

## Çeşit Tülübaş [*Psephellus aucherianus* (DC.) Boiss.] Tür Kompleksi Kapsamındaki Üç Türe Ait Popülasyonların *matK* Geni Bakımından Karşılaştırmalı Analizi

Meryem BOZKURT

Selçuk Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Konya, 42130, Türkiye

\*Sorumlu yazar / Correspondence: mbozkurt@selcuk.edu.tr

Geliş/Received: 05.02.2026 • Kabul/Accepted: 24.04.2026 • Yayın/Published Online: 30.04.2026

**Öz:** *Psephellus* (Tülübaş) cinsi içerisinde *Psephellus aucherianus* kompleksinde yer alan *Psephellus sintenisii*, *Psephellus yusufeliensis* ve *P. aucherianus*'un genetik varyasyon seviyesini ve taksonlarının sınırlarını belirlemek için *matK* bölgeleri (kloroplast DNA) çoğaltılmış ve dizilenmiştir. Elde edilen verilere göre *P. aucherianus* türüne ait olan Eriç popülasyonunun evrimsel açıdan atasal bir soyu temsil ettiği ve zamanla her türün popülasyonlarının kendine özgün haplotip çeşitliliğine sahip olduğu belirlenmiştir. Bu kompleks içerisinde yer alan altı popülasyonda toplam 14 haplotip tespit edilmiş ve bu haplotiplerden üçü *P. sintenisii* türüne özgü iken, üçü *P. yusufeliensis* türüne özgün görülmüştür. Geri kalan sekiz haplotip *P. aucherianus* türü ve popülasyonlarına ait olup bunlardan birisi Bağıştaş ve Eriç (Erzincan) popülasyonları arasında paylaşılmaktadır. Böylece bu iki popülasyonun genetik açıdan diğerlerine kıyasla çok daha yakın ilişkili olduğu ortaya çıkmaktadır. Dahası, belirlenen haplotiplere göre hesaplanan, genetik varyasyon ve farklılaşma seviyelerinin kendi aralarında oldukça değişken olduğu belirlenmiş ve uygun koruma stratejilerinin geliştirilmesi konusunda bize bilgi vermiştir. Sonuç olarak, genetik çeşitliliği oldukça düşük olan *P. sintenisii* türüne korumada öncelik verilmesi ve korunması gerekmektedir. Ayrıca diğer iki türün genetik varyasyon seviyeleri ve allel çeşitliliği göz önüne alındığında belirlenen ılımlı değerler ilk tür kadar olmasa da risk altında olduklarını göstermektedir.

**Anahtar Kelimeler:** cpDNA Haplotipi, Endemik, Genetik Çeşitlilik, *Psephellus aucherianus*, Türkiye

### Comparative Analysis of the *matK* Gene in Populations of Three Species within the Variety of *Psephellus aucherianus* (DC.) Boiss. (*Çeşit Tülübaş*) Species Complex

**Abstract:** Comparative Analysis of Populations of Three Species within the *Psephellus aucherianus* species complex in terms of *matK* to determine the level of genetic variation and the boundaries of the taxa of *Psephellus sintenisii*, *Psephellus yusufeliensis*, and *P. aucherianus*, which are part of the *Psephellus aucherianus* complex within the genus *Psephellus*, a partial region of the *matK* regions (chloroplast DNA) were amplified and sequenced. According to the data obtained, it was determined that the population Eriç, belonging to the *P. aucherianus*, represents an ancestral lineage from an evolutionary perspective, and that population of each species has its own unique haplotype diversity over time. A total of 14 haplotypes were identified in the six populations within this complex. Three of these haplotypes were specific to the *P. sintenisii*, while three were specific to the *P. yusufeliensis*. The remaining eight haplotypes belonging to the *P. aucherianus* and its populations, and one of them is shared between the Bağıştaş and Eriç (Erzincan) populations. Thus, it is revealed that these two populations are genetically much more closely related compared to the others. Furthermore, the levels of genetic variation and differentiation, calculated according to the identified haplotypes, were found to be quite variable among themselves, providing us with information for developing appropriate conservation strategies. Consequently, priority should be given to the conservation of *P. sintenisii*, a species with relatively low genetic diversity. In addition, considering the levels of genetic variation and allelic diversity of the other two species, the moderate values determined indicate that they are also at risk, although not to the same extent as the first species.

**Keywords:** cpDNA Haplotype, Endemic, Genetic Differentiation, Genetic Diversity, *Psephellus aucherianus*, Türkiye

## GİRİŞ

Türkiye, bitki genetik kaynakları açısından dünyanın en önemli yerlerinden biridir: üç fitocoğrafik bölgede (Avrupa-Sibirya, Akdeniz, İran-Turan) yer almaktadır. Türkiye, çok sayıda dar ve yerel endemik türe ev sahipliği yapmaktadır ve bunların birçoğu yalnızca tip lokalitelerinden bilinmektedir (Güner vd., 2012). Bu nedenle, Türkiye'nin yüksek biyoçeşitliliğe sahip olması şaşırtıcı değildir. Türkiye'nin coğrafyası nadir ve endemik türlerin büyük bir kısmının ortaya çıkmasına olanak sağlayan, çeşitli coğrafi ve iklimsel koşulların eşsiz bir kombinasyonuna sahiptir (Fırat ve Tan, 1997). Türkiye Florası için en önemli sorunlardan ve başlıca risklerden biri, özellikle türler ve popülasyonları arasındaki genetik etkileşimler olmak üzere, endemik türlerin popülasyon yapısı hakkında veri eksikliğidir. Popülasyon genetiğinde, bir türün genetik çeşitliliği ve popülasyon düzeyindeki gen akışı gibi süreçlerin incelenmesi gerekmektedir (Hedren, 2004; Mank ve Avise, 2004). Nesli tehlike altında olan türlerin popülasyonları genellikle küçüktür veya azalmaktadır ve bu popülasyonlar sıklıkla genetik çeşitliliğin azalmasından muzdariptir. Bu durum, türün yok olma riskini artırır (Frankham, 2003). Bitkilerin genetik çeşitliliğinin, türlerin evrimsel tarihini anlamaya ve dolayısıyla tehlike altındaki türler için hedefli koruma stratejileri geliştirmeye yardımcı olduğu düşünülmektedir (Brekke vd., 2011; Wang vd., 2016; Li vd., 2019).

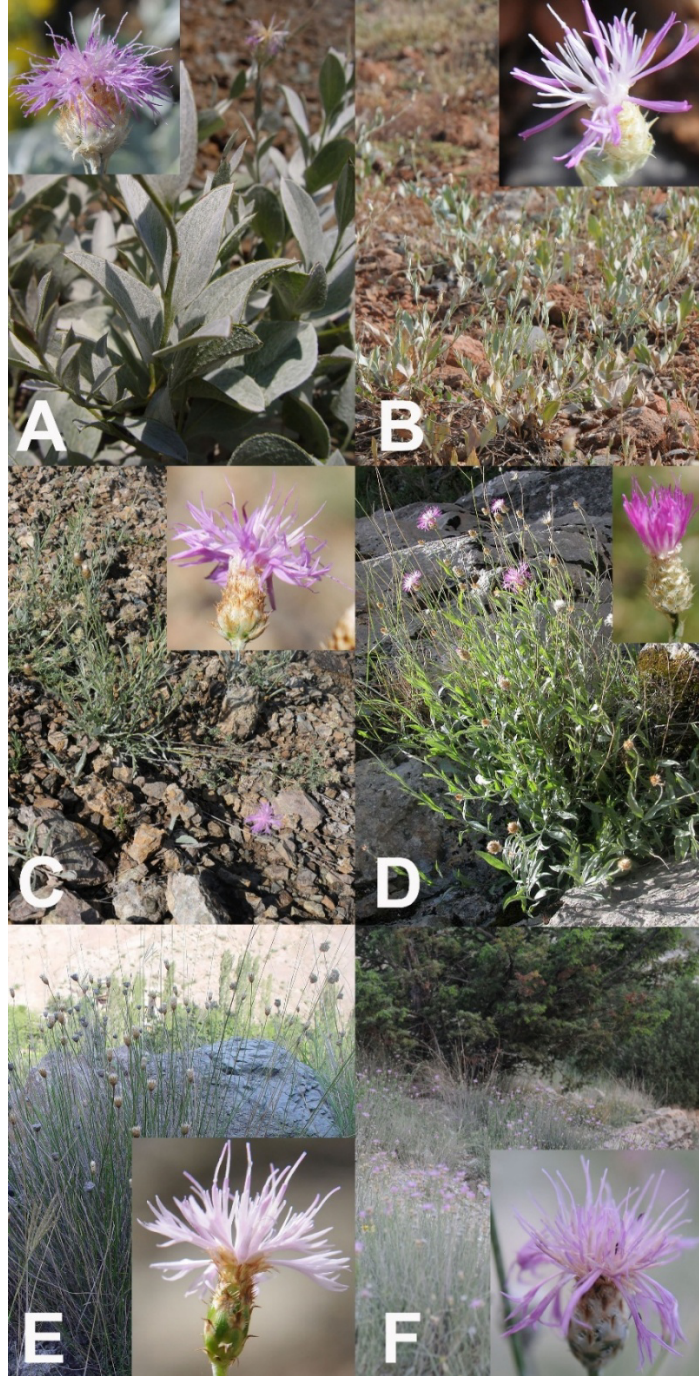
Tür içi çalışmalarda kloroplast DNA'sı (cpDNA) markırlarının faydaları, popülasyon yapısından filoğrafyaya veya endemik ve nesli tükenmekte olan türlerin evrimsel tarihinin yeniden yapılandırılmasına kadar uzanan uygulamalarda gösterilmiştir. Kloroplast DNA sekans farklılaşması, tür içi ve türler arası düzeyde yaygın olarak kullanılmıştır (Palmer vd., 1988). Dahası, cpDNA'daki tür içi varyasyon, çok çeşitli bitki taksonlarında belgelenmiştir ve birçok çalışma endemik bitkilerin popülasyon yapısını araştırmıştır (Su vd. 2005; Huang vd., 2005; Zhou vd., 2010; Al-Qurainy vd., 2014). Aslında, tür içi cpDNA varyasyonu, popülasyon farklılaşması gibi evrimsel süreçlere dair bilgiler sağlamıştır (Mason-Gamer vd., 1995). *matK* (maturaz Kinaz) geni (1500 bp) ters tekrarın bitişiğindeki büyük tek-kopyadaki kloroplast geni *trnK*'nin intronu içinde yer almaktadır ve *matK* bitki moleküler sistematigi ve evrimi için tercih edilen bir moleküler markırdır (Neuhaus ve Link, 1987; Wolfe vd., 1992; Hilu ve Liang, 1997; Mort vd., 2001). *matK* geni, yüksek yer değiştirme (süstitüsyon) oranı nedeniyle türler arası ve tür içi genetik çeşitliliği incelemek için önemli ve güçlü bir araç olarak kullanılmaktadır.

*Psephellus* Cass. (*Tülübaş*) cinsi Dünya'da 75-80 kadar türe sahiptir, türlerin büyük çoğunluğu Türkiye'nin doğusu, Kafkaslar ve Kuzey Batı İran'da yayılış gösterir. Türkiye, *Psephellus* cinsi için en önemli gen merkezlerinden biridir ve çok sayıda bölgesel veya yerel endemik türü içermektedir (Wagenitz ve Hellwig, 2000). Türkiye'de, *Psephellus* cinsi 37 taksonu içermektedir. Bunlardan 28'i endemiktir ve çok yerel bir dağılım göstermektedir. Buna göre, Türkiye için endemizm oranı yaklaşık %82'dir (Bozkurt vd., 2020).

Cins içerisinde yer alan bazı yakın ilişkili tür veya taksonların teşhisinin zor olmasının yanı sıra, popülasyonları, koruma durumları ve popülasyonlar arasındaki etkileşimler hakkında çok az bilgi bulunmaktadır. Herhangi bir popülasyon üzerinde çalışma yapılırken, türlerin korunması için taksonun adının net olarak ortaya konması veya taksonların sınırlarının belirlenmesi en önemli adımdır. Bu çalışmada, ülkemize özgü endemik *Psephellus aucherianus* (DC.) Boiss. (*çeşit tülübaş*), *Psephellus sintenisii* (Frey) Ertuğrul & Uysal (*tüylü tülübaş*, **yeni Türkçe bilimsel ad**) ve *Psephellus yusufeliensis* Tuğay & Uysal (*çoruh tülübaş*) türlerine ait popülasyonlar içinde ve arasındaki genetik çeşitlilik *matK* bölgelerine (kloroplast DNA) dayalı olarak belirlenmesi amaçlanmıştır.

## MATERYAL VE YÖNTEM

*Psephellus aucherianus* (*çeşit tülübaş*), *P. sintenisii* (*tüylü tülübaş*) ve *P. yusufeliensis* (*çoruh tülübaş*) türleri için Türkiye'nin 3 ilinden (Erzincan, Erzurum ve Artvin) toplam altı popülasyona ait 171 bireyden yalnızca taze yaprak örnekleri alınarak (Tablo 1; Şekil 1) silika jel içerisinde konulmuştur. Total genomik DNA, 2X CTAB metoduyla izole edilmiştir (Doyle ve Doyle, 1987; Soltis vd., 1991; Cullings, 1992). DNA kalitesi için Nanodrop 2000 spektrofotometre ile ölçüm yapılmıştır. *matK*-PCR amplifikasyonu için *matKF1* ve *matKR1* primerleri kullanılmış (Denda vd., 1999) olup, karışım içeriği ve koşulları Bozkurt (2015)'e göre düzenlenmiştir. DNA dizileme hizmet alınmasıyla (Macrogen, Hollanda) gerçekleştirilmiştir. Nükleotid dizilerinin ham sekansları Chromas Lite 2.1 (Technelysium Pty Ltd) programında düzenlenmiştir. Daha sonra diziler, MEGA 6 (Tamura vd., 2013) ve BioEdit 7.0.5.3 (Hall, 1999) programları kullanılarak hizalanmıştır. Arlequin 3.0 (Excoffier vd., 2005) programıyla popülasyonlar arası ve popülasyon içi ikili farklılıkları analiz etmek için moleküler varyans analizi (AMOVA) gerçekleştirilmiştir. Popülasyonlar arasındaki Fst değerleri ölçülmüş ve anlamlılık 10.000 permütasyon kullanılarak test edilmiştir (Peakall ve Smouse, 2012). Nükleotid kompozisyonu, Dizi sayısı (SS), polimorfik bölge sayısı (PBS), ayrılma bölgesi (S), haplotip sayısı (HN), toplam mutasyon sayısı (TMS), Ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k1), haplotip (gen) çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (pi), ortalama ikili nükleotid farklılık sayısı (k), gen akışı (Nm), popülasyon farklılaşma parametreleri (N<sub>ST</sub>, G<sub>ST</sub> ve F<sub>ST</sub>) gibi istatistiksel değerleri hesaplamak için DnaSP 4.0 (Rozas vd., 2003) kullanılmıştır. Her popülasyon için istatistiksel değerlerin tamamı hesaplanmış ve incelenen popülasyonlardaki haplotip dağılımını belirlemek amacıyla Network (Bandelt vd., 1995) programında uygulanan bir medyan birleştirme ağ algoritması kullanılarak bir *matK* haplotip ağı oluşturulmuştur.



**Şekil 1.** *Psephellus* taksonlarına ait popülasyonların habit ve kapitula görüntüleri. A: *P. Sintensisii*; B: *P. aucherianus* (Dutluca); C: *P. aucherianus* (Eriç); D: *P. aucherianus* (Bağıštaş); E: *P. yusufeliensis* (Yusufeli); F: *P. yusufeliensis* (Tortum).

## TARTIŞMA ve SONUÇ

### Haplotip dağılımı ve genetik çeşitlilik

Bu çalışmada, *Psephellus* türlerine ait altı popülasyonun cpDNA'nın *matK* bölgesi ilk kez çalışılmıştır. İncelenen popülasyonların *matK* bölgesine ait 171 bireye ait dizi elde edilmiş ve hizalanmıştır (Şekil 2). Veri matrisi 922 nükleotid uzunluğunda olup, bu veri matrisinin monomorfik (903), polimorfik (18), tek değişken (singleton: 9) ve parsimoni için bilgi verici (9) bölgeleri tespit edilmiştir. Maternal kalıtıma dayalı elde edilen veriler, her türün kendi popülasyonuna ait spesifik haplotiplere sahip olduğunu göstermiştir. *Psephellus* türlerinin *matK* bölgesine ait dizisi toplam 9 ayrılmış bölge (segregated sites) tespit edilmiş ve 14 haplotip belirlenmiştir (*P. sintensisii* üç, *P. aucherianus* sekiz ve *P. yusufeliensis* üç) (Tablo 2). Her popülasyon için spesifik haplotip sayısı [Eriç 4, Dutluca 2 (*P. aucherianus*),

Salihli (*P. sintenisii*) 3, Tortum 2 ve Yusufeli 1 (*P. yusufeliensis*)] belirlenmiştir. Bağıştaş popülasyonuna özgü bir haplotip tespit edilmemiştir.

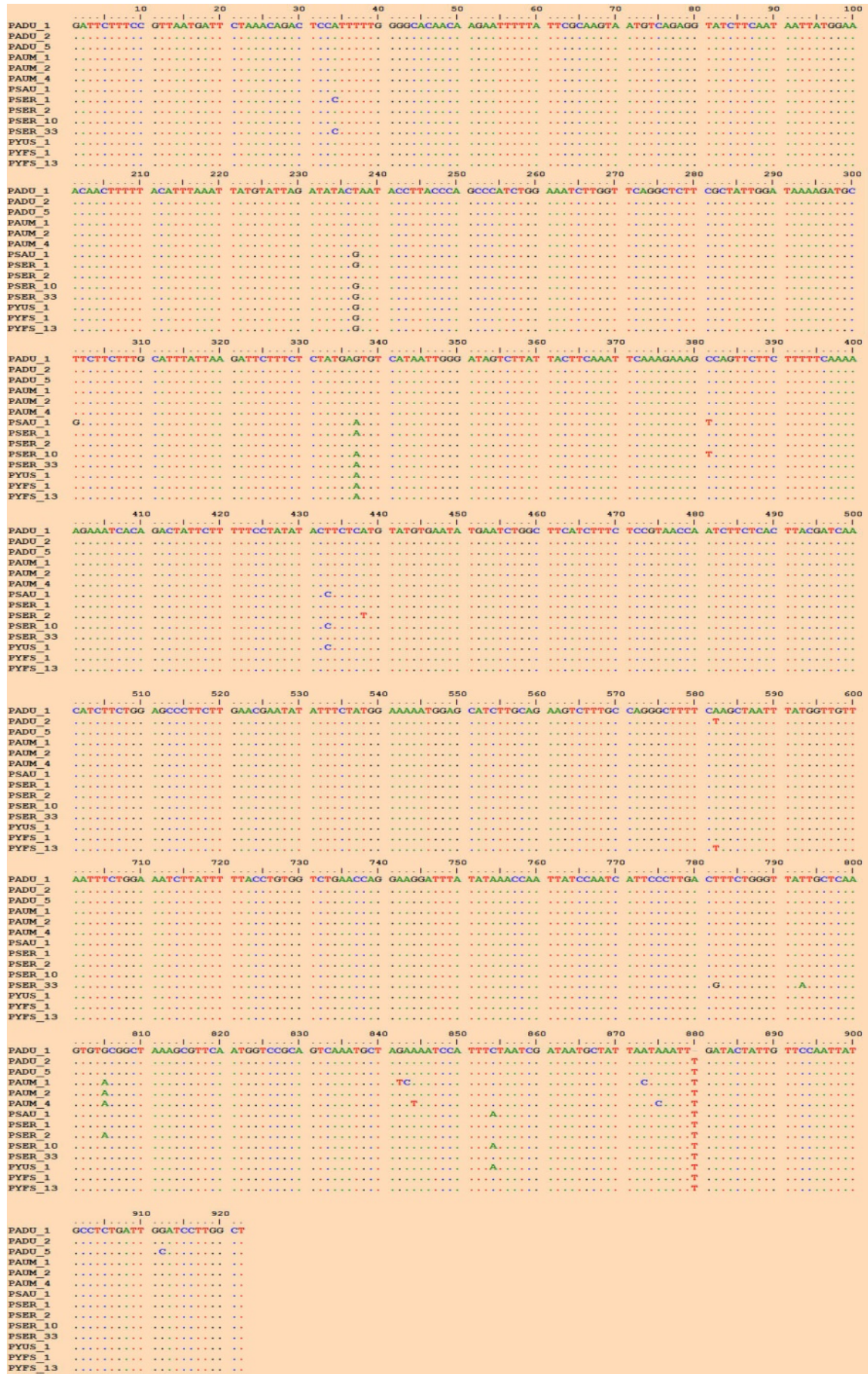
**Tablo 1.** İncelenen *Psephellus* taksonlarına ait incelenen popülasyonlar.

Popülasyonlar ve kodları	Lokale
<i>P. sintenisii</i> Salihli popülasyonu (PAUM)	Erzincan: Kemaliye yolu-Salihli çimento geçidi, serpantin yamaçlar, 1506 m, 04 vi 2011, <i>K.Ertuğrul</i> 4371 ve <i>T.Uysal</i> ; 08 vii 2010, <i>K.Ertuğrul</i> 4125 (KNYA).
<i>P. aucherianus</i> Dutluca popülasyonu (PADU)	Erzincan: Kemaliye-Dutluca geçidi, batı yamaçlar (1 km), kırmızı topraklı, meşe açıklıkları, taşlık alanlar, 1520-1600 m, 05 vii 2012, <i>K.Ertuğrul</i> 4690 (KNYA).
<i>P. aucherianus</i> Eriç popülasyonu (PSER)	Erzincan; Kemah, Eriç Köyü güneyi, meşe açıklıkları, taşlık bayırlar, 1265-2000 m, 04 vii 2012, <i>K.Ertuğrul</i> 4664 (KNYA).
<i>P. aucherianus</i> Bağıştaş popülasyonu (PSAU)	Erzincan: İliç-Kemaliye arası, Bağıştaş yukarısı, Kalker kayıklar meşelik, linear yapraklı, 1130 m, 04 vi 2011, <i>K.Ertuğrul</i> 4369 ve <i>T.Uysal</i> ; 08 vii 2010, <i>K.Ertuğrul</i> 4124 (KNYA).
<i>P. yusufeliensis</i> Yusufeli popülasyonu (PYUS)	Artvin; Yusufeli-Sangöl çıkışı, kaya üzeri, 625 m, 31 v 2011, <i>K.Ertuğrul</i> 4237 <i>T.Uysal</i> ve <i>D.Ulukış</i> (KNYA).
<i>P. yusufeliensis</i> Tortum popülasyonu (PYFS)	Erzurum; Tortum Şelale girişi, çalılık kumlu tepeler, 1008 m, 03 vi 2011, <i>K.Ertuğrul</i> 4334 <i>T.Uysal</i> ve <i>D.Ulukış</i> (KNYA).

Tür seviyesinde haplotip çeşitliliği (Hd) *P. sintenisii* için 0,16, *P. aucherianus* için 0,65 ve *P. yusufeliensis* 0,53 olarak belirlenmiştir (Tablo 3). *Psephellus* popülasyonları içindeki haplotip çeşitliliği Eriç> Dutluca> Salihli> Tortum> Bağıştaş= Yusufeli şeklinde sıralanabilir.  $G_{ST}$  ve  $F_{ST}$  değerlerine göre, Eriç popülasyonu ile diğer *P. aucherianus* popülasyonları arasındaki farklılaşmanın daha düşük olduğu tespit edilmiştir (Tablo 3).

Popülasyonlar arasında yüksek bir farklılaşmanın göstergesi popülasyonlar içinde toplam varyasyonun düşük olması olarak rapor edilmiştir (Nielsen, 2004). Zhang vd. (2014) *Rheum tanguticum* (Maxim. ex Regel) Balf. taksonun popülasyon arası ve içi [%67,6/%13,88 ( $F_{ST}$ : 0,82996;  $F_{SC}$ :0,86121)] moleküler varyans analizleri (AMOVA) değerlerine göre popülasyonlar arası varyasyonun yüksek olduğu rapor edilmiştir. Bu sonuçlarla uyumlu olarak, sırasıyla popülasyonlar arası varyasyonun popülasyonlar içi varyasyondan (Tablo 4; *P. aucherianus* %95,73/% 4,27 ve *P. yusufeliensis* %98,04/%1,96) daha yüksek olması nedeniyle çalışılan popülasyonların birbirlerinden oldukça farklılaşmış olduğu söylenebilir. *P. aucherianus* popülasyonlarının yüksek oranda farklılaşmasında genetik sürüklenmenin büyük etkisi olduğu düşünülmektedir. *P. yusufeliensis*'e ait Yusufeli popülasyonunun derin bir vadide sıkışıp kalması, bu popülasyonun lokuslarının farklı seçim baskılarına maruz kalmasına ve sonuçta genetik olarak bu türün diğer popülasyonundan (Tortum) farklılaşmasına neden olduğu düşünülmektedir. Ayrıca, *P. aucherianus* ve *P. yusufeliensis* popülasyonlarının oldukça yüksek bir farklılaşma göstermesi bu türlere ait popülasyonlar arasında toprak yapısı, iklim, ya da çeşitli çevre koşullarının da etkili olabileceğini düşündürmektedir. Bu sonuçlar, endemik bitki türlerinin çoğunun popülasyonlar arası yüksek derecede farklılaşma ve popülasyon içi düşük genetik varyasyon seviyeleriyle karakterize edildiği genel görüşünü doğrulamaktadır (Hamrick ve Godt, 1996; Gitzendanner ve Soltis, 2000; Cole, 2003; Nybom, 2004). Aynı zamanda, dar dağılımlı türlerin küçük popülasyonlarının, genetik sürüklenme etkileri nedeniyle, düşük genetik varyasyon seviyeleri ancak popülasyonlar arasında yüksek genetik farklılaşma seviyeleri sergilemesi beklenmektedir (Hamrick ve Godt, 1989). Bu durum *P. aucherianus* ve *P. yusufeliensis* popülasyonlarıyla uyumludur (Tablo 4). Ayrıca, dar dağılımlı ve küçük popülasyon boyutlarına sahip bitkilerin popülasyon yok olma riskinin yüksek olması da beklenmektedir (Hanski ve Gilpin, 1997; Frankham vd., 2002).

Ağda (Şekil 3, 4 ve 5) *P. sintenisii* ve *P. yusufeliensis* türlerine ait popülasyonların kendine özgün haplotipleri olduğu tespit edilmiştir. *P. aucherianus*'un popülasyonlarının ortak haplotiplerinin yanı sıra, Dutluca ve Eriç popülasyonlarının kendilerine özgün haplotipleri de bulunmaktadır. İlginç bir şekilde, *P. aucherianus*'a ait Eriç popülasyonu, ağ analizinde ortak haplotiplere sahip olması nedeniyle diğer haplotiplerle daha ilişkili olduğu görülen bir atasal haplotipe sahiptir. *P. aucherianus* türü için Eriç popülasyonunun evrimsel açıdan atasal bir soyu temsil ettiği düşünülmekte ve diğer *P. aucherianus* popülasyonlarının bu popülasyondan ayrılarak evrimleştiği düşünülmektedir. Bununla birlikte, *P. yusufeliensis* ve *P. aucherianus*'un popülasyonlarının örüntülü görülmesi bu türlerin ortak bir kökenden yakın zaman ayrıldıklarını ve yakın akraba olan bu taksonlara ait popülasyonların farklılaşmaya devam ettiğini göstermektedir. Maternal kalıtıma dayalı *matK* verilerinden elde edilen haplotip ağına göre atasal pozisyonundaki popülasyonun *P. yusufeliensis*'e ait Yusufeli popülasyonu olduğu düşünülmektedir. Ülkemizde yayılış gösteren *P. yusufeliensis* türünün morfolojik olarak Kafkasya kökenli *Psephellus arpensis* (Czerep.) Wagenitz türü ile akraba olduğu ve buzul çağı sonrası dağılımlar sırasında *P. arpensis* türünden ayrılarak evrimleştiği öngörülmektedir. Evrimsel izler göz önüne alındığında *P. yusufeliensis*'in daha erken ayrılan bir takson olabileceği, bunu sırasıyla *P. aucherianus* ve *P. sintenisii*'nin izlediği değerlendirilmektedir (Şekil 5).



Şekil 2. *Psephellus* taksonlarının haplotiplerine ait cpDNA'nın nükleotid dizileri.

**Tablo 2.** *Psephellus* türlerine ait popülasyonların haplotip dağılımları.

Populations and Individuals	Hap A	Hap B	Hap C	Hap D	Hap E	Hap F	Hap G	Hap H	Hap I	Hap J	Hap K	Hap L	Hap M	Hap N
<b>Salihli</b> 25				+	+	+	<b><i>P. sintensis</i></b>							
<b>Dutluca</b> 36	+	+	+											
<b>Eriç</b> 29							+	+	+	+	+			
<b>Bağıştaş</b> 31														
<b>Yusufeli</b> 26														
<b>Tortum</b> 24													+	+

**Tablo 3.** İncelenen *Psephellus* türlerine ait popülasyonların haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotid çeşitliliği (Pi). Nm değerleri Gst, Nst, Fst (Nei 1973; Lynch ve Crease 1990; Hudson vd., 1992) P<0.001

	SS	PBS	TMS	S	k1	pi	HN	Hd
<b>PAUM</b>	25	5	5	5	0,400	0,00043	3	0,15667
<b>PADU</b>	36	2	2	2	0,163	0,00018	3	0,160
<b>PSAU</b>	31	0	0	0	0,00000	0,00000	1	0,00000
<b>PSER</b>	29	11	11	11	3,365	0,00365	6	0,71429
<b><i>P. aucherianus</i></b>	96	13				PiT: 0.00364	8	Hd: 0.65285
<b>PYFS</b>	24	1	1	1	0,08333	0,00009	2	0,08333
<b>PYUS</b>	26	0	0	0	0,00000	0,00000	1	0,00000
<b><i>P. yusufeliensis</i></b>	50					PiT: 0.00115	3	Hd: 0.52816
	Hs (HBK 1992)	Gst	Nst	Fst	Nm (Gst, Nst, Fst)			
PADU-PAUM	0,15884	0,71939	0,78038	0,78046	0,20, 0,14, 0,14			
PADU-PSAU	0,08652	0,84151	0,98661	0,98656	0,09, 0,01, 0,01			
PADU-PSER	0,40552	0,34611	0,54896	0,54895	0,94, 0,41, 0,41			
PADU-PYFS	0,13007	0,76499	0,94185	0,94180	0,15, 0,03, 0,03			
PADU-PYUS	0,09398	0,82796	0,98003	0,97998	0,10, 0,01, 0,01			
PAUM-PSAU	0,06929	0,86691	0,97231	0,97222	0,08, 0,01, 0,01			
PAUM-PSER	0,45778	0,38101	0,62070	0,62041	0,81, 0,31 c-0,31			
PAUM-PYUS	0,07667	0,85711	0,96161	0,96154	0,08, 0,02, 0,02			
PAUM-PYFS	0,12081	0,78460	0,92550	0,92545	0,14, 0,04, 0,04			
PSAU-PSER	0,34439	0,27604	0,48662	0,48647	1,31, 0,53, 0,53			
PSAU-PYUS	0,00000	1,00000	1,00000	1,00000	0,00, 0,00, 0,00			
PSAU-PYFS	0,03595	0,92839	0,98971	0,98969	0,04, 0,01, 0,01			
PSER-PYUS	0,37815	0,45974	0,41138	0,41222	0,59, 0,72, 0,71			
PSER-PYFS	0,43100	0,41014	0,32542	0,32630	0,72, 1,04, 1,03			
PYUS-PYFS	0,03986	0,92284	0,97961	0,97959	0,04, 0,01, 0,01			

Türleşme sürecinde Kuzeydoğu Anadolu bölgesinin jeolojik yapısının büyük etkisinin olduğu düşünülmektedir. Doğal olarak, tektonik açıdan Artvin-Yusufeli zonu ile Tortum-Olur zonunun birbirleriyle yakın akraba olup Oltu-Ekaylı zonunu oluşturduğu bilinmektedir. *P. yusufeliensis* türüne ait iki popülasyondan biri Yusufeli derin vadisinde yer alırken, diğerinin Tortum'da dar bir alanda yayılış göstermesi bu tektonik ilişki ile doğru orantılı olup türün yayılış hattını belirleyen bir unsur olarak görülmektedir. *P. yusufeliensis* ve *P. aucherianus* türlerine ait popülasyonlar arasında genetik farklılaşmayı artıran diğer önemli etmenin Doğu Anadolu bölgesinin dağlık yapısı olduğu düşünülmektedir. Dağ habitatları, vadi ve ovaları çevreleyerek onları muazzam şekilde farklılaştıran özel iklim koşulları oluşturmaktadır. Bu nedenle sarp topografik ve iklim eğilimleri genetik değişim ve göç bariyerleri ile karakterize edilen ağır parçalanmış habitatlara yol açmakta (Wesche vd., 2006) ve popülasyonların farklılaşmasında coğrafik yapının büyük etkisi olduğunu göstermektedir (Zhang vd., 2014).

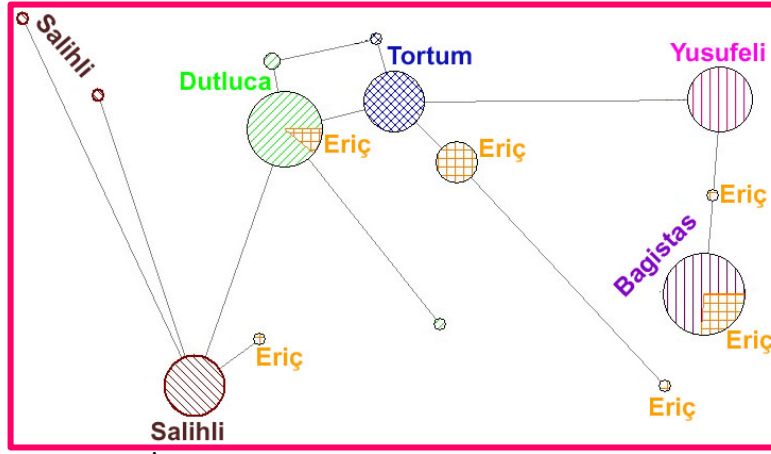
Parçalanmış habitatlarda bulunan *P. yusufeliensis* ve *P. aucherianus*'e ait popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma derecesi popülasyonların aralarındaki coğrafik mesafenin artışı ile korelasyon gösterdiği görülmektedir. Bu durum, *P. yusufeliensis* türüne ait Tortum popülasyonunun *P. aucherianus* popülasyonlarıyla, Yusufeli popülasyonuna göre daha fazla genetik ilişki göstermesini ve genetik açıdan coğrafik mesafeye uygun olarak daha az farklılaşmasını açıklamaktadır (Tablo 3; Gst değerleri).

*P. aucherianus* ve *P. yusufeliensis*'e ait popülasyonlar ve taksonlar arasında az ama sürekli bir gen akışının olması (Table 3; Nm değerleri) popülasyonların coğrafik olarak birbirleriyle bağlantılı olmasından kaynaklandığı

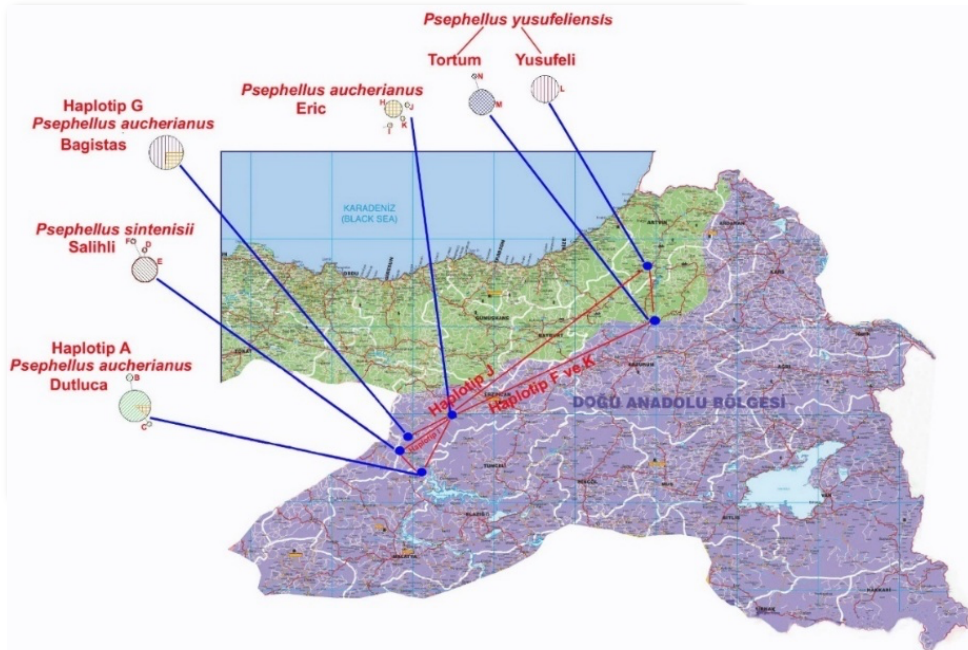
düşünülmektedir (Hensen vd., 2005; Peterson vd., 2008; Leaché vd., 2014). Türler ait popülasyonlar arası düşük seviyede gen akışı popülasyonlar arası genetik farklılaşmayı artırmaktadır (Tablo 3; Nm değerleri).

**Tablo 4.** İncelenen *Psephellus* türlerinin popülasyonları için *matK* bölgesine dayalı moleküler varyans analizi (AMOVA;  $p < 0.001$ ).

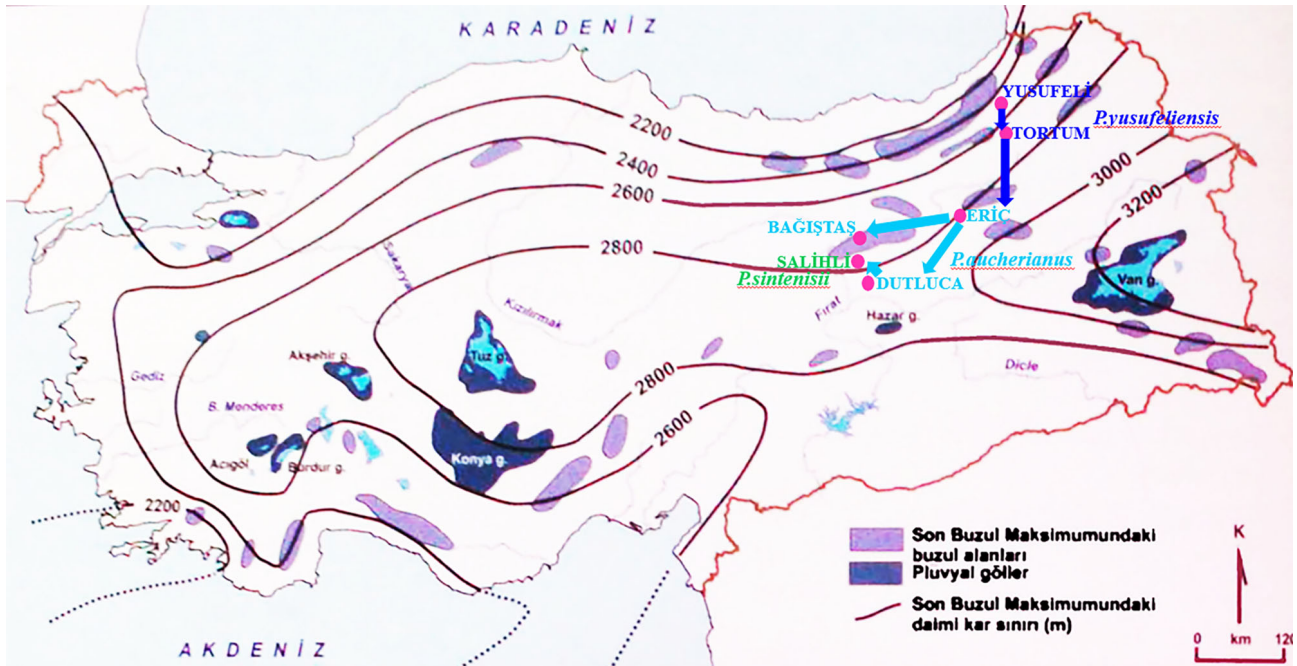
AMOVA					
Gruplar	Varyans kaynağı	df	Kareleri toplamı	Varyans komponenti	Toplam Varyans %
<b>Psau-Pser-Padu k=1</b> <b>Padupser (Fst): 0,95940</b> <b>Padu (Fst): 0,95157</b> <b>Psaupser (Fst): 0,95940</b> <b>Pser (Fst): 0,94673</b>	Popülasyonlar arası	3	170,564	2,77959 Va	95,73
	Popülasyonlar içi	92	11,405	0,12396 Vb	4,27
	Toplam	95	181,969	2,90356	
	Fiksasyon indisleri	Fst: 0,95731			
<b>Pyus-Pyfs k=1</b> <b>Pyus (Fst): 0,98121</b> <b>Pyfs (Fst): 0,97958</b>	Popülasyonlar arası	1	24,982	1,00007 Va	98,04
	Popülasyonlar içi	48	0,958	0,01997 Vb	1,96
	Toplam	49	25,940	1,02003	
	Fiksasyon indisleri	Fst: 0,98043			



**Şekil 3.** İncelenen *Psephellus aucherianus* kompleksine ait popülasyonların haplotip ağ (network) analizi.



**Şekil 4.** Türkiye'de *Psephellus aucherianus* kompleksine ait popülasyonların haplotiplerinin coğrafik dağılım ve sıklığı.



Şekil 5. Çalışılan türlere ait popülasyonların evrimsel izlerin değerlendirilmesine dayalı harita. Avcı (2014) tarafından yeniden uyarlanan harita esas alınmıştır.

Aynı bölge içerisinde popülasyonlar arası farklılaşma kompozisyonu, haplotipler arası moleküler mesafeyi temel alan  $N_{ST}$  ve haplotip frekansını temele alan  $G_{ST}$  parametrelerine göre  $N_{ST}$ 'nin  $G_{ST}$ 'den büyük olması ( $N_{ST} > G_{ST}$ ) aynı popülasyonda yakın akraba haplotiplerin oluşmasına ve filogenetik bir alt bölünmenin varlığına işaret etmektedir (Pons ve Petit, 1996). Bu durum *P. aucherianus* popülasyonlarının haplotip kompozisyonlarıyla uyumlu olup, Eriç popülasyonunun daha bazal bir konumda yer alabileceğini göstermektedir (Tablo 3). Ek olarak, *P. sintonisii*'nin *P. aucherianus*'un Dutluca popülasyondan farklılaşmış olabileceği değerlendirilmektedir. Bu değerlendirme Şekil 2'deki nükleotid pozisyonlarının (237 ve 337 pozisyonları) benzerliği ile uyumludur. *P. sintonisii* ise filogenetik açıdan her ne kadar *P. aucherianus* kökenli olsa da (Şekil 3), dar boğaz etkisi altında kalmak suretiyle farklılaşarak özgün bir gen havuzu geliştirmiş olabileceği değerlendirilmektedir. Ayrıca, *P. sintonisii* için elde edilen Tajima'nın D değeri (-1,99937  $P < 0,05$ ), istatistiksel olarak anlamlı negatif bir sapma göstermektedir. Bu bulgu, popülasyonda yakın geçmişte gerçekleşmiş olası bir demografik genişleme veya lokusa etki eden seçilim baskıları ile açıklanabilir. Serpantin topraklar, bitkilerin türleşme ve endemizm oranını önemli ölçüde hızlandırdığından (Brooks, 1987; Proctor, 1999), bu topraklar nadir ve endemik bitki türlerinin oluşumuna katkıda bulunmaktadır (Skinner ve Pavlik, 1994). Bir tür için jeolojik izolasyon unsuru olarak kabul edilen serpantin habitat yapısının (Kantarci, 1987; Kruckeberg vd., 1999; Rajakaruna, 2004; Avcı 2005; Kurt vd., 2013; Özdeniz vd., 2017), *P. sintonisii*'nin ortaya çıkmasında etkili olmuş olabileceği değerlendirilmektedir.

*P. aucherianus* kompleksinde yer aldığı düşünülen taksonların her birinin ayrı türleri temsil ettiği makro ve mikromorfolojik verilere dayalı olarak rapor edilmiştir (Bozkurt vd., 2020). Ayrıca, bu bulgular karyolojik verilerle de desteklenmektedir (Bozkurt vd., 2017). Mevcut çalışma ise bu sonuçları kısmen desteklemektedir. Bu durum, endemik veya dar yayılışlı türlerde popülasyonlar arasında yüksek düzeyde genetik farklılaşmanın görülmesi (Hamrick ve Godt, 1989; 1996; Gitzendanner ve Soltis, 2000; Cole, 2003; Nybom, 2004) ve bu çalışmada yalnızca maternal kalıtıma dayalı tek bir gen bölgesinin analiz edilmiş olması ile açıklanabilir. Bu nedenle, tür sınırlarının belirlenebilmesi için farklı moleküler yaklaşımların (AFLP gibi) kullanılması önerilmektedir.

Nesli tehdit altında olan bitkiler üzerine cpDNA bölgelerine göre gerçekleştirilen analizlerde haplotip çeşitliliği için kritik değerler rapor edilmiştir. Önceki çalışmalarda haplotip çeşitliliği 0,6-0,87 ( $Hd > 0,5$ ) arasında değerler yüksek haplotip çeşitliliği olarak rapor edilmiştir (Su vd., 2004; Huang vd., 2005; Su vd., 2005; Kim vd., 2007; Zhou vd., 2010; Al-Qurainy vd., 2014). Bu raporlar *P. aucherianus* ( $Hd: 0,653$ ) ve *P. yusufeliensis* ( $Hd: 0,528$ ) türleriyle tutarlıdır. Literatüre göre, nükleotid çeşitlilik ( $Pi > 0,5$ ) değerlerinin 0,002-0,005 arasında değiştiği bildirilmiştir (Su vd., 2005; Huang vd., 2005; Zhou vd., 2010; Al-Qurainy vd., 2014). *Psephellus* taksonlarının popülasyon düzeyinde genetik çeşitliliği açısından en yüksek haplotip çeşitliliğe ve nükleotid çeşitliliğe sahip olan Eriç popülasyonunun incelenen diğer *Psephellus* popülasyonlarına kıyasla toplam genetik çeşitliliğe daha fazla katkıda bulunduğu değerlendirilmektedir (Tablo 3). Anadolu diyagonalı doğu ve batı arasında bir izolasyon görevi üstlense de, bu kısımlarda da kesişen popülasyonlarda yüksek genetik çeşitliliğin olduğu bilinmektedir. İncelenen popülasyonlar arasında en yüksek çeşitliliğe sahip Eriç popülasyonunun da konumu itibarıyla bu sonucu

desteklemektedir. Ayrıca, bu popülasyonun çeşitliliğinde jeolojik yapının (Özer, 1994) da önemli olduğunu düşündürmektedir. Bununla birlikte, incelenen Bağıştaş ve Yusufeli popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin düşük olduğu söylenebilir (Hd:0,0000 ve Pi:0,0000). Bağıştaş popülasyonunun Eriç popülasyonundan ayrılarak oluşan kapalı bir popülasyon olduğu değerlendirilmektedir. Yusufeli popülasyonunun ise çeşitliliğinin düşük olması çok izole ve derin bir vadideki sınırlı dağılımıyla ilişkili olabilir. Yüksek haplotip çeşitliliği (Hd) ve düşük nükleotid çeşitliliği (pi) küçük etkili popülasyon büyüklüğünün yakın geçmişte hızlı bir şekilde genişlemesi ile ilişkilendirilmektedir (Zhou vd., 2010). Ayrıca, haplotip polimorfizminin mutasyonla birikmesinden ve düşük nükleotid çeşitliliğinin ise habitat parçalanmasından kaynaklanabileceği bildirilmiştir (Bowen, 1997; Avise, 2000; Zhou vd., 2010). Bununla birlikte, doğal habitat parçalanmasından dolayı düşük nükleotid çeşitliliğin görülebileceği bildirilmiştir (Brullo ve Marcenó, 1974). Dahası, endemik bitkilerin çoğunda popülasyonlar arasında yüksek genetik farklılaşma ve popülasyon içinde düşük genetik çeşitlilik vurgulanmıştır (Hamrick ve Godt, 1996; Gitzendanner ve Soltis, 2000; Cole, 2003; Nybom, 2004). Önceki raporlar (Brullo ve Marcenó, 1974; Hamrick ve Godt, 1996; Bowen, 1997; Avise, 2000; Gitzendanner ve Soltis, 2000; Cole, 2003; Nybom, 2004; Zhou vd., 2010) *P. aucherianus* ve *P. yusufeliensis* içinde benzer bir durum söz konusu olup, yüksek haplotip çeşitliliği ve düşük nükleotid çeşitliliği değerlerine göre, bu taksonların dağılım alanlarını hızla genişletiyor olabileceği ve taksonlardaki düşük nükleotid çeşitliliğinin ise habitat parçalanmasından da kaynaklanabileceğini değerlendirilmektedir. Bununla birlikte, Huang vd. (2005) düşük nükleotid çeşitliliğin popülasyon büyüklüğünün aşırı derecede küçük olmasından kaynaklandığını bildirilmiştir. Önceki rapora (Huang vd., 2005) göre popülasyonların büyüklüğünün oldukça küçük olduğunu ileri sürülebilir. Zhang vd. (2014), *R. tanguticum* türünün nispeten yüksek genetik çeşitliliğe [haplotip çeşitliliği (Hd:0,894) ve düşük nükleotid çeşitliliği (pi:0,00308)] sahip olduğu rapor edilmiştir. Bu rapora göre, *P. aucherianus* ve *P. yusufeliensis*'in kısmen/ılımlı yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu söylenebilir. Bununla birlikte, *P. sintenisii* için hem Hd hem de pi değerlerinin düşük olması nedeniyle türün genetik çeşitliliğinin düşük olduğu söylenebilir. Bununla birlikte, *P. sintenisii*'nin, serpantin topraklara adaptasyon sürecinde küçük bir popülasyonun ilk olarak darboğaz etkisine maruz kalmış olabileceği, ardından kurucu etkisiyle şekillenmiş olabileceği ve süreç sonucu benzersiz bir gen havuzuna sahip endemik bir tür olarak değerlendirilmektedir. Bu durum, küçük popülasyonlu endemik türlerin düşük genetik çeşitliliğini de açıklayabilir (Frankham vd., 2005). Bu süreç, küçük boyutlu popülasyonlarda somut olarak allelerin rasgele kaybı ile sonuçlanan genetik sürüklenme ve demografik azalma ile açıklanabilir (Soulé vd., 1986).

Nadir endemik bitki türlerinin, genetik sürüklenme, küçük popülasyon boyutu, sınırlı sayıda ortamda tek tip genetik yapı oluşumuna yönelik güçlü seçim, üremenin baskılanması ve diğer bazı nedenlerden dolayı çok düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğu öne sürülmektedir (Lee vd., 2003; Sözen ve Özaydın, 2009; 2010). Genel olarak, tehlike altındaki bitki türleri düşük genetik çeşitlilikle karakterize edilir (Frankham 1995; Leimu vd., 2006). Bu raporlar sonuçlarımızla tutarlıdır. Genetik çeşitlilik ve popülasyon genetik yapısı analizleri *Psephellus* türlerinin korunması için bir temel oluşturmaktadır. Bozkurt vd. (2020) arazi gözlemleri neticesinde IUCN kriterlerine göre *P. sintenisii* ve *P. yusufeliensis*'i CR (B2ab (iii, v) Kritik Tehlikede), *P. aucherianus* EN (B1ab (iii)+ 2ab (iii) Tehlikede) olarak tehlike kategorileri değerlendirilmiştir. Maternal kalıtıma dayalı analizlerimize göre doğal olarak daha fazla popülasyona sahip *P. aucherianus* türü diğerlerine kıyasla daha yüksek genetik varyasyon ve daha fazla haplotip içeren bir türdür. Bu taksonun aksine, daha lokal yayılışa sahip ve az sayıda popülasyonla temsil edilen *P. yusufeliensis* ve *P. sintenisii* nispeten daha düşük genetik varyasyon ve haplotip içermektedir. *P. sintenisii*'de düşük genetik çeşitlilik, türü genetik erozyona yatkın hale getirebilir. Bu nedenle, *P. sintenisii*'nin mevcut popülasyonları korunmazsa, popülasyonların yakın zamanda sürdürülebilirliğini kaybedebileceği ve türün yok olma riskiyle karşı karşıya kalabileceği değerlendirilmektedir. Sonuç olarak genetik çeşitliliği oldukça düşük olan *P. sintenisii* türüne korumada öncelik verilmesi ve *in situ* ve *ex situ* koruma stratejilerinin uygulanması önerilmektedir. Ayrıca diğer iki türün genetik varyasyon seviyeleri ve allel çeşitliliği göz önüne alındığında belirlenen ılımlı değerler ilk tür kadar olmasa da risk altında olduklarını göstermektedir ve öncelikle *ex situ* koruma önlemlerinin alınması önerilmektedir.

## TEŞEKKÜR

Bu çalışma doktora tezimin bir parçasıdır. Bu araştırma Selçuk Üniversitesi tarafından desteklenmiştir (S.Ü.-BAP proje numarası: 11101036) ve mali destekleri için kendilerine teşekkür ederim. Bitki toplama ve tür teşhisi konusunda Prof. Dr. Tuna UYSAL ve Prof. Dr. Kuddisi ERTUĞRUL'a teşekkür ederim. Ayrıca makalenin önemli ölçüde geliştirilmesine katkıda bulunan değerli önerileri ve yorumları için Prof. Dr. Tuna UYSAL'a teşekkür ederim.

## KAYNAK LİSTESİ

- Al-Qurainy, F., Gaafar Abdel-Rhman, Z., Khan, S., Nadeem, M., Al-Ameri Abdulhafed, A. ve Tarroum, M. (2014). Genetic diversity in *Breonadia salicina* Based on intra-species sequence variation of chloroplast DNA Spacer Sequence. *Pak. J. Bot.* 46(2): 599–604.
- Avcı, M. (2005). Çeşitlilik ve endemizm açısından Türkiye'nin bitki örtüsü. İstanbul Üniversitesi Edebiyat Fakültesi, Coğrafya Bölümü, *Coğrafya Dergisi* 13: 27-55.
- Avcı, M. (2014). Paleocoğrafya. Şu eserde: Güner A., Ekim T. (edlr). *Resimli Türkiye Florası*, Cilt 1, s. 29–75. Türkiye İş Bankası Kültür Yayınları, İstanbul.

- Avise, J.C. (2000). *Phylogeography: The History and Formation of Species*, s. 470. Harvard University Press, Cambridge.
- Bandelt, H.J., Forster, P., Sykes, B.C. ve Richards, M.B. (1995). Mitochondrial portraits of human populations. *Genetics* 141: 743–753.
- Bowen, W.D. (1997). Role of marine mammals in aquatic ecosystems. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 158: 267–274.
- Bozkurt, M. (2015). *Psephellus aucherianus (DC.) Boiss. (Asteraceae) Kompleksine Ait Tür Popülasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi* (Yayınlanmamış Doktora Tezi). Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Konya.
- Bozkurt, M., Uysal, T. ve Ertuğrul, K. (2017). Karyomorphological Studies of The Populations Belonging to *Psephellus aucherianus* (DC.) Boiss. (Asteraceae) Complex. *Cytologia* 82(5): 563–569.
- Bozkurt, M., Uysal, T. ve Ertuğrul K. (2020). Comparative morphological and taxonomical studies on some *Psephellus* taxa (Asteraceae) in Turkey. *Phytotaxa* 430 (2): 119–141.
- Brekke, P., Bennett, P.M., Santure, A.W. ve Ewen, J.G. (2011). High genetic diversity in the remnant island population of hihi and the genetic consequences of re-introduction. *Mol. Ecol.* 20: 29–45.
- Brooks, R.R. (1987). *Serpentine and its vegetation, A multidisciplinary approach*, Dioscorides Press, Portland, Oregon.
- Brullo, S. ve Marcenó, C. (1974). *Vulpio-Leopoldietum gussonei* ass. nov. dell'Alkanneto-Malcolmion nella Sicilia meridionale. *Notiziario Fitosociologico* 8: 75–85.
- Cole, C.T. (2003). Genetic variation in rare and common plants. *Annu. Rev. Ecol. Evol. S.* 34: 213–237.
- Cullings, K.W. (1992). Design and testing of a plant-specific PCR primer for ecological and evolutionary studies. *Mol. Ecol.* 1: 233–240. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1992.tb00182.x>
- Denda, T., Watanabe, K., Kosuge, K., Yahara, T. ve Ito, M. (1999). Molecular phylogeny of *Brachycome* (Asteraceae). *Plant Syst. Evol.* 217: 299–311.
- Doyle, J.J. ve Doyle, J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19: 11–15.
- Excoffier, L., Laval, G. ve Schneider, S. (2005). Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. *Evol. Bioinform.* 1: 47–50.
- Firat A.E. ve Tan A. (1997). In situ conservation of genetic diversity in Turkey. Şu eserde: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.Y. ve Hawkes, J.G. (edlr), *Plant Genetic Conservation*, s. 254–262, 1997 basım, Chapman & Hall, Springer Dordrecht. [https://doi.org/10.1007/978-94-009-1437-7\\_16](https://doi.org/10.1007/978-94-009-1437-7_16)
- Frankham, R. (1995). Conservation Genetics. *Annu. Rev. Genet.* 29: 305–327.
- Frankham, R., Ballou, J.D. ve Briscoe, D.A. (2002). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, New York.
- Frankham, R. (2003). Genetics and conservation biology. *C. R. Biol.* 326: S22–S29. [https://doi.org/10.1016/S1631-0691\(03\)00023-4](https://doi.org/10.1016/S1631-0691(03)00023-4)
- Frankham, R. (2005). Genetics and extinction. *Biol. Conserv.* 126: 131–140.
- Gitzendanner, M.A. ve Soltis, P.S. (2000). Patterns of genetic variation in rare and widespread plant congeners. *Am. J. Bot.* 87: 783–792.
- Güner, A., Aslan, S., Ekim, T., Vural, M. ve Babaç, M.T., (edlr.), (2012). *Türkiye Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler)*. Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi ve Flora Araştırmaları Derneği Yayını, İstanbul.
- Hall, T.A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95–98.
- Hamrick, J.L. ve Godt, M.J.W. (1989). Allozyme diversity in plant species. Şu eserde: Brown, A.H.D., Clegg, M.T., Kahler, A.L. ve Weir, B.S. (edlr.), *In Plant Population Genetics, Breeding and Germplasm Resources*, s. 43–63. Sunderland, Sinouer Association.
- Hamrick, J.L. ve Godt, M.J.W. (1996). Conservation Genetics of Endemic Plant Species. Şu eserde: Avise, J.C. ve Hamrick, J.L. (edlr). *Conservation Genetics: Case Histories from Nature*, s. 281–304. Chapman & Hall, New York.
- Hanski, I.A. ve Gilpin, M.E. (1997). *Metapopulation biology: ecology, genetics and evolution*. Academic Press, New York.
- Hedren, M. (2004). Species delimitation and the partitioning of genetic diversity – an example from the *Carex flava* complex (Cyperaceae). *Biodivers. Conserv.* 13: 293–316.
- Hensen, I., Oberprieler, C. ve Wesche, K. (2005). Genetic structure, population size, and seed production of *Pulsatilla vulgaris* Mill. (Ranunculaceae) in Central Germany. *Flora* 200: 3–14.
- Hilu, K. ve Liang W.H. (1997). The *matK* gene: sequence variation and application in plant systematics. *Am. J. Bot.* 84: 830–839.
- Huang, J-C., Wang, W-K. ve Peng, C-I. (2005). Phylogeography and conservation genetics of *Hygrophila pogonocalyx* (Acanthaceae) based on *atpB-rbcL* noncoding spacer cpDNA. *J. Plant Res.* 118: 1–11.
- Kantarci, D. (1987). *Toprak İlimi*. İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi yayını, İstanbul.

- Kim, G-E., Lee, Y-H., Kang, G., Kim, C-G., Jung, W., Seong, K-B., Seeb, J.E., Kim S. ve Kang, S. (2007). Genetic Diversity and Population Structure of Chum Salmon in the North Pacific. *North Pacific Anadromous Fish Commission* 4: 203–209.
- Kruckeberg, A., Adıgüzel, N. ve Reeves, R.D. (1999). Glimpses of the flora and ecology of Turkish (Anatolian Species). *The Karaca Arboretum Magazine* 5 (2): 67–86.
- Kurt, L., Ozbey, B.G., Kurt, F., Ozdeniz, E. ve Bolukbaşı, A. (2013). Serpentine Flora of Turkey. *Biological Diversity and Conservation* 6(1): 134–152.
- Leaché, A.D., Harris, B.R., Rannala, B. ve Yang, Z. (2014). The Influence of Gene Flow on Species Tree Estimation: A Simulation Study. *Syst. Biol.* 63(1): 17–30.
- Lee, S.W., Kim, Y.M. ve Kim, W.W. (2003). Lack of allozyme and ISSR variation in the Rare endemic tree species, *Berchemia berchemiaefolia* (Rhamnaceae) in Korea. *Ann. For. Sci.* 60: 357–360.
- Leimu, R., Mutikainen, P., Koricheva, J. ve Fischer, M. (2006). How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *J. Ecol.* 94: 942–952.
- Li, B., Wang, A., Zhang, P. ve Li, W. (2019). Genetic diversity and population structure of endangered *Glehnia littoralis* (Apiaceae) in China based on AFLP analysis. *Biotechnol. Biotechnol. Equip.* 33(1): 331–337. <https://doi.org/10.1080/13102818.2019.1577172>
- Mank, J.E. ve Avise, J.C. (2004). Individual organisms as units of analysis: Bayesian-clustering alternatives in population genetics. *Genet. Res.* 84: 135–143.
- Mason-Gamer, R.J., Holsinger, K.E. ve Jansen, R.K. (1995). Chloroplast DNA Haplotype Variation within and among Populations of *Coreopsis grandiflora* (Asteraceae). *Mol. Biol. Evol.* 12(3): 371–381.
- Mort, M.E., Soltis, D.E., Soltis P.S., Francisco-Ortega, J. ve Santos-Guerra, A. (2001). Phylogenetic relationships and evolution of Crassulaceae inferred from *matK* sequence data. *Am. J. Bot.* 88: 76–91.
- Neuhaus, H. ve Link, G. (1987). The chloroplast tRNA<sup>Lys</sup> (UUU) gene from mustard (*Sinapis alba*) contains a class II intron potentially coding for a maturase-related polypeptide. *Curr. Genet.* 11: 251–257.
- Nielsen, L.R. (2004). Molecular differentiation within and among island populations of the endemic plant *Scalesia affinis* (Asteraceae) from the Galápagos Islands. *Heredity* 93(5): 434–42.
- Nybom, H. (2004). Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Mol. Ecol.* 13: 1143–1155.
- Özer, E. (1994). Munzur Dağlarının (Kemah-İliç-Erzincan) stratigrafisi. *Türkiye Jeoloji Bülteni* 37 (2): 53–64.
- Özdeniz, E., Özbey, B.G., Kurt, L. ve Bölükbaşı A. (2017). Serpantin ekolojisi ve Türkiye serpantin florası'na katkılar. *Toprak Bilimi ve Bitki Besleme Dergisi* 5 (1) 22 – 33.
- Palmer, J.D., Jansen, R.K., Michaels, H., Manhart, J. ve Chase, M. (1988). Chloroplast DNA variation and plant phylogeny. *Ann. Mo. Bot. Gard.* 75: 1180–1206. <https://doi.org/10.2307/2399279>
- Peakall, R. ve Smouse, P.E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics* 28: 2537–2539.
- Peterson, A., Bartish I.V. ve Peterson J. (2008). Effects of population size on genetic diversity, fitness and pollinator community composition in fragmented populations of *Anthericum liliago* L. *Plant Ecol.* 198: 101–110.
- Pons, O. ve Petit, R.J. (1996). Measuring and Testing Genetic Differentiation with ordered versus unordered alleles. *Genetics* 144: 1237–1245.
- Proctor, J. (1999). Toxins, nutrient shortages and droughts: the serpentine challenge. *Trends Ecol. Evol.* 14: 334–335.
- Rajakaruna, N. (2004). The edaphic factor in the origin of plant species. *Int. Geol. Rev.* 46: 471–478.
- Reeves, R.D., Baker, A.J.M., Borhidi, A. ve Berazain, R. (1999). Nickel hyperaccumulation in the serpentine flora of Cuba. *Ann. Bot.* 83(1): 29–38.
- Rozas, J., Sánchez-Delbarrio, J.C., Messeguer, X. ve Rozas, R. (2003). DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19: 2496–2497.
- Skinner, M.W. ve Pavlik, B.M. (1994). *Inventory of rare and endangered vascular plants of California*. California Native Plant Society Press, Sacramento, California.
- Soltis, D.E., Soltis, P.S., Collier, T.G. ve Edgerton, M.L. (1991). Chloroplast DNA variation within and among genera of the Heuchera group (Saxifragaceae): evidence for chloroplast transfer and paraphyly. *Am. J. Bot.* 78: 1091–1112. <https://doi.org/10.2307/2444898>
- Soulé, M., Gilpin, M., Conway, W. ve Foose, T. (1986). The Millenium Ark: how long a voyage, how many staterooms, how many passengers?. *Zoo Biol.* 5: 101–113. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430050205>
- Sözen, E. ve Özyayın, B. (2009). A preliminary study on the genetic diversity of critically endangered *Centaurea nivea* (Asteraceae). *Ann. Bot. Fenn.* 46: 541–548.
- Sözen, E. ve Özyayın, B. (2010). A Study of genetic variation in endemic plant *Centaurea wiedemanniana* by using RAPD markers. *Ekoloji* 19(77): 1–8.
- Su, Y.J., Wang, T., Zheng, B., Jiang, Y., Chen, G.P. ve Gu, H.Y. (2004). Population genetic structure and phylogeographical pattern of a relict tree fern, *Alsophila spinulosa* (Cyatheaceae), inferred from cpDNA *atpB-rbcL* intergenic spacers. *Theor. Appl. Genet.* 109: 1459–1467.

- Su, Y.J., Wang, T., Zheng, B., Jiang, Y., Yang, P.Y. ve Chen, G.P. (2005). Genetic variation and phylogeographical patterns in *Alsophila podophylla* from Southern China based on cpDNA *atpB-rbcL* sequence data. *Am. Fern J.* 95: 68–79.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson D., Filipski A. ve Kumar S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30(12): 2725–2729.
- Wagenitz, G. ve Hellwig, F. H. (2000). The genus *Psephellus* Cass. (*Compositae, Cardueae*) revisited with a broadened concept. *Willdenowia* 30: 29–44. <https://doi.org/10.3372/wi.30.30102>.
- Wang, A., Zhang, P., Liu, X., Liang, J. ve Li, W. (2016). Genetic structure and diversity of *Glehnia littoralis*, an endangered medicinal plant in China. *Biochem. Syst. Ecol.* 66: 265–271.
- Wesche, K., Hensen, I. ve Undrakh, R. (2006). Genetic Structure of *Galitzkya macrocarpa* and *G. potaninii*, Two Closely Related Endemics of Central Asian Mountain Ranges. *Ann. Bot.* 98: 1025–1034.
- Wolfe, K.H., Morden C.W. ve Palmer J.D. (1992). Function and evolution of a minimal plastid genome from a nonphotosynthetic parasitic plant. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 89: 10648–10652.
- Zhang, X., Liu, Y., Gu, X., Guo, Z., Li, L., Xiaona, S., Liu S., Zang, Y., Li, Y., Liu, C. ve Wei, S. (2014). Genetic diversity and population structure of *Rheum tanguticum* (Dahuang) in China. *Chin. Med.* 9: 26.
- Zhou, G., Yang, L., Li, C., Xu, W. ve Chen, G. (2010). Genetic diversity in endangered *Notopterygium forbesii* Boissieu based on intraspecies sequence variation of chloroplast DNA and implications for conservation. *Biochem. Syst. Ecol.* 38: 911–916.