evrimsel değişim için ham bir materyal olup, populasyonların değişen çevre şartlarına adaptasyonuna imkân vermektedir (Hedrick, 2005). Nadir ve tehdit altındaki türlerin; küçük populasyon büyüklüğü, habitat özgüllüğü ve izolasyon gibi özelliklere sahip olmaları, türlerin adaptasyon kabiliyetini azaltmakta ve genetik erozyona karşı hassasiyet oluşturmaktadır. Bu yüzden nadir türlerde genetik çeşitliliğin sürdürülmesi korumanın öncelikli amacını oluşturmaktadır (Ellstrand ve Elam, 1993; Hamrick ve Godt, 1996; Frankham ve ark., 2002; Cole, 2003; Leimu ve ark., 2006). Genetik sürüklenme, izolasyon, kurucu etkisi ve populasyon darboğazı gibi çoklu faktörlerin etkilediği küçük populasyonlarda genetik çeşitliliğin kaybolduğu tahmin edilmektedir (Godt ve ark., 1996). Bir populasyonda allel frekansındaki sanşa bağlı olarak rasgele değişimler genetik sürüklenme olarak tanımlanmaktadır. Genetik çeşitliliği azalmış izole populasyonlar genetik sürüklenme etkisine karşı daha hassastır (Ellstrand ve Elam, 1993; Willi ve ark., 2006). Kurucu etkisi yeni bir alanda genetik sürüklenmenin etkisiyle gelişen bir populasyondur. Populasyon büyüklüğünde genetik sürüklenmeye bağlı zoraki bir azalmaya neden olan dar boğaz etkisidir (Perez 2014). Bir populasyonun dar boğaz etkisine maruz kalması genetik çeşitliliğin kaybolmasına neden olmaktadır (Ricklefs ve Miller, 1999). Özellikle, küçük etkili populasyon büyüklüğüne sahip populasyonlar genetik dar boğaz ve genetik sürüklenmeye daha yatkındır (Hamrick ve ark., 1991). Gen akışı populasyonlar arasında genetik özelliklerin değişimi olarak ifade edilmektedir (Starnes, 2004). Gen akışı ve/veya populasyon büyüklüğünde azalma yaşamış türler küçük populasyon büyüklüğünden dolayı genetik erozyona karşı çok daha hassastır (Honnay ve Jacquemyn, 2007; Aguilar ve ark., 2008).

Habitat parçalanması, habitat tahribi ve çevresel stresten dolayı birçok bitki populasyonun evrimsel potansiyelini tehlikeye düşüren gittikçe artan bir izolasyonla karşı karşıyadır. Bu koşullar altında bitki koruma genetiği nadir türlerin korunmasında hayati öneme sahiptir (Perez, 2014).

Koruma ve restorasyon programlarının amacı populasyonlarda genetik çeşitliliğin sürdürülmesiyle türlerin evrimsel potansiyelinin iyileştirilmesi ve korunmasıdır (Mattner ve ark., 2002). Koruma programlarında, populasyonlarda yüksek çeşitliliğe sahip genetik yapılara öncelik verilmesinin nedeni; genetik çeşitliliğin doğrudan ekolojik başarıyı etkileyen kritik bir özellik olmasından kaynaklanmaktadır (Frankel, 1974). Bu hedef doğrultusunda nadir ve tehlike altında bulunan populasyonların genetik çeşitlilik seviyesinin belirlenmesi ve buna bağlı olarak uygun koruma stratejilerinin uygulanmasıyla populasyonların değişen çevreye karşı varlığını

devam ettirmesi istenmektedir (Falk ve Holsinger, 1991; Francisco-Ortega ve ark., 2000).

Genel itibariyle habitat tahribi, iklim değişikliği, kirlenme ve hızlı nüfus artışı gibi çeşitli faktörler sebebiyle tehlike altında bulunan türler genellikle risk altında olmayan türlerden daha düşük seviyede genetik çeşitliliğe sahip olduğundan populasyon büyüklüklerindeki azalma sonucu doğrudan genetik çeşitlilik kaybı ve sonunda türlerin yok olma riski ile karşılaşmasına neden olmaktadır. Tehdit altındaki türler için yok olmanın önüne geçilebilmesi için populasyonlar üzerinde çeşitli moleküler teknikler kullanılarak genetik çeşitlilik seviyesini gösteren analizlerin yapılması ve koruma programlarının geliştirilmesi gerekliliği ortaya çıkarmaktadır (Falk ve Holsinger, 1991; Swensen ve ark., 1995; Godt ve Hamrick, 1995).

Bu kapsamda, moleküler markırların hızla gelişmesi doğal bitki türlerinin genetik çeşitliliğini ve populasyon farklılaşmasını çalışmak için etkili bir araç sağlamaktadır (Parker ve ark., 1998; O'Hanlon ve ark., 2000). Tehlike altındaki türlerin korunmasına yönelik yapılan çalışmalarda AFLP, SSR, ISSR ve RAPD gibi çeşitli genetik markırlar kullanılmaktadır. Bu markırların kullanılmasıyla çalışılan türe ait genetik çeşitlilik tespit edilmekte ve elde edilen sonuçlardan yola çıkılarak tükenme tehdidi ile karşı karşıya olan türün normal şartlar altında doğal seçilime ne kadar süre dayanabileceği tahmin edilmekte ve korunma altına alınması için gerekli stratejiler belirlenmektedir. Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde yüksek polimorfizm, dominant ve kodominant karakter gösteren, genomun bütününde yaygın olarak bulunan, çevre şartlarından etkilenmeyen, kolay uygulanabilir, hızlı ve maliyeti düşük olan, laboratuvarlar arasında veri değişimine olanak sağlayabilen moleküler markırlar kullanılmaktadır (Kumar ve ark., 2009; Mondini ve ark., 2009).

1.1.Populasyon Genetiği Çalışmalarında Kullanılan Moleküler Yöntemler

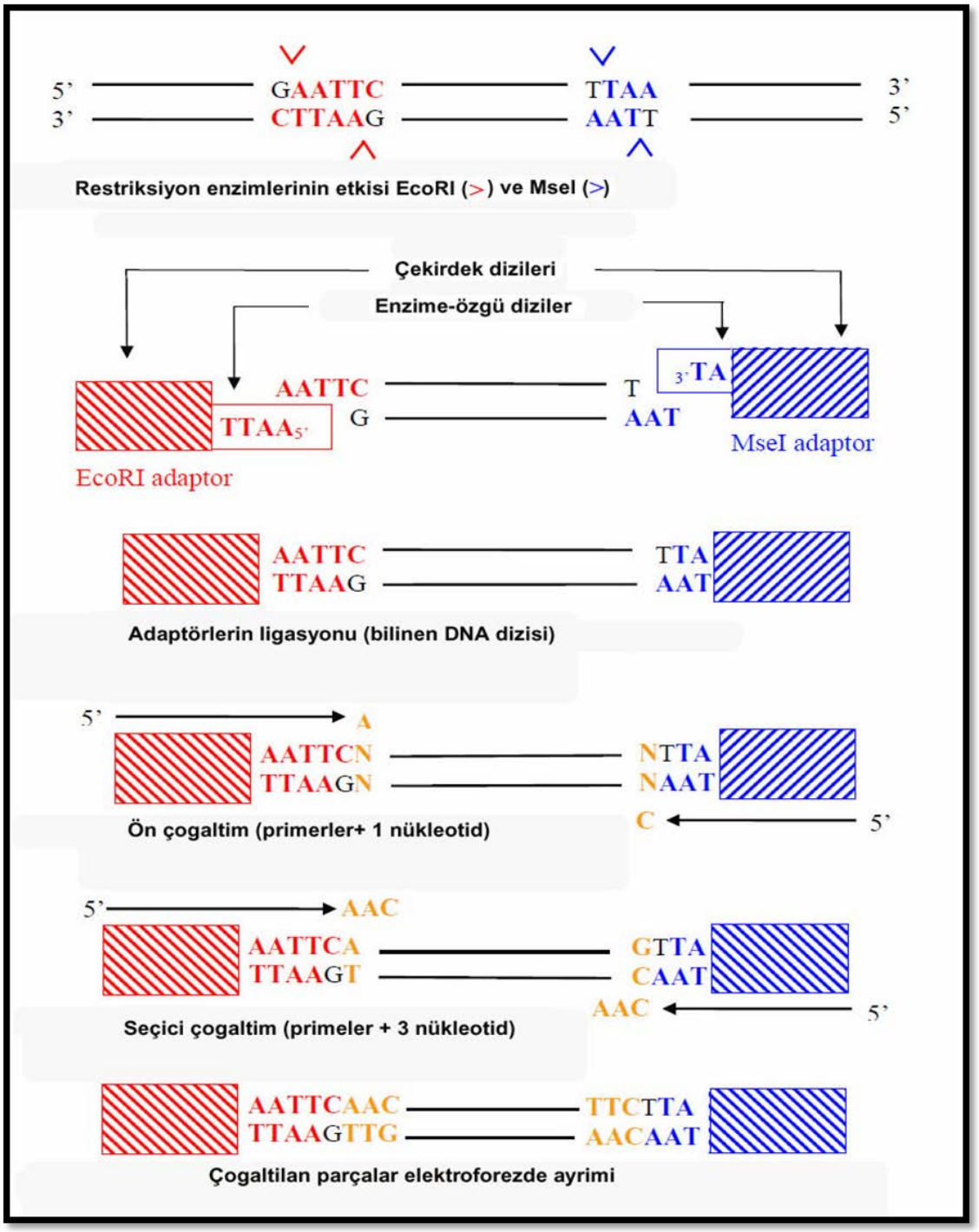
1.1.1. SSR (Mikrosatellit-basit dizi tekrarları)

Basit dizi tekrarı (Simple sequence repeat, SSR) olarak adlandırılan mikrosatellitler, çoğu ökaryot türlerin genomu boyunca 1-6 arasında değişen basit dizi tekrar motifleridir. 1-6 nükleotidden oluşan basit dizilerin sayısı 5-100 arasında değişim göstermektedir (Powel ve ark., 1996). Genomun transkribe olan ya da olmayan bölgelerine ait olan mikrosatellit markırlar nadiren de genomun fonksiyonlarına ilişkin

bilgiler verilebilir. Yüksek düzeyde varyasyon göstermelerinden dolayı, mikrosatellitler genellikle yakın akraba genotiplerin ayrılması için uygun bir markır olduğu belirtilmiştir (Kumar ve ark., 2009). Bu yüzden, populasyon çalışmaları ve yakın akraba kültür bitkilerinin ayrımında kullanılabileceği, mikrosatellitlerin hem türler hem de populasyonlar içi ve arası filogenetik akrabalığın, evrimin, genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi ve tanımlanmasında kullanılan güçlü markır olduğu, doğal seçilime maruz kalmış lokuslar için genetik varyasyonun tespitinde kullanılabileceği ifade edilmiştir (Smith ve Devey, 1994, Chen ve ark., 1997; Joshi ve ark., 2000; Song ve ark., 2003; Frankham ve ark., 2004; Zong-Yun ve ark., 2006;). SSR markırlarının akraba türler arasında çapraz çoğaltımının oldukça düşük olması ve yeni lokus geliştirmenin pahalı ve zaman alması gibi bazı dezavantajları bulunmaktadır (Perez, 2014).

1.1.2. AFLP (Çoğaltılmış fragment uzunluk polimorfizmi)

AFLP markırların özellikle genomu hakkında herhangi bir bilgiye sahip olunmayan türlerde çalışması nadir bitki türlerinin populasyon genetiği çalışmalarında oldukça fayda sağlamaktadır (Jones ve ark., 1997; Palacios et al., 1999; Mba and Tohme, 2005). AFLP genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan ve her PZR reaksiyonunda çok sayıda bilgi verici bant elde edilen moleküler markırlardır. Dominant bir markır olan AFLP ile heterozigotluk doğrudan tespit edilmemesine rağmen, analiz için çok sayıda örnek olmadığında bir örnekte nadir allelleri yakaladığı için, polimorfizmin tespit edilmesinde güvenilir bir veri sağlamaktadır (Vilatersana ve ark., 2007; Wu ve ark., 2014). AFLP, RFLP (Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi) ve RAPD'den (rasgele çoğaltılmış polimorfizm) çok daha fazla oranda polimorfik bant ürettiği için bitkiler de populasyonların genetik yapısını hızlıca değerlendirmede oldukça yaygın kullanılan bir yöntemdir (Garcia-Mas ve ark., 2004). AFLP markırları ile bir tür içindeki popülasyonları ayırmaktan ziyade bir cins içerisindeki türleri ayırmak için daha faydalı bir yöntemdir (Moncada ve ark., 2005).

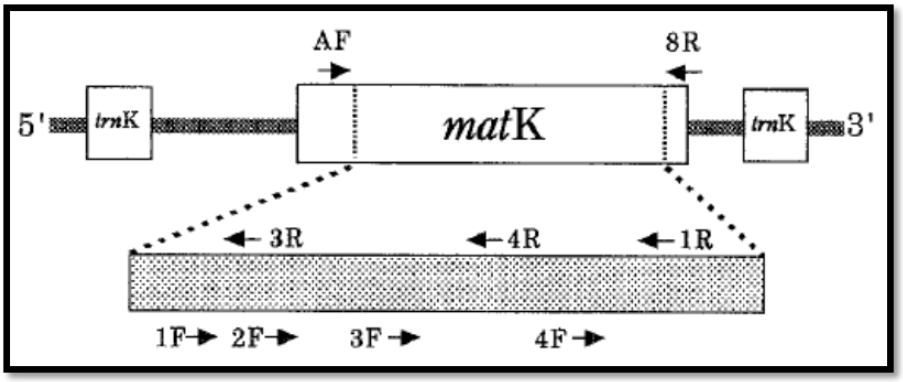


(http://sundoc.bibliothek.uni-halle.de/diss-online/03/04A298/t8.pdf)

AFLP tekniği ile genomik DNA ilk önce birisi altı (*EcoRI*), diğeri dört bazı (*MseI*) tanıyan iki restriksiyon enzimi tarafından kesilir. Kesilen bu parçaların uçlarına adaptör moleküller eklenir. Adaptör moleküller dizisi bilinen 20 nükleotidlik bir DNA molekülünden oluşmaktadır. Bu adaptörler kesim aşamasında kullanılan enzimlere (*EcoRI* ve *MseI*) özgüdür. Ön çoğaltım için kullanılan primerler ek bir baza sahiptir (A, T, C, G bazlarından biri kullanılmaktadır) ve bu baz yalnızca iki ucunda adaptör

bulunan DNA restriksiyon parçalarını çoğaltarak çok sayıdaki parça arasından ilk seçici PZR yapılmış olur. Seçici çoğaltım basamağında ön çoğaltım için kullanılan primer dizisinin 3' ucuna üç ya da daha fazla nükleotid eklenir. Bu eklenen iki nükleotid çok daha seçici bir çoğaltımın gerçekleşmesini sağlar ve polimorfizm sayısını azaltır. Primerlerden biri floresan boya ile işaretlenir (genellikle *EcoRI* primeri) ve bu floresan boya göç sırasında DNA'nın görüntülenmesine izin verir. Tipik olarak 50–100 restriksiyon fragmenti çoğaltılır ve denatüre poliakrilamit jellerde tespit edilir. AFLP tekniği herhangi bir orijinden olan veya karmaşık bir DNA için orijinal ve çok güçlü DNA parmak izi sağlayan, tekrarlanabilirliği yüksek bir tekniktir (Vos ve ark., 1995; Jones ve ark., 1997; Özbek, 2006).

1.1.3. *matK* (*Maturaz kinaz*)



Denda ve ark (1999) makalesinden alınmıştır.

trnK intronun arasında kalan ve açık okuma çerçevesine (ORF) sahip olan, *maturaz kinaz* (*matK*) kloroplast geni RNA kesip çıkarılmasına iş gören bir *maturaz* proteinini kodlamaktadır (Neuhaus ve Link, 1987; Wolfe ve ark., 1992; Mort ve ark., 2001). 5' bölgesinde varyasyon seviyesi 3' bölgesine kıyasla biraz daha yüksek olan *matK* geni, diğer kloroplast genlerinden daha yüksek varyasyon göstermektedir. İlaveten, *matK*'da yüksek tranversiyon oranı ile yüksek filogenetik bilgi sağlayabilir. *matK* gen bölgesinin hızlı evrimleşmesinden dolayı bitki filogeni çalışmalarında bir indikatör olarak kullanılmaktadır (Hilu ve Liang, 1997; Kelchner, 2002; Hausner ve ark., 2006; Özdilek, 2007).

Bu faktörler göz önüne alınarak, sistematik çalışmalarda *matK* geninin yararlı olduğu vurgulanmış ve bu genin mukayeseli dizi analizi ile, familya, altfamilya, cins ve tür seviyesinde filogenetik yeniden yapılandırmalar gerçekleştirilmiştir (Palmer ve ark., 1988; Learn ve ark., 1992). Hatta *matK* geninin evrimsel izlere sahip olduğu ve

angiospermlerin filogenisini yeniden düzenlemede kullanılarak çoğu genden ayrı tutulmuştur. Saxifragaceae familyasına ilişkin olarak *matK* geni yaklaşık olarak *rbcL*'den (filogenetik analizlerde en yaygın kullanılan cpDNA geni) üç kez daha fazla evrimleştiği rapor edilmiştir. Ayrıca *matK* gen dizileri Polemoniaceae, Orchidaceae tribe Vandeae, Myrtaceae, Poaceae, Apiaceae ve genellikle çiçekli bitkilerde kullanılmıştır. Ayrıca, *matK*, *Liquidambar orientalis* (Özdilek, 2007) ve *Rheum tanguticum* (Zhang ve ark., 2014) gibi bazı türlerin populasyon çalışmalarında da önemli bilgiler vermektedir.

1.2. *Psephellus aucherianus* ve Yakın Akraba Taksonların Yayılış Alanlarının Coğrafik Yapısı

Ülkemizde endemik bitkilerin yayılış alanları hakkında net bilgiler olmamakla birlikte, raporlara göre çoğunlukla lokal veya dar yayılışlı olarak nitelendirilmekte ya nesli tükenen ya da tükenme tehdidi altında olan populasyon olarak değerlendirilmektedir. Ülkemizdeki endemik türlerin belirli dağ veya silsilelerinde (Amanos, Kaz ve Toros dağları) lokalize olmaları ve bu dağlık alanların birçok ekolojik faktörle (yükselti, iklim, toprak ve vejetasyon karakteristikleri) olan ilişkisi ve bu yüksek dağlar, derin nehir vadileri ile beraber lokal endemik bitkilerin sıkça rastlandığı mekanları oluşturmaktadır. Ülkemiz lokal endemik türler açısından oldukça zenginlik göstermektedir. Bu ülkemiz florasında peygamber çiçeği olarak bilinen *Centaurea*, *Psephellus* ve yakın akraba cinsler içinde geçerlidir [*Centaurea dursunbeyensis* (Uysal ve Köse, 2009a), *C. amaena, C. lycaonica, C. hieropolitana, C. tossiensis, C. dursunbeyensis, C. cadmea, C. aphrodisea, C. lycia, C. luschaniana, C. wagenitzii, C. antalyense* (Uysal ve ark., 2009b), *C. glabro-auriculata* (Uysal ve ark., 2008), *C. cankiriense, C. nivea, C. sericea, C. stapfiana C. odyssei* ve *C.stapfiana* (Uysal ve ark., 2009c), *Psephellus aucherianus, Ps. yusufeliensis, Ps. gracillimus* ve bu cinsine ait türlerin çoğu lokal endemiktir (Ertuğrul ve Uysal, 2013)].

Araştırma konusu *Psephellus aucherianus* ve *Ps. sintenisii* türlerinin ana yayılış alanlarından birisi olan Kemaliye Fırat Nehri'nin Karasu kolu kenarında yer alır. Munzurlar bu bölgede, Kuzey Doğu-Güney Batı yönünde sıralanmış ve yüksekliği 3000 metreyi geçen çok sayıda sırt ve tepeden oluşur. Jeolojik anlamda ise bu büyük dağ silsilesi, Toros dağ oluşum kuşağının Kuzey Doğu bölümünde ve kuşağın kuzey Anadolu fayı ile kesildiği alanda yerleşmiştir (Özgül ve ark., 1981; Özgül ve Turşucu, 1983). Munzurlar ve bulundukları alan Türkiye jeolojisinde önemli bir role sahiptir,

çünkü birbirinden farklı jeolojik geçmişe sahip Doğu Pontidler, Anatolidler ve doğu Torosların bir araya geldiği önemli kilit bölgelerden biri olarak kabul edilir. Munzur dağlarının Kemaliye ve yakın çevresinde yüzlek veren birimleri önceki çalışmalarda, Munzur kireçtaşı (geç Triyas - Kampaniyen), Kemaliye formasyonu (geç Kampaniyen - Erken Maastrihtiyen) ve Eriç ofiyolit karışığı (geç Kampaniyen – erken Maastrihtiyen) olarak adlandırılmaktadır. Bu birimler birbirleriyle tektonik ilişkili olup, farklı stratigrafik, metamorfik ve yapısal özelliklere sahip kaya topluluklarına aittir (Keban Birliği, Munzur Kireçtaşı ve Ovacık Birliği) (Özgül ve ark., 1981; Özgül ve Turşucu, 1983). Tersiyer dönemine ilişkin birimler ise, Subaşı (erken Eosen) ve Başpınar (erken Miyosen) formasyonlarıdır. Buna göre, Kemaliye ve çevresi'nin jeolojik özelliklerini biçimlendiren olaylar zinciri, Geç Triyas'ta bölgeyi kaplayan Neotetis Okyanusu'nun oluşumuyla başlamaktadır. Bundan sonra, Geç Kretase'ye kadar devamlı karbonat çökeliminin gerçekleştiği neritik koşullar hüküm sürmüş ve geç Kretase'den itibaren bu okyanusun kapanmasına neden olan olaylar (bindirme ve ofiyolit yerleşimi) ile bölge sıkışmış, yükselmiş ve Neotetis Okyanusu'nun tabanını oluşturan okyanusal litosfer kıta üzerine yerleşmiştir (Özgül ve ark., 1981; Şengör ve Yılmaz, 1983). Bölge, Tersiyer sırasında daha çok sıkışma ve yükselme hareketlerinin etkisi altında kalmış ve erken Miyosen sonunda denizel koşullar tümüyle ortadan kalkmıştır (Özgül ve ark., 1981). Bugün, bölgedeki sözkonusu denizel birimler, farklı gruplara ve zamanlara ait zengin ve karakteristik fosil içeriğine sahiptir (Paleodacyclades, Megalodontidae, Foraminifera, Rudistler, ekinitler, Bivalveler, gastropodlar, mercanlar gibi). Miyosen sonrası dönemde gelişmiş tektonik olaylar, bölgede dik yamaçlı derin vadilerin, iyi gelişmiş karstlaşma yapılarının ve su kaynaklarının çıkışını denetlemektedir. Sert topoğrafik çıkıntılar ve taşyolu kanyonu, bu etkiyle oluşmuş yapılar arasında kalmıştır. Karanlık Kanyon olarak da adlandırılan taşyolu kanyonu, Karasu vadisinde yer almaktadır. Kanyonun Keban baraj gölünü içeren kısmı 8 kilometre, tüm uzunluğu yaklaşık 35 km'dir. Kanyondaki nehir tabanı ile vadi kenarı arasındaki kot farkı ise 1000 metreye kadar ulaşmaktadır (Özgül ve ark., 1981). Bu haliyle Karanlık Kanyon dünyada ilk beş derin kanyon arasında yer almaktadır. Bu özellikleri itibariyle Kemaliye ve çevresi önemli bitki alanlarından birisi olmaktadır (İslamoğlu, 2008)

Konak ve ark. (2001) tarafından, Oltu–Olur–Şenkaya–Narman–Tortum–Uzundere–Yusufeli–Ardanuç arasında kalan alanın ayrıntılı jeoloji haritası yapılmış ve sonuçta inceleme alanının birbirleriyle tektonik ilişkili farklı litostratigrafik özellikli çeşitli birliklerden meydana geldiği saptanmıştır. Yaklaşık Kuzey Doğu, Güney Batı

doğrultulu yapısal hatlarla yan yana veya üst üste gelmiş olan ve bir kısmı Üst Paleosen'e kadar süreklilik gösteren Jura-Kretase yaşlı bu birlikler, aralarındaki ortak özellikler dikkate alınarak, Hopa-Tortum kesitinde dört zon bazında gruplandırılarak incelenmiştir. Bu zonlar kuzeyden güneye doğru Hopa Borçka Zonu, Artvin-Yusufeli Zonu, Olur-Tortum Zonu ve Erzurum-Kars Ofiyolit Zonu olarak sıralamıştır.

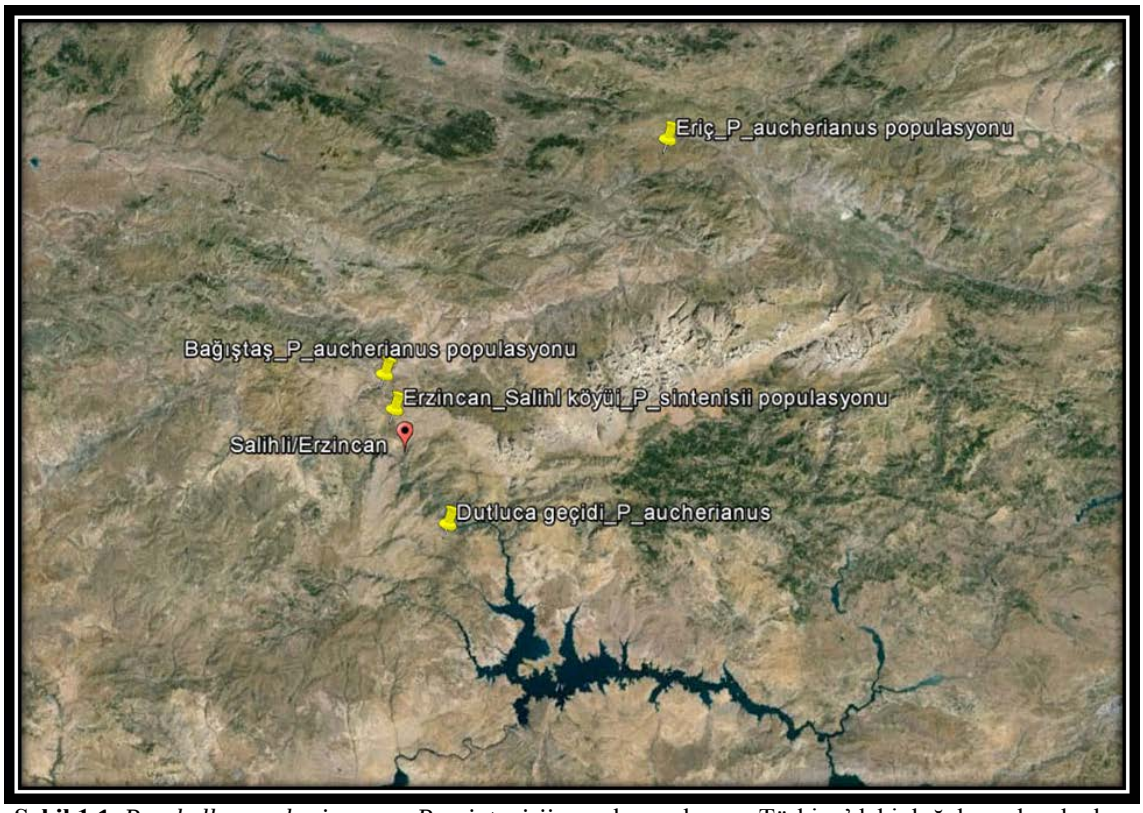
Artvin-Yusufeli Zonu'nun en güneyindeki Günyayla Birliği'nin en alt düzeyini olası Dogger yaşlı bazaltik volkanitler ve bunlarla girik kırıntılı kayalar oluşturmaktadır. Üstte uyumsuzlukla yer alan Malm-Alt Kretase istifi altta karasal kırıntılılarla başlamakta ve üste doğru resif mercekli sığ denizel kırıntılılarla devam etmektedir. Alttaki tüm birimleri uyumsuzlukla örten Üst Kretase kayaları Turoniyen'de resifal kireçtaşı mercekli sığ denizel kırıntılılarla, Koniyasiyen-Santoniyen'de yarı pelajik kireçtaşlarıyla, Üst Santoniyen'de lav ve tüf arakatkılı kumtaşı-silttaşı-marn ardalanmasıyla ve daha üstte tüf ve epiklastik arakatmanlı killi kireçtaşı ve marnlarla temsil etmektedir (Özkümüş, 2009).

Kuzeydeki Artvin-Yusufeli Zonu ile güneydeki Erzurum-Kars Ofiyolit Zonu arasında yer alan Olur- Tortum Zonu birbirleriyle tektonik ilişkili üç birliği kapsar. Kuzeybatıdan güneydoğuya doğru Olur, Aksu ve Çardaklı birlikleri olarak sıralanan bu üniteler Oltu-Balkaya Tersiyer havzasının kuzeyi boyunca düzensiz bir şekilde dilimlenerek Oltu Ekaylı Zonu'nu oluştururlar. Bu zon boyunca Jura öncesi temele ait iki farklı kaya birimi tektonik dilimler şeklinde yer almaktadır. Bunlardan pelitik kökenli, düşük dereceli metamorfik şistlerle temsil edilenler Kışla Metamorfiti olarak tanımlanmış, ilksel ilişkisi gözlenemeyen gnays, amfibolit, metagabro ve metabazitlerden meydana gelen yan kayanın diyoritik, tonalitik, dasitik, aplitik, pegmatitik, granitik ve diyabazik dayk ve damarlarca sıkça kesilmesiyle oluşan magmatik kompleks Güvendik Dayk Karmaşığı adıyla ayırtlanmıştır. Olur-Tortum Zonu'nun en kuzeyindeki Olur Birliği en altta olası Dogger yaşlı, birbirleriyle girik bazik-ortaç-asidik karakterli volkanitlerle başlamaktadır. Bunların üzerinde keskin bir dokanakla yer alan Oksfordiyen-Berriyasiyen yaşlı deltayik ve türbiditik kırıntılılar Berriyasiyen-Apsiyen'de yarı pelajik çörtlü karbonatlara, Apsiyen Santoniyen'de kumtaşı-silttaşı-marn ardalanmasına geçer ve bunların üzerinde yanal yönde kamalanan ortaç karakterli volkanitler yer alır. Santoniyen–Maastrihtiyen döneminde marn ve killi kireçtaşlarıyla devam eden istif Alt-Orta Paleosen'de neritik kireçtaşlarıyla, Üst Paleosen'de ise türbiditik kumtaşı ve kireçtaşı arakatmanlı marn ve silttaşlarıyla temsil

edilir ve Üst İpresiyen'de karasal/sığ denizel kırıntılılar tarafından açısal uyumsuzlukla örtüIür (Özkümüş, 2009).

1.3. *Psephellus aucherianus* ve Yakın Akraba Taksonların Taksonomik Problemleri ve Populasyonların Genetik Yapısı

Türkiye Florası'nda (Davis, 1975) *Centaurea* cinsi altında tasnif edilen *Ps. aucherianus* türünün özellikle yaprak şekli bakımından belli miktar varyasyon gösterdiği rapor edilmiştir. Taksonomik olarak ise tür sınırlı sayıda koleksiyondan bilinmekte olup bu örnekler ile üç farklı türün tanımlaması yapılmıştır. Lokal ve yöresel endemik bir çok tür için geçerli olduğu gibi, bir türe ait populasyonların doğal yayılış alanlarının tamamen tespit edilememesi, populasyon büyüklüğü örneklemesinin yetersiz yapılması ve buna bağlı olarak genetik çeşitlilik seviyelerinin bilinmemesi ciddi bir problem olup, bu konuda elde edilecek bilgiler tür sınırlarının ortay çıkarılması ve doğal seleksiyona karşı geleceğinin garanti altına alınması bakımından büyük önem taşımaktadır. Ertuğrul ve Uysal (2013) tarafından, Erzincan Salihli-çimento geçidinden toplanmış örneklerin *Centaurea aucheriana* türünden morfolojik olarak oldukça farklı olduğu belirlenmiş, ilgili türden diagnosisi yapılarak *Ps. sintenisii* olarak tasnif edilmiştir. Bununla birlikte söz konusu türlerin yayılış alanları, verimli birey sayısı, populasyon büyüklüğü ve genetik farklılaşma seviyeleri ile ilgili bir bilgi bu çalışmada yer almamıştır. Türlerin koruma durumları ve IUCN kategorileriyle ilgili yüzeysel bir bilgi verilmiş olmasına rağmen önerilen tehdit kategorisiyle ilgili detaylı kriterler bu çalışmada verilmemiştir. Ertuğrul ve Uysal (2013) tarafından, ülkemizde doğal olarak yayılış gösteren bu endemik üç tür sırasıyla; *Ps. aucherianus* "hassas (VU)" ve *Ps. yusufeliensis* "kritik tehlikede (CR)" olarak değerlendirilmiş, oysa *Ps. sintenisii* ile ilgili bir rapor bu çalışmada verilmemiştir. Artvin Yusufeli ve Erzurum Tortum'da oldukça dar bir alanda yayılış gösteren ve ergin birey sayısı oldukça sınırlı sayıda olan endemik *Ps. yusufeliensis* türü morfolojik olarak vejetatif ve generatif karakterleri açısından *Ps. aucherianus* türü ile oldukça benzer olmasına rağmen orijinal yayında bu iki tür arasında genetik açıdan bir değerlendirme yapılmamıştır (Şekil 1.1-2).



Şekil 1.1. *Psephellus aucherianus* ve *Ps. sintenisii* populasyonlarının Türkiye'deki doğal yayılış alanları



Şekil 1.2. *Psephellus aucherianus*, *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* populasyonlarının Türkiye'deki doğal yayılış alanları

Bu çalışmanın amacı, *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba olduğu düşünülen taksonların filogenetik ilişkilerinin belirlenmesinin yanı sıra, populasyonlarının genetik ilişki ve etkileşimlerinin açığa çıkarılmasıdır. Kodominant bir moleküler markır olan

SSR, lokus seviyesinde allel çeşitliliği ve frekansı hakkında oldukça bilgi verici olması nedeniyle populasyon genetiği çalışmalarında sıklıkla tercih edilmektedir. Oluşan fragment sayısına bağlı olarak çok sayıda lokus taraması ve karşılaştırılmasına izin veren dominant bir markır olan AFLP tür sınırlarının tespitinde ve populasyon dinamiğinin ortaya konmasında tercih edilen diğer önemli bir moleküler yöntemdir. SSR ve AFLP'nin aksine, organel türevli diziler (cpDNA, rDNA ve mtDNA) populasyonun evrimsel geçmişi hakkında bilgi sağlamaktadır (Avise, 2004). Bu amaç doğrultusunda ele alınan taksonların filogenetik ilişkilerinin yanı sıra populasyon içi ve populasyonlar arası genetik çeşitliliği mikrosatellit (SSR) markırları, çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP) ve maturaz Kinaz (*matK*) ile belirlenmeye çalışılmıştır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Araştırma konusu türlerimizin yer aldığı, *Asterales* tüm dünyada çiçekli bitkiler arasında 26000'den fazla tür sayısıyla en zengin ordolardan birisidir (Lundberg, 2001). Çiçekli bitkilerin en geniş familyalarından birisi olan Asteraceae son yapılan sınıflandırmalara göre 3 alt familya ve 17 oymakta düzenlenmiş 1535 cins ve 23000 civarında türden oluşmaktadır. Bu familya tüm dünyada geniş bir alana yayılmış olup özellikle Meksika ve Amerika Birleşik Devleti'nin güneybatısında, Brezilya'nın güneyinde, Orta ve Güneybatı Asya'da, Güney Afrika'da ve Avustralya'da yaygın olarak bulunur. Filogenetik açıdan bu familyanın coğrafik orijininin ise Güney Amerika olduğu kabul edilmektedir (Bremer, 1994). Asteraceae familyasına ait Türkiye Florası'nda toplam 1156 tür kaydedilmiş olup tür sayısı bakımından ilk sırada yer alır. Bu türlerin 430'u endemik olup endemizm oranı % 38'dir. Ülkemizde 138 cins ile temsil edilen bu familya cins sayısı bakımından Türkiye florasının ikinci büyük familyasını teşkil etmektedir (Güner ve ark., 2012).

Psephellus cinsinin yer aldığı *Carduae* oymağı 72 cins, yaklaşık 2400 tür içermektedir. Geleneksel olarak bu oymak 5 alt oymağa ayrılır. Bunlar *Carduinae, Carlininae, Cardopatiinae, Centaureinae, Echinopsinae*'dir. *Carduinae* ve *Centaureinae* yapısal olarak en yüksek farklılaşmaya sahip alt oymaklar olarak bilinmektedir (Susanna ve Garcia-Jacas, 2009). *Centaureinae* alt oymağında yer alan *Psephellus* yakın zamanda *Centaurea* cinsinden ayrılarak yeni taksonomik statüsüne kavuşmuş bir cinstir (Wagenitz ve Hellwig, 2000; Susanna ve Garcia-Jacas, 2001). *Psephellus*, Batı Sibirya, Kafkasya, İran, Ukrayna, Kırım ve Türkiye olmak üzere tüm dünyada 12 seksiyon içerisinde, 100 kadar taksonla temsil edilmektedir (Kubitzki ve ark., 2007). Türkiye'de ise bu cins 7 seksiyon içerisinde, yakın zamanda yayınlanan yedi taksonla birlikte 34 taksonla temsil edilmektedir (Davis ve ark., 1975, 1988; Wagenitz ve ark., 1998; Türkoğlu ve ark., 2003; Aytaç ve Duman 2005; Duran ve Hamzaoğlu, 2005*;* Wagenitz ve Kandemir, 2008; Tugay ve ark., 2009; Duran ve ark., 2009; Ertuğrul, 2012). Ülkemizde yayılış gösteren taksonlardan 28'i ülkemiz endemiklerinden olup oldukça lokal bir yayılış gösterirler. Bu verilere göre cinse ait endemizim oranı % 82'dir. *Ps.sintenisii, Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* türleri *Odontolophoidei* seksiyonunda yer almaktadır (Ertuğrul ve Uysal, 2013).

Kang ve ark. (2005) tarafından, *Berchemiella wilsonii* (Schneid.) Nakai var. *pubipetiolata* Qian populasyonlardaki genetik çeşitlilik seviyesini belirlemek için allozim analizleri kullanılmış ve hem tür (% 85) hem de populasyon seviyesinde (% 70 - 71,3) yüksek genetik çeşitlilik tespit edilmiştir. Ancak, insan etkisine bağlı olarak genetik çeşitlilik seviyesinin azalacağı ve bu nedenle populasyonlar için *ex situ* koruma stratejisinin benimsenmesi gerektiği bildirilmiştir.

Son yıllarda tüm dünyada bitkilerle ilgili populasyon genetiği çalışmaları oldukça artmıştır. DNA-temelli moleküler markırlar özellikle yakın akraba genotipleri karakterize etmek ve bitkilerdeki genetik çeşitliliği tespit etmek için kullanılmaktadır (Jasieniuk ve Maxwell, 2001).

RAPD markırları taksonomik sınıflandırmada, sistematik ilişkilerin belirlenmesinde, populasyon genetiği çalışmalarında, türler arası melezlemelerde ve anaçların belirlenmesinde kullanılmaktadır (Fahima ve ark., 1999).

Sheng ve ark. (2005) tarafından, *Haloxylon ammodendron* (C. A. Mey.) Bunge (Amaranthaceae)'un dokuz doğal populasyonu arasında ve içindeki genetik çeşitliliği tespit etmek için ISSR markırları kullanılmıştır. Kullanılan dokuz primer ile 184'ü polimorfik olan toplam 219 bant elde edilmiştir. Moleküler varyans analizine (AMOVA) göre varyasyon dağılımının % 90'dan daha fazlasının populasyon içinde olduğu tespit edilmiştir. Bu durumun, türün dış döllek bir tür olmasından kaynaklanmış olabileceği bildirilmiştir.

Wesche ve ark. (2006) tarafından, Moğolistan endemiği *Galitzkya macrocarpa* (Iconn.-Galitz.) V. Boczantzeva (18 populasyonu) ve *G. potaninii* (Maxim.) V. Boczantzeva (beş populasyonu) populasyonlarının genetik yapısını incelemek için RAPD markırları kullanılmış ve doğal fragmentasyonun, türleri farklı etkilemesinden dolayı populasyonların farklılaşma düzeylerinin iki türde de değişkenlik gösterdiği tespit edilmiştir.

Çin'de doğal olarak yayılış gösteren tehlike altındaki endemik *Nouelia insignis* Franch. (Asteraceae) populasyonları arasındaki farklılaşma ve genetik çeşitliliği araştırmak için ISSR markırları kullanılmıştır. Tür seviyesinde PPB=% 65.05 ve Ht=0.2248 (toplam genetik çeşitlilik) değerlerine göre genetik çeşitliliğin yüksek olduğu bildirilmiştir. Bu türün populasyon büyüklüğünü genişletmek için *in situ* koruma, genetik çeşitliliği daha yüksek populasyonlardan örnekleme yapmak suretiyle *ex situ* koruma ve bitkinin germplazm kaynağını korumak için botanik bahçelerinde muhafaza edilmesi gerektiği bildirilmiştir (Luan ve ark. 2006).

Çin'in beş farklı bölgesinden toplanan tehlike altında olan *Ceratopteris thalictroides* (L.) Brongn. taksonunun 13 populasyonu arası ve içinde genetik çeşitliliği tespit etmek için RAPD ve ISSR markırları kullanılmış ve populasyon içinde kendileşme ya da klonal büyümeye bağlı olarak orta seviyede bir genetik çeşitlilik (RAPD: % 61 ve ISSR: % 65) ve yüksek seviyede gen akışına (spor) bağlı olarak populasyonlar arasında düşük seviye bir genetik farklılaşmanın (AMOVA-RAPD: % 36 ve ISSR: % 34) olduğu bildirilmiştir (Dong ve ark. 2008).

Caujapé-Castells ve ark. (2008), tehlike altındaki Kanarya endemiği *Atractylis arbuscula* Svent. ve Michaelis (Asteraceae)'da populasyon farklılaşmasını seviyesini tespit etmek için RAPD markırları kullanılmıştır. Genetik sonuçlar, fragmentasyon ve populasyon büyüklüğünün az olması ve mikroevrim dinamiklerinin olası süreçlerinin üstünlüğünden dolayı, *A. arbuscula* türünün varlığını sürdürmesinin tehlikede olduğunu ve özellikle genetik varyasyon ve gen akışı seviyesinin en düşük sergilendiği Gran Kanarya adasında yayılış gösteren alt-populasyonların tehdit altında olduğu rapor edilmiştir.

Sözen ve Özaydın (2009) tarafından, Türkiye endemiği *Centaurea nivea* (Bornm.) Wagenitz populasyonlarının genetik çeşitliliğini ve genetik farklılaşmasını tespit etmek için RAPD markırları kullanılmıştır. 20 RAPD primeri ile 234 [215 (% 91.88) polimorfik] bant elde etmişlerdir. Hem populasyon (*PPB*=% 72.90, *I*=0.3790, H_S=0.2527) hem de tür seviyesinde (*PPB*=% 91.88, *I*=0.4510, H_T=0.2963) seviyesinde yüksek genetik çeşitlilik tespit edilmiştir. *C. nivea*'da genetik varyasyonun çoğunun populasyon içinde dağılması, bu türün daha önce büyük populasyon olduğunu ve daha sonra parçalanarak birbirleriyle yakın akraba populasyonlara ayrılmış olabileceği rapor edilmiştir.

Sözen ve Özaydın (2010) tarafından, Türkiye endemiği *Centaurea wiedemanniana* Fisch. & Mey. türünün bilinen altı doğal populasyonunun arasındaki ve içindeki genetik çeşitliliği belirlemek için RAPD markırları kullanılmıştır. Bu çalışmada, hem populasyon (*PPB*=% 62.83, *I*= 0.301, H_S= 0.196) hem de tür seviyesinde yüksek genetik çeşitlilik tespit edilmiştir (*PPB*=% 94.65, *I*=0.429, H_T=0.278). Türün populasyonlar arası yüksek genetik farklılaşma (G_{ST}= 0.223) seviyesine sahip olması ve tehdit kategorisinin "hassas" olması nedeniyle korunması gerektiği bildirilmiştir.

Uysal ve ark. (2012) tarafından, Türkiye endemiği *Centaurea lycaonica* Boiss. & Heldr. populasyonları arasındaki ve içindeki genetik çeşitlilik RAPD ve ISSR

markırları kullanarak incelenmiş ve genetik çeşitlilik seviyesinin nispeten yüksek olduğu bildirilmiştir. Türe ait populasyonlardaki birey sayısının oldukça az olması ve genetik çeşitliliğin sürdürülmesi için hem *in situ* hem de *ex situ* koruma yapılması gerektiği rapor edilmiştir.

Özbek ve Kara (2013) tarafından, Türkiye'de doğal olarak yayılış gösteren 15 *Capparis* L. populasyonu RAPD tekniği kullanılarak taranmıştır. Bu çalışma sonucunda, *Capparis spinosa* L. var. *spinosa*, *C. spinosa* var *aegyptia* ve *C. spinosa* var. *canescens*, ve *C. ovata* Desf. var. *palaestina*, ve *C. ovata* var. *herbacea* olmak üzere beş farklı varyete rapor edilmiştir.

AFLP markırları muhtelif tehlike altındaki ve endemik bitkilerdeki populasyon yapısı ve genetik polimorfizm seviyesini tanımlamak için kullanılmaktadır (Travis ve ark., 1996; Palacios ve ark., 1999; Drummond ve ark., 2000; Krauss ve ark., 2002). AFLP markırlarının kullanımının tehlike altıdaki türler ile çalışmada (Travis ve ark., 1996; Palacios ve ark., 1999; Schmidt ve Jensen 2000; Juan ve ark., 2004), germplasm koleksiyonlarında genetik çeşitliliği tayin etmede (Spooner ve ark., 2005) ve biyoçeşitliliği tarama da (Matthes ve ark., 1998) uygun bir markır olduğu rapor edilmiştir.

Kim ve ark. (2005) tarafından, Kanarya adasında tehlike altında bulunan endemik *Sonchus gandogeri* Pitard (Asteraceae)'nin iki doğal populasyonu arasında ve içindeki genetik çeşitliliği tespit etmek için AFLP markırı kullanılmıştır. Tür seviyesinde genetik çeşitlilik seviyesinin yüksek olduğu (Ht: 0.380) tespit edilmiştir. Türün genetik çeşitlilik seviyesi yüksek olmasına rağmen, demografik ve çevresel faktörler türün neslini tehdit ettiği için koruma altına alınması gerektiği rapor edilmiştir.

Geleta ve ark. (2007) tarafından, Etiyopya'da bulunan *Guizotia abyssinica* (L.f.) Cass. (Asteraceae) genetik çeşitliliği tespit etmek için AFLP ve RAPD markırları kullanılmış ve populasyonlar arasında nispeten yüksek seviyede bir varyasyon olduğu bildirilmiştir. Populasyonlar arasında varyasyon seviyesinin % 20'den daha fazla olması, türe ait tüm populasyonların eşsiz genetik özelliğe sahip olduğunu ve her bir populasyonun ıslah ve koruma çalışmaları için büyük öneme sahip birimleri bünyesinde barındırdığı rapor edilmiştir.

İspanya'nın Minorca kuzey kıyıları için endemik olan *Femeniasia balearica* (J. J. Rodr.) Susanna populasyonları çalışılmıştır. Bu tür için uygun koruma stratejilerinin geliştirilebilmesi amacıyla genetik çeşitliliği tahmin etmede AFLP markırları temel alınmıştır. Analiz edilen 66 bireyde, 225 bant [120 (% 53.3)'si polimorfik] elde edilmiş

ve çeşitlilik seviyesi nispeten yüksek bulunmuştur. Çalışmada, coğrafik alanlara uygun olarak (Doğu, merkez ve Batı grubu) teşhis edilen populasyon grupları arasında dikkate değer bir farklılaşmanın olduğu tespit edilmiştir (AMOVA, UPGMA, PCO ve Bayeziyan analizleri). Moleküler varyans (AMOVA: %85-95.5) analizlerine göre çeşitliliğin çoğunun populasyon içinde olduğu rapor edilmiştir. Türde genetik çeşitlilik seviyesi yüksek olmasına rağmen, küçük populasyon büyüklüğüne sahip *F. balearica* populasyonlarında meydana gelebilecek bir herhangi bir habitat parçalanması türde yıkıcı bir etki yaratacağı için, türün *ex situ* olarak korunması gerektiği bildirilmiştir (Vilatersana ve ark., 2007).

Japonya'da Gokayama'dan bilinen tehdit altında olan *Lysimachia tashiroi* Makino (Myrsinaceae) populasyonlarındaki genetik çeşitliliği incelemek için AFLP markırları kullanılmıştır. Ayrıca bu türle akraba ve geniş yayılışlı *Lysimachia japonica* türü de incelenmiştir. Toplam 73 bireyden 733 (726 polimorfik) bant elde edilmiştir. *L. tashiroi*'nın moleküler varyansı populasyon içinde % 62 ve populasyonlar arasında % 38 olarak tespit edilmiştir. Ayrıca, *L. tashiroi*'nın genetik çeşitliliğinin *L. japonica*'dan daha yüksek olduğu bulunmuştur. AMOVA analizleri populasyon içindeki varyasyonun populasyonlar arası çeşitlilikten daha yüksek olduğu bulunmuştur (Nakazawa ve Yahara, 2007).

Nadir ve tehlike altında olan Sicilya'dan *Helichrysum* populasyonlarında genetik çeşitlilik ve taksonlar arasındaki akrabalıkları araştırmak için AFLP markırları kullanılmıştır. Dört primer kombinasyonu ile 158 [143 (% 91.67) polimorfik] bant elde edilmiştir. Genotip analiz sonuçları *Helichrysum*'un populasyonları arasında DNA seviyesinde zayıf bir farklılaşmanın olduğu bildirilmiştir. *Helichrysum*'da yer alan sistematik pozisyonu belirsiz populasyonları içeren grupta yer alan taksonların sınıflandırılmasında da AFLP markırlarının kullanılabileceği rapor edilmiştir (Scialabba ve ark., 2008).

Vandepitte ve ark. (2013) tarafından, *Leopoldia gussonei* Parl. populasyonlarında genetik çeşitliliği tespit etmek için AFLP markırları kullanılmıştır. Analiz sonuçları, bu türün küçük, izole ve bozulmuş populasyonlar içermesine bağlı olarak düşük seviyede bir genetik çeşitlilik (He:0.13), populasyonların kendine döllek olması ve parçalanmış habitatlarda bulunmaları nedeniyle populasyonlar arasında önemli bir genetik farklılaşmanın olduğu bildirilmiştir.

Li ve ark. (2013) tarafından, *Erigeron breviscapus* (Vant.) Hand.-Mazz. türünün populasyondaki genetik çeşitlilik seviyesi ile populasyonların dağılımı (enlem, boylam

ve yükseklik) arasındaki ilişkiyi tespit etmek için AFLP markırları kullanılmıştır. Her bir populasyondaki genetik çeşitlilik seviyesinin populasyonların dağılımı (yükseklik) ile uyumlu olduğu tespit edilmiştir. Biyotik ve abiyotik faktörlerin düşük yükseklikte bulunan populasyonları daha fazla etkilediği ve genetik çeşitlilik seviyesini düşürdüğü tespit edilmiştir. Bu yüzden koruma için daha yüksek alanlarda yetişen ve yüksek genetik çeşitliliğe sahip populasyonların öncelikli olarak *ex situ* korunması gerektiği rapor edilmiştir.

Kloroplast DNA markırları endemik ve tehlike altındaki türlerde genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve filogeni çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır (Prentice ve ark., 2003; Ikeda ve ark., 2008; Artyukova ve ark., 2009; Ayele ve ark., 2009; Wang ve ark., 2009; Khan ve ark., 2012). Aynı zamanda, cinsler, türler ve onlara ait populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde de (Al-Qurainy ve ark., 2014) yaygın olarak kullanıldığı rapor edilmektedir.

Huang ve ark. (2005) tarafından, Tayvan'da nesli tehlike altında ve endemik bir tür olan *Hygrophila pogonocalyx* Hayata (Acanthaceae) populasyonlarında genetik çeşitlilik, filocoğrafya ve populasyon yapısını incelemek için kloroplast DNA'ya ait *atpB–rbcL* genler arası bölgeler kullanılmış ve filocoğrafik olarak *Hygrophila pogonocalyx* türüne ait doğu ve batı populasyonlarının geçmişte meydana gelen bir parçalanma sonucu oluştuğu ve bu populasyonlarda genetik çeşitliliğin düşük bulunması nedeniyle populasyonların korunması gerektiği rapor edilmiştir.

Zhou ve ark. (2010) tarafından tehlike altındaki *Notopterygium forbesii* Boissieu populasyonlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi için kloroplast DNA'ya ait *trnH-psbA* genler arası bölgeler kullanılmıştır. 14 populasyonda 22 haplotip tespit edilmiştir. Tür seviyesinde haplotip çeşitliliğini yüksek (Hd:0.81), nükleotid çeşitliliğinin ise düşük (Pi:0.0047) olduğu tespit edilmiştir. Yüksek haplotip çeşitliliği ve düşük nükleotid çeşitliliği küçük etkili populasyon büyüklüğüne sahip bu populasyonun hızlı bir genişleme geçirdiğini ve çoğu polimorfik bölgelerin bu demoğrafik genişleme sırasında ortaya çıkmış olabileceği bildirilmiştir.

Beonadia salicina (Vahl) Hepper & Wood populasyonlar arası ve içi genetik çeşitliliği tespit etmek için kloroplast genomuna ait *psbA-trnH* genler arası bölgesi kullanılmıştır. Tür seviyesinde haplotip çeşitliği yüksek (Hd:0.842) ve nükleotid çeşitliliği düşük (pi:0.0058) olduğu bildirilmiştir (Al-Qurainy ve ark., 2014).

Liquidambar orientalis Mill. varyetelerinin [*L. orientalis* var. *integriloba* (10 populasyon), *L. orientalis* var. *orientalis* (5 populasyon) ve bilinmeyen (3 populasyon)]

18 doğal populasyonları arasında genetik çeşitliliği tespit etmek için kloroplast genomunun *mat*K gen bölgesi kullanılmıştır. Moleküler varyans sonuçlarına göre, varyeteler ve coğrafik bölgeler arasında önemli bir farklılık olmadığı, fakat Türk sığlası populasyonları içinde yüksek oranda bir varyasyon olduğu tespit edilmiş (~86%) ve hem *in situ* hem de *ex situ* koruma stratejisinin izlenmesi gerektiği bildirilmiştir. (Özdilek, 2007).

Liquidambar orientalis Mill. varyetelerinin 18 doğal populasyonları arasında genetik çeşitliliği tespit etmek için kloroplast genomundaki kodlanmayan transfer ribonükleik asit (*trn)* bölgesine dayalı dizi analizi yapılmıştır. Hem coğrafi konumlara hem de varyetelere göre toplam çeşitliliğin büyük bir kısmının (>%80) gruplar arası değil, grup içi farklılıktan kaynaklandığı tespit edilmiştir. Populasyonlar coğrafi konumlarına göre çeşitliliği büyük kısmının grup içi populasyonlarda bulunduğundan, bu populasyonların *in-situ* ya da ex-situ korunması gerektiği bildirilmiştir (Or, 2007).

Çin'de nesli tehdit altında bulunan yabani *Rheum tanguticum* (Dahuang) tür içi genetik çeşitlilik ve genetik yapı, populasyon içi ve arası genetik farklılaşmayı tespit etmek için *matk* gen bölgesini kullanmıştır. AMOVA ve PERMUT analizlerine göre, populasyonlar arası (% 67.6) genetik farklılaşmanın populasyonlar içindeki (% 13.88) farklılaşmadan daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Aynı zamanda, populasyonlar arası genetik çeşitliliğin (Ht = 0.918) populasyonlar içindeki (Hs = 0.173) genetik çeşitlilikten daha yüksek olduğu rapor edilmiştir. Farklı populasyonlar arasında tespit edilen yüksek genetik çeşitliliğin coğrafik izolasyondan (nehir, dağ vb) kaynaklanabileceği bildirilmiştir (Zhang ve ark., 2014).

Kuzey-Doğu Çin'deki Liaoning'in altı bölgesinden 30 pirinç (*Oryza sativa f.spontanea*) populasyonunun genetik çeşitliliğini tahmin etmek ve pirincin olası orjinini (*O. sativa* ve *O. rufipogon*) tespit etmek için 20 SSR markırı kullanılmıştır. Populasyonların genetik çeşitliliğinin (He: 0.313, I:0.572) nispeten yüksek olduğu tespit edilmiştir. Genetik çeşitliliği yüksek ve hızla yayılan istilacı türün gelecekteki pirinç üretimini etkileyeceğinden yayılma karşısında gerekli yönetim planlarının geliştirilmesi gerektiği bildirilmiştir (Cao ve ark., 2006).

Sardiniya adasına endemik olan ve 7 populasyon ile temsil edilen *Centaurea horrida* Badaró türünün genetik yapısı SSR markırları kullanılarak analiz edilmiştir. Populasyonlarda 0.603 (LIO)'den 0.854 (FAL and DON)'e kadar değişen değerlerin, yüksek seviyede genetik çeşitliliğe işaret ettiği bildirilmiştir. Sert çevre koşullarına adapte olan ve tohum üretimini bu yönde geliştirdiği düşünülen, türün kuraklık stresine

karşı ekolojik ve evrimsel soruları yanıtlamak için bir model oluşturacağı bildirilmiştir (Mameli ve ark., 2008).

Centaurea nivea (Bornm.) Wagenitz türünün populasyon içi ve populasyonlar arası genetik çeşitlilik seviyesini tespit etmek için SSR markırları kullanılmış ve populasyon içi genetik çeşitlilik seviyesinin populasyonlar arası genetik çeşitlilikten fazla olduğu tespit edilmiştir (Çağlar, 2010). "Türkiye Bitkileri Kırmızı Kitabı"na göre CR (çok tehlikede) kategorisinde yer alan türün genetik çeşitliliğinin yok olma riskine karşı, genetik çeşitlilik seviyesi yüksek bir ya da iki populasyondan yoğun şekilde örnekleme yapılması suretiyle ex-situ koruma planlının yeterli olacağı bildirilmiştir.

López-Vinyallonga ve ark. (2011) tarafından, kaynak olarak belirlenen *Centaurea* cinsine ait bir türde kullanılan mikrosatellit markırların farklı türlerde kullanılabilmesi için 26 mikrosatellit markırının transfer edilebilirliği test edilmiştir. Sonuçta, çapraz çoğaltım başarısının kaynak ve hedef türler arasında evrimsel mesafeden etkilendiği ve yakın akraba seksiyonlarda yer alan taksonlarda daha başarılı sonuçlar alındığı bildirilmesine rağmen, mesafe olarak daha uzaktaki seksiyondan tek bir örnek çalışılmasından dolayı başarı oranı kesin olarak teyit edilmemiştir. Ayrıca, tüm çeşitlilik parametreleri ve çalışılan her bir tür için polimorfik bant yüzdesi ve allel sayısını göre, nüklear lokusların kloroplast lokuslardan daha faydalı olduğu rapor edilmiştir.

Corre ve ark. (2014) *Centaurea cyanus* L. populasyonlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi için 10 polimorfik mikrosatellit markırı geliştirilmiştir. Kültüre alınan alan içindeki genetik çeşitliliğin hala yüksek olduğu rapor edilmiştir.

Wang (2013) tarafından, *Opisthopappus longilobus*'a ait dört populasyon ve *O. taihangensis*'e ait dokuz populasyonun genetik çeşitliliği tespit etmek için kloroplast mikrosatellit markırları kullanılmıştır. Çalışılan populasyonların düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğu ve bu iki tür arasında önemli bir genetik farklılaşmanın olduğu rapor edilmiştir. İki türün farklılaşmasında kendine uyumluluk, etkili gen akışı, dar coğrafik dağılım ve tarihsel faktörlerin etkili olduğu bildirilmiştir.

Zhang ve ark. (2013) tarafından, *Eucommia ulmoides* Oliver taksonunun populasyon içi ve arasındaki genetik çeşitliliği değerlendirmek için sekiz mikrosatellit markırı kullanılmıştır. Sonuçta, populasyonlar arası genetik farklılaşmanın düşük, populasyon içi genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu tespit edilmiştir.

Gitonga ve ark. (2014) tarafından, Güney Afrika, Arjantin ve Brezilya'dan *Campuloclinium macrocephalum* (Less.) DC. türüne ait toplanan örneklerin filogeni ve

genetik çeşitliliği araştırmak için nüklear ribozomal ITS bölgesi kullanılmıştır. Ayrıca, bu çalışma da AFLP markır çeşitliliğini keşfedilmeye çalışılmıştır. Sonuçta, populasyonlar arasında önemli bir genetik çeşitlilik olmasına rağmen, ortalama heterozigotluğun düşük olduğu rapor edilmiştir.

Çelikkol-Akçay ve ark. (2014) tarafından, beş farklı bölgeden 60 adet çok verimli zeytin (*Olea europaea* L.) kültürlerinin çeşitliliğini araştırmak için SSR (15 primer), RAPD (20 primer) ve AFLP (3 primer kombinasyonu) gibi moleküler markırlar kullanılmıştır.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

Hedef alınan *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait bitki örnekleri yayılış gösterdiği alanlardan toplanmıştır. Taksonlara ait farklı populasyonların bireylerinden alınan yaprak örnekleri moleküler analizlerde kullanılmak üzere silika jel içerisinde saklanmıştır (Tablo 3.1.1 ve 3.1.2). Arazi çalışması sırasında türlere ait farklı populasyonlardan örnekler morfolojik analizler için, tohumlar ise karyomorfolojik ve mikromorfolojik analizler için kullanılmıştır (Tablo 3.1.3).

Tablo 3.1.1 Araştırmada incelenen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların kodları, toplayıcı numaraları ve lokaliteri

Örnek Numarası	Takson	Lokalite
Paum (1-27) Salihli populasyonu	KE-4371-TU-DU ve KE-4125 *Psephellus sintenisii*	Erzincan; Kemaliye yolu-Salihli çimento geçidi, 1506 m, 39º 21' 348" - 38º 28' 062", serpantin yamaçlar, 04.06.2011.
Psau (1-31) Bağıştaş populasyonu	KE-4369-TU-DU ve KE-4124 *Ps. aucherianus*	Erzincan; İliç-Kemaliye arası, Bağıştaş yukarısı, 1130 m, 39 25 738"-38 26 626", Kalker kaylıklar meşelik, linear yapraklı, 04.06.2011
Padu (1-36) Dutluca populasyonu	KE-4690 *Ps. aucherianus*	Erzincan; Kemaliye-Dutluca geçidi, batı yamaçlar (1 km), 1520-1600 m, kırmızı topraklı, meşe açıklıkları, taşlık alanlar, 05.07.2012
Pser (1-35) Eriç populasyonu	KE-4664 *Ps. aucherianus*	Erzincan; Kemah, Eriç Köyü güneyi, 1265-2000 m, meşe açıklıkları, taşlık bayırlar, 39º 51' 157" - 39º 49' 616" K, 38º 87' 711"-38º 87' 543" D, 04.07.2012.
Pyus (1-31) Yusufeli populasyonu	KE- 4237-TU-DU *Ps. yusufeliensis*	Artvin; Yusufeli-Sarıgöl çıkışı, 625 m,40 49 296-41 32 844, kaya üzeri, 31.05.2011.
Pyfs (1-31) Tortum populasyonu	KE- 4334-TU-DU *Ps. yusufeliensis*	Erzurum; Tortum Şelale girişi, 1008 m, 40º 39' 650"-41º 39' 800", çalılık kumlu tepeler, 03.06.2011

Tablo 3.1.2. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların analizlerinde kullanılan moleküler markırlar

		SSR	AFLP	*matK*	ITS	*rpl32-trnL*$^{(UAG)}$
Psephellus sintenisii	Salihli populasyonu	+	+	+	PT92+	PT92+
Ps. aucherianus	Bağıştaş populasyonu	+	+	+	PT91+	PT91+
	Dutluca populasyonu	+		+	PT89+	PT89+
	Eriç populasyonu	+		+	PT90+	PT90+
Ps. yusufeliensis	Yusufeli populasyonu	+	+	+	PT15+	
	Tortum populasyonu	+	+	+	PT16+	PT16+

Tablo 3.1.3. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların morfolojik, mikromorfolojik ve sitolojik analizlerinde kullanılan örnekler

		Morfolojik	Mikromorfolojik	Sitolojik
Psephellus sintenisii	Salihli populasyonu	+	+	+
Ps.aucherianus	Bağıştaş populasyonu	+	+	+
	Dutluca populasyonu	+	+	+
	Eriç populasyonu	+	+	+
	Keban	+		
	Salihli köyü	+		
Ps. yusufeliensis	Yusufeli populasyonu	+	+	+
	Tortum populasyonu	+	+	+

3.2. Sitolojik Yöntem

Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait tohumlar çimlendirilmiş, kromozom sayı ve morfolojileri belirlenmiştir. Kromozom araştırmaları yapılırken ezme tekniği kullanılarak, sayımlar somatik metafazda yapılmıştır (Golblatt, 1996). Bunun için özel çimlendirme dolabında çimlendirilen tohumların kök uçlarındaki meristemler kullanılmıştır. Metafaz kromozomlarını görebilmek için yaklaşık 1 cm uzunluğundaki kök uçları alınmış önce sekiz saat 4°C'de 8-hidroksikinolinle muamele edilmiştir. Materyal düşük sıcaklıkta 24 saat Karnoy ile fikse edilmiştir. Boyamadan önce, materyal oda sıcaklığında bir saat 5 N HCI ile hidroliz edilmiştir. Boyama işlemi % 45 asetik asit eklenmiş % 1'lik aseto-orsein materyal boyanmıştır. Uygun metafaz elde edildikten sonra kromozomların resimleri Olympus BX53 mikroskobu-Olympus DP72 digital kamera ve Leica DM 1000-Leica DFC290 ile çekilmiştir. Daimi preparat haline getirmek amacıyla numune nitrojen ile muamele edildikten sonra alkol serilerinden geçirilerek entellan ile kapatılmıştır. Bu çalışmayla incelenen örneklerin KAMERAM programıyla karyotip ölçümleri gerçekleştirilmiş ve çeşitli simetri indeksleri kullanılarak populasyonlar karyomorfolojileri bakımından karşılaştırılmıştır. Levan (1964), Zarco (1986) ve Pazsko (2006)' göre karyotip ölçüleri ve simetri indeks hesaplamaları gerçekleştirilmiştir.

3.3. Moleküler Yöntem

3.3.1. Moleküler markırlar

Fragment veya lokusa dayalı markırlar

AFLP (Çoğaltılmış fragment uzunluk polimorfizmi),

SSR (Basit dizi tekrarı)

Dizi analizine dayalı markırlar

Ribozomal DNA markırları (ITS-İç transkribe bölgeler)

Kloroplast DNA markırları (*matK-maturaz kinaz, rpl32-trnL*$^{(UAG)}$)

3.3.2. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu Soltis tarafından modifiye edilen Doyle'nin metodu kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Soltis ve ark., 1991). Genomik DNA`nın elde edilmesi için toplanan bitki örneklerinin her birinin kuru yapraklarından 0,01 gr alınarak porselen havanda ezilmiş, toz haline getirilmiş, eppendorf tüpüne konulmuş daha sonra 65 ºC`de ısıtılmış DNA ekstraksiyon tamponundan [2 X CTAB] 500µl ilave edilerek, belli aralıklarla karıştırılarak 60°C de 4 saat inkübe edilmiş ve 14.000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Üzerine 500 µl kloroform ilave edilmiş, 5 dakika 14.000 rpm'de santrifüjden sonra sıvı kısım yeni bir eppendorf tüpüne aktarılmıştır. Üzerine tekrar 500 µl kloroform ilave edilmiştir. 5 dakika 14.000 rpm'de santrifüj edilip açık krem renkli sıvı kısım tekrar yeni bir eppendorf tüpüne aktarılmıştır. Çalışılan her bir örneğin üzerine amonyum asetat, izopropanol eklenip 3 dakika 14.000 rpm'de santrifüj edilmiş ve sıvı kısım atılıp eppendorf tüpünün dibindeki pellete 1 ml % 70'lik etanol eklenmiştir. 3 dakika 14.000 rpm de santrifüj edilip sıvı kısım tekrar atılmış pellet kısmının kuruması için eppendorf tüpü 30 dakika vakumda bekletilmiştir. Bunun sonunda pelletin üzerine 50 µl 1x TE (Tris-EDTA) ilave edilmiş ve DNA TE'de çözülmek üzere 15 dakika 65 ºC'de su banyosunda tutulmuştur.

3.3.3. PZR çoğaltımları

3.3.3.1. SSR (Basit dizi tekrarı) çoğaltımı

Bu aşamada PZR temelli markırlardan lokusa özgü floresan işaretli SSR primerleri (Fréville ve ark., 2000) kullanılarak çoğaltım çalışmaları gerçekleştirilmiştir (Tablo 3.1.4). Hem populasyonlar arası, hem de populasyon içi genetik çeşitlilik hakkında önemli veriler sağlayan SSR analizlerinin ilk aşaması olan SSR çoğaltımları (amplifikasyonları) 25 µl'lik hacimlerde gerçekleştirilmiştir. Kullanılan reaksiyon hacimlerinin her birinde yaklaşık 20 ng kalıp DNA, 2 mM dNTP karışımı (2 µl), 10 pikomol ileri ve geri primer (0.5 µl), 50 mM $MgCI_2$ (1.25 µl), 1U Taq DNA polimeraz enzimi, H_2O (17 to 17.5 µl) ve 10X tampon (2.5 µl) solüsyonu içermektedir (Merle ve ark.). SSR çoğaltımları sonrası örnek' den 5 µl çoğaltılmış PZR ürünü tüpten çekilir ve 2 µl distile su, 2 µl Bromofenol mavisi ile karıştırılarak % 3' lik agaroz jele yüklenmiştir. Yaklaşık 45 dakika yürütüldükten sonra, jel 10 dakika etidyum bromür içinde yıkanmış ve sonra 5 dakika saf suda tutulmuştur. Bu işlemden sonra, UVP GELDOC-IT 310 görüntüleme sisteminde görüntü alınarak bantlar izlenmiştir.

3.3.3.2. AFLP çoğaltımı

AFLP reaksiyonları Vos ve arkadaşlarının (1995) protokolüne göre gerçekleştirildi. Üretici firmanın önerilerine göre Li-Cor AFLP kiti protokolü takip edilmiştir (Katalog numarası: 830-06198 AFLP 2-DYE Selective Amplification Kit). Genomik DNA iki restriksiyon endonükleaz enzimiyle (*EcoRI* ve *MseI*) kesildikten sonra ve seçici PZR çoğaltımı öncesi önseçici PZR fragmentleri için kalıp DNA oluşturmak amacıyla, *EcoRI* ve *MseI* adaptörleri DNA fragmentlerinin uç kısmına bağlanmıştır (Vos ve ark., 1995). Genotipler arasında polimorfizm taranması için türlere ait dört populasyondan rasgele 5 birey seçilerek 12 primer kombinasyonu denenmiştir (Tablo 3.1.4). AFLP protokolü Özbek (2006) tarafından yapılan doktora tezindeki protokol değiştirilerek hazırlanmıştır. Genomik DNA'yı kesme işleminde 40 ng genomik DNA (5 µL) *MseI* (10.000 U/ml) / *EcoRI* (20.000 U/ml) restriksiyon enzim karışımı (1 µL) kullanılarak 37 °C'ta 2 saat ve 70 °C'ta 15 dakika inkübasyon işlemi ile kesim işlemi gerçekleştirilmiştir. Kesim işleminden sonra restriksiyon fragmentlerinin uç kısımlarına adaptörlerin ligasyonu için adaptör karışımı [*EcoRI / MseI* adaptörler, 0.4

mM ATP, 10 mM Tris-HCL (pH 7.5), 10 mM Mg-asetat, 50 mM K-asetat] ve T4 DNA ligaz (400.000 U/ml) enzimi ile 20 °C'ta 2 saat inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyondan sonra adatörler ligasyonları gerçekleştirilmiş restriksiyon fragmentleri 90 µL 0,1 x TE ile seyreltilerek yoğunluk daha sonraki basamaklardaki PZR reaksiyonlarında kullanılmaya uygun sekilde ayarlanmıştır. İlgili kalıp DNA'nın miktarını ve özgüllüğünü artırmak için hedef sekansın ön çoğaltımı 3' ucunda bir tane fazla nükleotit tasıyan *EcoRI* ve *MseI* adaptörlerine homolog primerler kullanılarak yapılmıştır. Ön çoğaltım PZR işleminde, seyreltilmiş PZR ürünü (2.5 µL), ön çoğaltım primer karışımı (*EcoRI*+A primer ve *MseI*+C primer-20 µL), Taq DNA polimeraz (0.5 µL) ve 10 x Taq DNA tampon (2 µL) ile toplam hacim 25.5 µL'ye ayarlandı. Ön çoğaltım PZR programı denatürasyon 94 °C 30 s, bağlanma 56 °C 1 dk, Uzama 72 °C 1 dak (20 döngü) olarak gerçekleştirilmiştir. Ön çoğaltım işleminden sonra ürünler sulandırılarak yoğunluğu azaltılmıştır. Sulandırılmış PZR ürünleri, 3 nükleotit fazla tasıyan 5 pmol *EcoRI* (700 ve 800 floresan işaretli 2 *EcoRI* primeri) primerleri ve 1 pmol *MseI* primeri kullanılarak seçici çoğaltım işlemi gerçekleştirilmiştir. 2 µL seyreltilmis ön çoğaltım ile elde edilen PZR ürünü (DNA) ve seçici çoğaltım karışımı ile PZR çoğaltımı için hazılanmıştır.

Seçici çoğaltım için PZR programı şu sekildedir:
1. 94 °C 30 s
2. 65 °C 30 s
3. 72 °C 1 dak
4. 94 °C 30 s
5. 62 °C 30 s (her döngüde sıcaklık 0.7 °C azaltılır)
6. 72 °C 1 dak (4, 5 ve 6 basamak 12 döngü)
7. 94 °C 30 s
8. 56 °C 30 s
9. 72 °C 1 dak (7, 8 ve 9 basamak 23 döngü)
10. +4 °C

Seçici çoğaltım ürünleri 94 °C'de 3 dakika denatüre edildikten sonra her bir örneğin üzerine 5 µL (bromofenol mavisi) boya eklenir. Boya ile karışmış ürünler 1X TBE buffer'da % 8 acrilamide jelde, 1500 Voltta ve 40 mA şartlarında çözülmüştür. Li-Cor 4300s DNA analyzer cihazı jelleri fotoğraflamak, analiz etmek ve taramak için kullanılmıştır.

3.3.3.3. *matK* (*maturaz K*) çoğaltımı

İzole edilen total 100 ng DNA (3 µl), 50 µl'lik mix ile karıştırılmak suretiyle polimeraz zincir reaksiyonu için hazırlanmıştır. Karışımın içeriği (Mix); 2 mM dNTP

karışımı (4µl), 10X tampon (5 µl), 2,5 pmol Primer 1 (2 µl), 2,5 pmol Primer 2 (2 µl), H_2O (29 µl), 25 mM $MgCl_2$ (5 µl)'den oluşmaktadır. *matK* bölgesinin çoğaltılması için düz primer olarak *matK*F1, ters primer olarak *matK*R1 primerleri kullanılmıştır (Denda ve ark., 1999-Tablo 3.1.4). Primerlerin birleşme basamağı için 50- 60ºC'e arasında değişen sıcaklık derecesi uygulanmıştır. İlk denaraturasyon basamağı 95 ºC'de 3 dakika'da gerçekleştirilmiştir. Daha sonra 30 döngü için; 94 ºC'de 1 dakika (denaraturasyon), belirlenen Tm'de 1 dakika (primerlerin birleşmesi) ve 72 ºC'de 2 dakika (primerlerin uzaması), final döngü 72 ºC'de 7 dakika da gerçekleştirilerek primerlerin uzaması tamamlanmıştır. *matK* çoğaltımları sonrası tüpler getirilerek örnek' den 5 µl DNA tüpten çekilir; 2 µl distile su, 2 µl Bromofenol mavisi ile karıştırılarak % 1.2' lik agaroz jele yüklenmiştir. Yaklaşık 30 dakika yürütüldükten sonra, jel 10 dakika etidyum bromür içinde yıkanmış ve sonra 5 dakika saf suda tutulmuştur. Bu işlemden sonra, UVP GELDOC-IT 310 görüntüleme sisteminde görüntü alınarak bantlar izlenmiştir. *matK* bölgesinin çoğaltılmasından sonra çoğaltım ürünleri QIAGEN saflaştırma kiti ile saflaştırılmış ve DNA dizileme için MACROGEN firmasına gönderilmiştir.

3.3.3.4. ITS (İç transkribe bölgeler) çoğaltımı

İzole edilen total 100 ng DNA (10 µl), 90 µl'lik PZR karışımına eklenmek suretiyle polimeraz zincir reaksiyonu için hazırlanır. Karışımın içeriği (Mix) aşağıdaki gibidir. 10 mM dNTP karışımı (16 µl), 10X tampon (10 µl), 0.5 pmol Primer 1 (2 µl), 0.5 pmol Primer 2 (2 µl), H_2O (55 µl), 25 mM $MgCl_2$ (5 µl). ITS bölgesi çoğaltılması için düz primer olarak ITS1(düz) ve ITS4 (ters) primer olarak kullanılmıştır (White ve ark., 1990-Tablo 3.1.4). Çoğaltım 94 ºC de 2 dakika, 80 ºC'de 5 dakika devam ederken Polimeraz enzimi ilave edilmiştir.

Primerlerin birleşme basamağı için 50- 60ºC'e arasında değişen sıcaklık derecesi uygulanmıştır. Diğer 30 döngülük aşama 94 ºC' de 1.5 dakika, 57 ºC'de 2 dakika, 72 ºC'de 3 dakika (ilave uzama basamağı olarak 72 ºC'de 15 dakika) devam edilmiştir. ITS sonrası işlemler *matK* sonrası işlemleri ile aynıdır.

3.3.3.5. *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$

rpl32-trnL$^{(UAG)}$ kloroplast genomunun genler arası bölge çoğaltımı Shaw ve ark. (2007)'ın metodu kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Tablo 3.1.4). PZR reaksiyonu 25 µl'lik hacimlerde gerçekleştirilmiştir. 1 µl DNA (10-100 ng), 1X rTaq buffer (PanVera/TaKaRa), 200 µmol/L each dNTP, 3.0 mmol/L MgCl2, 0.2 µg/µL bovin serum albumin, 0.1 µmol/L each primer, and 1.25 units rTaq (PanVera/TaKaRa). PZR çoğaltımından sonrası işlemler *matK* sonrası işlemleri ile aynıdır.

Tablo 3.1.4. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların moleküler analizinde kullanılan primerler

SSR lokus	**Primerler**	**Tekrar**	**Primer Dizisi (5'-3')**
12B1	SSR Primerleri	$(TA)_{27}$ $(GA)_{22}$	F*:CACACTCACGCTCAGCATTC R:CATCGTTTCCAAACTTCCTC
13D10		$(AC)_7ATAC(AT)_{10}$	F*:GGAGGCATGCGAACTAAAAG R:CCGGTCTCATGAAAACAACT
21D9		$(CA)_{20}$	F*:CATATACACCCACGCACAGC R:GGTGCAGCAAGGAGAGGAC
28A7		$(CA)_{16}$	F*:TTTCTATGCTGTTTGTTTTTGG R:CCCATACGTCGTCTTCCC
	matK primeri		1F:GCTTACTTATTGTGAAACGTTTAAT 1R:AAAGCGGTCAATAATATCAGAATC
	ITS primeri		ITS1F:TCCGTAGGTGAACCTGCGG ITS4R:TCCTCCGCTTATTGATATGC
	rpl32-trnL$^{(UAG)}$ primeri		*trnL*$^{(UAG)}$: CTG CTT CCT AAG AGC AGC GT *rpL32*: CAG TTC CAA AA A AAC GTA CTT C
Komb1	AFLP primer kombinasyonları		M-CAA / E-AAC(700) + E-AGG(800)
Komb2			M-CAA / E-AAG(700) + E-ACG(800)
Komb3			M-CAA / E-ACA(700) + E-ACT(800)
Komb4			M-CTG / E-AAC(700) + E-AGG(800)
Komb5			M-CTG / E-AAG(700) + E-ACG(800)
Komb6			M-CTG / E-ACA(700) + E-ACT(800)
Komb7			M-CAC / E-AAC(700) + E-AGG(800)
Komb8			M-CAC / E-AAG(700) + E-ACG(800)
Komb9			M-CAC / E-ACA(700) + E-ACT(800)
Komb10			M-CTC / E-AAC(700) + E-AGG(800)
Komb11			M-CAA / E-ACA(700) +E-ACG(800)
Komb12			M-CTG / E-ACA(700) + E-ACG(800)
		Primer adı	**Baz dizilişi (5'-3')**
AFLP Primerleri	700	*E-AAG	GACTGCGTACCAATTCAAG
	700	*E-ACA	GACTGCGTACCAATTCACA
	700	*E-AAC	GACTGCGTACCAATTCAAC
	800	*E-ACT	GACTGCGTACCAATTCACT
	800	*E-AGG	GACTGCGTACCAATTCAGG
	800	*E-ACG	GACTGCGTACCAATTCACG
		M-CTC	GATGAGTCCTGAGTAACTC
		M-CAA	GATGAGTCCTGAGTAACAA
		M-CAC	GATGAGTCCTGAGTAACAC
		M-CTG	GATGAGTCCTGAGTAACTG

*FAM işaretli primerler; ¤ IRDye 700 ve 800 Infrared boya

3.3.3.5. PZR ürününün saflaştırılması

matK, ITS ve *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ ürünlerinin saflaştırma işlemi tamamen aynı prosedüre göre QIAGEN saflaştırma kiti kullanılarak gerçekleştirilmiştir. PZR sonrası 22 µl DNA örneği yeni bir tüpe alınmış ve üzerine 125 µl PB tamponu eklenmiştir. Elde edilen total hacim yeni bir tüpe aktarılmış ve 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Alttaki sıvı kısım dökülmüş, üzerine 150 µl saf etanol ve 37,5 µl PE tamponu eklenmiştir. Sonra 1 dakika 13000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Sıvı kısım dökülerek tekrar aynı süre ve rpm'de santrifüj gerçekleştirmiştir. Santrifüj sonrası 40 µl EB eklenmiştir.

1 dakika beklenmiş ve sonra 1 dakika 13000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Sonuçta tüpümüzde 40 µl DNA kalmıştır. % 1.2' lik jele; 1 µl DNA, 4 µl H2O, 2 µl bromofenol mavisi karıştırmak suretiyle yüklenmiştir. 30 dakikalık yürütmeden sonra bantları görmek için gerçekleştirilen aşama UVP'de izlenen aşamanın tamamen aynısıdır.

3.3.4. Veri Analizi

3.3.4.1. SSR veri analizi

Markov zincir algoritması kullanılarak Fisher'in tam testi **(**Guo ve Thompson, 1992) her bir populasyon için Hardy–Weinberg dengesinden sapmalar değerlendirmek için kullanılmıştır. Weir ve Cockerham'ın (1984) tahminlerine göre, F-istatistiği populasyon içi ve arası genetik çeşitliliğin dağılımını analiz etmek için kullanılmıştır (Hedrick, 2005).

Özellikle, F_{IS} populasyon seviyesinde Hardy–Weinberg dengesinden sapmalardan dolayı toplam genetik çeşitliliği oranını tahmin etmek için hesaplanmıştır. F_{ST} populasyonlar arasındaki farklılaşmadan toplam genetik çeşitlilik oranını tahmin etmek için hesaplanmıştır. P değerlerini dikkate almayarak, F_{ST} değerleri için 0-0.05 aralığı için düşük genetik farklılaşma, 0.05-0.15 değer aralığı için ılımlı bir farklılaşma ve 0.25'ten daha yukarısı için oldukça büyük bir genetik farklılaşma olarak değerlendirilmiştir (Wright, 1978; Hartl ve Clark, 1997).

$$F_{ST} = F_{IT}-F_{IS}/\ 1-F_{IS}$$
$$F_{IS} = (H_S - H_O) / H_S$$
$$F_{IT} = (H_T - H_O) / H_T$$

F_{IT}: Toplam populasyonlarda Hardy-Weinberg oranlarından sapmayı gösterir.

F_{IS}: Alt populasyonlarda Hardy-Weinberg oranlarından sapmayı gösterir.

F_{ST}: Wright'ın standardize edilmiş varyansı

H_O: Alt popülasyonlarda gözlenen heterozigotluk degerinin ortalaması

H_S: Alt popülasyonlarda beklenen heterozigotluk degerinin ortalaması

H_T: Tüm popülasyonda beklenen heterozigotluk değeri (Hedrick, 2005).

Null allel frekansı $x<0.05$ değerine göre düşük, $0.05\leq x\leq 0.2$ ise ortalama ve $x>0.20$ yüksek null allel frekansı sahip olduğu ifade edilmiştir (Chapuis ve Estoup, 2007).

Allelik zenginlik ya da allellik çeşitlilik (her lokustaki allelin ortalama sayısı olarak hesaplanan-Hughes ve ark 2008), genetik çeşitliliği ölçmek için alternatif bir kriter olarak allelik zenginlik hesaplanmıştır (Rodrigáñez ve ark., 2008).

İncelenen allel ve bireylerin benzerliğine araştırma imkanı veren, bu kapsamda test edilen populasyonlar arasında genetik ilişkilerin dağılımını gösteren Faktöriyel Birleşim Analizi (FCA-Factorial Correspondance Analysis-Lebart ve ark. (1984) test edilmiştir.

Gözlenen heterozigotluk (Hobs) ve beklenen heterozigotluk (Hexp) değerleri ile GENETIX programı yardımıyla (Belkhir ve ark., 2004), null allel frekansı GENEPOP 4.2 (Rousset, 2008), F_{ST} ve F_{IS} GENETIX, GENEPOP ve F_{ST} ve allelik zenginlik değerleri FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002) pogramlarında hesaplanmıştır (Ek 3).

3.3.4.2. AFLP veri analizi

Jel görüntülerinden bantlar var (1) ve yok (0) şeklinde skorlanarak veri matriksi oluşturulmuştur. Genetik çeşitlilik seviyelerinin belirlenmesi için, her bir populasyon ve her bir grup için gözlenen allel sayısı (na), Etkili allel sayısı [(ne)Kimura and Crow (1964)], Nei'nin (1973) gen çeşitliliği (h), her bir populasyondaki çeşitlilik düzeyini

gösteren Shannon indeks değeri [(I)Lewontin (1972)], Genetik Farklılaşma Katsayısı (G_{ST}) POPGENE-Version 1.32 programı kullanılarak hesaplanmıştır.

Polimorfik Bant Yüzdesi, gözlenen allel sayısı, etkili allel sayısına ait formüller Özaydın 2007 doktora tezinden alınmıştır.

Polimorfik Bant Yüzdesi = **PBY = np/r** (Nei, 1987)

Formüldeki np, polimorfik bant sayısı; r ise, toplam bant sayısıdır.

$$\text{Gözlenen allel sayısı} = n_a = \frac{\sum_i n_{ai}}{r} \quad \text{(Nei, 1987)}$$

Eşitlikteki na, bant başına düşen ortalama lokus veya allel sayısını; nai; i. banttaki allel sayısını; r, bant sayısını göstermektedir. Genetik çeşitliliğin bir diğer parametresi de lokus başına düşen allel sayısıdır.

$$\text{Etkili Allel Sayısı} = n_e = 1/\Sigma x_i^2$$

Eşitlikteki xi, i bantındaki ortalama allel yoğunluğudur. Etkili allel sayısı, homozigotluğun tersidir.

Taksonlar arasındaki akrabalıkları belirlemek için NTSYS pc 2.1 (Rohlf, 2004) bilgisayar programında dendogram oluşturuldu.

PAST 2.14 programında öklidiyan benzerlik indeksine göre Temel unsur analizi (PCA) ve temel koordinat analizi (PCoA) gerçekleştirilmiştir.

3.3.4.3. *matK* veri analizi

DNA dizileri Bioedit ve MEGA 6 programları kullanılarak hizalanmıştır. DnaSP 5 programı ile moleküler çeşitlilik analizleri için, ayrılan bölge (S) ve haplotip sayısı, haploid (Hd) ve nükleotid çeşitliliği (Pi), Gen akışı (Nm), Genetik farklılaşma (F_{ST}) ve diğer farklılaşma parametreleri haplotip frekansını temel alan (G_{ST}) ve haplotipler arasındaki moleküler mesafeyi temel alan Nst değerleri hesaplanmış ve Tajima testi gerçekleştirilmiştir (Pons ve Petit, 1996; Rozas ve ark., 2003).

Nükleotid çeşitliliği (pi: π): i ve j karşılaştırılan dizilerdir. πij: i ve j haplotipleri arasındaki genetik mesafe, i ve j haplotiplerinin frekanslarının pi ve pj

$$\pi_T = \sum_{ij} p_i p_j \pi_{ij}$$

Haplotip çeşitliliği (Hd=H): bir populasyon içerisindeki haplotiplerdeki çeşitlilik derecesinin bir ölçümüdür (Hd ve Pi değerleri için Shane's Simple Guide to F-statistics)

$$H = 1 - \sum_{i=1}^{j} p_i^2$$

Populasyon farklılaşma parametreleri (G_{ST} ve N_{ST}) DnaSp programında hesaplanmıştır. G_{ST} hesaplamada Hs ve Ht, Nst hesaplamada Vs ve Vt populasyon çeşitlilik parametreleri kullanılmaktadır.

$$\hat{v}_S = \frac{1}{n} \sum_{k \le n} \hat{v}_k = \frac{1}{n} \sum_{k} \frac{n_k}{n_k - 1} \sum_{ij} \pi_{ij} x_{ki} x_{kj},$$

$$\hat{v}_T = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{k \neq l} \sum_{ij} \pi_{ij} x_{ki} x_{lj} = \sum_{ij} \pi_{ij} x_{.i} x_{.j}$$

$$\hat{N}_{ST} = 1 - \frac{\hat{v}_S}{\hat{v}_T}$$

n populasyonlar, k. populasyon, i ve j haplotip, Vt: toplam gen çeşitliliği, Vs populasyonun gen çeşitliliği (Pons ve Petit, 1996)

$G_{ST} = H_T - H_S / H_T$
$Nm = 0.5 (1 - G_{ST}) / G_{ST}$ (Nei 1987)

Gen akışı (Nm) populasyonlar arasındaki göçleri/gen akışını hesaplamak için kullanılmıştır (Hedrick, 2005).Slatkin (1981, 1985), Caccone (1986) ve Waples (1987) göre gen akışı Nm≥1 Yüksek, 0.250-0.99 arasında orta ve 0-0.249 arasında ise düşük olduğu ifade edilmiştir. Mills ve Allendorf (1996) tarafından, endemik türlere ait doğal populasyonlar için Nm=1 ise yeterli bir gen akışının olmadığı düşünülmüş ve tehlike altındaki türler için çok daha yüksek oranda gen akışının olması gerektiği ifade edilmiştir.

Verilerin frekansına göre oluşan haplotipler arası ağ yapı Network programında yapı median-joining algoritmasıyla oluşturulmuştur. Populasyon yapısı haplotip sıklıklarını temel alan Moleküler varyans (AMOVA) analizleri Arlequin programı ile değerlendirilmiş (Excoffier ve ark., 1992) olup ve Fst istatiksel önemi 1023 permutasyonla test edilmiştir (Excoffier ve ark., 2005).

ITS, *matK* ve *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$'ye dayalı Parsimoni ve neighbor-joining (NJ) filogenetik analizleri PAUP 4.0 beta sürümü ile gerçekleştirilmiştir (Swofford, 1999).

3.4. Sayısal Yöntem

Araziden toplanan *Psephellus* örneklerinin morfolojik incelenmesiyle, bitkinin genel yapısı, gövde, yaprak, kapitulum, involukrum, fillariler, apendajlar ve aken özellikleri başlıkları karakterler kullanılmıştır. Bu karakterlere ait bir veri matrisi düzenlenmiştir. Bu veriler sayısal olarak değerlendirilerek NTSYS pc 2.1 (Rohlf, 2004) bilgisayar programında dendogram oluşturularak taksonlar ve populasyonlar arasındaki genetik akrabalıklar ortaya çıkarılmıştır. Aynı programda Temel Unsur Analizi (PCA) yapılarak genetik çeşitlilik seviyesi ve populasyonların uzaysal dağılımı hakkında bilgi verilmiştir.

3.5. Mikromorfolojik Yöntem

Arazi çalışmaları sırasında toplanan tohumlar, iletken duruma geçebilmesi ve elektron mikroskop ekranında detaylı görüntü verebilmesi için altınla kaplanmıştır. Akenlerin mikroyapısal özelliklerini gösteren resimler Selçuk Üniversitesi İleri Teknoloji Araştırma ve Uygulama Merkezinde bulunan ZEISS LS-10 taramalı elektron mikroskobunda çekilmiştir.

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

4.1. Araştırma Sonuçları

4.1.1. Morfolojik bulgular

4.1.1.1. Seksiyon *Odontolophoidei* (Tzvelev) Wagenitz & Hellwig

Type: *Centaurea aucheriana* DC. ≡ *Psephellus aucherianus* (DC.) Boiss. (≡ *Phaeopappus microcephalus* Jaub. & Spach, Yasadışı ad.)

≡ *Centaurea* sect. *Odontolophoideae* Tzvelev in Bot. Mater. Gerb. Bot. Inst. Komarova Akad.Nauk SSSR 19: 422. 1959 ≡ *Centaurea* subg. *Odontolophopsis* Tzvelev in Bobrov & Cerepanov, Fl. SSSR 28: 485. 1963 ≡ *Phaeopappus* sect. *Psephelloides* Jaub. & Spach, Ill. Pl.Orient. 3: 16. 1847, non *Centaurea* sect. *Psephelloideae* Boiss. 1875, nec *Psephellus* sect.*Psephelloidei* (Boiss.) Wagenitz & Hellwig 2000.

Tabanda odunsu, tabandan veya tabana yakın dallanmış çok sayıda gövdeli çok yıllık bitkiler. Yapraklar flokkoz veya basık tomentoz, alt gövde yaprakları saplı, lirat, pinnatifid, pinnatipartid veya parçalanmamış, orta ve üst gövde yaprakları sapsız, lanseolat veya lineara yakın. İnvolukrum 10-20 mm x 6-22 mm, ovoidden globoza kadar. Fillariler çok sıralı, apendajlar zarımsı, saman rengi, fillarilerin taban kısımlarını tamamen veya kısmen örter, ovattan dairesele kadar değişir, sili, dekurrent değil. Kapitula heterogam, Çiçekler pembe, marjinal çiçekler zayıf radyant veya radyant değil, 5-6 loblu, staminodlu. Aken 4-6 mm uzunluğunda, yandan basık, düz, nisbeten geniş. Pappus 1-4.5 mm uzunluğunda, skabroz tüylü, iç sıra daha kısa.

Bu seksiyona ait endemik üç tür Doğu Anadolu Bölgesinde yayılış gösterir.

Anahtar

1.Yaprak ovat-orbikular, apekse doğru dereceli olarak indirgenmemiş, yoğun yünsü-tomentoz *Ps. sintenisii*

1.Yaprak darca ovat-oblong veya spatuleyt, apekse doğru dereceli olarak veya aniden indirgenir, flokkoz-tomentoz veya seyrek tomentoz

2. Apendaj brakteleri tabanda örtmez, pappus iç sıra dış sıradan açıkça kısa *Ps. yusufeliensis*

2. Apendaj brakteleri tabanda kısmen veya tamamen örter, pappus iç sıra, dış sıra ile hemen hemen aynı boyda *Ps. aucherianus*

4.1.1.1.1. *Psephellus aucherianus* (DC.) Boiss.

[Fl. Orient. 3: 611 (1875)] (Şekil 4.1-3).

Tip:[Türkiye B7] in Cappadocia ad euphratem (1834), *Aucher* 3144 (holo. G-DC!, iso. BM, G!, K, P!).

≡ *Centaurea aucheriana* DC., Prodr. 6: 576 (1838). ≡*Phaeopappus microcephalus* Jaub. & Spach, Pl. Orient. 3:16 (1847). ≡*Ph. aristatus* Jaub. & Spach, 111. PL Or. 3:18 (1847).).

25-42 cm uzunluğunda, odunsu rizomlu, tabandan itibaren dallanarak demet şeklinde gelişen çok sayıda gövdeli, çok yıllık otsu bitkiler. *Gövde* erekt-askending seyrek tomentoz tüylü, tabanda 1-2 mm çapında. *Yapraklar* tüm gövde üzerinde sıkı bir şekilde dizilmiş, üst yüzeyleri yoğun, alt yüzeyleri daha seyrek adpressed-tomentoz tüylü, belirgin damarlı, üçları mukronat, taban yaprakları saplı, çok değişken, geniş lanseolattan-rhomboide kadar değişen genellikle düzensiz dişli terminal segmentle, 1-2 küçük linear-lanseolat lateral segmentli lirat, veya lanseolattan oblonga kadar değişen basit yapraklı, 2.5-14.5 x 0.6-3.5 cm (petiyol dahil), genellikle geç çiçeklenme döneminde kurumuş; gövde yaprakları genellikle düz kenarlı, veya 1-2 düzensiz dişli, 1.5-4.5 x 0.2-0.8 cm, üst gövde yaprakları seyrek, lanseolat, kenarları katlanmış (involut), involukruma doğru indirgenmiş, ve brakte benzeri. *Kapitula* tek, radiant, 21.5-23.5 mm. *Involukrum*, ovoid-globoz, olgunlukta fincan şeklinde açılır, 11.7-14.1 x 8.3-11.9 mm, tabanda kuneat. *Brakteler* genellikle 5-6 seri; *Apendajlar* zarımsı, fillari tabanlarını tamamen veya kısmen örter, laserasyon yok, dekurrrent değil, kenarları kahverengimsi, herbir tarafta aşağı yukarı 1.5-2 mm uzunluğunda 9-10 silli, uçta mukrolu; dış fillariler oblong, tüysüz, 2.5-3.5 x 2-2.5 mm, orta fillariler oblong-lanseolat, 6-6.5 x 2-2.5 mm, iç fillariler linear, 10 x 1-2 mm, dış apendajlar ovat, 3.5-4 x

3.5-4 mm, orta apendajlar ovat-orbikular, 2.5-3.5 x 3.5-4 mm, iç apendajlar ovat 2-2.5 x 1.5 mm. *Çiçekler* pembe, marjinal çiçekler radyant, içtekilerden daha uzun, 18-20 mm boyunda, infundibular, 5-7 linear-lanseolat loplu, loblar 5-6 mm, staminodlu, marjinal çiçeklerin tüpünden dışarıda, merkezi çiçekler hermafrodit, marjinal çiçeklerle aynı renkte, 14-16 mm boyunda, 5 loblu, lob uzunluğu 4 mm, korolla tüp uzunluğu 7.5-8 mm, anter tüpüne eşit ya da biraz kısa, anter tüpü krem. *Aken* oblong, 6-7 x 2 mm, kremsi kahverengi, parlak, hemen hemen tüysüz; *Pappus* heteromorfik, belirgin çift sıra, dış sıra skabroz, iç sırayla aynı boyda, 2.5-3.5 mm, kahverengi renkli, iç sıra pulsu, 2.5-3 mm *2n=30. Çiçeklenme Haziran-Temmuz. Kalker kayalıklar, Quercus açıklıkları, yamaçlar, 1000-1800 m.*

Genel yayılışı: Endemik, Iran-Turan BCB

Türkiye'deki yayılışı: Yukarı Fırat Bölümü.

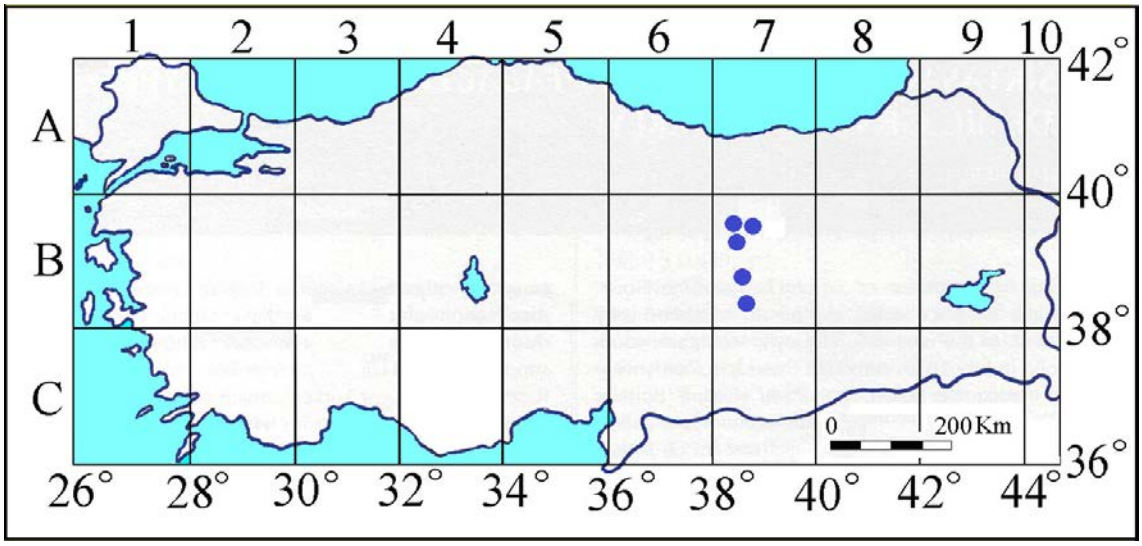
İncelenen örnekler:

Endemik. İran-Turan elementi.

[B7] Erzincan: Kemaliye, İliç-Kemaliye yolu Bağıstaş Köyü yukarısı, Kayalık yamaçlar, 1180m, 39^0 25' 613" K, 038^0 27' 402" D, 08.07.2010, K. Ertuğrul 4124, (KNYA!); Kemaliye yolu Salihli Köyü yukarısı, Serpantin, 1506m, 390 21' 348" K, 0380 28' 062" D, 05.06.2011, K. Ertuğrul 4378, (KNYA!); İliç, Bağıştaş'tan Kemaliye'ye doğru 4. km, kalker kayalıklar, 28.05.2008, A. Kandemir 9077!, İliç-Kemaliye arası Bağıştaş yukarısı, Kalker kayalıklar, meşelik, 1130m, 39^0 25' 738" K, 038^0 26' 626" D, 05.06.2011, K. Ertuğrul 4369 & Uysal, (KNYA!); Kemaliye-Dutluca geçidi, batı (1 km) yamaçlar, Dik kalker kayalık, 1650m, 05.07.2012, K. Ertuğrul 4690 & Uysal, (KNYA!); Kemaliye, İlasu-Davul Köprü arası, kayalık alanlar, 1800 m, 39^0 18' 402" K, 038^0 35' 355" D, 03.06.2007, H. A 5605 (HUB!); Erzincan-Kemaliye arası 128. km, kalker kayalıklar, 1170 m, 15.06.2004, A. Duran 6529! & E. Hamzaoğlu (Bozok Hb.); Kemaliye-Dutluca, Dutbeli mevkii, meşe açıklığı, 1225 m, 39^0 08' 58" K, 038^0 37' 07" D, 05.07.2007, U. Özbek 2583 & S. Yüzbaşıoğlu (GAZI!); Elazığ: Keban, Bademli Köyü batısı, Step, 1250-1300m, 38^0 43' 400" K, 038^0 47' 700" D, 06.06.2011, K. Ertuğrul 4384 & Uysal, (KNYA!); Baskil, Aşağı Alhan Köyü Sol Mah., arası, meşelikler, 1000-1300 m, 04.06.1998, L. Behçet 5925, VANF!; Keban Barajına 5 km kala, kalker yamaçlar, 1000-1200 m, 11.06.1983, T. Ekim 7131 (GAZI!, ANK!);

Kemah, Eriç köyü güneyi, Meşe açıklıkları, taşlık bayırlar, 1265-2000m, 04.07.2012, K. Ertuğrul 4664 & Uysal, (KNYA!).

Ps. aucherianus türüne ait Elazığ-Kebandan toplanan örneklerin involukrum, brakte ve apendajları bakımından İran'dan bilinen *Ps. phaeopappoides* (Bordz.) Wagenitz türüylede benzerlik gösterdiği ve varyasyon sınırları içinde akraba olduğu düşünülmüştür. Ancak karakteristik olarak pappusun iç ve dış sırasının hemen hemen aynı uzunlukta olması, Keban populasyonunun *Ps. aucherianus* olduğu kanaatine götürmüştür. Bu nedenle İranda yayılış gösteren *Ps. phaeopappoides*'in *Ps. aucherianus* ile olan taksonomik ve filogenetik akrabalıklarının yeniden gözden geçirilmesi ve ele alınması gerekmektedir. Ayrıca *Ps. aucherianus* populasyonları içerisinde yer alan Dutluca populasyonun *Ps. sintenisii* türü ile yaprak özellikleri ve indumentum (yünsü-tomentoz) yapısı açısından bir benzerlik içerdiği tespit edilmiştir. Bununla birlikte, örneklerin aken ve özellikle pappus morfolojisinin açıkça *Ps. aucherianus*'a benzemesi nedeniyle *Ps. sintenisii* türüyle taksonomik olarak akraba olamayacağı sonucuna varılmıştır.



Şekil 4. 1. *Ps. aucherianus* (DC.) Boiss. taksonunun yayılışı (Endemik)



Şekil 4.2. *Ps. aucherianus* (DC.) Boiss. a-Herbaryum Örneği, b-Kapitula, c-Dış Fillari, d-Orta Fillari, e-İç Fillari



Şekil 4.3. *Ps. aucherianus* (DC.) Boiss. türünün tip örneği

4.1.1.1.2. *Psephellus sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal (Yeni Kombinasyon) (Şekil 4.4-6).

Tip: [Türkiye B7 Erzincan] Egin (Kemaliye), Salachlü (Salihli), Sint. 1890: 2729 (P!).

≡ *Centaurea sintenisii* Freyn in Oesterr. Bot. Z. 42:238 (1892.

20-33 cm uzunluğunda, demet oluşturan, rizomlu, çok sayıda gövdeli, çok yıllık otsu bitkiler. *Gövde* erekt-askending, tomentoz tüylü, tabanda 2-3.3 mm çapında. *Yapraklar* tüm gövdeyi sarar, tabanda daha yoğun, üst yüzeyleri yoğun adpressed-tomentoz tüylü, alt yüzeyleri daha seyrek tomentoz tüylü, belirgin damarlı, uçları obtuz, 1.5 mm mukronat, taban yaprakları çiçeklenmede kurumuş, alt ve orta gövde yaprakları saplı, parçalanmamış, değişken şekilli, orbikular-ovat, 1.8-3.3 x 1.1-2.4 cm (petiyol dahil), üst gövde yaprakları dar eliptik-lanseolat, kapitulaya doğru dereceli olarak indirgenmiş ve brakte benzeri. *Kapitula* tek, radiant, 19.4-26.4 mm. *Involukrum* ovoid-silindirik, olgunlukta fincan şeklinde açılır, 13.7-16.8 x 11.4-15.5 mm, tabanda kuneat. *Brakteler* genellikle 5-6 seri, *Apendajlar* zarımsı, fillari tabanlarını tamamen örter, laserasyon yok, dekurrrent değil, kenarları kahverengimsi, herbir tarafta aşağı yukarı 1-1.5 mm uzunluğunda 9-10 silli, uçta mukrolu; dış fillariler orbikular, tüysüz, 2-3 x 2-2.5 mm, orta fillariler ovat-lanseolat, 6-8 x 2-2.5 mm, iç fillariler linear, 10 x 1 mm, dış apendajlar ovat-lanseolat 3 x 1.5 mm, orta apendajlar ovat-orbikular, 4-5 x 3.5-4.5 mm, iç apendajlar rhombik-orbikular, 2.5-3 x 3-4 mm. *Çiçekler* pembe, marjinal çiçekler radyant, içtekilerden daha uzun, yaklaşık 20 mm boyunda, infundibular, 5-6 linear-lanseolat loplu, loblar 6 mm staminodlu, staminodlar 5-6 adet, marjinal çiçeklerin tüpünden dışarıda, merkezi çiçekler hermafrodit, marjinal çiçeklerle aynı renkte, 15-17 mm boyunda, 5 loblu, lob uzunluğu 5-6 mm, korolla tüp uzunluğu 7-9 mm, anter tüpüne eşit ya da biraz uzun, anter tüpü ucu pembe, tabanı krem. *Aken* oblong, 5-6.5 x 2.5-3.5 mm, kahverengi, parlak, ince tüylü; *Pappus* heteromorfik, belirgin çift sıra, dış sıra skabroz, iç sıradan daha uzun, 3-4.5 mm boyunda, kahverengi renkli, iç sıra pulsu, 1.5-2 mm. *Çiçeklenme Haziran. Serpantin yamaçlar, 1400-1500 m.*

Genel yayılışı: Endemik, Iran-Turan BCB

Türkiye'deki yayılışı: Yukarı Fırat Bölümü.

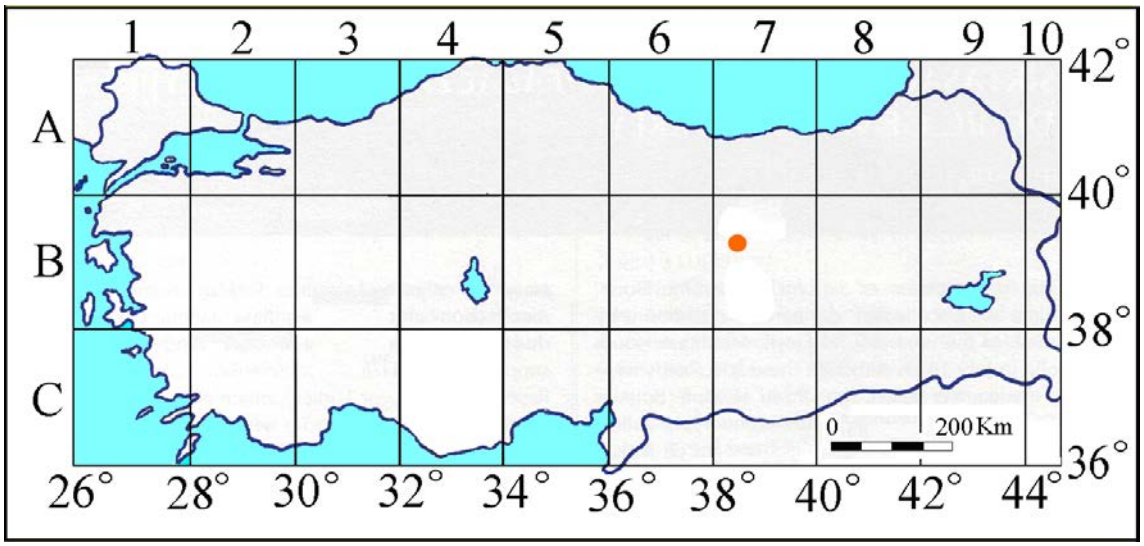
İncelenen örnekler:

[B7] Erzincan: Kemaliye, Salihli Çimento Geçidi, serpantin, 1502 m, 39^0 21' 29" K, 038^0 28' 230" D, 12.06.2004, A. Kandemir 6084 (KNYA!); Salihli-Erzincan arası 7. km,

sepantin taşlı yamaçlar, 1520 m, 06.06.2004, A. Kandemir 6082! (Bozok Hb.); İliç-Kemaliye karayolu, Bağıştaş Köyünden 4-5 km Kamaliye'ye doğru, serpantin tepecikler, 1488 m, 39^0 21' 248" K, 038^0 27' 875" D, 22.06.2011, T. Uysal 2590 (KNYA!); İliç-Kemaliye, Salihli-Çimento tepe, Serpantin yamaçlar, 1500m, 39^0 21' 371" K, 038^0 28' 071" D, 08.07.2010, K. Ertuğrul 4125, (KNYA!); Kemaliye yolu Salihli çimento geçiti, Serpantin yamaçlar, 1506m, 39^0 21' 348" K, 038^0 28' 062" D, 05.06.2011, K. Ertuğrul 4371, (KNYA!); Kemaliye-İliç arası, 15. km, serpantin taşlı yamaçlar, 1400 m, 15.06.2004, A. Duran 6541! & E. Hamzaoğlu (Bozok Hb.); Kemaliye, Salihli Köyü üstü, serpantin taşlı yamaçlar, 1500 m, 39^0 21' 35" K, 038^0 27' 17" D, 09.07.2006, S. Y. O. 2808 (HUB!); Aynı yer, 1460 m, 13.07.2005, M. V. 9229 (KNYA!).

Bu tür ilkkez 1892 yılında *Centaurea sintenisii* olarak bilim dünyasına yeni tür olarak tanımlanmıştır (Şekil 4.6**)**. Ancak *Ps. aucherianus* türü içinde yaprak özelliği bakımından bir varyasyon olarak düşünülerek *Centaurea aucherianus* türünün sinonimi olarak değerlendirilmiştir. Bununla birlikte Ertuğrul ve Uysal (2013) tarafından yapılan incelemeler neticesinde; *C. sintenisii*, *Psephellus* cinsi içerisinde yeni bir kombinasyonla düzenlenmiştir.

Arazi çalışmaları sırasında Kemaliye ve çevresinden serpantin ana kaya üzerinden toplanan örneklerin yaprak, involukrum ve aken morfolojisi bakımından *Ps. aucherianus* türü ve populasyonlarından açıkça farklı olduğu görülmüştür. *Ps. sintenisii* ovat-orbikular parçalanmamış taban ve gövde yaprakları, yünsü tomentoz indumentumu, involukrum braktelerini tamamen örten apendaj yapısı, daha iri kapitulasının yanı sıra, açıkça farklılaşmış pappus yapısında iç sıranın oldukça indirgenerek kısalmış olması ile karakterize edilebilir. Ayrıca anter tüpünün apekse doğru mor, stilusun yoğun tüylü ve mor renkte olması ve çiçeğin her yerinde stilusta glandların bulunması ilede ayrılabilir.



Şekil 4.4. *Ps. sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal taksonunun yayılışı (Endemik)



Şekil 4.5. *Ps. sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal a-Herbaryum Örneği, b-Dış Fillari, c-Orta Fillari, d-İç Fillari



Şekil 4.6. *C. sintenisii* (Freyn) Ertuğrul & Uysal Türünün Tip örneği

4.1.1.1.3. ***Psephellus yusufeliensis* O. Tugay & Uysal**

[Nordic J. Bot. 27(2): 134-137 (2009)] (Şekil 4.7-8)

Tip: [Türkiye A8 Artvin] Yusufeli, Kayalık yamaç, 790 m, a.s.l., 40^0 57’ N, 41^0 29’ E, 8 Aug 2007, *O.Tugay* 5175 & T. Uysal (holo. KNYA!, iso. GAZI, K).

≡ *Psephellus coruhensis* A.Duran & M.Öztürk, Ozean J. Appl. Sci. 2(1): 103-111 (2009).

20-45 cm uzunluğunda, odunsu rizomlu, tabandan itibaren dallanarak demet şeklinde gelişen çok sayıda gövdeli, çok yıllık otsu bitkiler. *Gövde* erekt-askending yoğun flokkoz-tomentoz tüylü, tabanda 1-2 mm çapında. *Yapraklar* dimorfik; taban ve alt gövde yaprakları parçalanmamış, genellikle spatulat-oblanseolat; veya nadiren 1-2 düzensiz pinnatisekt, 5-6 x 0.7-1.3 cm (petiyol dahil), tabana doğru attenuat; orta ve üst gövde yaprakları involukruma doğru oldukça indirgenmiş, 0.2-2 cm boyunda 0.5-2 mm eninde. *Kapitula* tek, radiant, 16-23 (-27) mm boyunda. *Involukrum*, çiçekte ovoid-silindirik, olgunlukta fincan şeklinde açılır, 13-15 x 6.5-10 mm, tabanda kuneat. *Brakteler* genellikle 5 seri; *Apendajlar* kıkırdaksı fillari tabanlarını tamamen örtmez, laserasyon yok, dekurrrent değil, merkezi kahverengi, kenarlar saman rengi, herbir tarafta aşağı yukarı 0.5-1 mm uzunluğunda 6-8 silli, uçta 0.5 mm mukrolu; dış fillariler oblong, tüysüz, 2-3 x 1.5-2 mm, orta fillariler oblong, 4-5 x 2-2.25 mm, iç fillariler dar oblong-lanseolat, 6-10 x 1-1.5 mm, dış apendajlar ovat-orbikular, 1.6-2.1 x 1-1.5 mm, orta apendajlar ovat-orbikular, 3.5-4.5 x 1.8-3 mm, iç apendajlar ovat 2-35 x 1-1.5 mm. *Çiçekler* pembe, marjinal çiçekler radyant, içtekilerden biraz uzun, 12-17 mm boyunda, infundibular, 5-6 linear loblu, loblar 5-6 mm, staminodlu, merkezi çiçekler hermafrodit, marjinal çiçeklerle aynı renkte, 11-15 mm boyunda, 5 loblu, lob uzunluğu 5-6 mm, korolla anter tüpüne eşit, anter tüpü krem ucu pembe. *Aken* oblong, 4-5 x 1.5-2 mm, kremsi kahverengi, parlak, seyrek tüylü; hafif çizgili, *Pappus* heteromorfik, belirgin çift sıra, dış sıra skabroz, kahverengi renkli 1.5-2 mm, iç sıra pulsu, 0.5-0.6 mm.. *Çiçeklenme Mayıs-Haziran. Kalker kaya aralıkları, 675-1000 m.*

Genel yayılışı: Endemik, Doğu Karadeniz BCB

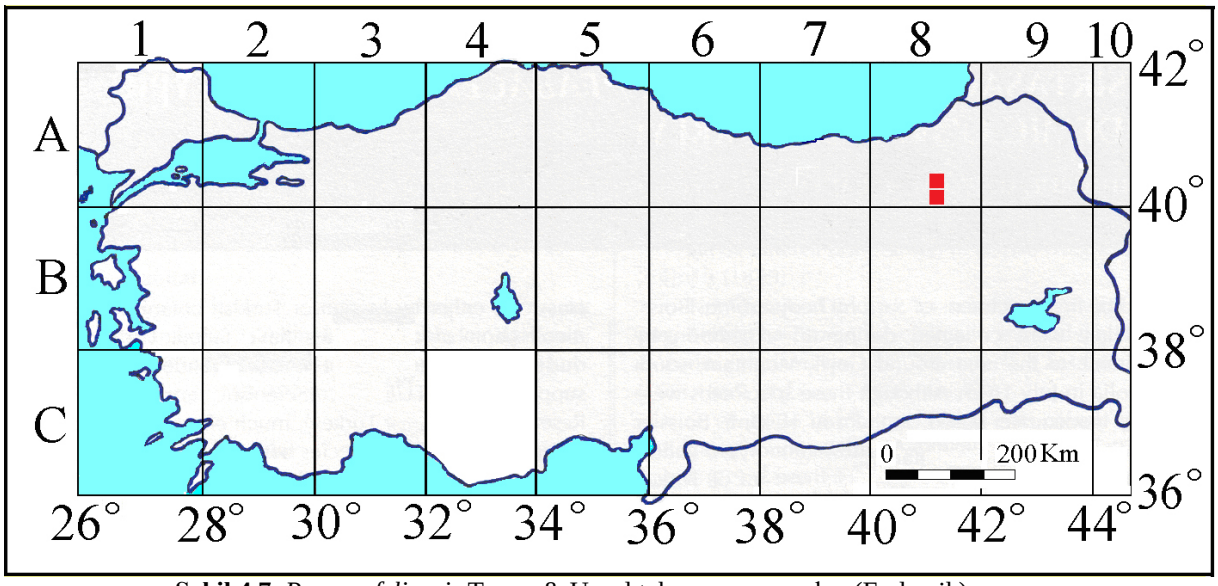
Türkiye’deki yayılışı: D. Karadeniz Bölümü.

İncelenen örnekler:

[A8] Artvin: Yusufeli-Sarıgöl arası, Dereiçi mevki, kaya üzeri, 675m, 40^0 52' 254" K 041^0 31' 814" D, 04.07.2010, K. Ertuğrul 4015 (KNYA!); Yusufeli-Uzundere arası ,

kaya üzeri, 692 m, 40^0 40' 156" K, 041^0 40' 147" D, 07.07.2010, K. Ertuğrul 4104 (KNYA!); Yusufeli-Sarıgöl çıkışı, Kaya üzeri, 625m, 40^0 49' 479" K, 041^0 32' 844" D, 31.05.2011, K. Ertuğrul 4237 & Uysal (KNYA!); Yusufeli-İspir yolu girişi, Kaya üzeri, 31.05.2011, K. Ertuğrul 4238 & Uysal (KNYA!); Yusufeli, Balaban Köyü çıkışı, kaya çatlakları, 1600 m, 06.06.2008, E. Hamzaoğlu 5087! (Bozok Hb.); Yusufeli, kayalık yamaç, 790 m, 40^0 57' 202" K, 041^0 29' 921" D 08.08.2007, O.Tugay 5175 & T. Uysal (GAZI!); Yusufeli-Sarıgöl arası 2. km, taşlı yamaçlar, 630 m, 40^0 50' 820" K, 041^0 32' 339" D, 31.05.2003, A. Duran 6174 (GAZI!);Yusufeli-Barhal yolu, kaya üzeri, 730 m, 17.05.2004, H. Duman 9394 & Z. Aytaç (GAZI!); Yusufeli, Dereiçi Köyü, 720 m, kayalık dik yamaç, 20.05.1983, A. Güner 4807 & M. Vural, Erzurum: Tortum, Tortum Şelalesi civarı, step, 800 m, 16.06.2007, E. Hamzaoğlu 4671! (Bozok Hb.); Uzundere, çağlayan Köyü, Karatepe batısı, step, 900-1000 m, 4506376 K, 726720 D, 15.06.2004, H. Duman 9569 (GAZI!); Uzundere, Tortum Şelalesi yukarısı, Erozyona uğramış, tepelikler, 980 m, 40^0 39' 495" K, 041^0 41' 121" D, 07.07.2010, K. Ertuğrul 4105 (KNYA!); Erzurum-Tortum-Şelale girişi, çalılık, kumlu tepeler, 1008 m, 40^0 39' 650" K, 041^0 39' 800" D , 03.06.2011, K. Ertuğrul 4334 & Uysal (KNYA!).

Çoruh Vadisi taşlık kayalık alanlarda yayılış gösteren bu tür 2009 yılında bilim dünyasına kazandırılmıştır. Oldukça indirgenmiş linear- filiform gövde yapraklarıyla karakteristiktir. *Ps. yusufeliensis*'in yayınlanma tarihine yakın bir tarihte aynı bölgeden *Ps. coruhensis* yayınlanmıştır. Duran ve ark (2014) tarafından *Ps. coruhensis*'in geçerli tür olması gerektiği rapor edilmiştir. Ancak, Uluslararası Alg, Bitki ve Mantar Adlandırma Kodunun "Geçerli yayın" ile ilgili maddesinde belirtilen şartlar oluşmadığı için *Ps. coruhensis* türü sinonim olmuştur.



Şekil 4.7. *Ps. yusufeliensis* Tugay & Uysal taksonunun yayılışı (Endemik)



Şekil 4.8. *Ps. yusufeliensis* Tugay & Uysal a- Herbaryum Örneği, b- Kapitula, c- Dış Fillari, d- Orta Fillari, e- İç Fillari

4.1.2. Sayısal bulgular

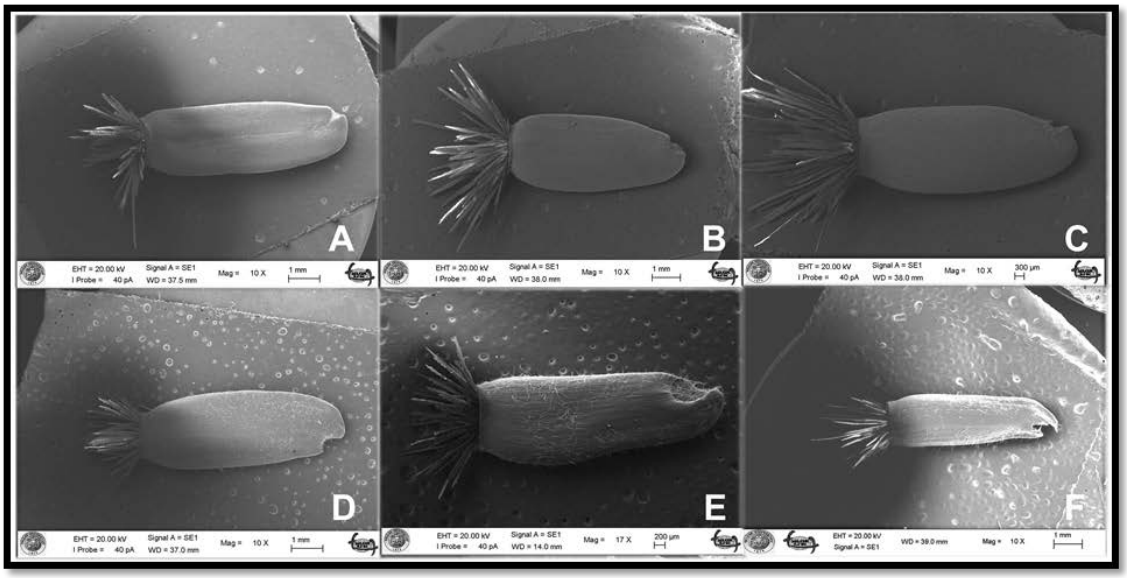
Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların bireyleri üzerinde gerçekleştirilen morfolojik çalışmalar sonucunda bitkinin genel yapısı, gövde, yaprak, kapitulum, involukrum, fillariler, apendajlar ve aken özellikleri başlıkları altında toplam 89 karakter belirlenmiştir (Tablo 4.1.1). Bu karakterlere ait bir veri matrisi düzenlenmiştir (Ek 1). Morfolojik ve mikromorfolojik verilere dayalı olarak bir fenetik dendogram ve Temel Unsur Analizi (PCA) yapılmıştır (Şekil 4.13-14). *Ps. aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait tablolar, betimler, örneğe ait herbaryum ve tip resimleri, haritalar Ertuğrul ve Uysal (2013) tarafından hazırlanan TÜBİTAK projesinden bazı değişikliler yapılarak hazırlanmıştır.

Tablo 4.1.1 *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba türlere ait populasyonların sayısal taksonomisinde kullanılan karakterler

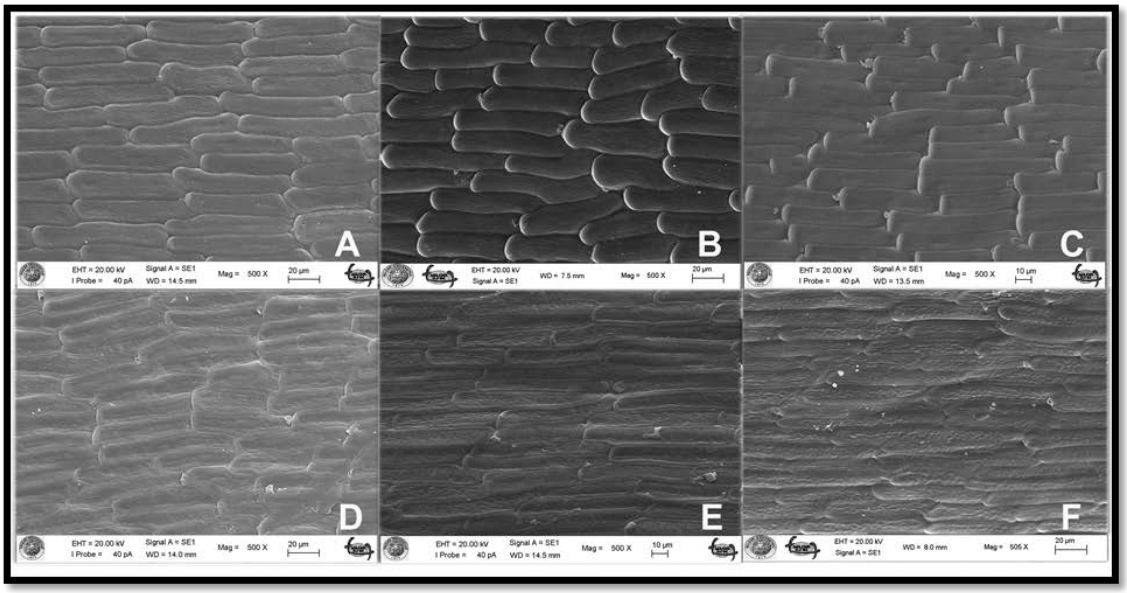
A_BİTKİ GENEL YAPISI	44-Dış ve Orta Fillariler Apendajlarından; uzun (0), eşit (1)
1-Demet Oluşturma; yok (1), var (0)	45-Fillarilerde Boyuna Çizgi; yok (0), var (1)
2-Verimsiz Sürgün; yok (0), var (1)	46-Apendajlar; basit (1), basit değil (0)
3-Bitki Boyu (cm)	47-Apendaj Dokusu; zarımsı (1), zarımsı değil (0)
B-GÖVDE	48- Medyan Apendaj Şekli; ovat-orbikular (0), ovat (1)
4-Dallanma Durumu; dallanmış (1), dallanmamış (0)	49. Apendaj; tüysüz (0), tüylü (1)
5- Gövde Tipi; erekt (0), askending (1)	50-Apendaj Kenarı; silli (1), silsiz (0)
6-Tüy Durumu; flokkoz-tomentoz (0), tomentoz (1), woolly (2)	51-Apendajlarda Laserasyon; yok (1), var (0)
7-Dallanma Yeri; tabandan (0), ortadan (1)	52-Apendajın Sil Sayısı; 6-10 (0), 10'dan fazla (1)
8-Gövde Çapı (mm)	53-Apendaj Silleri; tümü eşit (0), ortadaki uzun (1)
C-YAPRAK	54- Orta Apendaj Rengi; tek renk (0), merkez açık kenar koyu (1), merkez koyu kenar açık (2)
9-Yaprak Tipi; homomorfik (0), heteromorfik (1)	55-Apendajlar Fillarileri tabanda; örtmez (0), örter (1)
10-Yaprak Rengi (Alt-Üst); tek renk (0), iki renk (1)	56-Apendaj Uçta; mukronat değil (1), mukronat (0)
11-Yaprak Dokusu; derimsi değil (1), derimsi (0)	57-Dış Apendaj Eni (mm)
12-Yaprak Tüy Durumu; flokkoz tomentoz (0), tomentoz (1), keçemsi tomentoz (2)	58-Dşı Apendaj Boyu (mm)
13-Yapraklarda Salgı Tüyü; yok (0), var (1)	59-Orta Apendaj Eni (mm)
C-2 Taban Yaprakları	60-Orta Apendaj Boyu (mm)
14-Rozet (0),rozet değil (1)	61-İç Apendaj Eni (mm)
15-Basit(0), pinnatilob-Pinnatisekt (1)	62-İç Apendaj Boyu (mm)
16-Lateral Segment Sayısı; yok (0), 1-3 (1), 4-5 (2)	63-Dış Fillari Boyu (mm)
17-Çiçeklenme Döneminde; taze (0), kuru (1)	64-Dış Fillari Eni (mm)
18-Sap Durumu; yok (1), var (0)	65-Orta Fillari Boyu (mm)
19-Orta Damar; belirgin değil (0), belirgin (1)	66-Orta Fillari Eni (mm)
20-Yaprak Şekli; oblanseolat (0), ovat-orbikular (1), Obovat (2)	67-İç Fillari Boyu (mm)
21-Yaprak Kenarları; düz (0), dalgalı (1), skabrit (2)	68-İç Fillari Eni (mm)
22-Yaprak Eni (mm)	**F-ÇİÇEK**
23-Yaprak Boyu (mm)	69-Marjinal Çiçekler; Belirgin radyant (1), değil (0)
C-3 Gövde Yaprak Durumu	70-Çiçek Rengi; mor (0), pembe (1)
24-Gövde Yaprakları; basit	71-Stigma Anter Tüpünün; dışında (1), dışında değil (0)
25-Yaprak Şekli; linear-lanseolat (0), oblanseolat (1), ovat (2), linear (3)	72-MarjinalÇiçek Uzunluğu (mm)
26-Yaprak Sapı; var	73-Marjinal Çiçek Lob Uzunluğu (mm)
27-Yaprak Kenarları; düz (0), skabrit (1)	74-Merkezi Çiçek Boyu (mm)
28-Yaprak Tabanı; attenuat (1), attenuat değil (0)	75-Merkezi Çiçek Lob Uzunluğu (mm)
29-Yaprak Ucu; akut (0), akuminat (1)	76-Korolla Tüp Uzunluğu (mm)
30-Uçta Mukro veya Spin; yok (1), var (0)	**G-AKEN**
31-Yapraklar involukruma; yakın (1), yakın değil (0)	77-Aken Şekli; oblong (0), ovat (1)
32-Yaprak Eni (mm)	78-Olgunlukta aken rengi; kremsi-k.rengi(0), k.rengi (1),
33-Yaprak Boyu (mm)	79-Aken Kenarları; düz (0), köşeli (1)
D-KAPİTULA	80-Aken Tüyü; yok (0), var (1)
34-Kapitula Sayısı; tek (1), daha fazla (0)	81-Aken Boyu (mm)
35-Kapitula Dizilişi; korimboz değil (1), korimboz (0)	82-Aken Eni (mm)
36-Kapitula Uzunluğu (mm)	**H-PAPPUS**
E-İNVOLUKRUM	83-Pappus; kalıcı (1), dökülücü(0)
37- Şekli; ovoid (0), silindirik (1)	84-Pappus Dış Halka; scabroz (1), barbellat (0),
38-Tabanı; attenuat (0), kuneat (1)	85-Pappus İç Halka; pulsu (1), pulsu değil (0)
39-Brakte Serisi; 5'ten az (0), 5 veya 5'ten fazla (1)	86-Pappus Rengi: krem (0), kahverengi (1)
40- Medyan Fillariler; oblong (1), ovoid (0)	87-Pappus; belirgin çift sıra (1), tek sıra (0)
41-Involukrum Brakte veya Fillarileri; tüysüz (1), tüylü (0)	88-Pappus İç Halka Boyu (mm)
42-İnvolukrum Boyu (mm)	89-Pappus Dış Halka Boyu (mm)
43-İnvolukrum Eni (mm)	

4.1.3. Mikromorfolojik bulgular

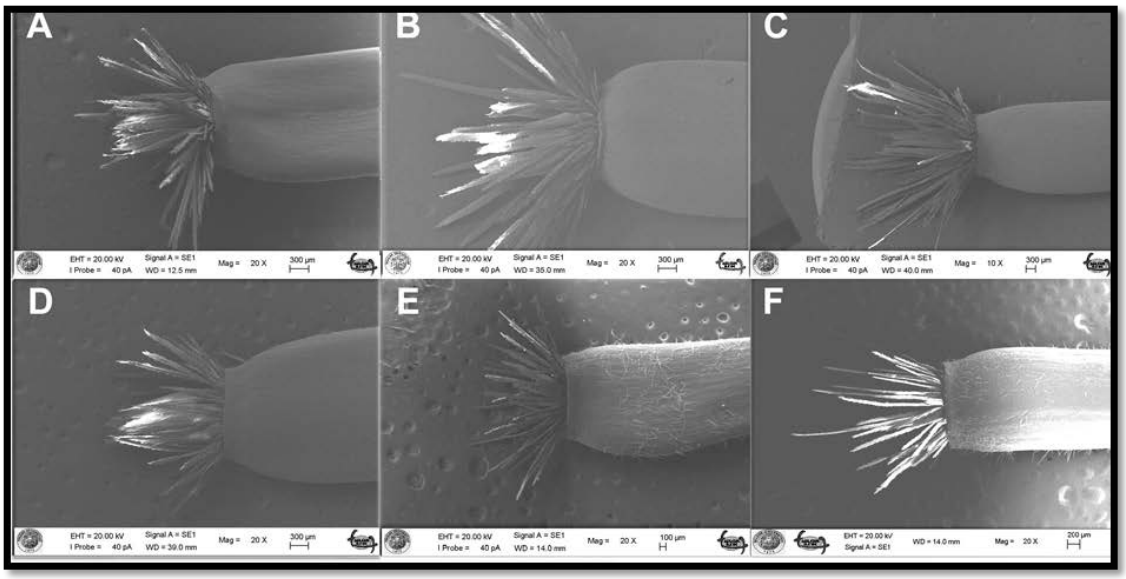
Bu çalışmada taramalı elektron mikroskop (SEM) ile *Psephellus aucherianus*, *Ps. sintenisi* ve *Ps. yusufeliensis* populasyonlarına ait bireyler incelenmiş (Şekil 4. 9-12) aken yapısı detayında gözlenen mikromorfolojik özellikler ve ornemantasyonlar betimlenmiş, benzerlik ve farklılıklar ortaya konulmuştur. Taksonlara ait detaylı aken mikromorfolojisini gösteren SEM analizlerine ait veriler Tablo 4.1.2'de verilmiştir.



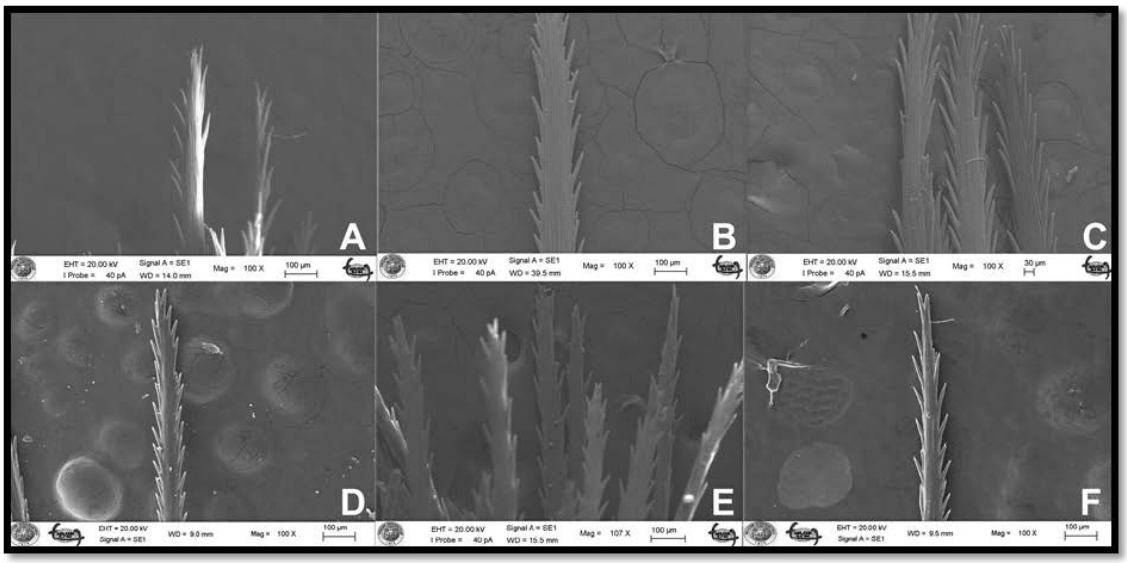
Şekil 4.9. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken genel görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Dutluca), C- *Ps. sintenisii*, D- *Ps. aucherianus* (Eriç), E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)



Şekil 4.10. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken yakın yüzey görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Dutluca), C-*Ps. sintenisii*, D- *Ps. aucherianus* (Eriç), E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)



Şekil 4.11. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken pappus görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Dutluca), C- *Ps. sintenisii*, D- *Ps. aucherianus* (Eriç), E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)



Şekil 4.12. Taramalı elektron mikroskobu ile elde edilen *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait aken pappuslarının yakın görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Dutluca), C-*Ps. sintenisii*, D- *Ps. aucherianus* (Eriç), E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)

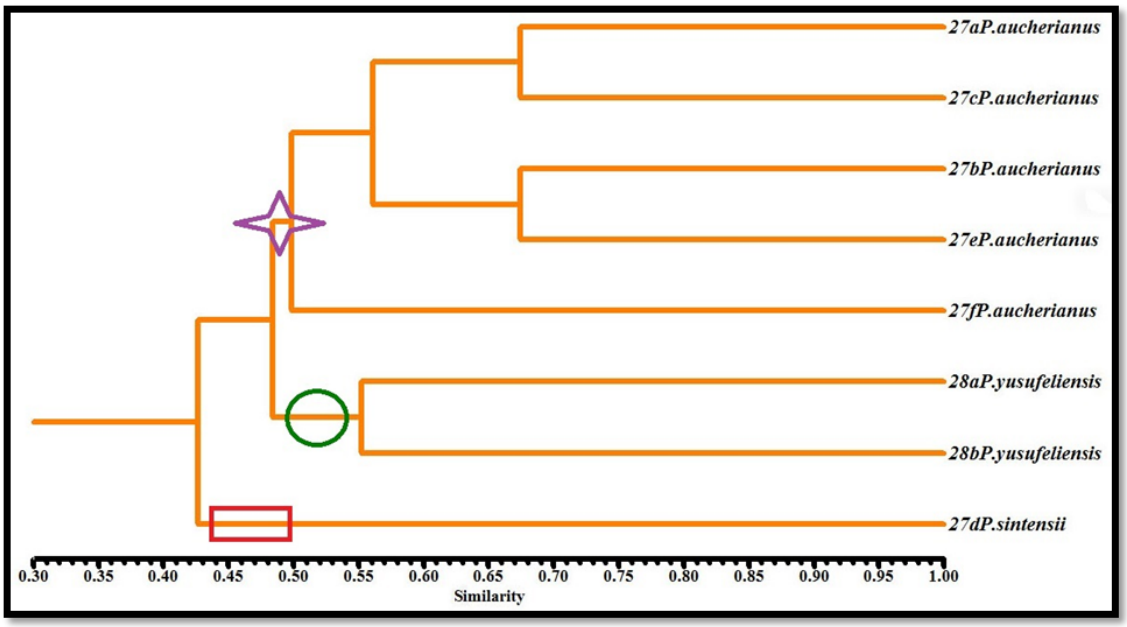
Mikromorfolojik verilere göre incelenen taksonlar pappus iç ve dış sıra karakteristikleri dışında, küçük farklılıklar içermektedir. İncelenen türlerin tamamında aken olgunlukta şişkin olup, *Ps. sintenisii* türünün akeni tabanda rotundat iken diğerlerinde belirgin trunkeyt'dir. *Ps. sintenisii* türünde aken, diğerlerine kıyasla daha koyu kahverengi olup (krem veya kremsi kahverengi değil), *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* türlerinde görülen apeksten hiluma doğru uzanan boyuna belirgin bir orta damar (ve çok sayıda daha zayıf boyuna damarlar) çoğunlukla bulunmaz. Ovoid veya

ovoid oblong akene sahip *Ps. sintenisii* türünün aksine, *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* türlerinin akeni oblong veya oblong lanseolat'dır. *Ps. sintenisii* türünün aken yüzeyi sık puberulent tüylerle örtülüdür, Bununla birlikte, *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* türlerinin aken yüzeylerinde dağınık strigoz tüyler mevcuttur. Temel olarak *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* türlerinde iç ve dış sıra farklılaşması daha karakteristik ve belirgin olup, *P. aucherianus*'da farklılaşma uzunluk farkı olmaksızın, dış sıranın skabroz, iç sıranın bristles (balık pulu) olması ile karakterize edilebilir. *Ps. sintenisii* türünün pappusu karakteristik koyu kahverengidir. Ele alınan taksonların tamamında iç sıra pulsu olup, sekonder çıkıntı uzunlukları açısından benzerlik göstermektedir. Ayrıca ele alınan türler aken yüzey süsleri açısından oldukça benzer olup ayrım yapmak mümkün gözükmemektedir (Tablo 4.1.2). Sonuç olarak aken mikromorfolojisi açısından en farklı olan tür *Ps. sintenisii* olup, *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* türleri daha yakın akraba görülmektedir.

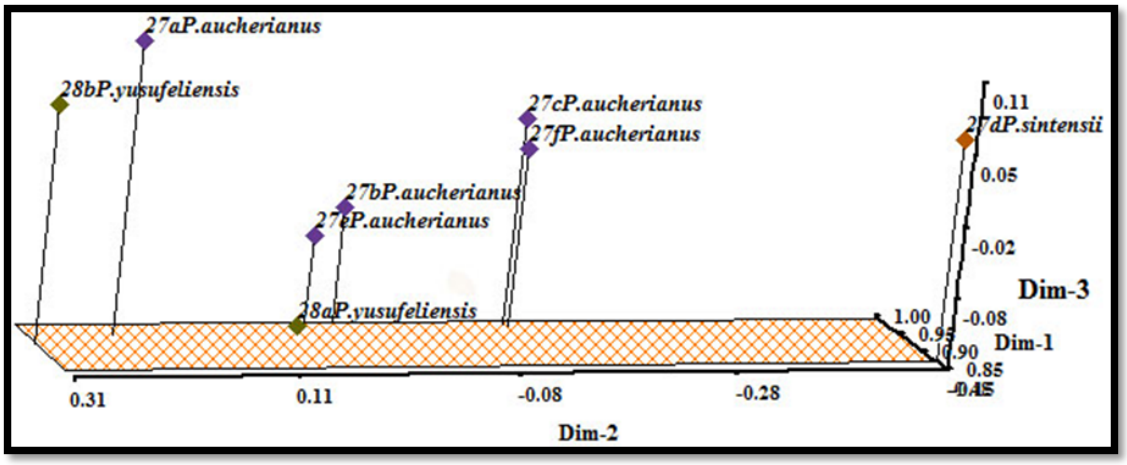
Tablo 4.1.2. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait tohum yüzey yapılarına ait veriler A- Uzunluk/Genişlik B- Şekil C- Basık ya da şişkin D- Perikarp rengi E- Perikarpta tüy durumu F- Çukurlaşmamış (+) G- Taban şekli H- Meyve örtüsü Pürüzlü (+) ya da değil (-) I- Süs J- Hücreler belirgin (+) K- Hücre şekli L-Hücre duvarı belirgin (+) ya da değil (-) M- Pappus N- Dış pappus P- İç pappus R- Pappus Meyveden kısa S- Bristles

	KE4124 *Ps. aucherianus* (Bağıştaş)	KE4690 *Ps. aucherianus* (Dutluca)	KE4664 *Ps. aucherianus* (Eriç)	KE4125 *Ps. sintenisii* (Salihli)	KE4238 *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli)	KE4334 *Ps.yusufeliensis* (Tortum)
A (mm)	7	6	7.1	5.7	4.2	6
	2.4	2.6	2.6	3	1.6	1.8
C	Şişkin	Şişkin	Şişkin	Şişkin	Şişkin	Şişkin
E	Strigoz	Puberulent	Strigoz	Puberulent	Strigoz	Strigoz
F	+	+	+	+	+	+
G	Trunkeyt	Trunkeyt	Trunkeyt	Rotundat	Trunkeyt	Trunkeyt
H	+	+	+	+	+	+
I	Düzenli sulkeyt	Düzenli sulkeyt	Düzenli sulkeyt	Düzensiz sulkeyt	Sıkı sulkeyt	Sıkı sulkeyt
J	+	+	+	+	+	+
K	Parmak şekilli	Parmak şekilli	Parmak şekilli	Dikdörtgensi	Boyuna parmak şekilli	Boyuna parmak şekilli
L	+	+	+	+	+	+
M	var	var	var	var	var	var
N (mm)	4	3.5	2	4.4	2	3
P (mm)	3.8	3	1.9	2.8	1	1.2
R	+	+	+	+	+	+
S	-	-	-	+	-	-

Sayısal analizlerimiz sonucunda elde edilen dendograma göre iki ana kladın oluştuğu görülmektedir (Şekil 4.13). Bu iki ana kladda yer alan taksonlar ve onların populasyonları birbirinden % 58 oranında farklı görülmektedir. Birinci ana kladda *Ps. aucherianus* ait populasyonlar yer almakta olup, populasyonlar birbirlerinden önemli derecede farklılaşmıştır. *Ps. aucherianus*'un populasyonları birbirleriyle % 51 oranında benzemekte ve üç dala ayrılmaktadır. Birinci dalda Bağıştaş ve Salihli köyündeki populasyonlar yer almakta olup birbirleriyle % 69 oranında benzemektedir. İkinci dalda Eriç ve Keban populasyonları yer almaktadır. Üçüncü dalda yer alan ve bu populasyonlardan en farklı görülen Dutluca populasyonu diğer *Ps. aucherianus* populasyonlarından % 49 oranında bir farklılıkla ayrılmaktadır. Birinci ana kladın diğer alt kladında *Ps. yusufeliensis* taksonuna ait iki populasyon % 56 benzerlikle yer almaktadır ve *Ps. aucherianus* türüne ait populasyonlarla % 49 oranında akraba görülmektedir. Diğer ana kladda yalnız başına yer alan ve akraba olduğu türlerin populasyonlarıyla yaklaşık % 43 benzerlik gösteren *Ps. sintenisii* morfolojik olarak en farklılaşmış tür olarak görülmektedir (Şekil 4.13-14). Eigen değerleri % 90 değerinden fazla olduğu için temel unsur analizlerinin (PCA) sonuçların güvenilir olduğu ve bu veriye göre ele alınan taksonlara ait populasyonlarda açıkça bir farklılaşmanın olduğu belirlenmiştir (Li ve ark., 2013).



Şekil 4.13. Numerik analizlere dayalı veri matrisinden oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait fenetik dendogram; ✦*Ps. aucherianus* grubu, ▬ *Ps. sintenisii*, ⬭ *Ps. yusufeliensis* grubu



i	Eigendeğeri	yüzde	Kümülatif
1	**7.44509031**	**93.0636**	**93.0636**
2	0.42036011	5.2545	98.3181

Şekil 4.14. Numerik analizlere ait veri matrisinden oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait fenetik temel unsur analizi (PCA)

4.1.4. Sitolojik bulgular

Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait bireylerin kromozom sayısı 2n= 30 olarak belirlenmiş olup, incelenen taksonlar ve populasyonları diploid kromozom sayısına sahiptir. Böylece ele alınan taksonlar için temel kromozom sayısı x=15'dir. Araştırma konusu türlerin, kromozomları metasentrik ve submetasentrik kromozomlardan oluşmakta olup en kısa kromozom uzunluğu 0.82 µm, en uzun kromozom uzunluğu ise 2.16 µm, asimetri indeksleri 1.193-2.583 arasında değişmektedir. Türlerin bireylerine ait diğer kromozomal ölçümler ve simetri indeksleri Tablo 4.1.3 ve 4.1.4'de ve kromozom metafaz, idiogram ve karyogramları Şekil 4.15, 16 ve 17'de verilmiştir.

***Psephellus sintenisii* (KE4125-Salihli)**

Türün kromozom sayısı 2n=30 olarak belirlenmiştir. Karyotip analizlerine göre kromzomların tümü metasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. Diploid (2n=30) kromozom sayısına sahip olan türün kromozom formülü 30m ve asimetri indeksi (AI) 1,295 olarak bulunmuştur. Asimetri indekslerine göre bu türün karyotipi simetriktir.

***Psephellus aucherianus* (KE4124-Bağıştaş)**

Türün kromozom sayısı 2n=30 olarak belirlenmiştir. Karyotip analizlerine göre kromozomları submetasentrik ve metasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. Diploid (2n=30) kromozom sayısına sahip olan türün kromozom formülü 26m+4sm ve asimetri indeksi (AI) 2,583 olarak bulunmuştur. Asimetri indeksine göre Bağıştaş populasyonuna ait bireylerin en asimetrik kromozomlara sahip olduğu belirlenmiştir.

***Psephellus aucherianus* (KE4690-Dutluca)**

Türün kromozom sayısı 2n=30 olarak belirlenmiştir. Karyotip analizlerine göre kromozomları submetasentrik ve metasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. Diploid (2n=30) kromozom sayısına sahip olan türün kromozom formülü 26m+4sm ve asimetri indeksi (AI) 2,245 olarak bulunmuştur.

***Psephellus aucherianus* (KE4664-Eriç)**

Türün kromozom sayısı 2n=30 olarak belirlenmiştir. Karyotip analizlerine göre kromozomları submetasentrik ve metasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. Diploid (2n=30) kromozom sayısına sahip olan türün kromozom formülü 26m+4sm ve asimetri indeksi (AI) 2,283 olarak bulunmuştur.

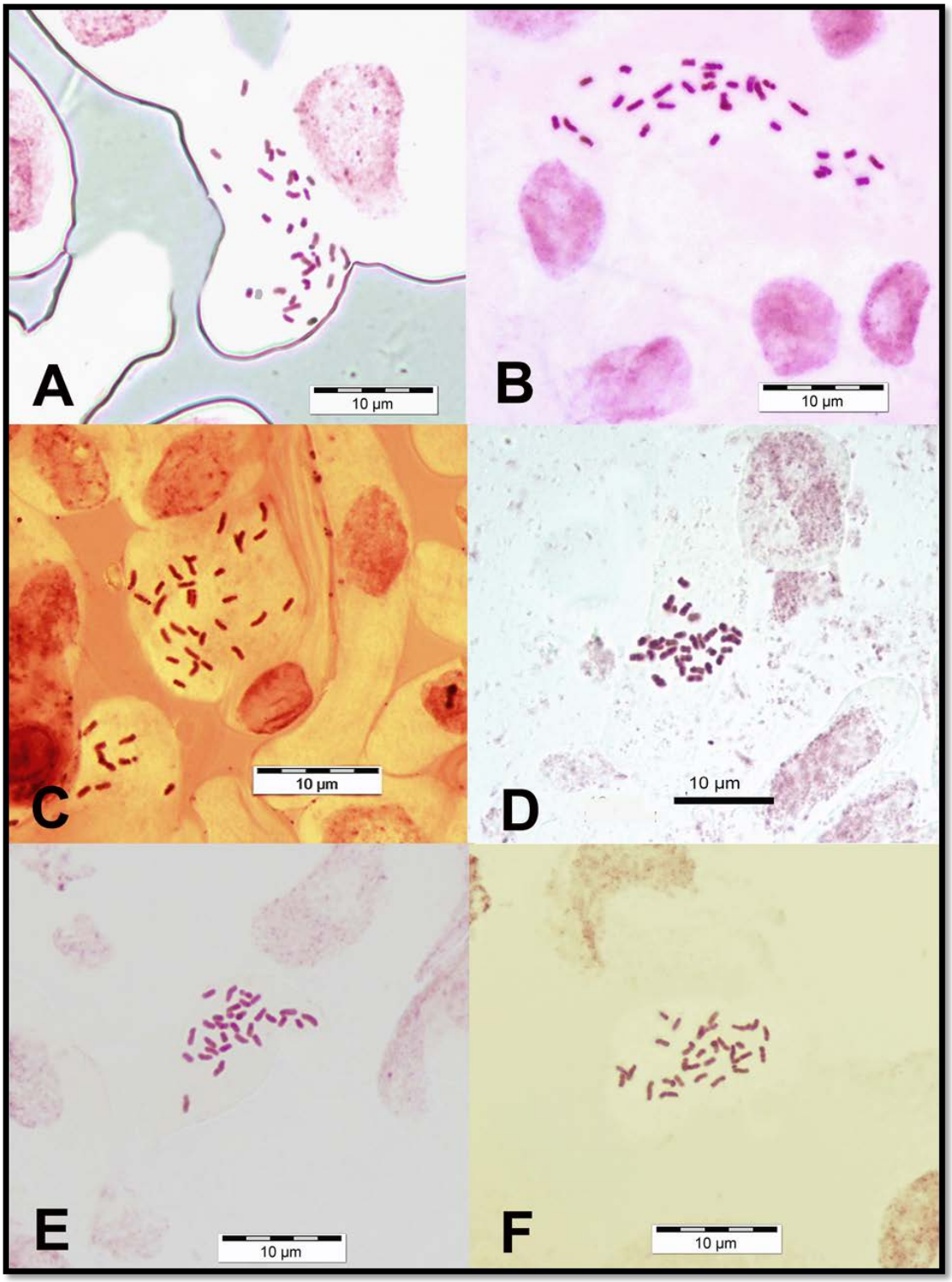
***Psephellus yusufeliensis* (KE4237-Yusufeli)**

Türün kromozom sayısı 2n=30 olarak belirlenmiştir. Karyotip analizlerine göre kromozomları submetasentrik ve metasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. Diploid (2n=30) kromozom sayısına sahip olan türün kromozom formülü 28m+2sm ve asimetri indeksi (AI) 1,193 olarak bulunmuştur.

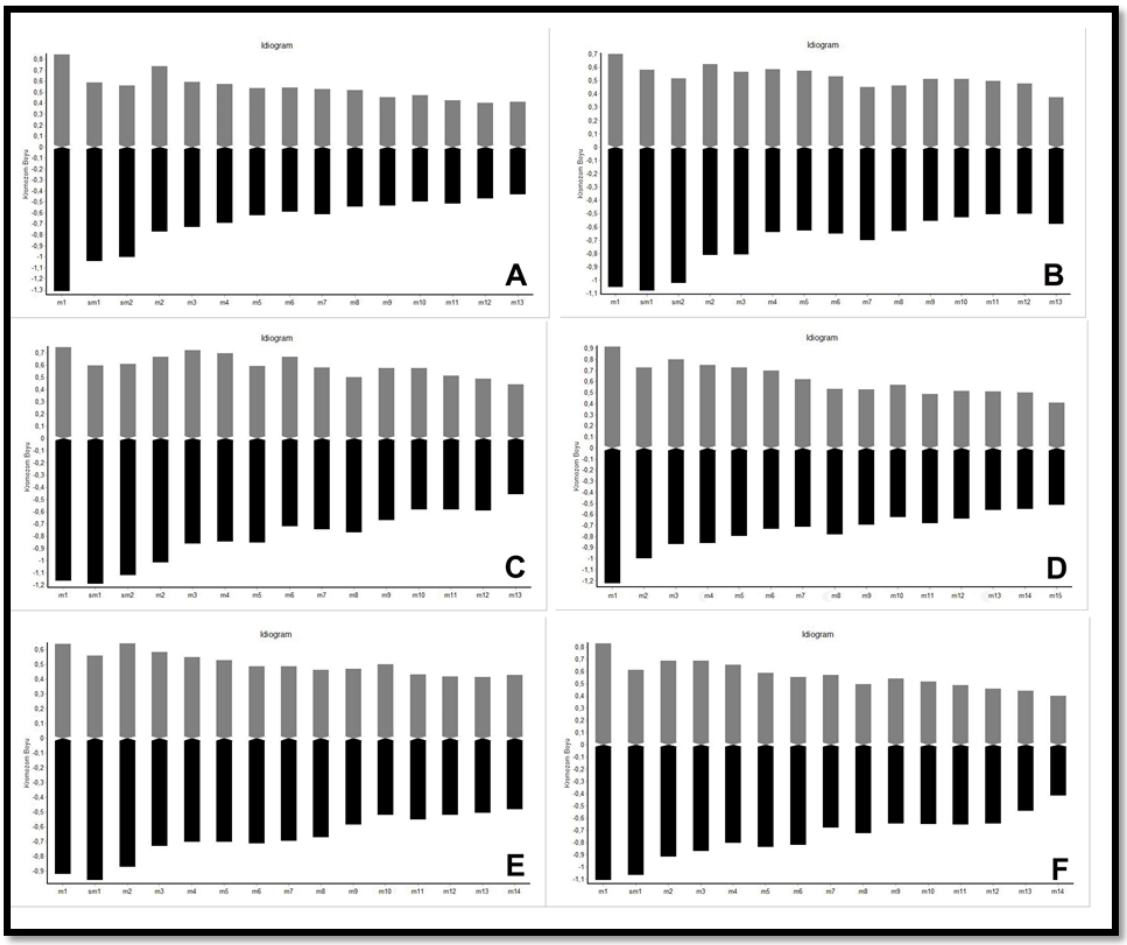
***Psephellus yusufeliensis* (KE4334-Tortum)**

Türün kromozom sayısı 2n=30 olarak belirlenmiştir. Karyotip analizlerine göre kromozomları submetasentrik ve metasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. Diploid

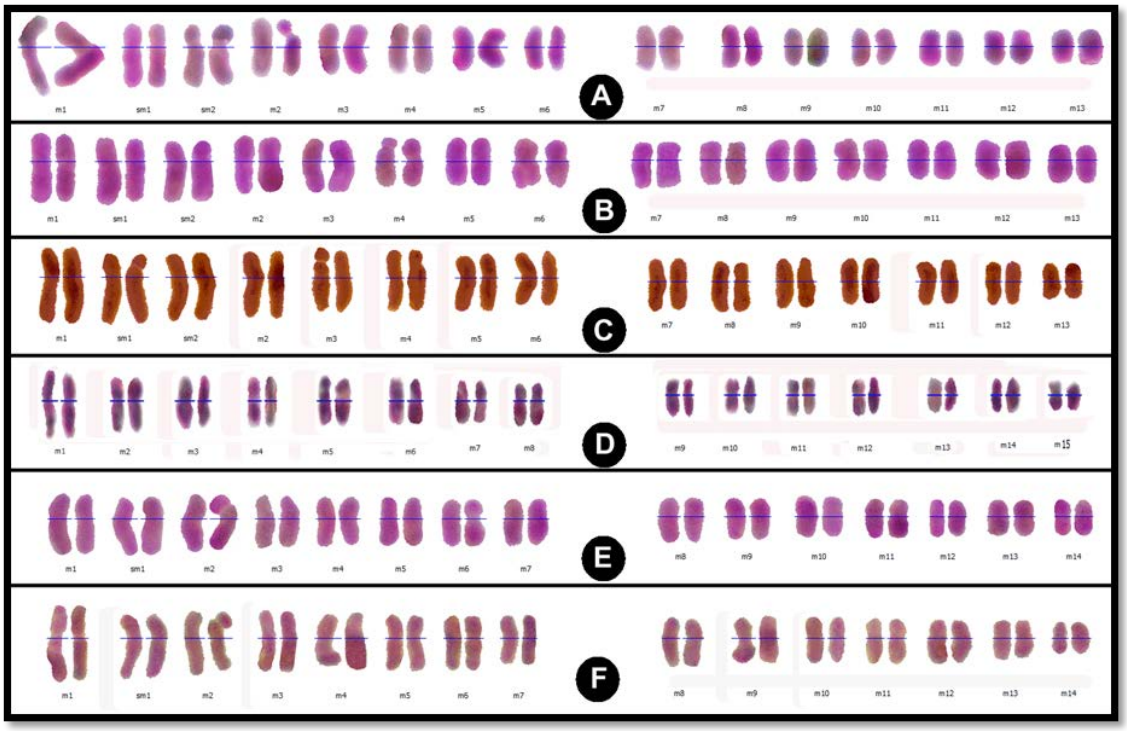
(2n=30) kromozom sayısına sahip olan türün kromozom formülü 28m+2sm ve asimetri indeksi (AI) 1,386 olarak bulunmuştur.



Şekil 4.15. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait Metafaz kromozomlarının görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Eriç), C- *Ps. aucherianus* (Dutluca), D- *Ps. sintenisii*, E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)



Şekil 4.16. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait İdiogramların görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Eriç), C- *Ps. aucherianus* (Dutluca), D- *Ps. sintenisii*, E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)



Şekil 4.17. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının bireylerine ait Karyogramlarının görünümü A- *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve B- *Ps. aucherianus* (Eriç), C- *Ps. aucherianus* (Dutluca), D- *Ps. sintenisii*, E- *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) ve F- *Ps. yusufeliensis* (Tortum)

Tablo 4.1.3. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonların bireylerine ait kromozom ölçüleri **D**-Değişim katsayısı **DO**-En uzun kromozomun en kısa kromozoma oranı **KKU**- Kısa kol uzunluğu **UKU**-Uzun kol uzunluğu **KU**-Kromozom uzunluğu **TKU**- Toplam haploid kromozom uzunluğu **Sİ**- Sentromerik indeks **KF**- Karyotip formülü **Ss-**Standart sapma **m-**metasentrik **sm-**submetasentrik

	2n	**D Min -Maks**	**DO Maks/ Min**	**KKU (µm) Ort±Ss**	**UKU (µm) Ort±Ss**	**KU(µm) Ort±Ss**	**TKU (µm)**	**SI Ort±Ss**	**KF**
Ps.aucherianus Bağıştaş (A)	30	0,85 - 2,16	2,555	0,55 (±0,11)	0,69 (±0,24)	1,24 (±0,34)	18,571	45 (±0,04)	26m + 4sm
Ps.aucherianus Eriç (B)	30	0,96 - 1,75	1,835	0,53 (±0,08)	0,71 (±0,19)	1,24 (±0,24)	18,672	43 (±0,05)	26m + 4sm
Ps.aucherianus/ Dutluca (C)	30	0,90 - 1,91	2,119	0,60 (±0,09)	0,81 (±0,22)	1,41 (±0,28)	21,121	43 (±0,05)	26m + 4sm
Ps.sintenisii Salihli (D)	30	0,93 - 2,14	2,308	0,62 (±0,14)	0,75 (±0,18)	1,37 (±0,31)	20,549	45 (±0,03)	30m
Ps.yusufeliensis Yusufeli (E)	30	0,91 - 1,56	1,716	0,51 (±0,07)	0,68 (±0,15)	1,18 (±0,21)	17,742	43 (±0,03)	28m + 2sm
Ps.yusufeliensis Tortum (F)	30	0,82 - 1,94	2,374	0,57 (±0,11)	0,76 (±0,18)	1,33 (±0,28)	19,919	43 (±0,03	28m + 2sm

Tablo 4.1.4. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonların bireylerine ait karyotip simetrileri **A_1-** İntrakromozomal Asimetri **A_2-** İnterkromozomal Asimetri **CV_{CL}**-Kromozom Uzunluğu Varyasyon Katsayısı **CV_{CI}**- Kromozomal İndeks Varyasyon Katsayısı **AI**- Asimetri İndeksi

	A_1	**A_2**	**CV_{CL}**	**CV_{CI}**	**AI**	**Stebbinn's**
Ps.aucherianus (A)	0,177	0,276	27,643	9,344	2,583	4B
Ps.aucherianus (B)	0,222	0,196	19,598	11,651	2,283	4A
Ps.aucherianus (C)	0,232	0,2	20,038	11,203	2,245	3B
Ps.sintenisii (D)	0,168	0,225	22,489	5,76	1,295	4B
Ps.yusufeliensis (E)	0,233	0,18	18,022	6,621	1,193	4A
Ps.yusufeliensis (F)	0,238	0,211	21,122	6,562	1,386	4B

Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonların incelenen tüm populasyonları diploiddir (2n=30) ve *Ps. sintenisii* (30m), *Ps. aucherianus* (4sm+26m) ve *Ps. yusufeliensis* (2sm+28m) türleri, kromozom sayı ve morfolojisi açısından farklılık göstermektedir. Böylece yakın akraba olduğu düşünülen taksonların karyolojik verilere göre karakterizasyonunun yapılabileceği belirlenmiştir. Bir tür içindeki farklı populasyonlar ya da incelenen üç türe ait kromozomların genel kromozom tiplerinin morfolojik olarak oldukça benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir. Kromozom tipleri sentromer pozisyonuna göre sınıflandırılmıştır.

Ps. aucherianus'a ait populasyonların toplam haploid kromozom uzunluğunun 18-21 ve *Ps. yusufeliensis*'e ait populasyonların toplam haploid kromozom uzunluğunun ise 17-19 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Karyotip analizlerinde A1 ve A2 değerleri varyasyon katsayısını göstermektedir. Kromozomların metasentrik yöneliminden dolayı, A1 değerine göre türler arasında en simetrik karyotip *Ps. sintenisii*

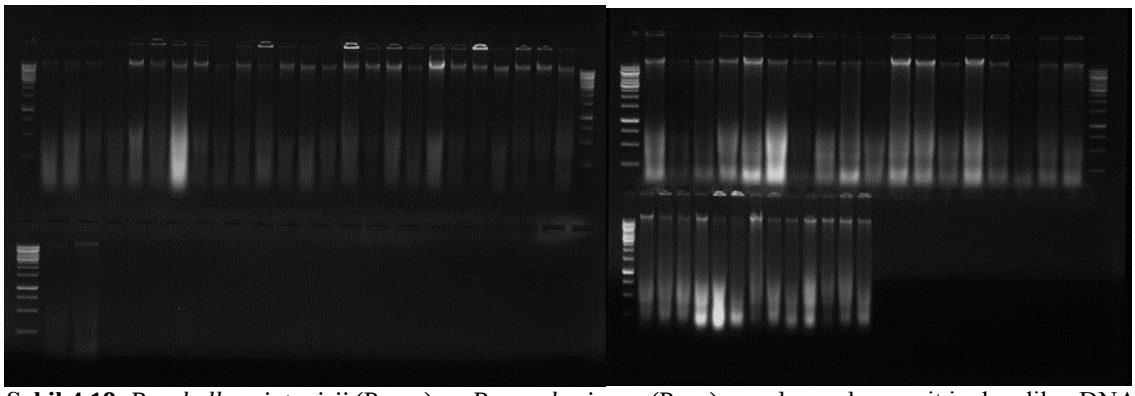
populasyonunda tespit edilmiştir. *Ps. yusufeliensis* içerisinde en simetrik karyotip (en düşük A1 değeri için) Yusufeli populasyonunda gözlenirken, *Ps. aucherianus* içerisindeki en simetrik karyotip Bağıştaş populasyonunda belirlenmiştir. *Ps. aucherianus* populasyonlarında asimetri indeksi (AI) 2.2 ve 2.5 arasında değişirken, *Ps. yusufeliensis* populasyonunda ise AI değeri 1.1-1.3 arasında değişmektedir. Bu değerlere göre *Ps. aucherianus*'a ait Bağıştaş populasyonun en yüksek AI indeksine sahip olması A_2 indeksinin yani kromozomlar arası asimetri indeksinin yüksek oluşu ile ilgilidir. Sonuçta, A_2 değeri farklı kromozom büyüklükleri arasındaki ilişkilerden dolayı, Bağıştaş populasyonundaki kromozom uzunluklarındaki varyasyonun türe ait diğer populasyonlara kıyasla daha fazla olduğunu söyleyebiliriz. Bağıştaş populasyonuna ait kromozomların maksimum ve minimum uzunlukları (D Min-Maks) bu kromozomlar arasındaki değişkenliği açıkça göstermektedir.

Sonuç olarak, kromozom morfolojisi ve karyotip açısından en farklı türün tamamen metasentrik kromozomlardan oluşan *Ps. sintenisii* olduğu belirlenmiştir.

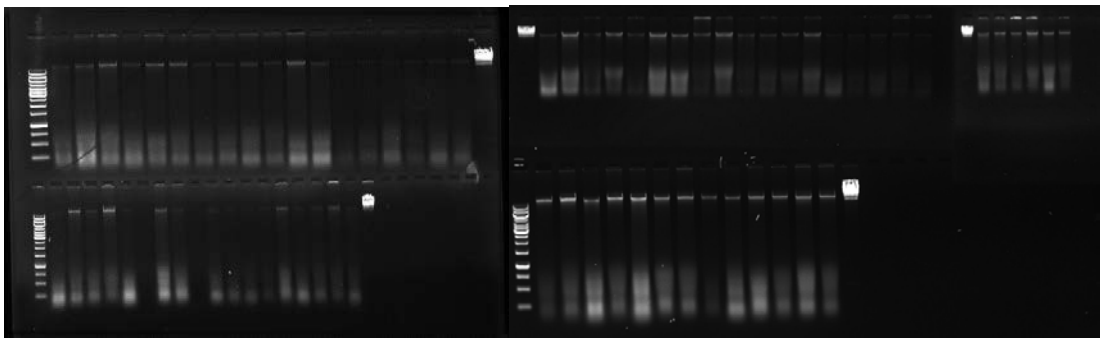
4.1.5. Moleküler bulgular

4.1.5.1. *Ps. aucherianus* ve yakın akraba taksonların popülasyonlarına ait DNA izolasyonu

Sağlıklı bir PZR gerçekleşmesi için *Psephellus sintenisii*, *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* türleri ve populasyonlarına ait DNA konsantrasyonları ND 2000 ile spektral ölçümleri yapılmış olup veriler EK-2'de görülmektedir. *Ps. aucherianus* populasyonlarına ait DNA jel görüntüsü şekil 4.18 ve 4.19'de verilmiştir.



Şekil 4.18. *Psephellus sintenisii* (Paum) ve *Ps. aucherianus* (Psau) populasyonlarına ait izole edilen DNA jel görüntüsü



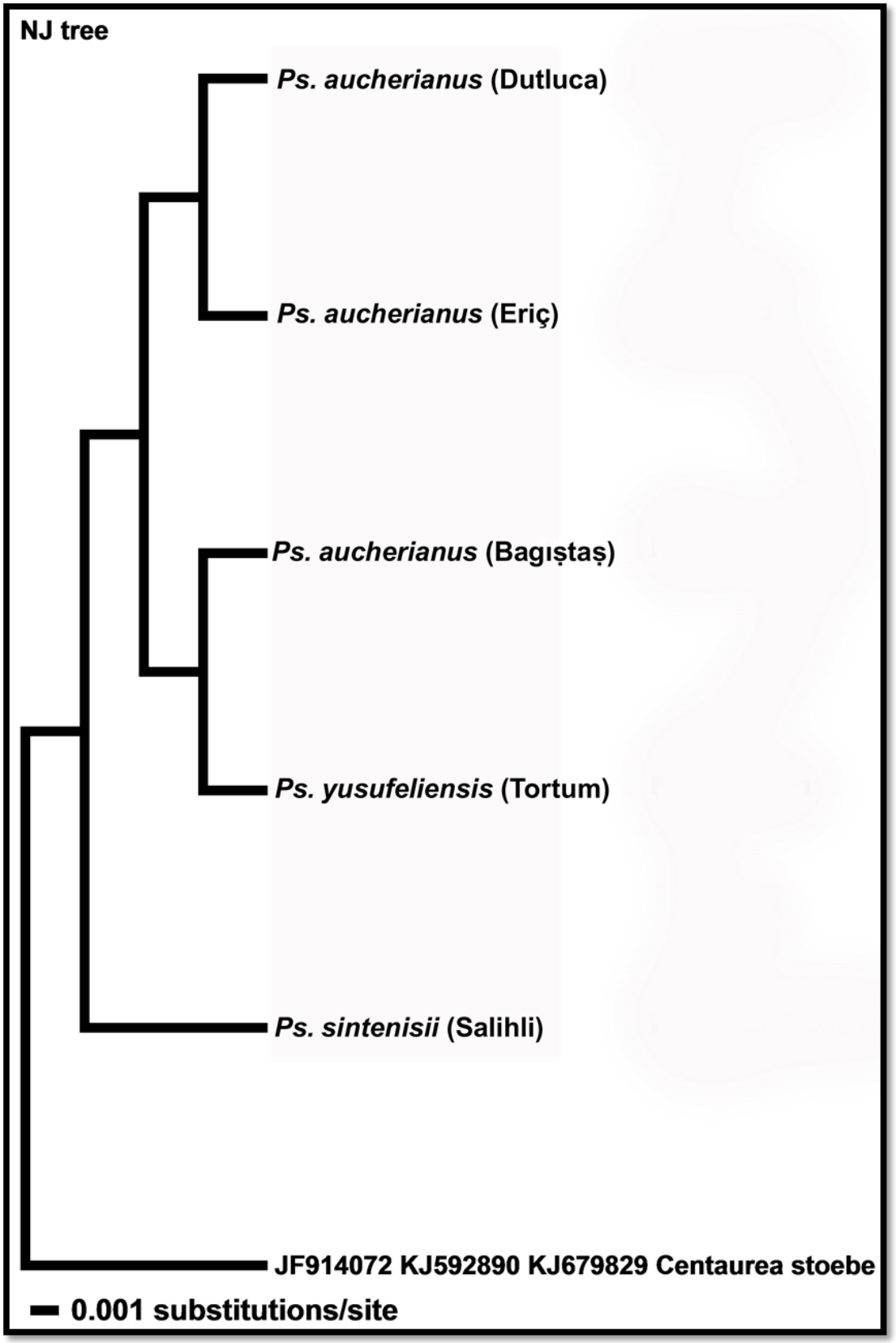
Şekil 4.19. *Psephellus aucherianus* (Padu ve Pser) populasyonlarına ait izole edilen DNA jel görüntüsü

4.1.5.2. Filogenetik bulgular

Araştırma konusu türlerin filogenetik akrabalıkların açığa çıkarılması için bir çekirdek (ITS), iki kloroplast (*rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ ve *matK*) gen bölgesine ait veriler kombine edilmiş, toplam hizalanan veri matriksi 2457 bp uzunluğunda olmuştur(EK-3). Hizalanan veri matriksine ait 2397 karakter sürekli, 52 karakter ise değişkendir. Parsimoni için bilgi verici karakter sayısı ise 8'dir. Parsimoni analizlerinden gelen tutumluluk indeksi (CI) 0,897 ve Homoplasi indeksi 0,103 olarak belirlenmiştir.

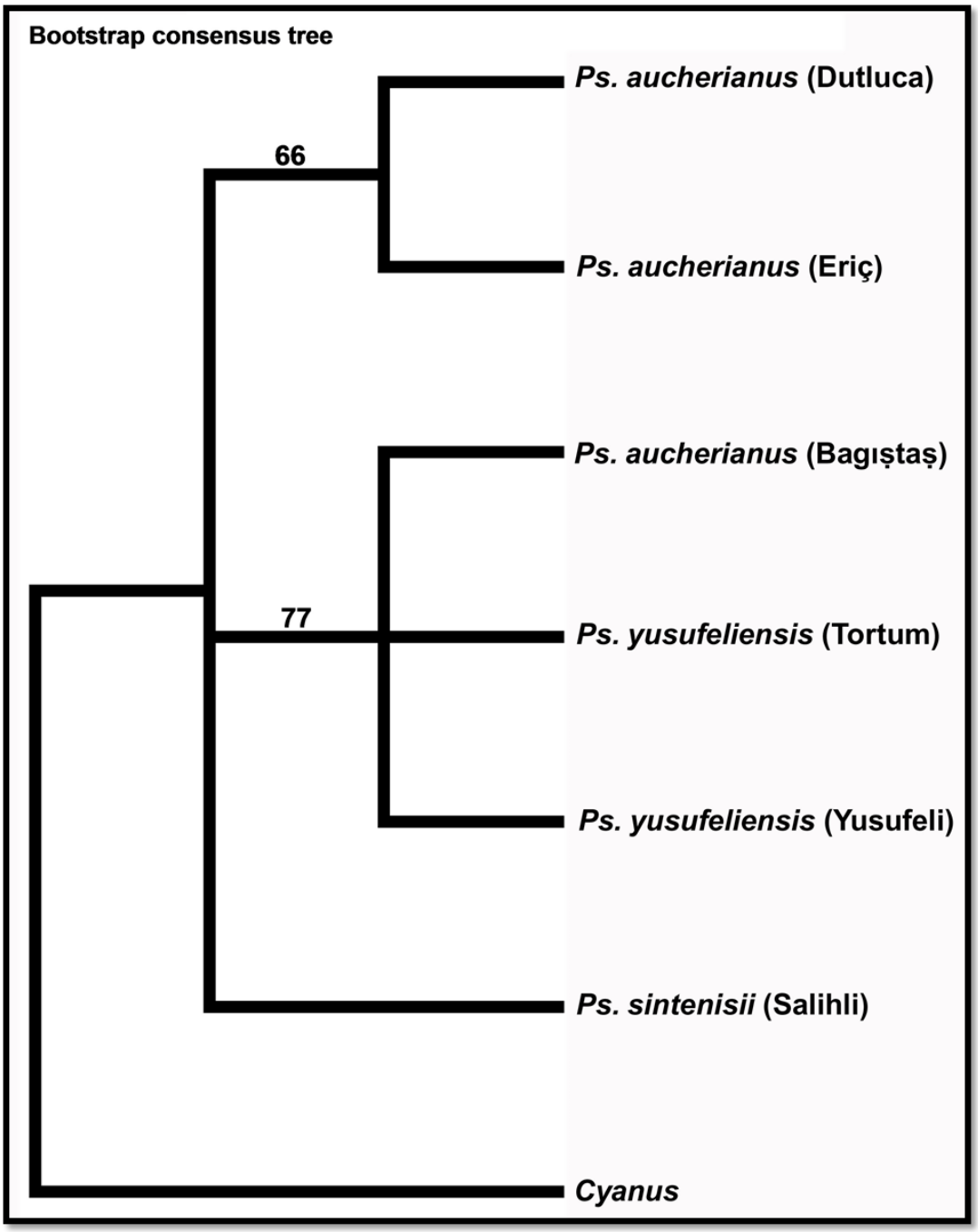
ITS ve *matK* kombine dizileri 1583 bp uzunluğundadır. Hizalanan veri matriksine ait 1536 karakter sürekli, 40 karakter ise değişkendir. Parsimoni için bilgi verici karakter sayısı ise 7'dir. Parsimoni analizlerinden gelen tutumluluk indeksi (CI) 0.923 ve Homoplasi indeksi 0.077 olarak belirlenmiştir.

Ps. aucherianus ve yakın akraba taksonlara ait ve ITS, *matK* ve *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ kombine verileri üzerinde gerçekleştirilen NJ (Neigbor joining) analizlerine göre oluşturulan filogenetik ağaçta iki ana klad oluşmaktadır (Şekil 4.20). Birinci ana kladın ilk alt kladında *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve *Ps. yusufeliensis* (Tortum) türlerinin birlikte yer aldığı görülmektedir. İkinci alt kladında ise *Ps. aucherianus*'a ait Dutluca ve Eriç populasyonu yer almaktadır. Ağaçta ikinci ana kladda tek başına *Ps. sintenisii* yer almaktadır.



Şekil 4.20. ITS+ *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ *+matK* kombine dizilerine ait kombine analizleri (Neigbor joining) ile oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlarına ait filogenetik akrabalığı gösteren soyağaç

Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonlara ait ITS-*matK* kombine verileri üzerinde gerçekleştirilen Parsimoni analizlerine göre oluşturulan filogenetik ağaçta üç ana klad görülmektedir (Şekil 4.21). Birinci ana kladda *Ps. aucherianus*'a ait Dutluca ve Eriç populasyonu yer almaktadır (BS: % 66). İkinci ana kladda *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve *Ps. yusufeliensis* (Tortum) türlerinin aynı kladda (BS: % 77) yer aldığı görülmektedir. *matK* verilerine dayalı haplotip ağla uyumlu olarak kombine analizlerde de *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) türlerinin birbirleriyle yakın akraba olduğu görülmektedir (Şekil 4.38). Üçüncü kladda ise *Ps. sintenisii* türünün yer aldığı görülmektedir.

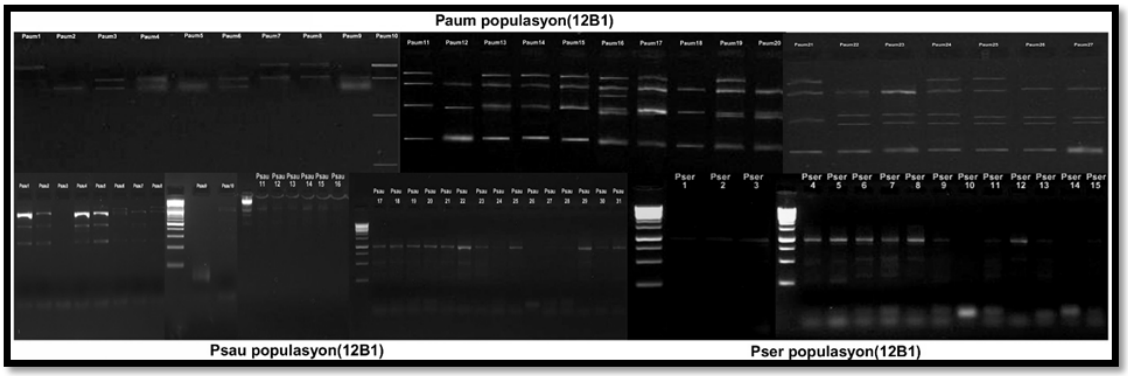


Şekil 4.21. ITS+*matK* kombine dizilerine ait kombine analizleri (Parsimoni) ile oluşturulmuş *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait filogenetik akrabalığı gösteren soyağaç

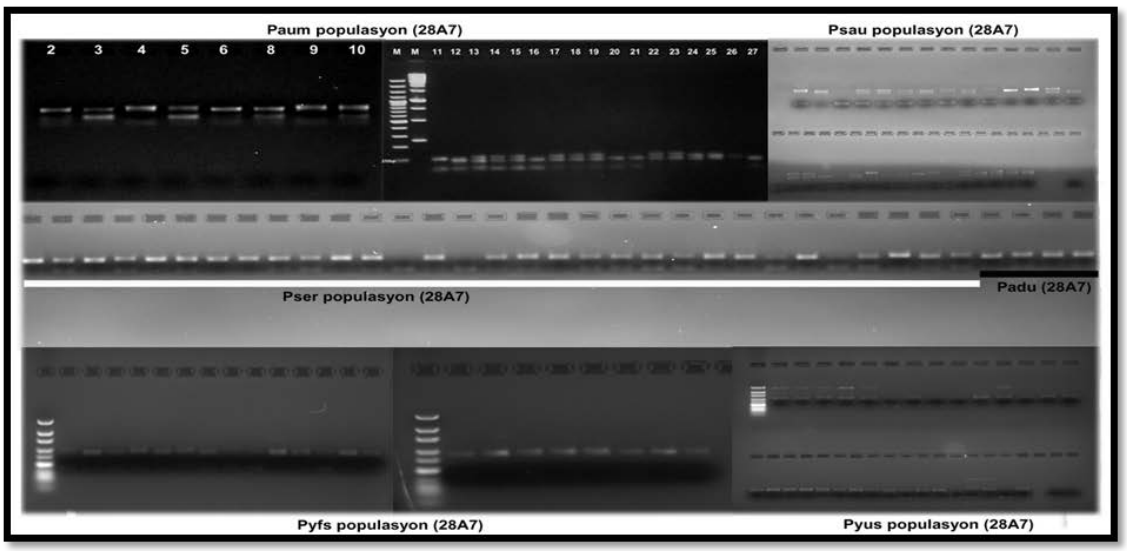
4.1.5.3. Genetik çeşitliliğe ve populasyon genetiğine dair bulgular

4.1.5.3.1. SSR bulguları

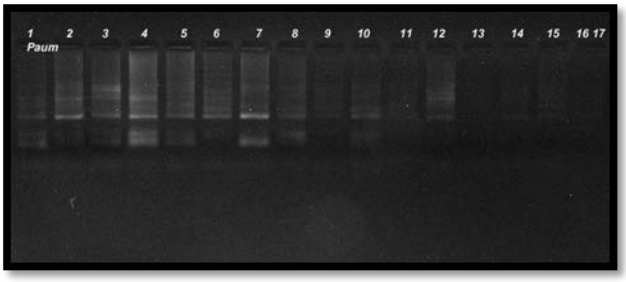
Ps. sintenisii (Paum: Salihli), *Ps. aucherianus* (Psau: Bağıştaş, Padu: Dutluca ve Pser: Eriç) ve *Ps. yusufeliensis*'e (Pyus: Yusufeli ve Pyfs: Tortum) ait genotipler arasındaki genetik ilişkiler SSR primerleri ile belirlenmeye çalışılmıştır. 12B1, 21D9, 28A7 primer çifti denenmiş, ancak bu çalışmalardan tüm populasyonlar için istenilen sonuç alınamamıştır (Şekil 4.22-24). 13D10 primer çifti ile 6 populasyona ait toplam 96 bireyden olumlu sonuç alınmıştır (Şekil 4.25). Bu lokusun okunması sonucu elde edilen pikler Peak Scanner programında izlenmiştir (EK-4).



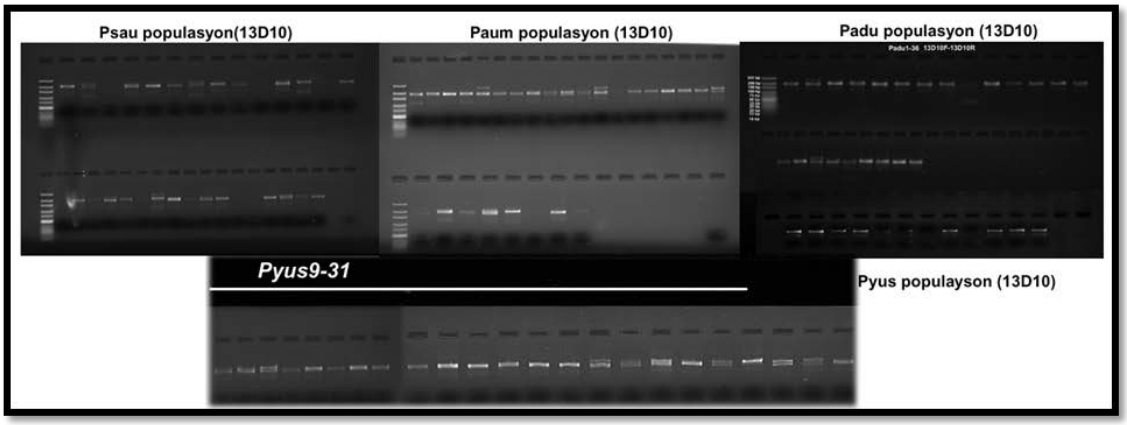
Şekil 4.22. 12B1 primerine ait jel görüntüsü



Şekil 4.23. 28A7 primerine ait jel görüntüsü



Şekil 4.24. 21D9 primerine ait jel görüntüsü



Şekil 4.25. 13D10 primerine ait jel görüntüsü

Populasyon çalışmalarına lokusa dayalı kesin (Exact) test temeli ile çalışan Hardy-Weinberg denge (Hardy–Weinberg equilibrium-HWE) analizleri GENEPOP 4.2 programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Kesin (Exact) P değerleri 10000 [ezber bozma sayısı (Dememorization number), yığın saysısı (Number of batches) ve her bir yığındaki tekrar sayısı (Number of iterations per batch)] tekrarlı Markov Chain Monte Carlo (MCMC) simülasyonu ile elde edilmiştir. GENEPOP 4.2 programında, tüm populasyonlarda karşılaştırılan gruplar arasında yanlış çıkarımlarda bulunmamak için gözlem sayını dikkate alan Bonferroni düzeltmesinden sonra, Hardy-Weinberg dengesinden önemli bir sapmanın olup olmadığını tespit etmek için Fisher'in metodu uygulanmıştır.

Türlere ait populasyonlar Hardy-Weinberg dengesine uygunluk bakımından incelendiğinde 0.05 kritik değerine göre *Ps. aucherianus* populasyonlarının HWE dengesinde olduğu ve populasyonlarda gözlenen ve beklenen değerler arasında tespit edilen sapmanın şanşa bağlı gelişmiş olabileceğini belirlenmiştir (χ2-Olasılık (Prob.) 0.2693). *Ps. sintenisii* türünün *Ps. aucherianus*'tan ayrılan bir tür olduğu düşünüldüğünden bu iki türe ait dört populasyon birlikte değerlendirilmiş ve 10000-20-5000 tekrarlı olarak HWE olasılık testi gerçekleştirildiğinde populasyonlardan birinde P

değerinin, tahminen sıfır olduğunu gösteren olasılık değeri "**Oldukça Önemli**" uyarısı vermiştir (*Ps. sintenisii* P: 0.0000-Tablo 4.1.5). Uyarının tekrar sayısı ile ilgili olduğu düşünülerek, tekrar sayısı artırıldığında (10000-40-10000) Olasılık 0.0013 olarak tespit edilmiştir. Sonuçta, *Ps. aucherianus*'a ait populasyonlardaki sapmanın şanşa bağlı olduğu tespit edildiğinden (P: 0.2693), şansa bağlı olmayan sapmanın *Ps. sintenisii* populasyonunda olduğu belirlenmiş ve bu populasyonun HWE dengesinde olmadığı sonucuna varılmıştır. *Ps. yusufeliensis* populasyonları için olasılık 0.0084 olarak hesaplanmış ve bu türe ait populasyonlarda sadece şanşa dayanan bir sapmanın olamayacağı yani türün HWE dengesinde olmadığı tespit edilmiştir. Bu sonuçlar, *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* ait populasyonların değişmez olmadığını ve populasyonlar üzerine evrimsel süreçlerin etkili olduğunu göstermektedir (Genetik sürüklenme, mutasyon, rastgele olmayan çiftleşme vb).

HWE dengesinden sapma ölçümlerinden biri olan F_{IS} değerleri -0.0909'dan 0.3135'e kadar geniş bir değişim göstermektedir. F_{IS} değerleri için önem değerine ($P < 0.05$) göre *Ps. yusufeliensis*'e ait Tortum populasyonunda (-0.1034) heterozigot fazlalığı ve *Ps. sintenisii* (Salihli) populasyonunda ise heterozigot eksikliği tespit edilmiştir (Tablo 4.1.5). Bu değerlerin sıfırdan negatife sapması birbirine benzemeyen genotipler arasındaki eşleşmenin fazla olmasına (negative assortative mating) veya heterozigotluğun lehine bir seçilme olabileceğine işaret etmektedir (Brown, 1979; El-Kassaby ve ark., 1987; Fady ve Conkle, 1993).

Mikrosatellit verileri için önemli bir parametre olan null allel frekansının *Ps. aucherianus* (Bağıştaş-Psau) populasyonunda 0.0348 ve *Ps. sintenisii* (Salihli-Paum) populasyonunda 0.1293 olarak tespit edilmiştir (Tablo 4.1.5). Bu parametreler populasyonlarda görülen heterozigotluk kaybı sonucu olarak ortaya çıkan genetik varyasyon seviyesindeki bir azalma ile ilişkili olabileceği düşünülebilir. Böylece null allel frekansının artmasına bağlı olarak heterozigotluk kaybı ve sonuçta varyasyon seviyesinin düşmesi *Ps. sintenisii* türünde daha fazla etkisini göstermektedir.

13D10 lokusu için 6 populasyona ait 96 bireyde toplam allel sayısı 36 olarak belirlenmiştir (EK 5). Gözlenen ve beklenen heterozigotluk (Hobs ve H exp) tüm populasyonlar için tahmin edilmiştir. En az allel sayısının ve en düşük beklenen heterozigotluğa (Hexp) sahip populasyonun *Ps. sintenisii* (Salihli) olduğu tespit edilmiştir (Tablo 4.1.5).

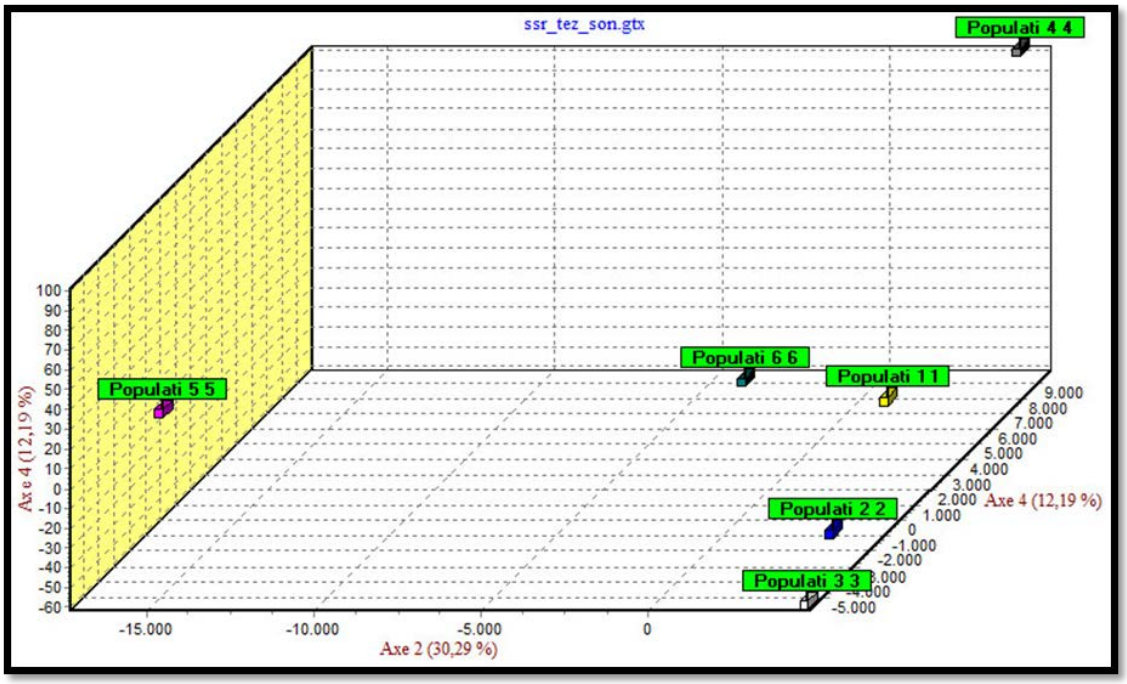
Ele alınan 13D10 SSR lokusu için ikili gruplar halinde genetik farklılaşma (F_{ST}) değerleri ve P değeri 300 permutasyondan sonra elde edilmiştir. Bu lokus açısından *Ps. yusufeliensis*'in Yusufeli-Tortum populasyonları arasındaki genetik farklılaşma 0.08 olarak tespit edilmiştir ve populasyonlar arasında ılımlı bir farklışmanın olduğunu göstermektedir. *Ps. yusufeliensis*'e kıyasla, *Ps. sintenisii* ile *Ps. aucherianus* arasında daha az seviyede bir genetik farklılaşma olduğu tespit edilmiştir (Tablo 4.1.5).

Tablo 4.1.5. 13D10 lokusuna ait istatiksel parametreler

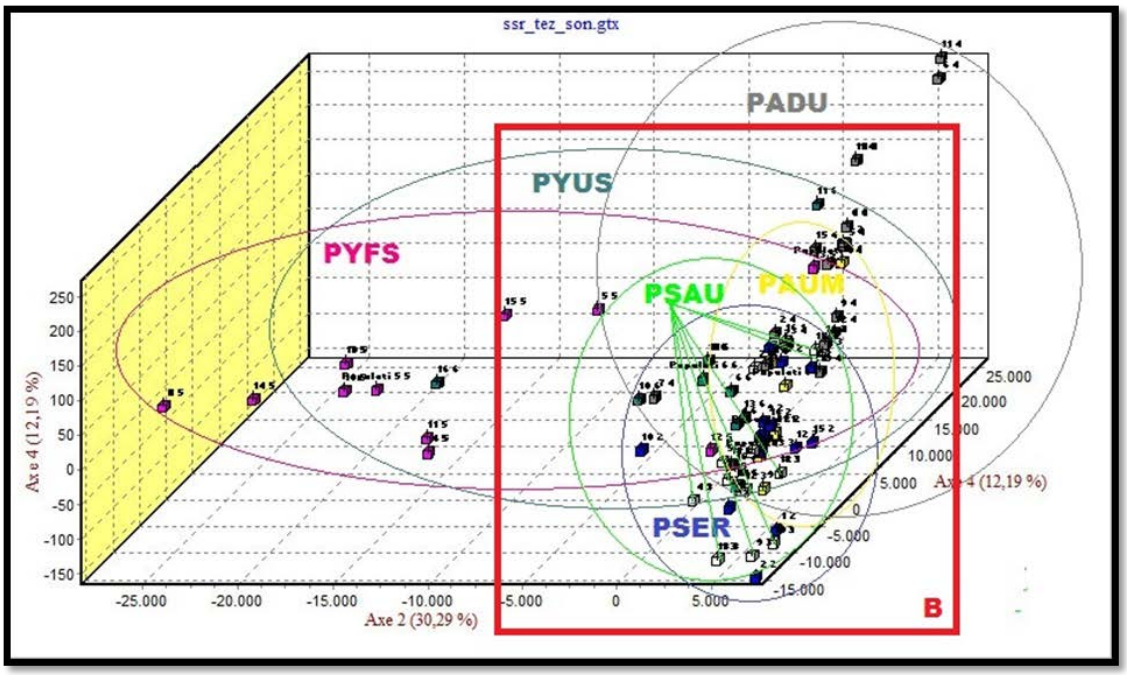
13D10 lokusu							
	F_{IS}						
		Weir ve Cockerham (1984)		P-val		S.E. (standart sapma)	
Populasyonlar için Fis değerleri ve gen çeşitliliği P<0.05 (*önem seviyesi) (GENEPOP)	PAUM	**0.3135***		0.0000		0.0000	
	PSER	0.0066		0.4685		0.0541	
	PSAU	0.1236		0.0605		0.0133	
	PADU	-0.0909		0.7916		0.0347	
	PYFS	**-0.1034***		0.0190		0.0006	
	PYUS	-0.1009		0.0564		0.0007	
Beklenen heterozigotluk (Hexp) ve Gözlenen heterozigotluk (Hobs) (GENETIX)							
Her bir populasyondaki allel sayısı(n)	**11**	16	12	15	17	14	
H exp.	**0.8730**	0.9141	0.8945	0.8906	0.8809	0.8828	
H n.b.	0.9012	0.9435	0.9234	0.9194	0.9093	0.9113	
H obs.	0.6250	0.9375	0.8125	1.0000	1.0000	1.0000	
Null allel frekansı ve populasyonlarda belirlenen allel (Maksimum Likelihood) (GENEPOP programında)	PAUM	PSER	PSAU	PADU	PYFS	PYUS	*yüksek allel frekansı Null allel frekansı (Güven aralığı 0.0250<x<0.9750)
	0.1293*	0.0000	**0.0348***	0.0000	0.0000	0.0000	

F_{ST}						
		PAUM	PSER	PSAU	PADU	PYFS
P<0.05 önem düzeyi	**PAUM***					
	PSER*	0.0283				
	PSAU*	0.0013	0.0354			
	PADU*	0.0122	0.0240	0.0387		
	PYFS*	0.0671	0.0603	0.0641	0.0667	
	PYUS*	0.0707	0.0630	0.0640	0.0830	0.0865

Şekil 4.26-27'de gösterildiği gibi ait altı populasyon için yapılan Faktöriyel Birleşim Analizine (Factorial Correspondance Analysis-FCA) göre bireylerin üç boyutlu dağılımı incelenmiştir. Şekle göre genel olarak türe bağlı olmaksızın bireylerin çoğu ortada yer alan grup (B) içinde dağılım göstermektedir. *Ps. yusufeliensis*'e ait Tortum populasyonuna ait bireylerin daha geniş bir dağılım gösterdiği ve bu populasyonun diğer populasyonlara (% 12.19) kıyasla, varyasyon düzeyinin daha fazla olduğu tespit edilmiştir (% 30.29). Sonuçta, ele alınan ssr lokusuna dayalı olarak FCA analiz sonuçlarına göre *Ps. aucherianus* ve yakın akraba taksonların tür seviyesinde ya da türlere ait populasyon düzeyinde ayrımını yapmak mümkün olmamıştır.



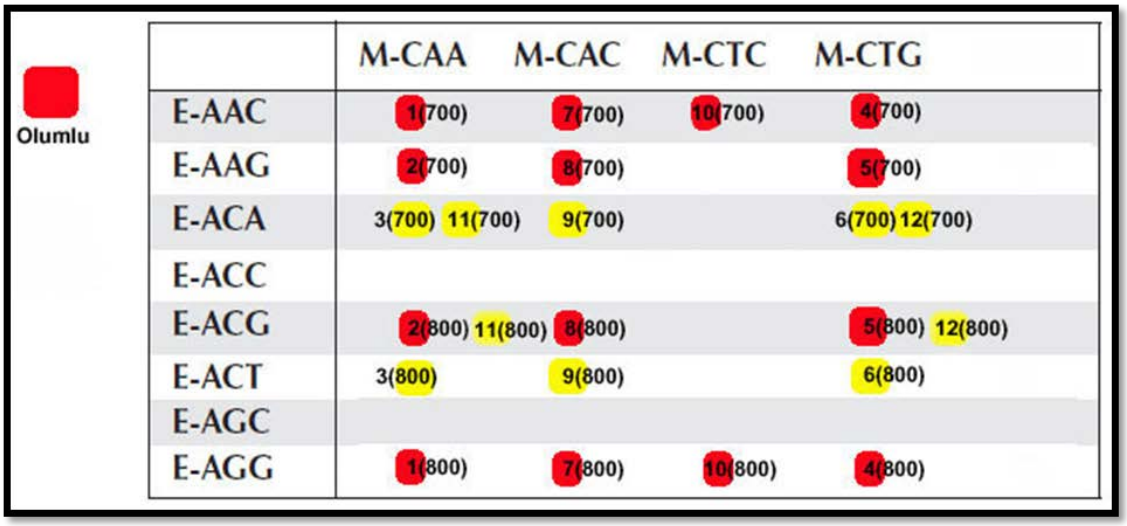
Şekil 4.26. GENETIX programında *P. aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait 3-boyutlu Faktöriyel Bileşenler Analizi (FCA) ile oluşan dağılım görünümü



Şekil 4.27. GENETIX programında *Ps. aucherianus* ve yakın akraba taksonların bireylerine ait 3-boyutlu Faktöriyel Bileşenler Analizi (FCA) ile oluşan dağılım görünümü

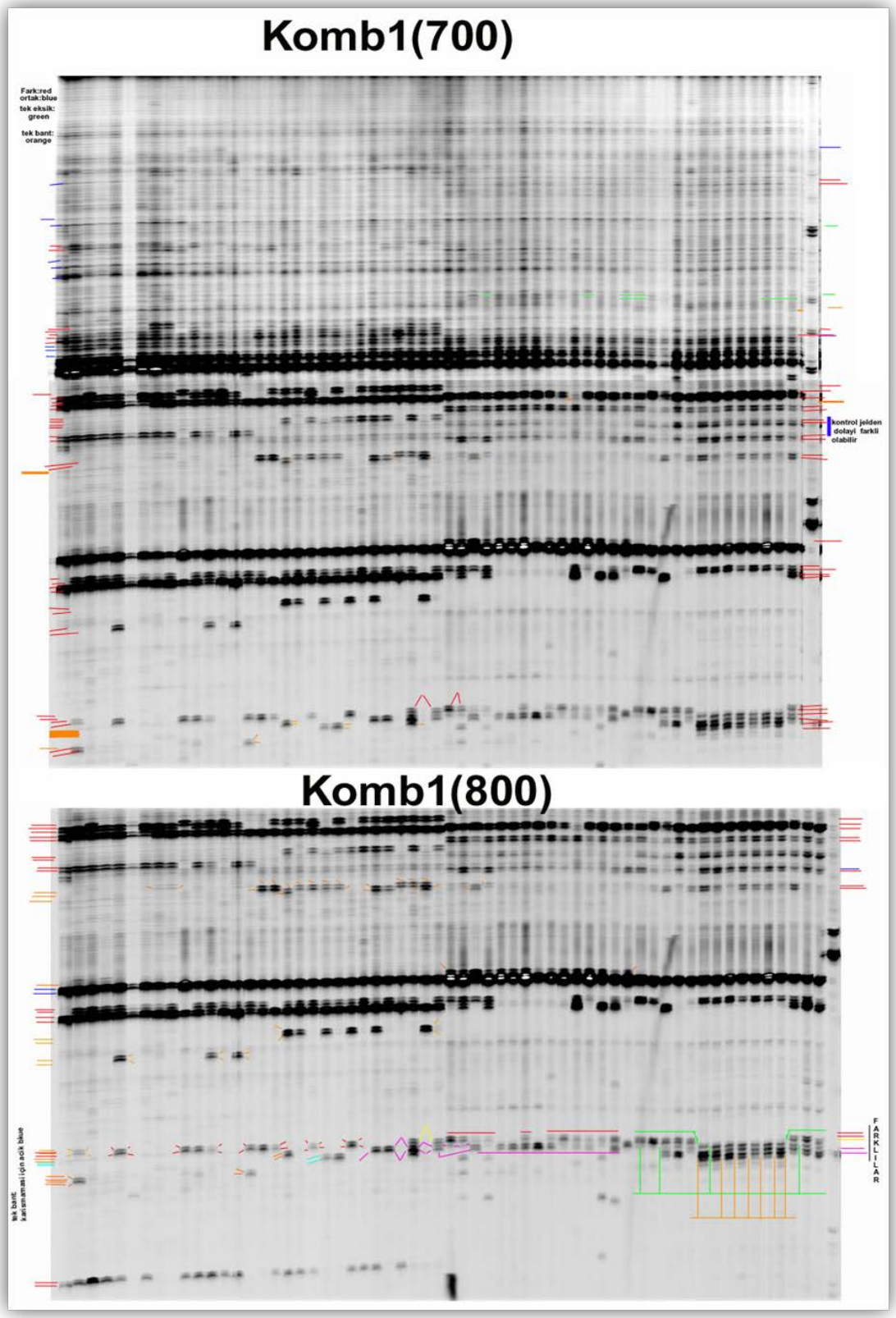
4.1.5.3.2. AFLP bulguları

Psephellus sintenisii, *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis*'e ait dört populasyondan rasgele seçilen 5 birey üzerine 12 primer kombinasyonu denenmiş ve 7 primer kombinasyonundan istenilen sonuç alınmıştır (Şekil 4.28). Primer kombinasyonlarından alınan başarısız sonuçların nedeni olarak primerleri işaretlemek için kullanılan floresan boyanın zayıflaması olabileceği düşünülmüştür. Fragment analizinde 50-700 bp aralığında ladder kullanılmıştır.

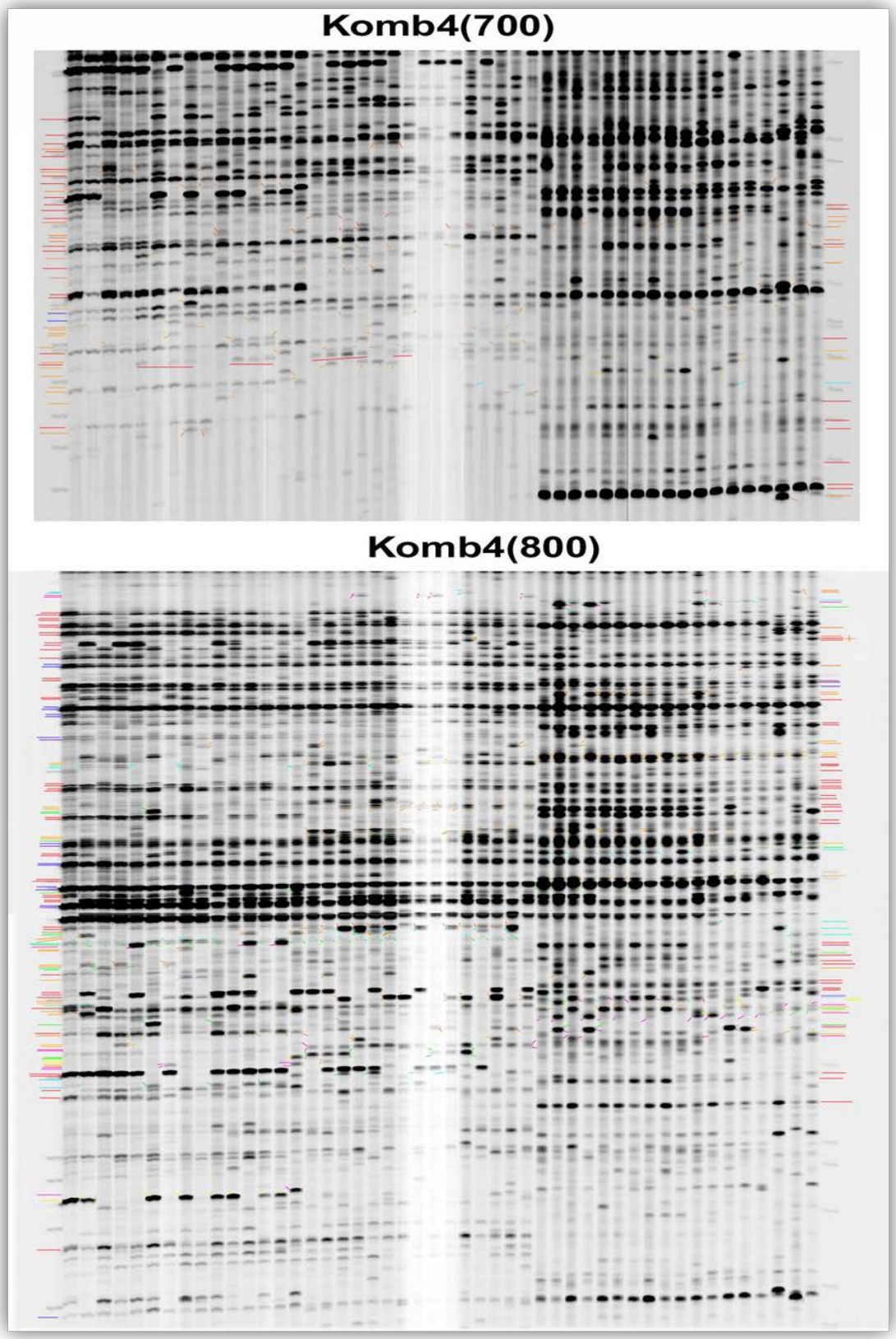


Şekil 4.28. Çalışmada kullanılan AFLP primer kombinasyonları arasındaki ilişkiler

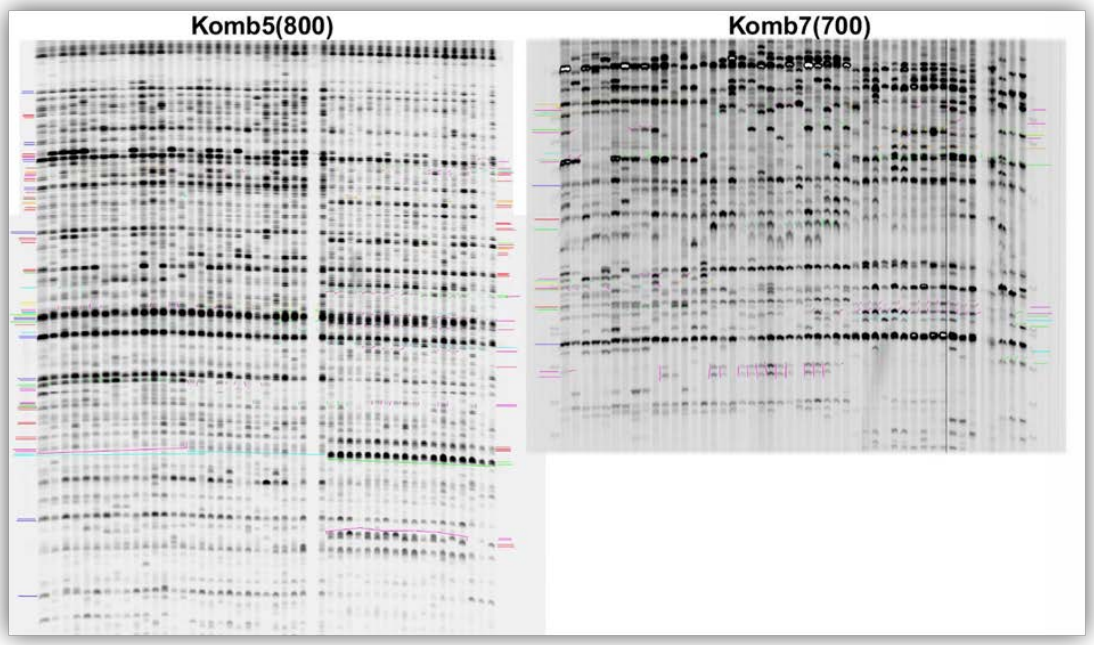
Çeşitlilik analizi için, dört populasyonda toplam 48 bireyde yedi primer kombinasyonun skorlanması sonucunda toplam 946 lokus tespit edilmiş (Şekil 4.29-33) olup, en yüksek polimorfik bant yüzdesine sahip primer kombinasyonun M-CTG / E-AAC(700), en düşük polimorfik bant yüzdesine sahip primer kombinasyonun ise M-CAA / E-AAG(700) olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.1.6). Her ne kadar en yüksek polimorfik bant yüzdesi 700 IRD kızılötesi boya işaretli primer kombinasyonunda görülsede genel olarak tüm kombinasyonlar incelendiğinde 800 IRD kızılötesi boyayla işaretli primer kombinasyonların *Ps. aucherianus* ve yakın akraba populasyonlar için daha seçici olduğu görülmüştür (Tablo 4.1.6).



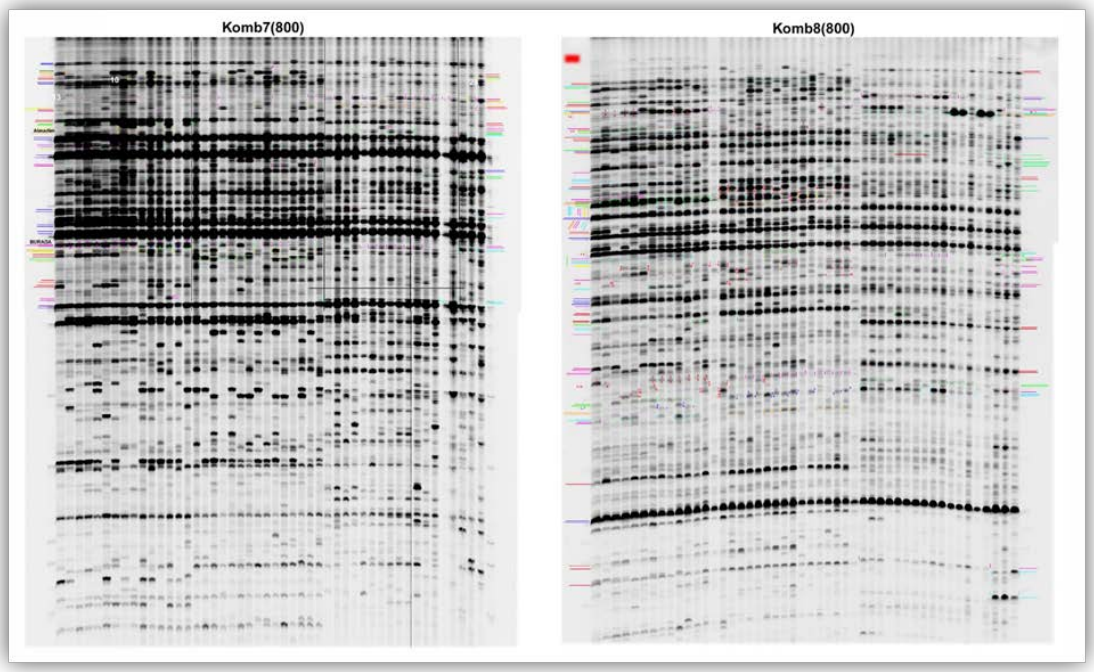
Şekil 4.29. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb1(700-800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü



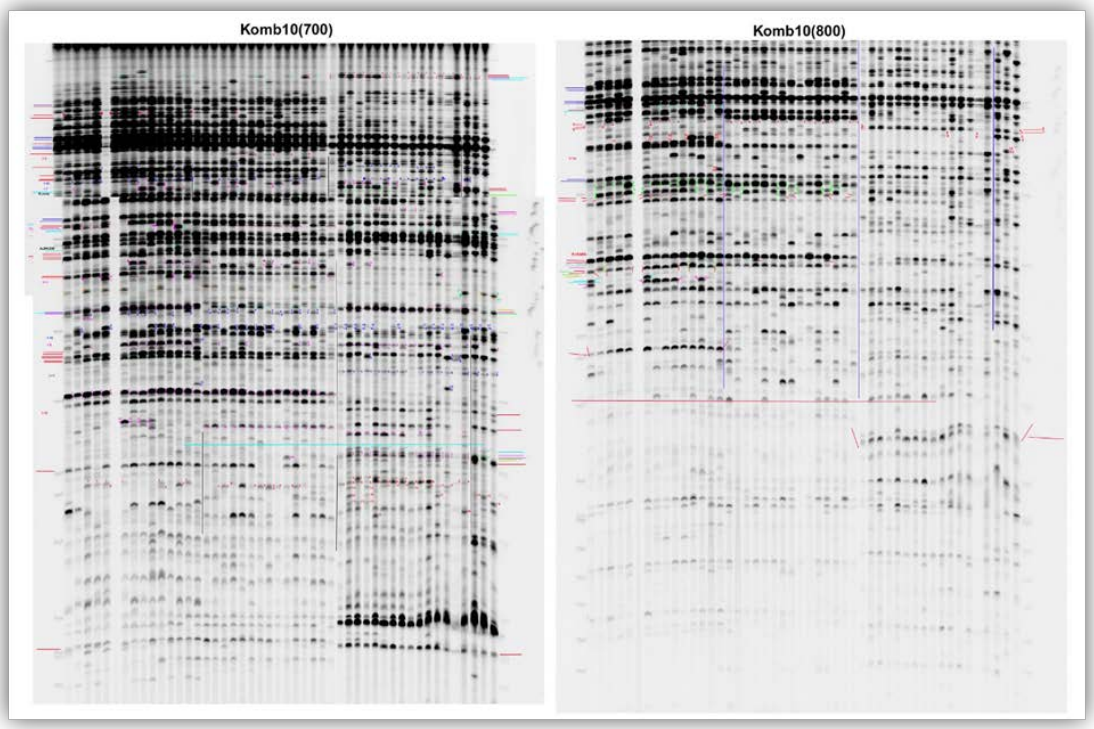
Şekil 4.30. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb4 (700-800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü



Şekil 4.31. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb5(800) ve Komb7(700) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü



Şekil 4.32. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb7(800) ve Komb8(800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü



Şekil 4.33. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların Komb10(700-800) primer kombinasyonlarında üretilen AFLP jel görüntüsü

Tablo 4.1.6. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait AFLP primer kombinasyon sonuçları

	700			800		
	Monomorfik bant	Polimorfik bant	Polimorfik bant yüzdesi (%)	Monomorfik bant	Polimorfik bant	Polimorfik bant yüzdesi
Komb1	2	60	96.78	20	81	80.2
Komb2	4	2	33.34	3	20	86.96
Komb4	0	37	100	17	86	83.5
Komb5	7	6	46.16	19	86	81.91
Komb7	13	62	82.67	20	140	87.5
Komb8	3	5	62.5	8	31	79.49
Komb10	10	148	93.67	10	46	82.15

Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonlara ait populasyon içi ve arası genetik analizler POPGENE 3.2 programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Tür seviyesinde gerçekleştirilen genetik çeşitlilik analizlerine göre, Nei'nin gen çeşitliliği (h) 0.06-0.09, polimorfik lokus yüzdesi %22.20-29.49 ve Shannon indeksi 0.10-0.14 arasında değişmektedir. Tür bazında en yüksek genetik çeşitlilik değerlerinin *Ps. aucherianus*'a ait olduğu bulunsa da, bu değerler türler arasında bir uçurum oluşturmadığı hatta birbirlerinden genetik çeşitlilik seviyesi açısından büyük ölçüde farklılaşmadıkları tespit edilmiştir (Tablo 4.1.7).

Tablo 4.1.7. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait POPGENE programı ile hesaplanan populasyon içi genetik çeşitlilik ve populasyonlar arası farklılaşma parametreleri Nei (1987)' göre, PB= Polimorfik lokus; PBY= Polimorfik lokus yüzdesi; na = Gözlenen allel sayısı; ne = Etkili allel sayısı [Kimura and Crow (1964)]; h = Nei's (1973) gen çeşitliliği; I = Shannon indeks değeri [Lewontin (1972)]

	PB	PBY (%)	na(SD)	ne(SD)	h(SD)	I(SD)
Ps. sintenisii (15 birey-Paum)	262	27.70	1.2770 (0.4477)	1.1491 (0.2933)	0.0889 (0.1619)	0.1355 (0.2365)
Ps. aucherianus (15 birey-Psau)	279	29.49	1.2949 (0.4563)	1.1575 (0.2926)	0.0952 (0.1637)	0.1454 (0.2405)
Ps.yusufeliensis (15 birey-Pyus)	210	22.20	1.2220 (0.4158)	1.1108 (0.2527)	0.0677 (0.1427)	0.1043 (0.2108)

Genetik yapı

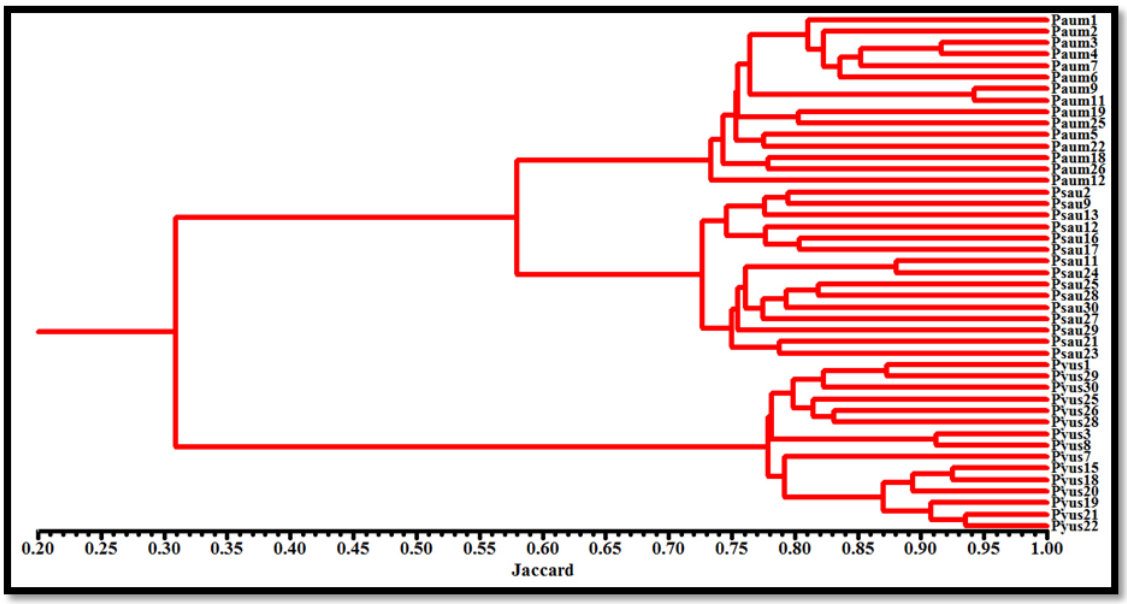
Populasyon büyüklüğü, genetik sürüklenme ve tohum dağılımı gibi çeşitli faktörlerden etkilen genetik yapı analizlerimize göre genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) *Ps. sintenisii* (Salihli) ve *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) populasyonları arasında 0.3395, *Ps. sintenisii* (Salihli) ve *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) 0.6452 ve *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) ve *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) 0.6232 arasında değişmektedir.

Populasyonlar arası genetik benzerlik ve mesafe ölçümlerine (Nei 1972; 1978) göre en yüksek değer *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) türleri arasında 0.3694 olarak tespit edilmiş olup, en düşük değer ise *Ps. sintenisii* ve *Ps. aucherianus* (0.1101) Bağıştaş populasyonu arasında belirlenmiştir (Tablo 4.1.8). Bu sonuç, türler arasında coğrafik mesafe arttıkça genetik mesafenin de arttığını göstermektedir.

Tablo 4.1.8. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait AFLP verilerine göre POPGENE programı ile genetik ilişkiler. Üstteki diyagonal: benzerlik, alttaki diyagonal: mesafeyi göstermektedir.

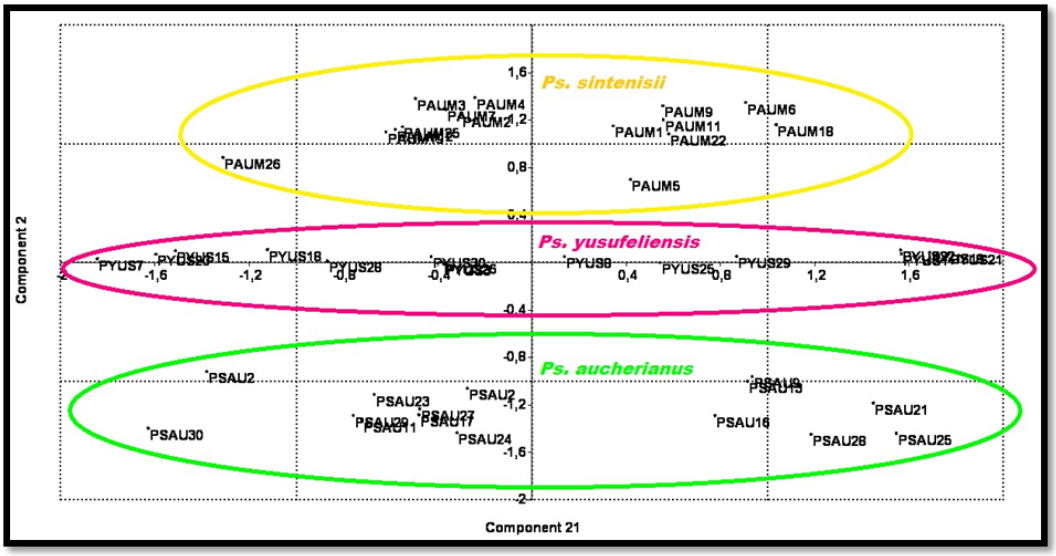
Nei (1972) genetik benzerlik ve mesafe				
	PAUM	**PSAU**	**PYUS**	**PYFS**
PAUM		0.8957	0.6911	0.7059
PSAU	0.1101		0.7067	0.7163
PYUS	0.3694	0.3471		0.9204
PYFS	0.3483	0.3336	0.0830	
Nei (1978) genetik benzerlik ve mesafe				
	PAUM	**PSAU**	**PYUS**	**PYFS**
PAUM		0.8989	0.6932	0.7100
PSAU	0.1066		0.7089	0.7206
PYUS	0.3665	0.3440		0.9253
PYFS	0.3425	0.3277	0.0776	

AFLP verilerinden elde edilen karakterlere herhangi bir ağırlık vermeyen Jaccard benzerlik indeksine (r: 0.99588) dayalı oluşturulan dendograma göre ele alınan tür ve populasyonlarının iki ana klad içerisinde kümelendiği görülmektedir (Şekil 4.34). Birinci ana kladda *Ps. sintenisii* (Paum-Salihli) türüyle, *Ps. aucherianus* (Psau-Bağıştaş) türü % 57 oranında benzerlikle iki ayrı alt kladda yer almaktadır. Birinci alt kladda en fazla % 29 farklılaşma seviyesi ile *Ps. sintenisii* türüne ait bireyler (Paum: Salihli), ikinci alt kladda ise % 27 farklılaşma seviyesi ile ayrılan *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) yer almaktadır. İkinci alt kladda yer alan *Ps. aucherianus* populasyonun diğer türlerin populasyonlarına ait bireylerle kıyaslandığında, populasyonun kendi içinde iki dala ayrıldığı ve bireylerin benzerlik açısından birbirlerinden daha fazla farklılaştığı görülmektedir. *Ps. aucherianus*'un bireylerinin birbirine az benzemesinin ana nedeni populasyon içi genetik çeşitliliğin (PBY: % 29.49, h: 0.09 ve I: 0.1454) diğer türlere kıyasla daha yüksek olmasıyla ilişkili olabilir. İkinci ana kladda yer alan *Ps. yusufeliensis* (Pyus-Yusufeli) türü diğer türlere % 31 oranında benzerlik göstermekte olup AFLP verilerine göre en farklılaşmış tür olarak görülmektedir.

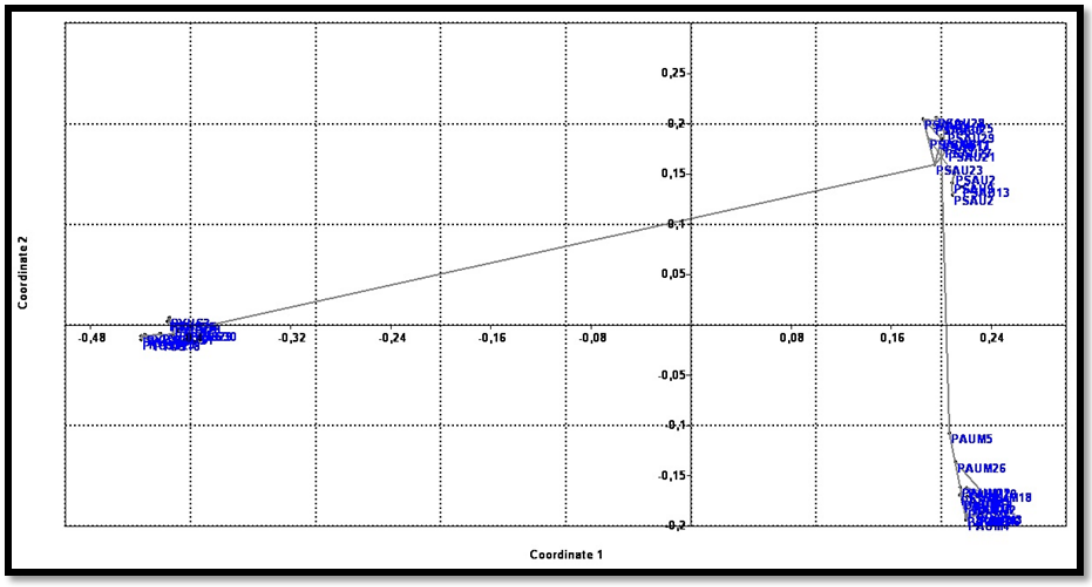


Şekil 4.34. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının AFLP kombine verilerinden elde edilen Jaccard benzerlik indeksine dayalı UPGMA kümelemeyi gösteren dendogram

Öklidiyan indeksini temel alınan PCA ve PCoA analizleri türlerin uzaysal korrelasyonu hakkında bilgi vermektedir. Bu analizler, hem türlerin populasyonlarına ait bireyler uzaysal dağılımını göstermekte hem de türlerin sınırlarını çizmektedir. PCA ve PCoA analizlerine göre *Ps. sintenisii* (Paum-Salihli), *Ps. aucherianus* (Psau-Bağıştaş) ve *Ps. yusufeliensis* (Pyus-Yusufeli) türlerinin birbirlerinden ayrıldığı net olarak görülmektedir (Şekil 4.35-36). Ayrıca PCA'ya göre, *Ps. sintenisii* türüne ait populayonun bireylerinin diğer türlere kıyasla daha az genetik farklılaşma seviyesine sahip olduğu ve bireylerin genetik açıdan daha homojen bir yapı gösterdiği 3 boyutlu grafikte iki ana eksene yakın ve topluca yer almalarıyla desteklenmektedir.



Şekil 4.35. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların kombine verilerinden elde edilen temel unsur analizi (PCA)

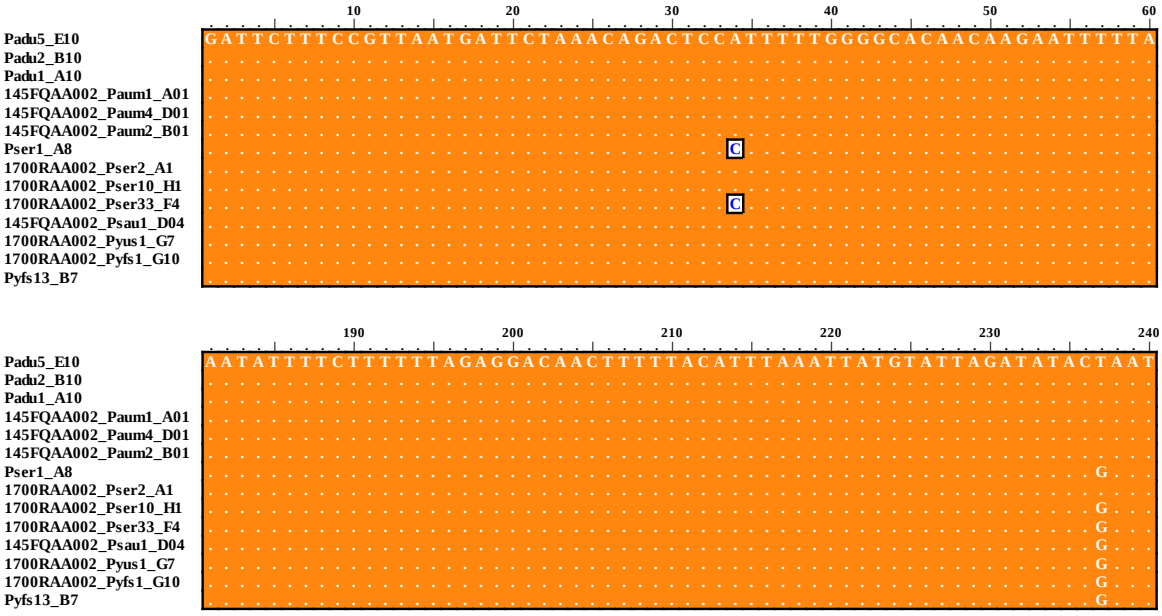


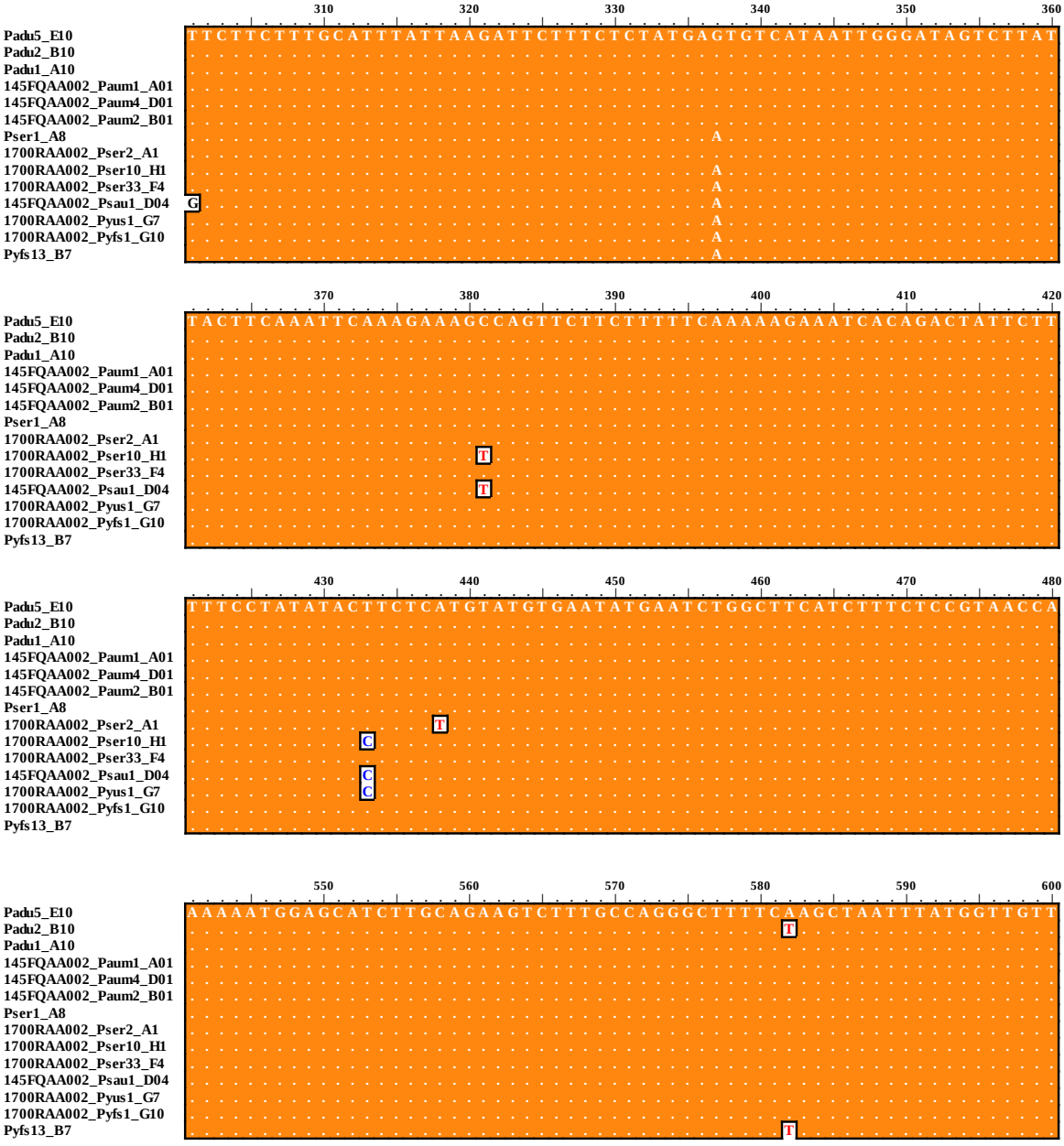
Şekil 4.36. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların kombine verilerinden elde edilen temel koordinat analizi (PCoA)

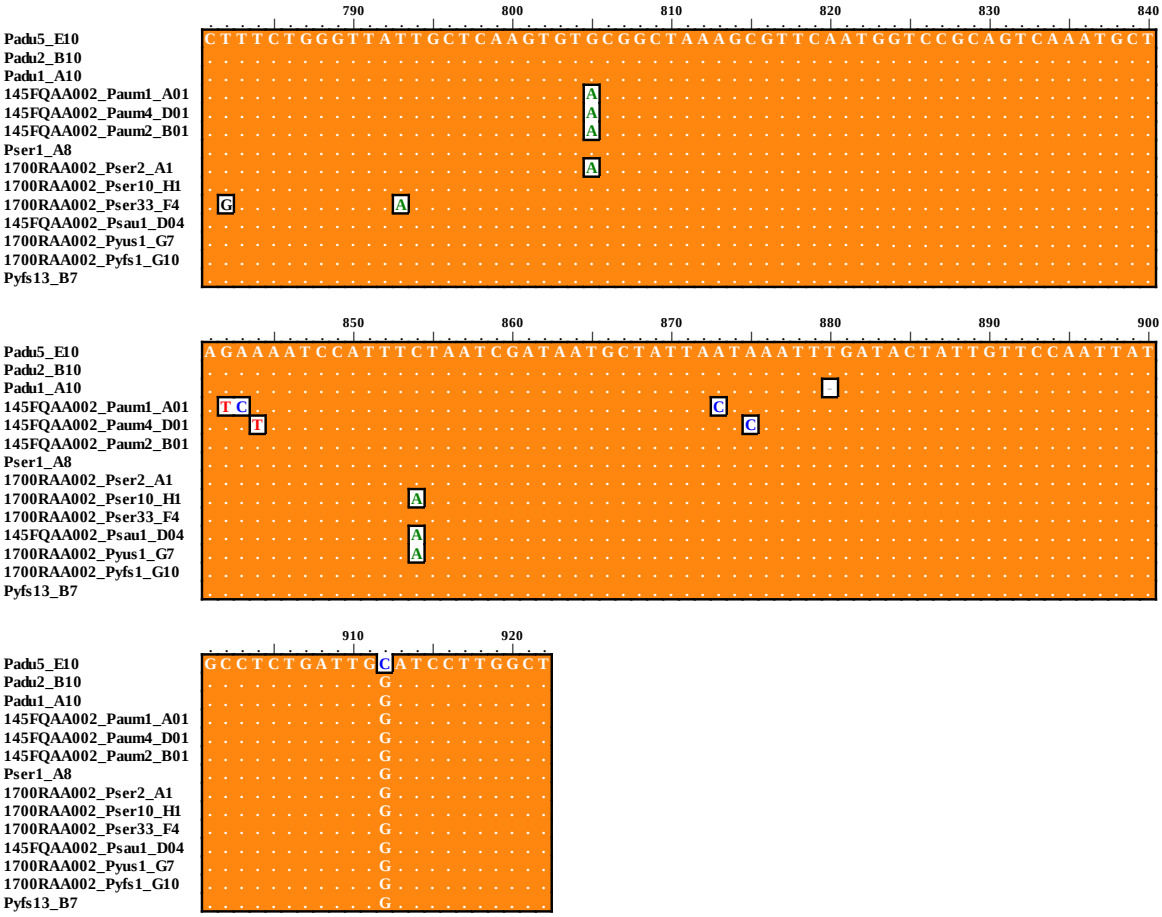
4.1.5.3.3. *matK* bulguları

Dizi çeşitliliği ve haplotip teşhisi

Çalışmada altı populasyonun *matK* bölgesine ait 171 dizi elde edilmiştir. Elde edilen diziler Bioedit ve MEGA kullanılarak hizalanmıştır. Hizalanan veri matriksi 922 nükleotid uzunluğundadır. Hizalanan bu bölge DnaSp programında 903'si monomorfik, 18'si polimorfik (toplam mutasyon sayısı), singleton variable bölgesinin 9 ve parsimoni informatik bölgesinin 9 olduğu ve çalışılan altı populasyon için 9 ayırt edici bölge ve 14 haplotip belirlenmiştir (Şekil 4.37).




310 320 330 340 350 360
Padu5_E10 TTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGAGTGTCATAATTGGGATAGTCTTAT
Padu2_B10
Padu1_A10
145FQAA002_Paum1_A01
145FQAA002_Paum4_D01
145FQAA002_Paum2_B01
Pser1_A8 A
1700RAA002_Pser2_A1
1700RAA002_Pser10_H1 A
1700RAA002_Pser33_F4 A
145FQAA002_Psau1_D04 G A
1700RAA002_Pyus1_G7 A
1700RAA002_Pyfs1_G10 A
Pyfs13_B7 A
370 380 390 400 410 420
Padu5_E10 TACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACTATTCTT
Padu2_B10
Padu1_A10
145FQAA002_Paum1_A01
145FQAA002_Paum4_D01
145FQAA002_Paum2_B01
Pser1_A8
1700RAA002_Pser2_A1
1700RAA002_Pser10_H1 T
1700RAA002_Pser33_F4
145FQAA002_Psau1_D04 T
1700RAA002_Pyus1_G7
1700RAA002_Pyfs1_G10
Pyfs13_B7
430 440 450 460 470 480
Padu5_E10 TTTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCGTAACCA
Padu2_B10
Padu1_A10
145FQAA002_Paum1_A01
145FQAA002_Paum4_D01
145FQAA002_Paum2_B01
Pser1_A8
1700RAA002_Pser2_A1 T
1700RAA002_Pser10_H1 C
1700RAA002_Pser33_F4
145FQAA002_Psau1_D04 C
1700RAA002_Pyus1_G7 C
1700RAA002_Pyfs1_G10
Pyfs13_B7
550 560 570 580 590 600
Padu5_E10 AAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATGGTTGTT
Padu2_B10
Padu1_A10
145FQAA002_Paum1_A01
145FQAA002_Paum4_D01
145FQAA002_Paum2_B01
Pser1_A8
1700RAA002_Pser2_A1
1700RAA002_Pser10_H1
1700RAA002_Pser33_F4
145FQAA002_Psau1_D04
1700RAA002_Pyus1_G7
1700RAA002_Pyfs1_G10
Pyfs13_B7 T



Şekil 4.37. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait cpDNA'haplotipleri ve nükleotid dizi değişmeleri

Haplotiplerin coğrafik dağılımı

Türkiye *Psephellus* cinsi tür sayısı bakımından en zengin floraya sahip ülkelerden birisidir. Sahip olduğu 34 taksondan 28'inin, dolayısıyla yaklaşık % 82'sinin endemik olması ve bunların çoğunun lokal yayılış göstermesi; ülkemizin bu cins için ana farklılaşma ve gen merkezlerinden biri olduğunu göstermektedir. *Psephellus* taksonlarının bu lokal dağılımı Anadolu'nun çeşitlilik gösteren jeomorfolojik yapısı, habitat çeşitliliği ve mikroklimatik koşullar ile ilişkili olabilir.

Çalışılan 6 populasyona ait tespit edilen 14 haplotipin dağılımları *Ps. sintenisii*'de üç, *Ps. yusufeliensis*'de üç ve *Ps. aucherianus* sekiz olarak tespit edilmiştir (Tablo 4.1.9).

Tablo 4.1.9. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların her bir lokalitedeki populasyonlarının haplotip dağılımı

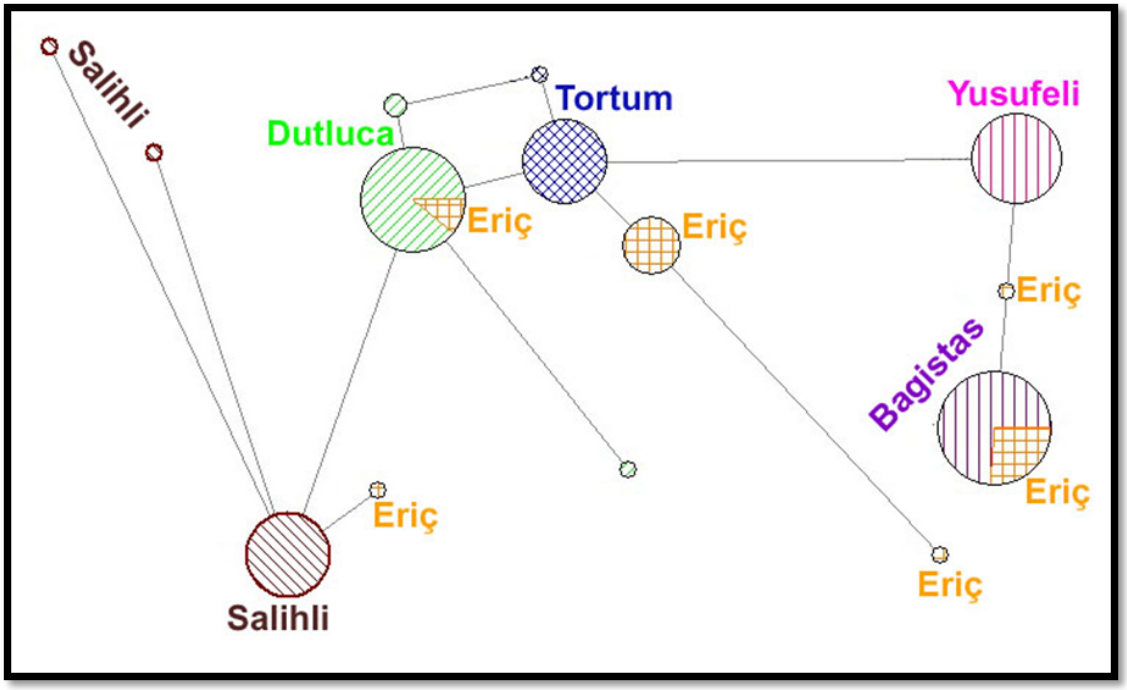
Populasyonlar ve Birey sayıları		Hap A	Hap B	Hap C	Hap D	Hap E	Hap F	Hap G	Hap H	Hap I	Hap J	Hap K	Hap L	Hap M	Hap N
Salihli	25				+	+	+								
Dutluca	36	+	+	+											
Eriç	29							+	+	+	+	+			
Bağıştaş	31														
Yusufeli	26												+		
Tortum	24													+	+

Hap: Haplotip

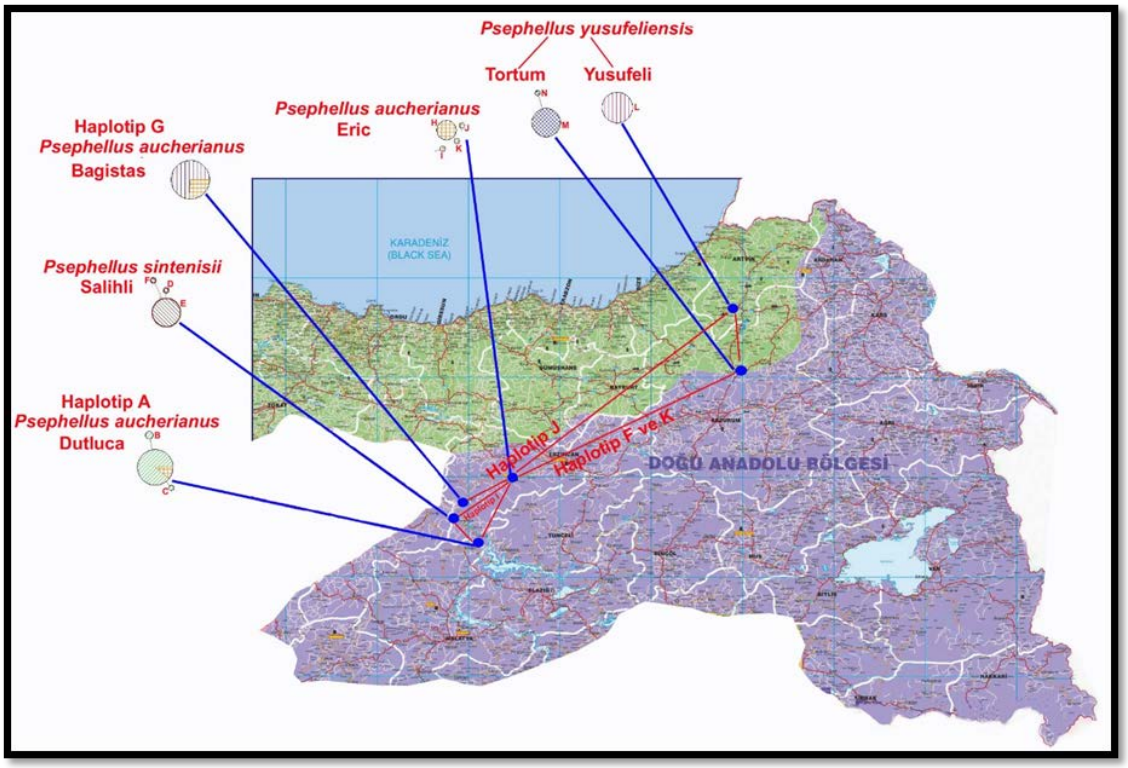
Her bir populasyona özgü paylaşılmayan haplotip sayısı *Ps. aucherianus* (Eriç) 4, *Ps. sintenisii* 3, *Ps. aucherianus* (Dutluca) 2, *Ps. yusufeliensis* (Tortum) 2 ve *Ps. yusufeliensis* (Yusufeli) 1 olarak bulunmuştur. *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) populasyonuna özgü bir haplotip tespit edilememiştir. Bu populasyona ait haplotipin Eriç populasyonuna ait 5 haplotipten birisi olması bu populasyonun Eriç'ten yakın zamanda ayrılmış bir bireyden köken aldığı ve kurucu etkiye (founder effect) örnek teşkil ettiği söylenebilir. Böylece 14 haplotip farklı numaralarla isimlendirilerek ortak haplotiplere sahip populasyonlar ve populasyonlarda haplotiplerin coğrafik dağılımları belirlenmiştir (Şekil 4.38-39). Haplotip A *Ps. aucherianus*- Dutluca ve *Ps. aucherianus*-Eriç populasyonlarını içeren ortak bir haplotipe sahiptir. Haplotip G, *Ps. aucherianus*'un Eriç ve Bağıştaş populasyonlarını içeren ortak bir haplotipten oluşmaktadır (Tablo 4.1.9). Sonuç olarak coğrafik olarak bir kavşak noktası konumunda bulunan *Ps. aucherianus* türüne ait Eriç populasyonunun oldukça çeşitli ve geniş bir haplotip spektrumuna sahip olduğu da tespit edilmiştir. Aynı zamanda, bu populasyonun mevcut diğer tüm populasyonlarla daha fazla ortak özgün allel ya da lokusa sahip olduğu belirlenmiştir. Buna göre bu ortak haplotipin *Ps. aucherianus*' a ait tüm populasyonlarca paylaşılan atasal bir haplotip olduğu görülmektedir.

Ps. aucherianus ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait haplotip ağları ve coğrafik konumları arasındaki ilişkiler incelenmiştir (Şekil 4.38-39). Topoloji toplam 18 mutasyonla haplotiplerin ayrımını göstermektedir. *Ps. aucherianus* (Eriç) populasyonun haplotip dağılımının belli bir bölgede kümelenmediği ve oldukça geniş bir yayılım gösterdiği tespit edilmiştir (Haplotip A, G, H, I, J ve K). Coğrafik konum açısından çalışılan populasyonların ortasında yer alan ve oldukça zengin bir haplotip ağına sahip olan bu populasyonun bireyleri, her ne kadar mevcut diğer taksonlarla ortak özgün allere sahip olsa da, bu türlerle ortak bir haplotipi paylaşmadığı belirlenmiştir. Ağda *Ps. aucherianus* (Dutluca), *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* (Tortum ve Yusufeli)

populasyonlarının özgün haplotiplere sahip olduğu tespit edilmiştir. Hem *Ps. yusufeliensis*'e ait Tortum populasyonun *Ps. aucherianus*'a ait Eriç ve Dutluca populasyonu ile haplotip ağında bağlantılı olması, hem de *Ps. yusufeliensis*'e ait Yusufeli populasyonun ve *Ps. aucherianus*'a ait Bağıştaş populasyonu ile örüntülü görülmesi bu türlerin ortak bir orjinden yakın zaman ayrıldıklarını ve yakın akraba olan bu taksonlara ait populasyonların farklılaşmaya ve evrilmeye devam ettiğini göstermektedir.



Şekil 4.38. Türkiye'de *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların haplotip ağ (network) analizi; Haplotip ağında her bir populasyon renkli işaret ve yazılarla gösterilmiştir. Her bir daire populasyonlar boyunca haplotip sıklığı ile orantılıdır.



Şekil 4.39. Türkiye'de *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonların 14 haplotipinin coğrafik dağılım ve sıklığı

Kloroplast haplotip çeşitliliği ve population farklılaşması

Genetik çeşitlilik her bir populasyon için haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotid (Pi) çeşitliliği olarak değerlendirilmiştir. İncelenen populasyonlar arasında haplotip (Hd) ve nükleotid (Pi) çeşitliliği en yüksek tahminler Eriç populasyonunda (Hd: 0.7142 ve Pi: 0.0036) kaydedilmiştir (Tablo 4.1.10).

Populasyonlar arası genetik farklılaşma parametrelerine (G_{ST}, N_{ST} ve F_{ST}) göre Eriç populasyonun tüm populasyonlarla farklılaşma değerinin en az olduğunu söyleyebiliriz. *Ps. aucherianus* populasyonlarında N_{ST} değerlerinin G_{ST} değerinden büyük olduğu gözlenmiştir. *Ps. aucherianus*'a ait Eriç populasyonunun diğer akraba türlere ait populasyonlara kıyasla, tür içi nispeten yüksek bir gen akışına sahip olduğu ve kendi türüne ait populasyonlarla gen akışı seviyesinin daha da arttığını söyleyebiliriz (Tablo 4.1.10).

Tablo 4.1.10. *matK* verilerine ait istatiksel hesaplamalar SS: Dizi sayısı; PBS: polimorfik bölge sayısı; S: Ayrılma bölgesi; HN: Haplotip sayısı; TMS: Toplam mutasyon sayısı; k1: Ortalama nükleotid farklılığı sayısı; Pi: Nükleotid çeşitliliği; Hd: Haplotip (gen)çeşitliliği; Nm değeri için; a-Gst (Nei 1973) b-Nst ((Lynch and Crease 1990 (with Jukes and Cantor correction) c- F_{ST} ((Hudson, Slatkin and Maddison 1992) Not: Farklı türlerin populasyon karşılaştırılmasının amacı Eriç populasyonun diğer türlerle olan ilişkisini göstermektir.

	SS	PBS	TMS	S	k1	pi	HN	Hd
PADU	36	2	2	2	0.163	0,00018	3	0,160
PAUM	25	5	5	5	0,400	0,00043	3	0,15667
PSAU	31	0	0	0	0,00000	0,00000	1	0,00000
PSER	29	11	11	11	3,365	0,00365	6	0,71429
PYFS	24	1	1	1	0,08333	0,00009	2	0,08333
PYUS	26	0	0	0	0,00000	0,00000	1	0,00000

	Ki-Kare (Genetik farklılaşma)	Hs (HBK 1992)	G_{ST}	N_{ST}	F_{ST}	Nm
PADU-PAUM	P<0.001 (0,0000)	0,15884	0,71939	0,78038	0,78046	a-0,20 b-0,14 c-0,14
PADU-PSAU	P<0.001 (0,0000)	0,08652	0,84151	0,98661	0,98656	a-0,09 b-0,01 c-0,01
PADU-PSER	P<0.001 (0,0000)	0,40552	0,34611	0,54896	0,54895	a-0.94 b-0,41 c-0,41
PADU-PYFS	P<0.001 (0,0000)	0,13007	0,76499	0,94185	0,94180	a-0,15 b-0,03 c-0,03
PADU-PYUS	P<0.001 (0,0000)	0,09398	0,82796	0,98003	0,97998	a-0,10 b-0,01 c-0,01
PAUM-PSAU	P<0.001 (0,0000)	0,06929	0,86691	0,97231	0,97222	a-0,08 b-0,01 c-0,01
PAUM-PSER	P<0.001 (0,0000)	0,45778	0,38101	0,62070	0,62041	a-0,81 b-0,31 c-0,31
PAUM-PYUS	P<0.001 (0,0000)	0,07667	0,85711	0,96161	0,96154	a-0,08 b-0,02 c-0,02
PAUM-PYFS	P<0.001 (0,0000)	0,12081	0,78460	0,92550	0,92545	a-0,14 b-0,04 c-0,04
PSAU-PSER	P<0.001 (0,0000)	0,34439	0,27604	0,48662	0,48647	a-1,31 b-0,53 c-0,53
PSAU-PYUS	P<0.001 (0,0000)	0,00000	1,00000	1,00000	1,00000	a-0,00 b-0,00 c-0,00
PSAU-PYFS	P<0.001 (0,0000)	0,03595	0,92839	0,98971	0,98969	a-0,04 b-0,01 c-0,01
PSER-PYUS	P<0.001 (0,0000)	0,37815	0,45974	0,41138	0,41222	a-0,59 b-0,72 c-0,71
PSER-PYFS	P<0.001 (0,0000)	0,43100	0,41014	0,32542	0,32630	a-0,72 b-1,04 c-1,03
PYUS-PYFS	P<0.001 (0,0000)	0,03986	0,92284	0,97961	0,97959	a-0,04 b-0,01 c-0,01

Moleküler varyans analizlerine göre türlere ait populasyonlar arası genetik varyans dolayısıyla buna bağlı genetik farklılaşma, *Ps. aucherinus*'ta % 95.73 ve *Ps. yusufeliensis*'te % 98.04 olarak tespit edilmiştir. Bu sonuç *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* populasyonlarının oldukça farklılaşmış olduğunu göstermekte ve farklılaşma parametrelerini (F_{ST}=Φ_{ST}) desteklemektedir (Tablo 4.1.11).

Tablo 4.1.11. *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarının tüm haplotipleri için moleküler varyans analiz sonuçları

AMOVA					
Gruplar	**Varyasyon kaynağı**	**df**	**Karelerinin Toplamı**	**Varyans bileşenleri**	**Varyasyon yüzdesi**
PsauPser-PaduPserPadu-Pser k=1	Populasyonlar arası	3	170.564	2.77959 Va	95.73
	Populasyonlar içi	92	11.405	0.12396 Vb	4.27
	Toplam	95	181.969	2.90356	
	Fiksasyon indisleri	Fst: 0.95731			
	Fst	Padupser 0.95940	Padu 0.95157	Psaupser 0.95940	Pser 0.94673
PyusPyfs k=1 Pyus (Fst): 0.98121 Pyfs (Fst): 0.97958					
	Populasyonlar arası	1	24.982	1.00007 Va	98.04
	Populasyonlar içi	48	0.958	0.01997 Vb	1.96
	Toplam	49	25.940	1.02003	
	Fiksasyon indisleri	Fst: 0.98043			

Tajima D testi *Ps. sintenisii* hariç diğer populasyonlarda Tajima D testinin isatiksel olarak önemli olmadığı tespit edilmiştir (P > 0.10 olduğu için değer önemli değil Tajima D: 0.04665). Tajima D'nin *Ps. sintenisii* (Tajima D:-1.99937 P < 0.05)

populasyonları için istatiksel olarak önemli ve sıfırdan küçük olması bu populasyonun yakın bir zamanda dar boğazdan geçmiş (ya da azaldığını) olabileceğini ya da populasyonda bu lokusun aşırı bir seçilime maruz kaldığının bir kanıtı olabilir.

Doğal olarak, genetik açıdan en farklılaşmış populasyon coğrafik mesafeye (uzaklık) uygun bir biçimde *Ps. yusufeliensis'e* ait Yusufeli ilçesinin derin vadilerinde yer alan populasyon olmuştur. Aynı zamanda populasyon içi genetik varyasyon seviyesinin oldukça düşük olması Yusufeli populasyonun oldukça izole ve derin bir vadi içerisinde yayılış alanının sınırlanmış olması ile ilişkilendirilmiştir. *Ps. yusufeliensis* türünün, Tortum populasyonunun Yusufeli populasyonuna kıyasla *Ps. aucherianus* populasyonlarıyla daha yakın bir genetik akrabalık sergilediği ve genetik açıdan daha az farklılaştığı belirlenmiş, ayrıca populasyon içi genetik varyasyon seviyesi de bu populasyonda daha yüksek bulunmuştur. Dahası coğrafik mesafeye ve habitat parçalanmasına uygun bir şekilde, Tortum populasyonunun *Ps. aucherianus* populasyonları ile adım adım seviyesi değişen ve bir ortak orjine işaret eden ılımlı seviyede özgün allellere sahip olduğu ortaya konmuştur. *Ps. aucherianus* türünün Erzincan ve çevresinde yayılış gösteren populasyonları içerisinde, populasyon dinamiği açısından en zengin olanı Eriç olarak tespit edilmiştir. Bu populasyonun diğerleriyle genetik farklılaşma seviyesi oldukça düşük, populasyon içi genetik varyasyon seviyesinin daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Maternal kalıtım açısından (*matK* gen bölgesi) bu populasyon içerisinde çok sayıda farklı haplotipin varlığı tespit edilmiş ve bu haplotiplerin bazılarının diğer populasyonlarla ortak olduğu ortaya koyulmuştur. Eriç populasyonuna ait tek bir haplotipi taşıyan Bağıştaş populasyonunun genetik açıdan daha homojen ve populasyon içi genetik varyasyonu daha düşük bir yapı içerdiği tespit edilmiştir. Bu durum bu populasyonun geleceği ve korunması açısından ciddi bir riskin varlığına işaret etmektedir. Sadece Eriç'e ait haplotipleri içermesi nedeniyle bu populasyonun Eriç'ten koparak oluşmuş kapalı bir populasyon olduğu düşünülmüştür. Bu populasyonun coğrafik mesafeyle uygun bir biçimde Eriç ile oldukça akraba bir gen havuzuna sahip olduğu söylenebilir. Coğrafik olarak *Ps. sintenisii* türüyle oldukça yakın bir konumda yayılış gösteren Dutluca populasyonlarının maternal kalıtım açısından *Ps. aucherianus*'un populasyonu olduğu kesin olmakla birlikte (*matK*'ya göre) düşükte olsa *Ps. sintenisii*'ye ait populasyonla ortak özgün allellere veya lokusa sahip olduğu ortaya çıkarılmıştır. Bu populasyonda yayılış gösteren bireylerin morfolojik olarak her iki taksona benzerlik göstermesi filogenetik açıdan yakın akraba iki takson arasında oluşan melez bir populasyon olduğu düşünülmüştür. *Ps. aucherianus* ve yakın akraba

taksonlara ait populasyonların genel olarak populasyon içi düşük genetik varyasyon ve populasyonlar arası yüksek genetik farklılaşma göstermiş olması büyük olasılıkla kendilerine döllek olmaları ve yayılış alanları sınırlı yöresel endemik olmalarından kaynaklanmaktadır. Bu durum, populasyon büyüklüklerini etkilemiş ve populasyonlar arası gen akışını azaltmıştır. Habitat parçalanması ile birlikte özgün allellerin bir kısmının populasyonu ile birlikte ortadan kaybolması genetik çeşitliliğin azalmasına yol açmıştır. Bunun sonucunda populasyonların coğrafik olarak giderek izole olması ve birey sayısındaki azalma genetik sürüklenmenin sonucu olarak ortaya çıkmıştır ve bu da önceleri homojen bir yapı gösteren populasyonlar arasında genetik farklılaşmaya neden olmuştur. Bu faktörlerin yanısıra, *Ps. sintenisii* ise filogenetik açıdan her ne kadar *Ps. aucherianus* orjinli olsa da, dar boğaz etkisine altında kalmak suretiyle farklılaşmış ve özgün gen havuzuna kavuşmuş bir tür olarak gözükmektedir.

4.2. Tartışma

Bu çalışma, *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlarına ait populasyonlarının genetik çeşitliliğini ve populasyonlar arasındaki benzerlik ve farklılığın belirlenmesi için gerçekleştirilen ilk çalışmadır. Çalışma sonucunda elde edilen morfolojik, karyolojik ve moleküler verilere göre *Ps. sintenisii*, *Ps. yusufeliensis* ve *Ps. aucherianus* türlerinin filogenetik açıdan yakın akraba olmakla birlikte farklı türler olduğu belirlenmiştir. Taksonomik açıdan aynı taksonomik grupta yer alan taksonların sınırlarının net bir biçimde ortaya konması her ne kadar zor olsa da, mikromorfolojik karakterler olarak ele alınan aken ve pappus yapıları ayırt edici karakterler olarak fonksiyonel bulunmuştur. Ele alınan türler sitogenetik açıdan aynı kromozom sayılarını paylaşmakla birlikte karyomorfolojileri açısından farklılaştıkları belirlenmiştir.

Ps. aucherianus ve yakın akraba taksonlar kromozom morfolojileri incelendiğinde tamamı metasentrik ve submetasentrik kromozomlardan oluşmaktadır. *Ps. sintenisii* (30 m), *Ps. aucherianus* (4sm + 26m) ve *Ps. yusufeliensis* (2sm+28m) türlerinin kendine özgü karyotip formülleri bulunmaktadır. Tümünde metasentrik kromozomlar baskın olarak bulunmakta olup bu durum türlerin ortak bir soydan köken aldıklarını düşündürmektedir. Karyomorfolojik açıdan türlerin ve türlere ait populasyonların asimetri indekslerine göre değerlendirdiğimizde *Ps. yusufeliensis* (Tortum-Yusufeli) populasyonlarının asimetri indekslerinin birbirine yakın, *Ps. aucherianus* (Bağıştaş-Eriç-Dutluca) populasyonlarının ise belirli bir derecede çeşitlilik içerdiği tespit edilmiştir. *Ps. aucherianus* populasyonları içerisinde Dutluca populasyonun toplam haploid kromozom uzunluğu (TKU) açısından da farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Ancak bu farklılıkların bir tür içerisinde gözlenebileceği ve tür içinde önemli bir farklılık oluşturmadığı bildirilmiştir (Sharma ve Chattopadhyay, 1984). Dutluca populasyonun karyomorfolojik olarak diğer *Ps. aucherianus* populasyonlarından farklılık göstermesinin yanında bu populasyona ait bireyler morfolojik açıdan incelendiğinde de geniş ölçüde varyasyonlar görülmektedir. Dutluca populasyonu morfolojik ve mikromorfolojik özellikleri açısından daha ayrıntılı incelendiğinde *Ps. sintenisii* ve *Ps. aucherianus* arasında melez bir tür olabileceği düşünülmüştür. Ancak, detaylı karyomorfolojik veriler ışığında bu populasyonun *Ps. aucherianus*'a ait bir populasyon olduğu ortaya çıkarılmıştır. Sitotaksonomik açıdan genel bir sonuç olarak, *Ps. aucherianus* türünün karyotip ve morfolojisi açısından geniş

ölçüde varyasyon içermesi populasyonları arası yüksek genetik farklılaşma içermesi ile korelasyon göstermektedir.

Taksonomik olarak bir türün sınırlarının belirlenmesi oldukça zor ve tartışmalı bir süreçtir ve farklı operasyonel kriterler sıklıkla farklı sonuçlara yönlendirir. Bu çalışmada morfolojik olarak birbirlerine oldukça benzeyen, hatta yüksek varyasyona sahip olmalarından dolayı ayırt edici karakterlerin oldukça az olduğu *Ps. aucherianus* ve yakın akraba taksonların genetik akrabalıklarını ve tür içi genetik çeşitliliğini analiz etmek için kullanılan AFLP verilerine dayalı gerçekleştirilen analizler sonucunda populasyonlar arası genetik farklılaşma parametreleri ve populasyonların uzaysal dağılımları (PCoA ve PCA) göstermiştir ki bu populasyonlar (Salihli, Bağıştaş ve Yusufeli) farklı türlere aittir. AFLP verilerinin yanı sıra, morfolojik, sitolojik ve filogenetik analizlerinden elde edilen sonuçlar birbirlerini desteklemektedir.

Doğada çok az populasyon Hardy-Weinberg (HW) dengesindedir (Bardakçı, 2013). Tüm populasyon ve altpopulasyonlar içindeki HW oranlarından sapma ölçümleri ile toplam varyasyon oranını tespit etmek için F_{IS} (F istatistiği kullanılarak hesaplanır) değerleri kullanılmaktadır. Populasyonlarda pozitif değerler heterozigot eksikliğini, negatif değerler heterozigot fazlalığını göstermektedir (Weir ve Cockerham, 1984; Nei, 1986; Neigel, 1997). Bu verilerle uyumlu olarak, mikrosatellit verilerimize göre *Ps. yusufeliensis* (F_{IS}=Tortum:-0.1034) populasyonlarında heterozigot fazlalığı görülmektedir. Bu değere göre *Ps. yusufeliensis*'e ait Tortum populasyonun genetik çeşitliliği yüksek dış döllek (outbreeding) bir populasyon olduğunu söyleyebiliriz. Bununla birlikte, *Ps. sintenisii* türünde ise heterozigot azlığı görülmektedir. Türe ait populasyon içerisindeki görülen heterozigot kaybına yüksek null allel frekansının (Salihli: 0.1293) neden olduğu düşünülmektedir. 0.05'den yüksek null allel frekans değerleri populasyonda null allelerin varlığına işaret etmekte ve sonuçta, null allellerin varlığı populasyonda heterozigotluk kaybına neden olduğu bildirilmiştir (Yılmaz ve Karaca, 2012; Khanshour ve ark., 2013). *Ps. sintenisii*'de tespit edilen aşırı homozigotluk veya heterozigot eksikliği (F_{IS}: 0.3135) ve yüksek null allel frekansı (0.1293) populasyonun HW dengesinden sapmasında etkili olan faktörler olduğunu düşünmekteyiz (Corre ve ark., 2014). Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın tek lokusun analiz edilmesinden kaynaklanabileceği düşünülse de, HWE'nin varsayımlarının doğal populasyonlar da yerine gelmesinin oldukça zor olduğu bilinmektedir (Koban, 2010).

Psephellus aucherianus ve yakın akraba taksonların ve taksonlara ait populasyonların farklılaşmasında coğrafik yapı ve mesafenin etkisi

Populasyonlar arası genetik varyasyonun izlerinde, miktarında ve tipindeki farklılık ve benzerlikler birçok faktörle sonuçlanabilir.

1) İki populasyon genetik olarak benziyorsa;
   a) Bu iki populasyon yakın bir zamanda birbirinden ayrılmıştır ve aralarında hale gen akışı devam etmektedir.
   b) Bu iki populasyon çok büyük populasyonlardır (az miktarda genetik sürüklenme ile)
   c) Bu iki populasyonun benzer biçimde lokuslarını etkileyen benzer seçilim baskılarına maruz kalmış olmalarıdır.
2) İki populasyon genetik olarak farklıysa;
   a) Bu iki populasyon çok uzun zaman önce izole olmuşlardır ve aralarında gen akışı bulunmamaktadır.
   b) Genetik sürüklenme büyük farklılıklar oluşturmuştur.
   c) Bu iki populasyonun lokuslarını etkileyen farklı seçilim baskıları bulunmaktadır (Hedrick 2005).

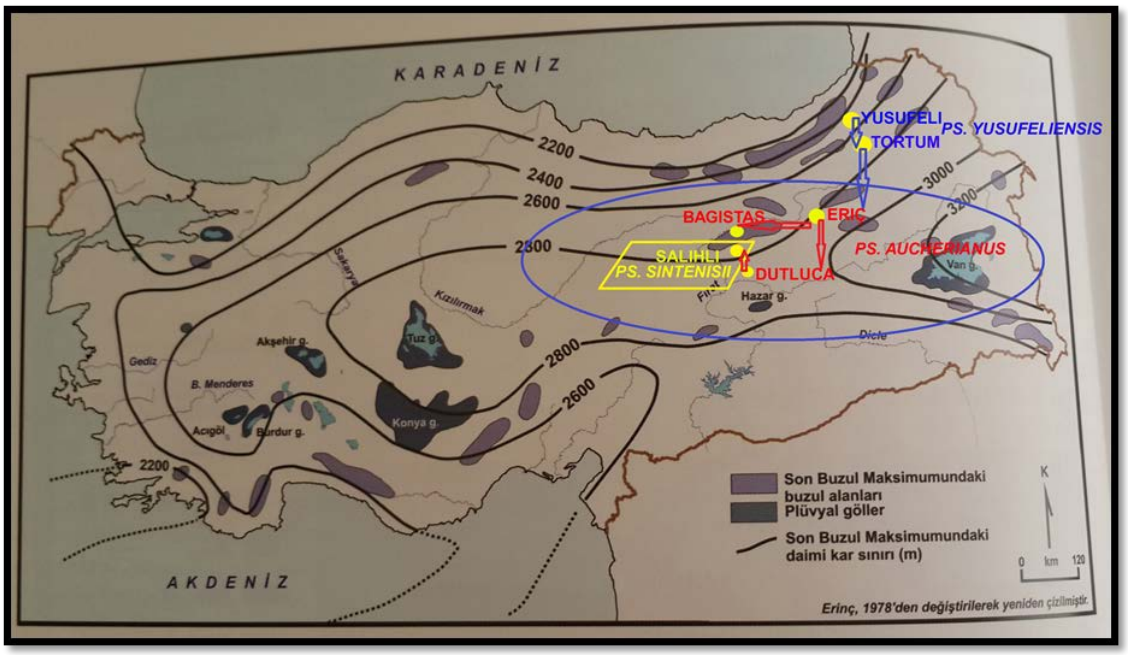
Zhang ve ark. (2014) tarafından *Rheum tanguticum* populasyonlarına ait AMOVA analizleri sonucunda populasyonlar arası % 67.6 (F_{ST}= 0.82996) ve içi % 13.88 (F_{SC}= 0.86121) genetik farklılaşma değerlerine bağlı olarak populasyonlar arasındaki varyasyonun yüksek olduğu rapor edilmiştir. Populasyonlar içerisinde toplam varyasyonun düşük olması, populasyonlar arasında yüksek bir farklılaşmanın göstergesi olduğu bildirilmiştir (Nielsen, 2004). Bu sonuçlarla uyumlu olarak moleküler varyans analizlerine (AMOVA) göre populasyonlar arası varyasyonun (% 95.73 ve % 98.04) populasyon içi varyasyondan (% 4.27 ve % 1.96) daha yüksek olması nedeniyle populasyonlarımızın birbirlerinden oldukça farklılaşmış olduğunu söyleyebiliriz. *matK* verilerine göre, *Ps. aucherianus* populasyonlarının genetik açıdan yüksek oranda farklılaşmasında genetik sürüklenmenin büyük etkisi olduğunu düşünmekteyiz. *Ps. yusufeliensis*'e ait Yusufeli populasyonun derin bir vadide sıkışıp kalması, bu populasyonun lokuslarının farklı seçilim baskılarına maruz kalmasına ve sonuçta genetik olarak bu türün diğer populasyonundan (Tortum) farklılaşmasına neden olduğunu söyleyebiliriz. *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* populasyonlarının oldukça yüksek bir farklılaşma göstermesi bu türlere ait populasyonlar arasında toprak yapısı,

iklim, ya da çeşitli çevre koşullarının etkili olduğunu, hatta belki de bilmediğimiz bir coğrafik veya genetik bir bariyer olabileceğini ve populasyonlar arasındaki gen akışını azalttığını söyleyebiliriz.

Türlere ait populasyonlar üzerinde etkili olan etmenler sadece iklim ya da çevre koşulları mı, yoksa geçmişten günümüze kadar uzanan jeolojik zamanlar boyunca değişen ve buna bağlı olarak oluşan türler ya da türlere ait populasyonlardaki evrimsel geçmişe ait izler midir? Eosen'den başlayıp Miyosen'de devam eden iklim değişmelerine en iyi uyum sağlayan otsu bitkilerdir. Otsu bitkilerin ilk üyeleri yalnızca 20-25 milyon yıl önce ortaya çıkan papatyagiller (Asteraceae) ailesi, bugün karalar üzerinde kutuplardan tropikal alanlara kadar binlerce otsu türü ile temsil edilmektedir. Bu familyanın Türkiye'de yetişen 100'den fazla cinsi ve 1000'den fazla türü bulunmaktadır. Yeni çalışmalar *Anthemis, Achillea, Cota, Tanacetum* ve *Tripleurospermum*'un atalarının Erken Miyosen sonlarına doğru (yaklaşık 18 milyon yıl önce) bazal Afrika soylarından ayrıldığını rapor edilmiştir (Briggs, 1995; Oberprieler, 2005). Bu olayın büyük olasılıkla Afrika ve Avrasya platformlarının, Arap tektonik plakasıyla çarpışmasıyla ilgili olabileceği bildirilmiştir (Avcı, 2014). Ancak, Asteraceae familyasında yer alan ve *Psephellus* taksonlarına yakın bir cins olan *Centaurea* cinsi ile yapılan çalışmalarda 6 ya da 5.2 milyon yıl önce Messiniyen tuzluluk krizine bağlı olarak *Acrocentron* grubunun İran'dan batıya doğru göç ettiği bildirilmiştir (Font ve ark., 2009). Bu durumda Astereaceae familyasına ait tüm üyelerin Afrika kaynaklı olmadığını söyleyebiliriz.

Ps. sintenisii, *Ps. yusufeliensis* ve *Ps. aucherianus* türlerinin ITS, *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ ve *matK* kombine dizilerinin analizleri (NJ) ile elde edilen ağaç bu türlerin ortak bir atadan türediğini göstermiştir. Türkiye topoğrafyası açısından çok çeşitlilik gösteren bir sahadır. Bazı bitkiler Pleyistosen'deki iklim değişimleri, özellikle de buzul dönemleri esnasında kendileri için uygun koşullar sağlayan alanlara çekilerek izole olmuş ve yaşamlarına devam etmiştir. Bu değişimler sırasında bazı bitkilerin yayılış alanlarında parçalanmalar meydana gelmiş ve bu parçalanan topluluklar zaman içinde genetik olarak ta farklılaşmıştır. Son buzul çağı sonrasında, sığınma alanlarından dağılan populasyonlar, yeni yayılış alanları oluşturmuştur (Avcı, 2011). DNA haplotip benzerlikleri kullanılarak, bir bitki ya da hayvan türünün kuzeyli populasyonlarından hangilerinin atalarının, son buzul çağı maksimumun'daki kaçış bölgelerinde yaşamış olduğunu tahmin etmek mümkündür (Hewitt, 2004). Maternal kalıtıma dayalı *matK* verilerinden elde edilen haplotip ağına göre atasal pozisyondaki populasyonun *Ps.*

yusufeliensis'e ait Yusufeli populasyonu olduğu düşünülmektedir. Ülkemizde yayılış gösteren *Ps. yusufeliensis* türünün morfolojik olarak Kafkasya orjinli *Ps. arpensis* türü ile akraba olduğu ve buzul çağı sonrası dağılmalar sırasında *Ps. arpensis* türünden ayrılarak evrimleştiği öngörülmektedir. Evrimsel izler göz önüne alındığında ilk oluşan türün *Ps. yusufeliensis* olduğu, daha sonra sırasıyla *Ps. aucherianus* ve *Ps. sintenisii* türlerinin oluştuğunu söylebiliriz (Şekil 4.40).



Şekil 4.40. Kuvarterner'de dağlık alanların yüksek kesimlerinde çok daha geniş alanlar kaplayan daimi buzullar (Avcı, 2014). Bu dönemde Anadolu'nun bazı havzalarında plüvyal göller gelişmiş ve daimi kar sınırı günümüzdekinden çok daha aşağılara (800-1000m'ye kadar) inmiştir (Güner, 2014)

Türleşme sürecinde Kuzeydoğu Anadolu bölgesinin jeolojik yapısının büyük etkisinin olduğu düşünülmektedir. Doğal olarak, tektonik açıdan Artvin-Yusufeli zonu ile Tortum-Olur zonunun birbirleriyle yakın akraba olup Oltu-Ekaylı zonunu oluşturduğu bilinmektedir. *Ps. yusufeliensis* türüne ait iki populasyondan biri Yusufeli derin vadisinde yer alırken, diğerinin Tortum'da dar bir alanda yayılış göstermesi bu tektonik ilişki ile doğru orantılı olup türün yayılış hattını belirleyen bir unsur olarak görülmektedir.

Ps. yusufeliensis ve *Ps. aucherianus* türlerine ait populasyonlar arasında genetik farklılaşmayı artıran diğer önemli etmenin Doğu Anadolu bölgesinin dağlık yapısı olduğu düşünülmektedir. Dağ habitatları, vadi ve ovaları çevreleyerek onları muazzam şekilde farklılaştıran özel iklim koşulları oluşturmaktadır. Bu nedenle sarp topografik ve iklim eğilimleri genetik değişim ve göç bariyerleri ile karakterize edilen ağır

parçalanmış habitatlara yol açmakta (Wesche ve ark., 2006) ve populasyonların farklılaşmasında coğrafik yapının büyük etkisi olduğunu göstermektedir (Zhang ve ark., 2014).

Parçalanmış habitatlarda bulunan *Ps. yusufeliensis* ve *Ps. aucherianus*'e ait populasyonlar arasındaki genetik farklılaşma derecesi populasyonların aralarındaki coğrafik mesafenin artışı ile korrelasyon gösterdiği görülmektedir. Bu durum, *Ps. yusufeliensis* türüne ait Tortum populasyonun *Ps. aucherianus* populasyonlarıyla, Yusufeli populasyonuna göre daha fazla genetik ilişki göstermesini ve genetik açıdan coğrafik mesafeye uygun olarak daha az farklılaşmasını açıklamaktadır (Tablo 4.1.10 *matK*'ya ait Gst verileri).

Ps. aucherianus ait populasyonların haplotipleri incelendiğinde, her bir populasyonun haplotip kompozisyonun aynı bölge içinde bile populasyonlar arasında farklılaştığı tespit edilmiştir (Dutluca-Eriç-Bağıştaş). Aynı bölge içerisinde populasyonlar arası farklılaşma kompozisyonu, haplotipler arası moleküler mesafeyi temel alan N_{ST} ve haplotip frekansını temele alan G_{ST} parametrelerine göre N_{ST}'nin G_{ST}'den büyük olması ($N_{ST}>G_{ST}$) aynı populasyonda yakın akraba haplotiplerin oluşmasına ve filogenetik bir alt bölünmenin varlığına işaret etmektedir (Pons ve Petit, 1996) Bu kapsamda, *Ps. aucherianus* populasyonlarının Dutluca-Eriç: 0,54896>0,34611, Dutluca-Bağıştaş: 0,98661>0,84151, Eriç-Bağıştaş: 0,48662>0,27604 değerleri ile ilişkili haplotip kompozisyonlarına sahip olduğunu söyleyebiliriz. Posada ve Crandall (2001)'ın birleşme (coalescence) teorisine göre, ilişkili haplotiplerin büyük olasılıkla en eski nesili gösterdiği rapor edilmiştir. *Ps. aucherianus*'un Dutluca-Eriç'in ve Eriç-Bağıştaş populasyonlarının ilişkili haplotip kompozisyonlarına bağlı olarak Eriç'in en eski nesil olduğunu söyleyebiliriz. Bu bilgiler Bağıştaş populasyonun Eriç'ten koparak oluşmuş kapalı bir populasyon olduğu düşüncemizi desteklemektedir.

Ps. sintenisii türünün *Ps. aucherianus*'un Dutluca populasyondan farklılaşarak oluştuğu düşülmektedir. Bu düşüncemizi Dutluca populasyonun *Ps. sintenisii*'ye ait populasyonla ortak özgün allellere veya lokusa sahip olması ve bazı morfolojik özelliklerin benzer olması desteklemektedir (Şekil 4.37 pozisyon/baz: 237/T; 337/G).

Ps. aucherinaus ve *Ps. yusufeliensis*'e ait populasyonlar ve taksonlar arasında az ama sürekli bir gen akışının olması populasyonların coğrafik olarak birbirleriyle bağlantılı olmasından ya da filogenetik ağaçta görüldüğü gibi atasal gen akışından kaynaklandığı düşünülmektedir (Hensen ve ark., 2005; Peterson ve ark., 2008; Leaché

ve ark., 2014). Türlere ait populasyonlar arası düşük seviyede gen akışı populasyonlar arası genetik farklılaşmayı artırmaktadır (Tablo 4.1.10 *matK*'ya dayalı Nm değerlerine bağlı olarak).

Ps. sintenisii ise filogenetik açıdan her ne kadar *Ps. aucherianus* orjinli olsa da, dar boğaz etkisi altında kalmak suretiyle farklılaşmış ve özgün gen havuzuna kavuşmuş bir tür olarak gözükmektedir. *Ps. sintenisii*'yi bir tür olarak değerlendirmemizin nedeni AFLP ve *matK*'ya dayanan genetik farklılaşma (G_{ST}) değerlerinden ziyade, karyomorfolojik ve morfolojik veriler, kombine gen bölgelerinden elde edilen filogenetik ağaçlar ve AFLP verilerine dayalı uzaysal dağılım grafikleridir.

Kurata ve ark. (2008) tarafından, Yeni Caledonia adası boyunca çok sayıda endemik türün Eosen döneminin sonunda oluştuğu ve doğal toprak yapısının vejetasyonu etkilediği ileri sürülmüş (Orstom, 1983; Brooks, 1987; Navarro ve ark., 1999) ve adadaki bol bitki çeşitliliğine Miyosen'de düzlük oluşumundan sonra ortaya çıkan serpantin toprak ve edafik faktörlerin katkı sağlamış olabileceği bildirilmiştir (Jaffré, 1980; Setoguchi ve ark., 1997, 1998). Serpantin topraklar aşırı miktarda magnezyum, kromiyum ve nikel elementlerine sahip olmasına rağmen, potasyum, fosfor ve kalsiyum gibi besinler açısından eksiktir. Serpantin topraklarda organik madde birikimi zayıf olduğu için su tutma kapasitesi azalmakta ve bitkiler kuraklık stresine maruz kalmaktadır (Kruckeberg, 1954; Brooks, 1987; Gardner ve MacNair, 2000; Hughes ve ark., 2001). Bu durumda, serpantin topraklarda yetişen bitkiler düşük besin miktarını tolere edebilmelidir ve ağır metalleri detoksifiye edebilme özelliğine sahip olmaları gerekmektedir. Serpantin topraklarda görülen yüksek tür çeşitliliği serpantin alanlarda bulunmayan atasal türlerden farklılaşan metabolizmaları ve morfolojik karakterlere sahip olan edafik endemik türlerin varlığıyla ilişkilendirilebilir (Brooks, 1987). Bu adaptasyonlar edafik faktörlerle ilişkili tür içi ve türler arası evrimin bir örneği olarak düşünülmektedir (Rajakaruna ve Bohm, 1999; Mengoni ve ark., 2000, 2001, 2003; Taylor ve Levy, 2002; Rajakaruna ve ark., 2003). Serpentin toprakların üzerinde yetişen bitkilerin türleşmesini ve endemizmini önemli oranda hızlandırmakta (Brooks, 1987; Proctor, 1999) ve daha çok nadir ve endemik bitkilerin oluşmasına katkı sağlamaktadır (Skinner ve Pavlik, 1994). Bu bilgiler ışığında, *Ps. sintenisii* türünün *Ps. aucherianus*'tan farklılaşmasında bir tür jeolojik izolasyon (Avcı, 2014) olarak düşünülen serpantin habitat yapısının etkili olduğunu öngörebiliriz. Bu öngörümüzü *matK* verilerine dayanan Tajima'nın test sonuçları (Tajima D: -1.99937 $P < 0.05$) desteklemektedir. Teste göre, *Ps. sintenisii* (Salihli) büyük çevresel bir değişim

geçirmiştir (Kimura, 1984). Bu çevresel değişim etkeninin "jeolojik adalar ya da edafik adalar" olarak ifade edilen serpantin toprak yapısından kaynaklandığı düşünülmektedir (Avcı, 2014).

Endemik türlerdeki genetik çeşitlilik

Bir populasyonun bireyleri arasında moleküler analizler ile ortaya konan düşük genetik varyasyon seviyesi, risk altındaki populasyonlarda korumaya yönelik genetik çeşitliliğin izlenmesini ve geriye kalan populasyonlara ilişkin parçalanmanın genetik sonuçlarının değerlendirilmesini sağlayabilir (Cruzan, 2001; Wallace 2002).

Femeniasia balearica (Vilatersana ve ark., 2007), *Eryngium alpinum* L. (Gaudeul ve ark 2000), *Pedicularis palustris* L. (Schmidt ve Jensen, 2000), *Centaurea nivea* (Sözen ve Özaydın, 2009), *Rhododendron protistum* var. *giganteum* (Wu ve ark., 2014) gibi bazı endemik türlerde genetik çeşitliliğin yüksek olduğu gibi şaşırtıcı sonuçlar rapor edilsede (Luan ve ark., 2006), çoğunlukla endemik ve nesli tükenmekte olan türlerde çevresel etmenlerin uygun olmaması ve belli bir alanda kalmasına bağlı olarak genetik çeşitliliğinin düşük olduğu bildirilmiştir (Amos ve Harwood, 1998; Xiao ve ark., 2004; Li ve Xia, 2005; Jin, 2007; Lu ve ark., 2008).

Doğal populasyonlarda genetik çeşitliliğin belirlenmesinde heterozigotluğun büyük önemi bulunmaktadır. Bir veri setinde ilk hesaplanması gereken parametrelerden biri heterozigotluktur. Bir populasyonda heterozigot bireylerin frekansı olan gözlenen heterozigotluk (Hobs) ya da gen havuzundan rasgele seçilen iki gametin farklı allellere sahip olma olasılığını veren beklenen heterozigotluk (Hexp) populasyonların genetiği hakkında bir fikir sunan ve yaygın olarak kullanılan bir ölçüm olup (Vonholdt ve ark., 2008; Toro ve ark., 2009; Andras ve ark., 2011), bu tür ölçümler populasyondaki allel frekansı için oldukça hassastır. Gözlenen heterozigotlukta bir azalma nesildeki bireylerin uyum iyiliğinde bir azalmayı getirecektir (Reed ve Frankham, 2003; Szulkin ve ark., 2010). *Centaurea horrida* populasyonları arasında beklenen heterozigotluğun dört lokus için ortalama 0.603- 0.854 değerleri arasında değişmesine bağlı olarak populasyonlarda hem orta hem de yüksek genetik çeşitliliğin olduğu bildirilmiştir (Mameli ve ark., 2008). Bu değerler, çalışmamızla uyumlu gibi görünse de (0.8-0.9), analizlerimiz tek bir lokusa dayandığı için populasyonlarımızın çeşitliliğini hakkında tam olarak bir yorum yapamamaktayız. Lokuslar arasındaki varyasyonun genellikle bireyler arasındaki varyasyondan daha yüksek olması nedeniyle daha çok lokus

incelemek bu tür sapmalar hakkında daha doğru bir yorum yapılmasına imkan verecektir. Özellikle nadir türlerde çok sayıda lokus incelemenin çok daha faydalı olduğu bildirilmiştir (Nei, 1987).

Ps. sintenisi (Salihli) ve *Ps. aucherianus* (Bağıştaş) populasyonlarında tespit edilen allelik zenginlikteki azalış ile (Tablo 4.1.5.) birlikte gelecekte bu populasyonların çevresel değişimlere karşı adaptasyon potansiyelinde azalmaya yol açabileceği düşünülmektedir (Fisher, 1930).

Kritik tehlike altında bulunan *Omphalogramma souliei* türünün populasyonlarında genetik çeşitlilik hesaplamalarına göre Nei'nin çeşitliliği (h) 0.1135, polimorfik bant yüzdesi (PBY) % 42.53 ve shannon indeksinin (I) 0.1762 olduğu ve düşük seviyede genetik çeşitliliğe sahip olduğu bildirilmiştir (Huang ve ark, 2009). Bu verilerle ve literatürdeki birçok çalışma ile uyumlu olarak, AFLP verilerine dayalı genetik çeşitlilik seviyesi ölçüm değerlerine göre *Ps. sintenisii* h: 0.08, PBY: 27.70 ve I: 0.1355, *Ps. aucherianus* h: 0.09, PBY: 29.49 ve I: 0.1454 ve *Ps. yusufeliensis*'te h: 0.06 PBY: %22.20 I: 0.1043 genetik çeşitliliğin düşük olduğu söyleyebiliriz (Amos ve Harwood, 1998; Li ve Xia, 2005; Xiao ve ark., 2004; Jin, 2007; Lu ve ark., 2008; Palermo ve ark., 2002)

Nesli tükenmekte olan bitkiler üzerinde gerçekleştirilen genetik analizlerde kloroplast gen bölgelerine ait haplotip çeşitliliğin yüksek olduğu ve kritik değerle uyumlu olarak (Hd > 0.5) 06-0.87 değerleri arasında değiştiği rapor edilmiştir (Su ve ark., 2004; Su ve ark., 2005; Huang ve ark., 2005; Kim ve ark., 2007; Zhou ve ark., 2010; Al-Qurainy ve ark., 2014). Rapor edilen bu değerler *matK* haplotip analiz sonuçlarımızla uyumlu olarak *Ps. aucherianus* için Hd: 0.653, *Ps. yusufeliensis* için Hd: 0.528 olarak belirlenmiştir. Literatüre göre, çeşitli bitkilerde tür seviyesinde nükleotid çeşitlilik (Pi> % 0.5) değerinin 0.002 ile 0.005 arasında değiştiği bildirilmiştir (Su ve ark., 2005; Huang ve ark 2005; Zhou ve ark., 2010; Al-Qurainy ve ark., 2014). *matK* bulgularımıza göre, *Ps. sintenisii*, *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* nispeten düşük bir nükleotit çeşitlilik içermekte olup (Pi: 0.00115-0.003 arasında değişen) verilerimiz daha önceki raporlarla büyük ölçüde örtüşmektedir. Bununla birlikte, bazı türlerin yüksek nükleotid çeşitlilik içerdiğide rapor edilmiştir (Soltis ve ark., 1989 a,b; Wolf ve ark., 1990). Raporlara göre, söz konusu türlerin diploid ve tetraploid bireylere sahip olduğu ve farklı ploidi seviyelerine bağlı olarak nükleotit çeşitlilik seviyesinin arttığı bildirilmiştir. Bu durum populasyonlarımızın diploid kromozom sayısına sahip olması ile korelasyon göstermektedir. *Ps. yusufeliensis* ve *Ps. aucherianus* türelerine ait

populasyonlarda hem karyomorfolojik analizler açısından bazı indekslerin populasyonlar içinde birbirleriyle uyum gösterdiği, bazı indeklerin ise birbirleriyle uyumlu olmadığı görülmektedir. Bitkilerde bu tür kromozomal varyasyon ve DNA dizi verileri arasında uyum (Yano ve ark., 2010), ya da uyumsuzluğu gösteren raporlar bildirilmiştir (Ohkawa ve ark., 2000).

Ps. aucherianus ve *Ps. yusufeliensis* türlerinde yüksek haplotip çeşitliliği ve düşük nükleotid çeşitliliğe sahip olmaları, bu küçük etkili populasyonların büyüklüğünün hızlı bir genişleme geçirdiğini göstermektedir (Zhou ve ark., 2010). Bununla birlikte, haplotip polimorfizminin mutasyonla birikmesinden (Bowen, 1997; Avise, 2000) ve düşük nükleotid çeşitliliğinin ise habitat parçalanmasından kaynaklanabileceği bildirilmiştir (Zhou ve ark., 2010). *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis* ait populasyonlarda tespit edilen düşük nükleotid çeşitliliği türler ve türlere ait populasyonların bulunduğu coğrafyanın çevresel gereksinimlerine göre doğal habitat parçalanmasına maruz kaldığını (Brullo ve Marcenó, 1974) ve endemik bitkilerin çoğunda görülen populasyonlar arası yüksek farklılaşma ve populasyon içi düşük genetik çeşitlilik ile uyumlu olduğu görülmüştür (Hamrick ve Godt 1996; Gitzendanner ve Soltis, 2000; Cole, 2003; Nybom, 2004).

Aynı zamanda, endemik *Hygrophila pogonocalyx* türünde nükleotid çeşitlilik (Pi:0.00343) seviyesinin düşük olması populasyon büyüklüğünün aşırı derecede küçük olmasından kaynaklandığı rapor edilmiştir (Huang ve ark.,2005). Bu sonuçla uyumlu olarak türlerin küçük populasyon büyüklüğüne sahip olduğunu düşünmekteyiz.

Tür seviyesinde *Ps. sintenisii* hem haplotip çeşitliliği (Hd: 0.15 < 0.5) hem de nükleotid çeşitliliğinin (Pi: 0.00018 < %0.5) düşük olmasına bağlı olarak, türün düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğunu söyleyebiliriz.

Rheum tanguticum (Hd: 0.894 ve Pi:0.00308) populasyonları ile yapılan çalışmada tür seviyesinde nispeten yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu bildirilmiştir(Zhang ve ark., 2014). Bu verilerin, *Ps. yusufeliensis* ve *Ps. aucherianus* türlerinde tespit edilen yüksek haplotip çeşitliliği ve düşük nükleotid çeşitliliği ile korelasyon göstermesi, tür seviyesinde nispeten yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduklarını söyleyebiliriz.

Ps. yusufeliensis'e ait Yusufeli populasyonunda, populasyon içi genetik varyasyon seviyesinin oldukça düşük olması Yusufeli populasyonun oldukça izole ve derin bir vadi içerisinde yayılış alanının sınırlanmış olması ile ilişkilendirilmiştir. *Ps. aucherianus*'a ait Bağıştaş populasyonun, Eriç'ten koparak oluşmuş kapalı bir

populasyon olması nedeniyle genetik çeşitliliğinin düşük olduğu düşünülmektedir. *Ps. yusufeliensis*'e ait Tortum populasyonun *Ps. aucherianus* populasyonları ile nispeten daha yakın bir coğrafik mesafede yer alması ve habitat parçalanmasına uygun şekilde ortak orjine işaret eden ılımlı seviyede özgün allelere sahip olması genetik çeşitliliğini nispeten yükselttiği düşünülmektedir. *Ps. aucherianus*'a ait Eriç populasyonun, populasyondaki bireylerin dağılımı açısından populasyon dinamiğinin yüksek olduğunu ve populasyon içi genetik varyasyon seviyesinin diğer populasyonlara kıyasla daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Türlerin dağılımına baktığımızda populasyonların Anadolu diyagonalinin geçiş hattında yer aldıkları görülmektedir. Her ne kadar Anadolu diyagonali doğu ve batı arasında izolasyon vazifesi görse de, populasyonların keşiştiği bölgelerde genetik çeşitliliğin yüksek olduğu bilinmektedir ve bu geçiş güzergahının merkezinde Eriç populasyonun yer alması populasyonda görülen yüksek genetik çeşitliliği açıklamaktadır. Arazi çalışmaları sırasında oldukça yaygın olduğu gözlenen bu populasyonun (Eriç), *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* populasyonları ile benzer allel ya da lokuslara sahip olmasının yanı sıra, kendine has allel ya da lokuslara da sahip olması Eriç populasyonun kendine özgü bir jeolojik yapısının olduğunu düşündürmüştür. Eriç köyünde bulunan Eriç karışığının Geç Kretase döneminde okyanus kabuğunun dilimlenmesi ve birbiri üzerine ilerlemesi sonucu gelişmiş tektonik dokanaklarla ayrıldığı bildirilmiştir. Eriç karışığı içerisinde şeyi, kireçtaşı, killi kireçtaşı, radyolarit ve spilil ardışımından oluşan pelajik bloklar gözlendiği bildirilmiştir (Özer, 1994). Bu durumun populasyonun çeşitliliğinde büyük öneme sahip olduğu düşünülmektedir.

Ps. sintenisii populasyonu üzerinde etkisi olduğu düşünülen dar boğaz etkisi (Hawkins ve Sweet, 1989; Haase, 1992a, b; Young ve ark., 2001) populasyonlarda genetik çeşitliliğin azalmasına yol açan önemli bir faktör olarak düşünülmektedir. Dar boğaz etkisine maruz kalan populasyonların tür içi çeşitliliğinin az olması, bu küçük populasyonların büyük populasyonlar kadar genetik çeşitliliği muhafaza edememesinden kaynaklanmakta (Frankham ve ark., 2005) ve bu durum küçük boyutlu populasyonlarda somut olarak allelerin rasgele kaybı ile sonuçlanan genetik sürüklenme ve demografik azalma ile açıklanabilmektedir (Soulé ve ark., 1986).

Nadir endemik bitki türlerinin genetik sürüklenmesi, küçük populasyon büyüklüğü, sınırlı sayıdaki çevrede tek tip genetik yapı oluşumuna doğru güçlü bir seçilime uğrama, üremelerinin baskılanması ve diğer bazı nedenlerle çok küçük genetik çeşitliliğe sahip oldukları ileri sürülmektedir (Lee ve ark., 2003; Özaydın, 2009, 2010).

Endemik türler ve türlere ait populasyonlarda genetik çeşitlilik seviyesi, populasyon büyüklüğü, habitat yapısı gibi birçok etken düşünülerek türler için hem *in situ* hem de *ex situ* koruma önerileri ve yönetim stratejileri dizayn edilmiştir (Wesche ve ark., 2006; Huang ve ark., 2009; Wu ve ark., 2014).

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

5.1. Sonuçlar

Bu çalışma kapsamında populasyon içi ve populasyonlar arası genetik çeşitliliğin ve farklılaşmanın belirlenmesinin yanı sıra, yakın akraba türlerin sınırları çizilmeye çalışılmıştır.

Yapılan analizler değerlendirildiğinde nadir endemik *Ps. sintenisii, Ps. yusufeliensis ve Ps. aucherianus* taksonlarının genetik varyasyon seviyelerinin düşük olması sebebiyle, insan etkisiyle olmasa bile doğal etkiler nedeniyle tükenme riski ile karşı karşıya gelebilecekleri belirlenmiştir. Populasyonlar ya da türlerde genetik çeşitliliğin düşük olması büyük bir risk oluşturmaktadır. Bu tip populasyonlarda bireyler genellikle birbirlerinin benzeridir ve bu populasyonlara yeni bir çevresel baskı olması aynı genotipik özellikleri paylaşan bu populasyonların düşük genetik çeşitliliğe sahip olmalarına, çevre şartlarına adaptasyon kabiliyetlerini azaltacağından tamamen ortadan kaybolmalarına yol açabilir. Özellikle, nadir ve tehlike altındaki türlerin küçük populasyon büyüklüğüne sahip olması bu türlerde genetik çeşitliliği azaltabilir ve genellikle hayatta kalmak için lokal şartları benimseyen genetik olarak eşşiz populasyonlara farklılaşabilirler. Küçük izole populasyonlarda genetik sürüklenme ve soyiçi çiftleşmeye bağlı olarak düşük polen ve tohum dağılım kapasitesi daha hızlı etkileneceğinden, populasyonların genetik yapısına ve çeşitliliğine de tesir edeceği bildirilmiştir (Corre ve ark., 2014). Genetik çeşitliliğin azalmasında anahtar rol oynayan soyiçi çiftleşme, soy içi depresyon ya da türlerin küçük populasyon büyüklüğüne sahip olması populasyonun neslinin tükenmesiyle karşı karşıya kalmasına neden olmaktadır (Hanski ve Gilpin, 1997; Frankham ve ark., 2002; Spielman ve ark., 2004; Frankham, 2005; Corre ve ark., 2014).

Populasyon genetiği ve koruma çalışmalarında öncelikli olarak, populasyonların neslinin tükenmesini önlemek ve tükenme tehditlerini azaltarak genetik çeşitliliği sürdürmek amaçlanmaktadır (Frankham, 1995). Bu kapsamda, nadir ve nesli tehdit altında bulunan bitkilerdeki populasyon içi ve populasyonlar arası genetik çeşitlilik hakkındaki bilgi sadece populasyon dinamikleri, adaptasyonu ve evrimsel sürecini anlamamızı sağlamakla kalmamakta, aynı zamanda biyolojik koruma stratejilerinin gelişmesine de yardımcı olmaktadır (Schaal ve ark., 1991). Populasyonlar arası ve içi genetik çeşitliliğin paylaşımı ve değerlendirilmesi tehlike altındaki türlerde etkili ve

verimli bir koruma yönetim stratejisi tasarlamak için önemli bir ön koşul olarak karşımıza çıkmaktadır (Falk ve Holsinger, 1991; Dong ve ark., 2008).

Nadir bitkilerin etkili bir şekilde koruma altına alınması amacıyla populasyon içi ve populasyonlar arası genetik çeşitliliğin iyi anlaşılması gerekmektedir (Hamrick ve Godt, 1996). Bu yüzden, koruma programlarında temel hedef, populasyonların sürekli hayatta kalmasını, populasyonların evrimsel potansiyelini sürdürmesini (Godt ve Hamrick, 1995) ve nadir ve tehdit altında bulunan türlerde genetik çeşitliliğin mevcut düzeyini korumaktır (Frankel ve Soule, 1981; Simberloff, 1988). Koruma biyolojisinin ana hedefi genetik çeşitliliğin doğal seviyelerde sürdürülmesiyle türlerin evrimsel potansiyelini devam ettirmesidir (Kingston ve ark., 2004).

5.2. Öneriler

Bu çalışma *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonlara ait populasyonlarda genetik çeşitliliği tespit etmek için yapılan ilk çalışma olmasının yanı sıra, daha önce *Centaurea* taksonlarında kullanılan ve başarılı çoğaltım ürünleri veren polimorfik nüklear mikrosatellit lokusunun (13D10) *Psephellus* populasyonlarında çalışabilirliği ve özellikle *Psephellus* cinsi içerisinde *Odontolophoidei* seksiyonu ve yakın seksiyon/lar içerisinde yer alan taksonlar veya populasyonları için allel çeşitliliği açısından taranabileceği belirlenmiştir (López-Vinyallonga ve ark., 2011).

Oldukça izole ve dar yayılış gösteren *Ps. aucherianus*, *Ps. sintenisii* ve *Ps. yusufeliensis* taksonlarının nispeten düşük tohum ve polen yayma kapasiteleri, kendileşmeye uygun üreme davranışları ve genetik süreklenmeler sonucu gen havuzunda meydana gelen fakirleşmeler (genetik yapı ve populasyonların ileri seviyede farklılaşması) bu lokal endemik taksonların nesli tükenme riski ile karşı karşıya kalmalarına neden olmaktadır. Ertuğrul ve Uysal (2013) tarafından, *Ps. aucherianus* (VU B1a+b) ve *Ps yusufeliensis*'e (CR B1a+b, B2a+b) ait tehlike kategorileri rapor edilmiştir. Ayrıca arazi çalışmaları sırasında populasyonlar incelendiğinde *Ps. yusufeliensis*'e ait Yusufeli populasyondaki birey sayısının 100 civarında olduğu gözlemlenmiştir. Populasyon gözlemlerimiz ve moleküler analizlerimizden ortaya çıkan değerlendirmelere göre IUCN kriterleri dikkate alındığında *Ps. sintenisii* ve *Ps yusufeliensis*'i CR (B2ab (iii, v) Kritik Tehlikede), *Ps. aucherianus*'u *ise* EN (B1ab (iii)+ 2ab (iii) Tehlikede) olarak değerlendirilmesini önermekteyiz.

Ps. sintenisii, Ps. aucherianus ve *Ps yusufeliensis*'e ait populasyonlarda genetik çeşitlilik seviyesinin düşük olması ve türlerin küçük populasyon büyüklüğüne sahip olması gibi faktörler bu türlerin uzun zaman hayatta kalabilmesinin zor olduğunu göstermektedir. Çalışılan türlerde genetik çeşitlilik seviyesinin düşük olması ve *Ps. aucherianus* ve *Ps. yusufeliensis*'e ait tehlike kategorileri göz önünde bulundurulduğunda bu türlerin koruma altına alınmasının gerekli olduğunu düşünmekteyiz.

Populasyonlarda mevcut genetik çeşitliliğin sürdürülmesi, etkili populasyon büyüklüğünün korunması ve bunlara bağlı olarak populasyonların neslinin tükenmesini önlemek için genetik çeşitliliğin büyük oranda populasyonlar arasında dağıldığı gözlendiğinden populasyonların bulundukları yerde (*in situ*) korunmasını önermekteyiz (Carson, 1990; Wesche ve ark., 2006). Ancak, en uygun koruma stratejisini oluşturmak için bitkinin üreme sistemi, tozlaşma biyolojisi, ekolojik ve fizyolojik gereksinimleri hakkında daha fazla bilgi gerekmektedir. Türler ve türlere ait populasyonların farklılaşmasında farklı çevresel etmenlerin ve iklim değişikliklerinin etkili olduğu düşünüldüğünde olası tehditler, otlaklar, habitat parçalanması, otlarla sarılma ve yenilenmenin zayıf olması gibi sürekli tehditleri bünyesinde barındıran korunmasız kara yapısı (Ogle, 2003), koruma stratejisi olarak önerdiğimiz *in situ* korumayı etkisiz kılabilir. Bu durumda, doğal alanları tehdit altında olan bu taksonlar için *in-situ* ve *ex situ* korumanın eş zamanlı yapılmasını önerebiliriz. Bu çalışmanın endemik *Ps. sintenisii, Ps. aucherianus* ve *Ps yusufeliensis* ve aynı cins içerisinde yer alan diğer taksonlar için biyolojik koruma stratejisinin geliştirilmesine faydalı olacağını düşünmekteyiz. Bu çalışma sonunda elde edilen bulgu ve katkıların ülkemizde yayılış gösteren diğer nadir ve endemik türlerin populasyonlarının analizi ve korunması açısından bir model olacağı umulmaktadır.

6. KAYNAKLAR

Al-Qurainy, F., Gaafar Abdel-Rhman, Z., Khan, S., Nadeem, M., Al-Amerı Abdulhafed, A., Tarroum, M., 2014, Genetic Diversity in *Breonadia salicina* Based On intra-Species Sequence Varıatıon Of Chloroplast DNA Spacer Sequence, *Pak. J. Bot*., 46(2), 599-604.

Aguilar, R., Quesada, M., Ashworth, L., Herrerias-Diego, Y., Lobo, J., 2008, Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptibles signals in plant traits and methodological approaches, *Molecular Ecology*, 17, 5177-5188.

Andras, J., Kirk, N., Harvell, C., 2011, Range-wide population genetic structure of *Symbiodinium* associated with the Caribbean sea fan coral, Gorgonia ventalina, *Mol. Ecol.* 20, 2525-2542.

Amos, W., Harwood, J., 1998, Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations, *Philos T. Roy. Soc. B.*, 1366, 177-186.

Atalay, 1994, Türkiye Vejetasyon Cografyası, E.Ü. Basımevi, İzmir.

Artyukova, E.V., Kozyrenko M.M., Gorovoy P.G., Zhuravlev Y.N., 2009, Plastid DNA variation in highly fragmented populations of Microbiota decussata Kom. (Cupressaceae), an endemic to Sikhote Alin Mountains, *Genetica*, 137, 201-212.

Avcı, M., 2014, Jeoloji ve Paleocoğrafya. In: Güner A., Ekim T., editörler. *Resimli Türkiye Florası*, Türkiye İş Bankası Kültür Yayınları, İstanbul, ss. 29-75.

Avise, J.C., 2000, Phylogeography: The History and Formation of Species. Cambridge, MA: *Harvard University Press*, pp.470.

Ayele, T.B., Gailing O., Umer M., Finkeldey R., 2009, Chloroplast DNA haplotype diversity and postglacial recolonization of Hagenia abyssinica (Bruce) J.F. Gmel. in Ethiopia, *Plant Syst. Evol*., 280, 175-185.

Aytaç, Z., Duman, H., 2005, A new species of *Centaurea* L. (Compositae) from Turkey, *Pak. J. Bot*., 37(3), 563-566.

Bardakçı, F., 2013, Populasyon genetiği, II. Taksonomi Yazokulu. 1-6 Temmuz 2013, İzmir.

Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., et al. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II; Montpellier: 2004, GENETIX 4.05, logiciel sous Windows pour la génétique des populations.

Bremer, K., 1994, *Compositae*. Cladistics and classification. Portland, Oregon: Timber Press.

Bowen, W. D., 1997, Role of marine mammals in aquatic ecosystems, *Marine Ecology Progress Series*, 158: 267-274.

Briggs, J.C., 1995. Global biogeography, *Elsevier*, Amsterdam.

Brooks, R.R., 1987, Serpentine and its vegetation, A multidisciplinary approach, *Dioscorides Press*, Portland, Oregon, USA.

Brown, A.D.H., 1979, Enzyme Polymorphism In Plant Populations,Theor. Pop. Biol. Is, 1-42.

Brullo, S., Marcenó, C., 1974, *Vulpio-Leopoldietum gussonei* ass. nov. dell'Alkanneto-Malcolmion nella Sicilia meridionale, *Notiziario Fitosociologico* 8: 75–85.

Caccone, A., 1985, Gene flow in cave arthropods: A qualitative and quantitative approach, *Evolution*, 39, 1223-1235.

Caujape´-Castells, J., Marrero-Rodríguez, Á., Baccarani-Rosas, M., Cabrera-García, N., Vilches-Navarrete, B., 2008, Population genetics of the endangered Canarian endemic *Atractylis arbuscula* (Asteraceae): implications for taxonomy and conservation, *Plant Syst Evol.*, 274, 99-109.

Cao, Q., Lu, B., Xia, H., Rong, J., Sala, F., Spada, A. and Grassi, F., 2006, Genetic Diversity and Origin of Weedy Rice (*Oryza sativa* f. *spontanea*) Populations Found in North-eastern China Revealed by Simple Sequence Repeat (SSR) Markers, *Annals of Botany*, 98, 1241-1252.

Carson, H. L., 1990, Increased genetic variance after a population bottleneck, Trends in Ecology and Evolution 5, 228-230.

Chapuis, M.-P., Estoup, A., 2007, Microsatellite Null Alleles and Estimation of Population Differentiation, *Mol. Biol. Evol.*, 24(3), 621-631.

Chen, X., Temnykh, S., Xu, Y., Cho, Y.G., McCouch, S.R., 1997, Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (Oryza sativa L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 95, 553-567.

Cole, C.T., 2003, Genetic variation in rare and common plants, *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 34, 213-237.

Corre, V.L., Bellanger, S., Guillemin, J-P., Darmency, H., 2014, Genetic diversity of the declining arable plant *Centaurea cyanus*: population fragmentation within an agricultural landscape is not associated with enhanced spatial genetic structure, *Weed Research*, 54, 436-444.

Cruzan, M.B., 2001, Population size and fragmentation thresholds for the maintenance of genetic diversity in the herbaceous endemic *Scutellaria montana* (Lamiaceae), *Evolution*, 55, 1569-1580.

Çağlar, E., 2010, Mikrosatellit Temelli Markörlerle *Centaurea nivea*'daki Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Anadolu Üniversitesi*, Eskişehir.

Çelikkol Akçay, U., Özkan, G., Bekir Şan, B., Dolgun, O., Dağdelen, A., Ozdoğan Konuşkan, D., 2014, Genetic stability in a predominating Turkish olive cultivar, Gemlik, assessed by RAPD, microsatellite, and AFLP marker systems, *Turk J Bot*., 38, 430-438.

Davis, P.H., 1975, Flora of Turkey and the East Aegean Islands, Vol. 5, 465-585, *Edinburgh University Press*.

Davis P.H, Tan, K., Mill R.R., (eds) 1988, Flora of Turkey and the East Aegean Islands, Vol. 10, 73. Edinburgh: *Edinburgh University Press*.

Demirayak, F., 2002, Biyolojik Çeşitlilik-Doğa Koruma Ve Sürdürülebilir Kalkınma, *TÜBITAK Vizyon 2023 Projesi Çevre ve Sürdürülebilir Kalkınma Paneli*.

Denda, T., Watanabe, K., Kosuge, K., Yahara, T., Ito, M., 1999, Molecular phylogeny of *Brachycome* (Asteraceae), *Plant Syst. Evol*., 217, 299-311.

Dong, Y-H., Chen, J-M., Robert, G.W. and Wang, Q-F., 2008, Genetic variation in the endangered aquatic fern *Ceratopteris thalictroides* (Parkeriaceae) in China: implications from RAPD and ISSR data, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 157, 657–671.

Duran, A., Hamzaoğlu, E., 2005, *Psephellus turcicus* sp. nov. (Asteraceae), a new chasmophyte species from central Anatolia, Turkey, *Bot. J. Lin. Soc*.,148, 495-500.

Duran, A., Öztürk, M., Doğan, B., 2009, A New Species of the Genus *Psephellus* (Asteraceae) FromNorth-East Anatolia, Turkey, *Ozean Journal of Applied Sciences*, 2(1), 104-111.

Duran, A., Doğan, B., Şeker, M., 2014, Two new records from Asteraceae for the flora of Turkey and a new synonym in the genus *Psephellus*, Journal of Selçuk University Natural and Applied Science, 3 (4): 105- 112.

Drummond, R.S.M., Keeling, D.J., Richardson, T.E., Gardner, R.C., Wright, D., 2000, Genetic analysis and conservation of 31 surviving individuals of a rare New Zealand tree, *Metrosideros bartletti* (Myrtaceae), *Molecular Ecology*, 9, 1149–1157.

El-Kassaby Y.A., Meagher M.D., Parkinson J., Portlock F.T., 1987, Allozyme inheritance, heterozygosity and outcrossing rate among Pinus monticola near Ladysmith British Colombia, *Heredity*, 58, 173-181.

Ellstrand, N.C., Elam, D.R., 1993, Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation, *Annual Review of Ecology and Systematics*, 24, 217-242.

Ertuğrul, K., Uysal, T., 2013, Türkiye *Psephellus* Cass. (Compositae) Cinsinin Revizyonu, *Tübitak projesi* (109T958).

Ertuğrul, K., 2012, *Psephellus* Cass. In: Güner A, Aslan S, Ekim T, Vural M, Babaç, MT, editors. Türkiye Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler). İstanbul, Turkey: Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi ve Flora Araştırmaları Derneği Yayını, pp. 190-192 (in Turkish).

Excoffier, L., Laval, G., Schneider. S., 2005, Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis, *Evolut. Bioinf. Online* 1, 47-50.

Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M., 1992, Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data, *Genetics*, 131, 479–491.

Fady B., Conkle M.T., 1993, Allozyme variation and possible phylogenetic implications in Abies cephalonica Loudon and some related eastern Mediterrenean firs, *Silvae Genetica*, 42, 351-359.

Fahima, T., Sun, G.L., Beharav, A., Krugman, T., Beiles, A. ve Nevo, E., 1999, "RAPD polymorphism of wild emmer wheat populations *Triticum dicoccoides"*, *Israel Theor. Appl. Genet.*, 98, 434-447.

Falk, D.A., Holsinger, K.E. (Eds.), 1991, Genetics and Conservation of Rare Plants, *Oxford University Press*, New York.

Fisher, R., 1930, The genetical theory of natural selection, Oxford: *Oxford University Press*.

Font M., Garcia-Jacas N., Vilatersana R., R oquet C., Susanna A., 2009, Evolution and biogeography of *Centaurea* section *Acrocentron* inferred from nuclear and plastid DNA sequence analyses, *Ann Bot.* 103(6), 985–997.

Francisco-Ortega, A., Santos-Guerra, A., Kim, S-C., Crawford, D.J., 2000, Plant genetic diversity in the Canary Islands: a conservation perspective, *Am J Bot*, 87, 909-919.

Frankel, O. H., Soulé, M. E., 1981, Conservation and evolution. *Cambridge University Press*, Cambridge, UK.

Frankel, O.H., 1974, Genetic conservation: our evolutionary reponsibility, *Genetics*, 78: 53-65.

Frankham, R., Briscoe, D.A., Ballou, J.D., 2010, Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK.

Frankham, R., 2005, Genetics and extinction. *Biological Conservation*, 126, 131-140.

Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A., 2004, A Primer of Conservation Genetics, *University Press*, Cambridge.

Frankham, R., J.D. Ballou, and D.A. Briscoe., 2002, Introduction to Conservation Genetics, *Cambridge University Press*, New York.

Frankham R., 1995. Conservation Genetics. *Annual Review of Genetics*, 29, 305-327.

Fréville, H., Imbert, E., Justy, F., Vitalis, R., Olivieri, I., 2000, Isolation and characterization and microsatellites in the endemic species *Centaurea corymbosa* Pourret (Asteraceae) and other related species, *Molecular Ecology*, 9, 1671-1672.

Gardner, M., MacNair, M., 2000, Factors affecting the co-existence of the serpentine endemic *Mimulus nudatus* Curran and its presumed progenitor *Mimulus guttatus* Fisher ex DC, *Biological Journal of the Linnean Society*, 69,443-459 .

Gaudeul, M., Taberlet, P., Till-Bottraud, I., 2000, Genetic diversity in an endangered alpine plant, *Eryngium alpinum* L. (Apiaceae), inferred from amplified fragment length polymorphism markers, *Molecular Ecology*, 9, 1625-1637.

Goudet, J., 2002, FSTAT Software, v. 2.9.3.2. *http: // www 2.unil.ch / popgen / softwares / fstat.htm* (February 17, 2009).

Geleta, M., Bryngelsson, T., Bekele, E., Dagne, K., 2007, AFLP and RAPD analyses of genetic diversity of wild and/or weedy *Guizotia* (Asteraceae) from Ethiopia, *Hereditas*, 144, 53-62.

Gitonga, L., Cron, G.V., Mcconnachie, A., Byrne, M.J., 2014, Genetic variation of the invasive *Campuloclinium macrocephalum*, Asteraceae in South Africa, inferred from molecular markers, *Weed Research*, (Doi: 10.1111/wre.12122).

Gitzendanner, M.A., Soltis, P.S., 2000, Patterns of genetic variation in rare and widespread plant congeners, *American Journal of Botany*, 87, 783-792.

Godt, M.J.W., Hamrick, J.L., Brattony, S., 1995, Genetic diversity in a threatened wetland species, *Helonias bulata* (Liliaceae), *Conservation Biology*, 9, 596-604.

Godt, M.W., Johnson B.R., Hamrick, J.L., 1996, Genetic diversity and population size in four rare southern Appalachian plant species, *Conservation Biology*, Volume 10, Number 3: 796-805.

Golblatt, D.S., 1996, Social Theory and the Environment, *Westview Press*.

Guo, S.W., Thompson, E.A., 1992, Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles, *Biometrics*, 48, 361-372.

Güner, A., (ed.) 2014, Resimli Türkiye Florası. Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi, Flora Araştırmaları Derneği ve Türkiye İş Bankası Kültür Yayını, İstanbul.

Güner, A., Aslan, S., Ekim, T., Vural, M., Babaç, M.T., 2012, Türkiye Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler). İstanbul: *Flora Araştırmaları Derneği ve Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi Yayını* (in Turkish).

Haase, P., 1992a, Isozyme variation and genetic relationships in *Phyllocladus trichomanoides* and *P. alpinus* (Podocarpaceae), *N Z J Bot*, 30, 359-363.

Haase, P., 1992b, Isozyme variability and biogeography of *Nothofagus truncata* (Fagaceae), *N Z J Bot*, 30, 315-328.

Hamrick, J.L., Godt, M.J.W., 1996, Conservation Genetics of Endemic Plant Species. Pages 281-304 in Avise JC and Hamrick JL, editors. Conservation Genetics: Case Histories from Nature, *Chapman* & *Hall*, New York.

Hamrick, J.L., Godt, M.J.W., Murawski, D.A., Loveless, M.D. 1991. Correlation between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology. Pages 75-86 in Falk DAI and Holsinger KE, editors. Genetics and conservation of rare plants, *Oxford University Press, US*.

Hanski, I.A., Gilpin, M.E., 1997, Metapopulation biology: ecology. genetics and evolution, *Academic Press, New York.*

Hartl, D.L., Clark, A.G., 1997, Principles of Population Genetics, 3nd edn. Sinauer Associates, Inc, Sunderland, MA.

Hausner, G., Olson, R., Simon, D., Johnson, I., Sanders, E. R., Karol, K. G., McCourt, R. M. and S. Zimmerly 2006, Origin and evolution of the choloroplast trnK (matK) intron: A model for evolution of group II intron RNA structures, Molecular Biology and Evolution, 23(2), 380-391.

Hawkins, B.J,. Sweet, G.B., 1989, Genetic variation in rimu–an investigation using isozyme analysis, *N Z J Bot*, 27, 83–90.

Hedrick, P.W., 2005, Genetics of Populations 3nd Edition, *Jones and Bartlett Publisher, Inc. London, UK*.

Hensen, I., Oberprieler, C., Wesche, K., 2005, Genetic structure, population size, and seed production of *Pulsatilla vulgaris* Mill. (Ranunculaceae) in Central Germany, *Flora*, 200, 3-14.

Hewitt, G.M., 2004, A climate for colonization, *Heredity*, 92, 1-2.

Hilu, K., Liang W.H., 1997, The *matK* gene: sequence variation and application in plant systematics, *American Journal of Botany*, 84, 830-839.

Honnay, O., Jacquemyn, H., 2007, Susceptibility of common and rare plant species to the genetic consequences of habitat fragmentation, *Conservation Biology*, 21, 823-831.

Huang, Y., Zhang, C-Q., Li, D-Z., 2009, Low genetic diversity and high genetic differentiation in the critically endangered *Omphalogramma souliei* (Primulaceae): implications for its conservation, *Journal of Systematics and Evolution*, 47 (2), 103-109.

Huang, J-C., Wang W-K., Peng, C-I., 2005, Phylogeography and conservation genetics of Hygrophila pogonocalyx (Acanthaceae) based on *atpB–rbcL* noncoding spacer cpDNA, *J Plant Res*, 118, 1–11.

Hughes, R., Bachmann, K., Smirnoff, N., Macnair, M.R., 2001, The role of drought tolerance in serpentine tolerance in the *Mimulus guttatus* Fisher ex DC complex, *South African Journal of Science*, 97, 581-586.

Hughes, R.A., Inouye, B.D., Johnson, M.T.J., Underwood N, Vellend M. 2008. Ecological consequences of genetic diversity, *Ecol Lett*, 11, 609-623.

Ikeda, H., Senni, K., Fujuu, N., Setoguchi, H., 2008, Consistent geographic structure among multiple nuclear sequences and cpDNA polymorphisms of Cardamine nipponica Franch. et Savat, (Brassicaceae), *Mol. Ecol*., 17, 3178-3188.

İslamoğlu, Y., 2008, Kemaliye (Erzincan)' nin jeositleri ve jeoturizm potansiyeli, 61. Türkiye Jeoloji Kurultayı, Ankara.

IUCN, 2008, Species Survival Commision, IUCN Red List Categories: Version 3.1, Gland, *Switzerland*.

Jaffré, T., 1980, Étude ecologique du peuplement vegetal des sols derrives de roches ultrabasiques en Nouvelle Caledonié, *Orstom, Paris*, France.

Jasieniuk, M., Maxwell, B.D., 2001, Plant diversity: new insights from molecular biology and genomics Technologies, *Weed Sci* 49, 257-265.

Jin, L., 2007, Studies on molecular phylogeography and genetic diversity of genus *Calligonum* L. Beijing, *University of the Chinese Academy of Sciences Graduate thesis*.

Juan, A., Crespo, B., Cowan, R.S., Lexer, C. and Fay, M.F., 2004, Pattern of variability and gene flow in Medicago citrina, an endangered endemic of islands in the western Mediterranean, as revealed by amplified fragment length polymorphism (AFLP), *Mol Ecol*, 13,2679-2690.

Joshi, H., Wiggins, R.D., Bartley, M., Mitchell, R., Gleave, S., Lynch, K., 2000, Putting health inequalities on the map: does where you live matter, and why? In: Graham, H. (Ed.), Understanding Health Inequalities. *Open University Press, Buckingham*, pp. 143-155.

Jones, C.J., Edwards, K.J., Castiglione, S., Winfield, M.O., Sala, F., Van De Wiel, C., Biede Meyer, G., Vosman, B., Matthes, M., Daly, A., Brettschneider, R., Bettini, P., Buiatti, M., Maestri, E., Marmiroli, N., Aert. R., Volckaert, G., Rueda, J., Linacero, R., Vazquez, A., Karp, A., 1997, Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of european laboratories, *Mol Breed*, 3, 381–390.

Kang, M., Jiang, M. and Huang, H., 2005, Genetic Diversity in Fragmented Populations of *Berchemiella wilsonii* var. *pubipetiolata* (Rhamnaceae), *Annals of Botany*, 95, 1145-1151.

Khan, A, Khan, I.A,, Heinze, B, Azim, M.K., 2012, The chloroplast genome sequence of date palm (*Phoenix dactylifera* L. cv.'Aseel'), *Plant Mol Biol Rep* 30, 666-678.

Khanshour, A., Conant, E., Juras, R., Cothran, E.G., 2013, Microsatellite Analysis of Genetic Diversity and Population Structure of Arabian Horse Populations, *Journal of Heredity*, 104(3), 386-398 doi:10.1093/jhered/est003.

Kelchner, S. A., 2002, Group II introns as phylogenetic tools: Structure, function, and evolutionary constraints, *American Journal of Botany* 89(10), 1651–1669.

Kim, S-C., Lee, C., Santos-Guerra, A., 2005, Genetic analysis and conservation of the endangered Canary Island woody sow-thistle, *Sonchus gandogeri* (Asteraceae), *J Plant Res*, 118,147–153.

Kim, G-E., Lee1, Y-H., Kang, G., Kim, C-G., Jung, W., Seong, K-B., Seeb, J.E., Kim S., Kang, S., 2007, Genetic Diversity and Population Structure of Chum Salmon in the North Pacific, *N. Pac. Anadr. Fish Comm. Bull.*, 4, 203-209.

Kimura, M., Crow, J.F., 1964, The number of alleles that can be maintained in a finite population, *Genetics*, 49, 725-38.

Kimura, M., 1984, The Neutral Theory of Molecular Evolution, *Cambridge University Press, Cambridge, UK.*

Kingston, N., Waldrenb, S., Smytha, N., 2004, Conservation genetics and ecology of *Angiopteris chauliodonta* Copel. (Marattiaceae), a critically endangered fern from Pitcairn Island, South Central Pacific Ocean, *Biological Conservation*, 117, 309-319.

Koban, E., 2010, Populasyon Genetiginde Temel Kavramlar ve İstatistiksel Analizler Uygulamalı Egitimi. 14 – 18 Haziran 2010, *TÜBİTAK* – MAM GMBE.

Konak, N., 2001, Kuzeydoğu Pontitlerin (Oltu- Olur- Şenkaya- Narman- Tortum Uzundere- Yusufeli) Jeolojisi, MTA Rap. No: 10489

Krauss, S.L., Dixon, B., Dixon, K.W., 2002, Rapid genetic decline in a translocated population of the endangered plant *Grevillea scapigera*, *Conservation Biology*, 16, 986–994.

Kruckeberg, A. R., 1954, The ecology of serpentine soils. III. Plant species in relation to serpentine soils, *Ecology*, 35, 267-274 .

Kubitzki, K., Kadereit, J.W., Jeffrey, C.(eds.), 2007, The Families and Genera of Flowering Plants, Vol VIII, *Springer*.

Kumar, P., Gupta, V.K., Misra, A.K., Modi, D. R., Pandey, B. K. 2009, Potential of Molecular Markers in Plant Biotechnology Plant Omics, *Journal Southern Cross Journals*, 2(4),141-162.

Kurata, K., Jaffré, T., Setoguchi, H., 2008, Genetic Diversity And Geographical Structure Of The Pitcher Plant Nepenthes Vieillardii In New Caledonia: A Chloroplast DNA Haplotype Analysis, *American Journal of Botany*, 95(12), 1632–1644.

Lee, S.W., Kim, Y.M. ve Kim, W.W. 2003, Lack of allozyme and ISSR variation in the Rare endemic tree species, *Berchemia berchemiaefolia* (Rhamnaceae) in Korea, *Ann. For. Sci*., 60, 357–360.

Leaché A.D., Harris B.R., Rannala B., Yang Z., 2014, The Influence of Gene Flow on Species Tree Estimation: A Simulation Study, Syst. Biol., 63(1):17–30.

Learn, G.H., Shore, Jr.J.S., Furnier, G.R., Zurawski, G., Clegg,M.T., 1992, Constraints on the evolution of choloroplast introns: the intron in the gene encoding trnA-Val(UAC), *Molecular Biology and Evolution*, 9, 856-871.

Lebart, L., Morineau, A., Warwick, K. A., 1984, Multivariate Descriptive Statistical Analysis, *New York: Wiley*.

Leimu, R., Mutikainen, P., Koricheva, J., Fischer, M., 2006, How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *Journal of Ecology,* 94, 942-952.

Levan, A., K. Fredga, Sandberg, A. A., 1964, Nomenclature for centromeric position on Chromosomes. Lund, Sweden: Institute Of Genetics and Buffalo, *New York: Roswell Park Emorial Institute*.

Lewontin, R.C., 1972, The apportionment of human diversity, *Evolutionary Biology,* 6, 381-398.

Li, F.G., Xia, N.H., 2005, Population structure and genetic diversity of an endangered species, *Glyptostrobus pensilis* (Cupressaceae), *Bot Bull Acad Sin,* 46,155–162.

Li, X., Zhang, S., Yang, Z., Song, K., Yi, T., 2013, Conservation genetics and population diversity of *Erigeron breviscapus* (Asteraceae), an important Chinese herb. *Biochemical Systematics and Ecology*, 49,156–166.

López-Vinyallonga, S., López-Alvarado, J., Constantinidis, Th., Susanna, A., Garcia-Jacas, N., 2011, Microsatellite cross-species amplification in the genus *Centaurea* (Compositae), *Collectanea Botanica*, 30, 17-27.

Lu, J.Y., Yang, X.M., Ma, R.J., 2008, Genetic diversity of clonal plant *Polygonum viviparum* based RAPD in eastern Qinghai-Tibet Plateau of China. *Northwest Norm Univ*, 44, 66–72.

Luan, S., Chiang, T-Y. and Gong, X., 2006, High Genetic Dievrsity vs. Low Genetic Differentiation in Nouelia insignis (Asteraceae), a Narrowly Distributed and Endemic Secies in China, Revealed by ISSR Fingerprinting, *Annals of Botany,* 98: 583-589.

Lundberg, J., 2001, Phylogenetic Studies In The Euasterids II. Comprehensive Summaries of Uppsala Dissertations from the Faculty of Science and Technology 676, *Acta Universitatis Upsaliensis. Upsala*.

Mameli, G., Filigheddu, R., Bineli, G. and Meloni, M., 2008, The Genetic Structure of the Remnant Populations of *Centaurea horrida* in Sardinia and Associated Islands, *Annals of Botany,* 101, 633–640.

Matthes, M.C., Daly, A., Edwards, K.J., 1998, Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP). In: Karp A, Isaac PG, Ingram DS, editors. Molecular tools for screening biodiversity 10.1, *London: Chapman and Hall*, pp 183–190.

Mattner, J., Zawko G., Rossetto M., Krauss S.L., Dixon K.W., Sivasithamparama K., 2002, Conservation genetics and implications for restoration of *Hemigenia exilis* (Lamiaceae), a serpentine endemic from Western Australia, *Biological Conservation*, 107,37–45.

Mengoni, A., Gonnelli, C., Brocchini, E., Galardi, F., Pucci, S., Gabbrielli, R., Bazzicalupo, M., 2003, Chloroplast genetic diversity and biogeography in the serpentine endemic Ni-hyperaccumulator *Alyssum bertolonii*, *New Phytologist* 157,349-356.

Mengoni, A., Barabesi C., Gonnelli, C., Galardi, F., Gabbrielli, R., Bazzicalupo, M., 2001, Genetic diversity of heavy metal-tolerant populations in *Silene paradoxa* L. (Caryophyllaceae): A chloroplast microsatellite analysis, *Molecular Ecology* 10, 1909-1916.

Mengoni, A., Gonnelli, C., Galardi, F., Gabbrielli, R., Bazzicalupo, M., 2000, Genetic diversity and heavy metal tolerance in populations of *Silene paradoxa* L. (Caryophyllaceae): A random amplified polymorphic DNA analysis, *Molecular Ecology*, 9, 1319-1324.

Merle, H., Segura, I., Garmendia, A., Ferriol, M., Isolation and characterization of polymorphic microsatellite markers for *Centaurea aspera* L. and *Centaurea seridis* L. (Asteraceae), *Molecular Ecology Resources*.

Mills. L.S., 2006, Conservation of wildlife populations. Demography, Genetics, and Management, *Wiley-Blackwell*, Singapore.

Mills, L.S., Allendorf, F.W., 1996, The one-migrant-per-generation rule in conservation and management, *Conservation Biology*, 10, 1509-1518.

Mort, M. E., Soltis, D. E., Soltis P. S., Francisco-Ortega, J., Santos-Guerra, A., 2001, Phylogenetic relationships and evolution of Crassulaceae inferred from *matK* sequence data, *American Journal of Botany* 88, 76-91.

Nakazawa, M., Yahara, T., 2007, Amplified fragment length polymorphism analysis of the genetic variation of an endangered plant *Lysimachia tashiroi* (Myrsinaceae), *Plant Species Biology*, 22, 33-39.

Navarro, E., Jaffré, T., Gauthier, D., Gourbiere, F., Rinaudo, G., Simonet, P., Normand, P., 1999, Distribution of *Gymnostoma* spp. Microsymbiotic Frankia strains in New Caledonia is related to soil type and to host-plant species, *Molecular Ecology*, 8, 1781-1788.

Neuhaus, H., Link, G., 1987, The chloroplast tRNA lys (UUU) gene from mustard (*Sinapis alba*) contains a class II intron potentially coding for a maturase-related polypeptide, *Current Genetics*, 11, 251-257.

Nei, M., 1987, Molecular Evolutionary Genetics, *Columbia University Press*, New York.

Nei, M., 1986, Definition and estimation of fixation indices, *Evolution*, 40, 643-645.

Nei, M., 1978, Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics*, 89, 583-590.

Nei, M., 1973, Analysis of gene diversity in subdivided populations, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70, 3321-3323.

Nei, M., 1972, Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106, 283-292. doi:10.1086/28277.

Neigel, J. E., 1997, A comparison of alternative strategies for estimating gene flow from genetic markers, *Annual Review of Ecology and Systematics*, 28, 105-128.

Nielsen, L.R., 2004, Molecular differentiation within and among island populations of the endemic plant Scalesia affinis (Asteraceae) from the Galápagos Islands, *Heredity* (Edinb). 93(5), 434-42.

Nybom, H., 2004, Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants, *Molecular Ecology*, 13, 1143-1155.

Oberprieler, C., 2005, Temporal and Spatial Diversification of Circum-Mediterranean Compositae-Anthemideae, *Taxon*, 54(4), 951-966.

O'Hanlon, P.C., Peakall, R., Briese, D.T., 2000, A review of new PZR-based genetic markers and their utility to weed ecology, *Weed Research*, 40, 239–254.

Ohkawa, T., Yokota, M., Hoshino, T., 2000, Aneuploidal population differentiation in Carex sociata Boott (Cyperaceae) of the Ryukyu Islands, Japan, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 132, 337–358.

Or, M., 2007, Kloroplast Genomundaki Kodlanmayan "*Trn*" Bölgelerinin Karşılaştırılması Yapılarak *Liquidambar orientalis* Mill. Varyetelerinin Filogenetik Analizi, *Yüksek Lisans Tezi, ODTÜ*, Ankara.

Orstom, 1983, Atlas de la Nouvelle Cal é donie et dependences, *Orstom*, Paris, France.

Özbek, Ö., 2006, Yabani tetraploit bugday *Triticum turgidum var. dicoccoides* (Körn. schwein) populasyonlarında genetik çeşitliliğin moleküler markörler (AFLP, RFLP) ile tespit edilmesi, *Gazi Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü*, Doktora tezi.

Özbek, Ö., Kara, A., 2013, Genetic variation in natural populations of *Capparis* from Turkey, as revealed by RAPD analysis, *Plant Syst Evol*, 299, 1911–1933.

Özdilek, A., 2007, Kloroplast Genomundaki *matk* Gen Bolgesine Göre Liquidambar *orientalis* Mill. varyetelerinin Genetik Farklılaşması, Yüksek Lisans Tezi, ODTÜ, Ankara.

Özer, E., 1994, Munzur Dağlarının (Kemah-İliç-Erzincan) stratigrafisi, *Türkiye Jeoloji Bülteni*, C. 37 (2), 53-64.

Özkümüş, S., 2009, Kurtyuvası (Oltu-Erzurum) Bakır-Altın Cevherleşemesinin Jeokimyasal İncelenmesi, *Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü*, Yüksek lisans tezi.

Özgül, N., Turşucu, A., Özyardımcı, N., Şenol, M., Bingöl, İ., Uysal, Ş., 1981, Munzur dağlarının jeolojisi, MTA Rapor, No: 6995, 136 s. (yayımlanmamış), Ankara.

Özgül, N., Turşucu, A., 1983, Stratigraphy of the Mesozoic carbonate sequence of the Munzur Mountains (Eastern Taurides), Geology of the Taurus belt, Proceedings (ed: Okan Tekeli ve Cemal Göncüoğlu), *Ankara*, 173-180.

Palacios, C., Kresovich, S., González-Candelas, F., 1999, A population genetic study of the endangered plant species *Limonium dufourii* (Plumbaginaceae) based on amplified fragment length polymorphism (AFLP), *Molecular Ecology*, 8, 645–657.

Palermo, A.M., Pellegrino, G., Menale, B., Musacchio, A., 2002, Allozymic variability in *Centaurea tenorei* Guss. ex Lacaita and in other species of *C. parlatoris* Heldr. group (Asteraceae), *Plant Biosystems*, 136, 331 –338.

Palmer, J. D., Jansen, R.K., Michaels, H., Manhart, J., Chase, M., 1988, Choloroplast DNA variation and plant phylogeny, *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 75, 1180-1206.

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, *Molecular Techniques in Ecology*, 79 (2), 361–382.

Paszko, B., 2006, A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices, *Plant Systematic and Evolution*, 258, 39–48.

Perez, L.L., 2014, Conservation genetics in threatened plants in NW Spain: a practical approach, *Universidade da Coruña, Espana, PhD thesis*.

Peterson A., Bartish I. V., Peterson J. 2008, Effects of population size on genetic diversity, fi tness and pollinator community composition in fragmented populations of *Anthericum liliago* L., *Plant Ecology*, 198, 101-110.

Pons, O., Petit, R. J. 1996, Measwring and Testing Genetic Differentiation With Ordered Versus Unordered Alleles. *Genetics*, 144, 1237-1245.

Posada, D., Crandall., K.A., 2001, Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends Ecol. Evol*., 16, 37–45.

Powell, W., Machray, G.C., Provan, J., 1996, Polymorphism revealed by simple sequence repeats, *TRENDS in Plant Science*, Vol.1, No.1, pp.215-222.

Prentice, H.C., J.U. Malm, I .Mateu-Andres and J.G. Segarra-Moragues., 2003, Allozyme and chloroplast DNA variation in island and mainland populations of the rare Spanish endemic, *Silene hifacensis* (Caryophyllaceae), *Conserv Genet*., 4,543-555.

Proctor, J., 1999, Toxins, nutrient shortages and droughts: the serpentine challenge. *Trends in Ecology and Evolution*, 14, 334–335.

Rajakaruna, N., Bohm, B.A., 1999, The edaphic factor and patterns of variation in Lasthenia californica (Asteraceae), *American Journal of Botany*, 86, 1576-1596.

Rajakaruna, N., Baldwin, B.G., Chan, R., Desrochers, A.M., Bohm B. A., Whitton J., 2003, Edaphic races and phylogenetic taxa in the *Lasthenia californica* complex (Asteracae: Heliantheae): An hypothesis of parallel evolution, *Molecular Ecology*, 12, 1675-1679.

Reed, D.H., Frankham, R., 2003, Correlation between fitness and genetic diversity. *Conserv Biol*, 17, 230-237.

Ricklefs, R.E., Miller, G.L., 1999, Ecology 4th edition. *W.H. Freeman and Company*, New York.

Rohlf, J. F., 2004, NTSYS-pc:2.11 Numerical taxonomy and multivariate analysis system, *Exeter Software*, N. Y.

Rodrigáñez, J., Barragán, C., Alves, E., Gortázar, C., Toro, M.A., Silió, L., 2008, Genetic diversity and allelic richness in Spanish wild and domestic pig population estimated from microsatellite markers, *Span. J. Agric. Res.*, 6, 107-115.

Rousset, F., 2008, GENEPOP'007, A complete reimplementation of the GENEPOP software for Windows and Linux, *Molecular Ecology Resources*, 8, 103–106.

Rozas, J., Sánchez-Delbarrio, J.C., Messeguer, X., Rozas, R., 2003, DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods, *Bioinformatics*, 19, 2496-2497.

Setoguchi, H., Ono, M., Doi, Y., Koyama, H., Tsuda, M., 1997, Phylogeny and biogeography of Nothofagus based on the sequence of *atpB-rbcL* intergenic spacer, *Journal of Plant Research*, 110, 469-482.

Setoguchi, H., Osawa, T., Pintaud, J. C., Jaffré, T., Veillon, J. M., 1998, Phylogenetic relationships within Araucariaceae based on *rbcL* gene sequences, *American Journal of Botany*, 85, 1507-1516 .

Schaal, B.A., Leverich, W.J., Rogstad, S.H., 1991, A comparison of methods for assessing genetic variation in plant conservation of rare plants. In: Falk, A., Holsinger, K.E. (Eds.), Genetics and Conservation of Rare Plants, *Oxford University Press*, New York, pp. 123-134.

Scialabba, A., Agrimonti, C., Abbate, G.M., Marmiroli, N., 2008, Assessment of genetic variation in Sicilian *Helichrysum* (Asteraceae) and implication to germplasm conservation, *Plant Biosystems*, 142(2), 287 – 297.

Schmidt, K. and Jensen, K., 2000, Genetic structure and AFLP variation of remnant populations in the rare plant *Pedicularis palustris* (Scrophulariaceae) and its relation to population size and reproductive components, *Am J Bot*, 87, 678–689.

Shamra, A.K., Chattopadhyay, S., 1984, Karyomorphological analysis on different populations of Costus speciosus (Koen.) Sm. under different ploidy levels, *Botanica Helvetica*, 94, 355-370.

Shaw, J., Lickey, E.B., Schilling, E.E., Small, R.L., 2007, "Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: The tortoise and the hare III", *American Journal of Botany*, 94, 275–288.

Sheng, Y., Zheng, W., Pei, K. and Ma, K., 2005, Genetic Variation Within and Among Populations of a Dominant Desert Tree *Haloxylon ammodendron* (Amaranthaceae) in China, *Annals of Botany*, 96, 245–252.

Simberloff, D., 1988, The contribution of population and community biology to conservation science, *Annual Review of Ecological Systems*, 19, 473-511.

Skinner, M. W., Pavlik, B. M., 1994, Inventory of rare and endangered vascular plants of California, *California Native Plant Society Press*, Sacramento, California, USA.

Slatkin, M., 1981, Estimating levels of gene flow in natural populations, *Genetics* 99, 373-335.

Slatkin, M., 1985, Rare alleles as Indicators of gene flow, *Evolution*, 39, 51-65.

Soltis, D.E., Soltis, P.S. 1989a, Tetrasomic inheritance in *Heuchera micrantha* (Saxifragaceae), *J Hered*, 80, 123-126.

Soltis, D. E., Soltis, P. S., Ranker, T. A., Ness, B. D., 1989b, Chloroplast DNA Variation in a Wild Plant, *Tolmiea menziesii*, *Genetics*, 121(4), 819–826.

Soltis, D.E., Collõer, T.G., Edgerton, M.L., 1991, The *Heuchera* group (Saxifragaceae): Evidence for chloroplast transfer and paraphyly, *Amer.J.Bot.,* 78, 1091–1112.

Song, Z.P., Xu, X., Wang, B., Chen, J.K. and Lu, B-R., 2003, Genetic diversity in the northernmost *Oryza rufipogon* populations estimated by SSR markers, *Theoretical and Applied Genetics*, 107, 1492–1499.

Sözen, E., Özaydın, B., 2010, A Study Of Genetic Variation in Endemic Plant *Centaurea Wiedemanniana* By Using RAPD Markers, *Ekoloji*,19, 77, 1-8.

Sözen, E., Özaydın, B., 2009, A preliminary study on the genetic diversity of critically endangered *Centaurea nivea* (Asteraceae), *Ann. Bot. Fennici*, 46: 541-548.

Smith, D.N., Devey, M.E., 1994, Occurrence and inheritance of microsatellites in *Pinus radia*, *Genome*, 37, 977–983.

Schmidt, K., Jensen, K., 2000, Genetic structure and AFLP variation of remnant populations in the rare plant *Pedicularis palustris* (Scrophulariaceae) and its relation to population size and reproductive components, *American Journal of Botany*, 87, 678–689.

Spielman, D., Brook, B.W., Frankham, R., 2004, Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101, 15261–15264.

Spooner, D., Van Treuren, R., De Vincente, M.C., 2005, Molecular markers for genebank management, *IPGRI Techn Bull,* 10, 48–58.

Soule, M. E., ed. 1986, Conservation Biology: The Science of Scarcity and Diversity. *Sinauer, Sunderland, Mass*.

Su, Y.J., Wang, T., Zheng, B., Jiang, Y., Chen, G.P., Gu, H.Y., 2004, Population genetic structure and phylogeographical pattern of a relict tree fern, *Alsophila*

spinulosa (Cyatheaceae), inferred from cpDNA *atpB–rbcL* intergenic spacers, *Theor. Appl. Genet.*, 109, 1459–1467.

Su, Y.J., Wang, T., Zheng, B., Jiang, Y., Yang, P.Y., Chen, G.P., 2005, Genetic variation and phylogeographical patterns in *Alsophila podophylla* from Southern China based on cpDNA *atpB–rbcL* sequence data. *Am. Fern J.* ,95, 68–79.

Susanna, A., Garcıa-Jacas N., 2009, Cardueae (Carduoideae). In Funk V. A., Susanna A., Stuessy T. F., Bayer R. J. [eds.], Systematics, evolution, and biogeography of Compositae, 293–313, *International Association for Plant Taxonomy*, Vienna, Austria.

Susanna, A., Garcia-Jacas, N., 2001, Tribus Cardueae. In: Kubitzki K, ed. The families and genera of vascular plants. Compositae. New York: *Springer-Verlag*.

Starnes, J.H., 2004, Effects of Management and Population Size on Genetic Diversity of Eggert's Sunflower (Helianthus eggertii; Asteraceae) *Western Kentucky University*, Masters Theses & Specialist Projects.

Swenson, J.E., Wabakken, P., Sandegren, F., Bjarvall, A., Franzen, R., Soderberg, A., 1995, The near extinction and recovery of Brown bears in Scandinavia in relation to the bear management policies of Norway and Sweden. *Wildlife Biology*, 1, 11–25.

Swensen, S. M., Allan G. J., Howe, M., Elisens, W. J., Junak, S. A., Rieseberg, L.H. 1995, Genetic analysis of the endangered island endemic Malacothamus fasciculatus (Nutt.) Green var. nesioticus (Rob.) Kearn (Malvaceae), *Conserv. Biol.*, B9, 404–415.

Swofford, D.L., 1999, PAUP 4.0: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (And Other Methods). Sunderland, MA, *Sinauer Associates*, Inc.

Szulkin, M., Bierne, N., David, P., 2010, Heterozygosity-fitness correlations: a time for reappraisal, *Evolution*, 64, 1202–1217.

Şengör, A.M.C., Yılmaz, Y., 1983, Türkiye'de Tetis'in Evrimi: Levha Tektoniği Açısından Bir Yaklaşım, *Türkiye Jeoloji Kurumu Yerbilimleri Özel Dizisi*, no: 1.

Tan, A., 2010, Gıda ve Tarım için Bitki Kaynaklarının Muhafazası ve Sürdürülebilir Kullanımına İlişkin TÜRKİYE, *Anadolu Journal of AARI*. 20 (1): 9-37.

Taylor, S. I., Levy, F., 2002, Responses to soil and a test for preadaptation to serpentine in Phacelia dubia (Hydrophyllaceae), *New Phytologist*, 155, 437-447.

Toro, M, Fernández, J., Caballero, A., 2009, Molecular characterization of breeds and its use in conservation, *Livest Sci*, 120, 174–195.

Travis, S.E., Maschinski, J., Keim, P., 1996, An analysis of genetic variation in *Astragalus cremnophylax* var. *cremnophylax*, a critically endangered plant, using AFLP markers, *Molecular Ecology*, 5, 735–745.

Tugay, O., Uysal, T., Ertuğrul, K. 2009. A new species of *Psephellus* Cass. (Asteraceae) from North-East Anatolia, Turkey, *Nordic Journal of Botany*, 27, 134-137.

Türkoğlu, İ., Akan, H., Civelek, Ş., 2003, A new species of *Centaurea* (Asteraceae: sect. Psephelloideae) from Turkey, *Botanical Journal of the Linnean Society*. 143 (2): 207–212.

Uysal, T., Özel, E., Bozkurt, M., Ertuğrul, K., 2012, Genetic Diversity in Threatened populations of the Endemic Species *Centaurea lycaonica* Boiss. & Heldr.(Asteraceae), *Research Journal of Biology*, 2(3), 110-116.

Uysal, T., Köse, Y.B., 2009a, A New Centaurea L. (Asteraceae) Species from Turkey, *Turkish Journal of Botany*, 33, 41-46.

Uysal, T., Köse, Y.B., Yücel, E., Ertuğrul, K., 2009b, New chromosome counts in *Centaurea* section *Phalolepis* (Asteraceae) from Turkey, *Belgian Journal of Botany*, 142, 41–46.

Uysal, T., Ertuğrul, K., Susanna, A., Garcia-Jacas, N., 2009c, New chromosome counts in the genus *Centaurea* (Asteraceae) from Turkey, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 159, 280–286.

Uysal, T., 2008, *Centaurea ertugruliana* (Asteraceae), a new species from Turkey, *Annales Botanici Fennici*, 45, 137–140.

Uysal, T., 2006, Türkiye *Centaurea (Asteraceae)* Cinsi *Cheirolepis (Boiss.) O.Hoffm*. Seksiyonunun Morfolojik, Karyolojik ve Moleküler Revizyonu, Doktora Tezi, *S.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü*, Konya.

Vandepitte, K., Gristina, A. S., De Raedt, R., Rolda´n-Ruiz, I., Marcenó, C., Sciandrello, S., Honnay, O., 2013, Conservation genetics of an endemic from the Mediterranean Basin: high genetic differentiation but no genetic diversity loss from the last populations of the Sicilian Grape Hyacinth *Leopoldia gussonei*, *Conserv Genet*, DOI 10.1007/s10592-013-0487-6.

Vilatersana, R., Susana, A., Brochmann, C., 2007, Genetic variation in *Femeniasia* (Compositae, Cardueae), an endemic and endangered monotypic genus from the Balearic Islands (Spain), *Botanical Journal of the Linnean Society*, 153, 97–107.

Vonholdt, B.M., Stahler, D.R., Smith, D.W., Earl, D.A., Pollinger, J.P., et al. 2008, The genealogy and genetic viability of reintroduced Yellowstone grey wolves, *Mol Ecol*, 17,252–274.

Vos, P., Hogers, R., Bleeker M., Reijans, M., Lee, T., Hornes, M., Friters, A., Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M., 1995, AFLP: a new technique for DNA fingerprinting, *Nucleic Acids Res*, 23(21), 4407–4414.

Wang, Y., 2013, Chloroplast microsatellite diversity of *Opisthopappus* Shih (Asteraceae) endemic to China, *Plant Syst Evol*, 299, 1849–1858.

Wagenitz, G., Ertuğrul, K., Dural, H., 1998, A new species of *Centaurea* sect. Psephelloideae (Compositae) from SW Turkey, *Willdenowia*, 28, 157-161.

Wagenitz, G., Hellwing, H.F., 2000, The Genus *Psephellus* Cass.(Compositae, Cardueae)revisited with a broadened concept., *Willdenowia*, 30, 29-44.

Wagenitz, G., Kandemir, A., 2008, Two new species of the genus *Psephellus* (Compositae, Carduae) from eastern Turkey, *Willdenowia*, 38, 521-526.

Wallace, L.E., 2002, Examining the effects of fragmentation on genetic variation in *Platanthera leucopheaea* (Orchidaceae): Inferences from allozyme and random amplified polymorphic DNA markers, *Plant Species Biol*, 17: 37-49.

Wang, L., Abbott, R.J., Zheng, W., Chen, P., Wang, Y., Liu, J., 2009, History and evolution of alpine plants endemic to the Qinghai-Tibetan Plateu: *Aconitum gimnandrum* (Ranunculaceae), *Mol. Ecol*, 18,709-721.

Wang, Y.L., 2013, Chloroplast microsatellite diversity of *Opisthopappus* Shih, *Plant Systematic and Evolution*, 299, 1849–1858.

Waples, R. S., 1987, A multispecies approach to the analysis a gene flow in marine shore fishes, *Evolution*, 41, 385-400.

Weir, B., Cockerham, C., 1984, Estimating F statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38 (6), 1358–1370.

Wesche, K., Hensen, I., Undrakh, R., 2006, Genetic Structure of *Galitzkya macrocarpa* and *G. potaninii*, Two Closely Related Endemics of Central Asian Mountain Ranges, *Annals of Botany*, 98: 1025–1034.

Willi, Y., Van Buskirk, J., Hoffmann, A.A., 2006, Limits to the adaptive potential of small populations, *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 37, 433-458.

Wolf, P.G., Soltis D. E., Soltis P. S., 1990, Chloroplast-DNA and allozymic variation in diploid and autotetraploid *Heuchera grossulariifolia* (Saxifragaceae), *Am. J. Bot*, 77, 232-244.

Wright, S., 1978, Evolution and the Genetics of Population, Variability Within and Among Natural Populations, *The University of Chicago Press*, Chicago.

White, T.J., Bruns, T., Lee, S., Taylor, J., 1990, Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PZR Protocols: a guide to methods and applications, (Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ, eds). *Academic Press*, New York, USA: 315–322.

Wolfe, K. H., Morden C.W., Palmer J. D., 1992, Function and evolution of a minimal plastid genome from a nonphotosynthetic parasitic plant, *Proceedings of the. National. Academy of Sciences of the USA*, 89, 10648-10652.

Wu, F.Q., Shen, S.K., Zhang, X.J., Wang, Y.H., Sun, W.B., 2014, Genetic diversity and population structure of an extremely endangered species: the world's largest *Rhododendron*, *AoB PLANTS* 7: plu082; doi:10.1093/aobpla/plu082.

Yano, O., Ikeda, H., Hoshino, T., 2010, Phylogeography of the Japanese common sedge, Carex conica complex (Cyperaceae), based on chloroplast DNA sequence data and chromosomal variation, *American Journal of Botany*, 97, 1365–1376.

Young, A.G., Schmidt-Adam, G., Muarry, B.G., 2001, Genetic variation and structure of remnants stands of pohutukawa (*Metrosiderous excelsa*, Myrtaceae), *N Z J Bot*, 39, 133–140

Yılmaz, O., Karaca, O., 2012, Karya Koyunlarda Mikrosatellit İşaretleyicilerle Babalık Testi, *Kafkas Univ Vet Fak Derg* 18 (5): 807-813 DOI:10.9775/kvfd.2012.6512

Xiao, L.Q., Ge, X.J., Gong, X., Hao, G., Zheng, S.X., 2004, ISSR variation in the endemic and endangered plant *Cycas guizhouensis* (Cycadaceae), *Ann Bot* 94, 133-138.

Zarco, R. C., 1986, A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon*, 35, 526–530.

Zhang, J., Xing, C., Tian, H., Yao, X., 2013, Microsatellite genetic variation in the Chinese endemic *Eucommia ulmoides* (Eucommiaceae): implications for conservation, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 173, 775–785.

Zhang, X., Liu, Y., Gu, X., Guo, Z., Li, L., Xiaona, S., Liu S., Zang, Y., Li, Y., Liu, C., Wei, S., 2014, Genetic diversity and population structure of *Rheum tanguticum* (Dahuang) in China, *Chinese Medicine*, 9,26

Zhou, G., Yang, L., Li, C., Xu, W., Chen, G., 2010, Genetic diversity in endangered *Notopterygium forbesii* Boissieu based on intraspecies sequence variation of chloroplast DNA and implications for conservation, *Biochemical Systematics and Ecology*, 38, 911–916.

Zong-Yun, F., Xian-Jun, L., Yi-Zheng, Z., Hong-Qing, L., 2006, "Genetic Diversity Analysis of Tibetan Wild Barley Using SSR", *Acta Genetica Sinica*, 33 (10), 917–928.

EKLER

EK-1 *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait morfolojik karakterler

	Tür isimleri	***Psephellus aucherianus***					***Psephellus sintenisi***	***Psephellus yusufeliensis***	
	Türlerin Numarası	**KE4124**	**KE4384**	**KE4378**	**KE4664**	**KE4690**	**KE4125**	**KE4238**	**KE4334**
		27a	**27b**	**27c**	**27e**	**27f**	**27d**	**28a**	**28b**
1	Demet Oluşturma	1	1	1	1	1	1	1	1
2	Verimsiz Sürgün	0	0	0	0	1	1	1	1
3	Bitki Boyu (cm)	32.75	29.81	30.17	31.33	36.17	27.86	27.5	33.25
4	Dallanma Durumu	1	1	1	1	1	1	1	1
5	Gövde Tipi	0	1	0	1	1	0	0	1
6	Tüy Durumu	0	0	0	0	1	2	0	0
7	Dallanma Yeri	0	0	0	0	0	1	0	0
8	Gövde Çapı (mm)	1.2	1.533	1.1	1.833	2.1	2.371	8	1.55
9	Yaprak Tipi	1	1	1	1	1	0	1	1
10	Yaprak Alt-Üst Rengi	1	1	1	1	1	0	1	1
11	Yaprak Dokusu	1	1	1	1	1	1	1	1
12	Yaprak Tüy Durumu	0	0	0	0	1	2	0	0
13	Yapraklarda Salgı Tüyü	0	1	0	1	0	0	1	1
14	Dizilişi	1	1	1	1	1	1	1	0
15	Parçalanma	1	1	1	1	1	0	1	1
16	Lateral Segment Sayısı	2	1	2	1	0	0	1	2
17	Çiçeklenme Döneminde	1	1	1	1	1	1	0	1
18	Sap Durumu	1	1	1	1	1	1	1	1
19	Orta Damar	0	0	0	0	0	0	1	1
*20	Yaprak Şekli	2	0	2	0	2	1	0	0
21	Yaprak Kenarları	2	2	2	2	2	0	1	0
22	Yaprak Eni (mm)	16.5	23.25	14	17	20	14.25	9	7.22
**23	Yaprak Boyu (mm)	80.75	59.25	36.67	54	40	16.75	46.25	94.12
24	Gövde Yaprakları	1	1	1	1	1	1	1	1
25	Yaprak Şekli	1	0	1	0	1	2	0	3
26	Yaprak Sapı	1	1	1	1	1	1	1	1
27	Yaprak Kenarları	1	1	1	1	0	0	0	0
28	Yaprak Tabanı	1	1	1	1	1	1	1	1
29	Yaprak Ucu	1	1	1	1	0	0	0	1

30	Yaprak Ucu Mukronat veya Spinoz	1	1	1	1	1	1	1	1
31	Yaprakların Kapituluma Yakınlığı	1	1	1	1	1	1	1	1
***32	Yaprak Eni (mm)	4.5	3.333	5.5	1.633	11.23	18	3.3	1.41
***33	Yaprak Boyu (mm)	29.38	41.25	26.75	37.97	31.37	27.29	36	36
34	Kapitula Sayısı	1	1	1	1	1	1	1	1
35	Kapitula Dizilişi	1	1	1	1	1	1	1	1
36	Kapitula Uzunluğu (mm)	22.1	25.08	23.13	23.22	16.7	23.07	16.5	20.68
37	İnvolukrum Şekli	0	0	0	0	1	0	1	1
38	İnvolukrum Tabanı	1	1	1	1	1	1	0	1
39	İnvolukrum Brakte Serisi	1	0	1	1	1	1	0	1
40	İnvolukrum Braktelerinin Medyan Fillarileri	1	1	1	1	1	1	1	1
41	Brakte Fillarileri Tüy Durumu	1	1	1	1	1	1	1	1
42	İnvolukrum Boyu (mm)	12.85	12.78	13.43	12.83	11.38	15.28	9.96	13.54
43	İnvolukrum Eni (mm)	10.12	11.68	11.43	8.38	7.42	12.7	6	6.51
44	Dış ve Orta Fillariler Apendajlarından	1	0	1	0	0	1	0	1
45	Fillariler Boyuna Çizgi	1	1	1	1	0	1	0	0
46	Apendajlar	1	1	1	1	1	1	1	1
47	Apendaj Dokusu	1	1	1	1	1	1	1	1
48	Medyan Apendaj Şekli	1	0	1	0	1	1	1	0
49	Apendaj Tüy Durumu	0	1	0	1	1	0	0	0
50	Apendaj Kenarı	1	1	1	1	1	1	1	1
51	Apendajlarda Laserasyon	1	1	1	1	1	1	1	1
52	Apendajın Herbir Kenarında Sil Sayısı	1	1	1	1	0	0	0	1
53	Apendaj Silleri	1	1	1	1	0	0	0	0
54	Apendaj Rengi	1	1	1	1	0	1	2	2
55	Apendajlar Fillarileri	0	0	0	0	0	1	0	0
56	Apendaj Uçta	1	1	1	1	1	1	1	1
57	Dış Apendaj Eni (mm)	3.7	5.25	4.375	2.333	4.2	4	1.25	3.714
58	Dış Apendaj Boyu (mm)	3.9	3.875	3.625	2.45	4	4.7	1.9	3.285
59	Orta Apendaj Eni (mm)	3.625	4.25	4.125	2.933	2.5	3.5	2.45	3.34
60	Orta Apendaj Boyu (mm)	3	2.875	3.375	2.033	2.625	2.875	4.3	3.24
61	İç Apendaj Eni (mm)	1.5	1	3	1.017	1.5	1.5	1.825	1.54
62	İç Apendaj Boyu (mm)	2.1	2.5	2.667	2.417	2.6	3	1.725	3
63	Dış Fillari Boyu (mm)	2.9	3.5	2.5	1.333	4.2	3.5	1.5	3.875

64	Dış Fillari Eni (mm)	2.2	2.25	1.875	1.183	2.3	2.3	1.5	2
65	Orta Fillari Boyu (mm)	6.3	8.25	6.125	2.633	8.125	7.1	4.5	7.4
66	Orta Fillari Eni (mm)	2.125	2.25	1.875	1.833	2	2.3	2.125	2.5
67	İç Fillari Boyu (mm)	10	10.5	8.5	8.833	9	10	8	9.5
68	İç Fillari Eni (mm)	1.5	1	1	1.2	1.1	1	1.25	1.26
69	Marjinal Çiçekler	1	1	1	1	1	1	1	1
70	Çiçek Rengi	1	1	1	1	1	1	1	1
71	Stigma Anter Tüpünün	1	1	1	1	1	1	1	1
72	Marjinal Çiçek Uzunluğu (mm)	18	24.33	18	16.5	16.38	19.5	15.5	21.5
73	Marjinal Çiçek Lob Uzunluğu (mm)	5.667	7.167	4.75	5.333	7.875	6	5.525	6
74	Merkezi Çiçek Boyu (mm)	15	16.33	17	14.5	14.38	15.5	11.625	15.67
75	Merkezi Çiçek Lob Uzunluğu (mm)	4	6.167	3.5	5.25	4.75	5.4	3.075	4.75
76	Korolla Tüp Uzunluğu (mm)	7.875	11	6.833	8.375	8.25	8	8	8.33
77	Aken Şekli	0	0	0	0	0	1	0	0
78	Aken Rengi	0	0	0	0	0	1	0	0
79	Aken Kenarları	0	0	0	0	0	0	1	0
80	Aken Tüyü	1	1	1	1	1	1	1	1
81	Aken Boyu (mm)	6.75	6	4.5	6	5	5.75	4.45	5.17
82	Aken Eni (mm)	2	2.1	2	2.1	2.25	2.9	1.65	1.5
83	Pappus	1	1	1	1	1	1	1	1
84	Pappus Dış Halka	1	1	1	1	1	1	1	1
85	Pappus İç Halka	1	1	1	1	1	1	1	1
86	Pappus Rengi	0	0	0	0	0	1	0	0
87	Pappus Sırası	0	0	0	0	0	1	1	1
88	Pappus İç Halka Boyu (mm)	2.6	1	1.5	1.1	3.5	1.75	0.55	1
89	Pappus Dış Halka Boyu (mm)	3.125	1.6	0.5	1.75	2.625	3.667	1.55	2

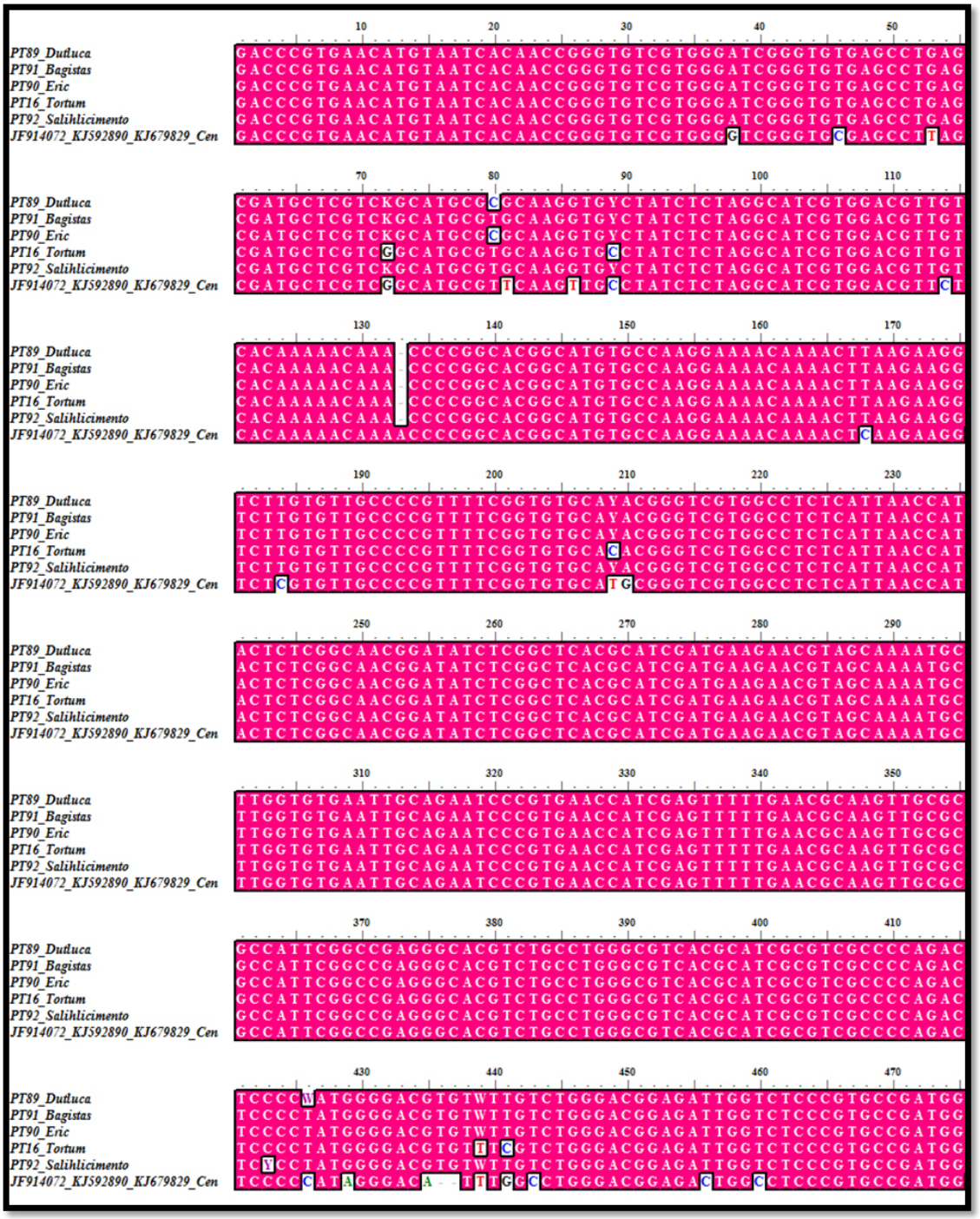
EK-2 *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait spektral ölçüm sonuçları

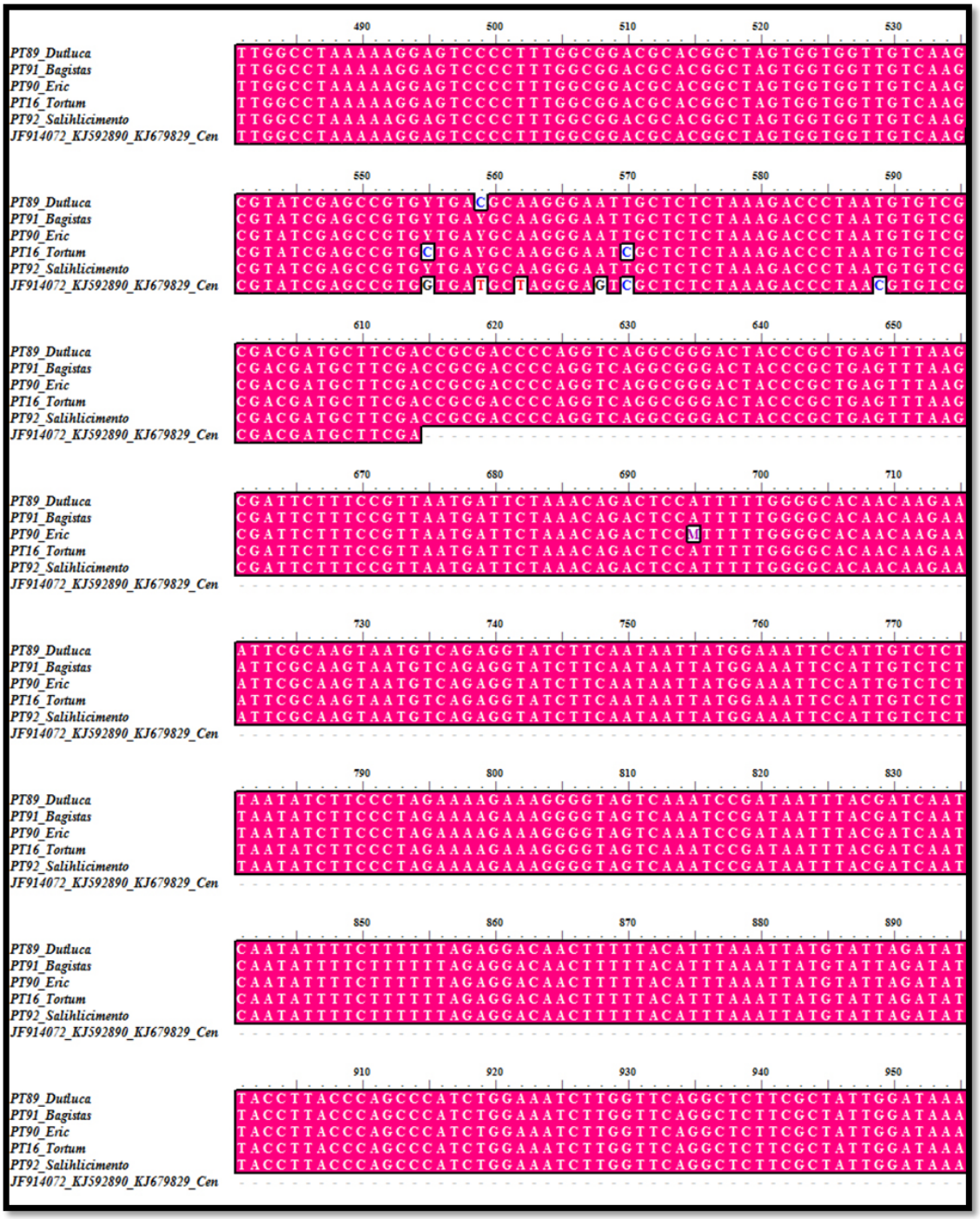
Örnek Numarası	DNA konsantrasyonu (ng/µl)	A260	A280	A260/A280	A260/A230
Paum1	445,9	8,919	4,972	1,79	0,78
Paum2	751,9	15,038	8,250	1,82	0,81
Paum3	432,6	8,652	4,594	1,88	1,03
Paum4	344,7	6,895	3,643	1,89	0,90
Paum5	321,6	6,431	3,258	1,97	1,43
Paum6	596,5	11,931	6,578	1,81	0,64
Paum7	1241,9	24,838	12,591	1,97	1,14
Paum8	324,0	6,480	3,845	1,69	0,76
Paum9	624,6	12,492	7,114	1,76	0,74
Paum10	378,8	7,576	4,680	1,62	0,63
Paum11	812,0	16,241	9,173	1,77	0,68
Paum12	311,0	6,220	3,421	1,82	0,81
Paum13	443,7	8,87	5,136	1,73	0,83
Paum14	375,9	7,519	4,476	1,68	0,70
Paum15	692,7	13,855	8,269	1,68	0,66
Paum16	557,8	11,155	7,032	1,59	0,53
Paum17	537,7	10,754	6,589	1,63	0,73
Paum18	519,9	10,399	5,838	1,78	0,63
Paum19	942,2	18,843	10,546	1,79	0,78
Paum20	470,4	9,408	6,596	1,43	0,65
Paum21	491,2	9,825	5,705	1,72	0,62
Paum22	353,8	7,076	3,888	1,82	0,79
Paum23	191,9	3,839	2,449	1,57	0,60
Paum24	412,5	8,250	4,865	1,70	0,65
Paum25	497,5	9,950	5,272	1,89	0,81
Paum26	247,1	4,941	2,809	1,76	0,71
Paum27	361,9	6,734	4,821	1,40	0,54
Psau1	469,1	9,382	4,743	1,98	1,25
Psau2	196,7	3,933	2,043	1,93	0,95
Psau3	429,6	8,592	4,954	1,73	0,84
Psau4	394,1	7,881	4,004	1,97	1,23
Psau5	460,3	9,206	4,638	1,99	1,34
Psau6	870,1	17,402	8,818	1,97	1,22
Psau7	720,6	14,411	8,338	1,73	0,65
Psau8	353,5	7,070	3,492	2,02	1,27
Psau9	654,0	13,080	7,131	1,83	0,86
Psau10	451,7	9,033	5,275	1,71	0,77
Psau11	471,7	9,435	5,064	1,86	1,08
Psau12	427,6	8,552	4,584	1,87	1,09
Psau13	328,1	6,562	3,366	1,95	1,05
Psau14	528,1	10,562	5,372	1,97	1,21
Psau15	480,9	9,617	5,561	1,73	0,61
Psau16	280,1	5,602	3,077	1,82	0,77
Psau17	497,8	9,955	5,384	1,85	0,84
Psau18	654,5	13,089	7,654	1,71	0,66
Psau19	533,1	10,663	6,328	1,68	0,74
Psau20	625,8	12,517	7,166	1,75	0,66
Psau21	448,4	8,969	4,639	1,93	1,10
Psau22	479,3	9,585	4,869	1,97	1,71
Psau23	483,7	9,673	5,066	1,91	1,18
Psau24	706,8	14,136	7,684	1,84	0,85
Psau25	489,3	9,785	5,608	1,75	0,84
Psau26	452,3	9,046	5,210	1,74	0,96
Psau27	420,9	8,417	4,578	1,84	1,27
Psau28	509,3	10,186	5,287	1,93	1,28
Psau29	298,1	5,962	3,246	1,84	0,97
Psau30	451,2	9,025	4,863	1,86	1,04
Psau31	171,9	3,437	2,038	1,69	0,93
Padu1	215,2	4,303	2,602	1,65	0,77
Padu2	366,9	7,337	4,687	1,57	0,66
Padu3	268,9	5,377	3,181	1,69	0,83
Padu4	218,2	4,365	2,856	1,53	0,64
Padu6	174,5	3,49	2,178	1,6	0,76
Padu7	187,1	3,742	1,928	1,94	0,68

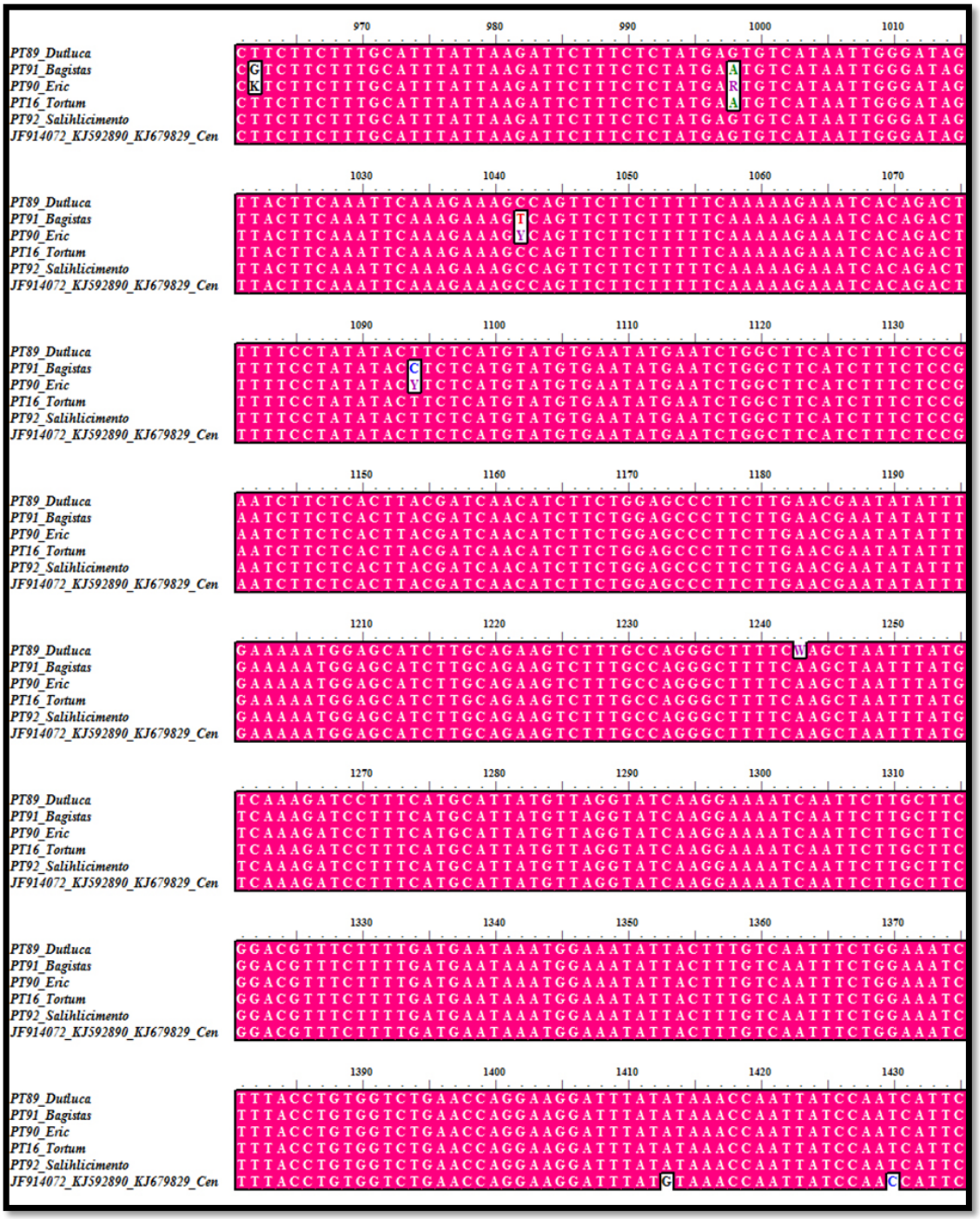
Padu8	185	3,701	2,165	1,71	0,66
Padu9	310,3	6,206	3,57	1,74	0,9
Padu10	151	3,019	1,783	1,69	0,75
Padu11	320,1	6,402	3,517	1,82	0,96
Padu12	410,3	8,206	4,617	1,78	0,98
Padu13	102,3	2,046	1,578	1,3	0,43
Padu14	183,3	3,666	2,403	1,53	0,6
Padu15	327,3	6,546	3,814	1,72	0,87
Padu16	159,7	3,194	1,911	1,67	0,94
Padu17	316,2	6,323	3,583	1,77	0,72
Padu18	227	4,539	2,838	1,6	0,67
Padu19	340,3	6,807	4,472	1,52	0,61
Padu20	294,8	5,897	3,37	1,75	0,77
Padu21	239,6	4,792	2,747	1,74	0,79
Padu22	185,5	3,711	2,479	1,5	0,51
Padu23	317,2	6,343	3,414	1,86	1,26
Padu24	230,8	4,616	2,471	1,87	1,22
Padu25	329,4	6,588	3,605	1,83	1,22
Padu26	332,9	6,658	3,661	1,82	0,89
Padu27	246,9	4,938	3,173	1,56	0,62
Padu28	293,5	5,869	3,177	1,85	0,93
Padu29	213,5	4,269	2,361	1,81	0,83
Padu30	278,1	5,563	3,013	1,85	1,01
Padu31	274,4	5,488	3,377	1,62	0,64
Padu32	64,5	1,289	0,687	1,88	1,98
Padu33	310,4	6,208	3,266	1,9	1,04
Padu34	218,4	4,369	2,352	1,86	0,83
Padu35	265,2	5,304	3,069	1,73	0,8
Padu36	229,4	4,589	2,295	2	1,62
Pser1	301,7	6,034	3,096	1,95	1,34
Pser2	359,2	7,183	3,746	1,92	1,27
Pser3	324,7	6,493	3,846	1,69	0,69
Pser4	289,9	5,797	2,891	2,01	1,33
Pser5	372,3	7,446	5,079	1,47	0,7
Pser6	486,4	9,728	5,648	1,72	0,94
Pser7	572,5	11,451	6,726	1,7	1,08
Pser8	408	8,161	4,712	1,73	0,84
Pser9	435,9	8,719	5,012	1,74	0,97
Pser10	339,4	6,787	3,895	1,74	0,73
Pser11	367,6	7,352	4,754	1,55	0,74
Pser12	182,5	3,649	2,317	1,58	0,71
Pser13	364,5	7,291	4,302	1,69	0,97
Pser14	323,4	6,468	3,539	1,83	0,85
Pser15	250,2	5,004	2,77	1,81	0,71
Pser16	315,3	6,306	3,565	1,77	0,79
Pser16	316,2	6,324	3,543	1,78	0,81
Pser17	253,8	5,075	3,129	1,62	0,77
Pser18	377,7	7,554	5,504	1,37	0,64
Pser19	350,5	7,009	3,943	1,78	0,91
Pser20	307,6	6,153	3,523	1,75	0,68
Pser21	191,7	3,834	2,28	1,68	0,79
Pser22	279,2	5,584	3,241	1,72	0,95
Pser23	167,1	3,342	1,911	1,75	0,65
Pser24	248,1	4,962	3,041	1,63	0,75
Pser25	436,4	8,728	5,025	1,74	0,91
Pser26	308,6	6,172	3,484	1,77	0,89
Pser27	523,4	10,469	5,685	1,84	0,99
Pser28	239,6	4,792	2,369	2,02	1,5
Pser29	257,4	5,147	2,855	1,8	0,92
Pser30	184,6	3,691	2,475	1,49	0,75
Pser31	371,4	7,428	3,832	1,94	1,12
Pser32	349,5	6,989	3,672	1,9	1,11
Pser33	237,4	4,749	2,48	1,92	1,02
Pser34	436,6	8,732	4,721	1,85	1,09
Pser35	248,4	4,969	2,7	1,84	1,12
Pyus1	400,1	8,003	4,799	1,67	0,73
Pyus2	262,1	5,242	3,542	1,48	0,68
Pyus3	707,7	14,154	8,303	1,70	1,04
Pyus4	539,2	10,785	6,670	1,62	0,58
Pyus5	473,5	9,471	6,481	1,46	0,63
Pyus6	606,6	12,132	7,556	1,61	0,80
Pyus7	501,1	10,022	5,954	1,68	0,96

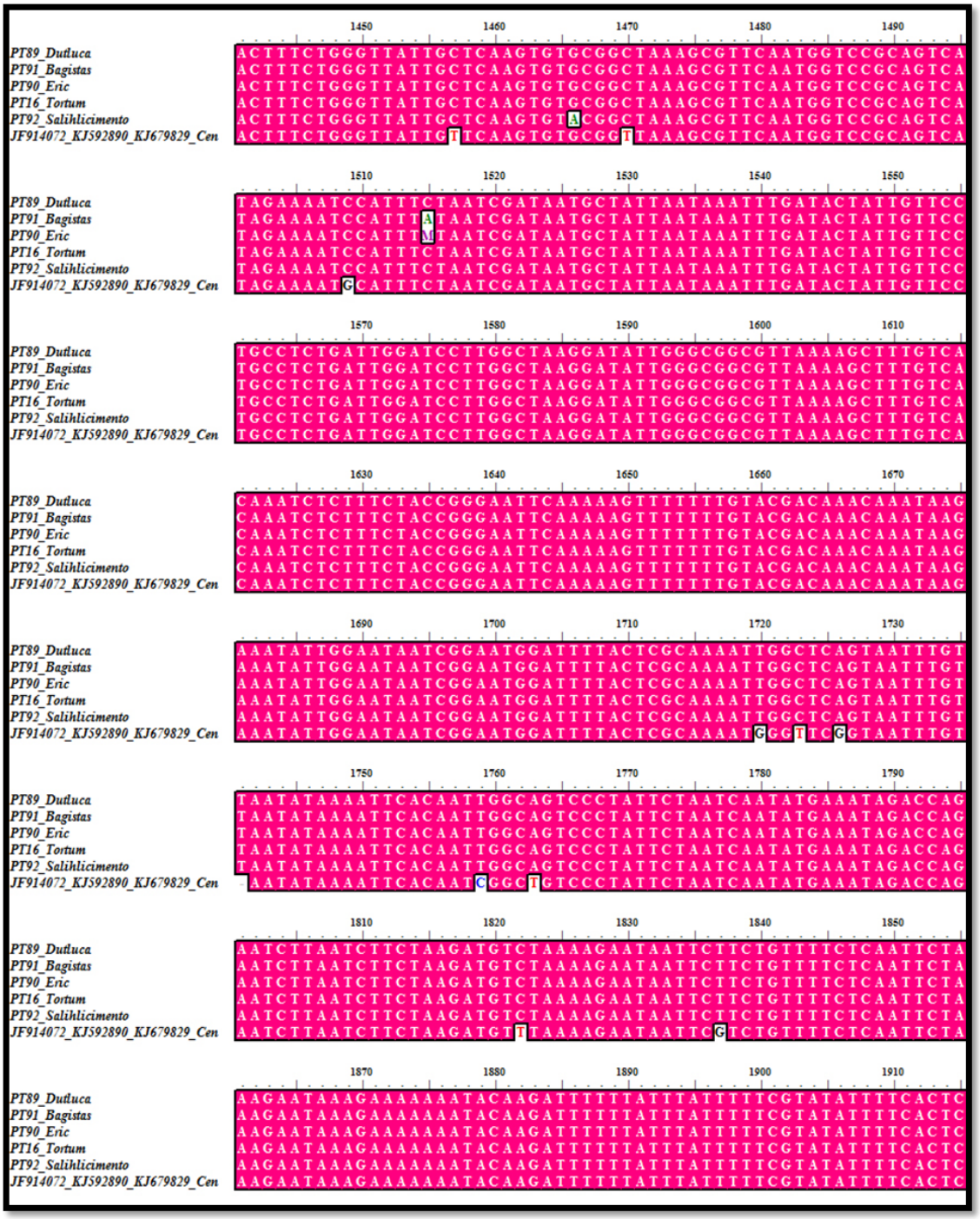
Pyus8	520,4	10,407	5,600	1,86	1,06
Pyus9	861,2	17,224	12,502	1,38	0,52
Pyus10	375,4	7,507	5,020	1,50	0,62
Pyus11	520,8	10,416	6,747	1,54	0,65
Pyus12	376,5	7,530	4,767	1,58	0,64
Pyus13	473,5	9,470	7,039	1,35	0,51
Pyus14	578,5	11,570	7,373	1,57	0,70
Pyus15	372,9	7,457	4,506	1,65	0,84
Pyus16	361,8	7,236	4,793	1,51	0,81
Pyus17	378,4	7,568	4,803	1,58	0,73
Pyus18	246,9	4,937	3,029	1,63	0,88
Pyus19	452,7	9,054	4,824	1,88	1,37
Pyus20	238,9	4,778	2,855	1,67	0,82
Pyus21	518,9	10,378	5,659	1,83	1,27
Pyus22	556,7	11,133	6,565	1,70	1,00
Pyus23	204,5	4,090	2,568	1,59	0,72
Pyus24	403,6	8,071	5,653	1,43	0,55
Pyus25	348,5	6,971	4,212	1,65	0,84
Pyus26	159,6	3,191	1,899	1,68	0,92
Pyus27	358,5	7,170	4,831	1,48	0,68
Pyus28	178,8	3,575	1,920	1,86	1,55
Pyus29	340,5	6,811	4,182	1,63	0,80
Pyus30	333,9	6,678	3,719	1,80	1,25
Pyus31	284,6	5,693	3,938	1,45	0,68
Pyfs1	305,7	6,115	3,425	1,79	1,06
Pyfs2	300,7	6,014	3,380	1,78	1,06
Pyfs3	510,6	10,211	5,763	1,77	1,19
Pyfs4	248,9	4,977	2,767	1,80	1,20
Pyfs5	557,8	11,156	6,835	1,63	0,67
Pyfs6	307,1	6,142	3,402	1,81	0,98
Pyfs7	231,8	4,637	2,997	1,55	0,86
Pyfs8	426,4	8,527	5,429	1,57	0,83
Pyfs9	283,3	5,666	3,337	1,70	0,88
Pyfs10	385,4	7,708	4,740	1,63	0,94
Pyfs11	273,3	5,465	2,913	1,88	1,39
Pyfs12	175,7	3,513	2,220	1,58	0,84
Pyfs13	288,9	5,778	3,752	1,54	0,89
Pyfs14	215,8	4,316	2,883	1,50	0,70
Pyfs15	170,9	3,418	2,156	1,59	0,84
Pyfs16	301,3	6,027	3,506	1,72	1,30
Pyfs17	199,6	3,991	2,482	1,61	0,79
Pyfs18	86,5	1,730	1,023	1,69	1,22
Pyfs19	210,5	4,210	2,538	1,66	1,10
Pyfs20	314,7	6,293	3,597	1,75	1,15
Pyfs21	267,8	5,356	2,903	1,84	1,12
Pyfs22	213,9	4,279	2,337	1,83	1,06
Pyfs23	276,1	5,521	3,302	1,67	0,87
Pyfs24	185,1	3,701	2,140	1,73	0,96
Pyfs25	277,0	5,540	3,068	1,81	1,17
Pyfs26	271,5	5,430	3,035	1,79	1,43
Pyfs27	372,1	7,443	4,987	1,49	0,75
Pyfs28	199,0	3,980	2,469	1,61	0,93
Pyfs29	252,8	5,056	3,470	1,6	0,63
Pyfs30	434,4	8,688	4,764	1,82	1,21
Pyfs31	530,7	10,614	5,938	1,79	1,44
Pyfs32	316,7	6,335	3,969	1,60	0,99

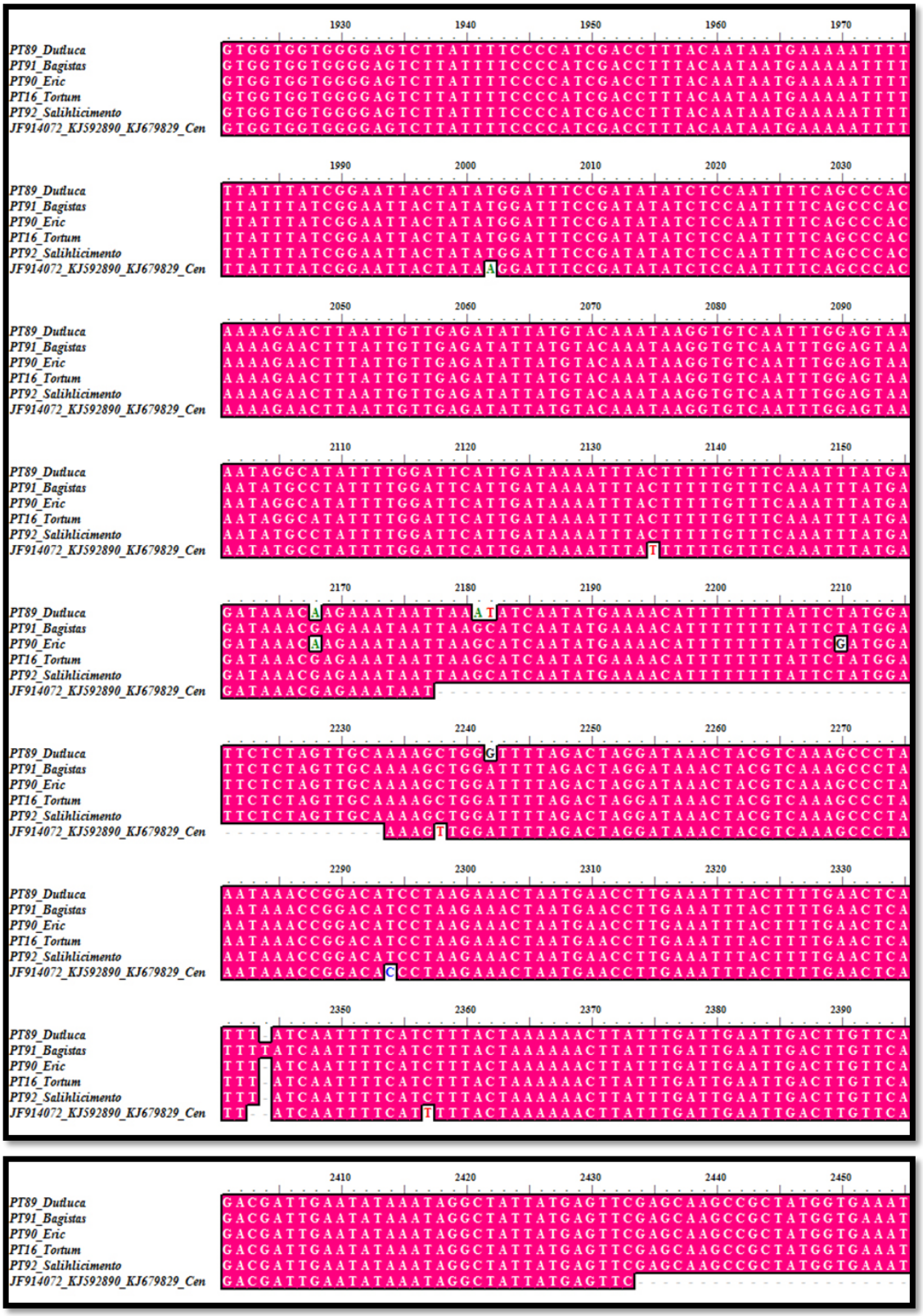
EK-3 *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba türlerinin Bioedit ile hizalanmış ITS+ *rpl32-trnL*$^{(UAG)}$ +*matK* kombine dizileri



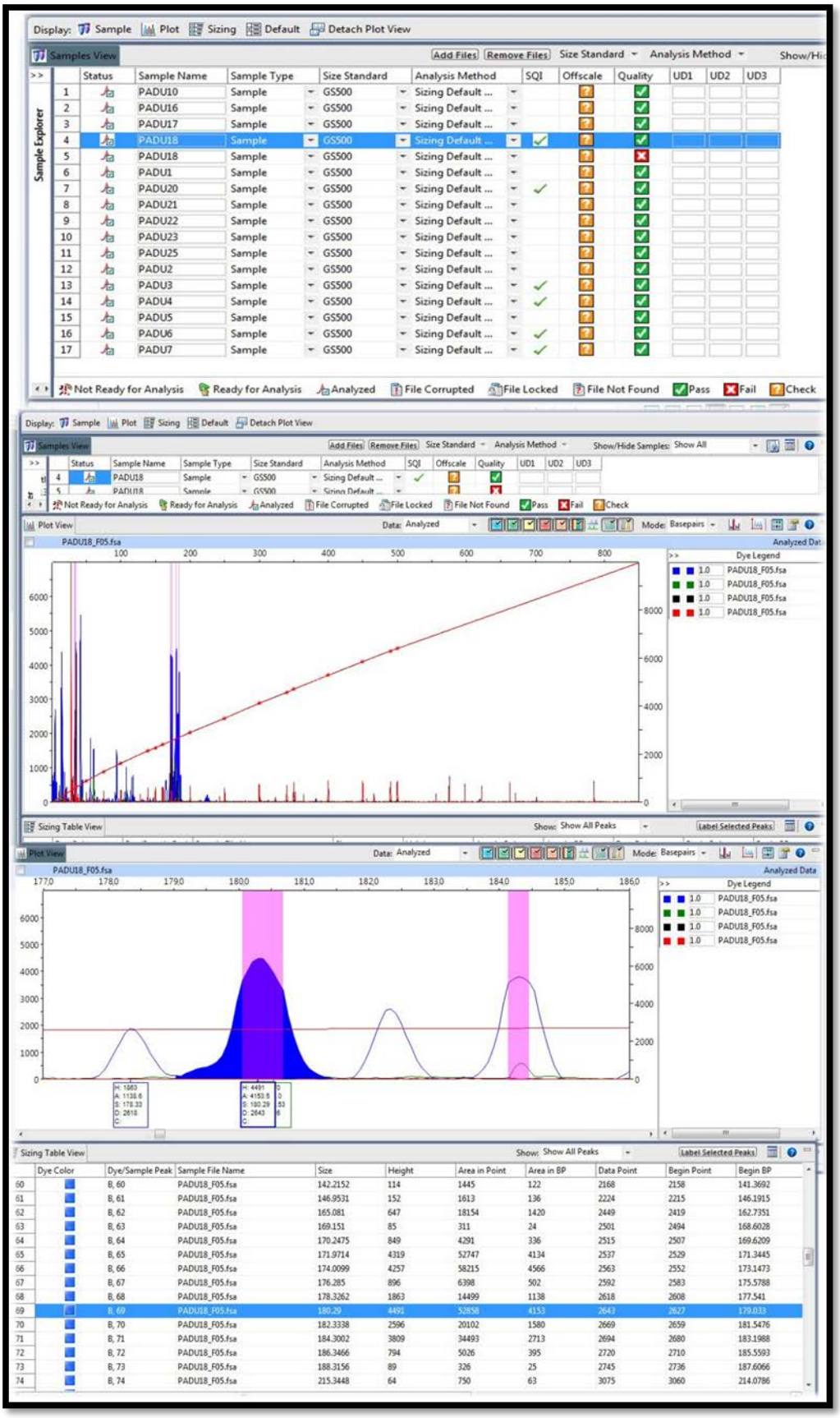

490 500 510 520 530
PT89_Dutluca TTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAG
PT91_Bagistas TTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAG
PT90_Eric TTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAG
PT16_Tortum TTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAG
PT92_Salihlicimento TTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAG
550 560 570 580 590
PT89_Dutluca CGTATCGAGCCGTGYTGACGCAAGGGAATTGCTCTCTAAAGACCCTAATGTGTCG
PT91_Bagistas CGTATCGAGCCGTGYTGAYGCAAGGGAATTGCTCTCTAAAGACCCTAATGTGTCG
PT90_Eric CGTATCGAGCCGTGYTGAYGCAAGGGAATTGCTCTCTAAAGACCCTAATGTGTCG
PT16_Tortum CGTATCGAGCCGTGCTGAYGCAAGGGAATCGCTCTCTAAAGACCCTAATGTGTCG
PT92_Salihlicimento CGTATCGAGCCGTGYTGAYGCAAGGGAATTGCTCTCTAAAGACCCTAATGTGTCG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen CGTATCGAGCCGTGGTGATGCTAGGGAGTCGCTCTCTAAAGACCCTAACGTGTCG
610 620 630 640 650
PT89_Dutluca CGACGATGCTTCGACCGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAG
PT91_Bagistas CGACGATGCTTCGACCGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAG
PT90_Eric CGACGATGCTTCGACCGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAG
PT16_Tortum CGACGATGCTTCGACCGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAG
PT92_Salihlicimento CGACGATGCTTCGACCGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen CGACGATGCTTCGA
670 680 690 700 710
PT89_Dutluca CGATTCTTTCCGTTAATGATTCTAAACAGACTCCATTTTTGGGGCACAACAAGAA
PT91_Bagistas CGATTCTTTCCGTTAATGATTCTAAACAGACTCCATTTTTGGGGCACAACAAGAA
PT90_Eric CGATTCTTTCCGTTAATGATTCTAAACAGACTCCMTTTTTGGGGCACAACAAGAA
PT16_Tortum CGATTCTTTCCGTTAATGATTCTAAACAGACTCCATTTTTGGGGCACAACAAGAA
PT92_Salihlicimento CGATTCTTTCCGTTAATGATTCTAAACAGACTCCATTTTTGGGGCACAACAAGAA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen
730 740 750 760 770
PT89_Dutluca ATTCGCAAGTAATGTCAGAGGTATCTTCAATAATTATGGAAATTCCATTGTCTCT
PT91_Bagistas ATTCGCAAGTAATGTCAGAGGTATCTTCAATAATTATGGAAATTCCATTGTCTCT
PT90_Eric ATTCGCAAGTAATGTCAGAGGTATCTTCAATAATTATGGAAATTCCATTGTCTCT
PT16_Tortum ATTCGCAAGTAATGTCAGAGGTATCTTCAATAATTATGGAAATTCCATTGTCTCT
PT92_Salihlicimento ATTCGCAAGTAATGTCAGAGGTATCTTCAATAATTATGGAAATTCCATTGTCTCT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen
790 800 810 820 830
PT89_Dutluca TAATATCTTCCCTAGAAAAGAAAGGGGTAGTCAAATCCGATAATTTACGATCAAT
PT91_Bagistas TAATATCTTCCCTAGAAAAGAAAGGGGTAGTCAAATCCGATAATTTACGATCAAT
PT90_Eric TAATATCTTCCCTAGAAAAGAAAGGGGTAGTCAAATCCGATAATTTACGATCAAT
PT16_Tortum TAATATCTTCCCTAGAAAAGAAAGGGGTAGTCAAATCCGATAATTTACGATCAAT
PT92_Salihlicimento TAATATCTTCCCTAGAAAAGAAAGGGGTAGTCAAATCCGATAATTTACGATCAAT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen
850 860 870 880 890
PT89_Dutluca CAATATTTTCTTTTTTAGAGGACAACTTTTTACATTTAAATTATGTATTAGATAT
PT91_Bagistas CAATATTTTCTTTTTTAGAGGACAACTTTTTACATTTAAATTATGTATTAGATAT
PT90_Eric CAATATTTTCTTTTTTAGAGGACAACTTTTTACATTTAAATTATGTATTAGATAT
PT16_Tortum CAATATTTTCTTTTTTAGAGGACAACTTTTTACATTTAAATTATGTATTAGATAT
PT92_Salihlicimento CAATATTTTCTTTTTTAGAGGACAACTTTTTACATTTAAATTATGTATTAGATAT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen
910 920 930 940 950
PT89_Dutluca TACCTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTCGCTATTGGATAAA
PT91_Bagistas TACCTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTCGCTATTGGATAAA
PT90_Eric TACCTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTCGCTATTGGATAAA
PT16_Tortum TACCTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTCGCTATTGGATAAA
PT92_Salihlicimento TACCTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTCGCTATTGGATAAA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen


970 980 990 1000 1010
PT89_Dutluca CTTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGAGTGTCATAATTGGGATAG
PT91_Bagistas CGTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGAATGTCATAATTGGGATAG
PT90_Eric CKTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGARTGTCATAATTGGGATAG
PT16_Tortum CTTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGAATGTCATAATTGGGATAG
PT92_Salihlicimento CTTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGAGTGTCATAATTGGGATAG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen CTTCTTCTTTGCATTTATTAAGATTCTTTCTCTATGAGTGTCATAATTGGGATAG
1030 1040 1050 1060 1070
PT89_Dutluca TTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACT
PT91_Bagistas TTACTTCAAATTCAAAGAAAGTCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACT
PT90_Eric TTACTTCAAATTCAAAGAAAGYCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACT
PT16_Tortum TTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACT
PT92_Salihlicimento TTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACT
1090 1100 1110 1120 1130
PT89_Dutluca TTTTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCG
PT91_Bagistas TTTTCCTATATACCTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCG
PT90_Eric TTTTCCTATATACYTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCG
PT16_Tortum TTTTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCG
PT92_Salihlicimento TTTTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TTTTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCG
1150 1160 1170 1180 1190
PT89_Dutluca AATCTTCTCACTTACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTT
PT91_Bagistas AATCTTCTCACTTACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTT
PT90_Eric AATCTTCTCACTTACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTT
PT16_Tortum AATCTTCTCACTTACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTT
PT92_Salihlicimento AATCTTCTCACTTACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AATCTTCTCACTTACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTT
1210 1220 1230 1240 1250
PT89_Dutluca GAAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCWAGCTAATTTATG
PT91_Bagistas GAAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATG
PT90_Eric GAAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATG
PT16_Tortum GAAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATG
PT92_Salihlicimento GAAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen GAAAAATGGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATG
1270 1280 1290 1300 1310
PT89_Dutluca TCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAATTCTTGCTTC
PT91_Bagistas TCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAATTCTTGCTTC
PT90_Eric TCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAATTCTTGCTTC
PT16_Tortum TCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAATTCTTGCTTC
PT92_Salihlicimento TCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAATTCTTGCTTC
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAATTCTTGCTTC
1330 1340 1350 1360 1370
PT89_Dutluca GGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTCTGGAAATC
PT91_Bagistas GGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTCTGGAAATC
PT90_Eric GGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTCTGGAAATC
PT16_Tortum GGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTCTGGAAATC
PT92_Salihlicimento GGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTCTGGAAATC
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen GGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTCTGGAAATC
1390 1400 1410 1420 1430
PT89_Dutluca TTTACCTGTGGTCTGAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCATTC
PT91_Bagistas TTTACCTGTGGTCTGAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCATTC
PT90_Eric TTTACCTGTGGTCTGAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCATTC
PT16_Tortum TTTACCTGTGGTCTGAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCATTC
PT92_Salihlicimento TTTACCTGTGGTCTGAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCATTC
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TTTACCTGTGGTCTGAACCAGGAAGGATTTATGTAAACCAATTATCCAACCATTC

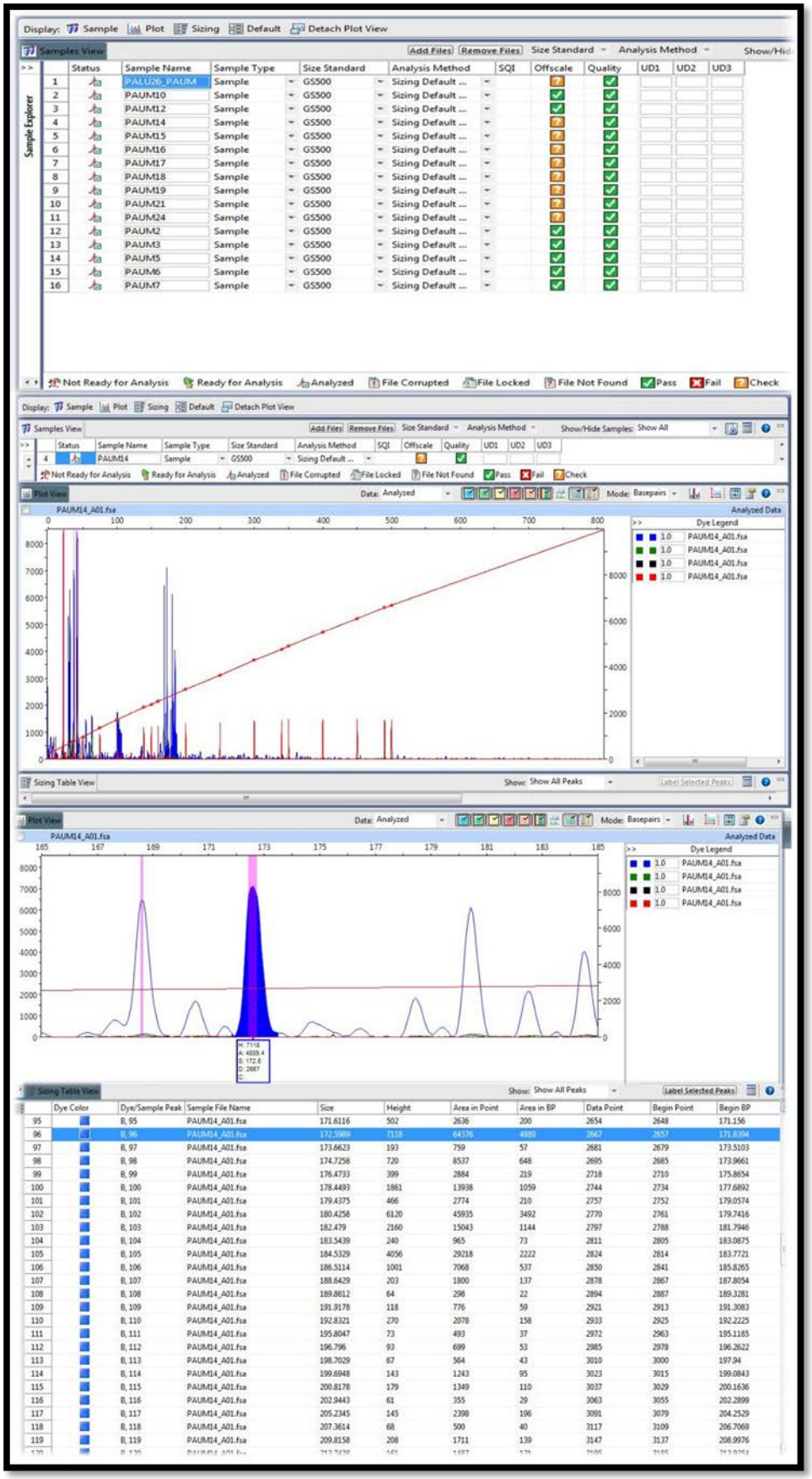

1450 1460 1470 1480 1490
PT89_Dutluca ACTTTCTGGGTTATTGCTCAAGTGTGCGGCTAAAGCGTTCAATGGTCCGCAGTCA
PT91_Bagistas ACTTTCTGGGTTATTGCTCAAGTGTGCGGCTAAAGCGTTCAATGGTCCGCAGTCA
PT90_Eric ACTTTCTGGGTTATTGCTCAAGTGTGCGGCTAAAGCGTTCAATGGTCCGCAGTCA
PT16_Tortum ACTTTCTGGGTTATTGCTCAAGTGTGCGGCTAAAGCGTTCAATGGTCCGCAGTCA
PT92_Salihlicimento ACTTTCTGGGTTATTGCTCAAGTGTACGGCTAAAGCGTTCAATGGTCCGCAGTCA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen ACTTTCTGGGTTATTGTTCAAGTGTGCGGTTAAAGCGTTCAATGGTCCGCAGTCA
1510 1520 1530 1540 1550
PT89_Dutluca TAGAAAATCCATTTCTAATCGATAATGCTATTAATAAATTTGATACTATTGTTCC
PT91_Bagistas TAGAAAATCCATTTATAATCGATAATGCTATTAATAAATTTGATACTATTGTTCC
PT90_Eric TAGAAAATCCATTTMTAATCGATAATGCTATTAATAAATTTGATACTATTGTTCC
PT16_Tortum TAGAAAATCCATTTCTAATCGATAATGCTATTAATAAATTTGATACTATTGTTCC
PT92_Salihlicimento TAGAAAATCCATTTCTAATCGATAATGCTATTAATAAATTTGATACTATTGTTCC
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TAGAAAATGCATTTCTAATCGATAATGCTATTAATAAATTTGATACTATTGTTCC
1570 1580 1590 1600 1610
PT89_Dutluca TGCCTCTGATTGGATCCTTGGCTAAGGATATTGGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCA
PT91_Bagistas TGCCTCTGATTGGATCCTTGGCTAAGGATATTGGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCA
PT90_Eric TGCCTCTGATTGGATCCTTGGCTAAGGATATTGGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCA
PT16_Tortum TGCCTCTGATTGGATCCTTGGCTAAGGATATTGGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCA
PT92_Salihlicimento TGCCTCTGATTGGATCCTTGGCTAAGGATATTGGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TGCCTCTGATTGGATCCTTGGCTAAGGATATTGGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCA
1630 1640 1650 1660 1670
PT89_Dutluca CAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACGACAAACAAATAAG
PT91_Bagistas CAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACGACAAACAAATAAG
PT90_Eric CAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACGACAAACAAATAAG
PT16_Tortum CAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACGACAAACAAATAAG
PT92_Salihlicimento CAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACGACAAACAAATAAG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen CAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACGACAAACAAATAAG
1690 1700 1710 1720 1730
PT89_Dutluca AAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATTGGCTCAGTAATTTGT
PT91_Bagistas AAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATTGGCTCAGTAATTTGT
PT90_Eric AAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATTGGCTCAGTAATTTGT
PT16_Tortum AAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATTGGCTCAGTAATTTGT
PT92_Salihlicimento AAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATTGGCTCAGTAATTTGT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATGGGTTCGGTAATTTGT
1750 1760 1770 1780 1790
PT89_Dutluca TAATATAAAATTCACAATTGGCAGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAG
PT91_Bagistas TAATATAAAATTCACAATTGGCAGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAG
PT90_Eric TAATATAAAATTCACAATTGGCAGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAG
PT16_Tortum TAATATAAAATTCACAATTGGCAGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAG
PT92_Salihlicimento TAATATAAAATTCACAATTGGCAGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAG
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AATATAAAATTCACAATCGGCTGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAG
1810 1820 1830 1840 1850
PT89_Dutluca AATCTTAATCTTCTAAGATGTCTAAAAGAATAATTCTTCTGTTTTCTCAATTCTA
PT91_Bagistas AATCTTAATCTTCTAAGATGTCTAAAAGAATAATTCTTCTGTTTTCTCAATTCTA
PT90_Eric AATCTTAATCTTCTAAGATGTCTAAAAGAATAATTCTTCTGTTTTCTCAATTCTA
PT16_Tortum AATCTTAATCTTCTAAGATGTCTAAAAGAATAATTCTTCTGTTTTCTCAATTCTA
PT92_Salihlicimento AATCTTAATCTTCTAAGATGTCTAAAAGAATAATTCTTCTGTTTTCTCAATTCTA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AATCTTAATCTTCTAAGATGTTTAAAAGAATAATTCGTCTGTTTTCTCAATTCTA
1870 1880 1890 1900 1910
PT89_Dutluca AAGAATAAAGAAAAAAATACAAGATTTTTTATTTATTTTTCGTATATTTTCACTC
PT91_Bagistas AAGAATAAAGAAAAAAATACAAGATTTTTTATTTATTTTTCGTATATTTTCACTC
PT90_Eric AAGAATAAAGAAAAAAATACAAGATTTTTTATTTATTTTTCGTATATTTTCACTC
PT16_Tortum AAGAATAAAGAAAAAAATACAAGATTTTTTATTTATTTTTCGTATATTTTCACTC
PT92_Salihlicimento AAGAATAAAGAAAAAAATACAAGATTTTTTATTTATTTTTCGTATATTTTCACTC
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AAGAATAAAGAAAAAAATACAAGATTTTTTATTTATTTTTCGTATATTTTCACTC


1930 1940 1950 1960 1970
PT89_Dutluca GTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCCCATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTT
PT91_Bagistas GTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCCCATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTT
PT90_Eric GTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCCCATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTT
PT16_Tortum GTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCCCATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTT
PT92_Salihlicimento GTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCCCATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen GTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCCCATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTT
1990 2000 2010 2020 2030
PT89_Dutluca TTATTTATCGGAATTACTATATGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTCAGCCCAC
PT91_Bagistas TTATTTATCGGAATTACTATATGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTCAGCCCAC
PT90_Eric TTATTTATCGGAATTACTATATGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTCAGCCCAC
PT16_Tortum TTATTTATCGGAATTACTATATGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTCAGCCCAC
PT92_Salihlicimento TTATTTATCGGAATTACTATATGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTCAGCCCAC
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TTATTTATCGGAATTACTATAAGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTCAGCCCAC
2050 2060 2070 2080 2090
PT89_Dutluca AAAAGAACTTAATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAA
PT91_Bagistas AAAAGAACTTTATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAA
PT90_Eric AAAAGAACTTTATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAA
PT16_Tortum AAAAGAACTTTATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAA
PT92_Salihlicimento AAAAGAACTTAATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AAAAGAACTTAATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAA
2110 2120 2130 2140 2150
PT89_Dutluca AATAGGCATATTTTGGATTCATTGATAAAATTTACTTTTTGTTTCAAATTTATGA
PT91_Bagistas AATATGCCTATTTTGGATTCATTGATAAAATTTACTTTTTGTTTCAAATTTATGA
PT90_Eric AATAGGCATATTTTGGATTCATTGATAAAATTTACTTTTTGTTTCAAATTTATGA
PT16_Tortum AATAGGCATATTTTGGATTCATTGATAAAATTTACTTTTTGTTTCAAATTTATGA
PT92_Salihlicimento AATATGCCTATTTTGGATTCATTGATAAAATTTACTTTTTGTTTCAAATTTATGA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AATATGCCTATTTTGGATTCATTGATAAAATTTATTTTTTGTTTCAAATTTATGA
2170 2180 2190 2200 2210
PT89_Dutluca GATAAACAAGAAATAATTAAATATCAATATGAAAACATTTTTTTTTATTCTATGGA
PT91_Bagistas GATAAACGAGAAATAATTAAGCATCAATATGAAAACATTTTTTTTATTCTATGGA
PT90_Eric GATAAACAAGAAATAATTAAGCATCAATATGAAAACATTTTTTTTATTCGATGGA
PT16_Tortum GATAAACGAGAAATAATTAAGCATCAATATGAAAACATTTTTTTTATTCTATGGA
PT92_Salihlicimento GATAAACGAGAAATAATTAAGCATCAATATGAAAACATTTTTTTTATTCTATGGA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen GATAAACGAGAAATAAT
2230 2240 2250 2260 2270
PT89_Dutluca TTCTCTAGTTGCAAAAGCTGGGTTTTAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTA
PT91_Bagistas TTCTCTAGTTGCAAAAGCTGGATTTTAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTA
PT90_Eric TTCTCTAGTTGCAAAAGCTGGATTTTAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTA
PT16_Tortum TTCTCTAGTTGCAAAAGCTGGATTTTAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTA
PT92_Salihlicimento TTCTCTAGTTGCAAAAGCTGGATTTTAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AAAGTTGGATTTTAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTA
2290 2300 2310 2320 2330
PT89_Dutluca AATAAACCGGACATCCTAAGAAACTAATGAACCTTGAAATTTACTTTTGAACTCA
PT91_Bagistas AATAAACCGGACATCCTAAGAAACTAATGAACCTTGAAATTTACTTTTGAACTCA
PT90_Eric AATAAACCGGACATCCTAAGAAACTAATGAACCTTGAAATTTACTTTTGAACTCA
PT16_Tortum AATAAACCGGACATCCTAAGAAACTAATGAACCTTGAAATTTACTTTTGAACTCA
PT92_Salihlicimento AATAAACCGGACATCCTAAGAAACTAATGAACCTTGAAATTTACTTTTGAACTCA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen AATAAACCGGACACCCTAAGAAACTAATGAACCTTGAAATTTACTTTTGAACTCA
2350 2360 2370 2380 2390
PT89_Dutluca TTTATCAATTTTCATCTTTACTAAAAAACTTATTTGATTGAATTGACTTGTTCA
PT91_Bagistas TTTTATCAATTTTCATCTTTACTAAAAAACTTATTTGATTGAATTGACTTGTTCA
PT90_Eric TTTATCAATTTTCATCTTTACTAAAAAACTTATTTGATTGAATTGACTTGTTCA
PT16_Tortum TTTATCAATTTTCATCTTTACTAAAAAACTTATTTGATTGAATTGACTTGTTCA
PT92_Salihlicimento TTTATCAATTTTCATCTTTACTAAAAAACTTATTTGATTGAATTGACTTGTTCA
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen TTATCAATTTTCATTTTTACTAAAAAACTTATTTGATTGAATTGACTTGTTCA
2410 2420 2430 2440 2450
PT89_Dutluca GACGATTGAATATAAATAGGCTATTATGAGTTCGAGCAAGCCGCTATGGTGAAAT
PT91_Bagistas GACGATTGAATATAAATAGGCTATTATGAGTTCGAGCAAGCCGCTATGGTGAAAT
PT90_Eric GACGATTGAATATAAATAGGCTATTATGAGTTCGAGCAAGCCGCTATGGTGAAAT
PT16_Tortum GACGATTGAATATAAATAGGCTATTATGAGTTCGAGCAAGCCGCTATGGTGAAAT
PT92_Salihlicimento GACGATTGAATATAAATAGGCTATTATGAGTTCGAGCAAGCCGCTATGGTGAAAT
JF914072_KJ592890_KJ679829_Cen GACGATTGAATATAAATAGGCTATTATGAGTTC

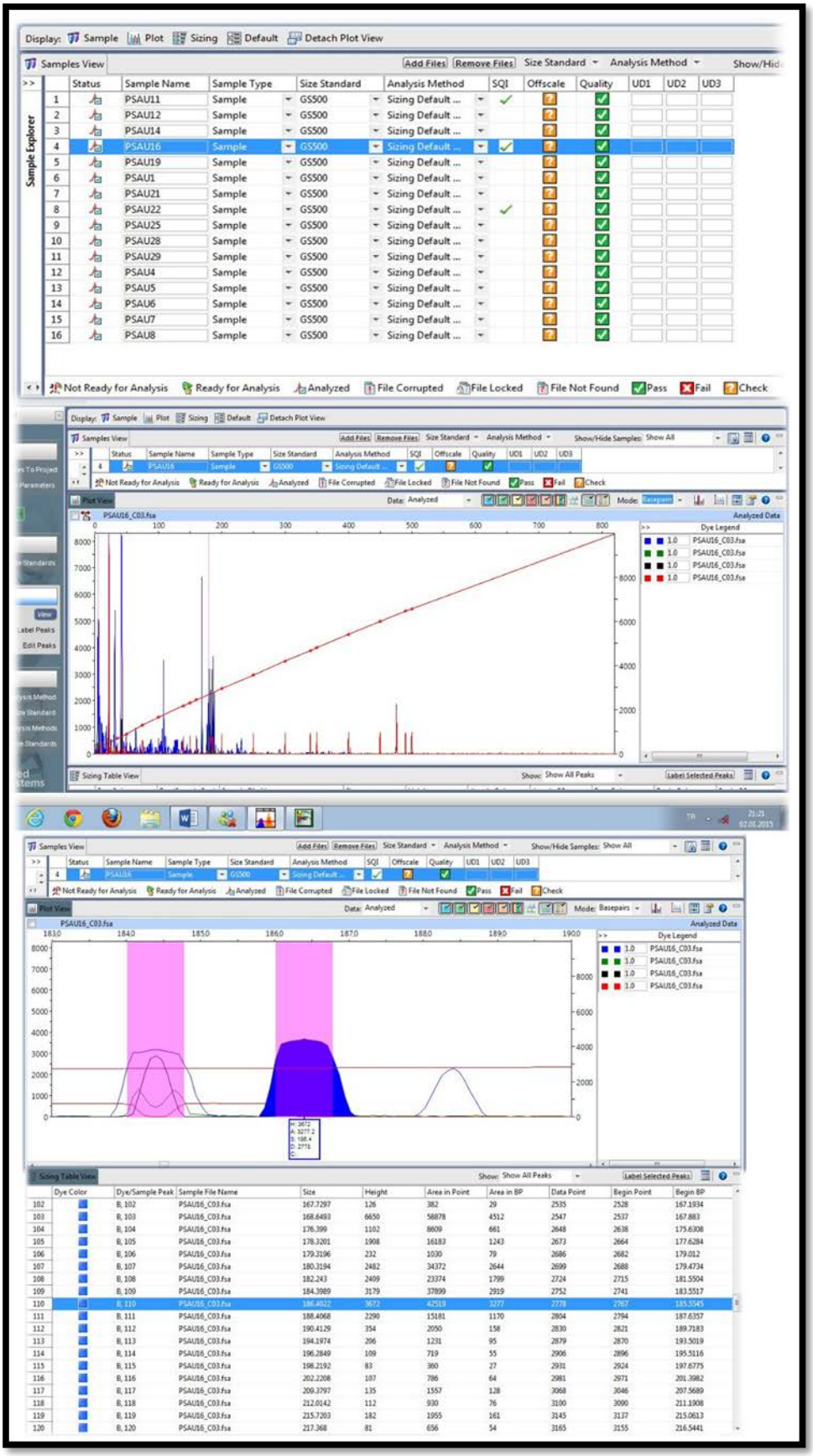
EK-4 *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait mikrosatellit verilerine ait pikler



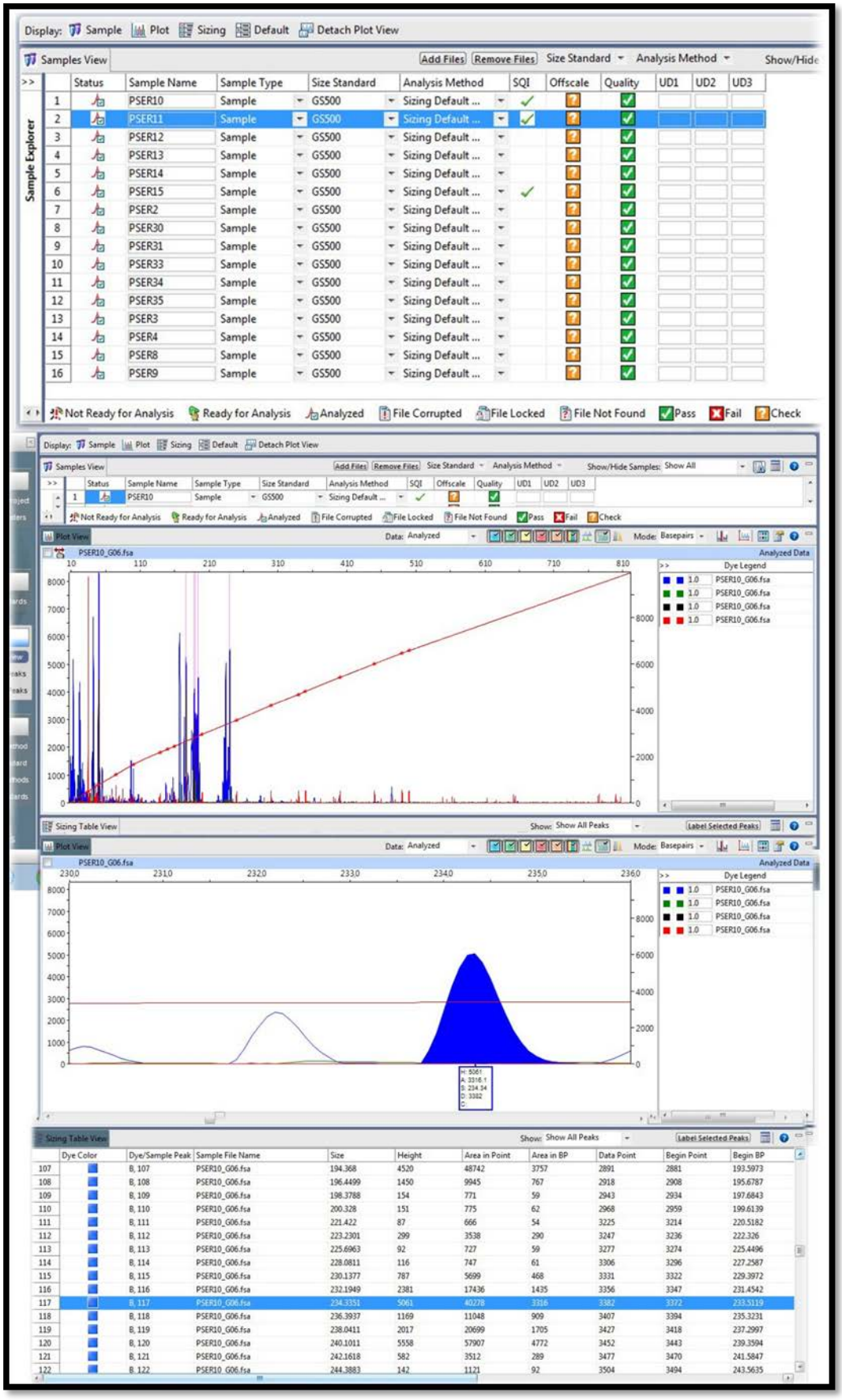
Psephellus aucherianus (Dutluca)



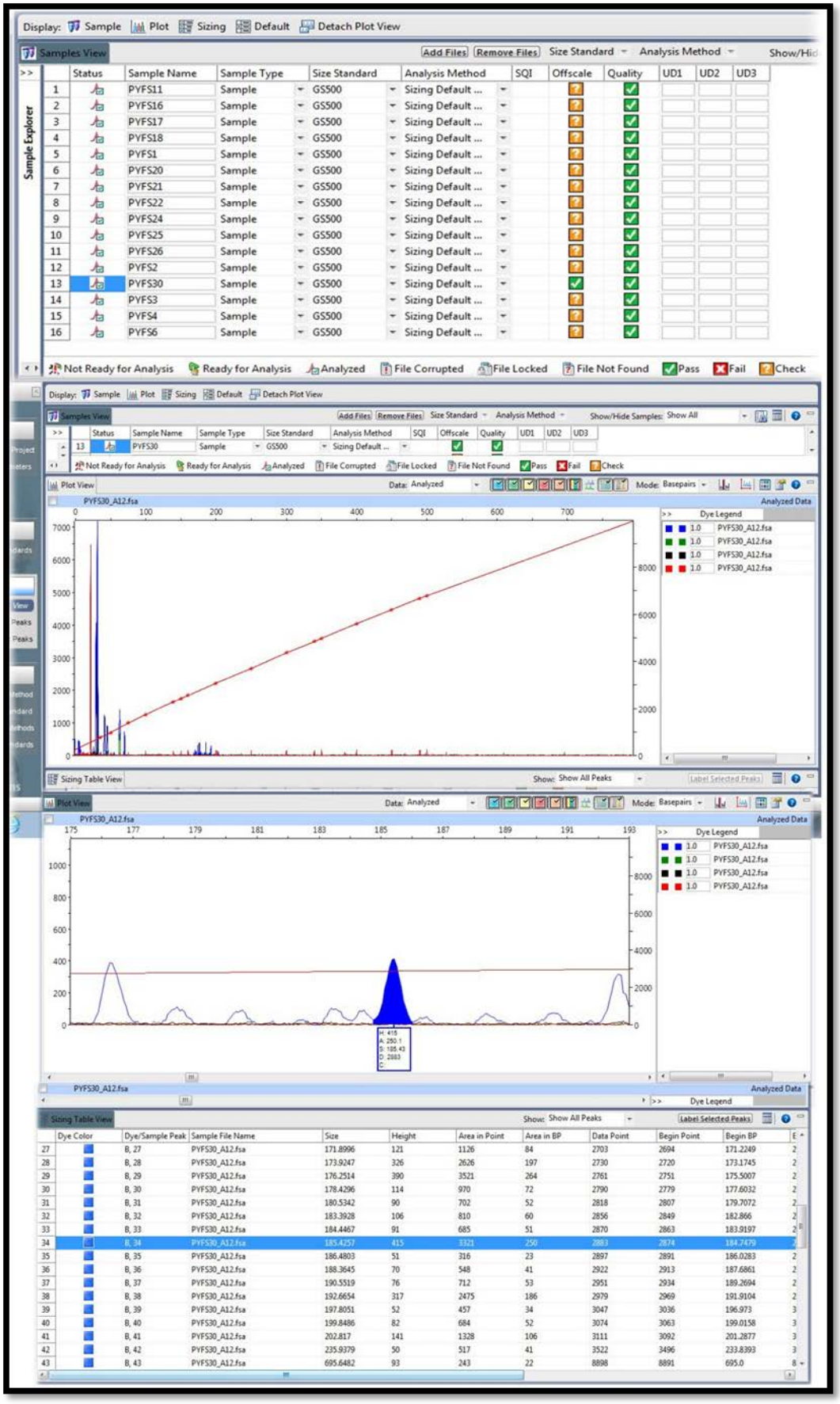
Psephellus sintenisii



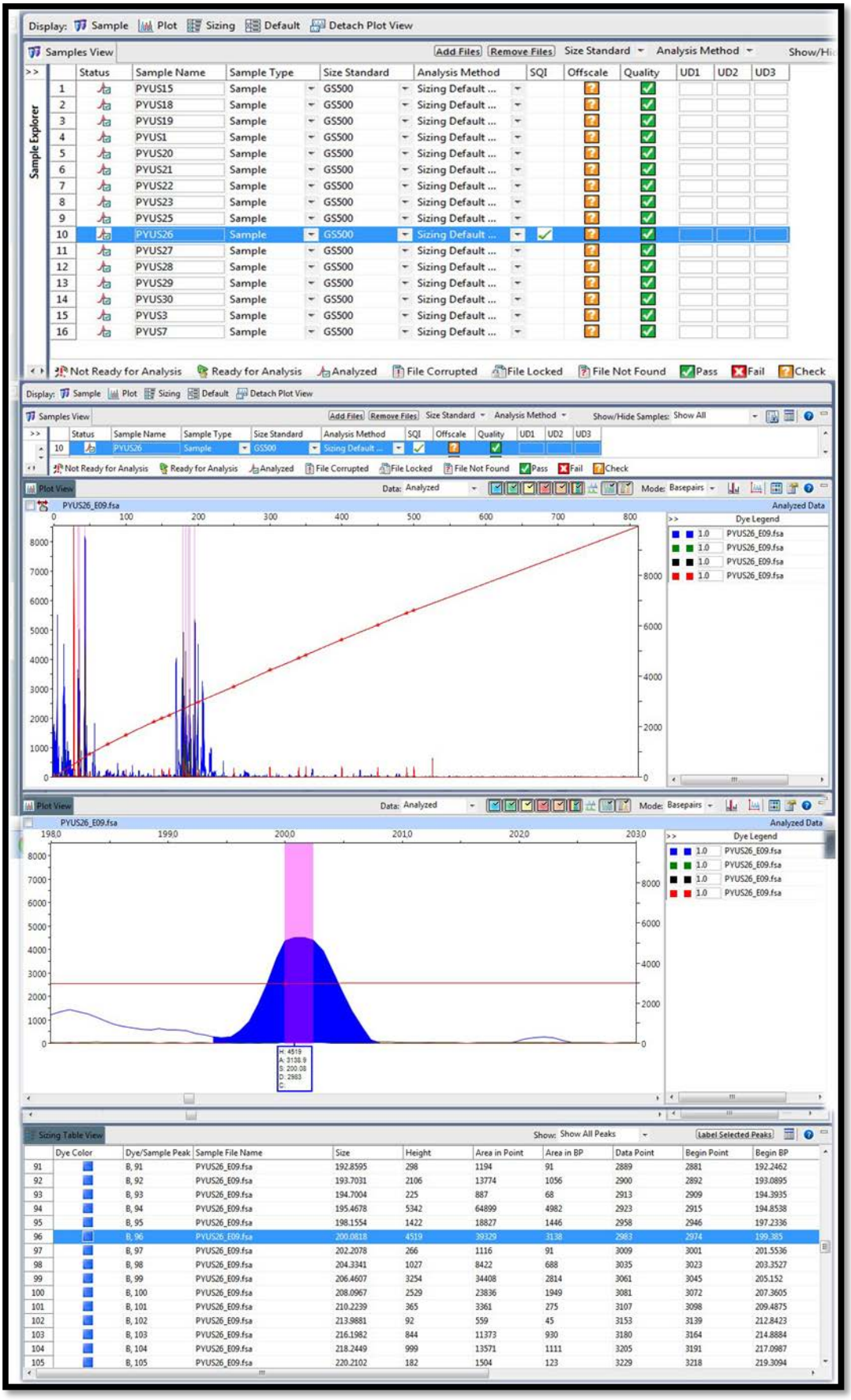
Psephellus aucherianus (Bağıştaş)



Psephellus aucherianus (Eriç)



Psephellus yusufeliensis (Tortum)



Psephellus yusufeliensis (Yusufeli)

EK-5 *Psephellus aucherianus* ve yakın akraba taksonların populasyonlarına ait mikrosatellit verilerinden elde edilen allel ve allel frekansları

13D10 lokusu						
Her bir populasyon için allel frekansı(her popluasyonun 16 bireyi bulunmaktadır)						
Lokus	Populasyonlar					
	13D10	PAUM	PSER	PSAU	PADU	PYFS PYUS
(N:allel sayısı)						
165	0.0000	0.0625	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
166	0.0000	0.0625	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
167	0.0000	0.0625	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
168	0.1875	0.0313	0.1563	0.0000	0.0625	0.0313
169	0.0313	0.0313	0.0000	0.0000	0.0000	0.0625
170	0.0938	0.0625	0.0625	0.0000	0.0000	0.0625
171	0.0000	0.0000	0.0000	0.0625	0.0000	0.0313
172	0.1250	0.0313	0.1563	0.0313	0.0000	0.0625
173	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2188	0.0000
174	0.1250	0.0313	0.0313	0.1563	0.0313	0.0000
176	0.1875	0.0938	0.0000	0.1563	0.0313	0.0000
177	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0000
178	0.0625	0.0313	0.0938	0.0313	0.0313	0.0000
179	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1875
180	0.0938	0.0000	0.0938	0.1875	0.0313	0.0000
181	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313
182	0.0313	0.0000	0.0938	0.0313	0.0000	0.0000
183	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313
184	0.0313	0.0000	0.1250	0.0000	0.0000	0.0000
185	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0625	0.0313
186	0.0000	0.0625	0.0313	0.0938	0.0313	0.0000
188	0.0313	0.1875	0.0000	0.0625	0.0000	0.0000
190	0.0000	0.0625	0.0625	0.0313	0.0313	0.0000
192	0.0000	0.0938	0.0313	0.0313	0.0313	0.0313
194	0.0000	0.0625	0.0625	0.0313	0.0000	0.0000
195	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0625
196	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1563
198	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313
201	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0000
202	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0000
204	0.0000	0.0313	0.0000	0.0313	0.0625	0.0000
205	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2188	0.0000
206	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1875
209	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0000	0.0000
227	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0000
244	0.0000	0.0000	0.0000	0.0313	0.0000	0.0000

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı	**:**	Meryem BOZKURT
Uyruğu	**:**	T.C.
Doğum Yeri ve Tarihi	**:**	Konya ve 1984
Telefon	**:**	0537 741 35 98
Faks	**:**	
e-mail	**:**	mbozkurt@selcuk.edu.tr

EĞİTİM

Derece		**Adı, İlçe, İl**	**Bitirme Yılı**
Lise	:	**Atatürk Kız Lisesi, Selçuklu, Konya**	**2001**
Üniversite	:	**Selçuk Üniversitesi, Selçuklu, Konya**	**2002**
Yüksek Lisans	:	**Selçuk Üniversitesi, Selçuklu, Konya**	**2006**
Doktora	:	**Selçuk Üniversitesi, Selçuklu, Konya**	**Devam ediyor**

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	**Kurum**	**Görevi**
2011	**Selçuk Üniversitesi**	**Uzman**

UZMANLIK ALANI

YABANCI DİLLER
İngilizce

YAYINLAR

Feyza Candan, Tuna Uysal, Osman Tugay, **Meryem Bozkurt**, Kuddisi Ertuğrul, Hakkı Demirelma. **2015.** The examinations of achene ultrastructural features of section *Acrolophus* (*Centaurea*/Asteraceae) via scanning electron microscopy (SEM). Turk Journal Of Botany (Kabul edildi).

Eda Güneş, Ela Nur Şimşek Sezer, **Meryem Bozkurt,** Tuna Uysal **2015.** The Determination of Boric Acid Effects on Different Developmental Stages of *Drosophila melanogaster* By SDS-PAGE. (Kabul edildi).

Tuna Uysal, Kuddisi Ertuğrul, **Meryem Bozkurt. 2014.** A new genus segregated from *Thermopsis* (Fabaceae:Papilionoideae): *Vuralia*. Plant Syst Evol. 300(7): 1627-1637.

Meryem BOZKURT, Kuddisi ERTUĞRUL, Tuna UYSAL. **2013.** The determination of genetic relationships among some *Vicia* L. (Vetch) taxa by using ISSR markers. Biological Diversity and Conservation. 6/3 (2013) 135-139 **(Yüksek Lisans tezinden yapılmıştır).**

Yüzbaşıoğlu I.S., Aykurt C., Çinbilgel I., Göktürk R.S., Deniz I.G., **Bozkurt M. 2013.** Some notes on *Galanthus cilicicus* and *Galanthus peshmenii* (Amaryllidaceae). Biological Diversity and Conservation. 6/1:153-160.

Uysal T., Özel E., Ertuğrul K. and **Bozkurt M. 2012.** Determination of Genetic Relationship among *Cheirolepis* (*Centaurea*/ Asteraceae) Section and its Relatives in Turkey. *Research Journal of Biology*. Vol. 02, Issue 03, pp. 104-109.

Uysal T., Özel E., **Bozkurt M.** and Ertuğrul K. **2012.** Genetic Diversity in Threatened populations of the Endemic Species *Centaurea lycaonica* Boiss. & Heldr.(Asteraceae). *Research Journal of Biology*. Vol. 02, Issue 03, pp. 110-116.