

## DERLEME

# YABANCI OTLARIN MOLEKÜLER TEŞHİSİNDE RİBOZOMAL RNA (rRNA) İNTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS) GEN BÖLGELERİNİN KULLANIMI

Seçil EKER<sup>1</sup> Onur KOLÖREN<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Ordu Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Ordu,Türkiye

(Geliş Tarihi: 13.04.2017; Kabul Tarihi: 17.05.2017)

## Özet

Bu derlemede yabancı otların sistematüğinde Ribozomal RNA (rRNA) Internal Transcribed Spacer (ITS) gen bölgelerinin kullanımı hakkında bilgi değerlendirilmektedir. Son yıllarda gerçekleştirilen moleküler çalışmalar yabancı otların teşhisinde önemli düzeyde destek sağlamaktadır. Kullanılan moleküler yöntemler yardımıyla morfolojik olarak çok benzerlik gösteren tür ve tür içi varyasyonların tespit edilmesi mümkün olmaktadır. Bitkilerin moleküler sistematüğinde, tür ve tür içi popülasyonların filogenetik analizlerinde en fazla tercih edilen moleküler markörlerden birisi rRNA-ITS gen bölgeleridir. Genomik DNA üzerinde rRNA'lar ardışık sıralı tekrarlar şeklinde olup tür içi seviyelerinde ileri derecede korunmuş gen bölgelerini oluşturmaktadır. Bu rRNA gen bölgelerine komşu olarak bulunan, özellikle 18S ve 5.8S arasındaki ITS1 ile 5.8S ve 28S arasındaki ITS2 gen dizileri rRNA gen bölgelerine oranla daha fazla nükleotid baz değişimi göstermektedir. ITS bölgelerinin yüksek oranda varyasyon göstermeleri taksonlar arasındaki filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde, cinsler arasında ve tür seviyesinde taksonomik sorunların çözülmesinde tercih edilmesine nedendir. Ayrıca, bu moleküler markörler genoma bağlı olduklarından güvenilirler, tekrarlanabilir ve laboratuvarlar arasında standardize edilebilirler, genomda birden fazla bölgeyi belirleme imkanına sahiptirler ve çevre koşullarından etkilenmezler.

**Anahtar Kelimeler:**Yabancı ot; Moleküler markörler; ITS; ribozomal RNA; Tür

## REVIEW

# MOLECULAR IDENTIFICATION OF THE WEEDS BY USING RIBOSOMAL RNA (rRNA) INTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS) GENE REGIONS

(Received April 13, 2017; Accepted May 17, 2017)

## Abstract

In this study, systematic of weeds with using ribosomal RNA (rRNA) Internal Transcribed Spacer (ITS) gene regions will be informed. Molecular studies conducted in recent years lead to us about the identification of weeds. Detection of morphologically similar species and intraspecific variations of the species is possible by the help of molecular methods. One of the most preferred molecular markers is ITS rRNA gene regions for the phylogenetic analysis of the species and intraspecific populations in plant molecular systematics. RNA son genomic DNA constitute highly conservedat intraspecific species levels and consecutively repeated gene regions. The gene sequences next other RNAregions, especially ITS1 between 18S and 5.8S and ITS2 between 5.8S and 28S show more nucleotid base exchange when they compared to rRNA gene regions. There a son to prefer of ITS regions is the high variations of these regions and enable to elucidate phylogenetic relations between taxa and to solve the taxonomical problems on genera and species level. In addition, the molecular markers are reliable because of depending on genome, repeat able and capable to standardise between laboratories and enable to identify more than one region on genome without influencing from embient conditions.

**Keywords:**Weed; Molecular markers; ITS; Ribosomal RNA; Species

[\\*koloren@yahoo.com](mailto:koloren@yahoo.com)

## 1. GİRİŞ

DNA markörleri popülasyonun yada bireylerin, yada bireylerin birbirleriyle ilişkili olan türler içi ve türler arası genetik farklılıkları ölçmek için çok önemli ve genel bir kıstastır (Hoffmann&Frodsham 1993). Modern moleküler biyolojideki benzersiz gelişimi, özelliklede bu DNA markör teknolojisi, bitkiler üzerindeki moleküler düzeydeki ekolojik araştırmalarda bu markörlerin kullanım alanlarının gelişimi ve yeni tekniklerin oluşturulması için oldukça önemlidir.

Araştırmalarda kullanılacak olan moleküler markör tekniği seçilirken, söz konusu tekniğin belli bazı özelliklere sahip olması araştırmacı için büyük avantajlar sağlayacaktır. Bu avantajlar; yüksek polimorfizm, kolay ve hızlı bulunabilmesi, geliştirilmesinin ve uygulamasının düşük maliyete sahip olması, kolay ve hızlı uygulanabilir olması, farklı

veya aynı laboratuvarlarda kullanılması halinde aynı sonuçları verebilmesi ve çevre şartlarından etkilenmemesi gibi faktörler olabilir.

Genetik markörler kendi içerisinde iki alt bölümden oluşmaktadır. Bunlardan ilki morfolojik markörler ya da biçimsel markörler olup kendi içerisinde iki gruba ayrılırlar. Bir diğer genetik markör ise moleküler markörler olup kendi içerisinde Protein ve DNA markörleri olarak iki kısımdan oluşmaktadır.

Moleküler markörler; bitki sistematğinde kullanılan markörler ise Protein ve DNA markörleridir. Protein markörleri kullanılan izozimler; kolay, güvenilir bir biçimde ve ucuz olarak ortaya çıkarılmasının yanında çok fazla organizmada bulunması genetik varyasyon araştırmalarında onu popüler yapmıştır. Ancak DNA temelli markör sisteminin geliştirilmesi ile moleküler bazda yapılan çalışmalarda protein markörlerine nazaran DNA temelli markörler daha yüksek seviyede polimorfizm sağladığı tespit edilmiştir. Dahası, DNA örnekleri proteinlerden daha stabil olduğu ve proteinlerin aksine DNA'nın, organizmanın tüm dönemlerini ve dokularını belirlemede değişkenlik göstermediği bulunmuştur.

Günümüzde kullanılan bu DNA markörleri içerisinde genetik akrabalığın belirlenmesi açısından, genetik haritalamada, bitki ve hayvan ıslahı uygulamalarında, popülasyon genetiği çalışmalarında ve genetik farklılığın belirlenmesinde ayrıca DNA parmak izi analizlerinde, kromozom-spesifik DNA parçacıklarının hızlı belirlenmesinde ve polimorfizm yönünden etkili bir yöntem olması nedeniyle rRNA -ITS gen bölgelerinin kullanım yöntemi ön plana çıkmaktadır.

Son yıllarda yabancı otların teşhisinde rRNA -ITS gen bölgelerinin kullanım yöntemi ile yapılan çalışmalar sıkça görülmektedir. Bu çalışmalar (2010 yılı ve sonrası) Çizelge 1'de verilmiştir.

**Çizelge 1.** Yabancı otların teşhisinde Ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgesini kullanarak yapılan çalışmalar

<b>Tür</b>	<b>Ülke-Bölge</b>	<b>GenBank Numarası</b>	<b>Yazarlar</b>
<i>Alternanthera nahui</i>	Yeni Zelanda	EU497242	Heenan et al (2010)
<i>Cardamine glechomifolia</i>	Güney Kore	HM449939 HM449940 HM449941	Ali et al (2010)
<i>Carthamus turkestanicus</i>	Afganistan	GU969653	Bowles et al (2010)

		GU969654	
<i>Hordeum murinum</i>	Güney Asya	AJ608016	Jakob & Blattner (2010)
<i>Cuscuta chinensis</i>	Kanada	JN234819 JN234832	Costea et al (2011)
<i>Brassica rapa</i>	Çin	HM047395	Liu et al (2011)
<i>B. oleracea</i>		HM047396	
<i>B. nigra</i>		HM047399	
<i>B. carinata</i>		HM047398	
<i>Chenopodium album</i>	Meksika	FN561546	Rana et al(2012)
<i>Oxalis corniculatae</i>	Güney Amerika	KC602088	Vaio et al (2013)
<i>Cynodon nlemfuensis</i>	Kosta Rika	KJ768881	Peterson et al (2014)
<i>Alternanthera philoxeroides</i>	Arjantin	FJ456350	Chen et al (2014)
	ABD	KX527466	
	Çin		
<i>Senecio australis</i>	Yeni Zelanda	KM365024 KM365026	de Lange et al (2014)
<i>Miscanthus sinensis</i>	Japonya	AB761402	Hayakawa et al (2014)
<i>Falcaria vulgaris</i>	ABD	KC995009 KC995016	Piya et al (2014)
<i>Centaurea stoebe</i>	İtalya	KJ679825	Hilpold et al (2014)
<i>C. ensiformis</i>	Türkiye	KJ679855	
<i>C. cheiroplopha</i>	Türkiye	KJ679854	
<i>C. involucrata</i>	Cezayir	KJ679853	
<i>C. aspera</i>	Portekiz	KJ679852	
<i>C. zuccariniana</i>	Yunanistan	KJ679851	
<i>C. zeybekii</i>	Türkiye	KJ679850	
<i>C. yozgatensis</i>	Türkiye	KJ679849	
<i>Cyperus compressus</i>	Gürcistan	KF193575	Reid et al (2014)
<i>C. cuspidatus</i>	Gürcistan	KF150544	
<i>C. distinctus</i>	Gürcistan	KF150547	
<i>C. echinatus</i>	Gürcistan	KF150548	
<i>C. ovatus</i>	ABD	KF150570	
<i>C. plukenetii</i>	Gürcistan		
<i>C. pseudovegetus</i>	Gürcistan	KF150574	
<i>C. tetragonus</i>	Gürcistan	KF150577	

		KF150586	
<i>Lathyrus aphaca</i>	Fransa	KC551298	Marghali et al (2015)
<i>L. ochrus</i>	Tunus	KC551295	
<i>L. cicera</i>	Portekiz	KC551290	
<i>L. sativus</i>	Tunus	KC551291	
<i>L. sylvestris</i>	Macaristan	KC551292	
<i>L. tuberosus</i>	Fransa	KC551294	
<i>Cirsium scariosum</i>	Kanada		Golden et al (2105)
<i>Artemisia sylvatica</i>	Türkiye	KU523875	Kolören et al (2016)
<i>A. argyi</i> ve <i>A. verlotiorum</i>		KU523876-93	
<i>Chenopodium quinoa</i>	Peru	KP226670	Kolano et al (2016)
<i>C. berlandieri</i>	ABD	KP226656	
<i>Evolvulus alsinoides</i>	Hindistan	KC688314	Sharma & Shrivastava
<i>Convolvulus microphyllus</i>		KC688313	(2016)
<i>Geranium gracile</i>	Türkiye	KX360638-43	Koloren & Eker (2016)
<i>G. ibericum</i>		KX360644	
<i>G. asphodeloides</i>		KX360657-58	
<i>G. microphyllum</i>		KX360652-56	
<i>G. sp.</i>		KX360651	
<i>G. dissectum</i>		KX360645-50	
<i>Salvia somalensis</i>	Türkiye	KJ584240	Will & Claßen-Bockhoff
<i>S. herbanica</i>	Kanarya Adaları	KJ584246	(2017)
<i>Euphorbia buhsei</i>	İran	KC212197	Pahlevani et al (2017)
<i>E. osyridea</i>		KC212326	

#### Bu çalışmalar incelenecek olursa,

Ali et al (2010), çalışmalarında; Güney Kore'de Brassicaceae familyasına ait *Cardamine cordifolia*'nın moleküler sistematik çalışmasını nükleer ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgesi, kloroplast trnL ve trnL-F gen bölgelerini kullanarak belirlemişlerdir. Filogenetik analizler için topladıkları bitki örneklerinden 38 tanesinin *Cardamine* türüyle ilişkili olduklarını bulmuşlardır. Bu çalışmalar sonucunda *Cardamine cordifolia*'nın ise Güney Kore'de endemik bir tür olduğunu bildirmektedirler.

Bowles et al (2010), Asteraceae familyasına ait *Carthamus* türünün filogenetik analizini yapmışlardır. Bu çalışmalarında ITS (internal transcribed spacer), trnL–trnF ve trnT–

trnL gen bölgelerini kullanmışlardır. *Carthamus palaestinus* türünün diğer *Carthamus* cinsine dahil olan türlere göre kültüre alınmış ayçiçeğine türüne daha yakın olduğunu tespit etmişlerdir.

Heenan et al (2010), nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak Yeni Zelanda'da Amaranthaceae familyasından *Alternanthera nahui* isimli yeni bir tür belirlemişlerdir. Analizler sonucunda bu yeni türün *A. denticulata*'ya yakın akraba olduğunu saptamışlardır.

Jakop & Blattner (2010), *Hordeum murinum* (Poaceae: Triticeae) türünün taksonomisini nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) ve trnL-F gen bölgelerini kullanarak bildirmiştir. Çalışmalarında Güney Asya'da bulunan *Hordeum* türünün 3 alttürünün sitotiplerini belirlemişlerdir. Alttür *H. glaucum* diploid, *H. murinum* ve *H. leporinum* tetraploid sitotipindedirler.

Costea et al (2011) çalışmalarında; *Cuscuta chinensis* (Convolvulaceae) türünün sistematüğini nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) ve plastid trnL-F gen bölgelerini kullanarak belirlemişlerdir. Morfolojik ve moleküler çalışmalar sonucunda, *C. chinensis* ve *C. appianata* türleri birbirlerine benzer bulunmuştur.

Liu et al (2011), Çin'deki Brassicaceae familyasının filogenetik ilişkilerini kodlanmayan kloroplast, mitokondriyal ve nüklear DNA veri setlerini kullanarak belirlemişlerdir. Bu veri setlerinin içinden bir tanesi nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgesidir. Bu çalışmada, 51 cinse ait 71 türün filogenetik ilişkisi belirlenmiştir. Sonuç olarak bu çalışma, son zamanlarda yeni tanınan Dontostemoneae ve Erysimeae familyalarını destekler nitelikte olmuştur.

Güz et al (2012) bildirdiğine göre Hoy (2003), Ribozomal RNA üzerinde tekrar dizileri yer alır ve aralayıcı DNA (spacer DNA) dizileri ile birbirinden ayrılır. Bunlara aynı zamanda tekrarlanan transkripsiyon birimleri de denir. Bunlar NTS (non transcribed spacer), ITS (internal transcribed spacer) ve ETS (external transcribed spacer) gibi bölgelerdir. Bu bölgelerde yüksek oranda polimorfizm bulunduğu için sistemik çalışmalarda çok sık tercih edilmektedir.

Rana et al (2012); Himalayalar ve Kuzey Hint Ovalarında bulunan *Chenopodium album* türünün diğer yakın türleri ile olan filogenetik ilişkilerini nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak belirlemiştir. Çalışmalar

sonucunda, *C. album* ve *C. giganteum* türlerini yakın türler olarak belirlemişlerdir ve bunu karyotipik çalışmalarla da desteklemişlerdir.

Vaio et al (2013), Oxalidaceae familyasına ait olan *Corniculatae* ve *Ripariae* türlerinin arasındaki filogenetik ilişkiyi nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak belirlemişlerdir. Çalışmalar sonucunda, bu iki türü morfolojik ve sitogenetik karakterler bakımından çok benzer bulmuşlardır. Bu türlerin kromozom sayılarını da X=5 olarak belirlemişlerdir.

Chen et al (2014) çalışmalarında, Arjantin, ABD ve Çin'den Amaranthaceae familyasına ait *Alternanthera philoxeroides* örnekleri toplamış ve nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak genom boyutlarını belirlemişlerdir. Sonuç olarak, genom boyutlarındaki değişimin *A. philoxeroides*'in varyasyonunda önemli bir rol oynadığını bildirmişlerdir.

Hayakawa et al (2014), Japonya ulusal parkı ve Ryukyu Adasından 29 adet *Miscanthus sinensis* (Poaceae) örneği toplamışlardır. Bu çalışmalarında, nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak bu türün filocoğrafyasını belirlemişlerdir. Çalışmalar sonucunda, *Miscanthus sinensis* türünün Japonya'nın Güney ve Kuzey Bölgelerine dağıldıklarını bildirmişlerdir.

Hilpold et al (2014), *Centaurea* grubunda nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) ve kloroplast rpl32-trnL DNA gen bölgesini kullanarak filogenisini belirlemişlerdir. Sonuç olarak; *Centaurea* grubunun merkezinin Akdeniz kıyısı olduğu düşünülürken, aslında daha büyük olasılıkla Kuzeybatı Afrika'da bulunabileceğini bildirmişlerdir.

De Lange et al (2014)'a göre, Yeni Zelanda'nın florasında yeni ve nadir bulunan *Senecio australis* (Asteraceae: Senecioneae) türü ITS (internal transcribed spacer) DNA gen bölgeleri kullanılarak belirlenmiştir. Bu çalışmadan önce, *Senecio australis* Yeni Zelanda'da 1994 yılında tanımlanmıştır. Yalnız, bu türün tohumlarının bir deniz kuşu tarafından Norfolk Adası'na taşındığı düşünülmüştür. Bu yüzden bu tarihten önce Yeni Zelanda'da bu türe rastlanılmamıştır. Daha sonrasında Norfolk Adası ve Kuzey Yeni Zelanda suları arasında dolanan su kuşu bu türün tohumlarını tekrar taşımıştır.

Peterson et al (2014) çalışmalarında, Kuzey Amerika'dan Poaceae: Chloridoideae familyasına ait *Leptochloa sensu lato* türünden 55 adet örnek toplamışlardır. Bu örnekler arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için ITS (internal transcribed spacer),

matK, rbcL ve rpl32-trnL gen bölgelerini kullanmışlardır. DNA sekans sonuçlarına bakıldığında, ITS'de (% 96) en büyük pay, bunu takiben rpl32-trnL (% 25.6), matK (% 3.0) ve rbcL (% 0.0) oranında sonuçlar vermiştir.

Piya et al (2014) çalışmalarında, Orta Batı Amerika'nın yukarılarında bulunan Apiaceae familyasına ait *Falcaria vulgaris* (orakotu) türünün genetik çeşitliliğini belirlemişlerdir. Bu çalışmada ITS (internal transcribed spacer) gen bölgesi, *trnL-trnL-F* ve *trnQ-rps16* gen bölgeleri kullanılmıştır. *F.vulgaris* türünde *trnL-trnL-F* gen bölgelerini kullanarak PCR çalışmaları yaptıklarında 909 bp (base pair) aralığında görürken, *trnQ-rps16* gen bölgelerini kullandıklarında 884 bp aralığında gözlemlediklerini bildirmişlerdir.

Reid et al (2014), Yeni Dünya *Cyperus* (Cyperaceae) türünün filogenisini nükleer ITS (internal transcribed spacer) sekanslarını kullanarak belirlemişlerdir. Çalışmaları sonucunda, *Cyperus*'un bölümlerinin *Haspani*, *Laxiglumi*, *Strigosi*, *Thunbergiani* ve *Umbellati*'nin monofiletik olmadığının ön kanıtlarını sunduklarını bildirmişlerdir.

Golden et al (2015), Doğu ve Batı Kanada'da bulunan *Cirsium scariosum* türünün genetik farklılığını ITS (internal transcribed spacer) ve ETS (external transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak belirlemişlerdir. Sonuç olarak, Batı'da bulunan *C. scariosum*, aynı bölgedeki *C. hookerianum*'a Doğu'da bulunan *C. scariosum*'dan daha fazla benzer bulunmuştur.

Marghali et al (2015) çalışmalarında, Akdeniz ülkelerinden topladıkları 28 adet *Lathyrus* türünün filogenetik ilişkisini nükleer ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak belirlemişlerdir. Bu çalışmada *Lathyrus*'un belirsiz olan sistematiği *Kupicha*'nın morfolojik sınıflandırmasıyla kıyaslanmıştır.

Kolano et al (2016) çalışmalarında, Amaranthaceae familyasına ait *Chenopodium quinoa* ve *C. berlandieri* türlerinin moleküler ve sitogenetik yapılarını nükleer ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) ve 5S ribozomal DNA NTS (non transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak bildirmişlerdir. Filogenetik analizler sonucunda, iki farklı genomik grubun (*Chenopodium quinoa* ve *C. berlandieri*) diploidlerini içeren her iki tetraploidin allotetraploid kökenli olduğunu doğrulamışlardır.

Kolören et al (2016), Ordu ili ve ilçelerinden aldıkları *Artemisia* spp. bitki örneklerinin moleküler teşhisinde rRNA-ITS gen bölgesini kullanarak genetik çeşitliliği



belirlemişlerdir. Çalışmalarında bir türün *A. sylvatica* ile, diğer 18 türün ise *A. argyi* ve *A. verlotiorum* ile akraba olduklarını bildirmişlerdir.

Kolören ve Eker (2016), Türkiye'nin farklı bölgelerinden aldıkları *Geranium* spp.'nin genetik çeşitliliğini rRNA-ITS gen bölgesini kullanarak belirlemişlerdir. Moleküler çalışmaları sonucunda; *Geranium gracile*, *G. ibericum*, *G. asphodeloides*, *G. microphyllum*, *G. sp.* ve *G. dissectum* türleri ile akraba olduklarını bildirmişlerdir.

Sharma & Shrivastava (2016) çalışmalarında, *Convolvulus prostratus* ve *Evolvulus alsinoides* türlerinin tanımlamasını nüklear ribozomal DNA ITS (internal transcribed spacer) gen bölgelerini kullanarak belirlemişlerdir. Bu çalışmadaki PCR çalışmaları sonucunda elde ettikleri jel görüntülerinde *Convolvulus prostratus* türünü 200 bp (base pair) aralığında, *Evolvulus alsinoides* türünü ise 596 bp aralığında gözlemlediklerini bildirmişlerdir.

Pahlevani et al (2017) çalışmalarında, İran' da bulunan Euphorbiaceae familyasına ait *Esula* türünün moleküler ve morfolojik çalışmalarını yaparak iki yeni tür (*E. khabrica* ve *E. austro-iranica*) belirlemişlerdir. Bu moleküler çalışmalarda ITS (internal transcribed spacer) ve ndhF gen bölgelerini kullanmışlardır.

Will & Claßen-Bockhoff (2017), Lamiaceae familyasına ait *Salvia s.l.* türünün, yani bir diğer adıyla Eski Dünya *Salvia*'nın filogenisi hakkında yeni bilgiler elde etmişlerdir. Bu çalışmalarında 220 *Salvia* örneği için ITS (internal transcribed spacer) gen bölgesini, 100 *Salvia* örneği için rpl32-trnL gen bölgesini kullanmışlardır. Sonuç olarak bu çalıştıkları örneklerin %57'sinin Eski Dünya *Salvia*'yı temsil ettiğini bildirmişlerdir.

## 2. SONUÇLAR

Yabancı otların moleküler teşhisinde kullanılan ribozomal RNA (rRNA) internal transcribed spacer (ITS) gen bölgelerinin çok sık kullanılmasının pek çok avantajlı sebebi vardır. Bunlar; yüksek oranda polimorfizm olması, kolay, güvenilir ve düşük maliyetle sonuçlar vermesi, korunmuş ve değişken bölgelere sahip olduklarından türler arasındaki ilişkileri açıklamaya yardımcı olması, çevre şartlarından etkilenmemeleri gibi pek çok faktör daha sayabiliriz. Sonuç olarak; Türler arasındaki akrabalıkları belirlemek genetik karakterizasyon, ıslah çalışmalarına ve aynı zamanda genetik materyallerinin değerlendirilmesi açısından son derece önem taşımaktadır. Ayrıca yabancı otların zararlı

yönlerine bakıldığında ise, hangi bölgede hangi türün yaygınlık gösterdiği yani genetik haritalaması çıkarıldığında bu uygulanacak mücadele şekli konusunda bize yol gösterecektir. Ve de, moleküler düzeyde ileride yapılacak olan daha geniş kapsamlı çalışmalara yol gösterip yardımcı olacağı düşünülmektedir.

## **KAYNAKLAR**

- Ali M A, Van D L & Kim S Y (2010). Molecular systematic study of *Cardamine glechomifolia* Levl. (Brassicaceae) using internal transcribed spacer sequence of nuclear ribosomal DNA (ITS) and chloroplast *trnL* and *trnL-F* sequences. *Saudi Journal of Biological Sciences* **17**: 275-290.
- Bowles V G, Mayerhofer R, Davis C, Good A G & Hall J C (2010). A phylogenetic investigation of *Carthamus* combining sequence and microsatellite data. *Plant Systematics and Evolution* **287**: 85-97. DOI 10.1007/s00606-010-0292-3.
- Chen Z Y, Xiong Z J, Pan X Y, Shen S Q, Geng Y P, Xu C Y, Chen J K & Zhang W J (2014). Variation of genome size and the ribosomal DNA ITS region of *Alternanthera philoxeroides* (Amaranthaceae) in Argentina, the USA, and China. *Journal of Systematics and Evolution* **53**(1): 82-87. DOI: 10.1111/jse.12118.
- Costea M, Spence I & Stefanović S (2011). Systematics of *Cuscuta chinensis* species complex (subgenus *Grammica*, Convolvulaceae): evidence for long-distancedispersal and one new species. *Organism Diversity & Evolution* **11**: 373-386. DOI 10.1007/s13127-011-0061-3.
- de Lange P J, Rolfe J R, Liew C S & Pelter P B (2014). *Senecio australis* Willd. (Asteraceae: Senecioneae) – a new and uncommon addition to the indigenous vascular flora of New Zealand. *New Zealand Journal of Botany* **52**(4) 417-428.
- Golden J L, Achuff P & Bain J F (2015). Genetic divergence of *Cirsium scariosum* in Eastern and Western Canada. *Ecoscience* **15**(3): 293-297.
- Güz N & Kılınçer N (2012). Böcek sistematğinde moleküler markörlerin kullanımı. *Türkiye Entomoloji Bülteni* **2**(2): 125-145 .
- Hayakawa H, Akasaka M, Shimono Y, Kurokawa S, Nishida T, Ikeda H & Wakamatsu T (2014). Phylogeography based on the nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer region of native *Miscanthus sinensis* (Poaceae) populations in Japan. *Weed Biology and Management* **14**: 251–261.
- Heenan P B, de Lange P J, & Keeling, J (2010), *Alternanthera nahui*, a new species of Amaranthaceae indigenous to New Zealand. *New Zealand Journal of Botany* **47**: 97-105.
- Hilpold A, Vilatersana R, Susanna A, Meseguer A S, Boršič I, Constantinidis T, Filigheddu R, Romaschenko K, Suárez-Santiago V N, Tugay O, Uysal T, Pfeil B E & Garcia-Jacas N (2014). Phylogeny of the *Centaurea* group (*Centaurea*, Compositae) – Geography is a better predictor than morphology. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **77**: 195–215.
- Hoffmann M P & Frodsham A C (1993). Natural enemies of vegetable insect pests. Cooperative Extension, Cornell University, Ithaca, NY, 63 p.

- Hoy W K (2003). An analysis of enabling and mindful school structures: Some theoretical, research, and practical consideration. *Journal of Educational Administration* **41**: 87-108.
- Jakob S S & Blattner F R (2010). Two extinct diploid progenitors were involved in allopolyploid formation in the *Hordeum murinum* (Poaceae: Triticeae) taxon complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **55**: 650-659.
- Kolano B, McCann J, Orzechowska M, Siwinska D, Temsch E & Weiss-Schneeweiss H (2016). Molecular and cytogenetic evidence for an allotetraploid origin of *Chenopodium quinoa* and *C. berlandieri* (Amaranthaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **100**: 109-123.
- Kolören O, Kolören Z & Eker S (2016). Molecular phylogeny of *Artemisia* species based on the internal transcribed spacer (ITS) of 18S-26S rDNA in Ordu Province of Turkey. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* **30**(5): 929-934.
- Kolören O & Eker S (2016). Phylogenetic relationships of *Geranium* species in different regions of Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin* **25**(12): 5467-5472.
- Liu L, Zhao B, Tan D & Wang J (2011). Phylogenetic relationships of Brassicaceae in China: Insights from a non-coding chloroplast, mitochondrial, and nuclear DNA data set. *Biochemical Systematics and Ecology* **39**: 600-608.
- Marghali S, Fadhlaoui I, Gharbi M, Zitouna N & Trifi-Farah N (2015). Utility of ITS2 sequence data of nuclear ribosomal DNA: Molecular evolution and phylogenetic reconstruction of *Lathyrus* spp. *Scientia Horticulturae* **194**: 313-319.
- Pahlevani A H, Feulner M, Weig A & Liede-Schumann S (2017). Molecular and morphological studies disentangle species complex in *Euphorbia* sect. *Esula* (Euphorbiaceae) from Iran, including two new species. *Plant Systematics and Evolution* **303**: 139-164. DOI 10.1007/s00606-016-1358-7.
- Peterson P M, Romaschenko K & Soreng R J (2014). A laboratory guide for generating DNA barcodes in grasses: a case study of *Leptochloa* s.l. (Poaceae: Chloridoideae). *Journal of Plant Taxonomy and Geography* **69**(1): 1-12.
- Piya S, Nepal M P, Butler J L, Larson G E & Neupane A (2014). Genetic diversity and population structure of sickleweed (*Falcaria vulgaris*; Apiaceae) in the upper Midwest USA. *Biological Invasions* **16**: 2115-2125. DOI 10.1007/s10530-014-0651-z.
- Rana T S, Narzary D & Ohri D (2012). Molecular differentiation of *Chenopodium album* complex and some related species using ISSR profiles and ITS sequences. *Gene* **495**: 29-35.
- Reid C S, Carter R & Urbatsch L E (2014). Phylogenetic insights into New World *Cyperus* (Cyperaceae) using nuclear ITS sequences. *Brittonia* **66**(3): 292-305, DOI 10.1007/s12228-014-9324-6.
- Sharma S & Shrivastava N (2016). Internal transcribed spacer guided multiplex PCR for species identification of *Convolvulus prostratus* and *Evolvulus alsinoides*. *Acta Pharmaceutica Sinica B* **6**(3): 253-258.
- Vaio M, Gardner A, Emshwiller E & Guerra M (2013). Molecular phylogeny and chromosome evolution among the creeping herbaceous *Oxalis* species of sections Corniculatae and Ripariae (Oxalidaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **68**: 199-211.
- Will M & Claßen-Bockhoff R (2017). Time to split *Salvia* s.l. (Lamiaceae) - New insights from Old World *Salvia* phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **109**, 33-58.