

**Türkiye’de Doğal Yayılış Gösteren Bazı *Pistacia* L. Türlerinin ITS Gen Bölgesi Kullanılarak  
Dünya’da ki Diğer Türlerle Moleküler Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesi**  
**Molecular Phylogenetic Relationships of Some *Pistacia* L. species Native to Turkey and  
the World Based on ITS Gene Region**

Mevlüde Alev ATEŞ<sup>1</sup> Zeynep YILDIRIM<sup>2</sup> Duygu YAĞAN<sup>3</sup>

**Öz:**

*Pistacia* L. türleri *Anacardiaceae* (Sakızağacıgiller) familyasına ait, bazen her dem yeşil olan bazen de yaprak döken, boyu 5-15 m’ye kadar ulaşabilen dioik ve küçük ağaç özelliği gösteren bitkilerdir. Özellikle *Pistacia vera* (Antep Fıstığı)’nın yetiştirilme alanı açısından Türkiye, Dünya’da stratejik bir konuma sahiptir. *Pistacia vera*’nın bazı durumlarda *Pistacia* L. cinsine ait türlerden aşılama yapılarak üretilmesi, türler arasındaki hibridizasyonu hızlandırmış ve karışık bir filogenetik ilişkiyi ortaya çıkarmıştır. Günümüzde ITS gen bölgesi hızlı çoğaltılabilir ve sayıca kopyasının çok olması sebebiyle moleküler filogenetik ilişkilendirme çalışmalarında sıklıkla kullanılan bir bölge olmuştur. Bu çalışmada Dünya’da çeşitli alanlarda yayılış gösteren *Pistacia* L. türlerinin filogenetik ilişkileri anlamlandırılmaya çalışıldı. NCBI veribankasından alınan 13 türün ITS gen bölgelerine ait sekanslar MEGA programı vasıtasıyla analiz edilmiş ve BEAST paket programları kullanılarak da filogenetik ilişki ağacı çizdirilmiştir. Elde edilen veriler ışığında çizdirilen filogenetik ağaçta Dünya’daki *Pistacia* L. türlerinin birbirine olan genetik mesafeleri belirlemiş ve türler arası akrabalık dereceleri ortaya çıkarılmıştır. Sonuç olarak bu genetik mesafeler gelecekte yapılacak klasik ıslah çalışmalarına destekleyici ve kolaylaştırıcı bilgiler içermektedir.

**Anahtar sözcükler:** *Pistacia* L., BEAST, ITS, moleküler filogenetik, taksonomi

<sup>1</sup> Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kırşehir, Türkiye, Sorumlu Yazar: malevates@ahievran.edu.tr

<sup>2</sup> Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kırşehir, Türkiye,

<sup>3</sup> Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kırşehir, Türkiye,

**Abstract:**

*Pistacia* L. species which belongs to *Anacardiaceae* (Sakızağacıgiller) family are sometimes evergreen sometimes deciduous trees that are 5-15cm long. Turkey has an important role in the World for producing *Pistacia vera*. In many situations wild *Pistacia* species were used as a fertilizer of *Pistacia vera* cultivars. So, this kind of applications would support hybridizations among species. Therefore, complex phylogenetic relationships were obtained within *Pistacia* L. species. Especially ITS region was mostly preferred for molecular phylogenetic studies due to its highly repeated in number in plant genomes and large copy numbers that support PCR amplification. In the current study, some *Pistacia* L. species were studied to clarify genetic relationships belong genus members through the World. Related sequences were obtained from NCBI database and statistics were analyzed in MEGA X software. Phylogenetic tree was constructed via BEAST program package. According to the analysis, all genetic relationships of *Pistacia* L species were indicated, and all genetic similarities were clarified. Consecutively, all these molecular genetic distances would be used with classical methods in order to support breeding strategies of *Pistacia* L. species.

**Keywords:** *Pistacia* L., BEAST, ITS, molecular phylogeny, taxonomy

**Giriş:**

“Yeşil Altın Ağacı” olarak da bilinen fıstık (*Pistacia* L.), Sakızağacıgiller (*Anacardiaceae*) familyasının ekonomik açıdan en önemli cinslerinden biridir (Stevens, 2008; Aliakbarkhani ve ark., 2015). *Pistacia* L. cinsinin 800 milyon yıl önce Orta Asya’dan köken aldığına inanılsa da (Parfitt ve Badenes, 1997; AL-Saghir, 2009) daha sonraları buna doğal yayılış alanı olarak Filipinler’den Texas a kadar birçok yeni bölge eklenmiştir (AL-Saghir, 2010). Türkiye, Kuzey Yarımküre ’de antep fıstığının gen merkezinin içinde yer almaktadır. Sadece yetiştiriciliği yapılan *Pistacia vera* türü dışında, diğer yabancı türleri de ülkemizde birçok yerde görülmektedir (Köroğlu ve Köksal, 1998). *Pistacia* L. cinsine ait türler sadece ekonomik öneme değil ayrıca ekolojik öneme de sahiptirler. *P. vera* dışında ülkemizde *P. terebinthus* türü ve *P. lentiscus* türleri de ekonomik açıdan oldukça değerlidir. Menengiç yada çitlembik olarak da bilinen *P. terebinthus* türleri halk arasında içecek ve gıda katkı maddesi olarak kullanılmaktadır. Yine Sakız ağacı olarak da bilinen *P. lentiscus* türü ülkemiz için oldukça önemlidir. Sadece Akdeniz iklim kuşağında yer alan ülkelerde yetişen bitki, genellikle aromatik tatlandırıcı olarak kullanılmaktadır (Kafkas ve ark.,2002).

Cinse ait sınıflandırma çalışmaları ilk olarak Zohary (1952) tarafından yapılmasına rağmen takip eden yıllarda pek fazla araştırma yapılmamıştır. Günümüze yakın olarak önce AL-Yafi

(1978) yaprak morfolojilerine dayanarak bir sınıflandırma yapmış olsa da yakın zamanda EL-Oqlah (1996), Ürdün’deki türleri morfolojik olarak sınıflandırmıştır. Ayrıca Kafkas ve ark. (2002)’da Türkiye türlerini morfolojik olarak sınıflandırmış ve diğer *Pistacia* türleri ile gen havuzu oluşturmak için çalışmalar yapmıştır. Zohary’nin taxonomik verileri üzerine epey karmaşık sorular sorulmaya başlanınca, türler arasında moleküler filogenetik ilişkilerin de yapılması gerekliliği ortaya çıkmıştır. Ayrıca *Pistacia* türleri tür içi hibritleşme ve iklimsel değişikliklere açık olmaları sebebiyle moleküler seviyede taksonomi çalışmalarına ihtiyaç duyulmuştur (AL-Saghir,2010). Daha sonraları moleküler bilgilerin hızla artmasıyla Kafkas ve ark. (2001) *Pistacia L.*’e ait genetik varyasyonları RAPD (Random Amplified Polimorphic DNA) tekniği ile sınıflandırmış ve klasik taksonomiye farklı bir bakış katmıştır. Günümüze kadar birçok araştırmacı *Pistacia* türleri ile ilgili moleküler çalışmalar yapmıştır (Barazani ve ark.,2003; Katsiotis ve ark., 2003; Golan-Goldhirsh ve ark.,2004; Yi ve ark., 2008; Kafkas ve ark., 2015; Talebi ve ark., 2016; Motalebipour ve ark., 2016). Son yıllarda genomik DNA üzerindeki ITS (ITS1+5.8S+ITS2) (Internal Transcribe Spacer) bölgesi türler arası genetik mesafelerin ölçümü için araştırmacılar tarafından sıklıkla kullanılmaktadır. Özellikle kolay elde edilebilirliği, PZR (Polimer Zincir Reaksiyonu) sırasında kolay çoğaltılması ve çoklu kopya sayısı sebebiyle bitki moleküler filogenetik çalışmalarında önemli bir yere sahip olmuştur (Rogers ve ark.,1987; Hamby ve ark, 1992; Yi ve ark., 2008).

Bu çalışmada, NCBI (National Center of Bionformatic Information) veri bankasında kayıtlı *Pistacia L.* türlerine ait çalışmalardan alınan sekanslar yardımıyla Dünya’daki *Pistacia L.* türlerinin aralarındaki ITS gen bölgelerine dayalı moleküler filogenetik ilişkileri belirlenmeye çalışılmıştır.

## **Materyal ve Metot**

*Pistacia* türlerine ait ITS gen bölgesi dizileri NCBI veri bankasından alınmış (Çizelge 1) ve analizleri yapılmak üzere düzenlenmiştir. Farklı türlere ait 13 adet sekans MEGA X (Molecular Evolutionary Genetic Analysis) (Kumar ve ark., 2018) programı vasıtasıyla Kimura-2 parametresi kullanılarak analiz edilmiş ve gerekli istatistikler (%GC(Guanin-Cytosine) içeriği, korunan baz çifti sayısı, çeşitlilik gösteren baz çifti sayısı, türler arası ortalama genetik mesafe) MUSCLE (Multiple Sequence Comparison by Log Expectation) (Edgar, 2004) paketi ile hesaplatılmıştır. Ardından, türler arası mesafenin gösterilmesi için filogenetik ağaç BEAST (Bayesian Evolutionary Analysis by Sampling Trees) (Drummond ve ark., 2012) paket programları vasıtasıyla ML (Maksimum Likelihood) ve BI (Bayesian Inference) methodları ile çizdirilmiştir. MCMC (Markov Chain Monte Carlo) algoritmaları ile MCC (Maximum Clade

Credibility) ağacı 10000 kez tekrarlanarak çizdirilmiş ve Tree Annotator programında PP (Posterior Probability) değeri 1 üzerinden sadeleştirilmiştir (Drummond ve ark., 2012).

Çizelge 1. Kullanılan türlerin NCBI veri bankası erişim kodları

Örnekler	Erişim Kodları	Çalışmalar
<i>Pistacia atlantica x Pistacia vera</i>	HE652101.1	Aznarte-Mellado, 2014
<i>Pistacia weinmaniifolia</i>	KF664191.1	Xie, 2014
<i>Pistacia terebinthus subsp. palaestina</i>	EF193097.1	Yi, 2008
<i>Pistacia mexicana</i>	EF193088.1	Yi, 2008
<i>Pistacia lentiscus</i>	KY549575.1	Marengo, 2018
<i>Pistacia x saportae</i>	KY549571.1	Marengo, 2018
<i>Pistacia cucphuongensis</i>	KF664187.1	Xie, 2014
<i>Pistacia aethiopica</i>	KF664185.1	Xie, 2014
<i>Pistacia khinjuk</i>	KJ018024.1	Dosmanfana, 2014
<i>Pistacia atlantica</i>	KJ018023.1	Dosmanfana, 2014
<i>Pistacia vera</i>	KJ018022.1	Dosmanfana, 2014
<i>Pistacia integerrima</i>	EF193081.1	Yi,2008
<i>Pistacia chinensis</i>	EF193080.1	Yi,2008
<i>Pistacia vera</i> (cultivar)	MH444724.1	Mannino, 2018
<i>Cotinus obovatus</i>	KF681990.1	Lee,2004
<i>Cotinus coggygia</i>	AY510157.1	Lee,2004

## Bulgular

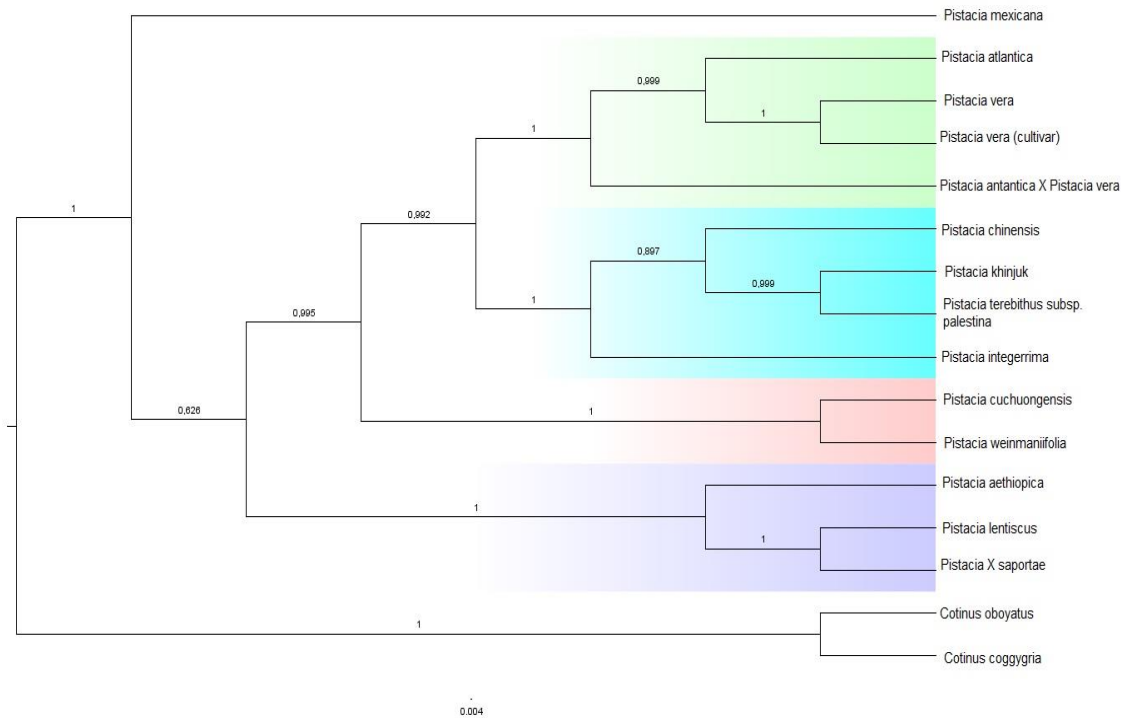
ITS gen bölgesine ait sekanslar analiz edildiğinde 698 baz çifti uzunluğunda oldukları görülmüştür. Bunlardan 591 tanesi korunan bölgeye ait baz dizilerini oluşturmaktayken 100 tanesi de çeşitlilik içermektedir. Çeşitliliğin 47 tanesi tek baz değişimi içeren çeşitlilik bölgesine ait baz dizileri iken 53 tanesi ise parsimonik bilgi taşıyan baz dizileri oldukları tespit edilmiştir. GC oranı ise %51'dir ve bu doğru bölgenin çoğaltıldığını göstermektedir. Çalışılan türler arası ortalama genetik farklılık ise 0.041'dir ve bu değer bize türler arası genetik

mesafenin azlığını işaret etmektedir. Çizelge 2’de görüldüğü gibi türlerin aralarındaki genetik mesafelere bakıldığında en yakın türler *Pistacia x saportae* ile *Pistacia lentiscus* türleri olduğu görülürken (0,001) en uzak tür ise *Pistacia atlantica x Pistacia vera hibriti* ile *Pistacia lentiscus* türü olduğu görülmektedir (0,079).

Filogenetik ağaçlar çizdirilirken çalışılan türlere yakın aynı aileye mensup türler de genetik mesafelerin daha net görülmesi için dış grup olarak kullanılırlar. Bu amaçla *Cotinus obovatus* ve *Cotinus coggygria* (Çizelge 1) türlerinin sekansları da dış grup olarak analize dahil edilmişlerdir. BEAST programı yardımıyla ITS gen bölgesine ait sekanslar kullanılarak ve JC (Jukes Cantors) parametreleri ile çizdirilen filogenetik ağaç (Şekil1) göstermektedir ki türler 2 ana gruba ayrılmışlardır. Tek başına *P. mexicana* diğer türlerden apayrı bir pozisyon alırken diğer ana grubu oluşturan türlerden *P.aethiopica*, *P.lentiscus* ve *Pistacia x sportae* tek bir alt grubu oluşturmuşlardır (pp değeri 0,626). Diğer alt grubu oluşturan türlerden *P. cucphuongensis* ve *P. weinmaniifolia* düşük probability değeri ile (0,995) diğer türlerden ayrı bir alt küme oluştururlarken, en yakın olarak ise *P. khinjuk* ve *P.terebinthus subsp. palaestina* (0,999) ile *P.integerrima* ve *P.chinensis*(0,897) türleri yer almaktadırlar.

Çizelge 2. MEGA X programı ile analiz edilmiş *Pistacia L.* 'e ait türler arası genetik mesafeler

<i>Pistacia L.</i> türleri arasındaki genetik mesafeler	<i>Pistacia_atlantica</i> <i>Pistacia_vera</i>	<i>Pistacia_weinmannifolia</i>	<i>Pistacia_terebinthus_subsp_palaestina</i>	<i>Pistacia_mexicana</i>	<i>Pistacia_lentiscus</i>	<i>Pistacia_saportae</i>	<i>Pistacia_cucphuongensis</i>	<i>Pistacia_aethiopia</i>	<i>Pistacia_khinjuk</i>	<i>Pistacia_atlantica</i>	<i>Pistacia_vera</i>	<i>Pistacia_integerrima</i>	<i>Pistacia_chinensis</i>	<i>Pistacia_vera_cultivar</i>
<i>Pistacia_atlantica</i>														
<i>Pistacia_vera</i>														
<i>Pistacia_weinmannifolia</i>	0,064													
<i>Pistacia_terebinthus_subsp_palaestina</i>	0,056	0,030												
<i>Pistacia_mexicana</i>	0,068	0,033	0,036											
<i>Pistacia_lentiscus</i>	0,079	0,058	0,063	0,061										
<i>Pistacia_saportae</i>	0,076	0,057	0,060	0,060	0,001									
<i>Pistacia_cucphuongensis</i>	0,065	0,010	0,030	0,032	0,054	0,052								
<i>Pistacia_aethiopia</i>	0,075	0,055	0,057	0,057	0,024	0,022	0,052							
<i>Pistacia_khinjuk</i>	0,055	0,028	0,007	0,034	0,061	0,058	0,027	0,057						
<i>Pistacia_atlantica</i>	0,050	0,034	0,025	0,034	0,064	0,061	0,031	0,060	0,024					
<i>Pistacia_vera</i>	0,044	0,037	0,030	0,037	0,061	0,058	0,035	0,057	0,028	0,015				
<i>Pistacia_integerrima</i>	0,047	0,025	0,010	0,031	0,056	0,053	0,025	0,052	0,012	0,024	0,022			
<i>Pistacia_chinensis</i>	0,056	0,027	0,012	0,033	0,060	0,058	0,027	0,055	0,013	0,025	0,030	0,010		
<i>Pistacia_vera_cultivar</i>	0,044	0,037	0,030	0,037	0,061	0,058	0,035	0,057	0,028	0,015	0,000	0,022	0,030	



**Şekil 1.** 13 türe ait ITS gen bölgesine dayalı Bayesiyen filogenetik ağacı. Olasılık değerleri (PP) en fazla yakınlığın (ML) ölçülmesi için 10000 tekrarla çizdirilmiş ve her dal için verilmiştir.

## Tartışma

Çalışmada analizleri yapılan türlere ait ITS gen bölgeleri toplamda 698 baz çifti oldukları görülmüştür. Bunlarda 53 tanesi program tarafından genetik mesafeleri ölçmedeki kriter olarak öncelikli kullanılan parsimonik bilgileri içermektedir. Sonuçlar *Pistacia* L. türleri arası genetik mesafenin çok küçük olduğunu ve türlerin birbirleri ile çok yakın türler olduğunu göstermektedir.

Ekonomik önemi büyük olan *Pistacia* L. türlerine ait moleküler çalışmalar son yıllarda artmasına rağmen henüz yeterli seviyede değildir. Motalebipour ve ark. (2016), bazı *Pistacia* türlerine ait genlerin lokasyonları ve allelleri üzerine 136 bölgesel SSR (Single Nucleotide Repeats) çalışması yapmışlardır. Bulgularına göre 6 tür birbirinden kolaylıkla ayırt edilebilmektedir. *P. vera* türüne ait farklı lokasyonlardan alınan örnekler ise tür içi hibritleşmeye maruz kaldıkları bazı allellerle belirlenmiştir. Bu bölgelere dayalı çizdirdikleri UPGMA (Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean) filogenetik ağacı, çalışmamızda elde ettiğimiz filogenetik ağaç ile uyumludur ve desteklemektedir. Talebi ve ark. (2016) yaptıkları araştırmada, kloroplast DNA’sına ait 4 farklı gen bölgesi (*atpB-rbcl*, *trnC-petN*, *psbM-trnD* ve *petN-psbM*) kullanmışlardır. Neighbour Joining (NJ) methodu ile tüm bölgelerin sekanslarını kullanarak çizdirdikleri filogenetik ağaca göre *P. palaestina* ve *P. terebinthus* türleri *P. integerrima* türünden farklı bir alt grup oluştururlarken, *P. lentiscus* türü tamamen çalışılan türlerden ayrı tek bir ana grup oluşturmuştur. Bu sonuç çalışmamızda JC parametreleri ile ML methodu kullanarak çizdirdiğimiz filogenetik ağaç ile uyumludur ve desteklemektedir. Katsiotis ve ark. (2003) yaptıkları çalışmada ise RAPD ve AFLP tekniklerini *Pistacia* L. türlerine uygulamışlar ve elde ettikleri ağaca göre iki farklı sonuç çıkarmışlardır. RAPD tekniği ile yapılan uygulamada NJ parametresine dayalı çizdirdikleri ağaca göre *P. lentiscus* ve *P. chinensis* türleri aynı alt dalda yer alırken AFLP tekniği ile çizdirdikleri ağaçta bu türler farklı alt gruplarda yer almaktadırlar. Bu çalışmada kullanılan genomik DNA ya ait ITS bölgesine ait veriler AFLP bölgesine ait verileri desteklemektedir. Kozhoridze ve ark. (2015) *Pistacia* L. türlerinin dünyadaki coğrafik dağılışı ve göç yolları ile ilgili yaptıkları çalışmalarında kullandıkları kriterlere göre elde ettikleri ilişkilerde türlerin birbirlerine çok yakın oldukları ve morfolojik özelliklerinin birbirlerine çok benzerlik gösterdiklerini belirtmişlerdir. Özellikle *P. lentiscus* türünün *P. palaestina* ve *P. terebinthus* türü ile çok kolaylıkla hibritleşebildiğini ve *Pistacia x saportae* türünü oluşturduklarını belirtmişler ve Zohary (1995)’yi desteklemişlerdir. Bu birleşimin ekolojik nişe göre dağılımı desteklediği ve türleşme açısından bu nişi yansıttığını vurgulamışlardır. Çalışmamızda elde ettiğimiz verilerin

yorumlanması konusunda bu ekolojik verilere dayalı örnek çalışma destekleyici olmuştur. Fakat coğrafik mesafelere dayalı çizdirdikleri ilişkilendirme ağacı çalışmamızda kullandığımız gen bölgesine ait verilerle çizdirilen ağaç ile benzer değildir. Bu da genetik yapının ve coğrafik koşullara uyumun daha sonra çalışılabilinecek bir konu olduğunu göstermektedir. Yi ve ark. (2008) yaptıkları çalışmada genomik DNA'dan ITS ve *NIA-i3* kloroplast DNA'sından *ndhf*, *trnL-F* ve *trnC-trnD* bölgelerini kullanmışlardır. Elde ettikleri veriler ışığında ITS bölgesine dayalı çizdirdikleri filogenetik ağaçta *P. weinmannifolia* tıpkı bir dış grup gibi ağacın en dış dalında tek başına bir grup oluştururken, bu çalışmada çizdirilen ağaçta ise *P. cucphuongensis* türü ile alt dallarda yer almıştır. Yine *P. vera* ve *P. kjunk* türleri çizdirdikleri ağaçta aynı alt dalda yer alırken, bu çalışmada çizdirilen ağaçta birbirlerinden genetik olarak uzak oldukları görülmektedir. Son olarak çalışmada kullandıkları *P. palestina* ve *P. terebinthus* türleri birbirlerine çok yakın pozisyon alırlarken, bu çalışmada kullanılan *P. terebinthus subsp. palestina* türünün varlığı bu durumu desteklemektedir. Engler (1936) ve Yaltirik (1967) yaptıkları sistematik çalışmalarda bu iki türün birleştirilmesi ve *P. palestina*'nın *P. terebinthus*'un birçok morfolojik benzerlik gereği alt türü olarak isimlendirilmesini gerektiğini belirtmişlerdir. Çalışmalardaki bu genetik yakınlık bu şekilde isimlendirilmesinin doğruluğunu desteklemektedir. Tüm bu farklılıklar ve benzerlikler *Pistacia* L. türlerinin yetiştikleri bölgelerde birbirleriyle hibritleşme konusunda kolayca ekolojik duruma uyum sağlanmalarıyla açıklanabilir. Her iki çalışmada da aynı bölge kullanılmasına rağmen küçük de olsa farklı moleküler filogenetik ağaçların görülmesi hem örneklerin alındıkları bölgeler hem analiz yöntemlerinin farklılığının hem de türlerin türleşme potansiyellerinin devam ettiğinin gerekçeleri olarak görülebilir.

## Sonuç

Tüm bu veriler ışığında söylenebilir ki, Dünya'daki ekonomik önemi göz önüne alındığında *Pistacia* L. türlerine ait çalışmalar günden güne değer kazanmaktadır. Gerek morfolojik gerek ekolojik gerekse genetik çalışmalar *Pistacia* L. türlerinin tür içi hibritleşmelerinin oldukça yoğun olduğu ve özellikle tozlaştırıcı unsurların yardımıyla buldukları bölgelerden çok daha uzak yerlerdeki *Pistacia* L. türleri ile kontrolsüz hibritleşerek yeni türler meydana getirmeye açık oldukları görülmektedir. Dolayısıyla türleşmenin bu türler için halen devam ettiği söylenebilir. Ayrıca klasik ıslah çalışmalarının morfolojik verilere göre yapıldığı düşünülürse moleküler verilerin ve filogenetik ilişkilerin klasik ıslah yöntemlerini kolaylaştırmak adına oldukça yararlı olduğu görülmektedir. Gelecek çalışmalarda daha çok ve farklı gen bölgeleri



kombinasyonları ve daha fazla örnekler ile daha kapsamlı bulgular elde edilerek *Pistacia L.* cinsine ait çalışmalara katkıda bulunulabilir.

## Kaynaklar

- Aliakbarkhani, S. T., Akbari, M., Hassankhah, A., Talaie, A., and Moghadam, M. F. ,2015. Phenotypic and genotypic variation in Iranian Pistachios. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 13(2), 235-241.
- AL-Saghir M. G. 2009. Evolutionary history of the genus Pistacia (Anacardiaceae). *International Journal of Botany*, 5(3), 255-257.
- AL-Saghir, M. G. 2010. Phylogenetic analysis of the genus Pistacia L.(Anacardiaceae) based on morphological data. *Asian Journal of Plant Sciences*, 9(1), 28.
- AL-Yafi, J. 1978. New characters differentiating Pistacia atlantica subspecies. *Candollea*.
- Aznarte-Mellado, C., Sola-Campoy, P. J., Robles, F., Rejón, C. R., de la Herrán, R., Navajas-Pérez, R. 2014. Molecular characterization of the interspecific hybrid Pistacia vigros (P. vera L.× P. atlantica Desf.). *Scientia Horticulturae*, 179, 180-183.
- Barazani, O., Dudai, N., and Golan-Goldhirsh, A. , 2003. Comparison of Mediterranean Pistacia lentiscus genotypes by random amplified polymorphic DNA, chemical, and morphological analyses. *Journal Of Chemical Ecology*, 29(8), 1939-1952.
- Drummond, A. J., Suchard M. A., Xie D., Rambaut A.,2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology And Evolution*, 29(8), 1969-1973.
- Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5): 1792-1797.
- Engler , A . 1936. Syllabus der Pfl anzenfamilien, vol 11. Gebriüder Borntraeger, Berlin, Germany.
- El-Oqlah, A. A. 1996. Biosystematic research on the genus Pistacia in Jordan. In Taxonomy, distribution, conservation and uses of Pistacia genetic resources. Proceedings of the IPGRI Workshop (Vol. 29, pp. 12-19).
- Golan-Goldhirsh, A., Barazani, O., Wang, Z. S., Khadka, D. K., Saunders, J. A., Kostiukovsky, V., Rowland, L. J. ,2004. Genetic relationships among Mediterranean Pistacia species evaluated by RAPD and AFLP markers. *Plant Systematics and Evolution*, 246(1-2), 9-18.
- Hamby, R. K., Zimmer E. A., Soltis P. S., Soltis D. E., and Doyle J. J., 1992. Molecular systematics of plants. Chapman and Hall, New York, 50-91.
- Kafkas, S., Kafkas, E., and Perl-Treves, R. ,2002. Morphological diversity and a germplasm survey of three wild Pistacia species in Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 49(3), 261-270.
- Kafkas, S., Khodaeiaminjan, M., Güney, M., and Kafkas, E., 2015. Identification of sex-linked SNP markers using RAD sequencing suggests ZW/ZZ sex determination in Pistacia vera L. *BMC Genomics*, 16(1), 98.
- Katsiotis, A., Hagedimitriou, M., Drossou, A., Pontikis, C., and Loukas, M. ,2003. Genetic relationships among species and cultivars of Pistacia using RAPDs and AFLPs. *Euphytica*, 132(3), 279-286.
- Kozhoridze, G., Orlovsky, N., Orlovsky, L., Blumberg, D. G., and Golan-Goldhirsh, A., 2015. Geographic distribution and migration pathways of Pistacia–present, past and future. *Ecography*, 38(11), 1141-1154.
- Körođlu, M., and Köksal, A. İ.,1998. Türkiye’de Yetiştirilen Bazı Antepfıstığı (Pistacia vera L.) Çeşitlerinde Yağ Miktarı ve Yağ Asitlerinin Deđişimi Üzerine Farklı Tozlayıcı Türlerin Etkileri. *Tarım Bilimleri Dergisi* 4(3), 24-29.

- Kumar, S., Stecher G., Li M., Knyaz C., and Tamura K., 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35:1547-1549.
- Lee, W. K., Kim, M. J., Heo, K., 2004. Phylogeny of Korean Rhus spp. based on ITS and rbcL sequences. *Korean Journal of Medicinal Crop Science*, 12(1), 60-66.
- Marengo, A., Piras, A., Falconieri, D., Porcedda, S., Caboni, P., Cortis, P., ... & Maxia, A., 2018. Chemical and biomolecular analyses to discriminate three taxa of Pistacia genus from Sardinia Island (Italy) and their antifungal activity. *Natural Product Research*, 32(23), 2766-2774.
- Motalebipour, E. Z., Kafkas, S., Khodaeiaminjan, M., Çoban, N., Gözel, H., 2016. Genome survey of pistachio (*Pistacia vera* L.) by next generation sequencing: development of novel SSR markers and genetic diversity in Pistacia species. *BMC Genomics*, 17(1), 998.
- Parfitt, D. E., and Badenes, M. L. 1997. Phylogeny of the genus Pistacia as determined from analysis of the chloroplast genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 94(15), 7987-7992.
- Rogers, S. O., and Bendich A.J., 1987. Ribosomal RNA genes in plants: variability in copy number and in the intergenic spacer. *Plant Molecular Biology*, 9(5), 509-520.
- Kafkas S., Selim Cetiner, G. D., Perl-Treves, R., Ada Nissim-Levi, A. N., 2001. Development of sex-associated RAPD markers in wild Pistacia species. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 76(2), 242-246.
- Stevens, P. F. 2001. Angiosperm Phylogeny Website. Version 9, June 2008.
- Talebi, M., Akbari, M., Zamani, M., Sayed-Tabatabaei, B. E., 2016. Molecular polymorphism in Pistacia vera L. using non-coding regions of chloroplast DNA. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 14(1), 31-37.
- Xie, L., Yang, Z. Y., Wen, J., Li, D. Z., Yi, T. S., 2014. Biogeographic history of Pistacia (Anacardiaceae), emphasizing the evolution of the Madrean-Tethyan and the eastern Asian-Tethyan disjunctions. *Molecular Phylogenetics And Evolution*, 77, 136-146.
- Yaltirik, F. 1967. Anacardiaceae. Flora of Turkey, 2, 544-548.
- Yi, T., Wen, J., Golan-Goldhirsh, A., Parfitt, D. E., 2008. Phylogenetics and reticulate evolution in Pistacia (Anacardiaceae). *American Journal of Botany*, 95(2), 241-251.
- Zohary, M. 1952. A monographical study of the genus Pistacia. *Palestine Journal of Botany* (Jerusalem Series), 5(4), 187-228.