

**YÜKSEK ÇÖZÜNÜRLÜKLÜ GENOMİK VERİ VE NUMERİK  
TAKSONOMİK YÖNTEMLERLE *NOCCAEA AUCHERI*  
(BRASSICACEAE) TÜR KOMPLEKSİ İÇİN TÜR  
SINIRLANDIRMASI**

**SPECIES DELIMITATION OF *NOCCAEA AUCHERI*  
(BRASSICACEAE) SPECIES COMPLEX USING HIGH-  
THROUGHPUT GENOMIC DATA AND NUMERICAL  
TAXONOMY**

**ILGIN DENİZ CAN**

**DOÇ. DR BARIŞ ÖZÜDOĞRU**

**Tez Danışmanı**

Hacettepe Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliğinin

Biyoloji Anabilim Dalı için Öngördüğü

YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak hazırlanmıştır.

2020

*Dedem Ali CAN'a...*

## ÖZET

# YÜKSEK ÇÖZÜNÜRLÜKLÜ GENOMİK VERİ VE NUMERİK TAKSONOMİK YÖNTEMLERLE *NOCCAEA AUCHERI* (BRASSICACEAE) TÜR KOMPLEKSİ İÇİN TÜR SINIRLANDIRMASI

**İlgin Deniz CAN**

**Yüksek Lisans, Biyoloji Bölümü**

**Tez Danışmanı: Doç. Dr. Barış ÖZÜDOĞRU**

**Ağustos 2020, x+75 sayfa**

Bu çalışma kapsamında Türkiye'nin serpantin bölgelerine endemik ve kısa bir süre önce *Pseudosempervivum* cinsinden *Noccaea* cinsine transfer edilmiş üç türü (*N. aucheri*, *N. mummenhoffiana* ve *N. sempervivum*) içeren *N. aucheri* Tür Kompleksi'nin tür sınırları incelenmiştir. Kompleks içerisindeki türlerin sınırlarını kesin bir şekilde çizebilmek, taksonomik problemleri gidermek, hatalı dağılım verilerini güncellemek için gerçekleştirilen arazi çalışmalarıyla birlikte, yüksek çözünürlüklü genomik veri ve numerik taksonomik yöntemler kullanılmıştır. Çalışma materyalini oluşturan örnekler, çalışma kapsamında gerçekleştirilen arazi çalışmalarından ve çeşitli herbaryumlardan temin edilmiştir. Numerik taksonomik analizler için, literatürde verilen ve bu türlerin ayırımında kullanılan karakterlere ek olarak birçok farklı karakter ölçülmüş ve incelenmiştir. Bunun yanı sıra Restriction site associated DNA markers (RADseq) dizileme yöntemiyle tüm genomun farklı

bölgelerinden rastgele dizilenmiş 200 lokusla popülasyon seviyesinde gerçekleştirilen çok türlü koalesent tabanlı filogenomik analizler ve tür sınırlandırma analizlerinin morfolojik, coğrafi ve ekolojik bilgilerle değerlendirilmesi sonucunda bu tür kompleksini oluşturan türlerin tek bir poliformik türü temsil ettiği anlaşılmıştır. Sonuç olarak; *N. mummenhoffiana* ve *N. sempervivum* türlerinin öncelik kuralı gereği *N. aucheri* türünün sinonimi olarak değerlendirilmesi önerilmiş ve bu polimorfik tür için yeni bir betim hazırlanmıştır.

**Anahtar Kelimeler:** Brassicaceae, Numerik taksonomi, *Noccaea*, RADseq, Tür sınırlandırması

## **ABSTRACT**

# **SPECIES DELIMITATION OF *NOCCAEA AUCHERI* (BRASSICACEAE) SPECIES COMPLEX USING HIGH- THROUGHPUT GENOMIC DATA AND NUMERICAL TAXONOMY**

**Ilgın Deniz CAN**

**Master of Science, Department of Biology**

**Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Barış ÖZÜDOĞRU**

**August 2020, x+75 pages**

In this study, species limits of *N. aucheri* species complex which is endemic to serpentine areas of Turkey and transferred from *Pseudosempervivum* to *Noccaea* recently were investigated. High-throughput genomic data and numeric taxonomical methods have been used together with the field studies carried out to accurately draw the boundaries of the species in the complex, to solve taxonomic problems, and to update suspiciously distribution data. Study materials were obtained from both field and herbarium studies. For numeric taxonomical analysis, in addition to the characters given in the literature and used to distinguish these species, many different characters have been measured and studied. In addition, coalescent-based phylogenomic analyzes and species delimitation methods were performed at the population level with 200 loci sequenced randomly from different regions of the genome using the restriction site associated DNA markers

(RADseq) sequencing method. All results were integrating with morphological, geographic, and also ecological data and eventually, it has been found that the members of this species complex represent a single polymorphic species. As a result, *N. mummenhoffiana* and *N. sempervivum* were placed under the name *N. aucheri* because of the priority rule, and the new description was prepared for this polymorphic species.

**Keywords:** Brassicaceaea, Numerical taxonomy, *Noccaea*, RADseq, Species delimitation.

## TEŞEKKÜR

Lisans ve lisansüstü eğitim hayatım süresince ve bu çalışmanın her aşamasında engin bilgi ve tecrübeleriyle beni yönlendiren çok değerli hocam Doç. Dr. Barış ÖZÜDOĞRU'ya,

Çalışmalarım boyunca her türlü desteklerini hiç esirgemeyen ve kapılarının bana her zaman açık olduğunu bildiğim sayın hocalarım Doç. Dr. Aslı DOĞRU KOCA, Öğr. Gör. Haşim ALTINÖZLÜ ve Dr. Emre ÇILDEN'e, tezin birçok aşamasında fikirlerinden faydalandığımız Doç. Dr. İsmail Kudret SAĞLAM'a, sekans verilerinin elde edilmesini sağlayan Dr. Michael R. Miller'a,

Lisansüstü eğitimime başlamam konusundaki büyük destekleri başta olmak üzere her türlü desteklerinden dolayı sevgili hocalarım Prof. Dr. Yasemin EKMEKÇİ ve Doç. Dr. Nuran ÇİÇEK'e,

Hacettepe Üniversitesi Biyocoğrafya Araştırma Laboratuvarı'nı kullanımımıza açan sayın Prof. Dr. Utku Perktaş'a

Arazi çalışmaları sırasındaki büyük yardımlarından dolayı Dr. Kurtuluş ÖZGİŞİ'ye ve Dr. Ozan ŞENTÜRK'e,

Tezime yapmış oldukları tüm katkılardan ve arkadaşlıklarından dolayı başta Işın ALTINKAYA olmak üzere, Emrullah YILMAZ ve Isabella Cortes SOLVEIRA'ya

Materyallerini incelememe olanak sağlayan AEF, ANK EGE, HUB, DUOF, GAZI, E, KEW olmak üzere yurtiçi ve yurtdışındaki herbaryum küratörlerine,

Çalışmayı FHD-2019-17994 numaralı proje ile destekleyen Hacettepe Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne,

Bu çalışmada yer alan tüm genomik hesaplamaların gerçekleştirilmesine olanak sağlayan TÜBİTAK ULAKBİM, Yüksek Başarım ve Grid Hesaplama Merkezi'ne (TRUBA kaynakları),

Canım aileme; yanımda oldukları ve bütün destekleri için çok teşekkür ederim.

**Ilgın Deniz CAN**

Temmuz, 2020

# İÇİNDEKİLER

ÖZET .....	i
ABSTRACT .....	iii
TEŞEKKÜR .....	v
İÇİNDEKİLER.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	ix
SİMGELER VE KISALTMALAR .....	x
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Brassicaceae Familyası ve <i>Pseudosempervivum</i> .....	1
1.2. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi.....	7
1.3. Tür Sınırlandırması .....	9
1.4. Metapopülasyon ve Genel Soy Kavramı (General Lineage Concept).....	12
1.5. Bitkilerde Tür Sınırlandırılması.....	13
1.6. Yeni Nesil Dizileme ve RADseq.....	14
1.7. RAD Capture (Rapture) .....	16
1.8. Çalışmanın Amacı .....	16
2. YÖNTEM .....	17
2.1. Örneklem ve Arazi Çalışmaları .....	17
2.2. Numerik Taksonomik Analizler .....	23
2.3. Genomik Analizler.....	34
2.3.1 DNA İzolasyonu.....	34
2.3.2. RADseq kütüphanelerinin oluşturulması ve sekanslanması.....	35
2.3.3. Filogenetik analizler için veri hazırlanması ve lokus belirlenmesi.....	36
2.3.4. Filogenetik Analizler .....	38
2.3.5. Tür Sınırlandırması.....	39
3. BULGULAR .....	41
3.1. Örneklem ve Arazi Çalışmaları .....	41
3.3. Filogenomik Analizler ve Popülasyon Ağaçları .....	48



3.3.1. Tür Sınırlandırması.....	52
4. TARTIŞMA.....	58
5. KAYNAKLAR.....	66
ÖZGEÇMİŞ .....	75

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Brassicaceae türlerinin Dünya geneli dağılım haritası (Lysak ve Koch, 2011) .....	2
Şekil 1.2. <i>Noccaea</i> cinsine transfer edilen <i>Pseudosempervivum</i> türlerinin tip örnekleri .....	7
Şekil 2.1. Türkiye Florası ve herbarium kayıtlarına göre <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksinin dağılımı .....	17
Şekil 2.2. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi'ne ait türlerin habitatları .....	18
Şekil 3.1. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi'nin güncellenmiş dağılım haritası.....	41
Şekil 3.2. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi'ne ait morfolojik verilerle elde edilen dendrogram .....	42
Şekil 3.3. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi'nden bazı popülasyonların gövde yaprakları	44
Şekil 3.4. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi'nden bazı popülasyonların taban yaprakları	45
Şekil 3.5. <i>N. aucheri</i> Tür Kompleksi'nden bazı popülasyonların meyveleri .....	46
Şekil 3.6. Erzincan Keşiş Dağı <i>N. aucheri</i> popülasyonu.....	47
Şekil 3.7. 50 lokusluk veri setlerine ait *BEAST programından elde edilmiş popülasyon ağaçları. ....	49
Şekil 3.8. 100 lokusluk veri setine (lociset01) ait *BEAST programından elde edilmiş popülasyon ağacı. ....	50
Şekil 3.9. 100 lokusluk ikinci veri setine (lociset02) ait *BEAST programından elde edilmiş popülasyon ağacı. ....	51
Şekil 3.10. Kullanılan 4 farklı veri setinden elde edilen popülasyon ağaçlarına ait Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC) yaklaşımıyla gerçekleştirilen tür sınırlandırma analizleri. ....	53
Şekil 3.11. Kullanılan 4 farklı veri setinden elde edilen popülasyon ağaçlarına ait Poission Tree Processes (PTP) yaklaşımıyla gerçekleştirilen tür sınırlandırma analizleri. ....	55
Şekil 3.12. *BEAST analiz sonucunda elde edilen tür ağacı. Ardıl olasılık değerleri nodlar üzerinde gösterilmiştir.....	56

## ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Türkiye Bitkileri Listesi'ne göre <i>Pseudosempervivum</i> cinsinin üyeleri ve endemizm durumları (Mutlu ve ark., 2012) .....	4
Çizelge 1.2. <i>N. venusta</i> 'nın taksonomik geçmişi .....	5
Çizelge 1.3. Bilinen bazı tür tanımları ve kısa açıklamaları. ....	11
Çizelge 1.4. De Queiroz'a göre Genel Soy Kavramı'nın birincil ve ikincil ölçütleri (De Queiroz, 2007).....	12
Çizelge 1.5. RADseq için Davey ve Blaxter tarafından vurgulanan anahtar noktalar (Davey ve Blaxter, 2010).....	15
Çizelge 2.1. Tez kapsamında gerçekleştirilen arazi çalışmalarından toplanan <i>Noccaea</i> popülasyonları ve lokasyon bilgileri .....	20
Çizelge 2.2. Numerik taksonomik analizler için kullanılan popülasyonlar .....	24
Çizelge 2.3. Numerik taksonomik analizlerde kullanılan karakterler ve karakter durumlar .....	30
Çizelge 2.4. Kümeleme analizlerinde kullanılan popülasyonlar ve birey sayıları ..	33
Çizelge 2.5. DNeasy Plant Mini Kit ile uygulanan protokol basamakları.....	34
Çizelge 3.1. STACEY analizinden elde edilen ağaçların SpeciesDelimitationAnalyser programında değerlendirilmesi sonucu elde edilen özet istatistikler .....	56
Çizelge 3.2. Farklı tür sınırlandırma analizleri sonucu elde edilen tür sayıları .....	57

## SİMGELER VE KISALTMALAR

$\mu$ l: Mikro litre

AEF: Ankara Üniversitesi Eczacılık Fakültesi Herbaryumu

ANK: Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Herbaryumu

B: Berlin Herbaryumu

DNA: Deoksiribonükleik asit

DUOF: Düzce Üniversitesi Orman Fakültesi Herbaryumu

E: Edinburgh Herbaryumu

EGE: Ege Üniversitesi Herbaryumu

G: Cenevre Herbaryumu

GAZI: Gazi Üniversitesi Herbaryumu

GMYC: Generalized Mixed Yule Coalescent

GPS: Global Positioning System (Küresel Konumlandırma Sistemi)

HUB: Hacettepe Üniversitesi Herbaryumu

K: Kew Herbaryumu

KONF: Selçuk Üniversitesi Herbaryumu

MCMC: Markov chain Monte Carlo

PZR / PCR: Polimeraz Zincir Reaksiyonu / Polimerase Chain Reaction

PTP: Poission Tree Processes

RADSeq: Restriction site associated DNA sequencing

TNP / SNP: Tek Nükleotid Polimorfizmi / Single Nucleotide Polymorphism

ITS: Internal transcribed spacer

# 1. GİRİŞ

## 1.1. Brassicaceae Familyası ve *Pseudosempervivum*

Brassicaceae veya Cruciferae (Hardalgiller), sahip olduğu tür sayısı ile çiçekli bitkiler içerisindeki en büyük dikotil bitki familyalarından birisidir. Brassicales ordosuna mensup familya, 52 tribus, 348 cins ve dünya genelinde dağılım gösteren 4065 türe sahiptir (Özgişi ve ark., 2018; Özüdođru ve ark., 2019; BrassiBase ,<https://brassibase.cos.uni-heidelberg.de/> erişim tarihi: 18.10.2019).

Familya için kullanılan *Cruciferae* ismi, haç şeklinde karşılıklı dizilmiş 4 petalden oluşan çiçek yapısından gelmektedir. Bu çiçek yapısı familya için büyük oranda karakteristik olmasının yanı sıra petal renklerinde ve çiçek simetrisinde farklılıklar görülebilmektedir. Bu karakteristik çiçek yapısı dışında ikisi kısa, dördü uzun toplam 6 stamen ve septum tarafından ikiye bölünmüş kapsül meyve yapısı familyaya ait belirgin ayırt edici özelliklerdendir. Öte yandan familya, yaprak, trikome, meyve şekli gibi karakterler açısından önemli ölçüde morfolojik çeşitlilik sergiler (Franzke ve ark., 2011; Anjum ve ark., 2012; Nikolov ve ark., 2019).

Brassicaceae familyası Antarktika hariç tüm kıtaları kapsayacak şekilde geniş bir dağılım göstermektedir (**Şekil1.1**). Dağılımın büyük kısmı Kuzey Yarımküre'nin ılıman bölgelerinde görülmekle birlikte Güney Yarımküre'de de yayılış gösteren ve bazıları endemik olan çok sayıda tür, cins hatta tribus bulunmaktadır. Familyanın tropik bölgelerdeki dağılımı ise dađlık ve alpin bölgelerle sınırlıdır (Lysak ve Koch, 2011; Mandáková ve ark., 2012; Anjum ve ark., 2012; Salariato ve ark., 2016).



**Şekil 1.1.** Brassicaceae türlerinin Dünya geneli dağılım haritası (Lysak ve Koch, 2011)

Brassicaceae familyasının dünya çapındaki geniş yayılışının yanısıra tür çeşitliliği her bölgede eşit dağılmamaktadır (Koch ve Kiefer, 2006). Familyanın en önemli çeşitlilik merkezlerini İran-Turan Fitocoğrafik Bölgesi (150 cins, 900 tür, 530 endemik tür) ve Akdeniz Bölgesi (113 cins, 630 tür, 290 endemik tür) oluşturmaktadır. Saharo-Sindian Fitocoğrafik Bölgesi'nde (65 cins, 180 tür, 62 endemik tür) ve Kuzey Amerika'da (99 cins, 778 tür, 600 endemik tür) ise bu çeşitlilik düşmektedir. Bu düşüş, Güney Yarımküre'de (Güney Amerika'da 40 cins ve 340 tür; Güney Afrika'da 15 cins ve 100 civarında tür; Avustralya ve Yeni Zelanda'da 19 cins ve 114 tür) artarak devam etmektedir. Bu dağılım örüntüsünden yola çıkarak familyanın İran-Turan Fitocoğrafik Bölgesi'nden köken almış olabileceği düşünülmektedir (Franzke, 2009; Lysak ve Koch, 2011).

Brassicaceae familyası ekonomik ve tarımsal olarak oldukça önemli; endüstriyel yağ, tohum, sebze, baharat ve yem olarak kullanılan birçok bitki türünü (lahana, brokoli, karnabahar, yaban turpu, şalgam, hardal, kanola vb.) içermektedir (Lysak ve Koch, 2011). Bunun yanı sıra familya dünya çapında en çok çalışılan model organizmalardan birisi olan ve tüm genomu dizilenen ilk çiçekli bitki *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. (The Arabidopsis Genome Initiative, 2000) ve *Brassica*

*oleracea* L. tür kompleksi gibi bilimsel olarak önemli bitki türlerine de sahiptir (Beilstein, 2006; Lysak ve Koch, 2011) *Arabidopsis* Schur. ve *Brassica* L. türlerine ek olarak, familyanın diğer taksonları da biyotik ve abiyotik stres toleransı, genom evrimi, poliploidi ve çeşitli morfolojik araştırmalar gibi farklı alanlardan birçok çalışmaya konu olmuştur. Günümüzde Brassicaceae'ye ait çok sayıda genomik ve genetik kaynaklar kullanıma açıktır. Ayrıca karasal bitkiler arasında türleşme hızı en yüksek olan familyalardan birisidir. Bu özellikleriyle Brassicaceae, evrimsel araştırmalarda model olmak için oldukça uygun bir familyadır (Hohmann ve ark., 2015; Huang ve ark., 2016).

Brassicaceae familyasının sınıflandırılması görece yakın bir zaman öncesine kadar geleneksel olarak meyve tipi ve şekli gibi sınırlı morfolojik karakterler göz önüne alınarak yapılmaktaydı. Ancak sistematikte moleküler verilerin kullanımının artmasıyla birlikte familyanın tribus düzeyindeki sınıflandırılmasında kökten değişiklikler olmuş ve önceleri 25 olarak kabul edilen tribus sayısı şimdilerde 52'ye kadar yükselmiştir. Günümüzde bu 52 tribus, bazı alt soylar da tanımlanmış olmakla beraber genel olarak 4 ana soy hattı (Aethionemeae, Soy I-II-III) altında değerlendirilmektedir (Huang ve ark., 2016; Nikolov ve ark. 2019; Özüdoğru ve ark., 2019; <https://brassibase.cos.uni-heidelberg.de/> erişim tarihi: 18.10.2019).

Familyanın 4 ana soy hattından genişletilmiş soy II içerisindeki *Cochlearieae* tribusu *Cochlearia* L. ve *Ionopsidium* Rchb. cinsleri altında 29 tür içeren küçük bir tribustur. Özellikle Avrupa ve Arktik bölgelerde dağılımı görülen tribusun üyelerinden *Cochlearia*, taksonomik durumu zaman içerisinde değişikliğe uğramış cinslerden birisidir. Cins, Rus botanikçi Pobedimova'nın 1970 yılındaki revizyonuna kadar *Cochlearia*, *Glaucocochlearia* O.E. Schulz, *Pseudosempervivum* (Boiss.) Grosh. ve *Hilliella* O.E. Schulz. olmak üzere 4 seksiyon altında incelenmiştir. Bu revizyon ve sonraki yıllarda gerçekleştirilen moleküler filogenetik çalışmalar sonucunda, cinsin taksonomisinde önemli değişiklikler yapılmıştır. Bu değişikliklerden birisi Asya kökenli *Pseudosempervivum*'u Avrupa kökenli ve Güneydoğu Asya'da dağılımı olmayan *Cochlearia*'nın bir seksiyonu olmaktan çıkarıp, ayrı bir cins olarak kabul etmek

olmuştur. Günümüzde ise *Pseudosempervivum* cinsine yerleştirilmiş türler, *Coluteocarpeae* tribusunun altında değerlendirilmektedir (Pobedimova, 1970; Koch, Mummenhoff ve Hurka, 1999; Al-Shehbaz, 2012; German, 2017; Bruholt, 2019; BrassiBase, 2019).

*Pseudosempervivum*, Türkiye Florası 1. ciltte, *Cochlearia* cinsi altında verilen üç tür (*P. sempervivum* (Boiss. & Balansa) Pobed., *P. aucheri* (Boiss.) Pobed. ve *P. sintenisii* (Hauskn. ex Bornm.) Pobed.) ve bir şüpheli kayıt (*P. venustum* (Schischk.) Pobed) ile temsil edilmektedir. Bunlara ek olarak, Pobedimova tarafından değerlendirilmemiş olan iki tür (*Cochlearia amana* Contandr. & Quézel ve *C. gurulkanii* Yild.) ise 2007 yılında *P. amanum* (Contandr. & Quézel) Al-Shehbaz, Mutlu & Dönmez ve *P. gurulkanii* (Yild.) Mutlu & Al-Shehbaz & Dönmez olarak *Pseudosempervivum* cinsine transfer edilmiştir (Hedge, 1965; Al-Shehbaz ve ark., 2007). Bahsi geçen bu 6 *Pseudosempervivum* türü "Türkiye Bitkileri Listesi"nde geçerli olarak kabul edilmiştir (Mutlu ve ark., 2012) (**Çizelge 1 .1.**).

**Çizelge 1.1.** Türkiye Bitkileri Listesi'ne göre *Pseudosempervivum* cinsinin üyeleri ve endemizm durumları (Mutlu ve ark., 2012)

Takson adı	Türkçe adı	Endemizm
1- <i>P. amanum</i> (Contandr. & Quezel) Al-Shehbaz, Mutlu & Dönmez	Amanos kaşıkotu	Endemik
2- <i>P. aucheri</i> (Boiss.) Pobed.	Has kaşıkotu	Endemik
3- <i>P. gurulkanii</i> (Yild.) Mutlu & Al-Shehbaz & Dönmez	Mevlanaotu	Endemik
4- <i>P. sempervivum</i> (Boiss. & Balansa) Pobed.	Kaşıkotu	Endemik
5- <i>P. sintenisii</i> (Hauskn. ex Bornm.) Pobed.	Gümüş kaşıkotu	Endemik
6- <i>P. venustum</i> (Schischk.) Pobed.	Sülün kaşıkotu	Endemik değil

Bu 6 türden biri olan *P. venustum* (= *Cochlearia venusta* Schischkin), taksonomik ve floristik literatürlerde adı nadiren geçen ve Türkiye Florası'nda da şüpheli kayıt olarak değerlendirilen bir türdür. Türkiye Florası'nın hazırlanması sırasında hiçbir *P. venustum* örneği çalışılmamış, ancak bitkinin Muş ve Ağrı vilayetlerinden



toplandığı, *P. aucheri* ve *P.sempervivum* ile ilişkili olabileceği, ancak bu iki türden daha uzun stiluslara sahip olduğu belirtilmiştir (Hedge, 1965; German, 2017).

Taksonomik durumu yeterince aydınlatılmamış olan *P. venustum*'un mevcut materyalleri 2017 yılında tekrar ele alınmış ve revize edilmiştir. German (2017) tarafından gerçekleştirilen çalışmanın sonucunda *P. venustum* 'un daha önceleri *Thlaspi bornmuelleri* (Rech.f.) Hedge olarak da bilinen Doğu Anadolu endemiği *Noccaea bornmuelleri* (Rech.f.) Al-Shehbaz ile aynı bitki olduğu tespit edilmiş ve öncelik kuralı gereği bitkinin ismi *Noccaea venusta* (Schischk.) D.A.German olarak kabul edilmiştir. (Rechinger, 1939; Hedge, 1965; German, 2017, Özüdoğru ve German, 2018). (**Çizelge 1.2.**)

#### **Çizelge 1.2.** *N. venusta*'nın taksonomik geçmişi

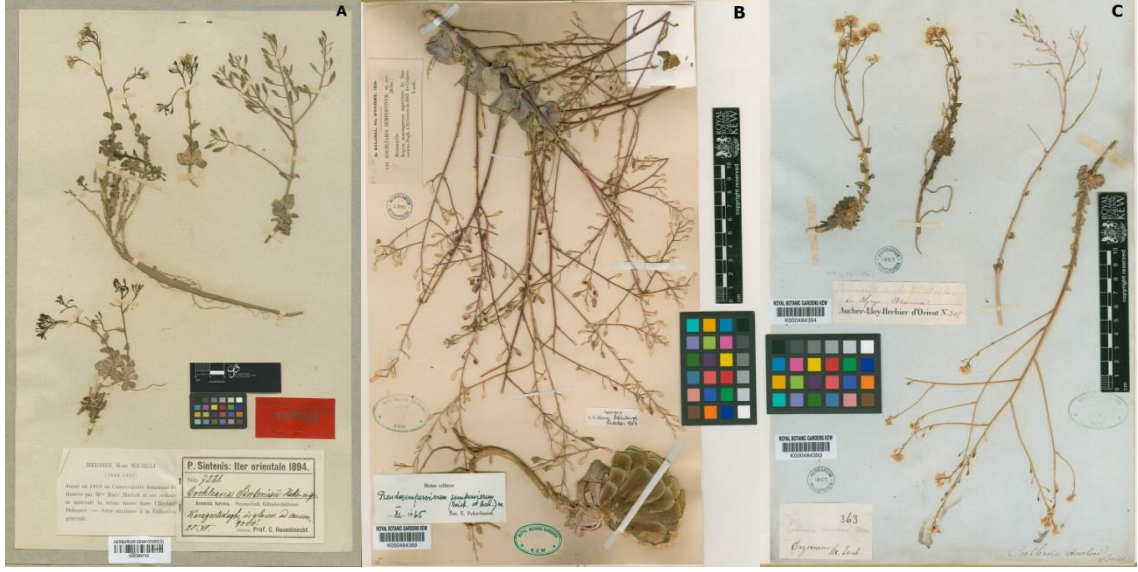
<i>Cochlearia</i> <i>venusta</i>	<i>Syrenopsis</i> <i>bornmuelleri</i>	<i>Thlaspi</i> <i>bornmuelleri</i>	<i>Pseudosempervivum</i> <i>venustum</i>	<i>Noccaea</i> <i>bornmuelleri</i>	<i>Noccaea</i> <i>venusta</i>
Schischkin (Schischkin, 1928)	Rech.f. (Rechinger, 1939)	(Rech.f.) Hedge (Hedge, 1965)	(Schischk.) Pobed. (Pobedimova, 1971)	(Rech.f.) Al-Shehbaz (Al- Shebaz, 2014)	(Schischk.) D.A.German (German, 2017)

Bu çalışmadan sonra 5 türle temsil edilmeye başlanan *Pseudosempervivum*'un taksonomik durumu 2018 yılında tekrar güncellenmiştir. Özüdoğru ve German (2018) tarafından gerçekleştirilen çalışmada cinsle ilgili 3 takson yeniden değerlendirilmiş ve bunlardan *P. gurulkanii* için protologda verilen çok yıllık yaşam biçimi, 1 ovullü silikula, aynı kökten çıkan birden fazla gövdeye sahip olmak gibi morfolojik özelliklerin çoğunlukla yanlış gözleme ve deskripsiyondaki eksikliklere dayalı olduğu ortaya konulmuştur. Bunun sonucunda *P. gurulkani*, *N. venusta*'nın sinonimi yapılmıştır. Bir diğer tür olan *P. amanum*, taksonomik literatürde uzun yıllar boyunca geçerli bir tür olarak kabul edilmiştir (Davis, Mill ve Tan, 1988; Yıldırım, 2006; Al-Shehbaz, Mutlu ve Dönmez, 2007; Mutlu, 2012, The Plant List 2013, Tropicos. vb.), ancak *P. amanum* için tanımlanmış olan habitus, bazal yaprak polimorfizmi ve bazal yapraklarda görülen morumsu renklenme gibi morfolojik özellikler cinsin diğer iki türü olan *P. sempervivum* ve *P. aucheri*'de de gözlenmektedir. Bu morfolojik özellikler ışığında ve özellikle bitkinin dağılımı göz

önüne alındığında; *P. amanum*'un, *P. sempervivum* altında sinonim olarak değerlendirilmesi uygun bulunmuştur (Özüdoğru ve German, 2018).

Son olarak, Brassicaceae'nin taksonomik açıdan problemlili cinslerinden *Noccaea* Moench içerisindeki filogenetik ilişkilerin ortaya konulduğu ve cinsin sınırlarının tartışıldığı Özüdoğru ve ark.'na ait 2019 yılında gerçekleştirilmiş olan çalışmada, *Pseudosempervivum*'un da taksonomik durumu yeniden değerlendirilmiştir. *Noccaea*, *Pseudosempervivum* ve 10'un üzerinde *Thlaspi* s.l. segregatının dahil olduğu *Coluteocarpea* tribusuna ait morfolojik çeşitlilik ve coğrafi dağılımı temsil eden en kapsamlı örneklemin yapıldığı bu çalışmada, morfolojik karakterlerin yanı sıra, moleküler filogenetik analizler için çekirdek DNA'sına ait ITS ve kloroplast DNA'sına ait *trnL-F* verileri kullanılmıştır. *Pseudosempervivum* için elde edilen sonuçlar doğrultusunda, cinsin, *Noccaea*'nın altında değerlendirilmesinin uygun olduğuna karar verilmiş ve cinsin geçerli olan 3 türü (*P. aucheri*, *P. sempervivum* ve *P. sintenisii*) için gerekli nomenklatürel değişiklikler yapılmıştır. Sonuç olarak *P. aucheri* ve *P. sempervivum* isimleri *Noccaea aucheri* (Boiss.) Özüdoğru & Al-Shehbaz ve *Noccaea sempervivum* (Boiss. & Balansa) Özüdoğru & Al-Shehbaz olarak değiştirilirken; *P. sintenisii*'nin *Noccaea* cinsine transferi *N. sintenisii* (Bornm.) ile bir geç homonime sebep olduğundan, *P. sintenisii* için, Brassicaceae filogenisi ile ilgili kapsamlı çalışmalara sahip Dr. Klaus Mummenhoff'a ithafen *Noccaea mummenhoffiana* Özüdoğru & Al-Shehbaz ismi önerilmiştir. Böylelikle son 3 türü de *Noccaea*'ya aktarılan *Pseudosempervivum* artık geçerli bir cins olarak kabul edilmemektedir (Özüdoğru ve ark., 2019)

*Noccaea* cinsine transfer edilen *Pseudosempervivum* türlerinin tip örnekleri **Şekil 1.2.**'de verilmiştir.



**Şekil 1.2.** *Nocceae* cinsine transfer edilen *Pseudosempervivum* türlerinin tip örnekleri **a)** *Nocceae mummenhoffiana* (G 00389742, <https://www.villege.ch/musinfo/bd/cjb/chg>). **b)** *Nocceae sempervivum* (K, K000484389, <http://specimens.kew.org/herbarium/K000484389>). **c)** *Nocceae aucheri* (K K000484394, <http://specimens.kew.org/herbarium/K000484394>)

Yukarda detayları verilen sebeplerden dolayı bu tez kapsamında çalışılan 3 *Nocceae* türü (*N. aucheri*, *N. sempervivum* ve *N. mummenhoffiana*) isim önceliği kuralı göz önünde bulundurularak “*Nocceae aucheri* Tür Kompleksi” olarak ele alınmıştır.

## 1.2. *N. aucheri* Tür Kompleksi

*N. aucheri* ve *N. sempervivum* türleri arasındaki ilişki, bu iki tür arasındaki kesin olmayan ayırım karakterleri göz önünde bulundurulduğunda, netleştirilmesi gereken bir konu olarak karşımıza çıkmaktadır (Özüdoğru ve German, 2018).

Bu iki türün ayırımında kullanılan taban yapraklarının kulakçıklarının gelişme dereceleri, meyve tabanı ve septum morfolojisi gibi daha önceleri teşhis amaçlı kullanılan karakterlerin çoğu, sonradan güvenilir bulunmuş ve kullanılmamıştır. Güncel durumda ise, bu türler bazal yaprakların büyüklüğü (*N. sempervivum*'da

daha büyük ve daha az dişli) ve stilus uzunluğu (*N. aucheri*'de ölçü belirtilmeksizin daha küçük) karakterleri ile ayrılmaktadır. Ancak, bu karakterler büyük ölçüde birbirleriyle karışmaktadır. Kuzey-doğu Anadolu bölgesinde yetişen *N. aucheri* popülasyonlarında çoğunlukla nispeten küçük (2,5 cm'e kadar olabilen) taban yaprakları görülmesine rağmen, bazı bireylerde bu değer *N. sempervivum* için gözlemlenmiş ve rapor edilmiş olan 5 cm'yi de aşarak 5,5-6 cm'ye kadar ulaştığı görülmektedir (Hedge, 1965; Özüdođru ve German, 2018).

*N. sempervivum*'un tipik örneklerinde stilus uzunluğu 0,2-0,3 mm'dir (*N. aucheri*'de 0,5 - 0,8 mm, nadiren 1,1 mm olabilir). Bunun yanısıra *N. aucheri*'nin tip örneklerinde bile stilus uzunluğu 0,2 ila 0,8 mm arasında deđişmekteyken, *N. sempervivum*'un bazı örneklerinde (Hausknecht'in Boissier tarafından belirtilen Berit Dađı'ndan toplanmış örnekleri gibi) stilusların 0,6 mm uzunluđa ulaştığı bilinmektedir. Bunlara benzer varyasyonların *N. mummenhoffiana* için de söz konusu olması dikkat çekicidir (Hedge, 1965; Özüdođru ve German, 2018).

Ayrıca yine Türkiye Florası'nda ilgili türlerin altında verilen kayıtlara ait lokasyonlardan toplanmış olan örneklerle gerçekleştirilen ön çalışmalar (örneğin, B6 Kayseri: Pınarbaşı to Sariz, 1600 m, Hub.-Mor. 10973 ve B. Özüdođru 4466 (HUB), Kayseri, Pınarbaşı) bu kayıtların yanlış türler altında işlenmiş olduğunu göstermektedir.

Bu iç içe geçmiş morfolojik karakterler ve dağılım verileri doğrultusunda *N. sempervivum* ve *N. aucheri*'yi birleştirmek cazip bir fikir olarak görünse de; bu şekilde bir birleştirme hali hazırda mevcut olan az sayıdaki ITS tabanlı filogenetik verilerle örtüşmemektedir. Bu ITS verileri *N. aucheri* ile aralarında morfolojik olarak daha çok farklılık bulunan *N. mummenhoffiana*'nın daha yakın bir ilişki içinde olduğunu göstermektedir (Özüdođru ve German, 2018).

Can ve Özüdođru tarafından 2017 yılında bu iki türe ait çok sayıda popülasyonun çekirdek DNA'sının ITS ve kloroplast DNA'sının *trnL-F* bölgelerine dayalı

filogenetik analizleri gerçekleştirilmiş ve *N. aucheri* ile *N. sempervivum*'un tip lokalitelerinden toplanan örneklerde dahil olmak üzere, birbirlerinden ayrılmadıkları ve polimorfik bir tür olabilecekleri bildirilmiştir (Can ve Özüdođru, 2017). Bunun yanısıra *N. sempervivum* türüne ait bazı popülasyonların üçüncü bir türe ait olabilme ihtimali de bu çalışmada bildirilmiştir. Bununla birlikte söz konusu türlerle ilgili problemler sadece morfolojik ya da sadece ITS, *trnL-F* gibi klasik tekli belirteç sistemleriyle çözülemeyecek kadar karmaşık görünmektedir

*N. mummenhofiana* ise Türkiye Florası'nda tür kompleksindeki diğer 2 türden, çok yıllık olması, aynı kökten çıkan birden fazla gövdesinin bulunması, boyunun diğer 2 türe göre daha kısa olması (maks. 20 cm), taban yapraklarının daha az belirgin olması gibi özelliklerle ayrılmaktadır (Hedge, 1965): Ancak daha önce de belirtildiđi gibi *N. mummenhofiana* da ayırım karakterleri açısından varyasyon göstermekte ve ITS verileriyle gerçekleştirilen önsel çalışmalarda *N. aucheri* ile yakın ilişkili olduđu görülmektedir.

Son olarak Doç. Dr. Barış Özüdođru'nun *N. aucheri* Tür Kompleksine ait kişisel koleksiyonundaki çok sayıda örnek ile yurtiçi ve yurtdışı herbaryum (AEF, ANK EGE, HUB, DUOF, GAZI, E, KEW, B vb.) ziyaretlerinde incelediđi örneklerde, Türkiye Florası'nda bu türleri ayırmak için kullanılan yaşam şekli, aynı kökten çıkan gövde sayısı, bitki boyu, taban yaprađı, sitilüs boyu gibi karakterlerin birçok popülasyonun tanımlamasında, yetersiz kaldıđı tarafımızca da gözlenmiştir.

### **1.3.Tür Sınırlandırması**

Tür, biyolojik çeşitliliđi oluşturan en temel unsur olarak kabul edilmektedir (De Queiroz, 2007). Bilim insanları tarafından tanımlanmış 1,5 milyondan fazla tür vardır. Ancak gezegenimizde yaşayan tüm canlı türlerinin sayısının 2 milyondan fazla olduđu tahmin edilmektedir (Caley, Fisher ve Mengersen, 2014). Bu çeşitliliđi belgelemek, tanımlamak ve adlandırmak yani türleri sınırlandırmak; başta taksonomi, evrimsel biyoloji, ekoloji, koruma biyolojisi gibi bilim dalları olmak üzere

insan sađlıđı, gıda gvenliđi ve rekreasyon gibi daha birok alan iin byk nem tařıtmaktadır (Leavitt, Moreau ve Thorsten Lumbsch, 2015; Stanton, 2019).

Geniř anlamda, tr sınırlandırılması; bireylerin ve poplasyonların tr dzeyinde dođal kmelere nasıl uyduđunu tanımlama srecidir (Carstens ve ark., 2013). Biyolojide genellikle bir tr birimine atıfta bulunulmasından dolayı, trlerin sınırlarının dođru izilmesi, biyolojinin alt disiplinleri arasındaki modelleri ve sreleri yorumlamanın vazgeilmez bir parasıdır. Dođru tr sınırlamaları, ekolojik alıřmalar ve koruma alıřmaları, biyolojik eřitliliđin deđerlendirilmesi ve eřitliliđe neden olan faktrlerin belirlenmesi gibi konularda olduka nemlidir (Lumbsch ve Leavitt, 2011; Leavitt, Moreau ve Thorsten Lumbsch, 2015). Sadece bilim insanları ve biyologlar ile kalmayıp, farklı alanlardan ve meslek gruplarından; rneđin kuř gzlemcileri, doktorlar, eczacılar, balıkılar, bahivanlar, politikacılar vb, birok insan zaman zaman zaman organizmaları ayırt etmek iin gvenilir kriterlere ihtiya duyarlar. Bu alanların ana konumunda olduđu iin “**tr**”, dođal olana ne kadar yakın tanımlanabilirse hem o kadar iřlevsel hem de o kadar bilimsel olacaktır. Bu yzden de tr, biyolojideki en tartıřmalı konulardan birisi olmuřtur. Arařtırmacıların ođu, biyolojik dođanın birbirinden ayrı ve evrimsel olarak bađımsız varlıklardan, yani “trlerden” olduđunu kabul eder. Ancak trn ne olduđu hakkında henz tam bir fikir birliđi yoktur. Tm canlıları kapsayan bir tr kavramı ve trlerin sınırlandırılması iin uygun ltler zerinde tartıřmalar devam etmektedir (De Queiroz, 1998; De Queiroz, 2005a; Leavitt, Moreau ve Thorsten Lumbsch, 2015).

Gnmzde her biri farklı biyolojik zelliklere; rneđin genetik veya morfolojik zellikler, ekolojik niřler, eř tanıma sistemleri, reme uyumluluđu ve benzeri farklılıklara dayanan 20’den fazla, birbirinden farklı ve kısmen uyumsuz diyebileceđimiz tr kavramı nerilmiřtir (**izelge 1.3.**). Bahsi geen tr kavramlarının her biri, tre zg belirli noktaları n plana ıkarır ve hibiri btn organizmaları kapsayacak řekilde evrensel deđildir. Tr tanımlarındaki bu eřitlilik byk oranda arařtırmacıların ilgi alanlarındaki farklılıklara dayanmaktadır; rneđin hibrit zonları arařtıran biyologlar reme engellerini vurgularken, ekologlar

niş farklılıklarını vurgulama eğilimindedirler. Paleontologlar ve müze taksonomistleri morfolojik farklılıklarla ilgilenirken, popülasyon genetikçileri ve moleküler sistematikçiler genetik farklılıklarla ilgilenirler (Wheeler, 1999; De Queiroz, 2007).

**Çizelge 1.3.** Bilinen bazı tür tanımları ve kısa açıklamaları.

<b>Tür Tanımı</b>	<b>Kısa Açıklaması</b>
Nominalistik Tür Tanımı	Türlerin zihinsel bir kavram olduğunu ve doğada sadece bireylerin var olduğunu savunur (Bessey, 1908).
Biyolojik Tür Tanımı	Birlikte yaşayan, birbirleriyle üreyip verimli döller verebilen ve ortak bir gen havuzundan beslenen bireyler tür olarak tanımlanır (Mayr, 1942).
Evrimsel Tür Tanımı	Diğer topluluklardan ayrı olarak evrimleşen, kendine özgü ayrı bir evrimsel hat oluşturan bireylerdir (Simpson, 1951).
Tipolojik Tür Tanımı	Türün değişmez tipler sergilediğini yani türlerin zaman ve mekan içinde değişmediğini, buna uymayanların da varyeteler oluşturdukları savunulur (Cain, 1956).
Morfolojik (Fenetik) Tür Tanımı	Türler morfolojik karakterler kullanılarak tanımlanır, yani türlerin belirli morfolojik karakterlere sahip bireyler grubu olduğu savunulur (Sokal ve Corvello, 1970).
Ekolojik Tür Tanımı	Aynı nişi veya ekolojik zonu paylaşan bireyler tür olarak kabul edilir (Van Halen, 1976).
Filogenetik Tür Tanımı	Monofiletik gruplara göre tanımlanır. Aynı türe mensup bireylerin ortak bir atayı paylaştıkları fikri esas alınır (Cracraft, 1980).
Kohezyon Tür Tanımı	Önceki tür tanımlarında vurgu yapılan özelliklerin çoğunu kapsar. Türü, üreme birliği, ekolojik birlik ve evrimsel açıdan ele alır (Templeton, 1989)
Genetik Tür Tanımı	Türü, bireyler arasındaki genetik farklılıklara göre tanımlar (Baker ve Bradley, 2006).

#### 1.4. Metapopülasyon ve Genel Soy Kavramı (General Lineage Concept)

Modern tür kavramlarının neredeyse hepsinde filogenetik özgünlüğün türün ana özelliği olarak kabul edilmesi ve türün “bağımsız olarak evrimleşen bir metapopülasyon segmenti” olarak tanımlanması ortak bir nokta olarak karşımıza çıkmaktadır (De Queiroz, 1998, 2005b, 2007).

“Genel soy kavramı” (general lineage concept), ortak bir soy oluşturma dışında hiçbir özelliğin tür tanımlamak için kullanılmaması gerektiğini söyler. Tür tanımlarında türe atfedilen üreme birliği, ekolojik birlik, demografik kohezyon gösterme, sabitlenmiş homolojik karakterlere sahip olma, fenotipik veya genetik bir küme oluşturma vb. diğer ölçütleri ise ikincil ölçütler olarak kabul eder. De Queiroz (2007) bu saptamasından hareketle, bağımsız olarak evrimleşen bir metapopülasyon varsayımında bulunulduğunda, ikincil ölçütleri, farklılaşma derecesini belirleme ve tür sınırlarını netleştirmede kullanılacak araçlar olarak belirtmiştir (De Queiroz 1998, 2007) (**Çizelge 1.4.**).

**Çizelge 1.4.** De Queiroz’a göre Genel Soy Kavramı’nın birincil ve ikincil ölçütleri (De Queiroz, 2007)

#### Genel Soy Kavramı

Birincil Ölçütler	İkincil Ölçütler
<ul style="list-style-type: none"><li>Bağımsız olarak evrimleşen bir metapopülasyon</li><li>Filogenetik özgünlük</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>Üreme birliği</li><li>Ekolojik birlik</li><li>Genetik birlik</li><li>Demografik kohezyon</li><li>Birleşen (coalescence) alel kümesi</li><li>Fenotipik veya genetik bir küme</li><li>Sabitlenmiş homolojik karakterler</li></ul>



### 1.5. Bitkilerde Tür Sınırlandırılması

Bitkiler için, morfolojik veriler ve yaklaşımlar yıllar boyunca tür sınırlandırılması çalışmalarına egemen olmuştur. Günümüzde ise tür sınırlandırılması, daha da artan ilgiyle birlikte gelişmeye devam eden dinamik bir disiplindir. Son yıllarda, genetik/genomik verilere erişimin kolaylaşması, hesaplama gücünün artması, morfolojik ve kimyasal karakterlerin yeniden değerlendirilmesi, dağılım verileri ve ekolojik kayıtların ulaşılabilirliğinin kolaylaşması ile geliştirilen yenilikçi ve analitik yöntemler, türlerin sınırlarını ve evrimsel ilişkilerini ampirik olarak araştırmak için olanaklar sunar. Moleküler ve genomik veri kümelerinin ortaya çıkışı, modern tür kavramları ile birlikte, türlerin sınırlandırılmasını, farklı metodolojik yaklaşımların bulunduğu bir noktaya getirmiştir (Fujita ve ark., 2012; Leavitt, Moreau ve Thorsten Lumbsch, 2015). Son 30-40 yıl boyunca, DNA dizileme tekniklerindeki gelişmeler ve filogenetik analiz yöntemlerindeki büyük ilerlemeler moleküler belirteçlere dayalı tür sınırlandırılmasında yapay zeka ve dijital görüntü analizi gibi çeşitli yaklaşımların önünü açmıştır (Lukhtanov, 2019).

Bitkilerde, tekli veya çoklu moleküler belirteçlere dayalı tür sınırlandırılması için çekirdek, mitokondri ve kloroplast DNA'sı kullanılabilir. Ancak bitkiler için mitokondriyal DNA, evrensel primerlerin varlığına rağmen yeterince polimorfik değildir (Duminil, Pemonge ve Petit, 2002). Bu nedenle kloroplast ve çekirdek DNA'sı daha yaygın kullanılmaktadır. Türlerin sınırlandırılmasında moleküler belirteçlerin kullanımının temel amacı, filogenetik ağaçlar (gen, tür vb.) elde etmektir. Yani bir türün filogenetik ilişkilerine dair çıkarımlarda bulunmak için bir veya daha fazla DNA dizisinin evrimsel tarihinden yararlanılabilir (Duminil ve Di Michele, 2009).

Tek lokuslu moleküler belirteçlere dayalı yaklaşımlar tür sınırlandırılmasında önsel ve geniş çaplı değerlendirmelerde başarılıdır. Ancak tek lokuslu belirteçlere dayalı gen ağaçları ve tür ağaçları arasında; tamamlanmamış soy ayrışmaları, hibritleşme, poliploidi, integresyon gibi nedenlere dayalı uyumsuzluklar ortaya çıkmaktadır. Ayrıca bu yaklaşımların performansının, popülasyon büyüklüğü ve türleşme hızları arttıkça kuvvetli bir şekilde azaldığı görülmüştür. Bunlar gibi

karmaşık durumları açıklayabilmek adına, popülasyon genetiği ve filogenetiğin bir kombinasyonu olan; çoklu belirteçler ve çok türlü koalesent (birleşme) yaklaşımlar daha güvenilir sonuçlar vermektedir. Bu yaklaşımların birçoğu, tür sınırlarına ilişkin istatistiksel destek de sağlamaktadır ve bu, türleşmenin devam eden bir süreç olması nedeniyle yeni ayrılmış soy hatları göz önünde bulundurulduğunda önemli bir özelliktir (Twyford ve Ennos, 2012; Leliaert ve ark., 2014; Dellicour ve Flot, 2015).

### **1.6.Yeni Nesil Dizileme ve RADseq**

Günümüzde Illumina, Roche 454 ve AB SOLID gibi metotları kullanarak gigabazlarca DNA'yı hem kısa sürede hem de düşük maliyetle sıfırdan dizilemek mümkündür. Bunlara ek olarak transkriptom dizilemesi, gen ekspresyon profili ve küçük RNA karakterizasyonu gibi başka metotlar da geliştirilmeye devam etmektedir. Ancak bu standart metotlar genetik belirteçlerin varlığının ve kullanımının, birey bazında önemli olduğu popülasyon genetiği, tür sınırlandırılması vb. çalışmalar için tam anlamıyla uygun değildir. Soy hatları ve popülasyonlardaki evrimsel değişikliklerin araştırılabilmesi ve fenotipik özelliklerin arkasındaki genetik mimarinin anlaşılabilmesi için genom düzeyinde belirteçlere ihtiyaç vardır. Yaygın belirteç tipleri arasında mikrosatellitler, tek nükleotid polimorfizmleri (SNP'ler) ve ekleme-silme polimorfizmleri (indeller) bulunur (Davey ve Blaxter, 2010; Miller, Koren ve Sutto, 2010).

“Restriction site associated DNA” kısaca RADseq, Dr. Michael R. Miller tarafından hedef genom boyunca rastgele dağılmış binlerce lokusu dizileyebilen bir metod olarak geliştirilmiştir. Genomun karmaşıklığını; sadece restriksiyon enzimleri tarafından tanımlanan belirli bölgelerde alt örnekleme yaparak azaltır. RADseq, belirteçleri eşzamanlı olarak tanımlayabilme, doğrulayabilme ve hangi belirteçlerin hangi bölgeden geldiğini sağlam bir şekilde tanımlayabilme gibi özellikleriyle öne çıkmaktadır (Miller ve ark., 2007; Davey ve Blaxter, 2010).

RADseq herhangi bir restriksiyon enzimiyle herhangi bir tür üzerinde uygulanabilir olan çok yönlü bir metottur. Yani istenilen sayıda bireyde ve dizileme derinliğinde kullanılabilmesi de mümkündür. Büyük ölçekli popülasyon genotiplendirme çalışmalarından, belirli lokusların eksiksiz genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasına kadar geniş bir yelpazede birçok araştırma problemine uygulanabilir (Davey ve Blaxter, 2010).

Yeni nesil dizileme teknolojileri yavaş yavaş hayatımıza girmeye başladıkça RADseq ile DNA'yı kilobazlarca dizilemek mümkün olmuştur. Bu nedenle, RADSeq, hem tekli belirteçlerden hem de genom çapında dağılmış binlerce belirteç arasındaki karmaşık etkileşimlerden elde edilebilecek detaylı bilgilerle genetik belirteçlerin analiziyle ilgili yeni ufuklar açmaktadır (Davey ve Blaxter, 2010) (**Çizelge 1.5.**)

**Çizelge 1.5.** RADseq için Davey ve Blaxter tarafından vurgulanan anahtar noktalar (Davey ve Blaxter, 2010)

#### **RADseq için Anahtar Noktalar**

---

- RADSeq, seçilen herhangi bir organizmada binlerce dizilenmiş belirtecin keşfi için önemli ve yeni bir yöntemdir.
- RADSeq, farklı derinlik ve karmaşıklıkta popülasyon genetiği çalışmalarını mümkün kılar.
- RADSeq, herhangi bir boyuttaki genoma uygulanabilir ve referans bir genom gerektirmez. Böylece model olmayan organizmaların ve yabancı popülasyonların araştırılmasını mümkün kılar.

### 1.7.RAD Capture (Rapture)

Dr. Miller ve ekibi tarafından geliştirilen Rapture (RAD Capture) metodu ise bütün dünyada uygulanan geleneksel RAD dizilemesi metodlarına göre büyük yeniliklere sahiptir. Geleneksel RAD dizilemeleri kütüphane oluşturmak için genomik lokuslar ve lokuslardaki okumaların varyansını arttıran önemli bir PCR adımına ihtiyaç duyar. PCR adımında ortaya çıkan genomik klonlar yüzünden, birçok genomik kütüphane, genom birleştirmede problemlere neden olur. Dolayısıyla bu durum bütün genom verisinden elde edilecek her türlü sonucu etkileyen çok sayıda duplike okumalara yol açar. Bu bağlamda Rapture, PCR döngülerinin önemli miktarda indirgenmesi, hatta hiç yapılmaması sayesinde üretilen klonların büyük bir kısmından kurtulma ya da hiç klon oluşmaması avantajlarına sahiptir. Böylece önemli ölçüde geliştirilmiş veri ve daha kesin genomik birleştirmeler, her dizileme yolunda daha fazla örneğin genotiplendirilmesine ve dizilenebilmesine olanak sağlar (Miller ve ark., 2007; Ali ve ark., 2016)

### 1.8. Çalışmanın Amacı

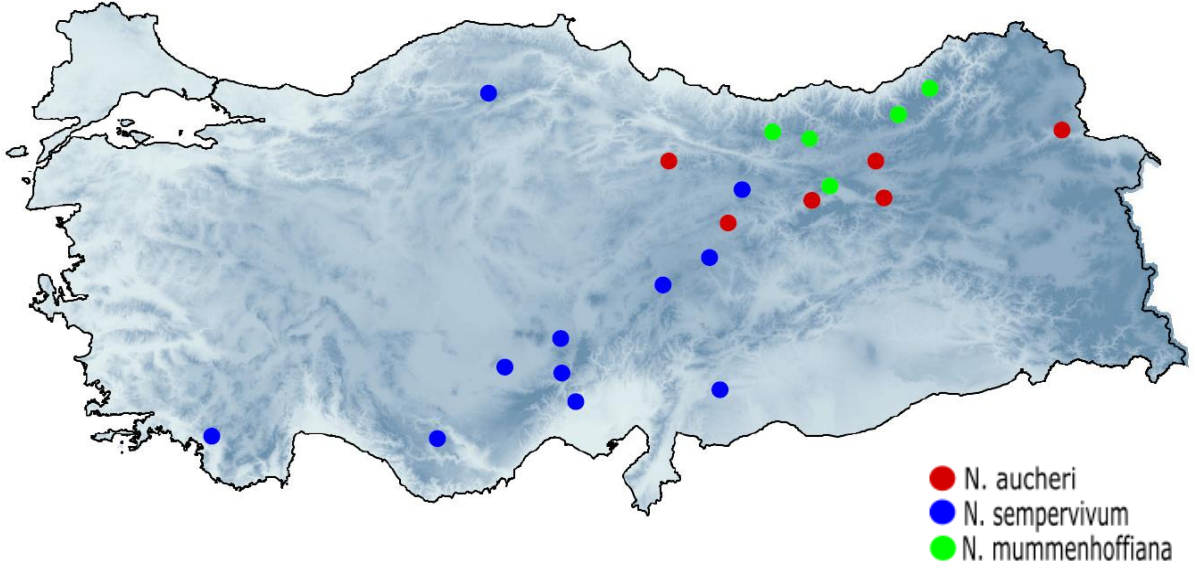
Bu tez çalışması ile,

- Literatür ve herbaryum/arazi çalışmalarında birbiri içerisine geçmiş gibi gözükken *N. aucheri* tür kompleksi kapsamındaki türlerin sınırlarının yeni nesil yüksek çözünürlüklü RADseq verisi kullanarak ortaya konulması,
- Moleküler düzeyde sınırları çizilecek türlerin morfolojik olarak da desteklenip desteklenmediğinin numerik taksonomik analizlerle ortaya konulması,
- Hatalı dağılım verilerinin düzeltilmesi ve yeni kayıtlarla beraber tür kompleksine ait güncel bir dağılım verisi elde edilmesi amaçlanmaktadır.

## 2. YÖNTEM

### 2.1. Örneklem ve Arazi Çalışmaları

Güncel olarak *N. aucheri* Tür Kompleksi'ne ait Türkiye Florası ve herbaryumlardan (ANK, B, DUOF, E, EGE, HUB, GAZI, K, KONF) tespit edilmiş lokalitelere ilave olarak, türlerin potansiyel olarak bulunabileceği Türkiye'nin serpantin ana kayaya sahip bölgelerinde arazi çalışmaları gerçekleştirilmiştir (**Şekil 2.1.**) Serpantin özellik gösteren topraklara ilaveten, jipsli topraklar, dağ yamaçları, çarşaklar ve yol kenarı aşınmış bölgeler arazi çalışmaları sırasında ziyaret edilen habitatlardır (**Şekil 2. 2.**)



**Şekil 2.1.** Türkiye Florası ve herbaryum kayıtlarına göre *N. aucheri* Tür Kompleksinin dağılımı (Hedge, 1965, ANK, B, DUOF, E, EGE, HUB, GAZI, K, KONF)





**Şekil 2.2.** *N. aucheri* Tür Kompleksi'ne ait türlerin habitatları **a)** Konya, Derebucak, Çamlık Köyü, serpantin arazi, **b)** Erzincan, Sipikör Geçidi, aşınmış alanlar, **c)** Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel Geçidi üzeri, orman açıklığı, **d)** Erzincan, Keşiş Dağı Yolu, yol kenarı, **e)** Kayseri, Pınarbaşı-Sarız arası, serpantin arazi, **f)** Sivas, Zara, Kırkgöz, serpantin arazi

Bu tez kapsamında gerekleřtirilen arazi alıřmaları sonucunda 19 poplasyona ulařılmıřtır. Ulařılan poplasyonlara ait bireyler standart herbaryum rneklere Őeklinde alınmıřtır. rneklenen her bireye ait yapraklar silika jel ierisine konularak DNA izolasyonu iin muhafaza edilmiřtir. Toplanan btn rneklere ait habitat bilgileri, ykseklik ve GPS koordinatları (ondalık derece olarak) kayıt altına alınmıřtır.

Arazi alıřmaları sonucunda toplanan rneklere Hacettepe niversitesi Biyoloji Blm Herbaryumu (HUB) 'na muhafaza edilmek zere teslim edilmiřtir. Bu rneklere ait poplasyonların tr, lokalite, habitat vb. bilgileri **izelge 2.1.**' te verilmiřtir.

**Çizelge 2.1.** Tez kapsamında gerçekleştirilen arazi çalışmalarından toplanan *Noccaea* popülasyonları ve lokasyon bilgileri

<b>Toplayıcı Numarası</b>	<b>Tür</b>	<b>Toplama Tarihi</b>	<b>Lokalite</b>
B. Özüdoğru 5434 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. sempervivum</i>	24.06.2019	Mersin, Erdemli, İçme Yaylaları üzeri, serpantin arazi, 1450 m, 36.483290 K, 34.147380 D
B. Özüdoğru 5435 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. sempervivum</i>	26.06.2019	Konya, Derebucak, Çamlık Köyü, serpantin arazi, 1339 m, 37.35380 K, 31.65882 D
B. Özüdoğru 5445 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. sempervivum</i>	05.07.2019	Kayseri, Burhaniye-Kapuzbaşı arası, serpantin arazi, 1440 m, 37.828494 K, 35.507748 D
B. Özüdoğru 5248 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. aucheri</i>	23.06.2019	Çankırı, Yapraklı, Hazımdağlı Tabiat Alanı ilerisi, serpantin arazi, 1770 m, 40.804461 K, 33.685893 D
B. Özüdoğru 5369	<i>N. aucheri</i>	22.07.2017	Sivas, Kangal, Düşek mevki, jipsli arazi, 1614 m, 39.239005 K, 37.351054 D
B. Özüdoğru 5426 & I.D. Can, H. Altınözlü	<i>N. aucheri</i>	14.06.2019	Sivas, Kangal, Düşek mevki, jipsli arazi, 1125 m, 39.239005 K, 37.351054 D



B. Özüdođru 5452 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	05.07.2019	Kayseri, Pınarbaşı-Sarız arası 15.km, serpantin arazi, 1650 m, 39.866606 K, 39.550770 D
B. Özüdođru 5468 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	06.07.2019	Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel Geçidi üzeri, Pinus açıklıkları serpantin arazi, 2070 m, 39.963790 K, 36.541590 D
B. Özüdođru 5469 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	06.07.2019	Sivas, Yıldızeli, Sarıyar Köyü üzeri, Yıldız Dađı, orman açıklığı, 1828 m, 40.139240 K, 36.907000 D
B. Özüdođru 5479 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	07.07.2019	Sivas, Zara, Kırkgöz-Büyükkaya Köyleri arası, jipsli/marnlı arazi, 1560 m, 39.36971 K, 37.43294 D
B. Özüdođru 5486 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	07.07.2019	Erzincan, Refahiye-Erzincan arası 27.km, jipsli/marnlı arazi, 1996 m, 39.87445 K, 39.09049 D
B. Özüdođru 5492 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	07.07.2019	Erzincan, Sakaltutan Geçidi üzeri, Karadađ, jipsli/marnlı arazi, 2600 m, 39.897650 K, 39.131600 D
B. Özüdođru 5499 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	08.07.2019	Erzincan, Sipikör Dađı, yol kenarı, aşınmış alanlar, 2300m, 39.872540 K, 39.555400 D

B. Özüdođru 5511 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	08.07.2019	Erzincan, Sipikör Geçidi, aşınmış alanlar, 2440 m, 39.884890 K, 39.565150 D
B. Özüdođru 5512 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	08.07.2019	Erzincan, Ergan Dađı çıkışı, yol kenarı, 2166 m, 39.615300 K, 39.498680 D
B. Özüdođru 5522 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	09.07.2019	Erzincan, Çayırılı, Yaylalar köyüne gelmeden, yol kenarı, kumullar, 1947 m, 39.805360 K, 39.858420 D
B. Özüdođru 5529 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	09.07.2019	Erzincan, Keşiş Dađı, çayırılık, 2823 m, 39.751180 K, 39.814180 D
B. Özüdođru 5530 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	09.07.2019	Erzincan, Keşiş Dađı, alpinik çayırılık, 2960 m, 39.755840 K, 39.807540 D
B. Özüdođru 5538 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N.sintensisii</i>	10.07.2019	Giresun, Alucra, Yeşilyurt Köyü, Kurbaba Tepe, yamaçlar, 2900 m, 39.014676 K, 40.337432 D

---

## 2.2. Numerik Taksonomik Analizler

Arazi alıřmaları sonucunda toplanan bitki rnekleri Trkiye Florası kullanılarak teřhis edilmiřtir. Toplanan bu rneklerle birlikte Barıř zdođru tarafından nceden toplanmıř ve herbaryum materyali haline getirilmiř olan rnekler ile Hacettepe niversitesi Herbayumu'nda bulunan *N. aucheri* Tr Kompleksi'ne ait rnekler **izelge 2.2.** 'de verilmiřtir. Bu rneklerin tamamı Numerik taksonomik alıřmalarda kullanılmıřtır.

Numerik taksonomik alıřmalar kapsamında *N. aucheri* Tr Kompleksi iin kullanılabilir morfolojik karakterlerin listesi ıkarıldıktan sonra **izelge 2.2.** 'de yer alan poplasyonlara ait bireyler incelenmiř ve llmřtr. Toplamda kompleksi temsil edecek řekilde, 42 poplasyondan 132 birey morfolojik alıřmalar kapsamında incelenmiř ve lmleri gerekleřtirilmiřtir.

**Çizelge 2.2.** Numerik taksonomik analizler için kullanılan popülasyonlar

<b>Toplayıcı Numarası</b>	<b>Tür</b>	<b>Tarih</b>	<b>Lokalite</b>
B. Özüdoğru 3450	<i>N. sempervivum</i>	09.06.2013	Adana, Burhaniye-Kapuzbaşı arası, yamaçlar, 1435 m, 37.495100 K, 35.302800 D
B. Özüdoğru 3573	<i>N. sempervivum</i>	21.06.2015	Konya, Derebucak, Uğurlu-Çamlık köyleri arası, <i>Abies</i> altı, nemli alanlar, 670-700 m, 37.35881 K, 31.66500 D
B. Özüdoğru 3610	<i>N. sempervivum</i>	27.06.2015	Niğde, Hamidiye-Büyüksofulu Köyleri arası, yol kenarı aşınış yamaçlar, 1250 m, 37.536020 K, 35.010110 D
B. Özüdoğru 3639	<i>N. sempervivum</i>	30.06.2015	Osmaniye, Zorkun, Koyun meleten yaylalarının güney batısı, kayalıklar, <i>Abies</i> açıklıkları, 1768 m, 36.966400 K, 36.382110 D
B. Özüdoğru 4466	<i>N. sempervivum</i>	09.06.2016	Kayseri, Pınarbaşı-Sarız arası 15.km, aşınmış arazi, 1650 m, 38.631400 K, 36.438600 D
B. Özüdoğru 4969	<i>N. sempervivum</i>	05.06.2017	Kayseri, Yahyalı, Çamlıca Köyü üzeri, 37.864830 K, 35.460560 D
B. Özüdoğru 5006	<i>N. sempervivum</i>	08.06.2017	Adana, Pozantı, Kızıldağ, <i>Pinus nigra</i> altı, serpantin arazi, 1750 m, 37.487720 K, 34.965330 D
B. Özüdoğru 5434 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. sempervivum</i>	24.06.2019	Mersin, Erdemli, İçme Yaylası üzeri, 36.831267 K, 34.260000 D

B. Özüdođru 5435 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. sempervivum</i>	26.06.2019	Konya, Derebucak, Çamlık Köyü, serpantin arazi, 1339 m, 37.353800 K, 31.658820 D
B. Özüdođru 5445 & I.D. Can, O. Şentürk	<i>N. sempervivum</i>	05.07.2019	Kayseri, Burhaniye-Kapuzbaşı, serpantin arazi, 1440 m, 37.826500 K, 35.507748 D
B. Özüdođru 5452 & I.D. Can, K. Özgişi	<i>N. sempervivum</i>	05.07.2019	Kayseri, Pınarbaşı-Sarız arası 15.km, serpantin arazi, 1650 m, 38.631400 K, 36.438600 D
B. Özüdođru 3146	<i>N. sempervivum</i>	03.06.2011	B7 Sivas: Kangal, Düşek mevkii, serpantin arazi, 1620 m 357674D, 4344706K
A. Pamukçuođlu	<i>N. sempervivum</i>	24.06.1970	C5 Adana, Karaisalı, Karsantı
A.Pamukçuođlu & Quezel	<i>N. sempervivum</i>	15.06.1970	C4 İçel, Mut yakını
S.Erik 3504 C- M.Koyuncu	<i>N. sempervivum</i>	30.03.1983	C2 Muđla: Fethiye, Ölüdeniz yolu, Fethiye çıkışı, mendos mevkii, 100-200 m
B. Özüdođru 3667	<i>N. aucheri</i>	16.07.2015	Erzincan, Sakaltutan Geçidi, Karadađ yolu girişindeki yamaçlar, aşınmış arazi, 2170 m, 39.882150 K, 39.134581 D
B. Özüdođru 4477	<i>N. aucheri</i>	10.06.2016	Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel Geçidi üstü, PTT RT istasyonu yolu, aşınmış yamaçlar, 1800 m, 39.963790 K, 36.541590 D

B. Özüdođru 4484	<i>N. aucheri</i>	11.06.2016	Sivas, Zara, Kırkgöz-Büyükkaya Köyleri arası, kalker kayalıklar, 1863 m, 39.616180 K, 37.721570 D
B. Özüdođru 4490	<i>N. aucheri</i>	11.06.2016	Erzincan, Sakaltutan Geçidi, Karadağ girişi, aşınmış serpantin alanlar, 2230 m, 39.886830 K, 39.137570 D
B. Özüdođru 4496	<i>N. aucheri</i>	12.06.2016	Erzincan, Çayırılı Yolu, Çayırılıya 55 km kala, aşınmış serpantin arazi, 2200 m, 39.866060 K, 39.550770 D
B. Özüdođru 5240	<i>N. aucheri</i>	23.06.2017	Çankırı, Yapraklı, Hazımdağlı Tabiat Alanı ilerisi, orman altı serpantin arazi, 1720 m, 40.805768 K, 33.703642 D
B. Özüdođru 5248	<i>N. aucheri</i>	23.06.2017	Çankırı, Yapraklı, Hazımdağlı Tabiat Alanı ilerisi, serpantin arazi, 1770 m, 40.804461 K, 33.685893 D
B. Özüdođru 5369 & I.D. Can, K. Özgişi	<i>N. aucheri</i>	22.07.2019	Sivas, Kangal, Düşek mevki, jipsli arazi, 1614 m, 39.239005 K, 37.351054 D
B. Özüdođru 5426 & I.D. Can, H. Altınözlü	<i>N. aucheri</i>	14.06.2019	Sivas, Kangal, Düşek mevki, jipsli arazi, 1125 m, 39.239005 K, 37.351054 D
B. Özüdođru 5468 & I.D. Can, K. Özgişi	<i>N. aucheri</i>	06.07.2019	Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel Geçidi üzeri, serpantin arazi, <i>Pinus</i> açıklıkları, 2070 m, 39.963790 K, 36.541590 D
B. Özüdođru 5469 & I.D. Can, K. Özgişi	<i>N. aucheri</i>	06.07.2019	Sivas, Yıldızeli, Sarıyar Köyü üzeri, Yıldız Dağı, orman açıklığı, 1828 m, 40.139240 K, 36.907000 D

B. Özüdođru 5479 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	07.07.2019	Sivas, Zara, Kırkgöz-Büyükkaya Köyleri arası, jipsli/marnlı arazi, 1560 m, 39.616180 K, 37.721570 D
B. Özüdođru 5486 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	07.07.2019	Erzincan, Refahiye-Erzincan arası 27.km, jipsli arazi, 1996 m, 39.874450 K, 39.090490 D
B. Özüdođru 5492 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	07.07.2019	Erzincan, Sakaltutan Geçidi, Karadađ, jipsli arazi, 2600 m, 39.897650 K, 39.131600 D
B. Özüdođru 5499 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	08.07.2019	Erzincan, Sipikör Dađı, jipsli arazi, 2600 m, 39.872540 K, 39.555406 D
B. Özüdođru 5511 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	08.07.2019	Erzincan, Sipikör Geçidi, aşınmış alanlar, 2440 m, 39.884890 K, 39.565150 D
B. Özüdođru 5512 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	08.07.2019	Erzincan, Ergan Dađı, yol kenarı, 2166 m, 39.615300 K, 39.500330 D
B. Özüdođru 5522 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	09.07.2019	Erzincan, Çayırılı, Yaylalar köyüne gelmeden, yol kenarı, kumullar, 1947 m, 39.858420K, 39.805360 D
B. Özüdođru 5529 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	09.07.2019	Erzincan, Keřiş Dađı, çayırılık, 2823 m, 39.814180 K, 39.751180 D
B. Özüdođru 5530 & I.D. Can, K. Özgiři	<i>N. aucheri</i>	09.07.2019	Erzincan, Keřiş Dađı, alpinik çayırılık, 2960 m, 39.807540 K, 39.755840 D

Ş.Yıldırım 1466	<i>N. aucheri</i>	08.05.1979	B7 Tunceli: Ovacık, Munzur Dağları, Kankale mevki, Karataş K.üstü, 1500-1800 m
S. Erik 1897	<i>N. aucheri</i>	16.05.1977	C5 Konya: Ereğli, Aydos Dağı, Kayasaray, Katranik, 1700 m
B. Yıldız, N.Çelik 3633	<i>N. aucheri</i>	06.06.1983	A6 Sivas/Tokat, Çamlıbel, Şistli ve derin topraklı arazi, 1600-1700 m
B. Özüdoğru 3691	<i>N. mummenhoffiana</i>	19.07.2015	Gümüşhane, Torul, Karagöl Dağı Artabel Gölleri Tabiat Alanı, hareketli kayalık, 2900 m, 40,381800 K, 39.092040 D
B. Özüdoğru 5388	<i>N. mummenhoffiana</i>	23.07.2017	Giresun, Alucra, Yeşilyurt Köyü üzeri, Kurbaba Türbesi civarı, alpinik çayırılık, kayalık, 2950 m, 40.339130 K, 39.011030 D
B. Özüdoğru 5538 & I.D. Can, K. Özgişi	<i>N. mummenhoffiana</i>	10.07.2019	Giresun, Alucra, Yeşilyurt Köyü üzeri, Kurbaba Tepe, kayalık, 2900 m, 40.337432 K, 39.014676 D
A. Güner 6812	<i>N. mummenhoffiana</i>	12.08.1985	A8 Rize, Çamlıhemşin, Ortayayla köyü, Pşut çevresi, hareketli kayalıklar, 3000 m
A. Güner 6032	<i>N. mummenhoffiana</i>	23.07.1984	A8 Rize: İkidere, Başköy (Cimil) Cermaniman Yaylası, Kurusulak mevki, hareketli kayalıklar, 2900 m



Ölçümler standart cetvel ile yapılmıştır. Çiçek, meyve, tohum vb. görece küçük organların ölçümleri için ise mikroskop kullanılmıştır. Bu çalışmalarda, bitkinin yaşam şekli, kök özellikleri, bitkinin boyu, taban yaprağı şekli, boyu, eni, kenarlarında dış bulunup bulunmaması, gövde yapraklarının (alt ve üst gövde yaprakları olmak üzere) şekli, boyu, eni, çiçek durumu sayısı, çiçek durumundaki çiçek sayısı, sepal boyu, eni, petal boyu, eni, ovul sayısı, meyve boyu, eni, stilus boyu, tohum sayısı, şekli, rengi, boyu, eni. vb. morfolojik karakterler ölçülmüş ve skorlanmıştır. Skorlanan karakterler aşağıda listelenmiştir:

- Bitkinin yaşam şekli
- kök tipi
- bitkinin boyu
- tabandan dallanıp dallanmaması
- taban yaprağı şekli, boyu, eni, kenarlarında dış bulunup bulunmaması
- gövde yaprağının şekli, boyu, eni
- çiçek durumu sayısı
- çiçek durumundaki çiçek sayısı
- sepal boyu, eni
- petal boyu, eni
- ovul sayısı
- meyve boyu, eni
- stilüs boyu
- tohum sayısı, şekli, rengi, boyu, eni

Skorlanan bu karakterler ve karakter durumları **Çizelge 2.3.** 'te verilmiştir.

**Çizelge 2.3.** Numerik taksonomik analizlerde kullanılan karakterler ve karakter durumlar

<b>Organlar</b>	<b>Karakterler</b>	<b>Karakter Durumu</b>
Kök	Belirgin ana kök	Var (0), yok (1)
	Ana kökten dallanma	Var (0), yok (1)
	Ana kök dallanma sayısı	1 (0), 1-5 (1), 5'ten fazla (2)
Gövde	Yaşam şekli	Tek yıllık (0), çok yıllık (1)
	Bitki boyu	0-20 (0), 21-50 (1), 51-70 (2)
	Tabandaki gövde sayısı	1 (0), 1-5 (1), 5'ten fazla (2)
	Dallanmanın başladığı yer	Ortanın üstü (0), ortanın altı (1)
	Gövdenin en alt kısmının kalınlığı	2 mm veya daha az (0), 2-7 mm (1), 8 mm ve daha çok (2)
	Steril rozet	Var (0), yok (1)
	Toplam rozet sayısı	1 (0), 1-5 (1), 5'ten fazla (2)
Taban yaprakları	Şekil	Spatulat (0), ters linear-mızraksı (1), spatulat ve ters linear mızraksı (2)
	Boy (mm)	Maks. 15 (0), maks. 30 (1), maks. 45 (2), 45'ten fazla (3)
	En (mm)	Maks. 5 (0), maks. 10 (1), maks. 15 (2)
	Yaprağın uç kısmı	Akut (0), akuminat (1), akut ve akuminat (2), yuvarlak ve dişli (3), mukronat (4), yuvarlak ve belirgin diş yok (5)
	Terminal diş	Yok (0), 0.5 mm (1), 1 mm (2), 2 mm (3)
	Lateral dişin şekli	Yok (0), serrate (1), dentate (2)
	Tek taraftaki lateral diş sayısı	Yok (0), maks. 2 (1), maks. 3 (2), maks. 4 (3), maks. 5 (4), maks. 6 (5)

Dallanmanın başladığı en alt dalı taşıyan yaprak	Şekil	Kordat (0), linear (1)
	Renk	Yeşil (0), mor (1), yeşil mor (2)
	Boy (mm)	Maks. 10 (0), maks. 15 (1), maks. 20 (2), 20den fazla (3)
	En (mm)	Maks. 5 (0), maks. 15 (1), 15 ten fazla (2)
	Uç Kısımın Şekli	Akut (0), akuminat (1), akut ve akuminat (2), yuvarlak (3), mukronat (4)
Üst gövde yaprakları	Şekil	Kordat (0), linear (1)
	Renk	Yeşil (0), mor (1), yeşil mor (2)
	Boy (mm)	Maks. 10 (0), maks. 15 (1), maks. 20 (2), 20den fazla (3)
	En (mm)	Maks. 5 (0), maks. 15 (1), 15 ten fazla (2)
	Uç Kısımın Şekli	Akut (0), akuminat (1), akut ve akuminat (2), yuvarlak (3), mukronat (4)
Alt gövde yaprakları	Şekil	Kordat (0), linear (1)
	Renk	Yeşil (0), mor (1), yeşil mor (2)
	Boy (mm)	Maks. 10 (0), maks. 15 (1), maks. 20 (2), 20den fazla (3)
	En (mm)	Maks. 5 (0), maks. 15 (1), 15 ten fazla (2)
	Uç Kısımın Şekli	Akut (0), akuminat (1), akut ve akuminat (2), yuvarlak (3), mukronat (4)
Sepal	Şekil	Oblong (0), oblong spatulat (1)
	Renk	Mor (0), beyaz (1), yeşil (2), mor ve beyaz (3), beyaz ve yeşil (4), mor ve yeşil (5)
	Boy (mm)	Maks. 2 (0), maks. 3 (1)
	En (mm)	Maks. 1 (0), maks. 2 (1)

Petal	Şekil	Oblong (0), oblong spatulat (1), spatulat (2)
	Boy (mm)	Maks. 3 (0), maks. 4 (1), maks. 5 (2), maks. 7 (3)
	En (mm)	Maks. 2 (0), maks. 3 (1)
Meyve	Şekil	Eliptik (0), uzamış ucu genişlemiş eliptik (1) linear eliptik (2),
	Uç ve taban	Tabanda ve uçta attenuate (0), tabanda attenuate (1), ikisi de görülür (2)
	Boy (mm)	Maks. 5 (0), maks. 10 (1), maks. 15 (2)
	En (mm)	Maks. 2 (0), maks. 3 (1), maks. 4 (2), maks. 5 (3)
	Stilus boyu	< = 0.5 mm (0), > 0.5 mm (1),
	Her lokustaki ovul sayısı	1 (0), 1 veya 2 (1), 2 (2), 2 veya 3 (3), 3 (4), 3 veya 4 (5)
	Meyve sapı boyu	Maks. 5 (0), maks. 8 (1), maks. 12 (2)
	Bitkideki toplam meyve sayısı	0-100 (0), 100-200 (1), 200'den fazla (2)
Tohum	Şekil	Su damlası (0), oval (1), oval su damlası (2)
	Renk	Açık kahverengi (0), kahverengi (1), koyu kahverengi (2), yeşilimsi kahverengi (3), sarı (4)
	Boy (mm)	Maks. 2 (0), maks. 3 (1)
	En (mm)	Maks. 1 (0), maks. 2 (1)
	Yüzey	Striate (0), finely striate (1), düz (2)

Morfolojik incelemeleri ve ölçümleri yapılan 132 bireyden eksik karakter durumu gözlenenler, kümeleme analizleri için oluşturulan veri setine dahil edilememiş ancak türlerin betimleri verilirken kullanılmışlardır. Numerik taksonomik analizlerde kullanılan, eksik karakter durumu gözlenmeyen bireylerden oluşan veri seti ise 30 popülasyondan toplamda 65 birey içermektedir. Bu veri setine ait popülasyon ve birey sayısı, **Çizelge 2.4.**'te verilmiştir.

**Çizelge 2.4.** Kümeleme analizlerinde kullanılan popülasyonlar ve birey sayıları

Popülasyon	Birey Sayısı
B. Özüdoğru 3639	1
B. Özüdoğru 4466	5
B. Özüdoğru 4969	2
B. Özüdoğru 5006	1
B. Özüdoğru 5434	1
B. Özüdoğru 5445	1
B. Özüdoğru 5452	2
A.Pamukçuoğlu. S.N.	1
A. Pamukçuoğlu.&Quezel S.N	1
B. Özüdoğru 4477	1
B. Özüdoğru 4484	2
B. Özüdoğru 5248	1
B. Özüdoğru 5369	1
B. Özüdoğru 5426	3
B. Özüdoğru 5468	3
B. Özüdoğru 5469	4
B. Özüdoğru 5479	3
B. Özüdoğru 5486	2
B. Özüdoğru 5492	3
B. Özüdoğru 5499	1
B. Özüdoğru 5511	3
B. Özüdoğru 5512	1
B. Özüdoğru 5522	2
B. Özüdoğru 5529	2

B. Özüdođru 5530	3
B. Özüdođru 3691	3
B. Özüdođru 5388	1
B. Özüdođru 5538	9
A. Güner 6032	1
A. Güner 6812	1

Oluřturulan veri seti PAST 4.0 paket programında Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak, “Neighbour Joining” metodu ile çok deđişkenli kümeleme analizi yapılmak suretiyle deđerlendirilmiřtir (Hammer Ø., 2001).

## 2.3. Genomik Analizler

### 2.3.1 DNA İzolasyonu

Moleküler analizlerde kullanılacak olan DNA, araziden toplanarak silika jel içerisinde kurutulan/muhafaza edilen yaprak örneklerinin kullanılarak “QIAGEN DNeasy Plant Mini Kit” ile elde edilmiřtir. **Çizelge 2.5.** ‘te DNA izolasyonunda izlenen adımların detayları verilmiřtir.

#### **Çizelge 2.5.** DNeasy Plant Mini Kit ile uygulanan protokol basamakları

1. Doku örnekleri sıvı azot veya homojenizatör yardımıyla parçalanır.
2. Örneklerin bulunduğu tüplere 400 ml. AP1 Buffer ve 4ml. RNase eklenir. Vortekslenir ve 65°C’de 10 dk bekletilir. İnkübasyon sırasında tüpler 2 veya 3 kez çalkalanır.  
Not: Buffer AP1 VE RNase karıřtırılmadan eklenmelidir.
3. 130 ml. P3 Buffer eklenir ve en az 5 dk. Buz içerisinde bekletilir.
4. Öneri: Lizat 5 dk. 14.000 rpm’de santrifüj edilir.
5. Lizat, QIAshredder spin kolonu içeren 2 m. koleksiyon tüplerine pipet yardımıyla aktarılır. 2 dk. 14.000rpm’de santrifüj edilir.
6. Akıp giden kısım pelet ile temas ettirilmeden yeni bir tüpe aktarılır. Bu kısmın 1.5 katı kadar AW1 Buffer eklenir ve pipet ile karıřtırılır.

7. Karışımdan 650 ml. Alınarak DNeasy Mini spin kolon içeren 2ml.2lik koleksiyon tüpüne aktarılır. 8000 rpm'de 1 dk. santrifüj edilir. Akıp giden kısım atılır. Aynı işlemler kalan karışım için tekrardan uygulanır.
8. Kolon yeni bir 2 ml.'lik koleksiyon tüpüne yerleştirilir. 500 ml. AW2 Buffer eklenir ve 8000 rpm'de 1 dk. santrifüj edilir. Akıp giden kısım atılır.
9. Tekrardan 500 ml. AW2 Buffer eklenir. 14.000 rpm'de 2 dk. santrifüj edilir.
10. Kolon yeni bir 1.5 ml'lik veya 2 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne yerleştirilir.
11. Elüsyon aşaması için 100 ml. AE Buffer ilave edilir ve 5dk. oda sıcaklığında bekletilir. Daha sonra 8000 rpm'de 1 dk. santrifüj edilir.
12. 11. basamak tekrarlanır.

### **2.3.2. RADseq kütüphanelerinin oluşturulması ve sekanslanması**

RADseq kütüphaneleri daha önceden yayınlanmış ve aşağıda özetlenmiş protokollere göre (Ali ve ark., 2016) Pst1 kesim enzimi kullanılarak oluşturulmuş ve 10X derinlikte sekanslanmıştır. Bu işlem hem geleneksel RADseq hem de Rapture yöntemlerini geliştiren Dr. Miller'in kontrolünde California Üniversitesi, Davis'ten, hizmet alımı şeklinde gerçekleştirilmiştir.

Bu işlemin basamakları aşağıda verilmiştir.

- 1) Genomik DNA bir Pst1 enzimi ile parçalanır ve ortaya çıkan parçaların uçlarını bir adaptör (P1) takılır. Bu adaptör üzerinde, ileri yönde çoğaltma için (forward amplification) Illumina sekanslama primer bölgesi bulunur ve ek olarak her bireyi tanımlayabilmek için bireye özgün 4 veya 5 baz çifti uzunluğunda bir nükleotid barkodu bulunur
- 2) Adaptör ve barkod bağlı bu fragmentler bir araya kümelenir, rastgele kırılır ve Illumina platformunda sekanslanabilecek uygun boyutta olanlar (150 – 300 baz çifti) seçilir
- 3) DNA'lar daha sonra ikinci bir adaptöre (P2'ye) bağlanır. Bu farklı uçlara sahip bir Y adaptörüdür ve ters yönde çoğaltma işlevi gösteren primerin bağlantı noktasıdır. Ters yönde çoğaltma işlemini gerçekleştirecek olan primerin P2 adaptörüne bağlanabilmesi için sekanslanacak DNA parçacığında P1 adaptörünün mevcut olması

gerekir. Dolayısıyla P2 adaptörünün görevi sadece P1 adaptörünün bağlanmış olduğu DNA parçacıklarının PZR yöntemi ile çoğaltılmasını sağlamaktadır.

4) Çoğaltılan bu bölgeler bir birlerine tam uyumluluk gösteren kümeler halinde gruplandırılır. Oluşturulan bu kümeler ikili ikili karşılaştırılarak olası lokuslar belirlenir. Bireyler, sayısı 100 binleri aşan bu lokuslar kullanılarak karşılaştırılır ve analizlerde kullanılacak milyonlarca tekli nükleotit polimorfizmaları (genetik belirteçler) ortaya konulmuş olur.

### **2.3.3. Filogenetik analizler için veri hazırlanması ve lokus belirlenmesi**

Her bir bireye ait sekanslar ham RAD kütüphanelerinden 8 baz çiftlik barkodlar yoluyla çıkartılarak farklı fastq dosyalarına özgün perl yazılımları kullanılarak bireylere ayrılmıştır. Bireysel RAD sekansları kullanılarak farklı genlerin tanımlanması, Sağlam ve ark., (2016)'da verilen yöntemler çerçevesinde gerçekleştirilmiştir. Kısaca, farklı bireylere ait sekans okumaları tek bir fasta dosyası altında toplandıktan sonra, bütün sekanslar bu fasta dosyasına hizalanarak bütün sekans çiftleri için birey içi ve bireyler arası haritalanma yapılmıştır. Elde edilen her bir birey National Center for Biotechnology Information (NCBI, <https://www.NCBI.nlm.nih.gov/>) isimli veri bankasında bulunan TAIR10.1 (GCF\_000001735.4) kodlu *Arabidopsis thaliana* referans genomuna aşağıdaki script kullanılarak hizalanmıştır.



---

```
#!/bin/bash -l

pop=$1
n=$(wc -l ${pop} | awk '{print $1}')
ref=$2

bwa index -a bwtsv ${ref}

x=2

while [ $x -le $n ]
do
string="sed -n ${x}p ${pop}"
str=$(($string))
var=$(echo $str | awk -F"\t" '{print $1, $2, $3}')
set -- $var

c1=$1 ### well no ###
c2=$2 ### Barcode ###
c3=$3 ### codes ###

echo "#!/bin/bash" > ${c3}.sh
echo "" >> ${c3}.sh
echo "bwa mem ${ref} ${c3}_R1.fastq ${c3}_R2.fastq > ${c3}.sam" >> ${c3}.sh
echo "samtools view -bS ${c3}.sam | samtools sort - > ${c3}_sorted.bam" >> ${c3}.sh
echo "samtools view -b -f 0x2 ${c3}_sorted.bam > ${c3}_sorted_proper.bam" >>
${c3}.sh
echo "samtools rmdup ${c3}_sorted_proper.bam ${c3}_sorted_proper_rmdup.bam"
>> ${c3}.sh
echo "samtools index ${c3}_sorted_proper_rmdup.bam" >> ${c3}.sh
sbatch -t 1440 --mem=32G -c 1 ${c3}.sh

x=$(( $x + 1 ))

done
```

---

#### 2.3.4. Filogenetik Analizler

Filogenetik analizlerde kullanılacak lokuslar belirlenirken Altinkaya ve ark. (2020, hazırlık aşamasında) tarafından geliştirilen yazılımlar ve scriptler kullanılmıştır. Grup içi çeşitliliği en iyi yansıtabilecek lokusları seçme amacıyla bir grupta en az iki birey ile temsil edilen lokuslar seçilmiştir. Seçilen lokuslardan angsd programı kullanılarak (Korneliusson, Albrechtsen ve Nielsen, 2014) 1200 adet fasta dosyası oluşturulmuştur. Bu dosyalardan rastgele seçilen ve tamamı çekirdek genomuna ait 100'er lokustan oluşan "lociset01" ve "lociset02" isimlerinde 2 adet veri seti oluşturulmuştur. Bu veri setlerinden birincisi iki adet 50'şer lokusluk veri setine bölünmüş (lociset01\_first50 ve lociset01\_second50) ve elde edilen veri setlerinin herbiriyle aynı analizler yürütülmüştür. Sonuç olarak nihai analizler için 2 adet 50 ve 2 adet 100 lokusluk veri setleri kullanılmıştır. Gerçekleştirilen tüm analizlerde *Noccaea* cinsi ile ilgili yürütülen ve RADSeq verisine dayalı filogenetik analizlerde (yayınlanmamış veri) *N. aucheri* tür kompleksiyle yakın ilişkili olduğu bilinen *N. rosularis* (Boiss. & Balansa) Al-Shehbaz dış grup olarak kullanılmıştır.

Temel filogenetik analizler çok türlü koalesent yaklaşımıyla (multispecies coalescent) BEAST 2 version 2.6.2. (Bouckaert ve ark., 2019) paket programında gerçekleştirilmiştir. Çok türlü koalesent yaklaşımı, gen ağaçlarında görülen varyasyonları tür ağaçlarını, yani türlerin geçmişindeki ayrılma öyküsünü doğru tahminleme için kullanır (Sağlam ve ark., 2019). Bu yaklaşım *N. aucheri* Tür Kompleksi'ne ait popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkiyi tanımlamak için kullanılmıştır. Yani öncelikli olarak örneklenen her birey bir popülasyona atanmış ve böylelikle tür ağacı yerine popülasyon ağaçları elde edilerek popülasyonların tarihçeleri (birleşmeleri) ortaya konulmuştur. BEAST analizleri için gerekli xml. dosyaları BEAUti (Drummond ve ark. 2012) yazılım paketi ile farklı gen ağaçları arasındaki varyasyonları bir tür/popülasyon ağacı üzerinde özetleyen \*BEAST2 (Heled ve Drummond 2010) şablonu kullanılarak hazırlanmıştır. Kullanılan tüm lokuslar için "mutasyon" ve "saat modelleri" birbirine bağlanmış (linked), ve kullanılan RAD lokuslarının kısalığı hesaba katılarak mümkün olan en sade model olan JC69 modeli substitution hızı sabitlenerek kullanılmıştır. Moleküler saat için "Strict Molecular Clock" seçilmiş ve mutasyon hızı 0-100 arası "uniform" dağılımdan örneklenerek hesaplanmıştır. Popülasyon büyüme modeli olarak ise "Constant Population Growth Model" seçilmiştir. Her bir veri seti için 2 bağımsız Markov Chain

Monte Carlo (MCMC) analizi, 50 milyon zincir uzunluğunda gerçekleştirilmiş (toplamda 10 analiz) ve her 5000 jenerasyonda bir örneklem yapılarak toplamda 10000 ağaç elde edilmiştir. Aynı örneklem stratejisi analizde kullanılan parametrelerin önsel (prior) ve ardıl (ardıl) olasılıklarının değerlendirilmesinde kullanılan “log” uzantılı dosyalar içinde gerçekleştirilmiştir. Tüm analizlerden elde edilen log dosyalarının Tracer version 1.7.1. (Rambaut ve ark., 2018) programı kullanılarak Effective Sample Size (ESS) değerleri kontrol edilmiş, ayrıca bağımsız gerçekleştirilen analizler arasında farklı parametreler açısından yakınsama olup olmadığı, yine bu program yardımıyla görselleştirilmiştir. Farklı analizlerden gelen .trees uzantılı ağaç dosyaları ise %10 burn-in değeriyle (bağımsız her bir analiz için ilk 1000 ağaç) birlikte Logcombiner v2. 4.7 ( Rambaut ve Drummond, 2017) programında birleştirilmiştir. Birleştirilen ağaçlar Treeannotator v. 2.2 programı yardımıyla “Maksimum Clade Credibility tree” şeklinde özetlenerek tek bir ağaç elde edilmiştir. Bu nihai ağaç ise Figtree v.4 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>, erişim tarihi: 21.07.2020) programı ile görselleştirilmiştir.

Yukarıda detayları verilen tüm analizler aynı parametreler kullanılarak *N. aucheri* tür kompleksine ait türlerin popülasyonlar yerine türlere atanması suretiyle de gerçekleştirilmiş ve tür ağaçları elde edilmiştir.

### **2.3.5. Tür Sınırlandırması**

Filogenetik analizler sonucu elde edilen veri setlerine ait ağaçlar Figtree yardımıyla newick formatına dönüştürülmüştür. Daha sonra bu dosyalar GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent) (Fujisawa ve Barraclough, 2013) ve PTP (Poisson Tree Processes) (Zhang ve ark., 2013) metodlarıyla tür sınırlandırması analizleri için ilgili metodların web sunucularında kullanılmıştır. (<https://species.h-its.org/> ; <https://species.h-its.org/gmyc/>)

GMYC, tür sınırlandırma için ultrametrik ağaçlar (zaman kalibrasyonlu) kullanan, çok türlü koalesent tabanlı popüler bir metottur. Türler arası dallanmaları yani türleşmeyi ortaya çıkma süreci, tür içi dallanmaları ise nötr koalesent süreçler olarak modeller. GMYC nispeten küçük popülasyonlar ve düşük ortaya çıkma hızları ile daha iyi performans göstermektedir.(Esselstyn vd, 2012; Fujisawa ve Barraclough, 2013;

Zhang ve ark., 2013 ). GMYC'nin bir dezavantajı, ultrametrik girdi ağacının doğruluğuna bağlı olmasıdır. Belirli bir soy hattından ultrametrik bir ağaç elde etmek, bilgi işlem açısından yoğun ve potansiyel olarak hataya açık bir süreçtir. Bu nedenle ultrametrik ağaç hazırlanırken BEAST gibi popüler ve sağlam yazılımları seçmek daha güvenilir olacaktır (Fujisawa ve Barraclough, 2013; Zhang ve ark., 2013). PTP ise tür sınırlandırma için köklendirilmiş filogenetik ağaçları kullanan ve yine çok türlü koalesent tabanlı bir metottur. PTP'de, türleşme veya dallanma olayları mutasyon (substitutions) sayısına göre modellenmektedir (Zhang ve ark., 2013).

GMYC ile gerçekleştirilen analiz için "Single Threshold" modeli kullanılmış, PTP analizi ise 100000 MCMC jenerasyonu ile her 100 jenerasyonda bir örneklem yapılarak 0.1 burn-in ve 123 seed değeriyle gerçekleştirilmiştir. Tüm bu analizlerde filogenetik analizlerde olduğu gibi *N. rosularis* dış grup olarak kullanılmıştır.

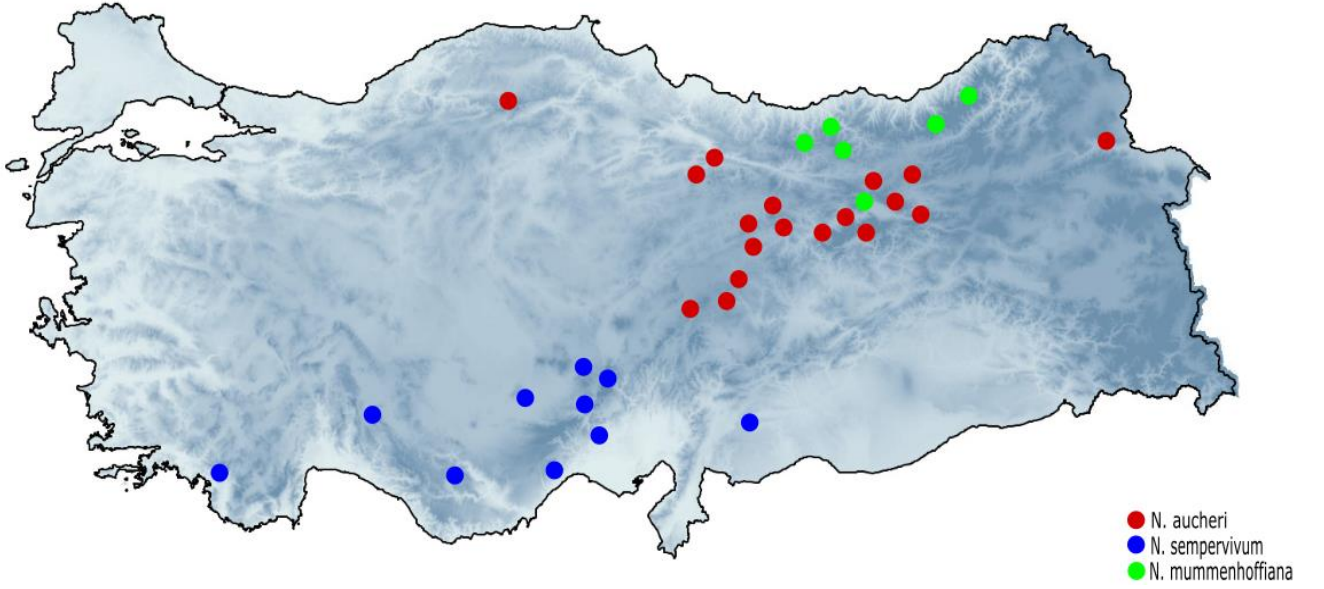
Tür sınırlandırması analizleri ayrıca BEAST2 (Bouckaert ve ark., 2019) programı içerisinde bulunan ve eşik değeri (threshold) tabanlı çalışan STACEY (Jones, 2017) paketi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. STACEY birçok tür sınırlandırması programı gibi çok türlü koalesent metoduna dayanarak tür sınırlandırmak için Bayesian yaklaşımı kullanır. Ancak STACEY analizlerinde tanımlanan her minimal küme (popülasyon ya da tür) her lokusa ait en az bir tane DNA dizisi gerektirmekte ve elimizdeki tek bireyle temsil edilen popülasyonların bu özelliği karşılamaması sebebiyle bu analiz, popülasyon ağacı yaklaşımı ile kullanılamamış fakat tür ağacı yaklaşımıyla kullanılabilmiştir (Jones, 2016). Gerçekleştirilen analizde The 'Collapse Weight' parametresi Beta ön olasılık dağılımının  $\alpha$  ve  $\beta$  parametreleri 1 olacak şekilde ayarlanması ile hesaplanmıştır. Bu yöntem özellikle analiz edilecek kümeler hakkında önsel bilgi olmadığı durumlarda tavsiye edilmektedir. STACEY için kullanılan MCMC analizleri \*BEAST'te kullanılanlarla aynı şekilde ayarlanmıştır. Analiz sonucunda elde edilen filogenetik ağaçlardan oluşan trees uzantılı dosya aşağıdaki komut kullanılarak SpeciesDelimitationAnalyser v1.8.0 (Jones ve ark, 2015) paketinde analiz edilmiş ve minimal kümeler hesaplanmıştır.

```
java -jar speciesDA.jar -burnin 1000 -collapseheight 0.00003 -simcutoff 1.0 <input file> <output file>
```

### 3. BULGULAR

#### 3.1. Örneklem ve Arazi Çalışmaları

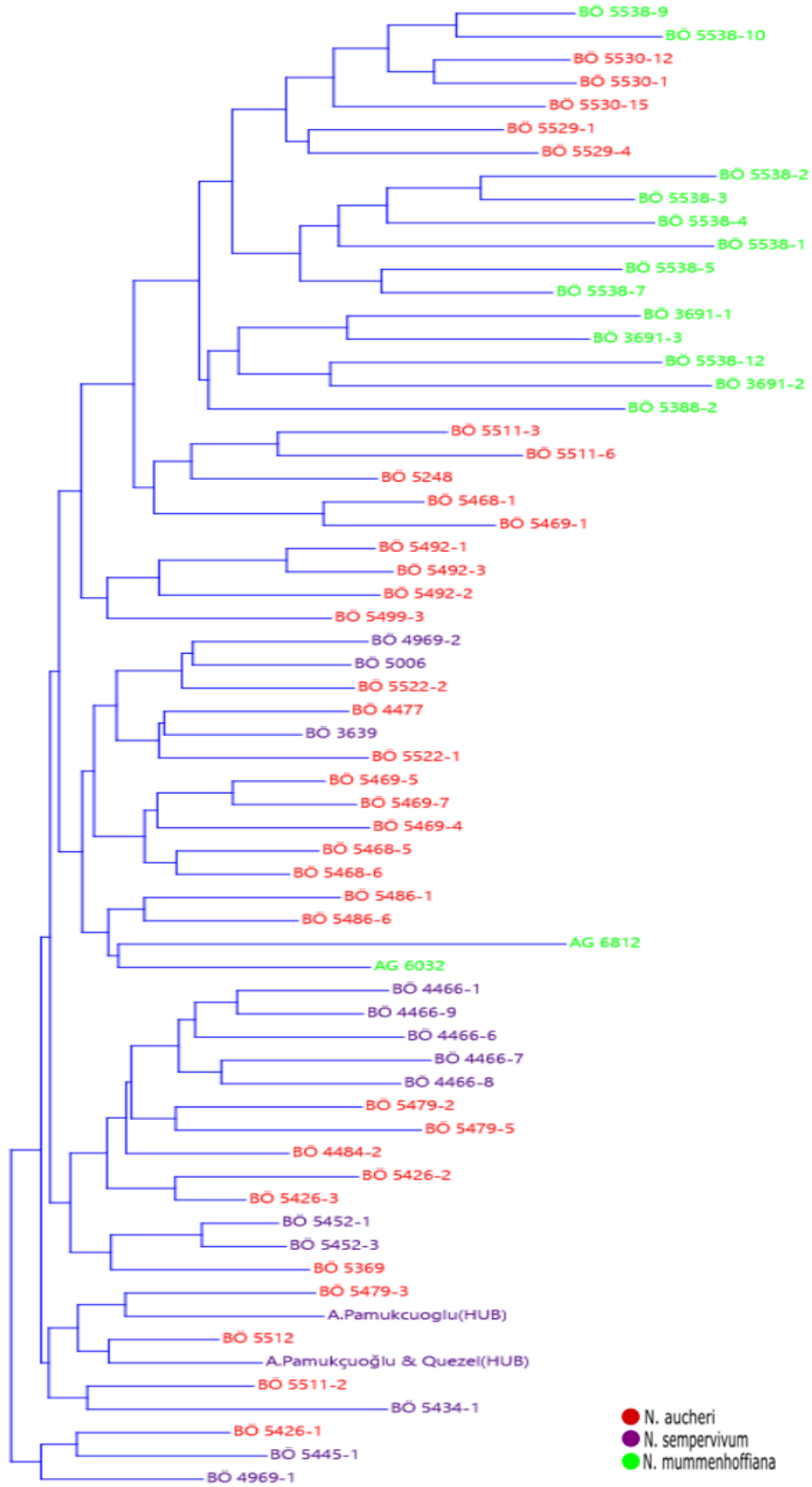
Gerçekleştirilen arazi çalışmaları, literatür taramaları ve herbaryum kayıtları doğrultusunda *N. aucheri* Tür Kompleksi'nin Türkiye içerisindeki dağılım alanı güncellenmiştir. Literatür ve herbaryum kayıtlarının yanı sıra türlerin potansiyel olarak bulunabileceği lokasyonlar da ziyaret edilmiş ve yeni kayıtlar literatüre kazandırılmıştır (**Şekil 3. 1.**).



**Şekil 3.1.** *N. aucheri* Tür Kompleksi'nin güncellenmiş dağılım haritası

#### 3.2. Numerik taksonomik Analizler

*N. aucheri* Tür Kompleksi'ne ait vejetatif ve generatif organların ölçülmesi ve skorlanması ile elde edilen dendrogram **Şekil 3. 2.**'de verilmiştir.



Şekil 3.2. *N. aucheri* Tür Kompleksi'ne ait morfolojik verilerle elde edilen dendrogram

Analiz sonucunda, analize dahil edilen 3 tür de morfolojik olarak belirgin bir gruplaşma göstermemiştir. Yeşil renkle gösterilen ve mevcut teşhis anahtarlarıyla *N. mummenhofiana* olarak isimlendirilen popülasyonlar *N. mummenhoffiana*'nın tip lokalitesi ve civarında *N. aucheri*'nin Erzincan popülasyonlarıyla birlikte kümelenmiştir. Bununla beraber; bu türün Hacettepe Üniversitesi Herbaryumu'ndan elde edilen Rize popülasyonlarına ait bireyler (AG 6812 ve AG 6032) dendrogramda tamamen farklı bir bölgede yer almıştır. Kırmızı ile gösterilen *N. aucheri* olduğu kabul edilen bireylerden, Erzincan popülasyonlarına ait olanlar dendrogramda, *N. mummenhoffiana*'ya ait bireylerin arasında yer almıştır. Bunların dışında kalan *N. aucheri*'ler ve mor renkle belirtilen ve *N. sempervivum* olduğu kabul edilen popülasyonlar ise kayda değer bir gruplaşma oluşturamamıştır. Sonuç olarak **Şekil 3. 2.**'deki dendrogramda 3 *Noccaea* türünün de morfolojik olarak birbirlerine yakınlık gösterdiğini ve iç içe geçmiş durumda olduğunu görülmektedir.

*N. aucheri* Tür Kompleksi'nin incelenen morfolojik karakterleri bakımından en çok varyasyon gözlemlenen organı yaprak olmuştur. Hem gövde yapraklarında (**Şekil 3.3.**) hem de taban yapraklarında (**Şekil 3.4.**) çok çeşitli boy, şekil ve diş yapısına rastlanmıştır. İncelenen karakterler arasında en az varyasyon ise çiçek ile ilgili karakterler arasında gözlenmiştir. Söz konusu 3 türde de oldukça stabil bir çiçek yapısı (sepaller oblong, mor veya beyaz 2 x 1 mm., petaller oblong veya oblong-spatulat, beyaz, 2-4 x 2-3 mm) vardır. Türkiye Florası'nda ayırım karakterlerinden bir tanesi olarak karşımıza çıkan stilus boyu ise türleri ayırmada yetersiz kalmıştır. Geleneksel olarak *N. sempervivum* olduğu varsayılan popülasyonlarda belirgin stiluslara ve tam tersi geleneksel olarak *N. aucheri* olduğu varsayılan popülasyonlarda da kısa stiluslara rastlanmıştır. *N. mummenhofiana* olduğu varsayılan popülasyonlarda ise hem kısa hem uzun stiluslar bulunmaktadır (**Şekil.3.5.**).



**Şekil 3.3.** *N. aucheri* Tür Kompleksi'nden bazı popülasyonların gövde yaprakları (Siyah barlar 1cm'lik uzunluğu belirtmektedir.) **a)** BÖ 5434, Mersin, Erdemli, **b)** BÖ 5435, Konya, Derebucak, Çamlık, **c)** BÖ 5452, Kayseri, Pınarbaşı, **d)** BÖ 5530, Erzincan, Keşiş Dağı, **e)** BÖ 5468, Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel, **f)** BÖ 5469, Sivas, Yıldızeli, Sarıyar, **g)** BÖ 5511, Erzincan, Sipikör Geçidi (Türkiye Florası'na göre; **a-c** arası : *N. sempervivum*, **d-g** arası : *N. aucheri*)





**Şekil 3.4.** *N. aucheri* Tür Kompleksi'nden bazı popülasyonların taban yaprakları (Siyah barlar 1cm'lik uzunluğu belirtmektedir.) **a)** BÖ 5538, Giresun, Alucra, Kurbaba, **b)** BÖ 5435, Konya, Derebucak, Çamlık **c)** BÖ 5445, Kayseri, Burhaniye-Kapuzbaşı, **d)** BÖ 5452, Kayseri, Pınarbaşı, **e)** BÖ 5434, Mersin, Erdemli, **f)** BÖ 4969, Kayseri, Yahyalı, **g)** BÖ 5499, Erzincan, Sipikör Dağı, **h)** BÖ 5468, Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel, **ı)** BÖ 5492, Erzincan, Sakaltutan Geçidi, **j)** BÖ 5486, Erzincan, Refahiye (Türkiye Florası'na göre; **a):** *N. mummenhofiana*, **b-f** arası: *N. sempervivum* **g-j** arası: *N. aucheri*)



**Şekil 3.5.** *N. aucheri* Tür Kompleksi'nden bazı popülasyonların meyveleri (Siyah bar 1cm'lik uzunluğu belirtmektedir) **1)** BÖ 3691, Gümüşhane, Torul, **2)** BÖ 5388, Giresun, Alucra, Kurbaba, **3)** BÖ 5538, Giresun, Alucra, Kurbaba, **4)** BÖ 4477, Sivas, Yıldızeli, Çamlıbel, **5)** BÖ 4484, Sivas, Zara, Kırkgöz, **6)** BÖ 5426, Sivas, Kangal, **7)** BÖ 5486, Erzincan, Refahiye, **8)** BÖ 5511, Erzincan, Sipikör Geçidi, **9)** BÖ 3573, Konya, Derebucak, Çamlık, **10)** BÖ 5435, Konya, Derebucak, Çamlık, **11)** BÖ 4466, Kayseri, Pınarbaşı, **12)** BÖ 5006, Adana, Pozantı ( Türkiye Florası'na göre; **1-3** arası: *N. mummenhoffiana*, **4-8** arası: *N. aucheri*, **9-12** arası: *N. sempervivum*)

Son olarak *N. aucheri*'nin Erzincan Keşiş Dağı popülasyonunda yüksekliğe bağlı olarak oluşan bir morfolojik varyasyon gözlenmiştir. Keşiş Dağı'nın eteklerinden (1950 m) toplanan bireyler *N. aucheri* için tipik olan iki yıllık olma, tabandan tek gövdeyle çıkma, steril rozetlere sahip olmama ve 45-70 cm uzunluğunda olma gibi morfolojik özelliklere sahiptir. Bunun yanı sıra dağın orta-üst kısımlarında (yaklaşık 2800 m) tabandan birden fazla gövdeyle çıkıp steril rozetleri olan, çok yıllık yaşam şekline sahip ve 25 cm'den kısa bireylere rastlanmıştır. Dağın zirve noktalarına yakın yerlerde (yaklaşık 3000 m) yetişen bireylerde ise yukarıdaki özelliklerin (tabandan birden fazla gövdeyle çıkma, steril rozetlere sahip olma, çok yıllık yaşam şekline sahip olma) yanında bitki boyunun iyice kısaldığı (< 10 cm) ve tipik *N. mummenhoffiana* formuna dönüştüğü bireyler gözlenmiştir (**Şekil 3.6.**).



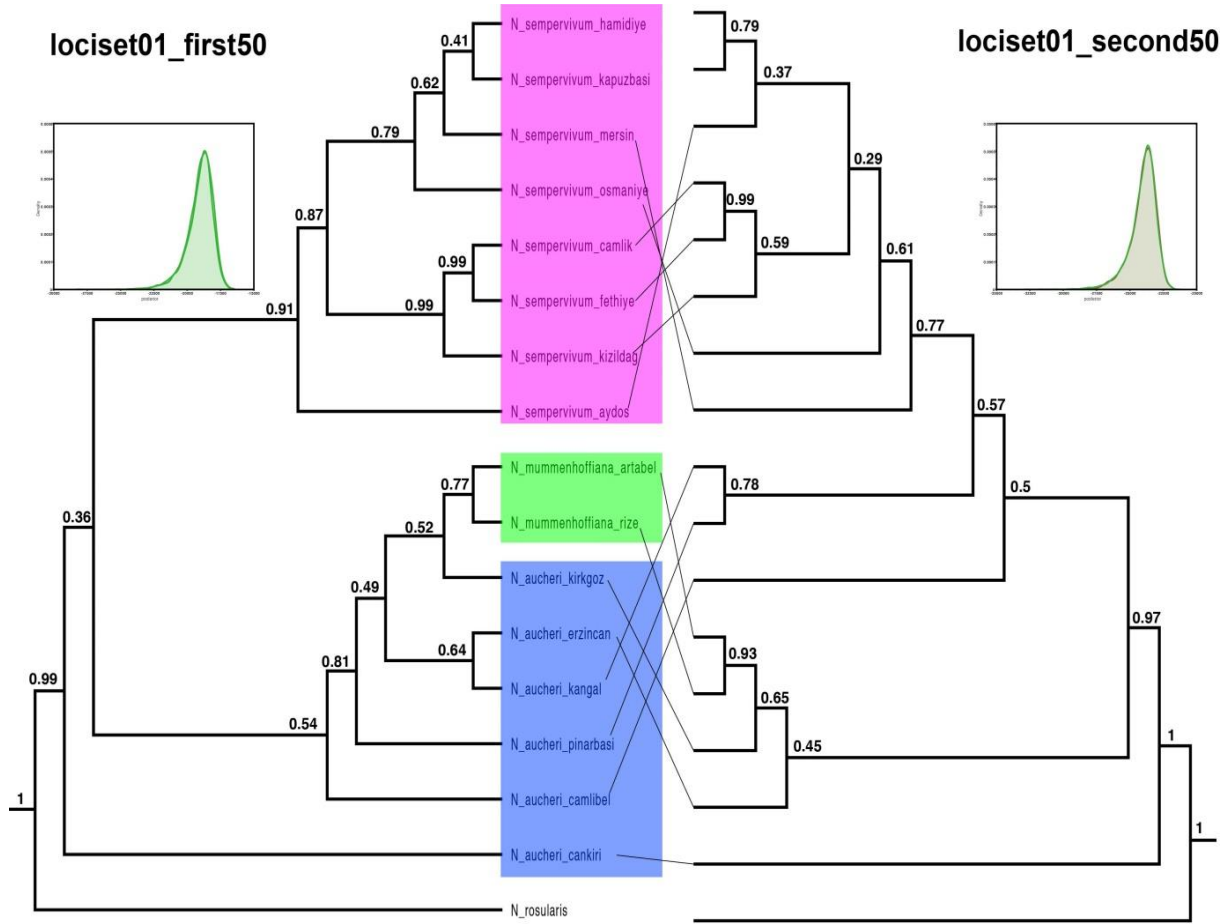


**Şekil 3.6.** Erzincan Keşiş Dağı *N. aucheri* popülasyonu **a)** Dağın eteklerinden (1950 m) bir birey **b)** Dağın eteklerinden bir bireyin gövde yaprakları **c)** 2800 m'den toplanmış çoklu gövdeye sahip bir birey **d)** Dağın zirvesinden (3000 m) bir birey.

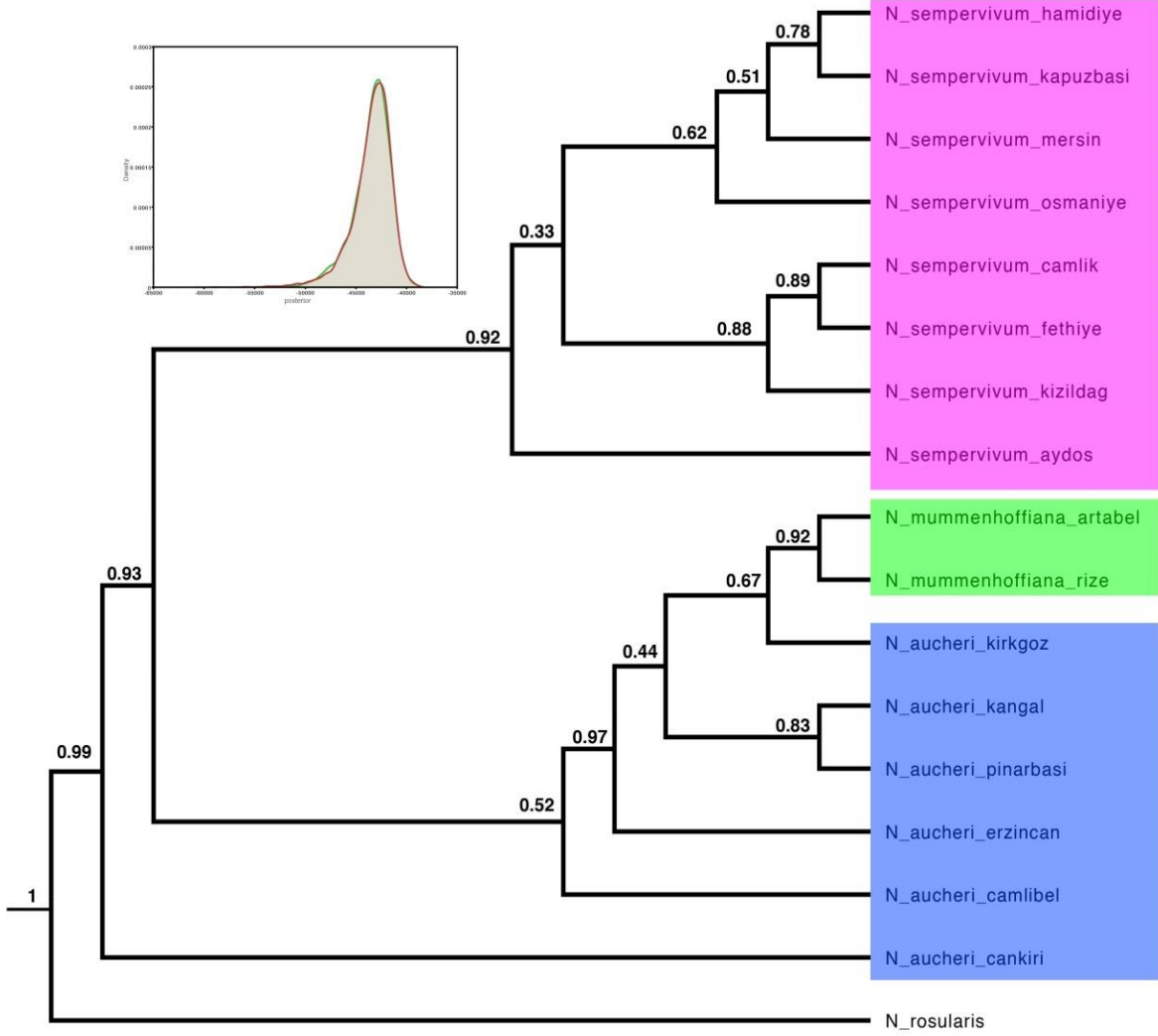
### 3.3. Filogenomik Analizler ve Popülasyon Ağaçları

4 farklı veri seti ile \*BEAST programında gerçekleştirilen ağaçlar **Şekil 3.7.**, **Şekil 3.8.** ve **Şekil 3.9.**'da verilmiştir. Elde edilen tüm popülasyon ağaçlarında *N. aucheri* tür kompleksini oluşturan popülasyonlar monofiletik (veri setleri için sırasıyla 0.99, 1.00, 0.99 ve 0.98 ardıl olasılık) olarak karşımıza çıkmaktadır. Morfolojik ve coğrafi bilgilerimiz ışığında *N. sempervivum* olduğu düşünülen popülasyonlar 4 analizde de birlikte kümelenmekle beraber, elde edilen nodlara orta (0.91-0.92, (**Şekil 3.8.** ve **3.9.**)) ya da düşük (0.52-0.57 (**Şekil 3.8.** ve **3.10.**)) ardıl olasılık değerleri ile desteklenmiştir. Yine tüm analizlerde bu türe ait bazı popülasyon grupları oldukça tutarlı bir şekilde bir arada bulunmaktadır. Örneğin Kızıldağ, Fethiye ve Çamlık popülasyonlarının oluşturduğu klad 4 farklı veri seti ile gerçekleştirilen analizlerde 0.59 (lociset01\_second50) ile 0.99 (lociset01\_first 50) arasında değişen ardıl olasılıklarla desteklenmektedir. *N. aucheri* türünü oluşturan tüm popülasyonlar da 4 farklı veri seti ile gerçekleştirilen analizlerde tutarlı bir şekilde monofiletik gözükmemektedir. *N. sempervivum* örneğinde olduğu gibi bazı popülasyon grupları tüm analizlerde ya kardeş grup ya da aynı klad içerisine yerleşmekte (Örneğin Kangal ve Pınarbaşı popülasyonları) iken, bazı popülasyonların ağaçlardaki yeri dikkate değer bir şekilde değişmektedir. Örneğin ilk üç veri setinde kendisi dışında kalan tüm popülasyonlara kardeş pozisyonda ve bazalda yer alan Çankırı popülasyonu, 4.veri setinde (lociset02) 0.3 gibi düşük bir ardıl olasılıkla da olsa Kangal ve Pınarbaşı popülasyonlarına kardeş olacak şekilde ağacın iç nodlarına yerleşmektedir. Bahsi geçen analizde Çamlıbel popülasyonu ise önceki üç analizde Çankırı popülasyonunun yerleştiği pozisyona yani bazal ve geri kalan tüm türlerle kardeş konuma yerleşmektedir.

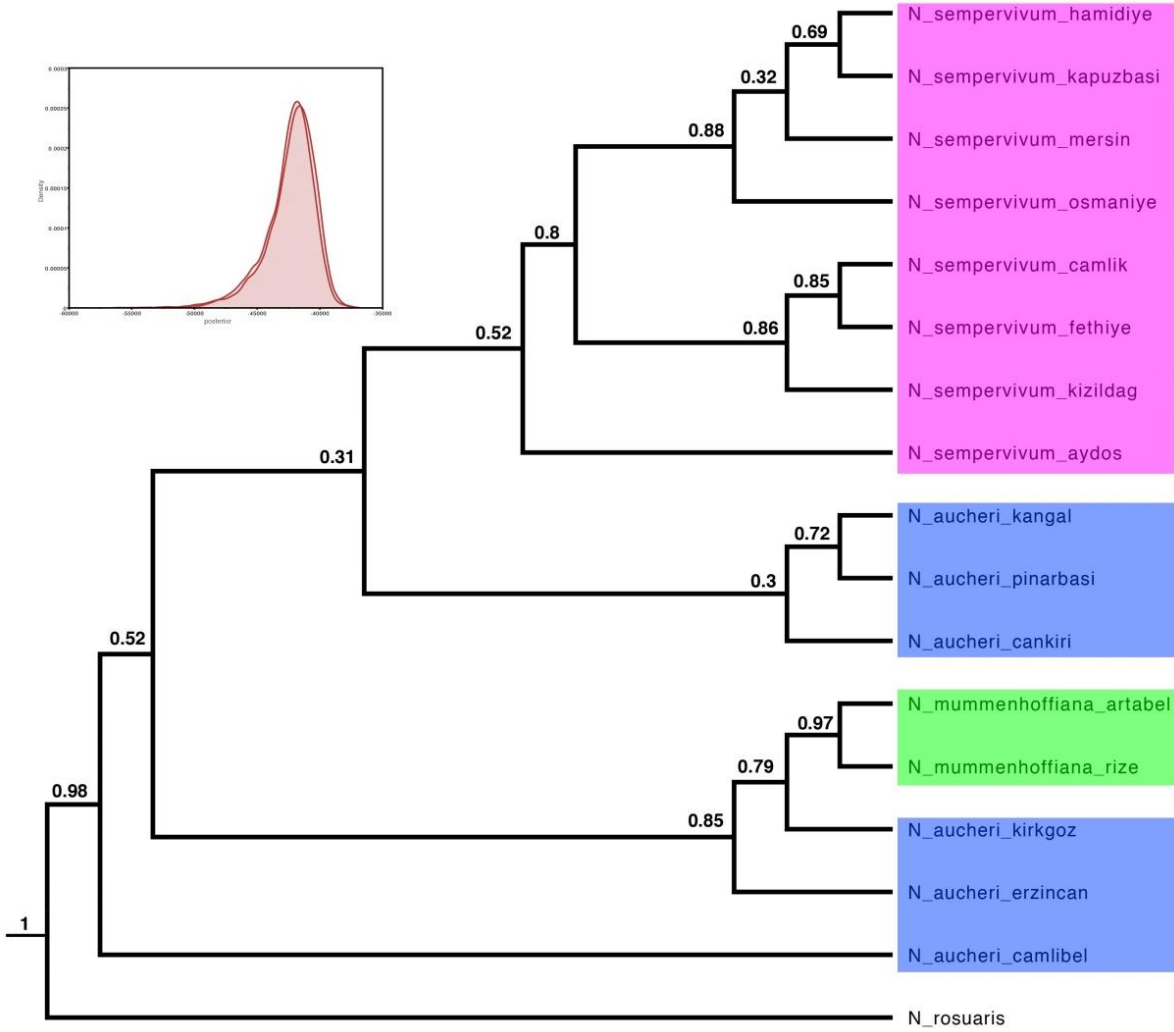
Bu kompleksin 3. türü olan *N. mummenhoffiana*'nın analizlerde kullanılan iki popülasyonu da tüm analizlerde bir arada bulunmakta iken, bunlardan ilk veri seti olan lociset01\_first50 de 0.77 gibi düşük bir ardıl olasılıkla desteklenmiş, diğer veri setlerinde ise sırayla, 0.93, 0.92 ve 0.97 gibi orta ya da yüksek ardıl olasılık değerleriyle desteklenmektedir. Ancak tüm analizlerde *N. mummenhoffiana* türüne ait bu iki popülasyon *N. aucheri* türüne ait popülasyonların içerisinde, özellikle de Sivas/Erzincan civarı popülasyonlarıyla birlikte bulunmaktadır.



**Şekil 3.7.** 50 lokusluk veri setlerine ait \*BEAST programından elde edilmiş popülasyon ağaçları. Morfoloji ve yayılış bilgileri göz önüne alınarak her popülasyonun uyumlu olduğu türler ağaçlar üzerinde farklı renklerle gösterilmiştir. İki ağaç arasında popülasyonların pozisyonu açısından oluşan farklılıklar çizgilerle gösterilmektedir. Her veri setine ait gerçekleştirilen bağımsız iki analiz arasındaki yakınsama, analizlerin ardıl olasılıklarına ait marjinal yoğunluk (marjinal density) grafikleri çakıştırılarak ağaçlar üzerinde gösterilmiştir.



**Şekil 3.8.** 100 lokusluk veri setine (lociset01) ait \*BEAST programından elde edilmiş popülasyon ağacı. Morfoloji ve yayılış bilgileri göz önüne alınarak her popülasyonun uyumlu olduğu türler ağaç üzerinde farklı renklerle gösterilmiştir. Veri setine ait gerçekleştirilen bağımsız iki analiz arasındaki yakınsama, analizlerin ardıl olasılıklarına ait marjinal yoğunluk (marginal density) grafikleri karşılaştırılarak ağaç üzerinde gösterilmiştir.



**Şekil 3.9.** 100 lokusluk ikinci veri setine (lociset02) ait \*BEAST programından elde edilmiş popülasyon ağacı. Morfoloji ve yayılış bilgileri göz önüne alınarak her popülasyonun uyumlu olduğu türler ağaç üzerinde farklı renklerle gösterilmiştir. Veri setine ait gerçekleştirilen bağımsız iki analiz arasındaki yakınsama, analizlerin ardıl olasılıklarına ait marjinal yoğunluk (marginal density) grafikleri çakıştırılarak ağaç üzerinde gösterilmiştir.

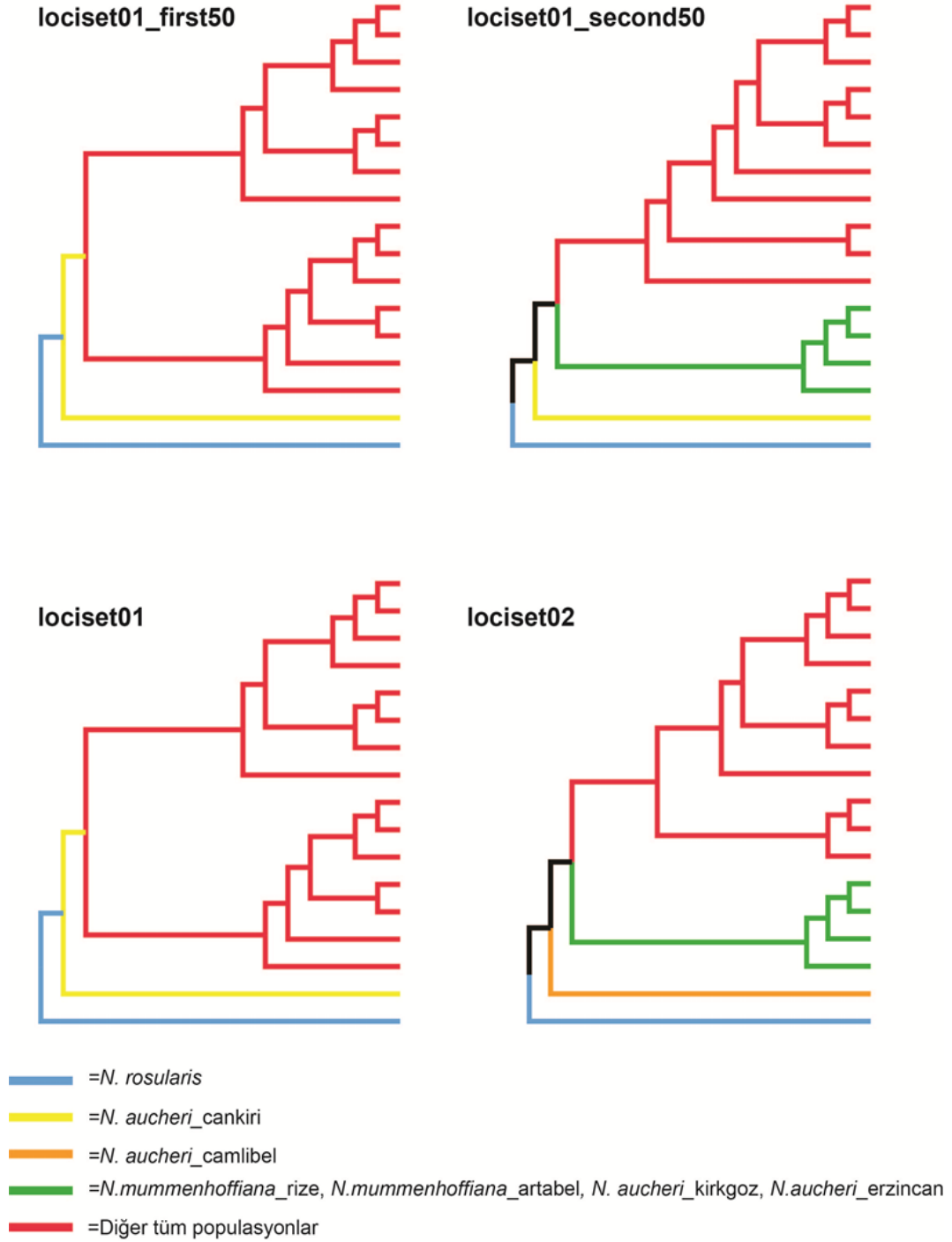


### 3.3.1. Tür Sınırlandırması

\*BEAST analizlerinden elde edilen filogenetik ağaçlar kullanılarak gerçekleştirilen GMYC ve PTP tür sınırlandırma analizleri kullanılan veri setleri için farklılık göstermekle beraber bu kompleks içerisinde birden fazla türün varlığını işaret etmektedir. GMYC analizleri lociset01 ve lociset01\_first50 veri için *N. aucheri* türüne ait Çankırı popülasyonunu bir tür, geri kalan tüm popülasyonları da ikinci bir tür olarak önermektedir. Lociset01\_second50 veri setinde Çankırı popülasyonuna ilave olarak *N. mummenhoffiana*'nın kullanılan iki popülasyonu ile *N. aucheri*'nin Kırkgöz ve Erzincan popülasyonlarını hep birlikte ikinci bir tür olarak, geri kalan tüm popülasyonları ise 3. bir tür olarak önermiştir. Lociset02 veri seti ise topolojik olarak lociset01\_second50 veri setinden elde edilen ağaca benzemekle beraber, farklı olarak *N. aucheri* türünün Çamlıbel popülasyonu diğer analizlerde Çankırı popülasyonunun olduğu konumda ortaya çıkmaktadır (**Şekil 3.10**).



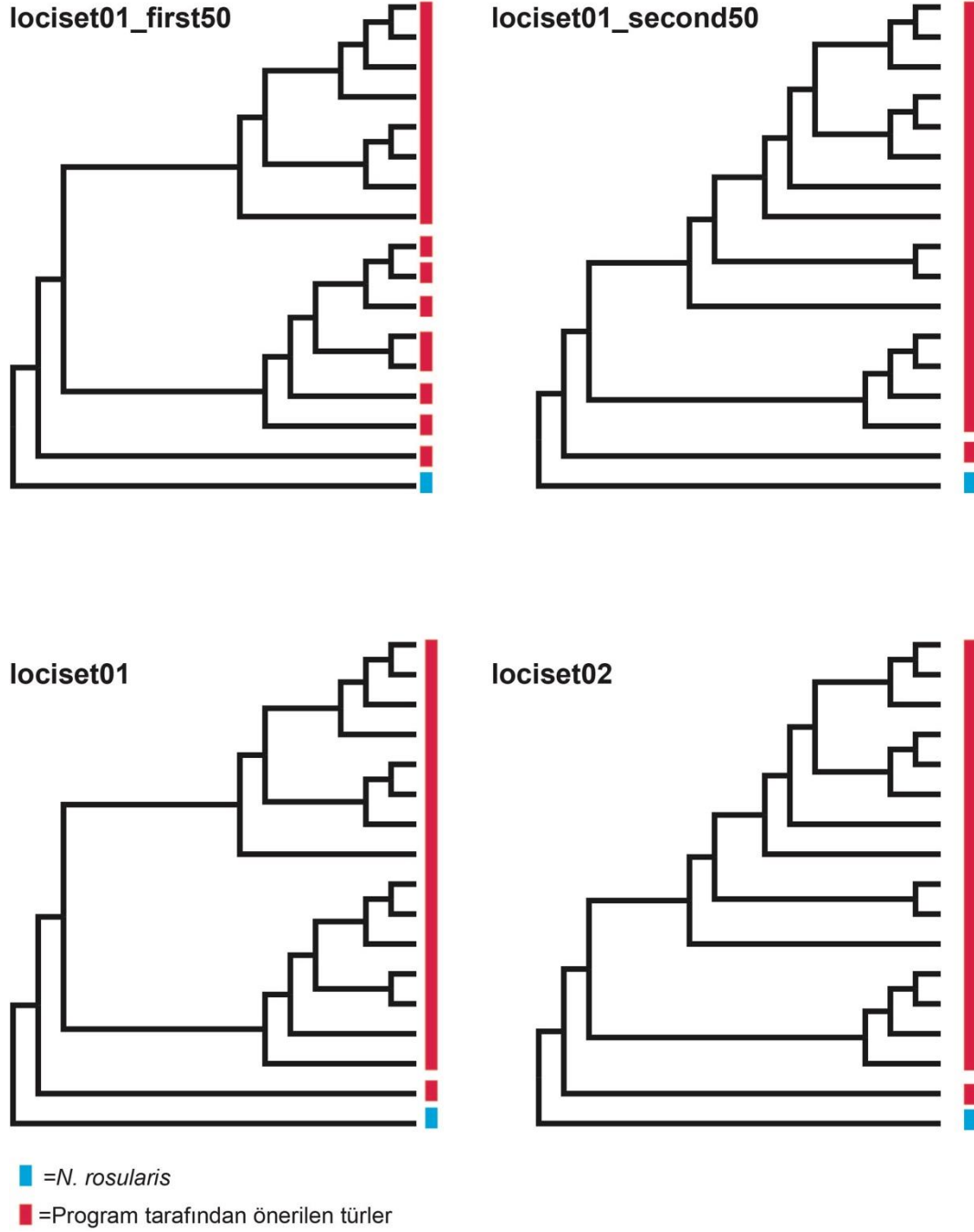
## GMYC



**Şekil 3.10.** Kullanılan 4 farklı veri setinden elde edilen popülasyon ağaçlarına ait Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC) yaklaşımıyla gerçekleştirilen tür sınırlandırma analizleri. Ağaç üzerinde kullanılan renkler analiz sonucu önerilen türlerle uyumludur.

PTP analizlerinde ise lociset01\_first50 veri seti 8 farklı tür önerirken, lociset01\_second50 ve lociset01 veri setleri birbirleriyle uyumlu olacak şekilde 2 tür önermiştir. Bunlardan birincisi *N. aucheri* türüne ait Çankırı popülasyonu ikincisi ise üç türe ait diğer tüm popülasyonlardan oluşmaktadır. Lociset02 veri seti ise önceki iki veri seti sonucunda elde edilen ağaçlara benzer bir topolojiye sahip olmakla beraber, burada en dışarda kalan popülasyon *N. aucheri* türüne ait Çamlıbel popülasyonudur. Bu analizde, Çamlıbel popülasyonu ve geri kalan tüm popülasyonlar tek tür olacak şekilde toplamda iki tür önermektedir (**Şekil 3.11**).

## Poisson Tree Processes (PTP) Maximum Likelihood Solution



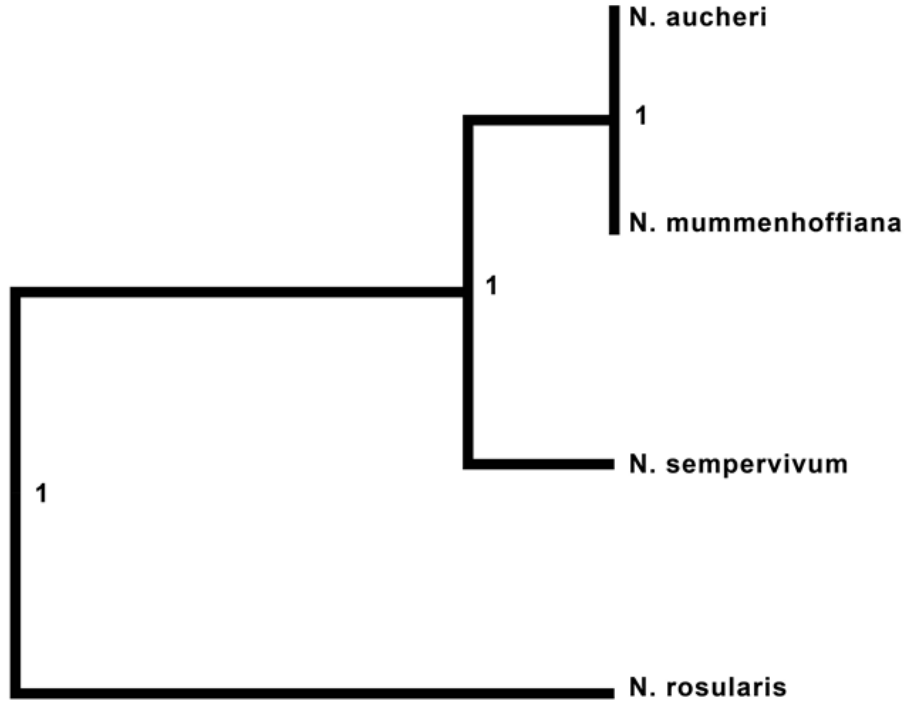
**Şekil 3.11.** Kullanılan 4 farklı veri setinden elde edilen popülasyon ağaçlarına ait Poisson Tree Processes (PTP) yaklaşımıyla gerçekleştirilen tür sınırlandırma analizleri. Her ağaçta terminallerin karşısında bulunan kırmızı barlar program tarafından önerilen türleri temsil etmektedir. Mavi bar ise dış grubu göstermektedir.

*N. aucheri* tür kompleksi için son olarak BEAST programı içerisinde STACEY paketi kullanılarak gerçekleştirilen tür sınırlandırma analizi sonuçları **Çizelge 3.1.**' de verilmiştir.

**Çizelge 3.1.** STACEY analizinden elde edilen ağaçların SpeciesDelimitationAnalyser programında değerlendirilmesi sonucu elde edilen özet istatistikler

count	fraction	similarity	nclusters	N.ros.	N.auc.	N.sem	N.mum.
9001	1.00	9001.0	4	1	2	3	4

Burada "count" değeri burn-in sonrası kullanılan ağaç sayısını belirtmekte, "fraction" değeri ise bu analiz için Bayesian analizlerinde kullanılan ardıl olasılık değerine eşlenik olarak kullanılmaktadır. nclusters ise analiz sonucunda programın önerdiği tür sayısını göstermektedir. (**Şekil 3.12.**)



**Şekil 3.12.** \*BEAST analiz sonucunda elde edilen tür ağacı. ardıl olasılık değerleri nodlar üzerinde gösterilmiştir.

Tür sınırlandırma analizleri için kullanılmış olan GMYC, PTP ve STACEY gibi farklı metodlar sonucunda farklı verisetlerinden *N.aucheri* tür kompleksi için elde edilen tür sayıları **Çizelge 3.2.**'de verilmiştir.

**Çizelge 3.2.** Farklı tür sınırlandırma analizleri sonucu elde edilen tür sayıları

Veri seti Metod	Lociset01_first50	Lociset02_second50	Lociset01	Lociset02
GMYC	2	3	2	3
PTP	8	2	2	2
STACEY	3	3	3	3

## 4. TARTIŞMA

Doğal ekosistemlerin dünya çapındaki tahribatı, türlerin yok oluşlarını büyük oranda hızlandırmaktadır. Morfolojik olarak korunmuş ancak geniş dağılımlı türlerde özellikle kriptik türlerin tespit edilememesi, genetik çeşitliliğin olduğundan daha az görünmesine neden olur. Bu durum, evrimsel ilişkileri belirsizleştirir ve uygun koruma yöntemlerinin geliştirilmesinin önünde engel oluşturur. Çoğu türün daha tanımlanamamış durumda olduğu göz önüne alındığında, biyoçeşitliliği belirleme ve açıklamaya yönelik çalışmalara ağırlık verilmesi gerekmektedir. Bu alana yönelik ve özellikle kriptik türler üzerine yapılan araştırmalar, DNA dizilerinin kullanımına yönelik yöntemlerin gelişmesiyle artış göstermiştir. Bu yöntemlerin yaygınlaşması birçok taksonomik grupta kriptik çeşitliliğin ortaya çıkartılmasında yararlı olmuştur ve bu durum evrimsel farklılaşmaya eşlik eden mutlak bir morfolojik değişimin olmadığını doğrulamaktadır (Bickford ve ark., 2007; Natusch ve ark 2020). Belirgin moleküler farklılıklara rağmen morfolojik olarak korunmuş türlerin varlığı, evrimsel ilişkilerin çözümlenmesinde bütünleştirici yaklaşımların gerekliliğini teşvik etmektedir (Dayrat, 2005). Benzer bir şekilde sadece moleküler verilerin tür sınırlandırma için kullanılması, özellikle yüksek çözünürlüklü veriler kullanıldığında, tür sayısını Yukarıdaki örneğin aksine olduğundan daha fazla göstermektedir (Sukumaran ve Knowles, 2017). Dolayısıyla sadece genetik ya da sadece morfolojik yaklaşımlar yerine tür sınırlandırmasında morfolojik, moleküler ve ekolojik verilerin bütünleştirici bir yaklaşımla kullanılması tür sınırlarını tespit etmede daha sağlıklı sonuçlar verecektir. Gerçekleştirmiş olduğumuz bu çalışma *N. aucheri* Tür Kompleksine ait ve bu kompleksin hem yayılış alanını hem de sergilediği morfolojik çeşitliliği büyük ölçüde temsil eden 16 popülasyon ve 40 bireyden elde edilmiş 200 RAD lokusu ile bu lokusların farklı örnekleme stratejisine dayanmaktadır. Sonuç olarak gerçekleştirilen bütün çok türlü koalesent yaklaşımlarına dayalı analizler sonucunda;

- 1) Kompleks kapsamındaki 3 türün birlikte monofiletik bir soy oluşturduğu,
- 2) Bahsi geçen ve şimdiye kadar geleneksel yöntemlerle sınırlandırılmış bu 3 türü oluşturan popülasyonların, ne geleneksel sınıflandırmayla ne de bu

sınıflandırmadan bağımsız olarak tutarlı ve morfolojiyle desteklenen monofiletik soylar oluşturmadığı ortaya konulmuştur.

*N. aucheri* ve *N. sempervivum* türleri için tanımlanmış olan; taban yapraklarının boyu, bu yapraklara ait kulakçıklarının gelişme dereceleri, meyve tabanı, septum morfolojisi, stilus boyu vb. teşhis amaçlı kullanılan karakterler, Özüdoğru ve German 2018'de de bahsedildiği üzere büyük ölçüde birbiriyle karışmaktadır. Kuzey-doğu Anadolu bölgesindeki *N. aucheri* popülasyonlarında (özellikle Erzincan) nispeten kısa taban yapraklarına ilave olarak *N. sempervivum* için gözlemlenmiş olan 5 cm'yi de aşan uzun taban yapraklarına da rastlanılmıştır. Bazı *N. sempervivum* popülasyonlarında (ör. Kayseri, Yahyalı) ise taban yapraklarının boyuyla ilgili Türkiye Florası'nda verilen 5 cm sınırını bile aşan ölçümlere rastlanmıştır (Hedge, 1965; Özüdoğru ve German, 2018).

İki tür için Türkiye Florası'nda verilen bir başka önemli ayırım karakteri olan stilus boyu ise yine Özüdoğru ve German 2018'de bahsedildiği gibi iç içe geçmiş durumdadır. *N. sempervivum*'un tipik örneklerinde görülen 0,2-0,3 mm'lik belirgin olmayan stilusların yanı sıra neredeyse 1 mm'ye yaklaşan stiluslara sahip *N. sempervivum* örnekleri (Ör. Konya ve Kayseri popülasyonları) bu çalışmada tespit edilmiştir. *N. aucheri*'de ise yine Özüdoğru ve German, 2018 ile uyumlu olarak genellikle ölçülen uzun stilusların yanı sıra, neredeyse noktasal stiluslara sahip bireylere (Ör. Sivas popülasyonları) rastlanmıştır.

Literatüre göre kompleks içerisinde morfolojik olarak en belirgin tür olan *N. mummenhoffiana*'da da benzer şekilde, morfolojik ayırım karakterleriyle ilgili bir karışıklık ilk defa bu çalışma ile ortaya konulmuştur. Bu durum özellikle Erzincan, Keşiş Dağı'nda gerçekleştirilen arazi çalışmalarında gözlenmiştir. Keşiş Dağı'nın eteklerindeki *N. aucheri* popülasyonu bu tür için tipik olan iki yıllık, tabandan tek gövdeyle çıkan, steril rozetleri olmayan ve 45-70 cm uzunluğunda bireylerle temsil edilirken, dağın orta-üst kısımlarında tabandan birden fazla gövdeyle çıkıp steril rozetlere sahip çok yıllık yaşam şekline sahip 25 cm'den kısa bireylerle temsil

edilmektedir. Dağın zirve noktalarına yakın yerlerde yetişen bireyler ise yukarıdaki özelliklerin yanında boy olarak da iyice kısalmış (<10 cm) ve tipik *N. mummenhoffiana* formuna dönüşmüştür. *N. mummenhoffiana* için tanımlanmış bu özellikler, yani aynı kökten çıkan birden fazla gövde, çok yıllık yaşam formu, 20 cm'den kısa bitki boyu vb.) bu türün *N. aucheri* türünün alpinik bir formu olduğunu düşündürmektedir. Keşiş Dağında gerçekleştirilen arazi çalışmaları (2019 yaz ayları) moleküler analizler tamamlandıktan sonra yapıldığı için, maalesef bu popülasyonlara ait örnekler RADSeq veri setinde bulunmamaktadır. Ancak moleküler analizlerde kullanılan *N. mummenhoffiana*'nın tip lokasyonu olan Artabel Dağları örneği de dahil iki popülasyon, *N. aucheri*'nin coğrafi olarak Keşiş Dağı'na yakın konumda bulunan Erzincan ve çevresindeki popülasyonlarıyla yakın ilişkili gözükmektedir (**Şekil 3.7. ve Şekil 3.9.**)

Türkiye Florası'nda, iç içe geçmiş ayırım karakterlerine ek olarak, türlere ait (hepsinin farklı tür olduğu düşünülduğünde) bazı dağılım bilgilerinde de sorunlar olduğu bu çalışmayla ortaya konulmuştur. Gerçekleştirilen bütün analizler ve arazi gözlemleri doğrultusunda, Mersin ve Fethiye popülasyonları hariç *N. sempervivum* olarak isimlendirilen popülasyonların dağılımı ağırlıklı olarak Akdeniz Bölgesi İklimi ile İç Anadolu'nun karasal iklimi arasındaki geçiş bölgelerinde; *N. aucheri* ve *N. mummenhoffiana* olarak isimlendirilen popülasyonların ise doğrudan karasal iklim etkisinin görüldüğü bölgelerde yoğunlaştığı görülmektedir. Buradan yola çıkarak Türkiye Florası'nda verilen, B6 Kayseri: Pınarbaşı to Sarız, 1600 m, Hub.-Mor. 10973 ve A5: Kastamonu, Elmalu Da.(c. 17 km, SSE of Tosya) lokalitelerinin yanlış türler altına işlendiği açıkça görülmektedir (Hedge, 1965). Pınarbaşı popülasyonu, taban yapraklarının şekli ve kenarlarındaki diş sayısı, gövde yapraklarının şekli ve mor renklenmesi gibi morfolojik özellikler bakımından *N. sempervivum* gibi görünmekle beraber filogenetik ağaçların neredeyse tümünde, *N. aucheri* olarak isimlendirilen Kangal popülasyonu ile aynı yerde konumlanmıştır. 100 lokusluk ikinci veri setinde ise Pınarbaşı ve Kangal popülasyonlarıyla aynı yerde konumlanan 3. bir popülasyon, Çankırı popülasyonu dikkat çekmektedir. *N. aucheri* olarak isimlendirilen Çankırı popülasyonu 100 lokusluk ikinci veri setinden elde edilmiş ağaç dışındaki tüm ağaçlarda diğer tüm popülasyonlardan ayrı bir pozisyona yerleşmiştir (**Şekil 3.7. ve Şekil 3.8.**) Çankırı popülasyonunu morfolojik olarak ele aldığımızda; bitki boyu, stilus boyu, taban ve gövde yaprakları özellikleri



ile *N. sempervivum*'a yakınlık göstermektedir. Coğrafi olarak Türkiye Florasında işlenen Kastamonu örneğine oldukça yakın bir noktadaki bu popülasyonun, *N. sempervivum* türü coğrafi olarak Akdeniz bölgesi ve burada bulunan tipik olarak tek ve kalın gövdeli ve mor renklenmeye sahip popülasyonlarla sınırlandırıldığında, *N. aucheri* olarak ele alınması daha doğru olacaktır. Yukarıda sayılan morfolojik özelliklerine ilave olarak Çankırı popülasyonuna ait bireyler aynı kökten çıkan birden fazla sayıda gövdeye de sahiptir. Bulunduğu lokalite ve morfolojik özellikleriyle tür kompleksinin içerisindeki 3 türle de benzerliği bulunan ve filogenetik ağaçların çoğunluğunda farklı bir pozisyona yerleşen Çankırı popülasyonunun taksonomik durumunu tam olarak aydınlatılabilmek için daha ileri morfolojik ve moleküler analizler yapılması gerekmektedir.

Çankırı popülasyonunun Pınarbaşı ve Kangal popülasyonlarıyla birlikte konumlandığı tek ağaç topolojisinde, Çamlıbel popülasyonu diğer tüm popülasyonlardan ayrı ve bazal bir pozisyonda bulunmaktadır (**Şekil 3.9.**). Çamlıbel popülasyonu Sivas ve çevresindeki çoğu popülasyon gibi *N. aucheri* olarak isimlendirilmiştir. Filogenetik ağaçlarda yeri oldukça değişken olarak karşımıza çıkmakta olan bu popülasyon, morfolojik olarak ele alındığında ise *N. aucheri*'ye yakınlık göstermekle beraber, taban yapraklarının boyunun oldukça uzun ve ince oluşu dikkat çekmektedir (**Şekil 3.4.**).

Coğrafi ve morfolojik verilere aykırılık gösteren popülasyonlardan bir tanesi de Osmaniye popülasyonudur. Coğrafi dağılıma göre *N. sempervivum* olarak isimlendirilen Osmaniye popülasyonu, çoğunlukla *N. aucheri* popülasyonları için tipik olan ince gövde yapısına sahiptir. Bu popülasyon genomik analizlerde belirgin bir şekilde *N. sempervivum* türlerinin oluşturduğu soyların içerisinde kalmaktadır. Bu durum, *N. sempervivum* popülasyonları için morfolojik ayırım karakteri olarak düşünülebilecek olan kalın gövde ve gövde yapraklarındaki mor renklenme gibi karakterlerin böyle bir genelleme için kullanılmasını engellemektedir.

Yükseklik bitkilerin tüm yaşam evrelerinde, tüm gelişimlerinde ve hayatta kalmaları konusunda büyük rol oynamaktadır. Deniz seviyesinden, ağaç yetişmeyen orman sınırlarına kadar tüm bitkiler yükseklikle beraber değişen iklimsel özelliklerden büyük oranda etkilenmektedir. Yükseklik arttıkça hava basıncı düşmekte ve CO<sub>2</sub> miktarı azalmaktadır, yani başka bir deyişle iklim, daha soğuk ve kuru bir hal almaktadır. Bu durumun bir sonucu olarak yükseklerde yetişen bitkiler daima daha küçük formlardadır. Yükseklik arttıkça vejetasyon; kuru dağ havasından ve rüzgarlardan korunmak için kısa boylu, yere yakın, yayılan ve küçük yapraklı alpinik bitki formlarına dönüşmektedir (Rupp ve Libbey, 2002; Love ve ark., 2009; Masviken ve ark., 2020). *N. aucheri* ve *N. mummenhoffiana* türlerinde de bu durum gözlenmiş ve moleküler analizlerle de doğrulanmıştır. *N. mummenhoffiana*'ya ait iki popülasyon tüm genomik analizlerde *N. aucheri* popülasyonları içerisinde konumlanmıştır. Keşiş Dağı popülasyonunda ise iki türün yüksekliğe bağlı olarak yaşam şekli ve morfolojik özelliklerindeki değişimleri/kaymaları doğrudan gözlemlemek mümkündür.

Tür, biyolojik çalışmaların temel birimidir ve özellikle sistematik çalışmaların temel hedefi türleri sınırlandırmaktır (Mason ve ark., 2020). Çok türlü koalesent model, tür sınırlandırılması çalışmalarında kullanılan birçok yaklaşımın temelini oluşturmaktadır. Bu çalışmada kullanılan analizler de çoğunlukla çok türlü koalesent yaklaşıma dayanmaktadır. Bu model kullanılarak yapılan çalışmalarda çoğunlukla türleşme; türleşmenin başlangıcı ve türleşmenin tamamlanması gibi farklı aşamaları içeren bir süreç olduğu göz ardı edilerek anlık bir olay gibi ele alınmaktadır. Bu nedenle çok türlü koalesent model türleri değil, genetik yapıyı sınırlandırmaktadır (Sukumaran ve Knowles, 2017). Yani tanımlanan tür sayısı aslında sahip olduğumuz verinin hem tür içi hem de türler arası sahip olduğu genetik yapısını yansıtmaktadır. Popülasyonun genetik yapısının tür sayısı olarak yapılan yanlış tanımı sorunlara neden olabilmektedir. Çalışmamızda gerçekleştirilen bazı GMYC ve PTP analizlerindeki abartılı tür sayıları bu durumu açıkça ortaya koymaktadır. (**Şekil 3.10. ve Şekil 3.11.**) Özellikle genomik analizlerle ilgili yöntemlerin giderek gelişmesi ve giderek daha yüksek çözünürlüklü verilerin elde edilebilmesi tür sayısının olduğundan daha fazla gösterilmesine neden olabilmektedir. Bu nedenle sadece genomik verilere ve analizlere dayalı tür

sınırlandırması alıřmaları gvenilir olmamaktadır. Sadece genomik verilerle deęil, morfolojik ve/veya ekolojik verilerle doęrulanmıř yntemlerin tercih edilmesi daha gvenilir bir seenek olarak grlmektedir (Sukumaran ve Knowles, 2017).

Bu alıřma kapsamında tr sınırlandırması iin tr aęaları yerine poplasyon aęaları tercih edilmiřtir. Bu tercih, STACEY analizlerinde elde ettięimiz ynlendirilmiř sonuların tr sınırlarını etkilemesine engel olmuř ve *N. aucheri* Tr Kompleksi'nin taksonomik durumunun poplasyonlar zerinden daha iyi řekilde aıklanabilmesine olanak saęlamıřtır.

Sonu olarak bu alıřma kapsamında takip edilen Genel Soy Kavramı (General Lineage Concept) doęrultusunda; *N. aucheri* Tr Kompleksine ait trlerin tmnn monofiletik olduęu ve bu senaryo haricinde hibir senaryonun morfolojik ve coęrafi olarak desteklenmedięi gz nnde bulundurularak, sz konusu 3 trn polimorfik tek bir tr olarak ele alınması ve ncelik kuralı gereęi *N. aucheri* isminin korunması nerilmiřtir.

***Noccaea aucheri*** (Boiss.) Özüdođru & Al-Shehbaz in Ann. Missouri Bot. Gard. 104: 349. 2019.

**Holotip:** Turkey: "in Olympo Armeniae", s.d., Aucher- Eloy 305 (G-BOIS [G00332262]);

**İzotipler:** BM [BM000582864], G [G00446131, G00446132, G00446133], K [K000484392, K000484394], MO [MO1618792], P [P02272499]).

= *Cochlearia aucheri* Boiss. (Boissier, 1842),

= *Cochlearia heterophylla* Hausskn. & Bornm. (Haussknecht ve Bornmüller, 1905),

= *Cochlearia karsiana* N. Busch (Bush, 1908),

= *Pseudosempervivum karsianum* (N. Busch) Grossh.(Grossheim, 1930)

= *Cochlearia diversifolia* O.E. Schulz, (Engler ve Prantl, 1936)

= *Pseudosempervivum aucheri* (Boiss.) Pobed. (Pobedimova, 1971)

= *Pseudosempervivum diversifolium* (O.E. Schulz) Pobed. (Pobedimova, 1971)

= *Noccaea sempervivum* (Boiss. & Balansa) Özüdođru & Al-Shehbaz Yeni eş isim

= *Cochlearia sempervivum* Boiss. & Balansa (Boissier, 1856).

= *Pseudosempervivum sempervivum* (Boiss. & Balansa) Pobedimova (Pobedimova, 1971)

= *Noccaea mummenhofiana* Özüdođru & Al-Shehbaz Yeni eş isim

= *Cochlearia sintenisii* Hausskn. ex Bornm. (Haussknecht, ve Bornmüller, 1936)

= *Pseudosempervivum sintenisii* (Hausskn. ex Bornm.) Pobed. (Pobedimova, 1971)

İki ya da çok yıllık. Ana kökten dallanma var ya da yok. Bitki boyu 5-70 cm. Tabandaki gövde sayısı bir veya daha fazla. Gövde veya gövdeler dik, tüysüz, dallanma çoğunlukla çiçek durumundan başlar ya da gövdenin herhangi bir yerinde. Gövdenin en alt kısmının kalınlığı 1-8 mm. Steril rozet var ya da yok, varsa 1-5. Taban yaprakları spatulat, linear, linear-spatulat, oblong spatulat veya nadiren linear-mızraksı, 3-60 x 1-15 mm, uçta akut, akuminat, mukronat veya yuvarlak. Taban yaprakları çoğunlukla 1-5 tane lateral dişli. Gövde yaprakları aurikulat, kordat, ovat-kordat, oblong, spatulat veya nadiren linear, 2-45 x 2-45 mm, uçta akut, akuminat veya mukronat. Sepaller oblong, mor veya beyaz 2-3 x 1-2 mm. Petaller oblong veya oblong-spatulat, beyaz, 2-4 x 2-3 mm. Meyve sapı 2-12 mm. Meyve eliptik, tabanda ve uçta attenuate veya sadece tabanda attenuate, 3-12 x 1-2 mm. Stilus 0-1 mm. Stigma kapitat. Her bir lokustaki ovul sayısı 1 veya 2. Tohum oval, kahverengi, yeşilimsi kahverengi, nadiren sarı, 2-3 x 1-2 mm, hafif çizgili.

## 5. KAYNAKLAR

Ali, O.A., O'Rourke, S.M., Amish, S.J., Meek, M.H., Luikart, G., Jeffres, C., Miller, M.R., RAD capture (Rapture): flexible and efficient sequence-based genotyping, *Genetics*, 202(2), 389-400, **2016**.

Al-Shehbaz, I.A., A generic and tribal synopsis of the *Brassicaceae* (*Cruciferae*), *Taxon*, 61(5), 931-954, **2012**.

Al-Shehbaz, I.A., A synopsis of the genus *Noccaea* (*Coluteocarpeae*, *Brassicaceae*), *Harvard papers in Botany*, 19(1), 25-51, **2014**.

Al-Shehbaz, I.A., Mutlu, B., Dönmez, A.A., The *Brassicaceae* (*Cruciferae*) of Turkey, updated, *Turkish Journal of Botany*, 31 (4): 327–336, **2007**.

Anjum, N.A., Gill, S.S., Ahmad, I., Pacheco, M., Duarte, A.C., Umar, S., Khan, N.A., Pereira, M.E., The Plant Family *Brassicaceae*: An Introduction, Anjum, N.A., Ahmad, I., Pereira, M.E., Duarte, A.C., Umar, S., Khan, N.A. (Eds.), *The Plant Family Brassicaceae: Contribution Towards Phytoremediation*, 1-35, Springer, Heidelberg, **2012**.

*Arabidopsis* Genome Initiative, Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*, *Nature*, 408(6814), 796-815, **2000**.

Baker, R.J., Bradley, R.D., Speciation in mammals and the genetic species concept, *Journal of Mammalogy*, 87(4), 643-662, **2006**.

Beilstein, M.A., Al-Shehbaz, I.A., Kellogg, E.A., *Brassicaceae* phylogeny and trichome evolution, *American journal of botany*, 93(4), 607-619, **2006**.

Bessey, C.E., The taxonomic aspect of the species question, *The American Naturalist*, 42(496), 218-224, **1908**.

Bickford D., Lohman D.J., Sodhi N.S., Ng P.K., Meier R., Winker K., Ingram K.K., Das I., Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in ecology & evolution*, 22(3), 148-155, **2007**.

Boissier, P.E., *Ann. Sci. Nat. Bot.*, sér. 2, 17: 168, **1842**.

Boissier, P.E., Diagn. Pl. Orient. Nov., ser. 2, 3(5): 28, **1856**.

Bouckaert, R., Vaughan, T.G., Barido-Sottani, J., Duchêne, S., Fourment, M., Gavryushkina, A., Heled J., Jones G.J., Kühnert D., De Maio N., Matschiner M., Mendes F.K., Müller N.F., Ogilvie H.A., Plessis L., Poppinga A., Rambaut A., Rasmussen D., Siveroni I., Suchard M.A., Wu C., Xie D., Zhang C., Stadler T., Drummond A.J., Matschiner, M., BEAST 2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis, PLoS computational biology, 15(4), e1006650, **2019**.

BrassiBase, <https://brassibase.cos.uni-heidelberg.de> (Erişim tarihi 18.10.2019)

Bruholt, E., A diploid in the Arctic—genetic and morphological variation of *Cochlearia groenlandica* L., Yüksek lisans tezi, Oslo Üniversitesi, Oslo, **2019**.

Cain, A.J., The genus in evolutionary taxonomy, Syst. Zool., 5:97-109, **1956**.

Caley, M.J., Fisher, R., Mengersen, K., Global species richness estimates have not converged, Trends in Ecology & Evolution, 29(4), 187-188, **2014**.

Camargo, A., Species delimitation: a decade after the renaissance, In The species problem-ongoing issues, IntechOpen, **2013**.

Can, I.D., Özüdoğru, B., Sequence based species delimitation for *Pseudosempervivum aucheri* (Boiss.) Pobed and *P. sempervivum* (Boiss. & Balansa) Pobed. One or two species, International Symposium on Biodiversity and Edible Wild Species, 3-5 April, Antalya, Turkey, **2017**.

Carstens, B.C., Pelletier, T.A., Reid, N.M., Satler, J.D., How to fail at species delimitation, Molecular ecology, 22(17), 4369-4383, **2013**.

Cracraft, J., Species concepts and speciation analysis, Current Ornithology, 1:159–187, **1983**.

Davey, J.W., Blaxter, M.L., RADSeq: next-generation population genetics, Briefings in functional genomics, 9(5-6), 416-423, **2010**.

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

Dayrat B., Towards integrative taxonomy. *Biological journal of the Linnean society*, 85, 407-417, 2005.

De Queiroz, K., Ernst Mayr and the modern concept of species, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102, 6600-6607, **2005b**.

De Queiroz, K., Species concepts and species delimitation, *Systematic Biology*, 56(6), 879-886, **2007**.

De Queiroz, K., The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation, De Queiroz, K., Howard, D.J., Berlocher, S.H. (Eds.), *Endless forms: species and speciation*, 57-75, Oxford University Press, Oxford, **1998**.

De Queiroz, K., A Unified concept of species and its consequences for the future of taxonomy, *Proceedings of the California Academy of Sciences*, Vol 56, 18, 196-215, **2005a**.

Dellicour, S., Flot, J., Delimiting Species-Poor Data Sets using Single Molecular Markers: A Study of Barcode Gaps, Haplowebs and GMYC, *Systematic biology*, 64 6, 900-8, **2015**.

Drummond A.J., Suchard M.A., Xie D., Rambaut A., Bayesian Phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7, *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 29, 8, 1969–1973, **2012**.

Duminil, J., Di Michele, M., Plant species delimitation: a comparison of morphological and molecular markers, *Plant Biosystems*, 143(3), 528-542, **2009**.

Duminil, J., Pemonge, M. H. Petit, R. J., A set of 35 consensus primer pairs amplifying genes and introns of plant mitochondrial DNA., *Molecular Ecology Notes*, 2(4), 428-430, **2002**.

Dupuis, J.R., Roe, A.D., Sperling, F.A., Multi-locus species delimitation in closely related animals and fungi: one marker is not enough, *Molecular ecology*, 21(18), 4422-4436, **2012**.

Engler, H.G.A., Prantl, K.A.E., *Natürl. Pflanzenfam.*, ed. 2, 17b: 462, **1936**.



Everett, A.B., The Phylogeny of Pogogyne (Lamiaceae): Utilizing Two High Throughput Sequencing Methods in the Analysis of a Rapid and Recent Radiation (Doctoral dissertation, San Diego State University), **2017**.

Franzke, A., German, D., Al-Shehbaz, I. A., Mummenhoff, K., *Arabidopsis* families: molecular phylogeny and age estimates in *Brassicaceae*, *Taxon*, 58(2), 425-437, **2009**.

Franzke, A., Lysak, M.A., Al-Shehbaz, I.A., Koch, M.A., Mummenhoff, K., Cabbage family affairs: the evolutionary history of *Brassicaceae*, *Trends in Plant Science*, 16(2), 108-116, **2011**.

Fujisawa T., Barraclough T.G., Delimiting Species Using Single-Locus Data and the Generalized Mixed Yule Coalescent Approach: a Revised Method and Evaluation on Simulated Data Sets, *Systematic biology*, 62(5), 707-724, **2013**.

Fujita, M.K., Leache, A.D., Burbrink, F.T., McGuire, J.A., Moritz, C., Coalescent based species delimitation in an integrative taxonomy, *Trends in Ecology and Evolution*, 27(9), 480-488, **2012**.

Grossheim, A.A. *Fl. Kavkaza 2*: 159, **1930**.

Güner, A., Türkiye Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler), Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi ve Flora Araştırmaları Derneği Yayını, İstanbul, **2012**.

Hammer, Ø., Harper, D. A., & Ryan, P. D. PAST, Paleontological statistics software package for education and data analysis, *Palaeontologia electronica*, 4(1), 9, **2001**.

Hausknecht, H.C., Bornmüller, J.F.N., Feddes Repert., Beih. 89: 40, **1936**.

Hausknecht, H.C., Bornmüller, J.F.N., Mitt. Thüring. Bot. Vereins 20: 5, **1905**.

Hedge, I.C., *Cochlearia*, L., Davis, P.H. (Ed.), *Flora of Turkey and the East Aegean Islands 1*, 344-346, [Edinburgh] University Press, Edinburgh, **1965**.

Hedge, I.C., *Thlaspi bornmuelleri* (Rech.f.) Hedge, *Notes Roy. Bot. Gard. Edinburgh* 26: 184 (**1965**).

Hedge, I.C., Thlaspi L., Davis, P.H. (Ed.), Flora of Turkey and the East Aegean Islands 1, 330-341, [Edinburgh] University Press, Edinburgh, **1965**.

Hohmann, N., Wolf, E.M., Lysak, M.A., Koch, M.A., A time-calibrated road map of *Brassicaceae* species radiation and evolutionary history, *The Plant Cell*, 27(10), 2770-2784, **2015**.

Huang, C.H., Sun, R., Hu, Y., Zeng, L., Zhang, N., Cai, L., Zhang, Q., Koch, M.A., Al-Shehbaz, I., Edger, P.P., Pires, J.C., Tan, D., Zhong, Y., Ma, H., Resolution of *Brassicaceae* phylogeny using nuclear genes uncovers nested radiations and supports convergent morphological evolution, *Molecular biology and evolution*, 33(2), 394-412, **2016**.

Jones, G., Algorithmic improvements to species delimitation and phylogeny estimation under the multispecies coalescent. *J. Math. Biol.* 74, 447–467. <http://doi.org/10.1007/s00285-016-1034-0>, **2017**.

Jones, G., Aydin, Z., Oxelman, B., DISSECT: an assignment-free Bayesian discovery method for species delimitation under the multispecies coalescent. *Bioinformatics* 31, 991–998, **2015**.

Jones, G., STACEY package documentation: species delimitation and species tree estimation with BEAST2. Available at: <http://www.indriid.com/2016/STACEY.addon.v1.2.1.zip>, **2016**.

Koch, M., Kiefer, C., Molecules and migration: biogeographical studies in cruciferous plants, *Plant Syst Evol*, 259(2–4):121–142, **2006**.

Koch, M., Mummenhoff, K., Hurka, H., Molecular phylogenetics of *Cochlearia* (*Brassicaceae*) and allied genera based on nuclear ribosomal ITS DNA sequence analysis contradict traditional concepts of their evolutionary relationship, *Plant Systematics and Evolution*, 216(3-4), 207-230, **1999**.

Korneliussen, T. S., Albrechtsen, A., Nielsen, R., ANGSD: analysis of next generation sequencing data. *BMC bioinformatics*, 15(1), 356, **2014**.

Kuznetsov, N.Y. & al., *Fl. Cauc. Crit.* 3(4): 176, **1908**.

Leavitt S.D., Moreau C.S., Thorsten Lumbsch H., The Dynamic Discipline of Species Delimitation: Progress Toward Effectively Recognizing Species Boundaries in Natural Populations, Upreti D., Divakar P., Shukla V., Bajpai R. (Eds), Recent Advances in Lichenology, 11-44, Springer, New Delhi, **2015**.

Leliaert, F., Verbruggen, H., Vanormelingen, P., Steen, F., López-Bautista, J.M., Zuccarello, G.C., De Clerck, O., DNA-based species delimitation in algae, European journal of phycology, 49(2), 179-196, **2014**.

Love, S.L., Noble, K., Parkinson, S. Gardening strategies for short-season, high-altitude zones. University of Idaho Extension, **2009**.

Lukhtanov, V.A., Species Delimitation and Analysis of Cryptic Species Diversity in the XXI Century, Entomological Review, 99(4), 463-472, **2019**.

Lumbsch, H.T., Leavitt, S.D., Goodbye morphology? A paradigm shift in the delimitation of species in lichenized fungi, Fungal Diversity, 50(1), 59, **2011**.

Lysak, M.A., Koch, M.A., Phylogeny, Genome, and Karyotype Evolution of *Crucifers* (*Brassicaceae*), Schmidt, R., Bancroft, I., (Eds.), Genetics and Genomics of the *Brassicaceae*, 1-24, Springer, Dordrecht, **2011**.

Mandáková, T., Mummenhoff, K., Al-Shehbaz, I., Mucina, L., Mühlhausen, A., Lysak, M.A., Wholegenome triplication and species radiation in the southern African tribe Heliophilleae (*Brassicaceae*). Taxon, 61(5), 989-1000, **2012**.

Måsviken, J, Dalerum, F., Cousins, S.A., Contrasting altitudinal variation of alpine plant communities along the Swedish mountains, Ecology and evolution, 10(11), 4838-4853, **2020**.

Mayr, E., Systematics and the origin of species, Columbia University Press, New York, 334, **1942**.

Miller, J.R., Koren, S., Sutto, G., Assembly algorithms for next-generation sequencing data, Genomics, 95: 315–27, **2010**.

Miller, M.R., Dunham, J.P., Amores, A., Cresko, W.A., Johnson E.A., Rapid and cost-effective polymorphism identification and genotyping using restriction site associated DNA (RAD) markers, Genome Research, 17(2), 240-248, **2007**.

Mutlu, B., *Pseudosempervivum* (Boiss.) Grossh, Güner, A., Aslan, S., Ekim, T., Vural, M. & Babaç, M.T. (Eds.), Türkiyen Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler), 292, Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi ve Flora Araştırmaları Derneği Yayını, İstanbul, **2012**.

Natusch D.J., Esquerre D., Lyons J.A., Hamidy A., Lemmon A.R., Lemmone E.M., Riyantod A., Keogh S., Donnellan S., Species delimitation and systematics of the green pythons (*Morelia viridis* complex) of Melanesia and Australia. *Molecular phylogenetics and evolution*, 142, 106640, **2020**.

Nikolov, L.A., Shushkov, P., Nevado, B., Gan, X., Al-Shehbaz, I., Filatov, D., Bailey, D., Tsiantis, M., Resolving the backbone of the *Brassicaceae* phylogeny for investigating trait diversity, *New Phytologist*, 222(3), 1638-1651, **2019**.

Özgişi, K., Özüdoğru, B., Ocak, A., Contributions to Turkish Flora: Taxonomic and distributional notes on the poorly known *Noccaea* (*Brassicaceae*) species, *Phytotaxa*, 346(3), 247-257, **2018**.

Özüdoğru, B., German, D.A., Taxonomic remarks on *Pseudosempervivum* (*Brassicaceae*), *Phytotaxa*, 383(1), 103-110, **2018**.

Özüdoğru, B., Özgişi, K., Tarıkahya-Hacıoğlu, B., Ocak, A., Mummenhoff, K., Al-Shehbaz, I. A., Phylogeny of the Genus *Noccaea* (*Brassicaceae*) and a Critical Review of Its Generic Circumscription, *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 104(3), 339-354, **2019**.

Pobedimova, E.G. *Novosti Sist. Vyssh. Rast.* 1970: 194, **1971**.

Pobedimova, E.G., *Revisio generis Cochlearia* L., 2, *Novosti Sistematiği Vysshikh Rastanii* [Novitates Systematicae Plantarum Vascularium], 7: 167–195, **1970**.

Rambaut A, Drummond A.J., *LogCombiner v2. 4.7.*, **2017**.

Rambaut A, Drummond A.J., Xie D., Baele G. and Suchard M.A., Ardil summarisation in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*. syy032. doi:10.1093/sysbio/syy032, **2018**.

Rechinger, K.H., *Zur Flora von Armenien und Kurdistan*, *Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien*, 49: 262–281, **1939**.

Rupp, L.A., Libbey, D., Selection and Culture of Landscape Plants in Utah, Utah State University Cooperative Extension, Electronic publishing, **2002**.

Sağlam, İ. K., Baumsteiger, J., Smith, M. J., Linares-Casenave, J., Nichols, A. L., O'Rourke, S. M., & Miller, M. R., Phylogenetics support an ancient common origin of two scientific icons: Devils Hole and Devils Hole pupfish, *Molecular Ecology*, 25(16), 3962-3973, **2016**.

Sağlam, İ.K., Miller, M.R., O'Rourke, S., Çağlar, S.S., Phylo-comparative analyses reveal the dual role of drift and selection in reproductive character displacement. *Molecular phylogenetics and evolution*, 140, 106597, **2019**.

Salariato, D. L., Zuloaga, F. O., Franzke, A., Mummenhoff, K., Al-Shehbaz, I., Diversification patterns in the CES clade (*Brassicaceae* tribes *Cremolobaeae*, *Eudemeae*, *Schizopetaleae*) in Andean South America, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 181(4), 543-566, **2016**.

Schischkin, B., Tomsk. Staats. Univ. lxxxi. 459, **1928**.

Simpson, G. G., The species concept, *Evolution*, 5:285–298, **1951**.

Sokal, R. R., Corvello, T. J., The biological species concept: A critical evaluation, *Amer Naturalist*, 104:127–153, **1970**.

Stanton, D.W., Frandsen, P., Waples, R.K., Heller, R., Russo, I.R.M., Orozco-terWengel, P.A., Pedersen, C.T., Siegismund, H.R., Bruford, M. W., More grist for the mill? Species delimitation in the genomic era and its implications for conservation, *Conservation Genetics*, 20(1), 101-113, **2019**.

Suchard M. A., Lemey P., Baele G., Ayres D.L., Drummond A.J., Rambaut A., Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10 *Virus Evolution* 4, vey016, **2018**.

Sukumaran, J., Knowles, L.L., Multispecies coalescent delimits structure, not species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(7), 1607-1612, **2017**.

Templeton, A.R., The meaning of species and speciation: A genetic perspective, D. Otte D., Endler, J.A., (Eds), Speciation and Its Consequences, 3-27, Mass.: Sinauer, Sunderland, **1989**.

The Plant List (2013), Version 1.1., <https://www.theplantlist.org> (Eriřim tarihi 25.10.2019)

Tropicos, Missouri Botanical Garden, <https://www.tropicos.org> (Eriřim tarihi 25.10.2019)

Twyford, A.D., Ennos, R.A., Next-generation hybridization and introgression, Heredity, 108(3), 179-189, **2012**.

Van Valen, L., Ecological species, multispecies and oaks, Taxon, 25:233–239, **1976**.

Wheeler, Q. D., Why the phylogenetic species concept?, Elementary, Journal of Nematology, 31(2), 134, **1999**.

Yıldırım, Ş., *Cochlearia gurulkani* Yıldırım (Brassicaceae), a new species from Şırnak, Southeast Anatolia, Turkey, Ot Sistemik Botanik Dergisi, 12 (1): 1–8, **2006**.

Zhang J., Kapli P., Pavlidis P., Stamatakis A., A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements, Bioinformatics, 29 (22): 2869-2876, **2013**.