

## Bitkilerde DNA Barkotları

Ertuğrul FİLİZ<sup>1</sup> ve İbrahim KOÇ<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Düzce Üniversitesi Çilimli Meslek Yüksek Okulu, Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü, Çilimli, Düzce

<sup>2</sup>Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, Gebze Yüksek Teknoloji Enstitüsü, Gebze, Kocaeli

e-posta: ertugrulfiliz@gmail.com

Geliş Tarihi: ; Kabul Tarihi:

### Özet

“DNA barkot” DNA dizisi temelli bir sistem olup bir veya birkaç lokus kullanılarak türlerin tanımlanmasını sağlar. Yani türlerin tanımlanmasında DNA'daki standart bir bölgenin dizilenmesini gerektirmektedir. Hayvanlar aleminde, mitokondriyal sitokrom c oksidaz geni evrensel barkodu olarak kullanılırken bitki barkotları için hangi bölge veya bölgelerin kullanılacağı konusunda bir uzlaşma bulunmamaktadır. Bitkilerde, mitokondriyal genlerin nükleotid değişim oranları düşük olduğundan bitki barkodu olarak uygun değillerdir. Günümüzde, Yaşam Barkot Konsorsiyumu'na (CBOL) bağlı farklı bitki çalışma grupları çekirdek ve plastid genomundaki farklı barkot bölge adaylarını test etmektedirler. Bu test edilen bölgelerin çoğu plastid genom bölgeleridir ki örneğin kodlama yapan bölgelerden *matK*, *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1*, kodlama yapmayan bölgelerden *atpF-atpH*, *trnH-psbA* ve *psbK-psbI* bölgeleridir. Bununla birlikte, çekirdek gen bölgelerinden Transkripsiyonu Yapılan İç Ara Bölgeler (*ITS1* ve *ITS2*) yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada, bilim dünyasındaki en yeni bitki barkot çalışmaları ve yönelimleri araştırılmıştır.

#### Anahtar kelimeler

DNA barkot; Bitki; Plastid;  
Kodlama yapmayan bölge.

© Afyon Kocatepe Üniversitesi

## DNA Barcodes in Plants

### Abstract

“DNA barcode” which is a DNA sequence-based identification system, supports that may be used one locus or several loci for species identification. Otherwise, it implies sequencing a standard region of DNA for species identification. In animal kingdom, cytochrome c oxidase 1 (called *coxI* or *COI*) gene was used as universal barcode while there was no consensus that which region or regions should be used for barcoding plants. In plants, mitochondrial genes have low nucleotide substitution rates. Thus, these genes were not convenient for plant barcoding. Nowadays, different plant working groups in CBOL (Consortium for the Barcode of Life's) tested various putative barcode regions in plastid and nuclear genome. The most of them were plastid regions such as *matK*, *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* in coding regions, *atpF-atpH*, *trnH-psbA*, and *psbK-psbI* in noncoding regions. Besides, nuclear gene regions such as *ITS1* and *ITS2* (Internal Transcribed Spacer) were used widely. In this study, we explore the latest plant barcoding studies and tendencies in scientific world.

#### Key words

DNA barcoding; Plant; Plastid;  
Noncoding region.

### 1. Giriş

“DNA barkot” kavramı ilk olarak Hebert ve ark. (2003) tarafından kullanılan bir kavram olup daha sonraları bilim dünyasının ilgisini çekmeyi başarmıştır. DNA barkotları (DNA taksonomi), biyolojik çeşitliliğin ve türlerin belirlenmesinde

standart DNA bölgelerinin kullanılmasına dayalı yeni ve yararlı bir yöntem olarak ortaya çıkmaktadır. Yaklaşık olarak 1.7 milyon tür *Linnaea* sistemi altında tanımlanmış fakat yaklaşık 10 milyon tür ile 100 milyon tür arasındaki canlılarında bilinmediği tahmin edilmektedir (Hawksworth and Kalin-Arroyo 1995).

Mitokondriyal sitokrom c oksidaz (cytochrome c oxidase 1 = *COI* veya *cox1*) gen dizisi hayvansal organizmalar için güncel olarak DNA barkodu olarak kullanılmaktadır (Hebert *et al.* 2003). Fakat mitokondriyal COI geni, düşük nükleotid değişim oranından dolayı bitkilerde DNA barkot uygulamaları için çok uygun değildir (Mower *et al.* 2007). Doğal olarak bitki barkot kaynağı olarak plastid (cpDNA) ve çekirdek genomu (nrDNA) aday olarak ortaya çıkmaktadır. Bitki barkot seçimini kolaylaştırmak ve resmiyet kazandırmak için, Yaşam Barkot Konsorsiyumu (CBOL=Consortium for the Barcoding of Life) adındaki kuruluş farklı çalışma gruplarıyla değişik barkot bölgelerini araştırmaktadır (Hollingsworth *et al.* 2009). Ayrıca, Yaşam Veritabanı Barkot Sistemi (BOLD System: The Barcode of Life Database System) canlıların güncel barkot verilerine göre bilim dünyasına hizmet etmektedir (Int Kyn. 1). Planlanan evrensel ölçekteki ilk barkot kampanyası çalışmasında, farklı çalışma gruplarının katkılarıyla 10.000 kuş türü ile yaklaşık 15.000 balık türünün bitirilmesi hedeflenmektedir (Hebert and Gregory 2005). DNA barkot kullanıcılarını başlıca iki kategoriye ayırmak mümkündür ki bunlar taksonomistler ve diğer alanlardaki (adli bilimler, biyoteknoloji, gıda endüstrisi vb.) bilim insanlarıdır (Chase *et al.* 2005). İdeal barkot sisteminin sahip olması gereken bir takım kriterler gerekmektedir ki bunlardan birincisi, türleri ayırabilecek yeterliliğe sahip olması gerekmektedir. İkinci olarak, çok farklı bitki taksonları için kullanılacak standart bir DNA bölgesi olması gerekmektedir. Üçüncü olarak, hedef DNA bölgesi türlerin ait olduğu taksonomik grupları (cins, aile vb.) kolaylıkla ayırt edebilecek filogenetik bilgiyi taşımalıdır. Dördüncü olarak barkot bölgesi, çok güvenilir ve korunaklı olmalı, DNA çoğaltımı ve dizilenmesi açısından da uygun olmalıdır. Son olarak, hedef DNA bölgesi degrade DNA çoğaltımına izin verebilecek uzunlukta olmalıdır (Taberlet *et al.* 2007). DNA barkot uygulamalarında, çeşitli canlılardan barkot dizileri elde edilerek bu DNA dizileri filogenetik ağaçların oluşturulmasında kullanılır. Sonuçta, yakın ilişkili bireylerin aynı gruplarda toplanması öngörülür ve her bir ayrı grup farklı bir tür olarak düşünülür

(Dasmahapatra and Mallet 2006).

Bu çalışmada, son yıllarda bitkiler alanında gerçekleştirilen DNA barkot çalışmaları değerlendirilerek DNA barkot uygulamalarındaki gelişmelerin araştırılması hedeflenmiştir.

## 2. Bitkilerde DNA Barkot Uygulamaları

Bitkilerde, plastid genomundaki birkaç bölge (*rbcl*, *rpoC1*, *rpoB*, *ycf5*, *psbA-trnH*, *trnL*, *atpF-atpH*, *psbK-psbI*) ile Transkripsiyonu Yapılan İç Ara Bölgeler (ITS) bitki DNA barkod adayları arasında dikkat çekmektedir (Kress *et al.* 2005; Kress *et al.* 2007; Ford *et al.* 2009). Yaşam Barkot Konsorsiyumu çalışmalarına göre, dört kodlama bölgesi (*matK*, *rbcl*, *rpoB* ve *rpoC1*) ve üç kodlama yapmayan bölge (*atpF-atpH*, *trnH-psbA* ve *psbK-psbI*) olmak üzere toplam yedi bölge güçlü adaylar olarak görülmüş fakat farklı çalışma grupları arasında herhangi bir uzlaşma oluşmamıştır (CBOL Plant Working Group, 2009). CBOL bitki çalışma grubu, *rbcl+matK* kombinasyonundan oluşan plastid gen bölgelerini ek markörlerle birlikte bitki barkot adayları olarak tavsiye etmiştir (Hollingsworth *et al.* 2011). *rbcl* barkodu 599 nükleotid uzunluğunda ve *matK* ise 841 nükleotid uzunluğunda gen bölgeleridir. *matK* bölgesi bitkilerde en çok çeşitlilik gösteren plastid genomundaki kodlama bölgelerinden biridir (Hilu and Liang 1997). *matK* bölgesinin PCR reaksiyonlarında var olan primer setleriyle etkili çoğaltımı yapılamadığı buna karşın *rbcl* gen bölgesinin orta seviyede ayırıcı güce sahip olmasına rağmen pek çok kara bitkisinde çoğaltımının ve dizilenmesinin daha kolay olduğu tespit edilmiştir. İki belirtecin beraber ayırım gücünün daha güçlü olduğu ve herhangi iki belirteç kombinasyonunun bu ikiliden çok daha güçlü sonuçlar vermediği ileri sürülmüştür (CBOL Plant Working Group, 2009). *rbcl+matK* bölgelerinin dışında kodlama yapmayan genler arası bölge *trnH-psbA* plastid barkot belirteci olarak yaygın kullanılmaktadır. *trnH-psbA* plastid barkot markörü *Alnus* (Ren *et al.* 2010), *Quercus* (Piredda *et al.* 2010) ve *Salix* (Von Crautlein, 2011) gibi türlerde *rbcl+matK* belirteç kombinasyonundan daha başarılı olduğu görülmüştür. *atpF-atpH* ve *psbK-*

*psbI* integenik aralayıcı bölgeler ikinci Yaşam Barkot konferansında bitki barkot adayları olarak önerilmiştir. CBOL bitki çalışma grubu, *psbK-psbI* bölgesinin türler arası ayırım gücünün yüksek olduğunu fakat dizilenme kalitesi ve evrenselliğinin düşük olduğunu; ayrıca *atpF-atpH* bölgesinin ayırım gücünün, dizilenme kalitesinin ve evrenselliğinin düşük olduğunu tespit etmiştir (Hollingsworth *et al.* 2011). Dişbudak (*Fraxinus*) türlerinde *matK*, *rpoC1*, *rpoB*, *trnH-psbA* ve *rpl32-trnL* plastid genleri kullanılarak yapılan barkot çalışmasında çoğaltılan bölgelerin dizilenmesi sonucunda en yüksek tür ayırım oranı % 88.3 ile *trnH-psbA* bölgesinden, en düşük oran ise % 78.8 ile *rpoB* bölgesinden elde edilmiştir. *matK/trnH-psbA* kombinasyonunun *trnH-psbA* kombinasyonundan daha iyi sonuç vermediği anlaşılmıştır. Bu sonucunda, *matK* dizilerinin düşük seviyede polimorfizm göstermesinden kaynaklandığı düşünülmektedir (Arca *et al.* 2012). Amazon ağaçlarının tanımlanmasıyla ilgili barkot çalışmasında, plastid kodlama bölgelerinden *rbclA*, *rpoC1*, *rpoB*, *matK*, *ycf5*; kodlama yapmayan bölgelerden *trnL*, *psbA-trnH* ve çekirdek bölgesi *ITS* dizileri kullanılmıştır. Yüksek kaliteli diziler (% 90 üzeri) *rpoC1*, *rbclA*, *rpoB* ve *trnL* belirteçlerinden, en yüksek çeşitlilik oranları (polimorfizm) ise *ITS*, *psbA-trnH*, *trnL* ve *matK* bölgelerinden elde edilmiştir. Ayrıca, en kötü tür seviyesindeki ayırım gücü *rpoC1* plastid bölgesinden elde edilmiştir (Gonzalez *et al.* 2009). Panama'da tropik ormanlarda 296 odunsu ağaç türüyle yapılan çalışmada, *rbclA*, *matK* ve *trnH-psbA* bölgeleri kullanılarak yapılan barkot çalışmasında PCR ve dizileme başarısında en yüksek oranı *rbcl* gen bölgesi (%93) göstermiştir. BLAST analizleri sonucunda tür seviyesindeki eşleşme başarısında en yüksek değerler sırasıyla *matK* (99%), *trnH-psbA* (95%) ve *rbclA* (75%) olarak ortaya çıkmıştır. Üç lokus (*matK-trnH-psbA-rbclA*) kullanılarak yapılan tür tanımlanmasında en yüksek oran (%98) elde edilirken bunu sırasıyla *trnH-psbA/rbclA* (%95) ve *matK-rbclA* (%92) kombinasyonları takip etmiştir (Kress *et al.* 2009). Karasal bitkilerde DNA barkot çalışmalarında, birbirinin tamamlayıcısı olarak kullanılan iki lokusdan kodlama yapan *rbcl* bölgesi ile kodlama

yapmayan *trnH-psbA* bölgesi kullanılarak gerçekleştirilen araştırmada PCR başarısı *trnH-psbA* bölgesi için %95.8, *rbcl* bölgesi için %92.7 olarak tespit edilmiştir. Bu iki bölgenin kombinasyonu sonucu tür seviyesindeki ayırım gücünün %95 civarında olduğu da görülmüş ve bu iki bölgenin kombinasyonu ile yapılan analizler bitki barkot çalışmaları için tavsiye edilmiştir (Kress and Erickson 2007). Kloroplast kodlama bölgesi olan *rbcl* gen dizisinin DNA barkodu olarak test edildiği çalışmada GenBank'tan 10.000'nin üzerinde *rbcl* dizisi indirilerek biyoenformatik analizler gerçekleştirilmiştir. *rbcl* gen dizisinin türleri ayırma gücünün yaklaşık %85 olduğu tespit edilmiş ve tamamlayıcı bir barkot belirteç bölgesine de ihtiyaç duyulduğu belirtilmiştir (Newmaster *et al.* 2006). Kloroplast *trnL* intron (UAA) bölgesi, bitki barkot adayı olarak Taberlet ve ark. (2007) tarafından değerlendirilmiş ve gerekli biyoenformatik destekler alınarak kontrol edilmiştir. Yapılan çalışma sonucunda, açık bir şekilde *trnL* intron bölgesinin bitki türleri için iyi bir barkot bölgesi olmadığı ve yakın türleri ayırmada yetersiz kaldığı tespit edilmiştir. Kloroplast genom bölgelerinden kodlama yapan *rbcl*, *matK*, *rpoC1*, *rpoB* ve 23S *rDNA*; kodlama yapmayan *trnH-psbA*, *atpF-atpH* ve *psbK-psbI* ve mitokondriyal *cox1* gen bölgesi olmak üzere toplam 9 bölge kullanılarak yakın türlerin ayırımıyla ilgili karşılaştırma çalışması yapılmıştır. Mitokondriyal *cox1* ve plastid 23S *rDNA* bölgelerinin tür ayırma güçleri (sırasıyla %7 ve %10) en düşük bulunurken *matK* ve *trnH-psbA* bölgelerinin tür ayırım güçleri (sırasıyla %56 ve %59) en yüksek seviyede bulunmuştur. İkili kombinasyon analizlerinde *rbcl+trnH-psbA* veya *matK+atpF-atpH* ikili lokusları %64 oranla en yüksek değeri gösterirken, üçlü kombinasyonlarda *matK+atpF-atpH+psbK-psbI* %69 oranla en yüksek değeri göstermiştir. Sonuç olarak bitki barkotlarının çok sayıda bölge içermeleri gerektiği öngörülmüştür (Fazekas *et al.* 2008). Çekirdek *ITS* dizileri bitki barkotlarını desteklemekte kullanılan ve direkt dizilenmeye uygun seçeneklerin başında gelmektedir (Thomas, 2009). Tıbbi bitkilerle ilgili barkot çalışmasında, *psbA-trnH*, *matK*, *rbcl*, *rpoC1*, *ycf5*, *ITS2* ve *ITS1* bölgeleri kullanılarak 8557 tıbbi

bitki DNA dizisi kullanılmıştır. *ITS2* verilerinin 6600'den fazla tür için uygun olduğu, özellikle çekirdek *ITS2* bölgesi çekirdek *ITS1* bölgesine oranla daha korunaklı ve çoğaltım ürünleri açısından daha tahmin edilebilir bilgiler sunduğu saptanmıştır. *ITS2* bölgesinin tıbbi bitkilerde evrensel ölçekte bir barkot olabilecek potansiyele sahip olduğu düşünülmüştür (Chen *et al.* 2010).

### 3. Sonuç

İdeal bir barkot bölgesinin, tek bir evrensel primer çiftiyle elde edilebilen, çift yönlü olarak dizilenebilen ve maksimum seviyede tür ayırım gücüne sahip olması beklenmektedir (CBOL Plant Working Group, 2009). Bitki DNA barkot araştırmaları günümüzde çok hızlı bir şekilde devam etmekte olup hala herhangi bir uzlaşma oluşmamıştır. Barkot çalışmaları günümüzde iki ana kategoride devam etmektedir ki bunlardan birincisi tür temelli taksonomik belirlemelerde çok iyi aydınlatılamamış türlerin taksonomi bilgilerine destek sağlamak, ikincisi ise tanımlanmayan türlerin aydınlatılmasına yardımcı olmaktadır (Hollingsworth *et al.* 2011). Ayrıca, DNA barkotları tohumlu bitkilerde türlerin daha iyi anlaşılması ve bazı kriptik türlerin keşfine yönelik faydalar sağlamaktadır (Ragupathy *et al.* 2009). DNA barkot uygulamaları, filogenetikten ekolojik genomığe kadar çok geniş bir alanda DNA araştırmaları için insanlara yeni fırsatlar sunmaktadır (Kress and Erickson 2008). Bitki barkot çalışmalarında, özellikle kloroplast DNA bölgeleri (kodlama yapan veya yapmayan) çok uygun gözükmekte olup bunun yanında çekirdek ribozomal *ITS* bölgeleri de barkot çalışmalarında aday olarak kullanılmaktadır. Buna karşın özellikle çoklu lokus barkot sistemi (MBC: Multi-Locus Barcode) güvenilirliği artırma adına değişik markörlerin kombinasyonlarına izin vermektedir (Chase *et al.* 2005).

Türkiye, bitkisel çeşitlilik açısından oldukça zengin bir ülkedir ve bitki örtüsünde bulunan yaklaşık 11.000 taksonun %35'nin endemik olması Türkiye'yi bitki genetik kaynakları açısından çok değerli yapmaktadır (Vural, 2003). Ülkemiz, çeşitlilik ve orijin açısından Akdeniz ve Yakın Doğu

Merkezleri'ni barındırmaktadır (Vavilov, 1994). Zengin bitkisel gen kaynaklarımızın korunması ve değerlendirilmesi adına yapılacak çalışmalar çok önem arz etmektedir. Bu bağlamda, yukarıda bahsettiğimiz bitki barkot çalışmalarının ülkemizdeki sınıflandırma ve çeşitlilik çalışmalarına çok büyük katkılar sunacağı kaçınılmazdır. Özellikle taksonomik açıdan problemlili türlerin aydınlatılması için bitki barkot çalışmalarının ülkemiz için ne kadar önemli olduğu ortaya çıkmaktadır. Yapılan veya yapılacak olan bitki barkot çalışmaları hızlandırılarak bitkisel gen kaynağı havuzumuz değerlendirilmeli ve her bir bitki türümüzün resmi olarak barkot bilgileri oluşturulup ulusal veri tabanımızda saklanmalıdır.

### Kaynaklar

- Arca, M., Hinsinger, D.D., Cruaud, C., Tillier, A., Bousquet, J. and Frascaria-Lacoste, N., 2012. Deciduous Trees and the Application of Universal DNA Barcodes: A Case Study on the Circumpolar *Fraxinus*. *PLoS ONE*, **7(3)**: e34089. doi:10.1371/journal.pone.0034089.
- CBOL Plant Working Group, 2009. A DNA barcode for land plants. *PNAS*, **31**, 12794–12797.
- Chase, M.W., Salamin, N., Wilkinson, M., Dunwell, J.M., Kesanakurthi, R.P., Haidar, N. and Savolainen, V., 2005. Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.*, **360**, 1889–1895.
- Chen, S., Yao, H., Han, J., Liu, C., Song, J. et al., 2010. Validation of the *ITS2* region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS ONE*, **5**, e8613
- Dasmahapatra, K.K. and Mallet, J., 2006. DNA barcodes: recent successes and future prospects. *Heredity*, **97**, 254–255.
- Fazekas, A.J., Burgess, K.S., Kesenakurti, P.R., Graham, S.W., Newmaster, S.G. et al., 2008. Multiple Multilocus DNA Barcodes from the Plastid Genome Discriminate Plant Species Equally Well. Multiple Multilocus DNA Barcodes from the Plastid Genome Discriminate Plant Species Equally Well. *PLoS ONE*, **3(7)**, e2802. doi:10.1371/journal.pone.0002802
- Ford, C.S., Ayres, K.L., Toomey, N., Haider, N., Van Alphen Stahl, J. et al., 2009. Selection of candidate coding DNA barcoding regions for use on land plants. *Bot J Linn Soc*, **159**, 1–11.
- Gonzalez, M.A., Baraloto, C., Engel, J., Mori, S.A., Petronelli, P. et al., 2009. Identification of Amazonian Trees with DNA Barcodes. *PLoS ONE*, **4(10)**, e7483. doi:10.1371/journal.pone.0007483.
- Hawksworth, D.L. and Kalin-Arroyo, M.T., 1995. Magnitude and distribution of biodiversity. In global biodiversity assessment. Edited by V.H. Heywood. Cambridge University Press, 107–191.

- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L. and DeWaard, J.R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc B*, **270**, 313–321.
- Hebert, P.D.N. and Gregory, T.R., 2005. The Promise of DNA Barcoding for Taxonomy. *Syst. Biol.*, **54**, 852–859.
- Hilu, K.W. and Liang, H. 1997. The matK gene: sequence variation and application in plant systematics. *American Journal of Botany*, **84**, 830–839.
- Hollingsworth, P.M., Graham, S.W. and Little, D.P., 2011. Choosing and Using a Plant DNA Barcode. *PLoS ONE*, **6(5)**, e19254. doi:10.1371/journal.pone.0019254.
- Kress, W.J., Wurdack, K.J., Zimmer, E.A., Weigt, L.A. and Janzen, D.H., 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proc Natl Acad Sci USA*, **102**, 8369–8374.
- Kress, W.J. and Erickson, D.L., 2007. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding rbcL gene complements the non-coding trnH-psbA spacer region. *PLoS ONE*, **2**, e508.
- Kress, W.J. and Erickson, D.L., 2008. DNA barcodes: Genes, genomics, and bioinformatics. *PNAS*, **105**, 2761–2762.
- Kress, W.J., Erickson, D.L., Jones, F.A., Swenson, N.G., Perez, R., Sanjurjo, O. and Bermingham, E., 2009. Plant DNA barcodes and a community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama. *PNAS*, **106**, 18621–18626.
- Mower, J.P., Touzet, P., Gummow, J.S., Delph, L.F. and Palmer, J.D., 2007. Extensive variation in synonymous substitution rates in mitochondrial gene of seed plants. *BMC Evol Biol*, **7**, 135. doi:10.1186/1471-2148-7-135.
- Newmaster, S.G., Fazekas, A.J., and Ragupaty, S., 2006. DNA barcoding in land plants: evaluation of rbcL in a multigene tiered approach. *Can. J. Bot.*, **84**, 335-341.
- Piredda, R., Simeone, M.C., Attimonelli, M., Bellarosa, R., and Schirone, B., 2010. Prospects of barcoding the Italian wild dendroflora: oaks reveal severe limitations to tracking species identity. *Molecular Ecology Resources*, **11**, 72–83.
- Ragupathy, S., Newmaster, S.G., Murugesan, M., and Balasubramaniam, V., 2009. DNA barcoding discriminates a new cryptic grass species revealed in an ethnobotany study by the hill tribes of the Western Ghats in southern India. *Molecular Ecology Resources*, **9**, 164–171.
- Ren, B.Q., Xiang, X.G., and Chen, Z.D., 2010. Species identification of *Alnus* (*Betulaceae*) using nrDNA and cpDNA genetic markers. *Molecular Ecology Resources*, **10**, 594–605.
- Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, F., Gielly, L., Miquel, C., Valentini, A. et al., 2007. Power and limitations of the chloroplast trnL (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, **35**, No. 3.
- Thomas, C., 2009. Plant barcode soon to become reality. *Science*, **325**, 526–532.
- Vavilov, N., 1994. Origin and Geography of Cultivated Crops. Cambridge Univ. Press.
- Von Crautlein, M., Korpelainen, H., Pietilainen, M., and Rikkinen, J., 2011. DNA barcoding: a tool for improved taxon identification and detection of species diversity. *Biodiversity and Conservation*, **20**, 373–389.
- Vural, M., 2003. Türkiye'nin tehlike altındaki bitkileri, FAO/BM

Tematik Grubu, Türkiye'de Biyolojik Çeşitlilik ve Organik Tarım Çalıştay Raporu, 168-183.

#### İnternet kaynakları

1. <http://www.boldsystems.org/> (02.05.2012)