

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

***DORYSTOECHAS HASTATA* BOİSS. & HELDR. EX BENTHAM TÜRÜNÜN
PEYZAJ GENETİĞİ KAPSAMINDA DEĞERLENDİRİLMESİ VE ÇOĞALTIM
OLANAKLARININ BELİRLENMESİ**

CEREN SELİM

**DOKTORA TEZİ
PEYZAJ MİMARLIĞI ANABİLİM DALI**

2017

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

***DORYSTOECHAS HASTATA* BOİSS. & HELDR. EX BENTHAM TÜRÜNÜN
PEYZAJ GENETİĞİ KAPSAMINDA DEĞERLENDİRİLMESİ VE ÇOĞALTIM
OLANAKLARININ BELİRLENMESİ**

CEREN SELİM

**DOKTORA TEZİ
PEYZAJ MİMARLIĞI ANABİLİM DALI**

(Bu tez TÜBİTAK tarafından 1150863 nolu proje ile desteklenmiştir.)

2017

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

***DORYSTOECHAS HASTATA* BOİSS. & HELDR. EX BENTHAM TÜRÜNÜN
PEYZAJ GENETİĞİ KAPSAMINDA DEĞERLENDİRİLMESİ VE ÇOĞALTIM
OLANAKLARININ BELİRLENMESİ**

CEREN SELİM

DOKTORA TEZİ
PEYZAJ MİMARLIĞI ANABİLİM DALI

Bu tez 23/06/2017 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Oybirliği/Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

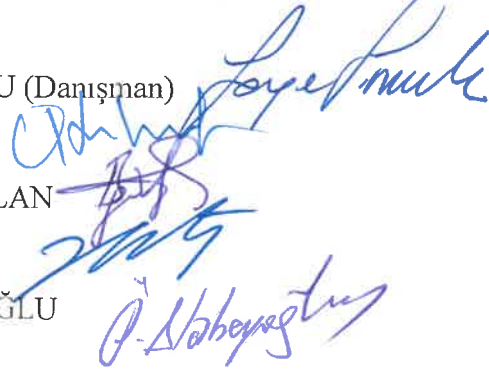
Doç. Dr. Songül SEVER MUTLU (Danışman)

Prof. Dr. Osman KARAGÜZEL

Prof. Dr. Bahriye GÜLGÜN ASLAN

Yrd. Doç. Dr. Hatice İKTEN

Yrd. Doç. Dr. Ömer ATABEYOĞLU



ÖZET

***DORYSTOECHAS HASTATA* BOISS. & HELDR. EX BENTHAM TÜRÜNÜN PEYZAJ GENETİĞİ KAPSAMINDA DEĞERLENDİRİLMESİ VE ÇOĞALTIM OLANAKLARININ BELİRLENMESİ**

CEREN SELİM

Doktora Tezi, Peyzaj Mimarlığı Anabilim Dalı

Danışman: Doç.Dr. Songül SEVER MUTLU

Haziran 2017, 159 sayfa

Peyzaj genetiği, peyzaj özellikleri ile doğal ya da yapay unsurlarca değişen gen akışı, genetik sürüklenme ve seleksiyon gibi mikro evrimsel süreçler arasındaki etkileşimler hakkında bilgi sağlar ve peyzaj ekolojisi verisi ile türe ait popülasyon genetiği arasında ilişki kurulmasını kapsar. Bu projenin amacı; relik endemik *Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham türüne ait popülasyonların genetik yapılarındaki DNA farklılıklarını araştırmak ve peyzaj yapısıyla şekillenmiş olan habitat bağlantısallığının türün genetik yapısındaki varyasyona etkilerini ortaya koymaktır. Böylelikle bu türün etkin koruma stratejisinin belirlenmesi hedeflenmiş ve peyzaj planlama ve koruma çalışmalarında peyzaj genetiğinin entegre edilmesi planlanmıştır. Bu çalışma ile *D. hastata* türünün doğal yayılış gösterdiği Antalya ili Kemer-Kumluca-Korkuteli ilçelerinde bulunan alanlardan çeşitliliği temsil edecek şekilde belirlenen 16 popülasyondan toplam 56 genotip çalışılmıştır. Alana ait uydu görüntüsü yardımıyla seçilen popülasyonlar arasındaki peyzaj unsurları (ArcGIS 10.1 yazılımı) belirlenerek habitat bağlantısallığı (CONEFOR 2.6 yazılımı) ortaya konmuştur. Seçilen popülasyonlara ait bireylerden morfolojik ve ekolojik karakterlere ilişkin ölçümler yapılmıştır. Genetik yapının belirlenmesi için ise genotiplere ait yaprak örnekleri alınmıştır. Bu amaçla belirlenen genotiplerden toplam 56 (16 lokasyon x 3-5 genotip) genotipe ait DNA izole edilmiş ve genotipler arası farklılıklar SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) ve iPBS (interprimer binding sites) moleküler markırları belirlenmiştir. Genetik yapı ve morfolojik karakterler açısından varyasyonun derecesi (Temel Bileşenler Analizi; Principle Component Analizi) belirlenmiştir. Popülasyon genetiği verileri POPGENE bilgisayar paket programı kullanılarak hesaplanmıştır. İkişerli F_{ST} ve AMOVA değerlerinin hesaplanmasında ise ARLEQUIN software 3.1 kullanılmıştır. Habitat bağlantısallığı verileri genetik yapı ile regresyon istatistik testi ile ilişkilendirilmiştir. *D. hastata* Lamiaceae familyası içinde deniz seviyesinden, 1855 m. yüksekliğe kadar yayılış gösteren tek türdür. Tür rakım, bakı, toprak koşulları (pH, besin elementleri, organik madde vb.) bakımından geniş adaptasyona sahiptir. Toplam 357 adet markır elde edilmiştir. Tür geniş bir morfolojik ve genetik varyasyon göstermiştir. Toplam genetik çeşitliliğin %51'inin popülasyonlar arasında, %49'unun ise popülasyonlar içinde olduğu belirlenmiştir. Popülasyonlar arası habitat bağlantısallığı arttıkça genetik farklılaşma azalmıştır. Tür çoğaltım teknikleri açısından Mart ayında alınan yarı-odun çeliklerle herhangi bir köklenme hormonuna ihtiyaç duymadan köklenmektedir. Tohumların çimlenme özellikleri değerlendirildiğinde ise soğuk katlama ön uygulamasının rakıma bağlı olarak çimlenmeyi arttırdığı belirlenmiş olup tohum canlılık testi yapılarak, farklı ön işlemler denenerek daha kapsamlı çimlenme denemelerinin yürütülmesi önerilmektedir.

ANAHTAR KELİMELELER: Genetik çeşitlilik, Morfolojik karakterler, Coğrafik farklılık, Ekolojik özellikler, Habitat bağlantısalılığı, SRAP, iPBS, Gen akışı, Peyzaj genetiği, Endemik.

JÜRİ: Doç.Dr. Songül SEVER MUTLU (Danışman)

Prof.Dr. Osman KARAGÜZEL

Prof. Dr. Bahriye GÜLGÜN ASLAN

Yrd. Doç. Dr. Hatice İKTEN

Yrd. Doç. Dr. Ömer ATABEYOĞLU

ABSTRACT

THE EVALUATION OF *DORYSTOECHAS HASTATA* BOISS. & HELDR. EX BENTHAM WITHIN THE SCOPE OF LANDSCAPE GENETICS AND DETERMINATION OF PROPAGATION POSSIBILITIES

CEREN SELİM

PhD in Landscape Architecture

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Songül SEVER MUTLU

June 2017, 159 Pages

Landscape genetics is a rather new discipline that aims at providing information about the interaction between landscape features and microevolutionary processes, such as gene flow, genetic drift and selection, changing with natural or artificial forces. Landscape genetics combine and relate population genetic data with that of landscape ecology. The aim of this study is to study genetic differences among relict endemic *Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham populations and the effect of habitat connectivity shaped by landscape structure on variation in genetic structure of the species. Thus, determination of effective conservation strategy for *D. hastata* and integrating genetic structure into landscape planning and conservation studies are aimed with this study. Populations were determined by selecting 3-5 genotypes from each of 16 locations representing genetic diversity of the species in the area of Kemer-Kumluca-Korkuteli counties of Antalya province within which *D. hastata* naturally exists. With the use of satellite image of the study area, landscape features of the areas among the populations will be determined first (ArcGIS 10.1 software) and then habitat connectivity was revealed (CONEFOR 2.6 software). Morphological and ecological characteristics were measured for each population. Leaf samples were taken from each genotype to determine genetic structure. Total 56 samples (16 locations X 3 or 5 genotypes) were analyzed with SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) and iPBS (interpprimer binding sites) molecular markers. The morphological data and the markers generated were used to evaluate degree of genetic variation present in the population and was revealed by principle component analysis. Population genetics data was calculated/obtained with POPGENE software. Pairwise F_{ST} and AMOVA indices were calculated using ARLEQUIN software 3.1. Habitat connectivity data was correlated with genetic data using regression analysis. Results showed that *D. hastata* is the only species existing from sea level to the 1855 m elevation in the family of Lamiaceae. The species exhibits a wide range of adaptation in regard to elevation, aspects, soil characteristics (pH, mineral elements, organic matter etc.). The 357 markers were obtained with SRAP and iPBS. The species possessed a large morphological and genetic variation. AMOVA results showed that 51% and 49% of total variation resided among and within populations, respectively. Increased habitat connectivity reduced genetic differentiations among populations. Semi-wood cuttings taken in March rooted without the need for hormones. When the germination characteristics of the seeds are evaluated, it is determined that the pre-application of cold increases the germination depending on altitute and it is suggested that more

comprehensive germination experiments are carried out by seed viability test trying and different preliminary treatments.

KEYWORDS: Genetic diversity, Morphological characters, Geographical differences, Ecological features, Habitat connectivity, SRAP, iPBS, Gene flow, Landscape genetics, Endemic.

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Songül SEVER MUTLU (Supervisor)

Prof. Dr. Osman KARAGÜZEL

Prof. Dr. Bahriye GÜLGÜN ASLAN

Assist. Prof. Dr. Hatice İKTEN

Assist. Prof. Dr. Ömer ATABEYOĞLU

ÖNSÖZ

Türkiye, Avrupa ve Orta Doğunun en zengin biyolojik çeşitliliğe sahip ülkelerinden biri olup bünyesinde üç fitocoğrafik bölgeyi bulundurması, değişik iklim tipleri ve jeomorfolojik özellikleri sonucu çok farklı ekosistem tiplerine sahip olması, ülkemize endemizm ve genetik çeşitlilik açısından da zenginliği beraberinde getirmiştir. Bu yüksek endemizm düzeyi, Türkiye'ye bu türlerin yeterince korunması veya yok olmaması konusunda daha da büyük bir sorumluluk yüklemektedir. Biyolojik çeşitliliğin korunmasında popülasyonların genetik yapılarındaki değişimin ortaya çıkarılması ve bu değişime habitat kalitesinin ve mevcut peyzaj yapısının etkisinin araştırılması önemli bir adımdır.

Dorystoechas hastata Antalya yöresinde “Çalba” olarak bilinen, yoğun uçucu ve aromatik yağ içeriklerinden dolayı tıbbi ve aromatik özelliklere sahip ve süs bitkisi olarak kullanım potansiyeli olan relikt endemik bir türdür. *D. hastata* gibi sadece sınırlı bir çevreye hapsolmuş ve kültüre alınmamış endemik türlerde genetik çeşitliliğin korunabilmesi dikkatli planlama ve kullanım gerektirmektedir. Özellikle peyzaj kullanımlarına bağlı olarak oluşan habitat parçalanmaları ve izolasyonlar, popülasyonlar arasındaki gen akışını azaltmakta veya yok etmekte, dolayısıyla genetik çeşitliliğin sürdürülebilmesini tehlikeye atmaktadır.

Antalya'da Kumluca-Kemer-Korkuteli arasında sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünün peyzaj genetiği kapsamında ele alındığı bu çalışma ile türe ait popülasyonların genetik yapılarındaki DNA farklılıklarını araştırmak ve peyzaj yapısıyla şekillenmiş olan habitat bağlantısallığının türün genetik yapısındaki varyasyona etkilerini ortaya koymak amaçlanmıştır. Çalışma sonuçları, beklenilenin aksine bu türde popülasyonlar arası ve içinde genetik çeşitlilik bakımından çok geniş bir varyasyon olduğunu kanıtlamıştır. Geleceğe yönelik koruma çalışmalarında daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip popülasyonları temsil eden bireylerin mutlaka genetik koruma havuzuna dahil edilmesi gerekir. Birbirine daha bağlantılı *D. hastata* popülasyonları arasındaki gen çeşitliliğinin ve birbiriyle farklılaşmanın azaldığı bulgusu, uzun dönemli koruma planlamaları yaparken popülasyonlar arası habitat bağlantısallığının devam ettirilmesinin önemini doğrulamıştır.

Türün potansiyel süs bitkisi ve önemli bir tıbbi-aromatik bitki olarak kültüre alınması ve ıslah programının başlatılması gerekmektedir. Genetik çeşitliliği yüksek olan popülasyonların ıslah programına dahil edilerek kültüre alınması koruma/kullanma çalışmalarının başlatılmasına yardımcı olabilir.

Multidisipliner bir araştırma alanı olan ve ülkemiz adına oldukça yeni ve sınırlı çalışmanın olduğu Peyzaj genetiği alanında önemli saydığımız bu çalışmanın gerçekleştirilmesindeki desteklerinden dolayı TÜBİTAK'a sonsuz teşekkür ederim.

Doktora sürecim boyunca benden desteğini ve yardımını esirgemeyen, bu süreçte en büyük katkısı olan danışman hocam Akdeniz Üniversitesi Mimarlık Fakültesi Peyzaj Mimarlığı Bölümü Öğretim Üyesi Sayın Doç. Dr. Songül SEVER MUTLU'ya teşekkürü bir boğ bilirim.

Doktoramın ders ve tez aşamasında katkılarından dolayı Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Öğretim Üyesi Sayın Nedim MUTLU'ya çok teşekkür ederim.

Arazi çalışmalarım boyunca katkılarını, desteğini ve zamanın benden esirgemeyen sayın hocam Akdeniz Üniversitesi Eğitim Fakültesi Öğretim Üyesi Yrd. Doç. Dr. İsmail Gökhan DENİZ'e katkılarından ötürü teşekkür ederim.

Laboratuvar çalışmalarımda yardımlarından dolayı Cansu ŞİMŞEK'e ve Yeliz YILMAZ'a, çoğaltım tekniklerinin belirlenmesi kısmında serada ve laboratuvarda yardımlarından dolayı Damla IRKÖRÜCÜ'ye, popülasyon genetiği verilerinin analizi ve yorumlanmasına olan katkılarından dolayı Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Öğretim Üyesi Sayın Yrd. Doç. Dr. Hasan MEYDAN'a teşekkürü bir borç bilirim.

Tüm akademik çalışmalarım boyunca yanımda olan, beni her konuda destekleyen, arazi çalışmalarında bana yardım eden değerli eşim Akdeniz Üniversitesi Fen Fakültesi Uzay Bilimleri ve Teknolojileri Bölümü, Uzaktan Algılama Anabilim Dalı Öğretim Üyesi Sayın Yrd. Doç. Dr. Serdar SELİM'e çok teşekkür ederim. Doktora sürecimde hayatımıza katılan ve hayatımıza anlam katan canım Kızım Asya Naz SELİM'e, beni her zaman destekleyen ve yanımda olan aileme verdikleri desteklerden dolayı çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER	vii
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMALARI.....	4
3. MATERYAL VE METOT.....	23
3.1. Materyal.....	23
3.1.1. Bitki materyali.....	23
3.1.2. Araştırma alanının tanımı ve özellikler.....	24
3.2. Metot.....	29
3.2.1. Morfolojik ve ekolojik verilerin elde edilmesi ve analizi.....	29
3.2.2. Moleküler verinin elde edilmesi ve analizi.....	34
3.2.2.1. SRAP markır sistemi.....	35
3.2.2.2. iPBS markır sistemi (Retrotranspozonlar).....	36
3.2.2.3. Jel elektroforezi.....	38
3.2.2.4. Moleküler verinin analizi.....	39
3.2.3. Popülasyon genetiği verilerinin elde edilmesi.....	39
3.2.3.1. Alel frekansı.....	40
3.2.3.2. Ortalama alel sayısı.....	40
3.2.3.3. Ortalama etkili alel sayısı.....	40
3.2.3.4. Nei'nin gen çeşitliliği/farklılık indeksi (Nei's gene diversity).....	41
3.2.3.5. Shannon indeksi (H_o , Shannon's diversity index/ information index).....	41
3.2.3.6. Polimorfik lokus oranı.....	42
3.2.3.7. İkili genetik farklılaşma katsayısı (pairwise F_{ST}).....	42
3.2.3.8. Genetik mesafe (D).....	43
3.2.3.9. Popülasyon genetiği verilerinin analizi.....	44
3.2.4. Peyzaj ve habitat unsurlarına ait verilerin elde edilmesi.....	44
3.2.4.1. Peyzaj verileri.....	44
3.2.4.2. Ağ analizi.....	45
3.2.5. <i>D.hastata</i> türünün çoğaltım olanaklarının belirlenmesi.....	46
3.2.5.1. <i>D.hastata</i> türünün çimlenme özelliklerinin belirlenmesi.....	46
3.2.5.2. <i>D. hastata</i> türünün çelikle çoğaltım olanaklarının belirlenmesi.....	48
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	50
4.1. Morfolojik ve Ekolojik Özelliklere Ait Bulgular.....	50
4.1.1. Genotipler düzeyinde morfolojik verilere ait Temel Bileşenler (TBA) ve Kümeleme ve Analizi'ne ait bulgular	60
4.1.2. Popülasyonlar düzeyinde morfolojik verilere ait Temel Bileşenler (TBA) ve Kümelememe Analizi'ne ait bulgular	63
4.2. Moleküler Verilere Ait Bulgular.....	66

4.2.1. Genotip düzeyinde moleküler veriye ait kümeleme ve temel bileşenler analizi (TBA)'ne ait bulgular.....	71
4.2.2. Genotip düzeyinde moleküler ve morfolojik veriye ait kümeleme ve temel bileşenler analizi (TBA)'ne ait bulgular.....	75
4.3. Popülasyon Genetiği Verilerine Ait Bulgular.....	78
4.3.1. Genetik çeşitliliğe ait bulgular.....	79
4.3.1.1. Ortalama allel sayısı.....	80
4.3.1.2. Ortalama etkili allel sayısı.....	80
4.3.1.3. Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h).....	80
4.3.1.4. Shannon indeksi (H_0).....	81
4.3.1.5. Polimorfik lokus oranı.....	81
4.3.2. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmaya ait bulgular.....	82
4.3.2.1. İkili genetik farklılaşma katsayısı (pairwise F_{ST}) (Reynolds'a göre).....	82
4.3.2.2. Genetik Mesafe.....	85
4.3.3. AMOVA (Moleküler Varyans Analizi) bulguları.....	88
4.4. Peyzaj ve Habitat Unsurlarına Ait Bulgular.....	89
4.4.1. Peyzaj verisi bulguları.....	91
4.4.2. Ağ analizi bulguları.....	98
4.5. <i>D.hastata</i> türünün çoğaltım olanaklarının belirlenmesine ait bulgular.....	102
4.5.1. <i>D.hastata</i> türünün çimlenme özelliklerine ait bulgular.....	102
4.5.1.1. İkinci çimlenme denemesine ait bulgular.....	102
4.5.1.2. Üçüncü çimlenme denemesine ait bulgular.....	103
4.5.2. <i>D. hastata</i> türünün çelikle çoğaltım olanaklarına ait bulgular.....	105
5. SONUÇ.....	110
6. KAYNAKLAR.....	113
7. EKLER.....	131
Ek-1 Arazi Gözlem Formu.....	131
Ek-2 Popülasyonlar arası 100-250-500-1000 metre koridor genişliklerinde öklit mesafesi, rakım, alan kullanımları/arazi örtüsü, ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) ve genetik benzerlik (%) durumları.....	132
ÖZGEÇMİŞ	

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Kısaltmalar

SRAP	Sequence-Related Amplified Polymorphism (Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizm)
iPBS	Interpprimer Binding Sites (Retrotranspozonlar)
P	Fosfor
Ca	Kalsiyum
K	Potasyum
Mg	Magnezyum
Mn	Mangan
Zn	Çinko
Fe	Demir
EC	Elektriksel İletkenlik
pH	Hidrojenin potansiyeli (Power of hydrogen)
mg	Miligram
g	Gram
mm	Milimetre
cm	Santimetre
m	Metre
km	Kilometre
IBA	Indol Butirik Asit
ppm	Milyonda bir kısım
CS2.2	CONEFOR Sensinode 2.2
NTSYS-PC	Sayısal Taksonomi ve Çok Değişkenli Analiz (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System)
TBA	Temel Bileşenler Analizi (Principle Component Analyse)
CA	Kümeleme Analizi (Cluster Analyse)
SAS	İstatistik Analiz Yazılımı (Statistical Analysis Software)
LSD	En az önemli fark (Least significant difference)
UPGMA	Ağırlıklaştırılmamış grup çiftleri metod algoritması (Unweighted pair-group method algorithm)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. <i>D.hastata</i> türünün çiçek ve yaprak yapısına ait genel bir görünüm (a), <i>D. hastata</i> türüne ait genel bir görünüm (b).....	24
Şekil 3.2. Çalışma alanı için oluşturulan sayısal yükseklik paftası üzerinde örneklenen genotiplerin yerleri.....	27
Şekil 3.3. Bitki organları (Çiçek, yaprak, kaliks, korolla) üzerinde ölçülen özellikler.....	30
Şekil 3.4. Çiçek başağı, kaliks ve korolla yapısı (a), Dijital kumpas ile korolla boyu ölçümü (b), Başak eni ölçümü (c), Meyve boyu ölçümü (d), Kromometre ile yaprak renk ölçümü (e).....	31
Şekil 3.5. Arazi çalışmalarından görüntüler: Beldibi 4 nolu genotipten başak toplanması(18.04.2016) (a), Hisarçandır 1 nolu genotipten tohum toplama (06.06.2016) (b), Tahtalı 1 nolu genotip üzerinden başak toplama,18.05.2016 (c), Termessos 1 nolu genotipten tohum toplanması,15.06.2016 (d), Sivridağ 1 nolu genotip yetiştirme ortamından toprak örneği alımı 3.06.2015 (e), Feslikan 1 nolu genotip lokasyonu GPS kaydı ve ölçümleri -03.06.2015 (f).....	32
Şekil 3.6. CIELAB renk kartı üzerinde Hue renk açılarına karşılık gelen bölgeler/rengler.....	33
Şekil 3.7. a) ve b) Genotiplere ait DNA görüntüleri	34
Şekil 3.8. Genotiplere ait silica jelde kurutulmuş yaprak örneklerinden DNA izolasyonu için örnek alınması ve izolasyon (a; b), İzole edilmiş DNA'nın jele yüklenmesi (c) ve Görüntülenmesi (d).....	38
Şekil 3.9. İkinci çimlenme denemesinden genel bir görünüş (a), Çimlenme denemelerinin yürütüldüğü firma serasından genek bir görünüm (b).....	47
Şekil 3.10. Birinci çelik denemesinden genel bir görünüş (a), Çeliklerin IBA solüsyonuna batırılması (b), Çeliklerin saksılara dikilmesi (c), Dikim işlemi bittikten sonra denemeden genel bir görünüş (d).....	49
Şekil 4.1. Beycik popülasyonuna ait Beycik (4) nolu genotipin çiçek kurulları ve yapraklar (a), Kesmeboğazı popülasyonunda Kesmeboğazı (2) genotipine ait çiçek kurulları ve yapraklar (b), Tünektepe (2) nolu genotipin yaprakları (c) Altınyaka (3) nolu genotipin çiçek kurulları ve yapraklar (d).....	51
Şekil 4.2. Genotip düzeyinde morfolojik verilere ait Temel Bileşenler Analizi (TBA).....	61
Şekil 4.3. Genotip düzeyinde morfolojik verilere ait Kümeleme Analizi.....	62
Şekil 4.4. Popülasyonlar düzeyinde morfolojik verilere ait Kümeleme ve Temel Bileşenler Analizi(TBA).....	64
Şekil 4.5. Popülasyonlar düzeyinde morfolojik verilere ait Kümeleme Analizi.....	65
Şekil 4.6. Genotiplerin Bulk DNA'larının 208 SRAP primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin %2'lik agaroz jel görüntüsü.....	66
Şekil 4.7. Genotipler için kullanılan Em 10- Me 12 ve Em 1 - Me 11 SRAP primerleri ile elde edilen PCR ürünlerinin %2'lik agaroz jeldeki görüntüleri.....	68
Şekil 4.8. Genotiplerin DNA Bulk'larının iPBS primerleri ile taranması sonucu elde edilen PCR ürünlerinin jel görüntüsü.....	69

Şekil 4.9. Genotipler için kullanılan iPBS primerleri ile elde edilen PCR ürünlerinin %2'lik agaroz jeldeki görüntüleri.....	71
Şekil 4.10. Genotip düzeyinde moleküler veriye Ait Temel Bileşenler Analizi (TBA).....	73
Şekil 4.11. Genotip Düzeyinde moleküler veriye ait Kümeleme Analizi	74
Şekil 4.12. Genotip düzeyinde moleküler ve morfolojik veriye ait Temel Bileşenler Analizi (TBA).....	76
Şekil 4.13. Genotip düzeyinde moleküler ve morfolojik veriye ait Kümeleme Analizi.....	77
Şekil 4.14. <i>D. hastata</i> popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma katsayı değerleri (F_{ST}) ile elde edilen dendogram.....	84
Şekil 4.15. <i>D. hastata</i> popülasyonlarına ait Genetik Mesafe Değerlerine (Nei's genetic distance) göre çizilen dendogram.....	87
Şekil 4.16. Çalışma alanına ait eğim haritası.....	90
Şekil 4.17. Çalışma alanına ait bakı haritası.....	91
Şekil 4.18. Corine arazi sınıflamasına göre çalışma alanına ait alan kullanımları/arazi örtüsü haritası.....	92
Şekil 4.19. Çalışma alanında var olan korunan alanlar (Milli park).....	93
Şekil 4.20. Çalışma alanı içerisinde popülasyonlar arası çizilen koridorlar (100, 250, 500 ve 1000 metre genişlikte).....	94
Şekil 4.21. Hisarçandır lokasyonunda gözlemlenen bitkilerdeki otlatma baskısı (a), Gölcük (b) ve Alakır lokasyonlarında türe ait genotiplerin bilinçsiz ve yoğun toplanması/kesimi (c).....	98
Şekil 4.22. Çimlenme denemesinin yapıldığı viyollere ait genel bir görünüş (a), Çimlenme görülen suda bekletme yapılmış tohumlara ait görüntü (b), Çimlenme görülen kontrol tohumlarına ait görüntü(c), Çimlenen bir tohumdan çıkan <i>D.hastata</i> türüne ait fide (d).....	105
Şekil 4.23. Kontrol-1000ppm-2000ppm-3000ppm-4000ppm IBA uygulanan çelikler (a), Kontrol grubu çelikleri (b), 1000 ppm. IBA uygulanan çelikler (c), 2000 ppm. IBA uygulanan çelikler (d), 3000 ppm. IBA uygulanan çelikler (e), 4000 ppm IBA uygulanan çelikler(f).....	107

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Popülasyonlar ve örnekleme için belirlenen genotiplere ait GPS, rakım, ve bakı verileri.....	28
Çizelge 3.2. SRAP analizinde kullanılan ileri(forward) ve geri (reverse) primerlerinin sekans bilgileri.....	35
Çizelge 3.3 Polimorfizm gösteren 13 SRAP primer kombinasyonu.....	35
Çizelge 3.4. SRAP analizinde kullanılan PCR bileşenleri.....	35
Çizelge 3.5. SRAP analizlerinde kullanılan PCR döngüsü.....	36
Çizelge 3.6. İnter-primer bağlanma bölgeleri primerleri (iPBS) ve seakans bilgileri.....	36
Çizelge 3.7. En çok bandı veren 12 adet iPBS primerleri ve optimum bağlanma sıcaklıkları.....	37
Çizelge 3.8. iPBS analizlerinde kullanılan PCR bileşenleri.....	37
Çizelge 3.9. iPBS analizlerinde kullanılan PCR döngüsü.....	38
Çizelge 3.10. Çimlenme denemesinde kullanılan her bir popülasyonu temsil eden genotiplerin isimleri, kodları ve tohumların toplanma tarihleri.....	47
Çizelge 4.1. <i>Dorystoechas hastata</i> genotiplerinin morfolojik karakterler açısından popülasyonlar arası ve içi varyans analizi sonuçları.....	55
Çizelge 4.2. <i>Dorystoechas hastata</i> genotiplerinin bazı morfolojik/ekolojik karakterler açısından popülasyonlar arası varyans analizi sonuçları ve popülasyonlara ait ortalama ve standart sapma değerleri.....	56
Çizelge 4.3. <i>Dorystoechas hastata</i> popülasyonlarının bazı morfolojik karakterlerine ait ortalama ve standart sapma değerleri.....	57
Çizelge 4.4. <i>Dorystoechas hastata</i> genotiplerinin yetiştirme ortamı toprak özellikleri açısından popülasyonlar arası varyans analizi sonuçları ve popülasyonlara ait ortalama ve standart sapma değerleri.....	58
Çizelge 4.5. <i>D.hastata</i> genotiplerine ait morfolojik karakterler ve yetiştirme ortamına ait özellikler (rakım, bakı ve edafik faktörler) arasındaki ilişkileri (r) açıklayan korelasyon analizi sonuçları.....	59
Çizelge 4.6. Bulk-1 DNA'nın taranmasında kullanılan SRAP primer kombinasyonları.....	67
Çizelge 4.7. Bulk-1 ve Bulk-2 DNA'nın taranmasında kullanılan iPBS primer kombinasyonları ve bağlanma sıcaklıkları.....	70
Çizelge 4.8. Kullanılan iPBS ve SRAP primerleri, seakans bilgileri, primer başına elde edilen toplam lokus sayısı (n), poliformik lokus sayısı (np) ve oranı (%).....	78
Çizelge 4.9. Çalışılan 15 <i>D.hastata</i> popülasyonuna ait ortalama allel sayısı (n_a), ortalama etkili allel sayısı (n_e), Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h) Shannon indeksi (H_o), Polimorfik lokus sayısı (n_p), Polimorfik lokus oranı (p_{poly}) ve Standart Sapmaları.....	79

Çizelge 4.10. <i>D. hastata</i> popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma katsayı değerleri (Pairwise F_{ST}).....	83
Çizelge 4.11. <i>D. hastata</i> popülasyonlarına ait genetik benzerlik (Nei's original measures of genetic identity) (Köşegen üstü) ve genetik mesafe Değerleri (genetic distance) (Köşegen altı).....	86
Çizelge 4.12. Tüm popülasyonlara ait AMOVA(Moleküler Varyans Analizi) tablosu.....	88
Çizelge 4.13. Popülasyonlara ait F_{ST} indeksleri.....	89
Çizelge 4.14. Altınyaka popülasyonu ile diğer popülasyonlar arası 100-250-500-1000 metre koridor genişliklerinde öklit mesafesi, rakım, alan kullanımları/arazi örtüsü, ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) ve genetik benzerlik (%) durumları.....	95
Çizelge 4.15. <i>D. hastata</i> popülasyonlara ait IIC ve PC değerleri.....	99
Çizelge 4.16. Popülasyonların bağlantılılık durumu ile genetik çeşitlilik/mesafe indeksleri arasındaki ilişkiler.....	99
Çizelge 4.17. Farklı lokasyonlardan toplanan <i>D.hastata</i> türü tohumların 1 ay soğuklama ve kontrol muamelelerinin çimlenme oranları, ortalama ve standart sapma değerleri.....	103
Çizelge 4.18. Farklı lokasyonlardan toplanan <i>D.hastata</i> türü tohumların 1 ay soğuklama ve kontrol muamelelerinin çimlenme oranları, ortalama ve standart sapma değerleri (3. Çimlenme denemesi).....	104
Çizelge 4.19. <i>D.hastata</i> türünün çeliklerine uygulanan faktörlerin (Kontrol, 1000, 2000, 3000, 4000 ppm IBA) köklenmeye olan etkileri.....	109

1. GİRİŞ

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

Doğal ve yarı doğal habitatlardaki kayıplar ve bozulmalar dünya peyzajlarını tehdit eden önemli bir unsurdur (Liira vd 2008, Aavik vd 2014). Habitat alanlarının bozulması, popülasyonlarda genetik çeşitliliğin azalmasına ve popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın artmasına neden olmaktadır. Bu durum ise popülasyonların uyum gücünü ve hayatta kalma şansını doğrudan etkilemektedir (Aavik vd 2014, Leimu vd 2006). Bu nedenle, bölünmüş habitatlar ve popülasyonlar arasında bağlantılılığın sağlanarak gen akışının devam etmesine olanak sunulması koruma planlamasının en önemli amaçlarından birini oluşturmaktadır (Aavik vd 2014, Clark vd 2008).

Ülkemiz, Avrupa ve Orta Doğunun en zengin biyolojik çeşitliliğe sahip ülkelerinden biri olup, bu açıdan küçük bir kıta özelliği göstermektedir (Çevre Bakanlığı 2007). Bunun nedenleri; bünyesinde Avrupa-Sibirya, Akdeniz ve İran-Turan olmak üzere üç fitocoğrafik bölgeyi bulundurması, iklim tipleri ve jeomorfolojik özelliklerin çeşitliliği, deniz, göl, akarsu, tatlı, tuzlu ve sodalı göller gibi değişik sulak alan tiplerinin varlığı, farklı ekosistem tiplerine sahip olması, Avrupa ülkelerine göre buzul döneminden daha az etkilenmesi, Kuzey Anadolu’yu Güney Anadolu’ya bağlayan Anadolu Diyagonalı’nın varlığı (Avcı 1993) ve buna bağlı olarak oluşan ekolojik ve floristik farklılıklar ile üç kıtanın birleşme noktasında yer alması şeklinde sıralanabilir (Atik vd 2010, Kahraman vd 2012). Bu farklılıklar ülkemize endemizm ve genetik çeşitlilik açısından da zenginliği beraberinde getirmiştir. Tüm Avrupa kıtasında 12.000’den fazla açık ve kapalı tohumlu bitki türü olduğu bilinirken (Barthlott vd 1999, European Union 2011), Anadolu’da bu sayının son eklenen türlerle birlikte yaklaşık 12.000 olduğu bilinmekte olup, floramızın yaklaşık %34’ünün de (Avcı 2005, Yılmaz 2013) endemik türler olduğu belirtilmiştir. Endemik türlerin ülkemizdeki yayılışı incelendiğinde Akdeniz Bölgesi’nin ilk sırada yer aldığı bilinmektedir (Ekim vd 2000). Yüksek endemizme sahip Türkiye florası, tıbbi ve aromatik bitkiler açısından da oldukça zengindir. Bu yüksek endemizm düzeyi, Türkiye’ye bu türlerin yeterince korunması ve yok olmaması konusunda daha da büyük bir sorumluluk yüklemektedir.

Çeşitli kullanımlar etkisiyle parçalanmış ve izole edilmiş/olmuş popülasyonlardaki mevcut bitki türlerinin, peyzaj karakteristiklerindeki farklılaşmaya

paralel olarak demografik ve genetik yapıları zarar görmektedir (Haag vd 2010, Astorga vd 2001). Bu bakımdan parçalanarak izole olmuş popülasyonlara sahip endemik türlerin koruma stratejilerini belirlerken, öncelikle bu popülasyonların genetik yapılarındaki farklılaşmayı ortaya koymak ve kendilemeyi önleyecek ve popülasyonlar arası genetik bağlantıyı sağlayacak şekilde peyzaj koruma/kullanım ve yönetim planlarının oluşturulması önemlidir. Popülasyonların genetik yapısı ile peyzaj yapısı dolayısıyla habitat kalitesi arasındaki ilişkinin varlığı ve derecesinin ortaya konması özellikle nesli tehlike altında olan endemik türlerin koruma stratejilerin belirlenmesinde oldukça önemlidir. Ancak bu türlere yönelik koruma stratejilerin geliştirilmesinde etkin bir araç olarak gösterilen; farklı popülasyonlar arasındaki genetik varyasyonu ve peyzaj unsurlarının bu genetik varyasyona olan etkilerini araştıran peyzaj genetiği çalışmaları ülkemizde yok denecek kadar azdır. Günümüzde pek çok Avrupa ülkesinde ve Amerika'da mevcut biyolojik çeşitliğinin korunması ve sürdürülebilmesi kapsamında türlerin yok olmasına neden olan faktörler ve etkin koruma stratejilerinin belirlenmesine yönelik çalışmalara ağırlık verilmiştir.

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

Bir türe ait genetik varyasyonun peyzajdaki değişimlere karşı vermiş olduğu tepkilerin anlaşılması genetik ve mekânsal verinin bir araya getirilerek geliştirilmesiyle ortaya konabilmektedir (Hall ve Beissinger 2014). Peyzajın genetik varyasyon üzerine olan etkisi uzun süredir biliniyor olmakla beraber (Wright 1943, Dobzhansky 1947, Hall ve Beissinger 2014), popülasyon genetiği ve peyzaj ekolojisi kavramlarının entegrasyonu ile yeni teorilerin ortaya atılması ve peyzaj genetiği kavramının ortaya çıkması son yıllarda olmuştur (Holderegger and Wagner 2006, Storfer vd 2010). Uzun yıllardır araştırmacılar tarafından ilişkilendirilmek istenen iki kavram olan ekoloji ve popülasyon genetiği, disiplinler arası eşitsizliklerin varlığından dolayı karmaşık bir durum olarak karşımıza çıkmıştır. Bu noktada ihtiyaca cevap veren peyzaj genetiği kavramı; popülasyon genetiği, peyzaj ekolojisi ve mekânsal istatistik konularının entegrasyonunda araştırmacılara kolaylık sağlamaktadır (Manel ve Holderegger 2013). Çevre üzerinde yapılan multidisipliner araştırmalar ve peyzaj genetiği konusunda yürütülen çalışmaların hız kazanması araştırmacılara çok sayıda çalışma planı ve analiz seçeneği sunmaktadır (Storfer vd 2006, Balkenhol vd 2009, Hall ve Beissinger 2014, Anderson vd 2010, Spear vd 2010). Yeni araştırmacılar peyzaj genetiği çalışmalarının kurgulanması, uygulanması ve yorumlanması konusundaki zorlukların üstesinden gelmeye çalışmaktadır (Hall ve Beissinger 2014).

Peyzaj genetiği çalışmaları öncelikle ayrılmış popülasyonların görüldüğü peyzajları konu almaktadır. Gen akış şeklinin ve yerel adaptasyon süreçlerinin üzerinde durup genetik devamsızlığın belirlenmesini içeren analizler yaparak, bu devamsızlık ve

peyzaj özellikleri arasında ilişkiler kurulması peyzaj genetiği çalışmalarının amaçlarındandır (Holderegger ve Wagner 2006, Latta 2006). Elde edilen sonuçlar türlerin korunması ve yönetilmesinde etkin bir araç olarak kullanılmaktadır (Balkenhol vd 2009).

Peyzaj genetiği konusunda yapılan çalışmaları inceleyen Storfer vd (2010) araştırmaların %90'ının tek tür üzerine yapıldığını belirlemiştir. Ayrıca araştırmalara konu olan türlerin %62'sinin omurgalılar, %18'inin omurgasızlar, %14,5'inin bitkiler, %3'ünün bakteriler, %3'ünün virüsler, %1'inin likenler ve %0,5'inin mantarlardan oluştuğunu vurgulamıştır. Türler göre kullanılan çalışma deseni ve analitik yaklaşımların farklılık gösterdiğini ve araştırmalara konu olan türlerin çoğunun hayvan türleri olmasının bazı nedenleri olduğunu belirtmiştir. Bu nedenler şu şekilde özetlenebilir: (1) Türlerin genetik yapısını etkileyen çevresel koşullar ve değişkenler açısından yaşamlarını sabit şekilde geçiren bitki türlerinin hareketli olan hayvan türlerine göre etkilenme derecelerinin daha fazla olması, (2) hayvan popülasyonlarında kullanılan genetik çeşitlilik belirleme yöntemlerinin bitki popülasyonlarında kullanılan yöntemlere göre daha güvenilir ve kesin sonuçlar vermesi (Storfer vd 2010).

Bu araştırmaya konu olan relikt endemik *Dorystoechas hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham türü yoğun uçucu ve aromatik yağ içeriklerinden dolayı tıbbi ve aromatik özelliklere sahip birçok bitki türünü içinde barındıran Ballıbabagiller (Lamiaceae) familyasına ait endemik bir tür olup, IUCN Kırmızı Liste'de VU (Vulnerable-Hassas) statüsüyle korunmaktadır (Ekim vd 2000). Uçucu yağ eldesi nedeniyle ekonomik öneme sahip olan (Valant-Vetschera vd 2003) *D. hastata*, Lamiaceae familya üyelerinden monotipik bir cins olan *Dorystoechas*'a ait tek türdür. Antalya yöresinde "Çalba" olarak bilinmekte ve adaçayı gibi çay olarak tüketilmektedir (Meriçli ve Meriçli 1986).

Biyolojik çeşitliliğin korunmasında popülasyonların genetik yapılarındaki değişimin ortaya çıkarılması ve bu değişime habitat kalitesinin ve mevcut peyzaj yapısının etkisinin araştırılması amaçlanmaktadır. *D. hastata* gibi sadece sınırlı bir çevreye hapsolmuş ve kültüre alınmamış endemik türlerde genetik çeşitliliğin korunabilmesi dikkatli planlama ve kullanım gerektirmektedir. Özellikle peyzaj kullanımlarına bağlı olarak oluşan habitat parçalanmaları ve izolasyonlar, popülasyonlar arasındaki gen akışını azaltmakta veya yok etmekte, dolayısıyla genetik çeşitliliğin sürdürülebilmesini tehlikeye atmaktadır.

Bu araştırmanın amacı; relikt endemik özelliği ile sadece Antalya'da Kumluca-Kemer-Korkuteli arasında sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünün peyzaj genetiği kapsamında ele alınmasıdır. Türe ait popülasyonların genetik yapılarındaki DNA farklılıklarını araştırmak ve peyzaj yapısıyla şekillenmiş olan habitat bağlantısallığının türün genetik yapısındaki varyasyona etkilerini ortaya koymak amaçlanmıştır. Bir başka ifade ile, türün habitatını oluşturan peyzaj unsurlarının oldukça sınırlı bir alanda hapsolmüş olan relikt endemik bu türe ait popülasyonların genetik yapısını etkileme durumu ortaya konarak temel bilime katkı sağlanması hedeflenmiştir. Böylelikle bu türün etkin koruma stratejisinin belirlenmesi hedeflenmiş ve peyzaj planlama ve koruma çalışmalarında peyzaj genetiğinin entegre edilmesi planlanmıştır. Ayrıca *D. hastata* türünün potansiyel süs bitkisi ve tıbbi-aromatik bitki olarak kültüre alınması ve ıslah programının başlatılmasında ilk basamak olan türün çoğaltım olanakları belirlenmesi de çalışmanın önemli bir kısmını oluşturmuştur.

2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMALARI

Nüfus yoğunluğunun artması peyzaj üzerinde insan kaynaklı sorunların doğmasında önemli rol oynamakta olup, bu durum özellikle tür sayısının azalması ile sonuçlanmaktadır. Bu nedenle nüfus yoğunluğu ile biyolojik çeşitliliğin yakından ilişkili olduğu savunulmaktadır (Thompson ve Jones 1999, Partel vd 2007). İnsan etkisiyle ortaya çıkan habitat kaybı ve parçalanma karasal biyoçeşitliliği tehdit eden diğer unsurlar olarak sıralanabilir (Baille vd 2004, Prugh vd 2008). Dünya üzerinde toprakların %40'ının tarım arazisine dönüştürüldüğü (Foley vd 2005) ve bu şekilde Amerika Birleşik Devletleri, Filipinler ve Gana gibi ülkelerin doğal habitatlarının %90'ını kaybetmiş olduğu bildirilmektedir (Noss vd 1995, World Resources Institute 1998, Prugh vd 2008). Avrupa tarımsal peyzajlarında da bu nedenle genetik çeşitlilikte büyük azalmaların yaşandığı rapor edilmektedir (Leimu vd 2006). Son yıllarda doğa üzerine yapılan müdahaleler nedeniyle, çoğu türe ait hayatta kalmış olan popülasyonlar da habitat parçalanmasından ve izolasyon nedeniyle tehdit altındadır (Stoate vd 2001, Fahrig 2003, Keller vd 2012). Bu negatif trendle başa çıkabilmek için, habitat parçalarının korunması ya da restorasyonunu temel alan birçok koruma stratejisi geliştirilmektedir (Reed 2004). Parçalanmış habitatlar arasında bağlantılılığın artırılması koruma planlamasının temel hedefleri arasında yer almaktadır (Brückmann vd 2010).

Genetik çeşitlilik, bitki türlerine ait popülasyonların değişen çevresel koşullara adaptasyonlarını sağlayan bir mekanizmadır. Genetik çeşitliliğin azalması, uyum gücünün azalması ve tükenme riskinin artması anlamına gelmektedir (Hughes vd 2008, Jump ve Marchant 2009, Helm vd 2009). Farklı yayılma modelleri, mutasyonların birikmesi, popülasyon büyüklüğünde değişimler, genetik sürüklenme, kendilenme, peyzaj yapısı ve habitat kalitesindeki değişimler (Helm vd 2009) ve bu değişimler sonucu habitatlar arasında gen akışının kesilmesi popülasyonlarda genetik çeşitliliği etkileyen tarihsel ve evrimsel süreçlerdir. İzole olmuş ve parçalanmış habitatlar arasında gen akışının kesilmesi tür kaybına neden olmaktadır. Bu durum da genetik varyasyonda azalma anlamına gelmektedir (Spielman vd 2004, Ouborg vd 2006). Bu etkilerin endemik türlere ait popülasyonlarda daha etkili olduğu ve yok olmalarında daha fazla rol oynadıkları farklı araştırmacılar tarafından da belirtilmiştir (Frankham 1997, Frankham 1998, Hamner vd 2012). Yeni Zelanda'nın kuzey ve güney adalarına ait endemik bir yunus türü olan *Cephalorhynchus hectori*'nin bu antropojenik ve genetik faktörler nedeniyle tehdiye maruz kaldığı bildirilmiştir (Frankham 1997, Frankham 1998, Hamner vd 2012).

Doğal ve yapay nedenlerle birbirinden ayrılmış habitatlarda yaşamını sürdüren popülasyonlar arasında genetik materyalin transferi olarak tanımlanan gen akışı, popülasyonların hayatta kalabilmesi açısından oldukça önemli olan unsurların başında gelmektedir (Aavik vd 2014). Yükseklik (ani rakım farklılıkları) ve coğrafi bariyerler (dağ, akarsu, vadi vb.) popülasyonları ayıran doğal bariyerler olarak sıralanabilir. Bu gibi yapılar türlere ait habitatları birbirinden ayırarak gen akışını engellemekte, popülasyonların genetik ve morfolojik anlamda birbirinden farklılaşmasını sağlayabilmektedir. Örneğin keskin yükseklik farklılıklarının polen akışını olumsuz yönde etkilediği bilinmektedir (Keller vd 2002, Aavik vd 2014). Tsuda vd (2010) Japonya'da dağlık bir bölgede yayılış gösteren *Betula maximowicziana* türüne ait 16 popülasyon ile yürütmüş oldukları çalışmada, dağ silsilelerinin genetik bariyer etkisi

yarattığını belirlemiştir. Çalışılan bu tür özelinde coğrafik yapının genetik çeşitliliği etkilediğinin ortaya konulduğu araştırmada, dağ silsilelerinin polenlerin rüzgarla taşınmasını engelleyerek genetik bariyer etkisi yaratabileceği olasılığı vurgulamıştır. Vernesi vd (2012) İtalyada bir meşe türü olan *Quercus ilex* popülasyonlarında yürütmüş oldukları araştırmada, genetik çeşitliliğin seviyesi, popülasyonlar arası genetik çeşitlilik, çevresel ve iklimsel faktörlerin genetik çeşitlilik üzerine olan etkisini araştırmışlardır. Çalışma sonucunda bu türe özgü olarak toprak derinliği, eğim, rakım ve nem gibi ekolojik faktörlerin genetik çeşitliliğin şekillenmesinde önemli derecede rol oynadığını belirlemiştirler. Guajardo vd (2010) bir akasya türü olan *Acacia mellifera*'nın peyzaj genetiği açısından değerlendirdikleri çalışmalarında, 5 bölgede toplam 28 lokasyondan 791 adet *Acacia mellifera* bireyinin genetik yapıları üzerine ekolojik ve coğrafik özelliklerin etkilerini araştırmışlardır. Popülasyonlar arası mesafelerin ve yüksekliklerin genetik çeşitliliği etkilediğini bildirmişlerdir.

Hayvan popülasyonlarında gen akışı bireylerin hareket kabiliyetiyle ilişkili iken, bitki popülasyonlarında gen akışı %90 oranla polen hareketi ve tohum yayılımı ile bağlantılıdır (Petit vd 2005). Popülasyonlar arasında gen akışının belirlenmesinde genel olarak kullanılan iki farklı yöntem bulunmaktadır. Bunlar moleküler markırların yardımıyla gerçekleştirilen (1) ortalama göç oranının (N_m) dolaylı olarak tahmin edilmesi ve (2) genellikle hayvan popülasyonları için uygun bir yöntem olarak kullanılan markalama-tekrar yakalama gibi genetik etiketleme yöntemleri ile direk olarak mevcut dağılım oranının belirlenmesi olarak sıralanmaktadır. Ortalama göç oranının belirlendiği ilk yöntemi; (1) popülasyonlar arasında allel frekansı değişimlerinden (F_{ST}), (2) popülasyondaki özel belirlenmiş allellerin oranından ve (3) hem allel frekansları hem de özel allellerin oranının birlikte kullanıldığı olasılıksal yöntemler kullanılarak belirlenebilmektedir (Allendorf ve Luikart 2007). Dolaylı tahmin metodlarının geneli Wright, (1931) tarafından hesaplanan popülasyonlar arasında allel frekanslarının varyansının (F_{ST}) belirlenmesi üzerine dayanmaktadır. Allel frekanslarının varyansı, $F_{ST} = 1/(4N_m + 1)$ şeklinde formülize edilerek hesaplanmaktadır (Wright 1931, Lanzoro ve Tripet 2003, Larson vd 1984).

Peyzaj genetiği çalışmalarında popülasyon genetiğine ait verinin elde edilmesinde moleküler markırların kullanılması bu konudaki ihtiyacı gidermeye yönelik oldukça kullanışlı ve zaman kazandıran bir yöntem olmuştur. Bu kapsamda peyzaj genetiği çalışmalarında popülasyonlara ait genetik çeşitlilik, genetik farklılaşma ve heterozigotluk dereceleri gibi verilerin elde edilmesinde farklı markır sistemleri kullanıcılar tarafından tercih edilmektedir. Örneğin; Pometti vd (2012) Arjantin'de doğal yayılış alanında beş eko-bölgede bulunan on beş *Acacia caven* popülasyonunda genetik varyasyonun belirlenmesinde AFLP (Amplified fragment length polymorphisms) markır sistemini kullanmışlardır. Yapılan moleküler analizler sonucunda hem popülasyonlar arasında hem de eko-bölgeler arasında önemli farklılıkların olduğunu ortaya koymuşlardır. Escaravage vd (2011) nadir endemik bir tür olan *Aster pyrenaicus* türüne ait 12 popülasyona ait 290 bireyde ISSRs (inter simple sequence repeats) moleküler markır sistemini kullanarak genetik çeşitliliği belirlemiştirler. Genetik çeşitlilik popülasyon içinde %81-84 arasında değişirken, popülasyonlar arasında %16-18 olarak tespit edilmiştir. Martin vd (2012) İspanya'da yürüttükleri araştırmada Akdeniz bölgesi için ekonomik değere sahip *Castanea sativa* türüne ait 16 popülasyonun genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde mikrosatellit markırlardan faydalanmıştır. Popülasyonlarda genetik çeşitliliğin oldukça yüksek

olduğu bulunmuş ve genetik çeşitliliğin insan ve iklimsel çevre koşullarından etkilenebileceği belirtilmiştir. Aavik vd (2014) otsu bir bitki olan *Lychnis flos-cuculi* türüne ait 17 popülasyonda genetik farklılığın belirlenmesinde 3 adet mikrosatellit markır kullanmışlardır. Keller vd (2012) bir yusufçuk türü olan *Coenagrion mercuriale* türüne ait popülasyonların genetik farklılıklarının belirlenmesine bu türe özgü geliştirilmiş olan 12 adet mikrosatellit markır kullanmışlardır.

SRAP(Sequence-related amplified polymorphism) ve iPBS(interpprimer binding sites) moleküler markır sistemleri de yine popülasyonların genetik yapısını ortaya koymak için kullanılan moleküler belirteçlerdendir. SRAP markır sistemi Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilmiştir. PCR temelli bir sistem olan SRAP, iki primer kombinasyonu (forward ve reverse) şeklinde çalışmaktadır. Primerler 17-18 nükleotitten meydana gelmektedir ve 13-14 nükleotitten oluşan bir çekirdek sekans kısmı ve bunu takip eden 3 seçici nükleotitten oluşan bölüm bulunmaktadır. SRAP primerleri genomun fonksiyonel kısımlarını (ekspres olan genleri) ve pseudo-gen bölgelerini hedef almaktadır. SRAP primerleri genomun fonksiyonel kısımlarını hedef aldığından teorik olarak genotiplerin fonksiyonel bezerliklerini/farklılıklarını RAPD(Random amplified polymorphiz DNA) ve AFLP gibi sistemlerden daha iyi ortaya koyabilir (Li ve Quiros 2001). Kabaklarda genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan SRAP primerleri genetik yapıyı ayırt etmede AFLP primerlerinden daha etkili bulunmuştur (Ferriol vd 2003). Ferriol vd (2003) yapmış oldukları çalışmada, UPGMA analizine göre SRAP markırı ile elde edilen bilginin morfotiplerin tarihsel gelişimi ve morfolojik çeşitliliğin ortaya konmasında AFLP markör sisteminden daha uyumlu olduğunu bildirmişlerdir. iPBS primerleri ise farklı LTR (Long terminal repeat) sekanslarının korunmuş primer bağlanma bölgelerinden dizaynedilmiş (Monden vd 2014) olup, 12, 13 veya 18 bp uzunluklarındadır. Primerlerin yapışma (annealing) sıcaklıkları, primer uzunlukları ve GC içeriklerine göre 45°C ile 60°C arasında değişmektedir (Kalendar vd 2010). Kalendar vd (2010) yapmış oldukları çalışmada geliştirilen primerleri bitki materyalini taramakta kullanmışlardır. LTR bölgeleri genomun her yerine dağılmaları, yüksek kopya sayılarının olması ve kromozomların üzerinde farklı lokuslarda bulunmaları nedeniyle moleküler markır kaynağı olarak çok yüksek tanımlama potansiyeline sahiptirler.

Popülasyonlarda genetik varyasyon düzeylerinin tespit edilmesi amacıyla kullanılan birçok parametre mevcuttur. Türün popülasyonlarına özgü hesaplanan polimorfizm oranları (polimorfik lokus oranı), alel frekansları (etkin-ortalama alel sayısı), genetik çeşitlilik indeksleri(Shannon çeşitlilik indeksi, Nei'nin gen çeşitlilik indeksi), genetik farklılaşma katsayıları, moleküler varyasyonun kaynağının belirlenmesinde kullanılan Moleküler Varyans Analizi(AMOVA) bunlardan en çok tercih edilenler arasındadır. Görgülü (2012) tarafından gerçekleştirilen İç Anadolu Bölgesinde yetişen *Isatis glauca* türünün AFLP markır sistemiyle genetik çeşitliliğinin belirlenmesini konu alan araştırmada, %98,5'si polimorfik olmak üzere toplam 805 lokus üretilmiş olup ortalama polimorfik lokus oranı, ortalama etkili alel sayısı ve ortalama genetik çeşitlilik değerleri sırasıyla $P = 0,59$, $n_e = 1,59$ ve $h = 0,23$ olarak tespit edildiği belirtilmiştir. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma $F_{ST} = 0,24$ olarak hesaplanmıştır. Temel bileşenler analizi ile elde edilen üç bileşen genetik çeşitliliğin %85,61'ini açıklamakta olup, genetik uzaklık değerlerine göre UPGMA yöntemiyle oluşturulan dendrogramda örnek gruplarının iki ana gruba ayrıldığı belirlenmiştir (Görgülü 2012).

Yang vd (2015) Çin’de doğal olarak yetişen ve nadir bir palmye türü olan *Cycas panzhihuaensis* popülasyonlarında genetik çeşitliliği belirledikleri çalışmalarında AFLP markırlarını kullanılmış olup, polimorfik lokus oranı, alel sayısı, etkili alel sayısı, Shannon çeşitlilik indeksi ve beklenen heterozigotluk değerleri GenA1Ex programı ile hesaplanmıştır. Ayrıca popülasyonların birbirinden farklılaşmasını belirlemek için ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}), Kümeleme ve Temel Bileşenler Analizi kullanılmıştır. 123 bireyden elde edilen 223 lokustan, 210 tanesinin polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışılan 10 popülasyonun her biri için alel sayısı, etkili alel sayısı, Shannon çeşitlilik indeksi ve beklenen heterozigotluk ve ikili genetik farklılaşma değerleri hesaplanmış olup doğal ve kültür popülasyonları arasında anlamlı farklılıklar olduğu belirlenmiştir. Kümeleme Analizine göre popülasyonlar genel olarak üç küme oluşturma eğilimindedir. Popülasyonlar ve alt popülasyonlar arasında yaygın tespit edilen yüksek polimorfizmin nedeniyle Temel Bileşenler Analizinde temel iki bileşen genetik varyasyonun %20’sinden daha az bir kısmını açıklamıştır (Yang 2015).

Doğan vd (2016) yapmış oldukları çalışmada Asteraceae familyasından, çok yıllık, Türkiye’ye endemik bir tür olan *Uechritzia armena* bitkisinin doğal yayılış alanı olan Gümüşhane, Erzurum ve Artvin’de yayılış gösteren 4 popülasyonda 15’er genotip ile örnekleme yaparak hem morfolojik varyasyonu hem de moleküler olarak popülasyon yapısını ortaya koymaya çalışmışlardır. Genotiplerden çiçek kurulu ve yaprak boyu ebatlarına dair ölçümler ile genotipin bulunduğu yerden toprak örnekleri alınmıştır. Popülasyonlar arasında genetik çeşitliliğin varlığını ortaya koymak için RAPD markır sistemi kullanılmıştır. 16 primerden 127 bant elde edilmiş olup, primer başına düşen ortalama bant sayısı 7,94’tür. Skorlanan jel görüntüleri sonuçları POPGEN popülasyon genetiği programında değerlendirilmiştir. Popülasyonların Nei’nin gen çeşitliliği indeksine(h) göre aldığı değerler 0,166 ile 0,183 arasında, Shannon çeşitlilik indeksine(H_o) göre aldığı değerler 0,258-0,299 arasında değişmiştir. Genetik çeşitlilik popülasyon seviyesi düşük bulunurken, tür seviyesinde yüksek olduğu tespit edilmiştir (Doğan vd 2016).

Saussurea chabyoungsanica türünde ise tür seviyesinde polimorfizm oranı(P) %95,16, Nei’nin gen çeşitliliği indeksi(h)=0,352 ve Shannon çeşitlilik indeksi (H_o)= 0,445, popülasyon seviyesinde ise P: 45.6%; h: 0.173; H_o : 0.207 olarak tespit edilmiştir (Jeong vd 2012).

Yine başka bir tür olan *Opisthopappus longilobus*’de P: 95.16%, h: 0.349, H_o : 0.517 şeklinde, tür seviyesinde ise P: 68.55%; h:0.271; H_o : 0.395 olarak belirlenmiştir. *Opisthopappus taihangensis* türüne ise tür seviyesinde P: 94.58%; h: 0.332; H_o : 0.504 şeklinde, popülasyon seviyesinde ise P:71.50%; H: 0.208; H_o : 0.310 olduğu tespit edilmiştir (Wang ve Yan 2013).

Endemik bitki popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin belirlenmesine yönelik yapılan araştırmalarda, dar yayılışa sahip olmasına rağmen yüksek genetik çeşitliliğin tespit edildiği türlerin olması yanında düşük genetik çeşitlilik içeren türlerin var olduğu belirlenmiştir (Hamrick vd 1979, Doğan vd 2016, Karron vd 1988).

Endemik bir çam olan *Pinus torreyana* Parry ex Carr. türünde (Ledig ve Comkle 1983), Sierra Nevada’ya ait nadir endemik bir tür olan *Wyethia reticulata* türünde (Ayres ve Ryan 1999) ve Kuzey Kaliforniya (Amerika)’ya ait endemik *Calystegia*

collina türünde (Wolf vd 2000) popülasyon içi genetik çeşitliliğin popülasyonlar arası genetik çeşitliliğe göre daha düşük olduğu belirlenmiştir.

Linhart ve Premoli (1993)'nin Kuzey Kolorado'da 7 ayrılmış popülasyonla yayılış gösteren *Aletes humilis* türünü genetik çeşitlilik açısından daha geniş bir yayılışa sahip *A. acaulis* ile kıyaslamıştır. Bu kapsamda geniş yayılış gösteren *A. humilis* türünün genetik olarak diğer nadir endemiklerle karşılaştırıldığında daha fakir olduğu belirlenmiştir. Biyokimyasal ve morfolojik özellikler açısından değerlendirildiğinde *A. humilis*'in *A. acaulis*'ten ayrılarak türleştiğini belirtmiştir.

Genetik çeşitliliğin yüksek tespit edildiği çalışmalara örnek verecek olursak González-Astorga ve Nunez-Farfan (2001) habitat fragmentasyonu nedeniyle bölünmüş popülasyonlara sahip, Meksika'ya ait endemik bir çalı olan *Brongniartia vazquezii* türünde allelik zenginlik, genetik çeşitlilik ve gen akış değerlerinin yüksek olduğu belirlenmiştir.

Karron vd (1988) yapmış oldukları çalışmada, evrim teorisine göre dar yayılış alanına sahip bireylerin düşük genetik polimorfizm gösterdiğini belirtmiştir. *Astragalus* cinsine ait 3 ayrı türde yürüttükleri çalışmada geniş yayılım gösteren *A. pectinatus* türünün diğer *A. linifolius* ve *A. osterhouti* türlerine göre genetik polimorfizm oranının daha yüksek olduğunu belirlemiştir.

Gonzalez-Astorga ve Castillo-Campos (2004) nadir endemik bir ağaç olan *Antirhea aromatica* türünde genetik varyasyon, gen akışı değerleri açısından çalışılan popülasyonların yüksek varyasyona sahip olduğunu belirtmişlerdir. Quihui vd (2002), *Castanopsis fargesii* türünün doğal popülasyonları arasındaki RAPD markırları kullanılarak genetik yapının belirlendiği çalışmada, tür seviyesinde polimorfizm oranının %40,78 olduğu belirlenmiştir. Tür seviyesinde Shannon (H_0) çeşitlilik indeksini 0,4597, Nei'nin gen çeşitliliği indeksini(h) ise 0,296 olarak belirlemiştir. AMOVA analizi sonucunda ise popülasyon içinden kaynaklanan varyasyon toplam varyasyonun %94,97'si, popülasyonlar arası ise toplam varyasyonun %5,03'ü olduğu belirtilmiştir (Quihui vd 2002).

Zhang vd (2009) sucul ortamda yaşamını sürdüren bir monokotiledon olan *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünün doğal popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği ISSR markırlarıyla belirledikleri çalışmada çalıştıkları 4 popülasyonda 120 genotiple ve 15 ISSR primeriyle çalışarak 214 bant elde etmiş olup elde ettikleri bantların %79,44'ü polimorfik olarak belirlenmiştir. Popülasyonlarda gözlenen alel sayısı 1.8421-1.8934; efektif alel sayısı 1.7509-1.7611; Nei'nin gen çeşitlilik indeksi(h) 0,2599-0,2776 ve Shannon çeşitlilik indeksi ise 0,4013-0,4401 arasında değişiklik göstermiştir. Ayrıca *O. acumianata* türünde kirli suyun popülasyonun genetik çeşitliliğini arttırdığı sonucunda varılmıştır. AMOVA analizi sonucunda toplam varyasyonun %59,42'sinin popülasyonlar arası farklılıklardan, %40,58'inin ise popülasyon içi varyasyondan kaynaklandığını belirtmiştir. (Zhang vd 2009).

Peyzaj bağlantılılığı; yamalar arasında hareketin engellenmesi ya da olanak sağlanmasının derecelendirilerek ifade edilmesi olarak tanımlanmakta olup (Taylor vd 1993) biyoçeşitliliğin korunması, doğal ekosistemlerin devamlılığı, bütünlüğünün sağlanması ve kararlılığı açısından önemli rol oynamaktadır (Taylor vd 1993, Saura ve Pascual-Hortal 2007a). Hayvanların yayılması, gen akışı ve bir peyzajın sunduğu diğer

bir çok ekolojik fonksiyon nedeniyle, bağlantılılık yaban hayatı popülasyonlarının hayatta kalmasında ve türlerin kaybolma riskinin azalmasında en önemli faktördür. Bu gibi nedenlerden dolayı bağlantılılık koruma planlamasında ve peyzaj değişim analizlerinde temeli oluşturmaktadır (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Saura ve Pascual-Hortal 2007a, Saura ve Pascual-Hortal 2007b). Fakat bunu fiili bir karar verme mekanizmasına entegre etmeden önce, bu bağlamda bağlantılılığın nasıl ölçüleceği konusu oldukça önemlidir (Calabrese ve Fagan 2004, Saura ve Pascual-Hortal 2007a).

Saura ve Pascual-Hortal (2007a) yayınlamış oldukları derlemelerinde koruma uygulamalarında farklı ölçümler ve tanımlamaları içeren birçok bağlantılılık yaklaşımlarının bulunduğunu (Schumaker 1996, Keitt vd 1997, Tischendorf ve Fahrig 2000a, Moilanen ve Hanski 2001, Goodwin 2003, Calabrese ve Fagan 2004, Pascual-Hortal ve Saura 2006) ancak yinede bu alanda eksikliklerin olduğunu ve bu alanda yeni araştırmalara ihtiyaç duyulduğunu vurgulamışlardır (Saura ve Pascual-Hortal 2007a). Büyük habitat parçalarının küçük parçalara göre ayrıca bağlantılı habitat parçalarının izole olanlara göre daha fazla tür içermeleri korumaya yönelik teori ve uygulamaların temelini oluşturmaktadır (MacArthur ve Wilson 1967, Prugh vd 2008).

Habitatlar arasında bağlantılılığın hesaplanmasında iki yöntem üzerinde durulmuştur. Bunlar; yapısal ve fonksiyonel olarak tanımlanmaktadır. Yapısal bağlantılılık peyzaj unsurları ve onların mekânsal konfigürasyonunun (düzeninin) analizi şeklinde belirlenmekte olup, fonksiyonel bağlantılılık ise türlerin peyzaj unsurlarına karşı verdikleri davranışsal cevabı tanımlamakta, dağılım ve gen akışının ölçülmesiyle ifade edilmektedir (Tischendorf ve Fahrig 2000a, Keller vd 2012, Aavik vd 2014). Fonksiyonel bağlantılılık bireylerin veya genlerin popülasyonlar arasında gerçek anlamda hareketini yansıtan bir ölçüdür (Tischendorf ve Fahrig 2000b).

Yapısal bağlantılılık kolay ve doğru bir şekilde CBS (Coğrafi bilgi sistemleri) tabanlı peyzaj metrikleri yardımıyla hesaplanabilmekte olup, popülasyon ya da habitat ağındaki topoğrafyanın değerlendirilmesiyle veya basitçe popülasyonlar ya da habitatlar arasındaki coğrafi mesafelerin hesaplanmasıyla ölçülmektedir. Yapısal bağlantılılık genellikle fonksiyonel bağlantılılığı temsil etmek üzere kullanılmaktadır. Oysaki peyzajın mekânsal konfigürasyonu ve kompozisyonu ile türün tepkisi arasında bir bağlantı olması zorunlu değildir (Tischendorf ve Fahring 2000a). Bununla birlikte, habitat düzeyinde bir restorasyon çalışmasında sadece yapısal bağlantılılığın sağlanarak değil, aynı zamanda fonksiyonel bağlantılılığın da artırılmasının hedeflenmesiyle başarı sağlanabileceği vurgulanmıştır (Tischendorf ve Fahring 2000a, Tischendorf ve Fahring 2000b).

Fonksiyonel bağlantılılık türlerin hareketlerinin direk gözlemlenmesiyle, örneğin markala-tekrar yakala, radyo dalgalarıyla izleme gibi çalışmalarla ya da dolaylı olarak popülasyon genetiğine ait verinin kullanılmasıyla ölçülerek elde edilebilir (Keller vd 2010). Bitkilerde tohum ve polen yayılımıyla ilgili direkt ölçümler oldukça zaman ve işgücü gerektirmektedir ve yayılım mekanizmasının mekânsal ve zamansal kapsamını güçlü bir şekilde göz ardı edilmektedir (Kamm vd 2010). Bu nedenle bitki popülasyonlarında fonksiyonel bağlantılılığı belirlemenin en iyi yolu genetik bilgidir faydalanmaktadır (Kamm vd 2010). Bitkilerde fonksiyonel ve yapısal bağlantılılık arasındaki ilişkinin incelenmesinde bir diğer imkan ise peyzaj yapısına ait farklı ölçümlerin gen akışını niteleyen ölçümlerle ilişkilendirilmesidir. Birbirinden ayrılmış

izole popülasyonlar arasındaki coğrafik mesafe ile gen akışına ait verilerin ilişkilendirildiği çalışmalar mevcuttur. Örneğin Jacquemyn vd'nin (2007) Batı Avrupa'da yayılımı bulunan *Orchis purpurea* isimli orkide türü ile ilgili yapmış oldukları araştırmada türün parçalanmış popülasyonları içinde ve popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği AFLP markır sistemi kullanarak belirlemişlerdir. Popülasyonların sayısal büyüklüklerinin az olmasına rağmen popülasyon içindeki genetik çeşitliliğin oldukça yüksek ($h=0.21\pm0.15-0.27$) olduğunu belirlemişlerdir. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma ise yüksek bulunmamıştır ($F_{st}=0.09$). Ayrıca türe ait popülasyonların coğrafik ve genetik mesafeleri arasında pozitif bir ilişki olduğunu belirlemişlerdir (Jacquemyn vd 2007).

Coğrafik mesafeye ek olarak, peyzaj özelliklerinin de gen akışını teşvik etmek ya da azaltmak suretiyle popülasyonlar arasındaki fonksiyonel bağlantılılığı etkilediği bildirilmektedir (Aavik vd 2014). Hayvan türlerinde, peyzaj yapısıyla fonksiyonel bağlantılılık arasındaki ilişkiyi ortaya koymada peyzaj genetiği yaklaşımı yaygın şekilde kullanılmış olmasına rağmen, bitki popülasyonları arasında gen akışını incelemek üzere peyzaj genetiği yaklaşımını kullanan çalışma sayısı oldukça sınırlıdır (Holderegger vd 2010, Aavik vd 2014). Bu durumun nedeni bitki popülasyonları arasındaki gen akışının bitkinin kendisi haricinde birçok farklı unsur (polinatörler, rüzgar, su vd.) tarafından yönlendirilmesidir. Bu yüzden, peyzaj yapısı bitkinin sadece kendisini değil aynı zamanda onun tohum ve polen taşıyıcılarını da etkilemektedir ki bu durum çeşitli peyzaj karakterlerinin gen akışı üzerindeki muhtemel rolünü değerlendirmeyi daha karmaşık hale getirmektedir (Aavik vd 2014). Aavik vd (2014) otsu bir bitki olan *Lychnis flos-cuculi* türünde, coğrafik mesafe ve bazı peyzaj unsurlarının (orman, tarım arazisi, yerleşim ve akarsu kıyısı gibi) popülasyonlar arasındaki gen akışını etkileme durumunu sorgulamış olup, orman varlığının popülasyonlar arasında gen akışını olumsuz etkilediği sonucuna varmıştır. Keller vd (2012) İsviçre'de bir tarımsal peyzaj yapısı içerisinde tehlike altında olan bir Yusufcuk (*Coenagrion mercuriale*) türünde popülasyonlar arası fonksiyonel bağlantının, koridor analizi ile genetik çeşitliliği etkileyen peyzaj unsurlarının belirlenmesini konu alan araştırmasında mekânsal genetik gruplama ile, örneklenen popülasyonlardan kuzey ve güneyde bulunanların iki ayrı genetik grup oluşturduğunu belirlenmiştir. Bu durumun çalışma alanını ikiye bölen bir tepenin varlığından ötürü olduğu düşünülmüştür. Bu çalışmada peyzaj koridor analizinde, yükseklik farkı, öklit mesafesi, orman varlığı ve akarsuların gen akışını olumsuz yönde etkilediği belirlenmiş olup, açık tarım arazilerinin ise gen akışını olumlu yönde etkilediği belirlenmiştir. Bu bilgilerin türe ait geliştirilecek koruma planlamasında göz önüne alınması gerekliliği vurgulanmıştır (Keller vd 2012).

Metadolojik bir çerçeveden bakıldığında, bağlantısallık kavramının peyzaj planlamayla birleştirilmesinde yapısal indislerin varlığının yanında daha karmaşık, biyolojik, dinamik yapılar olarak tanımlanan metapopülasyon modelleri de mevcuttur. Bağlantısallığın analizinde kullanılan çok sayıda metod ve metrik olmasına rağmen, çizge ve habitat uygunluk metrikleri, son dönemde ortaya atılan, kabul görerek kısa zamanda popüler olan ve koruma biyolojisinde karar verme sürecinde oldukça etkili yöntemler olarak belirtilmektedir (Saura ve Rubio 2010). Bilimsel disiplince kabul görmüş olan Çizge Teorisi (Graph Theory) ağların bağlantısallığının ve hassasiyetinin değerlendirilmesinde çok sayıda yararlı araç ve algoritma imkanı sunmaktadır (Strogatz 2001, Barabasi 2002, Lesne 2006, Pascual ve Dunne 2006, Grubesić vd 2008). Habitat bağlantısallığı konusunda çizge, kompleks peyzaj yapısını iyi temsil eden net sonuçlar

elde edilmesine, koruma ve restorasyon çalışmalarına kılavuzluk ederek araştırmacılara her peyzaj unsurunun bireysel olarak öneminin belirlenmesine olanak sağlar (Chetkiewicz vd 2006, Bodin ve Norberg 2007, Minor ve Urban 2007, Schick ve Lindley 2007, Estrada ve Bodin 2008). Bu gibi sebepler nedeniyle, çizge tabanlı metriklerin kullanıldığı araştırma sayısı Urban ve Keitt (2001)'in çalışmasından sonra artış göstermiş olup (Bodin ve Norberg 2007, Fall vd 2007, Ferrari vd 2007, Jordan vd 2007, Minor ve Urban 2007, Neel 2008, Pascual-Hortal ve Saura 2008, Saura ve Rubio 2010) birçok yazar (Bunn vd 2000, Ricotta vd 2000, Urban ve Keitt 2001, Baranyi 2010) büyük veri setleri ile çalışırken diğer yöntemlerde yaşanan sınırlamaların bu yaklaşımda yaşanmadığını belirtmişlerdir (Pascual-Hortal ve Saura 2006).

Peyzajı grafiksel bir yöntemle karakterize eden bu yaklaşımda peyzaj yapısı üzerindeki habitatlar düğüm noktaları (köşeler) olarak, habitatlar arasındaki koridorlar da bağlantı (kenarlar) olarak tanımlanmaktadır. Her bağlantı iki düğüm noktasını birbirine bağlar ve bu tanımlamalarla peyzaj yapısı nicel olarak birbirine bağlanmış yamalardan oluşan bir yapı şeklinde ifade edilir (Ricotta vd 2000, Urban ve Keitt 2001, Jordan vd 2003, Pascual-Hortal ve Saura 2006). Düğüm noktaları etrafına göre (habitat olmayan) uygun olan habitat yapısını tanımlamaktadır (Urban ve Keitt 2001). Bir bağlantının varlığı ise bir organizma açısından her iki yama arasında potansiyel olarak uygun yayılım ve hareket alanı olarak tanımlanabilmektedir. Bağlantılar, peyzaj yapısında fiziksel bir sorumluluğu olan koridorları temsil etmektedir. Aynı zamanda bağlantılar her yama (düğüm) çifti arasında fonksiyonel bağlantıyı temsil etmekte ve mesafe fonksiyonu içermektedir (Verbeylen vd 2003, Stevens vd 2004, Pascual-Hortal ve Saura 2006). Öklid mesafesi (Euclidean distance), en az maliyetli en kısa mesafe (least-cost path) şeklinde hesaplama yapılabilir (Adriaensen vd 2003, Verbeylen vd 2003, Stevens vd 2004, Pascual-Hortal ve Saura 2006). Türün üreme biyolojisine ait önbilginin bilinmesi mesafe analizi metodunun doğruluğunu arttırmaktadır ancak bu bilgiye ulaşmak her zaman mümkün olmamakla birlikte bu durum kullanılan bu yöntemin dezavantajı olarak görülmektedir. Peyzaj genetiği çalışmalarında kullanılan bu mesafe analizi yönteminde her popülasyon çifti için en kısa mesafeler hesaplanmaktadır. Bu yöntem(mesafe analizi) alternatif olan diğer bir yöntem ise şerit, kesit ya da koridor analizidir (Lindsay vd 2008, Pavlacky vd 2009, Angelone vd 2011, Emaresi vd 2011, Keller vd 2012). Bu analiz bir ön bilgi gerektirmez ve her peyzaj unsurunun gen akışı üzerindeki etkisi ayrı ayrı belirlenebilir. Bu tip analizlerde, her popülasyon çiftini birleştiren dik çizgiler ile tamponlar atılarak koridorlar oluşturulur. Bu koridorların içindeki peyzaj unsurları belirlenir ve gen akışı tahmini için ön gösterge değişkenleri olarak yararlanılır (Lindsay vd 2008). Bu şekilde ağ yapısının topolojisi temel alınarak, peyzaj içerisindeki popülasyonlar ya da habitat yamaları arasında bağlantılılığın sürdürülebilmesi için bu yapı içerisindeki kritik öneme sahip unsurları (düğüm ya da bağlantıları) belirlemek mümkündür. Bu yaklaşım, koruma amaçlı geliştirilecek kararlara yardımcı ve kullanışlı bir araç olarak nitelenmektedir (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Aavik vd 2014). Son yıllarda bu yaklaşımı temel alan metriklerin kullanılmasıyla gerçekleştirilen çalışmaların sayısında artış görülmekte olup, bu ölçümleri gen akışı, genetik çeşitlilik gibi fonksiyonel bağlantılılığı tanımlayan değerlerle ilişkilendiren çalışmalar da mevcuttur (Neel 2008, Dyer vd 2012).

Çizge-teorisi(graph teory) yaklaşımıyla tanımlanan peyzaj yapısı üzerinde bağlantılılığı ve kalitesini belirleyen çok sayıda farklı metrikler ve bu ölçümlerin yapılabildiği birçok bilgisayar yazılımları (örneğin CONEFOR, APACK, Fragstats,

LQGraph, Pajet, UCINET) bulunmaktadır. Örneğin Aparicio vd (2012) Akdeniz doğal bitki örtüsünde 4 odunsu bitki (*Cistus salviifolius*, *Myrtus communis*, *Pistacia lentiscus* ve *Quercus coccifera*) türünü konu alan peyzaj genetiği çalışmasında FRAGSTATS yazılımında bulunan metrikleri kullanmıştır. İspanya'nın kuzeyinde yer alan Guadalquivir'de, tarımsal arazinin matris, orman dokusunun yama olarak belirlendiği bölgede 64 yama içinden 23 tanesi çalışma alanı olarak seçilmiştir. Ardından mevcut peyzaj özellikleri ve türlerin yaşam döngülerinin genetik yapıya etkileri araştırılmıştır. Ekolojik verinin elde edilmesi için; örnek bireylerin içinde bulunduğu yamalar FRAGSTATS bilgisayar programıyla yama büyüklüğü, mevcut bağlantılılık, geçmişe ait bağlantılılık, yamanın denge durumu gibi indeksler açısından değerlendirilmiştir. Moleküler verinin elde edilmesi için; *Cistus*'ta 678, *Myrtus*'ta 662, *Pistacia*'da 655, *Quercus*'ta 564 adet bireyden DNA izolasyonu yapılmış ve FSTAT ve GIMLET programlarıyla genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma (F_{IS} ve ikili F_{ST}) özellikleri belirlenmiştir. Araştırmacılar en uzun ömürlü bitki türünün *Quercus* en yüksek çeşitliliğe, en kısa ömürlü *Cistus* türünün ise en az çeşitliliğe sahip olduğunu belirlemişlerdir (*Cistus*<*Myrtus*<*Pistacia*<*Quercus*). Popülasyon farklılaşması (F_{ST}); kendilemeye en yatkın olan *Myrtus*'ta diğer üç türe göre daha büyük olduğu belirlenmiştir. Yamalar arası bağlantılılığın en yüksek olduğu *Quercus* popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin yüksek olduğu belirlenmiştir. Yamaların denge durumu açısından *Quercus* ve *Cistus* yamalarının yüksek denge değerine sahip oldukları ve yüksek genetik çeşitlilik gösterdiğini belirlemişlerdir.

Peyzaj kompozisyonuna ait bağlantılılık ölçümünü FRAGSTATs yazılımıyla gerçekleştiren bir diğer çalışmayı Lindsay vd (2008) yürütmüştür. Bu çalışmada, habitat parçalanması ve kaybindan dolayı tehlike altındaki bir kuş türü olan *Dendroica chrysoparia*'nın popülasyon içi ve popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve peyzaj özellikleri ile genetik yapının ilişkilendirilmesi hedeflenmiştir. Elde edilen sonuçlara göre, popülasyonlar arasındaki allel frekansları oldukça yüksek olarak belirlenmiştir. Popülasyon arasında kesin ayrımlar olmamakla beraber, gen akışının hali hazırda devam ettiği sonucuna varılmıştır. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma, habitat bağlantılılığı ve orman varlığı ile negatif bir ilişkiye sahipken, coğrafik mesafe ve tarım arazilerinin varlığı ile pozitif yönde bir ilişki olduğu tespit edilmiştir (Lindsay vd 2008).

Kullanılan metrikler habitat özellikleri ve popülasyonları, türlerin dağılım davranışları ile birleştirmektedir (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Aavik vd 2014). Farklı araştırmacıların peyzaj genetiği araştırmalarında kullandıkları birçok farklı metrik bulunmaktadır. Bu metrik setleri farklı altyapılardan (örneğin çizge teorisi, peyzaj ekolojisinden yapısal mekânsal metrikle, metapopülasyon değişkenlerinden sadeleştirme ve temsil etme gibi) türetilerek oluşturulmuştur. Cabeza (2003) yürütmüş olduğu araştırma sonucunda her bir metriğin farklı bir faktörü tanımlayarak ölçüm yaptığını belirtmiştir. Metriklerin hizmet ettikleri soruların farklılığı ve özgünlüklerinden dolayı bir metriğin başka bir metrik yerine kullanılamayacağını vurgulamıştır.

Kullanılan bu metriklerde peyzaj bağlantılılığının sürdürülebilmesi için peyzaj unsurlarına öncelik verme konusunda eksikliklerin olduğu son dönemde yapılan araştırmalarla ortaya konulmuştur (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Saura ve Pascual-Hortal 2007, Saura ve Rubio 2010). Çalışmalarla denenen bu metriklerin tam olarak

istenilen özellikleri sağlayamadığından tatminkar sonuçları vermediği belirtilmektedir (Pascual-Hortal ve Saura 2006). Bu durum sonucunda oluşan yama ve bağlantı kayıplarına bir tepki olarak yeni metriklerin geliştirilmesi gerekliliği ortaya atılmıştır.

Yeni peyzaj bağlantılılık metriklerinden, (1) bağlantılılık indeksinin integrali (IIC) ve (2) bağlantılılık olasılığı (PC) (her ikisi de çizge yapısını temel almaktadır) istenen bu özellikleri sağladığı vurgulanmıştır (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Saura ve Pascual-Hortal 2007). Belirtilen bu metrikler peyzaj ölçeğinde habitat uygunluğunu ölçmektedir (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Saura ve Pascual-Hortal 2007, Saura ve Rubio 2010). Bu metrikleri geliştiren Pascual-Hortal ve Saura (2006) habitat uygunluk konseptini şu şekilde tanımlamıştır; bir yama kendi içinde bağlantılılığın olduğu bir alan şeklinde değerlendirilmektedir. Yamalar içi (intrapatch connectivity) ve yamalar arası bağlantılılık (interpatch connectivity) uygun habitat yapıları ile sağlamaktadır. Böylelikle tek bir ölçü ile peyzaj yapısı içerisindeki uygun (ulaşılabilir) habitatlar ölçülebilir (Pascual-Hortal ve Saura 2006, Saura 2008, Saura ve Rubio 2010). Habitat uygunluk metrikleri, topoğrafik özelliklerle peyzaj unsurlarının ekolojik karakterlerini birleştirerek bu konudaki eksikliği gidermiştir (Ricotta vd 2000, Saura ve Rubio 2010). Olasılıksal bağlantı modelini temel alan PC, yayılım olanağının ya da bağlantı gücünün sürekli değişimine izin verir. IIC ise basitleştirilmiş ikili bağlantı modelini temel alır ve iki habitat yamasının bağlantılı olup olmaması ile ilgilidir (Saura ve Rubio 2010).

Daha önce de belirtildiği üzere peyzaj genetiği çalışmalarında kullanılabilecek metriklerin çalıştırılmasına izin veren çok sayıda bilgisayar yazılımı mevcuttur. CONEFOR Sensinode 2.2 (CS2.2) yazılımı bu yazılımlardan birisidir. CS2.2, fonksiyonel peyzaj bağlantılılığının sürdürülmesinde her habitat yamasının önemini belirlenmesine imkan sunmaktadır. Bununla birlikte peyzaj içerisindeki yeni potansiyel habitat alanlarının belirlenmesi ve bağlantılılık hareketinin sağlanması ile yeni habitatlar yaratma ve restorasyonuna yardımcı olmaktadır. FRAGSTATS (McGarigal vd 2002) ya da APACK (Mladenoff ve DeZonia 2004) yazılımlarından farklı olarak sadece peyzaja yönelik tanımlayıcı değerlerin temin edilmesine olanak sağlamamakta, aynı zamanda peyzaj planlama ve habitat korumasında karar verme mekanizmasına yardımcı olarak bağlantılılık için kritik öneme sahip peyzaj elemanlarının tanımlanmasına imkan sunmaktadır (Saura ve Torne 2009). Ağ bağlantılılığı analizleri açısından, yeni geliştirilen habitat metrikleri ve diğer özellikleriyle planlamacılara değerli bir araç sağlar. CONEFOR yazılımı, LQGraph (Fuller ve Sarkar 2006), Pajek (Batagelj ve Mrvar 1996), UCINET (Borgatti vd 1999) gibi programları tamamlamakta olup internetten ücretsiz olarak indirilebilen bir yazılımdır (Saura ve Torne 2009).

Doğal ortamlarında bitki popülasyonları arasında genetik farklılıkların bulunabileceği düşüncesinin yanında morfolojik farklılıkların da bulunduğu bilinmektedir (Kayani vd 2014). Farklı coğrafik özellikler, farklı habitat yapılarının varlığı, iklimsel, edafik, çevresel faktörler bu durumunu açıklayan önemli nedenlerdir (Kayani vd 2014). Bu konu hem biyocoğrafyacıların hem de bitki ile ilgilenen diğer disiplinlerin araştırma konusu olmuştur. İleri moleküler teknikler aracılığıyla belirlenen genetik çeşitliliğin yorumlanmasında ve çiçek rengi gibi polimorfik karakterlerin kalıtımının anlaşılmasında nitel ve nicel karakterlerin ıslahçılar tarafından kullanılmasından dolayı türlerin doğal popülasyonlarında morfolojik farklılıkların belirlenmesi önemlidir. Görsel ve morfolojik karakterlerdeki farklılıklar, ıslahçılara ve sektördeki kişilere yeni formlara sahip genotiplerin sektöre kazandırılması imkanı

sunması açısından doğal türlerin süs bitkisi olarak kullanım potansiyelini direk ve dolaylı olarak etkilemektedir (Karagüzel ve Girmen 2009).

Farklı bitki türlerinin popülasyonları arasında morfolojik varyasyonu belirleyen çalışmalara örnek olarak Karagüzel ve Girmen (2009)'nin Akdeniz bölgesinde yayılış gösteren *Vitex agnus-castus* türü ile yaptıkları araştırmaları verilebilir. Belirtilen bu çalışmada araştırmacılar, *Vitex agnus-castus* türünde 7 farklı lokasyondaki 37 adet Hayıt bireyi arasında incelenen görsel ve morfolojik karakterler açısından farklılıkları belirlenmiştir. Çalışma kapsamında bitki büyüklüğü, büyüme şekli, çiçek rengi gibi görsel karakterler ile birinci ve ikinci çiçek salkımı uzunluğu, çiçek sayısı, yaprak sapı uzunluğu, yaprak uzunluğu ve genişliği ve çiçekli dal açısı gibi morfolojik karakterler incelenmiştir. Görsel karakterler açısından genotipler hem kendi içlerinde hem de lokasyonlar arasında anlamlı farklılaşma göstermiştir. Morfolojik karakterler açısından da hem genotipler arasında hem de lokasyonlar arasında farklılıklar olduğu belirlenmiştir. Çalışılan morfolojik karakterlerin birçoğunun arasında pozitif yönlü korelasyon olduğu belirlenmiştir. Türe ait genotiplerde çalışılan morfolojik karakterlerin ortalamaları arasındaki varyasyon Kümeleme ve Temel Bileşenler Analizi ile açıklanmaya çalışılmıştır. Ayrıca genotipler arasındaki görsel ve morfolojik çeşitliliğin, türün süs bitkisi olarak kullanılma potansiyelini doğrudan veya dolaylı olarak etkileyeceğini belirtmiş, bu çeşitliliğin üreticiler ve fidanlık sahiplerinin yeni bir ürünle tanışma ve ürün çeşitliliklerini artırma fırsatı sağlayacağını vurgulamıştır.

Yılmaz (2006) *Dorystoechas hastata* türünde biyolojik ve ekolojik özelliklerin belirlenmesine yönelik yürüttüğü yüksek lisans tezinde, türün yayılış gösterdiği alan içerisinde seçilen 3 popülasyona ait bireylerden taksonomik değeri olan kök uzunluğu, kök kalınlığı, bitki boyu, yaprak boyu, yaprak eni, yaprak kalınlığı, yaprak sapı boyu, başak boyu, çiçek sapı boyu, çiçekte kaliks boyu, meyvede kaliks boyu, kaliks diş boyu, korolla boyu, meyve eni, meyve boyu gibi morfolojik özellikleri, ayrıca alana ait iklim özellikleri, anakaya ve toprak özellikleri, bitki kök, gövde ve yaprağında bulunan besin elementleri, tohum çimlenme özellikleri gibi ekolojik karakterleri belirtmiştir. Morfolojik karakterler ile toprağın fiziksel ve kimyasal özellikleri arasında istatistiksel bakımdan anlamlı ilişkiler bulunmuştur. Örneğin kök uzunluğu ile kökteki Potasyum miktarı arasında negatif, kök kalınlığı ile Potasyum miktarı arasında pozitif, bitki boyu ile yapraktaki azot miktarı arasında negatif yönlü korelasyon bulunmuştur (Yılmaz 2006).

Yousefzadeh vd (2008) İran-Mazadaran'da yayılış gösteren *Acer velutinum* popülasyonlarında fenotipik varyasyonu belirlemek amacıyla gerçekleştirdikleri araştırmada gövde uzunluğu ile fotosentetik alan arasında istatistiki olarak anlamlı bir ilişki olduğunu belirlemiştir.

Tansi vd (2009) Akdeniz Bölgesi'nde farklı yüksekliklerde 6 *Ruscus aculeatus* popülasyonunun ekolojik ve morfolojik varyasyonunu belirlemek amacıyla yaptıkları araştırmada genel olarak türe ait morfolojik özelliklerin rakım ve yaşam ortamlarına bağlı olarak geniş bir varyasyon gösterdiğini belirtmişlerdir.

Turna (2004) Türkiye'nin kuzey bölgesinin önemli orman ağaçlarından biri olan ve genellikle ağaçlandırma çalışmalarında kullanılan *Picea orientalis* türüne ait yükseklik ve havza olmak üzere iki coğrafik parametre göz önüne alınarak belirlenen 25

popülasyonunu kozalak, kanat ve tohumları fenotipik varyasyon bakımından karşılaştırmıştır. Belirtilen bu araştırma sonucunda Turna (2004) çalışılan *Picea orientalis* popülasyonları arasında morfolojik karakterlerin çeşitlilik gösterdiğini belirtmiştir.

Yine Turna ve Güney (2009) *Pinus sylvestris* türünde Türkiye'deki popülasyonlar içi ve arasında yüksekliğe bağlı morfolojik varyasyonu belirlemek amacıyla bir araştırma gerçekleştirmişlerdir. Bu çalışmada Türkiye'nin kuzeyinde doğal olan bu türün farklı yüksekliklerde bulunan 5 popülasyonundaki 149 bireyden elde ettikleri tohumlar ve fidanlar üzerinden ölçümler yapılmıştır. Çalışma sonucunda ölçülen morfolojik karakterler açısından farklı gruplar oluştururken, yüksekliğin önemli bir etken olduğunu belirlemişlerdir. ANOVA ve Duncan testleri sonucunda belirlenen bu morfolojik karakterler açısından, popülasyonlar içi ve popülasyonlar arasında istatistiki olarak önemli farklılıklar olduğunu ortaya koymuşlardır.

Görgülü (2012) *Isatis glauca*'ya ait 9 popülasyonda dal sayısı, bitki uzunluğu, bitki bazal kısım çapı, bitki median kısım çapı, bitki apikal kısım çapı, meyve genişliği ve uzunluğu, meyve sap uzunluğu, meyve şekli, meyve bazal kısım şekli, meyve apikal kısım şekli, lokulus, ondüllenme, meyve rengi ve apikal durum gibi morfolojik karakterler açısından varyasyonu analiz etmiştir. Araştırmada elde ettiği sonuçlara göre meyve uzunluğu en az varyasyon gösteren karakter iken ($VK=0,08-0,17$), dal sayısının en fazla varyasyon gösteren karakter ($VK=0,22-0,86$) olduğu belirlenmiştir. Pearson korelasyonu, çoklu regresyon ve temel bileşenler analizi (TBA) sonuçları eko-coğrafik faktörlerin morfolojik varyasyon üzerine önemli etkisinin olduğunu belirtmiştir. Aynı zamanda AFLP markır sistemleriyle genetik çeşitliliği de ortaya konulan *I. glauca* popülasyonlarında morfolojik varyasyonun ve genetik çeşitliliğin yüksek düzeyde olduğunu bildirmiştir. Morfolojik karakterizasyon sonuçları oldukça bilgi verici olmasına rağmen doğal bitki türlerinde morfolojik karakterizasyonun bir ön çalışma olarak yapılabilir olduğunu belirtmiştir. Bu çalışmaların yanında, moleküler teknikler gibi yöntemlerin tamamlayıcı yöntemler olması nedeniyle araştırmalara dahil edilmesi gerekliliğini vurgulamıştır (Görgülü 2012).

Yüzyıllardır bulunduğu bölgenin ekolojik özelliklerine en iyi şekilde uyum sağlamış olan doğal türler, bölgenin biyotik ve abiyotik stres koşullarına karşı klasik tür ve çeşitlere göre daha iyi dayanım gösterirler. Sürdürülebilir ve daha az bakım isteyen peyzajlar oluşturabilmek ve bitkisel materyal çeşitliliğini arttırmak için dış mekan süs bitkileri sektöründe doğal türlere olan ilgi ve talep giderek artmaktadır (Sever Mutlu vd 2013). Bu kapsamda doğal tür ve genotiplerin peyzaj tasarımlarında kullanılmasına yönelik yürütülen araştırmada türlerin uygun çoğaltım tekniklerinin (çelik ve tohum) araştırılması önemli basamaklardan birisidir. Araştırma kapsamında ele alınan doğal bir tür olan *D.hastata* türünün popülasyonları arasında genetik çeşitliliği yüksek olan popülasyonların belirlenmesi daha sonrasında yapılması önerilen kültüre alma süreci için oldukça önemlidir. Bunun yanında araştırma kapsamında *D.hastata* türünün çoğaltım olanaklarının da belirlenmesi gerekliliği ortaya çıkmıştır. Araziden toplanan tohum ve anaçlardan alınan çeliklerle denemeler kurularak bu özellikler belirlenmeye çalışılmıştır.

Vejetatif çoğaltım tekniklerinden biri olan çelikle çoğaltım, yeni bir bitki elde etmek amacıyla anne bitki üzerinden kesilerek hazırlanan gövde, dal, kök ve yaprak parçalarının yetiştirme ortamına uygun şekilde yerleştirilmesiyle köklenmesinin sağlandığı bir tekniktir. Çeliklerde köklenme başarısı ve oranı, çevresel ve bitkisel faktörler ve bunların etkileşimleri tarafından belirlenmektedir (Davies 1995, Sever Mutlu vd 2013, Leakey 1983). Bitkisel hormonlar, özellikle oksinler köklenmeyi belirleyen en önemli faktörlerdendir (Blakesley vd 1991, Sever Mutlu vd 2013). Büyümeyi düzenleyici maddeler her bitkiye çelikle üretim imkânı veren etkili maddeler olmamakla birlikte, köklenmeye yardımcı maddeler olarak tanımlanabilmektedirler. Çeliklerin köklenme sürelerini kısaltmada ve köklenme oranlarının yükseltilmesinde yardımcı rol oynamaktadırlar (Ürgeç 1982, Babaoğlu ve Kalyoncu 2011). Oksinler çeliklerde kök oluşumunu teşvik ederler (Çimen 1988, Babaoğlu ve Kalyoncu 2011). Çoğunlukla köklenme hormonu olarak da bilinen oksinler, meristematik hücrelerin bölünme ve büyümelerinde, kök hücrelerinin oluşumu ve farklılaşmasında, yedek besin maddelerinin harekete geçirilerek köklenme bölgesine gönderilmesinde etkindirler (Blakesley vd 1991, 1988; Hartman vd 1997, Sever Mutlu vd 2013). Günümüzde köklenmeyi teşvik amacıyla en yaygın kullanılan sentetik oksinler İndol butirik asitlerdir (IBA) (Burak 1991, Babaoğlu ve Kalyoncu 2011, Sever Mutlu vd 2013). Çeliklerin kök sayısı ve kök kalitesi üzerine oksinlerin etkisinin araştırıldığı çalışmalarda IBA'nın daha kısa zamanda kaliteli kök sistemi ve güçlü bir sürgün aksamı oluşturduğu bildirilmiştir (Stefancic 2005, Wang vd 2011, Sever Mutlu vd 2013). Pratikte en çok kullanılan IBA dozu ise tür ve çeşitlere göre değişmektedir. Araştırma kapsamında halihazırda *D.hastata* türünün çelikle çoğaltım olanaklarına dair herhangi bir bilimsel yayına rastlanmamış olup bu nedenle Lamiaceae familyası içerisindeki akraba türlerde yapılmış çalışmalar araştırılmıştır.

Özcan vd (2013) *Lavandula hybrida* türünde yarı odun çelikle farklı köklendirme ortamları (Perlit: Torf, Tarla Toprağı), IBA dozları (Kontrol-0, 500, 1000, 2000 ve 4000 ppm) ve ticari köklenme tozunun köklenme üzerine etkisini araştırdıkları çalışmalarında faktörlerin kök sayısı (adet/çelik), kök uzunluğu (cm), köklenme oranı (%) ve köklenme kalitesine olan etkileri incelenmiştir. Kök sayısı açısından 4000 ppm IBA uygulanan lavanta çeliklerinin tarla toprağı köklendirme ortamında kök sayısının en fazla olduğu, en az kök sayısının ise yine tarla toprağı köklenme ortamında 500 ppm uygulamasından elde edildiği bildirilmiştir. Kök uzunluğu açısından değerlendirildiğinde en uzun kök ortalaması torf:perlit karışımı köklenme ortamında 4000 ppm. dozunda IBA uygulanan çeliklerde görülürken, en kısa kök ortalaması tarla toprağı köklenme ortamında kontrol grubunda tespit edilmiştir. Köklenme oranı açısından en yüksek köklenme oranı torf:perlit köklenme ortamında 2000 ppm IBA uygulamasıyla gözlemlenmişken, en düşük köklenme oranının tarla toprağı köklenme ortamında 500 ppm IBA uygulamasında olduğu tespit edilmiştir. Köklenme kalitesi açısından ise, en yüksek kalitede köklenme torf:perlit karışımı yetiştirme ortamında 4000 ppm IBA uygulamasıyla, en düşük köklenme kalitesinin ise tarla toprağı köklenme ortamında 500 ppm IBA uygulamasıyla elde edildiği belirlenmiştir (Özcan vd 2013).

Ayanoğlu vd (2000) *Lavandula stoechas* türünde farklı IBA konsantrasyonlarının (1000, 2000 ve 4000 ppm) köklenme üzerine etkisini araştırdığı çalışmalarında IBA

konsantrasyonlarındaki artışa bağlı olarak köklenme yüzdesi, kök uzunluğu ve kök sayısının arttığını gözlemlemişlerdir.

Kara vd (2011) *Rosemary officinalis*, *Hyssopus officinalis* ve *Salvia officinalis* bitkilerinin çelikle çoğaltımı üzerine, farklı çelik alma dönemlerinin (mart, haziran, eylül) ve IBA dozlarının (kontrol-0, 1000, 2000, 3000 ve 4000 ppm) etkisini belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmalarında, en yüksek köklenme oranı (sırasıyla %85, %82.3 ve %81), kök sayısı (sırasıyla 28.8, 21.6 ve 10.6 adet/bitki) ve kök uzunluğu (7.1, 6.1 ve 5.1 cm) değerlerini Mart ayında alınan çeliklerle ve 4000 ppm IBA dozunda tespit etmişlerdir.

Arslanoğlu ve Albayrak (2011) *Rosmarinus officinalis* L. ve *Lavandula angustifolia* Spica türlerinden alınan farklı çelik tiplerine uygulanan IBA dozlarının köklenme oranı, kök kalitesi ve kök sayısı üzerine olan etkilerini araştırmışlardır. Araştırmacılar *Rosmarinus officinalis*'in gövde çeliklerinden alınan çeliklerin 6000 ppm IBA uygulamasıyla, *Lavandula angustifolia* türünde ise 2000 ve 4000 ppm IBA uygulamalarıyla çeliklerin tamamının köklendiğini belirlemişlerdir. Araştırmanın sonucuna göre her iki türde gövde çeliklerine uygulanan 2000, 4000 ve 6000 ppm IBA dozları, bitkilerin kontrol çeliklerine göre köklenme oranını, kök kalitesini ve kök sayısını arttırdığı bildirilmiştir (Arslanoğlu ve Albayrak 2011).

Kumar ve Sreeja (1996) *Lavandula angustifolia* türünde farklı çelik tiplerine 2000 ppm IBA uygulamış olup, en yüksek köklenme oranı (%72) ve kök sayısının dip çeliklerinde gerçekleştiğini belirlemişlerdir.

Kara (2011) "Uçucu Yağ Üretimine Uygun Lavanta (*Lavandula* sp.) Çeşitlerinin Belirlenmesi ve Mikroçoğaltım Olanaklarının Araştırılması" doktora tezinde *Lavandula angustifolia* türüne ait 'Raya', 'Munstead', 'Silver' ve 'Vera' lavander çeşitleri ile *Lavandula x intermedia* türüne ait 'Giant Hidcote', 'Dutch' ve 'Super A' çeşitlerine ait çelikleri kullanarak sera ortamında farklı çelik alma dönemleri ve IBA dozlarının kök sayısı, kök uzunluğu, köklenme oranı üzerine etkisini araştırmıştır. Araştırma sonucunda tüm çeşitlerde en yüksek değerler Mart dönemi ve 4000 ppm IBA dozunda, en düşük değerlerin ise Haziran döneminde alınan ve IBA uygulanmayan çeliklerde olduğu belirlenmiştir. Lavanta çeliklerinde en yüksek köklenme oranının % 95.13 ile *L. angustifolia* var. Silver çeşidinin Mart döneminde alınan ve 4000 ppm IBA uygulanan çeliklerinden, en düşük köklenme oranının ise % 12.43 ile *L.x intermedia* var. Super A çeşidinin, Haziran döneminde alınan ve IBA uygulanmayan (kontrol) çeliklerde elde edildiği belirlenmiştir.

Elhaak vd (2014) biberiye bitkisine ait çelikleri farklı IBA konsantrasyonlarına (0, 1, 2, 3, 5, 10, 15, 20, 40, 60, 80, 100 ppm), farklı sürelerde (1, 3, 6 saat) maruz bırakarak farklı konsantrasyonların ve maruz kalma sürelerinin çeliklerin köklenme başarısına olan etkilerini araştırdıkları çalışmalarında, çeliklerin kök uzunluğu, kök sayısı, çelik uzunlukları, yaprakların fotosentetik pigment, rosmarinik asit içerikleri, flavonoid ve toplam fenolik içerikleri belirlemişlerdir. Belirtilen bu çalışmada 60 ppm IBA konsantrasyonuna 3 saat maruz bırakılan çeliklerin kök sayılarında artış olduğu tespit edilmiştir. Yeni gelişen köklerin uzunlukları ve ağırlıklarının IBA'da bekletme süresi ve IBA konsantrasyonlarına göre anlamlı farklılık gösterdiği belirlenmiştir.

Araştırmacılar 6 saat süre ile 40 ppm IBA konsantrasyonunda bekletilen çeliklerin uzunluklarının kontrole göre %20 oranında artış gösterdiğini tespit etmişlerdir (Elhaak vd 2015).

Ünal vd (2004) Antalya ili endemiklerinden *Origanum solymicum*, *Origanum husnucan-baseri*, *Origanum bilgeri*, *Origanum minutiflorum* ve *Origanum saccatum* türlerinin çeliklerinde farklı IBA konsantrasyonlarının (0, 100 ppm, 500 ppm ve 1000 ppm) köklenmeye olan etkilerini araştırdığı çalışmada *Origanum husnucan-baseri* ve *Origanum minutiflorum* türleri hariç diğer *Origanum* türlerinde köklenmenin gerçekleştiğini ancak, köklenme oranı bakımından kontrol ve IBA uygulamaları arasında önemli bir farklılığın olmadığını belirlemiştir.

Bitkilerde çoğaltım tekniklerinden bir diğeri olan generatif (eşeyli) çoğaltımda üretim materyali tohumdur. Çimlenme bitkilerin üreme başarısını belirleyen en önemli aşamalardan biridir (Bu vd 2006). Özellikle endemik, nadir ve tehdit altındaki türlerin üreme döngüsünün farklı aşamaları üzerinde detaylı bilgiye ulaşmanın nadir olgusunun anlaşılmasına katkıda bulunacağı ve aynı zamanda türler için koruma yönetimi kararlarında yardımcı olacağı üzerinde durulmaktadır (Menges 1986, Schemske vd 1994, Hilooğlu vd 2016). Son on yılda, küresel bir endişe haline gelen genetik çeşitliliğin devamlılığının sağlanması açısından özellikle tehdit altındaki ve dar yayılış alanına sahip bitki türleri için çimlendirme çalışmaları yapılması önerilmektedir (Cousins vd 2014, Hilooğlu vd 2016). Corral-Aguirre vd (2014) dar yayılış alanına sahip ve tehdit altındaki türlerde çimlenme ile ilgili detaylı bilgilerin ortaya çıkarılmasının koruma kararlarının uygulanmasına katkıda bulunacağını vurgulamıştır. Ülkemizdeki genetik çeşitliliğin kaynağı olarak kabul edilen birçok endemik bitki türü çeşitli nedenlerden ötürü yok olma riski ile karşı karşıyadır (Hilooğlu vd 2016). Türlerle ait tohumların tohum bankalarında korunması ex-situ koruma yaklaşımının temelini oluşturmaktadır. Tohum bankalarında tohumların yaşayabilirliğinin belirlenmesinde çimlenme denemelerinin yapılabilmesi için türe ait tohumların çimlenme özelliklerinin, herhangi bir ön muameleye gerek olup olmadığının bilinmesi önemlidir (Kadis vd 2010).

Döllenme olmadan ya da döllenme sonucu oluşmuş embriyoyu içeren olgunlaşmış bir taslak olan tohumun çimlenmesini etkileyen birçok içsel ve dışsal faktör mevcuttur. Bu faktörler tohumların çimlenme için uyarılmasında veya dormansi periyoduna girmesinde önemli rol oynamaktadır. Bu etkinin genellikle bitki hormonlarının seviyelerinde meydana gelen değişikliklerden kaynaklandığı bildirilmiştir (Güneş 2000, Ünal vd 2004). Örneğin oksin, sitokinin ve gibberellin gibi bitkisel hormonlar çimlenmeyi teşvik ederken, absisik asitin varlığının çimlenmeyi engelliyebileceği bilinmektedir (Ünal vd 2004, Palavan-Ünsal 1993, Ünyayar 1995, Kabar 1997). Çimlenmenin başlamasında gibberellik asit (GA_3)'in önemli rol oynadığı ve dormant tohumlarda absisik asit (ABA)'in etkisini ortadan kaldırarak depo besinlerin mobilizasyonunu sağladığı ileri sürülmüştür. Olgunlaşmamış embriyodaki ve çeşitli inhibitörlerin, ışık ve sıcaklık gibi faktörlerin neden olduğu dormansinin soğuklama ve gibberellik asit uygulamasıyla ortadan kalktığı ve tohumların çimlendiği gözlenmiştir (Güneş 2000). Cardemil ve Rainero (1982) soğuklamanın ABA düzeyini azalttığını ve gibberellik asit düzeyini artırarak çimlenmeyi sağladığını belirtmektedirler. Bir diğer araştırmada yine soğuklamanın özellikle inhibitörleri ortadan kaldırdığını ve depo

yağların dönüşümünü hızlandırarak dormansinin kırılmasında rol oynadığı belirlenmiştir (Okogami ve Teuri 1996).

Tohum dormansisi canlı bir tohumun çimlenmesini geçici olarak engelleyen koşullar olarak tanımlanabilir. Tıbbi aromatik özelliğe sahip bitkilerin tohumlarının çimlenme özelliklerine bakıldığında bazı türlerin tohumlarında fizyolojik dormansinin, bazılarında ise fiziksel dormansinin olduğu belirtilmektedir. Fizyolojik dormansi ise ikiye ayrılır. Bunlar embriyo ve tohum kabuğu dormansisi şeklindedir (Baskin ve Baskin 1998). Fizyolojik tohum dormansisinin kırılmasında potasyum nitrat uygulamasının, düşük sıcaklık muamelesinin, farklı ışık şiddeti, dalga boyu ve ışıklandırma süresi ya da hormon uygulamalarının çimlenme başarısını arttırdığı belirtilmiştir (Baskin ve Baskin 1998). Fiziksel dormansinin kırılması için skarifikasyon, stratifikasyon, tohum kabuğunun çizilmesi, sodyum hidroklorür ile muamele gibi ön işlemler yapılması önerilmektedir (Teimouri vd 2013, Baskin ve Baskin 1998). Çimlenme, tohumlara uygulanan bu ön muamelelerden sonra gerçekleşir ve bu uygulamalar çimlenmeyi önemli oranda hızlandırabilmektedir (Teimouri vd 2013). Çoğu aromatik içeriğe sahip bitki türünün, sahip oldukları eterik yağ içeriklerinin allelopatrik etki yaratarak tohumların çimlenmesini inhibe ettiği bilinmektedir. Bunun giderilmesi ya da azaltılması için tohumların anne bitkiden toplandıktan sonra hızlı bir şekilde kaliksin içinden ayrılarak temizlenmesi gerektiği, çimlenme denemelerinin ise tohumların toplanma zamanından en az üç ay sonra yapılması gerektiği önerilmektedir (Kadis vd 2010). Endemik bitkiler karşılaştıkları tohum dormansisini mutlak surette atlatmak zorunda olduklarından doğal ekosisteminde tekdüze çimlenmeye sahip değildirler (Teimouri vd 2013). Özellikle nadir ve tehlike altındaki türlerle ilgili çimlenme gereksinimleri çoğunlukla bilinmemekte olup, bunu anlamayı sağlayacak materyali elde etmenin de oldukça zor olduğu bilinmektedir (Cerabolini vd 2004, Hilooğlu vd 2016).

Araştırma kapsamında ele alınan tıbbi aromatik özelliğe sahip relik endemik bir tür olan *D. hastata* türünün tohumla çoğaltılmasına ait literatür yok denecek kadar sınırlıdır. Yılmaz (2006) 12 saat aydınlık-12saat karanlık koşulda, farklı konsantrasyonlarda (% 0,5, 1, 2 ve 3) NaCl, KNO₃, HCl ve H₂SO₄ kullanarak sabit 22°C'de türün çimlenme oranını araştırmıştır. Araştırma sonucunda *D. hastata* türünün çimlenme yüzdesi ortalama % 1 ile oldukça düşük bulunmuştur. Lamiaceae familyası içerisindeki akraba türlerin tohum ile çoğaltımı üzerine yapılmış diğer çalışmalarda araştırılmış ve aşağıda özetlenerek sunulmuştur.

Ünal vd (2004) Lamiaceae familyasına ait Antalya ili endemiklerinden *Origanum solymicum* P.H. Davis, *Origanum husnucan-baseri* H. Duman, Z. Aytaç & A. Duran *Origanum bilgeri* P.H. Davis, *Origanum minutiflorum* O.Schwarz & P.H. Davis ve *Origanum saccatum* P.H. Davis türlerinin tohumlarının çimlenmesi üzerinde farklı saklama koşullarının (+4°C ve oda sıcaklığı), aydınlık-karanlık (18 saat karanlık-6 saat aydınlık) ışık koşulunun ve karanlık (24 saat) ortamın, GA₃'ün çeşitli konsantrasyonlarının (0.1 ppm, 1 ppm, 10 ppm) ve farklı sıcaklık derecelerinin (15 °C, 20 °C, 25 °C, 30 °C) etkilerini incelemişlerdir. Çimlenme öncesi düşük sıcaklıkta bekletmenin tohumlardaki çimlenme yüzdesini, aydınlık-karanlık ışık koşulu, 1 ve 10 ppm GA₃ ile 15, 20 ve 25°C sıcaklık uygulamalarına göre arttırdığı tespit edilmiştir. Türler içinde en yüksek çimlenme yüzdesi alçak rakımlarda yayılış gösteren *Origanum*

solyimicum türünün tohumlarında görülürken, en düşük çimlenme yüzdesi ise *Origanum husnucan-baseri* türünün tohumlarında saptanmıştır.

O'Brein (2013) Florida (Amerika)'da doğal yayılışı olan, Lamiaceae familyasına mensup *Scutellaria floridana*, *Scutellaria incana*, *Scutellaria lateriflora* ve *Scutellaria ovata* versicolor türlerine ait tohumlara uygulanan ön muamelelerin tohumların çimlenme özelliklerine olan etkilerini araştırdığı çalışmalarında *S. lateriflora* ve *S. ovata versicolor* türlerine ait tohumları 1 ve 2 ay, *S. floridana* türüne ait tohumları ise 1,5 ay +4°C'de soğuk katlamaya maruz bırakmıştır. Dört türün de tohumlarına farklı sürelerde (15-60 dakika) sülfürik asitle ön muamele yapılmıştır. Yine tüm tohumlara farklı konsantrasyonlarda (1:100 – 1:1000) duman muamelesi yapılmış olup 16 saat ışık alan 25 °C sıcaklıktaki iklimlendirme kabininde petrilere 30 gün boyunca çimlenmeleri takip edilmiştir. Genel olarak çimlenme yüzdeleri düşük olmakla beraber en yüksek oran *S. lateriflora* türünde 15 dakika sülfürik asite maruz kalan tohumlarda %13 oranında belirlenmiştir. *S. floridana* türüne ait hiçbir muameleye maruz kalmamış kontrol grubu, stratifikasyon, skarifikasyon ya da duman muamelesi yapılan tohumlardan daha fazla çimlenme göstermiş olup bu ön muamelelerin bu tür için gerekli olmadığı anlaşılmıştır. *S. floridana* tohumlarının diğer türlere ait tohumlardan farklı davrandığı belirlenmiştir (O'Brein 2013).

Kadis vd (2010) Kıbrıs'ta doğal yayılışı olan Lamiaceae familyasına mensup endemik, nadir ve tehlike altındaki türlerden *Micromeria cypria*, *Salvia verenis*, *Teucrium divaricatum* ssp. *canascens*, *Salvia willeana*, *Nepeta troodi*, *Sideritis cypria*, *Teucrium kyreiae* türlerine ait farklı rakımlardan toplanan tohumlara uygulanan farklı ön muamelelerin tohumların çimlenmeleri üzerine olan etkilerini araştırmışlardır. Elde edilen sonuçlara göre *M. cypria*, *S. verenis* ve *T. divaricatum* ssp. *Canascens* türünün tohumları düşük sıcaklıkta (10-20°C) düşük oranda çimlenme göstermişlerdir. Benzer şekilde yüksek lokasyonlarda yayılış gösteren *S. willeana*, *N. troodi* türlerinin tohumları düşük sıcaklıklarda düşük oranda çimlenme göstermiştir. Sadece *S. willeana* türünde soğuklama ihtiyacı olduğu belirlenmiştir. *Sideritis cypria* türünün tohumlarının çimlenme için ihtiyaç duyduğu optimum sıcaklığın diğer türlere göre nispeten daha geniş bir aralık (10-25°C) gösterdiği tespit edilmiştir. *Teucrium divaricatum* ssp. *canascens* türüne ait tohumların çimlenmesi için ise nitrat, giberellik asit ön uygulamalarının ve ışık ihtiyacının olduğu belirlenmiştir. Aynı familyaya mensup türlerin birbirinden çok farklı çimlenme karakteristiklerinin tespit edilmesi bu türlerin hayatta kalması ve koruma stratejilerinin geliştirilmesi açısından oldukça önemli olduğu sonucuna vurgu yapılmıştır (Kadis vd 2010).

Gümüşçü (2014) farklı ön muamelelerin Türkiye'ye endemik *Sideritis* türlerinin tohumlarının çimlenmesi üzerine etkilerini araştırdığı çalışmasında bitki materyali olarak *S. congesta*, *S. condensata*, *S. leptoclada*, *S. tmolea* ve *S. libanotica* türlerinden toplanan tohumlarla çalışmıştır. Tohumlara ön muamele olarak farklı giberellik asit konsantrasyonları (100, 250, 500, 750, 1000 ppm), soğuk katlama (1 hafta +4°C'de), sıcak su muamelesi, karanlık (16 saat)/aydınlık (8 saat) ortamda bırakmak gibi uygulamalar yapılmıştır. *S. condensata* türünde uygulanan giberellik asit dozları arasında 100 ve 750 ppm giberellik asit uygulamasında daha yüksek oranda çimlenme belirlenirken, *S. congesta* en yüksek çimlenme ön muamelesiz kontrol grubu (%28)

tohumlarında görülmüştür. Soğuk katlama ya da sıcak su muamelesinin *Sideritis* cinsi tohumları için uygun ön muameleler olmadığı belirtilmiştir (Gümüşçü 2014).

Subaşı ve Güvensen (2010) nadir endemik bir tür olan *Salvia smyrnaea* (Lamiaceae) türünün tohumlarına uygulanan ön işlemlerin türün çimlenme başarısı üzerine olan etkilerini araştırdıkları çalışmalarında ön işlem olarak tohumlara farklı konsantrasyonlarda (250, 500, 1000, 2000 ppm) giberellik asit, saf su (kontrol); 25°C 12 saat aydınlık/15°C 12 saat karanlık değişken sıcaklık-ışık ve sürekli karanlık koşullar, stratifikasyon (+5°C'de 45 gün) uygulamışlardır. Çalışma sonucunda *S. smyrnaea*'nın ex-situ yetiştirilmesi için en yüksek çimlenme yüzdesinin, stratifikasyon (45 gün 5°C) uygulanmış ve 25/15°C değişken sıcaklıkta, sürekli karanlık koşullarda 250 ppm GA₃ uygulanmış tohumlarla elde edilebileceği saptanmıştır.

Gorai vd (2011) farklı konsantrasyonlardaki NaCl (0, 50, 100, 200, 300 mM) uygulamalarının ve sıcaklıkların (0, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 °C) Lamiaceae familyasına mensup *Salvia aegyptiaca* türünün çimlenmesine olan etkilerini araştırmışlardır. Denenen sıcaklıklarda, tuz miktarı arttıkça çimlenme başarısının ve oranının azaldığı belirlenmiş olup, 30 °C'de nispeten çimlenme oranının daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Araştırma sonucunda 300 mM tuz çözeltisinin çimlenmeyi baskıladığı, sıcaklık arttıkça çimlenme oranının düştüğü ve 40 °C sıcaklıkta iseise çimlenmenin tamamen baskılanarak durduğu bulunmuştur (Gorai vd 2011).

Luna vd (2012) sıcaklığın çimlenme üzerine etkisini araştırdıkları çalışmalarında İber yarımadasında yayılış gösteren ve farklı lokasyonlardan toplanan, kimisi endemik, kimisi Akdeniz elementi olarak nitelendirilen, kimisi geniş yayılışa, kimisi ise dar yayılış alanlarına sahip, 12 ayrı familyadan toplamda 31 türün tohumlarının çimlenme özelliklerini araştırmışlardır. Tohumlar 4 hafta +5°C'de soğuk katlamaya alınmış ardından karanlık ortamda farklı sıcaklık rejimlerinde (10, 15, 20, 25 °C) 6 hafta boyunca çimlenme oranları takip edilmiştir. Türlerin yayılış alanları, filogeniden bağımsız olarak sıcaklık muamelesine çimlenmenin tepkisinin bir belirleyicisi olarak görülmüştür. Yaygın olarak görülen türlerin, endemik ya da Akdeniz elementi olan türlere göre sıcaklık maruziyeti açısından daha az hassas oldukları bu durumun da bu türlerin iklim değişikliğiyle değişen çevre koşullarından daha az etkileneceği anlamına geldiği belirtilmiştir. Endemik türler için sıcak ve kuru geçen mevsimlerde çimlenmeyi engelleme yeteneklerinin oluşu bazı durumlarda uygun bir yöntem olmakla beraber, iklim değişikliğinin tetiklediği bir sıcaklık artışının daha geniş yayılışa sahip türlere göre endemik türleri daha çok etkileyeceği ve onları daha hassas hale getireceği vurgulanmıştır (Luna vd 2012).

Schulze vd (2002) Lamiaceae familyasına mensup, Florida'ya ait endemik bir tür olan *Macbridea alba* tohumlarında gelişen tohum dormansisinin çimlenmeye olan etkisini belirlemek için tohumların toplanmasından itibaren 2, 5, 6, 12 ay sonrasında, iki ayrı sıcaklık rejiminde (gündüz/gece sıcaklıkları 30/15 °C ve 25/10 °C) çimlenme denemesi yürütmüşlerdir. Kaliksten çıkarılıp temizlenerek 12 ay sonrasında ekilen tohumlarda çimlenme başarısının daha yüksek olduğu, taze tohumlarda ise tohum dormansisinin geliştiği ifade edilmiştir (Schulze vd 2002).

Contreras ve Ruter (2009), Lamiaceae familyasına mensup *Callicarpa americana* L. da sülfirik asit ön muamelesinin türün tohumlarının çimlenmesi üzerine etkilerini araştırdığı çalışmalarında, tohumları 0, 15, 30 dakika seyreltilmiş sülfirik asit çözeltisine maruz bırakarak çimlenme oranları takip edilmiştir. Kontrol, 15, 30 dakika sülfirik asit muamelesi için sırasıyla tespit edilen çimlenme oranları %8.9, %57.8, %48.9 olarak belirlenmiştir. *C. americana* türünde hızlı ve tekdüze bir çimlenme elde etmek için 15 – 30 dakika sülfirik asit ön muamelesi önerilen bir uygulama olarak bildirilmiştir (Contreras ve Ruter 2009).

Hilooğlu vd (2016) Erzincan yöresinde dar yayılış alanına sahip nadir endemik *Teucrium leucophyllum* türünde farklı NaCl, HCl, KNO₃, GA₃ konsantrasyonları, sıcak-soğuk stratifikasyon ve mekanik zımparalama, sıcak-soğuk ön muamele ön uygulamalarının çimlenme başarısına etkilerini araştırmışlardır. Kontrol (%13.5) grubuyla karşılaştırıldığında çimlenmenin, 100-200µM GA₃ uygulamalarıyla %52.5 ve %51.5, 100-200 µM KNO₃ uygulamalarıyla %29 ve %28 oranında gerçekleştiği, zımpara ve 4°C’de soğuk katlama uygulamalarıyla ise çimlenme oranının %25 olduğu belirlenmiştir. En yüksek çimlenme hızı katsayısının ise giberellik asit uygulamalarında (11.4 ve 13.09) olduğu bulunmuştur. Çalışma sonucunda elde edilen verilerin türün ex-situ korunmasında kullanılabilecek olması nedeniyle önemli olduğuna vurgu yapılmıştır (Hilooğlu vd 2016).

3. MATERYAL VE METOT

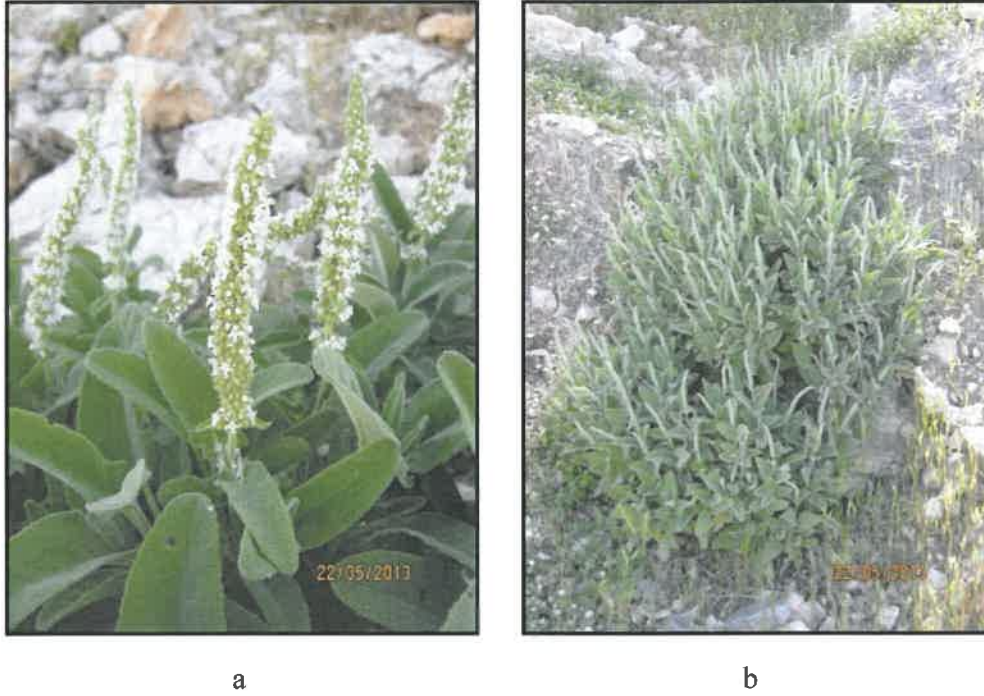
3.1. Materyal

3.1.1. Bitki materyali

Bu araştırmaya konu olan *D. hastata* yoğun uçucu ve aromatik yağ içeriklerinden dolayı tıbbi ve aromatik özelliklere sahip birçok bitki türünü içinde barındıran Ballıbabagiller (Lamiaceae) familyasına ait endemik bir tür olup, IUCN Kırmızı Liste’de VU (Vulnerable-Hassas) statüsüyle korunmaktadır (Ekim vd 2000). Antalya yöresinde “Çalba” olarak bilinen ve adaçayı gibi çay olarak tüketilen (Meriçli ve Meriçli 1986), uçucu yağ eldesi nedeniyle ekonomik öneme sahip olan (Valant-Vetschera vd 2003) *D. hastata*, Lamiaceae familya üyelerinden monotipik bir cins olan *Dorystoechas*’a ait tek türdür. Bu monotipik cins, Şekil 3.1’de görüleceği gibi odunsu bir çalı olup; yaprakları basit, mızraksı, hastat, sık yumuşak tüylü, pürüzlü ve kenarlarda küçük oymalıdır, alt loplari orta eksenden uzaklaşmış ok şeklindedir, yaprak sapları mevcuttur, çiçek durumu ince, dik ve silindirik bir başak şeklindedir; başak meyveli dönemde uzamaz, çiçek durumu hemen hemen sık olup, 10-25 çiçeklidir; çiçekleri biseksüel; meyve durumu sert ve sonraki mevsime kadar kalıcıdır; çiçek sapları 1 mm boyundadır; kaliks eksen üzerinde yatıktır, yoğun salgı organsız yumuşak kıllı, nadiren baş şeklinde salgı organlıdır; üst dudak az belirgin üç dişli, alttaki iki dişlidir, kısadır, iki dudaklıdır, dudaklar hemen hemen eşittir, tüpsü-çansı bir şekle sahiptir, 8-11 damarlıdır, birbirine yaklaşmış dudaklarla meyvede büyümüşür, boğazı kapatır; korolla beyazdır, tüp şeklinde ve hemen hemen kalikse eşittir; üst dudak genellikle belirgin iki parçalıdır, 3 loplu alt dudaktan daha korolla iki dudaklıdır, beyazdır, tüp şeklinde ve hemen hemen kalikse eşittir; üst dudak genellikle belirgin iki parçalıdır, 3 loplu alt dudaktan daha kısadır, dudaklar yayılmış ve açık boğazlıdır; stamenler genellikle 2, nadiren 3 adettir, hafif dışarı uzamıştır; anterler tepede kıvrılarak bağlanmış, teka yayılmıştır; verimsiz stamenler genellikle yoktur; tabla kırmızıdır; stilüs iki lopludur; fındıkçık meyveler tüysüz, 3 köşeli, şeritsi-dikdörtgensel şekilli, pürüzsüz, tepede gagalıdır, çiçeklenme 5.-7. aylar arasında olur; kayalar ve frigana etrafında, 650-2000 m yükseklik aralığında yayılış gösterir ve Doğu Akdeniz Elementi’dir (Hedge 1982). Walker vd (2004) Lamiaceae familyasında bulunan 19 cinsin kloroplast DNA’larında yapmış oldukları filogenetik analizler sonucunda *D. hastata* türünün *Salvia* (Adaçayı) türleriyle yakın akraba olduğunu belirlemişlerdir.

Türün zengin kimyasal içeriğe sahip olması *D.hastata* ile ilgili farmakolojik açıdan yapılmış çalışmaları beraberinde getirmiştir. *D.hastata* türünün kampferol (Valant-Vetschera 2003), 1,8-ko-sineol (Başer 1994), 6-OH-luteolin 6-metil ester (Venturella vd 1988), içerdiği uçucu yağın bileşenleri olarak da 1.8-sineol, a-pinen, borneol, guaiol, kamfen, kafur (Öztürk 1990), köklerinde ferruginol, 6,7-didehidrosempervirol 17-hidroksikriptotansinon, przewakuinon A ve kriptotansinon 17 beta-oik asit (Uluben vd 2004) bileşiklerini içerdiği bilinmektedir. Karagözler vd (2008)’nin prolin ve antioksidant içerikleri üzerine yapmış oldukları çalışmada türün yapraklarının doğal bir prolin ve antioksidant kaynağı olduğunu belirtmişlerdir. *D. hastata* türünün, geçmişten günümüze kadar bilinen en eski bitkisel ilaçların içeriğinde bulunan *Ginkgo biloba* (Mabet ağacı) türünden bile daha yüksek antioksidant kapasitesine sahip olduğu tespit edilmiştir (Erkan vd 2011, Karagözler vd 2008).

İçeriğindeki uçucu yağların başta tıp ve parfümeri sanayi olmak üzere kullanım potansiyelinin yüksek olduğu belirtilirken, türün hem endemik hem de cinse ait tek tür olmasından dolayı, halihazırda denetimsiz biçimde toplanmasının bitkinin geleceğini tehlikeye attığına dikkat çekilmektedir (Karagözler vd 2008, Erkan vd 2011). Bu bakımdan bitkinin bir an önce kültüre alınarak tarımının yapılması önerilmektedir (Öztürk 1990). Ancak bu türün genetik yapısı ve habitat gereksinimi üzerine yapılmış herhangi bir çalışma ise mevcut değildir.



Şekil 3.1. a) *D.hastata* türünün çiçek ve yaprak yapısına ait genel bir görünüm
b) *D. hastata* türüne ait genel bir görünüm

3.1.2 Araştırma alanının tanımı ve özellikleri

Araştırma alanı, Antalya iline ait endemik *D. hastata* Boiss. & Heldr. ex Bentham türünün Kemer-Kumluca-Korkuteli-Konyaaltı ilçelerindeki doğal popülasyonlarını içeren bölgedir. Türün yayılış alanının büyük bir kısmı Beydağları Sahil Milli Parkı içindedir. 1972 yılında Bakanlar Kurulu kararınca Milli Park ilan edilen Beydağları Sahil Milli Parkı'nın yüzölçümü 31.018 hektardır. Milli Park Antalya-Kemer-Kumluca Devlet Karayolunu kısmen sahilden, kısmen de içeriden boydan boya kat eder. Bu yol, Mersin-Antalya-Muğla sahil yolunun bir parçasıdır. Batı Torosların Genç Dağlar kuşağını içine alan yörenin jeolojik yapısı genellikle kalker ve serpantin kayalarından meydana gelir. Akdeniz Bölgesi'nin bütün ekolojik şartlarına sahip sahada, bitki örtüsü deniz kıyısında fıstık çamları ile başlar, yükseldikçe kızılçam, karaçam ve 1000 metrenin üstünde sedir ağaçları görülür. Park sınırları içinde 1000 e yakın bitki türü ve bunların içinde de 21 endemik türün bulunuşu Milli Park'ın tür yönünden çeşitliliğini göstermektedir. Alanda ayı, dağkeçisi, yaban domuzu, tilki, çakal, kurt, sansar ile çeşitli kuş ve balık türleri yaban hayatının bireyleridir. Akdeniz Bölgesi iklim şartlarına sahip Milli Park'ta yılın 7-8 ayında her türlü deniz sporları, piknik, kamp, yürüyüş, arkeolojik alanlar gezilerek yararlanılabilir (Orman ve Su İşleri

Bakanlığı Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü 2015a). Milli park Akdeniz'e kıyısının olması ve önemli tarihi şehirleri ve kalıntıları içinde barındırması nedeniyle yerli ve yabancı turistlerce gününbirlik ve daha uzun süreli konaklama imkanı bulundurmaktadır ve dolayısıyla yoğun insan kullanımı baskısı altında olduğu bilinmektedir. Bitkinin yayılış alanı içinde bulunan diğer bir milli park ise Güllük Dağı (Termessos) Milli Parkı'dır. 1970 yılında Bakanlar Kurulu kararınca Milli Park ilan edilen Güllük Dağı (Termessos) Milli Parkı'nın yüzölçümü 6.700 hektardır. Milli park içerisinde Anadolu'nun yerli halklarından olan Solim'lerin kurduğu Termessos şehri kalıntıları yer almaktadır. Birçok nadir bitki ve hayvan türüne de ev sahipliği yapan milli park, yabancı turistlerin sıklıkla uğradıkları yerler arasındadır (Orman ve Su İşleri Bakanlığı Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü 2015b). Sadece %4,64'ü korunan alan statüsünde bulunan ülkemiz topraklarında bu korunan alanların, her ne kadar resmi statüde korunsalar da fragmentasyonun (bozunmanın) etkisi altında oldukları bilinmektedir (Çağlayan ve Karadeniz 2012).

Araştırma materyalinin temin edilmesi amacıyla seçilen örneklem alanları türün daha önceki yıllarda tespit edilen yayılış bölgeleri ve alt-üst yükseklik sınırları göz önüne alınarak belirlenmiştir. Buna bağlı olarak türün deniz seviyesinden başlayarak yaklaşık 2000 m yüksekliğe kadar farklı habitat tiplerinde yayılış göstermesi ekolojik toleransı açısından bir avantaj olarak görülmektedir. Ancak türün yayılış alanının bölge bazında sınırlı olması, örnek popülasyonların/genotiplerin seçimi açısından, izolasyon mekanizmalarının da gözönüne alınmasını mecbur kılmıştır. Böylelikle çalışılan popülasyonların birbirlerine belirli mesafelerde ve farklı yükseklik sınırlarında yer almalarını gerekli kılmıştır. Türün yayılış alan genişliği, yükseklik alt ve üst sınırları, farklı habitat karakterleri değerlendirilerek toplam 16 örneklem alanı (lokasyon) belirlenmiştir. Her lokasyonda ise en az 3'er örnek (popülasyon) ile çalışılması planlanmıştır.

Bu bağlamda türün Kuzey-Güney bandında uç bölgelerde yer alan yayılış bölgeleri olan Güllük Dağı (1000 m.) ve Kumluca-Altınyaka güzergahının (500 m.) iki örneklem bölgesi olması belirlenmiştir. Araştırma alanı batı sınırında yer alan Alakır Vadisi'nin İmecik Dağı güzergahına kadar türün yayılışındaki önemli coğrafik izolasyon mekanizmalarından biri olduğu düşünülmektedir. Bu nedenle üçüncü, dördüncü ve beşinci örneklem bölgelerinin türün yayılış bölgesi batı sınırı da olan Alakır Vadisi boyunca orta bölümlerinde yer alan Altınyaka Kasabası (1000 m.), Gölcük Köyü (1000 m.) ve Alakır vadisi (1000 m.) yakın çevresinde seçilmiştir. Türün deniz seviyesinden başlayarak üst kesimlere doğru olan kademeli yükselişi Olimpos-Beydağları Sahil Milli Parkı'ndaki yoğun yayılışıyla belirgin olarak görülmektedir. Milli Park sınırları içerisinde yer alan Boğaz ve Kanyon Bölgeleri, alanda denize inen ve kuzeye kapalı derin vadiler olarak değerlendirildiğinde türün relik karakterinin günümüze taşınmasında önemli rol oynadıklarının da göstergesi niteliğindedir. Bu nedenle türün varlığı koruyabildiği ve gen merkezleri konumundaki bu bölgelerden deniz seviyesinden başlayarak sırasıyla Beldibi Bölgesi (50 m.), Göynük Kanyonu (250 m.), Kemer Kesme Boğazı (500 m.) lokasyonlarından da örneklem bölgeleri olarak belirlenmiştir.

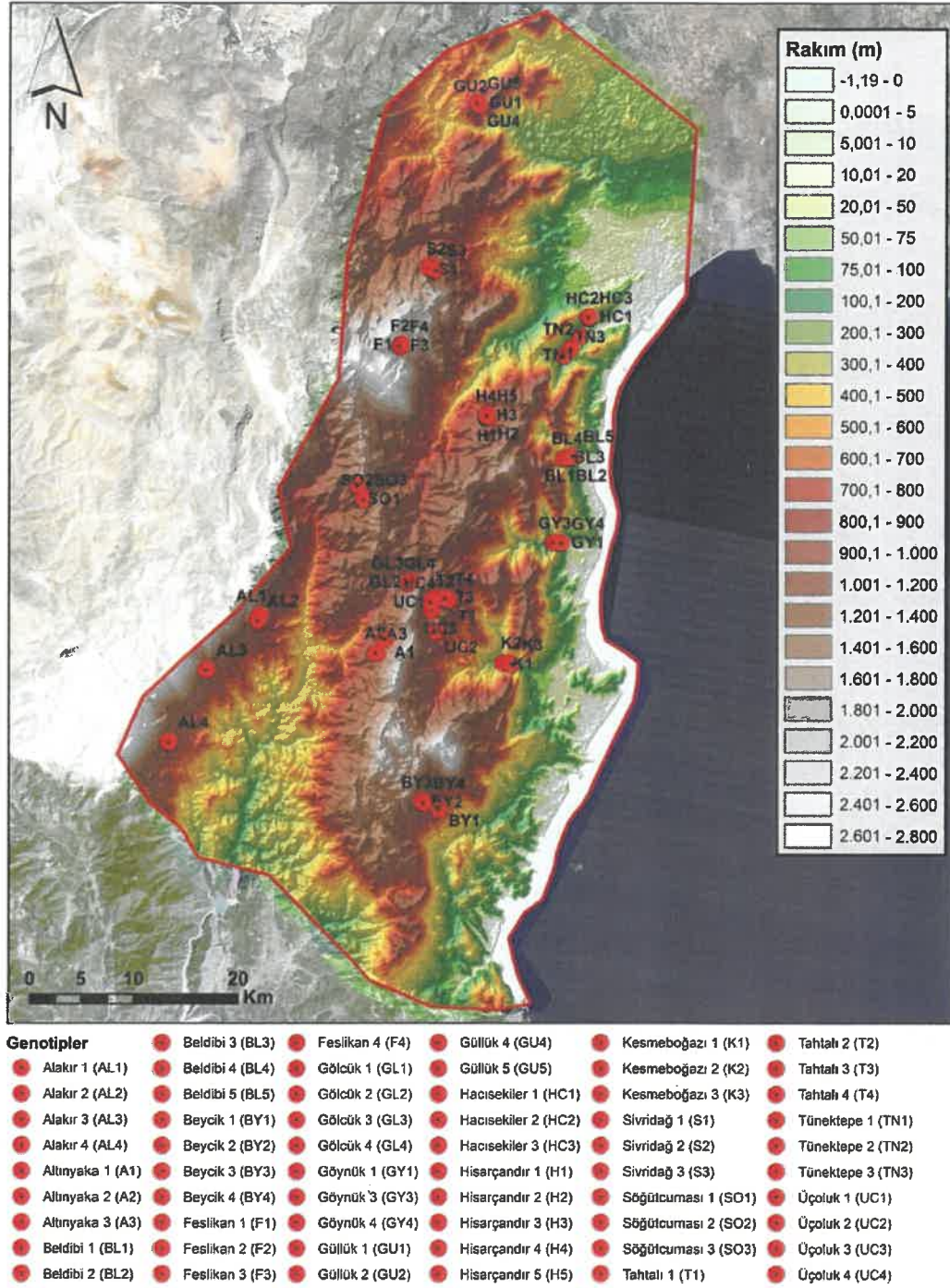
Araştırma alanı içerisinde topografyanın kısa mesafelerde ani değişikliğine bağlı olarak üst kademeye geçişte en büyük izolasyon mekanizmaları Tahtalı Dağı (2365 m.) ve Tunç Dağı'dır. Alt eteklerinde türün yerel halk tarafından büyük miktarlarda

toplandığı yürütülen arazi çalışmalarında gözlenmiştir. Bu nedenle alt kademeden başlayan örnekleme alanları olarak bu bölgelerde yer alan Tahtalı Dağı için Ovacık Mevkii-Tahtalı Dağı güzergahı (1500 m.), Tunç Dağı alt yamaçlarında yer alan Fesleğen Yaylası Mevkii (1850 m.) ve ara lokasyon olarak da Üçoluk Mevkii (1200 m.) belirlenmiştir. Tür yayılışının kuzeyinde yer alan Güllük Dağı ve Fesleğen Yaylası lokasyonları ile Antalya Şehir Merkezi arasındaki önemli izolasyon bölgelerinden biri de Sivridağ'dır (1250 m.). Bu nedenle bölgenin Kemer üst yol geçişinde yer alan Hisarçandır Köyü ile birlikte Sivridağ (500 m.), Hisarçandır Köyü (1000 m.) ve Söğütçümeşi Mevkiileride (1400 m.) diğer üç örnekleme alanı olarak belirlenmiştir. Benzer şekilde deniz seviyesinden başlayarak üst kesimlere geçişte tür yayılışı güney bölgesindeki ara lokasyonlar ise, Beycik Köyü (400 m.) ve Yazır Köyü (500 m.) olarak yapılması planlanmış olup, arazi çalışmaları sırasında bazı değişikliklere gidilmiştir. Kumluca bandına en yakın türün yayılışının tespit edildiği yer olarak Altınyaka (1000 m.) lokasyonu da yine örnekleme yapılacak yerlerden biri olarak belirlenmiştir.

Antalya şehir merkezinde türün yayılışının olmaması, türün şehire en yakın Tünektepe (100 m.), Hacisekiler (250 m.) bölgelerinde yayılış göstermesi bu bölgelerin de örnekleme yapılacak lokasyonlar arasında olmasına neden olmuştur.

Arazi çalışmaları esnasında türe ait örnekleme yapılacak genotiplerin varlığına bağlı olarak bazı lokasyonlardan (popülasyonlarda) 3, bazılarında 4, bazılarında ise 5 genotiple araştırma yürütülmüştür.

Çalışmanın bir bölümünü oluşturan morfolojik ölçümler ile genotiplerin konumlarına ait ekolojik karakterlerin belirlenmesinde 16 lokasyona ait 59 genotiple çalışılmıştır. Çalışmanın diğer bir kısmını oluşturan moleküler, popülasyon ve peyzaj genetiği açısından veri setinin oluşturulmasında ise sonradan türün yayılış alanı içinde olduğu belirlenen Göynük popülasyonuna ait genotipler bu veri setine dahil edilememiş olup (Göynük hariç), toplamda 15 lokasyonda yayılış gösteren 56 genotiple çalışılmıştır. Genotiplere ait izole edilen DNA ile marker taramaları sırasında jel görüntülerinde PCR amplifikasyonu zayıf olan genotiplerin elemine edilmesinden dolayı morfolojik ve ekolojik ölçümlerin oluşturduğu veri seti ile moleküler veri seti birbirinden farklılık göstermiştir. Çalışma alanı için oluşturulan sayısal yükseklik paftası üzerlerinde örneklenen genotiplerin yerleri Şekil 3.2.'de verilmiştir. Çalışılan popülasyonlar ve her bir popülasyonda örneklenen genotiplere ait GPS, rakım, bakı verileri Çizelge 3.1'de özetlenmiştir.



Şekil 3.2. Çalışma alanı için oluşturulan sayısal yükseklik paftası üzerinde örneklenen genotiplerin yerleri

Çizelge 3.1. Popülasyonlar ve örnekleme için belirlenen genotiplere ait GPS, rakım, ve bakı verileri

GENOTİP KODU	GENOTİP ADI	EU50 36 SO	UTM N	RAKIM	BAKI
SİVRİDAĞ POPÜLASYONU					
S1	SİVRİDAĞ-1	27°01,43'	40°83,868'	+1255	DOĞU
S2	SİVRİDAĞ-2	27°02,79'	40°83,669'	+1250	DOĞU
S3	SİVRİDAĞ-3	27°07,64'	40°83,530'	+1204	KUZİY
SÖĞÜTCUMASI POPÜLASYONU					
SO-1	SÖĞÜTCUMASI-1	26°42,75'	40°67,287'	+1465	BATI
SO-2	SÖĞÜTCUMASI-2	26°46,86'	40°66,214'	+1399	DOĞU
SO-3	SÖĞÜTCUMASI-3	26°47,18'	40°66,202'	+1400	DOĞU
HİSARÇANDIR POPÜLASYONU					
H-1	HİSARÇANDIR-1	27°43,33'	40°72,232'	+964	GÜNEYDOĞU
H-2	HİSARÇANDIR-2	27°44,88'	40°72,155'	+979	GÜNEYDOĞU
H-3	HİSARÇANDIR-3	27°43,63'	40°72,306'	+937	DOĞU
H-4	HİSARÇANDIR-4	27°43,27'	40°72,363'	+906	DOĞU
H-5	HİSARÇANDIR-5	27°43,82'	40°72,372'	+904	DOĞU
ÜÇOLUK POPÜLASYONU					
UC-1	ÜÇOLUK-1	26°99,33'	40°58,499'	+1087	KUZİYBATI
UC-2	ÜÇOLUK-2	26°99,58'	40°55,952'	+1053	BATI
UC-3	ÜÇOLUK-3	26°97,20'	40°57,623'	+1081	BATI
UC-4	ÜÇOLUK-4	26°96,46'	40°58,214'	+1083	BATI
TAHTALI POPÜLASYONU					
T-1	TAHTALI-1	27°10,37'	40°58,478'	+1094	GÜNEYBATI
T-2	TAHTALI-2	27°10,36'	40°58,519'	+1102	GÜNEYBATI
T-3	TAHTALI-3	27°08,47'	40°58,665'	+1105	DOĞU
T-4	TAHTALI-4	27°08,32'	40°58,686'	+1113	DOĞU
ALTINYAKA POPÜLASYONU					
A-1	ALTINYAKA-1	16°60,55'	40°55,696'	+1137	KUZİY
A-2	ALTINYAKA-2	26°53,89'	40°54,633'	+1125	KUZİYBATI
A-3	ALTINYAKA-3	26°53,45'	40°54,648'	+1106	KUZİYBATI
GÖLCÜK POPÜLASYONU					
GL-1	GÖLCÜK-1	26°82,07'	40°60,034'	+1122	KUZİYBATI
GL-2	GÖLCÜK-2	26°80,59'	40°59,961'	+1132	KUZİYDOĞU
GL-3	GÖLCÜK-3	26°80,35'	40°59,943'	+1148	KUZİY
GL-4	GÖLCÜK-4	26°79,94'	40°59,938'	+1120	KUZİY
FESLİKAN POPÜLASYONU					
F-1	FESLİKAN-1	36°49,12'	30°23,830'	+1862	GÜNEYBATI
F-2	FESLİKAN-2	36°49,11'	30°23,832'	+1853	GÜNEYBATI
F-3	FESLİKAN-3	36°49,09'	30°23,810'	+1853	GÜNEYBATI
F-4	FESLİKAN-4	36°49,06'	30°23,782'	+1853	GÜNEYBATI
KESMEBOĞAZI POPÜLASYONU					
K-1	KESMEBOĞAZI-1	27°51,73'	40°53,623'	+158	KUZİYBATI
K-2	KESMEBOĞAZI-2	27°56,25'	40°53,662'	+104	KUZİY
K-3	KESMEBOĞAZI-3	27°59,04'	40°53,514'	+109	GÜNEYDOĞU
HACİSEKİLER POPÜLASYONU					
HC-1	HACİSEKİLER-1	28°25,20'	40°79,757'	+231	GÜNEYBATI
HC-2	HACİSEKİLER-2	28°24,67'	40°79,789'	+233	GÜNEYBATI
HC-3	HACİSEKİLER-3	28°24,29''	40°79,817'	+235	GÜNEYBATI
TERMESSOS (GÜLLÜK) POPÜLASYONU					

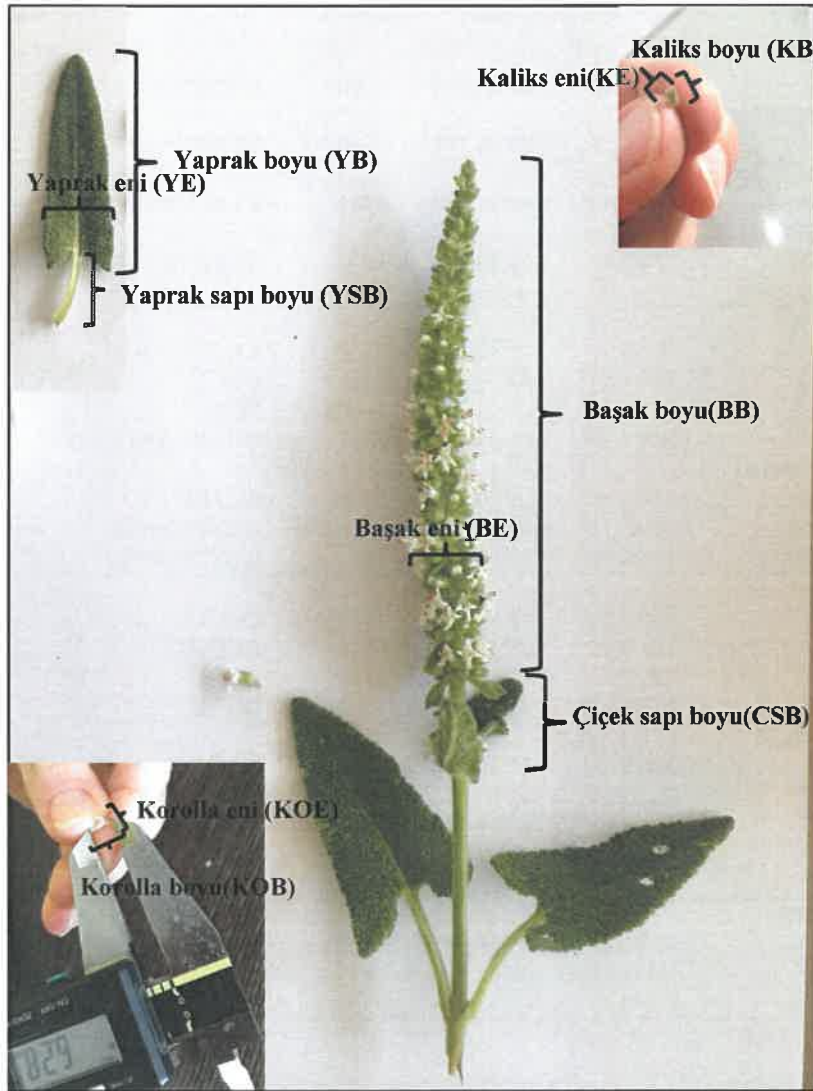
Çizelge 3.1'in Devamı

GU-1	GÜLLÜK-1 (TERMESSOS-1)	27°43,86'	40°96,097'	+1009	GÜNEYDOĞU
GU-2	GÜLLÜK-2 (TERMESSOS-2)	27°44,24'	40°96,102'	+1008	GÜNEYBATI
GU-3	GÜLLÜK-3 (TERMESSOS-3)	27°22,60'	40°96,317'	+971	KUZEYBATI
GU-4	GÜLLÜK-4 (TERMESSOS-4)	27°42,76'	40°96,316'	+974	KUZEYBATI
BEYCİK POPÜLASYONU					
BY-1	BEYCİK-1	26°98,99'	40°42,820'	+743	KUZEYDOĞU
BY -2	BEYCİK-2	26°85,64'	40°43,212'	+1023	DOĞU
BY -3	BEYCİK-3	26°85,58'	40°43,181'	+1009	DOĞU
BY -4	BEYCİK-4	26°87,29'	40°43,101'	956	GÜNEYBATI
TÜNEKTEPE POPÜLASYONU					
TN-1	TÜNEKTEPE-1	28°18,18'	40°78,383'	+40	KUZEY
TN-2	TÜNEKTEPE-2	28°10,11'	40°77,482'	+96	GÜNEYBATI
TN-3	TÜNEKTEPE-3	28°04,77'	40°76,911'	+90	KUZEYDOĞU
ALAKIR POPÜLASYONU					
AL-1	ALAKIR-1	25°65,24'	40°57,796'	+1202	DOĞU
AL-2	ALAKIR-2	25°63,25'	40°57,401'	+1205	DOĞU
AL-3	ALAKIR-3	25°22,66'	40°53,718'	+1151	DOĞU
AL-4	ALAKIR-4	24°91,92'	40°48,308'	+1059	DOĞU
BELDİBİ POPÜLASYONU					
BL-1	BELDİBİ-1	28°10,88'	40°69,170'	+16	DOĞU
BL-2	BELDİBİ -2	28°03,29'	40°63,036'	+61	GÜNEYBATI
BL-3	BELDİBİ -3	28°02,61'	40°69,115'	+7	KUZEY
BL-4	BELDİBİ -4	28°06,98'	40°69,157'	+4	KUZEY
BL-5	BELDİBİ-5	28°09,74'	40°69,305'	+46	GÜNEY
GÖYNÜK POPÜLASYONU					
GY-1	GÖYNÜK-1	27°99,35'	40°62,672'	+62	DOĞU
GY-2	GÖYNÜK-3	27°93,42'	40°62,730'	+87	GÜNEYBATI
GY-3	GÖYNÜK-4	27°99,38'	40°62,671'	+59	DOĞU

3.2. Metot

3.2.1. Morfolojik ve ekolojik verilerin elde edilmesi ve analizi

Arazi çalışmaları sırasında örnekleme yapılan genotiplerden DNA materyali alınırken bir yandan da türün gerek betiminde kullanılacak taksonomik karakterlere gerekse peyzaj değerinin ortaya konmasına katkı sağlayacak olan morfolojik ve diğer bazı ekolojik karakterlere ait ölçümler yapılmıştır. Bu kapsamda yaprak eni ve boyu, yaprak sapı boyu, başak boyu, çiçek sapı boyu, kaliks eni ve boyu, korolla eni ve boyu, meyve eni ve boyu dijital kumpas ve cetvel yardımıyla ölçülmüştür (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. Bitki organları (Çiçek, yaprak, kaliks, korolla) üzerinde ölçülen özellikler

Yaprak, çiçek ve meyve özelliklerine ait karakterler 60 genotipin her birinden 10 mükerrer olarak ölçülmüştür (Şekil 3.4). Belirtilen bu karakterlere ilave olarak incelenen her genotipe ait bitki boyu (maksimum ve minimum) ve bitki yayılış alanı (maksimum ve minimum) değerleri ölçülmüştür. Tüm ölçümler genotiplerin generatif evrede olduğu dönemde; Mart-Temmuz 2016 tarihleri arasında yapılmıştır. Bu nedenle bazı lokasyonlara birden fazla sayıda gidilerek generatif evre yakalanmıştır. Her genotipin bulunduğu noktaya ait GPS kaydı alınmış, rakım belirlenmiş, bakışı (Kuzey, Güney, Doğu, Batı vb) kaydedilmiştir (Şekil 3.5). Genotipin yayılış alanının en dar (YAC Min) ve en geniş (YAC Max) yerinden bir ölçüm yapılmıştır. Yine genotipin boyunun en uzun (BBMax) ve en kısa (BBMin) yerinden bir ölçüm yapılarak kaydedilmiştir. Her genotipten tesadüfî seçilen 10 adet olgun çiçek başağı (alt yapraklarla beraber), soğuk zincirle muhafaza edilerek taşınmış ve ivedilikle laboratuvarda ölçümleri yapılmıştır. Meyve özelliklerine ait ölçümler çiçeklenmeden ortalama 4-5 hafta sonra Nisan- Ağustos 2016 tarihleri arasında yapılmıştır. Bu amaçla her genotipten 10'ar adet tohum toplanmıştır.

Yaprak, çiçek ve meyve özelliklerini yansıtan ölçümler (Şekil 3.4) aşağıdaki şekilde yapılmıştır:

Yaprak eni (YE): Olgun çiçek başağının başak sapından sonraki ilk olgun yaprak çiftinin bulunduğu yaprakta en dar mesafe (cm)

Yaprak boyu (YB): Olgun çiçek başağının başak sapından sonraki ilk olgun yaprak çiftinin bulunduğu yaprakta en uzun dik mesafe (cm)

Yaprak sapı boyu (YSB): Olgun çiçek başağının başak sapından sonraki ilk olgun yaprak çiftini gövdeye bağlayan mesafe (cm)

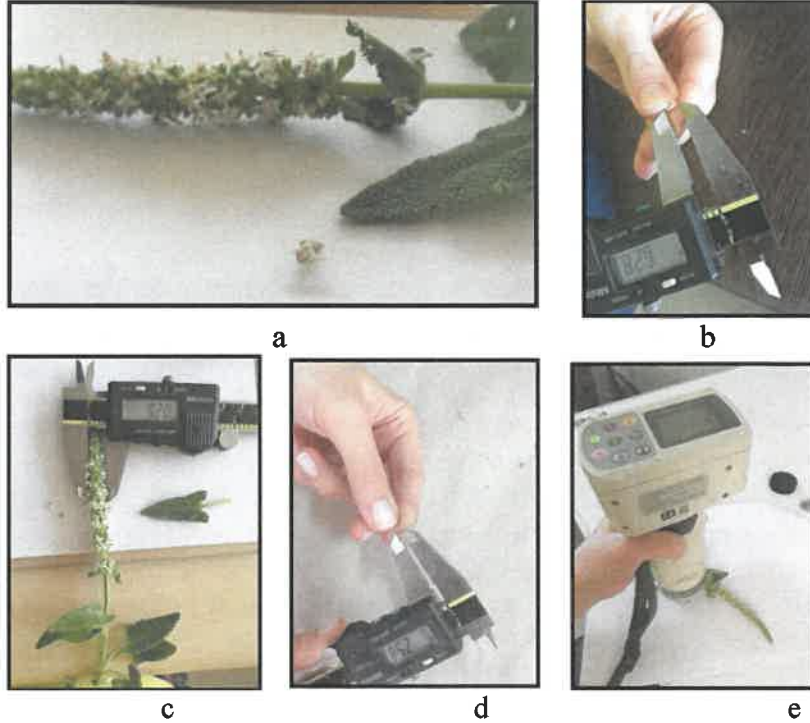
Başak eni(BE): Olgun çiçek başağının en kalın bölgesi olan orta kısmından alınan en geniş mesafe (cm)

Başak boyu (BB): Olgun çiçek başağının tepe noktasıyla alt noktası arasındaki dik mesafe (cm)

Çiçek sapı boyu (CSB): Çiçek başağı ile ilk genç yaprakçıklar arasındaki gövdenin uzunluğu (cm)

Meyve eni (ME): Tohumun en dar mesafesi (mm)

Meyve boyu (MB): Tohumun en uzun mesafesi (mm)



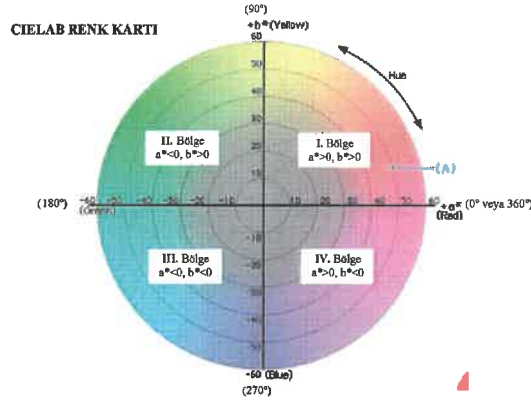
Şekil 3.4. a)Çiçek başağı, kaliks ve korolla yapısı,
b)Dijital kumpas ile korolla boyu ölçümü,
c)Başak eni ölçümü,
d) Meyve boyu ölçümü,
e)Kromometre ile yaprak renk ölçümü



Şekil 3.5. Arazi çalışmalarından görüntüler;

- a) Beldibi 4 nolu genotipten başak toplanması (18.04.2016),
- b) Hisarçandır 1 nolu genotipten tohum toplanması (06.06.2016),
- c) Tahtalı 1 nolu genotip üzerinden başak toplanması (18.05.2016),
- d) Termessos 1 nolu genotipten tohum toplanması (15.06.2016),
- e) Sivridağ 1 nolu genotip yetiştirme ortamından toprak örneği alımı (03.06.2015),
- f) Feslikan 1 nolu genotip lokasyonu GPS kaydı ve ölçümleri (03.06.2015)

Yaprak rengini belirleyen Chroma (C), Lightness (L) ve Hue açısı (Hue) değerleri ise CR-400 chroma meter (Konica Minolta Sensing, Inc., Osaka, Japan) kullanılarak ölçülmüştür. Yaprak, renk ölçümlerinde CIELAB L*, a* ve b* koordinat değerlerinden yararlanılmıştır. L* (parlaklık değeri) doğrudan kullanılmış, renk doygunluk değeri (chroma) $(a^2 + b^2)^{1/2}$ formülü, renk açısı (hue) ise derece cinsinden $\tan^{-1} b^*/a^*$ formülü ile hesaplanmıştır (Banton vd 2002). Koordinat değerlerinden a değeri + ise kırmızı, - ise yeşil; b değeri + ise sarı, - ise mavi koordinatlarını göstermektedir (Şekil 3.6) (Konica Minolta 2003). Belirtilen formüllere göre ölçülen a ve b değerleri kullanılarak her genotipe ait yaprak rengine karşılık gelen Hue değerleri hesaplanmıştır.



Şekil 3.6. CIELAB renk kartı üzerinde Hue renk açılarına karşılık gelen bölgeler/rengler

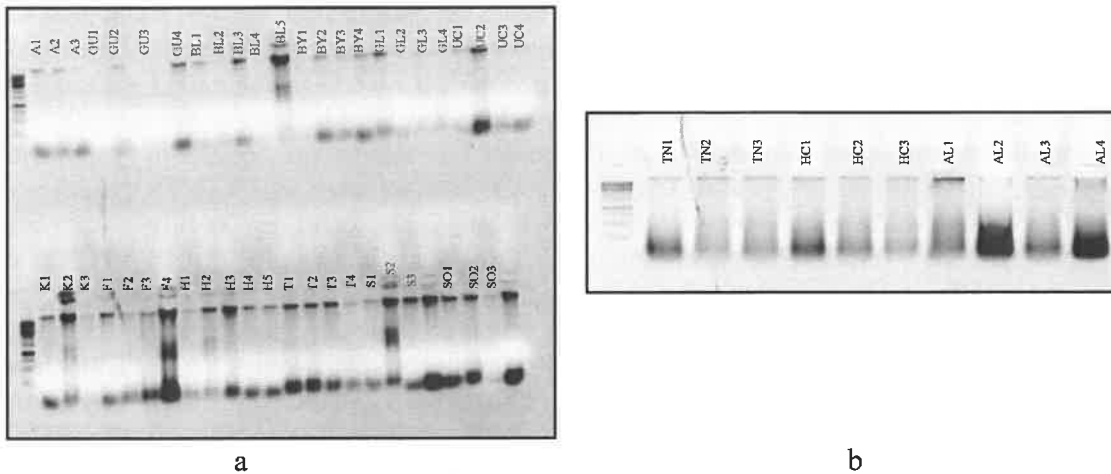
Morfolojik karakterlere ait ölçümlere ilave olarak türün yayılış alanlarına ait edafik özellikleri belirlemek üzere tüm lokasyonlarda genotiplerin her birinin yetiştiği alandan toprak örnekleri alınarak analizleri yaptırılmıştır. Toprak örneklerinde; bünye, ph, tuz, kireç, fosfor, potasyum, magnezyum, organik madde, demir, mangan, çinko varlığı araştırılmıştır. Toprak analizinde kullanılan analiz metodları ve cihazlar şu şekildedir; ph-TS ISO 1090/Sature ortamda (H_2O), Kireç- TS 8335 ISO 10693/Kalsimetrik, Toplam Tuz-TS ISO 11265/Sature ortamda, Doygunluk (bünye)-TS 8333/Saturasyon, Organik Madde-TS 8336/Walkley Black, Alınabilir Fosfor-TS 834 Olsen7Spektrofotometre, Alınabilir Potasyum-TS 8341/ 1N Amo.Ase/ICP-OES, Alınabilir Magnezyum- TS 8341/ 1N Amo.Ase/ICP, Alınabilir Demir- TS ISO 14870 DTPA/ICP-OES, Alınabilir Mangan- TS ISO 14870 DTPA/ICP, Alınabilir Çinko- TS ISO 14870 DTPA/IC.

Alınan tüm morfolojik ve ekolojik veriler SAS İstatistik programının GLM prosedüründe varyans analiz yöntemi kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalamalar Fisher metoduna göre korunmuş en az önemli fark (LSD) testi ile karşılaştırılmış ve popülasyonlar düzeyinde LSD(0.05) değerleri hesaplanmıştır. Hem genotiplere ait morfolojik veriler, hem de genotip ortalamalarından hesaplanan lokasyon ortalamaları ile lokasyonları temsil eden morfolojik veri seti oluşturulmuştur. Ayrıca pearson korelasyon analizi uygulanarak morfolojik ve edafik tüm parametreler arasındaki ilişkinin derecesi ve yönü ortaya konmuştur. Farklı lokasyonlar arasındaki yakınlığı ve varyasyonu tanımlayabilmek için ölçülen her morfolojik karakterde genotiplerin ortalamalarını temel alarak Temel Bileşenler ve Kümeleme Analizini yapılmıştır (Lezzoni ve Pritts 1991, Van Togeren 2002). Her iki veri seti NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System) PC v. 2.01 (Rohlf 1993) bilgisayar paket programında Temel Bileşenler Analizi (Principle Component Analizi=PCA) ve CLUSTER analizine tabi tutulmuştur. Analizlerden önce genotiplere ait veriler yine NTSYS’de standardize edilmiştir. Her bir karakter çifti için Pearson korelasyonu ile elde edilen benzerlik katsayısı matrisleri oluşturulmuştur. Daha sonra SAHN Kümeleme Analizi Dendogramı ve Ağırlıklı Olmayan Çift Grup Yöntemi Algoritması (UPGMA- Unweighted Pair-group Method Algorithm) kullanılmıştır. Temel bileşenler analizinin yapılması için ise SQRT (LA MBDA) parametresi kullanılarak eigen değerlerinin hesaplanmış ve dendogramlar oluşturulmuştur.

3.2.2. Moleküler verinin elde edilmesi ve analizi

Araştırma kapsamında belirlenmiş 15 lokasyondan her birinden en az üçer örnekle türün yayılış gösterdiği alanlardan çeşitliliği temsil edecek şekilde 59 (ellidokuz) genotipin her birinden 10'ar gram taze yaprak örneği alınmış ve silica jelde muhafazaları sağlanmıştır. Popülasyonlar ve örneklenen genotiplerin konumları Şekil 3.2'de belirtilmiştir. Popülasyonlar içinde örneklenen genotipler arasındaki mesafe, popülasyonlara göre 40 m ile 15000 m arasında varyasyon göstermiştir. Örneklenen popülasyonlarda çalışılan genotiplere ait lokasyon, rakım, bakı ve popülasyon büyüklüğüne ilişkin bilgi Çizelge 3.1'de sunulmuştur.

Tüm lokasyonlarda belirlenen genotiplerden alınan ve silica jelde kurutulan yaprak örneklerinden DNA izolasyonu CTAB protokolüne göre yapılmıştır (Doyle ve Doyle 1990). CTAB tampon çözeltisi; 2% CTAB, 100 mM TrisHCl (pH=8), 20 mM EDTA, 1.4 M NaCl, 0.2% β -mercaptoethanol tarifine göre hazırlanmıştır. Silica jelde kurutulmuş olan 3-5gr yaprak örneği tüplere konulup üzerlerine 200 μ l CTAB çözeltisi eklenerek ezme işlemi yapılmıştır. Ezilen örneklerin üzerlerine 250 μ l daha CTAB çözeltisi eklenerek 65°C'de 1 saat inkübasyona bırakılmıştır. 1 saat sonra inkübasyondan alınan örneklerle 450 μ l 24:1 oranındaki kloroform-izoamil alkol çözeltisi eklenip santrifüjde 20 dk iki fazlı solüsyon oluşması sağlanmıştır. Oluşan iki fazlı çözeltinin üst fazında DNA olduğu kabul edilip pipet yardımı ile yeni tüplere aktarılmıştır (yaklaşık 300 μ l). Aktarılan bu fazın üzerine 300 μ l izopropanol çözeltisi eklenip 1 gece -20°C'deki dondurucuda bekletilmiştir. Ertesi gün dondurucudan alınan örnekler santrifüj edilip tüplerin tabanında pellet oluşumu sağlanmıştır. Oluşan pelletlerdeki çözelti dikkatlice dökülüp yerine 300 μ l etanol konularak tekrar santrifüj yapılmıştır. Bu işlem iki defa tekrarlandıktan sonra tüplerdeki pelletin düşmemesine dikkat edilerek içerisindeki çözelti döküldükten sonra yarım saat kurumaya bırakılmıştır. Kuruyan tüplere 100 μ l distile su eklenerek stok DNA çözeltisi elde edilmiştir. Analizlerden önce izole edilen DNA'ların miktarı, %1'lik agaroz jel elektroforezi ile belirlenmiştir (Şekil 3.7). Stok DNA, moleküler analizlerde kullanılmak üzere 1:9 oranında distile su ile seyreltilmiştir.



Şekil 3.7. a) ve b) Genotiplere ait DNA görüntüleri (Moleküler olarak çalışılmış 59 genotipin isimlerine ait kodlar Çizelge 3.1'de belirtilmiştir.)

3.2.2.1. SRAP markır sistemi

SRAP analizinde ileri (forward) primeri olarak Me1'den Me13'e kadar ve geri (reverse) primeri olarak da Em1'den Em16'ya kadar olan primerlerin toplam 208 kombinasyonu kullanılmıştır (Çizelge 3.2). Tüm genotiplerden oluşturulan 2 tane bulk DNA bu kombinasyonlar ile ilk önce ile taranmış ve polimorfizm gösteren (en çok bant veren) 13 adet primer çifti seçilmiştir (Çizelge 3.3). SRAP primerlerinin testlenmesinde PCR bileşenleri Çizelge 3.4'de ve PCR döngüsü ise Çizelge 3.5'de sunulduğu şekilde kullanılmıştır.

Çizelge 3.2. SRAP analizinde kullanılan ileri(forward) ve geri (reverse) primerlerinin dizilim bilgileri

Primer	İleri Sekans Bilgisi (5'-3')	Primer	Geri Sekans Bilgisi (5'-3')
Me1	TGAGTCCAAACCGGATA	Em1	GACTGCGTACGAATTAAT
Me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	Em2	GACTGCGTACGAATTTGC
Me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	Em3	GACTGCGTACGAATTGAC
Me4	TGAGTCCAAACCGGACC	Em4	GACTGCGTACGAATTTGA
Me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em5	GACTGCGTACGAATTAAC
Me6	TGAGTCCAAACCGGACA	Em6	GACTGCGTACGAATTGCA
Me7	TGAGTCCAAACCGGACG	Em7	GACTGCGTACGAATTCAA
Me8	TGAGTCCAAACCGGACT	Em8	GACTGCGTACGAATTAC
Me9	TGAGTCCAAACCGGAGG	Em9	GACTGCGTACGAATTGAG
Me10	TGAGTCCAAACCGGAAA	Em10	GACTGCGTACGAATTGAT
Me11	TGAGTCCAAACCGGAAC	Em11	GACTGCGTACGAATTCTA
Me12	TGAGTCCAAACCGGAGA	Em12	GACTGCGTACGAATTCTC
Me13	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em13	GACTGCGTACGAATTCTG
		Em14	GACTGCGTACGAATTCTT
		Em15	GACTGCGTACGAATTGAT
		Em16	GACTGCGTACGAATTGTC

Çizelge 3.3. Polimorfizm gösteren 13 SRAP primer kombinasyonu

No	Primer Kombinasyonu	No	Primer Kombinasyonu
1	Em 9 - Me 5	8	Em 5 - Me 3
2	Em 11 - Me 11	9	Em 9 - Me 11
3	Em 1 - Me 11	10	Em 10 - Me 12
4	Em 13 - Me 3	11	Em 2 - Me 7
5	Em 1 - Me 9	12	Em 3 - Me 7
6	Em 4 - Me 7	13	Em 7 - Me 7
7	Em 8 - Me 2		

Çizelge 3.4. SRAP analizinde kullanılan PCR bileşenleri

Bileşenler	Miktar
DNA	2 µL
10x PCR Buffer ((NH ₄) ₂ SO ₄)	1.5 µL
25 Mm MgCl ₂	1.5 µL

Çizelge 3.4'ün Devamı

5 U/μL Taq DNA polymerase	0.2 μL
5 Mm dNTP	1.5 μL
SRAP Primeri (Forward)	2 μL
SRAP Primeri (Reverse)	2 μL
H ₂ O	4.3 μL
TOPLAM	15 μL

Çizelge 3.5. SRAP analizlerinde kullanılan PCR döngüsü

PCR döngü aşamaları	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Denatürasyonu aşaması	94.0°C	2 dk	
Primer hibridizasyon aşaması	94.0°C	1 dk	5
	35°C	1 dk	5
	72°C	1 dk	5
	94°C	1 dk	35
	50°C	1 dk	35
Polimerizasyon aşaması	72°C	1 dk	35
	4°C	∞	

3.2.2.2. iPBS markır sistemi (Retrotranspozonlar)

Önce 47 adet iPBS primerleri (Çizelge 3.6) 20 farklı genotip DNA'nın karışımıyla elde edilen bulkten oluşan bir örnekte test edilmiştir. En iyi amplifikasyonun ve en çok bandın alındığı iPBS primerleri tespit edilmiştir. En çok bandı veren primerler ve bağlanma sıcaklıkları Çizelge 3.7'de sunulmuştur. iPBS primerlerinin testlenmesinde PCR bileşenleri Çizelge 3.8'de ve PCR döngüsü ise Çizelge 3.9'da sunulan şekli ile kullanılmıştır.

Çizelge 3.6. İnter-primer bağlanma bölgeleri primerleri (iPBS) ve dizilim bilgileri (Kalendar vd 2010).

Primer Adı	Sekans Bilgisi (5'-3')	Primer Adı	Sekans Bilgisi (5'-3')
2074	GCTCTGATACCA	2220	ACCTGGCTCATGATGCCA
2075	CTCATGATGCCA	2221	ACCTAGCTCACGATGCCA
2076	GCTCCGATGCCA	2222	ACTTGGATGCCGATACCA
2077	CTCACGATGCCA	2226	CGGTGACCTTTGATACCA
2375	TCGCATCAACCA	2228	CATTGGCTCTTGATACCA
2376	TAGATGGCACCA	2230	TCTAGGCGTCTGATACCA
2379	TCCAGAGATCCA	2232	AGAGAGGCTCGGATACCA
2380	CAACCTGATCCA	2237	CCCCTACCTGGCGTGCCA
2381	GTCCATCTTCCA	2238	ACCTAGCTCATGATGCCA
2383	GCATGGCCTCCA	2239	ACCTAGGCTCGGATGCCA
2384	GTAATGGGTCCA	2243	AGTCAGGCTCTGTTACCA

Çizelge 3.6'nın Devamı

2387	GCGCAATACCCA	2244	GGAAGGCTCTGATTACCA
2388	TTGGAAGACCCA	2246	ACTAGGCTCTGTATACCA
2389	ACATCCTTCCCA	2249	AACCGACCTCTGATACCA
2391	ATCTGTCAGCCA	2251	GAACAGGCGATGATACCA
2392	TAGATGGTGCCA	2252	TCATGGCTCATGATACCA
2393	TACGGTACGCCA	2253	TCGAGGCTCTAGATACCA
2394	GAGCCTAGGCCA	2255	GCGTGTGCTCTCATACCA
2270	ACCTGGCGTGCCA	2395	TCCCCAGCGGAGTCGCCA
2272	GGCTCAGATGCCA	2398	GAACCCCTTGCCGATACCA
2277	GGCGATGATACCA	2401	AGTTAAGCTTTGATACCA
2217	ACTTGGATGTCGATACCA	2402	TCTAAGCTCTTGATACCA
2218	CTCCAGCTCCGATTACCA	2415	CATCGTAGGTGGGCGCC
2219	GAACCTTATGCCGATACCA		

Çizelge 3.7. En çok bandı veren 11 adet iPBS primerleri ve optimum bağlanma sıcaklıkları

Primer adı	Sekans Bilgisi (5'-3')	Bağlanma Sıcaklıkları
2076	GCTCCGATGCCA	51 °C
2375	TCGCATCAACCA	50 °C
2383	GCATGGCCTCCA	46 °C
2387	GCGCAATACCCA	46 °C
2277	GGCGATGATACCA	45 °C
2217	ACTTGGATGTCGATACCA	46 °C
2230	TCTAGGCGTCTGATACCA	51 °C
2232	AGAGAGGCTCGGATACCA	56 °C
2237	CCCCTACCTGGCGTGCCA	46 °C
2239	ACCTAGGCTCGGATGCCA	58 °C
2251	GAACAGGCGATGATACCA	56 °C

Çizelge 3.8. iPBS analizlerinde kullanılan PCR bileşenleri

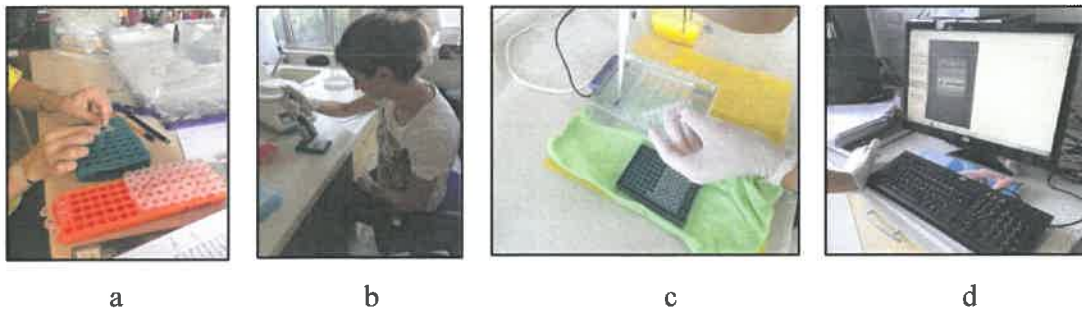
Bileşenler	Miktar
DNA	3 µL
10x PCR Buffer ((NH ₄) ₂ SO ₄)	1.5 µL
25 Mm MgCl ₂	1.5 µL
5 U/µL Taq DNA polymerase	0.3 µL
5 Mm dNTP	1.5 µL
10Mm iPBS Primeri	1 µL
H ₂ O	6.2 µL
TOPLAM	15 µL

Çizelge 3.9. iPBS analizlerinde kullanılan PCR döngüsü

Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
94.0°C	3 dk	
94.0°C	30 sn	35
IPBS primerine ait bağlanma sıcaklığı	59 sn	35
72°C	59 sn	35
72°C	10 dk	
50°C	45 sn	
40°C	45 sn	
30°C	45 sn	
20°C	45 sn	
4°C	∞	

3.2.2.3. Jel elektroforezi

PCR yardımı ile üretilen SRAP ve iPBS PCR ürünlerinin UV altında görüntülenebilmesi için %2'lik jel (400 ml TBE tampon çözeltisi, 8 g agaroz, 6 µL etidyum bromid) kullanılmıştır. Jelin hazırlanmasında kullanılan TBE tampon çözeltisi için ilk önce 108 g tris, 55 g borik asit ve 7.5 g EDTA'nın 1000 ml saf suda çözülmesi ile 10X'lik stok çözelti oluşturulmuştur. Daha sonra bu 1X'lik çözelti 9 L saf su ile karıştırılarak 1X'lik seyreltilmiş çözelti hali ile kullanılmıştır. PCR ürünlerinin üzerine 5 µL yükleme boyası (15 ml gliserol, 35 ml saf su, 0.05 g bromofenol blue) eklenerek jele yüklemesi yapılmıştır. Ürünler 110 V elektrik akımı ile yaklaşık 4 saat 1X'lik TBE tampon çözeltisinin içerisinde koşturulmuştur. Her jel yüklemesinde ilk kuyucuklara 3 µL 1 kb'lik DNA Ladder (Thermo, GeneRuler) yüklenmiştir. Jel görüntülenmesi Minilumi, DNR Bio-Imaging Systems markalı cihazda yapılmıştır (Şekil 3.8). Laboratuvarında yürütülen DNA izolasyonu, jel yükleme ve görüntüleme işlemlerine ait görseller Şekil 3.8.'de görülmektedir.



Şekil 3.8. a ve b) Genotiplere ait silica jelde kurutulmuş yaprak örneklerinden DNA izolasyonu için örnek alınması ve izolasyon, c) İzole edilmiş DNA'nın jele yüklenmesi, d) DNA'nın görüntülenmesi

3.2.2.4. Moleküler verilerin analizi

Jel görüntüleme sistemi kullanılarak elde edilen görüntüler, bant varlığı durumunda (1), yokluğu durumunda (0) değerleri verilerek skor edilmiştir. Genotiplerin taranması sonucu oluşturulan 357 adet markır verisi (moleküler veri seti) NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System) PC v. 2.01 (Rohlf 1993) bilgisayar paket programında Temel Bileşenler Analizi (Principle Component Analizi=PCA) ve CLUSTER analizine tabi tutulmuştur. Moleküler veri hem genotip bazında tek başına, hem de morfolojik veri ile birleştirilerek ayrıca Temel Bileşenler Analizi ve Kümeleme analizine tabi tutulmuştur. Her bir markır çifti için Pearson korelasyonu ile elde edilen benzerlik katsayısı matrisleri oluşturulmuştur. Daha sonra SAHN Kümeleme Analizi Dendogramı ve Ağırlıklı Olmayan Çift Grup Yöntemi Algoritması (UPGMA) kullanılmıştır. Temel bileşenler analizinin yapılması için ise SQRT (LA MBDA) parametresi kullanılarak eigen değerlerinin hesaplanmış ve grafikler oluşturulmuştur.

3.2.3. Popülasyon genetiği verilerinin elde edilmesi

Primerlerin skorlanmasıyla elde edilen sonuçlar popülasyonlara göre ayrılmıştır. Moleküler olarak çalışılan 15 lokasyonda bulunan genotipler 15 popülasyonu temsil etmektedir. *D.hastata* popülasyonlarında üzerinde durulan primerler bakımından elde edilen SRAP ve IPBS profilleri bilgisayar ortamına aktarılmıştır. Hazırlanan veri tabanından hareketle allel frekansları (P_i) karekök yöntemi kullanılarak hesaplanmıştır (Nei 1987).

Popülasyonların genetik varyasyon düzeylerinin tespit edilmesi amacıyla, allel frekanslarından yararlanılarak her bir popülasyonda ortalama allel sayısı (^na), ortalama etkili allel sayısı (^ne), Shannon İndeksi (^Ho) ve polimorfik lokus oranı (^Ppoly) tahmin edilmiştir (Nei 1987).

D.hastata popülasyonları arasındaki mevcut genetik farklılığın ortaya konulması amacıyla, ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) değerleri hesaplanmıştır. Çünkü ikişerli F_{ST} değerleri popülasyonlardaki kısa sürede meydana gelen genetik farklılıklar olarak ölçülmekte olup, popülasyonlar arasındaki allel frekanslarından olan farklılıkların bir ölçüsü olarak değerlendirilmektedir (Weir ve Cockerham 1984). Ayrıca popülasyonlar arasındaki genetik farklılıkların ölçülmesinde klasik olarak kullanılan ölçüt olan Nei (1972)'nin genetik mesafe (D, standard genetic distance) değerleri hesaplanarak popülasyonlar arasındaki genetik farklılık ortaya konulmuştur.

Nei (1972)'nin genetik mesafe (D) değerlerinden yararlanılarak oluşturulan kümeleme analizlerinde çizilen dendogram için Saitou ve Nei (1987) tarafından geliştirilen komşu birleştirme (NJ = Neighbour Joining) yöntemi kullanılmış ve *D.hastata* popülasyonları arasındaki filogenetik ilişkiler ortaya konulmuştur.

Gözlenen toplam genetik varyasyonun ne kadarının popülasyonlar arasındaki varyasyondan, ne kadarının ise her bir popülasyonda bulunan bireyler arasındaki varyasyondan kaynaklandığının anlaşılması için AMOVA (Analysis of Molecular Variance) hesaplamaları yapılmıştır.

3.2.3.1. Allel frekansları

SRAP ve iPBS markırlarının dominant kalıtım modeli göstermesi (heterozigot genotipler dominant homozigotlardan ayırt edilememekte ve bunun sonucunda da allel frekansları doğrudan SRAP ve IPBS profillerinden hesaplanamamaktadır) nedeniyle, gen frekansları (x_i , *Gene veya allele frequency*) ve standart hatalarının (S_{P_i}) hesaplanmasında karekök (*square root*) yöntemi kullanılmıştır (Nei 1987).

$$P_i = \sqrt{n_g / n} \quad (3.1)$$

$$S_{P_i} = \sqrt{(1 - P_i^2) / 4n} \quad (3.2)$$

n_g = i . resesif etkili allel bakımından homozigot genotipli bireylerin sayısı

n = toplam birey sayısıdır.

3.2.3.2. Ortalama allel sayısı

Bir popülasyondaki genetik varyasyon, popülasyondaki ortalama allel sayısı (n_a , *Average number of alleles*) ile de ifade edilebilmektedir. Pratik olarak bir popülasyonda bulunan toplam allel sayısı genellikle tespit edilememektedir. Bunun yerine popülasyonu temsil eden örneklerden hesaplanan belirli genlerin sayısı üzerinden bir tahmin yapılmaktadır. Bu nedenle ortalama allel sayısı örnek genişliğinden büyük ölçüde etkilenmekte ve çoklu allelizmin var olduğu lokuslar bakımından daha duyarlı bir istatistik olarak değerlendirilmektedir (Nei 1987). Bir popülasyonda ortalama allel sayısı ne kadar yüksek ise popülasyondaki genetik varyasyon da o kadar yüksektir (Nei 1987).

$$n_a = \sum_i n_{ai} / r \quad (3.3)$$

n_{ai} = i . lokustaki allel sayısı

r = toplam lokus sayısıdır.

3.2.3.3. Ortalama etkili allel sayısı

Kimura ve Crow (1964) tarafından geliştirilen ve popülasyon genetiği çalışmalarında kullanılmakta olan ortalama etkili allel sayısı (n_e , *Average effective number of alleles*) homozigotluğun tersi olarak tanımlanmaktadır (Nei 1987). Bu ölçüt popülasyondaki allel frekanslarının dağılımı üzerinden tahmin edilmekte olup, teorik olarak bir popülasyonda var olan tüm allel frekansları aynı olduğu zaman n_a değerine eşit olmaktadır. Genellikle, allel frekanslarının eşit olmadığı durumlarda n_e ölçütü n_a değerinden daha küçük tahmin edilmektedir.

$$n_e = \sum_j (1 / \sum_i p_i^2) / r \quad (3.4)$$

p_i = i . allel frekansı

r = lokus sayısıdır.

3.2.3.4. Nei'nin gen çeşitliliği/farklılık indeksi (Nei's gene diversity) (h)

Popülasyondaki ortalama genetik varyasyonun (H , *Average gene diversity* veya *average heterozygosity*) tahmin edilmesinde Nei (1978)'nin alt popülasyonlarda beklenen ortalama heterozigotluk (h_j , *Expected heterozygosity* veya *expected gene diversity*) değerlerinden yararlanılmıştır. Ortalama heterozigotluğun örnekleme varyansı ($V(H)$, *The sampling variance of H*) j . lokusta hesaplanan örnekleme varyansına $V(h_j)$ bağlı olarak tahmin edilmektedir.

$$H = \sum_j h_j / r \quad (3.5)$$

$$h_j = 1 - \sum_i p_i^2 \quad (3.6)$$

$$V(H) = V(h_j) / r \quad (3.7)$$

$$V(h_j) = \sum_j (h_j - H)^2 / (r - 1) \quad (3.8)$$

$$t = d / S_d \quad (3.9)$$

$$d = h_{xj} - h_{yj} \quad (3.10)$$

$$S_d = \sqrt{(S(h_{xj}))^2 + (S(h_{yj}))^2} \quad (3.11)$$

p_i = i . allel frekansı

h_j = j . lokusta beklenen heterozigotluk (tek lokus heterozigotluğu)

r = lokus sayısı

d = X ve y popülasyonlarında beklenen ortalama heterozigotluklar arasındaki fark

S_d = X ve y popülasyonlarında beklenen ortalama heterozigotluklara ait standart hata

h_{xj} = X popülasyonunda beklenen ortalama heterozigotluk

h_{yj} = y popülasyonunda beklenen ortalama heterozigotluk

$S(h_{xj})$ = X popülasyonunda beklenen ortalama heterozigotluğun standart hatası

$S(h_{yj})$ = y popülasyonunda beklenen ortalama heterozigotluğun standart hatasıdır.

3.2.3.5. Shannon indeksi (H_o , *Shannon's diversity index/ information index*)

Popülasyonlardaki genetik varyasyonun tahmin edilmesinde kullanılan istatistiklerden birisi de Shannon indeksidir. Lewontin (1972)'e göre, bu ölçüt kendine döllen ve Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu kabul edilen haploid popülasyonlarda genetik varyasyonun çok düşük seviyelerde olmasından dolayı, yaygın olarak kullanılan bir istatistiktir. SRAP ve iPBS markırlarıyla çalışılan

organizmalardaki genetik varyasyonun ortalama tahmininde, çalışılan tüm lokuslar üzerinden ayrı ayrı hesaplanmakta ve daha sonra bu değerlerin ortalaması alınarak elde edilmektedir. Nei (1987)'ye göre, popülasyonlar içi ve popülasyonlar arasındaki genomik varyasyonun açıklanması amacıyla geliştirilen Shannon indeksinin teorik olarak ileri sürdüğü varsayımların biyolojik anlamı açık bir şekilde ortaya konmamıştır.

$$I = P_i \ln P_i \quad (3.12)$$

P_i = i . allelin frekansı

3.2.3.6. Polimorfik lokus oranı

Popülasyonda mevcut genetik varyasyonun ortaya konulması amacıyla çok sayıda lokus üzerinde ve çok büyük örnek genişliğiyle çalışılıyorsa, bu durumda toplam genetik varyasyon polimorfizm derecesi veya polimorfik lokus (bant) oranı (P_{poly} , *Proportion of polymorphic loci*) olarak ifade edilmektedir. Polimorfizm (*polymorphism*) kavramı, örnek genişliğine bağlı olarak üzerinde durulan lokusta yaygın olan allel frekansının (P_i) 0.99'a eşit ya da daha düşük frekanslarda bulunmasını ifade etmektedir. Polimorfizm kriteri (0.95 veya 0.99) araştırmacı tarafından belirlenmekte olup, örnek genişliğinin yüksek ($n \geq 100$) olduğu durumlarda 0.95 olarak ta tespit edilebilmektedir (Nei 1987).

$$P_{poly} = n_p / r \quad (3.13)$$

n_p = polimorfik lokus (bant) sayısı

r = toplam lokus sayısıdır.

3.2.3.7. İkili genetik farklılaşma katsayısı (pariwise F_{ST})

İkili genetik farklılaşma katsayısı Reynolds vd (1983)'e göre hesaplanmıştır. Formüle göre ;

Popülasyon büyüklüğü N olan haploid bir popülasyonda F_{ST} hesaplamak için; t jenerasyon önce popülasyonların birbirlerinden farklılaştığı düşünülürse;

$$pairwise F_{ST} = 1 - (1 - 1/N)^t \approx 1 - e^{-t/N} \quad (3.14)$$

şeklinde hesaplanmaktadır.

F_{ST} popülasyonlar arasındaki genetik farklılıkların derecesini ifade etmekte olup 0 ile 1 arasında değişmektedir. Hartl ve Clark (1997)'a göre, popülasyonlar arasındaki genetik farklılık seviyeleri 4 farklı grupta sınıflandırılmaktadır.

Buna göre F_{ST} ;

- $0.00 < F_{ST} < 0.05$ ise, popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar düşük,
- $0.05 < F_{ST} < 0.15$ ise, popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar orta,
- $0.15 < F_{ST} < 0.25$ ise, popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar yüksek ve
- $0.25 < F_{ST}$ ise, popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar çok yüksek seviyededir.

Wright (1978)'a göre, popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar (F_{ST}) 0.05 den daha küçük ise bu farklılıkların biyolojik olarak herhangi bir anlam taşımadığı ifade edilmektedir.

3.2.3.8. Genetik mesafe (D)

Genetik mesafe, ölçülebilen özellikler bakımından popülasyonlar/alt türler (ya da ekotipler) arasındaki gen farklılıklarının iyi bir ölçüsüdür. Böylece her bir nükleotid noktasında veya her bir lokusta meydana gelen nükleotid değişimlerinin sayısı genetik mesafenin bir ölçüsü olarak kabul edilmektedir. İki popülasyon arasındaki genetik mesafe genellikle gen farklılıklarını ortaya koymakta ve allel frekanslarının bir fonksiyonu olarak ölçülmektedir. Geometrik uzaklık analogları olarak değerlendirilen çok sayıda genetik mesafe tahmin yöntemi geliştirilmiştir. Bu amaçla yaygın olarak kullanılan yöntemlerden birisi de Nei, (1978)'nin genetik mesafe ($D = \text{Standard genetic distance}$) yöntemidir. Nei (1972) genetik mesafe kavramını her bir lokus bakımından iki popülasyon arasında meydana gelen gen (ya da kodon) değişim sayısının bir tahmini olarak ifade etmektedir. Genetik mesafe popülasyonlar arasındaki genetik benzerlikten (I , *Genetic identity*) yararlanılarak hesaplanmaktadır. Ele alınan iki popülasyon özdeş gen frekanslarına sahip ise genetik benzerlik 1, ortak allellere sahip değilse 0 olacaktır. Genetik benzerlik 0 ile 1 arasında değişirken, genetik mesafe sıfır (0) ile sonsuz (∞) arasında bir değer almaktadır (Nei 1987).

$$D = -\ln I \quad (3.15)$$

$$I = J_{XY} / \sqrt{J_X J_Y} \quad (3.16)$$

$$J_{XY} = \sum_i P_{Xi} P_{Yi} \quad (3.17)$$

$$J_X = \sum_i P_{Xi}^2 \quad (3.18)$$

$$J_Y = \sum_i P_{Yi}^2 \quad (3.19)$$

I = X ve Y popülasyonları arasındaki genetik benzerlik

P_{Xi} = i . allelin X popülasyonundaki frekansı

P_{Yi} = i . allelin Y popülasyonundaki frekansdır.

3.2.3.9. Popülasyon genetiği verilerinin analizi

Elde edilen verilerin analizinde; allel frekansları, gözlenen ve etkin alel sayıları, popülasyon içi genetik çeşitliliğin tahmin edilmesinde Nei ve Shannon'un çeşitlilik indeksleri, popülasyonlara ait polimorfik lokus sayıları ve oranları, genetik farklılaşma katsayısı, gen akışı değerleri POPGENE (Yeh vd 1997) bilgisayar paket programı kullanılarak hesaplanmıştır. İkişerli F_{ST} ve AMOVA değerlerinin hesaplanmasında ise ARLEQUIN software 3.1 (Excoffier vd 2005) paket programından yararlanılmıştır. AMOVA moleküler verileri temel alarak popülasyonların ortalama değerleri arasında fark olup olmadığını belirleyen çok değişkenli bir analizdir. Bu analiz moleküler verilerde örneğin SRAP, RFLP, AFLP, RAPD markırlarına ait allel frekanslarını kullanarak popülasyonlar arasındaki genetik yapı hakkında bilgi vermektedir (Excoffier vd 1992). Bu analizin temel amacı elde edilen toplam genetik varyasyonun kaynaklarını ortaya koymaktır. Popülasyonların moleküler benzerlik değerleri NTSYS paket programında hesaplanmıştır. Ayrıca genetik mesafe (D) ve ikişerli F_{ST} (pairwise F_{ST}) değerleri kullanılarak çizilen filogenetik ağaç ve dendogramların oluşturulması için Splits Tree4 (Huson ve Bryant 2006) paket programından yararlanılmıştır.

3.2.4. Peyzaj ve habitat unsurlarına ait verilerin elde edilmesi

Türün yayılış alanını temsil eden, moleküler olarak çalışılmış 15 lokasyondan alınan örnek bitkilerin GPS koordinatları arazi çalışmaları sırasında kaydedilmiştir (Çizelge 3.1). Bu kapsamda .kml ve .kmz formatında kaydedilen bu noktalar uydu görüntüsü üzerine Vintage Point yazılımı kullanılarak yerleştirilmiştir.

Araştırma alanına ait sayısal yükseklik modeli (Şekil 3.2) ile bakı haritası alanı tanımlamak için ArcGIS (Esri 2007) yazılımı kullanılarak oluşturulmuş olup genotiplere ait GPS kayıtları bu veri tabanının üzerine yerleştirilmiştir.

Çalışma alanında görülen keskin rakım farklılıklarından dolayı alanın 3 boyutlu algılanmasını kolaylaştırmak için ArcGIS yazılımı kullanılarak alana ait eğim haritası da oluşturulmuştur.

Arazi çalışması sırasında genotipler için ayrı ayrı alınan yükseklik ve bakı verileri bu haritalar ile kesiştirilerek, doğrulanmıştır.

3.2.4.1. Peyzaj verileri

Peyzaja ait veriyi bilgisayar ortamına aktarmak üzere öncelikle ArcGIS 10.1 yazılımı kullanılarak veri tabanı oluşturulmuştur. Bu kapsamda altlık harita olarak 5 m çözünürlüklü 2015 yılı Rapideye uydu görüntüsü için WGS 84 projeksiyonunda jeoreferanslama işlemleri yapılmıştır. Bölgedeki eğim gruplarının ve yükselti farklarının değişkenliği göz önüne alınarak Aster uydu görüntüsü üzerinden sayısal yükseklik modeli (DEM) oluşturulmuştur. Sayısal yükseklik modelinin oluşturulması, keskin yükseklik farklılıklarının polen akışını olumsuz yönde etkilediği (Keller vd 2002, Keller vd 2010, Aavik vd 2014) göz önüne alındığında büyük önem taşımaktadır. Her lokasyonda bulunan genotipleri (popülasyonu) içine alan habitat parçaları uydu

görüntüsü ve sayısal yükseklik modeli üzerinde işaretlenmiştir. Bu popülasyonların işaretlenmesinde, arazi çalışmaları sırasında her bir genotip üzerinden GPS ile alınan koordinat verileri kullanılmıştır. Proje alanındaki gen akışını etkileyebileceği düşünülen arazi kullanımları, 2016 yılı Corine arazi sınıflamasına göre sayısallaştırılmıştır. Bu kapsamda; popülasyonların bulunduğu (1)yerleşim, (2)su yüzeyleri, (3)orman alanları, (4) tarım arazileri şeklinde bir sınıflandırmaya gidilmiştir. Ayrıca çalışma alanı içerisinde yer alan milli parkların sınırları (Güllük Dağı Milli Parkı ve Beydağları Sahil Milli Parkı) uydu görüntüsü üzerine işlenerek belirlenmiştir.

15 popülasyonun birbiri ile bağlantıları, Graph teorisi mantığı ile en yakın doğrusal mesafeyi kullanarak çalışan CONEFOR Sensinode 2.6 yazılımı ile belirlenmiştir. Her bir popülasyonun diğer popülasyonlarla olan öklit mesafeleri GIS yazılımına aktarıldıktan sonra, bu bağlantılara 100m, 250m, 500m ve 1000 m'lik tampon bölgeler atanmış ve koridorlar oluşturulmuştur. Popülasyonları farklı genişliklerde birbirine bağlayan koridorlar içerisindeki arazi kullanımları (orman, tarım, yerleşim ve su yüzeyi) miktarı metrekaresinde belirlenmiştir. Her popülasyon arasındaki öklit mesafesi, kümülatif rakım farkları da belirlenmiştir.

Bu veri seti ile türe ait popülasyon genetiği bulgularından elde edilen genetik farklılaşma (F_{ST}), genetik benzerlik ve genetik mesafe (D) değerleri Pearson korelasyon analizine tabi tutulmuştur. Ayrıca bu veri setinde gen akışını ve genetik farklılaşmayı en iyi temsil eden koridor genişliğini tespit etmek için aynı veri setinde regresyon analizi yapılmıştır. Böylelikle gen akışını temsil eden en uygun koridor genişliği belirlenmesi amaçlanmıştır. Tüm istatistik analizler SAS İstatistik programında (SAS Institute 1999) yapılmıştır.

3.2.4.2. Ağ analizi

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

Bağlantılılığın integrali (Integral index of connectivity-IIC), 0 ile 1 arasında değişen, 1'e yaklaştıkça bağlantılılığın arttığını ifade eden bir metriktir. IIC 1 olduğunda tüm peyzaj yapısının ölçülen habitat yapısıyla dolu olduğu varsayılır. Aşağıda belirtilen formül ile hesaplanır (Pascual Hortal ve Saura 2006).

$$IIC = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n \frac{a_i \cdot a_j}{1 + n l_{ij}}}{A_L^2} \quad (3.20)$$

Formülde;

a_i = i habitat yamasının alanı

a_j =j habitat yamasının alanı

n_{ij} = i ve j yamaları arasında en kısa olacak şekilde belirlenen bağlantıların sayısı

A_L = tüm peyzaj yapısının alanı

Bağlantılılık olasılığı indeksi (The probability of connectivity index-PC) ise bir peyzaj yapısı içerisinde birbiri içerisinde ulaşılabilen habitat yamalarına rastgele yerleştirilen iki hayvanın birleşebilme olasılığı şeklinde tanımlanmaktadır. Şu formülle hesaplanmaktadır (Pascual Hortel ve Saura 2006).

$$PC = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n a_i a_j p_{ij}^*}{A_L^2} \quad (3.21)$$

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

3.2.5. *D.hastata* türünün çoğaltım olanaklarının belirlenmesi

3.2.5.1. *D.hastata* türünün çimlenme özelliklerinin belirlenmesi

D.hastata türünün çimlenme özelliklerinin belirlenmesi için Nisan-Ağustos 2016 döneminde araziden toplanan türe ait tohumlardan her bir popülasyondan bir genotipin tohumları seçilerek 3 ayrı zamanda çimlenme denemeleri kurulmuştur. Her popülasyonu temsil eden genotipler ve tohum toplama zamanları Çizelge 3.10'da özetlenmiştir.

İlk çimlenme denemesi için Çizelge 3.10'da belirtilen 16 lokasyonu temsil eden genotiplere ait tohumlar her tekerrürde 30 tohum olacak şekilde tesadüf blokları deneme desenine göre 3 tekerrürlü olarak hiçbir ön işleme maruz bırakılmadan 3 Şubat 2017 tarihinde ekilmiştir.

Kurulan ikinci çimlenme denemesinde 1 ay soğukta katlamanın kontrole karşı çimlenme üzerinde etkisi araştırılmıştır. Nemli soğuk katlamada yer alan tohumlar ekimden 4 hafta önce $+4^{\circ}\text{C}$ 'de steril nemli kum içerisine konularak ekim tarihine kadar soğuk katlamada bekletilmiştir. Tohumların tamamı ön işlemiden önce Metalaxyl ve Fludioxonil aktif içeriğe sahip fungusit ile (100 ml ilaç/100 kg tohum) muamele edilmiştir. İkinci çimlenme denemesinde Çizelge 3.10'da belirtilen 16 lokasyonu temsil eden genotiplere ait tohumlar her tekerrürde 30'ar tohum olacak şekilde 3 tekerrürlü ve 2 faktörlü (Kontrol, 1 ay soğuk katlama) olarak tesadüf parselleri deneme desenine göre 11 Mart 2017 tarihinde ekimleri yapılmıştır. Çimlenen tohumlar 1 ay boyunca haftalık rutin sayımları yapılarak kayıt altına alınmıştır.

Üçüncü çimlenme denemesinde ise, Çizelge 3.10.'da belirtilen 16 lokasyonu temsil eden genotiplere ait tohumlar her tekerrürde 30'ar tohum olacak şekilde 3 tekerrürlü ve 3 faktörlü (Kontrol, Suda bekletme (24 saat saf suda bekletme), 3 ay soğuk katlama) olarak tesadüf parselleri deneme desenine göre 11 Mayıs 2017'de ekilmiştir.



a

b

Şekil 3.9. a) İkinci çimlenme denemesinden genel bir görünüm,
b) Çimlenme denemelerinin yürütüldüğü firma serasından genel bir görünüm

Çimlenme denemeleri Serik/Antalya'da faaliyet gösteren ANAMAS Tarım Ltd. Şti firmasına ait seralarda Mart-Mayıs 2017 döneminde yürütülmüştür. Belirlenen tohumların çimlenme özelliklerinin belirlenmesi için çimlenme ortamı olarak viyoller içerisinde doldurulan torf, perlit, vermikulit (3:1:1) karışımı kullanılmıştır. Viyoller içerisine yerleştirilen tohumlar 9 gün boyunca çimlenme odasında (sabit 28 °C' sıcaklık ve %75 nem), daha sonrasında ısıtma kontrolü olan serada (sabit gece 17 °C, gündüz 23 °C ± 1) tutularak çimlenmeleri gözlemlenmiştir. Çimlenen tohumların sayısı haftalık yapılan rutin sayımlarla belirlenmiştir.

Çizelge 3.10. Çimlenme denemesinde kullanılan her bir popülasyonu (lokasyonu) temsil eden genotiplerin isimleri, kodları ve tohumların toplanma tarihleri

Popülasyon	Seçilen genotip	Genotip kodu	Tohum toplama zamanı
Hisarçandır	Hisarçandır-1 no.lu genotip	H1	06.06.2016
Termessos(Güllük)	Termessos-5 no.lu genotip	GU5	14.06.2016
Tünektepe	Tünektepe-2 no.lu genotip	TN2	23.05.2016
Beldibi	Beldibi-1 no.lu genotip	BL1	18.05.2016
Kesmeboğazı	Kesmeboğazı-3 no.lu genotip	K3	18.05.2016
Altınyaka	Altınyaka-1 no.lu genotip	A1	13.06.2016
Göynük	Göynük-1 no.lu genotip	GY1	18.05.2016
Alakır	Alakır-4 no.lu genotip	AL4	21.06.2016
Gölcük	Gölcük-1 no.lu genotip	GL1	13.06.2016
Söğütçuması	Söğütçuması-4 no.lu genotip	SO4	21.06.2016

Çizelge 3.10'un Devamı

Beycik	Beycik-3 no.lu genotip	BY3	30.05.2016
Hacısekiler	Hacısekiler-2 no.lu genotip	HC2	23.05.2016
Tahtalı	Tahtalı-4 no.lu genotip	T4	13.06.2016
Feslikan	Feslikan-1 no.lu genotip	F1	15.07.2016
Sivridağ	Sivridağ-3 no.lu genotip	S3	17.06.2016
Üçoluk	Üçoluk-2 no.lu genotip	UC2	21.06.2016

Elde edilen veriler SAS İstatistik programının GLM prosedüründe varyans analiz yöntemi kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalamalar Fisher metoduna göre korunmuş en az önemli fark (LSD) testi ile karşılaştırılmış ve uygulamalar düzeyinde $LSD_{(0,05)}$ değerleri hesaplanmıştır. Rakım ile çimlenme arasındaki ilişkinin anlaşılması için Pearson korelasyon analizi yapılmıştır.

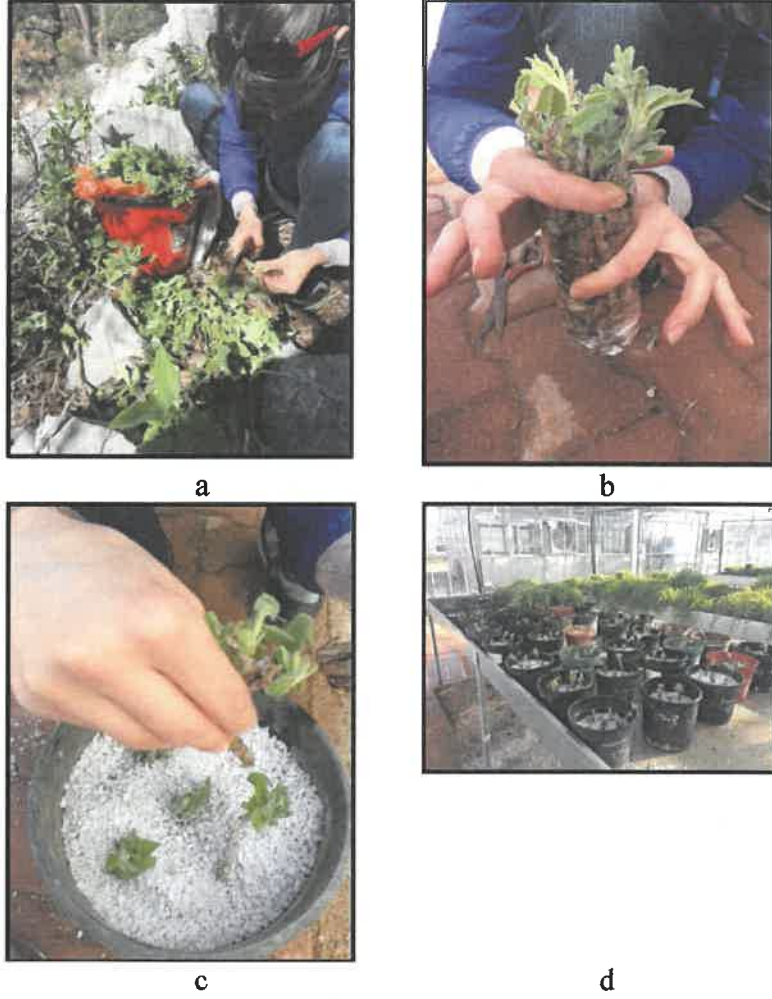
3.2.6. *D.hastata* türünün çelikle çoğaltım özelliklerinin belirlenmesi

D.hastata türünün köklenme özelliklerinin belirlenmesi için 13 Mart 2017 tarihinde Hacısekiler lokasyonundaki Hacısekiler-1 isimli genotip üzerinden alınan yumuşak odun çelikleri kullanılmıştır.

Çalışma Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Peyzaj Mimarlığı Bölümü Araştırma Uygulama Serasında gerçekleştirilmiştir. Araştırmada araziden nemli bir şekilde getirilen ve ortalama 20 cm uzunluğunda hazırlanan çelikler kullanılmıştır.

Çalışmada köklendirme hormonu olarak Indol-3 bütirik asidin (IBA) 1000, 2000, 3000, 4000 ppm konsantrasyonları ve kontrol (0 ppm IBA) olmak üzere 5 farklı uygulama kullanılmıştır. Kullanılan 5gr.'lık kristal yapıda, IBA (Merck) kullanılmıştır. 1000 ppm'lik çözeltinin elde edilmesi için 0,4 gr toz IBA 200 ml saf etanolde eritildikten sonra çözelti saf su ile 400 ml'ye tamamlanmıştır. 2000, 3000, 4000 ppm'lik çözeltinin elde edilmesi için 0,8 gr, 1,2 gr, 1,6 gr toz indol bütirik asit aynı miktarda etanol içinde çözdürülerek üzerine 200 ml saf su eklenmiş, 400'er mililitrelik köklendirme solüsyonları hazırlanmıştır. Köklendirme solüsyonuna 5 saniye süreyle daldırılıp çıkartılan çelikler, sera ortamında perlit doldurulmuş saksılara dikilmiş ve sisleme altında düzenli olarak sulanmıştır. Araştırma cam serada, otomatik sisleme altında, bençler üzerine yerleştirilen saksılar içerisinde perlit köklenme ortamında ve her tekrürde 10 adet çelik olacak şekilde tesadüf blokları deneme desenine göre 6 tekrürlü olarak yürütülmüştür.

Deneme başladıktan 12 hafta sonra çelikler köklendirme ortamından dikkatlice sökülüş ve temizlenmiştir. Köklenme oranı (%), kök sayısı (kök adeti/çelik), kök uzunlukları (ort. kök uzunluğu cm. /çelik), yaş yaprak/sürgün ağırlığı, yaş kök ağırlığı, yaş çelik ağırlığı ölçülmüştür. Yaprak/sürgünler, kökler ve çelikler 48 saat süreyle 72 °C'de etüvde kurutularak hassas terazide kuru ağırlık değerleri tartılmıştır. Böylelikle kuru yaprak/sürgün ağırlığı, kuru çelik ağırlığı ve kuru kök ağırlıkları da belirlenmiştir.



Şekil 3.10. a) Birinci çelik denemesinden genel bir görünüş,
b) Çeliklerin IBA solüsyonuna batırılması,
c) Çeliklerin saksılara dikilmesi,
d) Dikim işlemi bittikten sonra denemeden genel bir görünüş.

Elde edilen veriler SAS İstatistik programının GLM prosedüründe varyans analiz yöntemi kullanılarak analiz edilmiştir. Ortalamalar Fisher metoduna göre korunmuş en az önemli fark (LSD) testi ile karşılaştırılmış ve uygulamalar düzeyinde $LSD_{(0,05)}$ değerleri hesaplanmıştır.

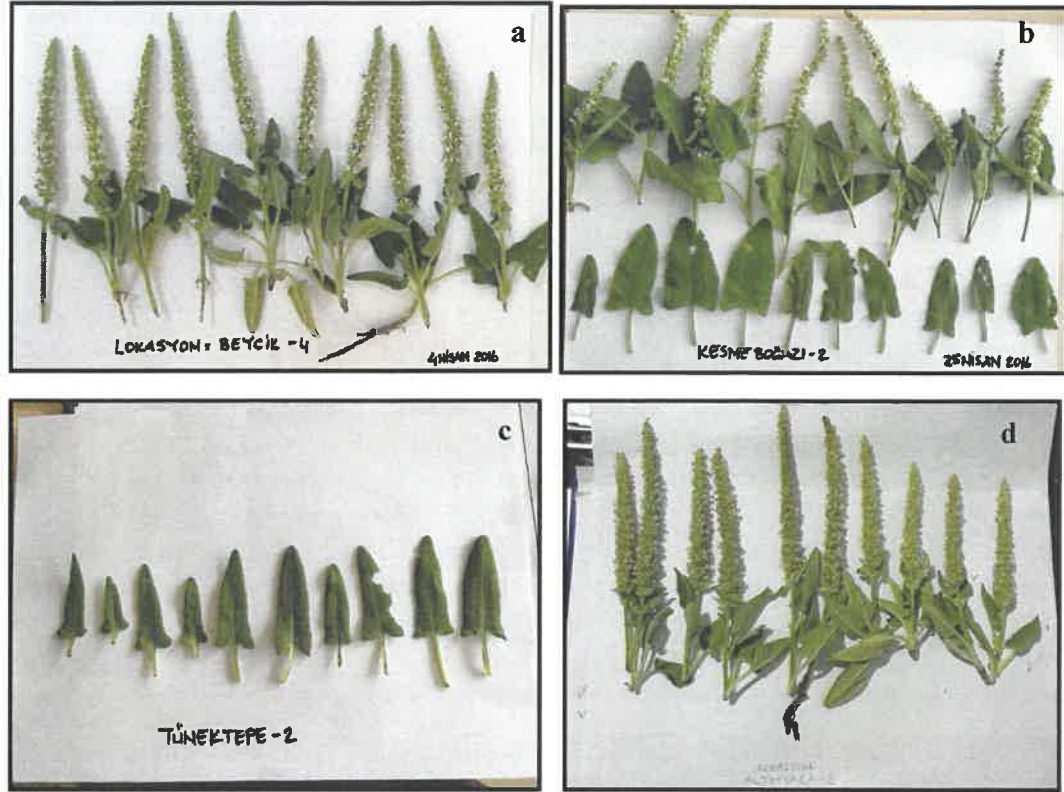
4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Morfolojik ve Ekolojik Özelliklere Ait Bulgular

Varyans analizi (ANOVA) sonuçları meyve ve bitki boyu hariç incelen tüm morfolojik karakterler açısından popülasyonlar arasında önemli farkların olduğunu ortaya koymuştur (Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2). Benzer şekilde, morfolojik karakterler açısından popülasyonlar içinde genotipler arasında da istatistiki olarak önemli farklar tespit edilmiştir (Tablo 10). Bu kapsamda morfolojik olarak en fazla varyasyon gösteren genotiplerin Termessos ve Üçoluk popülasyonlarında olduğu ve bunları Hisarçandır ve Alakır popülasyonlarının takip ettiği görülmektedir (Çizelge 4.1). Örneğin Termessos popülasyonu genotipleri arasında, çiçek sapı boyu ve yaprak Hue açısı değerleri hariç incelenen diğer tüm morfolojik karakterler açısından önemli varyasyon bulunmuştur. Soğütçuması ve Altınyaka popülasyonlarında ise tam tersine incelenen morfolojik karakterlerin büyük kısmı açısından genotipler arasında önemli bir fark bulunmamıştır (Çizelge 4.1). Çevre şartlarının (bakı, yükselti, toprak gibi) morfolojik karakterler üzerinde etkili olabileceği bilinmekle birlikte aynı lokasyonda bireyler arasında görülen farklılıklar genetik çeşitliliğin varlığına ve boyutuna da işaret edebilir.

Popülasyonların morfolojik özelliklerine ait ortalamaları ve standart sapma değerleri Tablo 11 ve Tablo 12’de sunulmuştur. İncelen karakterlerin büyük bir kısmı açısından popülasyonlar arasında önemli farklar bulunmuştur (Çizelge 4.3). Tüm popülasyonlar beraberce değerlendirildiğinde ortalama yaprak eni 2,61 cm olup, en geniş ve en dar yaprak enine sahip popülasyonların sırasıyla Beycik (4,2 cm) ve Üçoluk (1,6 cm) olduğu bulunmuştur (Çizelge 4.3 ve Şekil 4.1). Yaprak boyu değerinin popülasyonlar arasında 7,9 cm (Beycik) ile 3,2 cm (Üçoluk) arasında değiştiği ve ortalama 5,2 cm olduğu tespit edilmiştir. Yaprak sapı boyu değerlerine bakıldığında popülasyonların genel ortalaması 2,08 cm olup, en uzun ve en kısa yaprak sapına sahip popülasyonların sırasıyla yine Beycik (3,5 cm) ve Üçoluk (1,3 cm) olduğu belirlenmiştir. Çiçek başağı özellikleri incelendiğinde, başak eni değerlerinin 0,75 cm (Üçoluk) ile 1,4 cm (Beycik) ve başak boyunun 9,2 cm (Feslikan) ile 14,9 cm (Beycik) arasında değiştiği görülmektedir (Şekil 10 ve Tablo 12). Çiçek sapı boyu değerlerine bakıldığında lokasyonlar arası ortalamasının 1,8 cm olduğu ve en uzun ve kısa çiçek sapına sahip popülasyonların sırasıyla, Alakır (2,9 cm) ve Hacısekiler (0,9 cm) oldukları belirlenmiştir (Çizelge 4.3).

Popülasyonlar arasında kaliks eni ortalamasının 2,03 mm olduğu, en geniş ve dar kaliks enine sahip olan popülasyonların sırasıyla Beldibi (2,38 cm) ve Üçoluk (1,71 cm) olduğu tespit edilmiştir. Kaliks boyu açısından genel ortalamasının 3,85 mm olduğu, Beycik (4,71cm) ve Göynük (3,14 cm) popülasyonlarının ise sırasıyla en uzun ve kısa kaliks boyuna sahip lokasyonlar olduğu belirlenmiştir. Ortalama korolla eninin 3,54 mm olduğu ve bu değer 4,74 cm (Beycik) ile 2,81cm (Beldibi) arasında değiştiği belirlenmiştir. Popülasyonlar arasında korolla boyu ortalamasının ise 5,12 cm olduğu, en uzun ve en kısa korolla boyunun ortalama 6,08 ve 4,37 cm değerleri ile Hacısekiler ve Göynük’e ait olduğu, görülmüştür (Çizelge 4.3).



Şekil 4.1. a) Bercik popülasyonuna ait Bercik-4 nolu genotipin çiçek kurulları ve yapraklar,
 b) Kesmeboğazı popülasyonunda Kesmeboğazı-2 genotipine ait çiçek kurulları ve yapraklar,
 c) Tünektepe-2 nolu genotipin yaprakları,
 d) Altinyaka-3 nolu genotipin çiçek kurulları ve yapraklar

Yaprak rengini karşılaştırmak üzere hesaplanan hue açısı değerlerinin popülasyonlara göre 115,8 (Göynük) ile 121,0 (Sivridağ) arasında değişim gösterdiği ve genel ortalamın 118,7 olduğu bulunmuştur (Çizelge 4.3). Belirtilen bu aralıkta büyük hue açısı değerleri daha koyu yeşil tonlarını ifade ederken, küçük değerler daha açık sarımsı yeşil ton yönünde açılım olduğunu bildirmektedir. Bu kapsamda başta Sivridağ olmak üzere Termessos, Söğütçüması, Hisarçandır ve Üçoluk popülasyonuna ait genotiplerin istatistiki olarak Göynük, Tünektepe, Feslikan ve Alakır lokasyonlarındaki genotiplerden daha koyu yeşil yapraklara sahip olduğunu söylemek mümkündür (Çizelge 4.3).

Tüm popülasyonlar beraberce değerlendirildiğinde genotiplerin minimum ve maksimum bitki boyu ortalamaları sırasıyla 46,6 cm ve 85,7 cm olarak saptanmıştır (Çizelge 4.2). Fakat popülasyon içi varyasyon çok yüksek olduğundan bitki boyu açısından popülasyonlar arasında önemli bir fark bulunmamıştır. Bitki yayılış alanı değerlerinin popülasyonlar arasında önemli farklılıklar gösterdiği ve ortalama minimum ve maksimum yayılış çapı ortalamalarının sırasıyla 160,2 ve 234,4 cm olduğu tespit edilmiştir. Bu kapsamda Beldibi (369 cm) ve Altinyaka (363 cm) popülasyonu genotiplerinin en geniş kaplama alanına sahip oldukları ve istatistiki olarak

başta Hisarçandır (131 cm) ve Feslikan (73 cm) olmak üzere diğer popülasyonları geride bıraktıkları saptanmıştır (Çizelge 4.2).

Meyve özellikleri açısından popülasyonlar arasında istatistiki olarak önemli bir farklılık olmadığı ve ortalama meyve eni ve boyu değerlerinin sırasıyla 0,9 mm ve 2.4 mm olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2).

Yaprak ve çiçek karakteristیکlerine ilişkin sonuçları bir bütün olarak değerlendirdiğimizde, Beycik popülasyonuna ait bireylerin daha iri çiçek başağı, kaliks, korollo ve yapraklar ile diğer popülasyonlardan çok daha kaba bir tekstüre sahip olduğunu söylemek mümkündür. Popülasyonlar içinde en narin yaprak tekstürü ve çiçek yapısına sahip olan genotiplerin ise Üçoluk lokasyonunda olduğu anlaşılmaktadır.

Popülasyonların rakım özellikleri incelendiğinde ortalama rakım 863 m olup, en yüksek rakım ortalamasına sahip popülasyonun 1855 ile Feslikan ve en düşük rakım ortalamasına sahip popülasyonun ise 27 m ile Beldibi lokasyonu olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Genotiplerin toplandığı alanlar bakı özellikleri açısından değerlendirildiğinde, popülasyonların ortalama % 50'sinde genotiplerin güneydoğu-güney-güneybatı yönlerini tercih ettikleri bulunmuştur (Çizelge 4.2). Popülasyonların büyük bir kısmında genotiplerin daha ziyade ince bir toprak örtüsüne sahip, dik yamaçlarda kayalık-taşlık habitatlarda bulunduğu gözlemlenmiştir

Genotiplerin yetiştikleri alanlara ait toprak analizi sonuçları, kireç, tuzluluk, bünve, alınabilir demir ve mangan içeriği hariç araştırılan diğer karakterler açısından popülasyonların yetiştirme ortamları arasında anlamlı farklılıkların olduğunu ortaya koymuştur (Çizelge 4.4). Popülasyonların yaşama alanlarındaki toprakların ph değeri 7.5 (Kesmeboğazı) ile 8.03 (Hacısekiler) arasında değişim gösterip ortalama 7.8 ile alkali karakter göstermektedir. Bünve açısından tüm lokasyonların ortalaması 79,2 skala değeri ile killi yapı arz etmektedir. En ağır bünveye sahip Hacısekiler lokasyonu Ağır killi (112,2), en düşük bünveye sahip lokasyon olan Kesmeboğazı ise Killi-Tınlı (51,63) toprak yapısına sahiptir. Organik madde içeriğinin (ort. % 4.2) popülasyonlar arasında % 5.1 (Hacısekiler) ile % 2.5 (Kesmeboğazı) arasında varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. Toprak fosfor içerikleri açısından popülasyonlar arasındaki fark önemli bulunmuş olup en yüksek fosfor içeriğine sahip olan popülasyonlar ortalama 10.7 ppm ile Termessos ve Hacısekiler olurken Göynük ise ortalama 0,42 ppm fosfor ile en düşük içeriğe sahip lokasyon olarak tespit edilmiştir. Toprakta alınabilir Potasyum (K) açısından popülasyonların genel ortalaması 113 ppm olup, Hacısekiler ortalama 279 ppm K ile istatistiki olarak en yüksek potasyum içeriğine sahip lokasyon olarak bulunmuştur (Çizelge 4.4). En düşük potasyum içeriğine sahip popülasyonların Beldibi (37 ppm) ve Göynük (50 ppm) olduğu anlaşılmıştır. Toprak magnezyum (Mg) içerikleri bakımından popülasyonlar arasındaki farklılıklar istatistiki olarak önemli ve genel ortalama 376 ppm bulunmuştur. Bu kapsamda Göynük lokasyonu ortalama 812 ppm Mg ile yetiştirme ortamında en yüksek Mg içeren popülasyon olarak diğerlerini geride bırakmıştır. Popülasyonlar arasında toprakta en düşük Mg içeriği ise ortalama 128 ppm ile Sivridağ lokasyonunda tespit edilmiştir. Popülasyonların yetiştirme ortamlarındaki ortalama çinko (Zn) değerinin 2.1 ppm olduğu; en yüksek ve en düşük Zn içeriğine sahip popülasyonların ise sırasıyla Hacısekiler (7.1 ppm) ve Kesmeboğazı (0.4 ppm) oldukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.4). Toprak yapısı ve besin içerikleri

incelendiğinde türün geniş bir adaptasyon gösterdiği ve farklı toprak yapılarına ve içeriklerine uyum gösterebildiği görülmektedir.

Korelasyon analizi sonuçları genotiplere ait morfolojik karakterler ve yetiştirme ortamına ait özellikler (rakım, bakı ve edafik faktörler) arasında önemli ilişkiler olduğunu ortaya koymuştur. Analiz sonuçları Çizelge 4.5’de özetlenerek (ilişki sonuçlarına göre anlamlı olmayan bazı veri setleri çıkarılarak) sunulmuştur. Genotiplerin alanda yayılış çapının, rakım ($r = -0,42$) ve bitki boyu ile ($r = -0,26$) negatif yönde ilişkili olduğu saptanmıştır. Bitki boyu ile toprak Fe ($r=0,49$) ve Mn içerikleri ($r=0,26$) arasında pozitif yönde ilişki bulunmuştur. Sonuçlar yetiştirme ortamında alınabilir Fe ve Mn oranı daha fazla olan habitatlardaki genotiplerin daha fazla boylandığını ve rakım arttıkça genotiplerin yayılış çapının azaldığına işaret etmektedir. Yaprak eni ile yaprak boyu ($r=0,88$), yaprak sapı boyu ($r=0,82$), başak eni ($r=0,74$), başak boyu ($r=0,63$), çiçek sapı boyu ($r=0,62$), kaliks eni ($r=0,29$), kaliks boyu ($r=0,37$), ve korolla eni ($r=0,36$) arasında pozitif yönde korelasyon tespit edilmiştir. Benzer şekilde başak boyunun yaprak eni, yaprak boyu, yaprak sapı boyu, başak eni, çiçek sapı boyu, kaliks eni ve boyu, ve korollo boyu ile pozitif yönde ($r=0,68-0,27$) ilişkili olduğu bulunmuştur. İri gösterişli çiçek başaklarının *D. hastata* türünün süs bitkisi değerini ve dolayısıyla peyzaj düzenlemelerinde kullanım potansiyelini arttıracak en önemli morfolojik karakterlerden biri olduğu düşünülmektedir. Yaprak boyutu (yaprak eni ve boyu) ile çiçek başağı boyutu arasındaki pozitif yüksek ilişki ($r = 0,74-0,62$) indirekt seleksiyon için fırsat olduğuna işaret etmektedir. Böylece bitki daha vejetatif devrede iken büyük çiçekçiklere sahip daha iri başaklı genotipleri tespit etme yolunda yaprak tekstürü morfolojik bir markır olarak kullanılabilir. Yaprak rengini ifade eden Hue açısı ile bitki boyu ($r=0,49$), toprak P ($r=0,29$) ve Mn içerikleri ($r=0,26$) arasında pozitif, öte yandan korollo eni (KOE) ile ($r=-0,35$) negatif yönde ilişki bulunmuştur. Bu sonuçlar yetiştirme ortamındaki alınabilir P ve Mn oranı arttıkça yaprakların daha koyu yeşil tonlara sahip olduğuna ve genel olarak koyu yeşil yapraklı bireylerin daha uzun boylu genotipler oluşturduğuna dikkat çekmektedir.

D. hastata’nın yayılış bölgesi floristik açıdan genel olarak değerlendirildiğinde Antalya-Kumluca güzergahındaki denize yakın sahil kesiminde kumul-maki ve orman karakterinin baskın olduğu görülmektedir. Araştırma alanı üst seviyelerine doğru kademeli çıkışa paralel olarak flora elemanları ve baskınlığında da değişimleri görmek mümkündür. Yükseldikçe kumullar makiye, makiler kayalık habitat yapıları eşliğinde ormana dönüşür. Alt kesimlerde Kızılçam (*Pinus brutia*) baskınken, üst kesimlerde Ardıç (*Juniperus oxycedrus*) ve Sedir (*Cedrus libani*) rol almaktadır. Bölge vejetasyon yapısında ağaçlar yaklaşık 1800 m’de son bulur, yerini bölge floristik zenginliğinde en önemli vejetasyonel öğelerden olan kalker yamaçlara ve taşlık kesimlere bırakmaktadır. Aynı türe ait bireylerin yükseklik katmanları arasındaki vejetasyonel büyümeleri, içerisinde bulundukları habitat yapıları eşliğinde değerlendirilmelidir. Bilhassa türden türe değişmekle birlikte büyüme indikatörü olabilecek besleyici değerlerin düşük kaldığı kalker kayalık habitat yapıları bireylere daha küçük ölçüm değerleri olarak yansımaktadır. Bu noktada Olimpos Beydağları sahil şeridi gibi mikroklimatik ve vejetasyonel verilerin sıklıkla hızlı değiştiği lokasyonlarda bireylerin alındığı mikroklimatik veriler önem kazanmaktadır. *D. hastata* türünün yayılış bölgeleri içerisinde alt yüksekliklerde genellikle orman altı ve açıklıkları tercih ettiği gözlemlenmiştir. Bu nedenle; sınırlı alanda olmakla birlikte, orman altı ve açıklıkları,

kalker yamaçlar, step bölgeler, taşlık kesimler gibi birbirinden farklı habitat yapılarında yüksek rakım aralık toleransı gösteren *D. hastata*'nın, vejetasyonel ve iklimik değerlerin hemen hiç değişmediği veya çok az değişkenlik gösterdiği orman altı yapılarında morfolojik olarak boy ve çap değerlerinin yüksek olması beklenen bir sonuçtur. Çalışma kapsamında bireyleri değerlendirilen yaklaşık 500 m yükseklik sınır değeri altında ormanlık alanlarda yer alan Beldibi, Tünektepe, Göynük ve Hacısekiler lokasyonlarında elde edilen morfolojik boy ve çap değerleri popülasyonlar ortalamasının (Çizelge 4.2) üzerindedir. Bununla beraber bu eşik değerinin altında ve açık kalker kayalık alanları üzerinde değerlendirilen Kemer Kesmeboğazı ölçümleri bu görüşü destekler nitelikte olarak ortalama değerlerin altındadır.

Habitat yapılarının ölçümü alınan bireyler üzerindeki boy ve çap değerlerine etkisi üst yüksekliklerde de benzer şekilde devam etmektedir. Bu noktada ilginç yayılış gözlemlerinden bir diğeri Akdeniz Bölgesi'nde yaklaşık 1000-1200 m yayılış üst seviyesine sahip Kızılçam'ın (*Pinus brutia*) oluşturduğu 1000 m civarındaki yüksekliklerden alınan birey ölçümlerinde boy ve çap değerlerinin yukarı lokasyonlara doğru kademeli değer kaybına rağmen beklenenden yüksek olmasıdır. Türün habitat tercihi içerisinde hareketli taşlık yamaçların popülasyon genişliğine etkisi yadsınamaz. Bununla birlikte çalışma kapsamında 1000 m yakın çevresindeki hareketli taşlık yamaç lokasyonlarının orman açıklık seviyeleri türe ait bireylerin morfolojik ölçümlerine yansıdığı düşünülmektedir. Kapalılık seviyesi yüksek ormanlık alanlar yakın çevresindeki hareketli taşlık yamaçlara verilebilecek örnek lokasyonlar Beycik ve Altınyaka'dır. Bu bölgelerdeki boy ve çap değer ortalamalarının yaklaşık 2,5 m gibi üst değerlerde olması orman kapalılık seviyesinin oluşturduğu nemlilik düzeyinin, hareketli taşlık yamaçların oluşturduğu optimal yayılış bölgelerine komplementer etki sağladığı düşünülmektedir.

Yayılış yüksekliği sınır değerlerinin, Lamiaceae ailesine mensup *Salvia*, *Sideritis*, *Thymus*, *Origanum*, *Phlomis* gibi cinslere ait lokal endemik üyelerde daha ayırt edici olduğu görülmektedir. *Doryschoechas hastata* dışında Antalya ilinde yayılış gösteren ve endemik Lamiaceae türleri içerisinde deniz seviyesinden yaklaşık 2000 m'ye varan yayılış indeksine sahip başka lokal endemik tür yer almamaktadır. Bu noktada türün yüksek kesimde orman vejetasyon yapısının olmadığı ve açık step karakterli sahalarda yayılış gösterebiliyor olması oldukça dikkat çekicidir. Türün yaklaşık 1800 m yükseklikteki Fesliken yaylası lokasyonundaki birey boy ve çap değerlerindeki düşüklüğü güneşin ısıtım etkisine bağlı olarak beklenen bir veridir.

Çizelge 4.1. *Dorystoechas hastata* genotiplerinin morfolojik karakterler açısından popülasyonlar arası ve içi varyans analizi sonuçları

Kareler ortalaması ve <i>P</i> değerleri												
Varyasyon kaynağı	sd	YE* (cm)	YB (cm)	YSB (cm)	BE (cm)	BB (cm)	CSB (cm)	KE (mm)	KB (mm)	KOE (mm)	KOB (mm)	Hue Açısı
Popülasyonlar arası	15	6,02	17,39	4,57	0,53	75,068	5,79	1,2	3,13	7,57	5,38	40,516
P-değeri		<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
Hata		0,27	0,76	0,32	0,016	2,249	0,679	0,08	0,17	0,31	0,34	3,555
Popülasyon içi		YE (cm)	YB (cm)	YSB (cm)	BE (cm)	BB (cm)	CSB (cm)	KE (mm)	KB (mm)	KOE (mm)	KOB (mm)	Hue Açısı
Tahtalı	3	0,594	2,458	0,457	0,059	10,58	1,18	0,058	0,46	4,23	0,06	9,189
		0,022	<.0001	0,107	<.0001	<.0001	0,356	0,1751	0,0002	<.0001	0,238	<.0001
Kesmeboğazı	2	0,595	3,374	0,51	0,035	1,069	0,72	0,02	0,31	1,49	0,95	18,613
		0,198	0,026	0,418	0,49	0,87	0,253	0,845	0,262	<.0001	0,0108	0,0064
Gölcük	3	0,514	2,731	0,592	0,056	14,426	2,277	0,09	1,06	1,02	0,53	3,637
		<.0001	<.0001	0,0035	0,0192	<.0001	0,188	0,394	0,006	0,071	0,542	0,504
Beldibi	4	0,467	1,834	0,497	0,044	11,921	0,808	3,53	2,76	3,04	2,71	7,421
		0,004	<.0001	0,066	<.0001	<.0001	0,072	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0,48
Beycik	3	0,989	2,123	1,811	0,088	48,224	3,76	0,16	0,57	2,35	3,18	12,44
		0,366	0,476	0,015	0,0016	<.0001	0,002	0,0067	0,056	<.0001	<.0001	0,074
Altınyaka	2	0,236	1,115	0,671	0,011	5,458	1,196	0,04	0,19	0,46	0,25	2,029
		0,607	0,03	0,004	0,683	0,0006	0,216	0,289	0,144	0,225	0,637	0,804
Termessos	3	1,64	6,937	1,551	0,222	46,292	1,119	0,22	0,54	1,81	3,84	5,799
		0,0017	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0,473	<.0001	0,001	<.0001	<.0001	0,059
Hisarçandır	4	1,657	3,962	0,615	0,12	7,806	0,64	0,26	0,61	0,99	0,4	21,861
		<.0001	<.0001	0,003	<.0001	<.0001	0,07	0,603	0,0007	0,075	0,0374	0,0002
Üçoluk	3	0,921	1,867	1,444	0,113	4,968	2,177	0,26	0,09	0,77	0,55	21,249
		<.0001	0,023	<.0001	<.0001	0,0011	0,0024	0,546	0,411	0,019	0,019	<.0001
Söğütçuması	2	0,385	1,553	0,941	0,03	4,331	0,22	0,04	0,4	0,35	1,15	1,223
		0,447	0,062	0,176	0,237	0,209	0,211	0,157	0,036	0,548	0,088	<.0001
Sivridağ	3	0,611	2,069	1,148	0,046	7,14	0,238	0,06	0,78	0,59	0,69	7,848
		0,064	0,093	0,385	0,003	0,0001	0,006	0,002	<.0001	0,073	0,182	0,019
Fesliken	3	0,352	3,016	0,206	0,064	3,557	0,845	0,04	0,79	1,52	0,9	4,812
		0,337	0,002	0,571	0,0002	0,122	0,016	0,099	0,019	0,0015	0,252	0,222
Tünektepe	2	0,313	2,656	0,219	0,023	25,893	0,457	0,1	0,2	0,31	1,1	5,27
		0,016	0,003	0,79	0,123	<.0001	0,837	0,082	0,309	0,709	0,033	0,46
Alakır	3	0,129	2,01	0,527	0,121	13,361	3,205	0,13	0,37	1,07	1,33	7,998
		0,263	<.0001	0,0019	<.0001	<.0001	0,0094	0,222	0,0669	0,0036	0,0001	0,0105
Göynük	2	0,121	0,73	0,304	0,061	2,016	0,981	0,02	0,23	2,39	1,69	11,156
		0,378	0,058	0,172	<.0001	0,221	0,075	0,897	0,0169	0,0002	<.0001	0,0284
Hacısekiler	2	0,967	2,88	0,395	0,012	3,606	0,13	0,04	0,14	1,34	0,75	5,676
		0,0404	0,056	0,026	0,254	0,395	0,477	0,165	0,475	<.0001	0,0006	0,0243

*: sd: serbestlik derecesi(df); YE:Yaprak eni; YB:Yaprak boyu;=, YSB: Yaprak sapı boyu;=, BE:Başak eni; BB:Başak boyu;=, CSB: Çiçek sapı boyu;=, KE: Kaliks eni; KB:Kaliks boyu;=, KOE: Korolla eni, ve KOB:Korolla boyu ifadelerinin kısaltmasıdır.

Çizelge 4.2. *Dorystoehas hastata* genotiplerinin bazı morfolojik/ekolojik karakterler açısından popülasyonlar arası varyans analizi sonuçları ve popülasyonlara ait ortalama ve standart sapma değerleri

Kareler ortalaması ve P değerleri									
Varyasyon kaynağı	s.d*	Rakım (m)	Baki**	Biriki Boyu min. (cm)	Biriki Boyu max. (cm)	Yayılış alan çapı min. (cm)	Yayılış alan çapı max. (cm)	Meyve eni (mm)	Meyve boyu (mm)
Popülasyonlar									
arası	15	885088,29	7,4807018	568,43904	1118,8	14814,2303	23007,0184	0,052232	0,248644
P-değeri		<0,0001**	0,0494	0,4031	0,1518	0,0392	0,026	0,2046	0,2932
Hata		1995,42	4,0279167	525,53979	763,135	7655,8452	12062,8408	0,038522	0,204496
Ortalama ve Standart Sapmalar									
Tahla	3	1103,5±7,85	4,5±1,73	73,75±64,98	110,00±51,15	138,75±81,69	250,00±136,38	1,04±0,15	2,37±0,56
Kesmeboğazı	2	123,67±29,84	4,33±3,51	48,33±18,93	68,67±16,29	123,33±68,07	143,33±68,07	1,02±0,06	2,49±0,08
Gökçük	3	1150,5±12,79	3,00±3,37	44,75±3,40	89,5±29,23	160,00±18,26	273,00±56,22	1,04±0,12	2,86±0,40
Beldibi	4	26,8±25,33	3,2±2,28	23,6±8,90	101,4±41,88	308,8±118,62	368,6±162,1	0,84±0,07	2,30±0,16
Beycik	4	932,75±129,75	3,5±1,73	30,25±4,92	86,75±30,86	237,5±80,98	266,25±95,514	1,01±0,22	2,42±0,58
Altıyaka	2	1122,66±15,63	5,66±4,04	31,66±7,64	53,33±5,77	256,66±141,53	363,33±152,75	0,89±0,12	2,09±0,20
Termetesce	3	990,50±20,82	5,50±1,91	43,75±8,54	85,00±17,08	133,75±41,51	285,00±117,33	0,99±0,12	2,24±0,36
Hisarçandır	4	938,00±33,68	3,2±0,45	44,60±13,24	101,8±34,95	102,60±19,84	131,00±32,86	0,70±0,19	2,31±0,45
Uçluk	3	1076,00±15,53	7,25±0,50	33,50±7,14	68,75±11,19	139,50±67,43	223,00±90,60	0,92±0,32	2,73±0,39
Söğütçüman	3	1421,33±37,82	4,33±2,31	54,00±19,70	75,67±16,92	142,00±62,39	224,33±122,50	0,83±0,12	2,95±0,29
Sivridağ	3	1218,25±42,83	2,00±1,15	41,25±19,31	61,25±24,62	116,25±91,59	143,75±108,88	0,74±0,07	2,01±0,29
Fasılkan	3	1855,25±4,50	4,00±0,00	43,75±12,5	58,75±15,48	46,75±4,71	73,25±5,68	0,93±0,33	2,51±0,55
Tünektepe	2	75,33±30,75	4,00±2,00	36,66±5,77	68,33±12,58	200,00±30,00	296,66±92,91	0,83±0,16	2,47±0,35
Alakır	2	1154,25±68,16	3,00±0,00	55,00±43,59	95,00±26,46	142,50±62,92	251,25±114,48	0,64±0,34	1,96±0,73
Göynük	2	69,33±15,37	4,00±1,73	38,33±10,41	77,66±2,52	196,66±86,22	255,33±98,82	0,92±0,11	2,28±0,22
Hacısekiler	2	233,00±2,00	7,00±0,00	36,66±5,77	78,33±12,58	196,66±220,30	296,66±212,21	0,90±0,16	2,39±0,80
Tüm Popülasyonlar									
ort±std		863,4±535,14	255±2,26	46,38±37,03	85,66±48,04	160,16±100,69	234,35±126,61	0,88±0,20	2,40±0,46
Min		4	1	14	30	15	60	0,02	0,101
Max		1862	8	268	380	480	620	0,139	0,34

*s.d: serbestlik derecesi

**Baki 1-8 skalası kullanılarak değerlendirilmiştir. Bu skalada, 1:Kuzey; 2:Kuzeydoğu; 3:Doğu; 4:Güneydoğu; 5:Güney; 6:Güneybatı; 7:Batı ve 8: Kuzeybatı yönünü ifade etmektedir.

*** P<0,0001 önem derecesini ifade etmektedir.

Çizelge 4.3. *Dorysioechas kasata* popülasyonlarının bazı morfolojik karakterlerine ait ortalama ve standart sapma değerleri

Popülasyon	YE* (cm)	YB (cm)	YSB (cm)	BE (cm)	BB (cm)	CSB (cm)	KB (mm)	KOE (mm)	KOB (mm)	Yaprak Hue açm
Tahşi	2,16 ±0,59	4,50 ±1,03	1,86 ±0,57	1,02 ±0,17	7,44 ±2,09	1,67 ±1,03	2,00 ±0,21	3,70 ±1,21	5,34 ±0,70	118,779 ±2,052
Kasababıçan	2,81 ±0,68	6,26 ±1,43	2,60 ±0,69	1,02 ±0,19	7,00 ±1,31	1,78 ±0,77	2,01 ±0,21	3,21 ±0,83	4,83 ±0,73	118,931 ±3,185
Gelenik	3,12 ±0,46	5,95 ±1,09	2,56 ±0,55	1,35 ±0,18	10,90 ±2,40	2,60 ±1,33	2,20 ±0,30	4,57 ±0,82	5,76 ±0,75	117,876 ±1,932
Baldibi	2,48 ±0,49	5,33 ±0,85	2,09 ±0,57	0,83 ±0,14	6,00 ±1,98	1,55 ±0,73	2,38 ±1,01	2,81 ±0,96	4,84 ±0,94	119,227 ±2,161
Baycık	4,16 ±0,95	7,86 ±1,46	3,54 ±1,01	1,38 ±0,21	14,90 ±4,45	2,50 ±1,36	2,26 ±0,30	4,74 ±0,96	5,83 ±1,10	118,866 ±2,574
Alınyaka	2,65 ±0,51	4,77 ±0,82	2,11 ±0,60	1,03 ±0,12	8,85 ±1,63	2,29 ±0,97	2,12 ±0,19	4,22 ±0,61	4,84 ±0,54	117,728 ±1,693
Termasos	3,75 ±0,89	6,41 ±1,69	2,64 ±0,79	1,20 ±0,28	10,74 ±4,06	2,61 ±1,05	2,13 ±0,31	3,53 ±0,81	5,17 ±1,14	120,647 ±1,935
Hisarçandır	2,81 ±0,78	5,37 ±1,14	1,90 ±0,55	1,07 ±0,21	9,66 ±1,80	1,38 ±0,65	2,02 ±0,55	3,41 ±0,82	5,25 ±0,61	119,957 ±3,077
Uçoluk	1,58 ±0,62	3,62 ±1,04	1,26 ±0,76	0,75 ±0,21	7,83 ±1,53	1,51 ±1,04	1,71 ±0,53	2,82 ±0,67	4,54 ±0,56	119,823 ±2,91
Sağittuman	1,91 ±0,61	4,24 ±1,01	1,71 ±0,85	0,82 ±0,16	8,70 ±1,85	1,19 ±0,42	1,78 ±0,18	2,94 ±0,62	5,26 ±0,89	120,114 ±0,681
Sarıdağ	1,87 ±0,63	4,18 ±1,19	1,64 ±1,03	0,80 ±0,15	7,67 ±1,77	1,08 ±0,35	1,87 ±0,17	3,00 ±0,62	4,88 ±0,07	120,948 ±2,125
Fasılcan	2,38 ±0,56	4,49 ±1,22	1,78 ±0,47	0,97 ±0,17	7,10 ±1,60	1,85 ±0,69	2,00 ±0,18	3,30 ±0,86	4,88 ±0,87	116,794 ±1,961
Tünakepe	2,25 ±0,42	5,23 ±1,18	1,78 ±0,55	0,92 ±0,13	9,85 ±3,31	1,53 ±0,83	1,85 ±0,26	3,76 ±0,63	5,37 ±0,86	116,49 ±2,275
Alakır	2,82 ±0,33	4,73 ±0,88	2,30 ±0,51	1,05 ±0,21	9,85 ±2,22	2,88 ±1,32	2,17 ±0,33	3,89 ±0,74	4,84 ±0,76	117,424 ±2,09
Göynük	2,12 ±0,33	4,20 ±0,69	1,71 ±0,48	0,80 ±0,17	7,78 ±1,27	1,30 ±0,81	1,80 ±0,19	3,91 ±1,06	4,37 ±0,87	115,834 ±2,601
Hacıekiler	2,50 ±0,78	4,96 ±1,37	1,65 ±0,49	0,82 ±0,10	9,91 ±1,83	0,86 ±0,36	1,96 ±0,18	3,00 ±0,76	6,08 ±0,61	119,437 ±1,843
Toplam Popülasyonlar	2,61 ±0,91	5,16 ±1,55	2,08 ±0,86	1,00 ±0,26	9,17 ±3,08	1,81 ±1,09	2,03 ±0,45	3,54 ±1,01	5,12 ±0,91	118,735 ±2,682
Mak.	6,2	10,6	6,369	2,089	26,2	8,315	5,05	6,26	7,48	126,246
Mm.	0,43	1,4	0,25	0,438	3,054	0,272	1	2	2,32	109,281
Lad (0.05)	0,68	1,37	0,69	0,23	3,29	0,82	0,53	0,69	1,01	2,41

*: YE: Yaprak eni; YB: Yaprak boyu; YSB: Yaprak sapı boyu; BE: Başak eni; BB: Başak boyu; CSB: Çanak sapı boyu; KB: Kaliks boyu; KOE: Kerolla eni; KOB: Kerolla boyu ifadelerinin kısaltmasıdır.

Çizelge 4.4. *Doryctoecha hastata* genotiplerinin yetişme ortamı toprak özellikleri açısından popülasyonlar arası varyans analizi sonuçları ve popülasyonlara ait ortalama ve standart sapma değerleri

Varyasyon kaynağı	ph	Kireç (%)	Toplam tuz (%)	Bünye (%) ^{a,b}	Organik madde (%)	Kareler ortalaması ve P değerleri						Alınabilir çinko (ppm)
						Alınabilir fosfor (P ₂ O ₅ g/da)	Alınabilir potasyum (K ₂ Og/da)	Alınabilir magnesium (ppm)	Alınabilir demir (ppm)	Alınabilir mangazn (ppm)		
Popülasyonlar												
arası	15	0,081	388,611	0,018	861,26	2,008	31,32	10853,129	118643,687	221,92	101,112	12,572
		0,016	0,337	0,102	0,084	0,044	<0,0001	0,0033	0,0084	0,322	0,205	0,0214
Hata		0,036	385,593	0,011	514,38	1,061	7,223	3919,179	48450,684	188,608	74,71	5,877
Popülasyonlar												
Tatlıca		8,00±0,21	8,176±7,84	0,46±0,11	99,05±22,93	4,95±0,24	5,538±2,81	128,65±70,40	333,15±139,14	18,92±35,24	13,58±5,78	2,25±2,17
Kesmeboğaz		7,47±0,06	35,37±30,94	0,223±0,06	51,63±14,23	2,52±1,22	1,30±0,61	86,72±60,40	303,54±254,26	5,84±4,16	10,31±5,77	0,39±0,07
Gölcük		7,77±0,09	1,96±0,90	0,35±0,05	77,00±9,70	4,60±0,31	8,43±1,41	59,82±26,28	648,65±601,34	28,64±30,03	18,28±14,50	0,59±0,25
Belçits		7,55±0,05	24,53±2,76	0,26±0,16	59,29±3,44	3,70±0,81	1,74±1,54	37,32±11,78	217,87±11,78	8,02±5,98	4,86±0,89	0,49±0,056
Ortalama ve Standart Sapmalar												
Beycik		7,8±0,29	24,81±18,47	0,37±0,13	80,02±26,11	4,00±1,36	5,49±3,94	95,34±66,03	406,77±165,70	0,88±0,48	7,45±2,85	0,69±0,39
Altınvalı		7,85±0,05	41,92±40,16	0,435±0,035	95,7±7,26	4,95±0,25	9,94±1,34	131,91±34,66	371,85±42,85	1,32±0,06	6,50±1,13	1,90±1,03
Termeciler		7,85±0,19	27,66±19,20	0,39±0,07	86,68±17,47	4,86±0,42	10,79±0,36	119,38±88,11	211,25±61,07	6,70±10,19	16,20±14,87	4,03±2,95
Hisarçandır		7,68±0,19	17,82±15,35	0,33±0,10	71,38±22,13	3,31±1,29	3,32±2,53	137,89±91,07	413,06±159,45	8,65±5,85	17,27±8,96	0,53±0,41
Uçoluk		7,80±0,08	10,38±18,09	0,35±0,03	78,54±7,37	4,95±0,18	6,27±3,59	107,96±43,85	224,14±91,11	9,88±11,14	17,19±6,24	1,77±1,36
Söğütçüması		7,6±0,17	2,62±0,41	0,27±0,084	62,41±19,57	3,59±1,64	9,27±1,51	132,87±53,21	268,00±127,92	7,143±6,06	15,81±12,74	1,12±0,55
Sarıdağ		7,65±0,10	24,61±28,32	0,31±0,07	67,02±11,58	4,34±1,06	8,00±3,02	75,57±41,41	127,73±48,66	8,96±7,73	11,26±6,07	0,98±0,59
Fatikan		7,97±0,21	9,74±9,09	0,48±0,13	102,87±25,70	4,84±0,32	7,91±3,37	213,60±30,98	574,27±342,78	15,88±6,53	20,72±12,73	5,96±5,54
Tünektepe		7,86±0,21	4,59±3,39	0,39±0,08	85,22±16,79	4,88±0,33	5,70±4,67	111,83±47,14	363,56±29,48	1,17±1,03	6,06±1,75	4,00±5,02
Alakır		7,73±0,32	17,79±20,12	0,37±0,21	81,78±43,28	3,99±1,63	6,88±3,39	73,25±20,67	313,8±221,09	11,79±16,74	3,86±3,90	1,49±1,446
Göynük		7,6±0,26	14,11±9,77	0,27±0,15	61,23±30,69	2,75±2,07	0,42±0,35	50,26±33,34	811,63±268,36	1,89±0,67	11,09±11,08	0,77±0,93
Hacısekiler		8,03±0,21	12,61±17,68	0,46±0,11	112,22±40,18	5,11±0,07	10,65±1,83	278,73±152,92	509,50±348,82	4,64±4,91	16,01±6,15	7,06±4,85
Tüm												
Popülasyonlar												
ort-sid		7,76±0,22	16,88±18,79	0,35±0,11	79,22±25,22	4,21±1,18	6,25±3,86	113,49±79,12	376,00±270,5	9,42±14,32	12,6±9,19	2,06±2,87
Min		7,4	0,8	0,15	35,2	1,48	0,11	17,89	55,29	0,35	1,02	0,14
Max		8,2	82,08	0,63	155,39	5,23	11,74	393	1545	71,77	39,6	13,1

^as.d= serbestlik derecesi

^bToprak Eüneyesini tayin etmek için kullanılan skalada 0-30: Kuru; 31-50: Tulu; 51-70: Kulu-Tulu; 71-110: Kulu; ve 110 ve üzeri değerler: Ağır kumlu toprak yapısını ifade etmektedir.

Çizelge 4.5. *D. hastata* genotiplerine ait morfolojik karakterler ve yetiştirme ortamına ait özellikler (rakım, bakı ve edafik faktörler) arasındaki ilişkileri (r) açıklayan korelasyon analizi sonuçları

	RA*	BBM	YE	YB	YSB	BZ	BB	CSB	KE	KB	KOE	KOB	HUE
BBM													
OD**													
YAC	-0,42	-0,26											
0,0112***	0,0478												
YB	OD	OD	0,88										
			<0,0001										
YSB	OD	OD	0,83	0,81									
			<0,0001	<0,0001									
BE	OD	OD	0,74	0,63	0,69								
			<0,0001	<0,0001	<0,0001								
BB	OD	OD	0,63	0,68	0,61	0,55							
			<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001							
CSB	OD	OD	0,62	0,50	0,58	0,62	0,47						
			<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,0002						
KE	OD	OD	0,29	OD	0,33	0,35	0,27	0,26					
			0,0235	OD	0,0143	0,0067	0,0390	0,0463					
KB	OD	OD	0,37	0,40	0,44	0,52	0,37	0,66	<0,0001				
			0,0042	0,0015	0,0004	<0,0001	0,0030	0,41	0,34				
KOE	OD	OD	0,36	0,29	0,47	0,60	0,36	0,41	0,0082	0,45	0,41		
			0,0031	0,0259	0,0001	<0,0001	0,0043	0,0011	0,0003	0,0010	0,0039		
KOB	OD	OD	OD	0,28	OD	0,37	0,44	OD	OD	OD	OD	OD	
				0,0280	OD	0,0039	0,0005	OD	OD	OD	OD	OD	
HUE	OD	0,48	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	0,26
		<0,0001											0,0423
pH	0,27	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	
	0,0339												
P	0,48	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	0,29
													0,0224
Fe	OD	0,49	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD
		<0,0001											
Mn	0,28	0,26	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	OD	0,26
	0,0266	0,0491											0,0423

*RA: Rakım, B: Bakı, BBM: Bitki boyu minimum, YAC: Yavuş alan çapı, YE: Yaprak eni, YB: Yaprak boyu, YSB: Yaprak sapı boyu, BE: Başak boyu, CSB: Çenek sapı boyu, KE: Kalkış eni, KB: Kalkış boyu, KOE: Korolla eni, KOB: Korolla boyu, HUE: Yaprak Hüs apısı, pH: Toprak asitlik derecesi, P: Alınabilir fosfor, Fe: Alınabilir demir ve Mn: Alınabilir manganez ifadelerinin kullanılmasındır.

**OD: İstatistiksel olarak ($P=0,05$) belirtilen karakterler arasında önemli bir ilişkinin olmadığını ifade etmektedir.

*** İlgili karakter çifti arasındaki korelasyon için hesaplanan P değeri.

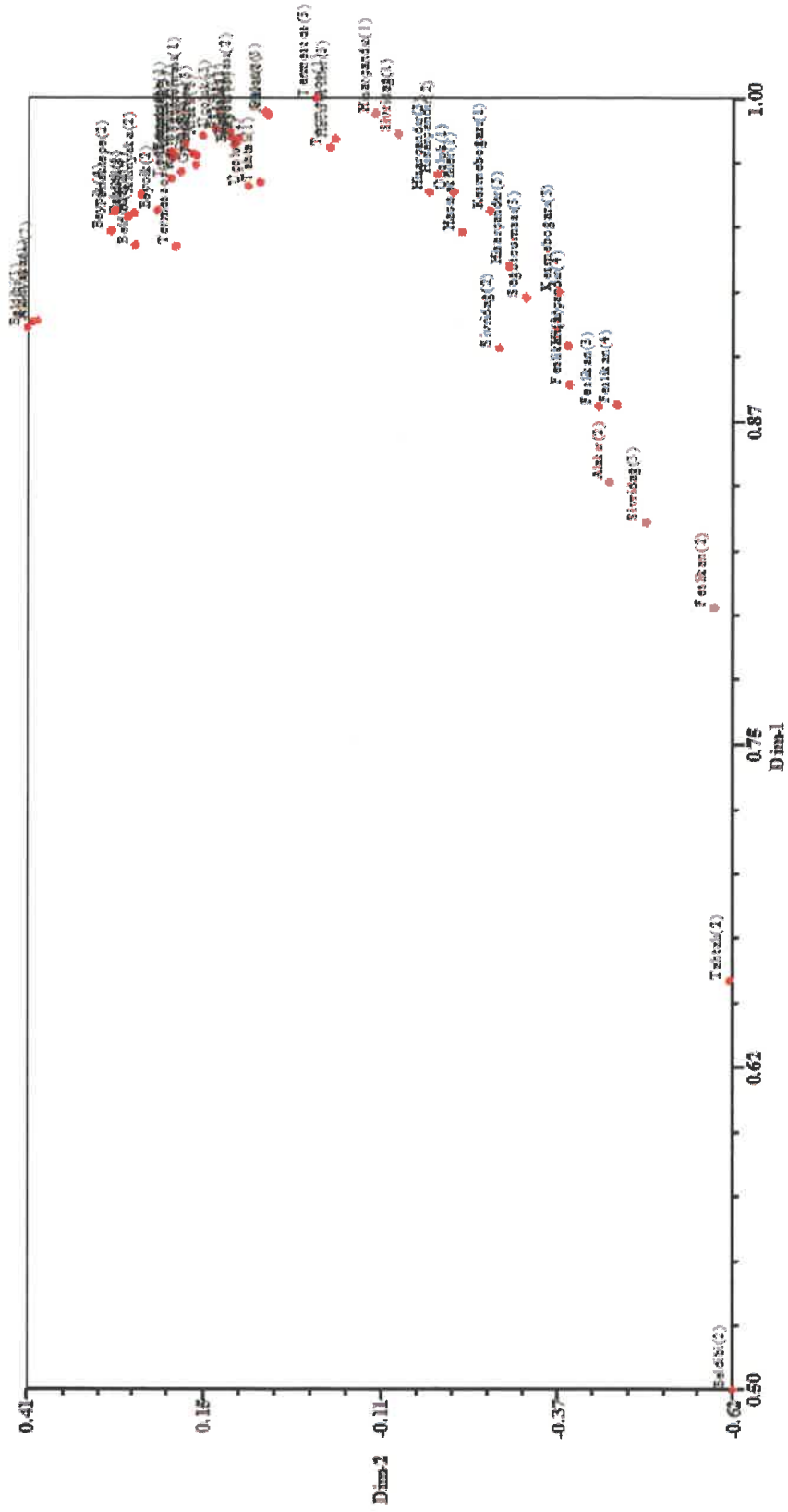
4.1.1. Genotipler düzeyinde morfolojik verilere ait Temel Bileşenler (TBA) ve Kümeleme ve Analizi'ne ait bulgular

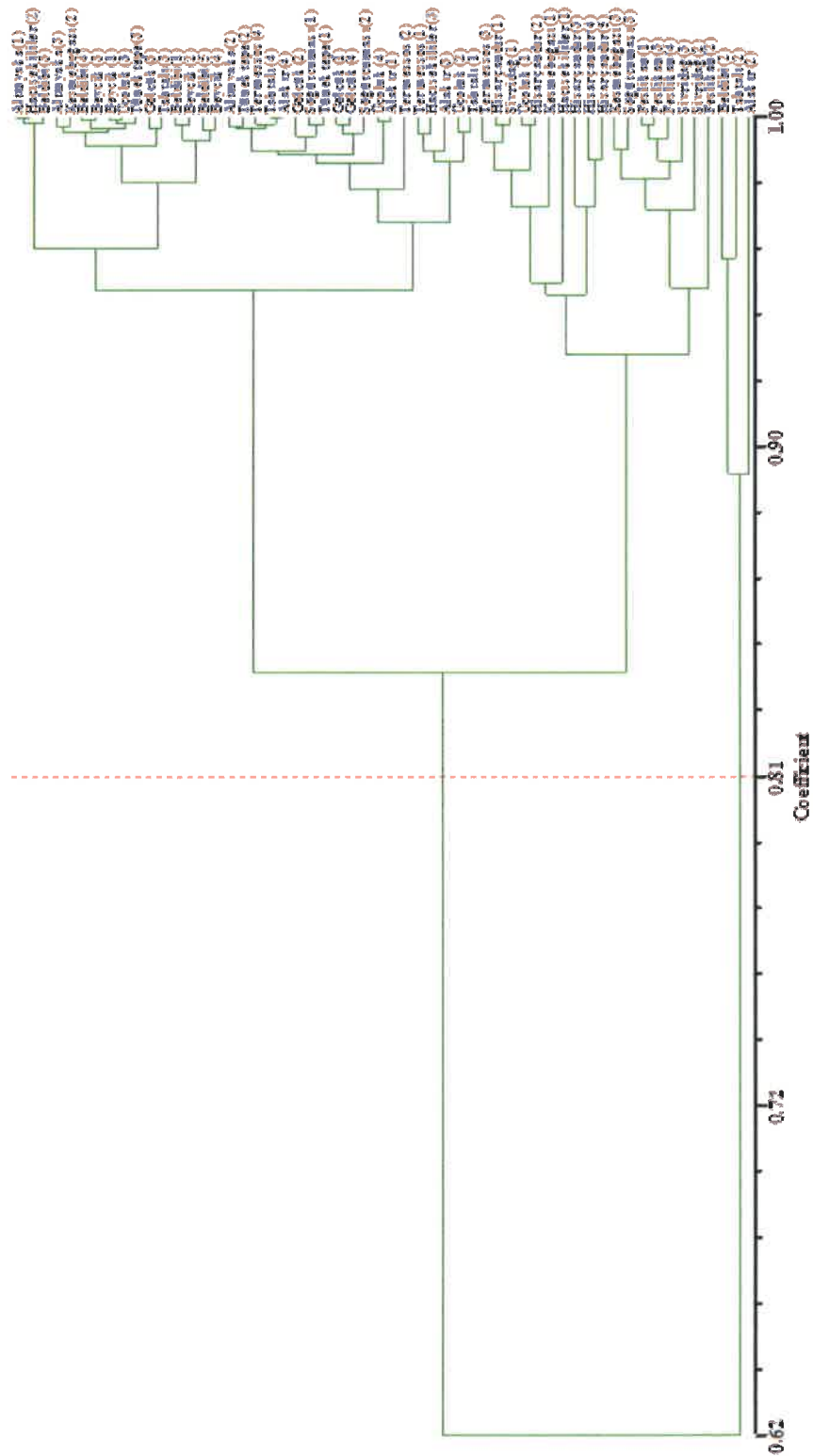
Tüm genotiplerin 17 farklı morfolojik karakter bakımından ölçüm değerleri kullanılarak Temel Bileşenler Analizi (TBA)'de yapılmıştır. Genotiplere ait morfolojik verileri kullanarak benzerlik matris değerleri, hesaplanmış ve temel bileşenler analizine göre genotiplerin uzaysal dağılım grafiği oluşturulmuştur. Temel bileşenler tarafından elde edilen Eigen değerlerine göre 1. bileşen toplam varyasyonun %88.5'sini, ikinci bileşen %7.8'ünü ve ilk üç bileşen ise birlikte %98.42'sini açıklamıştır.

Bu sonuçlar morfolojik karakterler bakımından tür içindeki bireylerin kümeleşme eğiliminde olduğuna işaret etmektedir. Beldibi, Alakır ve Tahtalı popülasyonları içinde morfolojik açıdan diğer popülasyonlardan farklı bireylere rastlanılmıştır (Şekil 4.2).

Tüm popülasyonları temsil eden bireylerin morfolojik değerleri kullanılarak benzerlik (similarity) indeksi hesaplanmış ve dendogram çizilmiştir (Şekil 4.3). Buna göre iki ana grup oluşmuştur. Gruplar içinde temsil edilen birey sayısı 53 ve 3 olmuştur. Aynı popülasyonu temsil eden genotipler gruplaşma eğilimi göstermiştir. Genel anlamda popülasyonlar arası morfolojik varyasyonun popülasyon içi varyasyona göre biraz daha yüksek olduğu anlaşılmaktadır. Bu varyasyonun sebepleri rakım ve bakıdaki farklılıklar olabileceği gibi genetik nedenler de olabilir.

Karagüzel ve Girmen (2009) *Vitex agnus-castus* türüne ait farklı lokasyonlarda bulunan genotipler arasında ölçülen 8 morfolojik karakter açısından gözlemlenen varyasyonu Kümeleme ve Temel Bileşenler Analizleri ile açıklanmaya çalışılmıştır. Temel Bileşenler Analizi sonucunda ilk iki bileşen toplam varyasyonun %97 gibi büyük bir kısmını açıklamaktayken kümeleme analizi sonucunda genotiplerin temelde iki gruba ayrıldığı belirlenmiştir (Karagüzel ve Girmen 2009) .



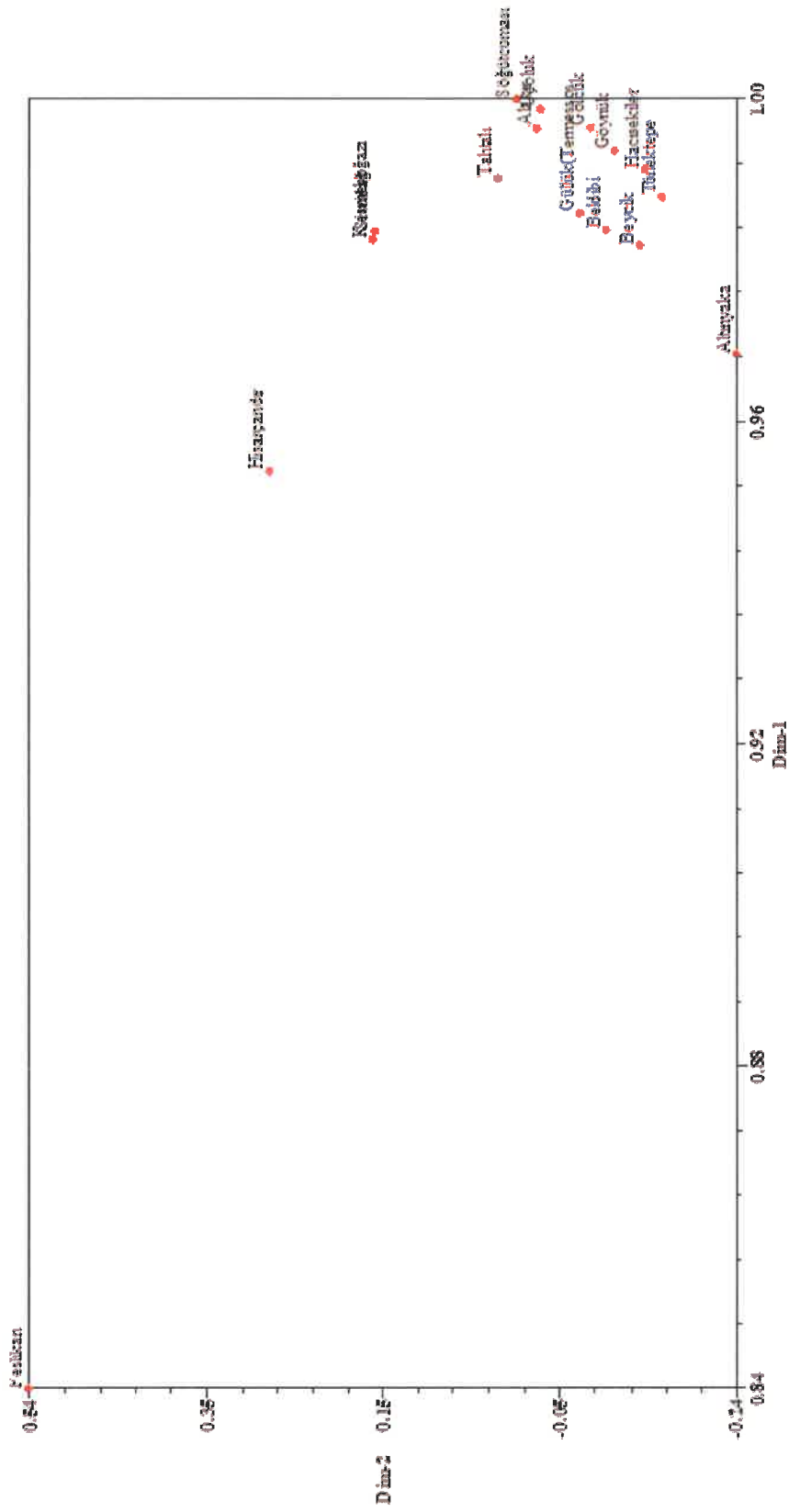


Şekil 4.3. Genotip düzeyinde morfolojik verilerle ait Kümeleme Analizi

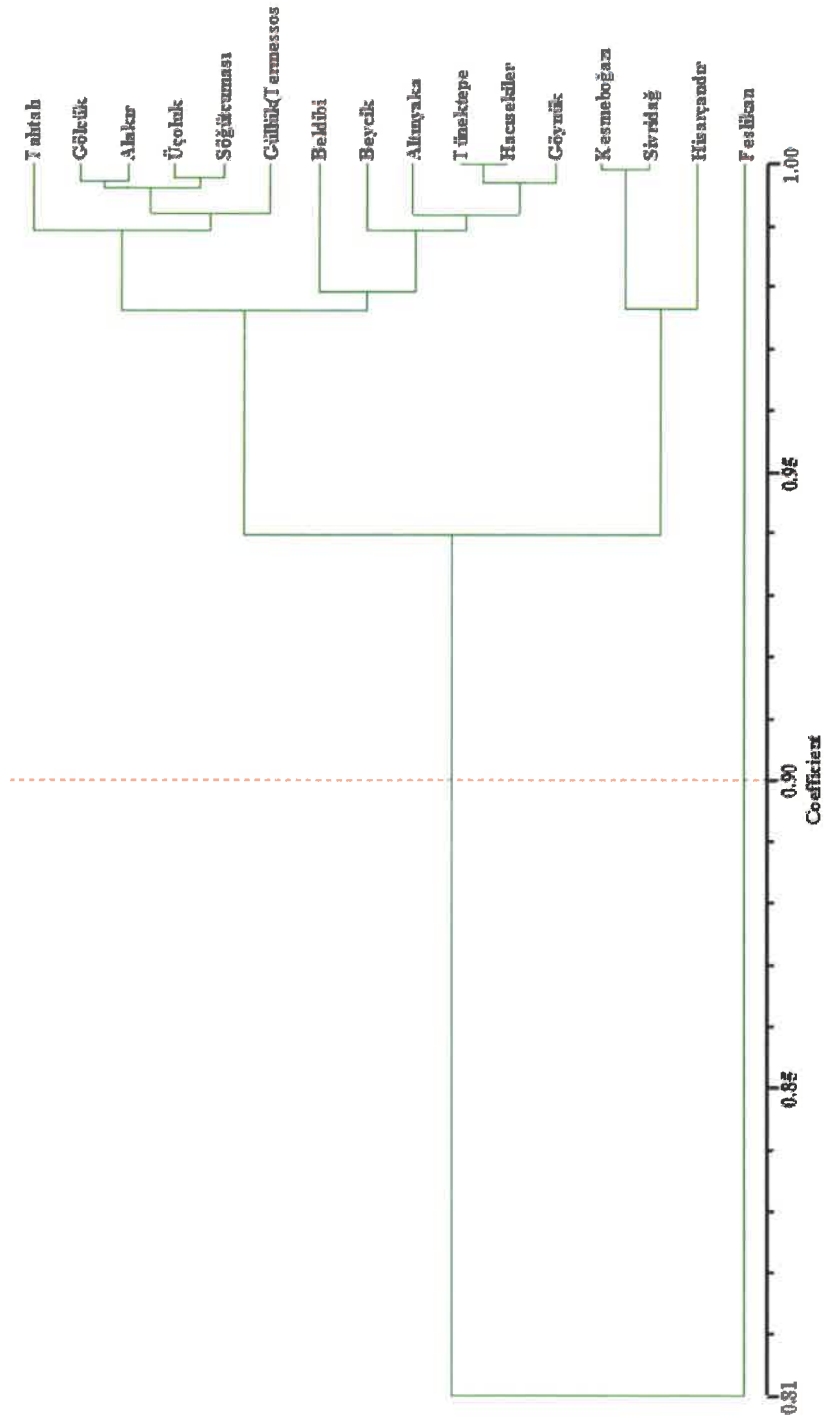
4.1.2. Popülasyonlar düzeyinde morfolojik verilere ait Temel Bileşenler (TBA) ve Kümelememe Analizi'ne ait bulgular

Her popülasyonu oluşturan bireylerin morfolojik değerlerinin ortalamaları kullanılarak TBA’de yapılmıştır. Popülasyonlara ait morfolojik verilerin ortalamaları kullanılarak benzerlik matris değerleri hesaplanmış ve temel bileşenler analizine göre popülasyonların uzaysal dağılım grafiği oluşturulmuştur (Şekil 4.4). TBA analizinden elde edilen Eigen değerlerine göre 1. bileşen toplam varyasyonun %95.28 sını, ikinci bileşen % 3.63’ünü ve ilk üç bileşen ise birlikte % 99.53’sini açıklamıştır. Ortalama morfolojik değerler bakımından, Feslikan ve Güllük (Termessos) ve popülasyonlarının diğer popülasyonlardan farklı olduğu görülmektedir.

Her popülasyondan örneklenen bireylerin ortalama morfolojik değerleri kullanılarak kümeleme ve TBA analizleri ile popülasyon farklılaşması analiz edilmiştir. Benzerlik (similarity) indeksine göre hesaplanan dendograma göre iki ana grup oluşmuştur (Şekil 4.5). Gruplar içinde temsil edilen popülasyon sayısı 14 ve 1 şeklinde olmuştur. Kümeleme analizi sonuçları temel bileşen analizi sonuçları ile benzerlik göstermektedir.



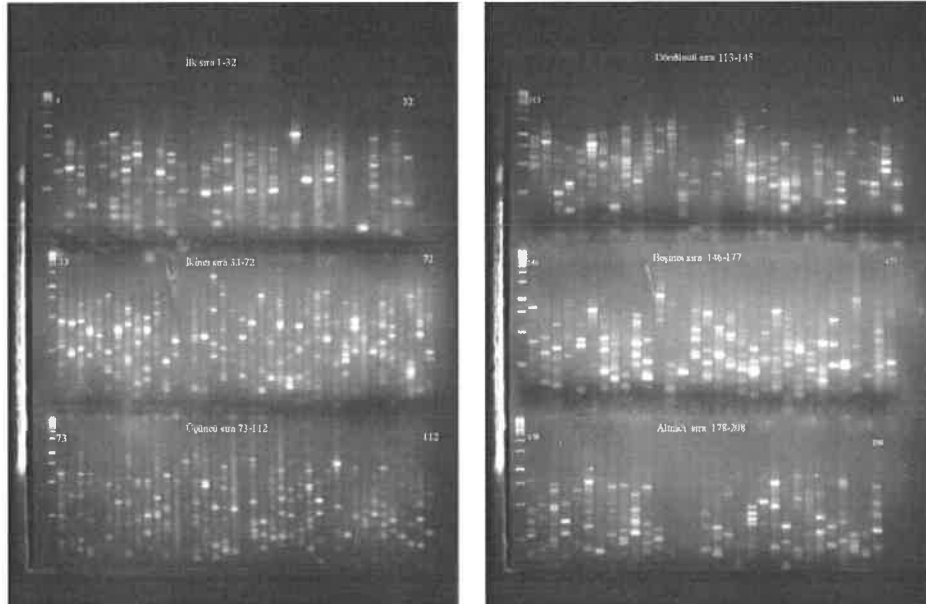
Şekil 4.4. Popülasyonlar düzeyinde morfolojik verilere ait Temel Bileşenler Analizi(TBA)



Şekil 4.5. Populasyonlar düzeyinde morfolojik verilere ait Kümeleme Analizi

4.2. Moleküler Verilere Ait Bulgular

Genotiplerin genetik benzerlikleri SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) ve iPBS (interprimer binding sites) yöntemleri ile ortaya konulmuş olup tez kapsamında en az 120 markır elde edilecek yoğunlukta genom taraması yapmak hedeflenmişti. Literatürde de belirtildiği gibi SRAP genomun fonksiyonel gen bölgelerini, iPBS ise retrotranspozon tekrarlı bölgelerini hedeflediğinden genomun hem fonksiyonel gen bölgelerini hemde tekrarlı bölgelerini temsil edecek moleküler markırlar oluşturulması öngörülmüştür. Böylece elde edilecek genetik benzerlik/farklılık indeksleri var olan farklılıkları diğer markır sistemlerinden daha iyi temsil edeceği düşünüldüğü için her iki markır sisteminin de kullanılmasına karar verilmişti. Strid (1987) *D. hastata* türünün kromozom sayısını $2n = 20$ olarak bildirmiştir. Haploid kromozom sayısı 10 olan bu türün genetik çeşitliliğini ortaya koyabilmek için tez çalışması planlandığında her kromozoma en az 12 adet markır düşürülmesi hedeflenmişti. Ortalama 8 cM (centimorgan) mesafeye 1 (bir) markır düşeceği göz önüne alındığında popülasyonun haplotip farklılıkları ortaya konulması hedefinden hareketle en çok bant veren 13 SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) ve 11 iPBS (interprimer binding sites) primeri ile çalışılarak 357 markır oluşturulmuştur. SRAP markır analizi için ilk önce iki farklı lokasyonu (Hacısekiler ve Alakır) temsil eden genotiplerden oluşturulan iki ayrı DNA Bulk'ında 208 tane olan SRAP primer kombinasyonu kullanılmıştır (Çizelge 3.2). Ürünlerdeki PCR amplifikasyon ve polimorfizm durumu %2'lik agaroz jelde görüntülenmiştir. DNA Bulk-1'inin SRAP kombinasyonları ile taranması sonucu elde edilen jel görüntüsü Şekil 4.6'da verilmiştir. Toplamda 273 bant elde edilmiştir. Polimorfik olan ve/veya agaroz jelde en iyi ayırışma gösteren 13 primer çifti (Çizelge 3.3'de belirtilen) 56 adet genotipin taranmasında kullanılmak amacı ile seçilmiştir.



Şekil 4.6. Genotipe ait oluşturulan Bulk-1 DNA'nın 208 SRAP primer kombinasyonu kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin %2'lik agaroz jel görüntüsü (Soldaki 1. Görüntü-Sağdaki 2. Görüntü)

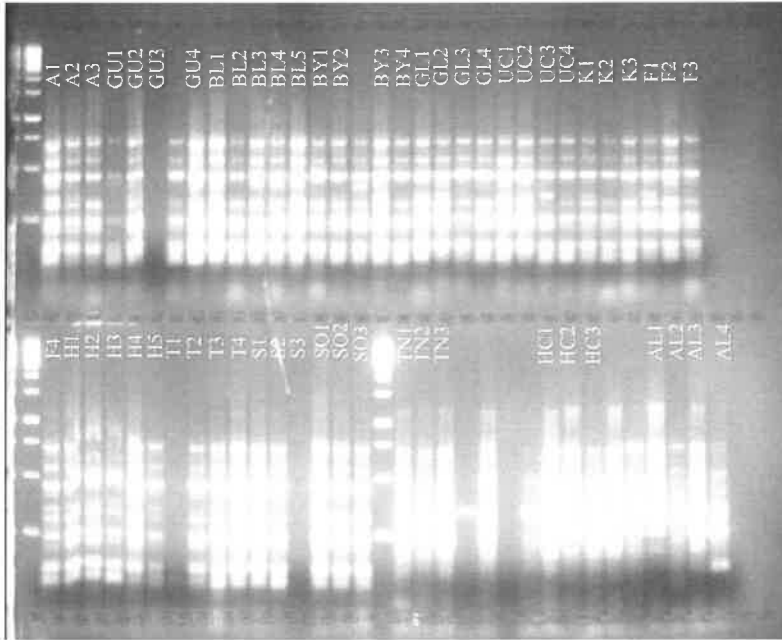
Şekil 4.6’da Bulk-1 DNA’da kullanılan SRAP primer kombinasyonları sırasıyla Çizelge 4.6’da belirtilmiştir.

Çizelge 4.6. Bulk-1 DNA’nın taranmasında kullanılan SRAP primer kombinasyonları

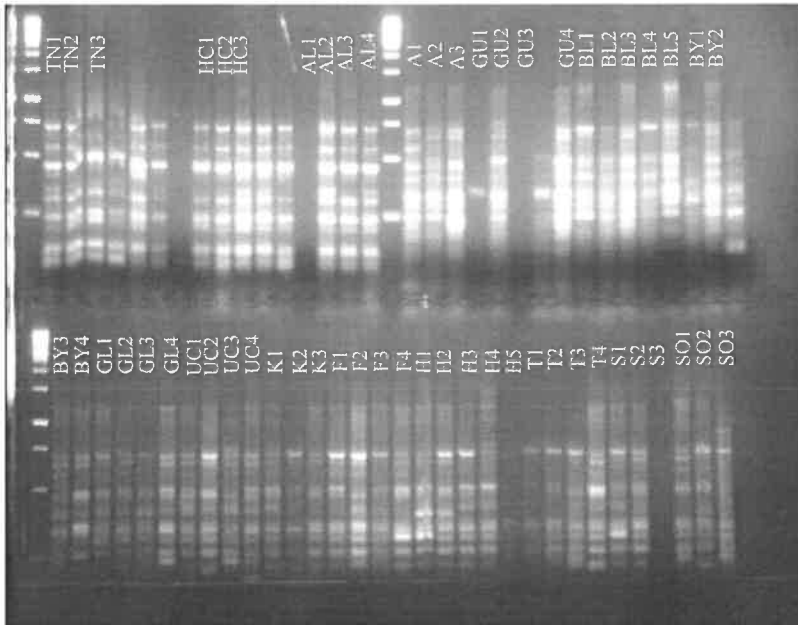
No	Primer kodu	No	Primer kodu	No	Primer kodu	No	Primer kodu	No	Primer kodu
1	Em1-Me1	45	Em3-Me13	89	Em6-Me9	133	Em9-Me5	177	Em12-Me1
2	Em1-Me2	46	Em3-Me14	90	Em6-Me10	134	Em9-Me6	178	Em12-Me2
3	Em1-Me3	47	Em3-Me15	91	Em6-Me11	135	Em9-Me7	179	Em12-Me3
4	Em1-Me4	48	Em3-Me16	92	Em6-Me12	136	Em9-Me8	180	Em12-Me4
5	Em1-Me5	49	Em4-Me1	93	Em6-Me13	137	Em9-Me9	181	Em12-Me5
6	Em1-Me6	50	Em4-Me2	94	Em6-Me14	138	Em9-Me10	182	Em12-Me6
7	Em1-Me7	51	Em4-Me3	95	Em6-Me15	139	Em9-Me11	183	Em12-Me7
8	Em1-Me8	52	Em4-Me4	96	Em6-Me16	140	Em9-Me12	184	Em12-Me8
9	Em1-Me9	53	Em4-Me5	97	Em7-Me1	141	Em9-Me13	185	Em12-Me9
10	Em1-Me10	54	Em4-Me6	98	Em7-Me2	142	Em9-Me14	186	Em12-Me10
11	Em1-Me11	55	Em4-Me7	99	Em7-Me3	143	Em9-Me15	187	Em12-Me11
12	Em1-Me12	56	Em4-Me8	100	Em7-Me4	144	Em9-Me16	188	Em12-Me12
13	Em1-Me13	57	Em4-Me9	101	Em7-Me5	145	Em10-Me1	189	Em12-Me13
14	Em1-Me14	58	Em4-Me10	102	Em7-Me6	146	Em10-Me2	190	Em12-Me14
15	Em1-Me15	59	Em4-Me11	103	Em7-Me7	147	Em10-Me3	191	Em12-Me15
16	Em1-Me16	60	Em4-Me12	104	Em7-Me8	148	Em10-Me4	192	Em12-Me16
17	Em2-Me1	61	Em4-Me13	105	Em7-Me9	149	Em10-Me5	193	Em13-Me1
18	Em2-Me2	62	Em4-Me14	106	Em7-Me10	150	Em10-Me6	194	Em13-Me2
19	Em2-Me3	63	Em4-Me15	107	Em7-Me11	151	Em10-Me7	195	Em13-Me3
20	Em2-Me4	64	Em4-Me16	108	Em7-Me12	152	Em10-Me8	196	Em13-Me4
21	Em2-Me5	65	Em5-Me1	109	Em7-Me13	153	Em10-Me9	197	Em13-Me5
22	Em2-Me6	66	Em5-Me2	110	Em7-Me14	154	Em10-Me10	198	Em13-Me6
23	Em2-Me7	67	Em5-Me3	111	Em7-Me15	155	Em10-Me11	199	Em13-Me7
24	Em2-Me8	68	Em5-Me4	112	Em7-Me16	156	Em10-Me12	200	Em13-Me8
25	Em2-Me9	69	Em5-Me5	113	Em8-Me1	157	Em10-Me13	201	Em13-Me9
26	Em2-Me10	70	Em5-Me6	114	Em8-Me2	158	Em10-Me14	202	Em13-Me10
27	Em2-Me11	71	Em5-Me7	115	Em8-Me3	159	Em10-Me15	203	Em13-Me11
28	Em2-Me12	72	Em5-Me8	116	Em8-Me4	160	Em10-Me16	204	Em13-Me12
29	Em2-Me13	73	Em5-Me9	117	Em8-Me5	161	Em11-Me1	205	Em13-Me13
30	Em2-Me14	74	Em5-Me10	118	Em8-Me6	162	Em11-Me2	206	Em13-Me14
31	Em2-Me15	75	Em5-Me11	119	Em8-Me7	163	Em11-Me3	207	Em13-Me15
32	Em2-Me16	76	Em5-Me12	120	Em8-Me8	164	Em11-Me4	208	Em13-Me16
33	Em3-Me1	77	Em5-Me13	121	Em8-Me9	165	Em11-Me5		
34	Em3-Me2	78	Em5-Me14	122	Em8-Me10	166	Em11-Me6		
35	Em3-Me3	79	Em5-Me15	123	Em8-Me11	167	Em11-Me7		
36	Em3-Me4	80	Em5-Me16	124	Em8-Me12	168	Em11-Me8		
37	Em3-Me5	81	Em6-Me1	125	Em8-Me13	169	Em11-Me9		
38	Em3-Me6	82	Em6-Me2	126	Em8-Me14	170	Em11-Me10		
39	Em3-Me7	83	Em6-Me3	127	Em8-Me15	171	Em11-Me11		
40	Em3-Me8	84	Em6-Me4	128	Em8-Me16	172	Em11-Me12		
41	Em3-Me9	85	Em6-Me5	129	Em9-Me1	173	Em11-Me13		
42	Em3-Me10	86	Em6-Me6	130	Em9-Me2	174	Em11-Me14		
43	Em3-Me11	87	Em6-Me7	131	Em9-Me3	175	Em11-Me15		
44	Em3-Me12	88	Em6-Me8	132	Em9-Me4	176	Em11-Me16		

En çok bant veren SRAP primerlerinde; Em9-Me5, Em10-Me12, Em11-Me11, Em1-Me11, Em13-Me3, Em2-Me7, Em1-Me9, Em3-Me7, Em4-Me7, Em7-Me7, Em5-Me3, Em8-Me2, Em9-Me11 olup tüm genotiplerin taranmasında

kullanılmıştır. Kullanılan Em 10- Me 12 ve Em 1 - Me 11 primerlerine ait örnek görüntüler Şekil 4.7’de verilmiştir.



Em 10- Me 12 (İlk sırada 1. ve 18.örnek, ikinci sırada 1. örnek Gene Ruler™ DNA ladder mix)



Em 1 - Me 11

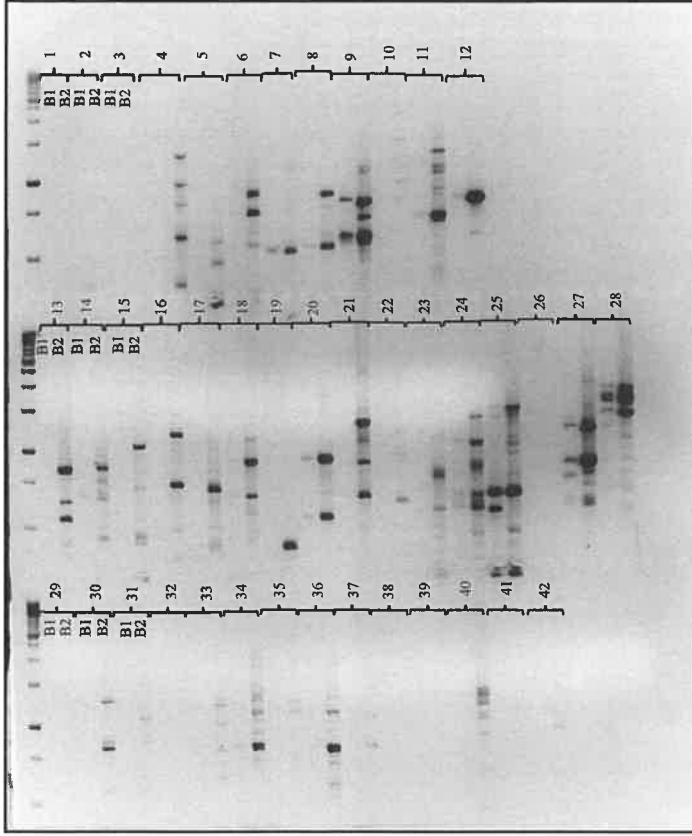
(İlk sırada 1. ve 18.örnek, ikinci sırada 1. örnek Gene Ruler™ DNA ladder mix)

Şekil 4.7. Genotipler için kullanılan Em 10 - Me 12 ve Em 1 - Me 11 SRAP primerleri ile elde edilen PCR ürünlerinin %2’lik agaroz jeldeki görüntüleri

Yukarda belirtilen 13 adet SRAP primer kombinasyonu kullanılarak 165 adet polimorfik (en az bir bireyde farklılık gösteren) markırlar ‘1’ (band var) veya ‘0’ (band

yok) olarak skor edilmiştir. SRAP primerleri aktif gen bölgeleri veya aktif gen benzeri bölgeleri hedef aldığından genomda genlerin ve gen-benzeri bölgelerin farklılıklarını/benzerliklerini ortaya koyması beklenmektedir.

iPBS markır analizi için ilk önce genotiplerden oluşturulan iki ayrı DNA Bulk'unda (Bulk-1 ve Bulk-2) 42 tane iPBS primeri kullanılmıştır (Çizelge 4.7). Ürünlerdeki polimorfizm durumu %2'lik agaroz jelde görüntülenmiştir. DNA Bulk'larının iPBS primerleri ile taranması sonucu elde edilen jel görüntüsü Şekil 4.8'deki gibidir. Toplamda 79 adet skorlanabilir bant elde edilmiştir. Amplifikasyon veren, bulklar arasında polimorfik olan ve/veya agaroz jelde arzu edilen seviyede ayrışma gösterebilen 11 adet primer çifti (Çizelge 3.7) 56 adet genotipin taranmasında kullanılmış ve 192 adet iPBS markırı oluşturulmuştur. iPBS primerleri genomda retrotranspozan gen ailesini hedeflediğinden bu gen sekansının bulunduğu tekrarlı bölgelerin benzerlik/farklılıklarının ortaya çıkarılması öngörülmüştür.



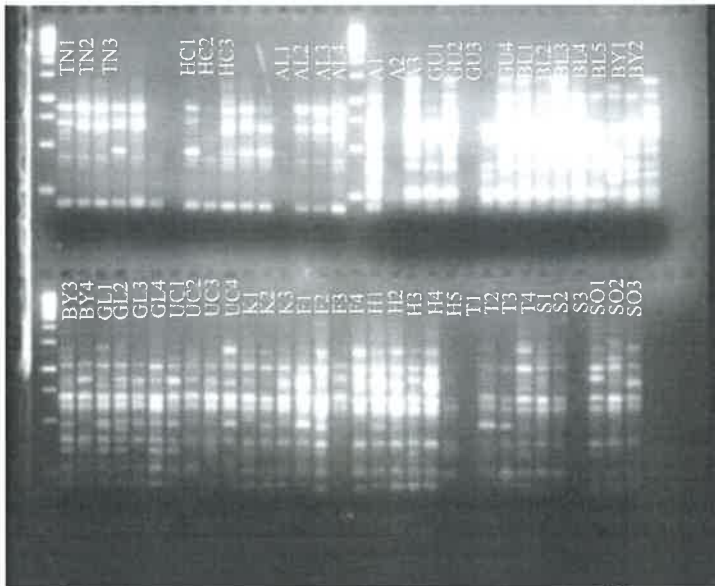
Şekil 4.8. Genotiplerin DNA Bulk'larının iPBS primerleri ile taranması sonucu elde edilen PCR ürünlerinin jel görüntüsü (Her grupta ilk bant B1; Bulk-1, ikinci bant B2; Bulk-2'dir. Her sıradaki ilk örnek Gene Ruler™ DNA ladder mix)

Şekil 4.8'de Bulk-1 ve Bulk-2 DNA'da kullanılan iPBS primer kombinasyonları sırasıyla Çizelge 4.7'de belirtilmiştir.

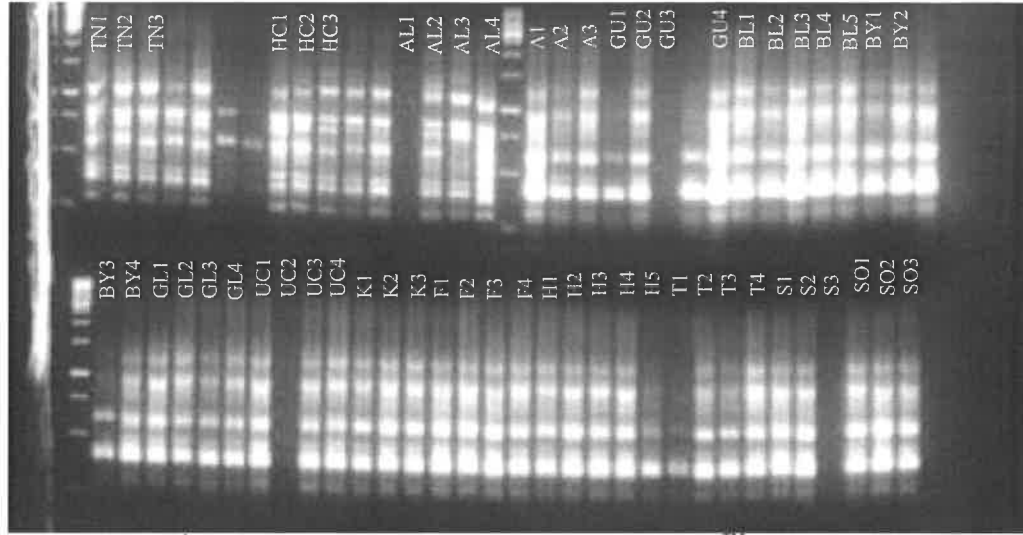
En çok bant veren **iPBS primerleri**; 2076, 2375, 2383, 2387, 2277, 2217, 2230, 2232, 2237, 2239, 2251 tüm genotiplerin taranmasında kullanılmıştır. 2076 ve 2385 nolu primerlere ait görüntüler Şekil 4.9'da verilmiştir.

Çizelge. 4.7. Bulk-1 ve Bulk-2 DNA'nın taranmasında kullanılan iPBS primer kombinasyonları ve bağlanma sıcaklıkları

No.	iPBS Primer Kodu	Bağlanma Sıcaklığı	No.	iPBS Primer Kodu	Bağlanma Sıcaklığı
1	2077	45-46 °C	23	2075	51-53 °C
2	2379	45-46 °C	24	2076	51-53 °C
3	2380	45-46 °C	25	2272	51-53 °C
4	2383	45-46 °C	26	2220	51-53 °C
5	2384	45-46 °C	27	2230	51-53 °C
6	2387	45-46 °C	28	2244	51-53 °C
7	2388	45-46 °C	29	2246	54-56 °C
8	2389	45-46 °C	30	2249	54-56 °C
9	2277	45-46 °C	31	2252	54-56 °C
10	2217	45-46 °C	32	2219	54-56 °C
11	2237	45-46 °C	33	2221	54-56 °C
12	2255	45-46 °C	34	2232	54-56 °C
13	2074	48-50 °C	35	2243	54-56 °C
14	2375	48-50 °C	36	2251	54-56 °C
15	2376	48-50 °C	37	2253	54-56 °C
16	2381	48-50 °C	38	2218	58-60 °C
17	2391	48-50 °C	39	2222	58-60 °C
18	2392	48-50 °C	40	2239	58-60 °C
19	2393	48-50 °C	41	2228	58-60 °C
20	2394	48-50 °C	42	2238	58-60 °C
21	2270	48-50 °C			
22	2226	48-50 °C			



2076 (İlk sırada 1. ve 18.örnek, ikinci sırada 1. örnek Gene Ruler™ DNA ladder mix)



2385(İlk sırada 1. ve 18.örnek, ikinci sırada 1. örnek Gene Ruler™ DNA ladder mix)

Şekil 4.9. Genotipler için kullanılan iPBS primerleri ile elde edilen PCR ürünlerinin %2'lik agaroz jeldeki görüntüleri

4.2.1 Genotip düzeyinde moleküler veriye ait kümeleme ve temel bileşenler analizi (TBA)' ne ait bulgular

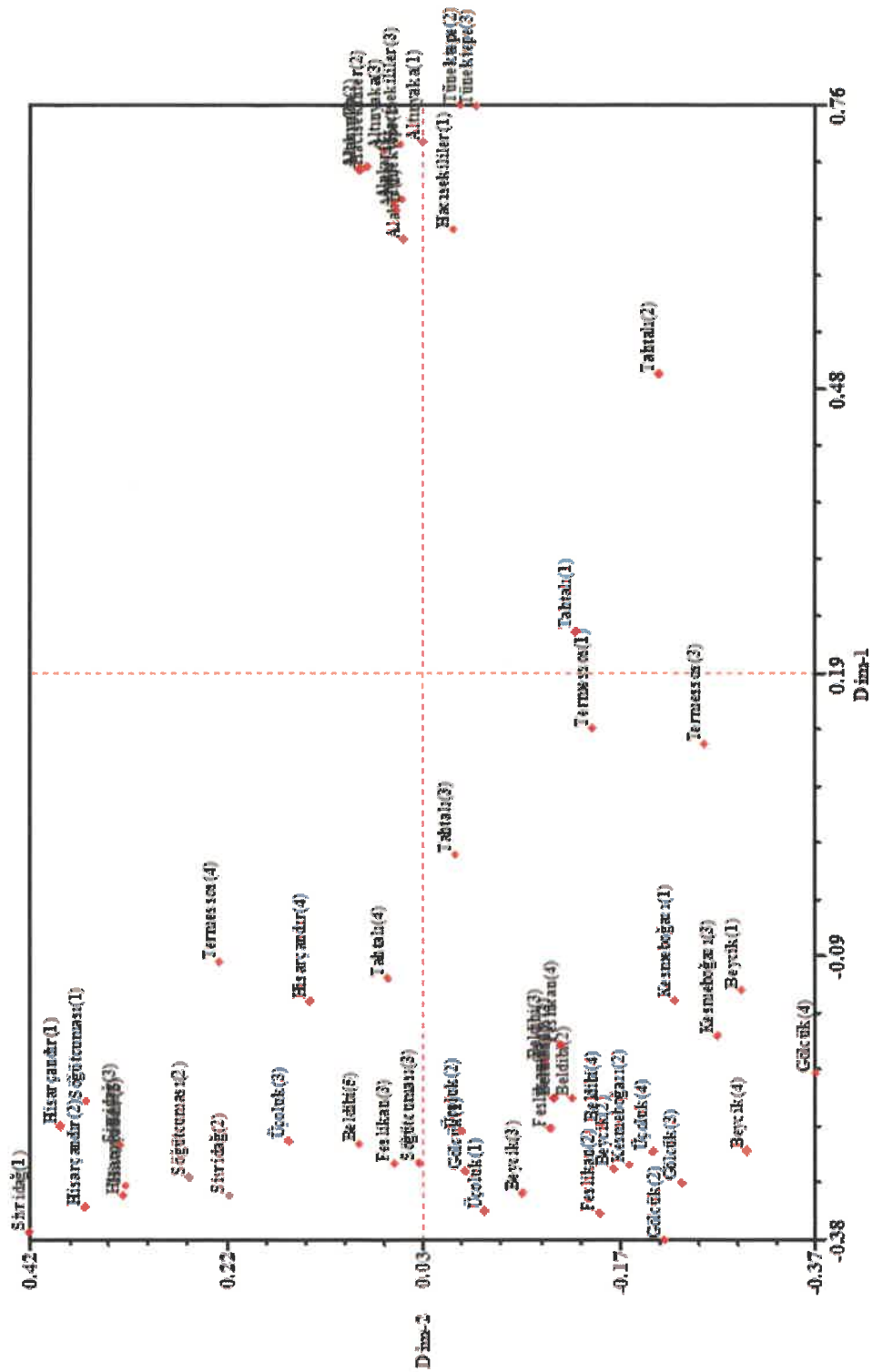
SRAP ve iPBS markırları kullanılarak oluşturulan benzerlik indeksine göre hesaplanan filogenetik dendrograma göre popülasyonları temsil eden bireylerin benzerlik oranı %53 ile %91 arasında değişmiş, ortalama benzerlik değeri % 72 olmuştur (Şekil 4.10). En düşük popülasyon içi genetik varyasyonu ortalama % 10 ile Altınyaka popülasyonuna ait genotipler arasında bulunmuştur. Buna göre genotipler 8 ana gruba ayrılmıştır. Gruplar içindeki birey sayısı 2, 2, 1, 1, 33, 2, 2, 13 şeklinde olmuştur. Genel anlamda ise iki farklı genetik grup oluşmuştur. Sadece Tahtalı ve Termessos bölgeleri her iki grupta da genotipler barındırmaktadır. İkinci grup içinde ise en yüksek genetik çeşitliliği Gölcük ve Beycik popülasyonları göstermiştir (Şekil 4.10). Kümeleme analizi sonuçları TBA (Şekil 4.11) sonuçları ile örtüşmektedir.

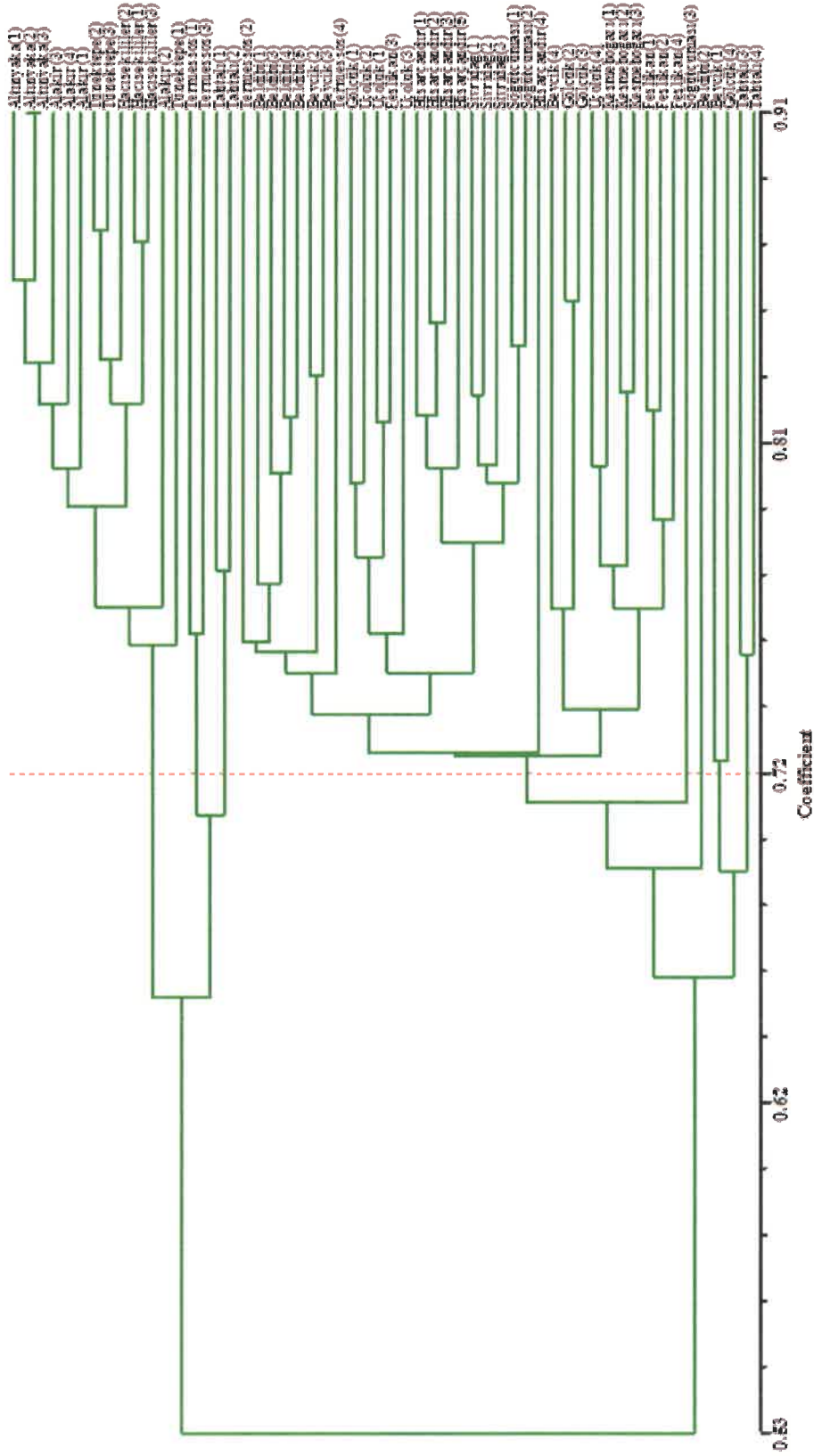
SRAP ve iPBS markırlarına dayalı olarak oluşturulan genotiplere ait korelasyon matris değerlerini kullanarak temel bileşenler analizi yapılmış ve genotiplerin uzaysal dağılım grafiği oluşturulmuştur (Şekil 4.10). Temel bileşenler tarafından elde edilen Eigen değerlerine göre, ilk onüç bileşen toplam varyasyonun % 61'ini, birinci bileşen %24'ünü ve ikinci bileşen %5,4' ünü açıklamıştır. Genotipler arasındaki genetik çeşitliliğe ışık tutan Eigen vektörleri sayısı bu tür içinde çok yüksek genetik farklılık olduğunu ortaya koymaktadır. Morfolojik olarak benzer bireyler arasında bile yüksek genetik çeşitlilik olduğu ve koruma amaçlı örnekleme yapılması durumunda genetik verilerin de dikkate alınması gerektiği ortaya çıkmıştır.

Görgülü (2012) tarafından gerçekleştirilen İç Anadolu Bölgesinde yetişen *Isatis glauca* türünün AFLP markır sistemiyle genetik çeşitliliğinin belirlenmesini konu alan araştırmada, %98,5'si polimorfik olmak üzere toplam 805 lokus üretilmiş, temel bileşenler analizi ile elde edilen üç bileşen genetik çeşitliliğin %85,61'ini açıklamakta

olup, genetik uzaklık değerlerine göre UPGMA yöntemiyle oluşturulan dendogramda örnek gruplarının iki ana gruba ayrıldığı belirlenmiştir (Görgülü 2012).

Yang vd (2015) Çin’de doğal olarak yetişen ve nadir bir palmiye türü olan *Cycas panzihuaensis* popülasyonlarında genetik çeşitliliği belirledikleri çalışmalarında AFLP markırlarını kullanış olup popülasyonların birbirinden farklılaşmasını belirlemek için ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}), Kümeleme ve Temel bileşenler analizi kullanılmıştır. 123 bireyden elde edilen 223 lokustan, 210 tanesinin polimorfik olduğu belirlenmiştir. Kümeleme analizine göre popülasyonlar genel olarak üç küme oluşturma eğilimde olduğunu belirtmiştir. Popülasyonlar ve alt popülasyonlar arasında yaygın tespit edilen yüksek polimorfizm nedeniyle Temel bileşenler analizinde temel iki bileşen genetik varyasyonun %20’sinden daha az bir kısmını açıkladığı bildirilmiştir (Yang 2015).



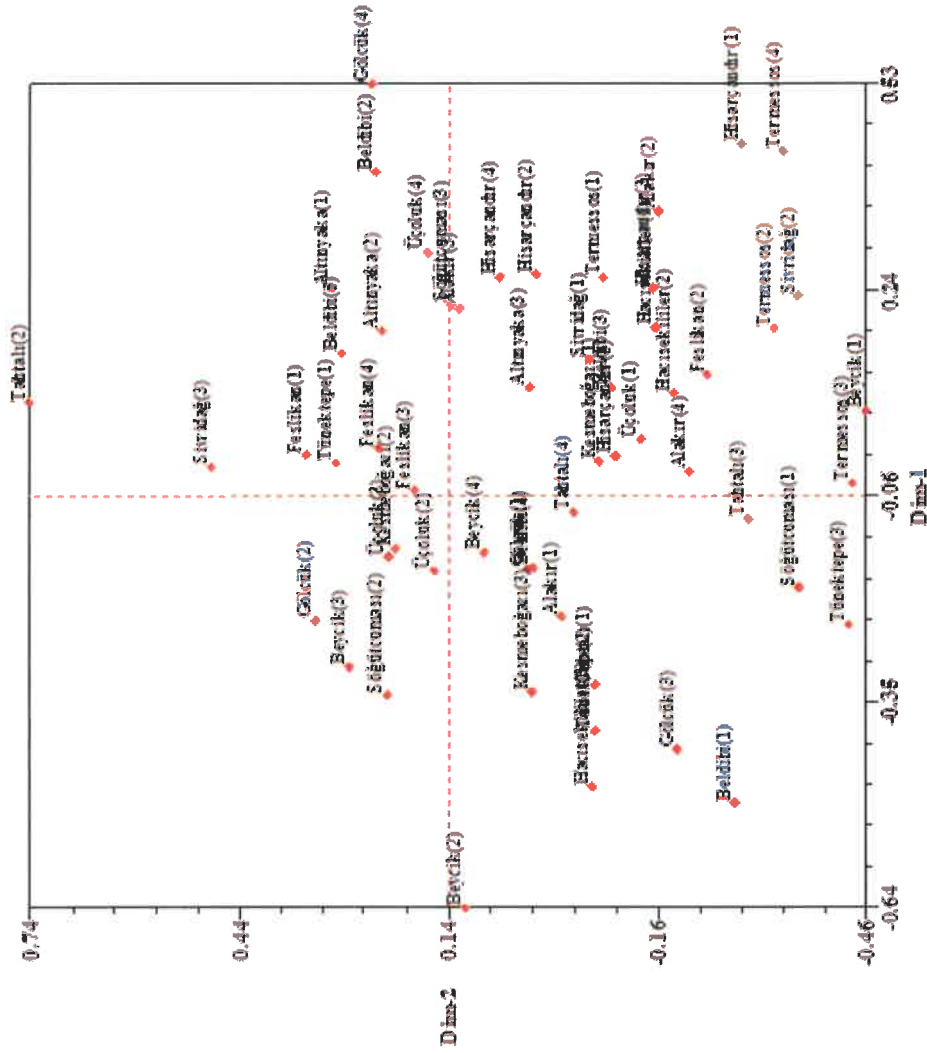


Şekil 4.1.1. Genotip düzeyinde Moleküler Veriye Ait Kümeleme Analizi

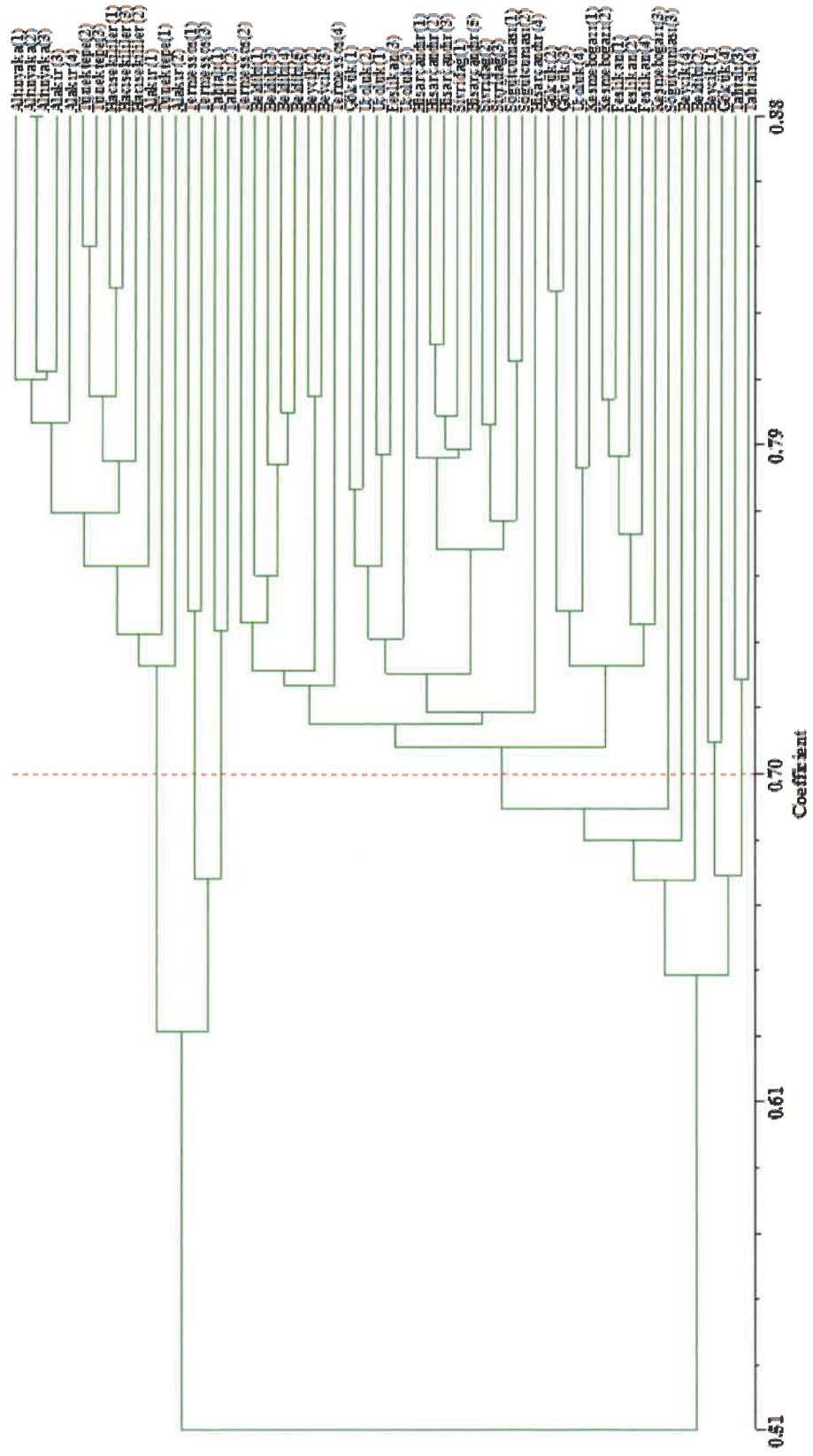
4.2.2. Genotip düzeyinde moleküler ve morfolojik veriye ait kümeleme ve temel bileşenler analizi (TBA)

Genotiplere ait moleküler veriler ile morfolojik veriler bir arada değerlendirilerek hesaplanan benzerlik matris değerleri kullanılarak temel bileşenler analizine göre genotiplerin uzaysal dağılım grafiği oluşturulmuştur (Şekil 4.12). Temel bileşenler tarafından elde edilen Eigen değerlerine göre, 1. bileşen toplam varyasyonun %90,78'sini, ikinci bileşen %6,28'unu ve ilk dört bileşen birlikte toplam varyasyonun %97,07'ini açıklamıştır. Şekil 4.12'de görünen TBA analizi'ne göre özellikle Beldibi ve Tahtalı popülasyonlarına ait genotiplerin diğer popülasyonlardan morfolojik ve/veya genetik olarak farklı olduğu görülmektedir. Geleceğe yönelik koruma çalışmalarında bu bölgeleri temsil eden bireylerin mutlaka genetik koruma havuzuna dahil edilmesi gerekir.

Genotiplere ait moleküler markır verileri morfolojik ölçümlerle bir arada değerlendirilmiş ve benzerlik indeksine göre dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 4.13). Buna göre, popülasyonu temsil eden bireylerin benzerlik oranı %51 ile %88 arasında değişmiş, ortalama benzerlik değeri %70 olmuş, böylece popülasyonlar 8 ana gruba ayrılmıştır. Kümeleme analizi sonuçları TBA sonuçları ve moleküler veriye ait kümeleme analizi sonuçlarıyla benzerlik göstermektedir. Tahtalı, Termessos, Beycik ve Gölcük popülasyonları içindeki genotipler daha yüksek bir çeşitlilik göstermektedir. Tahtalı-2 ve Beldibi-2 kodlu genotipler diğer genotiplerden farklılık göstermektedir.



Şekil 4.12. Genotip düzeyinde Moleküler ve Morfolojik Veriye Ait Temel Bileşenler Analizi (TBA)



Şekil 4.13. Genotip düzeyinde Morfolojik Veriye Ait Kümeleme Analizi

4.3. Popülasyon Genetiği Verilerine Ait Bulgular

SRAP (165 adet) ve IPBS (192 adet) markır sistemleri kullanılarak toplam 357 markır elde edilmiştir. Bu lokuslardan 11 tanesinin monomorfik, 346 tanesinin de polimorfik yapıda olduğu tespit edilmiştir. Primer başına elde edilen ortalama polimorfik lokus sayısı ise 14,4 (346/24) olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Kullanılan iPBS ve SRAP primerleri, seakans bilgileri, primer başına elde edilen toplam lokus sayısı (n), poliformik lokus sayısı (n_p) ve oranı (%).

Primer No.	Baz Dizilimi (5'→3')	Toplam Lokus Sayısı (n)	Polimorfik Lokus Sayısı (n_p)	Polimorfik Lokus Oranı (%)
2076	GCTCCGATGCCA	27	27	100
2375	TCGCATCAACCA	20	20	100
2383	GCGATGGCCTCCA	12	11	91,66
2387	GCGCAATACCCA	15	13	86,66
2277	GGCGATGATACCA	18	17	94,44
2217	ACTTGATGTCGATACCA	20	20	100
2230	TCTAGGCGTCTGATACCA	13	13	100
2232	AGAGAGGCTCGGATACCA	14	14	100
2237	CCCCTACCTGGCGTGCCA	21	21	100
2239	ACCTAGGCTCGGATGCCA	12	12	100
2251	GAACAGGCGATGATACCA	20	20	100
Em 9 Me 5	GACTGCGTACGAATTCTAG TGAGTCCAAACCGGAAG	12	12	100
Em 11 Me 11	GACTGCGTACGAATTCTA TGAGTCCAAACCGGAAC	8	7	87,75
Em 1 Me 11	GACTGCGTACGAATTAATTGAGT CCAAACCGGAAC	11	11	100
Em 13 Me 3	GACTGCGTACGAATTCTGTGAGT CCAAACCGGAAT	5	5	100
Em 1 Me 9	GACTGCGTACGAATTAATTGAGT CCAAACCGGACG	21	21	100
Em 4 Me 7	GACTGCGTACGAATTTGATGAGT CCAAACCGGACG	11	10	90,9
Em 8 Me 2	GACTGCGTACGAATTCAGT CCAAACCGGAGC	14	13	92,85
Em 5 Me 3	GACTGCGTACGAATTAAGT CCAAACCGGAAT	12	11	91,66
Em 9 Me 11	GACTGCGTACGAATTCAGT CCAAACCGGAAC	15	15	100
Em 10 Me 12	GACTGCGTACGAATTCATTGAGT CCAAACCGGAGA	2	2	100
Em 2 Me 7	GACTGCGTACGAATTTGCTGAGT CCAAACCGGACG	16	15	93,75
Em 3 Me 7	GACTGCGTACGAATTGACTGAGT CCAAACCGGACG	13	12	92,31
Em 7 Me 7	GACTGCGTACGAATTCAATGAGT CCAAACCGGACG	25	24	96
Toplam		357	346	96,91

4.3.1. Genetik çeşitliliğe ait bulgular

Çalışılan lokuslarda hesaplanan allel frekansları kullanılarak *D.hastata* popülasyonlarını genetik varyasyon bakımından karşılaştırmak amacıyla; ortalama allel sayısı (n_a), ortalama etkili allel sayısı (n_e), Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h), Shannon indeksi (H_o), polimorfik lokus sayısı (n_p) ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) gibi kriterler kullanılmıştır (Tablo 16). *D.hastata* popülasyonlarının tamamı birlikte ele alındığında (tüm allel frekansları üzerinden hesaplandığında) tür bazında ortalama allel sayısı (n_a) 1.9692, ortalama etkili allel sayısı (n_e) 1.5699, Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h) 0.3324, Shannon indeksi (H_o) 0.497, polimorfik lokus sayısı (n_p) 346 ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) 92.9 olarak tahmin edilmiştir (Çizelge 4.9).

Çizelge 4.9. Çalışılan 15 *D.hastata* popülasyonuna ait Ortalama Allel Sayısı (n_a), Ortalama Etkili Allel Sayısı (n_e), Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h), Shannon indeksi (H_o), Polimorfik Lokus Sayısı (n_p), Polimorfik Lokus Oranı (P_{poly}) ve Standart Sapmaları

Popülasyonlar	n_a	n_e	h	H_o	n_p	P_{poly}
Altınyaka	1,1659±0,37	1,1200±0,28	0,0679±0,16	0,0989±0,22	37	10.36 %
Gölcük	1,4251±0,49	1,2845±0,38	0,1617±0,20	0,2387±0,29	139	38,94%
Beldibi	1,4909±0,50	1,3404±0,41	0,1903±0,21	0,2790±0,30	161	45,10%
Beycik	1,4573±0,50	1,3182±0,40	0,1787±0,21	0,2621±0,30	150	42,02%
Termessos (Güllük)	1,5589±0,50	1,3676±0,38	0,2127±0,20	0,3148±0,29	185	51.82%
Üçoluk	1,3963±0,50	1,2876±0,40	0,1594±0,21	0,2323±0,30	130	36,41%
Kesmeboğazı	1,2805±0,45	1,2129±0,36	0,1180±0,19	0,1707±0,28	92	25,77%
Fesliken	1,3567±0,48	1,2392±0,36	0,1366±0,20	0,2016±0,28	117	32,77%
Hisarçandır	1,4055±0,49	1,2743±0,38	0,1547±0,20	0,2278±0,29	133	37,25%
Tahtalı	1,4720±0,50	1,3144±0,38	0,1809±0,20	0,2673±0,29	152	42,58%
Sivridağ	1,2744±0,45	1,1975±0,35	0,1110±0,19	0,1621±0,30	90	25,21%
Söğütçuması	1,2691±0,44	1,1948±0,34	0,1100±0,19	0,1603±0,27	88	24,65%
Tünektepe	1,2731±0,44	1,1960±0,35	0,1103±0,19	0,1611±0,27	59	16,53%
Hacısekiler	1,2465±0,43	1,1910±0,36	0,1045±0,19	0,1508±0,27	53	14,85%
Alakır	1,3661±0,48	1,2591±0,38	0,1452±0,20	0,2124±0,29	82	27,97%
Tüm Popülasyonlar	1,3748±0,12	1,2603±0,07	0,1472±0,04	0,2159±0,06	111,2	28,40%
Tüm Allel Frekansları Üzerinden Ortalama	1,9692±0,17	1,5699±0,32	0,3324±0,15	0,4970±0,20	346	96,92%

4.3.1.1. Ortalama allel sayısı

Popülasyonlardaki ortalama allel sayısı (n_a), Termessos (Güllük) örneklerinde en yüksek (1.56 ± 0.5) Altınyaka örneklerinde ise en düşük (1.17 ± 0.37) hesaplanmıştır. Popülasyonlar ortalaması 1.38 ± 0.12 olarak tahmin edilen ortalama allel sayısı, tüm allel frekansları üzerinden (tür bazında) 1.97 ± 0.17 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.9). Sonuçlar *D. hastata* popülasyonları arasında hesaplanan ortalama allel sayıları bakımından farklılıklar olduğunu göstermektedir.

Doğan vd (2016) *Uechritzia armena* bitkisinde popülasyonlarda gözlenen ortalama allel sayısının (n_a) 1,64 ile 1,69 arasında değiştiğini ve tür bazında n_a değerinin 2 olduğunu rapor etmişlerdir. Zhang vd (2009) *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünde n_a değerinin popülasyonlara göre 1.84-1.89 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

4.3.1.2. Ortalama etkili allel sayısı

Popülasyonlardaki ortalama etkili allel sayısı (n_e), Termessos (Güllük) örneklerinde en yüksek (1.37 ± 0.38) Altınyaka örneklerinde ise en düşük (1.12 ± 0.28) hesaplanmıştır. Popülasyonlar ortalaması 1.26 ± 0.07 olarak tahmin edilen ortalama etkili allel sayısı, tüm allel frekansları üzerinden (tür bazında) 1.57 ± 0.32 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.9). *Uechritzia armena* türünde popülasyonlar arasında etkili allel sayısının (n_e) 1,23 ile 1,26 arasında değiştiği, popülasyonlar ortalamasının 1,25 ve tür için n_e değerinin 1,46 olduğu bildirilmiştir (Doğan vd 2016). *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünde ise n_e değerinin popülasyonlar arasında oldukça sınırlı bir aralıkta (1.75-1.76) değiştiği tespit edilmiştir (Zhang vd 2009). Elde ettiğimiz bulgular doğrultusunda *D.hastata* türünde belirlenen ortalama etkili alel sayısının çok daha geniş varyasyon gösterdiği belirlenmiştir.

4.3.1.3. Nei'nin gen çeşitlilik indeksi (h)

Popülasyondaki beklenen gen çeşitlilik (farklılık) değeri (h) Termessos örneklerinde en yüksek (0.21 ± 0.20) Altınyaka örneklerinde ise en düşük (0.07 ± 0.16) hesaplanmıştır (Çizelge 4.9). Popülasyonlar ortalaması 0.15 ± 0.20 olarak tahmin edilen gen çeşitliliği değeri, tüm allel frekansları üzerinden hesaplandığında (tür bazında) 0.33 ± 0.15 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.7). Tüm allel frekansları üzerinden 0.33 ± 0.15 olarak hesaplanan gen çeşitlilik/farklılık (h) değerinden de yararlanılarak *D.hastata* popülasyonlarındaki genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğu söylenebilir.

Doğan vd (2016) *Uechritzia armena* bitkisinde yapmış oldukları çalışmada popülasyonlarda Nei'nin gen çeşitlilik indeksinin düşük bir varyasyon göstererek 0,166 ile 0,183 arasında değiştiğini, popülasyonlar ortalamasının 1,17 ve tür için belirlenen h değerin ise 0,19 olduğunu bildirmiştir. Zhang vd (2009) *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünde yürüttükleri araştırmada h değerinin 0,26-0,28 arasında olduğunu belirtmişlerdir. Joeng vd (2012) ise *Saussurea chabyoungsanica* türünde popülasyon seviyesinde h değerinin 0,17 tür seviyesinde ise 0,35 olduğunu rapor etmiştir. Wang vd (2013) *Castanopsis fargesii* türünde tür seviyesinde h değerinin 0,296 olduğunu bildirmişlerdir (Hui vd 2002).

4.3.1.4. Shannon indeksi (H_0)

Popülasyonların genel ortalaması olarak 0.22 ± 0.06 tahmin edilen Shannon genetik çeşitlilik indeksi, tüm allel frekansları üzerinden tür bazında 0.50 ± 0.20 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.9). Sonuçlar en yüksek ve en düşük çeşitliğe sahip olan popülasyonlarının sırasıyla, Termessos (Güllük) (0.31 ± 0.29) ve Altınyaka (0.099 ± 0.22) popülasyonları olduğuna işaret etmektedir. Tüm allel frekansları üzerinden hesaplanan ortalama Shannon indeksi göz önüne alındığında *D. hastata* popülasyonlarındaki genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğu anlaşılmaktadır.

Doğan vd (2016) *Uechritzia armena* bitkisi popülasyonlarında Shannon genetik çeşitlilik indeksinin 0,26 ile 0,299 arasında değiştiğini, popülasyonlar ortalamasının 0,28 ve tür için belirlenen değerin ise 0,33 ile düşük olduğunu belirtmiştir. Joeng vd (2012) *Saussurea chabyoungsanica* türünde popülasyon seviyesinde H_0 değerinin 0,21, tür seviyesinde ise 0,45 olduğunu belirtmiştir. Wang vd (2013) *Opisthopappus longilobus* türünde yapmış oldukları araştırmada H_0 değeri açısından popülasyon ortalamasının 0,395, tür seviyesinde ise bu oranın 0,52 olduğunu belirtmiştir. *Opisthopappus taihangensis* türünde ise H_0 değerinin popülasyon ortalamasının 0,310, tür seviyesinde ise 0,504 olduğunu belirtmiştir. Quhui (2002) *Castanopsis fargesii* türünde popülasyon ve tür seviyesinde H_0 değerlerinin 0,44 ve 0,46 olduğunu belirlemiştir. Zhang vd (2009) *Ottelia acuminata* (Gaghep.) Dandy türünde yürüttükleri araştırmada H_0 değerinin 0,40-0,44 arasında değiştiğini belirtmişlerdir.

Oldukça sınırlı bir alanda yayılış gösteren *D. hastata* türünde, genetik çeşitlilik açısından, gerek gen çeşitlilik indeksleri ve gerekse AMOVA analizleri ile doğrulanan böylesine geniş bir varyasyon beklenmemiştir. Hamrick vd (1979) genellikle dar yayılışa sahip türlerin, geniş yayılış alanına sahip türlere göre daha düşük genetik çeşitliliğe sahip olma eğiliminde olduğunu belirtmiştir. Dar yayılış alanına sahip türlerin, genel olarak, yaygın türlere göre genetik sürüklenme, kendileme ve düşük oranda gen akışının yarattığı etkilere daha fazla maruz kaldıkları belirtilmiştir. Bu hipotezi destekleyen çalışmalar olmasının yanında (örneğin Ledig ve Conkle 1983, Ayres ve Ryan 1999, Wolf vd 2000, Linhart ve Premoli 1993), dar yayılış alanına sahip olmasına karşın yüksek genetik varyasyona sahip endemik türlerin olduğunu belirten çalışmalar da mevcuttur (Örneğin Karron vd 1988, Gonzalez-Astorga ve Nunez-Farfan 2001, Wang ve Yan 2013, Jeong vd 2012, Doğan 2016).

4.3.1.5. Polimorfik lokus oranı

Popülasyonlardaki genetik varyasyonun tahmininde kullanılan kriterlerden birisi olan polimorfizm derecesi ya da polimorfik lokus oranı (P_{poly}), Termessos (Güllük) popülasyonunda en yüksek (% 51,8), Altınyaka popülasyonunda ise en düşük (% 10,4) hesaplanmıştır (Çizelge 4.9). Popülasyonların genel ortalaması % 28,4 olarak tahmin edilen polimorfik lokus oranı, tüm allel frekansları üzerinden % 96,9 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.9). Tür bazında yüksek polimorfizm derecesi (% 96,9) *D. hastata* genotiplerinde genetik varyasyonun yüksek olduğunun diğer bir ifadesidir. Diğer bazı endemik türlerde de benzer sonuçlar bildirilmiştir.

Örneğin Joeng vd (2012) *Saussurea chabyoungsanica* türünde tür seviyesinde polimorfizm oranının %95,16 ve popülasyonlar ortalamasının %45,6 olduğunu

belirtmiştir. Quihui vd. (2002) *Castanopsis fargesii* türünde tür seviyesinde polimorfizm oranının %40,78 olduğu belirlenmiştir. Zhang vd (2009) *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünde yürüttükleri araştırmada %79.44 oranda polimorfik bant elde etmişlerdir.

Polimorfik lokus sayısı ve oranı açısından Doğan vd (2016) *Uechritzia armena* bitkisinde yapmış oldukları çalışmada 127 bant elde etmiş olup, bu bantların 117'si polimorfik olarak belirlenmiştir. Popülasyonların polimorfizm oranlarının ortalaması 63,74 iken türün polimorfizm oranı %96,21 olarak belirtilmiştir.

4.3.2. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmaya ait bulgular

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

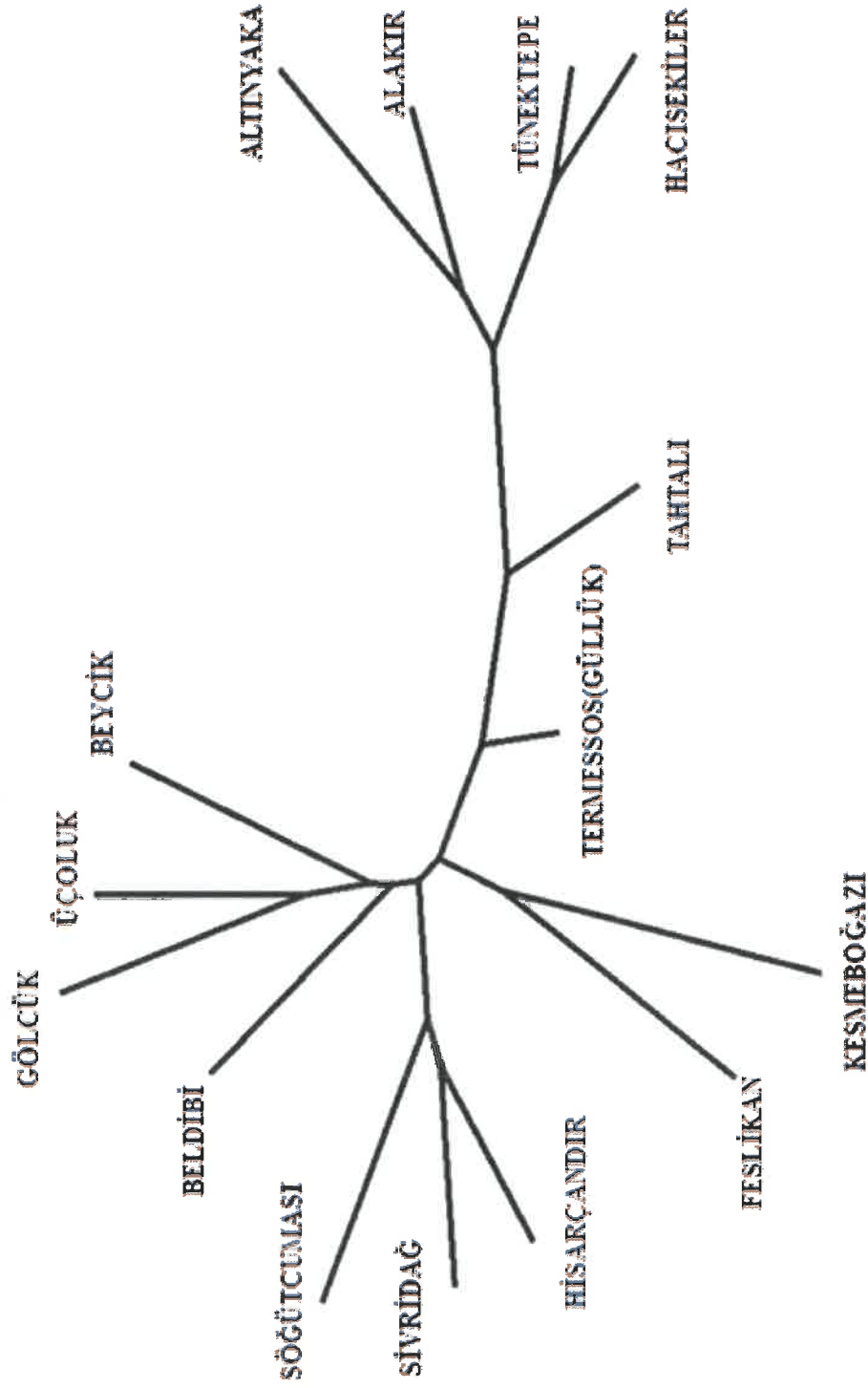
4.3.2.1. İkili genetik farklılaşma katsayısı (pairwise F_{ST}) (Reynolds'a göre)

Popülasyonlar arasında genetik farklılaşmayı belirlemek üzere hesaplanan F_{ST} katsayılarına ilişkin bulgular Çizelge 4.10 ve Şekil 4.14' de verilmiştir. Sonuçlar incelendiğinde Altınyaka ve Sivridağ popülasyonlarının genetik olarak birbirinden en farklı ($F_{ST} = 0.76$) popülasyonlar olduğu anlaşılmaktadır. Genetik olarak birbirine en yakın iki popülasyonun ise 0.15 F_{ST} değeri ile Tünektepe ve Hacısekiler popülasyonları olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.).

Çizelge 4.10. *D. hastata* popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma katsayı değerleri (Pairwise F_{ST})

	A*	GU	BL	BY	GO	UC	K	F	H	T	S	SO	TN	HC	AL
A	0,000														
GU	0.462	0,000													
BL	0.648	0.289	0,000												
BY	0.714	0.288	0.307	0,000											
GO	0.714	0.381	0.343	0.327	0,000										
UC	0.666	0.334	0.327	0.321	0.268	0,000									
K	0.700	0.305	0.389	0.422	0.432	0.437	0,000								
F	0.737	0.345	0.425	0.371	0.440	0.366	0.358	0,000							
H	0.672	0.356	0.401	0.401	0.464	0.393	0.489	0.327	0,000						
T	0.447	0.211	0.485	0.472	0.469	0.443	0.456	0.491	0.469	0,000					
S	0.755	0.301	0.392	0.411	0.429	0.395	0.564	0.475	0.234	0.479	0,000				
SO	0.732	0.341	0.372	0.455	0.465	0.410	0.540	0.492	0.334	0.500	0.291	0,000			
TN	0.345	0.459	0.660	0.659	0.678	0.652	0.661	0.698	0.678	0.379	0.722	0.718	0,000		
HC	0.462	0.452	0.656	0.668	0.679	0.659	0.683	0.724	0.679	0.363	0.728	0.715	0.150	0,000	
AL	0.268	0.451	0.635	0.639	0.655	0.623	0.640	0.675	0.649	0.361	0.683	0.665	0.234	0.335	0,000

*A=Altınyaka, GU=Güllük(Termessos), BL=Beldibi, BY=Beycik, GO=Gölcük, UC=Üçoluk, K=Kesmeboğazi, F=Feslikan, H=Hisarçandır, T=Tahtalı, S=Sivridağ, SO=Söğütçuması, TN=Tünektepe, HC=Hacısekiler ve AL=Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.



Şekil 4.14. *D. hastata* popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma katsayı değerleri (F_{ST}) ile elde edilen dendrogram

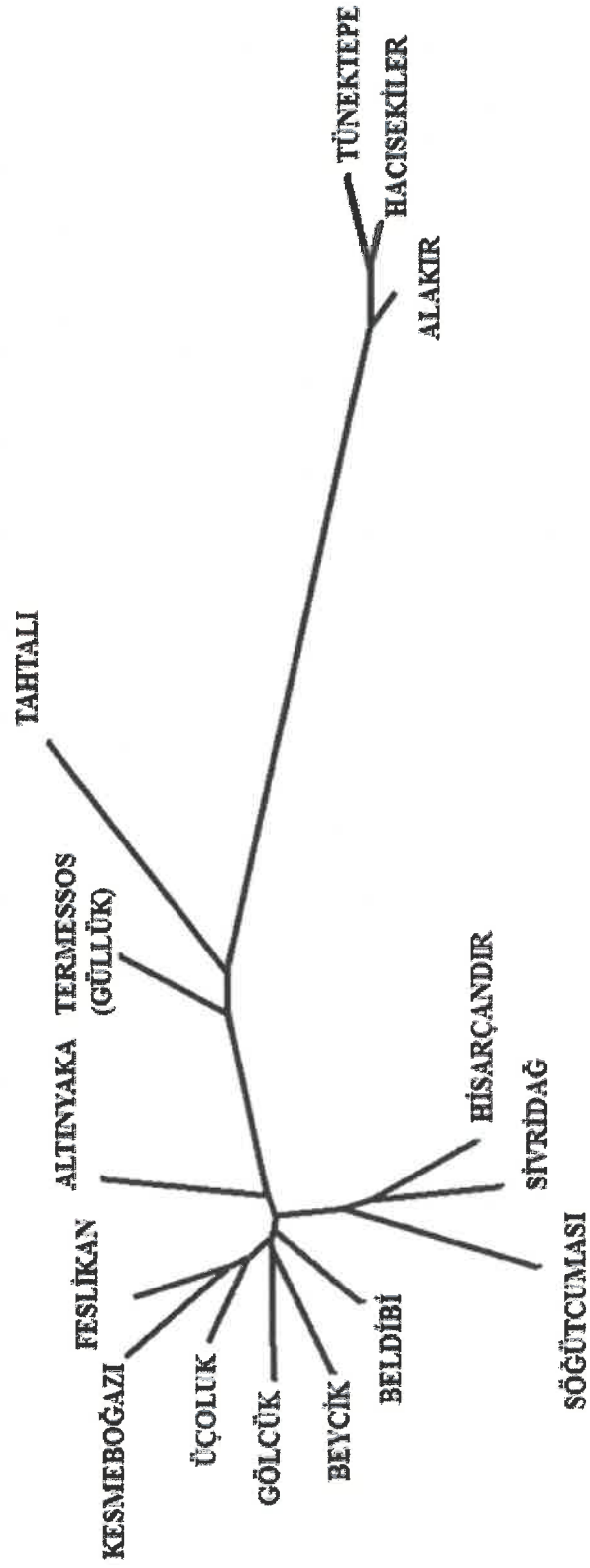
4.3.2.2. Genetik mesafe

Popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değerlerinin 0.07 (Tünektepe-Hacısekiler) ile 0.66 (Tünektepe-Beycik) arasında değiştiği bulunmuştur (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.15). Genetik mesafe değerleri bakımından popülasyonlar arasındaki farklılıkların çok yüksek olduğu söylenebilir. Tünektepe ve Hacısekiler örnekleri genetik yapı benzerliği bakımından birbirine en yakın olan popülasyonlardır. Sonuçlar ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) ile uyum içindedir. Tünektepe ile Beycik popülasyonlarının ise genetik mesafe açısından birbirine en uzak popülasyonlar olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.11. *D. hastata* popülasyonlarına ait Genetik Benzerlik (Nei's original measures of genetic identity) (Köşegen üstü) ve Genetik Mesafe Değerleri (genetic distance) (Köşegen altı)

A*	GU	EL	BY	GO	UC	K	F	H	T	S	SO	TN	HC	AL
A ***	0.6140	0.5774	0.5392	0.5459	0.5899	0.5783	0.5829	0.6084	0.5715	0.5994	0.5800	0.8863	0.8777	0.9180
GU 0.4878	***	0.8099	0.8226	0.7910	0.7732	0.7837	0.7854	0.7806	0.8228	0.7629	0.7357	0.6153	0.6283	0.6493
EL 0.5493	0.2108	***	0.8823	0.8860	0.8841	0.8691	0.8789	0.8466	0.7234	0.8648	0.8342	0.5477	0.5735	0.5701
BY 0.6177	0.1953	0.1252	***	0.8781	0.8767	0.8523	0.8729	0.8235	0.7302	0.8186	0.8069	0.5158	0.5376	0.5518
GO 0.6053	0.2345	0.1210	0.1300	***	0.8890	0.8542	0.8610	0.8215	0.7394	0.8299	0.8234	0.5321	0.5533	0.5655
UC 0.5277	0.2572	0.1232	0.1316	0.1177	***	0.8865	0.9040	0.8560	0.7079	0.8579	0.8365	0.5672	0.5784	0.6042
K 0.5477	0.2412	0.1403	0.1398	0.1576	0.1204	***	0.8951	0.8040	0.7257	0.7900	0.7817	0.5636	0.5639	0.5895
F 0.5398	0.2415	0.1291	0.1359	0.1497	0.1009	0.1108	***	0.8781	0.7043	0.8489	0.8317	0.5554	0.5630	0.5843
H 0.4969	0.2476	0.1666	0.1942	0.1967	0.1534	0.2182	0.1300	***	0.6964	0.8914	0.8358	0.5772	0.5886	0.6094
T 0.5596	0.1950	0.3238	0.3144	0.3019	0.3455	0.3207	0.3506	0.3619	***	0.6682	0.6696	0.6078	0.6040	0.6138
S 0.5119	0.2706	0.1453	0.2002	0.1865	0.1532	0.2357	0.1638	0.1149	0.4032	***	0.8649	0.5725	0.5851	0.6024
SO 0.5447	0.3070	0.1813	0.2145	0.1943	0.1785	0.2463	0.1843	0.1794	0.4011	0.1452	***	0.5364	0.5563	0.5787
TN 0.1207	0.4857	0.6020	0.6620	0.6310	0.5671	0.5733	0.5881	0.5495	0.4979	0.5578	0.6229	***	0.9351	0.9235
HC 0.1304	0.4647	0.5561	0.6206	0.5918	0.5474	0.5694	0.5745	0.5299	0.5042	0.5359	0.5864	0.0671	***	0.9174
AL 0.0856	0.4319	0.5619	0.5946	0.5700	0.5038	0.5284	0.5373	0.4952	0.4881	0.5068	0.5469	0.0796	0.0862	***

*A=Alınyaka, GU=Güllük(Termessos), EL=Beldibi, BY=Beycük, GO=Gölcük, UC=Üçoluk, K=Kesmeboğazi, F=Fezlikan, H=Hisarçandır, T=Tahtalı, S=Sivindağ, SO=Söğütçüması, TN=Tünektepe, HC=Hacısekiler ve AL=Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.



Şekil 4.15. *D. haztata* popülasyonları arasındaki genetik mesafe değerlerine (Nei's genetic distance) göre çizilen dendrogram

4.3.3. AMOVA (Moleküler Varyans Analizi) bulguları

AMOVA (analysis of molecular variance) moleküler markır verileri kullanılarak popülasyon farklılaşmasını tahmin etmekte kullanılır. SRAP, ve iPBS gibi dominant markır sistemlerinden elde edilen '0' ve '1' verileri AMOVA' analizine tabi tutulabilmektedir.

Çizelge 4.11' de görüldüğü gibi, varyasyon kaynakları açısından çalışılan tüm popülasyonlar birlikte değerlendirildiğinde, SRAP ve iPBS markırları kullanılarak hesaplanan AMOVA sonuçları toplam genetik varyasyonun %51'inin popülasyonlar arasında, %49'unun ise popülasyonlar içinde olduğunu ortaya çıkarmıştır. Doğan vd (2016) *Uechritzia armena* endemik türünde ise toplam genetik varyasyonun %5 ve %95'nin sırasıyla popülasyonlar arası ve içinde olduğunu bildirmiştir. Quihui vd (2002), *Castanopsis fargesii* türünün doğal popülasyonları arasındaki RAPD markırları kullanılarak genetik yapının belirlendiği araştırmada AMOVA analizi sonucunda popülasyon içinden kaynaklanan varyasyon toplam varyasyonun %94,97'si, popülasyonlar arası ise toplam varyasyonun %5,03'ü olduğu belirtilmiştir (Quihui vd 2002). Zhang vd (2009) sucul ortamda yaşamını sürdüren bir monokotiledon olan *Ottelia acumianata* (Gaghep.) Dandy türünün doğal popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği ISSR markırlarıyla belirledikleri araştırmada çalıştıkları 4 popülasyonda 120 genotiple ve 15 ISSR primeriyle çalışarak 214 bant elde etmiş olup elde ettikleri bantların %79,44'ü polimorfik olarak belirlenmiştir. AMOVA analizi sonucunda toplam varyasyonun %59,42'sinin popülasyonlar arası farklılıklardan, %40,58'inin ise popülasyon içi varyasyondan kaynaklandığını belirtmiştir. (Zhang vd 2009).

Çizelge 4.12. Tüm popülasyonlara ait AMOVA(Moleküler Varyans Analizi) tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler Toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Popülasyonlar arası	14	1250,58	10,62	51.02
Popülasyonlar içi	97	989.13	10.19	48.98
Toplam	111	2239.71	20.82	
Tür bazında $F_{ST}=0,51$				

Popülasyonları bulundukları rakım değerlerine göre 3 gruba ayırdığımızda (0-600 m rakım aralığındaki popülasyonlar= Beldibi, Kesmeboğazı, Hacisekiler, Tünektepe; 600-1200 m = Alakır, Altınyaka, Termessos (Güllük), Beycik, Gölcük, Üçoluk, Hisarçandır, Tahtalı; 1200-1800 m = Sivridağ, Söğütçuması, Feslikan) bu rakımsal gruptamanın tüm varyasyona anlamlı bir katkısı (%0,64) olmadığı anlaşılmıştır. Böyle bir durumda varyasyon kaynaklarının yine popülasyonlar içi ve popülasyonlar arası olduğu belirlenmiştir.

Popülasyonlar korunan alan içerisinde olup / olmama durumlarına göre 2 gruba ayırdıklarında [Korunan alan sınırı içinde kalanlar (Milli park içinde kalan popülasyonlar) = Termessos(Güllük), Tünektepe, Beldibi, Beycik, Kesmeboğazı

popülasyonları; Milli park sınırları dışında kalan popülasyonlar= Alakır, Altınyaka, Hisarçandır, Söğütçuması, Sivridağ, Feslikan, Gölcük, Üçoluk, Hacısekiler, Tahtalı] korunan alandan kaynaklanan bir farklılığın toplam varyasyona etkisinin (-1,62) anlamsız olduğu belirlenmiştir.

AMOVA analizleri neticesi elde edilen popülasyonlara ait F_{ST} indeksleri; popülasyonu temsil eden bireylerin genotipik verisi mevcut olduğunda hesaplanabilmektedir. Popülasyona özel bu katsayılar ortak atadan popülasyonların ne kadar ayrıştığını ifade eder. Çizelge 4.12’de verilen bu katsayılar türün ortalama F_{ST} değerine seleksiyon, darboğaz gibi bazı sebeplerden dolayı popülasyonların birbirinden farklı katkı sağlayıp sağlamadığının belirlenmesi açısından önemlidir. Bu kapsamda Termessos (Güllük) (0,463) ve Tahtalı (0,468) popülasyonlarının diğer popülasyonlara göre türün ortalama F_{ST} ’sine daha fazla katkı sağladığı görülmektedir.

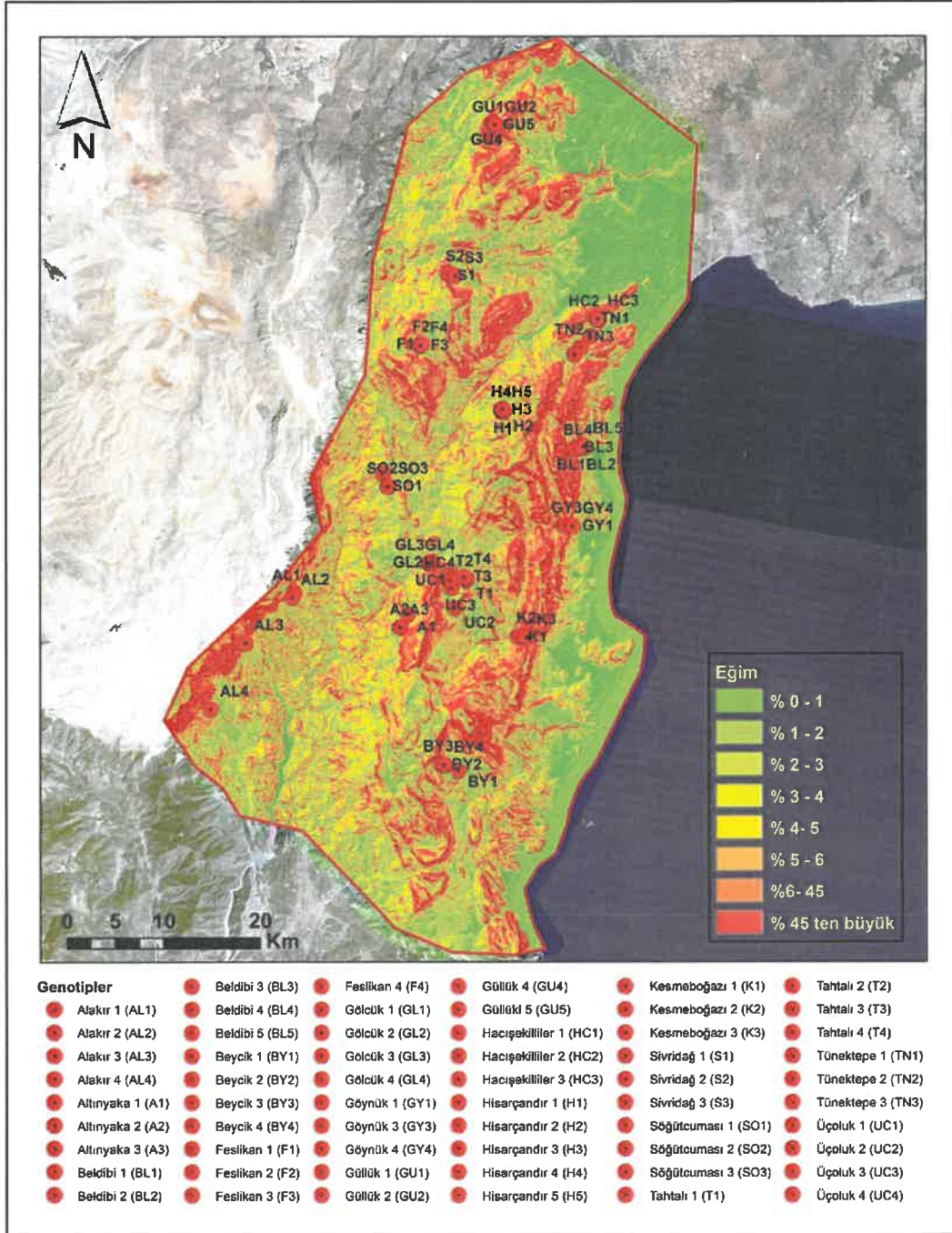
Çizelge 4.13. Popülasyonlara ait F_{ST} indeksleri

Popülasyon	Name	F_{ST}
1	Altınyaka	0,550
2	Termessos(Güllük)	0,463
3	Beldibi	0,503
4	Beycik	0,503
5	Gölcük	0,510
6	Üçoluk	0,507
7	Kesmeboğazı	0,521
8	Feslikan	0,523
9	Hisarçandır	0,505
10	Tahtalı	0,468
11	Sivridağ	0,531
12	Söğütçuması	0,526
13	Tünektepe	0,523
14	Hacısekiler	0,526
15	Alakır	0,520
Türe ait genel F_{ST} (Ort)		0,510

4.4. Peyzaj ve Habitat Unsurlarına Ait Bulgular

Örneklenen *D. hastata* genotiplerinin, çalışma alanı için oluşturulan sayısal yükseklik modeli üzerindeki bulundukları yerler Şekil 3. ’de görülmektedir. Çalışma alanı Kemer-Kumluca-Korkuteli-Konyaaltı ilçeleri sınırları içerisinde, Batı Toroslar dağ kuşağının bir kısmını barındırdığından, keskin rakım ve eğim farklılıkları ve bu jeomorfolojik varyasyondan kaynaklanan bakı farklılıklarının görüldüğü bir alandır. Bu kapsamda arazinin üç boyutlu anlaşılabilmesi için oluşturulan sayısal yükseklik modeli yanında alana ait, eğim ve bakı haritaları da oluşturulmuştur. Çalışma alanına ait oluşturulan eğim haritası Şekil 4.16’da verilmiştir. Alan içersinde %45’den fazla eğime sahip olan alanlar kırmızı ile belirlenmiş olup, yeşile doğru gidildikçe eğim

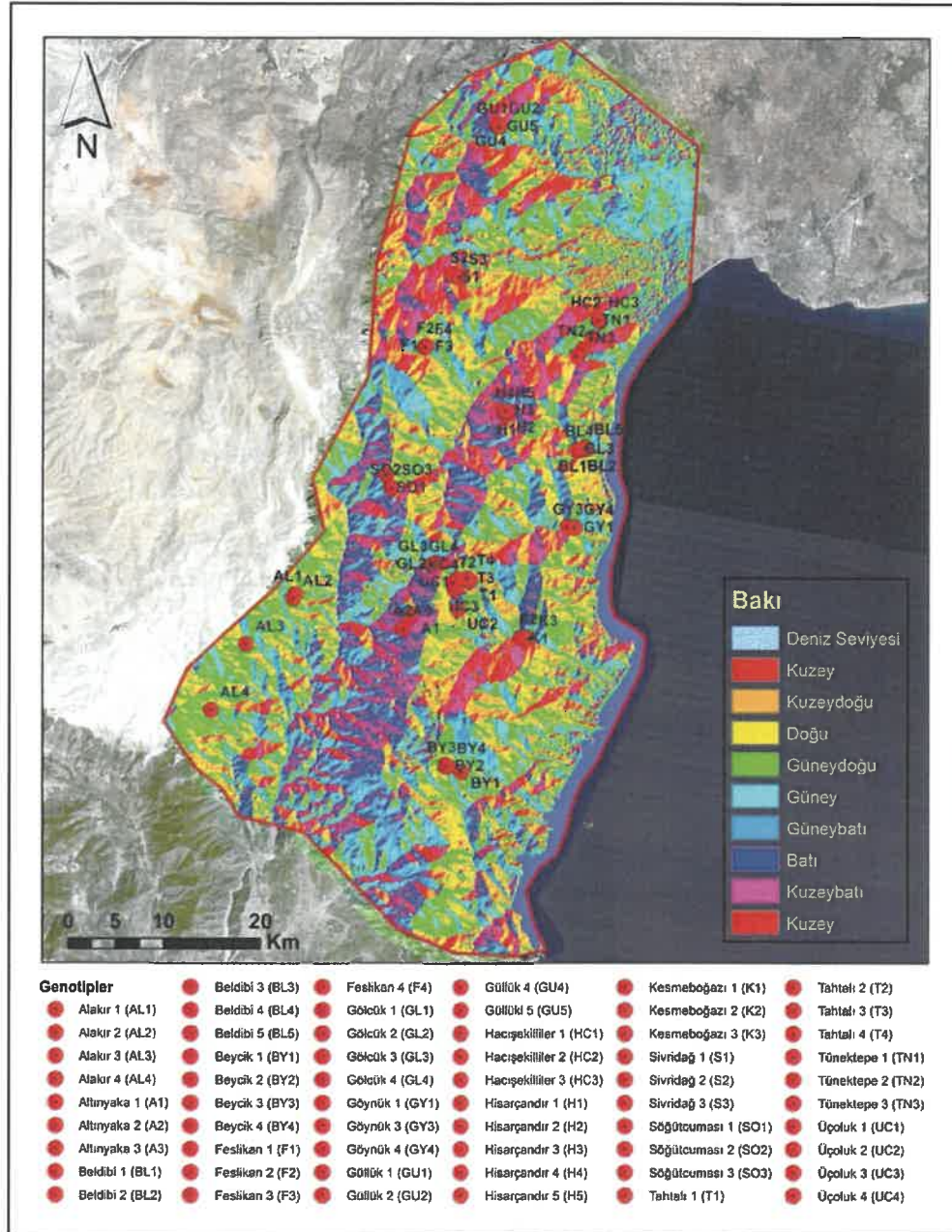
azalmaktadır. Şekil 4.16’da görüldüğü gibi genotiplerin büyük bir kısmının daha ziyade eğimli (%6-45) alanlarda yayılış gösterdiği anlaşılmaktadır. Termessos (Güllük) popülasyonu genotiplerinin ise çok daha eğimli alanlarda (% 45 ve daha fazla) lokalize oldukları tespit edilmiştir.



Şekil 4.16. Çalışma alanına ait eğim haritası

Çalışma alanı içinde geniş varyasyon gösteren coğrafik yapıdan kaynaklanan farklı bakıların anlaşılabilmesi için araziye ait bakı haritası oluşturulmuş ve üzerinde

genotiplerin konumları belirtilmiştir (Şekil 4.17). Arazi çalışması süresince genotiplerin bulundukları bakılara ilişkin alınan gözlemsel verilerin, oluşturulan harita üzerinde elde edilen bakı değerleri ile uyum içinde oldukları anlaşılmıştır. Şekil 4.17 görüldüğü üzere genotiplerin büyük bir kısmının güney-güneydoğu-güneybatı ve batı-kuzeybatı bakırlı lokasyonlarda yer aldıkları tespit edilmiştir.

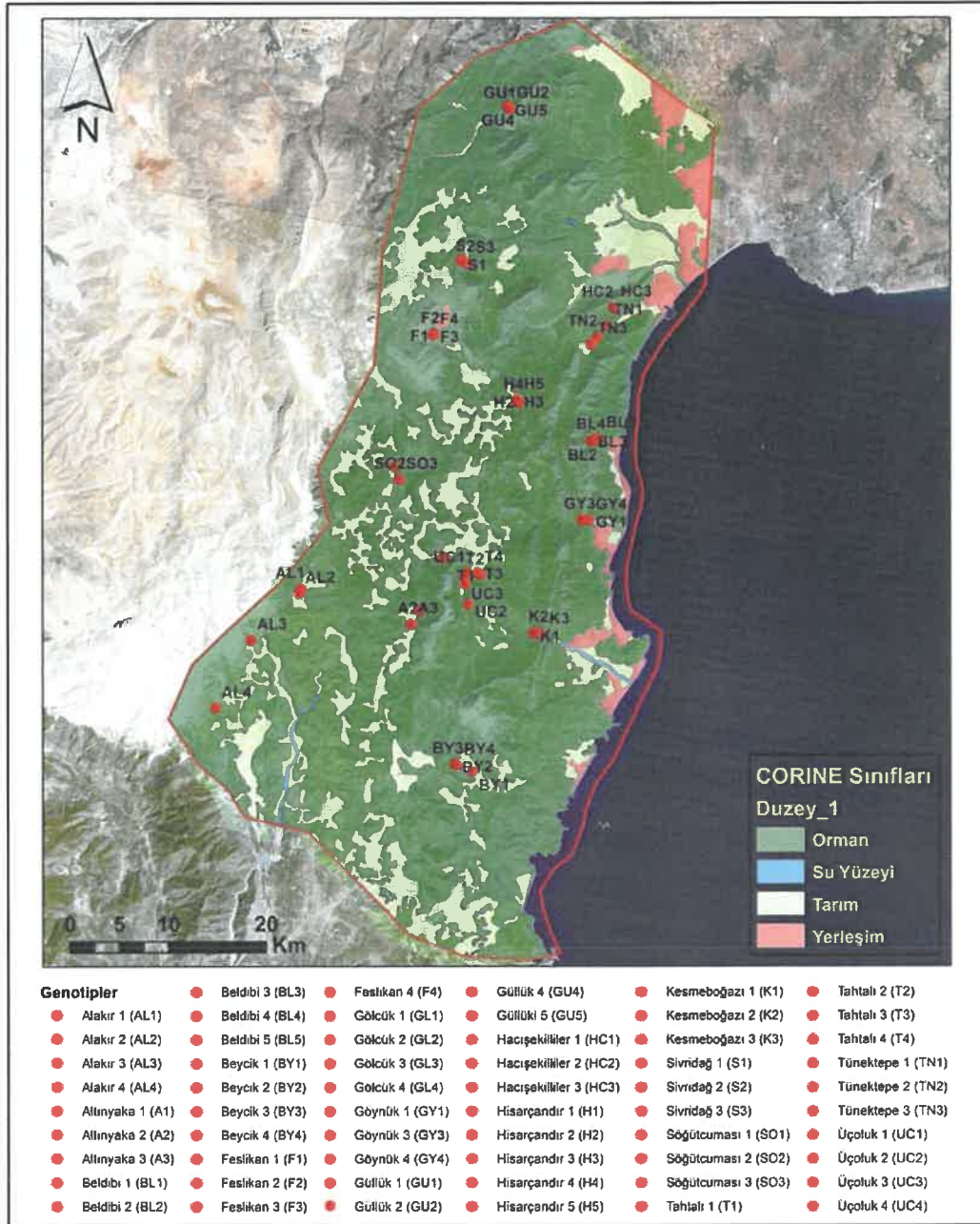


Şekil 4.17. Çalışma alanına ait bakı haritası

4.4.1. Peyzaj verisi bulguları

Çalışma alanı üzerinde alan kullanımlarının belirlenmesi için proje kapsamında temin edilen 2015 yılı Rapid Eye uydu görüntüsü üzerinde arazi sınıflandırılması

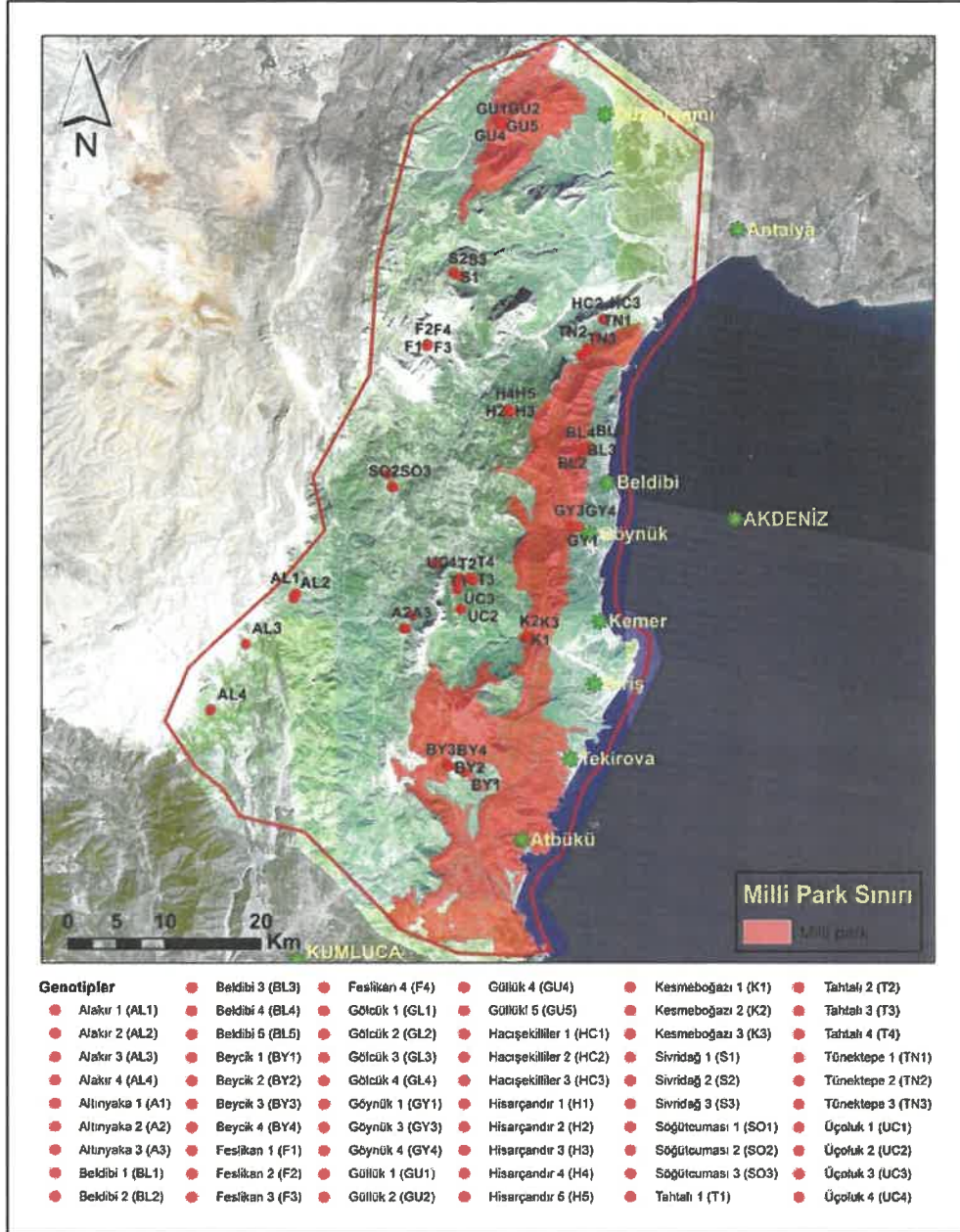
yapılmıştır. Alan üzerinde çalışılan popülasyonlar arasında gen akışını etkileyebileceği düşünülen arazi kullanımları, 2016 yılı Corine arazi sınıflamasına göre sayısallaştırılmıştır. Sınıflandırma sonucunda alan kullanımı/arazi örtüsü; (1) yerleşim, (2) su yüzeyleri, (3) orman alanları, (4) tarım arazileri şeklinde 4 gruba ayrılmıştır. Bu alan kullanımlarına/arazi örtüsüne ilişkin oluşturulan harita Şekil 4.18’de verilmiştir.



Şekil 4.18. Corine arazi sınıflamasına göre çalışma alanına ait alan kullanımları/arazi örtüsü haritası

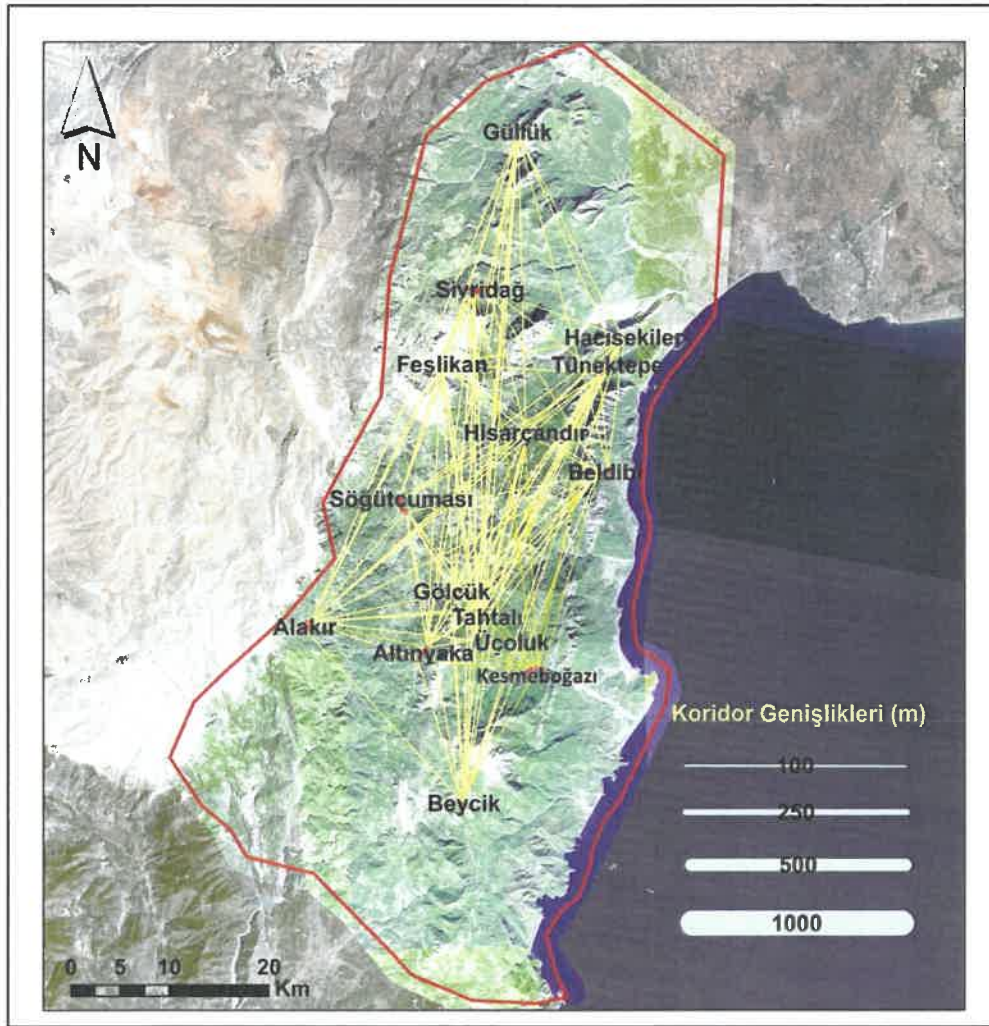
Çalışma alanı toplamda 1803,02 km² olup, arazi örtüsüne göre sınıflandırıldığında en büyük alanı 1423,67 km² ile ormanlar, 317,81 km² ile tarım

arazisi, 53,51 km² ile yerleşim ve 5,02 km² ile su yüzeyinin oluşturduğu tespit edilmiştir. Çalışma alanı sınırları içerisinde bulunan Olimpos-Beydağları Sahil Milli Parkı ile Güllük(Termessos) Milli Parkları, arazi kullanım tipleri içinde en büyük kısmı oluşturan orman örtüsünde önemli paya sahiptir. Çalışma alanı içerisinde yer alan bu korunan alanları belirten harita Şekil 4.19’da görülmektedir. Çalışma alanında yer alan korunan alanlar 387,36 km² olup, toplam alanın %21,46’sını oluşturmaktadır. Beycik, Kesmeboğazı, Göynük, Beldibi, Tünektepe ve Güllük (Termessos) popülasyonları korunan alan (Milli Park) içerisinde kalan popülasyonlardır.



Şekil 4.19. Çalışma alanında var olan korunan alanlar (Milli park)

Peyzaj unsurlarının (rakım, alan kullanımları, coğrafik mesafe) örneklenen popülasyonlar arası genetik çeşitliliğe (genetik benzerlik/ farklılık) etkisini ortaya koymak için öncelikle sayısallaştırılan alan kullanım haritası üzerinde, 15 popülasyonun her birinden diğer popülasyonlara sırasıyla 100, 250, 500 ve 1000 metrelik koridorlar çizilmiştir (Şekil 4.20). Ardından bu koridor genişliklerinin her birinde, incelenen popülasyon çifti arasında bulunan alan kullanımları/arazi örtüsü varlığı sayısal olarak (m^2) belirlenmiştir. Ayrıca iki popülasyon arasındaki kümülatif rakım farkı, öklit mesafesi de veri setine eklenmiştir. Çizelge 4.13’de Altınyaka popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında çizilen farklı koridor genişliklerinde tespit edilen alan kullanımları, genetik benzerlik/farklılık, rakım, öklit mesafesi değerleri verilmiştir. Benzer şekilde diğer 14 popülasyon için bu veri seti hazırlanmıştır. Diğer popülasyonlar arasında çizilen koridorlardaki alan kullanımlarına ait tablolar Ek-2’de sunulmuştur.



Şekil 4.20. Çalışma alanı içerisinde popülasyonlar arası çizilen koridorlar (100, 250, 500 ve 1000 metre genişlikte)

Çizelge 4.14. Altınyaka (A) popülasyonu ile diğer popülasyonlar arası 100-250-500-1000 metre koridor genişliklerinde öklit mesafesi, rakım, alan kullanımları/arazi örtüsü, ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) ve genetik benzerlik (%) durumları

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})	Genetik benzerlik (%)
A	2	4470,37	-7,8	905308	20142	0	0	0.71424	52,0305
	3	19275,18	1095,9	3273649	612750	0	0	0.64830	56,56
	4	11557,41	190	2184240	158616	0	0	0.71424	53,815
	5	41035,33	132,2	6755551	1482890	0	0	0.46230	58,65
	6	3652,37	46,7	761849	0	0	0	0.66565	54,905
	7	4021,16	999	729863	105747	0	0	0.70000	58,742
	8	22148,18	-732,5	3348140	1112873	0	0	0.73697	55,95
	9	18453,89	184,7	2853331	868824	0	0	0.67232	53,905
	10	5447,49	19,2	969708	151166	0	0	0.44731	60,7207
	11	28034,8	-95,5	4862804	775532	0	0	0.75481	53,994
	12	10449,37	-298,6	1773496	347754	0	0	0.73235	54,987
	13	25376,98	1047,4	4393015	713756	0	0	0.34483	79,143
	14	28926,79	889,7	5118115	698620	0	0	0.46207	78,1882
	15	8935,51	-31,5	1532166	286312	0	0	0.26824	81,02
250 Metre									
		Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Fst (gen.fark)	Genetik benzerlik (%)
A	2	4470,37	-7,8	2286495	144937	0	0	0.71424	52,0305
	3	19275,18	1095,9	8358958	1474877	0	0	0.64830	56,56
	4	11557,41	190	5590145	384805	0	0	0.71424	53,815
	5	41035,33	132,2	17129093	3584818	0	0	0.46230	58,65
	6	3652,37	46,7	1997083	25347	0	0	0.66565	54,905
	7	4021,16	999	1903404	303426	0	0	0.70000	58,742
	8	22148,18	-732,5	8610988	2659351	0	0	0.73697	55,95
	9	18453,89	184,7	7232392	2190802	0	0	0.67232	53,905
	10	5447,49	19,2	2487590	432403	0	0	0.44731	60,7207
	11	28034,8	-95,5	12155222	2058426	0	0	0.75481	53,994
	12	10449,37	-298,6	4394038	1026895	0	0	0.73235	54,987
	13	25376,98	1047,4	11079966	1804766	0	0	0.34483	79,143
	14	28926,79	889,7	12871995	1787650	0	0	0.46207	78,1882
	15	8935,51	-31,5	3848470	815534	0	0	0.26824	81,02
500 Metre									

Çizelge 4.14'ün Devamı

	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Fst (gen.fark)	Genetik benzerlik (%)
2	4470,37	-7,8	4680243	575322	0	0	0.71424	52,0305
3	19275,18	1095,9	17136752	2923615	0	0	0.64830	56,56
4	11557,41	190	11493816	848784	0	0	0.71424	53,815
5	41035,33	132,2	35109607	6710907	0	0	0.46230	58,65
6	3652,37	46,7	4292879	144678	0	0	0.66565	54,905
7	4021,16	999	4099933	706425	0	0	0.70000	58,742
8	22148,18	-732,5	18362507	4570871	0	0	0.73697	55,95
9	18453,89	184,7	14475811	4763277	0	0	0.67232	53,905
10	5447,49	19,2	5067346	1165339	0	0	0.44731	60,7207
11	28034,8	-95,5	24246677	4573314	0	0	0.75481	53,994
12	10449,37	-298,6	8587466	2647099	0	0	0.73235	54,987
13	25376,98	1047,4	22641726	3520443	0	0	0.34483	79,143
14	28926,79	889,7	26079071	3632916	0	0	0.46207	78,1882
15	8935,51	-31,5	7701463	2019242	0	0	0.26824	81,02
1000 Metre								
	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Fst (gen.fark)	Genetik benzerlik (%)
2	4470,37	-7,8	10274911	1807012	0	0	0.71424	52,0305
3	19275,18	1095,9	35325409	6366124	0	0	0.64830	56,56
4	11557,41	190	23569123	2686874	0	0	0.71424	53,815
5	41035,33	132,2	71271775	13940056	0	0	0.46230	58,65
6	3652,37	46,7	9737371	708542	0	0	0.66565	54,905
7	4021,16	999	9698741	1484768	0	0	0.70000	58,742
8	22148,18	-732,5	39561157	7677035	199357	0	0.73697	55,95
9	18453,89	184,7	29534795	10514175	0	0	0.67232	53,905
10	5447,49	19,2	11454529	2581636	0	0	0.44731	60,7207
11	28034,8	-95,5	47168847	11732201	309733	0	0.75481	53,994
12	10449,37	-298,6	17428114	6611808	0	0	0.73235	54,987
13	25376,98	1047,4	47144249	6750883	0	0	0.34483	79,143
14	28926,79	889,7	53751935	7242833	0	0	0.46207	78,1882
15	8935,51	-31,5	16267697	4744507	0	0	0.26824	81,02

A:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ,12:Söğütçuması, 13:Tünektepe, 14:Hacisekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

Ardından incelenen tüm popülasyon çiftleri arasında, her bir koridor genişliği için hesaplanan alan kullanımları/arazi örtüsü, rakım farkı ve öklit mesafesi ile popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma ve genetik mesafe verileri arasında ilişkilerin varlığı/derecesi analiz edilmiştir. Ancak yürütülen korelasyon ve regresyon

analizleri neticesi, popülasyonlar arasındaki alan kullanımları/arazi örtüsü ve mesafe farklılıklarının türün genetik yapısı ve farklılığında anlamlı bir etkiye sahip olmadığı sonucuna varılmıştır.

Keller vd (2002) ve Aavik vd (2014) keskin yükseklik farklılıklarının polen akışını olumsuz yönde etkilediği bildirmiş olmasına karşın çalışılan *D.hastata* popülasyonlarında böyle bir etkinin varlığından net bir şekilde bahsedilememektedir.

Tsuda vd (2010) Japonya’da dağlık bir bölgede yayılış gösteren *Betula maximowicziana* türüne ait 16 popülasyon ile yürütmüş oldukları çalışmada, dağ silsilelerinin genetik bariyer etkisi yarattığını belirlemiştir. Çalışılan bu tür özelinde coğrafik yapının genetik çeşitliliği etkilediğinin ortaya konulduğu araştırmada, dağ silsilelerinin polenlerin rüzgarla taşınmasını engelleyerek genetik bariyer etkisi yaratabileceği olasılığı vurgulanmıştır. Vernesi vd (2012) İtalyada bir meşe türü olan *Quercus ilex* popülasyonlarında yürütmüş oldukları araştırmada, genetik çeşitliliğin seviyesi, popülasyonlar arası genetik çeşitlilik, çevresel ve iklimsel faktörlerin genetik çeşitlilik üzerine olan etkisini araştırmışlardır. Çalışma sonucunda bu türe özgü olarak toprak derinliği, eğim, rakım ve nem gibi ekolojik faktörlerin genetik çeşitliliğin şekillenmesinde önemli derecede rol oynadığını belirlemişlerdir. Guajardo vd (2010) bir akasya türü olan *Acacia mellifera*’nın peyzaj genetiği açısından değerlendirdikleri çalışmalarında, 5 bölgede toplam 28 lokasyondan 791 adet *Acacia mellifera* bireyinin genetik yapıları üzerine ekolojik ve coğrafik özelliklerin etkilerini araştırmışlardır. Popülasyonlar arası mesafelerin ve yüksekliklerin genetik çeşitliliği etkilediğini bildirmişlerdir.

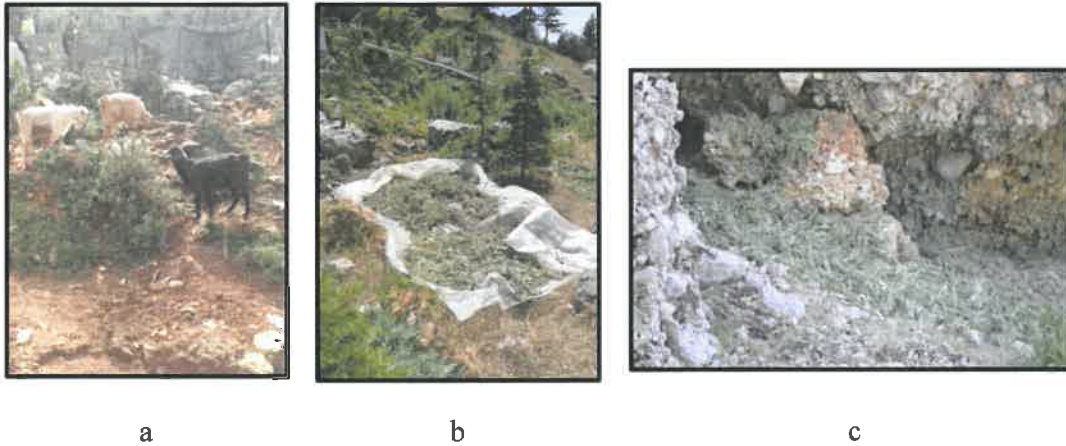
Aavik vd (2014) otsu bir bitki olan *Lychnis flos-cuculi* türünde, coğrafik mesafe ve bazı peyzaj unsurlarının (orman, tarım arazisi, yerleşim ve akarsu kıyısı gibi) popülasyonlar arasındaki gen akışını etkileme durumunu sorguladığı çalışmalarında orman varlığının popülasyonlar arasında gen akışını olumsuz etkilediği sonucuna varmıştır.

Lindsay vd (2008), habitat parçalanması ve kaybından dolayı tehlike altındaki bir kuş türü olan *Dendroica chrysoparia*’nın popülasyon içi ve popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve peyzaj özellikleri ile genetik yapının ilişkilendirilmesi hedeflediğini hedeflenmiştir. Çalışma sonucunda popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın habitat bağlantılılığı ve orman varlığı ile negatif bir ilişkiye sahip olduğu, coğrafik mesafe ve tarım arazilerinin varlığı ile ise pozitif yönde bir ilişkiye sahip olduğu tespit edilmiştir (Lindsay vd 2008).

Keller vd (2012) İsviçre’de bir tarımsal peyzaj yapısı içerisinde tehlike altında olan bir Yusufçuk (*Coenagrion mercuriale*) türünde popülasyonlar arası fonksiyonel bağlantılılığın, koridor analizi ile genetik çeşitliliği etkileyen peyzaj unsurlarının belirlenmesini konu alan araştırmasında çalışma alanını ikiye bölen bir tepenin gen akışını engellediği ve popülasyonların farklılaşmasına neden olduğunu belirtmiştir. Ayrıca peyzaj koridor analizinde, yükseklik farkı, öklit mesafesi, orman varlığı ve akarsuların da gen akışını olumsuz yönde etkilediği belirlenmiş olup, açık tarım arazilerinin ise gen akışını olumlu yönde etkilediği belirlenmiştir. Bu sonuçlar çalışılan *D.hastata* türüne ait popülasyonlar arasındaki alan kullanımları, öklit mesafeleri, yükseklik farkları açısından elde edilen bulgularla benzerlik göstermemektedir. Halihazırdaki alan kullanımının yaklaşık 50 yıllık bir geçmişe sahip olduğu

düşünülürse, henüz genetik bir etkiye sebep olacak bir sürenin geçmediği söylenebilir. Ayrıca Balkenhol vd (2009)'un önerdiği gibi ölçülen öklit mesafesi yerine en az maliyetli en kısa mesafe (least cost path) GIS ile ölçülmek suretiyle analizler tekrarlanabilir.

Arazi çalışmaları sırasında gözlemlerimiz neticesinde türün farklı kullanımların baskısı altında olduğu anlaşılmıştır. Çalışma alanı daha ziyade kırsal yerleşimler içermekle birlikte kıyı kesimlerinde yer alan bölümleri (Kemer ve civarı) yoğun turizm baskısı altındadır. Yine arazi çalışmaları süresince, çalışma alanı içerisinde Beycik lokasyonu gibi bazı bölgelerin korunan alan statüsünden çıkarılarak yerleşime açıldığı gözlemlenmiştir. Beycik köyü örneğinde olduğu gibi hızlı yapılaşmanın olduğu bazı lokasyonlarda türün bireyleri hızla yok olmaktadır. Örneğin Beycik köyü lokasyonunda çalışmanın ilk yılında belirlenen ve DNA izolasyonu yapılan genotiplere ikinci yıl morfolojik gözlem için gidildiğinde yayılım alanlarında konutların yapıldığı tespit edilmiştir. Türün üzerindeki bir diğer baskı unsuru ise kontrolsüz şekilde doğadan toplanmasıdır. Farmakolojik ve tıbbi değeri nedeniyle yoğun ilgi gören ve bu sebeble doğadan bilinçsizce toplanan türde bu durum hayatta kalma oranını azaltmaktadır. Otlatma da tür üzerinde gözlemlenmiş diğer kullanım baskıları arasındadır. Tür üzerindeki otlatma ve toplama baskısını yansıtan görseller Şekil 4.21'de belirtilmiştir.



Şekil 4.21. a) Hisarçandır lokasyonunda gözlemlenen bitkilerdeki otlatma baskısı (A), b ve c) Gölcük ve Alakır lokasyonlarında türe ait genotiplerin bilinçsiz ve yoğun toplanması/kesimi

4.4.2. Ağ analizi bulguları

D.hastata türüne ait incelenen 15 popülasyon, Graph Teori temelli metriklerle çalışan CONEFOR programı kullanılarak habitat bağlantısallığını ölçen IIC (bağlantılılık indeksinin integrali) ve PC (bağlantılılık olasılığı) metrikleriyle bağlantısalılık durumları açısından değerlendirilmiştir. Bu kapsamda her popülasyona ait elde edilen PC ve IIC değerleri Çizelge 4.15'de verilmiştir. Çizelge 4.15 incelendiğinde, en yüksek PC (32,24) ve IIC (32,17) değerlerinin Alakır popülasyonuna ait olduğu görülmektedir. Alakır ve Kesmeboğazı popülasyonlarının tüm peyzaj yapısı içerisinde sırasıyla en yüksek ve düşük bağlantılılık potansiyeline sahip olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.15. *D. hastata* popülasyonlara ait IIC ve PC değerleri

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

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

Popülasyonlara ait belirtilen bağlantılılık değerleri popülasyon genetiği veri setinden elde edilen ortalama allel sayısı (n_a), etkili allel sayısı (n_e), Nei' nin gen çeşitlilik indeksi (h), Shannon'un genetik çeşitlilik indeksi (H_o) ve genetik farklılık (Popülasyona özgü F_{ST}) değerleriyle Pearson korelasyon analizine tabi tutulmuştur. Belirtilen veri setleri arasındaki ilişkinin derecesini ve önem seviyesini ortaya koyan korelasyon analizi sonucu Çizelge 4.16'da verilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre popülasyonların bağlantılılık değerleri arttıkça ortalama allel sayısı ($r=-0,44$), efektif alel sayısı ($r=-0,44$), Nei' nin gen çeşitliliği indeksi ($r=-0,44$), Shannon indekslerinin ($r=-0,44$) azaldığı, F_{ST} değerinin ise arttığı ($r=0,46$) başka bir deyişle genetik farklılaşmanın azaldığı belirlenmiştir.

Çizelge 4.16. Popülasyonların bağlantılılık durumu ile genetik çeşitlilik/mesafe indeksleri arasındaki ilişkiler

	IIC*	PC	N_a	N_e	h	H_o
PC	0,99 <.0001**					
N_a	-0,44 <.0001	-0,48 <.0001				
N_e	-0,44 <.0001	-0,48 <.0001	0,99 <.0001			
H	-0,44 <.0001	-0,47 <.0001	1,00 <.0001	1,00 <.0001		

Çizelge 4.16'nın Devamı

	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	
I	-0,44	-0,47	1,00	1,00	1,00
	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
F _{ST}	0,46	0,49	-0,90	-0,88	-0,90
	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001

*dIIC: bağlantılılık indeksinin integralini; PC: bağlantılılık olasılığını; Na: ortalama allel sayısını; Ne: etkili allel sayısını; h:Nei' nin gen çeşitliliği indeksini; Ho: Shannon'un genetik çeşitlilik indeksini ve F_{ST}: popülasyonlara ait genetik farklılığı ifade etmektedir.

** İlgili parametre çifti arasındaki korelasyona ait P değerini ifade etmektedir.

Aparicio vd (2012) Akdeniz doğal bitki örtüsünde 4 odunsu bitki (*Cistus salviifolius*, *Myrtus communis*, *Pistacia lentiscus* ve *Quercus coccifera*) türünü konu alan peyzaj genetiği çalışmasında yamalar arası bağlantılılığın en yüksek olduğu *Quercus* popülasyonlarının ölçülen indekslerce belirlenmiş olan genetik çeşitliliğinin yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç *D.hastata* türünün çalışılan popülasyonları arasındaki ilişki ile benzerlik göstermektedir.

Aavik vd *Lychnis flos-cuculi* türünün bölünmüş popülasyonlarında ait genotipleri mikrisatelit markırlardan elde ettiği allelik zenginlik, beklenen ve gözlenen heterozigotluk ve kendileme katsayılarını, yamaların bağlantılılığını değerlendirdiği IIC ve PC değerleri ile ilişkilendirmiştir. Yapısal bağlantılılığın yüksek olduğu yamalarla gözlenen heterozigotluk ve düşük kendileme katsayısı arasında anlamlı ilişki olduğu gözlemlenmiş olup bu sonuçlar *D.hastata* türünde çalışılan popülasyonlarda elde edilen sonuçlarla paralellik göstermektedir.

D. hastata türünün moleküler ve popülasyon genetiği verilerinin bütüncül bir yaklaşımla değerlendirilmesi için popülasyonlarının yayılış gösterdiği habitatlar ve onların jeomorfolojik yapısı ve günümüze yansımalarını dikkate almak gereği ortaya çıkmıştır. Türün yayılış alanı içerisinde, genişliğiyle en dikkat çekici korunum bölgesi Beydağları Sahil (Olimpos) Milli Parkı'dır. Araştırmaya konu relikt endemik *D. hastata* popülasyonlarının yuvası konumundaki bu bölge, buzul devirlerinin dondurucu soğuklarından korunmuş, denize inen ve kuzeye kapalı derin vadi ve kanyonlara sahip Antalya ilindeki önemli endemizm merkezlerindendir. Parkın florasındaki zenginliğin ilk basamağı, deniz seviyesindeki kayalık-ormanlık alanlar ve iç kesimlerdeki daha yüksek alanlara geçişte oluşan dar, kayalık, sucul, maki ve orman vejetasyonlarının birbirlerine olan geçişlerinin sık yaşandığı kanyon ve boğaz bölgeleridir. Bunun en iyi örnekleri milli park içerisinde kuzeyden güneye doğru Beldibi Kanyonu, Göynük Kanyonu, Kesme Vadisi ve Yarıkpınar Kanyonu'dur. Alan içerisindeki korunumlu bölgelerde, habitat zenginliğinin de etkisiyle aralarında *Dorys-toechas hastata*'nın da bulunduğu çok sayıda relikt endemik bitki türümüz yayılış göstermektedir. Alanda mevcut relikt karakterlerin burada varlıklarını geçmişten günümüze koruyabilen Üçüncü Zaman Tetis florasının bazı elemanları oldukları düşünülmektedir (Peşmen 1980).

Bu yönüyle bakıldığında çalışma kapsamında bireyleri değerlendirilen lokasyonlar arasında dar geçit ve kanyon bölgeleri, türün lokal endemik olduğu sahadaki yayılış kökeni yönünden öncül olarak değerlendirilmektedir. Bu bağlamda birbiriyle ilişkili lokasyon gruplamalarının topografik olarak kuzeyden güneye Hisarçandır vadisi, Beldibi Kanyonu, Kesme Vadisi, Yarıkpınar Kanyonu üst kesimi ve Alakır Vadisi ana yayılış bölgelerinden oluştuğu görülmektedir. Araştırma alanında birey alınan lokasyonlar bakımından en kuzey vadi bölgesi olarak değerlendirilen Tünektepe Vadisi deniz seviyesinden başlayan yükselişiyle Söğütçuması (≈ 1400 m) Mevkii'ne kadar yükselmektedir. Söğütçuması yakın kesimi, vadiyi doğu kesiminde bloklayarak Alakır Vadisi'nden ayırmaktadır. Çalışma kapsamında yapılan genotip düzeyinde moleküler verilere ait kümeleme ve temel bileşenler analiz sonuçlarına göre çalışma alanının nispeten kuzey kesiminde yer alan Tünektepe, Hacisekiler ve batı kesiminde yer alan Altınyaka popülasyonları, tüm lokasyonlar içerisinde en yüksek polimorfik lokus sayısına sahip lokasyonları içerisinde yer alan Termessos (51.8%) ve Tahtalı (42.6%) lokasyonları ile birlikte ayrı gruplanmıştır (Şekil 4.11). Alanın batı sınırı olarak yorumlanabilecek Alakır Vadisi tabanda yaklaşık 100-200 m yükseklik bandında kuzey güney doğrultuda uzanmaktadır. Vadinin batı yamacında Dibek Tabiatı Koruma Alanı güzergahında bulunan ve yaklaşık 1100 m'de değerlendirilen Alakır lokasyonu; türün ana yayılış bölgesine daha yakın olan ve vadinin doğu yamacında yine yaklaşık 1100 m'de değerlendirilen Altınkaya lokasyonu ile genotipik olarak diğer lokasyonlara nazaran daha yakındır. Zira iki lokasyondaki bireylerin genetik benzerlik katsayısı 0.92 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.8). Alakır, Altınyaka ikilisiyle moleküler veriler kümeleme analizinde yakın diğer grup Tünektepe ve Hacisekiler olarak görülmektedir. Popülasyonların birbirlerine olan genetik benzerlik skalasında tüm lokasyonlar içerisinde birbirine en yakın genetik benzerlik (0.94) Hacisekiler ve Tünektepe lokasyonları arasında görülmektedir (Çizelge 4.8). Tünektepe Vadisi yakın çevresindeki bu iki lokasyonun Genetik Benzerlik ve Mesafe değerlerine (Çizelge 4.8 ve Çizelge 4.10.) ve ilgili dendrograma göre (Şekil 4.14 ve Şekil 4.15) Alakır lokasyonuna daha yakın olmaları, Söğütçuması Mevkii bloğunun türün bu iki bölge arasında coğrafik bir izolasyon mekanizması oluşturmadığı olarak yorumlanmaktadır.

Benzer şekilde Alakır, Altınyaka, Hisarçandır ve Tünektepe dörtlüsüne genotipik kümeleme düzeyinde diğerlerine nazaran daha yakın olan Tahtalı ve Termessos lokasyonlarıyla birlikte toplam 6 lokasyonun diğer tüm lokasyonlardan ayrılarak ana bir grup oluşturdukları görülmektedir (Şekil 4.14 ve Şekil 4.15). Tahtalı ve Termessos (Güllük) lokasyonları arasındaki genetik benzerlik katsayısı 0.82'dir (Çizelge 4.8). Zira genetik mesafe dendrogramında da Tünektepe, Hacisekiler, Alakır lokasyonlarıyla diğer tüm lokasyonlar arasında adeta köprü oluşturmaktadır (Şekil 4.15). Bunun yanında Polimorfik Lokus Oranı hususunda 51.8% ile en yüksek değer Termessos (Güllük) lokasyonu olarak bulunmuş, bu lokasyonu sırasıyla Beldibi (45.1%) ve Tahtalı (42.5%) lokasyonları takip etmiştir (Çizelge 4.7). Termessos ve Tahtalı lokasyonlarının gerek aralarındaki ciddi coğrafik izolasyon bölgeleri ve diğer lokasyonların bulunması; gerekse kendi aralarındaki genetik benzerliğin üst seviyelerde olması, türün geçmiş yayılışı ve öncül bölgeleri konusunda fikir vermektedir. Zira Termessos araştırma alanının en kuzey bölgesi, Tahtalı lokasyonu ise araştırma alanının en yüksek noktası olan Tahtalı Dağı ve yakın çevresinde bulunmasıyla, türün geçmiş dönemlerdeki olumsuz koşullar nedeniyle dar kanyon bölgelerine geçişte daha reliket lokasyonlar olarak görülmektedir. Bu geçişin izlerine gösterge nitelikli olarak çalışma

kapsamındaki Termessos (2) ve (4) nolu genotiplerin, en yüksek ikinci Polimorfik Lokus Oranına sahip ve alanın hemen hemen merkezindeki en korunaklı yer olan Beldibi lokasyonu; Tahtalı (3) ve (4) nolu genotipler ise tüm lokasyonların ilk grup ayrımı sonrası alanın en güneyindeki Beycik (1) genotipiyle kümelenmiştir (Şekil 4.11). Genotipik düzeydeki kümelemede ilk grubun oluştuğu Altinyaka, Alakır, Tünektepe, Hacisekiler, Termessos ve Tahtalı ayrımı sonrası bu grulu ilgilendiren lokasyonlardaki genotiplerin diğer lokasyonları etkilemelerinin göstergesi olarak yorumlanmaktadır.

İkinci ana gruplama en dikkat çeken lokasyon ve genotipik yakınlık Hisarçandır, Sivridağ ve Söğütçuması lokasyonları arasında görülmektedir. Topografik olarak kuzeydoğu-güneybatı güzergahındaki vadinin sırasıyla kuzey, güneydoğu ve güneybatı bölgelerinden alınan lokasyonlardaki genotipik benzerlik ve popülasyonlar arası benzerlik katsayıları yüksekliği beklenen bir durumdur. Benzer şekilde Tahtalı Dağı yakın çevresine konumlu Beycik, Gölcük ve Üçoluk lokasyonları genotipik kümelemede benzer gruplar oluşturmaktadır (Şekil 4.11). Bu noktada ilginç verilerden biri de Üçoluk lokasyonundaki bazı genotiplerin Kesmeboğazı ve Feslikan lokasyonlarının tamamıyla kümelenmesidir. Bu durum Tahtalı ve Termessos lokasyonlardaki geçişin bir benzerinin, Kesmeboğazı ve Feslikan lokasyonları arasında olduğunu düşündürmektedir. İki lokasyon arasındaki iki lokasyon olan Üçoluk (4) ve Söğütçuması (3) genotiplerinin bu ikisiyle ortak kümelenmesi bu görüşü destekler niteliktedir (Şekil 4.11).

4.5. *D.hastata* Türünün Çoğaltım Olanaklarının Belirlenmesine Ait Bulgular

4.5.1. *D.hastata* türünün çimlenme özelliklerine ait bulgular

Gerçekleştirilen ilk çimlenme denemesinde tohumlarda çimlenme gözlemlenmediği için tohumların soğuklama ihtiyacı olabileceği düşünüldüğünden ikinci ve üçüncü defa kurulan çimlenme denemeleri ile nemli soğuk katlamanın etkisi çalışılmıştır. Tez kapsamında ikinci ve üçüncü denemeye ait verilerin bulguları paylaşılmıştır.

4.5.1.1. İkinci çimlenme denemesine ait bulgular

Farklı lokasyonlardan toplanan *D. hastata* tohumlarının çimlenme oranlarına ilişkin veriler ve istatistik analiz sonuçları Çizelge 4.17’de sunulmuştur. İstatistiksel değerlendirmeler sonunda veriler incelendiğinde tohumların çimlenme oranlarında, soğuk katlama, lokasyon ve soğuk katlama ile lokasyonların karşılıklı etkileşimlerinin % 0.01 düzeyinde önemli olduğu bulunmuştur. Kontrol uygulamasında hiçbir lokasyonda çimlenme elde edilememiştir. Lokasyon ve soğuk katlama uygulamaları arasındaki etkileşim sonuçları incelendiğinde Tünektepe lokasyonuna ait tohumlarda 1 ay soğuk katlama ön muamelesi kontrol grubu tohumlara göre çimlenmeyi arttırdığı (%66.66) belirlenmiştir. Beldibi lokasyonlarına ait tohumlarda soğuk katlama kontrole göre çimlenmeyi % 26,66 oranında arttırmıştır. Kesmeboğazı lokasyonuna ait tohumlarda soğuk katlama kontrol grubu tohumlara göre çimlenmeyi %13.33 oranında arttırmıştır. Alakır lokasyonunda ise uygulanan soğuk katlama ön muamelesinin kontrol tohumlarına göre çimlenmeyi %20 oranında arttırdığı belirlenmiştir. Buna benzer bir durum Hacisekiler lokasyonunda da belirlenmiş olup soğuk katlamanın kontrole göre çimlenmeyi %33,33 oranında arttırdığı ortaya konmuştur. Diğer lokasyonlarda ise

uygulamalar arasında çimlenme açısından önemli bir fark bulunmamıştır. Yapılan korelasyon analizi sonucunda lokasyonların lokalize oldukları rakım ile çimlenme oranı arasında negatif yönlü bir ilişki olduğu ($r=-0,41(<.0001)$) belirlenmiş olup rakım arttıkça çimlenmenin azaldığı sonucuna varılabilmektedir. Tohumları çimlenen lokasyonların Alakır popülasyonu hariç 500 metre rakımın altında deniz seviyesine yakın lokasyonlar olması daha uzun bir soğuklama ihtiyacının olabileceği ihtimalini düşündürmektedir.

Çizelge 4.17. Farklı lokasyonlardan toplanan *D.hastata* türü tohumların 1 ay soğuklama ve kontrol muamelelerinin çimlenme oranları, ortalama ve standart sapma değerleri (2. Çimlenme denemesi)

GENOTİPLER	Toplandığı rakım(m)	Kontrol (% Çimlenme)	1 Ay Soğuk Katlama (% Çimlenme)
Hisarcandır-1	+964	0	0
Termessos-4	+974	0	0
Tunektepe-2	+96	0	66,66
Belibi-1	+16	0	26,66
Kesmeboğazı-3	+235	0	13,33
Altinyaka-1	+1137	0	0
Göynük-1	+62	0	0
Alakır-4	+1059	0	20
Gölcük-1	+1122	0	0
Söğütçüması-4	+1380	0	0
Beycik-4	+1009	0	0
Hacısekiler-2	+233	0	33,33
Tahtalı-4	+1113	0	0
Feslikan-1	+1862	0	0
Sivridağ-3	+1204	0	0
Ücoluk-2	+1053	0	0
Ort	+844,93	0	9,99
Min	+16	0	0
Max	+1862	0	66,66
Std	+543,93	0	18,69
Önemlilik			
Lokasyon	**		
Lokasyon x Soğuk katlama	**		
$P= 0.01$ düzeyinde önemli			

4.5.1.2. Üçüncü çimlenme denemesine ait bulgular

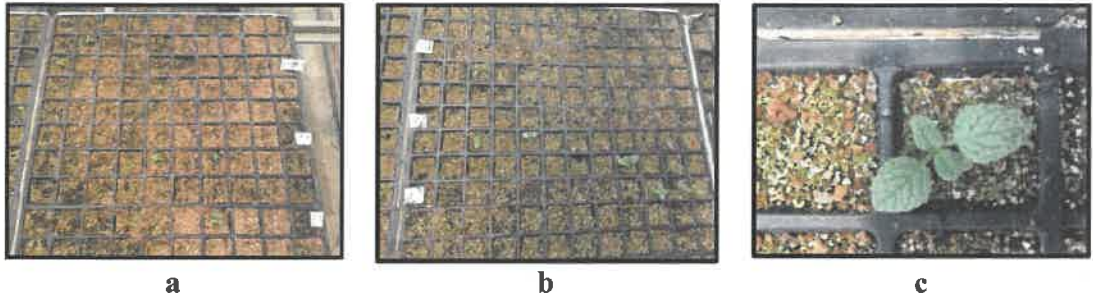
Farklı lokasyonlardan toplanan *D. hastata* tohumlarının çimlenme oranlarına ilişkin veriler ve istatistik analiz sonuçları Çizelge 4.18’de sunulmuştur. Denemeye ait görseller ise Şekil 4.22’de belirtilmiştir. İstatistiksel değerlendirmeler sonunda veriler incelendiğinde tohumların çimlenme oranlarında, ön uygulamalar(suda bekletme, 3 ay soğuk katlama), lokasyon ve ön uygulamalar ile lokasyonların karşılıklı etkileşimlerinin % 0.01 düzeyinde önemli olduğu bulunmuştur. Lokasyon ve ön muameleler arasındaki etkileşim sonuçları incelendiğinde Beldibi lokasyonuna ait tohumlarda 3 ay soğuk katlama ön muamelesi (%33,33), kontrol (%13,33) tohumlarına göre çimlenmeyi arttırdığı belirlenmiştir. Kesmeboğazı lokasyonuna ait tohumlarda kontrol grubunun uygulanan ön muamelelere göre daha yüksek çimlenme oranına sahip olduğu belirlenmiştir Alakır lokasyonuna ait tohumlarda soğuk katlama uygulaması (%13,33),

kontrol (%3,33) ve suda bekletme (%3,33) ön uygulamasına göre çimlenme oranını arttıran ön muamele olmuştur. Hacisekiler lokasyonuna ait tohumlara uygulanan 3 ay soğuk katlama(%43,33), kontrol (%16,66) ve suda bekletme (%36,66) ön uygulamalarına göre çimlenme oranını arttırmıştır. Tünektepe lokasyonuna ait tohumlarda ise suda bekletme uygulaması (%40), kontrol (%26,66) ve soğuk katlama uygulamalarına (%10) göre daha fazla çimlenmeyi sağlamıştır.

Yapılan korelasyon analizi sonucunda popülasyonların lokalize oldukları rakım ile çimlenme oranı arasında negatif yönlü bir ilişki olduğu ($r=-0,53(<.0001)$) belirlenmiş olup rakım arttıkça çimlenmenin azaldığı sonucuna varılabilmektedir. Bir önceki çimlenme denemesine benzer olarak tohumlarında çimlenme görülen lokasyonların Alakır popülasyonu hariç 500 metre rakımın altında deniz seviyesine yakın lokasyonlar olması, denemede yer alan diğer lokasyonların 3 ay soğuk katlamadan daha uzun bir soğuklama ihtiyacının olabileceği ihtimalini düşündürmektedir. Bulgular beraberce değerlendirildiğinde yeni kurulacak çimlenme denemelerinde tohum canlılık testi (Tetrazolium testi) mutlaka yapılarak, farklı sürelerde soğuk katlama, farklı dozlarda GA₃ uygulaması, suda bekletme gibi ön uygulamaları gibi farklı kombinasyonları denenerek daha kapsamlı çimlenme denemeleri kurulması önerilmektedir.

Çizelge 4.18. Farklı lokasyonlardan toplanan *D.hastata* türü tohumların 1 ay soğuklama ve kontrol muamelelerinin çimlenme oranları, ortalama ve standart sapma değerleri (3. Çimlenme denemesi)

GENOTİPLER	Toplandığı rakım (m)	Kontrol (% Çimlenme)	3 Ay Soğuk Katlama (% Çimlenme)	Suda bekletme (% Çimlenme)
Hisarcandır-1	+964	0	0	0
Termessos-4	+974	0	0	0
Tünektepe-2	+96	26,66	10	40
Belibi-1	+16	13,33	33,33	6,66
Kesmeboğazı-3	+235	13,33	6,66	0
Altınyaka-1	+1137	0	0	0
Göynük-1	+62	0	0	0
Alakır-4	+1059	3,33	13,33	3,33
Gölcük-1	+1122	0	0	0
Söğütçüması-4	+1380	0	0	0
Beycik-4	+1009	0	0	0
Hacisekiler-2	+233	16,66	43,33	36,66
Tahtalı-4	+1113	0	0	0
Fesliken-1	+1862	0	0	0
Sivridağ-3	+1204	0	0	0
Ücoluk-2	+1053	0	0	0
Ort	+844,93	4,58	6,66	5,42
Min	+16	0	0	0
Max	+1862	26,66	43,33	40
Std	+543,93	8,24	13,16	12,99
<i>Önemlilik</i>				
Lokasyon	**			
Lokasyon x ÖnMuamele	**			
P= 0.01 düzeyinde önemli				



Şekil 4.22. a) Çimlenme görülen kontrol tohumlarına ait görüntü
 b) Çimlenme görülen suda bekletme yapılmış tohumlara ait görüntü,
 c) Çimlenen bir tohumdan çıkan *D.hastata* türüne ait fide

Ünal vd (2004) Lamiaceae familyasına mensup Antalya ili endemiklerinden *Origanum solymicum*, *Origanum husnucan-baseri*, *Origanum bilgeri*, *Origanum minutiflorum* ve *Origanum saccatum* türlerinin tohumlarının çimlenmesi üzerinde farklı saklama koşullarının, farklı GA₃ konsantrasyonlarının ve farklı çimlenme derecelerinin etkisini araştırdığı çalışmalarında çimlenme öncesi soğuklamaya maruz bırakılan tohumlarda çimlenme yüzdesi, uygulanan diğer ön muamelelere göre daha yüksek bulunmuştur. Türler içinde en yüksek çimlenme yüzdesi alçak rakımlarda yayılış gösteren *Origanum solymicum* türünün tohumlarında görülürken, en düşük çimlenme yüzdesi ise *Origanum husnucan-baseri* türünün tohumlarında saptanmıştır. Bu bulgular, *D. hastata* türünün farklı lokasyonlardan toplanan genotiplerine ait tohumlarla yürüttüğümüz çimlenme denemesinden elde ettiğimiz bulgularla paralellik göstermektedir.

Kadis vd (2010) Lamiaceae familyasına mensup farklı türlerin birbirinden çok farklı çimlenme karakteristiklerinin tespit edilmesi bu türlerin hayatta kalması ve koruma stratejilerinin geliştirilmesi açısından oldukça önemli olduğu üzerine dikkat çekmiştir (Kadis vd 2010).

Soğuk katlamanın çimlenme üzerindeki olumlu etkisi *Salvia smyrnaea* türünde de doğrulanmıştır. Nitekim Subaşı ve Güvensen (2010)' in nadir endemik bir tür olan *Salvia smyrnaea* (Lamiaceae) türünün tohumlarına uygulanan ön işlemlerin tohumların çimlenmesi üzerine etkilerini araştırdıkları çalışmalarında en yüksek çimlenme yüzdesi (%66) soğuk katlama uygulanmış ve 25/15°C değişken sıcaklıkta, sürekli karanlık koşullarda, 250 ppm giberellik asit uygulanmış tohumlarda olduğunu tespit etmiştir.

4.5.2. *D. hastata* türünün çelikle çoğaltım olanaklarına ait bulgular

D. hastata tohumlarının çelikle çoğaltımına ilişkin veriler ve istatistik analiz sonuçları Çizelge 4.18'de sunulmuştur. Yapılan istatistik analizleri sonucunda köklenmeye ilişkin ölçülen tüm karakterler açısından IBA uygulamaları ile kontrol (0 ppm IBA) grubu arasında bulunan farklar istatistiki olarak önemli bulunmamıştır. *D. hastata* türünde ortalama köklenme oranının %91,33 olduğu ve bu oranının %80 ile %96,66 oranında varyasyon gösterdiği ancak bu farklılıkların önemli olmadığı belirlenmiştir. Öte yandan aynı familyada yer alan *Lavandula angustifolia* türünde

farklı çelik tiplerine farklı dozlarda IBA uygulanmış olup en yüksek köklenme oranının 2000 ppm IBA uygulanan dip çeliklerinde gerçekleştiği belirtilmiştir (Kumar ve Sreeja 1996).

Çeliklere uygulanan tüm uygulamalar birlikte değerlendirildiklerinde kök uzunluğu değerlerinin 11,7 cm ile 4,57 arasında değişiklik gösterdiği ve genel ortalamanın 8,25 cm olduğu belirlenmiştir.

Çelik başına ortalama kök sayısı değerlerinin 8 ile 26,8 arasında varyasyon gösterdiği ve genel ortalamanın 16,92 olduğu belirlenmiştir.

Çelik başına düşen ortalama kök yaş ağırlığı ise 1,11 gram, çelik başına düşen ortalama kök kuru ağırlığı ise 0,23 gramdır. Çelik başına düşen yaş ağırlık ortalaması 12,25 gr iken çelik başına düşen ortalama çelik kuru ağırlığı ise 3,69 gr'dır. Çelik başına ölçülen yaprak-Sürgün yaş ağırlığı 2,39 gramdır. Çelik başına düşen ortalama yaprak-Sürgün kuru ağırlığı ise 0,79 gram olarak ölçülmüştür.

Köklenme denemesi sonucunda uygulamalar arasında istatistiki olarak önemli bir fark bulunamamasına rağmen, ölçülen parametreler açısından özellikle kök sayısının artan IBA dozlarına göre doğru orantılı bir artış gösterdiği saptanmıştır. Genel anlamda tür herhangi bir IBA konsantrasyonuna ihtiyaç duymadan yüksek köklenme başarısı göstermektedir. Ünal vd (2004) diğer Antalya ili endemiklerinden *Origanum solymicum*, *Origanum husnucan-baseri*, *Origanum bilgeri*, *Origanum minutiflorum* ve *Origanum saccatum* türlerinin çeliklerinde farklı IBA konsantrasyonlarının (0, 100 ppm, 500 ppm ve 1000 ppm) köklenmeye olan etkilerini araştırdığı çalışmalarında *Origanum solymicum*, *Origanum bilgeri* ve *Origanum saccatum* türlerinin çeliklerinde köklenmenin gerçekleştiği ancak, köklenme oranı bakımından gerek kontrol ve IBA uygulaması arasında gerekse her iki uygulama için de türler arasında önemli bir farklılığın olmadığını belirlemiştir. Bu sonuçlar *D.hastata* türünün çelikle çoğaltım özelliklerinin belirlenmesinde elde ettiğimiz sonuçlarla paralellik göstermektedir.





Şekil 4.23. a) Kontrol-1000ppm-2000ppm-3000ppm-4000ppm IBA uygulanan çelikler, b) Kontrol grubu çelikleri, c) 1000 ppm. IBA uygulanan çelikler, d) 2000 ppm. IBA uygulanan çelikler, e) 3000 ppm. IBA uygulanan çelikler, f) 4000 ppm IBA uygulanan çelikler

Özcan vd (2013) *Lavandula hybrida* türüne ait yarı odun çeliklerinde farklı yetiştirme ortamlarının (Perlit: Torf, Tarla Toprağı) ve farklı IBA dozlarının (Kontrol-0, 500, 1000, 2000 ve 4000 ppm) kök sayısı (adet/çelik), kök uzunluğu (cm), köklenme oranı (%) ve köklenme kalitesine olan etkileri incelediği çalışmalarında kök sayısı açısından 4000 ppm. tarla toprağında yetişen çeliklerde, kök uzunluğu ve köklenme kalitesi açısından en uzun ve en kaliteli köklü çeliklerin torf:perlit karışımı köklenme ortamında 4000 ppm. dozunda IBA uygulanan çeliklerde olduğunu tespit etmiştir.

Buna paralel olarak Ayanoğlu vd (2000) *Lavandula stoechas* türü çelikleriyle farklı IBA konsantrasyonlarının (1000, 2000 ve 4000 ppm) köklenme üzerine etkisini araştırdığı çalışmada IBA konsantrasyonlarındaki artışa bağlı olarak köklenme yüzdesi, kök uzunluğu ve kök sayısının arttığını gözlemlemişlerdir. Yine Lamiaceae familyasına mensup başka türler olan *Rosemary officinalis*, *Hyssopus officinalis* ve *Salvia officinalis* bitkilerinin çelikle çoğaltımı üzerine, farklı çelik alma dönemleri (mart, haziran, eylül) ve IBA dozlarının (kontrol-0, 1000, 2000, 3000 ve 4000 ppm) etkisini belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmalarında, en yüksek köklenme oranı (sırasıyla %85, %82.3 ve %81), kök sayısı (sırasıyla 28.8, 21.6 ve 10.6 adet/bitki) ve kök uzunluğu (7.1, 6.1 ve 5.1 cm) Mart döneminde 4000 ppm IBA dozunda tespit etmişlerdir (Kara vd 2011). Bu bulgular, *D.hastata* türünün çelikle çoğaltım

olanaklarının belirlenmesi için yürütölen köklenme denemesi bulguları ile paralellik göstermektedir.

Çizelge 4.19. *D. hastata* türüne ait çeliklere uygulanan farklı ön uygulamaların (Kontrol, 1000, 2000, 3000, 4000 ppm IBA) köklenmeye olan etkileri, ortalama, minimum, maksimum ve standart sapma değerleri

Uygulama	KU*	KS	KO(%)	KYA	KYA/C	KKA	KKA/C	CYA	CYA/C	CKA	CKA/C	YSYA	YSYA/C	YSKA	YSKA/C
Kontrol	9,18	12,18	96,66	4,19	0,918	0,99	0,21	55,62	11,73	17,58	3,70	11,21	2,37	4,15	0,88
1000 ppm	7,85	17,09	80	4,65	1,12	1,03	0,26	48,60	12,86	14,64	3,87	10,26	2,63	3,31	0,85
2000 ppm	8,91	16,44	93,33	4,33	0,98	1,15	0,25	54,07	11,83	16,71	3,67	11,14	2,37	3,67	0,78
3000 ppm	7,66	20,4	96,66	6,29	1,31	1,12	0,23	54,32	11,25	15,95	3,30	10,94	2,26	3,71	0,76
4000 ppm	7,65	18,52	90	5,26	1,22	0,86	0,19	60,38	13,61	17,27	3,89	10,22	2,34	3,15	0,70
ort	8,25	16,93	91,33	4,94	1,11	1,03	0,23	54,60	12,25	16,43	3,68	10,76	2,39	3,60	0,79
min	4,57	8	60	0,91	0,18	0,44	0,11	36,15	7,23	11,26	2,25	5,87	1,46	1,97	0,49
max	11,7	26,8	100	11,91	2,97	1,77	0,44	97,97	19,59	27,79	5,79	18,52	4,04	5,86	1,46
std	1,76	5,87	12,52	2,80	0,65	0,36	0,08	11,99	3,18	3,72	0,99	2,48	0,60	0,85	0,19

*KU: Kök uzunluğu, KS: Kök sayısı, KO(%): Köklenme oranı, KYA: Kök yaş ağırlığı, KYA/C: Kök yaş ağırlığı/çelik, KKA: Kök kuru ağırlığı, KKA/C: Kök kuru ağırlığı/çelik, CYA: Çelik yaş ağırlığı, CYA/C: Çelik yaş ağırlığı/çelik, CKA: Çelik kuru ağırlığı, CKA/C: Çelik kuru ağırlığı/çelik, YSYA: Yaprak-Sürgün yaş ağırlığı, YSYA/C: Yaprak-Sürgün yaş ağırlığı/çelik, YSKA: Yaprak-Sürgün kuru ağırlığı, YSKA/C: Yaprak-Sürgün kuru ağırlığı/çelik

5. SONUÇ

Popülasyonları temsil eden bireyler üzerinde yapılan morfolojik değerlendirmeler popülasyon içi ve popülasyonlar arasında geniş bir varyasyonun varlığını ortaya koymuştur. ANOVA sonuçları en yüksek morfolojik varyasyonun Termessos ve Üçoluk popülasyonlarında olduğunu göstermiştir. Tür, deniz seviyesi (27 m) ile 1855 m yükselti aralığında doğal olarak bulunmaktadır. Yetiştigi toprakların pH değeri 7.5 - 8.0 aralığı ile alkali karakterde, killi-tınlı ile ağır killi aralığında bünyeye sahip olduğu ve %2.5-5.1 organik madde içerdiği tespit edilmiştir. Fe ve Mn içeriği yüksek topraklarda bitki boyu da önemli bir artış göstermiştir. Fosfor, K, Mg ve Zn elementlerinin türün örneklediği bölge topraklarındaki miktarı 8 ile 20 kat arasında farklılıklar göstermiştir. Bu durum türün sözü geçen elementlerin miktarı bakımından geniş bir adaptasyona / esnekliğe sahip olduğunu göstermektedir. Beklendiği gibi, rakım arttıkça bitkinin alanda yayılma çapı ve bitki boyu azalmıştır. Yaprak eni ve boyu ile çiçek başağı boyutu arasında tespit edilen yüksek pozitif korelasyon çiçeklenme mevsimi dışında iri çiçekli bireylerin seçimine imkan verebilir. Tür için yapılacak kültüre alma ve/veya ıslah çalışmalarında bu sonuçların da göz önüne alınması tavsiye edilir. Morfolojik değerler kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç (dendrogram) çalışmaya konu olan bireyleri üç gruba ayırmıştır. Bu varyasyonun sebeplerinin bir kısmı rakım ve bakıdaki farklılıklar ile açıklanabileceği gibi genetik nedenlerde olabilir.

SRAP ve iPBS moleküler markırları kullanılarak elde edilen benzerlik indeksine göre bireyler arasındaki genetik benzerlik %53 ile %91 arasında değişmiştir. Popülasyonlara ait bireyler birlikte gruplaşma (daha yüksek benzerlik) eğilimindedir. Buna rağmen bazı popülasyonlar (Tahtalı ve Termessos gibi) çok daha yüksek popülasyon içi genetik çeşitlilik göstermiştir. Bu sonuçları destekleyen diğer bir hususta moleküler markırlar kullanılarak elde edilen AMOVA sonuçlarından elde edilmiştir. AMOVA toplam genetik çeşitliliğin %51'inin popülasyonlar arasında, %49'unun ise popülasyonlar içinde olduğunu ortaya koymuştur. Özellikle Tahtalı, Termessos, Beycik ve Gölcük popülasyonları içindeki genotiplerin daha yüksek bir çeşitlilik gösterdiği sonucuna ulaşılmıştır. Geleceğe yönelik koruma çalışmalarında bu bölgeleri temsil eden bireylerin mutlaka genetik koruma havuzuna dahil edilmesi gerekir.

Popülasyon çiftleri arasındaki genetik benzerlik oranları ile peyzaj unsurları (rakım, alan kullanımları vb.) arasında önemli bir ilişki bulunmamıştır. Fakat popülasyonlar arası bağlantılılık indeksleri (Graph teorisini temel alan IIC ve PC metrikleri) ile popülasyon arasındaki genetik farklılaşma, Nei'nin gen çeşitliliği ve Shannon genetik çeşitlilik indeksi gibi popülasyon yapısını ortaya koyan indekslerle anlamlı ve önemli ilişkiler tespit edilmiştir. Birbirine daha bağlantılı popülasyonlar arasındaki gen çeşitliliği de azalmıştır. Bu durum, uzun dönemli koruma planlaması yaparken popülasyonlar arası habitat bağlantısalığının devam ettirilmesinin önemine işaret etmektedir. Bu sonuçlar, bu yöntemle kurgulanan peyzaj genetiği çalışmalarının tür bazlı koruma yaklaşımlarına katkı sağlayabileceğini göstermiştir. Ülkemizde habitatların bağlantısalığının ölçümü için graph teoriiyi temel alarak çalışan CONEFOR programında, PC ve IIC indekslerinin kullanılarak popülasyonların önem derecesinin belirlendiği herhangi bir yayına rastlanmamıştır. Bu yönüyle de özgün olan bu araştırma, bu indislerin bize tür bazlı koruma, planlama, yönetim çalışmalarında oldukça etkili bir araç sunduğunu kanıtlamıştır. Bu tür özelinde elde edilen sonuçlar

ışığında endemik türlerin etkin koruma stratejisinin belirlenmesinde, peyzaj planlama ve koruma çalışmalarına peyzaj genetiği sonuçlarında entegre edilmesi önerilir.

D. hastata, relikt nitelikli lokal endemik bir tür olmasına rağmen genetik ve morfolojik çeşitliliğini günümüze kadar koruyabilmiştir. *D. hastata* türünün potansiyel süs bitkisi ve tıbbi-aromatik bitki olarak kültüre alınması ve ıslah programının başlatılması gerekmektedir. Bu kapsamda türün çoğaltım ve yetiştirme tekniklerinin çalışılması oldukça önemlidir. Türün erken bahar aylarında alınan yarı odun çeliklerle çoğaltılabileceği belirlenmiştir. Soğuk katlama uygulamasının bazı lokasyonlara ait tohumlarda çimlenmeyi arttırdığı belirlenmiştir. Bu kapsamda lokasyonların lokalize olduğu rakımların çimlenmede belirleyici olduğu elde edilen sonuçlardandır. Lokasyonların rakımları ve tohumlarının çimlenme yüzdeleri arasındaki korelasyon analizi sonuçlarında bu hipotezi doğrulamıştır. Yüksek rakımlı (özellikle 1000 metre üzeri) lokasyonların tohumlarında çimlenme görülmemesi daha uzun soğuklama sürelerine ihtiyaç olabileceğini düşündürmektedir. Bunun yanında türe ait tohumların çimlenme özelliklerinin belirlenmesi amacıyla kurulacak yeni denemelerde öncelikle tohum canlılık testlerinin (Tetrazolium testi) yapılması ve GA₃ uygulaması, soğuk katlama, suda bekletme gibi diğer ön uygulamaların farklı kombinasyonlarının dahil edileceği daha kapsamlı çimlenme denemelerinin yürütülmesi önerilmektedir.

Türün mensubu olduğu aile içerisindeki bölgeye lokal endemik türler arasında yayılışı Antalya ili ile sınırlı, deniz seviyesinden yaklaşık 1855 m yüksekliğe kadar yayılış gösterebilen başka herhangi bir tür bulunmamaktadır. Eterik içeriği, aromatik kullanımı, erken çiçeklenme dönemi, meyveli kurulların uzun süre bitki üzerinde kalması, çiçeklenme dönemi dışında da yaprak vermesi gibi özellikler nedeniyle doğa eğitim çalışmaları için de oldukça uygundur. Toplumumuzun fitoterapiye olan yoğun ilgisi düşünüldüğünde, mevcut lokal endemik varlığın geleceğe aktarımı hususunda topluma tanıtılmasında ve ülkemizde doğa koruma bilincinin yaygınlaştırılmasında kullanılabilecek model türlerden biri olabileceği düşünülmektedir. Sürdürülebilir peyzaj alanlarının oluşturulmasında doğal bitki türlerinin kullanımı giderek önem kazanmıştır. Bu kapsamda süs bitkisi olarak potansiyele sahip doğal türlerin belirlenmesi ve sektöre kazandırılması gerekmektedir. *D. hastata* içinde fazla boylanmayan yayılıcı tiplerden boylan çalı formuna kadar değişen geniş morfolojik varyasyon mevcuttur. *D. hastata* türü bu özellikleri ile yer örtücü ve çalı bitkisi olarak peyzaj düzenlemelerinde kendine yer bulabileceği düşünülmektedir. Özellikle iri ve bol sayıda çiçek başakları oluşturan genotiplerin estetik olarak süs bitkisi değerini arttırabileceği öngörülmektedir. Belirtilen bu özellikler başta olmak üzere popülasyonlar arası ve içinde kullanılabilir önemli varyasyon mevcuttur. Islah çalışmalarında bunun göz önüne alınarak, çeşitliliğin fazla olduğu genotipleri içeren popülasyonların programlara dahil edilmesi önerilmektedir.

Türün doğal yayılım alanı son buz çağıının sınırında kalmıştır ve tür günümüze kadar ulaşabilmiştir. Ancak iki yıla yakın arazi gözlemlerimiz sırasında gördüğümüz üzere yapılaşma (yazlık gibi), bilinçsiz ve yoğun toplama, ve doğal yayılış alanlarının bir kısmının alternatif kullanıma açılması gibi uygulamalar türe ait genetik çeşitliliğin daralmasına ve bazı lokasyonlardaki bireylerin tamamen kaybedilmesine sebep olabilir.

Türün döllenme biyolojisi çalışılarak gen akışına etki eden faktörlerin ortaya konulması gerekliliği öne çıkmıştır. Yapılacak yeni çalışmalarla döllenmeye yardım

eden böcek türleri, rüzgar, minumum/maksimum dölleme mesafesi gibi faktörlerin ortaya çıkarılması gerekmektedir.

6. KAYNAKLAR

- AAVIK, T., HOLDEREGGER, R. and BOLLIGER, J. 2014. The structural and functional connectivity of the grassland plant *Lychnis flos-cuculi*. *Heredity*, 112: 471-478.
- ADRIAENSEN, F., CHARDON, J.P., DE BLUST, G., SWINNEN, E., VILLALBA, S., GULINCK, H. and MATTHYSEN, E. 2003. The application of 'least-cost' modelling as a functional landscape model. *Landscape and Urban Planning*, 6(4): 233-24.
- ALLENDORF, F.W. and LUIKART, G. 2007. Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing. Pp 220, Australia.
- ANDERSON, C.D., EPPERSON, B.K., FORTIN, M.J., HOLDEREGGER, R., JAMES, P., ROSENBERG, M.S., SCRIBNER, K. and Spear, S. 2010. Considering spatial and temporal scale in landscape genetic studies of gene flow. *Molecular ecology*, vol 19: 3565-3575.
- ANGELONE, S., KIENAST, F. and HOLDEREGGER, R. 2011. Where movement happens: scale-dependent landscape effects on genetic differentiation in European tree frog. *Ecography*, 34: 714-722.
- APARICIO, A., HAMPE, A., FERNÁNDEZ-CARRILLO, L. and ALBALADEJO, R. G. 2012. Fragmentation and comparative genetic structure of four mediterranean woody species: complex interactions between life history traits and the landscape context. *Diversity and Distributions*, 18: 226-235.
- ARSLANOĞLU, F. ve Ö. ALBAYRAK, 2011. Farklı İba Dozlarının Biberiye (*Rosmarinus Officinalis* L.) ve Lavanta (*Lavandula Angustifolia Spica*) Gövde Çeliklerinin Köklenmesi Üzerine Etkileri. 9. Tarla Bitkileri Kongresi, 12-15 Eylül 2011, Bursa, 1390-1393.
- ASTORGA, G.J. and NÚÑEZ Farfán, J. 2001. Effect of habitat fragmentation on the genetic structure of the narrow endemic *Brongniartia vazquezii* Evolutionary. *Ecology Research*, 3: 861-872.
- ATİK, A.D., ÖZTEKİN, M. ve ERKOÇ, F. 2010. Biyoçeşitlilik ve Türkiye'deki Endemik Bitkilere Örnekler. *Gazi Eğitim Fakültesi Dergisi*, Cilt 30 (1): 219-240.
- AVCI, M. 1993. Türkiye'nin Flora Bölgeleri ve "Anadolu Diagonali"ne Coğrafi Bir Yaklaşım. *Türk Coğrafya Dergisi*, 28: 225-248.
- AVCI, M. 2005. Çeşitlilik ve endemizm açısından Türkiye'nin bitki örtüsü. İstanbul Üniversitesi Edebiyat Fakültesi Coğrafya Bölümü, *Coğrafya Dergisi*, 13: 27-55.
- AYANOĞLU, F., MERT, A. ve KAYA, A. 2000. Hatay Florasında Yetişen Karabaş Lavantanın (*Lavandula Stoechas subsp. Stoechas* L.) Çelikle Köklendirilmesi

- Üzerine Farklı Lokasyonların ve Hormon Dozlarının Etkisi. *Turk J. Agric. Forest.*, 24: 607–610.
- AYRES, D.R., and RYAN, F.J. 1999. Genetic diversity and structure of the narrow endemic *Wyethia eticulata* and its congeners *W. bolanderi* (Asteraceae) using RAPD and allozyme techniques. *American Journal of Botany*, 86: 344–353: 173–200.
- BABAOĞLU, D. ve KALYONCU, İ.H., 2011. M9 Elma Anacının Yeşil Çelikle Çoğaltılması Üzerine Değişik Nem ve Indol Butirik Asit (IBA) Uygulamalarının Etkileri. *Selçuk Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 25 (1): 46-52.
- BAILLE, J., HILTON-TAYLOR, C. and STUART, S.N. 2004. 2004 IUCN Red List of Threatened Species: A Global Assessment. International Union for Conservation of Nature, Cambridge, UK.
- BALKENHOL, N., WAITS, L.P. and DEZZANI, R.J. 2009. Statistical approaches in landscape genetics: an evaluation of methods for linking landscape and genetic data. *Ecography*, 32: 818–830.
- BANON, S.A., GOZALEZ, E.A., CANO, J.A., FRANCO, J.A. and FERNANDEZ, J.A. 2002. Growth, development and color response of potted *Dianthus caryophyllus* cv. Mondriaan to paclobutrazol treatment. *Scientia Horticulturae*, 94: 371-177.
- BANTA, L.M., CRESPI, E.J., NEHM, R.H., SCHWARZ, J.A., SINGER, S., MANDUCA, C.A., BUSH, E.C., COLLINS, E., CONSTANCE, C.M., DEAN, D., ESTEBAN, D., FOX, S., MCDARIS, S., PAUL, C.A., QUINAN, G., RALEY-SUSMAN, K.M., SMITH, M.L., WAALACE, C.S., WITHERS, G.S. and CAPORALE, L. 2012. Integrating Genomics Research throughout the Undergraduate Curriculum: A Collection of Inquiry-Based Genomics Lab Modules. *CBE-Life Sciences Education*, 11: 203–208.
- BARABASI, A. L. 2002. Linked: the new science of networks. Pegrseus publishing(1. edition), Cambridge Center, printed in USA.
- BARANYI, B., SAURA, S., PODANI, J. and JORDAN, F. 2010. Contribution of habitat patches to network connectivity: Redundancy and uniqueness of topological indices. *Ecological Indicators*, 11: 1301–1310.
- BARTHLOTT, W., BIEDINGER, N., BRAUN, G., FEIG, F., KIER, G. And MUTKE, J. 1999. Terminological and methodological aspects of the mapping and analysis of global biodiversity. *Acta Botanica Fennica*, 162: 103-110.
- BASKIN, C.C. ve BASKIN, J.M., 1998. Seeds: Ecology, Biogeography, and, Evolution of Dormancy and Germination. Academic Press, USA. 606 p.
- BAŞER, K.H.C. 1994. Essential Oils of Labiatae From Turkey-Recent Results. *Lamiales Newsletter*, Royal Botanic Gardens, 3: 6-11.
- BATAGELJ, V. and MRVAR, A., 1996. Pajek 1.12. [http: //vlado.fmf.uni-lj.si/pub/networks/pajek/](http://vlado.fmf.uni-lj.si/pub/networks/pajek/). Son erişim tarihi: 9 Eylül 2016.

- BODIN, O. and NORBERG, J. 2007. A network approach for analyzing spatially structured populations in fragmented landscape. *Landscape Ecol.* 22: 31-44.
- BORGATTI, S.P., EVERETT, M.G. and FREEMAN, L.C. 1999. UCINET 5.0 Version 1.00. Analytic Technologies, Natick (1999) <http://www.analytictech.com/ucinet/ucinet.htm>. Son erişim tarihi: 9 Eylül 2016.
- BLAKESLEY, D., WESTON, G.D. and HAU, S.F., 1991. The Role of Endogenous Auxin in Root. *Plant Growth Regulation*, 10(4): 341–353.
- BRUCKMANN, S.V., KRAUSS, J. and STEFFAN-DEWENTER, I. 2010. Butterfly and plant specialists suffer from reduced connectivity in fragmented landscapes. *J Appl Ecol.* 47: 799–809.
- BU, H., DU, G., CHEN, X., XU, X., LIU, K. and WEN, S., 2008. Community wide germination strategies in an alpine meadow on the eastern Qinghai-Tibet plateau: phylogenetic and life-history correlates. *Plant Ecology*, 195: 87–98.
- BUNN, A.G., URBAN, D.L and KEITT, T.H. 2000. Landscape connectivity: a conservation application of graph theory. *J Environ Manage*, 59: 265–278.
- BUTCHART, S.H.M., WALPOLE, M., COLLEN, B., STRIEN, A.V., SCHARLEMANN, J.P.W., ALMOND, R.E.A., BAILLIE, J.E.M., BOMHARD, B., BROWN, C., BRUNO, J., CARPENTER, K.E., CARR, G.M., CHANSON, J., CHENERY, A.M., CSIRKE, J., DAVIDSON, N.C., DENTENER, F., FOSTER, M., GALLI, A., GALLOWAY, J.N., GENOVESI, P., GREGORY, R.D., HOCKINGS, M., KAPOV, V., LAMARQUE, J.F., LEVERINGTON, F., LOH, J., MCGEOCH, M.A., MCRAE, A., MINASYAN, A., MORCILLO, M.H., OLDFIELD, T.E.E., PAULY, D., QUADER, S., REVENGA, C., SAUER, J.R., SKOLNIK, B., SPEAR, D., STANWELL-SMITH, D., STUART, S., SYMES, A., TIERNEY, M., TYRRELL, T.D. and VIE, J.C., Watson, R. 2010. Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science*, 328, 1164.
- CABEZA, M. 2003. Habitat loss and connectivity of reserve networks in probability approaches to reserve design. *Ecol. Lett.* 6: 665-672.
- ÇAĞLAYAN, S.D. and KARADENİZ, N. 2012. Are Protected Areas of Turkey Protected From Landscape Fragmentation?. The 49th IFLA World Congress Oral Presentation, Cape Town, South Africa.
- CALABRESE, L.M. and FAGAN, W.F. 2004. A comparison-shopper's guide to connectivity metrics. *Front Ecol. Environ.*, 2 (10): 529–536.
- CARDEMIL, L. and REINERO, A., 1982. Changes of *Araucaria araucana* seed reserves during Germination and early Seedling. *Can. J. of Botany*, 60: 1629-1639.
- CLARK, R.W., BROWN, W.S., STECHERT, R. and ZAMUDIO, K.R. 2008. Integrating individual behaviour and landscape genetics: the population structure of timber rattlesnake hibernacula. *Molecular Ecology*, 17: 719–730.

- CHETKIEWICZ, C.L.B., CLAIR, C.C. and BOYCE, M.S. 2006. Corridors for conservation: integrating pattern and process. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 37: 317-342.
- CORRAL-AGUIRRE, J. and SANCHEZ-VELASQUEZ, L.R., 2006. Seed ecology and germination treatments in *Magnolia dealbata*: An endangered species. *Flora - Morphology, Distribution. Functional Ecology of Plants*, 201(3): 227–232.
- COUSINS, S.R., WITKOWSKI, E.T.F. and MYCOCK, D.J., 2014. South African Journal of Botany Seed storage and germination in *Kumara plicatilis*, a tree aloe endemic to mountain fynbos in the Boland, South-western Cape, South Africa. *South African Journal of Botany*, 94: 190-194.
- CONTRERAS, R.N. and RUTER, J.M., 2009. Sulfuric acid scarification of *Callicarpa americana* L. (*Lamiaceae*) seeds improves germination. *Native Plants Journal*, 10(3): 283–286.
- ÇEVRE BAKANLIĞI, 2015. Ulusal Biyolojik Çeşitlilik Stratejisi ve Eylem Planı. <http://www.nuhungemisi.gov.tr/DosyaRaporSunum/Belgeler/bb951776e87440ce842b-d90ae82b6381.pdf> Son erişim tarihi: 30.03.2015.
- ÇİMEN, İ., 1988. Meyvecilikte Büyümeyi Düzenleyicilerin Kullanımı. *Derim*, Antalya, 5 (3): 134- 142.
- DAVIES, P.J., 1995. Plant hormones. Physiology, Biochemistry and Molecular Biology. 2 nd Edition. Springer Science and Business Media.
- DOBZHANSKY, T. 1947. A directional change in the genetic constitution of a natural population of *Drosophila pseudoobscura*. *Heredity*, 1: 53–64.
- DOĞAN, N.Y., KANDEMİR, A. ve OSMA, E. 2016. Genetic Diversity and Variability among Populations and Ecological Characteristics of the *Uechitritzia Armena* Freyn (*Asteraceae*) Endemic to Turkey. *Research&Reviews: Research Journal of Biology*, 4: 1, 20-27.
- DOYLE, J.J. and DOYLE, J.L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- DYER, R.J., CHAN, D.M., GARDIAKOS, V.A. and MEADOWS, C.A. 2012. Pollination graphs: quantifying pollen pool covariance networks and the influence of intervening landscape on genetic connectivity in the North-American understory tree *Cornus florida*. *L. Landsc Ecol* 27: 239–251.
- EKİM, T., KOYUNCU, M., VURAL, M., DUMAN, H., AYTAÇ, Z. and ADIGÜZEL, N. 2000. Türkiye Bitkileri Kırmızı Kitabı (Yayın no: 18). Ankara: TTKD ve Van 100. Yıl Üniversitesi.
- ELHAAK, M.A., MATTER, M.Z., ZAYED, M.A. and GAD, D.A., 2015. Propagation Principles in Using Indole-3-Butyric Acid for Rooting Rosemary Stem Cuttings. *J Horticulture*, 2: 121. doi: 10.4172/2376-0354.1000121.

- EMARESI, G., PELLET, J., DUBEY, S., HIRZEL, A.H. and FUMAGALLI, L. 2011. Landscape genetics of the Alpine newt (*Mesotriton alpestris*) inferred from a strip-based approach. *Conservation Genetics*, 12: 41–50.
- ERKAN, N., AKGONEN, S., OVAT, S., GOKSEL, S. ve AYRANCI, E. 2011. Phenolic compounds profile and antioxidant activity of *Dorystoechas hastata* L. Boiss et Heldr. *Food Research International*, 44: 3013-3020.
- ESCARAVAGE, N., CAMBECÈDES, J., LARGIER, G. and PORNON, A. 2011. Conservation genetics of the rare Pyreneo-Cantabrian endemic *Aster pyrenaeus* (Asteraceae). AoB PLANTS: plr029. doi: 10.1093/aobpla/plr029
- ESTRADA, E. and BODIN, O. 2008. Using network centrality measures to manage landscape connectivity. *Ecol. Appl.*, 18: 1810-1825.
- ESRI, 2007. ArcGIS. Environmental Systems Research Incorporated, Redlands.
- EUROPEAN UNION, 2011. European Red List of Vascular Plants. http://ec.europa.eu/environment/nature/conservation/species/redlist/downloads/European_vascular_plants.pdf. Son erişim tarihi: 30.03.2015.
- EXCOFFIER, L., SMOUSE, P.E., and QUATTRO, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2): 479–491.
- FAHRIG, L. 2003. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 34: 487–515.
- FALL, A., FORTIN, M.J., MANSEAU, M. and O'BRIEN, D. 2007. Spatial graphs: principles and applications for habitat connectivity. *Ecosystems*, 10: 448-461.
- FERRARI, J.R., LOOKINGBILL, T.R. and NEEL, M.C. 2007. Two measures of landscape-graph connectivity: Assessment across gradients in area and configuration. *Landscape Ecology*, 22: 1315–1323.
- FERRIOL, M., PICO, B., NUEZ, F. 2003. Genetic diversity of a germplasm collection of Cucurbita pepo using SRAP and AFLP markers, *Theor. Appl. Genet.*, 107: 271-282.
- FOLEY, J.A., JONATHAN, A. FOLEY., RUTH, D., GREGORY P.A., CAROL, B., GORDON, B., STEPHEN, R.C., F.STUART, C., MICHAEL T.C., GRETCHEN C.D., HOLLY K.G., JOSEPH, H.H., TRACEY H., ERICA H., CHRISTOPHER, J.K., CHAD, M., JONATHAN, A.P., COLIN, N.R. and PETER, K.S. 2005. Global consequences of land use. *Science* 309: 570–574.
- FRANKHAM, R. 1997. Do island populations have less genetic variation than mainland populations?. *Heredity* 78: 311–327.
- FRANKHAM, R. 1998. Inbreeding and extinction: island populations. *Conserv Biol* 12: 665–675.

- FULLER, T. and SARKAR, S. 2006. LQGraph: a software package for optimizing connectivity in conservation planning. *Environmental Modelling and Software*, 21 (5): 750–755.
- GONZALEZ-ASTORGA J, and CASTILLO-CAMPOS G. 2004. Genetic variability of the narrow endemic species tree *Antirhea aromatica* (Rubiaceae) in a tropical forest of Mexico. *Annals of Botany*, 93: 521–528.
- GOODWIN, B.J. 2003. Is landscape connectivity a dependent or independent variable?. *Landscape Ecol.*, 18 (7): 687–699.
- GORAI, M., GASMI, H. and NEFFATI, M., 2011. Factors influencing seed germination of medicinal plant *Salvia aegytiaca* L. (Lamiaceae). *Saudi Journal of Biological Sciences*, 18: 255-260.
- GÖRGÜLÜ, E. 2012. İç Anadolu bölgesinde yayılış gösteren *Isatisglauca*'nın genetik çeşitliliğinin moleküler işaretleyiciler ile karakterizasyonu (Yüksek Lisans Tezi). Hitit Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilimdalı, Yüksek Lisans Tezi, Çorum.
- GRUBESIC, T.H., MATISZIW, TC., MRRAY, AT. and SNEDIKER, D. 2008. Comparative approaches for assessing network vulnerability. *Int. Regional Sci. Rev.* 31: 88-112.
- GUAJARDO, J.C.R., SCHNABEL, A., ENNOS, R., PREUSS, S., OTERO-ARNAIZ, A. and STONE, G. 2010. Landscape genetics of the key African acacia species *Senegalia mellifera* (Vahl)- the importance of the Kenyan Rift Valley. *Molecular Ecology*, 19(23): 5126-5139.
- GÜMÜŞÇÜ, A., 2014. Seed germination of some endemic *Sideritis* species under different treatments. *Medicinal and Aromatic Plants Research Journal*. 2(1): 1-5.
- GÜNEŞ, T., 2000. *Arctium minus* (Hill.) Bernh. Tohum Çimlenmesi Sırasında Depo Maddelerin Mobilizasyonu. G.Ü Kırşehir Eğitim Fakültesi Dergisi, 1, 1, p: 31-37.
- HAAG, T., SANTOS, A.S., SANA, D.A., MORATO, R.G., CULLEN, J.R., CRAWSHAW, P.G., DE ANGELO, J.C., DI BITETTI, M.S., SALZANO, F.M. and EIZIRIK, E. 2010. The effect of habitat fragmentation on the genetic structure of a top predator: loss of diversity and high differentiation among remnant populations of Atlantic Forest jaguars (*Panthera onca*). *Molecular Ecology*, 19(22): 4906–4921.
- HALL, L.A. and BEISSINGER, S.R. 2014. A practical toolbox for design and analysis of landscape genetics studies. *Landscape Ecology*, 29(9): 1487–1504.
- HAMNER, R.M., PIIR, F.B., HEIMEIR, D., CONSTANTINE, R. and BAKER, C.S. 2012. Genetic differentiation and limited gene flow among fragmented

- populations of New Zealand endemic Hector's and Maui's dolphins. *Conserv Genet.*, 13: 987–1002.
- HAMICK, J.L., LINHART, Y.B. and MITTON, J.B. 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically-detectable genetic variation in plants. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 10: 173-200.
- HARTL, D.L., and CLARK, A.G. 1997. Principles of Population Genetics (Third Edition). Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- HARTMANN, H.T., KESTER, D.E., DAVIES, J.F.T. and GENEVE, R.L., 1997. Plant propagation: Principles and Practice, Sixth Edition. Upper Saddle River, NJ, USA: Prentice-Hall.
- HEDGE, I.C. 1982. *Dorystoechas Boiss. & Heldr. ex Benth.* Rev. Flora of Turkey. Volume: 7. Editor: Davis, D. Edinburgh: Edinburgh University Press 22: 461-462.
- HELM, A., OJA, T., SAAR, L., TAKKIS, K., TALVE, T. and PÄRTEL, M. 2009. Human influence lowers plant genetic diversity in communities with extinction debt. *Journal of Ecology*, 97: 1329-1336.
- HENS, L. and BOON, E. 2003. Causes of Biodiversity Loss: a Human Ecological Analysis. Multiciencia.http://www.multiciencia.unicamp.br/artigos_01/A1_HensBoon_ing.PDF. Son erişim tarihi: 10 Kasım 2016.
- HİLOOĞLU, M., YÜCEL, E., KANDEMİR, A. ve SÖZEN, E., 2016. Endemik *Teucrium leucophyllum* (Lamiaceae) tohumlarında in vitro çimlendirme çalışmaları. *Sinop Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*. 1(1): 53 – 61.
- HOLDEREGGER, R. and WAGNER, H.H. 2006. A brief guide to Landscape Genetics, *Landscape Ecol.*, 21: 793–796.
- HOLDEREGGER, R., BUEHLER, D., GUGERLI, F. and MANEL, S. 2010. Landscape genetics of plants. *Trends in Plant Science* 15(12): 675–683.
- HUGHES, A.R., INOUE, B.D., JOHNSON-MARC, T.J., UNDERWOOD, N. and VELLEND, M. 2008. Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology Letters*, 11: 609–623.
- HUSON, D. H. and BRYANT, D. 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Mol. Biol. Evol.*, 23: 254-267.
- JACQUEMYN, H., VANDEPITTE, K., BRYN, R., HONNAY, O. and ROLDAN-RUIZ, I. 2007. Fitness variation and genetic diversity in small, remnant populations of the food deceptive orchid *Orchis purpurea*. *Biol Conserv.*, 139: 203–210.
- JEONG, J.H., LEE, B.C., YOO, K.O., JANG, S.K. and KIM, Z.S. 2012. Influence of small-scale habitat patchiness on the genetic diversity of the Korean endemic

- species *Saussurea* young *sanica* (*Asteraceae*). *Biochemical Systematic and Ecology*, 43: 14–24.
- JORDAN, F., BALDI, A., ORCI, K.M., RACZ, I. and VARGA, Z. 2003. Characterizing the importance of habitat patches and corridors in maintaining the landscape connectivity of a *Pholidoptera transsylvanica* (*Orthoptera*) metapopulation. *Landsc. Ecol.* 18: 83–92.
- JORDAN, F., MAGURA, T., TOTHEMERESZ, B., VASAS, V. and KÖDÖBÖCZ, V. 2007. Carabids (*Coleoptera: Carabidae*) in a forest patchwork: a connectivity analysis of the Bereg Plain landscape graph. *Landscape Ecol.* 22: 1527–1539.
- JUMP, A.S., MARCHANT, R. and PENUELAS, J. 2009. Environmental change and the option value of genetic diversity. *Trends in Plant Science*, 14: 51–58.
- KABAR, K., 1997. Comparison of Reversal of Abscissic Acid-Induced Inhibition of Seed Germination and Seedling Growth of Some Gramineae and Liliaceae Members by Kinetin and Gibberellic Acid. *Turk.J.Bot.*, 21: 203–210.
- KADIS, C., KOUNNAMAS, C. and GEORGHIOU, K., 2010. Seed germination and conservation of endemic, rare and threatened aromatic plants of Cyprus. *Israel Journal of Plant Sciences*. 58: 251–261.
- KAHRAMAN, A., BAGHERPOUR, S., KARABACAK, E., DOĞAN, M., DOĞAN, H.M., UYSAL, İ. ve CELEP, F. 2012. Reassessment of conservation status of the genus *Salvia* (*Lamiaceae*) in Turkey II, *Turkish Journal of Botany*, 36: 103–124.
- KALENDAR, R., ANTONIUS, K., SMYKAL, P. and SCHULMAN, A.H. 2010. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation. *Theor Appl Genet.*, 121: 1419–1430.
- KAMM, U., GUGERLI, F., ROTACH, P., EDWARDS, P. and HOLDEREGGER, R. 2010. Open areas in a landscape enhance pollen-mediated gene flow of a tree species: evidence from northern Switzerland. *Landsc Ecol.*, 25: 903–911.
- KARA, N., 2011. Uçucu Yağ Üretimine Uygun Lavanta (*Lavandula sp.*) Çeşitlerinin Belirlenmesi ve Mikroçoğaltım Olanaklarının Araştırılması, SDÜ, Fen Bil. Enstitüsü Doktora Tezi, Isparta.
- KARA, N., H. BAYDAR, S. Ve ERBAŞ, 2011. Farklı Çelik Alma Dönemleri ve İBA Dozlarının Bazı Tıbbi Bitkilerin Köklenmesi Üzerine Etkileri. *Derim Dergisi*, 28(2): 71–81.
- KARAGÖZLER, A. A., ERBAĞ, B., EMEK, Y. Ç. ve UYGUN, D. A. 2008. Antioxidant activity and proline content of leaf extracts from *Dorystoechas hastata*. *Food Chemical*, 111: 400–407

- KARAGÜZEL, O. ve GİRMEN, B. 2009. Morphological variation of chaste tree (*Vitex agnus-castus*) genotypes from southern Anatolia, Turkey. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 37: 253-261.
- KARRON, J.D., LINHART, Y.B., CHAULK, C.A. and ROBERTSON, C.A. 1988. Genetic structure of populations of geographically restricted and widespread species of *Astragalus* (Fabaceae). *American Journal of Botany*, 75: 1114–1119.
- KAYANI, W.K., RANI, R., UL-HAQ, I. and MIRZA, B. 2014. Seasonal and geographical impact on the morphology and 20-hydroxyecdysone content in different tissue types of wild *Ajuga bracteosa* Wall. ex Benth. *Steroids*, 87: 12–20.
- KELLER, K.F. and WALLER, D.M. 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends in ecology and Evolution*, 17: 230-240.
- KELLER, D., BRODBECK, S., FLÖS, S I., VONWIL, G. and HOLDEREGGER, R. 2010. Ecological and genetic measurements of dispersal in a threatened dragonfly. *Biol. Conserv.*, 143: 2658–2663.
- KELLER, D., VAN STRIEN, M.J. and HOLDEREGGER, R. 2012. Do landscape barriers affect functional connectivity of populations of an endangered damselfly? *Freshw Biol.*, 57: 1373–1384.
- KEITT, T., URBAN, D. and MILNE, B.T., 1997. Detecting critical scales in fragmented landscapes. *Conserv. Ecol.*, 1 (1): 4.
- KIMURA, M. and CROW, J. F. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*. 49: 725- 738.
- KOKKO, H. and LOPEZ-SEPULCRE, A. 2006. From Individual Dispersal to Species Ranges: Perspectives for a Changing World. *Science*, 11(313): 789-791.
- KONICA MINOLTA, 2003. Precise Colour Communication-Colour Control from Perception to Instrumentation. Konica Minolta Sensing Inc., München.
- KUMAR, N. and SREEJA, K. V., 1996. Effect of Growth Regulator On the Rooting Ability of Lavender (*Lavandula angustifolia* Mill). *Indian Perfumer*, 40: 93–94.
- LANZORO, G.C. and TRIPET, F. 2003. Gene flow among populations of *Anopheles gambiae*: a critical review. In: Ecological Aspects for the Application of Genetically Modified Mosquitoes (Takken, W. and Scott T.W., eds), pp. 109 – 132. *Frontis Press*, Wageningen, the Netherlands.
- LARSON, A., WAKE, D.B. and YANEV, K., P. 1983. Measuring gene flow among populations having high levels of genetic fragmentation. Genetics Society of America. *Genetics*, 106: 293-308.
- LATTA, R.G. 2006. Integrating patterns across multiple genetic markers to infer spatial processes, *Landscape Ecol.* 21: 809–820.

- LEAKEY, R.R.B., 1983. Stock Plant Factors Affecting Root Initiation in Cuttings of *Triplochiton Scleroxylon K.Schum.* an Indogenous Hardwood of West Africa. *J.of.Hort. Sci.*, 58(2): 277-290.
- LEDIG, F.T. and CONKLE, M.T. 1983. Gene diversity and genetic structure in a narrow endemic, *Torreypine (Pinustorreyana ParryexCarr.)*. *Evolution*, 37: 79-85.
- LESNE, A. 2006. Complex networks: from graph theory to biology. *Lett. Math. Phys.* 78: 23-262.
- LEIMU, R., MUTIKAINEN, P., KORICHEVA, J. and FISCHER, M. 2006. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *Journal of Ecology*, 94: 942-952.
- LEZZONI, A.F. and PRITTS, M.P. 1991. Application of principal component analysis to horticultural research. *HortScience* 26(4): 334-338.
- LEWONTIN, R.C. 1972. The apportionment of human diversity. *Evol. Biopl.* 6: 381-398.
- LI, G. And QUIROS, C.F. 2001. Sequence-related Amplified Polymorphism (SRAP) a new marker system based on a simple, PCR reaction: its application to mapping, and gene tagging in Brassica. *14 Theor. Appl. Genet.*, 103: 455-461.
- LIIRA, J., SCHMIDT, T., AAVIK, T., ARENS, P., AUGENSTEIN, I. and BAILEY, D., 2008. Plant functional group composition and large-scale species richness in the agricultural landscapes of Europe. *J Veg Sci* 19: 3-14.
- LINDSAY, D.L., BARR, K.R., LANC, R.F., TWEDDALE, S.A., HAYDEN, T.J. and LEBERG, P.L. 2008. Habitat fragmentation and genetic diversity of an endangered, migratory songbird, the golden-cheeked warbler (*Dendroica chrysoparia*). *Molecular Ecology*, 17: 2122-2133.
- LINHART, Y.B. and PREMOLI, A.C., 1993. Comparison of the genetic variability in *Aletes humilis*, a rare plant species, and its common relative *Aletesacaulis* in Colorado. *American Journal of Botany*, 80: 598-605.
- LUNA, R.B., PEREZ, B., TOREES, I. and MORENO, J.M., 2012. Effects of Incubation Temperature on Seed Germination of Mediterranean Plants with Different Geographical Distribution Ranges. *Folia. Geobot.* 47: 17-27.
- MACARTHUR, R.H. and WILSON, E.O. 1967. The Theory of Island Biogeography. Princeton Univ Press, Princeton.
- MANEL, S. and HOLDEREGGER, R. 2013. Ten years of landscape genetics. *Trends Ecol Evol.*, 28: 614-62.

- MANEL, S., SCHWARTZ, M.K., LUIKART, G. and TABERLET, G. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends Ecol Evol.*, 18: 189–197.
- MARTIN-CUEVAS, M.A., MATTIONI, C., MOLINA-MARTINEZ, J.R., ALVAREZ-CABELLO, J.B., CHERUBINI, M., HERRERAMACHUCA, M.A., VILLANI, F. and MARTIN-MARTIN, L.M.. 2012. Landscape genetic structure of chestnut (*Castanea sativa* Mill.) in Spain. *Tree Genetics and Genomes*, 8: 127-136.
- MCGARIGAL, K., CUSHMAN, S.A., NEEL, M.C. and ENE, E. 2002. FRAGSTATS: spatial pattern analysis program for categorical maps. Computer software program produced by the authors at the University of Massachusetts, Amherst. <http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html>. Son erişim tarihi: 9 Eylül 2016.
- MENGES, E.S., 1986. Predicting the future of rare plant populations: demographic monitoring and modelling. *Natural Areas Journal*, 6: 13–25.
- MERİÇLİ, F. ve MERİÇLİ, A.H. 1986. The essential oil of *Dorystoechas hastata*. *Planta. Med.*, 52: 506.
- MINOR, E. S. and URBAN, D. L. 2007. Graph theory as a proxy for spatially explicit population models in conservation planning. *Ecol. Appl.* 17: 1771-1782.
- MLADENOFF, D.J. and DEZONIA, B. 2004. APACK 2.23 analysis software user's guide. Forest Landscape Ecology Lab. Dept. of Forestry, UW-Madison, Madison <http://forestlandscape.wisc.edu/Projects/apack>. Son erişim tarihi: 9 Eylül 2016.
- MOILANEN, A. and HANSKI, I. 2001. On the use of connectivity measures in spatial ecology. *Oikos* 95: 147-151.
- MONDEN, Y., YAMAGUCHI, K. and TAHARA, M. 2014. Application of iPBS in high-throughput sequencing for the development of retrotransposon-based molecular markers. *Current Plant Biology*, 1: 40-44.
- NEEL, M. C. 2008. Patch connectivity and genetic diversity conservation in the federally endangered and narrowly endemic plant species *Astragalus albens* (Fabaceae). *Biol. Conserv.*, 141: 938-955.
- NEI, M., 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- NEI, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
- NEI, M., 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, NY.
- NOSS, R.F., ROE, E.T.L. and SCOTT, J.M. 1995. Endangered Ecosystems in the United States: A Preliminary Assessment of Loss and Degradation. U.S. Department of the Interior, National Biological Service, Washington, DC.

- O'BREIN, J., 2013. Seed Germination and Seed Bank of *Scutellaria* Species. Bachelor of science in biological sciences with honors. Eastern Illinois University Charleston, Illinois, USA.
- OKOGAMI, N. and TERUI, K., 1996. Differences in the rates of metabolism of various Triacylglycerols during Seed germination and the subsequent growth of seedlings of *Dioscorea tokoro* perennial. *Herb. Plant cell physiol.* 37 (3): 273-277.
- ORMAN VE SU İŞLERİ BAKANLIĞI, 2015a. Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü,. Beydağları Sahil Milli Parkı. <http://www.milliparklar.gov.tr/mp/beydaglari/index.htm>. Son erişim tarihi: 30.03.2015
- ORMAN VE SU İŞLERİ BAKANLIĞI, 2015b. Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü, Güllük Dağı- Termessos Milli Parkı. <http://www.milliparklar.gov.tr/mp/termsos/index.htm>. Son erişim tarihi: 30.03.2015
- OUBORG, N.J., VERGEER, P. and MIX, C. 2006. Thorough edges of the conservation genetics paradigm for plants. *Journal of Ecology*, 94: 1233–1248.
- ÖZCAN, İ.İ., ARABACI, O. ve ÖĞRETMEN, N.G., 2013. Lavanta (*Lavandula hybrida*)'nın Köklenmesi Üzerine Farklı Hormon Dozları ve Köklendirme Ortamlarının Etkisi. V.Süs Bitkileri Kongresi Bildiriler Kitabı, Cilt 2, 529-534 s., ISBN: 978-605-4672-71-4.
- ÖZTÜRK, N.K., 1990. *Dorystoechas hastata* Uçucu Yağının Bileşimi (Yüksek Lisans Tezi). Anadolu Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Farmakognozi Anabilimdalı.
- PALAVAN-ÜNSAL, N., 1993. Bitki Büyüme Maddeleri. İst. Üniv. Basımevi ve Film Merkezi, Üniversite Yayın No: 3677, İstanbul, p: 357.
- PARTEL, M., HELM, A., REITALU, T., LIIRA, J. and ZOBEL, M. 2007. Grassland diversity related to the Late Iron Age human population density. *Journal of Ecology*, 95: 574–582
- PASCUAL-HORTAL, L. and SAURA, S. 2006. Comparison and development of new graph-based landscape connectivity indices: towards the prioritization of habitat patches and corridors for conservation. *Landscape Ecology*, 21(7): 959-967.
- PASCUAL-HORTAL, L. and SAURA, S. 2008. Integrating landscape connectivity in broad-scale Forest planning through a new graph-based habitat availability methodology: application to capercaillie (*Tetrao urogallus*) in Catalonia (NE Spain). *Eur. J. For. Res.* 127: 23-31.
- PASCUAL, M. And DUNNE, J. A. 2006. Ecological networks: linking structure to dynamics in food webs. Oxford Univ. Press.

- PAVLACKY, D.C., GOLDIZEN, A.W., PRENTIS, P.J., NICHOLLS, J.A. and LOWE, A.J. 2009. A landscape genetics approach for quantifying the relative influence of historic and contemporary habitat heterogeneity on the genetic connectivity of a rainforest bird. *Molecular Ecology*, 18: 2945–2960.
- PEŞMEN, H. 1980. Olimpos-Beydağları Milli Parkının Florası (TÜBİTAK Temel Bilimler Araştırma Grubu, Proje No.TBAG-335 Projesi Sonuç Raporu). Hacettepe Üniversitesi Fen Fakültesi Botanik Bölümü, Ankara.
- PETIT, R.J., DUMINIL, J., FINESCHI, S., HAMPE, A., SALVINI, D. and VENDRAMIN, G.G. 2005. Comparative organization of chloroplast, mitochondrial and nuclear diversity in plant populations. *Mol Ecol.* 14: 689-701.
- POMETTI, C.L., BESSEGA, C.F., VILARDI, J.C. and SAIDMAN, B.O. 2012. Landscape genetic structure of natural populations of *Acacia caven* in Argentina. *Tree Genetic and Genomes*, 8: 911–924.
- PRUGH, L.R., HODGES, K.E., SINCLAIR, A.R.E. and BRASHARES, J.S., 2008. Effect of habitat area and isolation on fragmented animal populations. *PNAS*, 105(52): 20770–20775.
- QUIHUI, Z., HUIXIN, P., QIANG, Z., TONGMING, Y., HUJYU, Z. and MINREN, H. 2002. Analysis of genetic structure of natural populations of *Castanopsis fargesii* by RAPDs. *Acta Botanica Sinica*, 44(11): 1321-1326.
- RANDS, M.R.W., ADAMS, W.M., BENNUN, L., BUTCHART, S.H.M., CLEMENTS, A., COOMES, D., ENTWISTLE, A., HODGE, I., KAPOV, V., SCHARLEMANN, J.P.W., SUTHERLAND, W.J. and VIRA, B. 2010. Biodiversity Conservation: Challenges Beyond 2010, *Science*, 329: 1298-1300.
- REED, D.H. 2004. Extinction risk in fragmented habitats. *Animal Conservation*, 7: 181–191
- REYNOLDS, J., WEIR, B.S., and COCKERHAM, C.C. 1983. Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105: 767-779.
- RICOTTA, C., STANISCI, A., AVENA, G.C. and BLASI, C. 2000. Quantifying the network connectivity of landscape mosaics: a graph-theoretical approach. *Commun. Ecol.* 1: 89–94.
- ROHLF, E.J. 1993. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 1.80. Applied Biostatistics Inc., Setauket, New York, USA.
- SAITAU, N. and NEI, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol.* 4(4): 406-25.
- SAS INSTITUTE INC., 1999. Product or service names are registered trademarks or trademarks of SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

- SAURA, S. and PASCUAL-HORTAL, L. 2007a. A new habitat availability index to integrate connectivity in landscape conservation planning: comparison with existing indices and application to a case study. *Landscape and Urban Planning*, 83 (2-3): 91-103.
- SAURA, S. and PASCUAL-HORTAL, L. 2007b. Conefor Sensinode 2.2 User's Manual. Software for quantifying the importance of habitat patches for landscape connectivity through graphs and habitat availability indices. Copyright 2007 © University of Lleida. <http://www.conefor.org/files/usuarios/CS22manual.pdf>. Son Erişim tarihi: 30.09.2016.
- SAURA, S. and RUBIO, L., 2010. A common currency for the different ways in which patches and links can contribute to habitat availability and connectivity in the landscape. *Ecography* 33: 523–537.
- SAURA, S. and TORNÉ, J. 2009. Conefor Sensinode 2.2: a software package for quantifying the importance of habitat patches for landscape connectivity. *Environmental Modelling & Software*, 24: 135-139.
- SAURA, S. and TORNÉ, J. 2012. Conefor 2.6 user manual (April 2012). Universidad Politécnica de Madrid. Available at www.conefor.org. Son erişim tarihi: 9 Eylül 2016.
- SCHEMSKE, D.W., HUSBAND, B.C., RUCKELSHAUS, C.G., GOODWILLIE, C., PARKER, I.M. and BISHOP, J.G., 1994. Evaluating approaches to the conservation Of rare and endangered plants. *Ecology*, 75: 584– 606.
- SCHICK, R. S. and LINDLEY, S. T. 2007. Directed connectivity among fish populations in a riverine network. *J. Appl. Ecol.* 44: 1116-1126.
- SCHULZE, D.M., WALKER, J.L. and SPIRA, T.P., 2002. Germination and seed bank studies of *Macbridea alba* (Lamiaceae), a federally threatened plant. *Castanea*. 67(3); 280-289.
- SCHUMAKER, N.H. 1996. Using landscape indices to predict habitat connectivity. *Ecology*, 77 (4): 1210–1225.
- SEVER MUTLU, S., YILDIZ, F. ve SELİM, C., 2013. Hayıt (*Vitex agnus-castus* L.) bitkisinin çelikle üretimine bitki büyüme düzenleyicilerin etkisi. V.Süs Bitkileri Kongresi Bildiriler Kitabı, Cilt 1, 499-504 s., ISBN: 978-605-4672-71-4.
- SPEAR, S.F., BALKENHOL, N., FORTIN, M.J., MCRAE, B.H. and SCRIBNER, K. 2010. Use of resistance surfaces for landscape genetic studies: considerations for parameterization and analysis. *Mol Ecol*, 19: 3576–3591.
- SPIELMAN, D., BROOK, B.W. and FRANKHAM, R. 2004. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 101: 15261–15264.

- STEFANCIC, M, STAMPAR, F., and OSTERC, G., 2005. Influence of IAA and AIB on root development and quality of Prunus 'Gisela 5' leafy cuttings. Ljubljana, Slovenia. *HortScience* 40(7): 2052-2055.
- STEVENS, V.M., POLUS, E., WESSELINGH, R.A., SCHKICKZELL and BAGUETTE, M. 2004. Quantifying functional connectivity: experimental evidence for patch-specific resistance in the Natterjack toad (*Bufo calamita*). *Landsc. Ecol.*, 19: 829–842.
- STOATE, C., BOATMAN, N.D., BORRALHO, R.J., CARVALHO, C.R., DE SNOO, G.R. and EDEN, P. 2001. Ecological impacts of arable intensification in Europe. *Journal of Environmental Management*, 63: 337–365.
- STORFER, A., MURPHY, M.A., EVANS, J.S., GOLDBERG, C.S., ROBINSON, S., SPEAR, S.F., DEZZANI, R., DELMELLE, E., VIERLING, L. and WAITS, L.P., 2006. Putting the “landscape” in landscape genetics. *Heredity*, 98: 128–142.
- STORFER, A., MURPHY, M.A., SPEAR, S.F., HOLDEREGGER, R. and WAITS, L.P. 2010. Landscape genetics: where are we now?. *Molecular Ecology*, 19: 3496-3514.
- STRID, A., 1987. New taxa and new records from the mountains of SW and SC Turkey. *Bot. Jahrb. Syst.*, 108: 301-341.
- STROGATZ, S. H. 2001. Exploring complex networks. *Nature*, 410: 268-276.
- SUBASI, Ü. ve GÜVENSEN, A. 2010. Seed germination studies on rare endemic *Salvia smyrnaea* Boiss. (Lamiaceae). *Biological Diversity and Conservation*, 3(3): 126-132.
- TANSI, S., KARAMAN, S. ve TONCER, O. 2009. Ecological and morphological variation of wild *Ruscus aculeatus* from Mediterranean region of southern Turkey. *Acta Horticulturae (ISHS)*, 826: 175-184.
- TAYLOR, P., FAHRIG, L., HENEIN, K. and MERRIAM, G. 1993. Connectivity is a vital element of landscape structure. *Oikos*, 68 (3): 571–573.
- TEIMOURI, M.S., KOOCHEKI, A. and MAHALLATI, M.N., 2013. Seed germination and breaking of seed dormancy techniques for endemic *Hymenocrater platystegius* Rech.f. of Khorasan Razavi province, Iran. *International Journal of Agriculture and Crop Sciences*, 6 (12): 885-889.
- THOMPSON, K. and JONES, A. 1999. Human population density and prediction of local plant extinction in Britain. *Conservation Biology*, 13: 185–189.
- TISCHENDORF, L. and FAHRIG, L., 2000a. How should we measure landscape connectivity?. *Landscape Ecology*, 15: 633–641.

- TISCHENDORF, L. and FAHRIG, L., 2000b. On the usage and measurement of landscape connectivity. *Oikos*, 90: 7–19.
- TSUDA, Y., SAWADA, H., OHSAWA, T., NAKAO, K., NISHIKAWA, H. and IDE, Y. 2010. Landscape genetic structure of *Betula maximowicziana* in the Chichibu mountain range, central Japan. *Tree Genetics & Genomes*, 6: 377387.
- TURNA, I. 2004. Variation of morphological characters of Oriental spruce (*Picea orientalis*) in Turkey. *Biologia (Bratislava)*, 59 (4): 519-526.
- TURNA, I. and GÜNEY, D. 2009. Altitudinal variation of some morphological characters of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Turkey. *African Journal of Biotechnology*, 8 (2): 202-208.
- ULUBEN, A., MERİÇLİ, A.H. ve MERİÇLİ, F. 2004. Diterpenes and Norditerpenes from the Roots of *Dorystoechas hastata*. *Pharmazie*, 59-4201, 301-3.
- URBAN, D. and KEITT, T. 2001. Landscape connectivity: a graphtheoretic perspective. *Ecology*, 82: 1205-1218.
- ÜNAL, O., GÖKÇEOĞLU, M. ve TOPÇUOĞLU, Ş.F., 2004. Antalya Endemiği *Origanum Türlerinin* Tohum Çimlenmesi ve Çelikle Çoğaltılması Üzerinde Araştırmalar. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 17(2): 135-147.
- ÜNYAYAR, S., 1995. *Phanerochaete chrysosporium* ME446'da Kültür Periyoduna Bağlı Olarak İndol-3-Asetik Asit (IAA), Gibberellik Asit (GA₃), Absisik Asit (ABA) ve Zeatin Üretimi ve Biyolojik Aktivitelerinin Tayini. İnönü Üniv. Fen Bil. Enst. Doktora Tezi, p: 163.
- VALANT-VETSCHERA, K., ROITMAN, J.N. ve WOLLENWEBER, E. 2003. Chemodiversity of exudate flavonoids in some members of the *Lamiaceae*, *Biochemical Systematics and Ecology*, 31: 1279-1289.
- VAN TOGEREN, O.F.R., 2002. Cluster analyses. In: Jongman RGH, ter Braak CJF, van Togerren OFR ed. Data analyses in community and landscape ecology. Cambridge, United Kingdom, Cambridge University Press. 299 p.
- VENTURELLA, P., VENTURELLA, G., MARINO, M.S. MERİÇLİ, A.H. and ÇUBUKCU, B. 1988. Phytochemical Investigation of the Labiatae *Dorystoechas hastata*. *Giornol Botany*, 122: 291-294.
- VERBEYLEN, G., DE BRUYN, L., ADRIAENSEN, F. and MATTHYSEN, E. 2003. Does matrix resistance influence Red squirrel (*Sciurus vulgaris* L. 1758) distribution in an urban landscape? *Landsc. Ecol.*, 18: 791–805
- VERNESI, C., ROCCHINI, D., PECCHIOLI, E., NETELER, M.I., VENDRAMIN, G.G. and PAFFETTI, D. 2012. A landscape genetics approach reveals ecological-based differentiation in populations of holm oak (*Quercus ilex* L.) at the northern limit of its range. *Biological Journal of the Linnean Society*, 107: 458–467.

- WALKER, J.B., SYTSMA, K.J., TREUTLEIN, J. and WINK, M. 2004. *Salvia* (Lamiaceae) Is Not Monophyletic: Implications for the Systematics, Radiation and Ecological Specializations of *Salvia* and Tribe Mentheae. *American Journal of Botany*, 91: 1115-1125.
- WANG., X.L., ZHAO, Z. and QUAN, J.E., 2011. Indole-3-Butyric acid on rooting and endogenous plant hormones in tetraploid and diploid pseudoacacia hardwood cuttings. *Phyton-International Journal of Experimental*, 80: 93-100.
- WANG, Y. and YAN, G. 2013. Genetic diversity and population structure of *Opisthopappus longilobus* and *Opisthopappus taihangensis* (Asteraceae) in China determined using sequence related amplified polymorphism markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2013(49): 115–124.
- WEIR, B.S. and COCKERHAM, C.C., 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6): 1358-1370.
- WOLF, A.T., HOWE, R.W. and HAMRICK, J.L. 2000. Genetic diversity and population structure of the serpentine endemic *Calystegia collina* (Convolvulaceae) in Northern California. *American Journal of Botany*, 87: 1138–1146.
- WORLD RESOURCES INSTITUTE, 1998. A Guide to World resources 1998–1999: Environmental Change and Human Health. World Resources Institute, Washington DC.
- WRIGHT, S. 1978. Variability within and among natural populations. Vol. 4. The Univ. of Chicago Pres, Chicago.
- WRIGHT, S., 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16: 97-159
- WRIGHT, S. 1943. Isolation by distance. *Genetics*, 28: 114.
- YANG., Y.Q., HUANG, B.H., YUI, Z.X. and LIAO, P.C., 2015. Inferences of demographic history and fine-scale landscape genetics in *Cycas panzhihuaensis* and implications for its conservation. *Tree Genetics & Genomes*, 11: 78.
- YEH, F.C., YANG, R.C., BOYLE, T., TIMOTHY, B. J., YE, Z.H. and MAO, J. 1997. POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.
- YILMAZ, G., 2006. *Dorystoechas hastata*'nın (Lamiaceae) Biyolojik ve Ekolojik Özellikleri (Yüksek Lisans Tezi). Anadolu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı.
- YILMAZ, S., 2013. Türkiye'nin keşfedilmeyi bekleyen doğal hazinesi; Tıbbi ve aromatik bitkiler. Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Antalya.
- YOSEFZADEH, H., TABARI, M. and ESPAHBODI, K. 2008. Phenotypic variation of Caucasian maple (*Acer velutinum* Boiss.) populations in Mazandaran province. *Iranian Journal of Natural Resources*, 61(2): 389-400.

- ZHANG, H.Y., TIAN,K., YU, Y., LI, L.Y. and YANG, Y.M. 2009. Genetic diversity among natural populations of *Ottelia acuminata* (Gaghep.) Dandy revealed by ISSR. *African Journal of Biotechnology*, 8: 22.

7. EKLER

Ek-1, Arazi Gözlem Formu

ARAZİ GÖZLEM FORMU										
Tarih										
Koordinatları										
H/Yükseliş										
Lehasyon adı										
Çanak Sayısı	1	2	3	4	5					
Bahar										
BİTİBİ BİTİBİLERİ										
	Ölçüm 1	Ölçüm 2	Ölçüm 3	Ölçüm 4	Ölçüm 5	Ölçüm 6	Ölçüm 7	Ölçüm 8	Ölçüm 9	Ölçüm 10
BİTİBİ Boyu										
Yaprak Alan Çapı										
Çiçek Rengi										
Yaprak Endi										
Yaprak Boyu										
Yaprak Rengi										
Yaprak Sapı Boyu										
Başak Boyu										
Başak Endi										
Çiçek Durumu Sap Boyu										
Kalıp Boyu										
Kalıp Endi										
Karolla Boyu										
Karolla Endi										
Karolla Rengi										
Meyve Endi										
Meyve Boyu										
Not										

Ek-2, Popülasyonlar arası 100-250-500-1000 metre koridor genişliklerinde öklit mesafesi, rakım, alan kullanımları/arazi örtüsü, ikili genetik farklılaşma (pairwise F_{ST}) ve genetik benzerlik (%) durumları

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F_{ST})
2	1	4470,37	7,8	905308	20142	0	0	52,0305	0.71424
	3	14907,56	1103,7	2278395	734493	0	0	72,5235	0.34291
	4	16584,04	197,8	3329933	18251	0	0	72,31	0.32706
	5	36485,76	140	5850721	1477808	0	0	63,3594	0.38061
	6	4099,2	54,5	648977	202240	0	0	73,76	0.26786
	7	2085,25	1006,8	339256	109170	0	0	72,168	0.43248
	8	17871,21	-724,7	2858357	747261	0	0	72,234	0.43965
	9	13703,22	192,5	1926581	845438	0	0	69,07	0.46443
	10	2843,48	27	468269	131803	0	0	60,964	0.46877
	11	23569,96	-87,7	3059064	1686303	0	0	72,044	0.42870
	12	7058,41	-290,8	1171390	271668	0	0	71,279	0.46461
	13	20680,46	1055,2	3346459	821010	0	0	49,073	0.67816
	14	24230,18	897,5	4053301	824106	0	0	50,855	0.67879
	15	11216,23	-23,7	1525107	749515	0	0	52,24	0.65449

250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F_{ST})
2	1	4470,37	7,8	2286495	144937	0	0	52,0305	0.71424
	3	14907,56	1103,7	5858619	1791407	0	0	72,5235	0.34291
	4	16584,04	197,8	8321870	166399	0	0	72,31	0.32706
	5	36485,76	140	14704924	3734205	0	0	63,3594	0.38061
	6	4099,2	54,5	1728023	517824	0	0	73,76	0.26786
	7	2085,25	1006,8	904334	334539	0	0	72,168	0.43248
	8	17871,21	-724,7	7216910	1914943	0	0	72,234	0.43965
	9	13703,22	192,5	4920145	2127709	0	0	69,07	0.46443
	10	2843,48	27	1149989	468000	0	0	60,964	0.46877
	11	23569,96	-87,7	7692208	4289020	0	0	72,044	0.42870
	12	7058,41	-290,8	2964877	760574	0	0	71,279	0.46461

13	20680,46	1055,2	8459886	2076591	0	0	49,073	0.67816
14	24230,18	897,5	10202336	2109000	0	0	50,855	0.67879
15	11216,23	-23,7	3810128	1994235	0	0	52,24	0.65449

500 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
2	1	4470,37	7,8	4680243	575322	0	0	52,0305	0.71424
	3	14907,56	1103,7	12303084	3389666	0	0	72,5235	0.34291
	4	16584,04	197,8	16600113	769121	0	0	72,31	0.32706
	5	36485,76	140	29462265	7808690	0	0	63,3594	0.38061
	6	4099,2	54,5	3818548	1065845	0	0	73,76	0.26786
	7	2085,25	1006,8	1988428	882011	0	0	72,168	0.43248
	8	17871,21	-724,7	14459628	4196774	0	0	72,234	0.43965
	9	13703,22	192,5	9919603	4568806	0	0	69,07	0.46443
	10	2843,48	27	2383109	1245564	0	0	60,964	0.46877
	11	23569,96	-87,7	16122258	8232893	0	0	72,044	0.42870
	12	7058,41	-290,8	6123432	1720172	0	0	71,279	0.46461
	13	20680,46	1055,2	17555707	3909948	0	0	49,073	0.67816
	14	24230,18	897,5	20938413	4076959	0	0	50,855	0.67879
	15	11216,23	-23,7	8159444	3841979	0	0	52,24	0.65449

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
2	1	4470,37	7,8	10274911	1807012	0	0	52,0305	0.71424
	3	14907,56	1103,7	27150520	5805779	0	0	72,5235	0.34291
	4	16584,04	197,8	34060001	2249266	0	0	72,31	0.32706
	5	36485,76	140	59147765	16964947	0	0	63,3594	0.38061
	6	4099,2	54,5	9076399	2263184	0	0	73,76	0.26786
	7	2085,25	1006,8	4924109	2385770	0	0	72,168	0.43248
	8	17871,21	-724,7	29178392	9505853	199358	0	72,234	0.43965
	9	13703,22	192,5	20659892	9887718	0	0	69,07	0.46443
	10	2843,48	27	5818946	3007387	0	0	60,964	0.46877
	11	23569,96	-87,7	35781076	14500021	0	0	72,044	0.42870
	12	7058,41	-290,8	12207101	5050900	0	0	71,279	0.46461
	13	20680,46	1055,2	38116480	6385622	0	0	49,073	0.67816

14	24230,18	897,5	44716743	6884796	0	0	50,855	0.67879
15	11216,23	-23,7	18032776	7540863	0	0	52,24	0.65449

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
3	1	19275,18	-1095,9	3273649	612750	0	0	56,56	0.64830
	2	14907,56	-1103,7	2278395	734493	0	0	72,5235	0.34291
	4	28219,08	-905,9	5515126	160065	0	0	70,99	0.30687
	5	27480,2	-963,7	5526502	914	0	0	64,705	0.28861
	6	16339,05	-1049,2	3187935	111251	0	0	72,2879	0.32710
	7	14474,99	-96,9	2213261	713113	0	0	71,8257	0.38895
	8	15161,63	-1828,4	2916423	147279	0	0	72,171	0.42454
	9	6446,53	-911,2	1320681	0	0	0	70,8964	0.40027
	10	13904,19	-1076,7	2591397	220811	0	0	57,423	0.48548
	11	16884,6	-1191,4	3181044	227251	0	0	73,784	0.39181
	12	15538,26	-1394,5	2989992	149034	0	0	71,4918	0.37016
	13	7418,45	-48,5	1515065	2	0	0	50,909	0.65977
	14	10441,95	-206,2	2079004	40763	0	0	52,765	0.65560
	15	25779,22	-1127,4	3778691	1408529	0	0	52,621	0.63535

250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
3	1	19275,18	-1095,9	8358958	1474877	0	0	56,56	0.64830
	2	14907,56	-1103,7	5858619	1791407	0	0	72,5235	0.34291
	4	28219,08	-905,9	1382688	478905	0	0	70,99	0.30687
	5	27480,2	-963,7	1390196	34380	0	0	64,705	0.28861
	6	16339,05	-1049,2	8127332	238440	0	0	72,2879	0.32710
	7	14474,99	-96,9	5661235	1772508	0	0	71,8257	0.38895
	8	15161,63	-1828,4	7303906	473156	0	0	72,171	0.42454
	9	6446,53	-911,2	3387197	32313	0	0	70,8964	0.40027
	10	13904,19	-1076,7	6444442	703902	0	0	57,423	0.48548
	11	16884,6	-1191,4	8103183	535364	0	0	73,784	0.39181

12	15538,26	-1394,5	7465818	499557	0	0	71,4918	0.37016
13	7418,45	-48,5	3843283	62192	0	0	50,909	0.65977
14	10441,95	-206,2	5309691	107534	0	0	52,765	0.65560
15	25779,22	-1127,4	9571667	3514192	0	0	52,621	0.63535

500 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
3	1	19275,18	-1095,9	17136752	2923615	0	0	56,56	0.64830
	2	14907,56	-1103,7	12303084	3389666	0	0	72,5235	0.34291
	4	28219,08	-905,9	27908752	1095519	0	0	70,99	0.30687
	5	27480,2	-963,7	27979379	286011	0	0	64,705	0.28861
	6	16339,05	-1049,2	16700414	423829	0	0	72,2879	0.32710
	7	14474,99	-96,9	11804580	3455601	0	0	71,8257	0.38895
	8	15161,63	-1828,4	14727833	1213700	5288	0	72,171	0.42454
	9	6446,53	-911,2	6992407	239311	0	0	70,8964	0.40027
	10	13904,19	-1076,7	12986481	1702904	0	0	57,423	0.48548
	11	16884,6	-1191,4	16831574	838218	0	0	73,784	0.39181
	12	15538,26	-1394,5	14972033	1351415	0	0	71,4918	0.37016
	13	7418,45	-48,5	7932403	271240	0	0	50,909	0.65977
	14	10441,95	-206,2	10905698	321450	0	0	52,765	0.65560
	15	25779,22	-1127,4	19353207	7211206	0	0	52,621	0.63535

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim m (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
3	1	19275,18	-1095,9	35325409	6366124	0	0	56,56	0.64830
	2	14907,56	-1103,7	27150520	5805779	0	0	72,5235	0.34291
	4	28219,08	-905,9	57468785	2110550	0	0	70,99	0.30687
	5	27480,2	-963,7	56916484	1019168	165921	0	64,705	0.28861
	6	16339,05	-1049,2	34268992	1550286	0	0	72,2879	0.32710
	7	14474,99	-96,9	26622356	5468803	0	0	71,8257	0.38895
	8	15161,63	-1828,4	30249292	2907553	307596	0	72,171	0.42454
	9	6446,53	-911,2	15136181	898054	0	0	70,8964	0.40027
	10	13904,19	-1076,7	27434824	3514739	0	0	57,423	0.48548
	11	16884,6	-1191,4	35966204	944172	0	0	73,784	0.39181
	12	15538,26	-1394,5	30903330	3314361	0	0	71,4918	0.37016
	13	7418,45	-48,5	17113395	698768	165922	0	50,909	0.65977
	14	10441,95	-206,2	23170587	688582	165921	0	52,765	0.65560

15	25779,22	-1127,4	41106768	13592855	0	0	52,621	0.63535
----	----------	---------	----------	----------	---	---	--------	---------

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim m (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
4	1	11557,41	-190	2184240	158616	0	0	53,815	0.71424
	2	16584,04	-197,8	3329933	18251	0	0	72,31	0.34291
	3	28219,08	905,9	5515126	160065	0	0	70,99	0.30687
	5	53035,72	-57,8	3778691	1408529	0	0	64,2756	0.28841
	6	12728,46	-143,3	2577068	0	0	0	71,694	0.32710
	7	14436,49	809	2888978	29697	0	0	70,8256	0.38895
	8	34630,91	-922,5	6202938	754620	0	0	72,2675	0.42454
	9	29560,43	-5,3	5520267	423195	0	0	68,762	0.40027
	10	15296,93	-170,8	3088029	2733	0	0	58,3556	0.48548
	11	40256,43	-285,5	6535067	1547595	0	0	69,3915	0.39181
	12	23225,96	-488,6	4229034	447533	0	0	69,2398	0.37016
	13	35502,39	857,4	6935654	196199	0	0	49,157	0.65977
	14	38942,45	699,7	7533141	286705	0	0	50,098	0.65560
	15	18186	-221,5	3088462	580115	0	0	51,9556	0.63535

250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim m (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
4	1	11557,41	-190	5590145	384805	0	0	53,815	0.71424
	2	16584,04	-197,8	8321870	166399	0	0	72,31	0.34291
	3	28219,08	905,9	13826880	478905	0	0	70,99	0.30687
	5	53035,72	-57,8	21707211	5006897	0	0	64,2756	0.28841
	6	12728,46	-143,3	6476553	83926	0	0	71,694	0.32710
	7	14436,49	809	7130791	283701	0	0	70,8256	0.38895
	8	34630,91	-922,5	15544228	1967477	0	0	72,2675	0.42454
	9	29560,43	-5,3	13691753	1284710	0	0	68,762	0.40027
	10	15296,93	-170,8	7687981	156733	0	0	58,3556	0.48548
	11	40256,43	-285,5	16309401	4015063	0	0	69,3915	0.39181

12	23225,96	-488,6	10637498	1171726	0	0	69,2398	0.37016
13	35502,39	857,4	17361665	585775	0	0	49,157	0.65977
14	38942,45	699,7	18850783	816688	0	0	50,098	0.65560
15	18186	-221,5	7788768	1500477	0	0	51,9556	0.63535

500 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
4	1	11557,41	-190	11493816	848784	0	0	53,815	0.71424
	2	16584,04	-197,8	16600113	769121	0	0	72,31	0.34291
	3	28219,08	905,9	27908752	1095519	0	0	70,99	0.30687
	5	53035,72	-57,8	44022296	9798618	0	0	64,2756	0.28841
	6	12728,46	-143,3	13116802	396853	0	0	71,694	0.32710
	7	14436,49	809	14256377	965307	0	0	70,8256	0.38895
	8	34630,91	-922,5	30881713	4534392	0	0	72,2675	0.42454
	9	29560,43	-5,3	27083279	3262342	0	0	68,762	0.40027
	10	15296,93	-170,8	15304802	777319	0	0	58,3556	0.48548
	11	40256,43	-285,5	32452759	8588863	0	0	69,3915	0.39181
	12	23225,96	-488,6	21321811	2689338	0	0	69,2398	0.37016
	13	35502,39	857,4	34882852	1404729	0	0	49,157	0.65977
	14	38942,45	699,7	38274535	1453104	0	0	50,098	0.65560
	15	18186	-221,5	15812470	3158723	0	0	51,9556	0.63535

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
4	1	11557,41	-190	23569123	2686874	0	0	53,815	0.71424
	2	16584,04	-197,8	34060001	2249266	0	0	72,31	0.34291
	3	28219,08	905,9	57468785	2110550	0	0	70,99	0.30687
	5	53035,72	-57,8	89466052	19746568	0	0	64,2756	0.28841
	6	12728,46	-143,3	27238254	1359850	0	0	71,694	0.32710
	7	14436,49	809	30019165	1994997	0	0	70,8256	0.38895
	8	34630,91	-922,5	61614483	10589167	199358	0	72,2675	0.42454
	9	29560,43	-5,3	53962710	8299329	0	0	68,762	0.40027
	10	15296,93	-170,8	30946505	2788536	0	0	58,3556	0.48548
	11	40256,43	-285,5	65719236	17934806	0	0	69,3915	0.39181
	12	23225,96	-488,6	42830854	6762238	0	0	69,2398	0.37016
	13	35502,39	857,4	70680090	3465865	0	0	49,157	0.65977
	14	38942,45	699,7	77942481	3083595	0	0	50,098	0.65560

15	18186	-221,5	32777173	6736011	0	0	51,9556	0.63535
----	-------	--------	----------	---------	---	---	---------	---------

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçuması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
5	1	41035,33	-132,2	6755551	1482890	0	0	58,65	0.46230
	2	36485,76	-140	5850721	1477808	0	0	63,3594	0.38061
	3	27480,2	963,7	5526502	914	0	0	64,703	0.28861
	4	53035,72	57,8	3778691	1408529	0	0	64,2756	0.28841
	6	40037,63	-85,5	3088462	580115	0	0	61,7949	0.33419
	7	37577,75	866,8	5862983	1683943	0	0	64,357	0.30484
	8	19056,02	-864,7	3289478	278410	274691	0	63,1862	0.34535
	9	23452,03	52,5	4045558	676226	0	0	62,075	0.35645
	10	37496,37	-113	5746596	1784055	0	0	63,8096	0.21072
	11	12245,09	-227,7	2480395	0	0	0	64,8915	0.30072
	12	30169,58	-430,8	5326592	371625	367075	0	61,9253	0.34145
	13	19045,84	915,2	3732327	108217	0	0	57,5539	0.45851
	14	18066,97	757,5	3385507	106977	0	106977	58,9914	0.45169
	15	41958,47	-163,7	6476046	1947024	0	0	58,9178	0.45064

250 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
5	1	41035,33	-132,2	17129093	3584818	0	0	58,65	0.46230
	2	36485,76	-140	14704924	3734205	0	0	63,3594	0.38061
	3	27480,2	963,7	13901966	34380	0	0	64,703	0.28861
	4	53035,72	57,8	21707211	5006897	0	0	64,2756	0.28841
	6	40037,63	-85,5	15345856	4869203	0	0	61,7949	0.33419
	7	37577,75	866,8	14651431	4333691	0	0	64,357	0.30484
	8	19056,02	-864,7	8328871	742180	653203	0	63,1862	0.34535
	9	23452,03	52,5	10165945	1756320	0	0	62,075	0.35645
	10	37496,37	-113	14544556	4399880	0	0	63,8096	0.21072
	11	12245,09	-227,7	6318793	0	0	0	64,8915	0.30072

12	30169,58	-430,8	13410410	1025521	845104	0	61,9253	0.34145
13	19045,84	915,2	9351656	367511	0	0	57,5539	0.45851
14	18066,97	757,5	8653357	914	387592	187869	58,9914	0.45169
15	41958,47	-163,7	16500457	4673880	0	0	58,9178	0.45064

500 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
5	1	41035,33	-132,2	35109607	6710907	0	0	58,65	0.46230
	2	36485,76	-140	29462265	7808690	0	0	63,3594	0.38061
	3	27480,2	963,7	27979379	286011	0	0	64,703	0.28861
	4	53035,72	57,8	44022296	9798618	0	0	64,2756	0.28841
	6	40037,63	-85,5	31342880	9479943	0	0	61,7949	0.33419
	7	37577,75	866,8	29303914	9059030	0	0	64,357	0.30484
	8	19056,02	-864,7	17211465	1484974	1144771	0	63,1862	0.34535
	9	23452,03	52,5	21053293	3183930	0	0	62,075	0.35645
	10	37496,37	-113	29245950	9035616	0	0	63,8096	0.21072
	11	12245,09	-227,7	13030287	0	0	0	64,8915	0.30072
	12	30169,58	-430,8	27416977	2220835	1316959	0	61,9253	0.34145
	13	19045,84	915,2	18663712	1133571	31224	2523	57,5539	0.45851
	14	18066,97	757,5	17780247	36593	743069	292253	58,9914	0.45169
	15	41958,47	-163,7	33568132	9005241	0	0	58,9178	0.45064

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
5	1	41035,33	-132,2	71271775	13940056	0	0	58,65	0.46230
	2	36485,76	-140	59147765	16964947	0	0	63,3594	0.38061
	3	27480,2	963,7	56916484	1019168	165921	0	64,703	0.28861
	4	53035,72	57,8	89466052	19746568	0	0	64,2756	0.28841
	6	40037,63	-85,5	64830832	18385606	0	0	61,7949	0.33419
	7	37577,75	866,8	60325500	17971181	0	0	64,357	0.30484
	8	19056,02	-864,7	36254094	3508755	1490363	0	63,1862	0.34535
	9	23452,03	52,5	44629269	5415981	0	0	62,075	0.35645
	10	37496,37	-113	61525543	16608386	0	0	63,8096	0.21072
	11	12245,09	-227,7	27065763	565604	0	0	64,8915	0.30072
	12	30169,58	-430,8	56510073	5479899	1490363	0	61,9253	0.34145
	13	19045,84	915,2	38311912	2310035	362970	247944	57,5539	0.45851
	14	18066,97	757,5	37074809	631748	1276306	292253	58,9914	0.45169

15	41958,47	-163,7	68715605	16972914	0	0	58,9178	0.45064
----	----------	--------	----------	----------	---	---	---------	---------

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütcuması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
6	1	3652,37	-46,7	761849	0	0	0	54,905	0.66565
	2	4099,2	-54,5	648977	202240	0	0	73,76	0.26786
	3	16339,05	1049,2	3187935	111251	0	0	72,2879	0.32710
	4	12728,46	143,3	2577068	0	0	0	71,694	0.32058
	5	40037,63	85,5	3088462	580115	0	0	61,7949	0.33419
	7	1471,75	952,3	6476046	1947024	0	0	74,044	0.43710
	8	21797,24	-779,2	2794782	1596042	0	0	75,158	0.36643
	9	16673,69	138	2855065	511049	0	0	72,595	0.39330
	10	2430,85	-27,5	517546	0	0	0	58,581	0.44262
	11	27285,99	-142,2	3852226	1636349	0	0	74,322	0.39471
	12	11242,71	-345,3	1808023	471895	0	0	72,974	0.40985
	13	23059,64	1000,7	4013622	629682	0	0	50,218	0.65161
	14	26576,22	843	4806626	539994	0	0	51,153	0.65898
	15	13019,18	-78,2	2345473	289732	0	0	53,02	0.62328

250 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
6	1	3652,37	-46,7	1997083	25347	0	0	54,905	0.66565
	2	4099,2	-54,5	1728023	517824	0	0	73,76	0.26786
	3	16339,05	1049,2	8127332	238440	0	0	72,2879	0.32710
	4	12728,46	143,3	6476553	83926	0	0	71,694	0.32058
	5	40037,63	85,5	15345856	4869203	0	0	61,7949	0.33419
	7	1471,75	952,3	798749	133372	0	0	74,044	0.43710
	8	21797,24	-779,2	7161515	3933351	0	0	75,158	0.36643
	9	16673,69	138	7062407	1470687	0	0	72,595	0.39330
	10	2430,85	-27,5	1411670	0	0	0	58,581	0.44262
	11	27285,99	-142,2	9765275	4073969	0	0	74,322	0.39471
	12	11242,71	-345,3	4634576	1183027	0	0	72,974	0.40985

13	23059,64	1000,7	10173303	1552763	0	0	50,218	0.65161
14	26576,22	843	12135893	1348462	0	0	51,153	0.65898
15	13019,18	-78,2	12135893	1348462	0	0	53,02	0.62328

500 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
6	1	3652,37	-46,7	4292879	144678	0	0	54,905	0.66565
	2	4099,2	-54,5	3818548	1065845	0	0	73,76	0.26786
	3	16339,05	1049,2	16700414	423829	0	0	72,2879	0.32710
	4	12728,46	143,3	13116802	396853	0	0	71,694	0.32058
	5	40037,63	85,5	31342880	9479943	0	0	61,7949	0.33419
	7	1471,75	952,3	1732124	524463	0	0	74,044	0.43710
	8	21797,24	-779,2	15289884	7292548	0	0	75,158	0.36643
	9	16673,69	138	13920016	3538868	0	0	72,595	0.39330
	10	2430,85	-27,5	3160067	55975	0	0	58,581	0.44262
	11	27285,99	-142,2	19738973	8332215	0	0	74,322	0.39471
	12	11242,71	-345,3	9710810	2317090	0	0	72,974	0.40985
	13	23059,64	1000,7	20703815	3141019	0	0	50,218	0.65161
	14	26576,22	843	24608433	2752978	0	0	51,153	0.65898
	15	13019,18	-78,2	11795209	2009162	0	0	53,02	0.62328

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
6	1	3652,37	-46,7	9737371	708542	0	0	54,905	0.66565
	2	4099,2	-54,5	9076399	2263184	0	0	73,76	0.26786
	3	16339,05	1049,2	34268992	1550286	0	0	72,2879	0.32710
	4	12728,46	143,3	27238254	1359850	0	0	71,694	0.32058
	5	40037,63	85,5	64830832	18385606	0	0	61,7949	0.33419
	7	1471,75	952,3	5219494	863362	0	0	74,044	0.43710
	8	21797,24	-779,2	33035113	13501185	199358	0	75,158	0.36643
	9	16673,69	138	28821526	7667036	0	0	72,595	0.39330
	10	2430,85	-27,5	7155549	845509	0	0	58,581	0.44262
	11	27285,99	-142,2	40652096	17061075	0	0	74,322	0.39471
	12	11242,71	-345,3	19889410	5737189	0	0	72,974	0.40985
	13	23059,64	1000,7	43482649	5777811	0	0	50,218	0.65161
	14	26576,22	843	50541577	5752042	0	0	51,153	0.65898
	15	13019,18	-78,2	24347061	4832480	0	0	53,02	0.62328

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
7	1	4021,16	-999	729863	105747	0	0	58,742	0.70000
	2	2085,25	-1006,8	339256	109170	0	0	72,168	0.43248
	3	14474,99	96,9	2213261	713113	0	0	71,8257	0.38895
	4	14436,49	-809	2888978	29697	0	0	70,8256	0.42186
	5	37577,75	-866,8	5862983	1683943	0	0	64,357	0.30484
	6	1471,75	-952,3	6476046	1947024	0	0	74,044	0.43710
	8	19337,66	-1731,5	2510416	1388493	0	0	76,2675	0.35770
	9	14295,99	-814,3	2407149	483424	0	0	69,476	0.48899
	10	732,57	-979,8	111145	66744	0	0	61,302	0.45653
	11	24811,82	-1094,5	3394790	1598950	0	0	68,759	0.56364
	12	9113,21	-1297,6	1466170	387848	0	0	69,815	0.54043
	13	20863,45	48,4	3271134	932932	0	0	55,87	0.66087
	14	24400,97	-109,3	4073229	838323	0	0	54,368	0.68302
	15	12713,61	-1030,5	1880602	693496	0	0	56,605	0.63993

250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
7	1	4021,16	-999	2286495	144937	0	0	58,742	0.70000
	2	2085,25	-1006,8	904334	334539	0	0	72,168	0.43248
	3	14474,99	96,9	5661235	1772508	0	0	71,8257	0.38895
	4	14436,49	-809	7130791	283701	0	0	70,8256	0.42186
	5	37577,75	-866,8	14651431	4333691	0	0	64,357	0.30484
	6	1471,75	-952,3	798749	133372	0	0	74,044	0.43710
	8	19337,66	-1731,5	6339370	3525706	0	0	76,2675	0.35770
	9	14295,99	-814,3	5926909	1417332	0	0	69,476	0.48899
	10	732,57	-979,8	329346	233132	0	0	61,302	0.45653
	11	24811,82	-1094,5	8651179	3950978	0	0	68,759	0.56364
	12	9113,21	-1297,6	3631316	1121536	0	0	69,815	0.54043
	13	20863,45	48,4	8463037	2164935	0	0	55,87	0.66087
	14	24400,97	-109,3	10308113	2088618	0	0	54,368	0.68302
	15	12713,61	-1030,5	4838130	1714922	0	0	56,605	0.63993

500 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe	Rakım	Orman	Tarım	Yerleşim	Su	Genetik	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
		(Öklit) (m)	Farkı(m)	(m ²)	(m ²)	(m ²)	yüzeyi (m ²)	benzerlik (%)	
7	1	4021,16	-999	4099933	706425	0	0	58,742	0.70000
	2	2085,25	-1006,8	1988428	882011	0	0	72,168	0.43248
	3	14474,99	96,9	11804580	3455601	0	0	71,8257	0.38895
	4	14436,49	-809	14256377	965307	0	0	70,8256	0.42186
	5	37577,75	-866,8	29303914	9059030	0	0	64,357	0.30484
	6	1471,75	-952,3	1732124	524463	0	0	74,044	0.43710
	8	19337,66	-1731,5	13194479	6928376	0	0	76,2675	0.35770
	9	14295,99	-814,3	11632525	3448655	0	0	69,476	0.48899
	10	732,57	-979,8	854502	662841	0	0	61,302	0.45653
	11	24811,82	-1094,5	17740897	7856118	0	0	68,759	0.56364
	12	9113,21	-1297,6	7319237	2579160	0	0	69,815	0.54043
	13	20863,45	48,4	17814460	3834183	0	0	55,87	0.66087
	14	24400,97	-109,3	21247416	3938744	0	0	54,368	0.68302
	15	12713,61	-1030,5	9991027	3507775	0	0	56,605	0.63993
1000 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe	Rakım	Orman	Tarım	Yerleşim	Su	Genetik	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
		(Öklit) (m)	Farkı(m)	(m ²)	(m ²)	(m ²)	yüzeyi (m ²)	benzerlik (%)	
7	1	4021,16	-999	10274911	1807012	0	0	58,742	0.70000
	2	2085,25	-1006,8	4924109	2385770	0	0	72,168	0.43248
	3	14474,99	96,9	26622356	5468803	0	0	71,8257	0.38895
	4	14436,49	-809	30019165	1994997	0	0	70,8256	0.42186
	5	37577,75	-866,8	60325500	17971181	0	0	64,357	0.30484
	6	1471,75	-952,3	5219494	863362	0	0	74,044	0.43710
	8	19337,66	-1731,5	28085827	13531325	199358	0	76,2675	0.35770
	9	14295,99	-814,3	23557604	8175548	0	0	69,476	0.48899
	10	732,57	-979,8	3036766	1567474	0	0	61,302	0.45653
	11	24811,82	-1094,5	36081188	16683635	0	0	68,759	0.56364
	12	9113,21	-1297,6	14679294	6688304	0	0	69,815	0.54043
	13	20863,45	48,4	38152807	6715274	0	0	55,87	0.66087
	14	24400,97	-109,3	44740971	7202148	0	0	54,368	0.68302
	15	12713,61	-1030,5	22137450	6430951	0	0	56,605	0.63993

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
8	1	22148,18	732,5	3348140	1112873	0	0	55,95	0.73697
	2	17871,21	724,7	2858357	747261	0	0	72,234	0.43965
	3	15161,63	1828,4	2916423	147279	0	0	72,171	0.42454
	4	34630,91	922,5	6202938	754620	0	0	72,2675	0.37108
	5	19056,02	864,7	3289478	278410	274691	0	63,1862	0.34535
	6	21797,24	779,2	2794782	1596042	0	0	75,158	0.36643
	7	19337,66	1731,5	2510416	1388493	0	0	76,2675	0.35770
	9	8444,6	917,2	1127404	592891	0	0	74,809	0.32749
	10	19462,22	751,7	2380683	1543138	0	0	58,955	0.49091
	11	6035,18	637	818619	419793	0	0	73,696	0.47484
	12	10900,05	433,9	2096548	114838	0	0	72,1405	0.49224
	13	12505,07	1779,9	2491681	40709	0	0	51,39	0.69781
	14	14567,37	1622,2	2944850	0	0	0	50,226	0.72433
	15	22793,57	701	3761152	828937	0	0	53,393	0.67526
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
8	1	22148,18	732,5	8610988	2659351	0	0	55,95	0.73697
	2	17871,21	724,7	7216910	1914943	0	0	72,234	0.43965
	3	15161,63	1828,4	7303906	473156	0	0	72,171	0.42454
	4	34630,91	922,5	15544228	1967477	0	0	72,2675	0.37108
	5	19056,02	864,7	8328871	742180	653203	0	63,1862	0.34535
	6	21797,24	779,2	7161515	3933351	0	0	75,158	0.36643
	7	19337,66	1731,5	6339370	3525706	0	0	76,2675	0.35770
	9	8444,6	917,2	3072140	1346407	0	0	74,809	0.32749
	10	19462,22	751,7	6143915	3783442	0	0	58,955	0.49091
	11	6035,18	637	2310948	0	902890	0	73,696	0.47484
	12	10900,05	433,9	5295780	350493	0	0	72,1405	0.49224
	13	12505,07	1779,9	6271915	176869	0	0	51,39	0.69781
	14	14567,37	1622,2	7479933	0	0	0	50,226	0.72433
	15	22793,57	701	9535967	2057065	0	0	53,393	0.67526
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
8	1	22148,18	732,5	18362507	4570871	0	0	55,95	0.73697
	2	17871,21	724,7	14459628	4196774	0	0	72,234	0.43965
	3	15161,63	1828,4	14727833	1213700	0	0	72,171	0.42454
	4	34630,91	922,5	30881713	4534392	0	0	72,2675	0.37108
	5	19056,02	864,7	17211465	1484974	1144771	0	63,1862	0.34535
	6	21797,24	779,2	15289884	7292548	0	0	75,158	0.36643
	7	19337,66	1731,5	13194479	6928376	0	0	76,2675	0.35770
	9	8444,6	917,2	6621884	2607904	0	0	74,809	0.32749
	10	19462,22	751,7	13182447	7064966	0	0	58,955	0.49091
	11	6035,18	637	5384260	114696	1321414	0	73,696	0.47484
	12	10900,05	433,9	10887220	798021	0	0	72,1405	0.49224
	13	12505,07	1779,9	12800854	451086	38326	0	51,39	0.69781
	14	14567,37	1622,2	15236477	116085	0	0	50,226	0.72433
	15	22793,57	701	19548593	4030164	0	0	53,393	0.67526

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
8	1	22148,18	732,5	39561157	7677035	199357	0	55,95	0.73697
	2	17871,21	724,7	29178392	9505853	199358	0	72,234	0.43965
	3	15161,63	1828,4	30249292	2907553	307596	0	72,171	0.42454
	4	34630,91	922,5	61614483	10589167	199358	0	72,2675	0.37108
	5	19056,02	864,7	36254094	3508755	1490363	0	63,1862	0.34535
	6	21797,24	779,2	33035113	13501185	199358	0	75,158	0.36643
	7	19337,66	1731,5	28085827	13531325	199358	0	76,2675	0.35770
	9	8444,6	917,2	15575909	4205910	248555	0	74,809	0.32749
	10	19462,22	751,7	27835429	14030838	199358	0	58,955	0.49091
	11	6035,18	637	12935171	786005	1490363	0	73,696	0.47484
	12	10900,05	433,9	22500593	2259193	181493	0	72,1405	0.49224
	13	12505,07	1779,9	26615388	1037159	498779	0	51,39	0.69781
	14	14567,37	1622,2	31453273	186336	636313	0	50,226	0.72433
	15	22793,57	701	39693868	8386968	181493	0	53,393	0.67526

1:Altımyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazi, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim m (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
9	1	18453,89	-184,7	2853331	868824	0	0	53,905	0.67232
	2	13703,22	-192,5	1926581	845438	0	0	69,07	0.46443
	3	6446,53	911,2	1320681	0	0	0	70,8964	0.40027
	4	29560,43	5,3	5520267	423195	0	0	68,762	0.40120
	5	23452,03	-52,5	4045558	676226	0	0	62,075	0.35645
	6	16673,69	-138	2855065	511049	0	0	72,595	0.39330
	7	14295,99	814,3	2407149	483424	0	0	69,476	0.48899
	8	8444,6	-917,2	1127404	592891	0	0	74,809	0.32749
	10	14061,3	-165,5	2203892	639745	0	0	58,09	0.46891
	11	11497,7	-280,2	2210408	120509	0	0	77,863	0.23364
	12	10995,83	-483,3	1431867	798674	0	0	73,698	0.33443
	13	7313,58	862,7	1228814	265278	0	0	49,294	0.67768
	14	10725,51	705	2068498	107981	0	0	49,692	0.67891
	15	22651,68	-216,2	3152772	1408940	0	0	52,14	0.64917
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
9	1	18453,89	-184,7	7232392	2190802	0	0	53,905	0.67232
	2	13703,22	-192,5	4920145	2127709	0	0	69,07	0.46443
	3	6446,53	911,2	3387197	32313	0	0	70,8964	0.40027
	4	29560,43	5,3	13691753	1284710	0	0	68,762	0.40120
	5	23452,03	-52,5	10165945	1756320	0	0	62,075	0.35645
	6	16673,69	-138	7062407	1470687	0	0	72,595	0.39330
	7	14295,99	814,3	5926909	1417332	0	0	69,476	0.48899
	8	8444,6	-917,2	3072140	1346407	0	0	74,809	0.32749
	10	14061,3	-165,5	5618918	1607983	0	0	58,09	0.46891
	11	11497,7	-280,2	5559018	386082	0	0	77,863	0.23364
	12	10995,83	-483,3	3691366	2002795	0	0	73,698	0.33443
	13	7313,58	862,7	3211416	641624	0	0	49,294	0.67768
	14	10725,51	705	5220565	338439	0	0	49,692	0.67891
	15	22651,68	-216,2	8111702	3410386	0	0	52,14	0.64917
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
9	1	18453,89	-184,7	14475811	4763277	0	0	53,905	0.67232
	2	13703,22	-192,5	9919603	4568806	0	0	69,07	0.46443
	3	6446,53	911,2	6992407	239311	0	0	70,8964	0.40027
	4	29560,43	5,3	27083279	3262342	0	0	68,762	0.40120
	5	23452,03	-52,5	21053293	3183930	0	0	62,075	0.35645
	6	16673,69	-138	13920016	3538868	0	0	72,595	0.39330
	7	14295,99	814,3	11632525	3448655	0	0	69,476	0.48899
	8	8444,6	-917,2	6621884	2607904	0	0	74,809	0.32749
	10	14061,3	-165,5	11477376	3369122	0	0	58,09	0.46891
	11	11497,7	-280,2	11412087	870806	0	0	77,863	0.23364
	12	10995,83	-483,3	7377739	4403281	0	0	73,698	0.33443
	13	7313,58	862,7	6931407	1167370	0	0	49,294	0.67768
	14	10725,51	705	10770403	740301	0	0	49,692	0.67891
	15	22651,68	-216,2	16156380	7280493	0	0	52,14	0.64917

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
9	1	18453,89	-184,7	29534795	10514175	0	0	53,905	0.67232
	2	13703,22	-192,5	20659892	9887718	0	0	69,07	0.46443
	3	6446,53	911,2	15136181	898054	0	0	70,8964	0.40027
	4	29560,43	5,3	53962710	8299329	0	0	68,762	0.40120
	5	23452,03	-52,5	44629269	5415981	0	0	62,075	0.35645
	6	16673,69	-138	28821526	7667036	0	0	72,595	0.39330
	7	14295,99	814,3	23557604	8175548	0	0	69,476	0.48899
	8	8444,6	-917,2	15575909	4205910	248555	0	74,809	0.32749
	10	14061,3	-165,5	24592389	6671400	0	0	58,09	0.46891
	11	11497,7	-280,2	24205565	1931022	0	0	77,863	0.23364
	12	10995,83	-483,3	16564291	8568543	0	0	73,698	0.33443
	13	7313,58	862,7	15978622	1789725	0	0	49,294	0.67768
	14	10725,51	705	22506768	2085438	0	0	49,692	0.67891
	15	22651,68	-216,2	33265163	15179381	0	0	52,14	0.64917

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
10	1	5447,49	-19,2	969708	151166	0	0	60,7207	0.44731
	2	2843,48	-27	468269	131803	0	0	60,964	0.46877
	3	13904,19	1076,7	2591397	220811	0	0	57,423	0.48548
	4	15296,93	170,8	3088029	2733	0	0	58,3556	0.47242
	5	37496,37	113	5746596	1784055	0	0	63,8096	0.21072
	6	2430,85	27,5	517546	0	0	0	58,581	0.44262
	7	732,57	979,8	111145	66744	0	0	61,302	0.45653
	8	19462,22	-751,7	2380683	1543138	0	0	74,809	0.49091
	9	14061,3	165,5	2203892	639745	0	0	58,09	0.46891
	11	24815,51	-114,7	3269735	1724742	0	0	57,87	0.47882
	12	9628,89	-317,8	1393165	563990	0	0	57,889	0.50024
	13	20470,59	1028,2	3317335	808159	0	0	63,95	0.37867
	14	23997,08	870,5	4163766	667027	0	0	65,155	0.36252
	15	13896,39	-50,7	2000688	809965	0	0	64,506	0.36102
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
10	1	5447,49	-19,2	2487590	432403	0	0	60,7207	0.44731
	2	2843,48	-27	1149989	468000	0	0	60,964	0.46877
	3	13904,19	1076,7	6444442	703902	0	0	57,423	0.48548
	4	15296,93	170,8	7687981	156733	0	0	58,3556	0.47242
	5	37496,37	113	14544556	4399880	0	0	63,8096	0.21072
	6	2430,85	27,5	1411670	0	0	0	58,581	0.44262
	7	732,57	979,8	329346	233132	0	0	61,302	0.45653
	8	19462,22	-751,7	6143915	3783442	0	0	74,809	0.49091
	9	14061,3	165,5	5618918	1607983	0	0	58,09	0.46891
	11	24815,51	-114,7	8203160	4400841	0	0	57,87	0.47882
	12	9628,89	-317,8	3476740	1533954	0	0	57,889	0.50024
	13	20470,59	1028,2	8481847	1949697	0	0	63,95	0.37867
	14	23997,08	870,5	10474625	1720165	0	0	65,155	0.36252
	15	13896,39	-50,7	5176084	1968359	0	0	64,506	0.36102
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
10	1	5447,49	-19,2	5067346	1165339	0	0	60,7207	0.44731
	2	2843,48	-27	2383109	1245564	0	0	60,964	0.46877
	3	13904,19	1076,7	12986481	1702904	0	0	57,423	0.48548
	4	15296,93	170,8	15304802	777319	0	0	58,3556	0.47242
	5	37496,37	113	29245950	9035616	0	0	63,8096	0.21072
	6	2430,85	27,5	3160067	55975	0	0	58,581	0.44262
	7	732,57	979,8	854502	662841	0	0	61,302	0.45653
	8	19462,22	-751,7	13182447	7064966	0	0	74,809	0.49091
	9	14061,3	165,5	11477376	3369122	0	0	58,09	0.46891
	11	24815,51	-114,7	17000631	8600070	0	0	57,87	0.47882
	12	9628,89	-317,8	6965917	3448169	0	0	57,889	0.50024
	13	20470,59	1028,2	17486038	3769744	0	0	63,95	0.37867
	14	23997,08	870,5	21129050	3653226	0	0	65,155	0.36252
	15	13896,39	-50,7	10906399	3775186	0	0	64,506	0.36102
1000 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
10	1	5447,49	-19,2	11454529	2581636	0	0	60,7207	0.44731
	2	2843,48	-27	5818946	3007387	0	0	60,964	0.46877
	3	13904,19	1076,7	27434824	3514739	0	0	57,423	0.48548
	4	15296,93	170,8	30946505	2788536	0	0	58,3556	0.47242
	5	37496,37	113	61525543	16608386	0	0	63,8096	0.21072
	6	2430,85	27,5	7155549	845509	0	0	58,581	0.44262
	7	732,57	979,8	3036766	1567474	0	0	61,302	0.45653
	8	19462,22	-751,7	27835429	14030838	199358	0	74,809	0.49091
	9	14061,3	165,5	24592389	6671400	0	0	58,09	0.46891
	11	24815,51	-114,7	37179554	15592641	0	0	57,87	0.47882
	12	9628,89	-317,8	14359419	8039551	0	0	57,889	0.50024
	13	20470,59	1028,2	37626813	6455550	0	0	63,95	0.37867
	14	23997,08	870,5	44305169	6830177	0	0	65,155	0.36252
	15	13896,39	-50,7	23601759	7332207	0	0	64,506	0.36102

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçuması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
11	1	28034,8	95,5	4862804	775532	0	0	53,994	0.75481
	2	23569,96	87,7	3059064	1686303	0	0	72,044	0.42870
	3	16884,6	1191,4	3181044	227251	0	0	73,784	0.39181
	4	40256,43	285,5	6535067	1547595	0	0	69,3915	0.41138
	5	12245,09	227,7	2480395	0	0	0	64,8915	0.30072
	6	27285,99	142,2	3852226	1636349	0	0	74,322	0.39471
	7	24811,82	1094,5	3394790	1598950	0	0	68,759	0.56364
	8	6035,18	-637	818619	419793	0	0	73,696	0.47484
	9	11497,7	280,2	2210408	120509	0	0	77,863	0.23364
	10	24815,51	114,7	3269735	1724742	0	0	57,87	0.47882
	12	17115,52	-203,1	3037385	140041	277054	0	78,004	0.29119
	13	10961,12	1142,9	2223601	0	0	0	48,285	0.72235
	14	11314,05	985,2	1972789	321397	0	0	49,062	0.72803
	15	29040,82	64	4849525	840984	149032	0	52,749	0.68317
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
11	1	28034,8	95,5	12155222	2058426	0	0	53,994	0.75481
	2	23569,96	87,7	7692208	4289020	0	0	72,044	0.42870
	3	16884,6	1191,4	8103183	535364	0	0	73,784	0.39181
	4	40256,43	285,5	16309401	4015063	0	0	69,3915	0.41138
	5	12245,09	227,7	6318793	0	0	0	64,8915	0.30072
	6	27285,99	142,2	9765275	4073969	0	0	74,322	0.39471
	7	24811,82	1094,5	8651179	3950978	0	0	68,759	0.56364
	8	6035,18	-637	2310948	0	902890	0	73,696	0.47484
	9	11497,7	280,2	5559018	386082	0	0	77,863	0.23364
	10	24815,51	114,7	8203160	4400841	0	0	57,87	0.47882
	12	17115,52	-203,1	7616283	447094	690631	0	78,004	0.29119
	13	10961,12	1142,9	5645113	31693	0	0	48,285	0.72235
	14	11314,05	985,2	5122955	730318	0	0	49,062	0.72803
	15	29040,82	64	12161972	2077687	476995	0	52,749	0.68317
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
11	1	28034,8	95,5	24246677	4573314	0	0	53,994	0.75481
	2	23569,96	87,7	16122258	8232893	0	0	72,044	0.42870
	3	16884,6	1191,4	16831574	838218	0	0	73,784	0.39181
	4	40256,43	285,5	32452759	8588863	0	0	69,3915	0.41138
	5	12245,09	227,7	13030287	0	0	0	64,8915	0.30072
	6	27285,99	142,2	19738973	8332215	0	0	74,322	0.39471
	7	24811,82	1094,5	17740897	7856118	0	0	68,759	0.56364
	8	6035,18	-637	5384260	114696	1321414	0	73,696	0.47484
	9	11497,7	280,2	11412087	870806	0	0	77,863	0.23364
	10	24815,51	114,7	17000631	8600070	0	0	57,87	0.47882
	12	17115,52	-203,1	15735698	968378	1196635	0	78,004	0.29119
	13	10961,12	1142,9	11371859	374455	0	0	48,285	0.72235
	14	11314,05	985,2	10759328	1339917	0	0	49,062	0.72803
	15	29040,82	64	24528849	4315721	981441	0	52,749	0.68317
1000 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
11	1	28034,8	95,5	47168847	11732201	309733	0	53,994	0.75481
	2	23569,96	87,7	35781076	14500021	0	0	72,044	0.42870
	3	16884,6	1191,4	35966204	944172	0	0	73,784	0.39181
	4	40256,43	285,5	65719236	17934806	0	0	69,3915	0.41138
	5	12245,09	227,7	27065763	565604	0	0	64,8915	0.30072
	6	27285,99	142,2	40652096	17061075	0	0	74,322	0.39471
	7	24811,82	1094,5	36081188	16683635	0	0	68,759	0.56364
	8	6035,18	-637	12935171	786005	1490363	0	73,696	0.47484
	9	11497,7	280,2	24205565	1931022	0	0	77,863	0.23364
	10	24815,51	114,7	37179554	15592641	0	0	57,87	0.47882
	12	17115,52	-203,1	32772127	3109732	1490363	0	78,004	0.29119
	13	10961,12	1142,9	23128088	1935333	0	0	48,285	0.72235
	14	11314,05	985,2	23447231	2322051	0	0	49,062	0.72803
	15	29040,82	64	49358951	9776012	1490363	0	52,749	0.68317

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçuması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
12	1	10449,37	298,6	1773496	347754	0	0	54,987	0.73235
	2	7058,41	290,8	1171390	271668	0	0	71,279	0.46461
	3	15538,26	1394,5	2989992	149034	0	0	71,4918	0.37016
	4	23225,96	488,6	4229034	447533	0	0	69,2398	0.45536
	5	30169,58	430,8	5326592	371625	367075	0	61,9253	0.34145
	6	11242,71	345,3	1808023	471895	0	0	72,974	0.40985
	7	9113,21	1297,6	1466170	387848	0	0	69,815	0.54043
	8	10900,05	-433,9	2096548	114838	0	0	72,1405	0.49224
	9	10995,83	483,3	1431867	798674	0	0	73,698	0.33443
	10	9628,89	317,8	1393165	563990	0	0	57,889	0.50024
	11	17115,52	203,1	3037385	140041	277054	0	78,004	0.29119
	13	18447,59	1346	2673918	1046976	0	0	47,46	0.71765
	14	21718,05	1188,3	3805585	569401	0	0	49,28	0.71542
	15	11353,62	267,1	1418006	884095	0	0	53,334	0.66490
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
12	1	10449,37	298,6	4394038	1026895	0	0	54,987	0.73235
	2	7058,41	290,8	2964877	760574	0	0	71,279	0.46461
	3	15538,26	1394,5	7465818	499557	0	0	71,4918	0.37016
	4	23225,96	488,6	10637498	1171726	0	0	69,2398	0.45536
	5	30169,58	430,8	13410410	1025521	84510	0	61,9253	0.34145
	6	11242,71	345,3	4634576	1183027	0	0	72,974	0.40985
	7	9113,21	1297,6	3631316	1121536	0	0	69,815	0.54043
	8	10900,05	-433,9	5295780	350493	0	0	72,1405	0.49224
	9	10995,83	483,3	3691366	2002795	0	0	73,698	0.33443
	10	9628,89	317,8	3476740	1533954	0	0	57,889	0.50024
	11	17115,52	203,1	7616283	447094	69063	0	78,004	0.29119
	13	18447,59	1346	6863349	2556694	0	0	47,46	0.71765
	14	21718,05	1188,3	9514747	1540524	0	0	49,28	0.71542
	15	11353,62	267,1	3620250	2252809	0	0	53,334	0.66490
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
12	1	10449,37	298,6	8587466	2647099	0	0	54,987	0.73235
	2	7058,41	290,8	6123432	1720172	0	0	71,279	0.46461
	3	15538,26	1394,5	14972033	1351415	0	0	71,4918	0.37016
	4	23225,96	488,6	21321811	2689338	0	0	69,2398	0.45536
	5	30169,58	430,8	27416977	2220835	1316959	0	61,9253	0.34145
	6	11242,71	345,3	9710810	2317090	0	0	72,974	0.40985
	7	9113,21	1297,6	7319237	2579160	0	0	69,815	0.54043
	8	10900,05	-433,9	10887220	798021	0	0	72,1405	0.49224
	9	10995,83	483,3	7377739	4403281	0	0	73,698	0.33443
	10	9628,89	317,8	6965917	3448169	0	0	57,889	0.50024
	11	17115,52	203,1	15735698	968378	1196635	0	78,004	0.29119
	13	18447,59	1346	13886788	5345995	0	0	47,46	0.71765
	14	21718,05	1188,3	19115248	3387992	0	0	49,28	0.71542
	15	11353,62	267,1	7675360	4463454	0	0	53,334	0.66490

1000 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
12	1	10449,37	298,6	17428114	6611808	0	0	54,987	0.73235
	2	7058,41	290,8	12207101	5050900	0	0	71,279	0.46461
	3	15538,26	1394,5	30903330	3314361	0	0	71,4918	0.37016
	4	23225,96	488,6	42830854	6762238	0	0	69,2398	0.45536
	5	30169,58	430,8	56510073	5479899	1490363	0	61,9253	0.34145
	6	11242,71	345,3	19889410	5737189	0	0	72,974	0.40985
	7	9113,21	1297,6	14679294	6688304	0	0	69,815	0.54043
	8	10900,05	-433,9	22500593	2259193	181493	0	72,1405	0.49224
	9	10995,83	483,3	16564291	8568543	0	0	73,698	0.33443
	10	9628,89	317,8	14359419	8039551	0	0	57,889	0.50024
	11	17115,52	203,1	32772127	3109732	1490363	0	78,004	0.29119
	13	18447,59	1346	30985240	9051125	0	0	47,46	0.71765
	14	21718,05	1188,3	39220182	7357095	0	0	49,28	0.71542
	15	11353,62	267,1	18505608	7342818	0	0	53,334	0.66490

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
13	1	25376,98	-1047,4	4393015	713756	0	0	79,143	0.34483
	2	20680,46	-1055,2	3346459	821010	0	0	49,073	0.67816
	3	7418,45	48,5	1515065	2	0	0	50,909	0.65977
	4	35502,39	-857,4	6935654	196199	0	0	49,157	0.65896
	5	19045,84	-915,2	3732327	108217	0	0	57,5539	0.45851
	6	23059,64	-1000,7	4013622	629682	0	0	50,218	0.65161
	7	20863,45	-48,4	3271134	932932	0	0	55,87	0.66087
	8	12505,07	-1779,9	2491681	40709	0	0	51,39	0.69781
	9	7313,58	-862,7	1228814	265278	0	0	49,294	0.67768
	10	20470,59	-1028,2	3317335	808159	0	0	63,95	0.37867
	11	10961,12	-1142,9	2223601	0	0	0	48,285	0.72235
	12	18447,59	-1346	2673918	1046976	0	0	47,46	0.71765
	14	1368,41	-157,7	304688	371	0	0	81,914	0.14971
	15	30160,02	-1078,9	4421902	1641462	0	0	77,024	0.23399

250 Metre

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
13	1	25376,98	-1047,4	11079966	1804766	0	0	79,143	0.34483
	2	20680,46	-1055,2	8459886	2076591	0	0	49,073	0.67816
	3	7418,45	48,5	3843283	62192	0	0	50,909	0.65977
	4	35502,39	-857,4	17361665	585775	0	0	49,157	0.65896
	5	19045,84	-915,2	9351656	367511	0	0	57,5539	0.45851
	6	23059,64	-1000,7	10173303	1552763	0	0	50,218	0.65161
	7	20863,45	-48,4	8463037	2164935	0	0	55,87	0.66087
	8	12505,07	-1779,9	6271915	176869	0	0	51,39	0.69781
	9	7313,58	-862,7	3211416	641624	0	0	49,294	0.67768
	10	20470,59	-1028,2	8481847	1949697	0	0	63,95	0.37867
	11	10961,12	-1142,9	5645113	31693	0	0	48,285	0.72235
	12	18447,59	-1346	6863349	2556694	0	0	47,46	0.71765
	14	1368,41	-157,7	831311	49143	0	0	81,914	0.14971
	15	30160,02	-1078,9	11232871	4043387	0	0	77,024	0.23399

500 Metre

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
13	1	25376,98	-1047,4	22641726	3520443	0	0	79,143	0.34483
	2	20680,46	-1055,2	17555707	3909948	0	0	49,073	0.67816
	3	7418,45	48,5	7932403	271240	0	0	50,909	0.65977
	4	35502,39	-857,4	34882852	1404729	0	0	49,157	0.65896
	5	19045,84	-915,2	18663712	1133571	31224	0	57,5539	0.45851
	6	23059,64	-1000,7	20703815	3141019	0	0	50,218	0.65161
	7	20863,45	-48,4	17814460	3834183	0	0	55,87	0.66087
	8	12505,07	-1779,9	12800854	451086	38326	0	51,39	0.69781
	9	7313,58	-862,7	6931407	1167370	0	0	49,294	0.67768
	10	20470,59	-1028,2	17486038	3769744	0	0	63,95	0.37867
	11	10961,12	-1142,9	11371859	374455	0	0	48,285	0.72235
	12	18447,59	-1346	13886788	5345995	0	0	47,46	0.71765
	14	1368,41	-157,7	1926344	226914	0	0	81,914	0.14971
	15	30160,02	-1078,9	22957574	7987637	0	0	77,024	0.23399
1000 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
13	1	25376,98	-1047,4	47144249	6750883	0	0	79,143	0.34483
	2	20680,46	-1055,2	38116480	6385622	0	0	49,073	0.67816
	3	7418,45	48,5	17113395	698768	165922	0	50,909	0.65977
	4	35502,39	-857,4	70680090	3465865	0	0	49,157	0.65896
	5	19045,84	-915,2	38311912	2310035	362970	247944	57,5539	0.45851
	6	23059,64	-1000,7	43482649	5777811	0	0	50,218	0.65161
	7	20863,45	-48,4	38152807	6715274	0	0	55,87	0.66087
	8	12505,07	-1779,9	26615388	1037159	498779	0	51,39	0.69781
	9	7313,58	-862,7	15978622	1789725	0	0	49,294	0.67768
	10	20470,59	-1028,2	37626813	6455550	0	0	63,95	0.37867
	11	10961,12	-1142,9	23128088	1935333	0	0	48,285	0.72235
	12	18447,59	-1346	30985240	9051125	0	0	47,46	0.71765
	14	1368,41	-157,7	5312721	563483	0	0	81,914	0.14971
	15	30160,02	-1078,9	47387583	16073638	0	0	77,024	0.23399

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçüması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
14	1	28926,79	-889,7	5118115	698620	0	0	78,1882	0.46207
	2	24230,18	-897,5	4053301	824106	0	0	50,855	0.67879
	3	10441,95	206,2	2079004	40763	0	0	52,765	0.65560
	4	38942,45	-699,7	7533141	286705	0	0	50,098	0.66830
	5	18066,97	-757,5	3385507	106977	0	0	58,9914	0.45169
	6	26576,22	-843	4806626	539994	0	0	51,153	0.65898
	7	24400,97	109,3	4073229	838323	0	0	54,368	0.68302
	8	14567,37	-1622,2	2944850	0	0	0	50,228	0.72433
	9	10725,51	-705	2068498	107981	0	0	49,692	0.67891
	10	23997,08	-870,5	4163766	667027	0	0	65,155	0.36252
	11	11314,05	-985,2	1972789	321397	0	0	49,062	0.72803
	12	21718,05	-1188,3	3805585	569401	0	0	49,28	0.71542
	13	1368,41	157,7	304688	371	0	0	81,914	0.14971
	15	33584,69	-921,2	5391252	1357062	0	0	77,477	0.33518
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
14	1	28926,79	-889,7	12871995	1787650	0	0	78,1882	0.46207
	2	24230,18	-897,5	10202336	2109000	0	0	50,855	0.67879
	3	10441,95	206,2	5309691	107534	0	0	52,765	0.65560
	4	38942,45	-699,7	18850783	816688	0	0	50,098	0.66830
	5	18066,97	-757,5	8653357	914	387592	187869	58,9914	0.45169
	6	26576,22	-843	12135893	1348462	0	0	51,153	0.65898
	7	24400,97	109,3	10308113	2088618	0	0	54,368	0.68302
	8	14567,37	-1622,2	7479933	0	0	0	50,228	0.72433
	9	10725,51	-705	5220565	338439	0	0	49,692	0.67891
	10	23997,08	-870,5	10474625	1720165	0	0	65,155	0.36252
	11	11314,05	-985,2	5122955	730318	0	0	49,062	0.72803
	12	21718,05	-1188,3	9514747	1540524	0	0	49,28	0.71542
	13	1368,41	157,7	831311	49143	0	0	81,914	0.14971
	15	33584,69	-921,2	13331361	3657231	0	0	77,477	0.33518
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
14	1	28926,79	-889,7	26079071	3632916	0	0	78,1882	0.46207
	2	24230,18	-897,5	20938413	4076959	0	0	50,855	0.67879
	3	10441,95	206,2	10905698	321450	0	0	52,765	0.65560
	4	38942,45	-699,7	38274535	1453104	0	0	50,098	0.66830
	5	18066,97	-757,5	17780247	36593	743069	0	58,9914	0.45169
	6	26576,22	-843	24608433	2752978	0	0	51,153	0.65898
	7	24400,97	109,3	21247416	3938744	0	0	54,368	0.68302
	8	14567,37	-1622,2	15236477	116085	0	0	50,228	0.72433
	9	10725,51	-705	10770403	740301	0	0	49,692	0.67891
	10	23997,08	-870,5	21129050	3653226	0	0	65,155	0.36252
	11	11314,05	-985,2	10759328	1339917	0	0	49,062	0.72803
	12	21718,05	-1188,3	19115248	3387992	0	0	49,28	0.71542
	13	1368,41	157,7	1926344	226914	0	0	81,914	0.14971
	15	33584,69	-921,2	26555177	7814707	0	0	77,477	0.33518
1000 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
14	1	28926,79	-889,7	53751935	7242833	0	0	78,1882	0.46207
	2	24230,18	-897,5	44716743	6884796	0	0	50,855	0.67879
	3	10441,95	206,2	23170587	688582	165921	0	52,765	0.65560
	4	38942,45	-699,7	77942481	3083595	0	0	50,098	0.66830
	5	18066,97	-757,5	37074809	631748	1276306	292253	58,9914	0.45169
	6	26576,22	-843	50541577	5752042	0	0	51,153	0.65898
	7	24400,97	109,3	44740971	7202148	0	0	54,368	0.68302
	8	14567,37	-1622,2	31453273	186336	636313	0	50,228	0.72433
	9	10725,51	-705	22506768	2085438	0	0	49,692	0.67891
	10	23997,08	-870,5	44305169	6830177	0	0	65,155	0.36252
	11	11314,05	-985,2	23447231	2322051	0	0	49,062	0.72803
	12	21718,05	-1188,3	39220182	7357095	0	0	49,28	0.71542
	13	1368,41	157,7	5312721	563483	0	0	81,914	0.14971
	15	33584,69	-921,2	54303905	16006657	0	0	77,477	0.33518

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçuması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

100 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim m (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
15	1	8935,51	31,5	1532166	286312	0	0	81,02	0.26824
	2	11216,23	23,7	1525107	749515	0	0	52,24	0.65449
	3	25779,22	1127,4	3778691	1408529	0	0	52,621	0.63535
	4	18186	221,5	3088462	580115	0	0	51,9556	0.63875
	5	41958,47	163,7	6476046	1947024	0	0	58,9914	0.45064
	6	13019,18	78,2	2345473	289732	0	0	53,02	0.62328
	7	12713,61	1030,5	1880602	693496	0	0	56,605	0.63993
	8	22793,57	-701	3761152	828937	0	0	53,393	0.67526
	9	22651,68	216,2	3152772	1408940	0	0	52,14	0.64917
	10	13896,39	50,7	2000688	809965	0	0	64,506	0.36102
	11	29040,82	-64	4849525	840984	149032	0	52,749	0.68317
	12	11353,62	-267,1	1418006	884095	0	0	53,334	0.66490
	13	30160,02	1078,9	4421902	1641462	0	0	77,024	0.23399
	14	33584,69	921,2	5391252	1357062	0	0	77,477	0.33518
250 Metre									
Popülasyon	Karşılaştırdığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
15	1	8935,51	31,5	3848470	815534	0	0	81,02	0.26824
	2	11216,23	23,7	3810128	1994235	0	0	52,24	0.65449
	3	25779,22	1127,4	9571667	3514192	0	0	52,621	0.63535
	4	18186	221,5	7788768	1500477	0	0	51,9556	0.63875
	5	41958,47	163,7	16500457	4673880	0	0	58,9914	0.45064
	6	13019,18	78,2	12135893	1348462	0	0	53,02	0.62328
	7	12713,61	1030,5	4838130	1714922	0	0	56,605	0.63993
	8	22793,57	-701	9535967	2057065	0	0	53,393	0.67526
	9	22651,68	216,2	8111702	3410386	0	0	52,14	0.64917
	10	13896,39	50,7	5176084	1968359	0	0	64,506	0.36102
	11	29040,82	-64	12161972	2077687	476995	0	52,749	0.68317
	12	11353,62	-267,1	3620250	2252809	0	0	53,334	0.66490
	13	30160,02	1078,9	11232871	4043387	0	0	77,024	0.23399
	14	33584,69	921,2	13331361	3657231	0	0	77,477	0.33518
500 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
15	1	8935,51	31,5	7701463	2019242	0	0	81,02	0.26824
	2	11216,23	23,7	8159444	3841979	0	0	52,24	0.65449
	3	25779,22	1127,4	19353207	7211206	0	0	52,621	0.63535
	4	18186	221,5	15812470	3158723	0	0	51,9556	0.63875
	5	41958,47	163,7	33568132	9005241	0	0	58,9914	0.45064
	6	13019,18	78,2	11795209	2009162	0	0	53,02	0.62328
	7	12713,61	1030,5	9991027	3507775	0	0	56,605	0.63993
	8	22793,57	-701	19548593	4030164	0	0	53,393	0.67526
	9	22651,68	216,2	16156380	7280493	0	0	52,14	0.64917
	10	13896,39	50,7	10906399	3775186	0	0	64,506	0.36102
	11	29040,82	-64	24528849	4315721	981441	0	52,749	0.68317
	12	11353,62	-267,1	7675360	4463454	0	0	53,334	0.66490
	13	30160,02	1078,9	22957574	7987637	0	0	77,024	0.23399
	14	33584,69	921,2	26555177	7814707	0	0	77,477	0.33518
1000 Metre									

Popülasyon	Karşılaştırıldığı popülasyon	Mesafe (Öklit) (m)	Rakım Farkı(m)	Orman (m ²)	Tarım (m ²)	Yerleşim (m ²)	Su yüzeyi (m ²)	Genetik benzerlik (%)	İkili genetik farklılaşma (Pairwise F _{ST})
15	1	8935,51	31,5	16267697	4744507	0	0	81,02	0.26824
	2	11216,23	23,7	18032776	7540863	0	0	52,24	0.65449
	3	25779,22	1127,4	41106768	13592855	0	0	52,621	0.63535
	4	18186	221,5	32777173	6736011	0	0	51,9556	0.63875
	5	41958,47	163,7	68715605	16972914	0	0	58,9914	0.45064
	6	13019,18	78,2	24347061	4832480	0	0	53,02	0.62328
	7	12713,61	1030,5	22137450	6430951	0	0	56,605	0.63993
	8	22793,57	-701	39693868	8386968	181493	0	53,393	0.67526
	9	22651,68	216,2	33265163	15179381	0	0	52,14	0.64917
	10	13896,39	50,7	23601759	7332207	0	0	64,506	0.36102
	11	29040,82	-64	49358951	9776012	1490363	0	52,749	0.68317
	12	11353,62	-267,1	18505608	7342818	0	0	53,334	0.66490
	13	30160,02	1078,9	47387583	16073638	0	0	77,024	0.23399
	14	33584,69	921,2	54303905	16006657	0	0	77,477	0.33518

1:Altınyaka, 2:Güllük(Termessos), 3:Beldibi, 4:Beycik, 5:Gölcük, 6:Üçoluk, 7:Kesmeboğazı, 8:Feslikan, 9:Hisarçandır, 10:Tahtalı, 11:Sivridağ, 12:Söğütçuması, 13:Tünektepe, 14:Hacısekiler ve 15:Alakır popülasyonlarını ifade etmektedir.

ÖZGEÇMİŞ



Ceren SELİM 1985 yılında Ordu'da doğdu. İlk, orta öğrenimini İzmir'de, lise öğrenimini Bursa'da tamamladı. 2004 yılında başladığı yükseköğrenimini 2008 yılında tamamlayarak Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Peyzaj Mimarlığı Bölümü'nden "Peyzaj Mimarı" ünvanıyla mezun oldu. 2008-2011 yılları arasında Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Peyzaj Mimarlığı Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans öğrenimini tamamladı. Doktora öğrenimine 2011 yılında, aynı zamanda "Araştırma görevlisi" olarak göreve başladığı Akdeniz Üniversitesi Mimarlık Fakültesi Peyzaj Mimarlığı Bölümünde başlamış olup halen aynı kurumda çalışmaktadır. Evli ve bir çocuk annesidir.