



Tür Bazlı Korumada Yeni Bir Yaklaşım: Relikt Endemik *Dorystoechas hastata* Türünün Peyzaj Genetiği Kapsamında Değerlendirilmesi^A

Ceren SELİM^{1*}, Songül SEVER MUTLU²

Öz: Peyzaj genetiği yaklaşımı, popülasyon genetiği ve peyzaj ekolojisi konularının teorik ve analitik metotlarını dikkate alarak peyzaj ve çevresel özelliklerin popülasyonların genetik yapısını nasıl etkilediği hakkında bilgi üretmeyi amaçlamaktadır. Bir türün genetik varyasyonunun bir peyzajdaki değişimlere nasıl tepki verdiğini anlamayı ve genetik çeşitliliğin peyzajlar arasında dağılımını sağlayan mikro evrimsel süreçleri inceleme olanağı sağlar. Bu çalışmanın amacı, peyzaj unsurlarının relik endemik *Dorystoechas hastata* türü özelinde türün genetik yapısına olan etkisinin ortaya konulmasıdır. Bu kapsamda *D. hastata* türünün doğal yayılış gösterdiği Antalya ili Kemer-Kumluca-Korkuteli ilçelerinde bulunan alanlardan çeşitliliği temsil edecek şekilde belirlenen 15 popülasyondan toplam 56 genotip çalışılmıştır. Alana ait uydu görüntüsü yardımıyla popülasyonlar arasındaki peyzaj unsurları (ArcGIS 10.1 yazılımı) belirlenmiş ve habitat bağlantısallığı (CONEFOR 2.6 yazılımı) ilgili indeksler (IIC, PC) ile ortaya konmuştur. Popülasyonların arasında genetik yapısının belirlenmesi ve çeşitliliğin ortaya konulmasında SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) ve iPBS (interprimer binding sites) moleküler markırlarından faydalanılmıştır. Elde edilen veriler POPGENE bilgisayar paket programında değerlendirilmiştir. Popülasyonlara ait belirlenen bağlantılılık değerleri popülasyon genetiği veri setinden elde

^A Bu çalışma “*Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Benthام türünün peyzaj genetiği kapsamında değerlendirilmesi ve çoğaltım olanaklarının belirlenmesi” isimli Doktora Tezinden hazırlanmış olup, TÜBİTAK TOVAG 1150863 no’lu proje kapsamında desteklenmiştir. Yapılan bu çalışma etik kurul izni gerektirmemektedir.

* **Sorumlu yazar/Corresponding Author:** ¹ Ceren SELİM, Akdeniz Üniversitesi, Mimarlık Fakültesi, Peyzaj Mimarlığı Bölümü, Antalya, Türkiye, cerenselim@akdeniz.edu.tr, [OrcID 0000-0001-7694-2449](https://orcid.org/0000-0001-7694-2449)

² Songül SEVER MUTLU, Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Antalya, Türkiye, songulmutlu@akdeniz.edu.tr, [OrcID0000-0002-7886-1594](https://orcid.org/0000-0002-7886-1594)

edilen değerlerle Pearson korelasyon analizine tabi tutulmuştur. *D.hastata* popülasyonlarının tamamı birlikte ele alındığında (tüm allel frekansları üzerinden hesaplandığında) tür bazında ortalama allel sayısı (n_a) 1.97 ortalama etkili allel sayısı (n_e) 1.57, Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h) 0.3324, Shannon indeksi (H_o) 0.50, polimorfik lokus sayısı (n_p) 346 ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) 92,9 olarak tahmin edilmiştir. Oldukça sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünde, genetik çeşitlilik indeksleri açısından oldukça geniş bir çeşitlilik olduğu tespit edilmiştir. Sonuçlar *D. hastata* popülasyonlarının habitat bağlantılılık indeksleri arttıkça ortalama allel sayısı ($r=-0,44$), efektif allel sayısı ($r=-0,44$), Nei'nin gen çeşitliliği indeksi ($r=-0,44$) Shannon indekslerinin ($r=-0,44$) azaldığını ve F_{ST} değerinin ise arttığını ($r=0,46$), başka bir deyişle genetik farklılaşmanın azaldığını ortaya koymuştur. Elde edilen bu sonuçlar, *D. hastata* türünün çalışılan popülasyonları arasında ölçülen bağlantılılık indekslerinin popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde birer göstergelik ölçüt olarak kullanılabilmesine işaret etmektedir.

Anahtar Kelimeler: Peyzaj genetiği, biyoçeşitlilik, tıbbi-aromatik bitkiler, peyzaj ekolojisi, popülasyon genetiği.

A new approach on species based conservation: Landscape genetics of relict endemic *Dorystoechas hastata*

Abstract: Landscape genetic aims to provide information on how landscape and environmental features influence population genetic structure by combining theory and analytical methods of population genetics and landscape ecology. It provides information on how genetic structure of a given species responds to changes in a landscape and examines the microevolutionary processes driving the distribution of genetic variation across landscapes. The objective of this research was to investigate the effect of landscape features on genetic structure of a relict endemic species *Dorystoechas hastata* from Antalya, Turkey. The 56 genotypes representing 15 populations from natural habitats of the species from Kemer-Kumluca-Korkuteli districts of Antalya province were studied. Landscape elements among selected populations were determined with the satellite image of the area using ArcGIS 10.1 software. Habitat connectivity of the selected populations was determined by the related indexes (IIC, PC) using CONEFOR 2.6 software. The SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) and iPBS (interprimer binding site) molecular marker systems were used to determine the variation in genetic structure within and among populations and the data were evaluated using POPGENE. Habitat connectivity values of populations were correlated with population genetics data set. When all the populations of *D. hastata* are considered together, the average number of alleles per species (n_a) was 1.97, the average effective alleles number (n_e) was 1.57, Nei's gene diversity index (h) was 0.3324, Shannon index (H_o) was 0.50, the number of polymorphic loci (n_p) 346 and polymorphic locus ratio (P_{poly}) was estimated to be 92.9. The results of Pearson correlation analysis between habitat connectivity indexes (IIC and PC) and population genetics data set showed that when population connectivity indexes was increased, the mean allele number ($r = -0.44$), the number of

effective alleles ($r=-0.44$), Nei's gene diversity index ($r=-0.44$), Shannon index ($r=-0.44$) were decreased and genetic differences of populations (F_{ST}) was increased, in other words genetic differentiation decreased. Results from the this study indicates that, the connectivity indexes measured among the *D. hastata* populations might be used as an indicator for the determination of the genetic diversity of the populations.

Keywords: Landscape genetics, biodiversity, medicinal and aromatic plants, landscape ecology, population genetics.

Giriş

Biyolojik çeşitlilik "Dünya üzerinde yaşam" kavramıyla eş anlamlı olup yaşayan organizmaların sayısı, çeşitliliği ve değişkenliğini ifade etmektedir (Hens ve Boon, 2003). Biyolojik çeşitliliğin kaybına neden olan temel etmenlerin çoğu insan kaynaklı faaliyetlerdir. Bunlar aşırı kullanım, istilacı yabancı türler, çevre kirliliği ve özellikle habitatların bozulması, parçalanması ve yok edilmesi şeklinde sıralanabilir (Butchart ve ark., 2010; Rands ve ark., 2010; Kokko ve Lopez-Sepulcre, 2006; Hens ve Boon, 2003; Manel ve Holderegger, 2013). Bir türün tamamen tükenmesi ya da yok olması biyolojik çeşitliliğin kaybı sonucu ortaya çıkan en çarpıcı sonuçlardan biridir. Ancak bir türün ortadan tamamen yok olmasından çok daha önce genetik çeşitliliğin halihazırda ciddi oranda etkilenmiş olduğuna dikkat çekilmekte ve türe ait belirgin popülasyonların türün yok olma hızından 3 kat daha hızlı bir şekilde yok olduğu tahmin edilmektedir (Manel ve Holderegger, 2013). Bir popülasyonun yok olması ise intraspesifik (tür içi) genetik çeşitliliğin kaybıyla ilişkili bir süreçtir ve yapılan çalışmalar küresel değişimin türler üzerine etkisi araştırılırken intraspesifik çeşitlilik seviyesini göz önüne almamız gerektiğinin esas olduğunu ortaya koymaktadır (Banta ve ark., 2012).

Bir peyzajın kimliğini oluşturan bileşenler, temel doğal ve yapay bileşenler olarak tanımlanabilir (Özhancı ve Yılmaz, 2018). Doğal ve yarı doğal habitat alanlarındaki kayıplar ve bozulmalar dünya peyzajlarını tehdit eden önemli unsurlardır (Liira ve ark., 2008; Aavik ve ark., 2014). Habitat alanlarının bozulması, popülasyonlarda genetik çeşitliliğin azalmasına ve popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın artmasına neden olmaktadır. Bu durum ise popülasyonların uyum gücünü ve hayatta kalma şansını doğrudan etkilemektedir (Aavik ve ark., 2014; Leimu ve ark., 2006). Çeşitli kullanımlar etkisiyle parçalanmış ve izole edilmiş/olmuş popülasyonlardaki mevcut türlerin, peyzaj karakterindeki farklılaşmaya paralel olarak demografik ve genetik yapıları zarar görmektedir (Haag ve ark., 2010; Astorga ve ark., 2001). Bu nedenle, bölünmüş habitatlar ve popülasyonlar arasında bağlantılılığın sağlanarak gen akışının devam etmesine olanak sunulması koruma planlamasının en önemli amaçlarından birini oluşturmaktadır (Aavik ve ark., 2014; Clark ve ark., 2008). Parçalanarak izole olmuş popülasyonlara sahip özellikle nadir ve endemik türlerin koruma stratejilerini belirlerken, öncelikle bu popülasyonların genetik yapılarındaki farklılaşmayı ortaya koymak ve kendilemeyi önleyecek ve popülasyonlar arası genetik bağlantıyı sağlayacak şekilde peyzaj koruma/kullanım ve yönetim planlarının oluşturulması önemlidir. Popülasyonların genetik yapısı ile habitat kalitesi arasındaki ilişkinin varlığı ve derecesinin ortaya

konması özellikle nesli tehlike altında olan türlerin koruma stratejilerin belirlenmesinde oldukça önemlidir. Ancak bu türlere yönelik koruma stratejilerin geliştirilmesinde etkin bir araç olarak gösterilen; farklı popülasyonlar arasındaki genetik varyasyonu araştıran, peyzaj unsurlarının bu genetik varyasyona olan etkilerinin araştırıldığı peyzaj genetiği çalışmaları ülkemizde yok denecek kadar azdır. Günümüzde pek çok Avrupa ülkesinde ve Amerika’da mevcut biyolojik çeşitliğinin korunması ve sürdürülebilmesi kapsamında türlerin yok olmasına neden olan faktörler ve etkin koruma stratejilerinin belirlenmesine yönelik çalışmalara ağırlık verilmiştir.

Bu kapsamda son 25 yılda ortaya çıkan yeni bir araştırma konusu olan peyzaj genetiği yaklaşımı; peyzaj özellikleri ile gen akışı, genetik sürüklenme ve seleksiyon gibi mikro evrimsel süreçler arasındaki etkileşimler hakkında bilgi sağlayan bir kavram olarak tanımlanabilmektedir (Manel ve ark., 2003; Hall ve Beissinger, 2014). Peyzaj ekolojisi ve popülasyon genetiği kavramlarını bir araya getiren peyzaj genetiği, coğrafik ve çevresel özelliklerin, birey ve popülasyon ölçeğinde genetik varyasyonu nasıl şekillendirdiğini ortaya koyan yeni bir yaklaşımdır (Manel ve ark., 2003; Manel ve Holderegger, 2013). Moleküler genetik bilgi ile organizmaların mevcut dağılımı üzerine peyzaj yapısının etkisi, bir organizmanın bakış açısından habitatların bağlantılılığının anlaşılması gibi konuların çalışılması yeni kavramlardır (Holderegger ve Wagner, 2006).

Bir türe ait genetik varyasyonun peyzajdaki değişimlere karşı vermiş olduğu tepkilerin anlaşılması, genetik ve mekânsal verinin bir araya getirilerek geliştirilmesiyle ortaya konabilmektedir (Hall ve Beissinger, 2014). Peyzajın genetik varyasyon üzerine olan etkisi uzun süredir bilinmekte olmakla beraber (Wright, 1943; Dobzhansky, 1947; Hall ve Beissinger, 2014), popülasyon genetiği ve peyzaj ekolojisi kavramlarının entegrasyonu ile yeni teorilerin ortaya atılması ve peyzaj genetiği kavramının ortaya çıkması son yıllarda olmuştur (Holderegger ve Wagner 2006; Storfer ve ark., 2010). Uzun yıllardır araştırmacılar tarafından ilişkilendirilmek istenen iki kavram olan peyzaj ekolojisi ve popülasyon genetiği, disiplinler arası eşitsizliklerin varlığından dolayı karmaşık bir durum olarak karşımıza çıkmakta olup bu noktada ihtiyaca cevap veren peyzaj genetiği kavramı; popülasyon genetiği, peyzaj ekolojisi ve mekânsal istatistik konularının entegrasyonunu sağlayarak araştırmacılara kolaylık sağlamaktadır (Manel ve Holderegger, 2013).

Peyzaj genetiği çalışmaları öncelikle ayrılmış popülasyonların görüldüğü peyzajları konu almaktadır. Gen akış şeklini ve yerel adaptasyon süreçlerinin üzerinde durup genetik devamsızlığın belirlenmesini içeren analizler yaparak, bu devamsızlık ve peyzaj özellikleri arasında ilişkiler kurulması peyzaj genetiği çalışmalarının amaçlarındandır (Holderegger ve Wagner, 2006; Latta, 2006) Elde edilen sonuçlar türlerin korunması ve yönetilmesinde etkin bir araç olarak kullanılmaktadır (Balkenhol ve ark., 2009). Çalışma kapsamında biyolojik çeşitliliğin korunmasında popülasyonların genetik yapılarındaki değişimin ortaya çıkarılması ve bu değişime habitat kalitesinin ve mevcut peyzaj yapısının etkisinin araştırılması amaçlanmaktadır.

Peyzaj genetiği konusunda yapılan çalışmaları inceleyen Storfer ve ark., (2010) araştırmaların %90’ının tek tür üzerine yapıldığını belirlemiştir. Ayrıca araştırmalara konu olan türlerin %62’sinin omurgalılar, %18’inin omurgasızlar, %14,5’inin bitkiler, %3’ünün bakteriler, %3’ünün virüsler, %1’inin likenler ve %0,5’inin mantarlardan oluştuğunu vurgulamıştır. Türlerle göre kullanılan çalışma deseni ve analitik yaklaşımların farklılık gösterdiğini ve araştırmalara konu olan türlerin çoğunun hayvan türleri olmasının bazı nedenleri olduğunu

belirtmiştir. Bu nedenler şu şekilde özetlenebilir: (1) Türlerin genetik yapısını etkileyen çevresel koşullar ve değişkenlerden yaşamlarını sabit şekilde geçiren bitki türlerinin hareketli olan hayvan türlerine göre etkilenme derecelerinin daha fazla olması, (2) hayvan popülasyonlarında kullanılan genetik çeşitlilik belirleme yöntemlerinin bitki popülasyonlarında kullanılan yöntemlere göre daha güvenilir, kesin sonuçlar vermesidir (Storfer ve ark., 2010).

Çalışmaya konu olan *Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham türü yoğun uçucu ve aromatik yağ içeriklerinden dolayı tıbbi ve aromatik özelliklere sahip birçok bitki türünü içinde barındıran Ballıbabagiller (Lamiaceae) familyasına ait endemik bir tür olup, IUCN Kırmızı Liste'de VU (Vulnerable-Hassas) statüsüyle korunmaktadır (Ekim vve ark., 2000). Uçucu yağ eldesi nedeniyle ekonomik öneme sahip olan (Valant-Vetschera ve ark., 2003) *D. hastata*, Lamiaceae familya üyelerinden monotipik bir cins olan *Dorystoechas*'a ait tek türdür. Antalya yöresinde "Çalba" olarak bilinmekte ve adaçayı gibi çay olarak tüketilmektedir (Meriçli ve Meriçli, 1986). İçeriğindeki uçucu yağların başta tıp ve parfümeri sanayi olmak üzere kullanım potansiyelinin yüksek olduğu belirtilirken, türün hem endemik hem de cinse ait tek tür olmasından dolayı, halihazırda denetimsiz biçimde toplanmasının bitkinin geleceğini tehlikeye attığına dikkat çekilmektedir (Karagözler ve ark.,2008; Erkan ve ark., 2011). Bu bakımdan bitkinin bir an önce kültüre alınarak tarımının yapılması önerilmekte olup (Öztürk, 1990), türün genetik yapısı ve habitat gereksinimi üzerine yapılmış herhangi bir çalışma ise mevcut değildir.

Bu araştırmanın amacı; relikt endemik özelliği ile sadece Antalya'da Kumluca-Kemer-Korkuteli arasında sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünün peyzaj genetiği kapsamında ele alınmasıdır. Bu kapsamda türe ait popülasyonlar arasındaki habitat bağlantısallığını ortaya koymak ve peyzaj yapısıyla şekillenmiş olan habitat bağlantısallığının türün genetik yapısındaki varyasyona etkilerini ortaya koymak hedeflenmiştir. Bir başka ifade ile türün habitatını oluşturan peyzaj unsurlarının oldukça sınırlı bir alanda hapsolmuş olan relikt endemik bu türe ait popülasyonların genetik yapısını etkileme durumu ortaya konması hedeflenmiştir.

Materyal ve Yöntem

Bitki Materyali

Çalışmanın ana materyalini oluşturan *Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham türü Resim 1 ve Resim 2'de görüleceği gibi odunsu bir çalı olup; yaprakları basit, mızraksı, hastat yapıda, sık yumuşak tüylü, pürüzlü ve kenarlarda küçük oymalıdır. Gerçekleştirilen arazi çalışmalarına göre türün çiçeklenmesimart-ağustos ayları arasında olup, kayalar ve frigana etrafında, deniz seviyesinden 2000 metre yükseklik aralığında yayılış gösteren relikt endemik karakterli bir Doğu Akdeniz Elementi (Hedge, 1982) olduğu bilinmektedir.



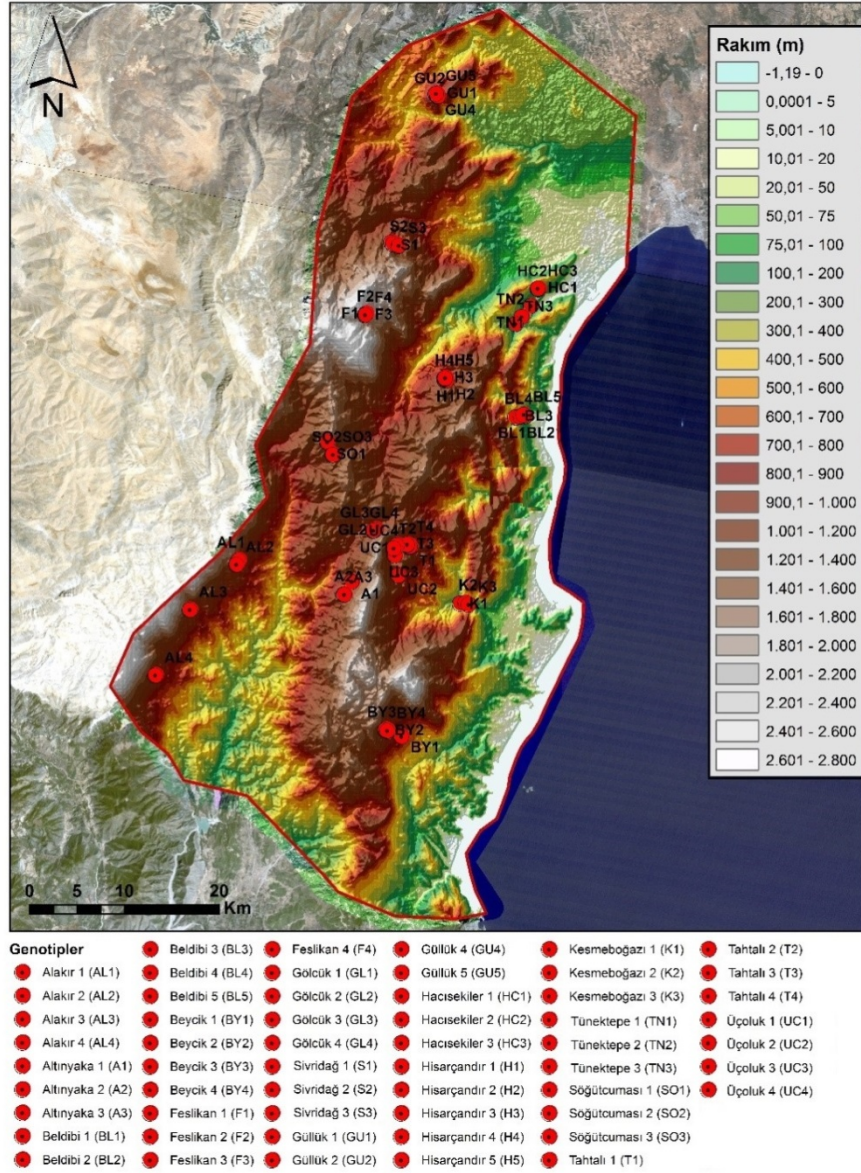
Şekil 1. *Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham türünün çiçek ve yaprak yapısına ait genel bir görünüm (Orj., 2013).

Türün zengin kimyasal içeriğe sahip olması *D.hastata* ile ilgili farmakolojik açıdan yapılmış çalışmaları beraberinde getirmiştir. *D.hastata* türünün kampferol (Valant-Vetschera, 2003), 1,8-ko-sineol (Başer, 1994), 6-OH-luteolin 6-metil ester (Venturella ve ark., 1988), içerdiği uçucu yağın bileşenleri olarak da 1.8-sineol, apinen, borneol, guaiol, kamfen, kafur (Öztürk, 1990), köklerinde ferruginol, 6,7-didehidrosemperviol 17-hidroksikriptotansinon, przewakuinon A ve kriptotansinon 17 beta-oik asit (Uluben ve ark., 2004) bileşiklerini içerdiği bilinmektedir. Karagözler ve ark., (2008)'nin prolin ve antioksidant içerikleri üzerine yapmış oldukları çalışmada türün yapraklarının doğal bir prolin ve antioksidant kaynağı olduğunu belirtmişlerdir.

Araştırma Alanı

Araştırma Mart 2016- Aralık 2017 yılları arasında yürütülmüş olup *D. hastata* türünün Kemer-Kumluca-Korkuteli-Konyaaltı ilçelerindeki doğal popülasyonlarını içeren bölgeyi kapsamaktadır. Türün yayılış alanının büyük bir kısmı Beydağları Sahil Milli Parkı ve Güllük Dağı (Termessos) Milli Parkı içindedir. Araştırma materyalinin temin edilmesi amacıyla seçilen örneklem alanları türün daha önceki yıllarda tespit edilen yayılış bölgeleri ve alt-üst yükseklik sınırları göz önüne alınarak belirlenmiştir. Buna bağlı olarak türün deniz seviyesinden başlayarak yaklaşık 2000 m yüksekliğe kadar farklı habitat tiplerinde yayılış göstermesi ekolojik toleransı açısından bir avantaj olarak görülmektedir. Ancak türün yayılış alanının bölge bazında sınırlı olması, örnek popülasyonların/genotiplerin seçimi açısından, izolasyon mekanizmalarının da gözönüne alınmasını mecbur kılmıştır. Türün yayılış alan genişliği, yükseklik alt ve üst sınırları, farklı habitat karakterleri değerlendirilerek toplam 15 örneklem alanı (lokasyon) belirlenmiştir. Her lokasyonda ise en az 3'er örnek (genotip) belirlenerek toplamda 56 genotip ile çalışma yürütülmüştür. Popülasyonlar içinde örneklenen genotipler arasındaki mesafe, popülasyonlara göre 40 m ile 15000 m arasında varyasyon göstermiştir. Çalışılan

lokasyonlar ve her bir lokasyonda örneklenen 56 genotipe ait konum bilgileri Şekil 2’de uydu görüntüsü üzerinde sunulmuştur.



Şekil 2. Çalışma alanı için oluşturulan sayısal yükseklik paftası üzerinde örneklenen genotiplerin yerleri

DNA İzolasyonu ve Moleküler Markır Analizleri (SRAP ve iPBS)

Türün yayılış gösterdiği alanlardan çeşitliliği temsil edecek şekilde seçilen 56 genotipin her birinden yaprak örnekleri alınmıştır. DNA izolasyonu CTAB protokolüne göre yapılmıştır (Doyle ve Doyle, 1990). İzole edilen DNA'lar TÜBİTAK TOVAG 1150863 nolu proje kapsamında detayları verilmiş olan olan SRAP ve iPBS Moleküler markırları ile analiz edilerek moleküler veri seti oluşturulmuştur.

Moleküler Verinin Analizi ve Popülasyon Genetiği Verisinin Elde Edilmesi

Genotiplerin belirlenen markır sistemleri ile taranması sonucu oluşturulan 357 adet markır verisi (moleküler veri seti) popülasyonlara (lokasyonlara) göre ayrılmıştır. Hazırlanan moleküler veri tabanı kullanılarak allel frekansları (P_i) karekök yöntemi kullanılarak hesaplanmıştır (Nei, 1987). Popülasyonların genetik varyasyon düzeylerinin tespit edilmesi amacıyla, allel frekanslarından yararlanılarak her bir popülasyonda ortalama allel sayısı (n_a), ortalama etkili allel sayısı (n_e), Shannon İndeksi (H_0) ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) POPGENE (Yeh ve ark., 1997) bilgisayar paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

D.hastata popülasyonları arasındaki mevcut genetik farklılığın ortaya konulması amacıyla, ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) değerleri hesaplanmıştır. İkişerli F_{ST} değerleri popülasyonlardaki kısa sürede meydana gelen genetik farklılıklar olarak ölçülmekte olup, popülasyonlar arasındaki allel frekanslarından olan farklılıkların bir ölçüsü olarak değerlendirilmektedir (Weir ve Cockerham, 1984). İkişerli F_{ST} değerlerinin hesaplanmasında ARLEQUIN software 3.1 (Excoffier ve ark., 2005) paket programından yararlanılmıştır.

Peyzaj ve Habitat Unsurlarına Ait Verilerin Elde Edilmesi (Ağ Analizi)

Alan kullanımları üzerinden sayısallaştırılan uydu görüntüsünde genotiplerin bulunduğu yerleri içine alan habitat parçaları CONEFOR Sensinode 2.6 programında habitatların bağlantısallığını ölçen bazı indekslerce değerlendirilmiştir (Aavik ve ark., 2014; Pascual-Hortal ve Saura, 2006; Saura ve Pascual-Hortal, 2007b; Saura ve Pascual-Hortal, 2007a; Saura ve Torne, 2009). Habitatların bağlantısallığının ölçülmesinde Grafik teorisini temel alan birçok bağlantısallık indisi mevcut olup bu çalışma kapsamına seçilen en uygun indeksler (1) bağlantılılık indeksinin integrali (IIC) ve (2) bağlantılılık olasılığı (PC) olarak belirlenmiştir.

Bağlantılılığın integrali (Integral index of connectivity-IIC), 0 ile 1 arasında değişen, 1'e yaklaştıkça bağlantılılığın arttığını ifade eden bir metriktir. IIC 1 olduğunda tüm peyzaj yapısının ölçülen habitat yapısıyla dolu olduğu varsayılır. Bağlantılılık olasılığı (The probability of connectivity index-PC) ise başka bir habitat yamasının engeline maruz kalmadan iki habitat parçası arasında ulaşılabilirlik olasılığı şeklinde tanımlanmaktadır (Pascual-Hortal ve Saura, 2006).

Her popülasyona ait ölçülen IIC ve PC değerleri türün popülasyon genetiği yapısını ortaya koyan popülasyonlara ait n_a (ortalama allel sayısı), n_e (etkin allel sayısı), h (Nei'nin genetik çeşitlilik indeksi), I (Shannon çeşitlilik indeksi) değerleri ve popülasyonlara ait bireysel genetik farklılaşma (F_{ST}) değerleri ile Pearson Koralasyon analizine tabi tutulmuştur. Tüm istatistik analizler SAS İstatistik programında (SAS Institute, 1999) yapılmıştır.

Bulgular ve Tartışma

Popülasyon Genetiği Verilerine Ait Bulgular

Genotiplerin genetik benzerlikleri SRAP ve iPBS yöntemleri ile ortaya konulmuş olup en çok bant veren 13 SRAP (165 adet) ve 11 IPBS (192 adet) markır sistemleri kullanılarak toplam 357 markır elde edilmiştir. Bu lokuslardan 11 tanesinin monomorfik, 346 tanesinin de polimorfik yapıda olduğu tespit edilmiştir. Primer başına elde edilen ortalama polimorfik lokus sayısı ise 14,4 (346/24) olarak hesaplanmıştır.

Genetik Çeşitliliğe Ait Bulgular

Çalışılan lokuslarda hesaplanan allel frekansları kullanılarak *D.hastata* popülasyonlarını genetik varyasyon bakımından karşılaştırmak amacıyla hesaplanan ortalama allel sayısı (n_a), ortalama etkili allel sayısı (n_e), Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h), Shannon indeksi (H_o), polimorfik lokus sayısı (n_p) ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) gibi kriterlere ait bulgular Tablo 1 de sunulmuştur. *D.hastata* popülasyonlarının tamamı birlikte ele alındığında (tüm allel frekansları üzerinden hesaplandığında) tür bazında ortalama allel sayısı (n_a) 1.97 ortalama etkili allel sayısı (n_e) 1.57, Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h) 0.3324, Shannon indeksi (H_o) 0.50, polimorfik lokus sayısı (n_p) 346 ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) 92.9 olarak tahmin edilmiştir (Tablo 1).

Popülasyonlardaki ortalama allel sayısı (n_a), Termessos (Güllük) örneklerinde en yüksek (1.56±0.5), Altinyaka örneklerinde ise en düşük (1.17±0.37) hesaplanmıştır. Popülasyonlar ortalaması 1.38±0.12 olarak tahmin edilen ortalama allel sayısı, tüm allel frekansları üzerinden (tür bazında) 1.97±0.17 olarak bulunmuştur (Tablo 1). Sonuçlar *D. hastata* popülasyonları arasında hesaplanan ortalama allel sayıları bakımından farklılıklar olduğunu ortaya koymaktadır. Doğan ve ark., (2016) *Uechritzia armena* bitkisinde popülasyonlarda gözlenen allel sayısının (n_a) 1,64 ile 1,69 arasında değiştiğini ve tür bazında n_a değerinin 2 olduğunu rapor etmişlerdir. Zhang ve ark., (2009) *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünde n_a değerinin popülasyonlara göre 1.84 ile 1.89 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Popülasyonlardaki ortalama etkili allel sayısı (n_e), Termessos (Güllük) örneklerinde en yüksek (1.37±0.38) Altinyaka örneklerinde ise en düşük (1.12±0.28) hesaplanmıştır. Popülasyonlar ortalaması 1.26±0.07 olarak tahmin edilen ortalama etkili allel sayısı, tüm allel frekansları üzerinden (tür bazında) 1.57±0.32 olarak bulunmuştur (Tablo 1). *U. armena* türünde popülasyonlar arasında etkili allel sayısının (n_e) 1,23 ile 1,26 arasında değiştiği, popülasyonlar ortalamasının 1,25 ve tür için n_e değerinin 1,46 olduğu bildirilmiştir (Doğan ve ark., 2016). *O. acumianata* (Gaghep.) Dandy türünde ise n_e değerinin popülasyonlar arasında oldukça sınırlı bir aralıkta (1.75-1.76) değiştiği tespit edilmiştir (Zhang ve ark., 2009).

Tablo 1. Çalışılan 15 *D.hastata* popülasyonuna ait Ortalama Allel Sayısı (n_a), Ortalama Etkili Allel Sayısı (n_e), Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h) Shannon indeksi (H_o), Polimorfik Lokus Sayısı (n_p), Polimorfik Lokus Oranı (P_{poly}) ve Standart Sapmaları

Popülasyonlar	n_a	n_e	h	H_o	n_p	P_{poly}
Altınyaka	1,17±0,37	1,12±0,28	0,07±0,16	0,10±0,22	37	10,36 %
Gölcük	1,43±0,49	1,28±0,38	0,16±0,20	0,24±0,29	139	38,94%
Beldibi	1,49±0,50	1,34±0,41	0,19±0,21	0,28±0,30	161	45,10%
Beycik	1,46±0,50	1,32±0,40	0,18±0,21	0,26±0,30	150	42,02%
Termessos(Güllük)	1,56±0,50	1,37±0,38	0,21±0,20	0,31±0,29	185	51,82%
Üçoluk	1,40±0,50	1,29±0,40	0,16±0,21	0,23±0,30	130	36,41%
Kesmeboğazı	1,28±0,45	1,21±0,36	0,12±0,19	0,17±0,28	92	25,77%
Feslikan	1,36±0,48	1,24±0,36	0,14±0,20	0,20±0,28	117	32,77%
Hisarçandır	1,41±0,49	1,27±0,38	0,15±0,20	0,23±0,29	133	37,25%
Tahtalı	1,47±0,50	1,31±0,38	0,18±0,20	0,27±0,29	152	42,58%
Sivridağ	1,27±0,45	1,20±0,35	0,11±0,19	0,16±0,30	90	25,21%
Söğütçuması	1,27±0,44	1,19±0,34	0,11±0,19	0,16±0,27	88	24,65%
Tünektepe	1,27±0,44	1,20±0,35	0,11±0,19	0,16±0,27	59	16,53%
Hacısekiler	1,255±0,43	1,19±0,36	0,10±0,19	0,15±0,27	53	14,85%
Alakır	1,37±0,48	1,26±0,38	0,15±0,20	0,21±0,29	82	27,97%
Tüm Popülasyonlar	1,37±0,12	1,26±0,07	0,15±0,04	0,22±0,06	111,2	28,40%
Tüm Allel Frekansları Üzerinden Ortalama	1,97±0,17	1,57±0,32	0,33±0,15	0,50±0,20	346	96,92%

Popülasyondaki beklenen gen çeşitlilik (farklılık) değeri (h) Termessos örneklerinde en yüksek ($0,21±0,20$) Altınyaka örneklerinde ise en düşük ($0,07±0,16$) hesaplanmıştır (Tablo 1). Popülasyonlar ortalaması $0,15±0,20$ olarak tahmin edilen gen çeşitliliği değeri, tüm allel frekansları üzerinden hesaplandığında (tür bazında) $0,33±0,15$ olarak bulunmuştur (Tablo 1). Bu sonuca bakılarak *D.hastata* popülasyonlarındaki genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğu söylenebilir. Doğan ve ark., (2016) *U. armena* bitkisinde yapmış oldukları çalışmada popülasyonlarda Nei'nin gen çeşitlilik indeksinin $0,166$ ile $0,183$ arasında değiştiğini, popülasyonlar ortalamasının $1,17$ ve tür için belirlenen h değerinin ise $0,19$ olduğunu bildirmiştir. Zhang ve ark., (2009) *O. acumianata* türünde yürüttükleri çalışmada h değerinin $0,26-0,28$ arasında olduğunu belirtmişlerdir. Joeng ve ark., (2012) ise *Saussurea chabyoungsanica* türünde popülasyon seviyesinde h değerinin $0,17$ tür seviyesinde ise $0,35$ olduğunu rapor etmiştir. Wang ve ark., (2013) *Castanopsis fargesii* türünde tür seviyesinde h değerinin $0,296$ olduğu belirlenmiştir.

Popülasyonların genel ortalaması olarak $0,22±0,06$ tahmin edilen Shannon genetik çeşitlilik indeksi, tüm allel frekansları üzerinden tür bazında $0,50±0,20$ olarak hesaplanmıştır (Tablo 1). Sonuçlar en yüksek ve en düşük çeşitliğe sahip olan popülasyonlarının sırasıyla, Termessos (Güllük) ($0,31±0,29$) ve Altınyaka ($0,10±0,22$) popülasyonları olduğuna işaret etmektedir. Tüm allel frekansları üzerinden hesaplanan ortalama Shannon indeksi göz önüne alındığında *D.hastata* popülasyonlarındaki genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğu anlaşılmaktadır. Doğan ve ark., (2016) *Uechritzia armena* bitkisinde yapmış oldukları çalışmada popülasyonlarda Shannon genetik çeşitlilik indeksinin $0,26$ ile $0,299$ arasında değiştiğini, popülasyonlar ortalamasının $0,28$ ve tür

için belirlenen değerin ise 0,33 olduğunu belirtmiştir. Joeng ve ark., (2012) *S. chabyoungsanica* türünde popülasyon seviyesinde H_0 değerinin 0,21, tür seviyesinde ise 0,45 olduğunu belirtmiştir. Wang ve ark., (2013) *Opisthopappus longilobus* türünde yapmış oldukları araştırmada H_0 değeri açısından popülasyon ortalamasının 0,395, tür seviyesinde ise bu oranın 0,52 olduğunu belirtmiştir. *Opisthopappus taihangensis* türünde ise H_0 değerinin popülasyon ortalamasının 0,310, tür seviyesinde ise 0,504 olduğunu belirtmiştir. Quihui ve ark., (2002) *C. fargesii* türünde popülasyon ve tür seviyesinde H_0 değerlerinin 0,44 ve 0,46 olduğunu belirlemiştir. Zhang ve ark., (2009) *O. acumianata* türünde yürüttükleri araştırmada H_0 değerinin 0,40-0,44 arasında değiştiğini belirtmişlerdir.

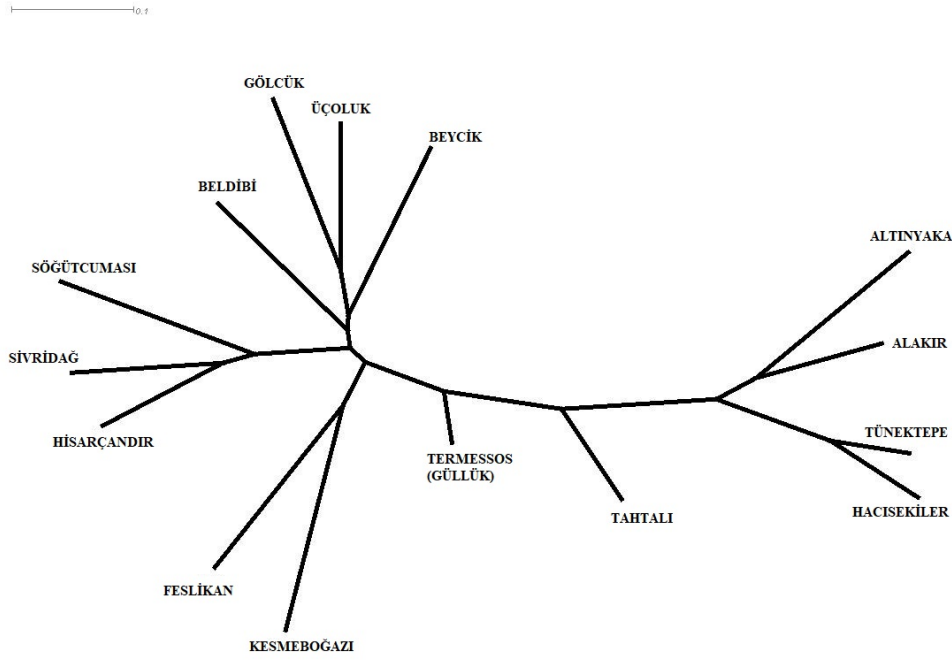
Elde ettiğimiz bu sonuçlar oldukça sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünde, genetik çeşitlilik indeksleri açısından oldukça geniş bir çeşitlilik olduğuna işaret etmektedir. Halbuki Hamrick ve ark., (1979) genellikle dar yayılışa sahip türlerin, geniş yayılış alanına sahip türlere göre daha düşük genetik çeşitliliğe sahip olma eğiliminde olduğunu belirtmiştir. Dar yayılış alanına sahip türlerin, genel olarak, yaygın türlere göre genetik sürüklenme, kendileme ve düşük oranda gen akışının yarattığı etkilere daha fazla maruz kaldıkları belirtilmiştir. Bu hipotezi destekleyen çalışmalar olmasının yanında (örneğin Ledig ve Conkle, 1983; Ayres ve Ryan, 1999; Wolf ve ark., 2000; Linhart ve Premoli, 1993), dar yayılış alanına sahip olmasına karşın yüksek genetik varyasyona sahip endemik türlerin olduğunu belirten çalışmalar da mevcuttur (örneğin Karron ve ark., 1988; Gonzalez-Astorga ve Nunez-Farfan, 2001; Wang ve Yan, 2013; Joeng ve ark., 2012; Doğan ve ark., 2016).

Popülasyonlardaki genetik varyasyonun tahmininde kullanılan kriterlerden birisi olan polimorfizm derecesi ya da polimorfik lokus oranı (P_{poly}), Termessos (Güllük) popülasyonunda en yüksek (%51,8), Altinyaka popülasyonunda ise en düşük (%10,4) hesaplanmıştır (Tablo 1). Popülasyonların genel ortalaması %28,4 olarak tahmin edilen polimorfik lokus oranı, tüm allel frekansları üzerinden %96,9 olarak bulunmuştur (Tablo 1). Tür bazında yüksek polimorfizm derecesi (%96,9) *D. hastata* genotiplerinde genetik varyasyonun yüksek olduğunun diğer bir ifadesidir. Diğer bazı endemik türlerde de benzer sonuçlar bildirilmiştir. Joeng ve ark., (2012) *S. chabyoungsanica* türünde tür seviyesinde polimorfizm oranının %95,2 ve popülasyonlar ortalamasının %45,6 olduğunu belirtmiştir. Quihui ve ark., (2002) *C. fargesii* türünde tür seviyesinde polimorfizm oranının %40,8 olduğu belirlenmiştir. Zhang ve ark., (2009) *O. acumianata* türünde yürüttükleri araştırmada %79,4 oranda polimorfik bant elde etmişlerdir. Polimorfik lokus sayısı ve oranı açısından Doğan ve ark., (2016) *U. armena* bitkisinde yapmış oldukları çalışmada 127 bant elde etmiş olup, bu bantların 117'si polimorfik olarak belirlenmiştir. Popülasyonların polimorfizm oranlarının ortalaması 63,7 iken türün polimorfizm oranı %96,2 olarak belirtilmiştir.

Popülasyonlar Arasındaki Genetik Farklılaşmaya Ait Bulgular (İkili Genetik Farklılaşma Katsayısı (pairwise F_{ST}))

D. hastata popülasyonları arasındaki genetik farklılığın ortaya konulması amacıyla, ikili genetik farklılaşma katsayısı (pairwise F_{ST}) değerlerinden yararlanılmış ve bu veriler popülasyonlar arasındaki filogenetik

ilişkilerinin ortaya çıkarılmasında kullanılmıştır. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşmayı belirlemek üzere hesaplanan F_{ST} katsayılarına ilişkin dendrogram Şekil 2’de verilmiştir. Sonuçlar incelendiğinde Altinyaka ve Sivridağ popülasyonlarının genetik olarak birbirinden en farklı ($F_{ST} = 0.76$) popülasyonlar olduğu anlaşılmaktadır. Genetik olarak birbirine en yakın iki popülasyonun ise 0.15 F_{ST} değeri ile Tünektepe ve Hacisekiler popülasyonları olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3).



Şekil 3.D. hastata popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma katsayı değerleri (F_{ST}) ile elde edilen dendrogram.

Peyzaj ve Habitat Unsurlarına Ait Bulgular (Ağ Analizi)

D.hastata türüne ait incelenen 15 popülasyon, Graph Teori temelli metriklerle çalışan CONEFOR programı kullanılarak habitat bağlantısallığını ölçen IIC (bağlantılılık indeksinin integrali) ve PC (bağlantılılık olasılığı) metrikleriyle bağlantısallılık durumları açısından değerlendirilmiştir. Bu kapsamda her popülasyona ait elde edilen PC ve IIC değerleri Tablo 2’de verilmiştir. Tablo 2 incelendiğinde, en yüksek PC (32,24) ve IIC (32,17) değerlerinin Alakır popülasyonuna ait olduğu görülmektedir. Analiz sonuçlarına göre Alakır ve Kesmeboğazi popülasyonlarının tüm peyzaj yapısı içerisinde sırasıyla en yüksek ve düşük bağlantılılık potansiyeline sahip olduğu söylenebilir.

Tablo 2. D. hastata popülasyonlara ait IIC ve PC değerleri

Popülasyon	IIC* (Integral index of connectivity)	PC (Probability of connectivity)
Altınyaka	0,13	0,16
Gölcük	0,13	0,16
Beldibi	0,13	0,16
Beycik	0,13	0,16
Termessos (Güllük)	0,05	0,10
Üçoluk	0,11	0,20
Kesmeboğazi	0,04	0,05
Feslikan	0,03	0,25
Hisarçandır	0,14	0,06
Tahtalı	0,05	0,09
Sivridağ	0,13	0,13
Söğütçuması	0,13	0,15
Tünektepe	0,19	0,19
Hacısekiler	0,03	0,06
Alakır	0,32	0,32
Tüm popülasyon ort.	0,116±0,07	0,149±0,07

*IIC: bağlantılılık indeksinin integrali ve PC: bağlantılılık olasılığını ifade eden metriklerdir.

Popülasyonlara ait belirtilen bağlantılılık değerleri ile popülasyon genetiği veri setinden elde edilen ortalama allel sayısı (n_a), etkili allel sayısı (n_e), Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h), Shannon'un genetik çeşitlilik indeksi (H_o) ve genetik farklılık (Popülasyona özgü F_{ST}) değerleri arasındaki ilişkiyi ortaya koyan Pearson korelasyon analizisunuca Tablo 3'de verilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre popülasyonların bağlantılılık değerleri arttıkça ortalama allel sayısı ($r=-0,44$), efektif allel sayısı ($r=-0,44$), Nei'nin gen çeşitliliği indeksi ($r=-0,44$), Shannon indekslerinin ($r=-0,44$) azaldığı, F_{ST} değerinin ise arttığı ($r=0,46$) başka bir deyişle genetik farklılaşmanın azaldığı belirlenmiştir.

Tablo 3. Popülasyonların bağlantılılık durumu ile genetik çeşitlilik/mesafe indeksleri arasındaki ilişkiler

	IIC*	PC	n_a	n_e	h	H_o
PC	0,99 <.0001**					
n_a	-0,44 <.0001	-0,48 <.0001				
n_e	-0,44 <.0001	-0,48 <.0001	0,99 <.0001			
H	-0,44 <.0001	-0,47 <.0001	1,00 <.0001	1,00 <.0001		
I	-0,44 <.0001	-0,47 <.0001	1,00 <.0001	1,00 <.0001	1,00 <.0001	
F_{ST}	0,46 <.0001	0,49 <.0001	-0,90 <.0001	-0,88 <.0001	-0,90 <.0001	-0,90 <.0001

*IIC: Bağlantılılık indeksinin integralini; PC: Bağlantılılık olasılığını; n_a : ortalama allel sayısını; n_e : etkili allel sayısını; h : Nei'nin gen çeşitliliği indeksini; H_o : Shannon'un genetik çeşitlilik indeksini ve F_{ST} : popülasyonlara ait genetik farklılığı ifade etmektedir. ** İlgili parametre çifti arasındaki korelasyona ait P değerini ifade etmektedir.

Sonuç

Oldukça sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünün tahmin edilenin aksine oldukça geniş bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Kullanılan genetik çeşitlilik indeksleri ışığında en yüksek ve en düşük çeşitliliğe sahip olan popülasyonlarının sırasıyla, Termessos (Güllük) ve Altinyaka oldukları tespit edilmiştir. Geleceğe yönelik koruma çalışmalarında Termessos gibi çok daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip bölgeleri temsil eden bireylerin mutlaka genetik koruma havuzuna dahil edilmesi gerekir.

Peyzaj genetiği yaklaşımıyla gerçekleştirilen ağ analizi sonuçlarına göre popülasyonlar arasında bağlantılılık indeksleri (Graph teorisini temel alan IIC ve PC metrikleri) ile popülasyon yapısını ortaya koyan indekslerle (popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma, Nei'nin gen çeşitliliği ve Shannon genetik çeşitlilik indeksi) arasında anlamlı ve önemli ilişkiler tespit edilmiştir. Birbirine daha bağlantılı popülasyonlar arasındaki gen çeşitliliği de azalmıştır. Bu durum, uzun dönemli koruma planlaması yaparken popülasyonlar arası habitat bağlantısalılığının devam ettirilmesinin önemine işaret etmektedir. Elde edilen sonuçlar, bu yöntemle kurgulanan peyzaj genetiği çalışmalarının tür bazlı koruma yaklaşımlarına katkı sağlayabileceğini göstermiştir. Bu tür özelinde elde edilen sonuçlar ışığında endemik türlerin etkin koruma stratejisinin belirlenmesinde, peyzaj planlanma ve koruma çalışmalarına peyzaj genetiği sonuçlarında entegre edilmesi önerilmektedir.

D. hastata, relik nitelikli lokal endemik bir tür olmasına rağmen genetik çeşitliliğini günümüze kadar koruyabilmiştir. Ancak iki yıla yakın arazi gözlemlerimiz sırasında gördüğümüz üzere yapılaşma (yazlık gibi), bilinçsiz ve yoğun toplama ve doğal yayılış alanlarının bir kısmının alternatif kullanıma açılması gibi uygulamalar türe ait genetik çeşitliliğin daralmasına ve bazı lokasyonlardaki bireylerin tamamen kaybedilmesine sebep olabilir. Bu bakımdan türün potansiyel süs bitkisi ve tıbbi-aromatik bitki olarak kültüre alınması ve ıslah programının başlatılmasının gerekli olduğu düşünülmektedir.

Teşekkür Bilgi Notu

Bu araştırma TÜBİTAK TOVAG 115O863 no'lu proje kapsamında desteklenmiştir. Yapılan bu çalışma etik kurul izni gerektirmemektedir. Makale araştırma ve yayım etiğine uygun olarak hazırlanmıştır. Yazarlar çalışmaya ortak katkı sağlamış ve yazarlar arasında herhangi bir çıkar çatışması bulunmamaktadır.

Kaynaklar

- Aavik, T., Holderegger, R. and Bolliger, J. 2014. The structural and functional connectivity of the grassland plant *Lychnis flos-cuculi*. *Heredity*, 112, 471-478.
- Astorga, G.J. and Núñez-Farfán, J. 2001. Effect of habitat fragmentation on the genetic structure of the narrow endemic *Brongniartia vazquezii* Evolutionary. *Ecology Research*, 3: 861-872.

- Ayres, D.R. and Ryan, F.J. 1999. Genetic diversity and structure of the narrow endemic *Wyethia eticulata* and its congeners *W. bolanderi* (Asteraceae) using RAPD and allozyme techniques. *American Journal of Botany*, 86: 344–353: 173–200.
- Balkenhol, N., Waits, L.P. and Dezzani, R.J. 2009. Statistical approaches in landscape genetics: an evaluation of methods for linking landscape and genetic data. *Ecography*, 32:818–830.
- Banta, L.M., Crespi, E.J., Nehm, R.H., Schwarz, J.A., Singer, S., Manduca, C.A., Bush, E.C., Collins, E., Constance, C.M., Dean, D., Esteban, D., Fox, S., McDaris, S., Paul, C.A., Quinan, G., Raley-Susman, K.M., Smith, M.L., Waalace, C.S., Withers, G.S. and Caporale, L. 2012. Integrating Genomics Research throughout the Undergraduate Curriculum: A Collection of Inquiry-Based Genomics Lab Modules. *CBE-Life Sciences Education*, 11, 203–208.
- Başer, K.H.C. 1994. Essential Oils of Labiatae From Turkey-Recent Results. *Lamiales Newsletter*, Royal Botanic Gardens, 3, 6-11.
- Butchart, S.H.M., Walpole, M., Collen, B., Strien, A.V., Scharlemann, J.P.W., Almond, R.E.A., Baillie, J.E.M., Bomhard, B., Brown, C., Bruno, J., Carpenter, K.E., Carr, G.M., Chanson, J., Chenery, A.M., Csirke, J., Davidson, N.C., Dentener, F., Foster, M., Galli, A., Galloway, J.N., Genovesi, P., Gregory, R.D., Hockings, M., Kapos, V., Lamarque, J.F., Leverington, F., Loh, J., McGeoch, M.A., McRae, A., Minasyan, A., Morcillo, M.H., Oldfield, T.E.E., Pauly, D., Quader, S., Revenga, C., Sauer, J.R., Skolnik, B., Spear, D., Stanwell-Smith, D., Stuart, S., Symes, A., Tierney, M., Tyrrell, T.D., Vie, J.C. and Watson, R. 2010. Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science*, 328, 1164.
- Clark, R.W., Brown, W.S., Stechert, R. and Zamudio, K.R. 2008. Integrating individual behaviour and landscape genetics: the population structure of timber rattlesnake hibernacula. *Molecular Ecology*, 17, 719–730.
- Dobzhansky, T. 1947. A directional change in the genetic constitution of a natural population of *Drosophila pseudoobscura*. *Heredity* 1:53–64.
- Doğan, N.Y., Kandemir, A. and Osmalı, E. 2016. Genetic Diversity and Variability among Populations and Ecological Characteristics of the *Uechitritzia armena* Freyn (Asteraceae) Endemic to Turkey. *Research&Reviews: Research Journal of Biology*, 4:1, 20-27.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13-15.
- Ekim, T., Koyuncu, M., Vural, M., Duman, H., Aytaç, Z. ve Adıgüzel, N. 2000. *Türkiye Bitkileri Kırmızı Kitabı* (Yayın no:18). Ankara: TTKD ve Van 100. Yıl Üniversitesi.
- Erkan, N., Akgonen, S., Ovat, S., Goksel, S. and Ayrancı, E. 2011. Phenolic compounds profile and antioxidant activity of *Dorystoechas hastata* L. Boiss et Heldr. *Food Research International*, 44, 3013-3020.

- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider S. 2005. ARLEQUIN. Ver 3.0. An integrated software package for population genetic data analysis. *Evolutionary Bioinformatics* 1: 47-50. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>.
- Gonzalez-Astorga J. and Castillo-Campos G. 2004. Genetic variability of the narrow endemic species tree *Antirhea aromatica* (Rubiaceae) in a tropical forest of Mexico. *Annals of Botany*, 93: 521–528.
- Haag, T., Santos, A.S., Sana, D.A., Morato, R.G., Cullen, J.R., Crawshaw, P.G., De Angelo, J.C., Di Bitetti, M.S., Salzano, F.M. and Eizirik, E. 2010. The effect of habitat fragmentation on the genetic structure of a top predator: loss of diversity and high differentiation among remnant populations of Atlantic Forest jaguars (*Panthera onca*). *Molecular Ecology*, Volume 19, Issue 22, 4906–4921.
- Hall, L.A. and Beissinger, S.R. 2014. A practical toolbox for design and analysis of landscape genetics studies. *Landscape Ecology*, 29; 9, 1487–1504.
- Hamrick, J.L., Linhart, Y.B. and Mitton, J.B. 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically-detectable genetic variation in plants. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 10: 173-200.
- Hedge, I.C. 1982. *Dorystoechas* Boiss. & Heldr. ex Benth. Rev. *Flora of Turkey*. Volume: 7. Editor: Davis, D. Edinburgh: Edinburgh University Press 22. 461-462.
- Hens, L. and Boon, E. 2003. Causes of Biodiversity Loss: a Human Ecological Analysis. *Multiciencia*. 1-19.
- Holderegger, R. and Wagner, H.H. 2006. A brief guide to Landscape Genetics. *Landscape Ecology*, 21: 793–796.
- Joeng, J.H., Lee, B.C., Yoo, K.O., Jang, S.K. and Kim, Z.S. 2012. Influence of small-scale habitat patchiness on the genetic diversity of the Korean endemic species *Saussurea chab young sanica* (Asteraceae). *Biochemical Systematics and Ecology*, 43: 14–24.
- Karagözler, A. A., Erbağ, B., Emek, Y. Ç. and Uygun, D.A. 2008. Antioxidant activity and proline content of leaf extracts from *Dorystoechas hastata*, *Food Chemical*, 111, 400-407
- Karron, J.D., Linhart, Y.B., Chaulk, C.A., Robertson, C.A. 1988. Genetic structure of populations of geographically restricted and widespread species of *Astragalus* (Fabaceae). *American Journal of Botany*, 75: 1114–1119.
- Kokko, H. and Lopez-Sepulcre, A. 2006. From Individual Dispersal to Species Ranges: Perspectives for a Changing World. *Science*, 11, 313: 789-791.
- Latta, R.G. 2006. Integrating patterns across multiple genetic markers to infer spatial processes, *Landscape Ecol.*, 21:809–820.
- Ledig, F.T. and Conkle, M.T. 1983. Gene diversity and genetic structure in a narrow endemic, Torrey pine (*Pinus torreyana* Parryex Carr.). *Evolution*, 37: 79-85.

- Leimu, R., Mutikainen, P., Koricheva, J., and Fischer, M. 2006. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *Journal of Ecology*, 94: 942–952.
- Liira, J., Schmidt, T., Aavik, T., Arens, P., Augenstein, I., & Bailey, D., Billeter, R., Bukacek, R., Burel, F., De Blust, G., De Cock, R., Dirksen, J., Edwards, P., Hamerský, R., Herzog, F., Klotz, S., Kühn, I., le coeur, D. and Zobel, M. 2008. Plant functional group composition and large-scale species richness in European agricultural landscapes. *Journal of Vegetation Science*, 19 (2008) 1. 19. 10.3170/2007-8-18308.
- Linhart, Y.B. and Premoli, A.C. 1993. Comparison of the genetic variability in *Aletes humilis*, a rare plant species, and its common relative *Aletes acaulis* in Colorado. *American Journal of Botany*, 80: 598–605.
- Manel, S. and Holderegger, R. 2013. Ten years of landscape genetics. *Trends Ecol Evol.*, 28:614– 62.
- Manel, S., Schwartz., M.K., Luikart., and Taberlet. G. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends Ecol Evol.*, 18:189–197.
- Meriçli, F. and Meriçli., A.H. 1986. The essential oil of *Dorystoechas hastata*. *Planta. Med.*, 52, 506.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
- Özhancı, E., Yılmaz, H. 2018. Ekolojik Peyzaj Planlamasında Duyarlılık Analizi; Bayburt Örneği. *Bursa Uludağ Üniv. Ziraat Fak. Derg.*, 32 (2), 77-98.
- Öztürk, N.K. 1990. *Dorystoechas hastata* Uçucu Yağının Bileşimi. Yüksek Lisans Tezi. Anadolu Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Farmakognozi Anabilimdalı.
- Pascual-Hortal, L. and Saura, S. 2006. Comparison and development of new graph-based landscape connectivity indices: towards the prioritization of habitat patches and corridors for conservation. *Landscape Ecology*, 21, 7, 959-967.
- Quihui, Z., Huixin, P., Qiang, Z., Tongming, Y., Hujyu, Z. and Minren, H. 2002. Analysis of genetic structure of natural populations of *Castanopsis fargesii* by RAPDs. *Acta Botanica Sinica*, 44(11): 1321-1326.
- Rands, M.R.W., Adams, W.M., Bennun, L., Butchart, S.H.M., Clements, A., Coomes, D., Entwistle, A., Hodge, I., Kapos, V., Scharlemann, J.P.W., Sutherland, W.J. and Vira, B. 2010. Biodiversity Conservation: Challenges Beyond 2010. *Science*, 329, 1298-1300.
- Saura, S. and Pascual-Hortal, L. 2007a. A new habitat availability index to integrate connectivity in landscape conservation planning: comparison with existing indices and application to a case study. *Landscape and Urban Planning*, 83, 2-3, 91-103.
- Saura, S. and Pascual-Hortal, L. 2007b. Conefor Sensinode 2.2 User's Manual. Software for quantifying the importance of habitat patches for landscape connectivity through graphs and habitat availability indices. Copyright 2007. University of Lleida.

- Saura, S. and Torné, J. 2009. Conefor Sensinode 2.2: a software package for quantifying the importance of habitat patches for landscape connectivity. *Environmental Modelling & Software*, 24: 135-139.
- Storfer, A., Murphy, M.A., Spear, S.F., Holderegger, R. and Waits, L.P. 2010. Landscape genetics: where are we now? *Molecular Ecology*, Vol:19, p 3496-3514.
- Uluben, A., Meriçli, A.H. and Meriçli, F. 2004. Diterpenes and Norditerpenes from the Roots of *Dorystoechas hastata*. *Pharmazie*, 59-4201, 301-3.
- Valant-Vetschera, K., Roitman, J.N. and Wollenweber, E. 2003. Chemodiversity of exudate flavonoids in some members of the Lamiaceae. *Biochemical Systematics and Ecology*, 31, 1279-1289.
- Venturella, P., Venturella, G., Marino, M.S. Meriçli, A.H. and Çubukcu, B. 1988. Phytochemical Investigation of the Labiatae *Dorystoechas hastata*. *Giornol Botany*, 122, 291-294.
- Wang, Y. and Yan, G. 2013. Genetic diversity and population structure of *Opisthopappus longilobus* and *Opisthopappus taihangensis* (Asteraceae) in China determined using sequence related amplified polymorphism markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 49: 115– 124.
- Weir, B.S. and Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38:6, 1358-1370.
- Wolf, A.T., Howe, R.W. and Hamrick, J.L. 2000. Genetic diversity and population structure of the serpentine endemic *Calystegia collina* (Convolvulaceae) in Northern California. *American Journal of Botany*, 87: 1138– 1146.
- Wright, S. 1943. Isolation by distance. *Genetics*, 28:114.
- Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T., Timothy, B. J., Ye, Z.H. and Mao, J. 1997. POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.
- Zhang, H.Y., Tian, K., Yu, Y., Li, L.Y. and Yang, Y.M. 2009. Genetic diversity among natural populations of *Ottelia acuminata* (Gaghep.) Dandy revealed by ISSR. *African Journal of Biotechnology*, 8 (22).