

T.C.
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI
2021-YL-022

**TÜRKİYE'DE YAYILIŞ GÖSTEREN *CONRINGIA*
HEIST. EX FABR. (BRASSICACEAE) CİNSİNİN
ÇEKİRDEK (nrDNA) ITS VE KLOROPLAST
(cpDNA) *trnL-F* DİZİLERİNE DAYALI
MOLEKÜLER SİSTEMATİK ANALİZİ**

Melike AYDOĞAN

**Tez Danışmanı:
Doç. Dr. Emre SEVİNDİK**

AYDIN

T.C.
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
AYDIN

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı Yüksek Lisans Programı öğrencisi Melike AYDOĞAN tarafından hazırlanan TÜRKİYE’DE YAYILIŞ GÖSTEREN *CONRINGIA* HEIST. EX. FABR. (BRASSICACEAE) CİNSİNİN ÇEKİRDEK (nrDNA) ITS VE KLOROPLAST (cpDNA) *trnL-F* DİZİLERİNE DAYALI MOLEKÜLER SİSTEMATİK ANALİZİ başlıklı tez, (08.03.2021) tarihinde yapılan savunma sonucunda aşağıda isimleri bulunan jüri üyelerince kabul edilmiştir.

	Ünvanı, Adı Soyadı	Kurumu	İmzası
Başkan:	Doç. Dr. Emre SEVİNDİK (Danışman)	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	
Üye:	Doç. Dr. Zehra Tuğba MURATHAN	Malatya Turgut Özal Üniversitesi	
Üye:	Dr. Öğr. Üyesi Hüseyin UYSAL	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	

Jüri üyeleri tarafından kabul edilen bu Yüksek Lisans Tezi, Enstitü Yönetim KurulununSayılı kararıyla tarihinde onaylanmıştır.

Prof. Dr. Gönül AYDIN
Enstitü Müdürü

T.C.
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE

Bu tezde sunulan tüm bilgi ve sonuçların, bilimsel yöntemlerle yürütülen gerçek deney ve gözlemler çerçevesinde tarafımdan elde edildiğini, çalışmada bana ait olmayan tüm veri, düşünce, sonuç ve bilgilere bilimsel etik kuralların gereği olarak eksiksiz şekilde uygun atıf yaptığımı ve kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

30.03.2021

Melike AYDOĞAN

ÖZET

TÜRKİYE'DE YAYILIŞ GÖSTEREN *CONRINGIA* HESIT. EX. FABR. (BRASSICACEAE) CİNSİNİN ÇEKİRDEK (nrDNA) ITS VE KLOROPLAST (cpDNA) *trnL-F* DİZİLERİNE DAYALI MOLEKÜLER SİSTEMATİK ANALİZİ

Melike AYDOĞAN

Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Emre SEVİNDİK

2021, 53 Sayfa

Bu çalışma ile ülkemizde yayılış gösteren *Conringia* cinsine ait türlerin çekirdek (nrDNA) ITS ve kloroplast (cpDNA) *trnL-F* bölgelerinin moleküler sistematik analizi yapılarak filogenetik ilişkileri değerlendirilmiştir. Çalışma sonucunda, *Conringia* türlerine ait ITS bölgelerinin Adenin + Timin bazının en çok olduğu türde oranı % 49.05 iken, en az olduğu türde ise % 40.39'dur. Guanin + Sitozin bazının en çok olduğu türde oran % 59.61 iken, en az olduğu türde % 50.95'dir. *trnL-F* bölgelerinin Adenin + Timin bazının en çok olduğu türde oran % 68.31 ve en az olduğu türde ise bu oran % 57.54 çıkmıştır. Guanin + Sitozin bazının en çok olduğu türde oran % 42.26 iken en az olduğu türde ise % 31.69'dur. Türler arası genetik uzaklık matrisleri incelendiğinde, ITS verilerinde birbirine en yakın mesafede olan türlerin değeri 0.00 iken, birbirine en uzak mesafede olan türlerin değeri ise 0.17'dir. *trnL-F* verilerinde birbirine en yakın mesafede olan türlerin değeri 0.00, birbirine en uzak mesafede olan türlerin değerinin ise 0.90 olduğu gözlemlenmiştir. ITS ve *trnL-F* bölgelerinin yapılan Neighbor-Joining analizi sonucu oluşan ağaçları 2 bütün gruptan oluşmuştur. Oluşan filogenetik ağaçların sonuçları birbirini desteklemiştir.

Anahtar Kelimeler: *Conringia*, Brassicaceae, nrDNA, ITS, cpDNA, *trnL-F*

ABSTRACT

MOLECULAR SYSTEMATIC ANALYSIS OF THE GENUS *CONRINGIA* HEIST. EX. FABR. (BRASSICACEAE) DISTRIBUTED IN TURKEY USING (nrDNA) AND (cpDNA) *trnL-F* SEQUENCES

Melike AYDOĞAN

M.Sc. Thesis, Department of Agricultural Biotechnology

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Emre SEVİNDİK

2021, 53 Pages

In this study, phylogenetic analysis of Turkish *Conringia* (Brassicaceae) species was conducted based on nuclear ribosomal DNA (nrITS) and chloroplast DNA (*trnL-F*) sequences. As a result of the study, the rate of ITS regions belonging to *Conringia* species is 49.05 % in the species with the highest A + T base, while it is 40.39 % in the species with the least. While the rate of G + C base is 59.61 % in the most common species, it is 50.95% in the species with the least. The ratio of *trnL-F* regions is 68.31% in the species with the highest A + T base and 57.54 % in the species with the lowest. While the rate in the type with the most G + C base is 42.26 %, it is 31.69 % in the least. The divergence values of nrITS sequences differed between 0.177 and 0.00 and divergence values of *trnL-F* sequences differed between 0.90 and 0.00. Neighbor-Joining tree generated using nrITS and *trnL-F* sequences consisted of two clades. The results of the phylogenetic trees formed supported each other.

Key Words: *Conringia*, Brassicaceae, nrDNA, ITS, cpDNA, *trnL-F*

ÖNSÖZ

Bu çalışma Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeler Birimi (Proje No: ZRF-19034) tarafından desteklenmiştir.

Beni *Conringia* bitkisi ile tanıştıran ve bu bitki ile çalışma imkânı veren, tezimin başından sonuna kadar yardımlarını ve desteğini asla esirgemeyen, daima yapıcı düşünce ve fikirleriyle her zaman bana yön veren tez danışmanım Sayın Doç. Dr. Emre SEVİNDİK'e;

Conringia türlerinin araziden toplanmasını sağlayan ve teşhislerini gerçekleştiren Munzur Üniversitesi, Tunceli Meslek Yüksekokulu, Tıbbi Hizmetler ve Teknikler Bölümünden Doç. Dr. Mehmet Yavuz PAKSOY;

Laboratuvarda karşılaştığım her türlü durumda desteğini ve yardımlarını hiç esirgemeyen ve beraber yüksek lisans yaptığım sevgili laboratuvar arkadaşım Ziraat Mühendisi Feyzanur TOPSEÇER'e;

Tez çalışma süresince maddi ve manevi her türlü desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen, daima arkamda olan ve bana olan güvenlerini hep hissettiğim sevgili annem Hülya AYDOĞAN'a, kardeşim Enes AYDOĞAN'a, babam Mevlüt AYDOĞAN'a, anneannem Dönüş KUZU'ya, dedem Rahmi KUZU'ya, teyzem Günnur MANTAŞ'a, dayım Murat KUZU'ya ve en yakın arkadaşım Şeyma GÜNHAN'a;

Kalpten sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Melike AYDOĞAN

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	vii
ABSTRACT.....	ix
ÖNSÖZ.....	xi
KISALTMALAR DİZİNİ.....	xvii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xxi
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xxiii
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Dünya’da ve Türkiye’de Brassicaceae Familyası.....	2
1.1.1. Brassicaceae Familyası’nın Genel Özellikleri.....	2
1.1.2. Brassicaceae Familyası’nın Ekonomik ve Tıbbi Önemi.....	3
1.2. <i>Conringia</i> Cinsine Ait Taksonlar.....	4
1.3. Moleküler Sistematiği.....	5
1.3.1. Moleküler Sistematiği Kullanılan DNA Çeşitleri.....	6
1.3.1.1. Çekirdek DNA’sının Genel Özellikleri ve Sistematiği Kullanımı.....	6
1.3.1.1.1. İç Transkribe Olan Boşluklar (ITS).....	6
1.3.1.2. Kloroplast DNA’sının Genel Özellikleri ve Sistematiği Kullanımı.....	8
1.3.1.2.1. Genler Arası Boşluk (<i>trnL-trnF</i>).....	9
1.4. Filogenetik Analiz ve Filogenetik Ağaç.....	9
1.4.1. Filogenetik Ağaç Oluşturmada Kullanılan Yöntemler.....	10
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	11

3. MATERYAL VE YÖNTEM	18
3.1. Materyal.....	18
3.1.1. Bitkisel Materyal	18
3.1.2. Çalışmada Kullanılan Kimyasallar.....	20
3.1.2.1. Genomik DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar.....	20
3.1.2.1.1. GeneMark Kiti İle Yapılan İzolasyonda Kullanılan Kimyasallar	20
3.1.2.1.2. PCR'de Kullanılan Kimyasallar	20
3.2. Yöntem	21
3.2.1. GeneMark Kiti ile Yapılan DNA İzolasyon Protokolü	21
3.2.2. Kullanılan PCR Protokolleri.....	22
3.2.3. Agaroz Jel Elektroforezi.....	22
3.2.4. Dizileme ve Dizi Analizi.....	23
3.2.4.1. Dizileme Reaksiyonu.....	23
3.2.4.2. Dizilerin İşlenmesi.....	23
3.2.4.3. Dizi Hizalaması	25
3.2.4.4. Filogenetik Analiz	25
4. BULGULAR	26
4.1. DNA İzolasyonu ve PCR Sonuçları	26
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	28
5.1. ITS Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi.....	28
5.2. <i>trnL-F</i> Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi	33

KAYNAKLAR	43
ÖZGEÇMİŞ	53



KISALTMALAR DİZİNİ

°C	: Santigrat Derece (Celcius)
µL	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar
AU	: Approximately Unbiased Test
bp	: Baz Çifti
<i>chs</i>	: Kalkon Sentaz Geni
cpDNA	: Kloroplast DNA
dk	: Dakika
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	: Dideoksiribonükleosid Trifosfat
EDTA	: Etilendiamin Tetraasetik Asit
EtBr	: Etidyum Bromür
ETOH	: Etanol
g	: Gram
gDNA	: Genomik DNA
ITS	: İç Transkripsiyonu Aralayıcı Bölge
kb	: Kilobaz
LM	: Işık Mikroskobu

xviii

m : Metre

matK : Maturas K Geni

MgCl₂ : Magnezyum Klorür

ml : Mililitre

mM : Milimolar

MEGA :Molecular Evolutionary Genetics Analysis

ML : Maximum Likelihood

MP : Maximum Parsimony

NCBI : National Center For Biotechnology Information

NJ : Neighbor-Joining

nrDNA : Nüklear Ribozomal DNA

PAUP : Phylogenetic Analysis Using Parsimony

PCR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

T_m : Bağlanma Sıcaklığı

rDNA : Ribozomal DNA

RNA : Ribo Nükleik Asit

RNase A : RNA Parçalayan Enzim

rpm : Dakikadaki Döngü Sayısı

SEM : Parçalı Elektron Mikroskobu

Sn : Saniye

Taq : *Thermus aquaticus*

TBE : Tris-Borikasıt- EDTA

UPGMA : Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Average

UV : Ultraviyole



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. <i>Conringia</i> taksonlarının dünyadaki yayılışı	4
Şekil 1.2. <i>Conringia</i> taksonlarının Türkiye’deki yayılış alanları	5
Şekil 1.3. Çekirdek ribozomal DNA’sının tekrarlı üniteleri	7
Şekil 1.4. <i>trnL</i> -F bölgesinin gösterimi	9
Şekil 3.1. <i>Conringia</i> taksonlarının toplandığı yerler	18
Şekil 3.2. BioEdit programında kullanılan DNA dizilerinin gösterimi	24
Şekil 3.3. FinchTV programında DNA dizilerinin gösterimi	24
Şekil 3.4. BioEdit ve FinchTV programında kontik analizi	25
Şekil 4.1. <i>Conringia</i> türlerinin ITS bölgesine ait jel fotoğrafı.	26
Şekil 4.2. <i>Conringia</i> türlerinin <i>trnL</i> -F bölgesine ait jel fotoğrafı.	27
Şekil 5.1. <i>Conringia</i> türlerine ait ITS bölgesinin Neighbor-Joining analizi sonucu oluşan filogenetik ağacı.....	31
Şekil 5.2. NCBI’den alınan Brassicaceae türlerinin ITS bölgesi ile oluşturulan Neighbor-Joining ağacı	32
Şekil 5.3. <i>Conringia</i> türlerine ait <i>trnL</i> -F bölgesinin Neighbor-Joining analizi sonucu oluşan filogenetik ağacı	36
Şekil 5.4. NCBI’den alınan Brassicaceae türlerinin <i>trnL</i> -F bölgesi ile oluşturulan Neighbor-Joining ağacı	37

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. <i>Conringia</i> türlerinin toplandığı lokaliteler	19
Çizelge 3.2. PCR’de kullanılan primerler ve özellikleri	21
Çizelge 3.3. ITS primeri için kullanılan PCR programı	22
Çizelge 3.4. <i>trnL-F</i> primeri için kullanılan PCR programı	22
Çizelge 5.1. <i>Conringia</i> türlerine ait ITS bölgesinin A, T, G, C baz içerikleri	28
Çizelge 5.2. <i>Conringia</i> türlerine ait ITS bölgesinin genetik uzaklık matrisi.....	30
Çizelge 5.3. <i>Conringia</i> türlerine ait <i>trnL-F</i> bölgesinin A, T, G, C baz içerikleri...	33
Çizelge 5.4. <i>Conringia</i> türlerine ait <i>trnL-F</i> bölgesinin genetik uzaklık matrisi	35

1. GİRİŞ

Türkiye; İran-Turan, Akdeniz ve Avrupa-Sibirya olmak üzere üç farklı bitki coğrafyasının birleştiği yerde bulunması, buzul dönemlerinde canlılar için sığınak olması ve bazı cinslerin gen merkezi olması nedeniyle oldukça zengin bir flora ve çok farklı vejetasyon tiplerine sahiptir (Davis ve Hedge, 1975; Avcı, 1993). Bu zengin floranın oluşmasındaki en önemli nedenler ise; farklı iklim tiplerinin görülmesi, topoğrafik ve jeolojik çeşitlilikler, değişik su ortamı (göl, deniz, akarsu gibi) çeşitlilikleri, yükseklik ve ekolojik farklılık şeklinde sıralanabilir (Atalay, 1983; Çelik, 2003; Parmaksız, 2004; Yeşiltaş ve Kolören, 2019).

Türkiye, üzerinde yayılış gösteren bitki türleri bakımından dünyanın en zengin alanlarından bir tanesine ev sahipliği yapmaktadır (Avcı, 1993). 1950'li yıllarda yapılan çalışmalarda 2480 bitki türünün ülkemizde yayılış gösterdiği bilinirken (Birand, 1952), 2012-2017 yılları arasında yapılan flora yayınlarına göre; 11959 civarında damarlı bitki taksonu bulunmakta ve bunlardan 3240 türün endemik olduğu bilinmektedir (Gemici, 1994; Göktürk ve Sümbül, 2014; Keskin ve Savran, 2020). Türkiye florasında bulunan toplam takson sayısının, bütün Avrupa ülkelerinde yayılış gösteren bitki türlerinin toplam takson sayısına yakın olduğu bilinmektedir (Gemici vd., 1992; Avcı, 1993).

Türkiye'deki bitkilerin düzenli olarak araştırılması, toplanması ve incelenmesi ilk defa 1700'lü yıllarda Joseph Pitton de Tournefort tarafından gerçekleştirilmiştir (Burt, 2001; Burt, 2002; Şenkul ve Kaya, 2017). Birçok ülkenin florasını yakından incelemiş olan Pierre Edmond Boissier, aynı titizlik ile Türkiye florasını da yakından incelemiş ve ortaya çıkarmış olduğu 5 cilt ve 1 ek ciltten oluşan 'Doğu Ülkeleri Florası (Flora Orientalis)' adlı eseri ile Türkiye florasını içeren ilk eserlerden bir tanesini ortaya koymuştur (Boissier, 1867-1884; Boissier, 1888; Şenkul ve Kaya, 2017). Türkiye'nin asıl bitki örtüsü varlığı ve zenginliğinin ortaya çıkarılması konusundaki en kapsamlı çalışma ise Peter Hadland Davis'in 1965-1988 yılları arasında yaptığı çalışmalar neticesinde yayımladığı, 9 cilt ve 2 ek ciltten oluşan 'Türkiye ve Doğu Ege Adaları Florası (Flora of Turkey and the East Aegean Islands)' isimli eseridir (Davis, 1965-1985; Davis vd., 1988; Güner vd., 2000; Şenkul ve Kaya, 2017). Günümüzde halen hem lokal ölçekte hem de Türkiye'nin tamamını kapsayacak ölçekte flora çalışmalarının devam ettiği bilinmektedir (Güner vd., 2012; Şenkul ve Kaya, 2017).

1.1. Dünya’da ve Türkiye’de Brassicaceae Familyası

Brassicaceae familyası, daha çok kuzey yarım kürede bulunan ve nadiren tropiklerde yayıldığı bilinen (Koch vd., 2007), 338 cins ve 3710 türün yer aldığı (Al-Shehbaz vd., 2006; Warwick vd., 2006; Sıralı vd., 2013; Satıl vd., 2017); Türkiye’de ise 98 cins, 605 tür ve toplamda 676 takson ile ülkemizin en büyük familyalarından birini temsil etmektedir (Appel ve Al-Shehbaz, 2003; Güner vd., 2012).

Brassicaceae familyası, Dünya’nın neredeyse her yerinde bulunabilen büyük familyalardan birisidir (Selvi vd., 2019). Büyük bir çoğunluğu kuzey ılıman kuşakta ve özellikle Akdeniz havzası, Orta ve Güneybatı Asya’da daha fazla yayılım gözlemlenmektedir. Nadirinde olsa tropiklerde ve Güney yarımkürede de gözlemlenebilmektedir ancak tür sayısı diğer bölgelere oranla daha azdır (Selvi vd., 2019). İran-Turan flora bölgesi yüksek oranda Brassicaceae familyasına ait takson içeren bir bölgedir ve bu nedenle Brassicaceae familyasının yayılım kökeninin bu bölge olduğu düşünülmektedir (Al-Shehbaz vd., 2007; Batur, 2014).

1.1.1. Brassicaceae Familyası’nın Genel Özellikleri

Brassicaceae familyası; ekonomik önemi olan birçok türü bünyesinde barındırmakta ve moleküler çalışmaların çoğunda model bitki olarak kullanılan *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. türünü de bünyesinde bulundurmasıyla birlikte en önemli model bitki familyalarından bir tanesi haline gelmiştir (Al-Shehbaz, 2012; Koch ve Marhold, 2012).

Brassicaceae familyası türleri, diğer familyaların bünyesinde bulunan bazı türlerin üniform çiçek yapısına sahip türlerinden morfolojik olarak kolaylıkla ayırt edilmektedirler. Çiçekleri bilateral simetrik yapıda ve genellikle dört tane serbest haldeki çanak yapraklardan oluşmakta, bazı tür ve cinslerde ise ya asimetrik yapıda çiçek yapısı ya da bölünmüş çanak yapraklar gözlemlenmektedir. Brassicaceae familyasına ait türlerin tohumları boyut, şekil ve yapı bakımından da oldukça fazla çeşitlilik gösterirler (Appel ve Al-Shehbaz, 2003; Al-Shehbaz vd., 2006; Satıl vd., 2017).

Brassicaceae familyasının üyelerinin büyük bir çoğunluğu tek yıllık bitkilerden oluşmuştur. Küçük bir kısmı ise çok yıllık bitkiler, küçük çalı veya yarı çalı olmak

üzere çok fazla sayıda popülasyondan meydana gelmiştir (Warwick ve Sauder, 2005; Sıralı vd., 2013).

1.1.2. Brassicaceae Familyası'nın Ekonomik ve Tıbbi Önemi

Familya bünyesinde yer alan bitki baharatlarının içeriği ve karışımı incelendiğinde Brassicaceae familyası üyelerinin tohumlarının, 7000 yıl öncesine kadar kullanıldığı ve sıklıkla ekimi yapıldığı gözlemlenmektedir (Yan, 1990; Watson ve Preedy, 2010; Sefalı, 2020). Familya bünyesindeki bol çeşitlilik görülmesine rağmen, sadece birkaç cinsten yer alan üyeler insanlar tarafından yetiştirilmekte ve tüketilmektedir (IARC, 2004; Sefalı, 2020). Familya üyelerinden bazı türler (*Alyssum* L., *Thlaspi* L., *Arabidopsis* Heynh. ve *Brassica* L. cinsleri) bünyelerinde aşırı oranda ağır metal topladıklarından dolayı çevre dostu kabul edilirler (Anjum vd., 2012; Sefalı, 2020).

Brassicaceae familyasına ait ve kültür bitkisi olarak bilinen ve yetiştirilen kolza (*Brassica napus* L.) ve lahanalar (*Brassica oleracea* L.)'nın yanı sıra, yabani roka (*Eruca vesicaria* subsp. *sativa* Miller)'nın Doğu ve Orta Anadolu çayır ve meralarında, beyaz hardal (*Sinapis alba* L.) ile yabani hardal (*Sinapis arvensis* L.) ülke çapında ve yabani çivit otu (*Isatis tinctoria* L.)'nun ise Orta ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinde kültür bitkilerinin arasında çok yaygın bir şekilde yetiştiği kaydedilmiştir (Ekim, 1987; Sıralı vd., 2013).

Baharat bitkileri olarak *Brassica juncea* L. (Hint hardalı), *A Armoracia rusticana* (Lam.) Gaertner, Mey. Et Schreb. (yaban turbu), *Sinapis alba* L. (beyaz hardal) ve *Erysimum* ssp. L. (duvar çiçeği) türleri yer almaktadır. Yaprak lahanası, baş lahanası, karnabahar, brokoli, brüksel lahanası, alabaş ve Çin lahanası gibi *Brassica oleracea* L. çeşitlerinin haricinde turp, bahçe teresi, roka ve şalgam gibi sebze türleri de yaygın bir şekilde tüketilmektedir. *Brassica carinata* A. Braun (Etiyopya hardalı), *Camelina sativa* (L.) Crantz (ketencik), *Crambe abyssinica* Hochst. ex R.E. Fries (krambe), *Eruca vesicaria* (L.) Cav. (roka) gibi çeşitli türlerde yemeklik yağ ve protein bitkileri, biyodizel yakıt bitkileri, biyolojik ürün tasarımı ve moleküler tarım açısından oldukça önemli bir yere sahiptir (Gugel ve Falk, 2006; Warwick vd., 2007; Sıralı vd., 2013).

Brassicaceae familyasında ayrıca *Capsella bursa-pastoris* (L.) Medik. (çoban çantası), *Brassica nigra* (L.) Koch (siyah hardal), *Sinapis arvensis* L. (yabani

hardal), *Thlaspi arvense* L. (tarla akça çiçeği veya kuş ekmeği), *Raphanus sativus* L. (turp) ve *Raphanus raphanistrum* L. (yabani Turp) gibi genellikle tarım alanlarında gözlenen 120'den fazla yabancı ot türüne de ev sahipliği yapmaktadır (Warwick vd., 2008; Martin vd., 2011).

Cheiranthus cheiri (L.) Crantz (şebboy), *Hesperis* ssp. L. (çoban yıldızı) ve *Lunaria annua* L. (sedef çiçeği) gibi turpgil türleri süs bitkisi olarak evlerde, parklarda ve bahçelerde çok yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Martin vd., 2011).

1.2. *Conringia* Cinsine Ait Taksonlar

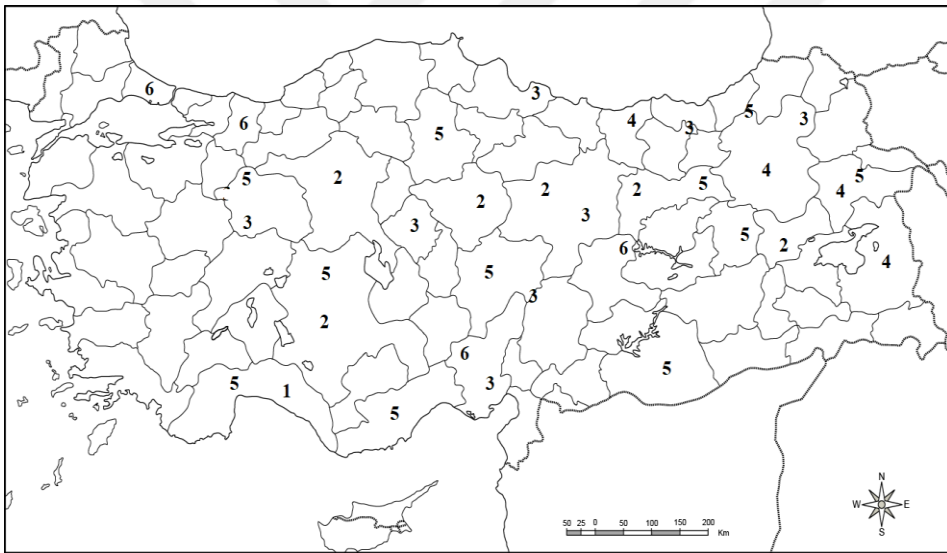
Brassicaceae familyasının bir üyesi olan *Conringia*, Türkiye'de 6 tür ile temsil edilmektedir (Selvi vd., 2019). Şekil 1.1.'de *Conringia* cinsinin dünya üzerindeki yayılışı gösterilmiştir.



Şekil 1.1. *Conringia* taksonlarının dünyadaki yayılışı (Anonim, 2020)

Türkiye'de bulunan *Conringia* cinsinden *Conringia austriaca* (Jacq.) Sweet, Hort., Çatalca-Kocaeli Bölümü, Yukarı Fırat Bölümü ile Adana Bölümü; *Conringia perfoliata* (C. A. Mey.) Busch., Orta ve Doğu Karadeniz Bölümleri, Yukarı Sakarya, Yukarı Kızılırmak ve Konya bölümleri, Yukarı Fırat, Yukarı Murat-Van Bölümleri, Akdeniz Bölgesi, Güneydoğu Anadolu Bölgesi; *Conringia grandiflora* Boiss. & Heldr., Doğu Akdeniz Bölümü, *Conringia orientalis* (L.) Dumort.,

Anadolu (Güneydoğu Anadolu Bölgesi dışında), *Conringia persica* Boiss., Doğu Karadeniz Bölümü, Erzurum-Kars ve Yukarı Murat-Van Bölümleri; *Conringia planisiliqua* Fisch. & Mey Karadeniz Bölgesi, Yukarı Sakarya ve Yukarı Kızılırmak Bölümleri, Erzurum-Kars ve Yukarı Fırat Bölümleri, Adana Bölümü (İran-Turan bölgesinde)'nde belirli lokalitelerde yayılış göstermektedir. Türkiye Florasında (Davis, 1965) *Conringia perfoliata* olarak bilinen tür aynı zamanda *Conringia clavata*'nın sinonimini oluşturmaktadır (Güner vd., 2012; Selvi vd., 2019). Şekil 1.2.'de *Conringia* taksonlarının Türkiye'deki yayılış alanlarına yer verilmiştir.



Şekil 1.2. *Conringia* taksonlarının Türkiye'deki yayılış alanları [(1.*C. grandiflora*, 2.*C. orientalis*, 3.*C. planisiliqua*, 4.*C. persica*, 5.*C. perfoliata*, 6.*C. austriaca*) (TÜBİVES, 2020; Anonim, 2021)]

1.3. Moleküler Sistematik

Bitki moleküler sistematiği son yıllarda hızla değişen alanlardan biri olmuştur (Malik ve Sanadhya, 2017). Dizi analizlerinin ve yeni filogenetik analiz metodlarının gelişimi ile (Yoshida ve Nei, 2016) moleküler sistematik alanına büyük oranda katkı sağlamıştır (Cohen, 2014). Filogenetik bilgi edinme sürecinde morfolojik karakterlerin fayda sağlayamadığı zamanlarda dizi analizlerinin, filogenetik analizler için çok fayda sağladığı görülmektedir (Cohen, 2014). Bu sebepten filogenetikçiler çoğunlukla dizilerin filogenisinin organizmaların

filogenisine fazla yakın olduğu görüşünde hem fikir olmuşlardır (Patwardhan vd., 2014). Dizi analizi yöntemleri, canlıların coğrafik kökenlerinin bulunmasından (Jenks vd., 2013) canlıların evrimsel ilişkilerini moleküler açıdan kanıtlamaya kadar birçok farklı alanda faydalanılmaktadır (Patwardhan vd., 2014). Angiospermlerin evrimsel ilişkilerini belirlemek amacıyla yapılan moleküler çalışmalarda çoğunlukla kloroplast DNA'sı (Bakker vd., 2000), mitokondri DNA'sı (Vrijenhoek, 1994) veya çekirdek DNA genlerinden faydalanılmıştır (İnal vd., 2017). Son yıllarda yapılan çalışmalar neticesinde bu üç genomdaki DNA dizilerinin farklı oranlarda değişime uğradığı gözlemlenmiştir ve çekirdek genomunun daha hızlı değişim gösterdiği görülürken, mitokondri ve plastit genomlarının daha yavaş değişim gösterdiği farkedilmiştir (İnal vd., 2017).

1.3.1. Moleküler Sistematikte Kullanılan DNA Çeşitleri

Moleküler sistematikte kullanılan 3 çeşit DNA vardır. Bunlar;

- ★ Nükleer Ribozomal DNA veya Çekirdek DNA (nrDNA)
- ★ Kloroplast DNA (cpDNA),
- ★ Mitokondri DNA (mtDNA)'dır.

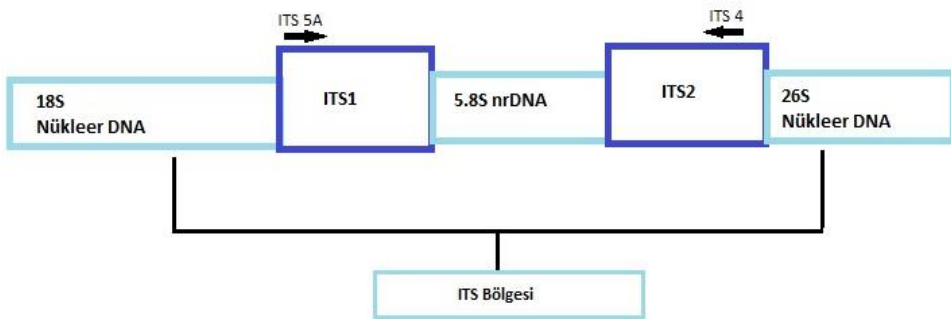
1.3.1.1. Çekirdek DNA'sının Genel Özellikleri ve Sistematikte Kullanımı

Genom büyüklüğü farklı organizmalar arasında çeşitlilik göstermektedir. Bu durum çekirdek genomunun önemli sistematik ve filogenetik açıdan bilgi verebileceğinin göstergesidir. Çekirdek genlerinin kalıtımı ise çift ataya aittir (Gülbitti Onarıcı ve Sümer, 2003). ITS (iç transkripsiyon aralayıcı bölge) gen bölgesi korunmuş rDNA (ribozomal DNA) bölgesine oranla morfolojik olarak da taksonlar arasında varyasyon gösterdiği için genetik uzaklıklarla ilgili baz polimorfizmine bakılarak taksonlar arasındaki akrabalık dereceleri belirlenebilmekte ve filogenetik çalışmalar açısından oldukça önemli olup sıklıkla tercih edilmektedir (Dubouzet ve Shinoda, 1999).

1.3.1.1.1. İç Transkribe Olan Boşluklar (ITS)

ITS bölgesi, genomik DNA üzerindeki rDNA tekrarları içine yerleşmiş ve rDNA'nın alt birimleri ile transkribe edilerek korunmuş (18S, 5.8S ve 28S)

birbirinden ayıran iki kısımdan (ITS1 ve ITS2) meydana gelmektedir (Baldwin vd., 1995). ITS1 ve ITS2 bölgeleri ribozomal transkripsiyon ürününün bir parçası olmalarına rağmen olgun ribozomal alt birimlerin yapısına dâhil edilmezler fakat bu bölgeler, rRNA'ların olgunlaşma sürecine katkıda bulunmaktadır (Baldwin, 1995). ITS1 ve ITS2 bölgelerinin nrDNA'da en çok polimorfizm gösteren bölümleridir ve bu sebepten dolayı bu bölgelerin bitki filogenetiğinin yeniden yapılanmasında önemli olduğu kanıtlanmıştır (He vd., 2018; İnal vd., 2017).



Şekil 1.3. Çekirdek ribozomal DNA'sının tekrarlı üniteleri (Saar vd., 2001)

Filogenetik çalışmalarda sıklıkla ITS bölgesinin tercih edilmesinin nedenleri ise aşağıdaki şekilde sıralanabilir;

- ✓ Filogenetik çalışmalarda gerekli bilgileri verebilecek boyuttadır (600–700).
- ✓ Yüksek oranda kopya sayısına sahiptirler.
- ✓ Cins ve tür içi seviyesinde ileri seviyede korunmuş olan rDNA gen bölgelerine komşu pozisyonda bulunmaktadır.
- ✓ Cins ve tür seviyesinde gerekli ve açıklayıcı bilgiler vermektedir.
- ✓ rDNA gen bölgelerine kıyasla daha hızlı varyasyon gösterirler.
- ✓ ITS1 ve ITS2 bölgelerine dayalı yapılan analizlerde ITS1 verileri, ITS2 verilerine göre kesin ve güvenilir sonuçlar vermektedir.
- ✓ rDNA'nın 18S, 5.8S ve 28S alt birimlerinin oluşumu boyunca görevlidir.
- ✓ ITS bölgeleri çoğunlukla ökaryot canlılarda 5.8S gen bölgesi ile birlikte yorumlanmaktadır.
- ✓ ITS bölgesinin kuvvetlendirilmesi ve hizalanması için kabul görmüş evrensel primerler kullanılmaktadır. Primerlerin oluşturulmasında mantar (*Sacharomyces* Meyen ex E.C. Hansen), böcek (*Drosophila* Fallén) ve

bitki (*Oryza sativa* L. ve *Hordeum vulgare* L.) dizilerinden köken almıştır (Baldwin vd., 1995; Camgöz, 2015).

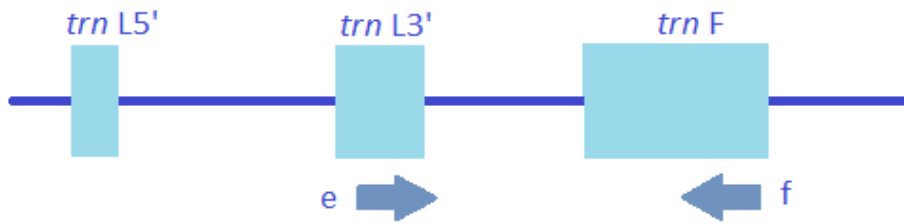
Tüm avantajlarına rağmen, ITS bölgesinin evrensel bir barkod bölgesi olmasını engelleyen bazı nedenler de mevcuttur. ITS bölgesinin organizmanın genomunda farklı nükleotid dizilerine sahip paralog genler de bulundurması ve PCR (polimeraz zincir reaksiyonu) çoğaltımında bu paralog genlerin de çoğaltılması, elde edilen DNA dizilerinin bazı bölgelerinde kararsızlıklara neden olabildiği belirtilmiştir (Yamaguchi vd., 2006; Hürkan, 2017). Bu sebepten dolayı ITS2 bölgesinin de PCR ile çoğaltılacak bölgeye dahil edildiğinde daha doğru sonuçlar alınacağı belirtilmiştir (Li vd., 2011; Hürkan, 2017). Eğer ITS bölgesinin tek başına barkodlama bölgesi olarak kullanılması düşünülüyorsa, çalışılacak organizmanın genomunda bulunan ITS kopyalarında çoğaltma ile tespit edilebilir ve elde edilen kopyalardan da ayrı ayrı DNA dizilemesi yapılabileceği ifade edilmiştir (Hürkan, 2017). ITS bölgesinin mantarlarda da bulunabileceği dikkate alınarak yapılacak çalışmalarda Angiosperm grubuna özgü primer kullanılmadan PCR işlemi yapılacaksa eğer elde edilen PCR ürünleri arasında mantar türlerine ait DNA dizilerinin de kontaminasyonu olabileceği unutulmamalıdır (Hollingsworth vd., 2008; Hürkan, 2017). Bu nedenle ITS bölgesi PCR ile çoğaltılırken mutlaka evrensel bir primerin yanında çalışılacak bitki grubuna ait bir primer de kullanılmalıdır (Hürkan, 2017).

1.3.1.2. Kloroplast DNA'sının Genel Özellikleri ve Sistematikte Kullanımı

Bitki organel genomlarından olan kloroplast DNA popülasyon genetiği çalışmalarında ve filogenetik ilişkilerin ortaya çıkarılması için yapılan çalışmalarda sıklıkla kullanılmaktadır (Soltis vd., 1992; Kalmer ve Tekpınar, 2017). Kloroplast genomunda yer alıp kodlama yapmayan bölgeler genellikle moleküler sistematik ve bitki popülasyon genetiği alanlarında yapılan çalışmalarda tercih edilirler (Shaw vd., 2007; Kalmer ve Tekpınar, 2017). Kodlama yapmayan DNA bölgeleri yüksek oranda mutasyon göstermekte ve bu nedenle evrimsel ilişkilerin aydınlatılmasında sıklıkla kullanılmaktadır (Taberlet vd., 1991; Kalmer ve Tekpınar, 2017). Kloroplast DNA'sında yer alan ve kodlama yapmayan bölgelerden bir tanesi de tRNA'dır ve evrimsel ilişkilerin ortaya çıkartılmasında kullanılmaktadır (Taberlet vd., 1991; Kelchner vd., 2000; Kalmer ve Tekpınar, 2017). *trnL-trnF* bölgesi de bu bölgeye ait bir bölgedir (Taberlet vd., 1991; Gielly ve Taberlet, 1994; Gielly ve Taberlet, 1996; Liu vd., 2006).

1.3.1.2.1. Genler Arası Boşluk (*trnL-trnF*)

Çeşitli bitki gruplarının filogenetik ilişkilerinin ortaya çıkartılmasında sıklıkla kullanılan iki gen bölgesinden birisi de *trnL-F* bölgesidir (Kolören ve Eker, 2018). Kloroplast *trnL-F* boşluğunda yer alan *trnL-trnF* bölgesi, *trnL* (^{UAA}) 3' ekzonu ve *trnF* (^{GAA}) geni arasındadır (Taberlet vd., 1991; Gielly ve Taberlet, 1994; Gielly ve Taberlet, 1996; Liu vd., 2006). Kloroplast genomunun kodlanmayan bölgelerinden bir tanesidir ve filogenetik çalışmalarda sıklıkla kullanılmaktadır (Yang ve Pak, 2006).



Şekil 1.4. *trnL-F* bölgesinin gösterimi (Taberlet vd., 1991)

1.4. Filogenetik Analiz ve Filogenetik Ağaç

Evrimsel ilişkileri görsel olarak ortaya koymak için en uygun araç, filogenetik ağaçlardır. Organizmalar arası evrimsel ilişkileri gösteren bu filogeniler, “evrim ağacı” ya da “yaşam ağacı” olarak adlandırılmaktadır (Chapman ve Duval, 1982; Woese vd., 1985). Filogenetik incelemelerde türler arasındaki evrimsel ilişkileri göstermek için kullanılan en uygun yaklaşım ise elde edilen verilerin çeşitli akış şemaları ve istatistiksel analizler ile (Saitou ve İmanishi, 1989) filogenetik ağaca dönüştürülmesidir (Freeman ve Herron, 1999).

Bir filogenetik ağaç sadece dallanma olaylarının modelini değil, bazı durumlarda zamanını da tanımlar. Türleşme sırasını ve hangi taksonların yakın ya da uzak akraba olduklarını da gösterir. Filogenetik ağaç, başlıca bir düğüm ve dallardan meydana gelir. Dalları türlerin atasal popülasyonlarının zaman içerisindeki durumlarını gösterirken, düğümler ise bir türün iki veya daha fazla türev popülasyona ayrıldığı noktaya karşılık gelmektedir (Freeman ve Herron, 1999). Ağaçta öncülü olmayan düğüm köktür. Kök ortak bir atayı temsil eder ve ağacın herhangi bir yerinde yer alarak evrimsel açıdan bilgi vermektedir. Köksüz

ağaçlarda ise ortak ata tahmin edilemediğinden dolayı sadece türler arası ilişki ön plana çıkarılır ve evrimsel yönü yoktur (Mount, 2001).

1.4.1. Filogenetik Ağaç Oluşturmada Kullanılan Yöntemler

Günümüze kadar yapılmış olan filogenetik çalışmalarında, Neighbor-Joining (NJ), Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic mean (UPGMA), Maksimum Likelihood (ML), Maksimum Parsinomi (MP), Bayesian-MCMC en sık kullanılan yöntemlerdendir ve bu yöntemlerin haricinde oldukça fazla yaklaşımlarda bulunmaktadır (Halanych vd., 1995; Sarıçam ve Müştak, 2015). Filogenetik yöntemler birbirleri ile karşılaştırıldığı zaman tutarlılık, etkinlik ve güçlü sonuç verme yönlerinden karşılaştırılmaktadır. Tutarlı sonuç vermesi yöntemin verilerinden daha az etkilenmesidir. Etkinliği ise çok veri kullanılmış olsa dahi analiz süresinin kısa olup doğru ağacı vermesidir. Güçlü sonuç verme ise evrimsel modellerin varsayımları doğrultusunda ihlal durumu gerçekleştiğinde bile doğru ağacı vermesidir (Halanych vd., 1995; İnal vd., 2017).

Filogenetik ağaç oluşturma metotları genel olarak uzaklık tabanlı metotlar ve karakter tabanlı metotlar olmak üzere iki dala ayrılmaktadır. Uzaklık tabanlı metotlar ise kendi içerisinde kümeleme tabanlı metotlar ve optimalite tabanlı metotlar olarak iki alt başlıktan oluşmaktadır. Kümeleme tabanlı metotlar UPGMA ve NJ metotlarından oluşurken, optimalite tabanlı metotlarda ise Fitch-Margoliash ve Minimum Evolution metotlarından oluşmaktadır. MP, ML ve Bayesian metotları ise karakter tabanlı metotlarda yer almaktadır (Mount, 2001).

Uzaklık tabanlı metodu, filogenetik ağacı elde etmek için dizi grubunda her bir çift arasında değişikliklerin sayısını temel almaktadır. Birbirlerine olan genetik uzaklığı en az olan türler seçilerek birleştirilir ve bir ağaç oluşturulur. Uzaklık tabanlı metotları ile hizalanması gerçekleştirilen diziler arasındaki farklılıkların miktarına göre ağaç oluşturulur (Mount, 2001). Uzaklık tabanlı metotları, diğer metotlara göre daha kolay ve hızlıdır (Freeman ve Herron, 1999; Sarıçam ve Müştak, 2015).

Saitou ve Nei'nin (1987) geliştirdiği NJ yöntemi, filogenetik çalışmalar için yaygın olarak kullanılan bir yöntemdir ve binlerce türün filogenilerini çıkarmak için kullanılmaktadır (Simonsen vd., 2008).

2.KAYNAK ÖZETLERİ

Authier, (1988) ilk olarak 1985 yılında Yunanistan'ın Skammeli köyü yakınlarında bir çayırdaki gözlemlenen ardından 1986 yılında Monodendri köyü yakınlarında da rastlanılan bir *Conringia* türüyle Yunanistan'ın kuzey batısında karşılaşmıştır. Detaylı morfolojik ve fizyolojik incelemelerinin ardından *Conringia planisiliqua* türü olduğunu gözlemlemiş ve *Conringia planisiliqua* türünün *Conringia orientalis* ve *Conringia austriaca* türlerinden açıkça ayrıldığını ifade etmiştir. Bu hipotezini kanıtlamak içinde Paris'te bulunan Ulusal Doğa Tarihi Müzesi koleksiyonlarından 2 türden çok sayıda herbaryum örneği alıp incelemiştir. İncelemelerinin ardından *Conringia planisiliqua* türü olduğunu kanıtlamıştır. Bunun ardından bu türün orada nasıl ortaya çıktığı ile ilgili incelemeler yapmıştır. Bu incelemelerin sonucunda ya doğal olarak ortaya çıktığını ya da bir insan kaynaklı ortaya çıktığı sonucuna varmıştır. Bu sonuçlardan tatmin olmadığını dile getirerek gözlemlerine devam edeceğini söylemiş ve diğer *Conringia* popülasyonlarının da merkezleri hakkında kısa bilgiler vermiştir.

Taiyan vd., (2001) Çin'de yayılış gösteren *Conringia planisiliqua* türü ile ilgili morfolojik bir çalışma yapmıştır. Çalışmasında *Conringia planisiliqua* türünün ömrü, genel yapısı, tohum yapısı, gövde, meyve, yaprak ve çiçeklenme özellikleri açısından detaylı bir şekilde incelemiştir. Yayılış gösterdiği lokalitelerden, bulunduğu yükseklikten ve habitat alanından da kısa bir şekilde bahsetmiştir.

Orcan ve Binzet, (2002) *Alyssum obtusifolium* Steven ex DC. (Brassicaceae)'un anatomik ve palinojik özelliklerini belirlenmiştir. Elde ettikleri veriler ile daha önce yapılmış olan çalışmaları karşılaştırılmıştır. Polenlerin boyutlarının ölçümü açısından sonuçlar arasında bazı farklılıklar tespit edilmiş ve kendi sonuçlarının düşük olduğu gözlemlenmiştir. Bu sonuçla beraber, bu ölçümlerin teşhis özellikleri olarak kullanılamayacağı sonucuna varılmıştır.

Warwick vd., (2005) Brassicaceae familyasına ait bazı türlerin ITS ve *trnL* intron bölgesi dizilerine dayalı filogenetik analiz çalışması gerçekleştirmişlerdir. ITS ve ITS/*trnL* intron sekans verilerinin MP analizi sonucunda elde edilen verilerin ışığında tartışmalı üyeler olarak isimlendirilen *Calepina* Adanson, *Conringia* ve *Orychophragmus* Bunge kabile için monofiletik bir köken göstermişlerdir. Buna karşılık *trnL* dizileri verileri kabile içinde çok az çözülme veya hiç çözülme gözlemlenmezken, ITS verilerinde *Brassica* L., *Diploaxis* DC. ve *Erucastrum* C.

Presl için polifiletik bir köken olduğu gözlemlenmiştir. Çalışmada kullanılan *Conringia* türlerinden *Conringia planisiliqua*, *Conringia orientalis* ve *Calepina irregularis* (Asso) Thell. ile aynı grupta yer almıştır.

Al-Shehbaz vd., (2007) Türkiye’de yetişen Brassicaceae familyasının 27 cinsi ve 51 taksonu günümüzde kabul gören uluslararası ölçütlere göre düzenlenerek güncellenmiştir. Eski isimleri, güncel olan isimler ve bunlarla ilgili kayıtları ekler halinde sunmuşlardır. *Gorkemia* Yild.’nın, *Isatis* L.’in türü dahi belirlenemeyen hastalıklı bir örneği olduğu farkedilmiştir. Bunun haricinde ise, Türkiye Florası’nın ikinci ek kitabının basımından bu yana 11 cinse (*Alyssum* L., *Arabis* L., *Bornmuellera* Hausskn., *Clastopus* Bunge ex Boiss., *Draba* L., *Hesperis* L., *İberis* L., *Litwinowia* Woronow, *Matthiola* R.Br., *Noccaea* Moench ve *Raphanus* L.) ait 45 takson da Flora’ya eklenmiştir.

Beilstein vd., (2008) Brassicaceae familyasına ait bazı türlerin soylarının ve yeni sınırlandırılmış kabilelerin güvenilirliğini değerlendirmek için, daha önce kloroplast geni *ndhF* için örneklenmiş taksonlar için nükleer fitokrom A (PHYA) geninin yaklaşık 1.8 kb'lik bir bölgesini sıralayarak incelemişlerdir. Yapılan filogenetik analizlerde MP, ML ve Bayes metotları kullanılmıştır. Elde edilen *ndhF* ve PHYA verileri birleştirilmiş ve filogeniyi ortaya çıkarmak için Bayes tipi bir karma model yaklaşım kullanılmıştır. AU (approximately unbiased test) testi sonucunda elde edilen toplam veriler ışığında Brassicaceae familyasının birkaç kez bağımsız bir şekilde evrimleştiği sonucuna varılmıştır. Çalışmada *Conringia* cinsinden sadece *Conringia persica* türü kullanılmış ve *Noccaea cohleariforme* (DC.) Á.Löve & D.Löve ile aynı dal içerisinde gözlemlenmiştir.

Khosravi vd., (2009) Brassicaceae familyasının bazı üyelerinden elde edilen 155 nükleer rDNA ITS dizilerini, İran’da endemik olan 19 tür ile birlikte kullanarak filogenetik analiz yapmışlardır. Çalışmanın amacı daha önce çalışılmamış 13 cins ile daha önce çözümlenmemiş türlerin bir kabileye atanması olarak gösterilmiştir. Çalışmada *Conringia* cinsinden *Conringia perfoliata*, *Conringia persica*, *Conringia orientalis* ve *Conringia planisiliqua* türleri kullanılmıştır. *C. perfoliata*, *C. persica*, *C. orientalis*, *Zuvanda exacoides* (DC.) R.K. Askerova, *Zuvanda sp.* (DC.) R.K. Askerova ve *Zuvanda crenulata* (DC.) R.K. Askerova ile aynı grupta yer almıştır. *Conringia planisiliqua* türü ise *Orychophragmus violaceus* L. türü ile aynı grupta yer almıştır. Bu sonuca bakılarak *Conringia* için polifiletik takson sonucuna varılmıştır.

Mutlu, (2010) 20'si Türkiye için endemik olan toplam 43 *Erysimum* L. (Brassicaceae) türünün meyve kapağı dış ve iç yüzeyi LM (ışık mikroskobu) ve SEM (parçalı elektron mikroskobu) ile incelenmiştir. *Erysimum* cinsinin 5 türünde (*E. sorgerae* Polatschek, *E. Hubermorathii* Polatschek, *E. cheiri* (L.) Crantz, *E. repandum* L. ve *E. vuralii* Yild.) meyve kabuğunun iç yüzeylerinde ilk kez tüylerin varlığı gözlemlenmiştir.

Moazzeni vd., (2010) daha önce yapılmış olan çalışmalarda sadece morfolojik karakterlere dayanan *Isatis* L. (Brassicaceae) cinsinin sistematığı ITS bölgesi çoğaltılıp, MP ve Bayesian yöntemleri kullanılarak analiz edilmiştir. Bu çalışma, araştırmacıların tohum kabuğu mikro-kültürlenmesine dayanan son sistematik araştırmalarının bir devamı niteliğindedir. Moleküler ağaca meyve karakterlerinin önemli derecede yakınsama gösterdiğini ortaya çıkarmışlardır. Genlerin sınıflandırılmasında tek başına meyve karakterlerine güvenmenin hatalı filogenetik sonuçlara ve dolayısıyla yanlış taksonomik sonuçlara yol açacağı saptanmıştır.

Zhao vd., (2010) Brassicaceae familyasına ait bazı türlerin filogenetik ilişkisini belirlemek amacıyla *Chs* (kalkon sentaz geni) dizileriyle yeniden analiz edilmiştir. 60 cinsi 106 türünün soyoluşu MP, ML ve NJ yöntemleri kullanılarak yeniden analiz edilmiştir. Elde edilen veriler karşılaştırıldığında *Camelineae* Crantz kabilesinin monofiletik olmadığı, çalışmada kullanılan tek *Conringia* türü olan *Conringia planisiliqua*'nın önceki çalışmalarda yer alan yeni bir kabile olması gerektiği sonuçlarının aksine *Isatidea* Boiss. kabilesinin bir üyesi olması gerektiği sonucuna varılmıştır. Filogenetik analizler incelendiğinde *Conringia planisiliqua*, *Isatis tinctoria* L. ve *Pachypterygium multicaule* (Kar. & Kir.) Bunge ile aynı grupta yer almıştır.

Somlyay, (2011) *Conringia austriaca* türü ile ilgili tüm literatürleri, Macar kayıtlarını, türün Macaristan ve komşu bölgelerdeki dağılımını açıklığa kavuşturmak amacıyla toplamış ve revize etmiştir. Hatalı kayıtları belirlemiş ve doğrusu ile beraber düzenleyerek paylaşmıştır. *Conringia austriaca*'nın fitocoğrafik önemine vurgu yaparak, bu türün yabancı oluşumlarının görülme sıklığının abartıldığını ve bütün Avrupa kayıtlarının onaylanması gerektiğini ifade etmiştir. Orta Avrupa'da bu türün muhtemelen buzul çağının, buzul çağları arası veya ısınma aralıkları evresinin bir kalıntısı olarak görülmesi gerektiğini de önermektedir.

Liu vd., (2012) Brassicaceae familyasına ait bazı türlerin ve dış grup olarak seçilen *Cleome gynandra* L., soylar arası filogenetik ilişkilerini incelemek için *matK* sekansına ait dizi verileri ML, MP ve NJ metotları kullanılarak incelenmiştir. Elde edilen veriler ışığında *Arabis* L.'in polifiletik tür olduğu ispatlanmış ve önceden yapılmış olan çalışmaların analizlerinde Brassicaceae kabilesinde yer alan *Conringia planisiliqua*'nın mevcut analizde Isatideae kabilesinde yer aldığı gözlemlenmiştir. Bu sonuç ışığında *Conringia planisiliqua*'nın Isatideae kabilesinde yer alması gerektiğine dair yapılan önceki çalışmaları desteklemiştir. Çalışmada kullanılan tek *Conringia* türü olan *Conringia planisiliqua*'nın *Isatis minima* Bunge ve *Isatis tinctoria* L. ile aynı grupta yer aldığı gözlemlenmiştir.

Bona, (2013) Brassicaceae familyasına ait *Lepidium* L.'nin 14 taksonunun LM ve SEM kullanılarak tohum ekzomorfik özellikleri (boyut, tohum şekli, tohum rengi, tohum kanatları ve tohum yüzeyi paterni) incelenmiştir. SEM sonuçlarında 6 çeşit tohum yüzeyi paterni (tüberküloz, retikülat, ruminant, retikülat-tüberkülat, retikülat-areolat ve retikülat-fovat) göstermiştir. Bu tohum yüzeyi modellerinde, *Lepidium* için spesifik seviyede tanısal özellikler ve farklılıklar keşfedilmiştir.

Filiz vd., (2014) Brassicaceae familyasına ait *Barbarea integrifolia* DC. cinsi Erzincan ve Gümüşhane illerinde bulunan ve nesli tükenme tehlikesi altında olan endemik bir türdür. 2 doğal popülasyonun 27 bireyi RAPD-PCR kullanılarak değerlendirilmiş ve ITS1 bölgesi ile de dizi analizi gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda RAPD-PCR doğruluğu 25 RAPD primeri ile test edilmiştir. 13 RAPD primerinden 115 tekrarlanabilir DNA fragmanı ile sonuçlanmıştır. Bunlar arasında 76 (% 66 civarı) fragmanın polimorfik olduğu saptanmıştır. ITS1 analizine göre ise de, bitkiler nispeten zayıf bir genetik çeşitlilik sergilemiştir. GenBank veri tabanından toplam 60 ITS1 nükleotid sekansı ile MP ağacı oluşturulmuştur. Oluşturulan ağaç sonucunda ITS1 dizileri % 97 benzerlik göstermiştir. Elde edilen genetik bilgilerin sadece *Barbarea integrifolia* için değil, aynı zamanda endemik ve nesli tükenme tehlikesinde ki bitki türleri için de koruma ve geliştirmede kullanılabileceği önerisinde bulunulmuştur.

Simon-Porcar vd., (2015) *Vella aspera* Pers., *V. bourgeana* (Coss.) Warwick & Al-Shehbaz ve *V. pseudocytisus* L. içeren Vellinae (Brassicaceae) alt üyelerinin çekirdek üyelerinin evrimi ve taksonomisi hala bilinmemektedir. Bu taksonlarla beraber diğer Vellinae ve yakın Brassicaceae türleri arasındaki evrimsel ilişkileri

belirlemek adına ITS ve plastid *trnTF* primerleri ile fenotipik özellikler analiz edilmiştir.

Bunawan vd., (2017) Malezya yarımadasında yayılış gösteren 11 *Nepenthes* L. türünü filogenetik açıdan, ITS bölgesi ve *trnL*-intron bölgesini kullanarak incelemiştir. Bu çalışma Malezya yarımadasında *Nepenthes* türleri ile ilgili yapılan ilk moleküler filogenetik çalışmadır. Filogenetik ağaç oluşturmak için NJ, MP ve Bayesian analizlerinden yararlanmıştır. Ağaçlarda 2 büyük grup gözlemlenmiş olup bir grupta ovada yayılış gösteren türler [(*N. ampullaria* Jack, *N. mirabilis* (Lour.) Druce, *N. gracilis* (Korth.) ve *N. rafflesiana* (Jack)] ve diğer bir grupta ise yaylada yayılış gösteren türler [(*N. sanguinea* (Lindl.), *N. macfarlanei* (Hemsl.), *N. ramispina* (Ridl.) ve *N. alba* (Ridl.)) ile hem ovada hem de yaylada yayılış gösteren türler [(*N. albomarginata* (W.Lobb ex Lindl.) ve *N. benstonei* (C.Clarke))] gözlemlenmiştir. Bu veriler ışığında ITS ve *trnL*-intron dizilerinin filogenetik açıdan bilgilendirici karakterler sağladığı kanıtlanmıştır.

Çömlekçioğlu ve Kutlu, (2018) yaprak lahanası (*Brassica oleracea* L. var. *acephala*) bitkisinin yapraklarındaki doğal glukozinolat, toplam fenolik ve flavonoid içerik, antioksidan aktivite ve yaprak ekstraktlarının yağ içeriği incelenmiştir. Bu çalışmada besin olarak tüketilen yaprak lahanasının insan sağlığı için faydalı olan yağ asitleri ve glukozinotlar bakımından zengin olduğu ortaya çıkmıştır. Yaprak lahanadaki biyoaktif içerik ve antioksidan aktivite üzerine daha önce hiç çalışma yapılmamış mevsimsel etki araştırılmıştır. İnsanların bolca tükettiği kış mevsiminde biyoaktivitenin de yüksek olduğu belirlenmiştir.

Ceter vd., (2018) Brassicaceae familyasına ait *Aethionema* W.T.Aiton cinsinin 23 türünün polen morfolojisini incelemiş ve polen morfolojisinin cinsin taksonomisine katkısını tespit etmişlerdir. Çalışmada polen taneleri LM ve ayrıca taramayı ayrıntılı olarak incelemek için SEM kullanılmıştır. Çalışma sonucunda polen şekli, büyüklüğü, yüzey süsü, muri ve lümen şekli ve büyüklüğünün taksonların farklılaşmasına katkıda bulunan önemli ve yararlı karakterler olduğunu göstermiştir.

Özgişi vd., (2018) Türkiye’de doğal olarak yetişen ve Brassicaceae familyasına ait 2 endemik tür olan *Noccaea elegans* (Boiss.) ve *Noccaea cilicica* (Schott & Kotschy Ex Boiss.)’nın LM ve SEM kullanılarak palinojik özellikleri belirlenmiştir. Bu endemik 2 taksonun polen tanelerinin tricolpate tipi ve

sferoid/suboblate şeklinde olduğu ortaya çıkmıştır. Eksinin yarı-retetikülât süslemesinde olduğu görüldü. Çalışma sonucunda ise toplanan türler ile aile içindeki diğer taksonlarla yapılacak karşılaştırmaların aile taksonomisine katkıda bulunacağı sonucuna varılmıştır.

Başer vd., (2018) Brassicaceae familyasına ait *Alyssum* L. cinsinin 9 türünün palinojik özellikleri LM ve SEM kullanılarak incelenmiştir. Bu çalışmada incelenen bazı taksonların [(*A. sulphureum* T. R. Dudley & Hub. - Mor., *A. trichocarpum* T.R. Dudley & Hub.-Mor., *A. lepido-stellatum* (Hauskn. & Bornm.)] T. R. Dudley ve *A. armenum* Boiss.) polenleri ilk kez çalışılmıştır. Çalışmanın sonucunda, tectate polenleri, subprolat, polenlerin prolate şekilleri, heteropolar simetri gibi bazı ortak özelliklerini ortaya koymuştur. Açıklık tipi tricolpate idi. SEM mikrofotograf ayrıca süsleme yapılarının retikülât olduğunu göstermiştir.

Özüdoğru, (2018) Brassicaceae familyası içerisinde sistematik anlamda en problemli cinslerden biri kabul edilen *Noccaea* Moench cinsinin *Thlaspiceras* F. K. Mey. (bazı yazarlar tarafından hala ayrı bir cins olarak değerlendirilmektedir.) tür kompleksine ait 7 türün 21 popülasyonuna ait bireylerin ilk kez filogenetik anlamda plastidik *trnQ-5' rps16* bölgesi kullanılarak değerlendirilmişlerdir. Çalışma sonucunda ilk defa kullanılan *trnQ-5' rps16* belirtecinin hem mutasyon hızının daha yüksek olan kloroplast genomuna ait olması hem de bu genomun küçük bir kısmını temsil ediyor oluşundan dolayı sistematik çalışmalarda uygun olmadığı, tür içi genetik çalışmalarda türlerin biyocoğrafik geçmişlerini çıkarmada daha kullanışlı olacağı sonucuna ulaşılmıştır.

Gönen vd., (2019) Brassicaceae familyasına ait *Bornmuellera* Hauskn. cinsinin Türkiye'ye özgü 2 türünün [(*Bornmuellera kiyakii* (Aytaç & Aksoy), *Bornmuellera glabrescens* (Boiss. & Balansa) Cullen & T. R. Dudley)] morfolojik, polen, anatomik, meyve ve her iki taksonun tohumlarının ilk kapsamlı araştırması yapılmıştır. Çalışılan taksonların polen morfolojisinde genellikle birbirine benzer olduğu, meyve anatomik karakterleri ve morfolojik karakterleri ile numunelerin tohum mikromorfolojisinde bazı farklılıklar gözlemlenmiştir.

Karaismailoğlu, (2019) Brassicaceae familyasına ait ve Türkiye'de yetişen *Capsella bursa-pastoris* Medik. ve *Capsella rubella* Reuter taksonlarının taksonomik, morfolojik ve müsilaj karakterleri üzerine incelemeler yapılmıştır.

Örnekler bireylerin çiçekli ve meyveli dönemlerinden elde edilmiştir. Örnekler toplamda 13 lokasyondan toplanarak yapılmıştır. Tohumlar SEM ile incelenmiştir. Tohumlardaki müsilağın oluşumunun *Capsella* Medik. taksonlarının dağılıma ve kolonizasyonunda önemli bir adaptif özelliği sağlayabilir sonucuna ulaşılmıştır.

Sevindik vd., (2020) Türkiye yayılış gösteren Brassicaceae familyasına ait *Conringia* türlerinin RAPD markırlarına dayalı genetik varyasyon ve moleküler ilişkilerini gerçekleştirmişlerdir. RAPD-PCR analizi sonucunda toplam 34 karakter elde edilmiştir. Bu karakterlerden 4 karakter sabit, 4 karakter parsimoni bakımından bilgi verilmeyen ve 26 karakter parsimoni bakımından bilgi vermektedir. Çalışmalarında polimorfizm oranının yaklaşık % 88 olarak tespit etmişlerdir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Bitkisel Materyal

Çalışma materyalini oluşturan *Conringia* cinsine ait 6 türün 14 popülasyonu (*Conringia grandiflora*, *Conringia orientalis*, *Conringia planisiliqua*, *Conringia persica*, *Conringia perfoliata*, *Conringia austriaca*) Akdeniz, İç Anadolu ve Doğu Anadolu Bölgelerinde yayılış gösterdikleri lokalitelerden Munzur Üniversitesi, Tunceli Meslek Yüksekokulu, Tıbbi Hizmetler ve Teknikler Bölümünden Doç. Dr. Mehmet Yavuz PAKSOY tarafından toplanmış ve teşhis edilmiştir. Tespit edilen lokalitelerden toplanan *Conringia* taksonlarının teşhislerinde Davis'in editörü olduğu Türkiye Florası'nın 1. cildinde (Davis, 1965) yer alan ve Hedge tarafından (1965) düzeltilip yenilenme çalışması yapılmış olan kaynaktan faydalanılmıştır. Toplanan bitki örneklerinin genç yaprakları DNA izolasyonu için silika jeller içerisine alınarak laboratuvara taşınmıştır. Çalışmamızı silika jeller içerisinde muhafaza edilen bitki örneklerini kullanarak gerçekleştirdik. Taksonların Türkiye'deki yayılışları Şekil 3.1.'de harita üzerinde gösterilmiş, incelenen taksonların toplanma lokalitelerine ait bilgilere ise Çizelge 3.1.'de yer verilmiştir.



Şekil 3.1. *Conringia* taksonlarının toplandığı yerler (Anonim, 2021)

Çizelge 3.1. *Conringia* türlerinin toplandığı lokaliteler

Numara	Tür Adı	Toplandığı Lokaliteler ve Toplayan
1	<i>C. grandiflora</i>	Antalya/Alanya-Hacı Mehmetli Köyü, 150-200 m, 21.03.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
2	<i>C. grandiflora</i>	Antalya/Akseki/Çukurköy-Mutiçi Arası, Maki Açıklığı, 500 m, 21.03.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
3	<i>C. perfoliata</i>	Ankara/Ayaş-Bey pazarı, Akkaya Köyü Civarı, 650 m, 19.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
4	<i>C. planisiliqua</i>	Ankara/Ayaş-Bey pazarı, Akkaya Köyü Civarı, 700 m, 19.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
5	<i>C. orientalis</i>	Ankara/Polatlı, Kavuncu Köprüsü Yanı, Bataklık Yerler, 850 m, 19.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
6	<i>C. planisiliqua</i>	Ankara/Nallıhan-Çayırhan Arası, Step, 650 m, 19.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
7	<i>C. planisiliqua</i>	Kırşehir/İnanç Köyü Karşısı, Üçkuyu gerisi, Kayalık yerler, 1450 m, 17.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
8	<i>C. perfoliata</i>	Kayseri/Pınarbaşı, Şirvan Dağı Güney Yamaçları, Dağ Bozkırı, 1700 m, 16.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
9	<i>C. planisiliqua</i>	Kayseri/Bunyan, Korumaz Dağı, Bölünya Mevkii, Tarla Kenarı, 1500 m, 16.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
10	<i>C. perfoliata</i>	Sivas/Yıldızeli, Kümbet Köyü, Step, 1500 m, 15.02.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
11	<i>C. planisiliqua</i>	Sivas/Zara Yolu, Tödürge Gölü Kenarı, 1300 m, 15.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy

Çizelge 3.1. *Conringia* türlerinin toplandığı lokaliteler (devamı)

12	<i>C. austriaca</i>	Adana/Kozan, Gürümze Köyü Üst Kısımları, Orman Boşlukları, 1350 m, 18.04.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
13	<i>C. orientalis</i>	Elâzığ/Keban-Elâzığ Arası, 5 km, Bozkır, 850 m, 13.05.2014, Mehmet Yavuz Paksoy
14	<i>C. persica</i>	Van/Başkale, Çuh Geçidi, Step, 2500 m, 29.05.2013, Mehmet Yavuz Paksoy

3.1.2. Çalışmada Kullanılan Kimyasallar

3.1.2.1. Genomik DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar

Bitki materyallerinin genomik DNA'sı GeneMark (katalog numarası: DP022) Plant Genomic DNA Purification Kit ile izole edilmiştir.

3.1.2.1.1. GeneMark Kiti İle Yapılan İzolasyonda Kullanılan Kimyasallar

- ★ Extraction Solution A
- ★ Extraction Solution B
- ★ RNaseA Solution
- ★ Precipitation Solution
- ★ Binding Solution-Etanol
- ★ Wash Solution
- ★ Elution Solution

3.1.2.1.2. PCR'de Kullanılan Kimyasallar

PCR reaksiyonlarında kullanılan primerlerden stok hazırlamak için yaklaşık 15 sn 12.000 rpm'de (dakikadaki döngü sayısı) santrifüj yapılarak kuru çökeltinin tüpün dibinde toplanması sağlanmıştır. Daha sonra her bir primer sulandırılarak stoklarımız hazır hale getirilmiştir.

Çizelge 3.2. PCR’de kullanılan primerler ve özellikleri

Primer	Nükleotid Dizisi (5’-3’)	Kaynak
ITS5A (F)	5’-CCTTATCATTTAGAGGAAGGAG-3’	White vd., 1990
ITS4 (R)	5’- TCCTCCGCTTATTGATATGC-3’	White vd., 1990
<i>trnFf</i> (R)	5’-ATTTGAACTGGTGACACGAG-3’	Taberlet vd., 1991
<i>trnLe</i> (F)	5’-GGTTCAAGTCCCTCTATCCC-3’	Taberlet vd., 1991

3.2. Yöntem

3.2.1. GeneMark Kiti ile Yapılan DNA İzolasyon Protokolü

(0,9 g)’dan az bir bitki dokusu havanda ezilmiştir. Ezilen materyal 1,5 ml’lik mikrosantrifüj tüpüne aktarılmıştır. Üzerine;

- 360 ml Extraction Solution A
- 40 ml Extraction Solution B
- 4 ml RNase A Solution eklenmiştir.

Sonrasında 5-10 sn Vorteks yapılmıştır. 65 °C’de 20 dk su banyosuna bırakılmıştır. 130 ml Precipitation Solution eklenerek 5 dk buzda inkübe edilmiştir. Oda sıcaklığında (14-16.000 xg)’de 5 dk santrifüj edilmiştir. Süpernatant; 2 ml’lik Collection Tube + Spin Filter’ a aktarılmış ve 2 dk santrifüj edilmiştir.

Filtrate’ı 1.5 ml’lik mikrosantrifüj tüpüne pipetaj yapılmadan aktarılmıştır. Üzerine 350 ml Binding Solution-Etanol ilave edilerek DNA gözlemlenmiştir.

Oluşan karışım Spin-Colonum + Collection Tube aktararak 1 dk santrifüj edilmiştir. Filtrat atılarak 500 ml’lik Wash Solution eklenerek 5 dk santrifüj edilmiştir.

Spin Colonum'u yeni mikrosantrifüj tüpüne transfer edilerek; 60-65 °C, 150 ml Elution Solution ilave edilerek 1 dk santrifüj edilerek saf DNA eldesi sağlanmıştır.

3.2.2. Kullanılan PCR Protokolleri

Çizelge 3.3. ITS primeri için kullanılan PCR programı

Basamak	Sıcaklık/Zaman	Devir Sayısı
Ön Isıtma (Ön Denatürasyon)	94 °C / 5 dk	1 Devir
1. Basamak (Denatürasyon)	94 °C / 45 sn	
2. Basamak (Primer Bağlanması)	50 °C / 45 sn	35 Devir
3. Basamak (Uzama)	72 °C / 1 dk	
4. Basamak (Son Uzama)	72 °C / 10 dk	1 Devir

Çizelge 3.4. *trnL-F* primeri için kullanılan PCR programı

Basamak	Sıcaklık/Zaman	Devir Sayısı
Ön Isıtma (Ön Denatürasyon)	94 °C / 5 dk	1 Devir
1. Basamak (Denatürasyon)	94 °C / 45 sn	
2. Basamak (Primer Bağlanması)	50 °C / 45 sn	35 Devir
3. Basamak (Uzama)	72 °C / 1 dk	
4. Basamak (Son Uzama)	72 °C / 10 dk	1 Devir

3.2.3. Agaroz Jel Elektroforezi

PCR sonucunda oluşan bantları gözlemek ve DNA izolasyonu sonuçlarına bakmak amacıyla %1'lik agaroz jel elektroforezi yapılmıştır. İşlem için ilk olarak 0.75 g agaroz tartılmış ve 75 ml 1 X TBE tamponu içinde, mikrodalga fırında kaynatılarak çözülmüştür. Karışım 60 °C'ye soğutulmuş ve içerisine 1.2 µL (mikrolitre) Etidyum Bromür (EtBr) boyası ilave edilmiştir. Tampon, tarakları önceden yerleştirilmiş jel kasetine dökülmüş ve polimerleşmesi için 45 dk bekletilerek jelin donması sağlanmıştır. Jel polimerleştikten sonra kasetten taraklar dikkatli bir şekilde çekilerek çıkartılmıştır. Hazırlanan jel, elektroferez tankına

içerisinde daha önceden hazır bir şekilde bulundurulan 1 X TBE tamponunun içerisine yerleştirilmiştir.

5 µL PCR ürünü ve 1 µL yükleme boyası kuyucuklara pipet yardımıyla yüklenmiştir. PCR ürününün büyüklüğünü belirleyebilmek amacıyla 4 µL DNA büyüklük belirleyici boş bir kuyucuğa yüklenmiştir. Örnekler 100 voltta 35 dk yürütülmüştür. Daha sonra jel, jel görüntüleme cihazına alınmıştır. UV ışığı altında bantlar gözlemlenmiş, fotoğrafları çekilmiş ve veriler incelenmek üzere kaydedilmiştir.

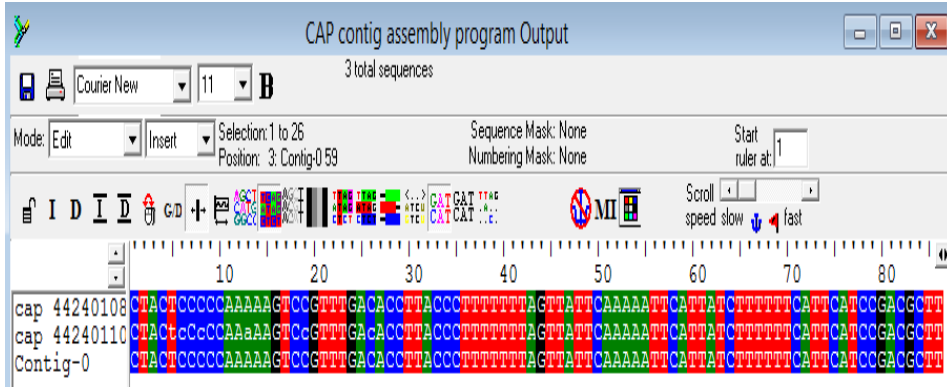
3.2.4. Dizileme ve Dizi Analizi

3.2.4.1. Dizileme Reaksiyonu

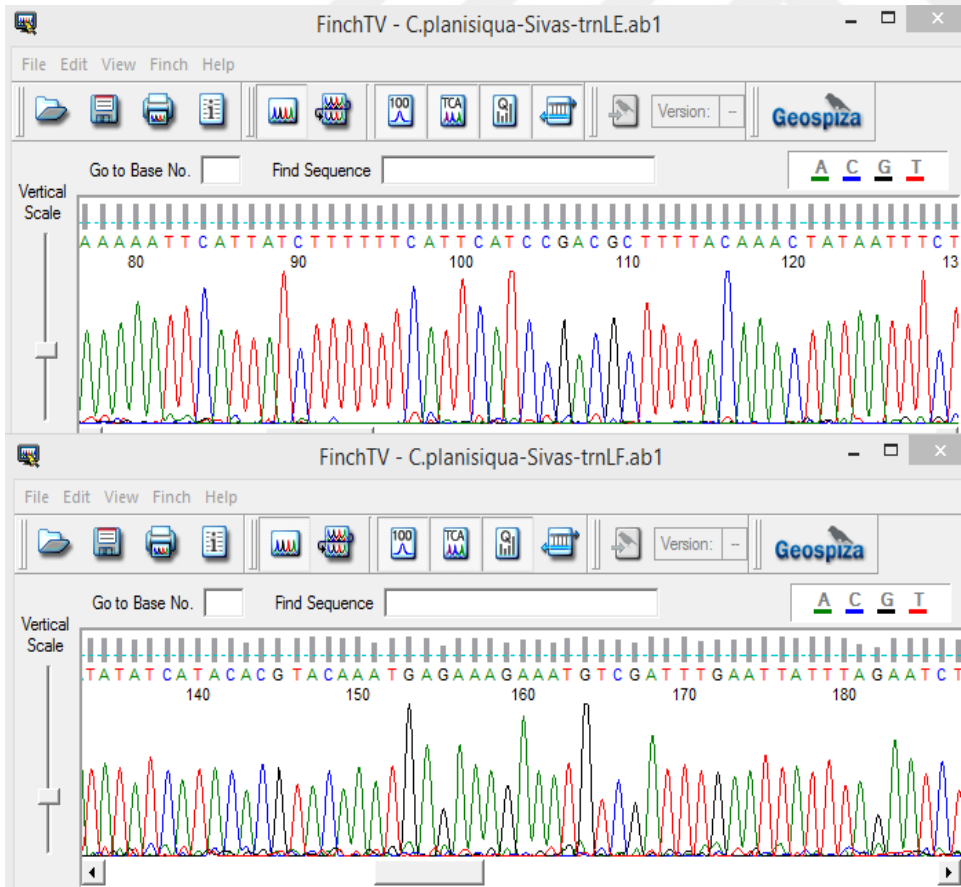
ITS ve *trnL-F* primerleri kullanılarak çoğaltılan bölgelerin DNA dizilerini elde etmek amacıyla TRİOGEN (İstanbul) firmasından hizmet alımı yapılmıştır. *ABI prism* formatında tarafımıza ulaştırılan dosyalardan, gelen örneklerin DNA dizilerinin işlenmesi için Finch TV ve BioEdit (Hall, 1999) programlarından yararlanılmıştır. DNA dizileri bu programlarda düzenlenip işlenerek uygunluk dizileri oluşturulmuştur. Oluşturulan uygunluk dizileri Microsoft Office Word programına kopyalanmış ve FASTA formatına getirilerek dizi hizalaması için hazır hale getirilmiştir. Dizi hizalaması için ücretsiz yararlanabileceğimiz ClustalW (Thompson vd., 1994) programı tercih edilmiştir.

3.2.4.2. Dizilerin İşlenmesi

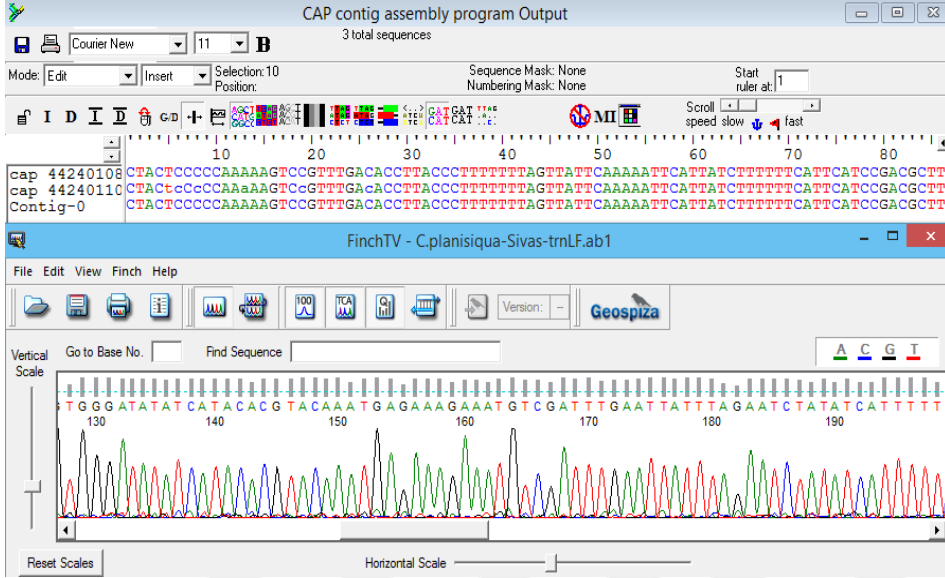
Her bir türe ait olan forward ve reverse primerlerine ait dizileri BioEdit ve FinchTV programları kullanılarak işlenmiştir. Dizileme reaksiyonlarında yanlış okunmuş olan bazı diziler FinchTV yardımı ile kromatogramdaki reverse ve forwardda ki piklerin temizliğine bakılarak BioEdit programında elimiz ile düzeltilmiş ve kontikler oluşturulmuştur. Böylelikle bitki örneklerimizin ITS ve *trnL-F* bölgelerine ait DNA dizilerimiz elde edilmiştir.



Şekil 3.2. BioEdit programında kullanılan DNA dizilerinin gösterimi



Şekil 3.3. FinchTV programında DNA dizilerinin gösterimi



Şekil 3.4. BioEdit ve FinchTV programında kontik analizi

3.2.4.3. Dizi Hizalaması

Dizilerin hizalanması için FASTA formatında çalışan ClustalW programı kullanılmıştır. Elde edilen DNA dizileri Microsoft Office Word programı yardımıyla FASTA formatına çevrilmiş ve hizalamaya hazır hale getirilmiştir. DNA baz sıraları ClustalW programında varsayılan komutlar kullanılarak hizalanmış ve türler arasındaki baz farklılıkları tespit edilmiştir. İşlenip hizalanan diziler National Center for Biotechnology Information (NCBI) veri tabanında BLAST edilerek yapılan işlemin doğruluğu yüzdelerle kontrol edilmiştir.

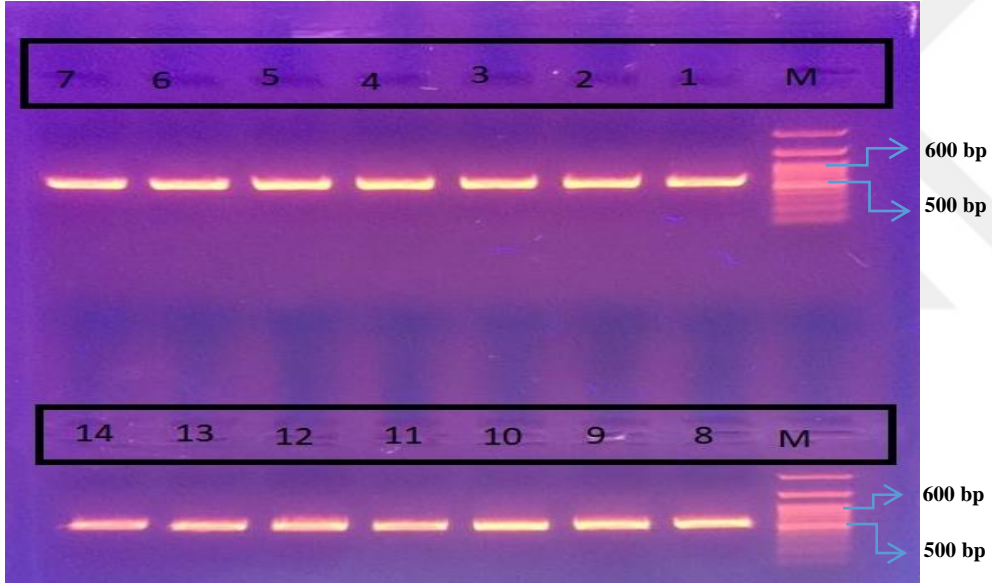
3.2.4.4. Filogenetik Analiz

Microsoft Office Word programı yardımıyla FASTA formatına çevrilen DNA dizileri, MEGA 6.0 (Tamura vd., 2013) programına ait filogenetik analiz yazılımının uygun parametreleri kullanılarak türler arasındaki akrabalık ilişkilerini ortaya koyan kümeleme temelli bir algoritma olan Neighbor-Joining (Saitou ve Nei, 1987) metodu ile filogenetik ağaçlar ve türler arası genetik uzaklık matrisi oluşturulmuştur. Türler arası nükleotid kompozisyonu ise BioEdit programı aracılığı ile elde edilmiştir. Elde edilen bütün verilere ve daha önce yapılmış olan çalışmalar ile karşılaştırılmasına tartışma ve sonuç bölümünde yer verilmiştir.

4. BULGULAR

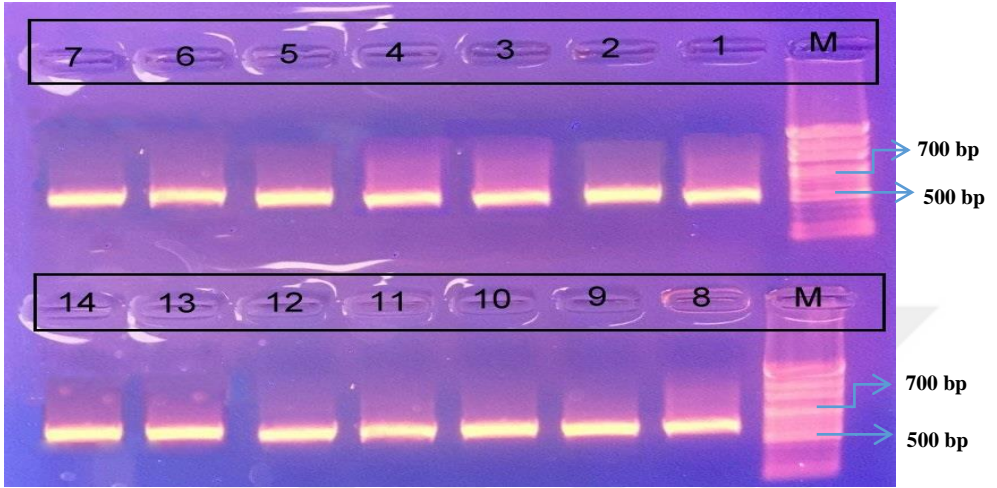
4.1. DNA İzolasyonu ve PCR Sonuçları

Bitki örneklerinin genomik DNA'larının izolasyonu ticari kit olan GeneMark ile gerçekleştirilmiştir. PCR aracılığı ile ITS (ITS4 ve ITS5A primerleri) ve *trnL-F* (*trnLf* ve *trnLe* primerleri) bölgeleri çoğaltılmış olup elde edilen bant profillerinden ITS Şekil 4.1. ve *trnL-F* Şekil 4.2.'de gösterilmiştir.



Şekil 4.1. *Conringia* türlerinin ITS bölgesine ait jel fotoğrafı

[(M:Marker, 1: *C. perfoliata* (Yıldızeli), 2: *C. grandiflora* (Alanya), 3: *C. perfoliata* (Ankara), 4: *C. grandiflora* (Akseki), 5: *C. planisiliqua* (Kırşehir), 6: *C. planisiliqua* (Bunyan), 7: *C. perfoliata* (Kayseri), 8: *C. planisiliqua* (Sivas), 9: *C. persica* (Van), 10: *C. austriaca* (Adana), 11: *C. orientalis* (Ankara), 12: *C. orientalis* (Elazığ), 13: *C. planisiliqua* (Ankara), 14: *C. planisiliqua* (Nallıhan)]



Şekil 4.2. *Conringia* türlerinin *trnL-F* bölgesine ait jel fotoğrafı

[(M:Marker, 1: *C. perfoliata* (Yıldızeli), 2: *C. grandiflora* (Alanya), 3: *C. perfoliata* (Ankara), 4: *C. grandiflora* (Akseki), 5: *C. planisiliqua* (Kırşehir), 6: *C. planisiliqua* (Bunyan), 7: *C. perfoliata* (Kayseri), 8: *C. planisiliqua* (Sivas), 9: *C. persica* (Van), 10: *C. austriaca* (Adana), 11: *C. orientalis* (Ankara), 12: *C. orientalis* (Elazığ), 13: *C. planisiliqua* (Ankara), 14: *C. planisiliqua* (Nallıhan)]

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bu çalışma da Türkiye’de yayılış gösteren *Conringia*’nın 6 türüne ait 14 popülasyonun ITS ve *trnL-F* sekansları ile polimorfizmi belirlenmiş olup yapılan bu çalışmanın gelecekte yapılacak olan türler arası morfolojik, anatomik ve farklı marker sonuçlarına yol gösterici olması hedeflenmiştir.

5.1. ITS Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi

ITS sekans verileri kullanılarak *Conringia* türleri arasındaki nükleotid kompozisyonu Çizelge 5.1.’de, genetik uzaklık matrisi ise Çizelge 5.2.’de yer verilmiştir. *Conringia* türlerine ait filogenetik ağaç Şekil 5.1.’de, NCBI’den alınan bazı Brassicaceae türleriyle oluşturulan filogenetik ağaca ise Şekil 5.2.’de yer verilmiştir.

Çizelge 5.1. *Conringia* türlerine ait ITS bölgesinin A, T, G, C baz içerikleri

Popülasyon	ITS (bp)	A (%)	T (%)	G (%)	C (%)	A+T (%)	G+C (%)
<i>C.orientalis</i> (Elazığ)	573	%24.4 3	%20.0 7	%25.3 1	%30.1 9	%44.5 0	%55.5 0
<i>C.orientalis</i> (Ankara)	649	%23.5 7	%21.1 1	%26.1 9	%29.1 2	%44.6 8	%55.3 2
<i>C.austriaca</i> (Adana)	637	%24.9 6	%21.6 6	%24.4 9	%28.8 9	%46.6 2	%53.3 8
<i>C.grandiflora</i> (Akseki)	658	%23.2 5	%20.6 7	%26.7 5	%29.3 3	%43.9 2	%56.0 8
<i>C.grandiflora</i> (Alanya)	658	%23.1 0	%20.6 7	%26.7 5	%29.4 8	%43.7 7	%56.2 3
<i>C.perfoliata</i> (Ankara)	659	%23.6 7	%25.3 4	%25.4 9	%25.4 9	%49.0 1	%50.9 9
<i>C.perfoliata</i> (Kayseri)	632	%23.1 0	%25.9 5	%25.9 5	%23.1 0	%49.0 5	%50.9 5

Çizelge 5.1. *Conringia* türlerine ait ITS bölgesinin A, T, G, C baz içerikleri (devamı)

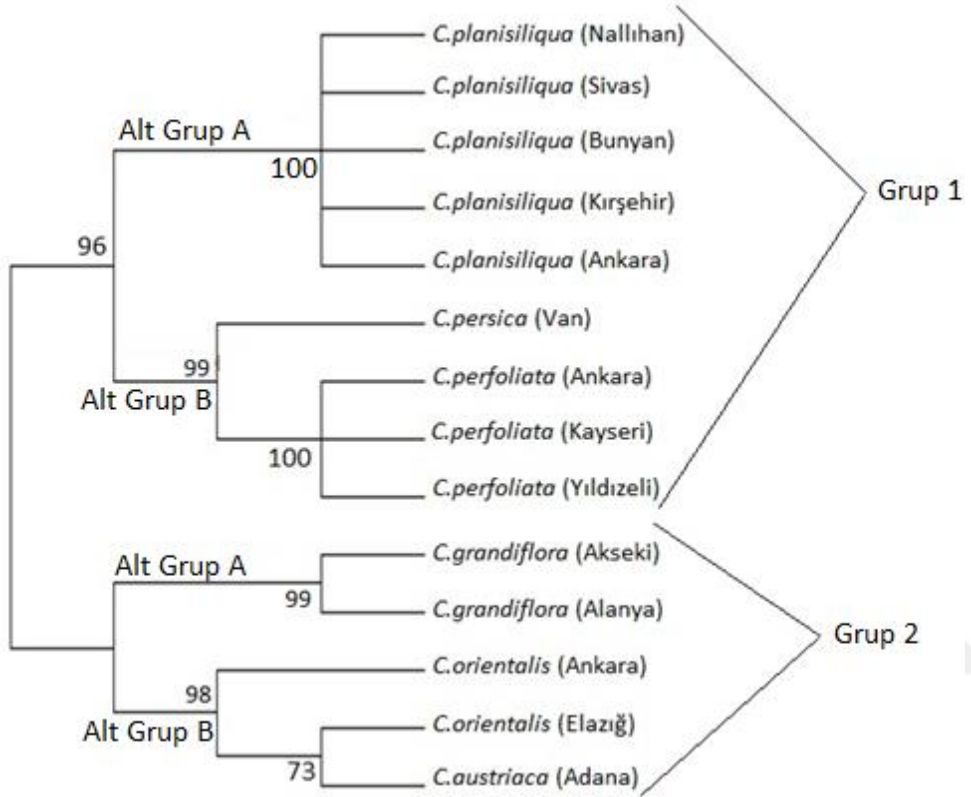
<i>C.perfoliata</i> (Yıldızeli)	672	%23.3 6	%25.1 5	%25.7 4	%25.7 4	%48.5 1	%51.4 9
<i>C.planisiliqua</i> (Ankara)	641	%21.3 7	%19.6 6	%28.3 9	%30.5 8	%41.0 3	%58.9 7
<i>C.planisiliqua</i> (Kırşehir)	671	%21.1 6	%19.2 3	%28.6 1	%31.0 0	%40.3 9	%59.6 1
<i>C.planisiliqua</i> (Bunyan)	656	%21.3 4	%19.5 1	%28.2 0	%30.9 5	%40.8 5	%59.1 5
<i>C.planisiliqua</i> (Nallıhan)	657	%21.4 6	%19.3 3	%28.1 6	%31.0 5	%40.7 9	%59.2 1
<i>C.planisiliqua</i> (Sivas)	644	%21.4 3	%19.4 1	%28.7 3	%30.4 3	%40.8 4	%59.1 6
<i>C.persica</i> (Van)	614	%23.9 4	%21.6 6	%26.3 8	%28.0 1	%45.6 0	%54.4 0

Conringia türlerine ait ITS bölgelerinin baz içerikleri incelendiğinde; en fazla baz uzunluğu *Conringia perfoliata* (Yıldızeli) türünde 672 bp (baz çifti) uzunluğunda, en az baz uzunluğu ise *Conringia orientalis* (Elazığ) türünde 573 bp uzunluğunda olduğu gözlemlenmiştir. Adenin + Timin bazının en çok olduğu tür *Conringia perfoliata* (Kayseri) türü olurken bu oran % 49.05, Adenin + Timin bazının en az olduğu tür ise *Conringia planisiliqua* (Kırşehir) olup bu oran % 40.39 olarak tespit edilmiştir. Guanin + Sitozin bazının en çok olduğu tür *Conringia planisiliqua* (Kırşehir) türü olup bu oran % 59.61 iken, Guanin + Sitozin bazının en az olduğu tür ise *Conringia perfoliata* (Kayseri) türü olup bu oran % 50.95 olarak tespit edilmiştir.

Çizelge 5.2. *Conringia* türlerine ait ITS bölgesinin genetik uzaklık matrisi

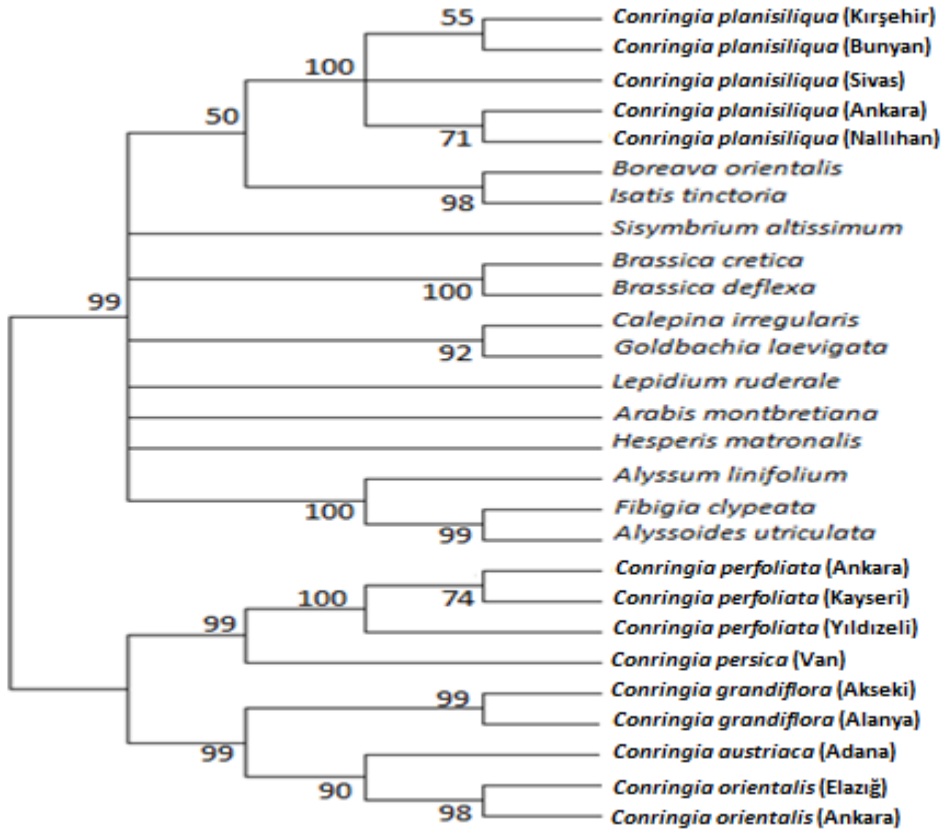
Türler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
<i>C. orientalis</i> (Elazığ)													
<i>C. orientalis</i> (Ankara)	0. 08												
<i>C. austriaca</i> (Adana)	0. 09	0. 08											
<i>C. grandiflora</i> (Akseki)	0. 08	0. 04	0. 06										
<i>C. grandiflora</i> (Alanya)	0. 08	0. 04	0. 06	0. 00									
<i>C. perfoliata</i> (Ankara)	0. 15	0. 11	0. 13	0. 10	0. 10								
<i>C. perfoliata</i> (Kayseri)	0. 15	0. 11	0. 13	0. 10	0. 10	0. 00							
<i>C. perfoliata</i> (Yıldızeli)	0. 15	0. 11	0. 13	0. 10	0. 10	0. 00	0. 00						
<i>C.planisiliqua</i> (Ankara)	0. 17	0. 13	0. 15	0. 10	0. 10	0. 15	0. 15	0. 15					
<i>C.planisiliqua</i> (Kırşehir)	0. 17	0. 13	0. 15	0. 10	0. 10	0. 15	0. 15	0. 15	0. 00				
<i>C.planisiliqua</i> (Bunyan)	0. 17	0. 13	0. 15	0. 10	0. 10	0. 15	0. 15	0. 15	0. 00	0. 00			
<i>C.planisiliqua</i> (Nallıhan)	0. 17	0. 13	0. 15	0. 10	0. 10	0. 15	0. 15	0. 15	0. 00	0. 00	0. 00		
<i>C.planisiliqua</i> (Sivas)	0. 17	0. 13	0. 15	0. 10	0. 10	0. 15	0. 15	0. 15	0. 00	0. 00	0. 00	0. 00	
<i>C. persica</i> (Van)	0. 12	0. 08	0. 10	0. 06	0. 06	0. 06	0. 06	0. 06	0. 11	0. 11	0. 11	0. 11	0. 11

Türler arası genetik uzaklık matrisi MEGA 6.0 programı kullanılarak yapılmıştır. Birbirine en yakın mesafede olan türlerin değeri 0.00 iken, birbirine en uzak mesafede olan türlerin değeri ise 0.17 olarak tespit edilmiştir.



Şekil 5.1. *Conringia* türlerine ait ITS bölgesinin Neighbor-Joining analizi sonucu oluşan filogenetik ağacı

MEGA 6.0 programı kullanılarak yapılan Neighbor-Joining ağacı 2 büyük gruptan oluşmuştur. Grup 1, kendi içinde iki alt gruba ayrılmıştır: Alt Grup A; % 100 bootstrap değeri ile *Conringia planisiliqua* (Kırşehir), *Conringia planisiliqua* (Sivas), *Conringia planisiliqua* (Bunyan), *Conringia planisiliqua* (Ankara), *Conringia planisiliqua* (Nallıhan) popülasyonlarından oluşmuştur. Alt Grup B; % 100 bootstrap değeri veren *Conringia perfoliata* (Yıldızeli), *Conringia perfoliata* (Kayseri), *Conringia perfoliata* (Ankara) popülasyonlarından ve % 99 bootstrap değeri ile yakın akraba olan *Conringia persica* (Van) popülasyonundan oluşmuştur. Grup 2’de kendi içerisinde 2 ayrı gruba ayrılmıştır. Alt Grup A; % 99 bootstrap değeri ile *Conringia grandiflora* (Akseki) ve *Conringia grandiflora* (Alanya) popülasyonlarından oluşmuştur. Alt Grup B; % 73 bootstrap değeri ile *Conringia orientalis* (Elazığ) ve *Conringia austriaca* (Adana) popülasyonlarından ve bu türlere % 98 bootstrap değeri ile yakın akraba olan *Conringia orientalis* (Ankara) popülasyonundan oluşmuştur.



Şekil 5.2. NCBI'dan alınan Brassicaceae türlerinin ITS bölgesi ile oluşturulan Neighbor-Joining ağacı

Bizim çalışmamız da NCBI'dan Brassicaceae familyasına ait; *Boreava orientalis* Jaub & Spach (GQ131309.1), *Isatis tinctoria* L. (KF022713.1), *Fibigia clypeata* (L.) Medik. (KF022650.1), *Lepidium ruderales* L. (KJ623529.1), *Sisymbrium altissimum* L. (HQ896628.1), *Arabis montbretiana* Boiss. (KF547279.1), *Hesperis matronalis* L. (DQ357547.1), *Alyssoides utriculata* L. Medik (KF022512.1), *Alyssum linifolium* Steph. Ex Willd. (KJ623478.1), *Brassica cretica* Lam. (GQ268075.1), *Brassica deflexa* Boiss. (GQ268077.1), *Calepina irregularis* (Asso) Thellung (DQ249822.1) ve *Goldbachia laevigata* (Bieb.) Dc. (DQ357546.1) türlerinin nrITS dizileri alınarak *Conringia* türleri ile filogenetik ilişkileri ortaya çıkarılmıştır.

5.2. *trnL-F* Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi

trnL-F sekans verileri kullanılarak *Conringia* türleri arasındaki nükleotid kompozisyonu Çizelge 5.3.'de, genetik uzaklık matrisi ise Çizelge 5.4.'de yer verilmiştir. *Conringia* türlerine ait filogenetik ağaç Şekil 5.3.'de, NCBI'dan alınan bazı Brassicaceae türleriyle oluşturulan filogenetik ağaca ise Şekil 5.4.'de yer verilmiştir.

Çizelge 5.3. *Conringia* türlerine ait *trnL-F* bölgesinin A, T, G, C baz içerikleri

Popülasyon	<i>trnL-F</i> (bp)	A (%)	T (%)	G (%)	C (%)	A+T (%)	G+C (%)
<i>C. orientalis</i> (Elazığ)	677	%31. 46	%29. 10	%19. 50	%19. 94	%60.56	%39.44
<i>C. orientalis</i> (Ankara)	619	%29. 40	%32. 79	%18. 09	%19. 71	%62.20	%37.80
<i>C. austriaca</i> (Adana)	662	%29. 0	%31. 42	%19. 64	%19. 94	%60.42	%39.58
<i>C. grandiflora</i> (Akseki)	538	%33. 46	%29. 93	%18. 40	%18. 22	%63.38	%36.62
<i>C. grandiflora</i> (Alanya)	769	%29. 39	%31. 21	%19. 51	%19. 90	%60.60	%39.40
<i>C. perfoliata</i> (Ankara)	504	%29. 96	%27. 58	%18. 06	%24. 40	%57.54	%42.46
<i>C. perfoliata</i> (Kayseri)	378	%27. 78	%32. 01	%21. 69	%18. 52	%59.79	%40.21
<i>C. perfoliata</i> (Yıldızeli)	526	%28. 14	%30. 04	%23. 57	%18. 25	%58.17	%41.83
<i>C. planisiliqua</i> (Ankara)	365	%30. 96	%37. 26	%14. 25	%17. 53	%68.22	%31.78
<i>C. planisiliqua</i> (Kırşehir)	400	%37. 0	%30. 0	%19. 75	%13. 25	%67.0	%33.0
<i>C. planisiliqua</i> (Bunyan)	398	%36. 18	%30. 40	%20. 10	%13. 32	%66.58	%33.42

Çizelge 5.3. *Conringia* türlerine ait *trnL-F* bölgesinin A, T, G, C baz içerikleri (devamı)

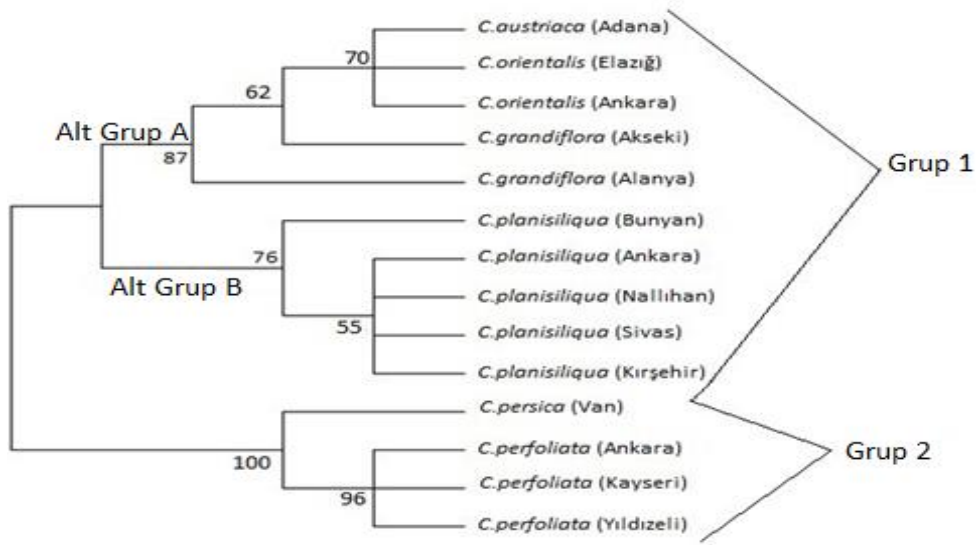
<i>C. planisiliqua</i> (Nallıhan)	366	%30. 87	%37. 43	%14. 21	%17. 49	%68.31	%31.69
<i>C. planisiliqua</i> (Sivas)	380	%31. 05	%36. 84	%13. 95	%18. 16	%67.89	%32.11
<i>C. persica</i> (Van)	346	%32. 37	%26. 30	%20. 81	%20. 52	%58.67	%41.33

Conringia türlerine ait *trnL-F* bölgelerinin baz içerikleri incelendiğinde; en fazla baz uzunluğu *Conringia grandiflora* (Alanya) 769 bp türünde, en az baz uzunluğu ise *Conringia persica* (Van) 364 bp türünde tespit edilmiştir. Adenin + Timin bazının en çok olduğu tür *Conringia planisiliqua* (Nallıhan) türü olup bu değer % 68.31, Adenin + Timin bazının en az olduğu tür ise *Conringia perfoliata* (Ankara) türü olup bu değer % 57.54 olarak tespit edilmiştir. Guanin + Sitozin bazının en çok olduğu tür *Conringia perfoliata* (Ankara) türü olup bu değer % 42.46, Guanin + Sitozin bazının en az olduğu tür ise *Conringia planisiliqua* (Nallıhan) türü olup bu değer % 31.69 olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 5.4. *Conringia* türlerine ait *trnL-F* bölgesinin genetik uzaklık matrisi

Türler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
<i>C. austriaca</i> (Adana)													
<i>C. planisiliqua</i> (Ankara)	0. 08												
<i>C. planisiliqua</i> (Nallıhan)	0. 08	0. 00											
<i>C. planisiliqua</i> (Sivas)	0. 08	0. 00	0. 00										
<i>C. orientalis</i> (Ankara)	0. 01	0. 06	0. 06	0. 06									
<i>C. grandiflora</i> (Akseki)	0. 02	0. 05	0. 05	0. 05	0. 00								
<i>C. persica</i> (Van)	0. 89	0. 81	0. 81	0. 81	0. 83	0. 81							
<i>C. perfoliata</i> (Ankara)	0. 90	0. 85	0. 85	0. 85	0. 84	0. 86	0. 04						
<i>C. perfoliata</i> (Kayseri)	0. 90	0. 85	0. 85	0. 85	0. 84	0. 86	0. 04	0. 00					
<i>C. perfoliata</i> (Yıldızeli)	0. 90	0. 85	0. 85	0. 85	0. 84	0. 86	0. 04	0. 00	0. 00				
<i>C. grandiflora</i> (Alanya)	0. 02	0. 05	0. 05	0. 05	0. 00	0. 00	0. 83	0. 87	0. 87	0. 87			
<i>C. planisiliqua</i> (Bunyan)	0. 07	0. 00	0. 00	0. 00	0. 05	0. 06	0. 82	0. 83	0. 83	0. 83	0. 05		
<i>C. planisiliqua</i> (Kırşehir)	0. 08	0. 00	0. 00	0. 00	0. 06	0. 05	0. 81	0. 85	0. 85	0. 85	0. 05	0. 00	
<i>C. orientalis</i> (Elazığ)	0. 01	0. 06	0. 06	0. 06	0. 00	0. 00	0. 83	0. 84	0. 84	0. 84	0. 00	0. 05	0. 06

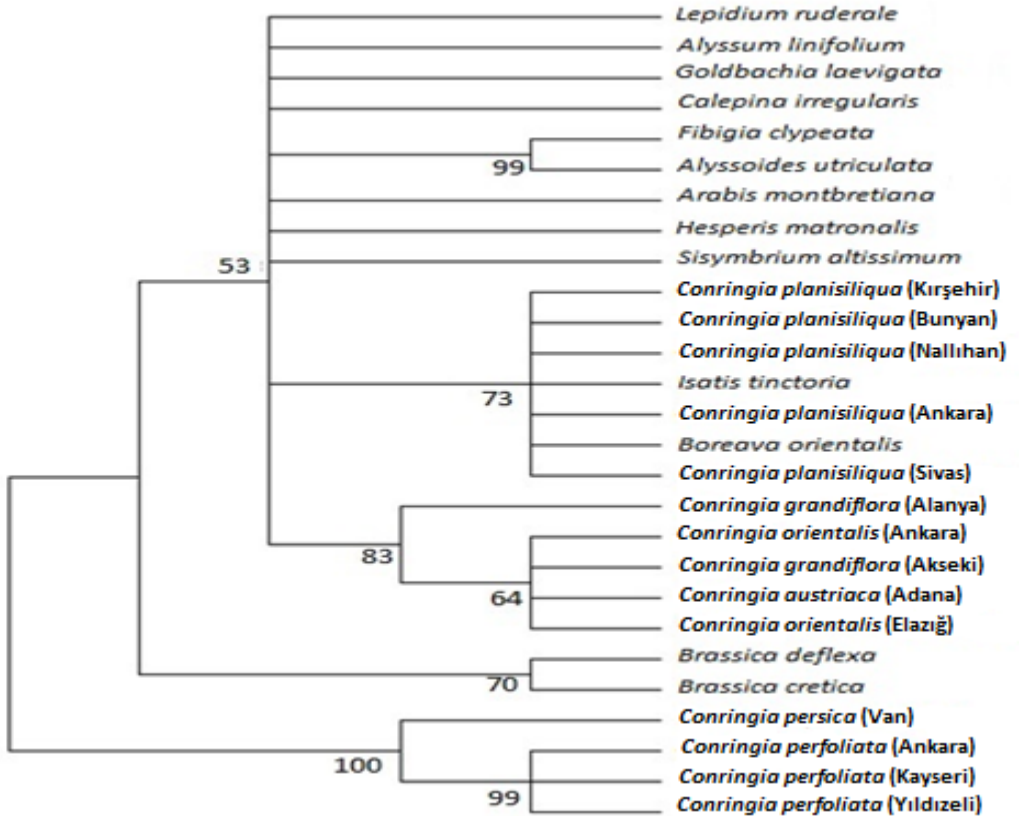
Türler arası genetik uzaklık matrisi MEGA 6.0 programı kullanılarak yapılmıştır. Birbirine en yakın mesafede olan türlerin değerinin 0.00 olduğu tespit edilirken, birbirine en uzak mesafede olan türlerin değerinin ise 0.90 olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 5.3. *Conringia* türlerine ait *trnL-F* bölgesinin Neighbor-Joining analizi sonucu oluşan filogenetik ağacı

MEGA 6.0 programı kullanılarak yapılan Neighbour-Joining ağacı 2 büyük gruptan oluşmuştur. Grup 1, kendi içinde iki alt gruba ayrılmıştır: Alt Grup A; % 70 bootstrap değeri ile *Conringia austriaca* (Adana), *Conringia orientalis* (Elazığ), *Conringia orientalis* (Ankara) popülasyonlarından oluşmuş, % 62 bootstrap değeri ile *Conringia grandiflora* (Akseki) ve %87 bootstrap değeri ile *Conringia grandiflora* (Alanya) popülasyonları ile yakın akraba çıkmıştır. Alt Grup B; % 55 bootstrap değeri ile *Conringia planisiliqua* (Kırşehir), *Conringia planisiliqua* (Sivas), *Conringia planisiliqua* (Ankara), *Conringia planisiliqua* (Nallıhan) popülasyonlarından ve % 76 bootstrap değeri ile *Conringia planisiliqua* (Bunyan) popülasyonu ile yakın akraba çıkmıştır. Grup 2, % 96 bootstrap değeri ile *Conringia perfoliata* (Ankara), *Conringia perfoliata* (Kayseri), *Conringia perfoliata* (Yıldızeli) popülasyonlarından ve % 100 bootstrap değeri ile benzer özellik gösteren *Conringia persica* (Van) popülasyonundan oluşmuştur.

ITS ağacımızda *Conringia planisiliqua* popülasyonları Grup 1'in Alt Grup A kısmı içerisinde yer alırken, *Conringia persica* (Van) ve *Conringia perfoliata* popülasyonları ise Alt Grup B içerisinde yer almıştır. *Conringia grandiflora* popülasyonları Grup 2'nin Alt Grup A içerisinde, *Conringia austriaca* (Adana) ve *Conringia orientalis* popülasyonları ise Alt Grup B içerisinde yer almıştır (Şekil 5.1.).



Şekil 5.4. NCBI'dan alınan Brassicaceae türlerinin *trnL-F* bölgesi ile oluşturulan Neighbor-Joining ağacı

Bizim çalışmamız da NCBI'dan Brassicaceae familyasına ait; *Boreava orientalis* Jaub & Spach (DQ518353.1), *Isatis tinctoria* L. (KJ765846.1), *Fibigia clypeata* (L.) Medik. (KM033543.1), *Lepidium ruderae* L. (KJ623450.1), *Sisymbrium altissimum* L. (AY958545.1), *Arabis montbretiana* Boiss. (KF547548.1), *Hesperis matronalis* L. (AY546166.1), *Alyssoides utriculata* L. Medik (KM033540.1), *Alyssum linifolium* Steph. Ex Willd. (KJ623461.1), *Brassica cretica* Lam. (Y15350.1), *Brassica deflexa* Boiss. (GQ268052.1), *Calepina irregularis* (Asso) Thellung (AY751760.1) ve *Goldbachia laevigata* (Bieb.) Dc. (KJ623408.1) türlerinin *trnL-F* dizileri alınarak *Conringia* türleri ile filogenetik ilişkileri ortaya çıkarılmıştır.

Sevindik vd., (2020) Türkiye'de yayılış gösteren Brassicaceae familyasına ait *Conringia* türlerinin RAPD markırlarına dayalı genetik varyasyon ve moleküler ilişkilerini gerçekleştirmişlerdir. Yapılan çalışmada *C. perfoliata* (Yıldızeli), *C.*

perfoliata (Kayseri), *C. perfoliata* (Ankara) ve *C. grandiflora* (Akseki) türleri bir grup içerisinde, *C. planisiliqua* (Kırşehir), *C. planisiliqua* (Sivas) ve *C. orientalis* (Ankara), *C. orientalis* (Elazığ) bir grubun Alt Grup A içerisinde, *C. austriaca* (Adana), *C. persica* (Van) ve *C. planisiliqua* (Bunyan), *C. planisiliqua* (Ankara), *C. planisiliqua* (Nallıhan) türleri Alt Grup B içerisinde gözlemlenmiştir. ITS çalışmamızda *C. persica* (Van) ve *C. planisiliqua* türlerinin aynı grup içerisinde çıkması desteklenmiş, *C. perfoliata* ve *C. grandiflora* türlerinin bir grup içerisinde çıkması desteklenmemiştir (Şekil 5.1.). *trnL-F* çalışmamızda ise *C. austriaca* (Adana) ve *C. planisiliqua* türlerinin aynı grup içerisinde çıkması desteklenmiş, *C. perfoliata* ve *C. grandiflora* türlerinin bir grup içerisinde çıkması desteklenmemiştir (Şekil 5.3.).

Selvi vd., (2019) Brassicaceae familyasına ait *Conringia* türlerini anatomik ve mikromorfolojik olarak incelemiştir. İncelemelerinde *C. perfoliata* ve *C. persica* türlerinin yaprak epidermal yüzeyleri üzerinde çubuk benzeri iri mumsu şekiller gözlemlenmiştir. ITS ve *trnL-F* çalışmalarımızda bu iki tür aynı grup içerisinde yer alarak bu veriyi desteklemiştir (Şekil 5.1. ve Şekil 5.3.). *C. planisiliqua* ve *C. perfoliata* türlerinin kök enine kesitlerinde floem tabakaları 5-7 sıra, kök enine kesitlerinde ksilemdaki öz ışınlar 2-6 sıra gözlemlenmiştir. ITS çalışmamızda bu iki tür aynı grup içerisinde çıkarak verileri desteklemiştir (Şekil 5.1.). *trnL-F* çalışmamızda ise *C. perfoliata* ve *C. persica* bir grup içerisinde yer alarak verileri desteklememiştir (Şekil 5.3.). *C. persica* ve *C. perfoliata* türlerinin yaprak epidermal yüzeyleri üzerinde çubuk benzeri iri mumsu şekil, yaprak orta damar bölgesinde bulunan iletim demeti sayısı 1 olarak gözlenmiştir. ITS ve *trnL-F* çalışmalarımızda bu iki tür aynı grup içerisinde yer alarak bu verileri desteklemiştir (Şekil 5.1. ve Şekil 5.3.). *C. grandiflora* ve *C. orientalis* türlerinin kök enine kesitlerinde floem tabakaları 5-7 sıra, yapraktan alınan enine kesitlerinde türlerin mezofil tabakaları ekvifasiyal, yaprak orta damar bölgesinin üst epidermis altında birer sıra kollenkima gözlemlenmiştir. ITS çalışmamızda bu iki tür aynı grup içerisinde çıkarak verileri desteklemiştir (Şekil 5.1.). *trnL-F* çalışmamızda ise bu iki tür aynı alt grup içerisinde yer alarak bu verileri desteklemiştir (Şekil 5.3.). *C. grandiflora* ile *C. austriaca* türlerinin yaprak orta damar bölgesinde bulunan iletim demeti sayısı 1 olarak gözlenmiştir. ITS çalışmamızda bu iki tür aynı grup içerisinde yer alarak bu verileri desteklemiştir (Şekil 5.1.). *trnL-F* çalışmamızda ise bu iki tür aynı alt grup içerisinde yer alarak verileri desteklemiştir (Şekil 5.3.). *C. austriaca* ile *C. orientalis* türlerinde ortak

olarak hiçbir şey gözlemlenmemesine rağmen yaptığımız ITS ve *trnL-F* çalışmalarında bu iki tür aynı grup içerisinde çıkarak verileri desteklememiştir (Şekil 5.1. ve Şekil 5.3.).

Nikolov vd., (2019) Brassicaceae familyasının 63 türünden seçilen 1827 hedef eksonun filogenomik veri setini kullanarak yüksek destekle yeniden yapılandırmışlardır. Yapılan çalışmada *Conringia* türlerinden sadece *Conringia planisiliqua* türü kullanılmıştır. *C. planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ile aynı grup içerisinde yer almıştır. NCBI'dan aldığımız örnekler ile *Conringia* türleri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlarda, hem ITS hem de *trnL-F* çalışmamızda *C. planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ile aynı grupta yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Özüdoğru vd., (2016) Brassicaceae familyasına ait *Heldreichia* Boiss. türlerinin çekirdek ITS ve kloroplast *ndhF* sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Çalışmada *Conringia* cinsinden *Conringia persica* ve *Conringia perfoliata* türlerini kullanmışlardır. Yapılan ITS sekansında ise *C. perfoliata* türü *Zuvanda exacoides* türü ile aynı grup içerisinde çıkmıştır. *ndhF* sekansında *C. persica* türü *Noccaea caerulescens* (J.Presl & C.Presl) F.K.Mey. ve *Noccaea thlaspidioides* (Pall.) F.K.Mey. türleri ile aynı grup içerisinde yer almıştır.

Fırat vd., (2014) Brassicaceae familyasına ait *Thlaspi aghricum* P.H. Davis & Kit Tan türlerinin filogenetik ilişkilerini çekirdek ITS sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Çalışmada *Conringia* türlerinden sadece *Conringia perfoliata* türünü kullanmışlardır. *C. perfoliata* türü *Zuvanda crenulata* ile aynı grup içerisinde yer almıştır.

Liu vd., (2012) bazı Brassicaceae türlerine ait *matK* sekansına dayalı filogenetik analizleri yapmışlardır. *matK* sekansında *Conringia* türlerinden sadece *Conringia planisiliqua* türü kullanılmıştır. *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ile aynı grupta yer almıştır. Hem ITS hem de *trnL-F* çalışmamızda *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ile aynı grup içerisinde yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Liu vd., (2012) Brassicaceae familyasına ait türlerin filogenetik ilişkilerini kloroplast *matK* sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Çalışmada *Conringia* cinsinden sadece *Conringia planisiliqua* türünü kullanmışlardır. *C. planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ve *Isatis minima* türleri ile

aynı dal içinde çıkmıştır. Hem ITS hem de *trnL*-F çalışmamızda *C. planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* türü ile aynı grup içerisinde yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Warwick vd., (2011) Brassicaceae tribe'nin filogenetik analizini kloroplast *trnL* intron sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Yapılan *trnL* intron sekansında *Conringia orientalis* ve *Conringia perfoliata* türleri aynı grup içinde yer almıştır. Hem ITS hem de *trnL*-F çalışmamızda *C. orientalis* ve *C. perfoliata* türleri farklı gruplarda yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Zhao vd., (2010) bazı Brassicaceae türlerine ait *chs* sekansına dayalı filogenetik analizleri yapmışlardır. *chs* sekansında *Conringia* türlerinden sadece *Conringia planisiliqua* türü kullanılmıştır. *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ve *Sisymbrium altissimum* ile aynı grup içerisinde yer almıştır. ITS çalışmamızda *Conringia planisiliqua* türü hem *Isatis tinctoria* hem de *Sisymbrium altissimum* ile aynı grup içerisinde yer alırken, *trnL*-F çalışmamızda *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ile aynı dalda ve *Sisymbrium altissimum* ile aynı grup içerisinde yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Warwick vd., (2010) Brassicaceae familyasına ait türlerin filogenetik ilişkilerini çekirdek ITS sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Çalışmada *Conringia* türlerinden sadece *Conringia perfoliata* türünü kullanmışlardır. *C. perfoliata* türü *Zuvanda crenulata* ile aynı grup içerisinde yer almıştır.

German vd., (2009) Brassicaceae familyasına ait türlerin filogenetik ilişkilerini çekirdek ITS sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Çalışmada *Conringia* türlerinden sadece *Conringia perfoliata* türünü kullanmışlardır. *C. perfoliata* türü *Zuvanda crenulata* ile aynı grup içerisinde yer almıştır.

Khosravi vd., (2009) bazı Brassicaceae türlerine ait ITS sekansına dayalı filogenetik analizleri yapmışlardır. ITS sekansında *Conringia* cinsinden *Conringia perfoliata*, *Conringia persica*, *Conringia orientalis* ve *Conringia planisiliqua* türleri kullanılmıştır. *C. perfoliata*, *C. persica* ve *C. orientalis* türleri filogenetik ağaçta aynı grup içerisinde yer almıştır. *Conringia planisiliqua* türü ise *Isatis tinctoria* ile aynı grupta yer almıştır. Bizim ITS çalışmamızda da *C. perfoliata*, *C. orientalis* ve *C. persica* türleri aynı grup içerisinde yer almıştır (Şekil 5.2.). Yapmış olduğumuz *trnL*-F çalışmamızda ise *C. perfoliata*, *C. persica* türleri aynı

grup içerisinde yer alırken *C. orientalis* başka bir grup içinde yer almıştır (Şekil 5.4.). Ayrıca *C. planisiliqua* türü ise *Isatis tinctoria* ile hem ITS hem de *trnL-F* sonuçlarında aynı grupta yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Beilstein vd., (2008) bazı Brassicaceae türlerine ait *ndhF* sekansına dayalı filogenetik analizini yapmışlardır. *ndhF* sekansında *Conringia* türlerinden sadece *Conringia persica* türü kullanılmıştır. *Conringia persica* türü *Noccaea cohleariforme*, *Noccaea sp.1* Moench ve *Noccaea sp.2* Moench türleri ile aynı grupta yer almıştır.

Koch vd., (2007) bazı Brassicaceae türlerine ait *trnL* intron ve *trnL-F* sekanslarına dayalı filogenetik analizleri yapmışlardır. *trnL* intron ve *trnL-F* sekansında *Conringia* türlerinden sadece *Conringia planisiliqua* türü kullanılmıştır. *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ve *Boreava orientalis* türleri ile aynı grup içerisinde yer almıştır. ITS çalışmamızda *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* *Boreava orientalis* türleri ile aynı grup içerisinde yer alırken (Şekil 5.2), *trnL-F* çalışmamızda ise *Conringia planisiliqua* türü *Isatis tinctoria* ve *Boreava orientalis* türleri ile aynı grup içerisinde yer almıştır (Şekil 5.4.).

Warwick vd., (2005) arkadaşları bazı Brassicaceae türlerine ait ITS ve *trnL* intron sekanslarına dayalı filogenetik analizleri yapmışlardır. ITS sekansında *Conringia* türlerinden sadece *Conringia perfoliata* türünü kullanmışlardır. *C. perfoliata* ise *Calepina irregularis* ile aynı grupta yer almıştır. *trnL* intron sekansında ise *Conringia* türlerinden *Conringia perfoliata* ve *Conringia orientalis* türlerini kullanmışlardır. *C. perfoliata*, *C. orientalis* ve *Calepina irregularis* aynı grupta yer almıştır. Yapmış olduğumuz ITS çalışmamızda *C. perfoliata* ve *C. orientalis* türleri aynı grup içerisinde yer alırken, *Calepina irregularis* türü ise *C. planisiliqua* ile aynı grup içerisinde çıkmıştır (Şekil 5.2.). *trnL-F* çalışmamızda *C. perfoliata* farklı bir grupta *C. orientalis* türü ise farklı grupta yer almıştır (Şekil 5.4.).

Warwick vd., (2005) Brassicaceae tribe'nin filogenetik analizini çekirdek ITS sekanslarını kullanarak filogenetik analizini yapmışlardır. Yapılan ITS sekansında *Conringia orientalis* ve *Conringia perfoliata* türleri aynı grup içinde yer almıştır. ITS çalışmamızda *C. orientalis* ve *C. perfoliata* türleri aynı grup da yer alırken; *trnL-F* çalışmamızda farklı gruplarda yer almıştır (Şekil 5.2. ve Şekil 5.4.).

Yapılan bu çalışmada verilerin değerlendirilmesi için kümeleme temelli bir algoritma olan Neighbor-Joining ağaç topolojisini kullanarak belirlenen taksonlar arasındaki benzer dizi çiftleri ile en uygun olanı belirleyip yapılan diğer çalışmalarla karşılaştırılarak elde edilen filogenetik ağacın çok daha güvenilir ve tutarlı sonuçlar sağladığı kanaatine varıldı. Yapmış olduğumuz bu çalışma neticesinde, Hem ITS hem de *trnL-F* sekansları ile oluşturulan ağaçlarda, *C. orientalis*, *C. grandiflora* ve *C. austriaca* aynı grup içinde çıkmıştır. Ancak ITS analizlerinde bu türler ayrı bir grup içinde iken *trnL-F* sonuçlarında *C. perfoliata* ve *C. persica* ayrı bir grup içinde yer almıştır. Çalışmada NCBI'dan alınan bazı Brassicaceae türleri ile elde edilen sonuçlara göre, *Conringia* cinsinin polifiletik olduğu, *C. planisiliqua* türünün *Boreava orientalis* ve *Isatis tinctoria* türleri ile bir arada çıktığı ve *trnL-F*, *trnL* intron primerleri kullanılarak yapılan geçmiş çalışmalar ile bunun desteklendiği ortaya çıkmıştır. *Conringia*'nın 6 türüne ait 14 popülasyonunun ITS ve *trnL-F* sekans verilerinin Dünya Gen Bankası'na yüklenerek barkod genlerin işlenmesi ve adımıza kayıt oluşturması sağlanacaktır. Bu sayede gelecekteki farklı filogenetik analizlerde kullanımı için veri sağlanmış olacaktır.

KAYNAKLAR

- Al-Shehbaz, I.A. 2012. A generic and tribal synopsis of the Brassicaceae (Cruciferae), **Taxon**, 61(5): 931-954.
- Al-Shehbaz, I.A., Beilstein, M.A., Kellogg, E.A. 2006. Systematics and phylogeny of the Brassicaceae (Cruciferae): an overview. **Plant Systematics and Evolution**, 259: 89– 120.
- Al-Shehbaz, I.A., Mutlu, B., Dönmez, A.A. 2007. The Brassicaceae (Cruciferae) of Turkey, updated. **Turkish Journal of Botany**, 31(4): 327-336.
- Anjum, N.A., Gill, S.S., Ahmad, I., Pacheco, M., Duarte, A.C., Umar, S., Khan, N.A., Pereira, M.E. 2012. The Plant Family Brassicaceae: An Introduction (Anjum, N.A., Ahmad, I., Pereira, M.E., Duarte, A.C., Umar, S., Khan, N.A. Eds.), In The Plant Family Brassicaceae, 1-33. Springer, Dordrecht.
- Anonim, 2020. [<https://www.arthipo.com/tr-tr/siyasi-dunya-haritasi-posteri.html>], Erişim Tarihi: 11.02.2020.
- Anonim, 2021. [<http://cografyaharita.com/turkiye-dilsiz-haritalari.html>], Erişim Tarihi: 16.03.2021.
- Appel, O., Al-Shehbaz I.A. 2003. Cruciferae. In Flowering Plants· Dicotyledons (Kubitzki, K., Bayer, C. Eds.), The Families and Genera of Vascular Plants, 75-174. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Atalay, İ. 1983. Türkiye Vejetasyon Coğrafyasına Giriş. Ege Üniversitesi Edebiyat Fakültesi, 1-230, İzmir.
- Authier, P. 1988. *Conringia planisiliqua* Fischer et C.A. Meyer (Cruciferae) Espèce irano-touranienne, nouvelle pour la flore grecque et européenne. **Bulletin de la Société Botanique de France. Lettres Botaniques**, 135(2): 191-197.
- Avcı, M. 1993. Türkiye'nin flora bölgeleri ve "Anadolu Diagonali"ne coğrafi bir yaklaşım. **Türk Coğrafya Dergisi**, 28: 225-248.
- Bakker, F.T., Culham, A., Gomez-Martinez, R., Carvalho, J., Compton, J., Dawtrey, R., Gibby, M. 2000. Patterns of nucleotide substitution in angiosperm cpDNA *trnL* (UAA)–*trnF* (GAA) regions. **Molecular Biology and Evolution**, 17(8): 1146-1155.

- Baldwin, B.G., Sanderson, M.J., Porter, J.M., Wojciechowski, M.F., Campbell, C.S., Donoghue, M.J. 1995. The ITS region of nuclear ribosomal DNA: a valuable source of evidence on angiosperm phylogeny. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, 82(2): 247–277.
- Başer, B., Baygeldi, Z., Şahin, B. 2018. Pollen morphology of some *Alyssum* L. (Brassicaceae) from Turkey. **Bitlis Eren University Journal of Science and Technology**, 8(2): 60-68.
- Batur, Ö.S. 2014. *Aethionema* W.T. Aiton (Brassicaceae) Cinsinin Moleküler Filogenisi. Hacettepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Beilstein, M.A., Al-Shehbaz, I.A., Mathews, S., Kellogg, E.A. 2008. Brassicaceae phylogeny inferred from phytochrome A and *ndhF* sequence data: tribes and trichomes revisited. **American Journal of Botany**, 95(10): 1307-1327.
- Birand, H. 1952. Türkiye Bitkileri (Plantae Turcicae), Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Fakültesi Yayını, Um. 58- Botanik 1. Ankara.
- Boissier, E. 1867-1884. Flora Orientalis, vol. 1-5. Genevae et Basileae.
- Boissier, E. 1888. Flora Orientalis, Supplement, (Buser, R. Eds.), Genevae et Basileae.
- Bona, M. 2013. Seed-coat microsculpturing of Turkish *Lepidium* (Brassicaceae) and ITS systematic application. **Turkish Journal of Botany**, 37(4): 662-668.
- Bunawan, H., Yen, C.C., Yaakop, S., Noor, N.M. 2017. Phylogenetic inferences of *Nepenthes* species in Peninsular Malaysia revealed by chloroplast (*trnL* intron) and nuclear (ITS) DNA sequences. **BMC Research Notes**, 10(1): 1-6.
- Burt, B.L. 2001. Tournefort in Turkey (1701-1702). **The Karaca Arboretum Magazine**, 6: 45-62.
- Burt, B.L. 2002. Tournefort in Turkey (1701-1702) Part 2. **The Karaca Arboretum Magazine**, 6(4): 137-142.
- Camgöz, T.P. 2015. *Aethionema coridifolium* DC. (Cruciferae) Kümesinin Moleküler Sistematiği. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Konya.

- Ceter, T., Geven, F., Şahin, A.A., Ceter, S. 2018. Examination of pollen morphology of some *Aethionema* (Brassicaceae), from Turkey. **Communcation Faculty of Sciences University of Ankara Series C**, 27(1): 11–24.
- Cohen, J.I. 2014. A phylogenetic analysis of morphological and molecular characters of Boraginaceae: evolutionary relationships, taxonomy, and patterns of character evolution. **Cladistics**, 30(2): 139-169.
- Çelik, S. 2003. *Centaurea L.* cinsi *Psephelloidea* (Boiss) Sosn. Seksiyonuna Ait Türlerin Ekolojik Özellikleri. Anadolu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi. Eskişehir.
- Çömlekçiöğlü, N., Kutlu, M. 2018. Yaprak lahanası (*Brassica oleracea* L. var. *acephala*) yapraklarının fitokimyasal içeriği ve antioksidan aktivitenin mevsimsel değişimi. **Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi**, 55(2): 119-127.
- Davis, P.H. 1965. Cruciferae. Flora of Turkey and the East Aegean Island, (Davis, P.H. Eds.), Edinburgh University Press, 1: 248-495, Edinburgh.
- Davis, P.H. 1965-1985. Flora of Turkey and The East Aegean Islands. Edinburgh University Press, Vol. 1-9, Edinburgh.
- Davis, P.H., Hedge, I.C. 1975. The Flora of Turkey: Past, Present and Future. *Candollea*, Edinburgh University Press, 30(2): 331-351, Edinburgh.
- Davis, P.H., Mill, R.R., Tan, K. 1988. Cruciferae. Flora of Turkey and the East Aegean Island, (Davis, P.H., Mill, R.R., Tan, K. Eds.), Edinburgh Univ. Press, 10: 1-590, Edinburgh.
- Dubouzet, J.G., Shinoda, K. 1999. Phylogenetic analysis of the internal transcribed spacer region of Japanese *Lilium* species. **Theoretical and Applied Genetics**, 98(6-7): 954-960.
- Ekim, T. 1987. Arıcılıkta önem taşıyan bitkiler ve bunların yurdumuzdaki durumu. **Türkiye 1. Arıcılık Kongresi**, Tarım ve Köy İşleri Bakanlığı Yayın Numara: 154 (22-24 Ocak 1980), pp. 53-64. Ankara.
- Filiz, E., Osma, E., Kandemir, A., Tombuloğlu, H., Tombuloğlu, G., Birbilener, S., Aydın, M. 2014. Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationships of endangered endemic plant *Barbarea integrifolia* DC.(Brassicaceae) in Turkey. **Turkish Journal of Botany**, 38(6): 1169-1181.

- Firat, M., Özüdođru, B., Hacıođlu, B.T., Bülbül, A.S., Al-Shehbaz, I.A., Mummenhoff, K. 2014. Phylogenetic position and taxonomic assignment of *Thlaspi aghricum* P.H. Davis & K. Tan (Brassicaceae). **Phytotaxa**, 178(4): 287-297.
- Freeman, S., Herron, J.C. 1999. Evrimsel Analiz. (Çıplak, B., Başbüyük H.H., Karaytuđ, S., Gündüz, İ. Eds.), Palme Yayıncılık, 28-29: 438-708, Ankara.
- Gemici, Y. 1994. "Bolkar Dađları'nın (Orta Toroslar) flora ve vejetasyonu üzerine genel bilgiler". **Dođa Türk Botanik Dergisi**, 18(2): 81-89.
- Gemici, Y., Seçmen, Ö., Ekim, T., Leblebici, E. 1992. 'Türkiye'de endemizm ve İzmir yöresinin bazı endemikleri'. **Ege Cođrafya Dergisi**, 6: 61-84.
- German, D.A., Friesen, N., Neuffer, B., Al-Shehbaz, I.A., Hurka, H. 2009. Contribution to ITS phylogeny of the Brassicaceae, with special reference to some Asian taxa. **Plant Systematics and Evolution**, 283(1-2): 33-56.
- Gielly, L., Taberlet, P. 1994. The use of chloroplast DNA to resolve plant phylogenies: noncoding versus *rbcL* sequences. **Molecular Biology and Evolution**, 11(5): 769-777.
- Gielly, L., Taberlet, P. 1996. A phylogeny of the European gentians inferred from chloroplast *trnL* (UAA) intron sequences. **Botanical Journal of the Linnean Society**, 120(1): 57-75.
- Göktürk, R.S., Sümbül, H. 2014. "A taxonomic revision of the genus *Cephalaria* (Caprifoliaceae) in Turkey". **Turkish Journal of Botany**, 38: 927-968.
- Gönen, B., Dural, H., Çıtak, B.Y. 2019. A survey of the morphology, anatomy, and palynology of endemic *Bornmuellera kiyakii* and *Bornmuellera glabrescens* (Brassicaceae) from Turkey. **Gazi University Journal of Science**, 32(3): 776-790.
- Gugel, R.K., Falk, K.C. 2006. Agronomic and seed quality evaluation of *Camelina sativa* in western Canada. **Canadian Journal of Plant Science**, 86(4): 1047-1058.
- Gülbitti Onarıcı, S., Sümer, S. 2003. Protein and DNA in systematic biology. **Turkish Journal Of Biology**, 27(1): 47-55.
- Güner, A., Akyıldırım, B., Alkayış, M.F., Çingay, B., Kanođlu, S.S., Özkan, A.M., Öztekin, M., Tuđ, G.N. 2012. Türkçe Bitki Adları. Türkiye Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler) (Güner, A., Aslan, S., Ekim, T., Vural, M., Babaç, M.T., Eds.), Nezahat Gökyiđit Botanik Bahçesi ve Flora Arařtırmaları Derneđi Yayını, Flora Dizisi 1: 246-299, İstanbul.

- Güner, A., Özhatay, N., Ekim, T., Başer, K.H.C. (eds.) 2000. Flora of Turkey and the East Aegean Islands (supplement 2), Cruciferae. Edinburgh University Press, 11: 29-41, Edinburgh.
- Halanych, K.M., Bacheller, J.D., Aguinaldo, A., Liva, S.M., Hillis, D.M., Lake, J.A. 1995. Evidence from 18S ribosomal DNA that the lophophorates are protostome animals. **Science**, 267(5204): 1641-1643.
- Hall, T.A. 1999. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analyses program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, 41: 95-98, Information Retrieval Ltd., London.
- He, X., Lv, M.N., Liu, G.H., Lin, R.Q. 2018. Genetic analysis of *Toxocara cati* (Nematoda: Ascarididae) from Guangdong province, subtropical China. **Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing and Analysis**, 29(1): 132-135.
- Hedge, I.C. 1965. *Conringia* Adans In: Davis, P.H (ed.) Flora of Turkey and the East Aegean Island. Edinburgh University Press, 1: 275-278, Edinburgh.
- Hollingsworth, P.M. 2008. DNA barcoding plants in biodiversity hot spots: progress and outstanding questions. **Heredity**, 101(1): 1–2.
- Hürkan, K. 2017. Karasal bitkilerde DNA barkodlama: Bazı DNA barkod bölgelerinin incelenmesi. **The International Journal of Innovative Approaches in Science Research**, 1(1): 57-67.
- IARC, (International Agency for Research on Cancer) 2004. Handbooks of Cancer Prevention. Cruciferous Vegetables, Isothiocyanates and Indoles. Vol. 9. IARC Press, Lyon.
- İnal, B., Aydın, A., İnce, A.G., Karaca, M. 2017. Farklı hizalama araçlarıyla hizalanmış ITS1 gen bölgesine dayalı kıta pamuğu türleri arasındaki genetik ilişkiler. **Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Dergisi**. 2(1): 01-06.
- Jenks, A.A., Walker, J.B., Kim, S.C., 2013. Phylogeny of New World *Salvia* subgenus *Calosphace* (Lamiaceae) based on cpDNA (*psbA-trnH*) and nrDNA (ITS) sequence data. **Journal of Plant Research**, 126(4): 483-496.
- Kalmer, A., Tekpınar, A.D. 2017. Determination of phylogenetic relationships of five species of *Centaurea* genus by using *trnT-L-F* cpDNA region. **Cumhuriyet Science Journal**, 38(4): 52-59.

- Karaismailođlu, C. 2019. Notes on the taxonomical, morphological and mucilage features of *Capsella bursa-pastoris* Medik. and *Capsella rubella* Reuter taxa (Brassicaceae). **Artvin oruh niversitesi Orman Fakltesi Dergisi**, 20(1): 47-53.
- Kelchner, S.A. 2000. The evolution of non-coding chloroplast DNA and ITS application in plant systematics. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, 87(4): 482- 498.
- Keskin, A., Savran, A. 2020. The flora of Kızıldađ Higlands (Adana) and environments (Adana/Turkey). **Flora**, 121: 135.
- Khosravi, A.R., Mohsenzadeh, S., Mummenhoff, K. 2009. Phylogenetic relationships of Old World Brassicaceae from Iran based on nuclear ribosomal DNA sequences. **Biochemical Systematics and Ecology**, 37(2): 106-115.
- Koch, M.A., Dobeř, C., Kiefer, C., Schmickl, R., Klimeř, L., Lysak, M.A. 2007. Supernetwork identifies multiple events of plastid *trnF* (GAA) pseudogene evolution in the Brassicaceae. **Molecular Biology and Evolution**, 24(1): 63-73.
- Koch, M.A., Marhold, K. 2012. Phylogeny and systematics of Brassicaceae - introduction. **Taxon**, 61(5): 929-930.
- Kolren, O., Eker, S. 2018. Ordu İli'nde *Urtica* trlerinin kloroplast DNA *trnL-F* gen blgelerini kullanarak genetik eřitliliđinin belirlenmesi. **Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi**, 33(3): 202-208.
- Li, D.Z., Gao, L.M., Li, H.T., Wang, H., Ge, X.J., Liu, J.Q., Duan, G.W. 2011. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 108(49): 19641–19646.
- Liu, L., Zhao, B., Tan, D., Wang, J. 2012. Phylogenetic relationships of Brassicaceae species based on *matK* sequences. **Pakistan Journal of Botany**, 44(2): 619-626.
- Liu, Q., Ge, S., Tang, H., Zhang, X., Zhu, G., Lu, B.R. 2006. Phylogenetic relationships in *Elymus* (Poaceae: Triticeae) based on the nuclear ribosomal internal transcribed spacer and chloroplast *trnL-F* sequences. **New Phytologist**, 170(2): 411-420.
- Malik, C.P., Sanadhya, D. 2017. Current and emerging advances in plant sciences. **The Journal of Plant Science Research**, 33(2): 223-261.

- Martin, E., Akçiçek, E., Çetin, Ö., Duran, A. 2011. Cytogenetical analysis of endemic *Matthiola montana* (Goldlack) from Turkey. **Biological Diversity and Conservation**, 4(1): 198–202.
- Moazzeni, H., Zarre, S., Al-Shehbaz, I.A., Mummenhoff, K. 2010. Phylogeny of *Isatis* (Brassicaceae) and allied genera based on ITS sequences of nuclear ribosomal DNA and morphological characters. **Flora**, 205(5): 337-343.
- Mount, D.W. 2001. Bioinformatics: Sequence and genome analysis. **Cold Spring Harbour Press**, 2: 52-137. New York.
- Mutlu, B. 2010. New morphological characters for some *Erysimum* (Brassicaceae) species. **Turkish Journal of Botany**, 34(2): 115-121.
- Nikolov, L.A., Shushkov, P., Nevado, B., Gan, X., Al-Shehbaz, I.A., Filatov, D., Bailey, C.D., Tsiantis, M. 2019. Resolving the backbone of the Brassicaceae phylogeny for investigating trait diversity. **New Phytologist**, 222(3): 1638-1651.
- Orcan, N., Binzet, R. 2002. The anatomical and palynological properties of *Alyssum obtusifolium* Steven ex DC.(Brassicaceae). **Turkish Journal of Botany**, 27(1): 63-68.
- Özgişi, K., Koyuncu, O., Sezer, O., Öztürk, D., Ocak, A., Yaylacı, O.K., Eekara, I.P. 2018. Comparative pollen morphology studies of two endemic *Noccaea moench* (Brassicaceae) taxa from Turkey. **Commomunication Faculty of Sciences University of Ankara Series C**, 27(2): 79-87.
- Özüdoğru, B. 2018. *Thlaspiceras* sensu Meyer tür kompleksinin plastidik *trnQ-5' rps16* bölgesine dayalı filogenisi. **Süleyman Demirel University Journal of Natural and Applied Sciences**, 22(1): 186-190.
- Özüdoğru, B., Al-Shehbaz, I.A., Mummenhoff, K. 2016. Tribal assignment of *Heldreichia* Boiss.(Brassicaceae): evidence from nuclear ITS and plastidic *ndhF* markers. **Plant Systematics and Evolution**, 303(3): 329-335.
- Parmaksız, İ. 2004. *Papaver* Cinsi *Oxytona* Seksiyonunun Türkiye' de Yetişen Türlerinde Genetik Çeşitliliğin RAPD Markörleri İle Analizi. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara.
- Patwardhan, A., Ray, S., Roy, A. 2014. Molecular markers in phylogenetic studies-a review. **Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biolog**, 2(2): 131-140.

- Saar, D.E., Polans, N.O., Sørensen, P.D., Duvall, M.R. 2001. Angiosperm DNA contamination by endophytic fungi: Detection and methods of avoidance. **Plant Molecular Biology Reporter**, 19(3): 249-260.
- Saitou, N., Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. **Molecular Biology and Evolution**, 4: 406- 425.
- Sarıçam, S., Müştak, H.K. 2015. Filogenetik ağaçlandırma metotları. **Etilik Veteriner Mikrobiyoloji Dergisi**, 26(2): 58-64.
- Satıl, F., Ünal, M., Selvi, S. 2017. Türkiye’de yayılış gösteren *Chorispora* DC. (Brassicaceae) türleri üzerinde karşılaştırılmalı anatomik çalışmalar. **Biyolojik Çeşitlilik ve Koruma**, 10(2): 193-197.
- Sefalı, A. 2020. Türkiye’de bulunan *Brassica* türlerinin biyolojisi ve ekonomik önemi. Bitkilerin Ekonomik Önemine Genel Bir Bakış. (Gıdık, B., Serencam, H. Eds.), İksad Yayınevi, (1): 5-39, Ankara.
- Selvi, S., Aladı, H.İ., Paksoy, M.Y. 2019. Micromorphological and anatomical investigations on *Conringia* Heist. Ex Fabr. **Bangladesh J. Botany**, 48(4): 1153-1162.
- Sevindik, E., Paksoy, Y.M., Aydoğan, M., Topseçer, F. 2020. Genetic variation and molecular relationships taxa of *Conringia* Heist. ex Fabr.(Brassicaceae) based on RAPD markers in Turkey. **Genetika**, 52(1): 107-114.
- Shaw, J., Lickey, E.B., Schilling, E.E., Small, R.L. 2007. Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare III. **American Journal of Botany**, 94(3): 275-288.
- Sıralı, R., Uğur, A., Zambı, O., Dikmen, A., Çağlar, S. 2013. Turpgiller (Brassicaceae) familyasına ait bazı türlerin arıcılık açısından önemi. **Akademik Ziraat Dergisi**, 2(2): 107-115.
- Simon-Porcar, V.I., Perez-Collazos, E., Catalan, P. 2015. Phylogeny and systematics of the western Mediterranean *Vella pseudocytisus* – *Vella aspera* complex (Brassicaceae). **Turkish Journal of Botany**, 39(3): 472-486.
- Simonsen, M., Mailund, T., Pedersen, C.N. 2008. Rapid neighbour-joining. **Algorithms in Bioinformatics**, 5251: 113–122.

- Soltis, D.E., Soltis, P.S., Milligan, B.G. 1992. Intraspecific chloroplast DNA variation: systematics and phylogenetic implications. **Molecular Systematics of Plants**, 117–150.
- Somlyay, L. 2011. Distribution of *Conringia austriaca* (Brassicaceae) in Hungary and ITS phytogeographical significance in Central Europe. **Annales Historico-Naturales Musei Nationalis Hungarici**, 103: 5-22.
- Şenkul, Ç., Kaya, S. 2017. Türkiye endemik bitkilerinin coğrafi dağılışı. **Türk Coğrafya Dergisi**, 69: 109-120.
- Taberlet, P., Gielly, L., Patou, G., Bouvet, J. 1991. Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA. **Plant Molecular Biology**, 17(5): 1105-1109.
- Taiyan, Z., Lianli, L., Guang, Y., Al-Shehbaz, I.A. 2001. Brassicaceae (Cruciferae). In Flora of China. **Missouri Botanical Garden Press**, 8: 1–193.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. 2013. MEGA 6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. **Molecular Biology and Evolution**, 30: 2725-2729.
- Thompson, J.D., Higgins, D.G., Gibson, T.J. 1994. CLUSTALW: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. **Nucleic Acids Symposium Series**, 22: 4673-4680.
- TÜBİVES, 2020. [<http://www.tubives.com/>], Erişim Tarihi: 5.12.2020.
- Vrijenhoek, R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. **Molecular Marine Biology and Biotechnology**, 3(5): 294-299.
- Warwick, S.I., Francis, A., Al-Shehbaz, I.A. 2006. Brassicaceae: Species checklist and database on CD-Rom. **Plant Systematics and Evolution**, 259: 249-258.
- Warwick, S.I., Gugel, R.K., Gómez-Campo, C., James, T. 2007. Genetic variation in *Eruca vesicaria* (L.) Cav. **Plant Genet Resour Charat Util**, 5(3): 142–153.
- Warwick, S.I., Mummenhoff, K., Sauder, C.A., Koch, M.A., Al-Shehbaz, I.A. 2010. Closing the gaps: phylogenetic relationships in the Brassicaceae based on DNA sequence data of nuclear ribosomal ITS region. **Plant Systematics and Evolution**, 285(3-4): 209-232.

- Warwick, S.I., Sauder, C. 2005. Phylogeny of tribe *Brassiceae* (Brassicaceae) based on chloroplast restriction site polymorphisms and nuclear ribosomal internal transcribed spacer and chloroplast *trnL* intron sequences. **Canadian Journal of Botany**, 83(5): 467-483.
- Warwick, S.I., Sauder, C.A., Al-Shehbaz, I.A. 2008. Phylogenetic relationships in the tribe *Alysseae* (Brassicaceae) based on nuclear ribosomal ITS DNA sequences. **Canadian Journal of Botany**, 86(4): 315–336.
- Watson, R.R., Preedy, V.R. (Eds.) 2010. Bioactive foods and extracts: Cancer treatment and prevention. **CRC Press**, 1: 1-643.
- West, A.P., Shadel, G.S., Ghosh, S. 2011. Mitochondria in innate immune responses. **Nature Reviews Immunology**, 11(6): 389-402.
- White, T.J., Bruns, T.D., Lee, S.B., Taylor, J.W. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. (Innis, M.A., Gelfand, D.H., Sninsky, J.J., White, T.J. Eds.), PCR protocols: a guide to methods and applications. **Academic Press**, 18(1): 315-322.
- Yamaguchi, A., Kawamura, H., Horiguchi, T. 2006. A further phylogenetic study of the heterotrophic dinoflagellate genus, *Protooperidinium* (Dinophyceae) based on small and large subunit ribosomal RNA gene sequences. **Phycological Research**, 54(4): 317–329.
- Yan, Z. 1990. Overview of rapeseed production and research in China. **Proceedings of the International Canola Conference Potash & Phosphate Institute**, 29–35.
- Yang, J.Y., Pak, J.H. 2006. Phylogeny of Korean *Rubus* (Rosaceae) based on ITS (nrDNA) and *trnL/F* intergenic region (cpDNA). **Journal of Plant Biology**, 49(1): 44-54.
- Yeşiltaş, B.N., Kolören, O. 2019. Ordu ve Giresun illerindeki *Sicyos* türlerinin moleküler karakterizasyonu. **Türkiye Herboloji Dergisi**, 22(1): 37-44.
- Yoshida, R., Nei, M. 2016. Efficiencies of the NJp, maximum likelihood and Bayesian methods of phylogenetic construction for compositional and noncompositional genes. **Molecular Biology and Evolution**, 33(6): 1618-1624.
- Zhao, B., Liu, L., Tan, D., Wang, J. 2010. Analysis of phylogenetic relationships of Brassicaceae species based on *Chs* sequences. **Biochemical Systematics and Ecology**, 38(4): 731-739.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Melike AYDOĞAN

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi : 2014/2018 Aydın Adnan Menderes Üniversitesi

Ziraat Fakültesi

Yüksek Lisans Öğrenimi : Devam Ediyor

Yabancı Diller : İngilizce

BİLİMSEL FAALİYETLERİ

- Sevindik, E., Paksoy, M.Y., Topseçer, F., Aydoğan, M. 2019. Phylogenetic Analysis of *Chrysochamela* (Fenzl) Boiss. (Brassicaceae) Taxa Growing in Turkey. **Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology**, 7(12): 2129-2132.

- Sevindik, E., Paksoy, M.Y., Aydoğan, M., Topseçer, F. 2020. Genetic variation and molecular relationships taxa of *Conringia* Heist. ex Fabr. (Brassicaceae) based on RAPD markers in Turkey. **Genetika**, 52(1):107-114.

Tarih : 30.03.2021