KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

KUZEY ANADOLU BÖLGESİ'NDE DOĞAL OLARAK YAYILIŞ GÖSTEREN BAZI *HIERACIUM* L. (ASTERACEAE) TAKSONLARININ nrDNA ITS BÖLGELERİ BAKIMINDAN KARŞILAŞTIRILMASI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Mutlu GÜLTEPE

Temmuz 2007
TRABZON

KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

KUZEY ANADOLU BÖLGESİ'NDE DOĞAL OLARAK YAYILIŞ GÖSTEREN BAZI *HIERACIUM* L. (ASTERACEAE) TAKSONLARININ nrDNA ITS BÖLGELERİ BAKIMINDAN KARŞILAŞTIRILMASI

Mutlu GÜLTEPE

Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünce
"Yüksek Lisans (Biyoloji)"
Unvanı Verilmesi İçin Kabul Edilen Tezdir.

Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : 28. 06. 2007
Tezin Savunma Tarihi : 24. 07. 2007

Tezin Danışmanı : Doç. Dr. Kamil COŞKUNÇELEBİ
Jüri Üyesi : Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ
Jüri Üyesi : Doç. Dr. Salih TERZİOĞLU

Enstitü Müdürü : Prof Dr. Emin Zeki BAŞKENT

Trabzon 2007

ÖNSÖZ

Türkiye'nin Kuzey Anadolu Bölgesi'nde yayılış gösteren *Hieracium* L. (Asteraceae) taksonlarının ITS bölgelerine dayalı benzerlik ilişkilerinin araştırıldığı bu çalışma, Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı'nda "Yüksek Lisans Tezi" olarak hazırlanmıştır.

Yüksek Lisans tez danışmanlığımı üstlenerek, gerek konu seçimi gerekse çalışmaların yürütülmesi ve değerlendirilmesi sırasında ilgi ve yardımlarını esirgemeyen sayın hocam Doç. Dr. Kamil COŞKUNÇELEBİ'ye, moleküler biyoloji laboratuarının olanaklarını kullanmama izin veren ve engin bilgi ve deneyimlerini paylaşarak bu çalışmanın tamamlanmasına katkı sağlayan sayın hocam Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ'e, laboratuar çalışmaları sırasında tecrübelerinden yararlandığım sayın Yrd. Doç. Dr. Sabriye DÜLGER, Yrd. Doç. Dr. Fatih Ş. BERİŞ, Arş. Gör. Yusuf BEKTAŞ, Arş. Gör. Cemal SANDALLI, Arş. Gör. Aykut SAĞLAM bu ve bundan önceki tüm çalışmalarımda göstermiş olduğu yardımlardan dolayı Uğur UZUNER'e, Hakan KARAOĞLU, Bülent AKAR, Derya YANMIŞ'a, Biyoloji Bölümündeki diğer hocalarım ve tüm elemanlarına, bu tezin hazırlanmasında emeği geçen ve beni hiçbir zaman yalnız bırakmayan adlarını burada yazamadığım tüm arkadaşlarıma teşekkürü bir borç bilirim. Bu aşamaya gelinceye kadar bana daima destek olan maddi ve manevi desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen fedakar aileme minnet, şükran, en derin sevgi ve saygılarımı sunarım.

Çalışmaların gerçekleştirilmesi için maddi destek sağlayan TÜBİTAK (TBAG–HD/140 (106T204) ve KTÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi (Proje No: 2003.111.004.8)'ne teşekkür ederim.

Mutlu GÜLTEPE

Trabzon 2007

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖNSÖZ II
İÇİNDEKİLER III
ÖZET V
SUMMARY VI
ŞEKİLLER DİZİNİ VII
TABLOLAR DİZİNİ VIII
SEMBOLLER VE KISALTMALAR DİZİNİ IX
1. GENEL BİLGİLER 1
1.1. Giriş 1
1.2. Literatür Özeti 2
1.2.1. *Hieracium* Cinsinin Genel Özellikleri 9
1.2.2. Moleküler Sistematik 9
1.2.2.1. ITS (Internal Transcribed Spacer) 10
1.2.2.2. ITS'nin Genel Özelikleri 12
1.2.2.3. ITS Bölgesinin Filogenetik Analizi 13
1.2.2.4. rDNA Çoklu Gen Ailesinin Fonksiyonel Sınırlamaları ve Evolusyonu 14
1.2.2.5. ITS'nin Taksonomide Tercih Edilme Nedenleri 15
1.2.2.6. ITS'nin Taksonomik Seviyelerde Kullanımı 16
1.2.2.7. rDNA Bölgeleri 17
1.2.2.7.1. Küçük Alt Birim rDNA (18S) 17
1.2.2.7.2. 5.8S rDNA 17
1.2.2.7.3. Büyük Alt Birim rDNA (28S) 17
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR 19
2.1. Besiyeri Kimyasalları ve Vektörler 19
2.2. Materyal Temini ve Saklanması 19
2.3. Morfolojik İncelemeler 20
2.4. Yapraklardan DNA İzolasyonu 23
2.4.1. Kuru Yapraklardan Genomik DNA İzolasyonu 23

2.4.2. Yaş Yapraklardan Genomik DNA İzolasyonu 24
2.5. PCR Uygulamaları 25
2.6. PCR Uygulamalarının Tekrarlanabilirliliği 26
2.7. Agaroz Jel Elektroforezi 26
2.8. Baz Dizin Analizi 26
2.8.1. Klonlama 27
2.8.1.1. ITS PCR Ürünlerinin Ligasyonu 27
2.8.1.2. Alıcı *E. coli* JM101 Hücrelerinin Hazırlanması 27
2.8.1.3. Rekombinant Plazmitlerin İzolasyonu 28
2.8.2. PCR Ürünlerinin Doğrudan Okutulması ile Baz Dizin Analizi 29
2.9. ITS Bölgelerine Ait Verileri Değerlendirilmesi 29
3. BULGULAR 30
4. TARTIŞMA 37
5. SONUÇLAR 43
6. ÖNERİLER 44
7. KAYNAKLAR 45
8. EKLER 50
ÖZGEÇMİŞ 75

ÖZET

Bu çalışmada, 23 doğal *Hieracium* L. (Asteraceae) taksonuna ait 47 populasyon örneği, nrDNA ITS bölgeleri açısından araştırıldı.

Çalışmada kullanılan bitki materyalleri 1999–2006 vejetasyon döneminde Kuzey Anadolu Bölgesi'nden toplandı. ITS çalışmalarında kullanılmak üzere sağlam ve olgun yapraklarından genomik DNA izolasyonu gerçekleştirildi. Toplanan taksonların ITS bölgeleri evrensel ITS primerleri kullanılarak çoğaltıldı ve baz dizin analizleri gerçekleştirildi. Örnekler arasında, ITS bölge uzunluğunun 706–713 bp arasında değiştiği, baz varyasyon oranlarının % 0–6 arasında farklılık gösterdiği tespit edildi. NCBI GenBank verileri kullanılarak, CLUSTAL-W programı yardımıyla örneklerin ITS bölgelerinin ITS1, ITS2 ve 5.8S nrDNA bölgeleri belirlenmiştir. ITS1 bölgesi 281–287 bp, ITS2 bölgesi 264–266 bp ve 5.8S nrDNA bölgesi 166 bp uzunluğunda bulunmuştur. Daha sonra ITS sekansları analiz işlemlerinde kullanılmak üzere alt alta hizalandı. Tüm örneklere ait ITS baz sıraları MEGA 3.1 programı kullanılarak analiz edildi ve populasyonlar arasındaki akrabalık ilişkilerini gösteren parsimoni ağacı oluşturuldu. Baz analizi sonucu elde edilen moleküler verilerin daha önceki morfolojik verilerle uygunluğu belirlenmeye çalışıldı.

Anahtar Kelimeler: *Hieracium*, Asteraceae, nrDNA, ITS PCR, Kuzey Anadolu

SUMMARY

Polymorphism in nrDNA ITS Region of Wild *Hieracium* L. (Asteraceae) Taxa Distributed in North Anatolia

In this study, 47 populations belonging to 23 wild *Hieracium* L. (Asteraceae) taxa were investigated with respect to nrDNA ITS regions.

Plant materials used in this study were collected from North Anatolia during the field study in 1999–2006. Genomic DNA's were isolated from healthy leaves of each populations to perform ITS studies. ITS regions of the examined populations were amplified by using universal primers and then sequenced. Length of ITS region variated between 706–713 bp among the taxa. It was detected that base variations between populations changed from % 0 to % 6. It is determined ITS1, ITS2 and 5.8S nrDNA of ITS regions belong to specimens using NCBI GeneBank database by CLUSTAL-W programs. It was found that lenght of ITS1, ITS2 and 5.8S nrDNA regions are among 281–287 bp, 264–266 bp and 166 bp, respectively. These ITS bands were aligned to use analysis processes. All ITS sequences were analyzed by using MEGA 3.1 software and parsimony tree were formed in order to explain relationships among populations. Molecular evidences inferred from sequencing data were compared with morphological results in order to explore the exact relationships among the examined populations.

Keywords: *Hieracium*, Asteraceae, nrDNA, ITS PCR, North Anatolia

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 1. ITS bölgelerinin genomik DNA üzerindeki yerleşimi..……..10

Şekil 2. ITS primerlerinin rDNA üzerindeki bağlanma bölgeleri..…… 11

Şekil 3. Araştırma bölgesinin haritası……...…….....19

Şekil 4. Bazı *Hieracium* örneklerinin ITS bölgelerine ait PCR bantları……..…31

Şekil 5. ITS1 bölgesinin MEGA 3.1 ile analizi sonucunda elde edilmiş Maksimum Parsimoni ağacı……..…33

Şekil 6. ITS2 bölgesinin MEGA 3.1 ile analizi sonucunda elde edilmiş Maksimum Parsimoni ağacı……..…34

Şekil 7. ITS (ITS1, ITS2 ve 5.8S) bölgesinin tamamının MEGA 3.1 ile analizi sonucunda elde edilmiş Maksimum Parsimoni ağacı……..……..35

TABLOLAR DİZİNİ

Sayfa No

Tablo 1. Değişik bitkilere ait ITS1 bölgeleri içindeki korunmuş baz dizin motifleri……..13

Tablo 2. Çalışmalarda kullanılan örneklere ait toplama bilgileri…….....21

Tablo 3. ITS1, 5.8S ve ITS2 baz uzunlukları, G+C ve Pürin / Pirimidin içeriği ...…….36

SEMBOLLER VE KISALTMALAR DİZİNİ

AFLP : Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
bp : Baz çifti
DNA : Deoksiribonükleik Asit
ETS : External Transcribed Spacer
IGS : Intergenic Spacer
ITS : Internal Transcribed Spacer
KTUB : KTU Biyoloji Bölümü
mat K : Maturase K geni
NaOCL : Sodyum Hipoklorit
NOR : Nükleolar Organizer Region
nrDNA : Nüklear ribozomal DNA
NTS : Non Transcribed Spacer
PCR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PVPP : Polivinil polipropidilen
RFLP : Restriksiyon Fragmenti Uzunluk Polimorfizmi
RNA : Ribonükleik Asit
RNaz : Ribonükleaz Enzimi
RAPD : Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
snoRNP : Küçük Nükleolar Ribonükleoprotein

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Giriş

Hieracium L. Asteraceae familyasının tür sayısı bakımından en zengin ve taksonomik bakımdan en karmaşık cinslerinden biridir. Türkiye'den kayıt altına alınan 113 *Hieracium* türü bulunmaktadır (Coşkunçelebi ve Beyazoğlu, 2003). Türlerin önemli bir kısmı araştırma bölgesinin de içinde yer aldığı Kuzey Anadolu Bölgesi'nde yayılış göstermektedir. Bu yüzden Kuzey Anadolu Bölgesi, cinsin Türkiye'deki önemli gen merkezlerinden biri olarak görülmektedir (Gottschlich vd., 2000).

Hieracium cinsinde hem eşeysel hem de apomiktik olarak çoğalan türler mevcuttur. Taksonomik olarak çok karmaşık olmasının sebebi poliploidi, apomiksis ve hibridleşme olarak gösterilmektedir (Chrtek vd., 2006). Apomiksis, tohumların döllenme ve eşeysel rekombinasyon olmaksızın oluşmasıdır. Bu olaya bağlı üremenin sonucu olarak, ana canlıyla aynı genoma sahip homojen populasyonlardan oluşan ve genetik açıdan kararlı bireyler meydana gelir. Eşeyli üremenin yokluğunda somatik mutasyon ve kromozomların mitotik rekombinasyonu apomiktik bitkiler için genetik varyasyonun oluşmasında önem taşımaktadır (Richard vd., 1996). Avrupa Florasında mevcut olan *Hieracium* türlerinin çok önemli bir kısmının apomiktik olduğu bilinmekle birlikte, son zamanlarda eşeysel olarak çoğalan türleri de rapor edilmiştir (Vladimirov, 2003). Türkiye türlerinin üreme biyolojileri ile ilgili şu ana kadar yapılmış deneysel çalışmalar bulunmamasına rağmen Avrupa türlerine benzer üreme sistemine sahip olacağı belirtilmektedir (Sell ve West, 1974).

Hieracium türleri üreme özelliklerinden dolayı ancak çok sayıda karakterle doğru tanımlanabilmekte, eksik veya sınırlı sayıda karakterlerle yapılacak teşhislerin hatalara sebep olacağı belirtilmektedir. Bu güne kadar cins üzerinde birçok çalışma yapılmıştır. Bu çalışmaların önemli bir kısmı üreme biyolojileri (Koltunow ve Johnson, 1998), genetiği (Koltunow, 2000; Shi vd., 1996) ve sitotaksonomileri (Chrtek, 1996; Selvi ve Fiorini, 1996) üzerinde yoğunlaşmaktadır. *Hieracium*'un ülkemizdeki türleri üzerine fenetik taksonomik ve sitolojik çalışmalar yapılmıştır (Sell ve West, 1975; Coşkunçelebi, 2003; Coşkunçelebi ve Beyazoğlu 2002; Coşkunçelebi ve Hayırlıoğlu–Ayaz, 2006). Coşkunçelebi (2001) tarafından ülkemiz türleri üzerine gerçekleştirilen detaylı çalışmada, *Hieracium* türleri morfolojik olarak incelenmiş ve türler arası ilişkiler nümerik taksonomik

yöntemler kullanılarak ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Coşkunçelebi ve Hayırlıoğlu–Ayaz (2006) tarafından Kuzey Anadolu Bölgesi'nde yayılış gösteren bazı *Hieracium* türleri sitotaksonomik yönden incelenmiş ve cinsin sitotaksonomik problemlerinin çözümüne katkıda bulunulmuştur.

Son yıllarda bitki türlerinin tanımlanmasında morfolojik karakterlerin yanı sıra moleküler verilerin kullanılması hız kazanmıştır (Mummenhoff vd., 1997). Bu amaçla genomik DNA, mtDNA ve cpDNA üzerindeki birçok özel bölgeden yararlanılmaktadır. Özellikle daha önceden bilinen ve klasik taksonomik yöntemlerle çözüme kavuşturulamayan birçok sistematik problem, moleküler verilerden elde edilen deliller sayesinde aşılabilmektedir. Bu amaçla kullanılan yöntemlerden biriside nrDNA bölgesi üzerinde bulunan ITS (Internal Transcribed Spacers) PCR'dır. ITS bölgeleri, bitkilerdeki moleküler sistematik çalışmalarında son yıllarda sıklıkla kullanılan bir bölge haline gelmiştir (Baldwin vd., 1995). Bu tür çalışmalarla, taksonların nrDNA ITS bölgeleri çoğaltılıp baz polimorfizmine bakılarak taksonlar arasındaki akrabalık dereceleri belirlenebilmektedir. Geleneksel taksonomik yöntemlerin verilerini desteklemek amacıyla kullanılan anatomik, morfolojik, sitolojik ve karyolojik verilerin yanında, günümüzde yukarıda sözü edilen moleküler veriler sıkça kullanılarak çok sayıda takson içeren grupların sistematik problemlerinin çözümüne katkı sağlanmaktadır.

Bu çalışmanın amacı, günümüz sistematik çalışmalarda sıkça kullanılan ve oldukça geçerli sonuçların elde edildiği ITS PCR yöntemi kullanılarak Doğu Karadeniz Bölgesinde doğal olarak yayılış gösteren *Hieracium* türlerinin akrabalık ilşkilerini ortaya çıkartmak ve taksonomik problemlerinin çözümüne katkıda bulunmaktır.

1.2. Literatür Özeti

Hieracium cinsi üyeleri Türkçe bir ada sahip olmamalarına karşılık Latince hieracia (şahin) ve weed (yabani ot) kelimelerinden türemiş olan ''şahin otu'' olarak adlandırılabilir. Cins çok sayıda polimorfik tür ve alttürle karakterize edilmektedir. Gerçekte *Hieracium* cinsi tipik karakterleri çok kararlı iyi tanımlanmış türlerin yanında birçok ara takson ve melez bireylerden oluşmaktadır. Bu cinste hibridleşmelerin, poliploidinin ve apomiksin çok yaygın olarak meydana gelmesi çok değişken olan makrotürlerin (mainspecies) ve daha kararlı karakterlere sahip mikrotürlerin (intermediate species) oluşumuna yol açmıştır (Zahn, 1921–23).

Hieracium cinsinde en önemli üreme şekli apomiksis olmasına rağmen eşeyli üreyen türleride mevcuttur. *Hieracium*' da apomiksisin meydana geldiği ilk defa Ostenfeld ve Raunkiaer (1903) tarafından kaydedilmiştir. Apomiksis; çiçekli bitkilerde tohumun eşeysiz bir şekilde anne kökenli ovul dokusundan direkt olarak oluşumu olayıdır. Bu olay farklı cinslerde farklı şekillerde cereyan etmektedir. Genel olarak embriyonun kökenine göre iki ana gruba ayrılarak incelenir. Embriyo ya ovulun sporofit hücresinin ya da embriyo kesesinde bulunan fakat mayoz ürünü olmayan yumurta benzeri bir hücrenin embriyo gibi davranmasıyla oluşmaktadır. Bu olayda eşeyli üremede olduğu gibi verimli tohumların oluşabilmesi için endospermin oluşumuna gerek vardır. Apomiktik bitkilerde endosperm indirgenmemiş embriyo kesesi hücresinin nukleusundan ya kendiliğinden ya da embriyo kesesi hücresinin bir sperm hücresiyle döllenmesiyle de (pseudogami) oluşabilmektedir. *Hieracium* türlerinin büyük bir kısmında döllenme olmaksızın aken oluşturması bu cinsi bitkiler aleminin en değişken cinslerden biri haline getirmiştir. Apomiktik çoğalma sonucu oluşan bireyler anasal orijinli klonlar olarak kabul edilmektedirler. Eşeysel rekombinasyonların olmadığı durumlarda, somatik mutasyonlar ve kromozomlarda meydana gelen mitotik rekombinasyonlar apomiktik bitkilerdeki genetik çeşitliliğin oluşumunda önemli hale gelirler. Gerçekte zorunlu apomiktik türler, fakültatif apomiktik türlerden çok daha azdır. Fakat zorunlu apomiktik türler, fakültatif apomiktik türlerdeki veya eşeysel bireylerdeki üreme olaylarına katılmalarını sağlayan bol miktarda polen üretme kapasitesine sahiptirler. Çok sayıda verimli polen üretebilme kapasitesi apomiktik türlerdeki genetik çeşitliliğin esas önemli kaynağını oluşturan genetik rekombinasyonlardır. Agamospermik bitkilerden en azından zorunlu olanlar eşeyli türlere göre tanımlanması daha zor olan sınırlı miktarda morfolojik varyasyonlara sahiptirler. Bu morfolojik varyasyonlar aynı zamanda coğrafik ve ekolojik şartlarla da ilişkilidir. Bu nedenle apomiktik cinslerde türleri kesin olarak tanımlamak için (özellikle *Hieracium* cinsi için) klasik tür tanımı farklı şekilde kullanılmaktadır (Stace, 1948). Örneğin *Rubus* L.'da çok sayıda daha dar tanımlanmış türlerden oluşan ''cicle–species'' terimi kullanılırken, *Ranunculus* L.'ta birçok alt türden oluşan ''aggregate–species'' terimi ve *Hieracium*'da ise ''species–principales'' ve ''species intermedia'' terimleri kullanılmaktadır (Stace, 1948)). Bunun yanında *Taraxacum* L., *Sorbus* L. ve *Alchemilla* L. gibi diğer apomiktik cinslerde buna benzer özel uygulamalar yoktur (Stace, 1948). Ancak, son yıllarda *Ranunculus*, *Rubus* ve *Hieracium* gibi apomiktik cinslerin taksonomisinde tür temel birim olarak kabul edilmektedir (Stace, 1948). Fakat bu türler eşeysel olarak çoğalan cinslerdeki türlere göre

genetik bakımdan sınırlıdır. Bu nedenle bunlar için genellikle microspecies veya agamospecies terimi kullanılmaktadır. Apomiktik türler de diğer eşeysel türler gibi arazide tanımlanmasını sağlayacak karakterlere sahip olup sistematikleri uluslararası sistematik kurallara uygunluk gösterirler (Stace, 1948). Apomiktik cinslerin sistematiğinde tür ve türlerin oluşturduğu grupların üstünde seri, seksiyon ve altcins kategorileri sıklıkla kullanılmaktadır. *Hieracium* cinsinde bu tür uygulamalar Domortier ile başlamıştır (Stace, 1948). Yirminci yüzyılın en önemli *Hieracium*'cusu olan Zahn'ın (1921–23) monografisinde ''species principales'' ve ''species intermedia'' olarak adlandırılan türler seksiyonlar altında toplanmıştır. Yine İngiliz botanikçiler Pugsley (1948), West ve Sell (1975) birçok durumda cins ile tür arasında ana kategori olarak seri ve seksiyonları kullanmışlardır. West ve Sell (1976) Avrupa Florasında bu kategoriler yerine taksonomik bir düzey olmayan, fakat diğer floristik çalışmalardaki seksiyon terimine karşılık gelen ''group'' terimini kullanmışlardır. Yine aynı bilim adamları Türkiye Florasında (West ve Sell, 1975) seri kategorisini kullanmışlardır. Fakat Türkiye Florasında kullanılan seri ve Avrupa Florasında kullanılan group kategorileri Zahn'ın seksiyonlarına karşılık gelmektedir.

Hieracium cinsinin taksonomisinde iki önemli düşünce hakimdir. Bunlardan birincisi Güneybatı Avrupalı botanikçiler tarafından kullanılan ve bütün taksonların binominal isimlerinin verildiği ''mikrosistem'' olarak bilinen sistemdir. İkincisi ise Merkezi Avrupa botanikçileri tarafından kullanılan ve çok sayıda alttürün büyük bir tür grubun altında toplandığı ''makrosistemdir''dir. Bu sistemde makrotürler seksiyonlar altında toplanmıştır. Fakat bazen bir seksiyon yalnızca bir makrotürden bazen de çok sayıda alttür ile yine çok sayıda makrotürden oluşmaktadır. Bu durumda bu makrotürler ara türler (species intermedia), alttürler ise anatürler (species principales) olarak adlandırılırlar (Beaman, 1990; Jun, 1997).

Cins üzerinde şu ana kadar yapılan en kapsamlı ve en çok kabul gören monografik çalışma, Zahn (1921–23) tarafından yazılmış ve Engler'in çiçekli Bitkiler (Pflanzenreich) adlı eserinde 5 fasikül halinde yer almıştır. Zahn bu eserinde *Hieracium*'u 4 alt cinse ayırarak incelemiştir. Bunlar; *Stenotecha*, *Mondonia*, *Euhieracium*, *Pilosella* (Hill) S.F. Gray'dır.

Her ne kadar bazı bilim adamları bu alt cinsler arasında birçok ara taksonun oluştuğunu iddia etseler de, bu zamana kadar geçiş formu olabilecek türler rapor edilmemiştir. Bu nedenle *Euhieracium* ve *Pilosella* alt cinsleri birçok araştırıcı tarafından

iki ayrı cins olarak incelenmesi gerektiği ileri sürülmüş ve buna gerekçe olarak da aken özellikleri, stolon özellikleri ve üreme şekillerindeki farklar gösterilmiştir (Sell, 1971; West ve Sell, 1975). Sistematik geleneği devam ettirme gibi bilimsel olmayan bir gerekçeyle çoğu flora kitaplarında ve özel çalışmalarda alt cins olarak ele alınan *Hieracium* ve *Pilosella*'nın ülkemizde yayılış gösteren üyeleri üzerinde İngiliz bilim adamları Sell ve West (1975) uzun süre çalışmışlar ve bunları iki ayrı cins olarak incelemişlerdir. Bu tarihten sonra birçok bilim adamı *Hieracium s*.l. cinsindeki birçok türü *Pilosella* Hill cinsine aktarmıştır (Sennikov, 1998; Coşkunçelebi ve Beyazoğlu, 2002; Coşkunçelebi, 2003).

Raunkiaer (1934)'e göre *Hieracium* türlerinin çoğu hemikriptofitler sınıfına dahil olup, hem ılıman hem de ılıman–soğuk iklimlere adapte olmuşlardır. Bu cinsin üyeleri, özellikle Kuzey Yarım Küre'nin subartik ve ılıman bölgelerinin tepe, dağ dorukları, taşlık alanlar, yol kenarları, mera gibi değişik habitatlarında, deniz seviyesinden 3000 metreye kadar ulaşan yüksekliklerinde yayılış göstermektedirler (Fiori, 1994). Bitkilerin değişik kombinasyonlarda tüylerle kaplı olması son derece olumsuz çevre koşullarına karşı (ultraviole ışınları, aşırı su kaybı, ani ısı değişmeleri vb.) dirençli olmalarını sağlamıştır. Bu tüyler çoğunlukla ölü olup içleri hava ile doludur. Tüylerin bu özelliği fazla ışığı yansıtmada ve bitkiyi ani ısı değişmelerine karşı korumada etkili olmaktadır (Fornasari, 1996). Birçok *Hieracium* türünde gövdenin hafif yatık olması soğuk ve rüzgarlı alanlarda iyi gelişmesinde etkili olmaktadır. Yine çoğu türünde bazal yaprakların iyi gelişmesi, toprak altı kısımlarında besin depo edebilmesi ve bir sonraki vejetasyon dönemine başarılı olarak ulaşmasını sağlamaktadır (Fornasari, 1996). Birçok türünün çok güçlü allelokimyasal madde salgılaması çevrelerinde bulunan bitkilerle su, besin, ışık ve yer açısından kolaylıkla rekabet etmelerinde etkili olmaktadır (Fornasari, 1996). Dokularında yüksek oranda tanin bulundurmaları onları bakteri, mantar ve diğer zararlılara karşı dayanıklı hale getirmektedir.

Birçok *Hieracium* türü antibiyotik özelliğe sahip olup ödem, düzensiz ateşlenme, nefrit, arpacık, hemofili gibi hastalıklara karşı kullanılmaktadır. Yine birçok alpinik türü bal arıları için önemli bir nektar kaynağı olma özelliğindedir. Aynı zamanda birçok türü hızlı büyüyebilme ve dayanıklılık özelliklerinden dolayı peyzaj amaçlı çalışmalarda tercih edilen bitkiler arasında yer almaktadır (Fornasari, 1996).

Çoğunluğu apomiktik olan bu cins içerisinde çok azda olsa eşeysel olarak çoğalan diploid (2n:18) türlerde mevcuttur (Coşkunçelebi ve Hayirlioğlu–Ayaz, 2006; Vladimirov,

2003). Morfolojik olarak diğer türlerden çok kolay şekilde ayrılabilen diploid türler, çok az farklılık gösteren apomiktik poliploid bireylerin coğrafik olarak az çok izole olduğu gerçeği rapor edilse bile, apomiktik türler içerisinde görülen zengin çeşitliliğin bunun böyle olmadığı ihtimalini güçlendirmektedir. Böyle bir durumda yani, çok sayıda polen üretebilme özelliğinde olan apomiktik poliploid bireylerin oluşturduğu populasyonlar ile diploid bireylerin oluşturduğu populasyonlar arasında gen akışı meydana gelecektir. Bu durum *Hieracium* cinsindeki zengin çeşitliliğin esas nedenini ortaya çıkarmaktadır (Koltunow, 1998).

Hieracium' ların kromozomları üzerine yapılmış birçok çalışma bulunmaktadır. Bu çalışmalarda cinsin kromozom sayısı bakımından çok farklı düzeylerde poliploidi (triploid, tetraploid ve pentaploid) gösterdiği belirlenmiştir. Avrupa kıtasında yayılış gösteren çoğu *Hieracium* türünün kromozom sayımları yapılmış ve 2n:27 ile 2n:36 arasında değiştiği bulunmuştur. Aynı çalışmalardan *Hieracium* cinsinin temel kromozom sayısının X:9 olduğu rapor edilmiştir (Coşkunçelebi ve Hayırlıoğlu–Ayaz, 1976).

Sitolojik çalışmalardan elde edilen kromozom sayıları ile ilgili bilgiler, apomiktik türlerin orijinleri, türleşmesi ve filogenetik akrabalıkların değerlendirilmesinde çok önemlidir. Türkiye türlerinin birkaçı dışında karyomorfolojik yapısı şu ana kadar ortaya çıkartılmamıştır. Türkiye'de yayılış gösteren ve çalışmamızda da yer alan 5 türün (*H. medianiforme* (Litw. et Zahn), *H. karagoellense* (Zahn) Sell et West, *H. argillaceoides* (Litw. et Zahn), *H. asterodermum* (Woronow et Zahn) Juxip ve *H. umbellatum* L.) poliploidi seviyesi ve kromozom sayıları tespit edilmiştir. Bu çalışmada 3 türün tetraploid, 1 türün triploid ve 1 türün de diploid olduğu bulunmuş, aynı çalışmada diploid olan türün triploid olan bireylerine de rastlanıldığı kaydedilmiştir (Coşkunçelebi ve Hayırlıoğlu–Ayaz, 2006). Bu çalışmada tespit edilen farklı ploidi seviyelerinin cinsin üreme özelliğinden kaynaklandığı da belirtilmiştir

Hieracium s.l. cinsi üzerinde fitokimyasal olarak fazla sayıda araştırma yapılmamıştır (Zidorn vd., 2002). *Hieracium* s.l ' nun merkez Avrupa taksonları üzerinde yapılan bir çalışmada, *Hieracium* ve *Pilosella* alt cinslerinin fenolik madde desenlerinin çok benzer olduğu ve bu cinslerin taksonlarının fitokimyasal olarak ayrılamayacağı belirtilmiştir (Zidorn vd., 2002). Kuzey Doğu Anadolu Bölgesinin alpin ve subalpin bölgelerinde yayılış gösteren 20 *Hieracium* ve 11 *Pilosella* türü total fenolik içeriği bakımından çalışılmıştır (Ayaz ve Coşkunçelebi, 2002). Bu çalışmada en yüksek fenolik madde oranı *H. conicum* Avret–Touvet, en düşük fenolik madde oranı ise *H.*

cardiophyllum Jord. ex Sudre' de olduğu tespit edilmiştir. Fakat kemotaksonomik açıdan bu iki cinsin türlerini birbirinden ayırmada yeterli deliller sunmadığı belirtilmiştir.

Hieracium üzerinde yukarıda özetlenen çalışmaların yanı sıra cinsin taksonomik karmaşıklığının çözümüne katkıda bulunan ekolojik (Svavarsdattır vd., 1999; Hunter, 1991), genetik (Nybom, 1996; Ostenfold ve Raukier, 1903), sitolojik (Chrtek, 1996; Selvi ve Fiorini, 1996) ve kemotaksonomik (Manez, 1994; Coşkunçelebi ve Ayaz, 2002) çalışmalar yapılmıştır. Örneğin DNA fingerprinting yöntemi kullanılarak yapılan bir çalışmada apomiktik *Hieracium* türleri arasında önemli sayılabilecek farklar bulunmuştur. Yine 4 *Hieracium* türü üzerinde RAPD ve izoenzim teknileri kullanılarak yapılan bir çalışma ile de türler arası infragenetik varyasyonlar belirlenmiştir (Shi vd, 1996).

Hieracium cinsinin *Alpina* (Fr.) F.N. seksiyonuna ait 6 türün üreme modeli, polen üretimi, kromozom sayıları ile genetik varyasyonları (RAPD, allozim) Storchova (2002) tarafından çalışılmıştır. Bu çalışmada *H. krivanense* (Wołoszcz. & Zahn) Schljakov ve *H. slovacum* J.Chrtek dışındaki türlerin polen üretemediği ve agamosperm olduğu ve *H. krivanense* (Woloszcz. And Zahn) Schljakov türünün kromozom sayısının 2n = 36 olduğu tespit edilmiştir. *H. alpinum* L. türünün coğrafik dağılımı ile genetik uzaklığı arasında kayda değer bir şekilde korelasyonun olduğu vurgulanmıştır. *H. pinetophilum* (Degen & Zahn) J.Chrtek ve *H. crassipedipilum* (Pawł. & Zahn) J.Chrtek populasyonları arasında RAPD ve allozim fenotip farklılıkları tespit edilmiştir. Geri kalan diğer türlerde ise düşük oranda allozim ve RAPD varyasyonları görülmüştür (Storchova, 2002).

Asteraceae familyasının alt tribusu olan *Sonchinae'* de yapılan bir çalışma, ITS'in moleküler markırlar arasında diğerlerinden (psbA, *trnH*) daha kullanışlı ve güvenilir sonuçlar verdiğini kanıtlamıştır (Kim, 1999). Bu çalışma da nrDNA ITS bölgesi ile cpDNA üzerindeki *psbA–trnH* bölgeleri çalışılmış ve ITS bölgesinin akrabalık ilişkilerinin çözümünde daha kullanışlı bilgiler sunduğu ortaya konulmuştur. ITS bölgesinin cpDNA' sına göre 3 ya da 4 kat daha bilgilendirici olduğu, cpDNA ile çözülemeyen tür içi ve türler arası problemler çözüme kavuşturulmuştur (Kim, 1999).

Yapılan bir çalışmada *Hieracium* cinsine ait diploid *H. alpinum* L. ve *H. transsilvanicum* Schur ex. Fr.'un doğal ortamda hibridizasyonu sonucu oluşan melezin, morfolojik olarak bu iki türün arasında yer aldığı ve bunu laboratuar ortamında cpDNA üzerindeki *trnT – trnL* genler arası bölgesi PCR ile çoğaltılarak RFLP analizi ve alloenzim analizleri yapılarak da gösterilmiştir (Mraz, 2005)

Apomiktik grupların evolusyon modelleri, yakın eşeysel diploid ataları ve onların poliploid apomiktik türevlerini içerir. Poliploidi ve apomiksis, hibridler arasında farklı eşeysel populasyonlardan üreme güvenliği oluşturma veya karmaşık gen etkileşimlerinden oluştuğu ileri sürülmektedir. *Erigeron* (Asteraceae) cinsinin bir seksiyonu olan *Phalacroloma*' da apomiktik taksonların farklılıklarını ve evrimsel orijinlerini ortaya çıkartmak için yüksek değişkenliklerinden dolayı düşük taksonomik seviyede de kullanılmaya uygun ITS ve ETS bölgeleri kullanılmıştır (Noyes, 2006).

Asteraceae familyasından (*Calycadenia*, *Argyroxiphium*, *Dubautia*, *Wilkesia*, *Adenothammus*, *Madia*, *Raillardella*, *Railardiopsis*, *Krigia*, *Ratibida*, *Dracopsis, Rudbeckia*, *Cardueae*) cins ve tür seviyesinde pek çok örnekte 18S–28S ribozomal DNA intronu olan ITS filogenetik akrabalıkların yeniden inşasında başarılı bir şekilde kullanılmıştır (Bayer, 1996).

Floristik kayıtlara göre Avrupa kıtasında toplam 688, Rusya'da 788, Orta Amerika'da 18 İngiltere'de 48, Gürcistan ve Ermenistan'da 28, Fransa'da 30, Almanya'da 170, Baden Württemberg'de 74, İran'da 18 ve Türkiye'de ise 113 *Hieracium* türü bulunmaktadır (Coşkunçelebi, 2001).

Türkiye'den kaydı verilen ve % 66'sı endemik olan 113 *Hieracium* türünün yarıya yakın bir kısmı Giresun, Trabzon, Rize, Artvin ve Gümüşhane illerinden oluşan bir alanda yayılmaktadır (Coşkunçelebi ve Beyazoğlu, 2002). Bu yüzden cins üzerinde Türkiye' de yapılacak çalışmalar için en uygun yer Doğu Karadeniz bölgesi olduğu düşünülmektedir. Şu ana kadar hem araştırma bölgesinde hem de Türkiye' nin diğer yörelerinde *Hieracium* cinsi üzerinde gerçekleştirilmiş az sayıda sitolojik ve fenetik çalışma bulunmasına rağmen moleküler çalışmalara rastlanılmamış olması eksiklik olarak görülmektedir. Son yıllarda, *Hieracium* gibi karışık cinslerin sistematik problemlerinin çözümlenmesi, taksonomik eksikliklerin giderilmesi, türlerin, seri ve seksiyonlarının sınırlarının tam olarak belirlenmesine yönelik moleküler çalışmalar yapılmaktadır (Miikeda vd., 2006; Hamzeh ve Dayanandan 2004; Baldwin, 1992; Trewick, 2004). Bu çalışmalarda elde edilen bilgilerin filogenetik programlar yardımıyla değerlendirilmesi günümüzde yaygın olarak kullanılmaktadır. Yapılan literatür araştırmaları sırasında, *Hieracium* cinsi üzerinde yukarıda özetlenen çok sayıda sistematik çalışmanın mevcut olduğu fakat moleküler verilerin kullanıldığı çalışmaların mevcut olmadığı görülmektedir. Cins üzerinde yapılacak ayrıntılı moleküler incelemelerden elde edilecek bulguların filogenetik programlar

yardımıyla değerlendirilmesi cinsin sistematik problemlerinin çözümüne katkıda bulunacaktır.

1.2.1. *Hieracium* Cinsinin Genel Özellikleri

Çok yıllık, otsu, genellikle farklı yoğunlukta ve farklı kombinasyonlarda basit, salgı ve yıldız tüylü, toprak altı gövdesi stolonsuz, kalın, eğik veya dik fibrilli, gövde çoğunlukla tek bazal yapraklar ya yok veya çiçeklenme zamanı tamamen solar ya da yalancı rozet şeklinde. Gövde yaprakları yok ya da çok sayıda, tam, dentat veya dentikulat, özellikle gövde tabanına yakın olanlar belirgin petiollü veya petiolsüz. Kapitilum yalnızca dilsi çiçekli; involukrum ± çan şeklinde; fillariler çok serili ve düzenli şekilde dizilmiş; reseptakulum düz veya kenarları ± dişli, çok nadir uzun fibrilli. Liguller sarı; stilus sarı veya açık–koyu kahverengi. Akenler (–2,6) 3–5 mm, silindirik, siyah, açık–koyu kahverengi veya açık kırmızı, belirgin veya belirsiz sırt çizgili, sırt çizgileri uçta belirgin bir halkada birleşirler. Papüs iki seri halinde sert ve tırtıklı tüylü.

1.2.2. Moleküler Sistematik

Yüksek yapılı bitkiler nüklear (çekirdek) ve sitoplazmik (mitokondri ve kloroplast) kalıtımdan sorumlu genetik maddeye sahiptirler. Bu genetik maddelerin replikasyon modeli ve tamiri birbirinden farklılık gösterir. Çekirdek genomu eşeyli kalıtımlanan lineer bir yapıya sahip iken, kloroplast ve mitokondri genomu eşeysiz olarak kalıtımlanıp dairesel bir yapıdadır. Moleküler bitki sistematiği, çalışmalarda hem nüklear hem de organelar genomu veri kaynağı olarak kullanabilmektedir. Mitokondri DNA'sı oldukça değişken olduğu için sistematik çalışmalarda daha çok nüklear DNA ve kloroplast DNA'sı kullanılmaktadır.

Moleküler sistematikte; DNA–DNA hibridizasyonu, Protein markırları ve PCR'a dayalı teknikler kullanılmaktadır. Son zamanlarda PCR'a dayalı teknikler sistematik çalışmalarda daha çok kullanılmaya başlanmıştır. Bunlar RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), AFLP (Amplified Fragments Length Polymorphysms), Mikrosatellit gibi özel tekniklerdir. PCR yardımıyla genomik DNA üzerinde yerleşmiş olan ETS (External Transcribed Spacer), IGS (Intergenic Spacer), cpDNA üzerinde bulunanan *matK*, *trnT–trnL* genler arası bölgeleri elde edilip baz dizin analizi yapılarak sistematik

çalışmalarda yoğun olarak kullanılmaktadır. ITS bölgeside PCR ile çoğaltılarak sistematik çalışmalarda kullanılan bir bölgedir.

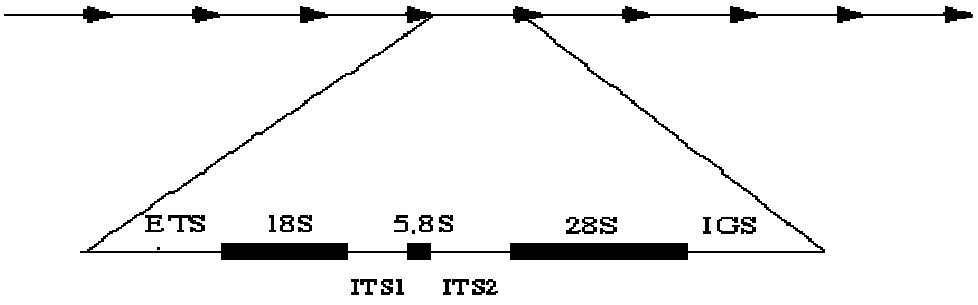
1.2.2.1. ITS (Internal Transcribed Spacers)

Bazı durumlarda bitki gruplarını doğal ortamlarında tanımlamada ve taksonları ayırt etmede zorluklarla karşılaşılabilmektedir. Anahtarlarda kullanılan fenetik karakterler genellikle tam ayırt edici olamamaktadır. Özellikle kültürü yapılan türlerle, doğal tiplerin akrabalıklarının ortaya konmasında, türlerin teşhisi, toplanması ve korunması sırasında tanımlama büyük önem taşımaktadır (Baldwin vd., 1990).

Bitki germ plazması koleksiyonlarında tutulan materyallerin çoğunun yanlış isimle isimlendirildiği anlaşılmıştır (Baldwin vd., 1995). Örneğin, pancar ve pirinç koleksiyonlarındaki türlerin tanımlanmasında aşırı karışıklıklar rapor edilmiştir. Yapılan incelemeler, tür ya da alt türlere ait birçok grubun geleneksel metotlar kullanılarak yanlış tanımlanmış olduğunu ortaya koymuştur. Bu nedenle, taksonlarla ilgili yapılacak tüm bilimsel araştırmalar için öncelikle gerçekleştirilmesi gereken çalışma tam ve doğru teşhistir (Baldwin vd., 1995).

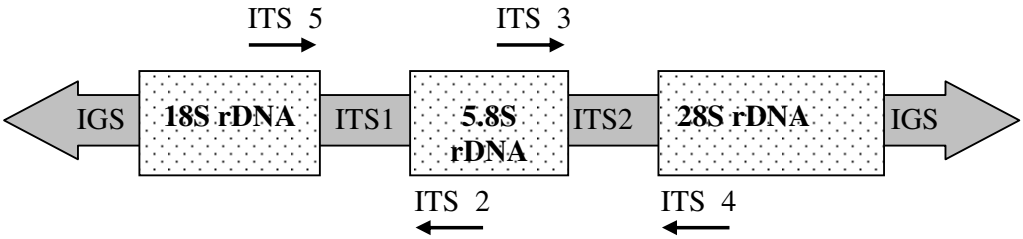
Moleküler biyolojideki son gelişmeler, türe özgü gen bölgelerinin belirlenmesiyle bitki türlerinin tanımlanmasına imkân vermektedir. Buna yönelik olarak, rDNA'nın ITS bölgeleri, bitkilerdeki moleküler sistematik çalışmalarda sıklıkla başvurulan yöntemlerden biri haline gelmiştir (Baldwin vd., 1995).

Genomik DNA üzerindeki rDNA bölgeleri, çoklu gen yapılarından oluşur ve ardışık sıralanmış tekrarlı diziler şeklindedir. Şekil 1'de, bu bölgelerin genel yapısı ve genomik DNA üzerindeki yerleşimleri basit olarak şematize edilmiştir.



Şekil 1. ITS bölgelerinin genomik DNA üzerindeki yerleşimi

rDNA tekrarları; genomik DNA'nın NOR (Nükleolar Organizer Region) bölgelerinde yerleşmiş durumdadır ve 18S küçük alt birim (Small Subunit), 5.8S ve 28S büyük alt birim (Large Subunit) rDNA'ları kodlayan genlerden oluşmaktadır. ITS bölgeleri, genomik DNA üzerindeki bu rDNA tekrarları içinde yerleşmiştir. Bu bölgeler, rDNA'nın alt birimleri ile transkribe edilmektedir ve korunmuş bölgeleri (18S, 5.8S ve 28S) birbirinden ayıran iki kısımdan (ITS1 ve ITS2) oluşmaktadır (Baldwin vd., 1995). Bu ITS bölgeleri, rDNA gen bölgelerine bağlanabilen evrensel primerler kullanılarak PCR çalışmalarıyla kolayca elde edilebilir. Bu amaçla kullanılan evrensel ITS (ITS2, ITS3, ITS4 ve ITS5) primerlerinin rDNA üzerindeki bağlanma bölgeleri, Şekil 2'de gösterilmiştir.



Şekil 2. ITS primerlerinin rDNA üzerindeki bağlanma bölgeleri

rDNA genleri, kopya edilmeyen bölgeler (IGS) ve ITS bölgelerinin varlığıyla birbirinden ayrılmıştır. IGS bölgeleri (ETS ve NTS), komşu rDNA tekrar birimleri arasında yer almaktadır. ETS, ribozomal mRNA ile kodlanan dış kopya bölgesidir ve onun promotor bölgesini ihtiva etmektedir. NTS (Non Transcribed Spacer) ise, tekrar birimleri arasında yerleşmiş kodlanmayan bölgelerdir (Baldwin vd., 1995). ITS1, 18S (SSU) ile 5.8S arasında yerleşmiştir. ITS2 bölgesi ise, 5.8S ile 28S (LSU) genlerini ayıran DNA bölgesidir. Bu gen yapılarını ihtiva eden rDNA tekrarlarının ökaryotik organizmalardaki kopya sayısı, 200–30.000 arasında değişiklik göstermektedir. Bu, bütün genomun yaklaşık % 1 veya daha fazlasını temsil etmektedir. Ayrıca genomik DNA'nın rDNA kopya sayısında ara sıra değişiklikler meydana gelebilmektedir.

1.2.2.2. ITS'nin Genel Özelikleri

- Bütün bölgenin toplam uzunluğu yaklaşık 700 bp kadardır. Ökaryotik organizmalarda 5.8S gen bölgesi, çoğunlukla ITS bölgeleri ile birlikte değerlendirilir.
- Bu bölgelerin korunmuş rDNA gen bölgelerine göre daha fazla değişkenlik gösterdiği kanıtlanmıştır.
- ITS1 ve ITS2 bölgelerinin filogenetik açıdan sundukları veriler farklı düzeydedir. Bu bölgelere dayalı analizlerde ITS1 verileri, daha fazla filogenetik çözümler sunmaktadır ve nükleotid içeriği ITS2'ye göre % 29 daha değişkendir.
- Bu bölgeler, rDNA'nın olgun 18S, 5.8S ve 28S alt birimlerinin oluşumu sürecinde görev almaktadır (Baldwin vd., 1995).

1970'lerde DNA dizin analizi çalışmalarının hız kazanmasıyla, rRNA'lar ve komşu bölgeleri üzerindeki sekonder yapı çalışmaları büyük artış göstermiştir. Her tekrar birimi, olgun rRNA'ları oluşturacak olan bir prekürsör (preRNA) olarak kopya edilir (Baldwin, 1992).

ITS1 ve ITS2 bölgeleri ribozomal transkripsiyon ürününün bir parçası olmasına rağmen olgun ribozomal alt birimlerin yapısına dahil edilmezler. Ancak bu bölgeler, rRNA'ların olgunlaşması sürecine katkıda bulunmaktadırlar (Baldwin, 1992).

preRNA molekülünün çeşitli olgun RNA türlerine dönüşümünü sağlayan transkripsiyon sonrası süreçte her iki ITS bölgesi kesilip çıkarılır ve ortamdan uzaklaştırılır. ITS bölgelerinin, baz değişimi sınırlamalarından nispeten uzak olduğuna inanılmaktadır. Bu durum Angiosperm'lerden elde edilen ITS bölgelerine dayalı filogenetik analiz sonuçları ile desteklenmektedir (Baldwin, 1999).

ITS1'de meydana gelebilecek delesyon–insersiyon olayları veya nokta mutasyonları, olgun SSU ve LSU rDNA'ların üretimine engel olabilmektedir. ITS2 bölgesinde oluşabilecek bu çeşit mutasyonlar sonucunda da büyük alt birim rRNA'ların oluşumu zarar görebilmektedir. ITS bölgesinin primer yapısında bu çeşit değişiklikler meydana gelmesine rağmen sekonder yapıları ileri derecede korunmuştur.

ITS bölgeleri, değişebilir bölgelerinin yanında korunmuş bölgeler de ihtiva etmektedir. Özellikle ITS1 bölgesinin merkezine yakın kısımlarında değişmeden kalabilen korunmuş bölgelerin varlığı tespit edilmiştir. Tablo 1'de, bazı bitki taksonlarının ITS bölgelerinde yer alan korunmuş bölgelere bazı örnekler verilmiştir (Baldwin, 1999).

Tablo 1. Değişik bitkilere ait ITS1 bölgeleri içindeki korunmuş baz dizin motifleri

Tür Adı	**Korunmuş Bölge**
Arabidopsis thaliana (L.) Heynh.	GGCACG–AAAAGTGTCAAGGAA
Nicotiana rustica L.	GGCGTGGAAAAGCGCCAAGGAA
Oryza sativa L.	GGCGCC–GACGGCGTCAAGGAA
Triticum aestivum L.	GGCGCC–GAAGGCGTCAAGGAA
Gossypium longicalyx Hutch. and Lee	GGCGTG–AATTGCGCCAAGGAA
Gossypium robinsonii L.	GGCGCG–AATCGCGCCAAGGAA
Iliamna spp. Rydberg	GGCGCG–AATTGCGCCAAGGAA

Ribozomsal yapıdaki domainleri açıklamak için son zamanlarda rRNA–protein etkileşimleri araştırılmıştır. Olgun ökaryotik küçük alt birim rRNA'sı, ribozomun küçük alt birimini oluşturmak için 30 farklı ribozomal ve ribozomal olmayan proteine bağlanmaktadır. Büyük alt birim sentezi için ise, 5.8S, 28S ve 50 kadar değişik proteinin görev aldığı belirlenmiştir.

Transkripsiyon ve preRNA'ların işlenmesi aşamalarının hepsi nükleolusta gerçekleşmektedir. Ökaryotik preRNA'nın işlenmesi süreci, küçük nükleolar ribonükleoprotein (snRNP) partiküllerindeki proteinlerle bir arada bulunan küçük nükleolar RNA'ların (snRNA) bir grubunu gerektirmektedir.

1.2.2.3. ITS Bölgesinin Filogenetik Analizi

ITS bölgesinin filogenetik analizi 4 adımda gerçekleştirilmektedir.

- Genomik DNA izolasyonu,
- ITS bölgesinin PCR ile çoğaltılması,
- DNA'nın direkt dizin analizi ile okunması veya klonlama sonrasında okuma,
- DNA analizleri.

a) ITS baz sıralarının hizalanması,

b) Filogenetik analizlerin gerçekleştirilmesi,

Günümüzde ITS bölgesinin PCR ile çoğaltılması, yakın akraba türlerin ve populasyonların filogenetik analizi için popüler bir seçenek durumundadır. ITS

bölgelerinin bu popülerliği korunmuş rDNA bölgelerine bağlanabilen evrensel primerlerin üretilmesiyle artmıştır. ITS baz sıralarının analizi sonucunda elde edilen veriler, taksonomik kategorilerdeki mevcut problemlerin çözümünde önemli katkılar sağlamaktadır. Genellikle taksonlara ait ITS varyasyonlarına bakılarak ilgili taksonların akrabalıkları belirlenmeye çalışılır (Baldwin vd., 1995).

1.2.2.4. rDNA Çoklu Gen Ailesinin Fonksiyonel Sınırlamaları ve Evolusyonu

Yukarıda tanımlandığı gibi ITS bölgesi, ribozomal alt birimleri kodlayan nrDNA içindeki gen bölgeleri arasında yer almaktadır. Nüklear DNA'daki bu bölgeler, spesifik kromozomların nükleolar organizer bölgesinde ard arda sıralanmış tekrarlar şeklinde düzenlenir (Stappen vd., 1998). Her tam birim, olgun 18S, 5.8S ve 28S RNA alt birimleri için işlenen bir prekürsör olarak kopya edilir. ITS bölgesi, bu rRNA'nın olgunlaşma işlemine yardımcı olur.

Angiospermler arasında, ITS1'in 5' ve 3' ucuna yakın kısımlarının yüksek derecede değişkenlik gösterdiği ve anlaşılır biçimde hizalanamadığı belirlenmiştir. Fakat merkeze yakın gövde yapıları benzer baz sıralarına sahiptir (Liu ve Scharal, 1994). Bu bölgeler, yüksek derecede korunmuş sekonder yapıların oluşumunu sağlayan yüksek oranda G (guanin), C (Sitozin) ve T (Timin) içeriğine sahiptir. Bu nedenle ITS1'in merkezine yakın bir bölgesi, ileri derecede korunmuştur ve büyük bitki familyalarında, hatta tek yıllık ve çok yıllık bitkiler arasında da hizalanabilen bir baz içeriğine sahiptir (Liu ve Scharal, 1994). Saç tokası biçimindeki bu küçük motif, 25 bp'den daha küçüktür. Bu üç bölgenin birleşiminden oluşan yapı, ITS'nin primer dizin yapısından ziyade, sekonder yapısının korunmuş olarak kalmasına katkı sağlar. Bu durum, ITS1 bölgesinin sekonder yapı kararlılığını artırır. Baz içeriği açısından daha az değişkenlik gösterdiği bilinen ITS2 bölgesi üzerindeki çalışmalar diğer bölgelere göre daha az düzeydedir.

Ribozomal genlerin, büyük miktarlarda protein ürününe ihtiyaç duyulması nedeniyle çoklu gen familyası olarak var olduğuna inanılmaktadır (Ohta, 1991). Üstelik protein üretiminde ve DNA'nın işlenmesi aşamasında, ribozomların önemli fonksiyonlarının yanı sıra, rDNA kopyaları arasında tekdüzeliğe gereksinim vardır. rDNA'lar çoğunlukla türler arasındaki çeşitliliğin değişik seviyelerini oluşturan gen sürüklenmesi nedeniyle tür içinde yüksek oranda homojenlik gösterir (Polanco vd., 1998). Bir tür içinde rDNA'daki ara bölgelerin kopyalarında görülen en yaygın varyasyon basit baz çifti değişimleridir (Baldwin

vd., 1995). Diğer varyasyonlar, ara bölgelerin küçük bir oranında meydana gelen insersiyon – delesyon olaylarını içerir. Bireylere ait kopya tekrarları arasındaki homojenite, gen dönüşümü ve eşit olmayan krossingover olayları sayesinde baz varyasyonu ile sonuçlanır (Li, 1997). Bu mekanizmalar sayesinde rDNA kopyaları özdeşleştirilir ve gen sürüklenmesi nedeniyle bir tür boyunca dağıtılır.

Gen dönüşümü, bir dizinin kendini değiştirmeden etkileşime girdiği diğer dizini bir şekilde transforme ettiği zaman meydana gelir. Bu durum, olası beş yoldan biriyle gerçekleşir; aynı lokusta iki allel arasında, iç kromatik değiş tokuş sırasında, kardeş kromatidlerin birbirlerini etkilemesi durumunda, homolog kromozomların allelik olmayan lokuslarında veya homolog olmayan kromozomlar arasında veya gen kopyaları arasındaki etkileşimden kaynaklanmaktadır. Gen değişiminin, kromozom replikasyonundan hemen sonra bu olayların meydana gelmesi ile gerçekleştiği kabul edilir. Tek bir gen değişimi sırasında transfer edilen DNA miktarı büyük oranda değişiklik gösterebilir, fakat genlerin sayısında bir değişiklik meydana gelmez. Kromozomlar arasındaki ve içindeki değişiklikler çok yüksek dizin benzerlikleri gerektirmez ve kopyalanan ve elde edilen DNA sırasında bazen üstünlük görülebilir. Bu durum, kopyalanmış genlerin homojenizasyonuna yol açan gen değişiminin tekrarlayan döngüleri olarak ifade edilir.

1.2.2.5. ITS'nin Taksonomide Tercih Edilme Nedenleri

nrDNA gen bölgelerinde bulunan ITS bölgeleri, moleküler ve sistematik açıdan sahip oldukları ayırt edici özellikler nedeniyle filogenetik analiz çalışmalarında yoğun olarak kullanılmaktadır. Bu bölgeler;

- Filogenetiğin yeniden inşaasında yeterli veri sunacak kadar uygun bir büyüklüğe sahiptir (600–700bp),
- Cins ve tür içi seviyelerde ileri derecede korunmuş olan rDNA gen bölgelerine komşu olarak bulunmaktadırlar,
- PCR ile çoğaltılarak karşılaştırılmaları için büyüklüğü son derece elverişlidir,
- rDNA gen bölgelerine göre daha hızlı nükleotit baz değişimi gösterirler,
- Cins ve tür seviyesindeki filogenetik çalışmalarda DNA içerikleri, açıklayıcı bilgiler sunmaktadır,
- Genomik DNA üzerinde yüksek kopya sayısına sahiptirler,

Bu bölgelerin evrenselliği, alt birim unsurları ve bölgeler arasındaki farklı baz varyasyon oranları nedeniyle, sistematikte kullanılmaları yaygınlaşmıştır.

1.2.2.6. ITS'nin Taksonomik Seviyelerde Kullanımı

İki kopya bölgesi (ITS1 ve ITS2), yakın akraba olan taksonların karşılaştırılmasındaki kullanışlılığı nedeniyle, daha 1990'lı yıllarda bu bölge hızlı bir şekilde çalışılmaya başlanmıştır. Mevcut veriler, ITS baz dizilerinin, Angiosperm'lerde değişik seviyelerde filogenetik açıdan kullanışlı olduğunu göstermektedir. Bu veriler, genetik sürüklenmelere yönelik etkili sinyaller ortaya koymaktadır (Baldwin vd., 1992).

Bitki sistematiğindeki karşılaştırmalarda ve filogenetik analizlerde kullanılmak üzere, GenBank veri bankasına 20 Haziran 2006 tarihine kadar yalnızca yeşil bitkiler için 3016 adet ITS nükleotit baz sırası kaydı gerçekleştirilmiştir.

Bazı bitki gruplarında ITS1 ve ITS2'de yüksek oranda varyasyonla karşılaşılırken, bazılarında ise, nükleotit varyasyonunun az bir dizisine rastlanılmaktadır. Aynı toplam DNA değerlendirmelerinde; çoğu gruplarda ITS dizinlerinin, cpDNA baz dizinlerinden çok daha fazla değişkenlik gösterdiği ve daha bilgilendirici olduğu sonucuna varılmıştır (Baldwin vd., 1999).

ITS bölgelerinin, hibrit taksonlara yönelik filogenetik analizlerde kullanılması uygun görülmemektedir. Çünkü hibritlerden elde edilecek ITS bölgelerinin hangi atasal genomdan çoğaltıldığının bilinmemesi, güvenilir olmayan değerlendirmelere neden olacaktır (Baldwin vd., 1995).

rDNA tekrarlarının yüksek kopya sayısı nedeniyle (hücre başına 30.000'e kadar), ona göre küçük ebatta olan ITS bölgelerini PCR ile çoğaltmak oldukça kolaydır. Bu durum ITS bölgelerini filogenetik ve biyocoğrafik araştırmalar için ilgi çekici bir hale getirmektedir (Baldwin vd., 1992).

1.2.2.7. rDNA Bölgeleri

1.2.2.7.1. Küçük Alt Birim rDNA (18S)

Küçük alt birim rDNA'sı yüksek derecede korunmuş DNA bölgelerinden biridir ve alem, şube ve sınıf seviyesindeki kategorilerde filogenetik çalışmaların yeniden inşaası için yoğun olarak kullanılmaktadır. Bugüne kadar 4000'den daha fazla takson için, bu bölgeye ait DNA baz sırası belirlenmiştir. Küçük ve büyük alt birim rDNA nükleotit baz sıralarında aşırı korunmuş ve değişebilir bölgelerin bulunması, ilgili özel sorular için optimal filogenetik cevaba izin veren bir dizi oranlar sağlamaktadır.

Küçük alt birim rDNA baz sıraları, ata soyların belirlenmesinde, temel ökaryot ve fungal soylar arasında, Angiospermler içinde, hayvanların düzenlenmesi gibi farklı taksonomik seviyelerde filogeninin yeniden inşaasında kullanılmaktadır (Baldwin vd., 1992).

1.2.2.7.2. 5.8S rDNA

rDNA tekrar birimleri içinde en küçük uzunluğa sahip olanı, 5.8S nüklear DNA'sıdır. rRNA'nın büyük alt biriminin bir parçasıdır ve lokus uzunluğu ile nükleotit içeriği ileri derecede korunmuştur. Bu bölgeye ait baz uzunluğu, arzu edilen kullanılabilir bir büyüklüğe sahip olmadığı (163–164 bp) ve filogeniye yeterli derecede veri sağlamadığı için, bu tip filogenetik çalışmalarda tek başına kullanılmaları uygun görülmemektedir. Bu nedenle nükleotit baz değişimlerinden, ITS bölgeleriyle birlikte değerlendirilmesi yoluyla yararlanılmaktadır (Baldwin vd., 1992).

1.2.2.7.3. Büyük Alt Birim rDNA (28S)

Küçük alt birim rDNA'ya göre daha uzun yapıdadır ve baz içeriği açısından daha fazla varyasyon gösterir. Büyük alt birim rDNA'sı çok farklı alt birimlere sahiptir. Bu nedenle filumlar arasında önemli derecede gen varyasyonu gösterirler.

Küçük ve büyük alt birim rDNA'sı üzerinde değişebilir bölgeler veya yayılan segmentler olarak adlandırılan domainler mevcuttur. Ancak bu bölgelerdeki genişlemeler; rDNA baz dizinlerinin, akraba türleri ayırt etmede kullanılması için yeterli veri

sunmamaktadır. Bu nedenle rDNA genlerinin gösterdiği varyasyonlardan, familya ve daha yukarı seviyelerde faydalanılmaktadır (Baldwin vd., 1992).

rDNA tekrarlarının ITS ve IGS bölgeleri, yüksek oranda varyasyon göstermeleri bakımından cinsler arasında, tür seviyesinde ve populasyonların çalışılmasında karşılaşılan taksonomik problemleri çözmede kullanılmaktadır. Ancak IGS (4–5kb) bölgelerinin ITS bölgelerine göre daha uzun parçalara sahip olması ve dizin analizindeki zorluk nedeniyle, filogenetik çalışmalarda çoğunlukla ITS bölgeleri tercih edilmektedir (Baldwin vd., 1992).

Yapılan RFLP çalışmaları, bu ara bölgelerin son 50 milyon yıl içinde ayrılmış olan yakın akraba taksonlar arasındaki filogeniyi ortaya koymada kullanılabileceğini göstermiştir (Baldwin vd., 1992).

2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

2.1. Besiyeri Kimyasalları ve Vektörler

Çalışmada kulanılan kimyasalların isimleri ve alındıkları firma adları aşağıda verilmiştir. Phenol:chloroform: isoamyl alcohol, agarose, bromophenolblue, ethidium bromide, RNase A, yeast extract, ammonium acetate, isoamyl alcohol kimyasalları Sigma, pGEM–T Easy Klonlama kiti ise, Promega firmasından temin edilmiştir.

CTAB (Hexadecyltrimethyl ammonium bromide), Sigma, MJ33, LB (Luria Broth) Broth, Sigma, L2542, ammonium acetate, Sigma, A1542, TE (10 mM Tris HCL, pH: 8,3, EDTA(Ethylenediaminetetraacetic acid) 1mM, pH:8,0), PVPP (polyvinylpolypyrrolidone), Sigma, P6755, tris (2–aminoethyl) amine agarose, Sigma, A1579, yeast extract, Sigma, Y1327, NaCl (Sodyum chloride), Sigma, S6191, IPTG (ısopropyl B–D–1–thiogalactopyronside), Sigma, 59740.

2.2. Materyal Temini ve Saklanması

Çalışmada kullanılan bitki materyallerinin temini için gereken arazi çalışmaları, Doğu Karadeniz Bölgesi'nin Trabzon, Rize, Gümüşhane ve Artvin illerinde bitkinin vejetasyon dönemi olan Mayıs–Temmuz aylarında 1999–2006 tarihleri arasında gerçekleştirilmiştir (Şekil 3). Bu çalışmada kullanmak üzere çalışma bölgesinden toplam 47 farklı noktadan bitki örneği alınmıştır.

Şekil 3. Araştırma bölgesinin haritası

Toplanan örneklerden bir kısmı, herbaryum örneği yapılmak üzere kurutulmuştur. Bu örnekler Karadeniz Teknik Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nde (KTUB) saklanmaktadır. Kalan örnekler ise daha sonra DNA analizi işlemlerinde kullanılmak üzere stoklanmışlardır. DNA analizi için kullanılacak örnekler, önce kontaminasyon riskine karşı yüzey sterilizasyonu işlemine tabi tutulmuşlardır (Beriş, 2001). Bunun için yapraklar öncelikle % 10'luk sodyum hipokloritte 5 dakika bekletilmiştir. Daha sonra 3 ayrı kapta bulunan % 70'lik etanol serilerinden geçirilmiştir. Etanol ile yıkamadan sonra 5 ayrı kapta steril saf sudan geçirilerek yapraklar üzerindeki alkolden arındırılmış ve 37°C'ye ayarlı etüvde yaprak üzerindeki suyun uzaklaşması için bekletilmiştir. Yüzey sterilizasyonu tamamlanmış yapraklar numaralanarak DNA izolasyonlarında kullanılana kadar –20^{o}C'de saklanmıştır.

2.3. Morfolojik İncelemeler

Toplanan örneklerin teşhisleri, herbaryum materyalleri üzerinde yapılan incelemelerle gerçekleştirilmiştir. Teşhisler, başta Türkiye Florası (Sell ve West, 1974) olmak üzere diğer ilgili floralardan ve cins ile ilgili gerçekleştirilmiş monografik (Zahn, 1921–23) çalışmalardan yararlanılarak yapılmıştır. Yapılan morfolojik incelemelerle teşhis edilen türler ve bunlara ait toplama bilgileri, Tablo 2'de verilmiştir.

Tablo 2. Çalışmada kullanılan örneklere ait toplama bilgileri

Populasyon No	Seri	Tür Adı	Toplandığı yer
1	*Bifida* (Pugsley) Sell & West.	*H. oblongum* Jordan	A7 Gümüşhane: Zigana Geçiti, eski yol şevi 30 vi 2001, 1700 m, Coşkunçelebi 312, KTUB
2		*H. oblongum* Jordan	A8 Trabzon: Çaykara, Ogene (Karaçam), Kayalıklı alan ve yol şevi, 03 vi 2004, 1200m, Coşkunçelebi 437, KTUB
3		*H. cardiophyllum* Jord. ex Sudre	A7 Trabzon: Tonya, Düzmahalle, Açık alan, 18 vi 2003, 1050 m, Coşkunçelebi 326, KTUB
4		*H. cardiophyllum* Jord. ex Sudre	A8 Gümüşhane: Araklı Dağbaşı Soğuksu Yayla Yolu, Çam altı ve yol şevi, 08 vii 2004, 1325 m, Coşkunçelebi 459, KTUB
5		*H. gentile* Jordan ex Bor	A7 Trabzon: Köprübaşı Karaağaç, Orman içi ve yol şevi, 17 vi 2004, 1080 m, , Coşkunçelebi 443, KTUB
6		*H. gentile* Jordan ex Bor	A7 Trabzon: Maçka, Gürgenağaç Köyü, Orman içi, 20 vi 2003, 1200 m, Coşkunçelebi 317, KTUB
7		*H. medianiforme* (Zahn) Sell & West	A7 Trabzon: Tonya, Kalınçam, Orman içi, 29 v 2003, 1300 m, Coşkunçelebi 316, KTUB
8		*H. medianiforme* (Zahn) Sell & West	A8 Gümüşhane: Örümcek ormanı, Orman içi, 30 vi 2003, 1500 m, Coşkunçelebi 342, KTUB
9		*H. artabirense* (Zahn) Juxip	A8 Artvin: Ardanuç, Kutul, Açık alan, 17 vii 2003, 2100 m, Coşkunçelebi 413, KTUB
10		*H. artabirense* (Zahn) Juxip	A8 Rize: İkizdere, Acısu köyü Kaplıca Yolu, 31 v 2001, 700 m, Coşkunçelebi 297, KTUB
11		*H. cryptonaevum* (Bornm. & Zahn) Sell & West	A8 Gümüşhane: Kelkit, Heneke yaylası, Açık alan, 11 vii 2003, 2200 m, Coşkunçelebi 366, KTUB
12		*H. cryptonaevum* (Bornm. & Zahn) Sell & West	A7 Trabzon: Maçka, Sümela–Camiboğazı yayla yolu, Açık alan ve yol şevi, 27 vii 2004, 1900 m, Coşkunçelebi 497, KTUB
13	*Vulgata* (Fries) Sell & West	*H. karagoellense* (Bornm. & Zahn) Sell & West	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 516, KTUB
14		*H. karagoellense* (Bornm. & Zahn) Sell & West	A8 Trabzon: Çaykara, Çaykara – Yayla önü, Çam ormanı, 12 vii 1998, 1950 m, Coşkunçelebi 36, KTUB
15		*H. erythrocarpum* Peter	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 vi 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 512, KTUB
16		*H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) Juxip	A7 Trabzon: Maçka, Meryemana, 20 vi 2003, 1000 m, Coşkunçelebi 350, KTUB
17		*H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) Juxip	A7 Gümüşhane: Kürtün, Örümcek Ormanı, 30 vi 2003, 1500 m, Coşkunçelebi 442, KTUB
18		*H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) juxip	A7 Trabzon: Köprübaşı, Karaağaç, 17 vi 2004, 1210 m, Coşkunçelebi 318, KTUB
19		*H. hypopityforme* Juxip	A7 Trabzon: Maçka, Meryemana, Dilaver Balık Tesisleri, 27 vii 2004, 1800 m, Coşkunçelebi 499, KTUB
20		*H. sarykamyschsense* Juxip	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 01 viii 1999, 2000 – 2100 m, Coşkunçelebi 222, KTUB

Tablo 2'nin devamı

21	*Pseudopannosa* Sell & West	*H. lazicum* Boiss. & Bal	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 514, KTUB
22		*H. lazicum* Boiss. & Bal	A7 Gümüşhane: Şiran, Karamustafa Köyü, 03 viii 2004, 1600 m, Coşkunçelebi 508, KTUB
23		*H. karakolense* (Zahn) Sell & West	A7 Trabzon: Meryemana–Camiboğazı yolu, Picea ormanı, 27 vii 2004, 1900 m, Coşkunçelebi 502, KTUB
24		*H. karakolense* (Zahn) Sell & West	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 vii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 509, KTUB
25		*H. karakolense* (Zahn) Sell & West	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 522, KTUB
26	*Glauca* (Griseb) Sell & West	*H. onosmopsis* (Zahn) Sell & West	A9 Artvin: Ardanuç'dan Kutul'a giderken, 17 vii 2003, 1800 m, Coşkunçelebi 420, KTUB
27		*H. onosmopsis* (Zahn) Sell & West	A8 Gümüşhane: Dağbaşı–Taşköprü Yayla Yolu, 08 vii 2004, 1325 m, Coşkunçelebi 460, KTUB
28		*H. mannagettae* Freyn	A8 Gümüşhane: Dağbaşı Taşköprü Yayla Yolu, Alpin açık alan, 08 vii 2004, 1900 m, Coşkunçelebi 462, KTUB
29		*H. mannagettae* Freyn	A7 Gümüşhane: Tersundağı, 03 vii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 527, KTUB
30		*H. mannagettae* Freyn	A8 Rize: İkizdere, Anzer yaylası, 09 vii 1998, 2150 m, Coşkunçelebi 106, KTUB
31		*H. polygonifolium* Gottschl. & Coşkunçelebi	A7 Trabzon: Maçka, Meryemana, Dilaver Balık Tesisleri, P. orientals ve açık alan, 27 vii 2004, 1800–1900 m, Coşkunçelebi 498, KTUB
32		*H. polygonifolium* Gottschl. & Coşkunçelebi	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 523, KTUB
33		*H. tersundagense* Gottschl. & Coşkunçelebi	A7 Gümüşhane. Tersundağı, Alpine çayır ve Abies ormanı, 03 viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 520, KTUB
34	*Prenanthoidea* (W. Koch) Sell & West *Pseudopannosa* Sell & West	*H. ladikense* Bornm. & Zahn	A7 Gümüşhane Tersundağı' nı geçerken, Yol kenarı, açık alan, 01 viii 1999, 2000 m, Coşkunçelebi 247, KTUB
35		*H. ladikense* Bornm. & Zahn)	A7 Trabzon: Araklı, Dağbaşı – Pozaruk Gümüşhane, Açık alan, yol kenarı, 13 vii 1999, 1500 m, Coşkunçelebi 175, KTUB
36		*H. ladikense* Bornm. & Zahn	A7 Trabzon: Çaykara, Karaçam Köyü, Ladin ormanı, 11 vii 1998, 1350 m, Coşkunçelebi 16, KTUB
37		*H. jurrassicum* Griseb.	A8 Gümüşhane: Dağbaşı Taşköprü Yayla Yolu, Alpin açık alan, 08 vii 2004, 1900 m, Coşkunçelebi 461, KTUB
38		*H. jurrassicum* Griseb.	A7 Trabzon: Meryemana–Camiboğazı yolu, Picea ormanı ve Orman gülü arasında, 27 vii 2004, 1900 m, Coşkunçelebi 503
39		*H. tamderense* Hub–Mor.	A7Gümüşhane: Tersundağı, Açık alan, 03.viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 507, KTUB
40		*H. tamderense* Hub–Mor.	A7 Trabzon: Maçka, Meryemana – Camiboğazı yolu, 25 vii 1999, 2100 m, Coşkunçelebi 205, KTUB
41		*H. tamderense* Hub–Mor.	A8 Trabzon: Çaykara, Haldızen– Küçük yayla, 12 vii 1999, 2200 m, Coşkunçelebi 53, KTUB
42		*H. microtum* Boiss.	A7 Gümüşhane: Karamustafa Köyü, Yol şevi ve gevşek topraklar, 03 viii 2004, 1600 m, Coşkunçelebi 524, KTUB
43		*H. microtum* Boiss.	A9 Artvin: Şavşat, Yavuzköy, 16 vii 2003, 1550 m, Coşkunçelebi 402, KTUB

Tablo 2'nin devamı

44	*Foliosa* (Peter) Sell & West	*H. biebersteinii* Litw. & Zahn	A8 Artvin: Ardahan, Yalnızçam, Açık ve Kayalık alan, 17 vii .2003, 1900–2000 m, Coşkunçelebi 416, KTUB
45		*H. biebersteinii* Litw. & Zahn	A8 Trabzon: Araklı, Dağbaşı Bayburt yolu, Açık alan, 13 vii 1999, 1700 m, Coşkunçelebi 183, KTUB
46	*Italica* (Fries) Sell & West	*H. olympicum* Boiss.	A7 Gümüşhane: Tersundağı, Alpin çayır, 03 viii 2004, 2000 m, Coşkunçelebi 515, KTUB
47		*H. olympicum* Boiss.	A7 Trabzon: Maçka, Meryemana–Camiboğazı yolu, Alpin çayır, 25 vii 1999, 1700 – 2000 m, Coşkunçelebi 220, KTUB

2.4. Yapraklardan DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu için –20 ^{o}C'de depolanmış taze veya kurutulmuş yaprak örnekleri kullanılmıştır. DNA'larının izole edilmesinde, iki farklı metottan faydalanılmıştır. Yaş yapraklardan DNA izolasyonu için kısmi değişikliğe uğratılan Lodhi metoduyla (Beriş, 2001); kuru yapraklardan izolasyon için ise Soltis (Doyle ve Doyle, 1987) DNA izolasyon metodundan faydalanılmıştır. İzole edilen DNA'lar, daha sonraki aşamalarda kullanılmak üzere fenol ekstraksiyonu ile temizlenmiştir. DNA izolasyonları her iki yöntemde kullanılarak gerçekleştirilmiştir, ancak kuru yapraklardan yapılan izolasyonlardan daha olumlu ve kararlı sonuçlar alındığı için çalışmada bu yöntemden daha fazla yararlanılmıştır.

2.4.1. Kuru Yapraklardan Genomik DNA İzolasyonu

Araştırmada kullanılan bitkilere ait DNA izolasyonlarının büyük çoğunluğu kuru yapraklardan gerçekleştirilmiştir.

Her bir örnek için daha önceden seçilmiş taze ve olgun yaprakların kurutulmuş olanlarından 0,025 gr tartılarak cam kumu kullanılarak bir havan içersinde öğütüldü. Toz haline getirilmiş yaprak numuneleri bir ependorf tüpüne transfer edildi. Üzerine önceden hazırlanmış CTAB tamponundan 500 µl eklendikten sonra, bu haldeki ekstrakta her bir örnek için 0,02 gr PVPP (polyvinylpolypropodylene) ve 10 µl β–merkaptoetanol ilave edildi. Karışım bir pipet yardımıyla homojenize edildikten sonra 65˚C'de 4 saat bekletildi. İnkübasyon sonrası tüpler buz üzerine alınarak 1 dak soğumaya bırakıldıktan sonra, oda sıcaklığında örnekler 10.000 – 14.000 rpm'de 1 dak santrifüj edildi. Santrifüj edilmiş

örnekler üzerine 500 µl kloroform eklendikten sonra ve tüpler homojen olana kadar alt üst edildi, ardından aynı hızda 1 dak santrifüj gerçekleştirildi. Santrifüj sonrası tüplerdeki süpernatant kısım alınarak yeni tüplere aktarıldı, üzerine yeniden 500 µl kloroform ilavesi gerçekleştirildikten sonra tüpler 3–5 kez alt üst edildi ve aynı hızda 1 dak santrifüj geçekleştirildi. Santrifüj ardından süpernatant kısım alınarak bir önceki aşama aynen tekrarlandı, daha sonra üst faz alınarak yeni bir ependorf tüpüne transfer edildi.

Tüplerden hacmi en fazla olanın kapasitesi belirlendi ve bu hacim baz alınarak diğer tüplere eşit oranda hacmin % 8'i kadar her tüpe 7,5 M amonyum asetat ilavesi yapıldı, tüpler birkaç kez alt üst edildikten sonra oluşan hacmin % 54'ü kadar izopropanol ilavesi yapıldı ve süspansiyon iyice karıştırıldıktan sonra +4˚C'de en az 2 saat bekletildi (daha iyi sonuçlar için bir gece bekletilmesi tavsiye edilir).

Bir gece +4 ˚C'de bekletilen örnekler 3 dakika (10.000 – 14.000 rpm'de) santrifüj edildi, süpernatant kısım atıldıktan sonra, şeffaf pellet üzerine 1ml % 70'lik etanol ilavesi yapıldı, tüpler birkaç defa alt üst edildikten sonra oda sıcaklığında 10–15 dakika bekletildi. Alkol ilave edilmiş tüpler 3 dakika (10.000 – 14000 rpm'de) santrifüj edildi, süpernatant döküldükten sonra tüm alkolün DNA'dan uzaklaştırılması için tüpler kapakları açık şekilde 15 dak 37˚C'de kurumaya bırakıldı. Daha sonra tüplerde bulunan DNA pelleti, 50 µl TE ilavesi ile çözüldü. Pelletin tamamen çözülmesi için örnekler, 15 dak 65˚C'de su banyosunda tutuldu, ortamda bulunan RNA'ların uzaklaştırılması için her 100 µl'lik hacim için 1 µl RNaz ilavesi gerçekleştirildi.

2.4.2. Yaş Yapraklardan Genomik DNA İzolasyonu

Yaş yapraklardan DNA izolasyonu yapılması düşünülen yaprakların olgun, taze ve yeşil olmasına özen gösterilmiştir. İzolasyon yapılacak yaprakların toz ve yabancı maddelerden temizlenmesi sağlanmış ve orta damarları kesilerek alınmıştır. Bu yapraklardan 1 gr tartılmış ve bir havan içerisinde gerekli miktarda sıvı azot kullanılarak ezilerek öğütülmüştür. Toz halindeki yaprak örnekleri 15 ml'lik polipropilen santrifüj tüplerine aktarıldı. Üzerine 5 ml ekstraksiyon tamponu ilave edildi. Sonrasında polipropopilen tüpe 100 mg PVPP (sigma, P6755) eklenerek karıştırıldı (100 mg PVPP/g yaprak). Karışımı ihtiva eden tüpler 65˚C'de 4 saat su banyosunda bekletildikten sonra oda sıcaklığında soğumaya bırakıldı. İnkübasyon sonrasında her bir tüpe 6 ml kloroform–

izoamilalkol ilavesi yapıldı, tüpler 20 – 25 kez hafifçe alt üst edildikten sonra 6000 rpm'de 15 dak santrifüj edildi. Santrifüj sonrasında tüplerin üst kısmında oluşan faz yeni tüplere aktarıldı, faz rengi berraklaşıncaya kadar bir önceki adımda bahsedilen kloroform ilavesi ve sonraki aşamalar en az üç kez tekrarlandı. Kloroform muamelesi sonrası elde edilen çözeltiye, hacminin yarısı kadar 5 M NaCl eklendikten sonra ve birkaç kez hafifçe alt üst edildi.

Son durumdaki hacmin iki katı kadar % 96'lık soğuk etanol (–20˚C) eklenerek DNA iplikçiklerinin oluşması amacıyla 2 saat veya daha uzun bir süre için buzdolabında (+4˚C'de) bekletildi. Oluşan DNA ipliklerinin çöktürülmesi amacıyla sırası ile 3000 ve 5000 rpm'de 3 dak santrifüj edildi. Süpernatant kısmı döküldü, ardından DNA ipliklerinin mevcut protein ve fenolik bileşiklerden arındırılması için %70'lik soğuk etanol ilavesi gerçekleştirildi. Tüpler birkaç kez alt üst edildikten sonra 5000 rpm'de 5 dak santrifüj edildi. Santrifüj sonrası etanol kısım (üst faz) atıldı, etanolun DNA ipliklerinden tümüyle uzaklaştırılması için 37˚C'de 15 dak kurumaya bırakıldı. Tüplerin tabanında pellet halde bulunan DNA iplikleri 100–200 µl TE tamponu ilavesi ile çözüldü, daha sonraki kullanımlar için 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüplerine transfer edildi. Her 100 µl'lik DNA solusyonuna ortamdaki RNA'ların uzaklaştırılması amacıyla 1 µl RNaz A ilavesi gerçekleştirildi ve tüpler 37˚C'de 15 dak bekletildi.

2.5. PCR Uygulamaları

İzole edilmiş DNA'lardan ITS bölgelerinin çoğaltılması için evrensel ITS4 (5'–TCCTCCGCTTATTGATATGC–3') ve ITS5 (5'–GGAAGTAAAAGTCGTAACAAG G –3') primerleri kullanılmıştır. Bu primerler yardımıyla, nrDNA gen tekrarları arasında kalan ITS1, 5,8S ve ITS2 bölgeleri PCR yoluyla çoğaltılmıştır. Çift zincirli DNA üzerinden bu bölgelerin çoğaltılması 200 µl'lik tüplerde; 10X'lik reaksiyon tamponundan 3 µl, 2,5 mM $MgCl_2$'den 3 µl, 0,25 mM dNTP'den 5'er µl, 50 ng/µl her bir primerden 1 µl, 1 ünite Taq DNA polimeraz (Promega) ve yaklaşık olarak 50–100 ng kalıp DNA'dan 2 µl içeren karışım distile su ile 50 µl son hacme tamamlanarak gerçekleştirilmiştir.

Yapılan PCR denemeleri sonucunda belirlenen en uygun çoğaltılma şartları ve

36 döngüde gerçekleştirilen termal döngü protokolü;

94 °C'de 2 dak DNA çift zincirinin ayrılması (ön denatürasyon),

94 °C'de 1 dak DNA çift zincirinin ayrılması (DNA denatürasyonu),

55 °C'de l dak primerlerin bağlanması (annealing),

72 °C'de 2 dak DNA sentezi (extension),

Toplam 36 döngü,

72 °C'de 10 dak son uzatma (final extension)

Şeklinde düzenlenmiş ve PCR uygulamaları Biometra Personal Cycler cihazında gerçekleştirilmiştir.

2.6. PCR Uygulamalarının Tekrarlanabilirliliği

PCR koşullarının tekrarlanabilirliliğini sağlamak amacıyla, örneklere ait çoğaltma işlemi birbirinden bağımsız olarak iki kez tekrar edilmiştir. PCR uygulamalarında olası bir kirlilik/bulaşma engellemek için her uygulamada, genomik DNA içermeyen negatif kontroller kullanılmıştır. Bant büyüklüklerinin belirlenmesi amacıyla, her gruba ait elektroforez işlemlerinde, 100 bp bantlar ihtiva eden DNA Ladder kullanılmıştır.

2.7. Agaroz Jel Elektroforezi

PCR ürünlerinin elektroforezi, 5 µl yükleme tamponu (% 50 gliserol, % 0,05 bromofenolblue, 0,2 M EDTA) eklenerek agaroz jel ortamında yapılmıştır. On iki hücreli jel tepsisi kullanılarak, % 1'lik agarozda, IX TAE (Trizma Base, Glacial Asetik Asid, EDTA) tamponunda 30 dak süre ile 96 voltta yürütülen örnekler, 0,25 µg/ml etidium bromid ile boyanmış ve UV ışığı altında Polaroid tip siyah–beyaz filmle görüntülenmiştir.

2.8. Baz Dizin Analizi

Baz dizin analizi iki şekilde gerçekleştirilmiştir. Örneklerin 9 tanesi pGEM– T easy vektörüne klonlanarak T7 ve SP6 promotorlarıyla okutulmuştur. Geriye kalan 38 örneğinde, PCR ürünlerinin okutulması ile baz dizinleri elde edilmiştir.

2.8.1. Klonlama

Üç aşamada gerçekleştirilmektedir.

2.8.1.1. ITS–PCR Ürünlerinin Ligasyonu

PCR sonucunda elde edilen ITS bölgeleri, PCR ürünlerinin aktarılmasına uygun olan pGEM–T Easy (Promega) vektörü kullanılarak klonlanmıştır. Fragmentlerin vektöre ligasyonunu sağlamak için 3 µl PCR ürünü, 5 µl pGEM–T Easy Tamponu (2X, Promega), 1 µl T4 DNA ligaz (Promega) ve 1 µl pGEM–T Easy vektörü kullanıldı. Reaksiyon, 16˚C'de 16 saat bekletilerek tamamlandı.

Ligasyon ürünleri daha sonra Maniatis vd. (1982)'ne göre alıcı özellik kazandırılmış *E. coli* JM101 konak hücrelerine aktarıldı. Rekombinant plazmitlerin alıcı hücrelere aktarılmasında aşağıdaki metot uygulandı:

- 200 µl alıcı hücre içeren tüpe 2 µl ligasyon ürünü eklendi (içerisine ligasyon ürünü konulmayan alıcı hücre tüpü kontrol amaçlı olarak kullanıldı),
- Oluşan karışım 30 dakika buzda bekletildi,
- Daha sonra tüpler, 45˚C'de 2 dakika ısı şokuna maruz bırakıldı,
- Isı şokundan sonra tekrar buza konulan tüplerin içerisine 200 µl sıvı LB eklendi ve 37˚C'de 2 saat inkübe edildi,
- Daha önce hazırlanmış olan LBA petrilerine (50 µg/ml ampisilin içeren, üzerine 100 mg/ml IPTG çözeltisinden 40 µl ve 20 mg/ml X–Gal çözeltisinden 40 µl sürülmüş petriler) yayılarak 37°C'de 1 gece inkübe edildi.

Büyüme sonucunda içerisine plazmit alan hücrelerin mavi/beyaz koloni oluşturmasından yararlanılarak klonlar seçildi.

2.8.1.2. Alıcı *E. coli* JM101 Hücrelerinin Hazırlanması

Bu hücrelerin hazırlanabilmesi için bir gece önceden, cam tüpler içine 3 ml LB sıvı besi yerine *E. coli* JM101 suşu ekilerek 37˚C'de 16 saat boyunca inkübe edildi. Büyüme sonunda 30 ml LB besi yeri içerisine OD_{600} değeri 0,1 olacak şekilde gece kültüründen sulandırıldı ve OD_{600} değerinin 0,45–0,55 arasında olana kadar 37˚C'de büyütüldü. İstenen

büyüme değerine gelen kültür, 30 ml'lik polipropilen tüplerine aktarılarak 4400 rpm'de 4˚C'de 5 dakika boyunca çöktürüldü. Üst faz uzaklaştırılarak elde edilen pellet üzerine 100 mM $CaCl_2$'den 10 ml ilave edildi ve süspansiyon haline getirildi. Elde edilen süspansiyon, 30 dakika buzda bekletildi ve ardından tekrar 4400 rpm'de 4˚C'de 5 dakika boyunca çöktürüldü. Üst faz uzaklaştırılarak pellete 2 ml $CaCl_2$ (100 mM) ilave edilerek karıştırıldı ve kullanılmadan önce 4˚C'de en az 2 saat bekletildi.

2.8.1.3. Rekombinant Plazmitlerin İzolasyonu

Elde edilen klonlardan rekombinant plazmitlerin izolasyonu iki şekilde gerçekleştirildi. İlk olarak izolasyonlar elle yapıldı ve restriksiyon kesimleri yapılarak doğrulukları tespit edildi. İkinci seferde ise, doğruluğu tespit edilmiş olan klonlardan elde edilen kültürlerden "Wizard Plus SV Minipreps DNA Purification System" (Promega) kiti kullanılarak yapıldı. Elde edilen pDNA'lar % 0,7'lik agaroz jel elektroforezine tabii tutularak tespit edildi ve kullanılana kadar –20°C'de saklandı.

Klonların doğruluğunun tespitinde kullanılan plazmit DNA izolasyon yöntemi Sambrook ve ark. (1989)'na göre şu şekilde yapıldı. Öncelikle seçilen beyaz koloniler, birer steril kürdan yardımıyla 50 µg/ml ampisilin içeren 3 ml LB sıvı besi yerine 37°C'de gece boyu kültüre edildi. Bu kültürler daha sonra 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüplerine aktarılarak 12.000 rpm'de 3 dakika santrifüj edilerek çöktürüldü. Tüplerin süpernatant kısımları döküldükten sonra pellet üzerine 200 µl solüsyon I (10 mM Tris–HCl pH 8,3, 1 mM EDTA, 25 mM glikoz) ilave edilerek karıştırıldı ve oda sıcaklığında 10 dakika bekletildi. Üzerine 400 µl solüsyon II (% 1 SDS ve 0,1 M NaOH) eklendi. Altüst edilerek 5–10 dakika buzda bekletildikten sonra, 300 µl 7,5 M amonyum asetat ilave edildi ve dikkatli bir şekilde altüst edilerek buza kondu. 10 dakika buzda bekletildikten sonra 14000 rpm'de 15 dakika santrifüj edildi ve üst faz alınarak yeni bir mikrosantrifüj tüplerine aktarıldı. Üzerine 600 µl izopropanol ilave edildi ve 10 dakika oda sıcaklığında bekletildi. Sonrasında 14000 rpm'de 15 dakika santrifüj edildi, sıvı kısım atıldı ve pellete % 70'lik alkolden 500 µl eklendi. Tüpler 14000 rpm'de 15 dakika santrifüj edildi ve sıvı kısım döküldü, ardından alkolün uzaklaştırılması için tüpler 37˚C'de yaklaşık 15 dakika kurumaya bırakıldı. DNA'lar bu aşamadan sonra 50–100 µl TE de çözüldü ve içerdikleri RNA'ların parçalanması için 1 µl RNaz/100 µl ilave edildi. Elde edilen plazmidler daha sonra kullanılmak üzere –20˚C de saklandı.

İzole edilen bu plazmitlerin istenilen DNA parçasını ihtiva edip etmediğini anlamak amacıyla restriksiyon enzimlerinden biri olan *EcoR*I ile kesim yapıldı. Bunun için 5 µl pDNA, 0,5 µl *EcoR*I enzimi (10 U/µl, Promega), 1 µl *EcoR*I tamponu (10X, Promega), 2,5 µl ddH_20 karışımı oluşturularak 37˚C'de 2 saat inkübe edildi. Kesim sonrasında %1'lik agaroz jelde PCR ürünüyle yürütülerek plazmidin istenilen DNA fragmentini taşıyıp taşımadığı kontrol edildi. Sonuçlar BioDocAnalyze (Biometra) jel görüntüleme sistemi ile kayıt altına alındı.

Doğru klonlar tespit edildikten sonra plazmidin taşıdığı ITS bölgesinin DNA baz sırasının analizi için yukarıda bahsedildiği şekilde 3 ml LB sıvı besi yerine *E. coli* JM101 suşu ekilerek 37˚C'de 16 saat boyunca inkübe edildi. Sıra analizi amaçlı plazmit izolasyonu belirtildiği üzere, "Wizard Plus SV Minipreps DNA Purification System" (Promega) kiti kullanılarak yapıldı. Elde edilen plazmitlerin miktarları, spektrofotometre ile 260 nm'deki absorbans değerleri ölçülerek belirlendi. DNA yoğunlukları 100–200 ng/µl arasında bulunan plazmitler sekans amaçlı olarak kullanıldı. Değeri uygun bulunmayanların izolasyonları yinelendi. Belirlenen klonların taşıdıkları ITS bölgelerinin DNA sıra analizleri Macrogen (Kore) firması tarafından gerçekleştirildi.

2.8.2. PCR Ürünlerinin Doğrudan Okutulması ile Baz Dizin Analizi

pGEM–T Easy vektörüne klonlanarak yapılan baz dizin analizinin, zaman alıcı, zahmetli ve pahalı olması sebebiyle, PCR ürünleri Macrogen Inc. firmasına doğrudan okutturulmuştur. Bu işlem için elde edilen PCR ürünlerinden 30 µl hacminde alınarak örnek başına 2'şer µl ITS4 ve ITS5 primerleriyle beraber gönderilmiştir. Bu firmada PCR ürününü kalıp olarak kullanarak ITS4 ve ITS5 primerleri vasıtasıyla ITS bölgesinin baz dizilimini elde etmiştir.

2.9. ITS Bölgelerine Ait Verilerin Değerlendirilmesi

Elde edilen sonuçlar, NCBI (National Center for Biotechnology Information) BLAST (The Basic Local Alignment Search Tool) internet ara yüzü kullanılarak GenBank'taki verilerle ve CLUSTAL–W (1.83) programı ile de birbirleriyle olan benzerlikleri karşılaştırıldı ve sonuçlar değerlendirildi (URL 1).

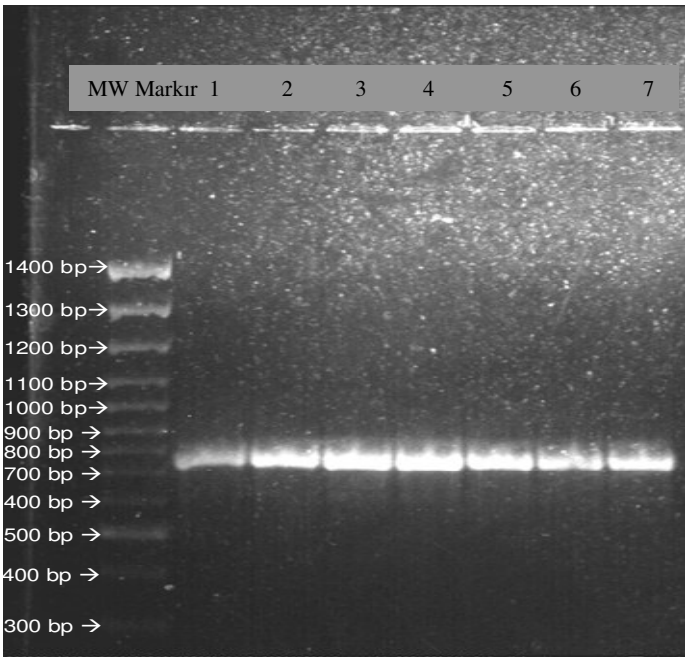
3. BULGULAR

Doğu Karadeniz Bölgesi'nde 1999–2006 yılları arasında yapılan arazi çalışmaları sonucu toplam 47 noktadan *Hieracium* örneği alınmıştır. Toplanan her örneğe ait morfolojik incelemeler tamamlandığında bu örneklerin 23 türe dahil olduğu anlaşılmıştır. Bu türler şunlardır: *H. oblongum* Jordan, *H. cardiophyllum* Jord. ex Sudre, *H. gentile* Jordan ex Bor, *H. medianiforme* (Zahn) Sell & West, *H. artabirense* (Zahn) Juxip, *H. cryptonaevum* (Bornm. & Zahn) Sell & West, *H. karagoellense* (Bornm. & Zahn) Sell & West, *H. erythrocarpum* Peter, *H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) Juxip, *H.* hypopityforme Juxip, *H. sarykamyschsense* Juxip, *H. lazicum* Boiss. & Bal, *H. karakolense* (Zahn) Sell & West, *H. onosmopsis* (Zahn) Sell & West, *H. mannagettae* Freyn, *H. polygonifolium* Gottschl. & Coskuncelebi, *H. tersundagense* Gottschl. & Coskuncelebi, *H. ladikense* (Bornm & Zahn) Coşkunçelebi & Beyazoğlu, *H. jurassicum* Griseb, *H. tamderense Hub.–Mor., H. microtum* Boiss., H. *biebersteinii* Litw. & Zahn, *H. olympicum* Boiss.'dir. Bunlardan *H. polygonifolium* ve *H. tersundagense* çok yakın zamanda tanımlanan yeni türler olup 12'si, ülkemizin önemli gen kaynaklarından olan endemik bitkilerdir.

Evrensel primerler kullanılarak nrDNA ITS bölgeleri çoğaltılan örneklerin PCR ürünlerinin bir kısmı, % 1'lik agaroz jelde DNA ladder ile birlikte yürütülerek görüntülenmiştir (Şekil 4). Her taksona ait genomik DNA üzerinden çoğaltılmış, ITS baz sırası Ek'ler kısmında verilmiştir. ITS bölgesinin tamamı elde edildikten sonra diziler bilgisayar yardımıyla analiz edilerek ITS1, 5.8S rRNA ve ITS2 bölgeleri birbirlerinden ayırt edilmiştir. Çalışılan bu taksonlara ait ITS1, 5.8S rRNA ve ITS2 bölgelerinin DNA baz sıraları Clustal–W (1.83) programı kullanılarak hizalanmış ve türler arasındaki baz farklılıkları tespit edilmiştir Taksonlara ait ITS (tamamı) baz dizinlerinin uzunluk varyasyonlarının 706–713 bp, ITS1 uzunluk varyasyonunun 283–287 bp, ITS2 uzunluk varyasyonunun 264–266 bp arasında değiştiği, 5.8S bölgesinin değişmeyip 166 bp olduğu tespit edilmiştir. Bütün ITS dizinindeki G+C İçeriğinin % 54,6–56,5 arasında değiştiği bulunmuştur. Her taksona ait, ITS1, 5.8S, ITS2 baz dizin uzunlukları, pürin/pirimidin içeriği, G+C içeriği Tablo 3'de verilmiştir.

Bütün çalışılan örneklerin ITS1, ITS2 ve tamamı (ITS1, ITS2 ve 5.8S) ele alınarak aralarındaki benzerlik ilşikileri, Clustal–W (1.83) programından yararlanılarak

oluşturulduğunda bazı taksonlar için baz varyasyonunun % 6 oranında farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Tüm taksonların birbirleri ile olan benzerlik oranları % 94–100 arasında benzerlik göstermektedir (Ek 48, Ek 49, Ek 50).



Şekil 4. Bazı *Hieracium* örneklerinin ITS bölgelerine ait PCR bantları, 1) medianiforme1, 2) argillaceoides2, 3) biebersteinii2, 4) mannagettae1, 5) sarykamychsense, 6) cryptonaevum2, 7) jurassicum

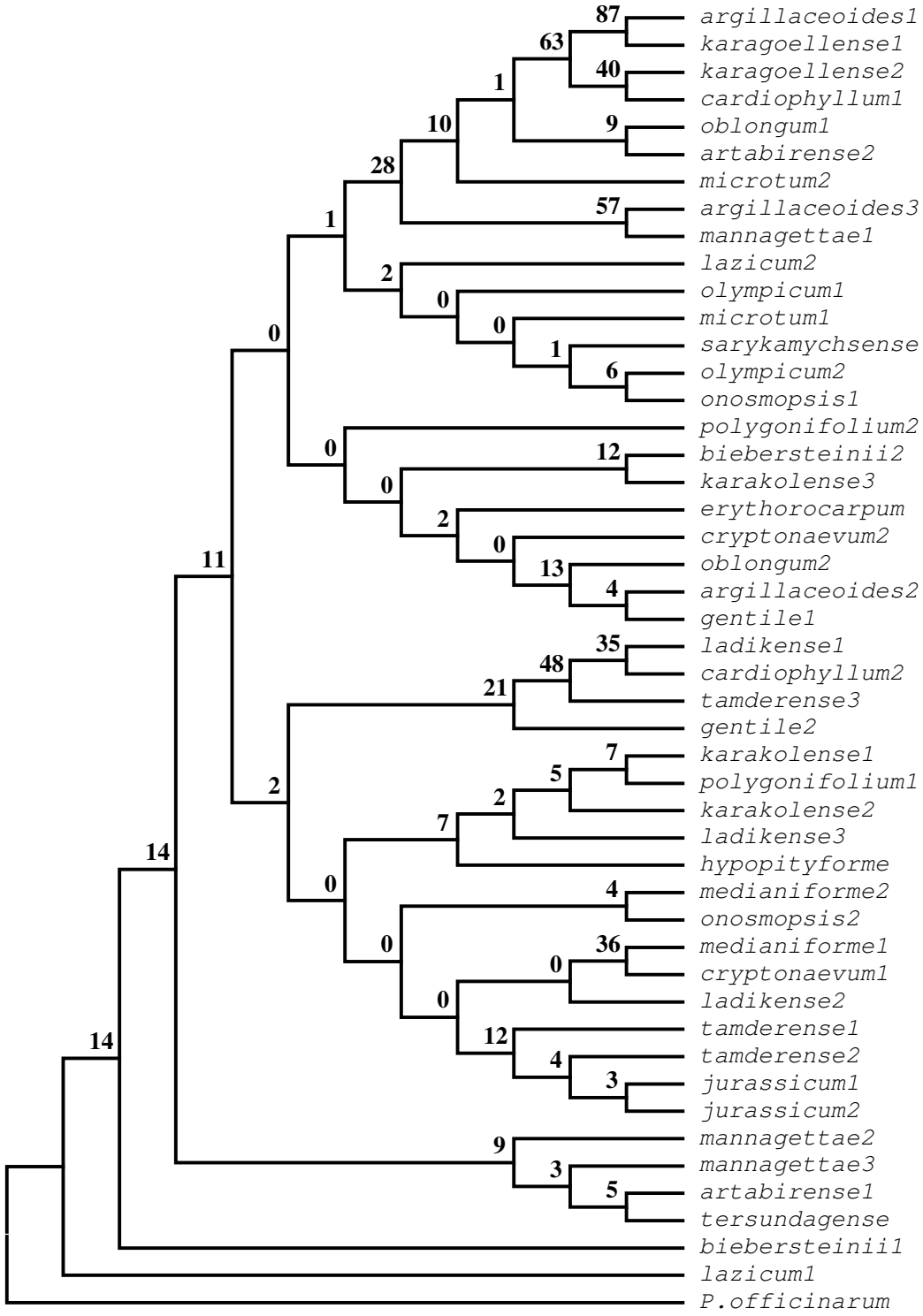
Taksonlara ait ITS bölgesi, Clustal W (1.83) programı ve GenBank'da var olan *Hieracium* cinsine ait farklı taksonlar yardımıyla, ITS1, ITS2, 5.8S kısımları birbirlerinden ayrılmıştır. Bu üç kısmın baz dizinleri, MEGA 3.1 programı kullanılarak maksimum parsimoni ağaç topolojileri elde edilmiştir (Şekil 5, Şekil 6, Şekil 7). Parsimoni ağaç toplojileri oluşturulurken dış grup olarak *Pilosella officinarum* F.W.Schultz & Sch. türü kullanılmıştır. Bu taksonun ITS baz sırası NCBI GenBankasından (URL–2) temin edilmiştir.

ITS1 kısmı dikkate alınarak MEGA 3.1 programıyla yapılan maksimum parsimoni analizinde (Şekil 5) lazicum1 örneği diğer örneklerden ayrılarak tek başına ayrı bir grup oluşturmuştur. Biebersteinii1 örneği de aynı şekilde diğer geri kalan örneklerden farklı bir grup oluşturmaktadır. *H. mannagettae* örneklerinden mannagettae2 ve mannagettae3

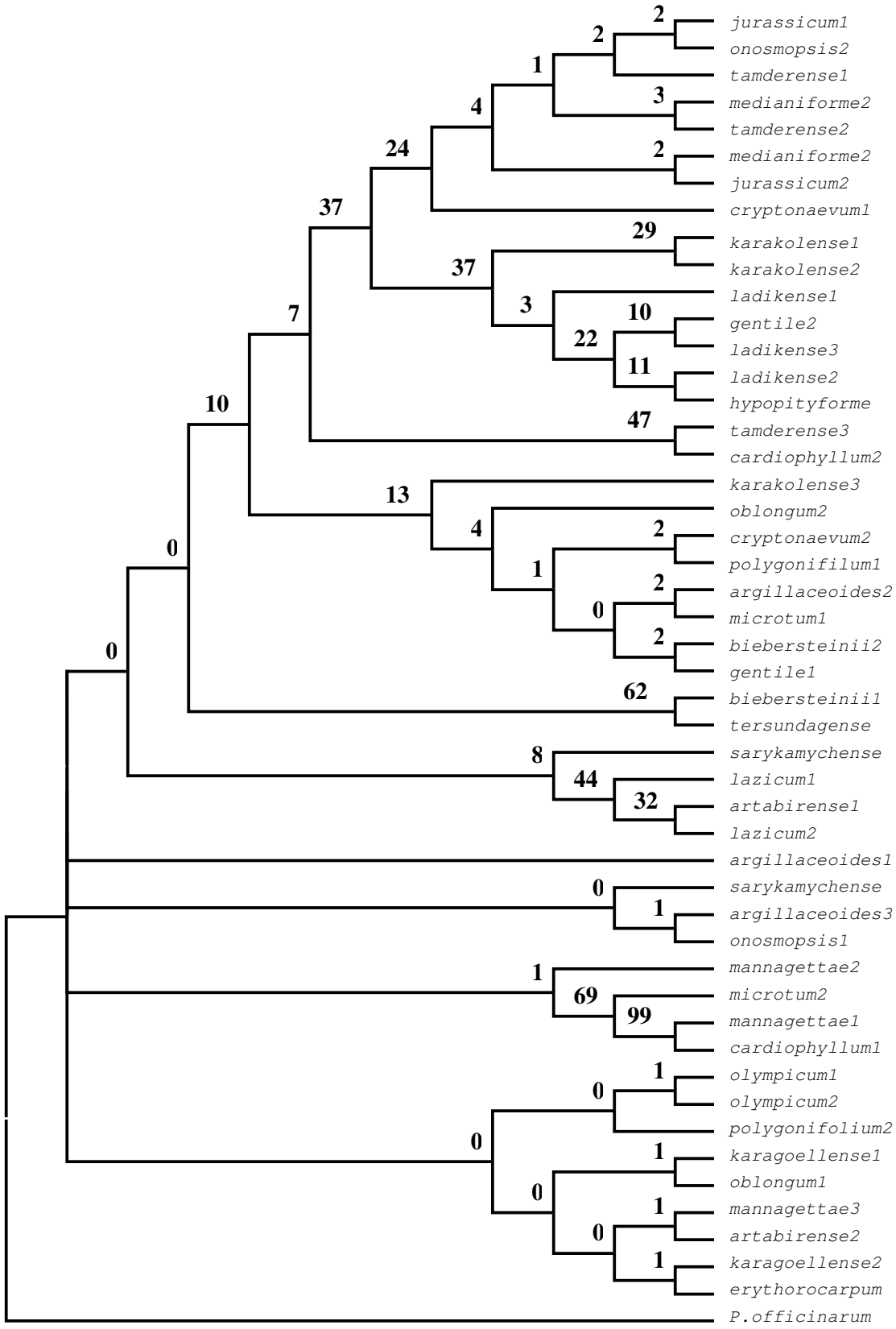
populasyonları, *H. karagoellense* örneklerinden karagoellense1 ve karagoellense2 populasyonları, *H. tamderense* örneklerinden tamderense1 ve tamderense2 populasyonları, *H. jurassicum* örneklerinden jurassicum1 ve jurassicum2 populasyonları aynı grup içinde yer alarak beklenildiği gibi yüksek oranda benzerlik göstermiştir. Çalışılan diğer tüm türlere ait bir gruplaşma tespit edilememiştir.

ITS2 bölgesinin MEGA 3.1 programı yardımıyla yapılan maksimum parsimoni analizi sonucuna bakıldığında (Şekil 6) çalışılan örneklerin tümünün 5 ana grup altında toplandığı görülmektedir. *H. argillaceoides* örneklerinden argillaceoides1 populasyonu diğer örneklerden ayrılarak tek başına bir grup oluşturmaktadır. *H. olympicum* örneklerinden olympicum1 ve olympicum2 populasyonları *H. mannagettae* örneklerinden mannagettae1 ve mannagettae2 populasyonları, *H. ladikense* örneklerinden ladikense1, ladikense2 ve ladikense3 populasyonları, *H. karakolense* örneklerinden karakolense1 ve karakolense2 populasyonları, aynı grup içerisine yerleşerek yüksek oranda benzerlik göstermiştir. Diğer örnekler ise Şekil 6'daki dendogramda görüldüğü gibi rastgele bir dağılım göstermiştir

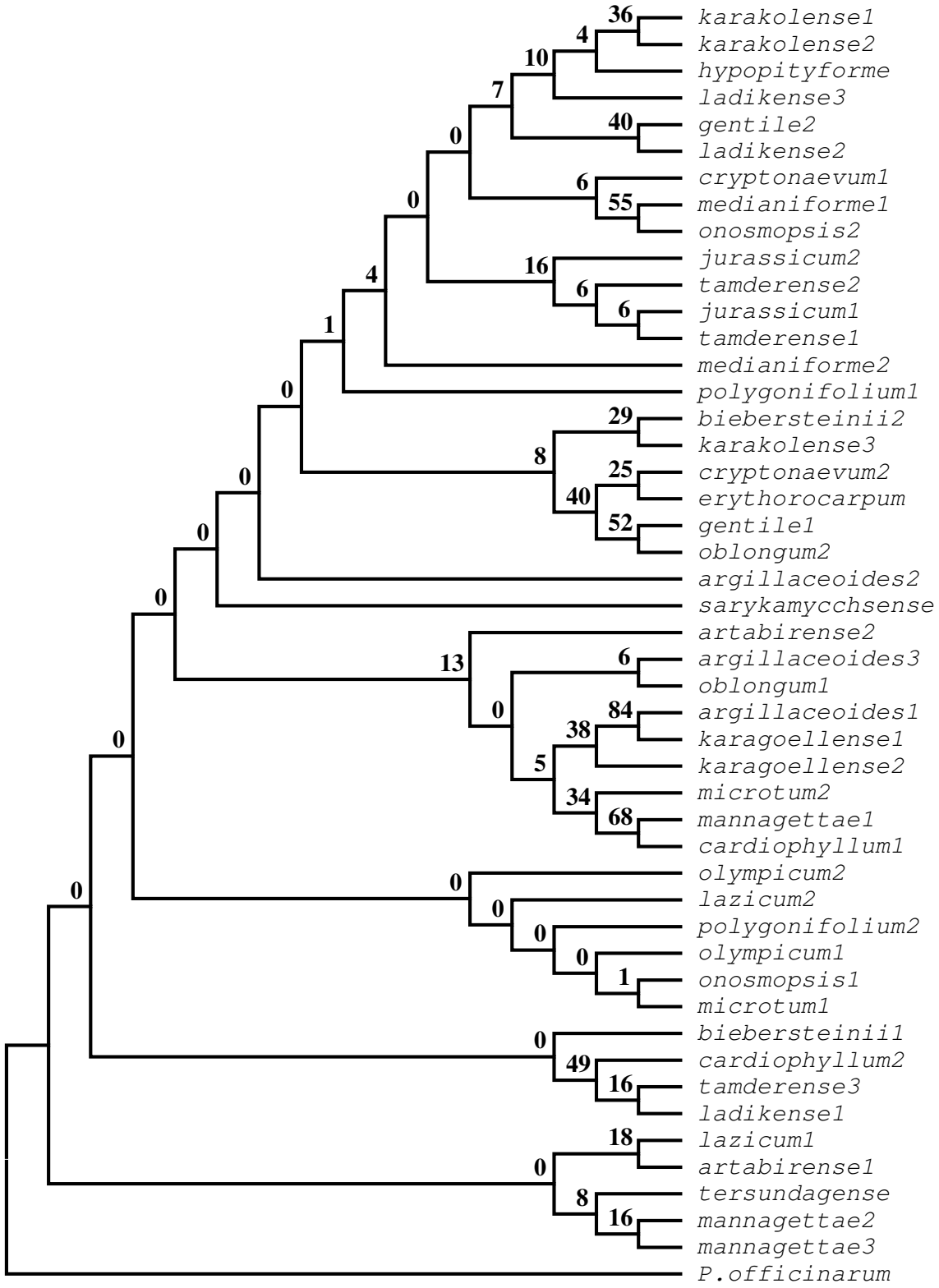
ITS (ITS1, 5.8S, ITS2) bölgesinin tamamı alınarak yapılan maksimum parsimoni ağacında (Şekil 7), örneklerin temelde iki gruba ayrıldığı görülmektedir (Şekil 7). *H. mannagettae* örneklerinden mannagettae2 ve mannagettae3 populasyonları, *H. karagoellense* örneklerinden karagoellense1 ve karagoellense2 populasyonları, *H. tamderense* örneklerinden tamderense1 ve tamderense2 populasyonları, *H. jurassicum* örneklerinden jurassicum1 ve jurassicum2 populasyonları, *H. argillaceoides* örneklerinden argillaceoides1 ve argillaceoides3 populasyonları *H. karakolense* örneklerinden karakolense1 ve karakolense2 populasyonları, aynı grup içerisinde yer almaktadır.



Şekil 5. ITS1 Bölgesinin MEGA programıyla yapılmış maksimum parsimoni analizi



Şekil 6. ITS2 Bölgesinin MEGA programıyla yapılmış maksimum parsimoni



Şekil 7. ITS (ITS1, 5.8S ve ITS2) bölgesinin MEGA programıyla yapılmış maksimum parsimoni

Tablo 3. ITS1, 5.8S ve ITS2 baz uzunlukları, G+C ve Pürin / Pirimidin içeriği

Pop. No *	Örnek	ITS1 Uzunluğu (bp)	5.8S Uzunluğu (bp)	ITS2 Uzunluğu (bp)	Toplam Uzunluğu (bp)	% GC İçeriği	Pürin/ Pirimidin içeriği
1	oblongum1	283	166	265	708	55.6	355 / 353
2	oblongum2	283	166	265	708	55.6	357 / 351
3	cardiophyllum1	283	166	265	708	56.5	354 / 354
4	cardiophyllum2	283	166	265	708	56.2	354 / 354
5	gentile1	283	166	265	708	55.6	357 / 351
6	gentile2	283	166	265	708	55.8	353 / 355
7	medianiforme1	283	166	265	707	56.0	353 / 354
8	medianiforme2	281	166	266	706	55.8	353 / 353
9	artabirense1	283	166	265	708	55.6	354 / 354
10	artabirense2	283	166	265	708	55.8	355 / 353
11	cryptonaevum1	283	166	265	708	55.6	355 / 353
12	cryptonaevum2	283	166	265	709	55.9	357 / 352
13	karagoellense1	283	166	265	708	55.9	354 / 354
14	karagoellense2	283	166	265	708	56.2	353 / 352
15	erythrocarpum	283	166	265	708	55.6	356 / 352
16	argillaceoides1	283	166	265	708	55.9	355 / 355
17	argillaceoides2	283	166	265	709	56.0	355 / 354
18	argillaceoides3	283	166	265	710	55.8	354 / 356
19	hypopityforme	282	166	265	706	55.7	351 / 355
20	sarykamyschsense	283	166	266	709	55.9	356 / 353
21	lazicum1	283	166	265	708	55.9	354 / 354
22	lazicum2	283	166	264	707	55.9	353 / 354
23	karakolense1	283	166	265	708	55.9	352 / 356
24	karakolense2	283	166	265	708	55.8	352 / 356
25	karakolense3	283	166	265	708	55.9	356 / 352
26	onosmopsis1	283	166	265	708	55.9	354 / 354
27	onosmopsis2	287	166	265	713	54.6	354 / 359
28	mannagettae1	283	166	265	707	56.3	352 / 355
29	mannagettae2	283	166	265	708	56.1	354 / 355
30	mannagettae3	283	166	265	709	55.9	355 / 353
31	polygonifolium1	283	166	265	708	56.1	354 / 354
32	polygonifolium2	283	166	265	708	55.9	355 / 353
33	tersundagense	283	166	265	708	56.5	354 / 354
34	ladikense1	283	166	265	708	55.9	353 / 355
35	ladikense2	283	166	265	708	55.9	353 / 355
36	ladikense3	283	166	265	708	56.2	352 / 356
37	jurrassicum1	283	166	265	708	55.6	358 / 350
38	jurrassicum2	282	166	265	708	55.6	353 / 355
39	tamderense1	283	166	265	708	55.8	354 /354
40	tamderense2	283	166	265	708	55.8	354 / 354
41	tamderense3	283	166	265	708	56.1	355 / 353
42	microtum1	283	166	265	708	56.2	354 / 354
43	microtum2	283	166	265	708	55.8	353 / 355
44	biebersteinii1	283	166	265	709	56.4	355 / 354
45	biebersteinii2	283	166	265	708	55.9	356 / 352
46	olympicum1	283	166	265	708	55.8	354 / 354
47	olympicum2	283	166	265	708	55.9	354 / 354

*: Pop. No: Populasyon Numarası

4. TARTIŞMA

Hieracium cinsi ülkemizde 113 tür ile temsil edilmekte (Coskuncelebi ve Beyazoğlu, 2003) ve bu türler Türkiye Florasında 13 seri altında incelenmektedir. (Sell ve West, 1975).

Hieracium cinsi üreme sistemindeki karmaşıklıkla ve ploidi seviyesindeki çeşitlilikle karakterize olan çiçekli bitkilerin en problemli cinslerinden biridir (Storchova vd., 2002). *Hieracium* türlerinin üreme biyolojileri ve türleşme yöntemi ile ilgili çok sayıda soru cevaplamayı beklemektedir. Cins sürekli olarak değişebilen ve taksonomik olarak az sayıda morfolojik karakterle tanımlanabilen, çok sayıda apomiktik tür ihtiva etmektedir (Storchova vd., 2002).

Çalışılan 23 *Hieracium* türüne ait baz varyasyon oranlarının %0,0– %6,0 gibi dar bir aralığa sıkışmış olmasının cinsin yukarıda sözü edilen üreme özelliğinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Tespit edilen bu baz varyasyonu ile çalışılan türler arasındaki taksonomik ayırımın yeterince yapılamadığı görülmektedir. ITS1, ITS2 ve ITS (ITS1, ITS2, 5.8S) bölgesinin tamamı ayrı ayrı ele alınarak, çalışılan 47 populasyon örneğini birbirinden ayıracak en uygun genetik bölgenin saptanmasına çalışılmıştır. Ancak her üç bölgeninde farklı sonuçlar verdiği ve aralarında herhangi bir uyum olmadığı tespit edilmiştir. Bu durum türlerin veya populasyonların evrimleşme (değişim) potansiyellerinin, genetik varyasyonların miktar ve modeline bağlı olmasından kaynaklanabilir. Apomiksisin eşeyli üremeye kıyasla daha düşük ve yavaş evrimsel potansiyele sahip olması, korunmuş bölgelerin apomiktik türlerde etkin olarak kullanılmasına imkan vermemektedir. Apomiktik türlerin klonal soylar olması ve eşeyli olarak üreyememesi, genetik varyasyonların sadece somatik mutasyonlarla oluşturulacağı düşüncesini güçlendirmektedir (Storchova vd., 2002). *Hieracium* cinsinde son yıllarda yapılan çalışmalar bu cinsin evrimini (değişimini) tam olarak tamamlayamamış oldukça genç bir cins olduğunu göstermektedir. Bu yüzden çalışılan tür ve populasyonlar arasında genetik farklılaşma tam olarak tamamlanmamıştır.

Çalışılan *Hieracium* taksonlarında ITS bölgesinin toplam uzunluğunun 706–713 bp arasında değiştiği, tür içinde ve türler arasında sabit olmadığı tespit edilmiştir. *Rhododendron* L. (Ericaceae) cinsinin *Pentanthera* G. Don seksiyonuna ait 16 takson üzerinde yapılmış olan bir çalışmada (Scheiber vd., 2000), ITS bölgesi uzunluğunun

taksonlar arasında 672–679 bp arasında değiştiği belirlenmiştir. Aynı çalışmada incelenen taksonlar arasındaki baz farklılık oranının % 0–3,5 arasında değiştiği saptanmış ve ITS bölgesi varyasyonlarına dayalı ilişkilerin, geleneksel yöntemlerle yapılmış olan sistematik değerlendirmelerle uygunluk gösterdiği belirtilmiştir. Bizim çalışmamızda ise baz farklılığının % 0–6 gibi daha yüksek bir oranda olduğu tespit edilmiş olup, bu durum ITS bölgesinin *Hieracium* cinsinde değişken olduğunu göstermektedir. Bu yüzden ITS sonuçları geleneksel yöntemlerle yapılmış sistematik değerlendirmelere uygunluk göstermemektedir. Araştırma bölgesinde yayılış gösteren *Hieracium* türleri üzerinde yapılan fenetik çalışmalarda cinsin morfolojik olarak çok değişken olduğu vurgulanmıştır (Coşkunçelebi, 2001; Coskuncelebi ve Beyazoğlu 2002). Bu taksonların çok küçük morfolojik farklarla birbirinden ayrılabilen agamospermik türler olması çalışılan bu bölgenin (ITS) türlerin ayrımında etkili olmadığı sonucunu ortaya koymuştur. Bu durum mikrotürler (agamospermik türler) arasında tam bir izolasyonun gerçekleşmesi için çok daha uzun bir zamana ihtiyaç olduğunu göstermektedir.

Çalışılan taksonlar arası benzerlik oranlarının verildiği tablolar (Ek 48, Ek 49, Ek 50) incelendiğinde *H. karakolense* türünü temsil eden karakolense1, karakolense2 ve karakolense3 örneklerinin ITS1 ve ITS (ITS1, ITS2, 5.8S) bölgesinin tamamı ele alınarak yapılan değerlendirmelerde % 99 oranında benzer oldukları görülmektedir. ITS2 bölgesi bakımından ise karakolense1 ve karakolense2 örnekleri %100 benzerlik göstermiştir. ITS2 bölgesinin maksimum parsimoni analizinde de bu iki örneğin birbirine çok yakın bağlandıkları görülmüştür. Bu durum türün değişim sürecini tamamlamamasından kaynaklanabilir. Bu iki örnek (karakolense1 ve karakolense2) Gümüşhane (Tersundağı), karakolense3 örneği ise Trabzon Meryemana bölgesinden toplanmıştır. Karakolense1 ve karakolense2 örneğinin ITS2 bölgeleri açısından %100 benzerlik göstermeleri aynı coğrafik bölgeyi paylaşmalarıyla açıklanabilir. ITS1 bölgesi açısından farklı baz benzerlik oranı göstermesi, maksimum parsimoni analizinde karakolense1 örneğinin aynı coğrafik bölgeden toplanan polygonifolium1 örneğine daha yakın durması, poygonifolium1 ile karakolense1 populasyonlarının aynı çeşit somatik mutasyonlara maruz kaldığını gösterebilir. Ayrıca bu taksonların apomiktik oldukları düşünülmekte, fakat çok düşük bir ihtimal olarak görülse bile, bu sonuçlar gen transferinin olabileceğinin bir göstergesi olarak yorumlanabilir.

Yeni varyasyonlar; mutasyonlar, rekombinasyonlar veya bazı durumlarda mevcut eşeysel atalardan kaynaklanabilir (Teyler, 2000). Pek çok morfolojik özelliklerin sadece

somatik mutasyonlarla meydana gelip gelmediği veya gen transferleri tarafından etkilenip etkilenmediği tam olarak belli değildir. *Hieracium* cinsi, az sayıda diploid eşeysel populasyonları içeren, apomiktik türler ihtiva eder. Bu eşeysel bitkiler, eşeysel ve apomiktik olarak tohum oluşturan bitkilerle hibridleşebilirler (Storchova vd., 2002). Başka bir araştırmaya göre ise, *Hieracium* türlerinin hepsi zorunlu apomiktik olarak bilinmektedir. Ancak cinste çok sayıda polen üretilebilmekte, üretilen polenlerin de fonksiyonel olduğu bilinmektedir (Teyler, 2000). *H. jurassicum* taksonunun jurassicum1 ve jurassicum2 populasyonlarına bakıldığında, jurassicum1 örneği Gümüşhane Dağbaşı, jurassicum2 örneği ise Trabzon Meryemana bölgesinden toplanmıştır. Bu iki populasyonun ITS1 bölgesine göre baz varyasyon benzerliği % 98, ITS2 ve bölgenin tamamına göre ise % 99 olduğu görülmektedir. ITS1 bölgesindeki benzerlik oranını daha düşük olmasına rağmen maksimum parsimoni analizi sonucuna göre birbirlerine daha yakın bağlandıkları tespit edilmiştir. ITS2 ve ITS bölgesinin maksimum parsimoni analizleri sonuçlarına göre ise tamderense1 ve tamderense2 populasyonlarının olduğu grupta yer aldıkları görülmüştür. Tamderense1 örneği Gümüşhane Dağbaşı, tamderense2 örneği ise Trabzon Meryemana bölgesinden toplanmıştır. *H. jurassicum* populasyonlarının tamderense populasyonlarına ITS1' e göre baz benzerliği %98–99, ITS2'ye göre ise %99–100 olduğu analiz sonucunda bulunmuştur. *H. jurassicum* populasyonlarının ITS1'e göre birbirlerine daha yakın durması bu bölgenin bu iki populasyon için etkili filogenetik bilgiyi taşıdığını göstermektedir. Öte taraftan her üç maksimum parsimoni analizinde *H. tamderense* populasyonları ile aynı grupta yer almaları Sell ve West (1974)'in yaptığı seri ayırımına göre Prenanthoidae serisi içerisinde yer aldıklarını doğrulamakta ve birbirlerine daha yakın olduklarınıda göstermektedir. Yakın bir geçmişte bu iki türün diğer türlere nazaran ortak bir atadan geldiği ya da aralarında bir gen alışverişininde mümkün olabileceğini göstermektedir.

H. mannagettae taksonunun mannagettae2 ve mannagettae3 populasyonlarının ITS bölgesi bakımından benzerlik oranları % 99 olarak görülmektedir. ITS2 bölgesi açısından benzerlik ise %100 dür. ITS bölgesinin tamamının maksimum parsimoni analizi dikkate alındığında bu iki populasyonun birbirine çok yakın olarak bağlandığı görülmektedir. Diğer taraftan üç örneğin de ITS bölge uzunlukları birbirlerinden farklılık göstermektedir. Mannagttae1 ve mannagettae2 örnekleri Gümüşhane bölgesinden, mannagette3 örneği ise Rize bölgesinden toplanmıştır. ITS1 bölgesinin maksimum parsimoni analizine göre de mannagettae2 örneği ile mannagettae3 örneği aynı grup içerisinde yer almıştır. ITS2

maksimum parsimoni analizi sonucu oluşan dendograma bakıldığında ise mannagettae1 örneği ile mannagettae2 örneği aynı grup içinde yer almıştır. Mannagettae1 ve mannagettae2 örneklerinin toplanma bölgeleri dikkate alındığında yakın coğrafik bölgeleri paylaştıklarından aynı coğrafik şartlara maruz kalmışlar ve dolayısıylada parsimoni ağacında birbirlerine daha yakın bağlanmışlardır.

H. oliympicum örneklerinden olympicum1 ve olympicum2 ITS2 baz sırası bakımından birbirlerine %100 benzerlik göstermektedirler. Bu benzerlik maksimum parsimoni analizine bakıldığında da görülebilmektedir. Dolayısıyla bu bölgenin, iki populasyon için baz varyasyonları açısından oldukça korunmuş olduğunu göstermektedir.

Agamosperm *P. echioides* (Lumni.) C.H. & F.N. Schultz taksonunun 6 populasyonu üzerinde yapılan alloenzim çalışmalarında sadece tek bir populasyonda çok düşük oranda farklılık bulunmuş, diğer populasyonların da homojen oldukları ifade edilmiştir (Peckert vd., 2004). Bu yüksek orandaki enzim profil benzerliği üreme moduna bağlanmıştır. *H. ladikense* taksonunun üç örneğine bakıldığında ITS2'ye göre ladikense2 ve ladikense3 örnekleri %100 olarak benzer görülürken, ITS bölgesine göre % 99 olarak benzerlik göstermişlerdir. ITS2 bölgesinin maksimum parsimoni analizine göre üç örneğin aynı grup içerisinde yer aldığı fakat bunlardan ladikense2 ve ladikense3 örneğinin birbirine daha yakın durduğu görülmektedir. Bu üç örneğin maksimum parsimoni analizinde aynı grup içerisinde yer alması ve yüksek oranda benzerlik göstermesi *H. ladikense* türünün evrimsel süreci sonlandırdığı şeklinde yorumlanabilir.

Agamosperm olan *Amelanchier laevis* Wieg. taksonunun populasyonaları arasında önemli sayılabilecek varyasyonlar bulunmuştur (Storchova vd., 2002). Fakat bu çalışma, agamosperm taksonlar arasında genetik varyasyonların genelleştirilmesini mümkün kılmamaktadır. Bunun yerine farklılıkların açıklanması, taksonlara özel eşeysel üreme frekansları, atasal genetik varyasyonlar ve somatik dokulardaki mutasyonal değişikliklerin boyutuna dayandırılmaktadır (Storchova vd., 2002). *H. onosmopsis* örneklerinden onosmopsis1 ve onosmopsis2 populasyonlarının benzerlik oranlarına bakıldığında, ITS1'e göre %98, ITS2'ye göre % 97, ITS'in tamamına görede % 95 benzerlik göstermiştir. Bu iki örneğin maksimum parsimoni ağaçlarında da birbirlerine uzak bağlanmış oldukları görülmektedir. Onosmopsis2 örneğinin ITS baz sırası 713 bp olup incelenen örnekler arasında en uzun sıraya sahiptir. İncelenen diğer örneklerle karşılaştırıldığında ITS bölgesinin uzunluğu, Onosmopsis2 örneğinde daha fazla mutasyonun meydana geldiğini göstermektedir. Farklı çevresel koşullar bu populasyonu diğerlerine göre farklı somatik

mutasyonlara maruz bırakmış olabilir. Diğer taraftan bütün örnekler incelendiğinde, en yüksek baz varyasyonunun bütün örnekler arasında % 6 olduğu bir yerde, ITS2 bölgesindeki % 5' lik farklılığın bu taksonun iki farklı populasyonunun üreme şeklinin birbirinden farklı olabileceğini düşündürmektedir.

Coşkunçelebi (2001)' nin, Doğu Karadeniz Bölgesinde yayılış gösteren 54 *Hieracium* türü üzerinde yapmış olduğu morfolojik ve nümerik çalışmada, *Vulgata* serisinde yer alan *H. argillaceoides Sparsa* Sell & West serisinden *H. sparsum* Jord. ex Boreau yakın benzerlik mesafesiyle bağlandığını ifade etmiştir. Morfolojik olarak ta H. argillaceoides türünün farklılıklar gösterdiği belirtilmiştir. *H. argillaceoides*'in 3 populasyonu, ITS1 ve ITS' e göre birbirlerine % 97–98 arasında değişen benzerlikler gösterirken, ITS2'e göre bu benzerlik oranları % 95–96'ya kadar düşmektedir. ITS1 ve ITS2'nin maksimum parsimoni analizlerine göre *H*. argillaceoides'in bu üç populasyonu farklı gruplar içerisinde yer almışlardır. ITS'in maksimum parsimoni analizine göre de daha uygun gruplaşma oluşturmuşlardır. Argillaceoides1 Maçka, argillaceoides2 Kürtün, argillaceoides3 Köprübaşı bölgesinden toplanmıştır. ITS2'ye göre Kürtün ve Köprübaşı populasyonları arasındaki %96'lık fark uzaklıkla korelasyon göstermiştir. Ayrıca bu üç örneğin de ITS bölge uzunluklarınında birbirlerinden farklı olduğu görülmektedir. Bu taksonda değişimin devam etmekte olduğu ve taksonun üreme modelinin değişkenlik gösterebileceği düşünülmektedir.

Morfolojik varyasyonların orijinleri ve böylece de türleşme yollarının detayları *Hieracium* da henüz tam olarak aydınlatılamamıştır (Teyler, 2000). Yeni türlerin oluşumu hibridizasyona dayandırılırsa cinsi çalışan bilim adamlarının genel görüşlerinin aksine *Hieracium*'un zorunlu apomiktik olmadığı varsayılabilir. Dahası, triploid kromozom sayısı ve genomun diğer özelliklerinden dolayı bu türlerin canlı hibrid bireyler oluşturması çok düşük bir ihtimal olarak görülmektedir. Diğer taraftan bu kadar çok sayıdaki morfolojik farklılığın gelişmesini (evrimi) mutasyona bağlamakta zorlayıcı bir açıklama olur (Teyler, 2000).

Eşeysiz olarak üreyen pek çok tür, lokal ya da bölgesel farklılaşma modelleri göstermektedir. Çevresel faktörler ve genetik etki, lokal şartlara uyum sağlayabilecek morfolojik adaptasyonlara izin vermektedir (Mes, 2002). Avrupada yayılış gösteren *Hieracium* cinsine ait GenBank'da bulunanan 75 kaydın ITS bölge uzunlukları incelendiğinde bu bölgenin 628–909 bp arasında değiştiği görülmüştür (URL–3). Bu çalışmada incelenen *Hieracium* örneklerinin ITS baz uzunluklarının 706–713 bp arasında

değiştiği tespit edilmiştir. Bu durum Kuzey Anadolu bölgesinde yayılış gösteren *Hieracium* türlerinin incelenen bölge bakımından daha kararlı olduğu şeklinde yorumlanabilir. Ayrıca bu cinsin ülkemizdeki gen merkezinin Kuzey Anadolu olması bu görüşümüzü desteklemektedir.

Hieracium cinsinin Türkiye' de yayılış gösteren türlerinin üreme sistemleri hakkında elimizde yeterince veri bulunmamaktadır. Bazı kaynaklara göre cinsin türlerinin eşeyli ya da apomiktik veya her iki şekilde de çoğalabileceği söylenmektedir (Vladimirov, 2003). Türkiye'deki çalışılmış olan *Hieracium* cinsinin birkaç türü dışında, *Hieracium* cinsine ait türlerin kromozom sayıları ve ploidi seviyeleri hakkında da veri bulunmamaktadır (Coşkunçelebi ve Hayırlıoğlu–Ayaz, 2006). Yüksek ploidi seviyeleri ve ploidi ile ilgili çok sayıdaki allelin varlığının klonlardaki genetik varyasyonu düşürdüğü tahmin edilmektedir (Mes, 2002). Öte yandan ITS bölgesinin genom üzerinde çok kopya sayılı olduğuda bilinmektedir (Baldwin v., 1992). Yine aynı şekilde çalışılan örneklerin ITS bölgeleri bir kere okutulmuştur ve bu okutulan bölgenin o örneği ne derece temsil ettiği, ploidi seviyesi dikkate alındığında soru işareti olarak kalmaktadır. Baz sırası elde edilen örneklerin, tekrar baz sırası okutulup aynı örneklerle uyuşup uyuşmadığı bakılmalıdır. Bu şekilde genom üzerinde çok kopya sayılı olan ITS bölgeleri üzerinde farklılık veya benzerlik tespit edilebilir.

Hieracium cinsi yeni bir cins olup taksonları arasında değişme devam etmektedir (Bremer, 1994). Türkiye türlerindeki taksonomik durumun tam olarak çözülebilmesi için öncelikle kromozom sayısı, ploidi seviyesi ve üreme şeklinin tam olarak belirlenmesi gerekmektedir.

5. SONUÇLAR

Hieracium cinsine ait 47 populasyon örneği arasındaki akrabalık ilişkilerinin ortaya konulması amacıyla nrDNA ITS bölgesi araştırılmıştır. Araştırmanın gerçekleştirildiği taksonlara ait nrDNA ITS bölgelerinin toplam uzunluğunun 706–713 bp arasında değişim gösterdiği bulunmuştur. Bunlardan 35 örneğin ITS uzunluğu 708 bp, 5 örneğin 709 bp, 3 örneğin 707 bp, 2 örneğin 706 bp, 1 örneğin 710 bp ve 1 örneğinde 713 bp olduğu tespit edilmiştir. Örneklerin birbirlerine benzerlik oranlarının da % 94–100 arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu bölgedeki G+C içeriği % 54,6–55,5 arasındadır.

Literatüre göre bu cinsin Türkiye taksonları ile ilgili olarak, daha önce yapılmış böyle bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Dolayısıyla Kuzey Anadolu Bölgesi'nde doğal olarak yetişen 23 *Hieracium* taksonuna ait ITS baz sıraları ilk kez bu araştırma ile ortaya konulmuştur.

Çalışılan taksonlardan 12 tanesi endemiktir. Bunlar *H. artabirense*, *H. cryptonaevum*, *H. karagoellense*, *H. hypopityforme*, *H. sarykamychense*, *H. lazicum*, *H. onosmopsis*, *H. mannagettae*, *H. tersundagense*, *H. polygonifolium, H. tamderense*, *H. microtum*'dur. Gerçekleştirilen bu çalışma ile gen kaynakları için önemli bir veri olan endemik *Hieracium* türlerine ait ITS baz dizini ilk kez elde edilmiştir. Yakın zamanda bulunan *H. tersundagense* ve *H. polygonifolium*'un ITS baz dizini açığa çıkarılmıştır.

Baz dizinlerinin detaylı analizi neticesinde çalışılan bu örnekler için ITS bölgelerinin tür seviyesinde hatta populasyon seviyesinde dahi baz polimorfizmi gösterdiği anlaşılmıştır. ITS bölgesi programlar yardımıyla ITS1, ITS2 ve 5.8S kısımlarına ayrılmış, bu bölgelerin sınırları da belirlenmiştir. 5.8S rRNA bölgesini kodlayan kısmın yüksek oranda korunduğu görülmüş ve baz uzunluğu bütün örneklerde değişmeyip 166 bp olduğu tespit edilmiştir. ITS1 bölgesinde de baz varyasyonları belirlenmiş ve uzunluğunun taksonlarda 281–287 bp arasında değiştiği bulunmuştur. ITS2 bölgesi bu çalışma ile ortaya çıkarılmış olup uzunluğunun 264–266 bp arasında değiştiği tespit edilmiştir.

ITS1, ITS2 ve ITS bölgelerinin ayrı ayrı maksimum parsimoni analizleri yapılmış ve dendogramları çizilmiştir. Bunlar hem kendi aralarında hem de önceden yapılmış morfolojik çalışmalar dikkate alınarak değerlendirilmiştir. Dendogramlar ve morfolojik veriler arasında yüksek oranda uyumluluk bulunamamıştır.

6. ÖNERİLER

Bu çalışmaya konu olan *Hieracium* cinsi Asteraceae familyasının en zengin cinsidir. Cinsin türlerinin üreme biyolojisinde görülen değişkenlik türlerin teşhisini güçleştirmektedir. cpDNA üzerinde bulunan *trnT*–L ve *trnL*–F intronlarının sistematik çalışmalarda ITS gibi yaygın olarak kullanıldığı ve açıklayıcı çözümler sunduğu bazı araştırıcılar tarafından belirlenmiştir. KTUB Herbaryumunda mevcut olan ve çalışmada da kullanılan 9 *Hieracium* taksonuna ait *trnT*–L ve *trnL*–F genler arası bölgenin baz sıraları elde edilmiştir. Bu bölgelerdeki baz varyasyonlarının *trnT–L* için % 2, *trnL–F* % 3 oranında farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu çalışmalara örnek sayıları artırılarak devam edilebilir. Yine cpDNA üzerinde bulunan *matK* geninin sekans analizi yapılarak önemli bir varyasyonun bulunup bulunamayacağı araştırılabilir. Bulunacak sonuçların ITS ve morfolojik veriler ile uygunluk sağlayıp sağlayamayacağı bu şekilde belirlenebilir.

Nüklear DNA üzerinde bulunan ETS ve IGS gibi bölgeler PCR ile çoğaltılıp RFLP analizi yapılarak elde edilecek bant profillerine göre türlerin birbirlerinden farklılık gösterip gösteremediği ve dolayısı ile akrabalık ilişkileri bulunabilir.Bu türlerin alloenzim profillerine bakılarak sistematik problemlerinin çözümüne yeni bir bakış açısı getirilebilir.

Türkiye'de yayılış gösteren çoğu *Hieracium* türlerinin kromozom sayıları henüz belirlenmemiştir. Bununla beraber, bu cinsin türlerinde apomiksisin yaygın olarak görüldüğü söylenmektedir. Bu cinsin Türkiye'de yayılış gösteren türlerinin sistematik problemlerinin çözümü için, türlerin kromozom sayıları tespit edilerek ploidi seviyesinin belirlenmesi gerekmektedir. İkinci aşama da bu türlerin apomiktik olup olmadıklarının, apomiktik ise; diplospori, apospori veya adventif embriyoni gibi ne tür bir apomiksisin olduğu veya eşeyli çoğalıyorsa bu tespit edilmeli ve üreme modeli açığa çıkartılmalıdır. Bu yüzden yapılacak olan çalışmaların arazide toplanan rastgele örneklerle değil kontrollü seralarda yetişen bireylerde yapılması hem cinsin kendi evulasyonal gelişmesinin tespit edilmesi hem de korunmuş bölgedeki farklılığın sebebinin ortaya çıkarılmasında etkili olabilir.

7. KAYNAKLAR

Asker, S., 1980. Gametophytic Apomixis: Elements and Genetic Regulations, Hereditas, 93, 277–293.

Ayaz, F. A. and Coşkunçelebi, K., 2002. Total Phenolic Variations in Leaves of Species *Hieracium* L. and *Pilosella* Hill., Acta Biol. Cracov. Bot., 44, 175–179.

Baldwin B. G., 1992. Phylogenetic Utilitiy of the Internal Transcribed Spacers of Nuclear Ribosomal DNA in Plants: an Example from the Compositae. Molecular Phylogeny evolution, 1, 3 – 16.

Baldwin, B. G., Sanderson, M. J., Porter, J. M., Wojcıechowoski, M. F., Campell, C. S. and Donoghue, M. J., 1995. The ITS Region of Nuclear Ribosomal DNA: A Valuable Source of Evidence on Angiosperm Phylogeny, Annals of the Missouri Botanical Garden, 250–272.

Baldwin, B. G. and Markos S., 1998. Phylogenetic Utility of the External Transcribed Spacer (ETS) of 18S–26S rDNA: Congruence of ETS and ITS Trees of *Calycadenia* (Compositae), Molecular Phylogenetics and Evoluation, 10, 449–463.

Baldwin, B. G. and Markos, S., 1999. Phylogenetic Utility of the Externaal Transcribed Spacer (ETS) of 18S–26S rDNA. Congruence of ETS and ITS trees of *Calycadenia* (Compositae), Mol. Phyl. Evol., 10, 449–463.

Bayer, R. J., 1996. Phylogenetic Inferences in *Antennaria* (Asteraceae: *Inulae*: *Gnaphaliinae*) Based on Sequences from the Nuclear Ribozomal DNA Internal Transcribed Spacers (ITS), American Journal of Botany, 83, 516–527.

Beaman, J.C., 1990. Revision of *Hieracium* (Asteraceae) in Mexico & Central America, C. Anderson, Systematic Botany Monographs, 29, Society of Plant taxonomist, USA.

Beris, F. S., Sandalli, C., Canakci, S., Demirbag, Z. and Belduz, A. O., 2005. Phylogenetic Analysis of Tea clones (*Camellia sinensis*) Using RAPD Markers. Biologia, Bratislava, 60, 4, 457–461.

Chrtek, J., 1996. Chromosome Numbers in Selected Species of *Hieracium* subgen. *Hieracium* (Compositae) in the Sudeten Mts. And the Western Eastern Carpatians, Fragm. Flor. Geobot., 41, 2, 783–790.

Chrtek, J., 1996. Chromosome Numbers in Selected Species of *Hieracium* (Compositae) in the Sudeten Mts. and the Western and Ukrainian Eastern Carpathians, Fragm. Flor. Geobot., 412, 2, 783–790.

Chrtek, J., Mraz, P. and Sennikov, A. N., 2006. *Hieracium X grofae*– A Rediscovered Diploid Hybrid from the Ukrainian Carpathians, Biologia, Bratislava, 61, 4, 365–373.

Coskuncelebi, K. and S. Hayirlioglu–Ayaz, 2006. Notes on Chromosome Numbers and Karyotypes of Five Species in Hieracium L. s.str. (Asteraceae) from Turkey, Caryologia 59, 1, 19–24.

Coşkunçelebi, K. and Beyazoğlu, O., 2003. Additional Records of *Hieracium* L. and *Pilosella* Hill (Compositae: Lactuceae), Turk. J. Bot., 27, 499–504.

Coşkunçelebi, K. and O. Beyazoglu, 2002. New Combinations and Records for *Hieracium* L. and *Pilosella* Hill. (Asteraceae) in Turkey, Edinburgh Journal of Botany, 59, 2, 319–324.

Coşkunçelebi, K., 2003. New Combinations in The Genus *Hieracium* L. s. stricto and Pilosella Hill (Asteraceae) in Turkey, Annales Botanici Fennici, 40, 451–453.

Coşkunçelebi, K., Doğu Karadeniz Bölgesinde Yayılış Gösteren *Hieracium* L. (Compositae) Türlerinin Morfolojik ve Nümerik Taksonomik Yönden İncelenmesi, Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon, 2001.

Czapık, R., 1996. Problems of Apomictic Reproduction in the Families Compositae and Rosaceae, Folia Geobot. Phytotax., 31, 381–387.

Fiori, A., Nuova Flora Analitica d' Italica, 2, Edagricole, Bolognia, 1994.

Fornasari, L., Ecology of Old World Hawkweeds, *Hieracium* Species (Asteraceae), in their Homeland and Considerations on their Potential Weedinees, Proceedings of the IV International Symposium on Biological Control of Weeds, January 1996, Stellenbosch, South Africa, University of Cape Town, V.C. Moran & Hoffman (eds), 11–17.

Gottschlich, G., Coşkunçelebi, K. and Beyazoğlu, O., 2000. Four new species of *Hieracium* L. (Compositae) from NE Turkey. *Willdenowia*, 30, 279–291.

Hamzeh, M. and Dayanandan, S., 2004. Phylogeny of Populus (Salicacea) Based on Nucleotide Sequences of Chloroplast *trnT–trnF* Region and Nuclear rDNA, American Journal of Botany, 91, 9, 1398–1408.

Hunter, G. G., 1991. The Distributation of Hawkweeds in the South Island; Indicating Problem Status, Journal of New Zealand Mountain Land Instutie, 48, 32–40.

Johnson, M. F., 1977. The Genus *Hieracium* L. (Cichoriae, Asteraceae) in Virginia, The Virginia Journals of Scicense, 28, 151–156.

Jun, J. C., 1997. Taxonomy of the *Hieracium alpinum* Group in the Sudeten Mts., The West and The Ukrainian East Carpathians, Folia Geobot. Phytotax., 32, 69–97.

Kim, S. C., Crawford, D. J. and Jansen, R.K., 1999. The Use of None Coding Region of Chloroplast DNA in Phylogenetic Studies of the Subtribe Sonchinae (Asteraceae: Lactuceae), Plant Syst. Evol., 215, 85–99.

King, L. M. and Schall, B. A., 1990. Genotypic Variation within Asexsual Lineager of *Taraxacum officinale*, Proc. Natl. Acad. Sci., 87, 998–1002.

Koltunow, A, M., 2000. The Genetic and Molecular Analysis of Apomix in The Model Plant *Hieracium,* Acta Biol. Cracov. Bot., 42, 2, 61–72.

Koltunow, A. M. and Johnson, S.D., 1998. Sexual and Apomictic Devolopment in *Hieracium*, Sex. Plant Reprod., 11, 213–230.

Li, W., 1997. Molecular Evoluation. Suderlent, MA: Sinauer Assoc., Inc.

Liu, J. S. and C. L. Scharal, 1994. A conserved Sequence in the Internal Transcribed Spacer1 of Plant Nuclear rRNA Genes, Plant Molecular Biology, 26, 775–778.

Manez, S., Recio, M. C., Giner, R. M., Terenico, M. C., Peris, J. B., Stubirg, G. and Rios, J.,1994. Biochemical Systematics and Ecology, 22, 2, 297–305.

Maniatis, T., Fritsch, E. F. and Sambrook, J., 1982. Molecular Cloning, Cold Spring Harbor, New York.

Mes, T. H. M., Kuperus, P., Kırschner, J., Stepanek, J. and Storchova, H., 2002. Detection of Genetically Divergent Clone Mates in Apomictic Dandelions, Molecular Ecology, 11, 253–265.

Miikeda, O., Kita, K., Handa, T. and Yukawa, T., 2006. Phylogenetic Relationships of Clematis (Ranunculaceae) based on Choloroplast and Nuclear DNA Sequences, Botanical Journal of Linnean Society, 152, 153–168.

Mraz, P., Chrtek, J., Fehrer, J. and Plackova, I., 2005. Rare Recent Natural Hybridization in *Hieracium* s. str. Evidence from Morphology, Allozymes and Chloroplast DNA, Plant Syst. Evol., 255, 177–192.

Mummenhoff, K., Franzke, A. and Koch, M., 1997. Molecular phylogenetic of *Thlaspi* s.I. (Brassicaceae) Based on Chloroplast DNA Restriction Site Variation and Sequences of the Internal Transcribed Spacers of Nuclear Ribosomal DNA. Cand. J. Botany, 75, 469–487.

Nogler, G. A., 1984.Genetics of Apospory in Apomictic *Ranunculus auricomus* V., Conclusions Bot. Helv., 94, 411–422.

Noyes, R. D., 2006. Intraspecific Nuclear Ribozomal DNA Divergence and Reticulation in Sexual Diploid *Erigeron Strigosus* (Asteraceae), American Journal of Botany, 93, 3, 470–479.

Nybom, H., 1996. DNA Fingerprinting–A Useful Tool in the Taxonomy of Apomictic Plant Groups, Folia Geobot. Phytotax., 31, 295–304.

Ohta, T., 1991. Multigene Families and the Evoluation of Complexity, Journal of Molecular Evolution, 33, 34–41.

Ostenfold, C. H. and Raunkiaer, C., 1903. Kastreringsforsog mod *Hieracium* og Andre *Cichoriae*, Bot. Tidsskr., 25, 409–413.

Peckert, T., Chrtek, J. and Plackova, I., 2004. Genetic Variation of Agamospermous Populations of *Hieracium echioides* s.l in the Danube Basin, Thaıszia Journal of Botany, 14, 17–18.

Polanco, C., Gonzalez, A. I., A. de la Fuente and Dover, G. A., 1998. Multigene Family of Ribosomal DNA in *Drosophila Melanogaster*, Reveals Constracting Patterns of Homogenization for IGS and ETS Spacer Regions: A Possible Mechanisma to Resolve This Paradox, Genetics, 149, 243–256.

Pugsley, B. A., 1948. A Prodromus of the British Hieracia, The Botany Journal of the Linnean Society of London, 54, 1–356.

Raunkier, C., The Life Forms of Plants and Statical Plant Geography, Oxford Universty Pres, Cambridge, 1934.

Sambrook, J., Fritsch, E. F. And Maniatis, T., 1989. Molecular Cloning – A Laboratory Manuel, Volume2, Cold Spring Harbour Laboratory Pres, New York.

Scheiber, S. M., Jarret, R. L., Robacher, C. D. and Newman, M., 2000. Genetic relatonships within *Rhododendron* L. section *Pentanthera* G. Don Based on Sequences of The Internal Transcribed Spacer (ITS) Region, Scientia Horticulturae, 85, 123–125.

Sell, P. D., 1971. An Introduction to the Study of British Hieracia. History & Classification, Watsonia, 16, 365–371.

Selvi, F. and Fiorini, G., 1996. Karyology of *Hieracium* subgen. *Hieracium* (Asteraceae) from Mount Amiata (Central Italy), Caryologia,49, 287–299.

Sennikov, A. N. 1998. Nomenclatural Combinations in the Genus *Hieracium* (Asteraceae) İnvalidly Published by A. Juksip [''Üksip'']. Invalid Names. – Botanickheskij Zurhnal, 83, 3, 61–74.

Shi,Y., Gornall, R. J., Droper, J. and Stace, C. A., 1996. Intraspecific Molecular Variation in *Hieacium* sect. *Alpina* (Asteraceae), An Apomictic Group. Folia Geobot Phytotax, 31, 305–313.

Soltis, P. S., Soltis, D. E. and Dolye, J. J., 1992. Molecular Systematics of Plants, Chapmen & Hall, New York, 14–35.

Stace, C. A., 1948. Sectional Names in Genus *Hieracium* s. str. (Asteraceae), Edinburgh Journal of Botany, 55, 417–441.

Stace, C. A., Gornall, R. J. and Shi, Y., 1997. Cytological and Molecular Variation in Apomictic *Hieracium* sect. *Alpina,* Opera Bot. 132, 39–51.

Stappen, V. J., S. Van Campenhout, S., Gama Lopez and Volckgert, G., 1998. Sequencing of the Internal Transcribed Spacer Region ITS1 as A molekular Tool in Detecting Variation in the *Stylosanthes guianenesis* Species Complex, Theoretical Applied Genetics, 96, 869–877.

Storchova, H., Chrtek, J., Bartish, I. V., Tetera, M. Kirschner, J. and Stepanek, J., 2002. Genetic Variation in Agamospermous Taxa of *Hieracium* sect. *Alpina* (Compositae) in the Tatry Mts. (Slovakia), Plant Syst. and Evol., 235, 1–17.

Svavarsdattır, K., palmer, G. J. and White J.J, 1999. Distribution of Three *Hieracium* Species in the Mt. Possesion Area mid Canterburg, New Zealand Journal of Botany, 37, 469–477.

Trewick, S. A., Morgan–Rıchars, M. and Hazel M. C., 2004. Chloroplast DNA Dıversty of *Hieracium pilosella* (Asteraceae) Introduced to New Zealend: Reticulation, Hybridization, and İnvasion, American Journal of Botany, 91, 1, 73–85.

Tyler, T., 2000. Detecting Migration Routes and Barriers by Examining The Distribution of Species in An Apomictic Species Complex, Journal of Biogeography, 27, 979–988

Tyler, T., 2005. Patterns of Allozyme Variation in Nordic Pilosella, Plant Syst. Evol., 250, 133–145.

URL–1, http://www.ebi.ac.uk/cgi–bin/jobresults/clustalw/clustalw–20061004 14272844.output. 24/07/2006.

URL–2, http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=Nucleotid e&list_uids=59709907&dopt=GenBank. 29/09/2006.

URL–3, http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entre z?term=Hieracium%20internal%2 0transcribed%20spacer&cmd=Search&db=nuccore&QueryKey=2 20/06/2007

Vladimirov, V., 2003. A New Diploid Hieracium (Asteraceae: Lactucaceae) from Bulgaria., Botanical Journal of The Linnean Society, 143, 213–218.

West, C. and Sell, P. D., 1975. *Hieracium* L. –In: Davis, P.H. (ed.), Flora of Turkey and the East Aegean Islands, Vol. 5, Edinburgh University Press, Edinburgh, 696–746.

West, C. and Sell, P. D., *Hieracium* L., Tutin, T. G. and Heywood, V. H., 1976. Flora of Europaea, 4, Cambridge University Press, Cambridge.

Zahn, K. H., Compositae – *Hieracium*, A. Engler, Das Pflanzenreich, 75–79, 82, Engelmann, Berlin, 1921–1923.

Zidorn, C., Gottschlich, G. and Stuppner, H., 2002. Chemosystematic Investigations on Phenolics from Flowerheads of Central European Taxa of *Hieracium* sensu lato (Asteraceae), Plant Syst. Evol., 231, 39–58.

Zomlefer, W. B., Guide to Flowering plants Families, University of North Carolina Press, Chapel Hill, 1924.

8. EKLER

Ek 1. 312 *H. oblongum* Jordan Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCTCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 2. 437 *H. oblongum* Jordan Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCAACCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTTGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 3. 459 *H. cardiophyllum* Jord. ex Sudre Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCGTGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAGACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTGGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTCGGGGAGTCA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGTAAAGGCCCTCGTCCTGTGTCGTACGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 4. 326 *H. cardiophyllum* Jord. ex Sudre Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCCCGATCCCCGTCACCCTC
CCGACTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGGCATGGACGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGAGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACTACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGCCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 5. 317 *H. gentile* Jordan ex Bor Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCAACCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTTGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 6. 443 *H. gentile* Jordan ex Bor Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGACTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGCCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 7. 316 *H. medianiforme* (Litw. & Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAGGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCTGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGAATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGGTGAAGAACGTAGCAAAATGCGATGCTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 8. 342 *H. medianiforme* (Litw. & Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTCCTTGGTCACGATCCCCGCCAACCTCCC
GGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACAAC
CCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTCCC
GTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACGGA
TATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAG
AATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGGGC
ACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACATG
GCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCCCC
TTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTTAT
GCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGACCG
CGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 9. 413 *H. artabirense* (Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCCCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCTTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GTACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGTGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCTTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTGAGGCGGGACTTCCCGCTGAGTTTAA

Ek 10. 297 *H. artabirense* (Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 11. 366 *H. cryptonaevum* (Bornm. & Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCATGATCCCTGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTAATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGCCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 12. 497 *H. cryptonaevum* (Bornm. & Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTTGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 13. 516 *H. karagoellense* (Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCGTGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATTAGAAGGATGCATCCTGCTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 14. 36 *H. karagoellense* (Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCGTGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 15. 512 *H. erythrocarpum* Peter Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTTGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 16. 350 *H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCGTGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATTAGAAGCATGCATCTTGCTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACCGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTAAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCAGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 17. 442 *H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCAACCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCCCAAACATCCCCTTGGGGATACAT
GGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCCC
CTTCGGCGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTTA
AGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAATACCCCAATGCGTCGCCCTGCGACGATGCTTCGACC
GCGACCCACAGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 18. 318 *H. argillaceoides* (Litw. & Zahn) Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATTCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 19. 499 *H. hypopityforme* juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGGACAGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTCC
CGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACAA
CCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTCC
CGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACGG
ATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCA
GAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGGG
CACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACAT
GGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCCC
CTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGCCGTGCGTCTTA
TGCTGTAAGGGATGTGCTCGATAAAAACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGACC
GCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 20. 222 *H. sarykamychsense* Juxip Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTGA
ACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTCC
CGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACAA
CCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTCC
CGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACGG
ATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCA
GAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGGG
CACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACAAACATCCCCTTGGGGATACATG
GCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCCCC
TTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTTAA
GCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGACCG
CGACCCCAGGTCAGGCGGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 21. 508 *H. lazicum* Boiss. & Bal Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGTTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCCC
CTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCTTGTGTCGTGCGTCTTA
AGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGACC
GCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 22. 514 *H. lazicum* Boiss. & Bal Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGGCCTTGGTCCCGATCCCTGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTCCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCTAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCTTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCATGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 23. 509 *H. karakolense* (Bornm. & Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGTCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 24. 522 *H. karakolense* (Bornm. & Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGTCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 25. 502 *H. karakolense* (Bornm. & Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 26. 420 *H. onosmopsis* (Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 27. 460 *H. onosmopsis* (Zahn) Sell & West Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGGTGAACCTGCAGAAGAGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCG
TGAACTTGTACCAACAACTGGGAGACGAGAGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACC
CTCCCGGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACAT
AACAACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTT
TATTCCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGAGTCTCTTC
AAATGATATCTCGGCTCACGCATCCATTAAGAACCCAAAAGAATGGCATGCTTGGTGTGAA
TTGGAAAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACCCTGGTTGCGCCCGAACCCATCCGGCC
GAGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACAAACATCCCCTTGGGGAT
ACATGGCATCGGGGCGGAAATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAG
TCCCCTTCAGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGT
CTTATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTC
GACCGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 28. 462 *H. mannagettae* Freyn Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGGTGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTCGGGGAGTCA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGTAAAGGCCCTCGTCCTGTGTCGTACGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 29. 527 *H. mannagettae* Freyn Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCCCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AAAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 30. 106 *H. mannagettae* Freyn Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCCCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGATTTTGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 31. 498 *H. polygonifolium* Gottschl. & Coşkunçelebi Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 32. 523 *H. polygonifolium* Gottschl. & Coşkunçelebi Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 33. 520 *H. tersundagense* Gottschl. & Coşkunçelebi Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCCCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGACGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGCGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 34. 247 *H. ladikense* (Bornm. & Zahn) Coşkunçelebi & Beyazoğlu Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGTCACCCTC
CCGACTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGACGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGAGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGCCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 35. 175 *H. ladikense* (Bornm. & Zahn) Coşkunçelebi & Beyazoğlu Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGCCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 36. 16 *H. ladikense* (Bornm. & Zahn) Coşkunçelebi & Beyazoğlu Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCTTCCTGTGCCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 37. 461 *H. jurassicum* s.l Griseb. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTAACAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCATGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGAAGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTGTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 38. 503 *H. jurassicum* s.l Griseb. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCATGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCATGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 39. 507 *H. tamderense* Hub.–Mor. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCATGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 40. 205 *H. tamderense* Hub.–Mor Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCATGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
ATGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 41. 53 *H. tamderense* Hub.–Mor. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGTCACCCTC
CCGACTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCTTACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGAGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGCCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 42. 524 *H. microtum* Boiss. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACCGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 43. 402 *H. microtum* Boiss. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTGA
ACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTCC
CGGATTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACAA
CCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTCC
CGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACGG
ATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCA
GAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGGG
CACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACAAACATCCCCTTGGGGATACATG
GCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCCCC
TTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGTAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTTAA
GCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGACCG
CGACCCCAGGTCACGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 44. 416 *H. biebersteinii* Litw. & Zahn Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCCCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGACGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGCGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 45. 183 *H. biebersteinii* Litw. & Zahn Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCACGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTAATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGCGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 46. 515 *H. olympicum* Boiss. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCTGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

Ek 47. 220 *H. olympicum* Boiss. Örneğine Ait rDNA ITS Bölgesinin Baz Sırası

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTG
AACTTGTACCAACAACTGGGAGACGGGGAGACTGACCTTGGTCTCGATCCCCGCCACCCTC
CCGGCTTTCGTTCATGATGCCCCATTCGGGTCGTCATGGATGTCATGCCGGAAACATAACA
ACCCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAACATATGAGAAGGATGCATCCTGTTTTGTC
CCGTTCGCGGTGTGCATACAGGATGCGGCCTCCTTGAAATCACAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGC
AGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATCCGGCCGAGG
GCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCAAACATCCCCTTGGGGATACA
TGGCATCGGGGCGGAGATTGGCCTCCCATTCTTTTGGTGTGGTTGGCCTAAACTGGAGTCC
CCTTCGGTGGACGCACGACTAGTGGTGGTTGAAAAGACCCTCGTCCTGTGTCGTGCGTCTT
AAGCTGTGAGGGATGTGCTCGATAAAGACCCCAATGTGTCGTCCTGCGACGATGCTTCGAC
CGCGACCCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAA

EK 48. ITS1'e Göre Örneklerin % Benzerlik Oranları

	medianiforme1	Medianiforme2	argillaceoides1	argillaceoides2	argillaceoides3	Jurassicum1	Jurassicum2	mannagettae1	mannagettae2	mannagettae3	cryptonaevum1	Cryptonaevum2	biebersteinii1	biebersteinii2	karagoellense1	Karagoellense2	karakolense1	Karakolense2	Karakolense3	gentile1	gentile2	tamderense1	tamderense2	tamderense3	ladikense1	ladikense2	ladikense3	olympicum1	olympicum2	polygonifolium1	polygonifolium2	sarykamychsense	cardiophyllum1	cardiophyllum2	erythorocarpum	oblongum1	oblongum2	lazicum1	lazicum2	artabirense1	artabirense2	onosmopsis1	onosmopsis2	microtum1	microtum2	hypopityforme	tersundagense	dış grup
medianiforme1	100																																														
medianiforme2	98	100																																													
argillaceoides1	95	96	100																																											
argillaceoides2	97	99	97	100																																										
argillaceoides3	97	98	97	98	100																																									
jurassicum1	97	98	96	98	97	100																																							
jurassicum2	98	99	96	98	98	98	100																																						
mannagettae1	97	98	97	98	99	97	98	100																																				
mannagettae2	97	98	97	98	98	97	98	98	100																																			
mannagettae3	96	97	97	97	98	97	97	98	99	100																																		
cryptonaevum1	98	98	95	97	97	98	99	97	97	96	100																																	
cryptonaevum2	98	98	96	98	97	98	98	97	98	97	98	100																																
biebersteinii1	97	98	97	98	98	97	98	98	99	98	97	98	100																															
biebersteinii2	98	99	97	99	98	98	99	98	98	98	98	99	98	100																														
karagoellense1	96	97	99	97	98	96	97	98	97	97	96	97	97	97	100																													
karagoellense2	97	97	98	98	98	97	97	98	98	98	97	98	98	98	99	100																												
karakolense1	98	99	97	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	99	97	98	100																											
karakolense2	98	99	97	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	99	97	98	100	100																										
karakolense3	98	99	97	99	98	98	99	98	98	98	98	99	98	100	97	98	99	100	100																									
gentile1	97	99	96	99	97	98	98	97	98	97	97	99	98	99	97	97	98	99	99	100																								
gentile2	98	99	96	98	98	98	99	98	98	97	98	98	98	99	97	97	99	98	99	98	100																							
tamderense1	98	99	96	98	98	98	100	98	98	97	99	98	98	99	97	97	99	99	99	98	99	100																						
tamderense2	98	99	96	98	98	98	100	98	98	97	99	98	98	99	97	97	99	99	99	98	99	100	100																					
tamderense3	97	98	96	97	97	97	98	97	98	97	97	97	97	98	96	97	98	99	98	97	98	98	98	100																				
ladikense1	97	98	96	97	97	97	98	97	97	97	97	97	98	98	96	97	98	98	98	97	98	98	98	99	100																			
ladikense2	98	99	96	98	98	98	99	98	98	97	98	99	98	99	97	98	99	98	99	98	99	99	99	98	98	100																		
ladikense3	98	98	96	98	98	97	98	98	99	98	98	98	98	98	97	98	99	99	98	98	98	98	98	99	98	99	100																	
olympicum1	98	98	97	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	97	97	98	98	100																
olympicum2	97	98	97	99	98	98	98	98	99	98	97	98	99	99	98	99	99	98	99	98	98	98	98	98	98	98	98	99	100															
polygonifolium1	98	99	97	98	98	98	99	98	98	98	98	98	99	97	98	100	99	99	98	99	99	98	98	98	99	99	98	99	100															
polygonifolium2	98	98	97	98	98	98	98	98	99	98	98	99	99	99	98	98	99	100	99	98	98	98	98	98	98	99	99	99	99	100														
sarykamychsense	98	98	97	99	98	98	98	98	98	98	98	99	98	99	98	98	98	99	99	98	98	98	98	97	97	99	98	99	99	98	99	100												
cardiophyllum1	97	97	98	98	98	97	97	98	98	98	97	98	98	98	99	100	98	98	98	97	97	97	97	97	97	97	98	98	98	99	98	98	98	100										
cardiophyllum2	96	97	95	96	97	96	97	97	98	97	96	96	98	97	96	96	97	98	97	96	97	97	97	98	98	97	98	97	97	97	97	97	96	100										
erythorocarpum	98	98	96	98	97	98	98	97	98	97	98	100	98	99	97	98	98	97	99	99	98	98	98	97	97	99	98	98	98	98	99	99	98	96	100									
oblongum1	97	97	97	98	98	97	97	98	98	98	97	98	98	98	98	99	98	98	98	97	97	97	97	97	97	97	98	98	98	99	98	98	98	99	96	98	100							
oblongum2	97	99	96	99	97	98	98	97	98	97	97	99	98	99	97	97	98	98	99	100	98	98	98	97	97	98	98	98	98	98	98	98	98	97	96	99	97	100						
lazicum1	97	97	96	97	97	97	97	98	98	97	97	98	98	97	97	98	98	98	97	97	97	97	97	97	97	97	98	98	98	98	98	98	98	97	96	97	97	97	100					
lazicum2	97	98	97	99	98	98	98	98	99	98	97	98	99	99	98	99	99	98	99	98	98	98	98	98	98	98	98	99	100	99	99	99	99	99	97	98	99	98	98	100				
artabirense1	97	97	97	98	97	97	97	97	99	98	97	98	98	98	97	98	98	99	98	97	97	97	97	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	97	98	98	97	98	98	100				
artabirense2	97	98	98	98	99	97	98	99	98	98	97	98	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	98	97	97	98	98	99	99	98	99	99	99	97	98	99	98	98	99	98	100			
onosmopsis1	97	98	97	99	98	98	98	98	99	98	97	98	99	99	98	99	99	98	99	98	98	98	98	98	98	98	98	99	100	99	99	99	99	97	98	99	98	98	100	98	99	100		
onosmopsis2	97	98	95	97	97	97	98	97	97	96	97	97	97	98	96	96	98	99	98	97	98	98	98	97	97	98	97	97	97	98	97	97	96	96	97	96	97	96	97	96	97	97	100	
microtum1	97	98	97	98	98	97	98	98	99	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	97	98	99	99	99	98	99	99	98	97	98	98	98	98	99	99	99	99	97	100
microtum2	97	98	98	98	99	97	98	99	98	98	97	98	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	98	98	97	97	98	98	99	99	98	99	99	99	97	98	99	98	98	99	98	100	99	97
hypopityforme	98	98	96	98	98	97	98	98	98	97	98	98	98	98	97	98	99	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	98	99	98	98	98	98	97	98	98	98	97	98	98	98	98	98	98
tersundagense	97	97	96	98	97	97	97	97	99	98	97	98	99	98	97	98	98	99	98	97	97	97	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	97	98	98	99	98	98	96	99	98	98	100
dış grup	94	94	93	94	94	94	94	94	95	94	93	94	95	95	93	94	95	98	95	94	94	94	94	93	93	94	94	95	95	95	95	95	94	93	94	94	94	94	95	95	95	95	93	95

EK 49. ITS2'e Göre Örneklerin % Benzerlik Oranları

	medianiforme1	Medianiforme2	argillaceoides1	argillaceoides2	argillaceoides3	Jurassicum1	Jurassicum2	mannagettae1	mannagettae2	mannagettae3	cryptonaevum1	Cryptonaevum2	biebersteinii1	biebersteinii2	karagoellense1	Karagoellense2	karakolense1	Karakolense2	Karakolense3	gentile1	gentile2	tamderense1	tamderense2	tamderense3	ladikense1	ladikense2	ladikense3	olympicum1	olympicum2	Polygonifolium1	polygonifolium2	sarykamychsense	cardiophyllum1	cardiophyllum2	erythorocarpum	oblongum1	oblongum2	lazicum1	lazicum2	artabirense1	artabirense2	onosmopsis1	onosmopsis2	microtum1	microtum2	hypopityforme	tersundagense	dış grup
medianiforme1	100																																														
medianiforme2	98	100																																													
argillaceoides1	95	96	100																																												
argillaceoides2	97	99	95	100																																											
argillaceoides3	97	98	98	96	100																																										
jurassicum1	97	98	97	96	98	100																																									
jurassicum2	98	99	97	96	98	99	100																																								
mannagettae1	97	98	96	94	97	96	96	100																																							
mannagettae2	97	98	98	97	100	98	98	97	100																																						
mannagettae3	96	97	98	96	100	98	98	97	100	100																																					
cryptonaevum1	98	98	97	96	98	99	99	96	98	98	100																																				
cryptonaevum2	98	98	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100																																			
biebersteinii1	97	98	98	96	99	98	98	97	99	99	98	99	100																																		
biebersteinii2	98	99	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100	99	100																																	
karagoellense1	96	97	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100																																
karagoellense2	97	97	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100																															
karakolense1	98	99	97	96	98	99	99	96	98	98	99	99	98	99	98	98	100																														
karakolense2	98	99	98	96	99	98	98	96	99	99	98	98	98	98	99	99	99	100																													
karakolense3	98	99	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100	99	100	99	99	99	98	100																												
gentile1	97	99	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100	99	100	99	99	99	98	100	100																											
gentile2	98	99	97	96	98	98	98	96	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	100																										
tamderense1	98	99	98	96	99	99	99	96	99	99	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	100																									
tamderense2	98	99	98	96	99	99	99	96	99	99	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	98	100	100																								
tamderense3	97	98	97	96	98	98	98	96	98	98	98	99	98	99	98	98	98	98	99	99	98	98	98	100																					
ladikense1	97	98	96	95	98	98	98	95	98	98	98	98	97	98	98	98	99	98	98	98	99	98	98	99	100																				
ladikense2	98	99	97	96	98	98	98	96	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	100	99	99	98	99	100																			
ladikense3	98	98	97	96	98	98	98	96	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	100	99	99	98	99	100	100																		
olympicum1	98	98	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100																	
olympicum2	97	98	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100																
polygonifolium1	98	99	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100	99	100	99	99	99	98	100	100	98	99	99	99	98	98	98	99	99	100															
polygonifolium2	98	98	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100	99	100														
sarykamychsense	98	98	98	96	100	98	98	97	99	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100	99	100	100													
cardiophyllum1	97	97	97	95	98	97	97	96	98	98	97	98	98	98	98	98	97	97	98	98	96	97	97	97	96	96	96	98	98	98	98	98	100												
cardiophyllum2	96	97	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100	99	100	100	98	100											
erythorocarpum	98	98	96	94	97	96	96	100	97	97	96	97	97	97	97	97	96	96	97	97	96	96	96	95	96	96	97	97	97	97	97	97	96	97	100										
oblongum1	97	97	97	95	98	97	97	96	98	98	97	98	98	98	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	98	97	98	96	100									
oblongum2	97	99	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100	99	100	100	98	100	97	98	100								
lazicum1	97	97	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100	99	100	100	98	100	97	98	100	100							
lazicum2	97	98	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100	99	100	99	99	99	98	100	100	98	99	99	99	98	98	98	99	99	100	99	99	98	99	97	98	99	99	100						
artabirense1	97	97	97	95	98	97	97	96	98	98	97	98	98	98	98	98	97	98	98	98	97	98	98	97	96	97	97	98	98	98	98	98	98	98	96	97	98	98	98	100					
artabirense2	97	98	98	96	99	98	98	97	99	99	98	99	99	99	99	99	98	98	99	99	98	98	98	98	97	98	98	99	99	99	99	99	98	99	97	98	99	99	99	99	100				
onosmopsis1	97	98	98	96	100	98	98	97	100	100	98	99	99	99	100	100	98	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	100	100	99	100	100	98	100	97	98	100	100	99	98	99	100			
onosmopsis2	97	98	97	96	98	98	98	96	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	99	98	98	98	98	98	98	98	98	98	96	98	96	97	98	98	98	97	98	98	100		
microtum1	97	98	98	97	99	99	99	97	99	99	99	100	99	100	99	99	99	98	100	100	98	99	99	99	98	98	98	99	99	100	99	99	98	99	97	98	99	99	100	98	99	99	98	100	
microtum2	97	98	98	96	99	98	98	97	99	99	98	98	98	98	99	99	98	98	98	98	97	98	98	98	97	97	97	99	99	98	99	99	97	99	97	98	99	99	98	98	98	99	97	98	100
hypopityforme	98	98	97	95	97	98	98	95	97	97	98	98	97	98	97	97	98	98	98	98	99	98	98	98	98	99	99	97	97	98	97	97	96	97	95	97	97	97	98	96	97	97	97	98	96
tersundagense	97	97	98	96	99	98	98	97	99	99	98	99	100	99	99	99	98	98	99	99	98	98	98	98	97	98	98	99	99	99	99	99	98	99	97	98	99	99	99	98	99	99	98	99	97
dış grup	94	94	92	90	93	92	92	91	93	93	92	92	92	92	93	93	92	92	92	92	91	92	92	92	91	91	91	93	93	92	93	92	92	93	91	92	93	93	92	93	93	93	91	92	92

EK 50. ITS'e Göre Örneklerin % Benzerlik Oranları

	medianiforme1	Medianiforme2	argillaceoides1	argillaceoides2	argillaceoides3	Jurassicum1	Jurassicum2	mannagettae1	mannagettae2	mannagettae3	cryptonaevum1	Cryptonaevum2	biebersteinii1	biebersteinii2	karagoellense1	Karagoellense2	karakolense1	Karakolense2	Karakolense3	gentile1	gentile2	tamderense1	tamderense2	tamderense3	ladikense1	ladikense2	ladikense3	olympicum1	olympicum2	polygonifolium1	polygonifolium2	sarykamychsense	cardiophyllum1	cardiophyllum2	erythorocarpum	oblongum1	oblongum2	lazicum1	lazicum2	artabirense1	artabirense2	onosmopsis1	onosmopsis2	microtum1	microtum2	hypopityforme	tersundagense	dış grup
medianiforme1	100																																														
medianiforme2	99	100																																													
jurassicum1	98	99	100																																											
jurassicum2	99	99	99	100																																										
mannagettae1	97	98	97	98	100																																									
mannagettae2	98	98	98	98	98	100																																							
mannagettae3	98	98	98	98	98	99	100																																					
cryptonaevum1	99	99	99	99	97	98	98	100																																			
cryptonaevum2	98	99	99	99	98	99	99	99	100																																		
biebersteinii1	98	98	98	98	98	99	99	98	99	100																																	
biebersteinii2	99	99	98	99	98	99	99	99	99	99	100																																
karagoellense1	98	98	99	98	98	99	99	98	98	99	99	100																															
karagoellense2	98	98	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	100																														
karakolense1	99	99	99	99	98	99	98	99	99	99	99	98	99	100																													
karakolense2	98	99	98	99	98	99	99	99	99	99	99	98	99	99	100																												
karakolense3	99	99	99	99	98	99	99	99	99	99	100	99	99	99	99	100																											
gentile1	98	99	99	99	98	99	98	98	99	99	99	98	99	99	99	99	100																										
gentile2	98	99	98	99	98	98	98	99	99	98	99	98	98	99	99	99	99	100																									
tamderense1	99	99	99	99	98	98	98	99	99	98	99	98	98	99	99	99	99	99	100																								
tamderense2	99	99	99	98	98	98	98	99	99	98	99	98	98	99	99	99	99	99	100	100																							
tamderense3	98	98	98	98	97	98	98	98	98	98	99	98	98	99	98	99	98	99	98	99	98	100																					
ladikense1	98	98	98	99	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	99	98	98	99	100																						
ladikense2	99	99	99	99	98	98	98	99	99	98	99	98	98	99	99	99	99	99	99	99	99	100																					
ladikense3	98	99	98	99	98	99	98	98	99	98	99	98	98	99	99	99	98	99	99	99	99	100																					
olympicum1	98	99	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	98	98	98	100																			
olympicum2	98	99	98	99	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	98	98	98	100																			
polgonifolium1	99	99	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	100																		
polgonifolium2	98	99	99	99	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	99	99	100																	
sarykamychsense	98	99	99	99	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	98	99	98	99	99	100																
cardiophylum1	97	97	97	97	99	98	98	97	98	98	98	98	97	98	98	97	97	97	97	97	97	97	98	98	98	98	98	100															
cardiophylum2	97	98	97	98	97	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	98	98	98	98	97	100														
erythorocarpum	98	99	99	99	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	98	99	99	98	99	99	99	99	98	98	100												
oblongum1	98	98	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	98	98	98	98	98	98	99	99	99	99	99	98	98	99	100										
oblongum2	98	99	99	99	98	99	98	98	99	99	99	98	99	99	99	99	100	99	99	99	98	98	99	98	99	99	99	99	99	97	98	99	99	100									
lazicum1	98	98	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	97	98	98	99	99	98	99	98	97	97	98	98	98	100									
lazicum2	98	98	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	99	99	99	99	99	98	98	99	99	99	100								
artabirense1	97	98	97	98	97	99	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	97	98	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	97	98	98	98	98	98	99	100							
artabirense2	98	99	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	99	99	99	99	99	98	98	99	99	99	98	99	98	100					
onosmopsis1	98	99	98	99	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	98	98	99	99	99	100	99	99	99	98	98	99	99	99	99	99	98	99	100				
onosmopsis2	95	96	95	95	94	95	95	95	95	95	95	94	95	95	95	95	95	95	96	96	95	95	95	95	95	95	95	95	94	94	95	95	95	94	95	94	95	95	100				
microtum1	98	99	98	99	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	99	98	99	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	98	98	99	99	99	98	99	98	99	99	95	100		
microtum2	98	98	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	99	98	99	99	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	99	99	99	98	98	99	99	98	98	99	98	99	99	95	99	100	
hypopityforme	98	98	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	99	99	98	98	99	99	98	98	99	99	99	98	98	99	98	98	97	98	98	98	98	97	98	97	98	98	95	98	98	100
tersundagense	98	98	98	98	98	99	99	98	99	99	99	98	99	98	99	99	98	98	98	99	98	98	98	98	99	99	99	99	99	98	98	99	99	98	98	99	98	99	99	95	99	99	98
argillaceoides1	97	97	97	97	97	98	98	97	98	98	98	99	99	98	98	98	98	97	97	97	97	97	97	97	98	98	98	98	98	97	97	98	98	98	97	98	97	98	98	94	98	98	97
argillaceoides2	97	98	98	98	97	98	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	97	97	98	97	98	98	98	98	98	98	97	97	98	98	98	97	98	97	98	98	94	98	98	97
argillaceoides3	98	99	98	98	98	99	99	98	99	99	99	99	99	99	99	99	98	98	99	99	98	98	98	98	99	99	99	99	99	98	98	99	99	98	98	99	98	99	99	95	99	99	98
dış grup	94	94	94	94	94	95	95	94	95	95	95	95	95	95	95	95	95	94	95	95	94	94	94	94	95	95	95	95	95	95	94	94	95	95	95	95	95	94	95	95	91	95	95

	argillaceoides1	argillaceoides2	argillaceoides3	dış grup
argillaceoides1	100			
argillaceoides2	97	100		
argillaceoides3	98	98	100	
dış grup	94	94	94	100

ÖZGEÇMİŞ

1981 yılında Trabzon'un Tonya ilçesinde doğdu. İlkokulu Sayraç ilkokulunda, ortaokulu Havza 25 Mayıs Ortaokulunda, lise öğrenimini Beşikdüzü Anadolu Öğretmen Lisesi'nde tamamladı. 1998 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi Fatih Eğitim Fakültesi Biyoloji Öğretmenliği programında yükseköğrenimine başladı. Bu bölümden 2003 yılında mezun oldu. Aynı yıl K.T.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü'nde Yüksek Lisans eğitimine başladı. 2005 yılında Biyoloji Anabilim Dalına Araştırma Görevlisi olarak atandı. Halen yüksek lisans eğitimine devam etmektedir.