

## ***Thlaspiceras sensu Meyer Tür Kompleksinin Plastidik *trnQ-5'rps16* Bölgesine Dayalı Filogenisi***

**Barış ÖZÜDOĞRU\*<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Hacettepe Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 06800, Ankara

(Alınış / Received: 23.02.2017, Kabul / Accepted: 16.05.2017, Online Yayınlanma / Published Online: 06.06.2017)

### **Anahtar Kelimeler**

Brassicaceae,  
*Noccaea*,  
Filogeni,  
*Thlaspiceras*,  
*trnQ-5'rps16*

**Özet:** Brassicaceae familyası içerisinde sistematik anlamda en problemli cinslerden birisi *Noccaea* Moench cinsidir ve bu cinsin sınırları ile ilgili tartışmalar hala devam etmektedir. Bu çalışmada bazı yazarlar tarafından hala ayrı bir cins olarak değerlendirilen *Thlaspiceras* tür kompleksine ait 7 tür ve 21 popülasyona ait bireyler ilk defa filogenetik anlamda plastidik *trnQ-5'rps16* bölgesi kullanılarak değerlendirilmiştir. Kullanılan bu genetik belirteç hem filogenetik analizlerde hem de haplotip analizlerinde türleri/popülasyonları sistematik ilişkilerinden ziyade coğrafi yakınlıklarına göre gruplandırmıştır. Bu durumun temel sebebi *N. eigii* ve *N. bovis* örneklerinde olduğu gibi, coğrafi olarak aynı bölgelerde yetişen ancak morfolojik olarak ciddi ölçüde farklılaşmış türlerin aynı haplotipleri paylaşmasıdır. Dolayısıyla da çalışılan örneklerde bu genetik belirteç açısından hem haplotip hem de nükleotid çeşitliliği görece düşüktür.

## **Phylogeny of *Thlaspiceras sensu Meyer Species Complex based on Plastidic *trnQ-5'rps16* Region***

### **Keywords**

Brassicaceae,  
*Noccaea*,  
Phylogeny,  
*Thlaspiceras*,  
*trnQ-5'rps16*

**Abstract:** *Noccaea* Moench is one of the most problematic genera among family Brassicaceae and discussions about its generic circumscription is still ongoing. In this study, 7 species and 21 populations belonging to *Thlaspiceras* species complex, which considered as a separate genus by some authors, were evaluated first time by using plastidic *trnQ-5'rps16* region. This genetic marker grouped species/populations concordantly their geographical range rather than systematic relationships in both phylogenetic and haplotype analyses. The main reason for this, morphologically differentiated sympatric species share same haplotypes as in examples *N. bovis* and *N. eigii*. Thus, both haplotype and nucleotide diversity are relatively low in terms of genetic marker studied.

### **1. Giriş**

*Thlaspiceras* tür kompleksine ait türler uzun yıllar boyunca *Thlaspi* L. cinsi içerisinde değerlendirilmiş olup, Meyer [1-2] tarafından testa anatomisi temel alınarak *Thlaspi* cinsinin 12 farklı cinse bölünmesi sonucunda *Thlaspiceras* F.K.Mey. cinsine transfer edilmişlerdir. Meyer tarafından önerilen bu sistem birçok araştırmacı tarafından kabul görmemiş [3-7], bazı araştırmacılar tarafından ise kısmen kabul edilmiştir [7]. Tohum kabuğunun anatomisi temel alınarak oluşturulan bu yöntem, *Thlaspi* cinsinin sınıflandırmasında fayda sağlasa da, yöntemin pratik olmaması diğer araştırmacıların yaygın bir şekilde kullanımını engellemiştir [8].

Günümüze kadar yapılan birçok moleküler filogenetik çalışma Meyer tarafından önerilen

sistemin büyük ölçüde yapay olduğunu göstermiştir [8-13]. Bununla birlikte bu çalışmalarda *Thlaspi* s.str ve bu çalışmanın konusunu oluşturan *Thlaspiceras* cinsi de dahil olmak üzere geri kalan segregat cinslerin birbirlerinden filogenetik olarak oldukça farklılaşmış cinsler olduğu da ortaya konulmuştur.

2014 yılında Al-Shehbaz tarafından *Thlaspi* s.str cinsindeki 6 tür ve *Noccidium* F.K. Mey cinsindeki 2 tür dışında kalan bütün türler, herhangi bir cins içi sınıflandırma olmaksızın *Noccaea* Moench. cinsine transfer edilmiştir [14]. Bu sebeple çalışmanın sınırlarını belirleyebilmek adına, bu çalışmaya dahil edilen *Noccaea* türleri "*Thlaspiceras* tür kompleksi" şeklinde değerlendirilmiştir.

Çalışmanın konusunu oluşturan *Thlaspiceras* kompleksi Türkiye Florası'nda *Thlaspi elegans* Boiss.

ve *T. oxyceras* Boiss. olmak üzere iki türle temsil edilirken, Floranın ek ciltlerinde (farklı isimler altında) 9 türün ilave edilmesiyle tür sayısı 11'e çıkmıştır [15-16]. Bu türlerin bir kısmı Floranın 1. cildinde *T. oxyceras* türü altında işlenmiş örnekler olup, daha sonradan yeni tür oldukları anlaşılmıştır. Floraya göre oldukça geniş bir yayılışa sahip olan bu tür, yapılan değişikliklerden sonra Amanos Dağlarında noktasal bir yayılışa sahip bir tür haline gelmiştir [17].

Meyer, 11 türü olan *Thlaspiceras* cinsini meyvede ki boynuz karakterini kullanarak *Dolichocarpa* F.K. Mey., *Thlaspiceras* F.K.Mey. ve *Acornuta* F.K.Mey. olmak üzere 3 seri altında incelemiştir [17].

*Thlaspiceras* tür kompleksini oluşturan 11 türden yalnızca *N. huber-morathii* F.K.Mey. ve *N. cappadocica* (Boiss. & Balansa) Al-Shehbaz İran -Turan fitocoğrafik bölgesinde bulunmaktadır. Akdenizli türlerden ise Mersin ve Adana'da yayılış alanlarına sahip *N. elegans* (Boiss.) Al-Shehbaz türü dışında kalan 9 tür dünya üzerinde sadece Amanos dağlarında bulunmakta olup birçoğu bu dağ silsilesi içerisinde simpatrik bir yayılışa sahiptir [17].

Bu çalışmanın temel amacı *Thlaspiceras* tür kompleksi ile ilgili cins düzeyi bir tartışmadan ziyade, bu kompleksi oluşturan türlerin (1) filogenetik ilişkileri ortaya koymak, (2) bu türlerdeki genetik çeşitliliği ortaya koymak ve (3) *Thlaspi* s.sl literatüründe şimdiye kadar kullanılmamış bir genetik belirtecin (*trnQ-5'rps16*) bu tip çalışmalar için kullanılabilirliğini belirlemektir.

## 2. Materyal ve Metot

Çalışmanın materyalini *Thlaspiceras* tür kompleksini temsil eden 7 tür ve bu türlere ait toplamda 21 populasyondan toplanmış ve silikajel içerisinde kurutulmuş yaprak örnekleri oluşturmaktadır. Kullanılan örnekler ait bilgiler Tablo 1'de verilmiştir.

### 2.1. DNA izolasyonu, amplifikasyonu ve dizileme

DNA izolasyonu üretici firmanın protokolü takip edilerek "QIAGEN DNeasy Plant" izolasyon kiti kullanılarak yapılmıştır. Kloroplast DNA'sına ait *trnQ-5'rps16* bölgesinin çoğaltılması için kullanılan ileri ve geri primerler şöyledir: İleri 5'-TTGCTTTYTACCACATCGTTT-3', geri 5'-GCGTGGCCAAGYGGTAAGGC-3'. İleri ve geri DNA dizileri çoğaltılırken hazır mastermix'ler kullanılmış ve karışım final hacim 50 µl olmak üzere şu şekilde hazırlanmıştır: PCR Mastermix 2x (Thermo K0171)=25 µl, ileri primer (0.5 nM)=0.5 µl, geri primer (0.5 nM)=0.5 µl, su=23 µl, DNA= 1 µl. PCR cihazı 80 °C'de 5 dakika, 30 döngüde (95 °C'de 1 dakika, 50 °C'de 1 dakika, 65 °C'de 4 dakika) ve 65 °C'de 5 dakika olacak şekilde ayarlanmıştır [18].

Polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltılan DNA bölgeleri %1.5'lük agaroz jel çözeltisinde yürütülerek kontrol edilmiştir. Güvenli bir şekilde elde edilen DNA bölgeleri dizileme analizleri için Bioeksen (İstanbul) firmasına gönderilmiş ve geleneksel Sanger dizileme metodu ile diziler elde edilmiştir.

### 2.2. Sekans verilerinin düzenlenmesi ve filogenetik analizler

Dizileme analizinden gelen ham veriler Codon Code Aligner (CodonCode Corporation) programında düzenlenerek her bir birey için konsensüs diziler elde edilmiştir. Bu diziler MEGA 6 [19] programında MUSCLE [20] algoritması ile hizalanmış ve gerek görülen yerlerde manuel olarak düzeltmeler yapılmıştır. Gerçekleştirilen haplotip analizleri ve filogenetik analiz bu hizalanmış veri kullanılarak yapılmıştır.

Bayesian tabanlı filogenetik analizler Beast 1.8 programında 10 milyon zincir uzunluğunda gerçekleştirilmiş ve her 1000 jenerasyonda bir örneklem yapılmıştır [21]. Bu analizde kullanılan mutasyon modeli MEGA programında [19] Akaike information criterion (AIC) kullanılarak HKY olarak belirlenmiştir. Gerçekleştirilen analize ait "efektif örneklem büyüklükleri" Tracer v1.5 [22] programı yardımıyla kontrol edildikten sonra, ağaçların ilk 1000 tanesi (% 10') burn-in olarak atılmış ve treeAnnotater programı kullanılarak geri kalan ağaçlarla bir final ağacı elde edilmiştir.

### 2.3. Genetik çeşitlilik

Nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ), değişken bölge sayısı (DB), özgün haplotip sayısı (HS), ve haplotip çeşitliliği (HÇ) DnaSP programıyla hesaplanmıştır [23]. Ayrıca haplotipler arasındaki en parsimonik bağlantıları bulmak için TCS haplotip şebekeleri Popart programıyla oluşturulmuştur [24-25].

## 3. Bulgular

Çalışılan 21 tane *Thlaspiceras* tür kompleksine ait hizalanmış DNA dizisi toplamda 523 baz uzunluğunda olup, bunlardan boşluk bulunan 24 nükleotid konumu çıkarıldığında, toplamda 490 nükleotid konumu özdeştir. 9 nükleotid konumunda değişkenlik tespit edilmiş olup, bunlardan 4 tanesi parsimoni informatiftir. Çalışılan veri seti için hesaplanan haplotip sayısı 7 olup haplotip çeşitliliği Hç= 0.771, nükleotid çeşitliliği ise  $\pi=0.00421$ 'dir.

346.pozisyonda gözlenen üç farklı baz (T/G/A) haplotip şebekesinde HAP 5, 6 ve 7 arasında bir halka (loop) oluşmasına neden olmuştur (Tablo 2, Şekil 1.).

*N. bovis* türü ve *N. eigii*'nin Hatay Kaledibi örneklerinin 162 ve 172. pozisyonları arasında 9 bazlık, *N. eigii*'nin Hatay Kızıldağ popülasyonuna ait

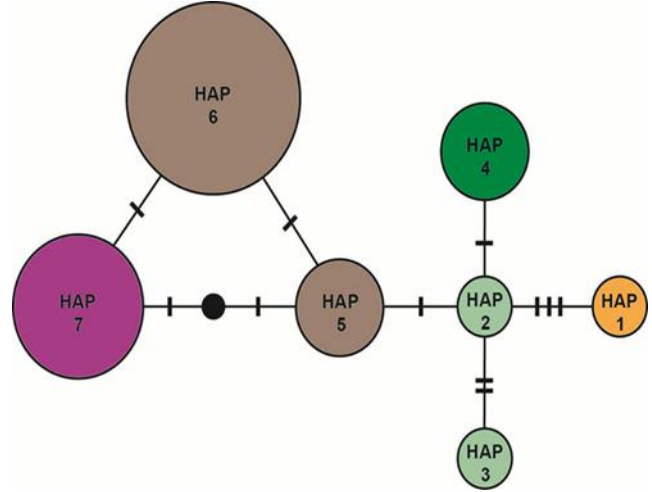
bireylerde de 120-133. baz pozisyonları arasında 12 bazlık birer delesyon gözlenmiştir.

**Tablo 1.** Çalışmada kullanılan türler ve lokalite bilgileri

Tür	Lokalite ve toplayıcı bilgileri
<i>N. huber-morathii</i>	Erzincan: Refahiye'den Erzincan'a 27.km. B. Özüdoğru 3678
<i>N. elegans</i>	Adana: Hamidiye-Büyük Sofulu arası. B. Özüdoğru 3609
<i>N. elegans</i>	Adana: Pozantı, Çetinlik mevki. B. Özüdoğru 3617
<i>N. elegans</i>	Mersin: Çamlıca Köyü- Fındıkpınarı arası K.Özgişi 1013a
<i>N. elegans</i>	Mersin: Erdemli, Tömük, K.Özgişi 1013b
<i>N. meyeri</i>	Osmaniye: Yarpuz -Yağlıpınar arası, B. Özüdoğru 3623
<i>N. meyeri</i>	Osmaniye: Yarpuz köyü çıkışı, Daz yolu, B. Özüdoğru 3628
<i>N. meyeri</i>	Osmaniye: Zorkun, Kötüsü mevki, B. Özüdoğru 3632
<i>N. meyeri</i>	Osmaniye, Koyunmeleten yaylasının güney-batısı, B. Özüdoğru 3640.
<i>N. meyeri</i>	Osmaniye, Koyunmeleten yaylası, B. Özüdoğru 3645
<i>N. bovis</i>	Hatay: Kaledibi Köyü, K.Özgişi 1084b
<i>N. bovis</i>	Hatay:Kızıldağ Maden Barakaları, K. Özgişi 1058a
<i>N. eigii</i>	Hatay: Ziyaret RES- Serinyol Yolu Arası, K. Özgişi 1086
<i>N. eigii</i>	Hatay: Kızıldağ Maden Barakaları, K. Özgişi 1057
<i>N. eigii</i>	Hatay: Kızıldağ, Maden Barakaları, K. Özgişi 1058b
<i>N. rechingeri</i>	Osmaniye: Zorkun-Erzin arası, B. Özüdoğru 3629.
<i>N. rechingeri</i>	Hatay: Dört Yol, K. Özgişi 1077
<i>N. rechingeri</i>	Hatay: Kaledibi Köyü, K. Özgişi 1084c
<i>N. rechingeri</i>	Hatay, Kaledibi Köyü, K. Özgişi 1084a
<i>N. triangularis</i>	Osmaniye: Zorkun Yaylası, B. Özüdoğru 3633.
<i>T. triangularis</i>	Hatay: Alan Yaylası- Kaledibi Arası, K. Özgişi 1085

Haplotip şebekesi incelendiğinde en büyük haplotip *N. meyeri*, *N. rechingeri* ve *N. triangularis* örneklerini

içeren Haplotip 6'dır. *N. meyeri*'nin Osmaniye, Yarpuz yaylası civarından örneklenen iki popülasyonu ise (HAP 5) bu haplotipten 1 nükleotid farklılığa sahiptir. HAP2, 3 ve 4 *N. elegans* türüne ait olup bunlardan HAP4 Adana popülasyonlarını, diğer ikisi ise Mersin popülasyonlarını temsil etmektedir. Coğrafi olarak cinsin geri kalan türlerinden belirgin bir şekilde ayrılan *N. huber-morathii* (HAP 1), haplotip analizlerinde de açıkça görüleceği gibi en yakın haplotipten 3 nükleotid farklılıkla ayrılmaktadır (Şekil 1 ve 2).



**Şekil 1.** trnQ-5' rps16 bölgesine dayalı olarak çizilen haplotip şebekesi. Renkler Şekil 3' te açıklanmıştır.

Bayesian tabanlı gerçekleştirilen filogenetik analizden elde edilen ağaç incelendiğinde *Thlaspiceras* tür kompleksine ait türlerin monofilisinin analiz tarafından desteklenmediği görülmektedir (Şekil 3). Bunun dışında yüksek posterior olasılık değerine sahip nodların türleri sistematik ilişkilerinden ziyade coğrafi yakınlıklarına göre gruplandırıldığı açıkça görülmektedir. Bu durumun tek istisnası yalnızca *N. elegans* türüne ait Mersin'den örneklenmiş iki popülasyonun monofiletik olmamasıdır.

**Tablo 2.** Veri setinde gözlemlenen polimorfik bölgeler

Tür	Değişken nükleotid pozisyonları									
	30	43	55	86	239	248	253	276	346	
<i>N.huber-morathii</i> bo3678	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
<i>N.elegans</i> bo3609	-	-	A	-	G	-	T	G	-	
<i>N.elegans</i> bo3618	-	-	A	-	G	-	T	G	-	
<i>N.elegans</i> ko1013a	-	-	A	-	-	-	T	G	-	
<i>N.elegans</i> ko1013b	C	-	A	G	-	-	T	G	-	
<i>N.meyeri</i> bo3623	-	G	A	-	-	-	T	G	-	
<i>N.meyeri</i> bo3628	-	G	A	-	-	-	T	G	-	
<i>N.meyeri</i> bo3632	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.meyeri</i> bo3640	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.meyeri</i> bo3645	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.bovis</i> ko1084b	-	G	A	-	-	A	T	G	A	
<i>N.bovis</i> ko1058	-	G	A	-	-	A	T	G	A	
<i>N.eigii</i> ko1057	-	G	A	-	-	A	T	G	A	
<i>N.eigii</i> ko1062	-	G	A	-	-	A	T	G	A	
<i>N.eigii</i> ko1086	-	G	A	-	-	A	T	G	A	
<i>N.rechingeri</i> bo3629	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.rechingeri</i> ko1077	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.rechingeri</i> ko1084c	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.rechingeri</i> ko1084a	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.triangularis</i> bo3633	-	G	A	-	-	-	T	G	G	
<i>N.triangularis</i> ko1085	-	G	A	-	-	-	T	G	G	

#### 4. Tartışma ve Sonuç

Filogenetik analiz haplotip şebekesiyle uyumlu olup türleri taksonomik ilişkilerinden ziyade cođrafi konumlarıyla gruplandırmıştır. Örneđin birbirleriyle ciddi morfolojik farklılıklar gösteren *N. rechingeri* ve *N. meyeri* türleri Osmaniye Zorkun civarında simpatrik olarak bulunurlar ve bu bölgeden örneklenen popülasyonlar ortak bir haplotipi paylaşır (HAP 6) monofiletik bir dal oluştururken, *N. meyeri*'nin Yarpuz yaylası popülasyonları farklı bir haplotiple karşımıza çıkmakta ve filogenetik analizde ayrılmaktadır. Benzer bir şekilde meyvelerinde çok ciddi morfolojik farklılık gösterdikleri halde simpatrik yayılışlı *N. eigii* ve *N. bovis* türleri yine cođrafi yakınlıklarından dolayı aynı haplotipi paylaşır (HAP 7) monofiletik bir dal oluşturmaktadır. Bu durumun tek istisnası yukarıda da bahsedildiđi gibi *N. elegans* türünün Mersin popülasyonlarıdır, ancak örneklenen iki popülasyonun birbirlerine görece uzak olmalarından dolayı, çalışmada kullanılan trnQ-5' rps16 belirtecinin çok güçlü bir cođrafi belirteç olabileceđi, fakat daha önceden farklı bitki gruplarından rapor edilen aksine deđişkenlik açısından *Thlaspiceras* tür kompleksinde zayıf kaldıđı düşünölmektedir [18, 26].

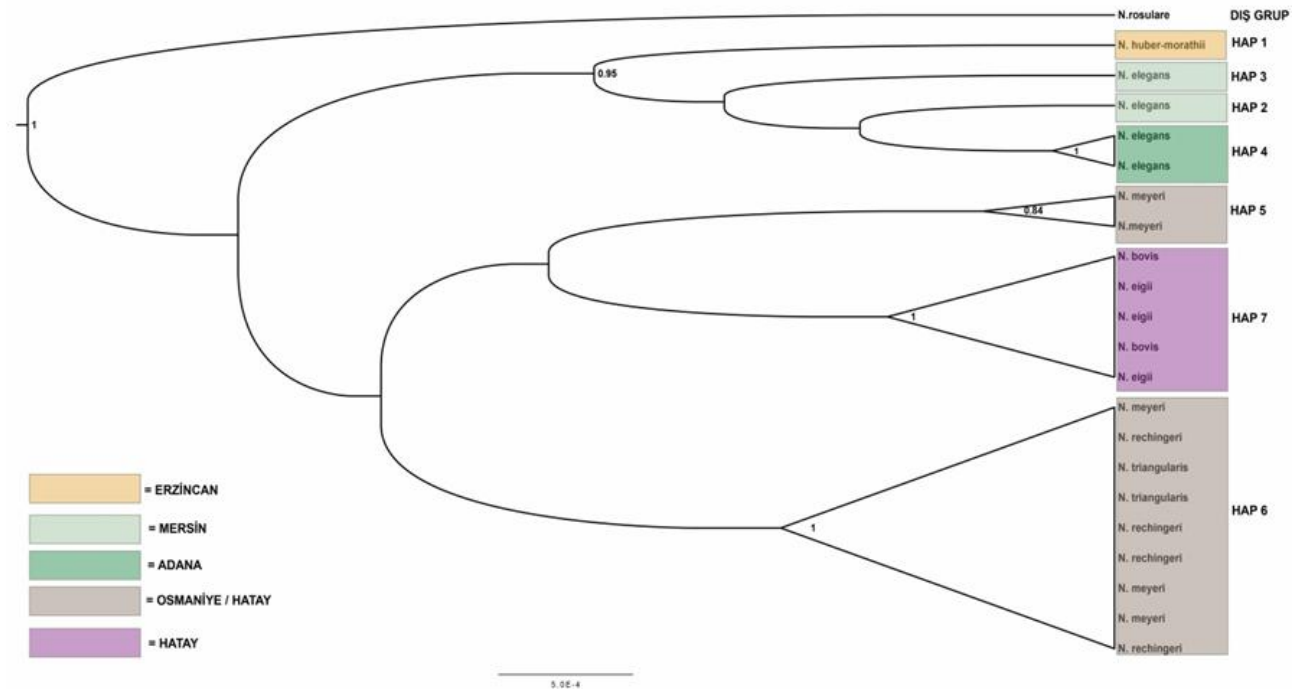
Meyer tarafından oluşturulan cins içi yapay serilere baktığımızda *Dolichocarpa* F.K. Mey. serisinde yer alan *N. dolichocarpa* (Zohary) F.K. Mey ve *N. eigii* türleri çok küçük boynuz yapısı ile kolaylıkla diđer türlerden ayrılır. *Thlaspiceras* F.K. Mey. serisinde ise *N. meyeri* (= *Thlaspiceras crassifolium* F.K. Mey) ve *N. bovis* türlerinde olduđu gibi meyve kanadının üst kısmında belirgin boynuzlar bulunmaktadır. Hem *Dolichocarpa* hem de *Thlaspiceras* serilerinde

meyvenin enine oranla çok daha uzun olması karakteristiktir. *Acornuta* F.K. Mey. serisinde ise meyve kanatları boynuz şeklinde uzamaktan çok yuvarlak bir çıkıntı şeklindedir [17]. Fakat gerçekleştirilen analizlerde *Dolicocarpa* serisindeki *N. elegans*, *N. rechingeri* ve *N. triangularis*'in filogenetik analizde farklı dallarda ortaya çıkmaları, ya da iki farklı seride bulunan *N. eigii* ve *N. bovis*'in aynı haplotipi paylaşır ağaç üzerinde aynı dalda bulunmaları Meyer'in sistemiyle uyuşmamakta, fakat Al-Shehbaz tarafından önerilen ve *Noccaea* içerisinde cins altı bir sınıflandırılmaya gereksinim duymayan sistemi desteklemektedir [14].



Şekil 2. Haplotiplerin cođrafi olarak dağılımı. Renkler Şekil 3' te açıklanmıştır.

Sonuç olarak bu çalışmada ilk defa kullanılan trnQ-5' rps16 belirtecinin hem mutasyon hızı daha yüksek olan kloroplast genomuna ait olması hem de bu genomun küçük bir kısmını temsil ediyor olmasından dolayı sistematik çıkarsamalardan ziyade, tür içi genetik çeşitliliđi sayısallaştırmak ve türlerin biyocođrafik geçmişlerini çıkarsamak için daha kullanışlı olabileceđi düşünölmektedir.



Şekil 3. *Thlaspiceras* tür kompleksine ait türler/populasyonların trnQ-5' rps16 verisine dayalı olarak gerçekleştirilen, Bayesian tabanlı filogenetik analizden elde edilmiş ağaç.

## Teşekkür

Bu çalışmada kullanılan yazılımlar Hacettepe Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenen 014D01601015-489 numaralı proje kapsamında alınmıştır. Ayrıca çalışmaya materyal desteğinde bulunan Kurtuluş Özgişi'ye teşekkür ediyorum.

## Kaynakça

- [1] Meyer, F. K. 1973. "Conspectus der *Thlaspi*-Arten Europas, Afrikas und Vorderasiens. Feddes Repertorium 84, 449-470.
- [2] Meyer, F. K. 1979. Kritische Revision der *Thlaspi*-Arten Europas, Afrikas und Vorderasiens. I. Geschichte, Morphologie und Chorologie. Feddes Repertorium, 90, 129-154.
- [3] Greuter, W., Raus, T. 1983. Med-Checklist notulae 7. Willdenowia, 13, 79-96.
- [4] Al-Shehbaz, I. A. 1986. The Genera of Lepidieae (Brassicaceae; Cruciferae) in the Southeastern United States. Journal of the Arnold Arboretum, 67, 265-311.
- [5] Greuter, W., Burdet, H. M., Long, G. 1986. Med-Checklist. Vol. 3., Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Genève. 395 s.
- [6] Artelari, R. 2002. *Thlaspi*, Flora Helenica, vol 2. ss 253-261. Strid, A., Tan, K., ed. 2002. Ruggell: A. R. G. Gantner Verlag.
- [7] Appel, O., Al-Shehbaz I. A. 2003. Cruciferae, Families and Genera of Vascular Plants, Vol 5. ss 75-174. Kubitzki, K., Bayer, C. ed. 2003. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag.
- [8] Al-Shehbaz, I. A. 2012. A Generic and Tribal Synopsis of the Brassicaceae (Cruciferae). Taxon, 61, 931-954.
- [9] Mummenhoff, K., Zunk, K. 1991. Should *Thlaspi* Be Split? Preliminary Evidence From Isoelectric Focusing Analysis of Rubisco. Taxon, 40: 427-434.
- [10] Mummenhoff, K., Koch, M. 1994. Chloroplast DNA Restriction Site Variation and Phylogenetic Relationships in the Genus *Thlaspi* sensu lato (Brassicaceae). Systematic Botany, 19: 73-88.
- [11] Mummenhoff, K., Franzke, A., Koch, M. 1997. Molecular Data Reveal Convergence in Fruit Characters Used in the Classification of *Thlaspi* s.lat. (Brassicaceae). Botanical Journal of the Linnean Society. 125, 183-199.
- [12] Koch, M., Mummenhoff, K. 2001. *Thlaspi* s.str. (Brassicaceae) Versus *Thlaspi* s.l.: Morphological and Anatomical Characters in the Light of ITS nrDNA Sequence Data. Plant Systematics and Evolution, 227, 209-225.
- [13] Koch, M., Al-Shehbaz I.A., 2004. "Taxonomic and phylogenetic evaluation of the American *Thlaspi*" species: identity and relationship to the Eurasian genus *Noccaea*", Syst. Bot., 29: 375-384.
- [14] Al-Shehbaz, I. A. 2014. A Synopsis of The Genus *Noccaea* (Coluteocarpeae, Brassicaceae). Harvard Papers in Botany, 19 (1), 25-51.
- [15] Hedge, I. C. 1965. *Thlaspi*, Flora of Turkey and the East Aegean Islands. ss 330-341. Davis, P. H. 1965. Edinburgh University Press, Edinburgh, 567 s.
- [16] Davis, P. H., Cullen, J., James M., Coode, E. 1988. Flora of Turkey and the east Aegean Islands, Vol. 10, Edinburgh: University Press. 590 s.
- [17] Meyer, F. K. 2003. Kritische Revision der *Thlaspi*-Arten Europas, Afrikas und Vorderasiens", Spezieller Tiel, IV. *Thlaspiceras* F.K. Mey. Haussknechtia, 9, 61-113.
- [18] Shaw, J., Lickey, E.B., Schilling, E.E., Small, R.L. 2007. Comparison of Whole Chloroplast Genome Sequences to Choose Noncoding Regions for Phylogenetic Studies in Angiosperms, the Tortoise and the Hare III. American Journal of Botany, 94, 275-288.
- [19] Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0, Molecular Biology and Evolution, 30, 2725-2729.
- [20] Edgar, R.C. 2004. MUSCLE, Multiple Sequence Alignment with High Accuracy and High Throughput. Nucleic Acids Research, 32, 1792-1797.
- [21] 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, 1969-1973.
- [22] Rambaut, A., Drummond, A.J., 2007. Tracer v.1.5, <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer> (Erişim Tarihi: 17.08.2016)
- [23] Librado, P., Rozas, J. 2009. DnaSP v5, a Software for Comprehensive Analysis of DNA Polymorphism Data. Bioinformatics, 25, 1451-1452.
- [24] Clement, M., Posada, D., Crandall, K. 2000. TCS: A Computer Program to Estimate Gene Genealogies. Molecular Ecology, 9, 1657-1659.
- [25] Allan Wilson Centre. 2017. PopART. <http://popart.otago.ac.nz>. (Erişim Tarihi: 04.04. 2016).
- [26] Timme, R., Kuehl, E. J., Boore, J. L., Jansen, R. K. 2007. A Comparative Analysis of the *Lactuca* and *Helianthus* (Asteraceae) Plastid Genomes: Identification of Divergent Regions and Categorization of Shared Repeats. American Journal of Botany 94, 302-313.