

## Bazı *Inocybe* (Fr.) Fr. Taksonlarının Morfolojik ve Moleküler Yöntemlerle Karakterizasyonu

Bekir ÇÖL\*<sup>1</sup>, İsmail ŞEN<sup>1</sup>, Hakan ALLI<sup>1</sup>, Gökçe HAS<sup>1</sup>, Ezgin TIRPAN<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 48000, Muğla

(Alınış / Received: 28.11.2016, Kabul / Accepted: 13.02.2017, Online Yayınlanma / Published Online: 01.03.2017)

### Anahtar Kelimeler

*Inocybe* (Fr.) Fr.,  
Taksonomi,  
ITS,  
Moleküler filogeni,  
Kütahya

**Özet:** Dünyada birçok ekosistemde yayılış gösteren *Inocybe*, cins düzeyinde teşhisi kolay olmasına rağmen, morfolojik özelliklerinin birbirine yakın olmasından dolayı, tür düzeyinde tayini zaman alabilmektedir. Bu nedenle, *Inocybe* cinsi son yıllardaki moleküler tekniklerdeki gelişmelerin etkisiyle filogenetik olarak değerlendirilmektedir. Yapılan filogenetik analizler, cins içindeki taksonomik problemlerin ortadan kaldırılabilmesi için kullanışlı veriler sunmaktadır. Bu kapsamda, Kütahya yöresinden toplanan *Inocybe* örneklerinin morfolojik ve moleküler analizi yapılarak cins içindeki filogenetik pozisyonlarının belirlenmesi amaçlanmıştır. Bunun için, örneklerin ITS bölgesinin sekansları çıkartılmış, GenBank'tan alınan diğer sekanslarla karşılaştırılarak analiz edilmiştir. Yapılan morfolojik ve filogenetik analizler sonucunda, araştırma bölgesinden *I. calida*, *I. cervicolor* ve *I. rimosa* taksonları belirlenmiştir. Ayrıca, bu taksonların yer aldığı *Cervicolores*, *Marginatae* ve *Rimosa* seksiyonları filogenetik olarak değerlendirilmiş ve türler arasındaki morfolojik farklılıklar incelenmiştir.

## Characterization of Some *Inocybe* (Fr.) Fr. Taxa Based on Morphological and Molecular Methods

### Keywords

*Inocybe* (Fr.) Fr.,  
Taxonomy,  
ITS,  
Molecular phylogeny,  
Kütahya

**Abstract:** *Inocybe* is a fungi genus widespread in the world ecosystems and relatively easy to be identified at the genus level; however species identification for this genus is at times may take time due to close similarities in morphological characteristics among some of the species. For this reason, the genus *Inocybe* has also been continuously evaluated phylogenetically by taking advantage of the developments in molecular approaches in recent years. The phylogenetic analyzes provide useful inputs to tackle taxonomic problems within the genus. In this context, we aim to conduct morphological and molecular analyzes of *Inocybe* samples collected from Kütahya region to determine phylogenetic positions in the genus. Towards this goal, ITS regions of the samples were sequenced and compared with the other sequences obtained from GenBank. As a result of the morphological and phylogenetic analyzes performed, *I. calida*, *I. cervicolor* and *I. rimosa* taxa were identified from the study area. Furthermore, the *Cervicolores*, *Marginatae* and *Rimosa* sections of these taxa were phylogenetically evaluated and the morphological differences between the species are discussed.

### 1. Giriş

*Inocybe* (Fr.) Fr. dünya çapında birçok bölgede yayılış gösteren kozmopolit bir cinstir [1]. Yaklaşık olarak 500 türünün bulunduğu düşünülen *Inocybe* cinsi [2] ülkemizde 89 takson ile yayılış göstermektedir [3, 4].

*Inocybe* türleri temel olarak fibrilliden pullu yapıya değişen beyazımsı, grimsi, kahverengi tonlarındaki sapka, beyazımsı unsu yapı ile kaplı sap ve birçok

türünde karakteristik olan spermatik kokusu gibi makroskobik özellikleri ve metuloid olarak adlandırılan kalın duvarlı kristal başlıklı sistidya yapısı, nodüllü veya badem biçimli sporları gibi mikroskobik özellikleri ile karakteristik bir cinstir [5] [6]. Fakat cins düzeyinde kolaylıkla teşhis edilebilmesine rağmen, birçok taksonun morfolojik özelliklerinin birbirine benzer olması nedeniyle tür düzeyinde teşhisi oldukça zordur [7]. Bu nedenle, dünya çapında oldukça yaygın olan *Inocybe* cinsi, tür

düzeyinde teşhisinin zor olması ve son yıllarda moleküler tekniklerdeki gelişmelerin etkisiyle birçok araştırmacı tarafından filogenetik olarak analiz edilmiş ve taksonomik olarak değerlendirilmiştir. ITS gen bölgesi dışında nükleer büyük alt birim ribozomal DNA dizileri (nLSU) ve RNA Polimeraz II enziminin büyük alt ünitesi olan RPB1 geninin dizileri de mantarların evrimsel gelişiminin belirlenmesinde kullanılmaktadır [8-10].

Bununla birlikte, birçok araştırmacı tarafından *Inocybe* sekansları GenBank gibi veri tabanlarına yüklendiği görülmektedir. Fakat, yüklenen bu sekansların büyük çoğunluğunun morfolojik olarak teşhisi yapılamayan örnekler veya yanlış teşhis edilen *Inocybe* türlerine ait olduğu görülmektedir [11]. Özellikle, morfolojik olarak teşhisi zor olan *Inocybe* türlerinin moleküler yöntemlerle irdelemesi taksonomik kargaşanın ortadan kaldırılmasında önemlidir. Bu nedenle, sunulan bu çalışma kapsamında, bazı *Inocybe* örnekleri morfolojik ve moleküler olarak analiz edilmiş ve taksonomik pozisyonları tartışılmıştır.

## 2. Materyal ve Metot

### 2.1. Örneklerin toplanması ve morfolojik analiz

Sunulan çalışma kapsamında analizi yapılan *Inocybe* örnekleri, 2011 - 2014 yılları arasında Kütahya yöresinden toplanmıştır (Şekil 1). Arazi koşullarında belirlenen örneklerin renk, koku ve habitat özellikleri arazi defterine kaydedilerek gün ışığında fotoğrafları çekilmiştir. Toplanan örnekler mumlu kâğıtlara sarılarak laboratuvar ortamına taşınmıştır. Laboratuvar ortamında örnekler uygun koşullarda kurutularak fungaryum materyaline dönüştürülmüştür. Bu örnekler, Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi Kriptogam Araştırma Laboratuvarında fungaryum materyali olarak saklanmaktadır.

Fungaryum materyaline dönüştürülen örneklerin mikroskopik özellikleri, % 3'lük KOH solüsyonu ile hazırlanan preparatlar kullanılarak ışık mikroskobu ile (Leica DM 7500) incelenmiştir. Örneklerin spor rengi, şekli ve boyutları belirlenmiştir. Belirlenen

spor boyutlarının en büyük ve en küçük %5'lik dilimi ölçüm hatalarının ortadan kaldırılabilmesi için görmezden gelinmiştir. Ayrıca, sistidy ve bazidyum yapılarının şekilleri ve boyutları analiz edilmiştir.

Mikroskopik özellikleri belirlenen örneklerin morfolojik özellikleri de kullanılarak referans kitaplardan elde edilen veriler ışığında teşhisi yapılmıştır [5, 6].

### 2.2. DNA izolasyonu, PCR ve örneklerin sekanslanması

Morfolojik olarak teşhisi yapılan örneklerin genomik DNA izolasyonu için Qiagen Plant Mini Kit kullanılmıştır. Kullanılan izolasyon basamakları kit üretici firma tarafından sağlanan protokole göre yapılmıştır.

Elde edilen genomik DNA'nın, PCR ile Internal Transcribed Spacer (ITS) gen bölgeleri çoğaltılmıştır. Bunun için, ITS 1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3') ve ITS 4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') primerleri kullanılmıştır [12]. PCR için hazırlanan karışımın son hacmi 50 µl olacak şekilde PCR tüpüne eklenmiştir. PCR için hazırlanan karışımın içeriği Tablo 1'de verilmiştir.

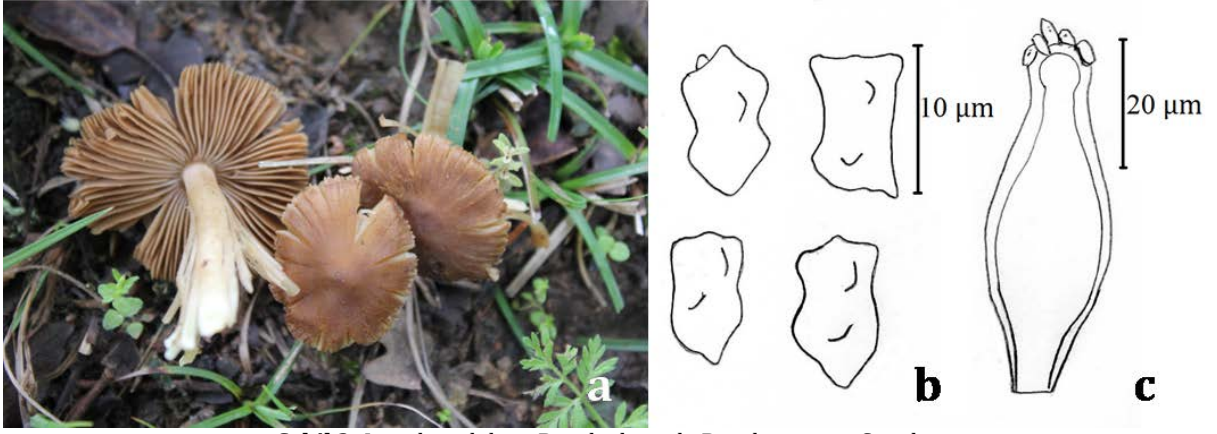
**Tablo 1.** PCR için hazırlanan karışımın içeriği.

Kullanılan Malzemeler	Miktar (µl)
Genomik DNA	2
10X Taq Buffer	5
MgCl <sub>2</sub> (10 mM)	4
dNTP (2 mM)	1
ITS1 (10pmol/µl)	1
ITS4 (10pmol/µl)	1
Taq Polimeraz (5U/µl)	0.5
dH <sub>2</sub> O	35.5

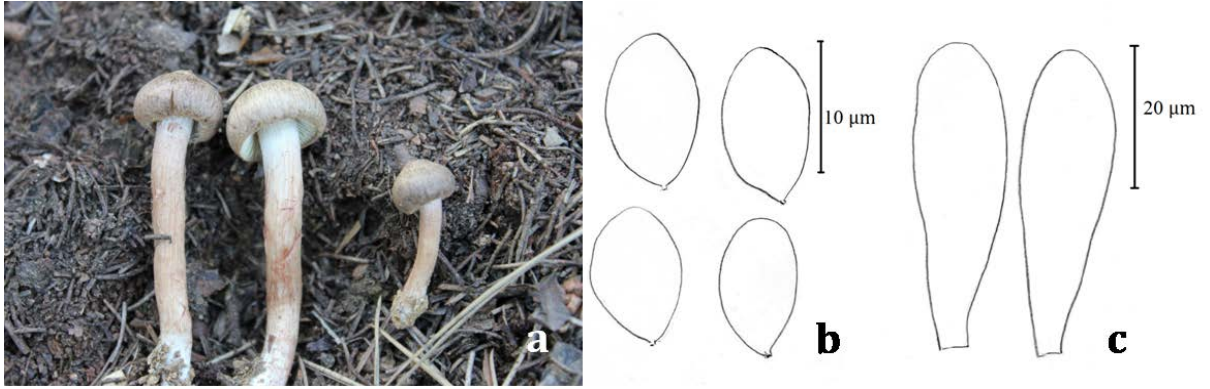
ITS bölgesini çoğaltmak için kullanılan PCR programı; 94°C'de 3 dk, 94°C'de 1 dk, 52°C'de 1 dakika, 72°C'de 2 dk ve takiben 72°C'de 10 dakika, 35 döngü şeklindedir. Fermentas GeneJET Gel Extraction Kit ile pürifikasyonu yapılan PCR ürünleri MacroGen (Hollanda) firmasına gönderilerek çift yönlü olarak sekanslanmıştır.



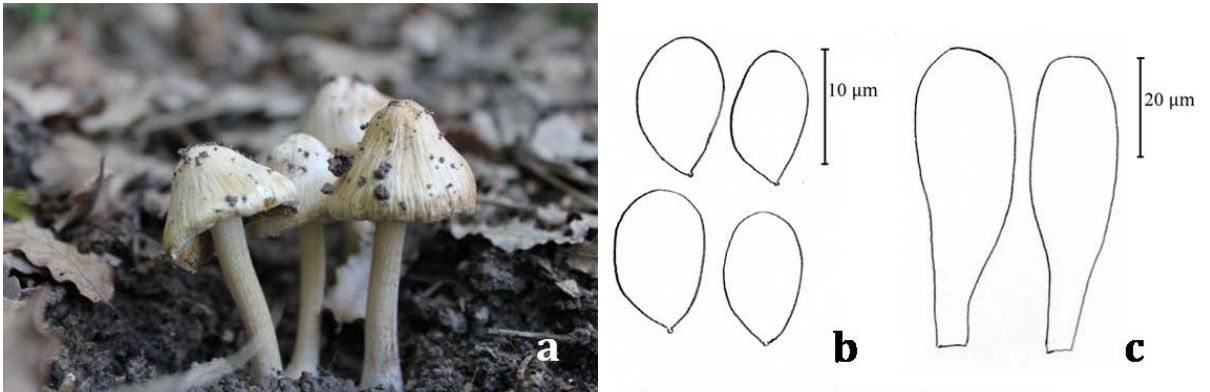
**Şekil 1.** Makrofungus örneklerinin toplandığı Kütahya yöresi



Şekil 2. *Inocybe calida*, a. Bazidyokarp, b. Bazidyospor, c. Sistidya



Şekil 3. *Inocybe cervicolor*, a. Bazidyokarp, b. Bazidyospor, c. Sistidya



Şekil 4. *Inocybe rimosa*, a. Bazidyokarp, b. Bazidyospor, c. Sistidya

### 2.3. Filogenetik analiz

Sekanslar, BioEdit Sequence Alignment Editor isimli program kullanılarak birleştirilmiştir. Elde edilen contig sekanslar BlastN yapılarak GenBank'taki yakın sekanslarla karşılaştırılmıştır. Daha sonra, elde edilen sekanslar, GenBank'taki yakın sekanslarla birlikte MEGA 6.1 programı kullanılarak, Neighbour-Joining filogenetik ağacı oluşturulmuştur [13]. Oluşturulan filogenetik ağaçtaki nodların doğruluğunun değerlendirilmesi için Kimura 2 parametresi kullanılmış ve 10000 tekrarlı bootstrap değerleri hesaplatılmıştır [14].

Filogenetik analizler sonucunda elde edilen moleküler veriler morfolojik analizler ile tekrar

değerlendirilerek örneklerin taksonomik pozisyonları tekrar irdelenmiştir.

### 3. Bulgular

Sunulan bu çalışma kapsamında, 2011 - 2014 yılları arasında Kütahya yöresinden toplanan *Inocybe calida* Velen., *Inocybe cervicolor* (Pers.) Qué. ve *Inocybe rimosa* (Bull.) P. Kumm. taksonlarına ait örnekler morfolojik ve filogenetik olarak analiz edilmiştir.

#### 3.1. Belirlenen taksonların morfolojik özellikleri

##### 3.2.1. *Inocybe calida* Velen.

GenBank No: KY496805

**Şapka**, 15 – 35 mm, belirgin bir umbo yapısıyla beraber genişçe konikalden düze değişen şekillerde, merkezde düz kenarlara doğru gidildikçe hafifçe fibrilli, kestane kahverengi tonlarda ve özellikle merkezde beyazımsı örtü kalıntıları vardır. **Lameller** açık grimsi bej, adnatır. **Sap** 20 – 60 × 3 – 6 mm, kırmızımsı kahverengi tonlardadır, sap tabanında şişkindir. Kokusu spermatiktir (Şekil 2a).

**Sporlar**, 8 – 11.2 × 6.5 – 8.1 µm, nodüllü yapıdadır (Şekil 2b). **Sistidya** 45 – 73 × 15 – 20 µm boyutlarında kalın çeperlidir (Şekil 2c).

Genellikle park ve bahçelerde geniş yapraklı ağaçlarla birlikte yetişmektedir [5] [6].

**Analiz edilen örnekler:** Demirci Köy, Aksaz, Simav, *Quercus* sp. ormanı, 25.05.2012, *Allı* 4211.

### 3.2.2. *Inocybe cervicolor* (Pers.) Quél.

GenBank No: KY496803 (*Allı* 4076), KY496804 (*Allı* 4090)

**Şapka** 10 – 45 mm, önce konikalden konvekse değişir, sonra düzdür, umbo yoktur veya belirgin değildir, okra – kahverengi zemin üzerinde koyu pullar vardır. **Lameller** sarımsı tonlardan kahverengiye değişen renklerde, lamel kenarlarında beyazımsı unlu yapı vardır. **Sap**, 40 – 100 × 3 – 8 mm, kahverengimsi, yaşlandığında ise kırmızımsı tonlardadır, unlu fibrilli bir yapıdadır. Kokusu güçlü olup, toprağımsıdır (Şekil 3a).

**Sporlar** 12.2 – 14.7 × 7 – 9 µm, elipsoiddir (Şekil 3b). **Sistidya** 36 – 55 × 10 – 15 µm, ince çeperli olup, metuloid olarak isimlendirilen kalın duvarlı yapı oluşturmaz (Şekil 3c).

Genellikle *Picea* sp. ormanlarında, bazen de geniş yapraklı ormanlarda yetişmektedir [5] [6].

**Analiz edilen örnekler:** Kütahya, Abide Mevki, Simav, *Pinus brutia* Ten., *Quercus* sp. karışık ormanı, 27.04.2012, *Allı* 4076; Kütahya, Simav- Gediz yol ayrımı, *Pinus brutia*, *Quercus* sp. karışık ormanı, 27.04.2012, *Allı* 4090.

### 3.2.3. *Inocybe rimosa* (Bull.) P. Kumm.

GenBank No: KY496802

**Şapka** 30 – 70 mm, önce genişçe konikalden çan şeklinde değişirken, daha sonra hafifçe konveks, genellikle yayvan umboya sahiptir, sarımsı veya okramsı kahverengi tonlardadır, fakat değişkendir, şapkanın dış kısmı fibrilli yapıdadır. **Lameller** belirgin şekilde zeytuni sarı tonlardadır. **Sap** 40 – 90 × 4 – 10 mm, beyazımsı veya hafifçe kahverengimsi sarı tonlarda, üst kısımda ise unlu yapıdadır. Koku spermatiktir (Şekil 4a).

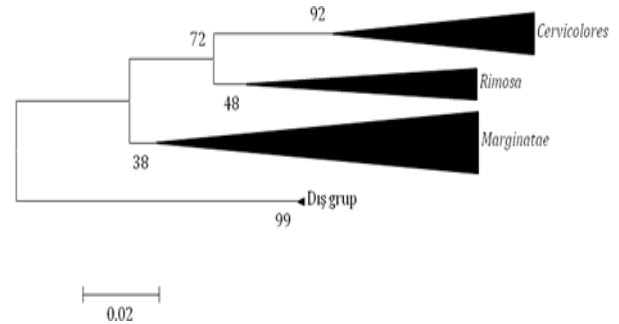
**Sporlar** 8.7 – 13 × 7 – 8.5 µm, elipsoiddir (Şekil 4b). **Sistidya** 30 – 65 × 10 – 22 µm, ince çeperli olup metuloid olarak isimlendirilen kalın duvarlı yapı oluşturmaz (Şekil 4c).

Ormanlık alanlarda tercihen geniş yapraklı ağaçlarla veya park ve açıklık alanlarda yetişmektedir [5] [6].

**Analiz edilen örnekler:** Kütahya–Afyonkarahisar Karayolu 10. km, *Pinus nigra* Arn., *Quercus* sp. karışık ormanı, 05.06.2011, *Allı* 3706.

## 3.2. Taksonların analizi ve filogenetik veriler

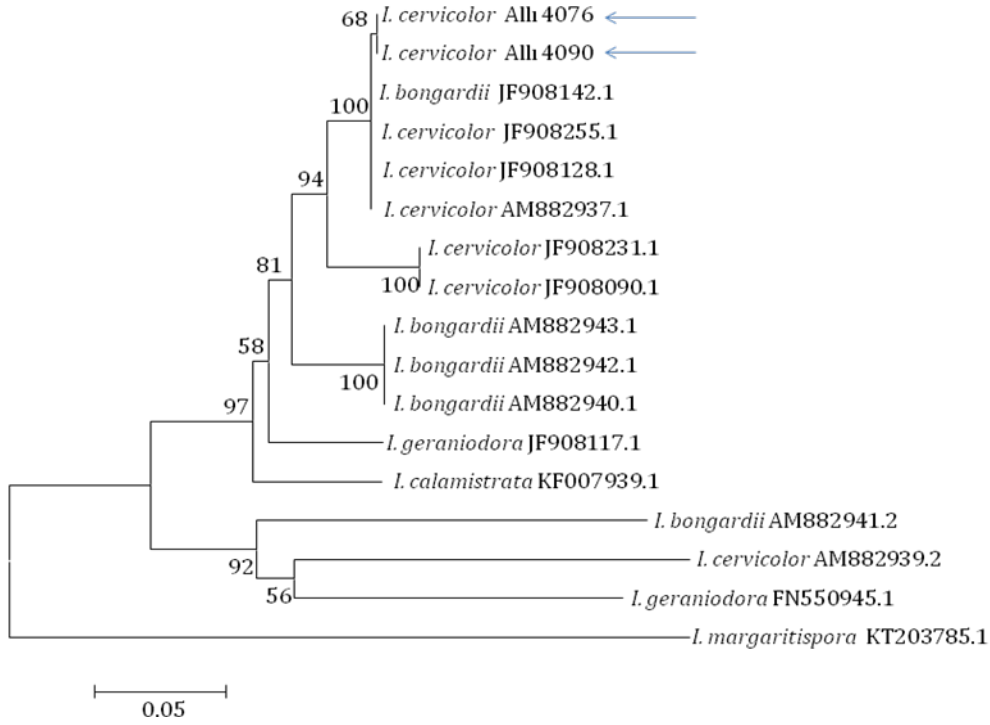
Araştırma bölgesinden toplanan örneklerin *Inosperma* ve *Inocybe* alt cinslerinde ve bu alt cinslere ait *Cervicolores*, *Rimosa* ve *Marginatae* seksiyonlarında dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Buna göre, yapılan filogenetik analizlerde, bu üç bölümün birbirinden ayrılarak farklı gruplar oluşturduğu görülmüştür (Şekil 5). *Cervicolores* ve *Rimosa* seksiyonu *Inosperma* alt cinsi içinde yer almakta olup, sporları genellikle badem şekillidir ve ayrıca nodüllü spor oluşturmazlar. *Marginatae* seksiyonu ise *Inocybe* altcinsi içinde yer almaktadır ve genellikle yıldız şeklinde veya nodüllü sporlar oluşturmaktadır [5] [6]. Şekil 5'e göre, yapılan kladistik analizde *Cervicolores* ve *Rimosa* seksiyonlarının daha yakın dallandığı görülmektedir. Bu durum, iki alt cinsin birbirinden spor farklılıklarıyla olan ayrımını desteklemektedir. Yapılan bu filogenetik analizde dış grup olarak *Crepidotus calolepis* (Fr.) P. Karst. ve *Crepidotus mollis* (Schaeff.) Stauder kullanılmıştır.



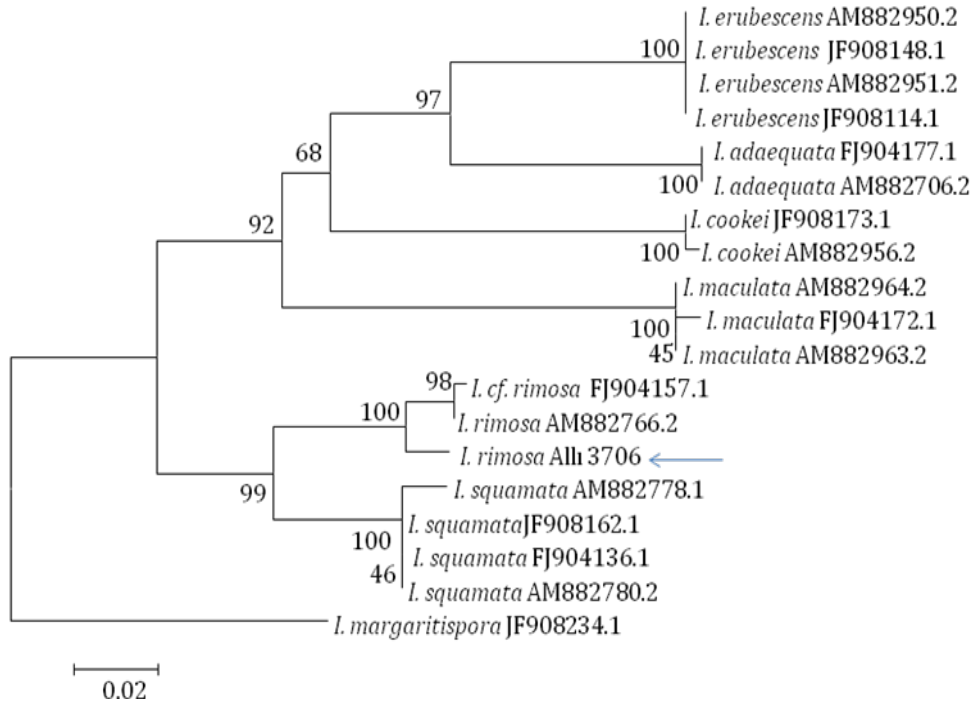
Şekil 5. Belirlenen seksiyonların kladistik ayrımı

*Cervicolores* bölümünde bulunan *Inocybe cervicolor*, *Inocybe bongardii* ile yakın akraba olduğu görülmektedir (Şekil 6). Morfolojik olarak oldukça benzer olan bu iki takson, karakteristik olarak koku özellikleriyle birbirinden ayrılmaktadır [5]. Bununla birlikte, JF908142 GenBank numaralı örneğin %100 olarak *Inocybe cervicolor* ile eşleştiği görülmektedir. Bu durum GenBank'taki bazı verilerin kullanımında dikkatli olmak gerektiğini göstermektedir. *Inosperma* altcinsinde bulunan *Rimosa* seksiyonunun Neighbour-Joining filogenetik ağacı Şekil 7'de görülmektedir. Buna göre, *Inocybe rimosa* ile *I. squamata*'nın filogenetik olarak birbirine yakın olduğu görülmektedir.





Şekil 6. *Cervicoides* seksiyonunun neighbour joining ağacı



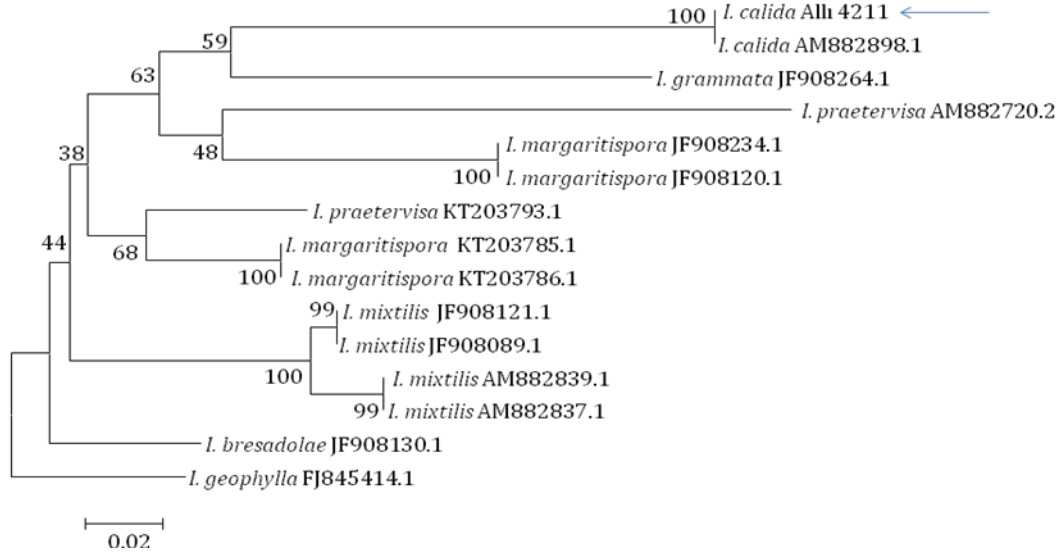
Şekil 7. *Rimosa* seksiyonunun neighbour joining ağacı

#### 4. Tartışma ve Sonuç

Sunulan bu çalışma kapsamında, Kütahya yöresinden toplanan *Inocybe* cinsine ait üç tür, dört örneğin morfolojik ve moleküler analizi yapılmıştır. Cins düzeyinde kolaylıkla belirlenebilen *Inocybe* türlerinin, morfolojik karakterlerinin birbirine yakın olması nedeniyle tür düzeyinde ayrımı oldukça zordur. Bu nedenle, moleküler araçların kullanımı *Inocybe* cinsi gibi ayrımı zor olan grupların birbirinden ayrılmasında kullanışlı veriler

sağlamaktadır. Özellikle, son yıllarda birçok araştırmacı tarafından moleküler veriler kullanılarak *Inocybe* cinsinin filogenetik ve evrimsel ilişkileri ortaya çıkarılmıştır. Matheny'e [8] göre, *Inocybe* cinsi *Inocybe*, *Inosperma*, *Pseudosperma*, *Mallocybe* ve *Auritella* olmak üzere 5 klada ayrılmaktadır.

Elde edilen ITS bölgelerine ait DNA sekansları için Genbank numaraları alınmış ve coğrafik lokasyonlarla birlikte, Tablo 2'de verilmiştir.

Şekil 8. *Marginatae* seksiyonunun neighbour joining ağacı

Tablo 2. Taksonların tanımlamaları ve Genbank numaraları

Örnek Sayısı	Örnek Kodu	Örneklerin Alındığı Lokasyon	Tür Adı	Genbank Numarası
1-	Allı 3706	Kütahya-Afyonkarahisar Karayolu	<i>Inocybe rimosa</i>	KY496802
2-	Allı 4076	Kütahya-Abide Mevki, Simav	<i>Inocybe cervicolor</i>	KY496803
3-	Allı 4090	Kütahya-Simav- Gediz yol ayrımı	<i>Inocybe cervicolor</i>	KY496804
4-	Allı 4211	Demirci Köy, Aksaz, Simav	<i>Inocybe calida</i>	KY496805

Morfolojik olarak analiz edilen örnekler Kuyper [6] tarafından taksonomisi yapılan alt cinslere göre sınıflandırılmış ve örneklerin ITS sekansları GenBank'tan alınan verilerle kıyaslanarak filogenetik analizi yapılmıştır. Buna göre, örneklerin yer aldığı seksiyonların belirgin şekilde birbirinden ayrıldığı görülmüştür (Şekil 5).

*Inosperma* altcinsinde yer alan *Cervicolores* seksiyonu pullu şapka yapısı ve metuloid olarak isimlendirilen sistidy yapısının bulunmaması ile karakterize edilen bir seksiyondur. Kütahya yöresinden toplanan ve Allı 4076 ve Allı 4090 numaralı örneklerin filogenetik pozisyonu Şekil 6'te görülmektedir. *I. cervicolor*, *I. bongardii* ile morfolojik özellikleri bakımından oldukça benzerdir. *I. cervicolor* güçlü topraklı kokusu ve okra-kahverengimsi zemin üzerinde koyu pullu yapıya sahip şapkası ile ayrılmaktadır [5] [6]. Morfolojik özelliklerinin birbirine yakın olmasından dolayı bu iki taksonun teşhisinde dikkatli olmak gerekmektedir. Nitekim, bu iki taksonun filogenetik olarak birbirine yakın olduğu görülmektedir (Şekil 6). Ayrıca, *I. bongardii* olarak ITS gen sekansı GenBank'a yüklenen JF908142 kodlu sekans % 100 *I. cervicolor* ile eşleşmektedir. Buna göre, Ryberg ve ark. [11] tarafından belirtildiği gibi, GenBank'a yüklenen sekansların bazıları hatalıdır ve morfolojik karakterler doğru tespit edilip incelenmeden yapılacak moleküler analizler hatalara

neden olabilmektedir. Özellikle, makrofunguslar üzerine yapılacak analizlerde morfolojik ve moleküler yöntemlerin birlikte kullanılması türlerin doğru sınıflandırılmasında kullanışlı sonuçlar vermektedir.

*Inosperma* altcinsinde yer alan bir diğer seksiyon *Rimosa* seksiyonudur. *Rimosa* seksiyonu, *Cervicolores* seksiyonuna yakın olup, benzer şekilde metuloid oluşturmamaktadır. Fakat, sap yüzeyinin pullu olmaması ve bazidyumlarının daha küçük yapıda olmasıyla bu seksiyondan ayrılmaktadır [5] [6]. Taksonomik olarak tartışmalı olan *Rimosa* seksiyonu Larsson ve ark. [9] tarafından morfolojik ve moleküler verilerle analiz edilmiş ve bu seksiyonun 6 alt klada ayrıldığını belirtmiştir. Sunulan bu çalışma kapsamında da benzer bir ayrımın görülmesine rağmen, analizi yapılan türlerin sayısının sınırlı olması nedeniyle böyle bir ayrımın yapılması güçtür.

*Inocybe rimosa*, morfolojik karakterleri bakımından oldukça varyasyon gösteren bir taksondur [6]. Bu nedenle, yapılacak olan morfolojik analizlerde dikkatli olmak gerekmektedir. Benzer şekilde, *I. rimosa*, *I. squamata* ile yakın dallandığı görülmüştür (Şekil 7). *I. squamata*, şapka merkezindeki pullu yapısı ile *I. rimosa*'dan ayrımı yapılabilmektedir [5].

*Inocybe* altcinsinde yer alan *Marginatae* seksiyonu nodüllü spor yapısı ve sap tabanındaki şişkin yapı ile karakterize edilmektedir. Bu seksiyonun Neighbour – Joining ağacı Şekil 8'de verilmiştir. Buna göre, *I. calida* ile *I. grammata* birbirine yakın türlerdir. Bu iki takson morfolojik olarak da birbirine oldukça yakın olup şapka renklerindeki farklılık ile birbirinden ayrılmaktadır. Bu nedenle, türler arasında yapılacak olan morfolojik analizlerde dikkatli olmak gerekmektedir.

Morfolojik ayrımın zor olduğu durumlarda moleküler teknikler kesin veriler vermesi açısından önemlidir.

Ayrıca, *Inocybe* cinsi gibi taksonomik problemlerin olduğu cinslerin filogenetik analizi makrofungus dünyasındaki problemlere ışık tutabilecektir. Sunulan bu çalışma ile Kütahya yöresinden toplanan *Inocybe* türlerinin moleküler ve morfolojik özellikleri bakımında değerlendirilmiştir.

### Teşekkür

Bu çalışmayı, TBAG-110R019 nolu proje ile maddi olarak destek veren Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK)'na teşekkür ederiz.

### Kaynakça

- [1] Matheny, P.B., Aime, M.C., Bougher, N.L., Buyck, B., Desjardin, D.E., Horak, E., Kropp, B.R., Lodge, D.J., Soyton, K., Trappe, J.M., Hibbett, D.S. 2009. Out of the Palaeotropics? Historical Biogeography and Diversification of the Cosmopolitan Ectomycorrhizal Mushroom Family *Inocybaceae*. *Journal of Biogeography*, 36, 577-592.
- [2] Kirk, P.M., Cannon, P.F., Minter D.W., Stalpers J.A. 2008. *Dictionary of the Fungi*, 10th Edition. CABI, Wallingford.
- [3] Solak, M.H., Işıloğlu, M., Kalmış, E., Allı, H. 2007. *Macrofungi of Turkey, Checklist Vol. 1*. Genç Üniversiteler Ofset, İzmir.
- [4] Solak, M.H., Işıloğlu, M., Kalmış, E., Allı, H. 2015. *Macrofungi of Turkey, Checklist Vol. 2*. Üniversiteler Ofset, İzmir.
- [5] Jacobsson, S. 2008. *Inocybe* (Fr.) Fr. ss 868 – 906. Knudsen, H., Vesterholt, J., ed. 2008. *Funga Nordica, Agaricoid, Boletoid and Cyphelloid Genera*, Nordswamp, Copenhagen.
- [6] Kuyper, T.W. 1986. A Revision of the Genus *Inocybe* in Europe. *Persoonia, Suppl. Vol. 3*. (1986), 1- 247.
- [7] Seress, D., Dima, B., Kovács, G.M. 2015. Characterisation of Seven *Inocybe* Ectomycorrhizal Morphotypes from a Semiarid Woody Steppe. *Mycorrhiza*, 26, 215 – 225.
- [8] Mathaney, P.B. 2005. Improving phylogenetic Inference of Mushrooms with RPB1 and RPB2 Nucleotide Sequences (*Inocybe*; Agaricales). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 35, 1 – 20.
- [9] Larsson, E., Ryberg, M., Moreau, P.A., Mathiesen, A.D., Jacobsson, S. 2009. Taxonomy and Evolutionary Relationships within Species of Section *Rimosae* (*Inocybe*) Based on ITS, LSU and mtSSU Sequence Data. *Persoonia*, 23, 86 – 98.
- [10] Latha, K.P., Manimohan, P., Matheny, P.B. 2016. A new species of *Inocybe* representing the *Nothocybe* lineage. *Phytotaxa* 267(1):40-50
- [11] Ryberg, M., Nilsson, R.H., Kristianson, E., Töpel, M., Jacobsson, S., Larsson, E. 2008. Mining Metadata from Unidentified ITS Sequences in GenBank: A Case Study in *Inocybe* (Basidiomycota). *BMC Evolutionary Biology*, 8, 50 – 64.
- [12] 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. ed. 1990. *PCR Protocols – A Guide to Methods and Applications*, Academic Press, San Diego.
- [13] Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D.I., Filipski, A., Kumar, S. 2013. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30, 2725 – 2729.
- [14] Kimura, M. 1980. A Simple Method for Estimating Evolutionary Rate of Base Substitutions Through Comparative Studies of Nucleotide Sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16, 111 – 120.