



T.C.
EGE ÜNİVERSİTESİ
Fen Bilimleri Enstitüsü



**PHOENIX THEOPHRASTİ (DATÇA-GİRİT HURMASI)
TÜRKİYE POPÜLASYONLARININ MEVCUT
DURUMLARININ SAPTANMASI VE GENETİK
FARKLILIKLARININ MOLEKÜLER BELİRTEÇLER**

Yüksek Lisans Tezi

Nazlı Bahar PELİT

Biyoloji Anabilimdalı

İzmir
2019

T.C.
EGE ÜNİVERSİTESİ
Fen Bilimleri Enstitüsü

***PHOENIX THEOPHRASTI* (DATÇA-GİRİT HURMASI)
TÜRKİYE POPÜLASYONLARININ MEVCUT
DURUMLARININ SAPTANMASI VE GENETİK
FARKLILIKLARININ MOLEKÜLER BELİRTEÇLER
KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Nazlı Bahar PELİT

Danışman : Doç. Dr Serdar Gökhan ŞENOL

Biyoloji Anabilim Dalı
Botanik Yüksek Lisans Programı

İzmir
2019

KABUL VE ONAY SAYFASI

Nazlı Bahar PELİT tarafından Yüksek Lisans tezi olarak sunulan “*Phoenix theophrasti* (Datça-Girit Hurması) Türkiye Popülasyonlarının Mevcut Durumlarının Saptanması ve Genetik Farklılıklarının Moleküler Belirteçler Kullanılarak Belirlenmesi ” başlıklı bu çalışma EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile EÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi’nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 19.08.2019 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

Jüri Üyeleri:

Jüri Başkanı : Doç. Dr. Serdar Gökhan ŞENOL

Raportör Üye : Doç. Dr. Ortaç ONMUŞ

Üye : Doç. Dr. Kamuran AKTAŞ

İmza



EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI

EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili hükümleri uyarınca Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “*Phoenix theophrasti* (Datça-Girit Hurması) Türkiye Popülasyonlarının Mevcut Durumlarının Saptanması ve Genetik Farklılıklarının Moleküler Belirteçler Kullanılarak Belirlenmesi” başlıklı bu tezin kendi çalışmam olduğunu, sunduğum tüm sonuç, doküman, bilgi ve belgeleri bizzat ve bu tez çalışması kapsamında elde ettiğimi, bu tez çalışmasıyla elde edilmeyen bütün bilgi ve yorumlara atıf yaptığımı ve bunları kaynaklar listesinde usulüne uygun olarak verdiğimi, tez çalışması ve yazımı sırasında patent ve telif haklarını ihlal edici bir davranışımın olmadığını, bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya diğer bir üniversitede başka bir tez çalışması içinde sunmadığımı, bu tezin planlanmasından yazımına kadar bütün safhalarda bilimsel etik kurallarına uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul edeceğimi beyan ederim.

19/ 08 / 2019

Nazlı Bahar PELİT

ÖZET
***PHOENIX THEOPHRASTI* (DATÇA-GİRİT HURMASI) TÜRKİYE**
POPÜLASYONLARININ MEVCUT DURUMLARININ
SAPTANMASI VE GENETİK FARKLILIKLARININ MOLEKÜLER
BELİRTEÇLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ

PELİT, Nazlı Bahar

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Serdar Gökhan ŞENOL

AĞUSTOS 2019, 90 sayfa

Tersiyer kalıntısı olan ve çalışma materyali olarak belirlediğimiz *Phoenix theophrasti* (Datça hurması) W. Greuter tarafından 1967 yılında Girit adasından tanımlanmıştır. Türkiye'deki popülasyonlarının durumu 1980'lere kadar bilinmemektedir. Ülkemizde ve bulunduğumuz coğrafyada kalıntı (relikt) konumunda olan bu palmye türünün, mevcut durumunun belirlenmesi ve koruma stratejileri geliştirilmesi, çalışmanın temel konusunu oluşturmaktadır. Bu çalışma ile türün popülasyonlar bağlamında net birey sayıları belirlenmiş ve 5 farklı popülasyonda toplam 157 birey işaretlenmiş ve haritalanmış bununla birlikte gerçek ve potansiyel yayılım alanının ortaya konulmuştur. Tüm popülasyonların habitat yapısı ve maruz kaldığı tehdit faktörleri tespit edilmiştir. Aynı zamanda türün moleküler olarak tüm popülasyonları ele alınmış popülasyon bazında yapılan parsimoni analizleri ile cins içerisindeki ayrımları kayıt altına alınmıştır. Yapılan tüm çalışmalar ile türün gerek sistematik durumunun gerekse popülasyon içi genetik çeşitliliği belirlenmiştir. Bu veriler ışığında Gümüldür popülasyonu tüm filogenetik çalışmalar ile türün en kuzey lokalitesi olarak tespit edilmiştir. Tüm bu verilerin korelasyonu ile türün mevcut durum tespit edilmiş ve geleceğe taşınması adına koruma yaklaşımlarında bulunulmuştur.

Anahtar sözcükler: *Phoenix theophrasti*, TrnL, MatK, Popülasyon genetiği.



ABSTRACT
**IDENTIFICATION OF THE CURRENT POPULATIONS AND
DETERMINATION OF GENETIC FACTORS BY USING
MOLECULAR MARKERS OF *PHOENIX THEOPHRASTI* (DATÇA-
CRETE PALM) IN TURKEY**

PELİT, Nazlı Bahar

MSc in Biology

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Serdar Gökhan ŞENOL

August 2019, 90 pages

The working material that we have identified as Tertiary relict *P. theophrasti* (Datça date palm) from the Island of Crete was described in 1967 by W. Greuter. The populations of the species in Turkey is not known until the 1980s. In our country and in our region residues (relict) position determination and the current status of this Palm species which is in the development of protection strategies, forms the main subject of the study. In this study, the number of net individuals was determined in the context of the populations of the species, 157 individuals were marked and mapped in 5 different populations. The real and potential spillover area has been revealed. The habitat structure and threat factors of all populations were determined. At the same time, all the populations of the species molecularly were analyzed by parsimony analysis on the basis of population. The systematic status of the species and the genetic diversity within the population were determined by the studies. In the light of the data, Gümlükdür population was identified as the northernmost locality of the species by all phylogenetic studies. By correlating all these data, the current situation of the species has been determined and conservation approaches have been made in order to carry them to the future.

Keywords: *Phoenix theophrasti*, *TrnL*, *MatK*, population genetics.

ÖNSÖZ

Eğitim öğretim hayatımın en zorlu ama bir o kadar da keyifli geçen yüksek lisans eğitimimin sonuna gelmiş bulunmaktayım. Bilimin ne demek olduğunu, bilimin değerini, bilimsel düşünebilmeyi ve bilimle var olmayı yüksek lisans hayatım boyunca daha iyi deneyimledim.

Lisans dönemimde Datça'da gördüğüm merak ettiğim ve tohumunu danışmanım olan Sayın Doç.Dr. Serdar Gökhan ŞENOL'a getirdiğim bu palmiye türü (datça hurması), tez konum olarak bana geri dönmüştür. Yüksek lisans eğitim boyunca türün 3 yıllık bir dönemini yakından izleme ve inceleme fırsatım oldu. Bu incelemeler ve yapmış olduğum bu çalışma ile ülkemize endemik tek doğal palmiye türü olan Datça hurmasının tüm popülasyonlarını moleküler düzeyde aydınlatmak ve koruma stratejilerinin geliştirilmesini hedefledim.

Benim için çok keyifli ve öğretici olan bu çalışmamın her aşamasında bilgilerini, tecrübelerini ve değerli zamanlarını esirgemeyerek bana her fırsatta yardımcı olan değerli hocam Sayın Doç.Dr. Serdar Gökhan ŞENOL'a teşekkürü bir borç bilirim.

İZMİR

19/08/2019

Nazlı Bahar PELİT



İÇİNDEKİLER

ÖZET	vii
ABSTRACT	ix
ÖNSÖZ	xi
İÇİNDEKİLER	xiii
ŞEKİLLER DİZİNİ	xv
TABLolar DİZİNİ	xix
1. GİRİŞ:	1
2. LİTERATÜR ÖZETİ	3
2.1 Arecaceae Familyası	3
2.2 Phoenix cinsi	4
2.3 Moleküler Belirteçler:	6
2.3.1 Kloroplast genomu belirteçleri:	7
2.4 Phoenix cinsinde yapılan moleküler çalışmalar:	9
3. MATERYAL – METOD:	13
3.1 Materyal:	13
3.1.1 Çalışılan popülasyonlar:	14
3.2 Metod :	15
3.2.1 Populasyon Büyüklüklerinin belirlenmesi ve yayılım haritalarının oluşturulması	15
3.2.2 Arazi çalışmaları ve örneklerin toplanması:	16
3.2.3 Morfolojik çalışmalar	17
3.2.4 DNA izolasyonu çalışmaları:	19
3.2.5 PCR reaksiyonu	23
3.2.6 Sekans Analizleri ve Biyoinformatik Çalışmalar:	27
4. BULGULAR :	31
4.1 Arazi çalışmaları, Popülasyon Büyüklüklerinin belirlenmesi ve yayılım haritalarının oluşturulması:	31
4.1.1 Finike popülasyonu :	32
4.1.2 Patara popülasyonu :	34
4.1.3 Hurmalı Bük popülasyonu:	37
4.1.4 Eksera Popülasyonu :	38
4.1.5 Gölköy Popülasyonu:	40
4.1.6 Gümüldür popülasyonu	42

4.2	Morfolojik çalışmalar	42
4.3	Popülasyonların mevcut durumu ve tehdit faktörleri.....	47
4.4	Dna izolasyonu ve PCR çalışmaları	50
4.5	Dizi Hizalanması ve Verim Analizleri:	53
5.	SONUÇ VE TARTIŞMA:	73
KAYNAKLAR DİZİNİ		81
TEŞEKKÜR		87
EKLER		



ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
2.1 Arecaceae Familyası Cladogramı.	4
2.2 <i>Phoenix</i> Cinsi Dünya Yayılışı (C. Obón, And D. Rivera,).	5
2.3 Trnf-Trnl Amplifiye Bölgenin Şematik Gösterimi (Taberlet Ve Diğerleri, 1991).	8
3.1 <i>P.theophrasti</i> Türkiye Yayılış Haritası. 1. Muğla-Bodrum Türkbükü. 2. Datça Yarımadası. 3. Muğla-Patara. 4. Antalya-Finike, Kumluca-Karaöz Mevkii. 14	
3.2 <i>P.theophrasti</i> Genel Görünüş (Orijinal).	14
3.3 A) Moleküler Çalışmalar İçin Yaprak Örneklerinin Toplanması. B) Plakalandırılmış Birey. (Orijinal).....	16
3.4 Moleküler Çalışmalar İçin Toplanan Ve Silika İçerisine Konulan Yaprak Örnekleri. (Orijinal).....	17
3.5 A)Yaprak Boyu Ölçümü (Gölköy), B) Çiçek Ekseni Sayımı (Hürmalıbük), C) Yaprakçık Sayımı(Patara), D) Erkek Eksen Boy Ölçümü(Patara), E) Dişi Eksen Boy Ölçümü (Gümüldür), F) Dikenli Bölge (Finike). (Orijinal)	18
3.6 A) Sıvı Azot İle Parçalanmış Yaprak Örneği. B-D) Dna İzolasyonu Çalışmaları.....	22
3.7 A)Pcr Reaksiyonu İçin Cihaza Yerleştirilen Örnekler. B) Pcr Sonrası Örneklerin Agaroze Jel Elektroforezine Yüklenmesi	26
3.8 Dna Dizilerinin Geneious Prime Programı İle Düzenlenmesi.....	28
3.9 Mega 6 Programı İle Düzenlenen Diziler	28
3.10 Mega X Programında Bıç (Bayesian) Modellemesi.	29
4.1 <i>P. theophrasti</i> Türkiye Popülasyonları Arcgis Programı İle İşaretlenmesi Genel Görünüş.....	31
4.2 Finike Popülasyonu İşaretli Bireylerin Arcgis Programı İle Gösterimi.	33
4.3 A). Kalker Kaya Üzerinde Finike Popülasyonu, B) Finike Gen Koruma Ormanı, C) Finike Populasyonu Genel Görünüş, D) Türün Genel Taç Görünümü.....	34

ŞEKİLLER DİZİNİ (Devam)

Sekil

Sayfa

4.4 A) Patara Popülasyonu Genel Görüntü- Letoon Hurmalığı B) Hurmalık Yakınındaki Doğal Sus Sistemi.	35
4.5 Patara Popülasyonu İşaretli Bireylerin Arcgis Programı İle Gösterimi.	36
4.6 A) Hurmalibük Popülasyonu Genel Habitat Görüntüsü, B) Bireylerden Yaprak Örneği Alınışı.	37
4.7 A-B) Eksera Vadisi Habitat Genel Görünüşü.	38
4.8 Eksera Popülasyonu İşaretli Bireylerin Arcgis Programı İle Gösterimi.	39
4.9 Gölköy Popülasyonu İşaretli Bireylerin Arcgis Programı İle Gösterimi.	40
4.10 A-B) Gölköy Popülasyonu Devamlı Su Kaynağına En Yakın Bireyler.	41
4.11 A) Finike Koruma Alanı İçerisinde Kızıl Çam Kesimi, B) Tepe Tomurcuğu Zarar Gören Birey.	47
4.12 A) Patara Hurmalığın Drenaj Yetersizliğinden Dolayı Maruz Kaldığı Su Baskını, B) Su Baskını Sonucu Açılmadan Çürüyen Erkek Çiçek Eksenleri.	48
4.13 A-B) Mevsimsel Dere Yatağı İçerisindeki Eksera Popülasyonu.	48
4.14 A) Gölköy Popülasyonu İçerisindeki Yoğun Çöp Dökümü, B) Yangından Etkilenmiş Bireyler, C) Tatil Siteleri İçerisinde Kalmış Bireyler, D) Popülasyon İçerisindeki Kırmızı Palmiye Böceği Tuzağı.	49
4.15 Gümüldür Popülasyonu (Tek Birey).	50
4.16 Dna İzolasyonu Tamamlanmış Örneklerin Nanodrop Sonuçları.	51
4.17 Gölköy Popülasyonu Pcr Sonrası Jel Görüntüsü.	51
4.18 Gölköy Ve Eksera Popülasyonuna Ait Pcr Sonrası Jel Görüntüsü.	52
4.19 Patara Popülasyonu Pcr Sonrası Jel Görüntüsü.	52
4.20 Finike Popülasyonu Pcr Sonrası Jel Görüntüsü.	52
4.21 Finike Popülasyonu Maksimum Parsimoni Ağacı Sonrası Karakter Durumu.	53
4.22 Finike Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Maksimum Parsimoni İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	54
4.23 Patara Popülasyonu Maksimum Parsimoni Ağacı Sonrası Karakter Durumu.	55

ŞEKİLLER DİZİNİ (Devam)

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
4.24 Patara Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Maksimum Parsimoni İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	56
4.25 Hurmalıbüük Popülasyonu Maksimum Parsimoni Ağacı Sonrası Karakter Durumu.....	57
4.26 Hurmalıbüük Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Maksimum Parsimoni İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	58
4.27 Eksera Popülasyonu Maksimum Parsimoni Ağacı Sonrası Karakter Durumu.	59
4.28 Eksera Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Maksimum Parsimoni İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	60
4.29 Gölköy Popülasyonu Maksimum Parsimoni Ağacı Sonrası Karakter Durumu.	61
4.30 Gölköy Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Maksimum Parsimoni İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	62
4.31 Matk Gen Bölgesi Üzerinde Tüm Popülasyonların Maksimum Parsimoni Ağacı Sonrası Karakter Durumu.	63
4.32 Tüm Popülasyonların Matk Gen Bölgesii İle Paup Programında Yapılan Maksimum Parsimoni İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	64
4.33 Finike Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Neighbour-Joining (Nj)İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).....	65
4.34 Patara Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Neighbour-Joining (Nj)İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).....	66
4.35 Hurmalıbüük Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Neighbour-Joining (Nj)İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	67
4.36 Eksera Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Neighbour-Joining (Nj)İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).....	68
4.37 Gölköy Popülasyonunda Trnl-Trnf Bölgeleri İle Paup Programında Yapılan Neighbour-Joining (Nj)İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).....	69
4.39 Tüm Popülasyonlar Matk Bölgesi İle Paup Programında Yapılan Neighbour-Joining (Nj)İle Elde Edilen Ağaç (Orjinal).	70



TABLOLAR DİZİNİ

<u>Tablo</u>	<u>Sayfa</u>
3.1 Tüm Bireylerin Çalışmada Kullanılan Kodları.....	20
3.2 Çalışmada Kullanılan Primer Dizileri.	23
3.3 Kloroplast TrnL-TrnF Primerleri İçin Pcr Reaksiyon Döngüleri.	24
3.4 MatK Primeri İçin Pcr Reaksiyon Döngüleri.	24
3.5 Kloroplast TrnL-TrnF Primerleri İle Yapılan Pcr Analiz Mixleri.	25
3.6 Kloroplast MatK Primeri İle Yapılan Pcr Analiz Mixleri.	25
4.1 Popülasyonlardan Toplanan Meyve Karakter Ölçümlerinin Tanımlayıcı İstatistikleri.....	43
4.2 Popülasyonlardan Toplanan Tohum Karakter Ölçümlerinin Tanımlayıcı İstatistikleri.....	44
4.3 Tüm Popülasyonlara Ait Yaprak Karakter Ölçümlerinin Tanımlayıcı İstatistikleri.....	45
4.4 Tüm Popülasyonlara Ait Çiçek Karakterlerinin Tanımlayıcı İstatistikleri.....	46



1. GİRİŞ:

Palmiyeler dünya genelinde Tropik ve subtropik bölgelerde yaygın yayılışa sahip bitki türleri olarak bilinmektedirler (Boyer K, 1992). Palmiyeler, yüksek gövdeleri, yeşil ve gösterişli yaprakları, göze çarpan salkımları ve büyük tohumlarıyla tanınır. Palmiyeler ağırlıklı olarak çok yıllık türlerdir ve yıl boyunca yeşil kalırlar. Çoğunlukla süs bitkisi olarak peyzajda kullanılmasının yanı sıra birçok ülkede gıda maddesi (meyve, yağ eldesi, nişasta eldesi, alkollü içkiler vb.), dokumacılık, mobilya yapımı, inşaat ve daha birçok alanda kullanımı mevcuttur.(Esener R, 1999)

Palmiye cinsleri arasında en bilinen cins *Phoenix* cinsidir. Özellikle hurma palmiyesi olan *Phoenix dactylifera*'nın bu cins içerisinde yer alması bunun en büyük nedenidir. Cins batıda Kanarya Adalarından başlayarak doğuda Asya kıtasına kadar uzanan geniş yayılışa sahip olmasına rağmen hurma çeşitliliğinin merkezi Afrika'nın kuzeyi olarak kabul edilmektedir.(Barrow SC,1998 ,Zeven ve De Wet, 1993).

Çalışma materyali olarak seçilen relikt takson, *Phoenix* cinsine ait ve ülkemiz florasın da doğal yayılışa sahip tek tür olan *Phoenix theophrasti* (Datça hurması)'ye ait ilk kayıtlar M.Ö 4. yüzyıla dayanmaktadır. Yunan Botanikçi Theophrastus Girit Adasında palmiye ağaçlarının bulunduğunu yazmıştır. Bu palmiyelerin 20. yy başlarına kadar *P. dactylifera* (hurma palmiyesi) olduğu sanılmaktadır. W. Greuter tarafından 1967 yılında Girit adasından ilk kayda alan Theophrastus'un adına atfen *P. theophrasti* adını almıştır(Barrow SC, 1998).

Günümüzde sürekli gelişen moleküler belirteçler bitki sistematğinde, genetik kaynaklarının tanımlanmasında, ıslahında, genetik haritaların oluşturulmasında kullanılmaktadır .(Gülşen ve Mutlu, 2005). *Phoenix theophrasti*'nin Türkiye'deki popülasyonlarının durumunun 1980lere kadar bilinmemesi, Gököy popülasyonunun morfolojik farklılıklarından dolayı türün yeni bir alt türü olarak nitelendirilmesi, tüm popülasyonları arasında morfolojik farklılıkların gözlemlenmesi türün filogenetik durumunun moleküler belirteçler ile aydınlatılması gerekliliğini ortaya koymuştur(Boydak M, 1995, Boydak M, 2019). Ülkemizde ve bulunduğumuz coğrafyada kalıntı konumunda olan bu palmiye

türünün, mevcut durumunun belirlenmesi ve Türkiye popülasyonları arasında filogenetik ilişkinin ortaya konulması, çalışmanın temel konusunu oluşturmaktadır.



2. LİTERATÜR ÖZETİ

2.1 Arecaceae Familyası

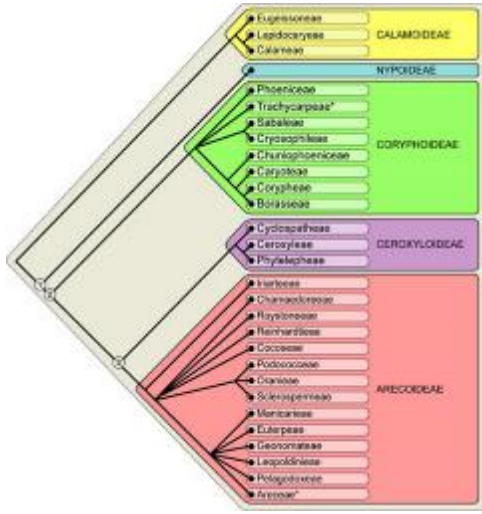
Arecaceae (Syn. Palmae), genellikle Palmiye ağaçları olarak bilinen tropik çalılar ve ağaçları içeren bir monokotiledon familyadır. Arecaceae, Arecales ordosuna ait monotipik bir familyadır (Basu et al.,2014).

Arecaceae (Palmae) familyasında yer alan ağaçsı gövdeli, tek çenekli ve iki evcikli olan palmiyeler görsellikleri ve meyvelerinin besleyici değerleri ile dünya genelinde uygun iklimlerde kültüre edilmektedirler (Stewart, L. 1994). Uhl and Dransfield (1987)' ye göre Arecaceae familyası 6 alt familyaya ayrılmaktadır. Bu alt familyalar; Coryphoideae, Calamoideae, Nypoideae, Ceroxyloideae, Arecoideae ve Phytelphantoideae'dir(Şekil 2.1). Arecaceae familyası kabul görmüş 200 dolayında cins ve bu cinslere ait 2500 kadar tür ile temsil edilmektedir (Coşkun, 2006), (Johns D., 1995). Palmiye cinsi veya türleri hakkında kesin bir sayı verilemeyişinin bir nedeni de hibrit türlerin bulunmasının yanı sıra halen yeni keşfedilen cins veya türlerin bulunmasıdır (Coşkun, 2006).

Günümüzde palmiyeler coğrafi olarak çok farklı habitatlarda bulunabilmektedir. Örneğin Avrupa yelpaze palmiyesi (*Chamaerops humilis* L.) Akdeniz'deki doğal yayılım alanlarından biri olan Güney Fransa sahillerinde 44° kuzey enleminde yer alırken Yeni Zelanda'nın Chatham Adaları'na özgü bir tür olan Tıraş Fırçası Palmiyesi (*Rhopalostylis sapida* H.Wendl. & Drude.) 44° güney enleminde yer almaktadır. Ancak bu kadar geniş enleme yayılmış gözükmelerine karşın yukarıda da belirtildiği üzere palmiyelerin büyük bir çoğunluğunun habitatı dünyanın tropik bölgeleri olmak üzere sadece 130 kadar palmiye türünün doğal olarak tropik enlemlerin (23.5° K&G)dışında bulunduğu belirtilmektedir(FAO,2019).

Familya üyelerinin çiçeklenme desenleri dikkat çekicidir ve uzun bir jeolojik geçmiş boyunca başarılı bir şekilde gelişmeleri için gerekli olan geniş morfolojik ve yapısal adaptasyonlar göstermektedir. Bunlar, karakteristik olarak dallanmış ya bir ya da daha fazla odunsu küme (spathes) içine alınmış ve korunmuş, rasemoz

çiçek (spadiks çiçek durumu) durumudur(Basu et al.,2014).



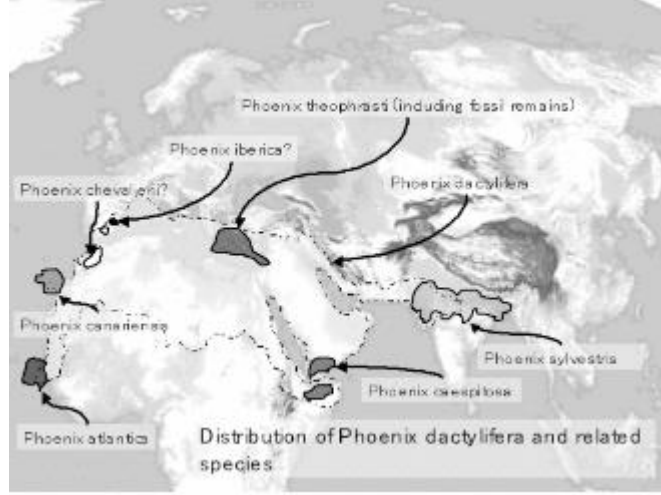
Şekil 2.1 Arecaceae familyası cladogramı.

2.2 Phoenix cinsi

Phoenix cinsi yaklaşık 17 tür ile temsil edilmektedir (Uhl and Dransfield,1987). Eski dünya cinsi olan *Phoenix*, Canary Adaları'ndan, subtropical ve tropical Afrika'ya, Akdeniz Bölgesi'nden, Arap Yarımadası'na, ayrıca Hindistan'dan HonKong'a kadar yayılışa sahiptir. Cins üyeleri, deniz seviyesi kumul çalılıklardan, 2000m yükseklikteki çam ormanlarına ve sulak mangrove kıyılarından, yarıkurak zona kadar farklı habitatlarda gözlenmektedirler (Barrow SC., 1998)(Şekil 2.2).

Phoenix cinsi tarihi bilinen en eski meyve bitkilerinden biridir ve en az 5000 yıldır Kuzey Afrika ve Orta Doğu'da yetiştirilmektedir (Zohary and Hopf, 2000). Irak'tan en eski kayıt (Mezopotamya), hurma kültürünün büyük olasılıkla 3000 yıl kadar erken kurulmuş olduğunu göstermektedir. Hurma kültürünün uzun tarihi ve Hurma çeşitlerinin çeşitliliği ve değişimi nedeniyle, hurmanın kesin kökeni bilinmemektedir, ancak büyük olasılıkla antik Mezopotamya bölgesinden (güney Irak) ya da batı Hindistan'dan kaynaklanmaktadır (Wrigley, 1995)

Fosil bulgulara göre, günümüz *Phoenix* cinsine Orta Avrupa da Miyosen e kadar rastlandığı, Ege kıyılarındaki ise Pleistosen de bulunduğu ve bunun günümüz hurma palmyesi *P. dactylifera* L.'a çok yakın bir formda olduğu bildirilmektedir.



Şekil 2.2 *Phoenix* cinsi dünya yayılışı (C. Obón, and D. Rivera,).

Dört tür hariç tümü (*P. canariensis* H.Wildpret, *P. rupicola* T.Anderson, *P. sylvestris* (L.) Roxb. ve *P. andamanensis* S.Barrow), tam boyutlu gövdelerde gelişebilecek veya gelişmeyecek bazal emiciler üretir. Bazı türlerde emiciler kök tabanında kalır (örneğin, *P. loureiri* Kunth ve birçok *P. dactylifera* L. çeşidi). Diğer türlerde (*P. paludosa* Roxb. , *P. roebelenii* O'Brein, *P. reclinata* Jacq.ve *P. theophrasti* Greuter) emiciler, eşit büyüklükteki gövdelerin kümelenmesine yol açan dikey gövdeler olarak gelişir. Küme oluşumu, *Phoenix* içindeki türler arasında değişiklik gösterir(Barrow SC., 1998).

Palmiyelerin kökeni (*Phoenix dactylifera* L.) ve yabani palmiye türleriyle ilişkileri (*Phoenix sylvestris* Roxb. *P. theophrasti* Greuter ve diğerleri) çok karmaşıktır. Tüm *Phoenix* türleri, $2n = 36$ (bazen 32) numaralı kromozomu gösterir ve serbestçe melezleşir. Zohary (1983) and Zohary ve Hopf (1994) için Khuzistan ve Pers Körfezi ve Ölü Deniz havzasının güneyinde bulunan Zagros Dağları, vahşi hurma ağacının başlıca alanlarıdır.

Hurma ekiminin Ortadoğu tarihi üzerinde çok önemli bir etkisi olmuştur. Ticaret yolları, yüzyıllarca hurma palmiyelerinin taşınmasında önemli bir etkiye sahiptirler. Önceden, hurma ağaçları doğurganlığın ve bereketin kutsal bir sembolü haline gelmiş ve Orta Doğu halkı için büyük manevi ve kültürel öneme sahip olmuştur. Hurma palmiyelerinin kültüre edilmesi ve satışı ile ilgili yasaları içeren ünlü Hammurabi Kanunu da dahil olmak üzere, eski Asur ve Babil tabletlerinde tasvir edilmişlerdir. Hurmalarla ilgili referanslar ayrıca eski Mısır, Suriye, Libyalı ve Filistinli yazılarda da bulunur (Nixon, 1951; Popenoe, 1973).

Deniz seviyesinden 600 m'ye kadar çeşitli habitatlarda, bulut ormanının hemen altındaki nemli alanlardan varlığının genellikle yeraltı suyunu gösterdiği yarı kurak alanlara kadar. *P.canariensis*'in ekolojik gereklilikleri, Liipnitz ve Kretschmar (1994) tarafından kapsamlı bir şekilde çalışılmıştır. Doğal ortamlarında, *P.canariensis* ilkbaharda çiçek açar ve meyveler sonbaharda olgunlaşır).

P. dactylifera yalnız ya da seyrek kümelenmiş , yaprak kılıfları olmadan 40-50 cm çapında donuk kahverengi renkte gövdeye sahip. *P.dactylifera*'nın sıcak ve kuru koşullarda, az yağışlı ya da hiç yağışsız gelişebilme kabiliyeti, sağlıklı büyüme ve tohum çimlenmesi için kökler hakkında sürekli nem olduğu sürece, vahanın klasik sembolü haline getirmiştir. Dağıtımı boyunca hurma, vadi yarıklar ve kayalık geçitlerde yeraltı suyunun güvenilir bir göstergesi olarak alınmıştır. Sıcak, kurak atmosferlere karşı direncinin yanı sıra, hurma ağacı, yüksek tuzluluk oranına ve su birikintisine karşı olağanüstü bir tolerans gösterir. Su birikintisine karşı dayanıklı olmasına rağmen, hurma avuç içi fazla yağış ve yüksek neme karşı çok hassastır.

2.3 Moleküler Belirteçler:

Bitki moleküler sistematik analizleri, nükleer veya sitoplazmadan (mitokondri ve kloroplast) ve / veya aminoasit dizileri verilerinden türetilen DNA dizilerindeki değişikliklerin belirlenmesine bağlıdır. (Nei ve Kumar 2000) Moleküler sistematikler, ilgili taksonların evrimsel tarihini göstermek için kullanılan filogenetik ağaçları türetmek için moleküler özelliklerine bağlı farklı teknikler kullanılır. (Lio and Goldman 1998; Brown 2002).

Bitki nükleer genomu, DNA ve ilişkili proteinlerden oluşan ayrı kromozomlar halinde düzenlenir. Kromozomların sayısı ve bitki genomunun büyüklüğü 2350 kat ile türler arasında 63 ila 149.000 Mbp arasında değişiklik göstermektedir (Heslop-Harrison ve Schwarzacher 2011). Bu çeşitliliğinin en önemli nedenleri, tam kromozom setlerinin birden fazla kopyasına sahip poliploidi adı verilen ve kökenlerinde angiospermilerin (kapalı tohumluların) % 50'sinden fazlasına sahip olan kalıtsal bir duruma dayanmaktadır.(Heslop-Harrison ve Schmidt 2007). Diğer nedenler kopyalanma, silinme ve gen akışı (Gören 2011) ve

genomdaki tekrarlayıcı DNA miktarı gibi mutasyonlardır. (Harrison ve Schmidt 2007). Bitki nükleer genomu, genlerden (ekzonlar ve intronlar) tekrarlayan DNA dizilimlerinden, düzenleyici elementlerden ve diğer düşük kopya sayı dizilerinden oluşmaktadır.(Harrison ve Schmidt 2007).

Nükleer DNA'nın (nrDNA) evrim hızının, bitki nükleer DNA'sı hariç, sitoplazmik DNA'dan daha yavaş olduğu düşünülmektedir. (Brown et.al, 1979, 1982; Wolfe et.al, 1987). Daha yüksek evrim hızı, daha fazla çeşitlilik ve sekanslama frekanslarında daha yüksek verimlilikle sonuçlanır.(Small ve ark. 2004). Bu durum, özellikle düşük taksonomik seviyelerde filogenetik çalışmalarda nrDNA kullanmanın bazı avantajlarını ortaya koymaktadır (Small et.al. 1998).

2.3.1 Kloroplast genomu belirteçleri:

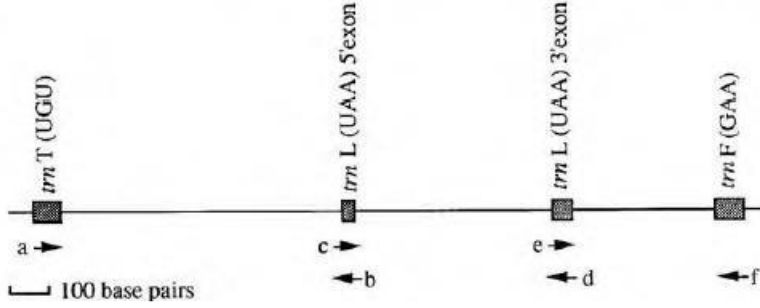
Kloroplastlar hücrelerin fotosentetik organelleridir. Kendi genomlarına sahipler. Kloroplast genomu, fotosentez, transkripsiyon ve translasyonda yer alan 120-130 genden oluşan 107 kb (*Cathaya argyrophylla* Chun & Kuang) ile 218 kb (*Pelargonium* L'Her) arasında değişen küçük bir dairesel moleküldür.

Her kloroplastta birden fazla genom kopyası bulunur. Biri büyük (LSC), bir küçük tek kopya bölgesi (SSC) içeren iki ters tekrarlı segment (IR) ile karakterize edilen kendi çift sarmallı DNA'larını içermektedirler.(Soltis ve diğerleri 1998; Daniel ve diğerleri 2016). Birçok kloroplast bölgesi LSC'de bulunur. Çok sayıda araştırmacı tek kopya bölgeleri evrimdeki ilişkileri bulmak için moleküler bir araç olarak tercih eder (Shaw ve ark.,2007).

Filogenetik ilişkiler, farklı taksonomik seviyelerde kloroplast DNA (cpDNA) yardımı ile araştırılmıştır. CpDNA bölgelerine göre sıralama, bitki sistematigi ve evriminin en popüler alanlarından biri haline gelmiştir (Clegg ve Zurawski, 1993). Kloroplast genomu bol, haploid ve bitkilerde korunmuş olduğu için filogenetik çalışmalar için faydalı veriler sağlar.

Kloroplast genomunun kodlanmayan bölgeleri yüksek frekanslı mutasyon potansiyeline sahiptir (Taberlet ve diğerleri, 1991). Kodlamayan bölgelerin çoğaltılması, evrimsel çalışmalar için cpDNA'nın çözünürlüğünü artırır. TrnL (UAA) intronu ve intergenik aralayıcı trnL (UAA) -trnF (GAA) dahil kodlayıcı

olmayan kloroplast genomu, filogeni ve hücre içi türlerin aile içi seviyedeki evrimsel ilişkisini ortaya çıkarmak için filogenetik kapasiteye sahiptir (Şekil 2.3) (Xu ve Ban 2004; Liu ve arkadaşları 2006; Tsai ve arkadaşları 2006).



Şekil 2.3 TrnF-TrnL Amplifiye bölgenin şematik gösterimi (Taberlet ve diğerleri, 1991).

Kodlama yapmayan diziler, bazı kodlama bölgelerine benzer ya da onlardan daha hızlı evrim oranlarına sahiptirler. Bu bölgelerin uzunluğu küçüktür, çalışma grubuna bağlı olarak genellikle 700 bp, trnL intron uzunluğu yaklaşık 350-600 bp ve trnL-F boşluk uzunluğu daha kısadır. Bu özellik araştırmacının bu bölgeleri büyütme ve sıralaması için bir avantaj sağlamaktadır. (Soltis ve ark. 1998; Tsai ve ark. 2006).

Korunan bölgenin olmasının avantajları, trnT-F'yi bitkilerin moleküler sistematik çalışmaları için uygun kılmıştır (Taberlet ve diğerleri, 1991). CpDNA trnT-F bölgesi, sırayla yerleştirilmiş ve kodlayıcı olmayan aralayıcı bölgelerle ayrılmış transfer RNA genleri trnT (UGU), trnL (UAA) ve trnF'den (GAA) oluşur. Başka bir deyişle, trnL (UAA) genini ve iki yan yana intergenik aralayıcıyı (IGS) içerir; trnT-L ve trnL-F (Pirie ve diğerleri, 2007). TrnL geni, UAA antikodon döngüsünün U ve A arasında bulunan grup I intronu içerir. (Kuhnel ve diğerleri, 1990). Korunan bölgelerin aksine (trnL (UAA) 5', trnL intron bölgesinin trnL (UAA) 3' ex), çekirdek kısım (trnL intron) değişkendir (Bakker ve diğerleri, 2000). Bu bölgenin kloroplast genomundan daha hızlı geliştiği yaygın olarak kabul edilmektedir.

Kodlama yapmayan diziler, bazı kodlama bölgelerine benzer ya da onlardan daha hızlı evrim oranlarına sahiptir Bu özellik araştırmacının bu bölgeleri büyütme ve sıralama için bir avantajdır (Soltis ve ark. 1998; Tsai ve ark. 2006).

Bir başka kloroplast geni olan MatK geni, yaklaşık 1500 baz çifti (bp), büyük tek kopya bölümünde konumlandırılmıştır (Hilu ve Liang, 1997). 15 RNA birleştirme işleminde kullanılan bir matür az proteinini kodlar (Neuhaus ve Link, 1987; Wolfe ve diğerleri, 1992; Mort ve diğerleri, 2001).

MatK dizisinden elde edilen veriler tek başına, diğer cpDNA gen kombinasyonunun (rbcL ve atpB) setine dayanan filogenetik ağaçların aksine güvenilir filogenetik ağaçlar üretebilir (Hilu ve diğerleri, 2003). MatK geni, bitki moleküler sistematigi ve evrimsel soruları ele almak için yaygın olarak kullanılır (Barthet ve Hilu, 2007). Bitkilerde hızlı bir şekilde geliştiği için, matK evrimsel çalışmalarda bitki filogeni inşa etmek için bir belirteçtir (Hilu ve Liang, 1997; Kelchner, 2002).

MatK, indel mutasyonlardan (eklem –silme mutasyonları) yoksundur, bu özelliği geni evrim ve korumada önemli kılmaktadır. (Hilu ve Liang, 1997). Varyasyon gösterdiği bölgeler, 5'lik bölgeye yakın olan dizilerde, 3'ün bitişiğindeki diziden biraz daha yüksektir. Korunan 3' ucunun belirli bilgilendirme alanlarına sahip olmasından dolayı filogeniyi çözmede kullanılan bir gen bölgesidir. (Hilu ve Liang, 1997).

2.4 *Phoenix* cinsinde yapılan moleküler çalışmalar:

Moleküler çalışmaların hız kazandığı 1990 lı yıllara kadar *Phoenix* türleri üzerinde daha çok yayılım alanı ve morfolojik karakterler bağlamında çalışmalar mevcuttur. Ancak cinsin kolay hibritlenebilmesi ve ekolojiye bağlı karakter değişimlerine uğraması sebebi ile tür ayrımlarının belirlenmesi bu yıllardan sonra moleküler ağırlıklı yürütülmüştür. Dünya *Phoenix*'leri üzerinde en yoğun moleküler çalışmalar, *P. dactylifera* (hurma palmyesi) üzerinedir. (Barrow SC. 1998) tarafından moleküler ve morfolojik temelli gerçekleştirilen çalışmada, *Phoenix* türleri içerisinde morfolojik olarak filogenetik ilişkileri ve taksonomik durumları sıkıntılı bilinen taksonlar 5S DNA intergenik bölgelerinin çalışılmasıyla aydınlatılmaya çalışılmıştır. Bu çalışma sonucunda *P. theophrasti*, *P. dactylifera* ile yakın akraba ayrı bir tür olarak tanımlanmıştır.

Ticari öneme sahip olan Hurma palmyesi üzerinde RAPD moleküler markör tekniği kullanılarak gerçekleştirilen moleküler çalışmada, hurma palmyesinin meyve kalitelerinin moleküler karakterizasyonları ortaya konmaya çalışılmıştır. Tunus, Cezayir ve Irak tan temin edilen 8 hurma kültivarı üzerine yapılan çalışmada, Deglet ve Kentichi varyetelerinin diğer varyetelerden ayrıldıkları ortaya konmuştur (Trifi M. & Ark. 2000). Benzer bir çalışma RAPD markör tekniği kullanılarak, Morokko, Tunus ve Irak tan 43 hurma varyetesi üzerine gerçekleştirilmiştir. Varyeteler arası genetik bağ açıklanmaya çalışılmıştır (Sedra, H. ve Ark. 1998).

Barrow S ve Ark. *Phoenix* cinsi üzerinde moleküler çalışmalara devam etmişler ve 2010 yılında *Phoenix* cinsinin SSR markör tekniği kullanılarak cins içi tür sınırlarının ve bu noktada hurma palmyesinin konumunun aydınlatılmasına yönelik bir çalışma yapmışlardır. Bu çalışmaya göre *P. theophrasti*'nin Doğu Akdeniz'deki konumuna değinilmiş ve türün varlığı, konumu aydınlatılmaya çalışılmıştır. Çalışma sonucunda cpDNA allelleri üzerinden ulaşılan noktada, *P. dactylifera* ve *P.theophrasti* nin birbirlerinden yüksek farklılık gösterdiği ortaya konmuştur (Pintaud, JC., ve Ark. 2010). Girit ve Anadolu'da yayılışa sahip olan bu Ege Endemiği türün parçalı yayılım gösterdiğine de dikkat çekilmektedir (Edh ve Ark., 2007).

Phoenix cinsinde yapılan benzeri moleküler çalışmalarda göstermektedir ki; SSR markör tekniği, az DNA gerektirmesi, kodominant ve kararlı bir markör sistemi olması, genomda bol ve dağınık bulunması, tekrarlanabilir ve otomasyona uygun olması, yüksek polimorfizm barındırması, bilgilendirici bir markör sistemi oluşundan dolayı popülasyon genetiği ve gen haritalama çalışmalarında etkin olarak kullanılmaktadır (Schlotterer, C., Tautz, D., 1993). Arecaceae familyası ile yapılan bir başka çalışmada, kullanılan kloroplast DNA sının trnL-trnF bölgeleri elde edilerek familyanın tamamında filogenetik ilişkiler ortaya konmaya çalışılmıştır (Barker, W.J., ve Ark. 1999). Kloroplast DNA'sının trnL ve trnF genleri arasındaki bölge, çok sayıda filogenetik bilgi içeren özelliğe sahip olan ve kodlama yapmayan bir bölgedir (Palmer, J. D. 1987). Kloroplast genomunun çekirdek genomuna göre küçük olması (120 – 217 kb), genomdaki gen dizilişinin korunması, genellikle tek ebeveynli kalıtım göstermesi ve genomunun konservatif bir şekilde (düşük oranda) evrimleşmesi nedeniyle kloroplast DNA'sı, türler arası doğal melezleşmenin

incelenmesinde, filogenetik çalışmalarında ve popülasyon genetiği çalışmalarında çok uygun olup, yaygın şekilde kullanılmaktadır (Palmer, J. D., 1985). Moleküler ile morfolojik çalışmaların beraber yürütüldüğü ve *Phoenix* cinsi üzerine gerçekleştirilmiş çalışmalarda mevcuttur. Özellikle (Rivera D., ve Ark 2008) tarafından yapılan çalışmada 37 morfolojik karakter kullanılarak herbaryum örnekleri üzerinden *Phoenix* cinsine ait türler karşılaştırılmış ve bir filogeni ağacı oluşturulmuştur. Aynı ağaç moleküler tekniklerle gerçekleştirilmiş ve iki veri karşılaştırılmıştır. Bu çalışmada da *P. theophrasti* bariz izole bir tür olarak verilmektedir.

Phoenix theophrasti, üzerine yapılan son çalışma Vardareli ve ark. tarafından 2019 yılında gerçekleştirilmiştir. Yapılan bu çalışmada *P. theophrasti* popülasyonlarının SSR belirteçlerini kullanarak genetik karakterizasyonu ortaya konulmuştur. Aynı zamanda türün *P. dactylifera*, *P. reclinata*, *P. rupicola*, *P. roebelenii*, *P. canariensis*, *P. loureiri*, *P. acaulis*, *P. slyvestris* olmak üzere dokuz farklı palmye türü ile filogenetik ilişkileri tespit edilmiştir. Bu çalışma ile genetik farklılaşma katsayısı (F_{ST}) 0.34, popülasyonlar arasında gen akış düzeyi (N_m) 0.49 olarak bulunmuş ve popülasyonlarda rastgele eşleşmeyle beklenenlere göre homozigot fazlalığı tespit edilmiştir. *P. theophrasti*'nin en düşük farklılaşması *P. dactylifera*'dan ($F_{ST} = 0.1932$) ve *P. theophrasti*'nin en yüksek farkı *C. humilis*'tendir ($F_{ST} = 0.4261$).



3. MATERYAL – METOD:

3.1 Materyal:

Deskripsiyon :

Fam: Arecaceae

Phoenix theophrasti Greuter

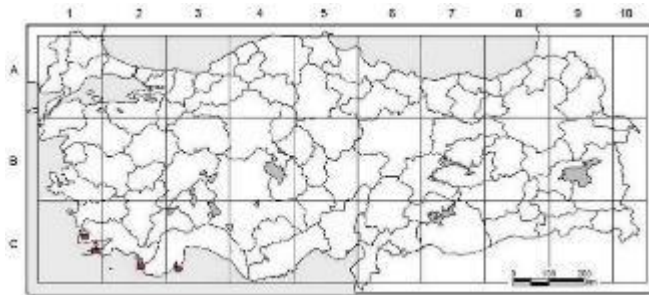
10m'ye kadar boylanan, genellikle birkaç silindir gövdeli, iki evcikli ağaçlar. Yapraklar dik, geliştikçe sarkık durumlu, yarımumsu kaplı; orta parçalar 30-50 cm, tabandaki parçalar 8-15 x 0.8-1cm. Erkek çiçeklerin sepalleri 2-3 mm, üçgen ve akut uçlu; petalleri 6-7 x 2.5 mm. Dişi çiçeklerin petalleri sepallerine az çok eşit, 2.5x4-4.5 mm, obtus. Meyveler elips, (12-)14-16x7-11 mm, olgunlaştığında yeşilimsi-kahve renkli.

Meyvelenme:7-11. aylar

Habitat: kıyı bölgelerinde, denizden birkaç metre uzaklıktaki dik kalker ve serpantin kayalıklar , nemli vadi tabanları, geçici akarsu kıyıları , Denize açılan küçük vadiler deniz seviyesi-200 m arası.

Doğu Akdeniz Element

Yayılım Alanı (Şekil 3.1): Muğla: Marmaris'ten Datça'ya doğru 48. km. (ISTE36264). Datça, Eksere Vadisi, 150-200 m. Azamaklıbük deniz seviyesi. - Muğla: Marmaris ten Datça'ya Hurmalıbük, deniz seviyesi-100m - Muğla: Bodrum Türkbükü, deniz seviyesi. -Muğla: Patara, deniz seviyesi - Antalya: Finike, Kumluca, Karaöz Mevki, deniz seviyesi- 30m.



Şekil 3.1 *P.theophrasti* Türkiye yayılış haritası. 1. Muğla-Bodrum Türkbükü. 2. Datça Yarımadası. 3. Muğla-Patara. 4. Antalya-Finike, Kumluca-Karaöz Mevkii.



Şekil 3.2 *P.theophrasti* genel görünüş (orijinal).

3.1.1 Çalışılan popülasyonlar:

Çalışma kapsamında *P. theophrasti* türünün 5 farklı popülasyonu üzerinde çalışma yapılmıştır.

1. Finike Popülasyonu :

Antalya ili sınırları içindeki popülasyon Finike, Kumluca Karaöz mevkiinde bulunmaktadır.

Koordinat: 36°16'28.07''K, 0°23'48.47''D

2. Patara popülasyonu :

Antalya ili sınırları içerisinde Patara Antik kentinde bulunmaktadır.

Koordinat: 36°15'52.48'' K, 29°19'00.03'' D

3.Datça popülasyonu:

Hurmalı bük

Datça Yarımadası Hisarönü Körfezinde bulunmaktadır.

Koordinat: 36°45'44.95" K, 27°58'36.52" D

Eksera:

Datça Yarımadası Gökova Körfezinde bulunmaktadır.

Koordinat: 36°47'4.84" K, 27°57'57.45" D

4. Muğla-Bodrum Göltürkbükü :

Muğla ili Bodrum ilçesi Göltürkbükü mevkiinde bulunmaktadır.

Koordinat: 37°06'56.21" K, 27°23'51.79" D

5. Gümüldür:

Koordinat: 38°04'28" K, 26°58'46.38" D

3.2 Metod :

3.2.1 Populasyon Büyüklüklerinin belirlenmesi ve yayılım haritalarının oluşturulması

Çalışma materyali olarak belirlediğimiz *P.theophrasti* 'nin (Datça hurması) mevcut durumunun belirlenmesi ve filogenetik analizde kullanılacak bireylerin konumlarının kayıt altına alınması amaçlanmış ve tüm popülasyonlarda tespit edilen bireylerin sınır bölgelerinden +/- 5m hassasiyete sahip MAGELLAN Mobile Mapper GPS model el GPS aleti kullanılarak lokasyonları ve koordinatları belirlenmiştir. Arazi çalışmaları sonucu elde edilen bu veriler bir Coğrafi Bilgi Sistemi (CBS) yazılımı olan ArcGIS kullanılarak noktasal özellikli sayısal veri şekline dönüştürülmüştür. Çalışma için belirlenen popülasyonlarda seçilen ve ulaşılabilirliği kolay olan bireyler metal plakalar yardımı ile numaralandırılmıştır.

Ayrıca tüm popülasyonların mevcut durumu izlenerek tehdit faktörleri belirlenmiştir.

3.2.2 Arazi çalışmaları ve örneklerin toplanması:

Türkiye florasında belirtilen lokalitelerde türün popülasyonlarının belirlenmesi ve birey sayılarının tespit edilmesi için arazi çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Yapılan arazi çalışmaları ile ulaşılabilir ve moleküler çalışmalarda kullanılabilir bireyler tespit edilmiş ve bireyler çalışma sürecinde durumlarının kontrol edilmesi amacı ile plakalandırılmıştır(Şekil 3.2.b). Aynı zamanda filogenetik olarak yakın türler olduğu düşünülen *Phoenix reclinata*, *Phoenix rupicola*, *Phoenix slyvestris* ile *P.theophrasti*'nin Palmiye Merkezi Köyceğiz- Muğla palmiye merkezinde bulunan tescilli bireylerden temin edilen yaprak örnekleri ile dış grup olarak kullanılması için Avrupa'nın doğal palmiyesi olarak bilinen *Chamaerops humulis* örnekleme katılmıştır.



Şekil 3.3 a) Moleküler çalışmalar için yaprak örneklerinin toplanması. b) Plakalandırılmış birey. (Orijinal)

Mevcut lokalitelerde yapılan arazi çalışmalarında popülasyonlardaki dişi ve erkek bireylerden ve Palmiye merkezi Köyceğiz –Muğla içerisinde belirtilen bireylerden yaprak örnekleri budama makası yardımı ile en yeşil ve canlı yapraklardan alınmıştır(Şekil 3.3.a). Alınan tüm yaprak örnekleri silika jel

içerisinde muhafaza edilmiş ve Ege Üniversitesi Biyoloji Bölümü Botanik Anabilim Dalı, Moleküler biyoloji Laboratuvarına getirilmiştir(Şekil 3.4). Örneklerin sorunsuz kurumaları için belirli aralıklar ile kontrolleri yapılmış, gereken örneklerde silika jel değiştirilmiş ve kurumaları sağlanmıştır.



Şekil 3.4 Moleküler çalışmalar için toplanan ve silika içerisine konulan yaprak örnekleri. (Orijinal)

3.2.3 Morfolojik çalışmalar

Türün tüm popülasyonlarından moleküler analizlerle körele edilecek şekilde yaprak, meyve, tohum ve meyve sapı örnekleri alınmıştır. Örnekler meyve ve tohumlarda en ve boy ölçümleri, yaprak örneklerinde yaprak boyu, eni, yaprakçık sayısı, diken sayısı, dikencik çifti sayısı ve dikenli bölge boyu ölçümleri ve çiçek eksenlerinde çiçek eksen boyu, sap boyu, ışın sayısı, ışındaki çiçek sayısı ölçümleri yapılmıştır(Şekil 3.5).

Tüm popülasyonlarda;

-Yaprak en- boy ve dikenli bölge boyu ölçümleri arazi gözlemi esnasında kurumuş (düşmüş) yapraklar üzerinden şerit metre yardımıyla yapılmıştır. Yaprakçık ve diken sayısı sayım yapılarak not edilmiştir.

-Meyve ve tohum en boy ölçümleri ulaşılabilen bireylerden ağacın verimliliğini etkilemeyecek şekilde toplanmış ve kumpas yardımı ile ölçülmüştür.

-Çiçek ekseninde yapılan ölçümler arazi gözlemi esnasında bir önceki yıldan kalan eksenler üzerinden gerçekleştirilmiştir.

Belirlenen ölçüm sonuçları bilgisayar ortamına aktarılmış ve SPSS programı ile ortalama değerleri alınarak kayıt altına alınmıştır.



Şekil 3.5 a)Yaprak boyu ölçümü (Gölköy), b) Çiçek eksen sayımı (hürmalibük), c) yaprakçık sayımı(Patara), d) Erkek eksen boy ölçümü(Patara), e) Dişi eksen boy ölçümü (Gümüldür), f) dikenli bölge (Finike). (Orijinal)

3.2.4 DNA izolasyonu çalışmaları:

Her lokaliteden moleküler çalışmalar için getirilen yaprak örnekleri ve Muğla Köyceğiz Palmiye Merkezinden Phoenix cinsine ait 5 sertifikalı türden alınan yaprak örnekleri sıvı azot yardımı ile uygun şekilde öğütülerek DNA izolasyonuna hazır hale getirilmiştir. Öğütülen tüm örnekler ependorflara alınarak DNA izolasyonunda kullanılmak üzere uygun şekilde -20°C ' de depolanmıştır.

Tüm bireylerin popülasyon isimlerinin baş harflerini alacak şekilde örneklem numarasına göre tüm moleküler çalışmalarda kullanılacak kodları oluşturulmuştur(Tablo 3.1).

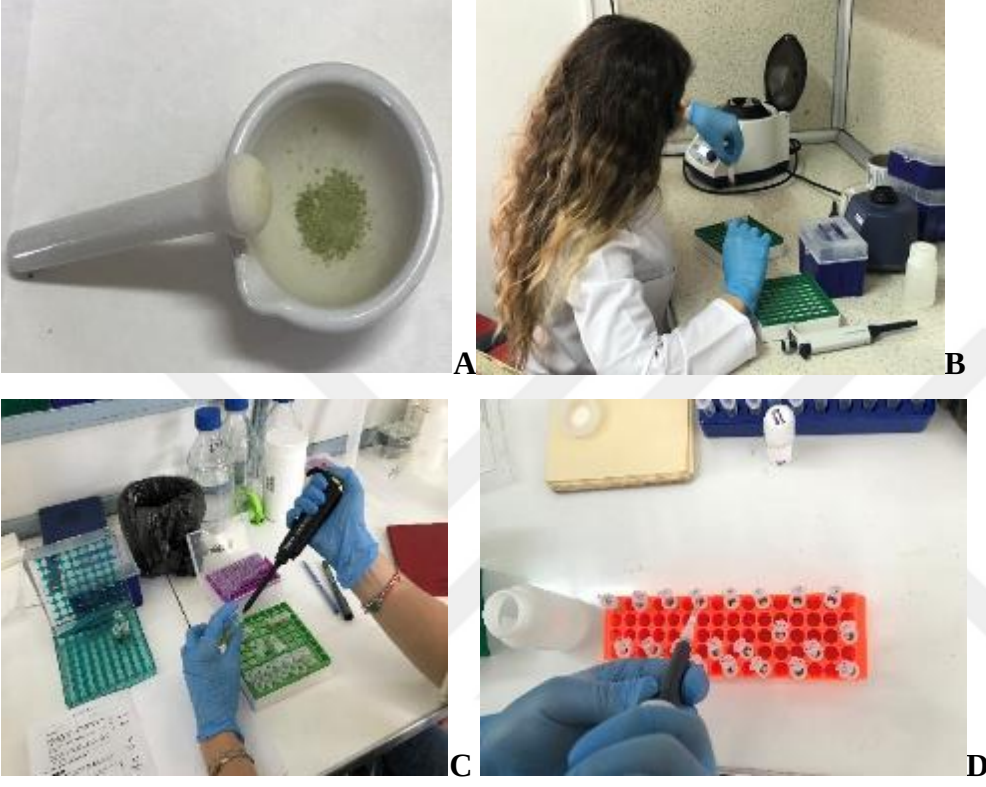
HURMALI BÜK		GÖLKÖY		FİNİKE	EKSERA	PATARA	GÜMÜLDÜR	GÜM
H1	H31	G1	G31	F1	E1	P1	<i>P.reclinata</i>	REC
H2	H32	G2	G32	F2	E2	P2	<i>P.rupicola</i>	RUB
H3	H33	G3	G33	F3	E3	P3	<i>P.slyvestris</i>	SLY
H4	H34	G4	G34	F4	E4	P4	<i>P.theophrasti</i>	THEO
H5	H35	G5	G35	F5	E5	P5	<i>Chamaerops humulis</i>	CH
H6	H36	G6	G36	F6	E6	P6		
H7	H37	G7	G37	F7	E7	P7		
H8	H38	G8	G38	F8	E8	P8		
H9	H39	G9	G39	F9	E9	P9		
H10	H40	G10	G40	F10	E10	P10		
H11	H41	G11	G41	F11	E11	P11		
H12	H42	G12	G42	F12	E12	P12		
H13		G13	G43	F13	E13	P13		
H14		G14	G44	F14	E14	P14		
H15		G15	G45	F15	E15	P15		
H16		G16	G46	F16	E16			
H17		G17	G47	F17	E17			
H18		G18	G48	F18	E18			
H19		G19	G49	F19	E19			
H20		G20	G50	F20	E20			
H21		G21			E21			
H22		G22			E22			
H23		G23			E23			
H24		G24			E24			
H25		G25			E25			
H26		G26			E26			
H27		G27			E27			
H28		G28			E28			
H29		G29			E29			
H30		G30						

Tablo 3.1 Tüm bireylerin çalışmada kullanılan kodları.

DNA izolasyonuna hazır hale getirilen örnekler üzerinde DNA izolasyonu çalışmaları Ege Üniversitesi Biyoloji bölümü Botanik Anabilimdalı, Moleküler Biyoloji Laboratuvarında “Macherey-Nagel genomic DNA from plant kit” ile bütün popülasyonlar için aşağıda belirtilen şekilde yapılmıştır

- Toplanan yaprak örnekleri sıvı azot ile kuru ağırlıkları 20 mg'ı geçmeyecek şekilde parçalanır ve steril 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne konulmuştur.
- Mikrosantrifüj tüpüiçerisine hücre duvarlarının parçalanması için 400µl liziz buffer (PL1) ve 10 µl RNase A konulmuştur.
- Buffer ve RNase A eklenen ependroflar 65 °C'de 1 saat su banyosunda bekletilmiştir.
- Nucleospin (violet) filter yeni kolaksiyon tüpüne alınmış ve su banyosunda bekleyen örneklerden alınan lizatlar (max 700 µl) koleksiyon tüplerine aktarılmıştır.
- 11,000 x g'de 2 dakika santrifüjlenmiştir.
- Koleksiyon tüplerine 450 µl binding buffer eklenerek vortexlenmiştir.
- Karışımın süpernatant kısmı alınarak steril 1,5 ml lik mikrosantrifüj tüpüne aktarılmıştır.
- 48 saat -20 °C 'de binding bufferın bağlanmasının artması için bekletilmiştir.
- Nucleospin II kolunu yeni koleksiyon tüplerine alınır ve karışım maksimum 700 µl olacak şekilde koleksiyon tüplerine aktarılmıştır.
- 11,000 x g'de 1 dakika santrifüjlenmiştir.
- Nucleospin II kolunu yeni bir koleksiyon tüpüne alınmıştır.
- 400 µl washing buffer (PW1) eklenmiş ve 11,000 x g'de 1 dakika santrifüjlenmiştir.
- Koleksiyon tüpündeki sıvı atılmış ve kolona 700 µl washing buffer (PW2) eklenerek 11,000 x g'de 1 dakika santrifüjlenmiştir.
- Tekrar koleksiyon tüpündeki sıvı atılarak kolona 200 µl washing buffer (PW2) eklenmiş ve 11,000 x g'de 2 dakika santrifüjlenmiştir.
- Nucleospin II kolunu 1,5 ml'lik temiz bir mikrosantrifüj tüpüne yerleştirilmiş ve 50 µl DNA elüsyon tamponu doğrudan kolon içerisinde orta kısımdaki membrana ilave edilmiş ve 5 dk 65 °C'de bekletilmiştir.
- 11,000 xg'de 1 dk santrifüjlenmiştir.

- Santrifüj sonrası mikrosantrifüj tüpü içerisinde saf DNA elde edilmiştir.
- Bu aşama aynı sıra ile tekrar edilmiştir.
- Santrifüj sonrası mikrosantrifüj tüpü içerisinde saf DNA elde edilmiştir.



Şekil 3.6 a) Sıvı azot ile parçalanmış yaprak örneği. b-d) DNA izolasyonu çalışmaları.

İzole edilen DNA örneklerinin konsantrasyonunu belirlemek için Ege Ü. Tabiat Tarihi Uygulama ve Araştırma Merkezi, Ekoloji laboratuvarında Maestrogen Nanodrop (MN-913) ile 260/280 nm (A_{260}/A_{280} oranı)ölçümleri yapılmıştır. Elde edilen DNA örneklerinin ölçüm sonuçları hem konsantrasyon açısından hem de 260/280 nm deki saflık değerleri açısından PCR reaksiyonu için uygunluğu kontrol edilmiş ve düşük konsantrasyon ve saflıktaki örnekler için DNA izolasyonu basamakları tekrar edilmiştir.

3.2.5 PCR reaksiyonu

Tüm popülasyon ve bireyler için DNA izolasyon basmağı sonrasında istenilen bölgelerin çoğaltılması ve filogenetik analize devam edilebilmesi için PCR reaksiyonu gerçekleştirilmiştir.

Seçilen primerler arasında TrnF ve TrnL primerleri kloroplast DNAsı oluşu ve değişiklik göstermesinin popülasyon içinde daha yüksek olmasından dolayı tüm bireyler için kullanılmıştır. MatK primeri ise barkod primeri olması ve türün genetik olarak barkodlanması hedeflendiği için morfolojik olarak değişiklik göstermeyen popülasyonlarda sadece popülasyon büyüklüğünü temsil edecek şekilde birey sayısı, morfolojik olarak farklılık gösteren popülasyonlarda ise tüm bireyler üzerinde çalışılmıştır.

Pcr reaksiyon basamağı sonuçların daha saf elde edilmesi için öncelikle farklı sıcaklık ve Mg⁺ konsantrasyonlarında, TrnL, TrnF ve MatK primerleri için ayrı ayrı deneme setlerinde çalışılmıştır (Tablo 3.5). Bu çalışma, Ege Ü. Tabiat Tarihi Uygulama ve Araştırma Merkezi, Ekoloji laboratuvarında LonggenA300 Fast Thermal Cycler cihazı ile 3 primer ve her popülasyon için ayrı gradient reaksiyonları oluşturularak gerçekleştirilmiştir.

Primer	Baz Dizisi 5'-3'
TrnL-Forward	CGAAATCGGTAGACGCTACG
TrnL- Reverse	GGGATAGAGGGACTTGAACC
TrnF- Forward	GGTTCAAGTCCCTCTATCCC
TrnF-Reverse	ATTTGAACTGGTGACACGAG
MatK- Forward	TTCTGGAGTCTTTCTGGAGCG
MatK-Reverse	TCTTTGAGGATCCGCTGTGAT

Tablo 3.2 Çalışmada kullanılan primer dizileri.(Taberlet R.et.al.1991)

Yapılan bu deneme setleri sonucunda elde edilen PCR ürünleri %2 lik agaroz jel elektroforezinde 90V/90 dk yürütülmüş ve sonuçlar Jel görüntüleme kabini ile görüntülenmiştir. Elde edilen görüntüler ışığında, ışıma yapan bantların varlığı ve parlaklıkları değerlendirilmiş ve primerlerin en iyi çalışma gösterdiği Tm ($^{\circ}\text{C}$) ve Mg⁺ değerleri tespit edilerek çalışmalara tüm popülasyonlar üzerinde bu değerler ile devam edilmiştir(Tablo3.3,Tablo 3.4).

Kloroplast TrNL-TrnF		
İlk denatürasyon	94 $^{\circ}\text{C}$	3 dk
Denatürasyon	94 $^{\circ}\text{C}$	40sn
Annealing (Bağlanma)	55 $^{\circ}\text{C}$	45 sn
Elongasyon (Uzama)	72 $^{\circ}\text{C}$	1 dk
Son Uzama	72 $^{\circ}\text{C}$	10 dk
Son Uzama	4 $^{\circ}\text{C}$	Sınırsız

Tablo 3.3 Kloroplast trnL-trnF primerleri için PCR reaksiyon döngüleri.

MatK		
İlk denatürasyon	95 $^{\circ}\text{C}$	10 dk
Denatürasyon	94 $^{\circ}\text{C}$	30 sn
Annealing (Bağlanma)	57 $^{\circ}\text{C}$	30 sn
Elongasyon (Uzama)	72 $^{\circ}\text{C}$	1 dk
Son Uzama	72 $^{\circ}\text{C}$	10 dk

Tablo 3.4 MatK primeri için PCR reaksiyon döngüleri.

Pcr ürünleri toplam 25 µl olacak şekilde uygun konsantrasyonlarda; Mg⁺, DNTP, PCR buffer, Dh₂O ve Tag polimeraz içeren pcr karışımları ile belirlediğimiz döngüler ile elde edilmiştir (Tablo 3.5, Tablo 3.6).

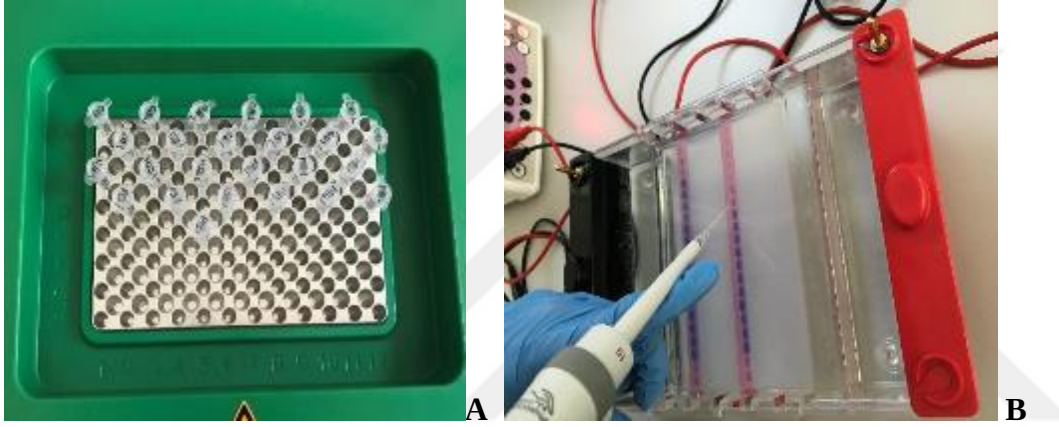
Kloroplast trnL-trnF	µL	Tm : 56 °C
Mg ⁺	0,5	
DNTP	0,4	
PCR buffer	2	
Tag polimeraz	0,5	
dH ₂ O	13,6	
Primer F	1	
Primer R	1	
DNA	6 (konsantrasyona göre dH ₂ O dengesi ile değişiklik gösterebilir)	

Tablo 3.5 Kloroplast trnL-trnF primerleri ile yapılan PCR analiz mixleri.

MatK	µL	Tm: 52-60 °C
Mg ⁺	2,0	
DNTP	0,5	
PCR buffer	2,5	
Tag polimeraz	0,5	
dH ₂ O	12,5	
Primer F	0,5	
Primer R	0,5	
DNA	6(konsantrasyona göre dH ₂ O dengesi ile değişiklik gösterebilir)	

Tablo 3.6 Kloroplast MatK primeri ile yapılan PCR analiz mixleri.

Tüm popülasyonlar için tamamlanan PCR basamağı sonrasında elde edilen pcr ürünleri, PCR işleminin ve istenilen bölgenin çoğaltılıp çoğaltılmadığının kontrolü yapılmıştır. Bu işlem safeview ile boyalı %2 agaroz içeren jelde gerçekleştirilmiştir. Jel hazırlanmasında ve elektroforezde 10xTAE tamponu kullanılıp, 3µl DNA solüsyonu, 2 µl yükleme boya solüsyonu ile karıştırılarak kullanılan tankların büyüklükleri ile orantılı olarak 90 V’ da küçük tanklar için 50 dk, büyük tanklar için 90 dk yürütülmüştür(Şekil 3.7)



Şekil 3.7 a)PCR reaksiyonu için cihaza yerleştirilen örnekler. b) PCR sonrası örneklerin agaroz jel elektroforezine yüklenmesi .

PCR ürünlerinin elektroforez ile ayrılma basamakları;

- Steril veya temiz bir erlen içerisine büyük tanklarda 22 ml 10xTAE / 198 ml DH2O ve 4,4gr agaroz, küçük tanklarda 5ml 10x TAE/ 45 ml DH2O ve 1 gr agaroz eklenmiştir.
- Safeview boyası agaroz eklenmiş TAE tamponuna büyük tanklara 11 µl, küçük tanklarda 2,5 µl olarak eklenmiştir.
- Bu karışım mikrodalgada agaroz tamamen homojen hale gelinceye kadar ısıtılmıştır.
- Agaroz jel karışımı 40-45°C’ ye kadar soğutulmuştur.
- Elektroforez tankına taraklar uygun bir şekilde yerleştirilmiş ve jelde hava kabarcığı kalmamasına özen gösterilerek dökülmüştür.
- Oda sıcaklığında jel yaklaşık 40 -50 dakika bekletilerek donması beklenmiştir.

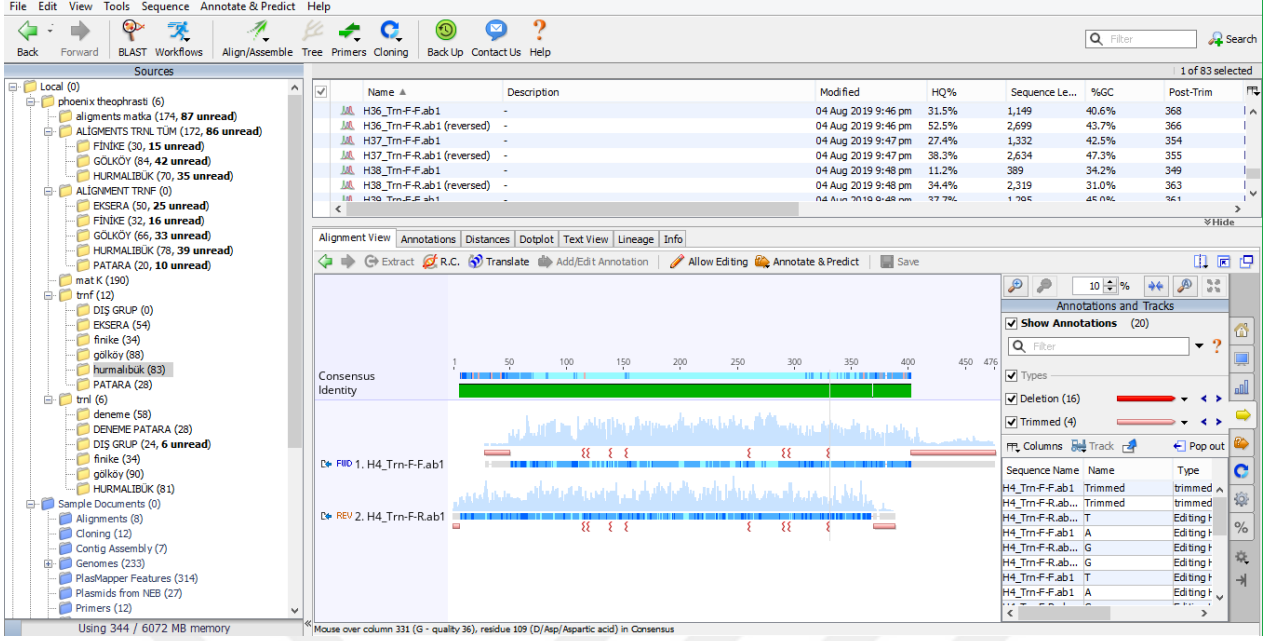
- Tank içerisine jelin yüzeyini 1-2 mm kaplayacak şekilde 1xTAE ilave edilir ve ardından taraklar çıkarılmıştır.
- PCR ürünleri ve belirteç DNA yükleme tamponuyla birlikte kuyucuklara yüklenmiş ve Elektroforez başlatılmıştır.
- Tank büyüklüklerine göre 90 dk/ 45 dk sonra elektroforez sonlandırılır ve tanktan çıkartılır.
- Görüntülenme gerçekleştirilir ve bantlar belirteç DNA dizisi ile karşılaştırılır.

Elektroforez sonuçları jel görüntüleme kabini ile görüntülenmiştir. Elde edilen görüntüler bilgisayar ortamında birey kodları ile birleştirilmiştir. Bu birleştirme sonunca, tüm bireyler için pozitif sonuçlar sekans analizi için ayrılmış, negatif bant veren bireylerin PCR basamakları tekrarlanmıştır.

3.2.6 Sekans Analizleri ve Biyoinformatik Çalışmalar:

PCR reaksiyonu sonrasında agaroz jel ile reaksiyon sonucu pozitif olan bireyler sanger sekanslama yöntemi ile hizmet alımı için MacroGen firmasına gönderilmiştir. Sekanslama işlemi sonucunda tüm bireylere MEGAX programından NCBI Genbank üzerinden Blastlama (dizi kontrolü) yapılmış e biyoinformatik çalışmalara uygun bireyler çalışmaya alınmıştır.

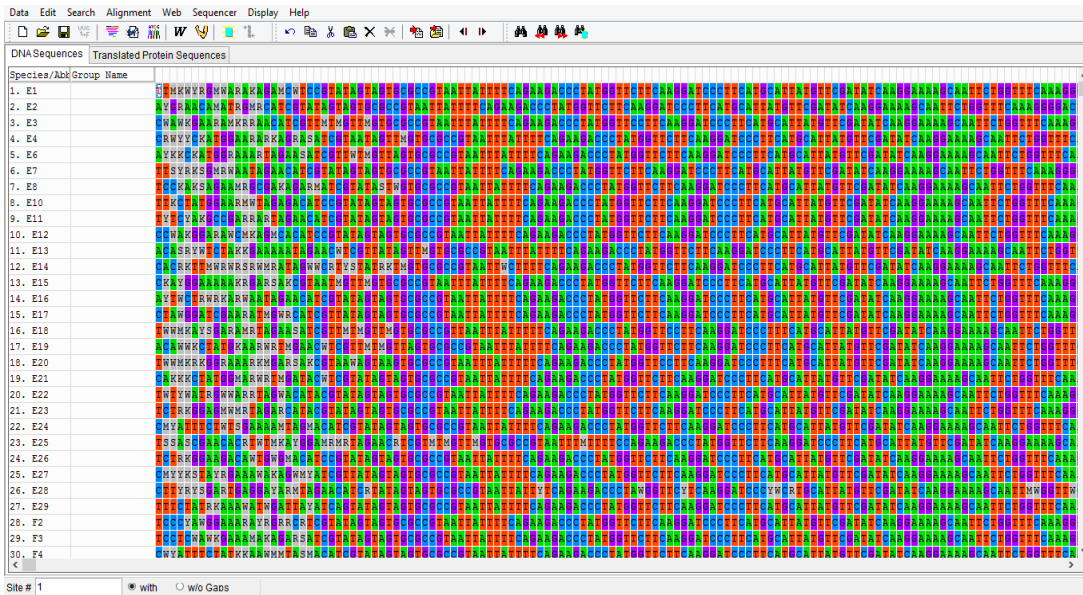
Çalışma için seçilen tüm diziler forward ve reverse dizileri olarak Geneus Prime programına aktarılmıştır. Program içerisinde reverse dizileri forward diziler ile aynı yönde olabilmesi için ters çevrilmiş ve iki dizi Geneus hizalama ile hizalandırılmıştır. Hizalanması gerçekleştirilen dizilerden consensus diziler elde edilmiştir. Oluşturulan consensus dizilere Trim-End işlemi yapılarak 5' ve 3' uçlarından düzensiz bazlar atılmıştır. Tüm consensus dizileri kontrol edilerek dizi içi düzensizlikler giderilmiştir(Şekil 3.8). Elde edilen consensus sekanslar bir sonraki analizde kullanılmak üzere Fasta formatında kaydedilmiştir.



Şekil 3.8 DNA Dizilerinin Geneuis prime programı ile düzenlenmesi.

Geneuis Prime programı ile hizalan ve consensus dizileri elde edilen örneklerin consensus sekansları aynı programda primerlere göre gruplandırılıp kaydedilmiştir.

Mega X programında açılan kaydedilmiş diziler, program içerisinde tekrar düzenlenmiş ve fasta formatına dönüştürülmüştür. Bu işlem her primer için gerçekleştirilmiş ve kaydedilmiştir(Şekil 3.9).

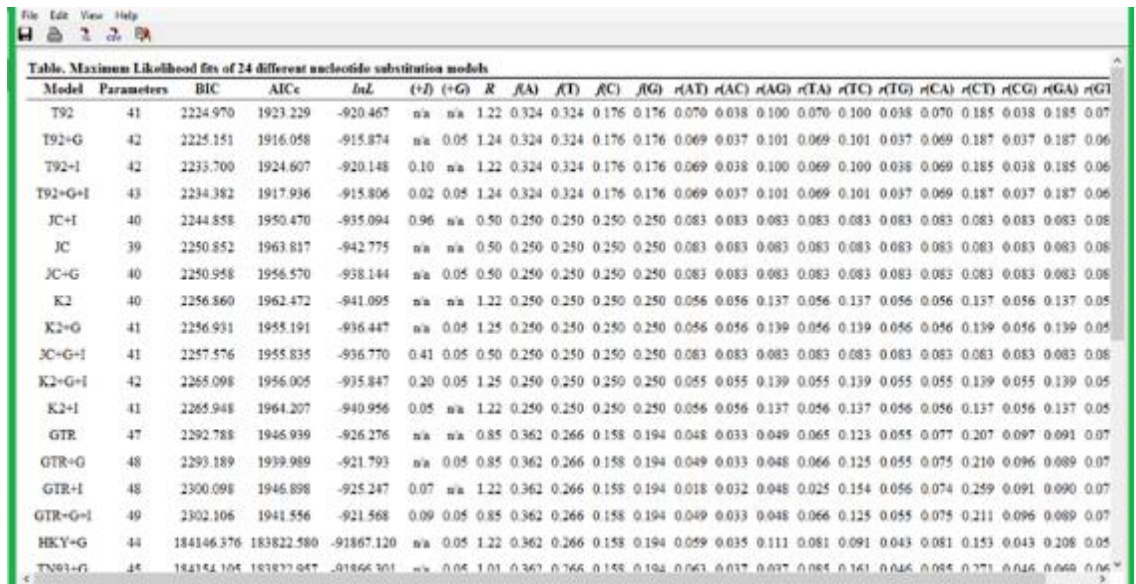


Şekil 3.9 Mega X programı ile düzenlenen diziler

Fasta formatında kaydedilen dizilerin ClustalW hizalaması www.genome.jp sitesi üzerinden yapılmıştır. Hizalanan diziler kaydedilmiş ve Mesquite programı ile nexus formatına dönüştürülmüştür. Bu aşamalarda hizalanmasında sıkıntı olan ve baz düzensizliği gösteren örnekler çalışmadan çıkartılmış ve hizalanan diziler ile devam edilmiştir.

Ön hizalama işlemleri ve formatları düzenlenmiş diziler PAUP* 4.0 (Swofford, 2002) programında açılmış ve tüm popülasyonlar için parsimoni ağacı ve neighbour joinning (MJ) ağaçları oluşturulmuştur. Parisimoni ve NJ ağaçları adım adım ekleme algoritması, dal değiş tokuşu evresine dayalı TBR algoritması ve programın verdiği algoritmalar seçilerek yapılmıştır. Tüm analizler 100 tekrarlı ağaçlar üzerinden gerçekleştirilmiştir.

Filogenetik analizin en doğru model seçimi ile ilerlemesi için Mega X programı ile BIC (bayesian) sonuçları değerlendirilmiştir. Bu sonuçlar ışığında tüm analizler için olan en uygun modeller seçilmiş ve çalışmalara bu modeller üzerinden devam edilmiştir(Şekil 3.10). Oluşturulan ağaçlar FigTree v1.4.2 porgramı ile düzenlenmiştir.



The screenshot shows the Mega X software interface with a table titled "Table: Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models". The table lists various models and their corresponding parameters, BIC, AICc, lnL, and other statistical values. The models include T92, T92+G, T92+I, T92+G+I, JC+I, JC, JC+G, K2, K2+G, JC+G+I, K2+G+I, K2+I, GTR, GTR+G, GTR+I, GTR+G+I, HKY+G, and TN93+G. The table is organized into columns for Model, Parameters, BIC, AICc, lnL, and various substitution rates (R, beta(A), beta(T), beta(C), beta(G), alpha(A), alpha(T), alpha(C), alpha(G), alpha(I), alpha(C), alpha(G), alpha(I), alpha(C), alpha(G), alpha(I)).

Model	Parameters	BIC	AICc	lnL	(+I)	(+G)	R	$\beta(A)$	$\beta(T)$	$\beta(C)$	$\beta(G)$	$\alpha(A)$	$\alpha(T)$	$\alpha(C)$	$\alpha(G)$	$\alpha(I)$	$\alpha(C)$	$\alpha(G)$	$\alpha(I)$	$\alpha(C)$	$\alpha(G)$	$\alpha(I)$
T92	41	2224.970	1923.229	-920.467	n/a	n/a	1.22	0.324	0.324	0.176	0.176	0.070	0.038	0.100	0.070	0.100	0.038	0.070	0.185	0.038	0.185	0.07
T92+G	42	2225.151	1916.058	-915.874	n/a	0.05	1.24	0.324	0.324	0.176	0.176	0.069	0.037	0.101	0.069	0.101	0.037	0.069	0.187	0.037	0.187	0.06
T92+I	42	2233.700	1924.607	-920.148	0.10	n/a	1.22	0.324	0.324	0.176	0.176	0.069	0.038	0.100	0.069	0.100	0.038	0.069	0.185	0.038	0.185	0.06
T92+G+I	43	2234.382	1917.936	-915.806	0.02	0.05	1.24	0.324	0.324	0.176	0.176	0.069	0.037	0.101	0.069	0.101	0.037	0.069	0.187	0.037	0.187	0.06
JC+I	40	2244.858	1950.470	-935.094	0.96	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
JC	39	2250.852	1963.817	-942.775	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
JC+G	40	2250.958	1956.570	-938.144	n/a	0.05	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
K2	40	2256.860	1962.472	-941.095	n/a	n/a	1.22	0.250	0.250	0.250	0.250	0.056	0.056	0.137	0.056	0.137	0.056	0.056	0.137	0.056	0.137	0.05
K2+G	41	2256.931	1955.191	-936.447	n/a	0.05	1.25	0.250	0.250	0.250	0.250	0.056	0.056	0.139	0.056	0.139	0.056	0.056	0.139	0.056	0.139	0.05
JC+G+I	41	2257.576	1955.835	-936.770	0.41	0.05	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
K2+G+I	42	2265.098	1956.005	-935.847	0.20	0.05	1.25	0.250	0.250	0.250	0.250	0.055	0.055	0.139	0.055	0.139	0.055	0.055	0.139	0.055	0.139	0.05
K2+I	41	2265.948	1964.207	-940.956	0.05	n/a	1.22	0.250	0.250	0.250	0.250	0.056	0.056	0.137	0.056	0.137	0.056	0.056	0.137	0.056	0.137	0.05
GTR	47	2292.788	1946.939	-926.276	n/a	n/a	0.85	0.362	0.266	0.158	0.194	0.048	0.033	0.049	0.065	0.123	0.055	0.077	0.207	0.097	0.091	0.07
GTR+G	48	2293.189	1939.989	-921.793	n/a	0.05	0.85	0.362	0.266	0.158	0.194	0.049	0.033	0.048	0.066	0.125	0.055	0.075	0.210	0.096	0.089	0.07
GTR+I	48	2300.091	1946.898	-925.247	0.07	n/a	1.22	0.362	0.266	0.158	0.194	0.018	0.032	0.048	0.025	0.154	0.056	0.074	0.259	0.091	0.090	0.07
GTR+G+I	49	2302.106	1941.556	-921.568	0.09	0.05	0.85	0.362	0.266	0.158	0.194	0.049	0.033	0.048	0.066	0.125	0.055	0.075	0.211	0.096	0.089	0.07
HKY+G	44	184146.376	183822.580	-91867.120	n/a	0.05	1.22	0.362	0.266	0.158	0.194	0.059	0.035	0.111	0.081	0.091	0.043	0.081	0.153	0.043	0.205	0.05
TN93+G	45	184154.105	183877.947	-91866.301	n/a	0.05	1.01	0.367	0.266	0.158	0.194	0.063	0.037	0.037	0.085	0.161	0.046	0.085	0.271	0.046	0.060	0.06

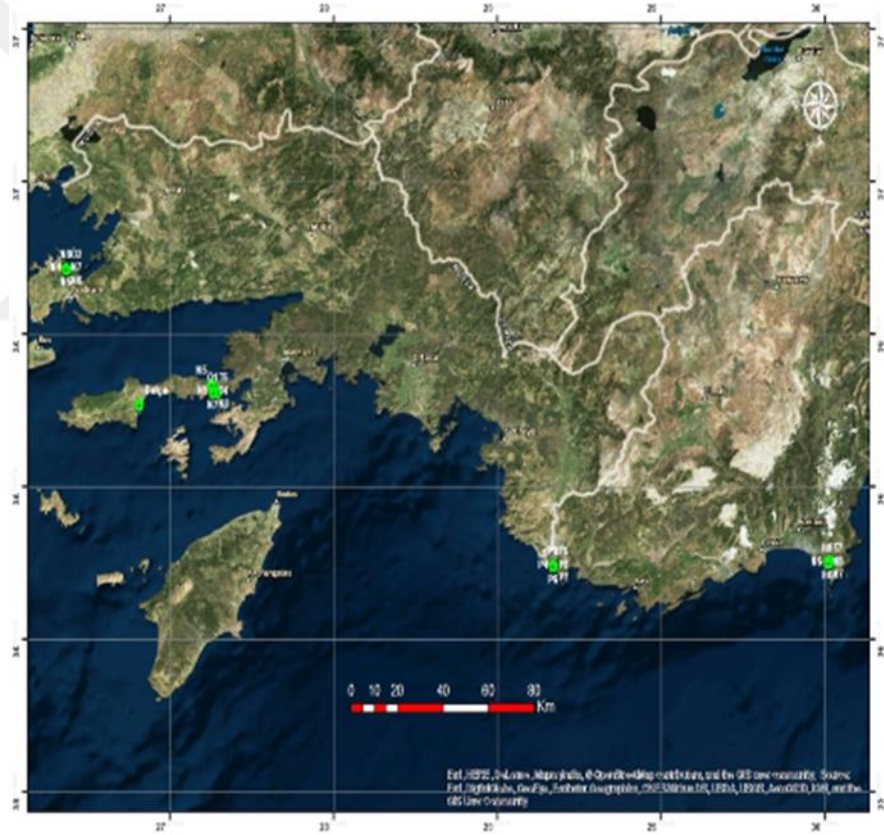
Şekil 3.10 Mega X programında BIC (bayesian) Modellemesi.



4. BULGULAR:

4.1 Arazi çalışmaları, Popülasyon Büyüklüklerinin belirlenmesi ve yayılım haritalarının oluşturulması:

Bu çalışmada; *Phoenix theophrasti* (Datça Hurması) popülasyonları yapılan arazi çalışmaları ile tüm popülasyonlarda toplamda 157 birey işaretlenmiştir(Şekil 4.1). Aynı zamanda Gümüldür-İzmir lokalitesinde türün yeni kaydı olabileceğini düşündüğümüz bireyde çalışma kapsamında numaralandırılmış ve moleküler çalışmalara katmak üzere örneklendirilmiştir.



Şekil 4.1 *P. theophrasti* Türkiye popülasyonları ARCGIS programı ile işaretlenmesi genel görünüş.

4.1.1 Finike popölasyonu:

Kumluca Karaöz mevki 202 no'lu gen koruma ormanı içerisinde bulunan popölasyon kalker ana kaya üzerinde mevcut yüzey su akışının olmadığı, *Pinus brutia* orman açıklıkları, deniz seviyesinde yamaçlarda ve ana kaya duvarları üzerinde yer almaktadır(Şekil 4.2). Popölasyon birey sayısı 30 olmakla birlikte ulaşılabilen ve moleküler çalışmalar için işaretlenerek örnek alınan birey sayısı 20 dir.

Birey morfolojileri ince ve uzun gövdeli, meyve morfolojileri literatür ile örtüşmektedir(Şekil 4.3).





Şekil 4.3 a). Kalker kaya üzerinde Finike popülasyonu, b) Finike Gen Koruma Ormanı, c) Finike Populasyonu genel görünüşü, d) Türün genel taç görünümü.

4.1.2 Patara popülasyonu:

Dört mevsim su bulunduran bir su sistemi (göl) yakınında olması aynı zamanda Patara antik kenti içerisinde yer alması türün buraya taşındığı ve kültüre edilmiş bir popülasyon olduğunu açıklamaktadır(Şekil 4.4).15 erkek bireyden oluşan popülasyonun tüm bireyleri moleküler çalışmalarda kullanılmak üzere örneklenmiştir. Popülasyon morfolojik olarak geniş ve uzun yaprak boyu ve gövde boyu ile diğer popülasyonlardan ayrılmaktadır(Şekil 4.5).

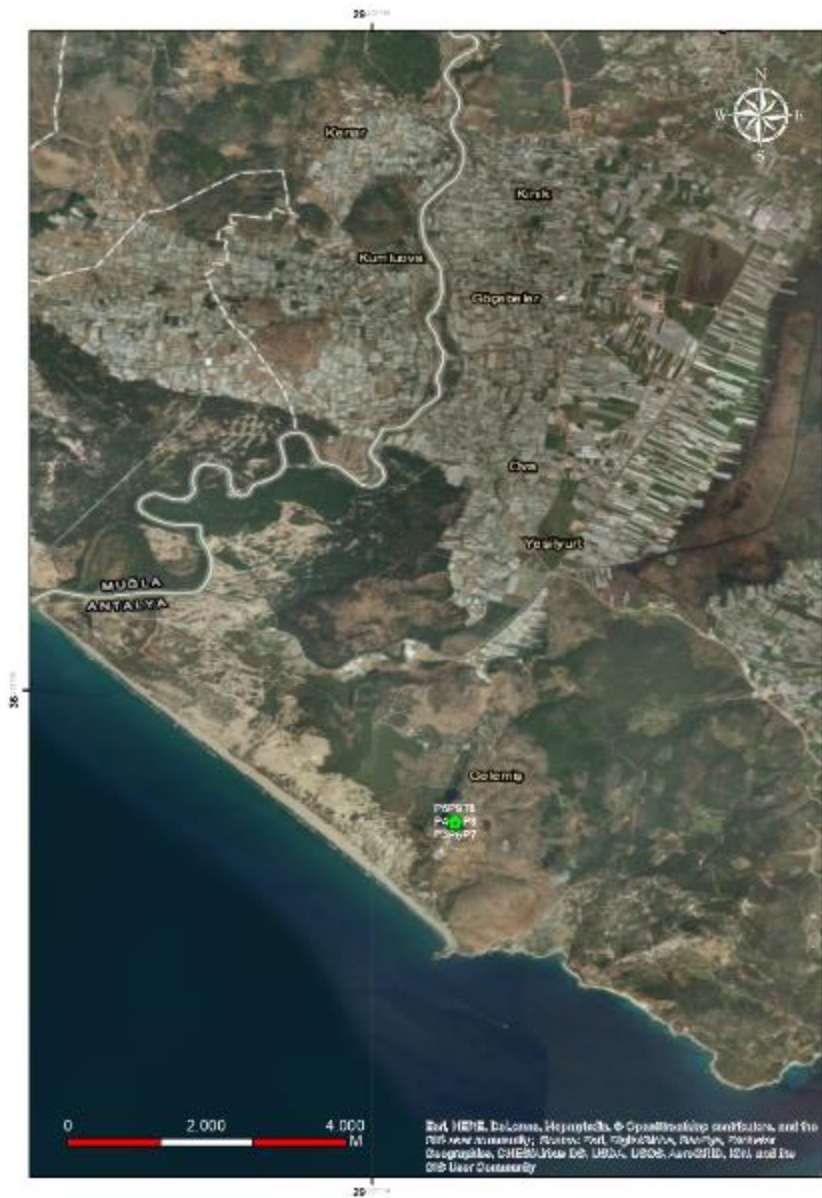


A



B

Şekil 4.4 a) Patara popülasyonu genel görüntü- Letoon Hurmalığı b) Hurmalık yakınındaki doğal sus sistemi.



Şekil 4.5 Patara popülasyonu işaretli bireylerin ArcGIS programı ile gösterimi.

4.1.3 Hurmalı Bük popülasyonu:

Datça Yarımadası güney kıyısında yer alan populasyon Habitat olarak denize en yakın ve morfolojik olarak deskripsiyona en yakın birleri içerir. Aynı zamanda popülasyonun koy içerisindeki dönemsel su kaynaklarına yakın olduğu belirlenmiştir(Şekil4.8).

Popülasyonun birey sayısı vadi içerisindeki bireyler ile 60 ‘a yakındır. Popülasyon içerisinde 42 birey çalışma kapsamında işaretlenmiş ve yaprak örneği alınmıştır(Şekil 4.6).



A



B

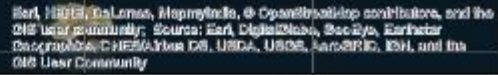
Şekil 4.6 a) Hurmalıbük popülasyonu genel habitat görüntüsü, b) Bireylerden yaprak örneği alınışı.

4.1.4 Eksera Popölasyonu :

Datça yarım adası kuzey kıyısına inen yamaçlarda, Eksera Vadisi içerisinde yer almaktadır. Datça popölasyonları, serpantin ana kaya üzerinde, denize açılan dönemsel dere yatakları boyunca devam eden ve taban suyunun yüksek olduğu denize sıfır alanlara kadar yayılış göstermektedir(Şekil 4.8). Popölasyon içerisinde ulaşılabilen 29 birey işaretlenmiş ve örnek alınmıştır.(Şekil 4.7)



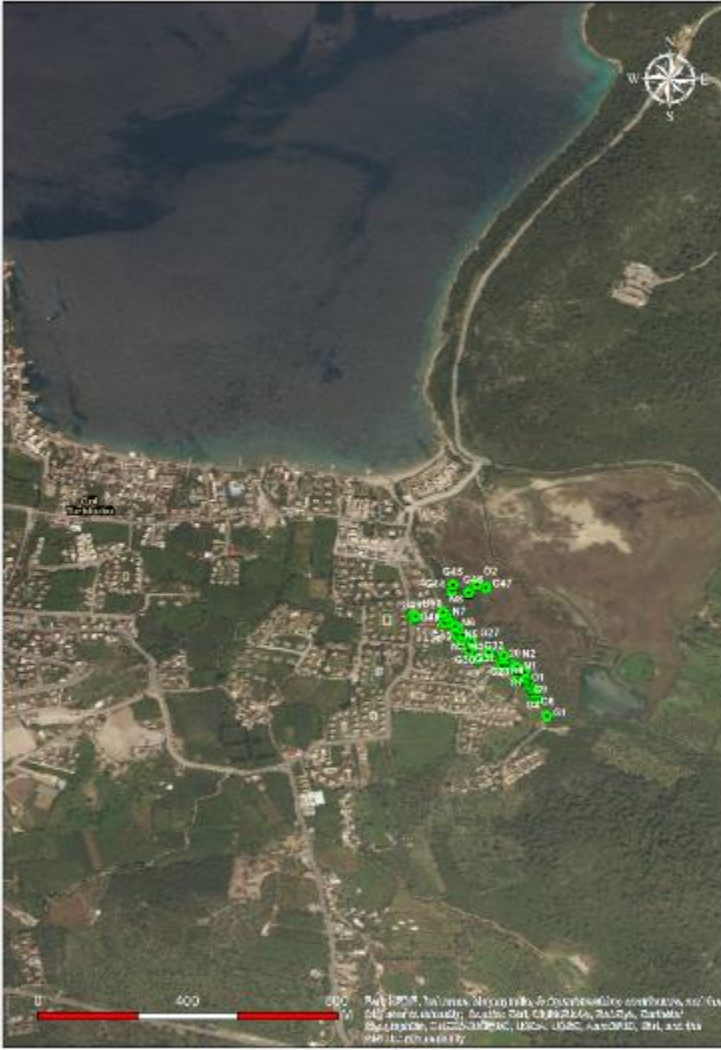
Şekil 4.7 a-b) Eksera Vadisi habitat genel görünüşü.



Şekil 4.8 Eksera popülasyonu işaretli bireylerin ArcGIS programı ile gösterimi.

4.1.5 Gölköy Popülasyonu:

Bodrum-Göltürkbükü mevkiinde bulunan popülasyon, dört mevsim su bulunduran (göl) acı su kaynakları ve bölgede yer alan su sistemi çevresindeki bataklık alanlarda yayılış göstermektedir(4.10). Yerleşim yerlerine en yakın popülasyon olması ile birlikte, antropojenik müdahalenin en yüksek olduğu popülasyondur. 1992 yılında geçirdiği büyük yangın ile birçok bireyin zarar gördüğü gözlemlenmiştir.(Boydak M, 1995). Popülasyondan 50 birey işaretlenmiş ve örnek alınmıştır. (Şekil 4.9)



Şekil 4.9 Gölköy popülasyonu işaretli bireylerin ArcGIS programı ile gösterimi.

**A****B**

Şekil 4.10 a-b) Glky poplasyonu devamlı su kaynağına en yakın bireyler.

4.1.6 Gümüldür popülasyonu:

Çalışma kapsamında başlangıçta belirlenen popülasyonlar içerisinde yer almayan İzmir – Gümüldür popülasyonu başka bir arazi çalışması esnasında Gümüldür Tabiat Parkı içerisinde tarafımızca bulunmuştur. Bu birey park içerisindeki diğer Phoenix cinsi üyelerinden, mumsu yaprak rengi, kısa meyve sapları küçük meyve boyutu ile ayrılmaktadır. Bu bulgular bize bu bireyin *P.theophrasti* olabileceğini düşündürmüş ve bu birey yeni bir lokasyon olarak çalışmaya dahil edilmiştir.

Popülasyon *P. canariensis* ve *P. dactylifera* türlerinin çoğunlukta olduğu deniz seviyesinde tek bireyden oluşmaktadır.

4.2 Morfolojik çalışmalar

Yapılan morfolojik çalışmalar sonucunda tüm popülasyonlarda örneklem sayıları popülasyon büyüklükleri ve ulaşılan karakterler üzerinden gerçekleştirilmiştir. Ölçümler sonrası tamamlayıcı istatistik değerleri elde edilip kaydedilmiştir.

Yaprak karakterleri; Hurmalıbük 47, Finike 46, Eksera 29, Patara 51, Gölköy 58, Gümüldür 10 bireyden örneklendirilmiştir(Tablo 4.3).

Çiçek karakterleri içerisinde,

-Çiçek eksen boyu ve çiçek ekseni sap boyu örneklem sayısı Hurmalıbük 47, Gölköy 75 şeklindedir. Gümüldür, Patara ve Eksera popülasyonlarından sağlam eksen bulanamadığı için örneklem yapılamamıştır(Tablo 4.4).

-Işın sayısı ve ışın başına düşen çiçek sayısının örneklem sayısı Hurmalıbük 99(100), Finike 47, Eksera 4, Patara 2, Gölköy 75, Gümüldür 3 şeklindedir(Tablo 4.4).

Meyve ölçümleri Hurmalıbük 89, Finike 37, Gölköy 222, meyve üzerinden örneklendirilmiştir. Gümüldür ve Eksera popülasyonlarından verimli dişi birey bulanamadığı için örneklem yapılamamıştır. Patara popülasyonundan tüm bireylerinin erkek oluşu sebebi ile örneklem yapılamamıştır(Tablo 4.1).

Tohum ölçümleri Hurmalıbük 322, Finike 167, Gölköy 1049 tohum üzerinden örneklendirilmiştir. Gümöldür ve Eksera popülasyonlarından verimli dişi birey bulanamadığı için örneklem yapılamamıştır. Patara popülasyonundan tüm bireylerinin erkek oluşu sebebi ile örneklem yapılamamıştır(Tablo 4.2).

Grup		Boy (cm)	En(cm)
Hurmali b ük	N	89	89
	Mean	1,73	1,24
	Median	1,70	1,10
Finike	N	37	37
	Mean	1,91	1,02
	Median	1,90	1,00
Gölköy	N	222	222
	Mean	2,19	1,21
	Median	2,20	1,20
Total	N	348	348
	Mean	2,04	1,20
	Median	2,00	1,10

Tablo 4.1 Popülasyonlardan toplanan meyve karakter ölçümlerinin tanımlayıcı istatistikleri

Grup		En(mm)	Boy(mm)
Gölköy	N	1049	1049
	Mean	7,03	14,52
	Median	7,02	14,41
Hürmalibük	N	322	322
	Mean	8,08	14,47
	Median	7,99	14,46
Finike	N	167	167
	Mean	7,54	12,33
	Median	7,48	12,06
Eksera	N	5	5
	Mean	7,08	14,16
	Median	6,92	13,65
Total	N	1543	1543
	Mean	7,30	14,27
	Median	7,25	14,23

Tablo 4.2 Popülasyonlardan toplanan tohum karakter ölçümlerinin tanımlayıcı istatistikleri.

Meyve ve tohum karakterleri üzerinde yapılan ölçümlere bakıldığında; meyve en ve boy oranında en küçük meyve boyuna ait popülasyon Hürmalibük popülasyonudur. En büyük meyve boyu ise popülasyon içerisinde meyve karakterlerinin en fazla farklılık gösterdiği Gölköy popülasyonudur. Tohum ölçümlerinde ise en küçük tohuma sahip popülasyon Finike Popülasyonudur. Tohum boyunun en fazla olduğu popülasyon Gölköy popülasyonu olmasına rağmen tohum eninin en fazla olduğu popülasyon Hürmalibük popülasyonudur.

Grup		Yaprakboyu (cm)	Yaprakeni (cm)	yapciftsay	Dikbölboy (cm)	dikensay
Hurmahbük	N	47	47	47	47	47
	Mean	299,61	59,89	81,85	91,44	19,02
	Median	290,00	60,00	82,00	92,00	19,00
Finike	N	46	46	46	46	46
	Mean	223,76	48,71	69,13	62,45	18,21
	Median	205,00	46,00	67,00	60,00	18,00
Eksera	N	29	29	29	29	29
	Mean	312,41	57,34	76,24	84,41	20,03
	Median	330,00	60,00	80,00	90,00	19,00
Patara	N	51	51	511	51	51
	Mean	452,56	81,50	87,78	149,64	31,98
	Median	458,00	84,00	90,00	157,00	32,00
Gölköy	N	58	36	58	58	58
	Mean	331,03	63,38	73,65	113,89	24,15
	Median	322,50	62,00	74,00	114,00	22,00
Gümüldür	N	10	10	10	10	10
	Mean	290,50	66,80	76,400	79,10	20,30
	Median	298,00	67,00	76,50	78,50	20,00
Total	N	241	219	241	241	241
	Mean	326,22	63,13	77,80	102,27	23,02
	Median	316,00	61,00	78,00	100,00	21,00

Tablo 4.3 Tüm popülasyonlara ait yaprak karakter ölçümlerinin tanımlayıcı istatistikleri.

Yaprak karakterleri içerisinde, en büyük yaprak en- boy değerine sahip Patara popülasyonu diğer popülasyonlardan yüksek bir farklılık göstermektedir. Patara popülasyonu aynı zamanda tüm yaprak karakterleri (diken sayısı, dikenli bölge boy, yaprakçık çifti sayısı) için en yüksek değere sahip popülasyondur. Tüm yaprak karakterleri içerisinde en düşük değerler sahip popülasyon Finike popülasyonudur.

Grup		Cicek.dur.boyu	Cicek.dur.sap.boyu	Isınsay.	Işın.baş.çi çek.mik
Hürmalıbük	N	47	47	99	100
	Mean	82,47	41,26	156,51	59,18
	Median	76,00	34,00	110,00	58,50
Finike	N	3	3	47	47
	Mean	60,33	18,33	57,57	32,91
	Median	63,00	20,00	53,00	33,00
Eksera	N			4	4
	Mean			93,25	52,75
	Median			94,50	51,00
Patara	N			2	2
	Mean			177,00	44,00
	Median			177,00	44,00
Gölköy	N	75	75	75	75
	Mean	136,81	79,39	100,80	56,73
	Median	127,00	78,00	94,00	53,00
Gümüldür	N			3	3
	Mean			55,00	46,33
	Median			50,00	44,00
Total	N	125	125	230	231
	Mean	114,54	63,58	115,88	52,63
	Median	100,00	54,00	89,00	51,00

Tablo 4.4 Tüm popülasyonlara ait çiçek karakterlerinin tanımlayıcı istatistikleri.

Çiçek karakterlerin bakıldığında 3 popülasyonda (Eksera,Patara, Gümüldür) verimli yeni eksen olmayışı yapılan örneklem çalışmasını sadece diğer 3 popülasyon(Hürmalıbük, Finike, Gölköy) içerisinde sınırlamıştır. Bu veriler içerisinde örneklem yapılan popülasyonlarda çiçek durum boyu ve çiçek durum sap boyuna sahip en fazla değer Gölköy popülasyonuna, en düşük değer ise Finike popülasyonuna aittir. Işın sayısı ve ışın başına düşen çiçek sayısında Patara popülasyonu en yüksek değere sahiptir.

4.3 Popülasyonların mevcut durumu ve tehdit faktörleri

Finike popülasyonu, popülasyonun yoğunlaştığı bölgenin Gen koruma ormanı içersin de yer almasına rağmen Karaöz mevkii yerleşim yerlerine yakın oluşu popülasyon için hibritleşmenin artma olasılığı türün saflığını tehlikeye sokmaktadır. kızılçam ile karışık orman oluşturan bu lokalitede bilinçsiz kızıl çam kesimi esnasında orman içerisine açılan yollar ve bazı bireylerin tepe tomurcuğuna çam ağaçlarının devrilmesi nedeni ile kuruyan bireylerin mevcut olduğu ve popülasyonun zarar gördüğü, belirlenmiştir(Şekil 4.11)



Şekil 4.11 a) Finike koruma alanı içerisinde kızıl çam kesimi, b) Tepe tomurcuğu zarar gören birey.

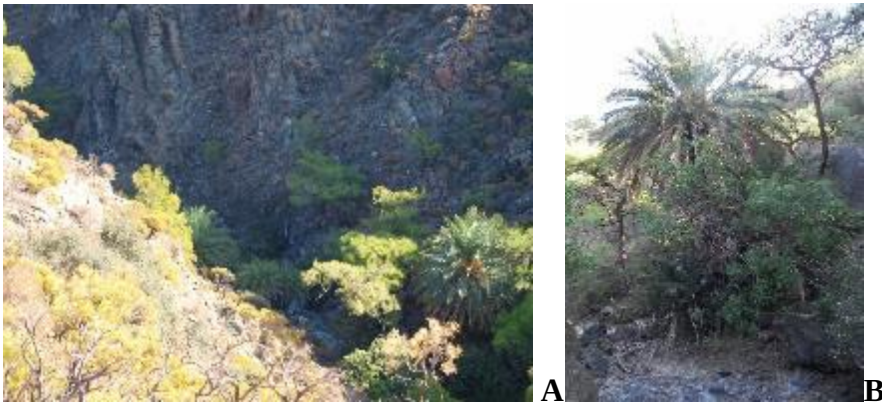
Patara Antik kenti içerisinde yer alan Patara popülasyonu, antik dönemde Leton hurmalığı olarak geçmektedir. Popülasyondaki bireylerin küme halinde konumlanması bireylerin kültür amaçlı dikildiğini düşündürmektedir. Yapılan son arazi çalışmasında hurmalığın drenaj yetersizliğinden dolayı uzun süre su baskına mağruz kaldığı ve bireylerin sıklığı nedeni ile aşırı nemlenme ile birlikte bireylerde çürümelerin başladığı belirlenmiştir. Ayrıca doğru zamanda ve uygun şekilde budamanın yapılmaması nedeni ile popülasyonun zarar gördüğü tespit edilmiştir. (Şekil 4.12).



Şekil 4.12 a) Patara hurmalığının drenaj yetersizliğinden dolayı maruz kaldığı su baskını, b) su baskını sonucu açılmadan çürüyen erkek çiçek eksenleri.

Hurmalıbük popülasyonu Datça Yarımadası hurmalı koyunda ana popülasyon hakimiyetine sahip olmasına rağmen, Datça-Aktur mevkiinden – hurmalı koyuna kadar olan deniz bakan serpantin yamaçlarda türe ait bireylerin varlığı tespit edilmiştir. Çalışma lokalitesi olarak hurmalı koyunun seçilme nedeni diğer alanlara göre ulaşımın ve birey takibinin daha kolay olmasıdır. Hurmalı koyu deniz kıyısına kadar inen *P.theophrasti* bireyleri ile görsel olarak en güzel koylardan biri olduğu ve kara yolu ulaşımı olmadığı için teknelerin en uğrak yeri haline gelmiştir. Böylece artan insan baskısı (ağaçlara bilinçsiz tekne bağlanması ve çöp atımı) nedeni ile popülasyonu tehlike altındadır.

Ulaşımı en güç ve mevsimsel dere yatağı içinde bulunan Eksera popülasyonu popülasyonlar içerisinde şuanda kadar antropojenik müdahalenin olmadığı en izole popülasyondur. Buna rağmen popülasyonu tehdit eden birincil faktör bölgede orman yangınlarının artmasıdır(Şekil 4.13).



Şekil 4.13 a-b) Mevsimsel dere yatağı içerisindeki eksera popülasyonu.

Çalışma içerisinde 50 birey ile en fazla örneklem yapılmış popülasyon olan Gölköy popülasyonu, son yıllarda bölgede artan yapılaşma ile birlikte yerleşim yerleri içerisinde kalarak müdahaleye en açık popülasyon haline gelmiştir. Alanda bulunan göl ve su sistemi etrafında toplanmış olan bu popülasyonun bir çok tehdit faktörü ile karşı karşıya olduğu belirlenmiştir. Bu faktörlerin başında turizm baskısı kaynaklı alanda bulunan ve popülasyonu besleyen su sisteminin yeterince korunmaması, rant nedeni ile yapılaşma riskinin(bilinçli yangınlar)günden güne artması gelmektedir(Şekil 4.14 b). Aynı zamanda popülasyonun yazlık sitelere yakınlığından dolayı yoğun çöp dökümünün olduğu belirlenmiştir(Şekil 4.14 a). Sitelerin bahçelerinde kalan bireylerin bilinçsiz ve zamansız budanması, dünya genelinde büyük tehlike oluşturan kırmızı palmye böceğinin popülasyona zarar vermesinin önünü açmaktadır.(Şekil 4.14 d)



Şekil 4.14 a) Gölköy popülasyonu içerisindeki yoğun çöp dökümü, b) Yangından etkilenmiş bireyler, c) Tatil siteleri içerisinde kalmış bireyler, d) Popülasyon içerisindeki kırmızı palmye böceği tuzağı.

Türün en kuzey sınırını oluşturduğu düşünülen Gümüldür popülasyonu, aktif bir tabiat parkı içerisindeki bir plajda yer almaktadır. Bu neden ile insan baskısına açıktır(Şekil 4.15).



Şekil 4.15 Gümüldür popülasyonu (tek birey).

4.4 DNA izolasyonu ve PCR çalışmaları

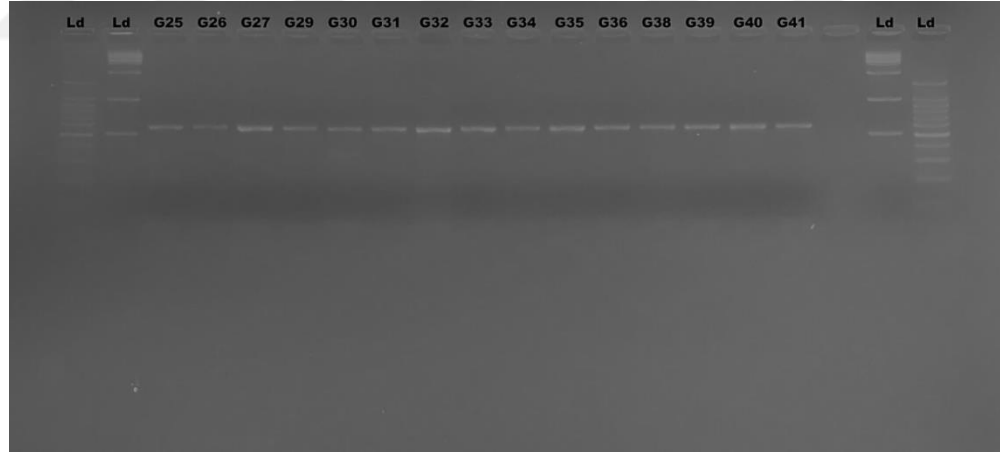
Phoenix theophrasti'nin kayıtlı tüm popülasyonlarından ve tez kapsamında yapılan arazi çalışmaları ile *P.theoprasti* olduğu düşünülen Gümüldür Tabiat Parkı içerisindeki birey ile birlikte toplam 147 bireyden çalışmalar için yaprak örneği toplanmış ve DNA izolasyonları gerçekleştirilmiştir. Arazi çalışmalarında elde edilen materyallerin yanı sıra Muğla Köyceğiz Palmiye Merkezin içerisinde Phoenix cinsine ait 5 sertifikalı bireyden örnek alınmış ve DNA izolasyonları gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonları sonucunda konsantrasyon değerleri Ege Ü. Tabiat Tarihi Uygulama ve Araştırma Merkezi, Ekoloji laboratuvarında Maestrogen Nanodrop (MN-913) ile 260/280 nm'de ölçülmüş ve değerler 21.91 (ng/μl)- 210(ng/μl) arasında DNA saflıkları ise 1.30- 1.92 arasında çıkmıştır. Elde edilen değerler pcr çalışması için uygun bulunmuştur(Şekil 4.16).

File: sample_9: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.509</td><td>0.726</td><td>0.475</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>1.233</td><td>1.529</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>36.29 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.509	0.726	0.475	A260/A230	A260/A280		1.233	1.529		Conc.	36.29 (ng/uL)		File: sample_21: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.761</td><td>0.701</td><td>0.504</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>0.920</td><td>1.389</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>35.03 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.761	0.701	0.504	A260/A230	A260/A280		0.920	1.389		Conc.	35.03 (ng/uL)		File: sample_15: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.779</td><td>0.562</td><td>0.356</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>0.721</td><td>1.576</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>28.08 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.779	0.562	0.356	A260/A230	A260/A280		0.721	1.576		Conc.	28.08 (ng/uL)	
A230	A260	A280																																													
0.509	0.726	0.475																																													
A260/A230	A260/A280																																														
1.233	1.529																																														
Conc.	36.29 (ng/uL)																																														
A230	A260	A280																																													
0.761	0.701	0.504																																													
A260/A230	A260/A280																																														
0.920	1.389																																														
Conc.	35.03 (ng/uL)																																														
A230	A260	A280																																													
0.779	0.562	0.356																																													
A260/A230	A260/A280																																														
0.721	1.576																																														
Conc.	28.08 (ng/uL)																																														
File: sample_10: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.481</td><td>0.863</td><td>0.481</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>1.794</td><td>1.793</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>43.16 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.481	0.863	0.481	A260/A230	A260/A280		1.794	1.793		Conc.	43.16 (ng/uL)		File: sample_22: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.658</td><td>0.637</td><td>0.467</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>0.967</td><td>1.365</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>31.04 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.658	0.637	0.467	A260/A230	A260/A280		0.967	1.365		Conc.	31.04 (ng/uL)		File: sample_16: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.990</td><td>1.273</td><td>0.967</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>1.286</td><td>1.317</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>63.67 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.990	1.273	0.967	A260/A230	A260/A280		1.286	1.317		Conc.	63.67 (ng/uL)	
A230	A260	A280																																													
0.481	0.863	0.481																																													
A260/A230	A260/A280																																														
1.794	1.793																																														
Conc.	43.16 (ng/uL)																																														
A230	A260	A280																																													
0.658	0.637	0.467																																													
A260/A230	A260/A280																																														
0.967	1.365																																														
Conc.	31.04 (ng/uL)																																														
A230	A260	A280																																													
0.990	1.273	0.967																																													
A260/A230	A260/A280																																														
1.286	1.317																																														
Conc.	63.67 (ng/uL)																																														
File: sample_11: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.431</td><td>0.735</td><td>0.392</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>1.706</td><td>1.876</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>36.77 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.431	0.735	0.392	A260/A230	A260/A280		1.706	1.876		Conc.	36.77 (ng/uL)		File: sample_23: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.526</td><td>0.508</td><td>0.361</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>0.966</td><td>1.410</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>25.42 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.526	0.508	0.361	A260/A230	A260/A280		0.966	1.410		Conc.	25.42 (ng/uL)		File: sample_17: <table> <tr><td>A230</td><td>A260</td><td>A280</td></tr> <tr><td>0.690</td><td>0.793</td><td>0.653</td></tr> <tr><td>A260/A230</td><td>A260/A280</td><td></td></tr> <tr><td>1.150</td><td>1.216</td><td></td></tr> <tr><td>Conc.</td><td>39.65 (ng/uL)</td><td></td></tr> </table>	A230	A260	A280	0.690	0.793	0.653	A260/A230	A260/A280		1.150	1.216		Conc.	39.65 (ng/uL)	
A230	A260	A280																																													
0.431	0.735	0.392																																													
A260/A230	A260/A280																																														
1.706	1.876																																														
Conc.	36.77 (ng/uL)																																														
A230	A260	A280																																													
0.526	0.508	0.361																																													
A260/A230	A260/A280																																														
0.966	1.410																																														
Conc.	25.42 (ng/uL)																																														
A230	A260	A280																																													
0.690	0.793	0.653																																													
A260/A230	A260/A280																																														
1.150	1.216																																														
Conc.	39.65 (ng/uL)																																														

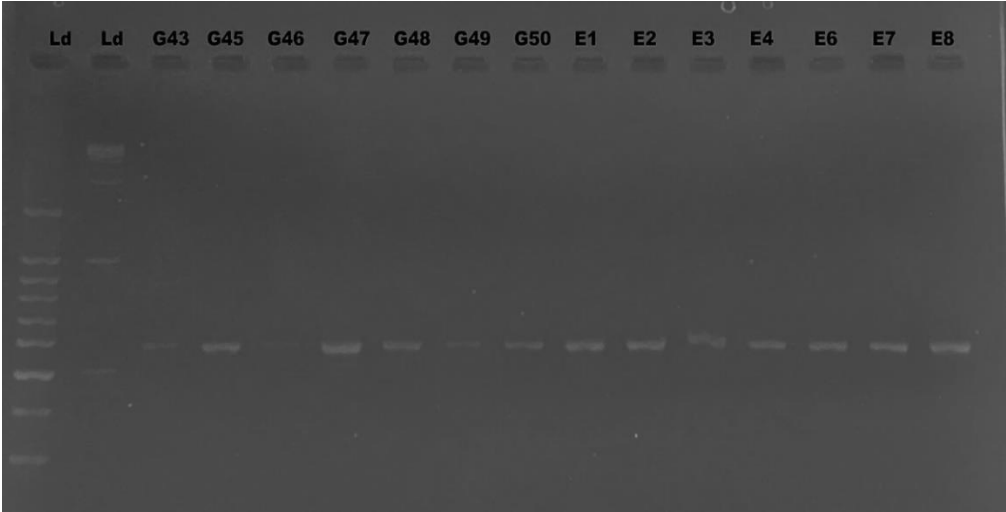
Şekil 4.16 DNA izolasyonu tamamlanmış örneklerin Nanodrop sonuçları.

Dna izolasyonları gerçekleştirilen 152 bireyin PCR basamakları 3 farklı primer üzerinden gerçekleştirilmiştir. Tüm bireyler üzerinde yapılan PCR çalışması sonucu optimize edilen tüm koşullara rağmen pozitif bant vermeyen bireyler çalışmadan çıkartılmış ve sekans işlemine gönderilmemiştir.

PCR basamağı sonrası; TrnL primeri için 149 birey, TRNF primeri için 150 ve MatK primeri için 96 birey pozitif bant vermiştir(Şekil 4.17-18-19-20)



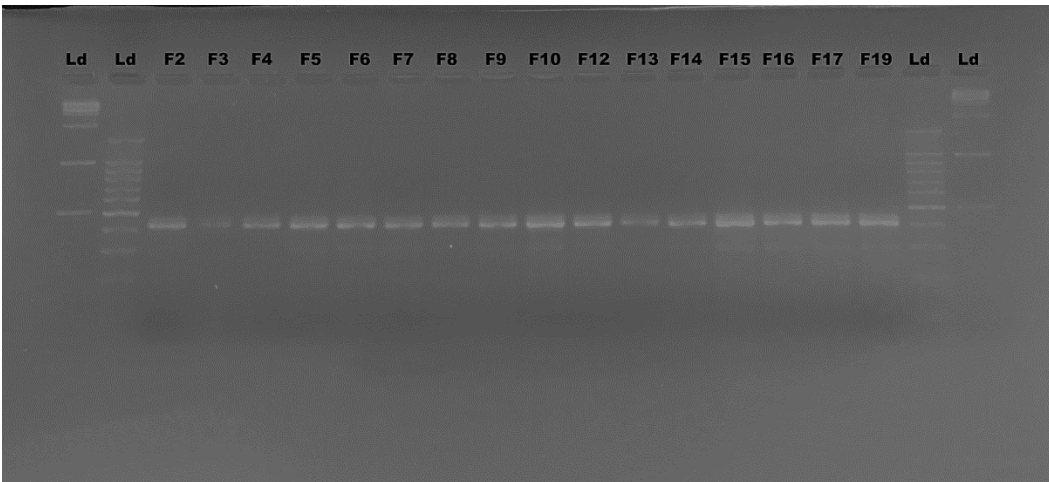
Şekil 4.17 Gölköy popülasyonu PCR sonrası jel görüntüsü.



Şekil 4.18 Gölköy ve Eksera popülasyonuna ait PCR sonrası jel görüntüsü.



Şekil 4.19 Patara popülasyonu PCR sonrası jel görüntüsü.



Şekil 4.20 Finike popülasyonu PCR sonrası jel görüntüsü.

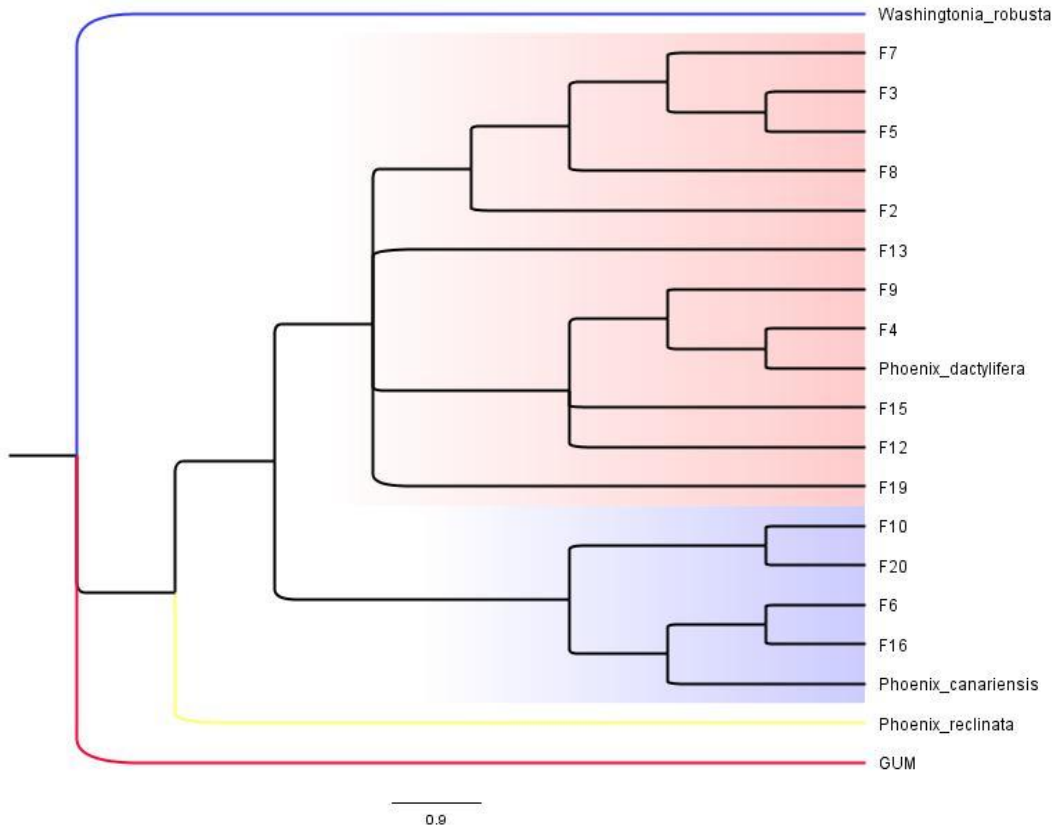
4.5 Dizi Hizalanması ve Verim Analizleri:

Hizlama işlemi sonrası Mesquite programında nexus formatına alınan tüm diziler PAUP 4.0 programı ile maksimum parsimoni ve neighbour-joining (NJ) ağaçları oluşturulmuştur. Dizi hizalanması ve BLAT lama işlemi sonrasında Palmiye Merkezi Köyceğiz-Muğladan alınan örnekler NBCI gene bank örnekleri ile farklılık gösterdiği için çalışmadan çıkarılmış ve NBCI verileri üzerinden devam edilmiştir.

Maksimum parsimoni analizinde Finike popülasyonu trnL-trnF gen bölgesinden elde edilen bulgulara göre, toplam 19 örnekten 1 örnek dış grup olarak diğer 18 örnek iç grup olarak belirlenmiştir. Optimum kriter, parsimoni olarak seçilmiştir. Karakter durumu olarak toplam 1065 karakterden tümü eşit olarak ağırlıklandırılmış ve 785 sabit karakter, 225 parsimonik bilgi verici karakter (25 parsimoni bilgi verici olmayan karakter) bulunmuştur (Şekil 4.21). Başlangıç ağacı tek tek eklemeli seçeneği ile oluşturulmuş ve eklenen sekanslar için rastgele ekleme seçeneği kullanılmıştır. Tekrar sayısının 100 olduğu belirlenmiştir. Dal değiş tokuş algoritması TBR'dir.

```
paup> HSearch nbest=100;
Heuristic search settings:
  Optimality criterion = parsimony
  Character-status summary:
    Of 1065 total characters:
      All characters are of type 'unord'
      All characters have equal weight
      785 characters are constant (proportion = 0.737089)
      225 variable characters are parsimony-uninformative
      Number of parsimony-informative characters = 25
  Gaps are treated as "missing"
  Multistate taxa interpreted as uncertainty
  Starting tree(s) obtained via stepwise addition
  Addition sequence: simple (reference taxon = Washingtonia robusta)
  Number of trees held at each step = 1
  Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with reconnection limit = 8
  Steepest descent option not in effect
  Saving 100 best trees found by branch-swapping (on best trees only)
  'Maxtrees' setting = 523000 (will not be increased)
  Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
  'Multrees' option in effect
  No topological constraints in effect
  Trees are unrooted
```

Şekil 4.21 Finike popülasyonu maksimum parsimoni ağacı sonrası karakter durumu.



Şekil 4.22 Finike popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan maksimum parsimoni ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL-trnF gen bölgesi veri seti ile yapılan maksimum parsimoni analizine göre oluşturulan ağaçta *washingtonia robusta* H.Wendl. dış grubu temsil etmektedir. Oluşan maksimum parsimoni ağacına bakıldığında, popülasyon içinde tür bazında farklılık gözükmesine rağmen NCBI Gene banktan alınan *Phoenix Dactylifera*'nın F4 bireyi ile yakınlık gösterdiği tespit edilmiştir. *P.canariensis* ve *P.reclinatanın* ana klad ayrımında ayrılması türlerin popülasyondan uzakta olduğunu göstermektedir. GUM örneği Finike popülasyonu kladları içerisinde yer almamaktadır(Şekil 4.22).

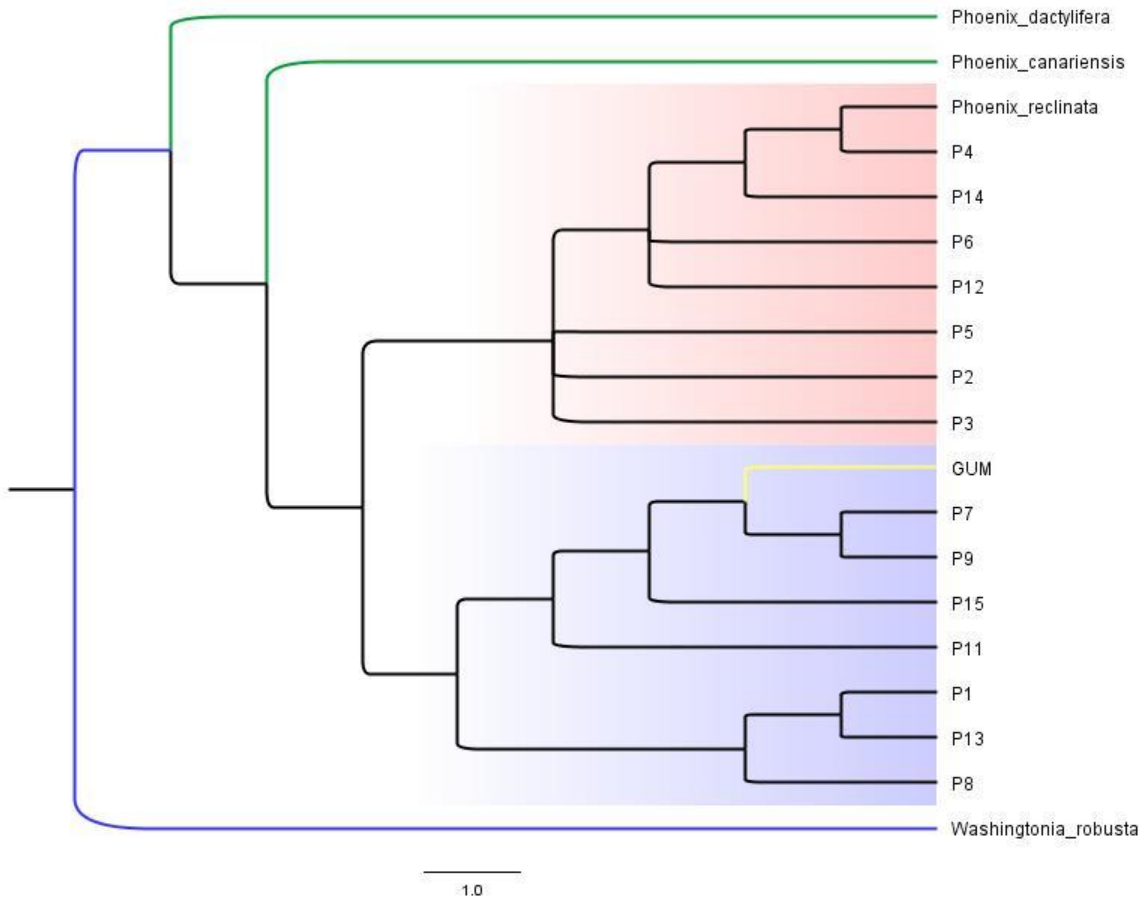
Maksimum parsimoni analizinde Patara popülasyonu trnL- trnF gen bölgesinden elde edilen bulgulara göre, toplam 19 örnekten 1 örnek dış grup olarak diğer 18 örnek iç grup olarak belirlenmiştir. Optimum kriter, parsimoni olarak seçilmiştir. Karakter durumu olarak toplam 1015 karakterden tümü eşit olarak ağırlıklandırılmış ve 777 sabit karakter, 232 parsimonik bilgi verici karakter (6 parsimoni bilgi verici olmayan karakter) bulunmuştur(Şekil 4.22). Başlangıç ağacı tek tek eklemeli seçeneği ile oluşturulmuş ve eklenen sekanslar için rastgele ekleme seçeneği kullanılmıştır. Tekrar sayısının 100 olduğu belirlenmiştir. Dal değiş tokuş algoritması TBR'dir.

```

Heuristic search settings:
  Optimality criterion = parsimony
  Character-status summary:
    Of 1015 total characters:
      All characters are of type 'unord'
      All characters have equal weight
      777 characters are constant (proportion = 0.765517)
      232 variable characters are parsimony-uninformative
      Number of parsimony-informative characters = 6
    Gaps are treated as "missing"
  Multistate taxa interpreted as uncertainty
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
  Addition sequence: simple (reference taxon = Phoenix canariensis)
  Number of trees held at each step = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with reconnection limit = 8
  Steepest descent option not in effect
  Saving 100 best trees found by branch-swapping (on best trees only)
'Maxtrees' setting = 523000 (will not be increased)
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
No topological constraints in effect
Trees are unrooted

```

Şekil 4.23 Patara popülasyonu maksimum parsimoni ağacı sonrası karakter durumu.



Şekil 4.24 Patara popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan maksimum parsimoni ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL-trnF gen bölgesi veri seti ile yapılan maksimum parsimoni analizine göre oluşturulan ağaçta *washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan maksimum parsimoni ağacına bakıldığında, popülasyon içinde cins bazında ana kladlarda farklılık gözlemlenmiştir. fakat *P.dactylifera* ve *P. canariensis* klad ayrımında cins farklılığını vermesine rağmen *p.reclinata* popülasyon içi kladlarda yer almış ve P4 örneği ile yakınlık gösterdiği tespit edilmiştir. GUM örneği popülasyon içi ikinci ana kald içerisinde yer almıştır(Şekil 4.24).

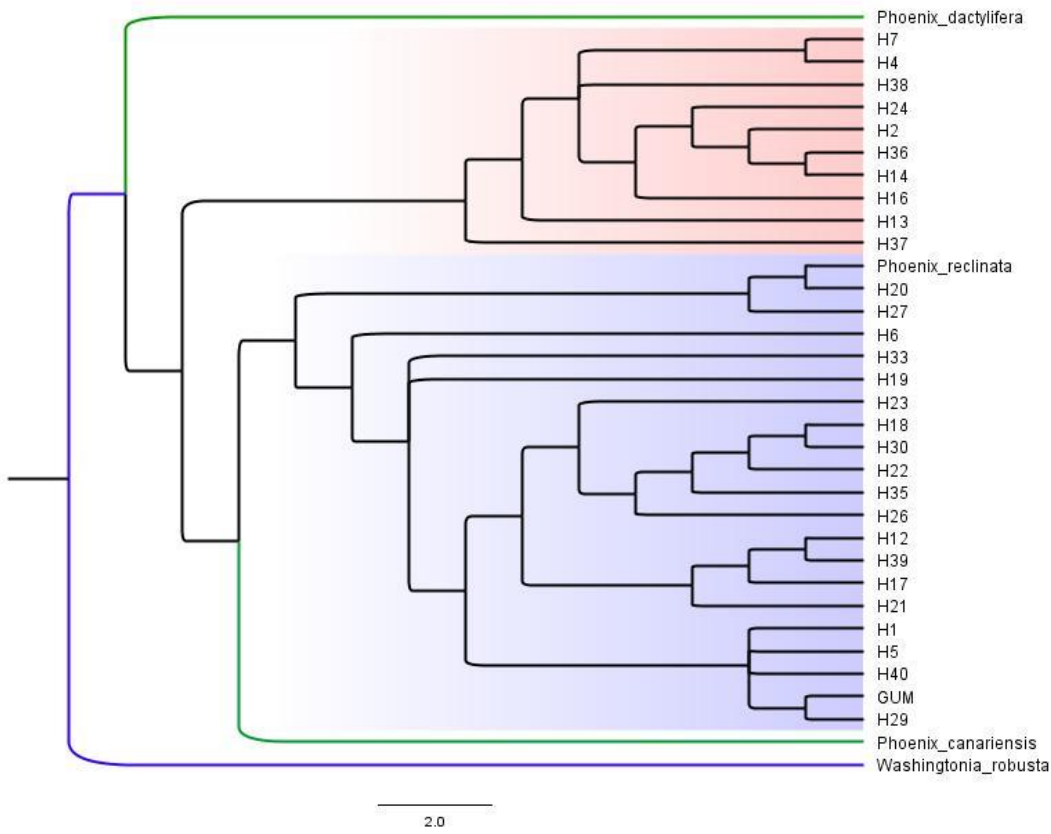
Maksimum parsimoni analizinde Hurmalıbük popülasyonu trnL- trnF gen bölgesinden elde edilen bulgulara göre, toplam 38 örnekten 1 örnek dış grup olarak diğer 37 örnek iç grup olarak belirlenmiştir. Optimum kriter, parsimoni olarak seçilmiştir. Karakter durumu olarak toplam 1025 karakterden tümü eşit olarak ağırlıklandırılmış ve 765 sabit karakter, 240 parsimonik bilgi verici karakter (20 parsimoni bilgi verici olmayan karakter) bulunmuştur (Şekil 4.25). Başlangıç ağacı tek tek eklemeli seçeneği ile oluşturulmuş ve eklenen sekanslar için rastgele ekleme seçeneği kullanılmıştır. Tekrar sayısının 100 olduğu belirlenmiştir. Dal değiş tokuş algoritması TBR'dir.

```

Heuristic search settings:
  Optimality criterion = parsimony
  Character-status summary:
    Of 1025 total characters:
      All characters are of type 'unord'
      All characters have equal weight
      765 characters are constant (proportion = 0.746341)
      240 variable characters are parsimony-uninformative
      Number of parsimony-informative characters = 20
    Gaps are treated as "missing"
    Multistate taxa interpreted as uncertainty
  Starting tree(s) obtained via stepwise addition
  Addition sequence: simple (reference taxon = H31)
  Number of trees held at each step = 1
  Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with reconnection limit = 8
  Steepest descent option not in effect
  Saving 100 best trees found by branch-swapping (on best trees only)
  'Maxtrees' setting = 523000 (will not be increased)
  Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
  'Multrees' option in effect
  No topological constraints in effect
  Trees are unrooted

```

Şekil 4.25 Hurmalıbük popülasyonu maksimum parsimoni ağacı sonrası karakter durumu.



Şekil 4.26 Hurmalibük popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan maksimum parsimoni ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL-trnF gen bölgesi veri seti ile yapılan maksimum parsimoni analizine göre oluşturulan ağaçta *washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan maksimum parsimoni ağacına bakıldığında, popülasyon içinde tür bazında farklılık gözlemlenmiştir. Aynı zamanda NCBI Gene banktan alınan *P. dactylifera* türü anaklad ayrımı ile ayrılmışken *p.canariensis*, türü ikinci klad ayrımında ayrılmıştır. *P. reclinata* türünün H20 örneği ile yakınlık gösterdiği tespit edilmiştir. Bu türün popülasyonun genel kladlarının arasında yer alması cins bazında ayrımın yapılamadığını göstermektedir. GUM örneği popülasyon kladlar içerisinde yer almıştır(Şekil 4.26).

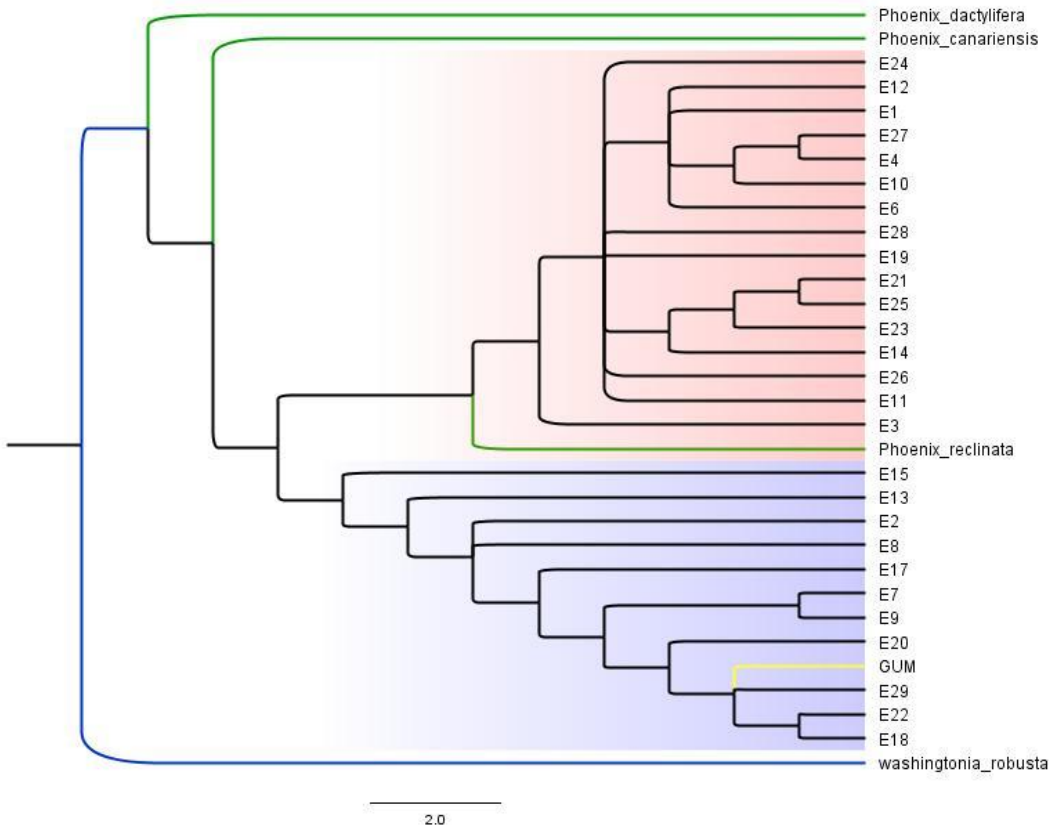
Maksimum parsimoni analizinde Eksera popülasyonu trnL- trnF gen bölgesinden elde edilen bulgulara göre, toplam 33 örnekten 1 örnek dış grup olarak diğer 32 örnek iç grup olarak belirlenmiştir. Optimum kriter, parsimoni olarak seçilmiştir. Karakter durumu olarak toplam 1021 karakterden tümü eşit olarak ağırlıklandırılmış ve 767 sabit karakter, 236 parsimonik bilgi verici karakter (18 parsimoni bilgi verici olmayan karakter) bulunmuştur (Şekil 4.27). Başlangıç ağacı tek tek eklemeli seçeneği ile oluşturulmuş ve eklenen sekanslar için rastgele ekleme seçeneği kullanılmıştır. Tekrar sayısının 100 olduğu belirlenmiştir. Dal değiş tokuş algoritması TBR'dir.

```

Heuristic search settings:
  Optimality criterion = parsimony
  Character-status summary:
    Of 1021 total characters:
      All characters are of type 'unord'
      All characters have equal weight
      767 characters are constant (proportion = 0.751224)
      236 variable characters are parsimony-uninformative
      Number of parsimony-informative characters = 18
  Gaps are treated as "missing"
  Multistate taxa interpreted as uncertainty
  Starting tree(s) obtained via stepwise addition
  Addition sequence: simple (reference taxon = GUM)
  Number of trees held at each step = 1
  Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with reconnection limit = 8
  Steepest descent option not in effect
  Saving 100 best trees found by branch-swapping (on best trees only)
  'Maxtrees' setting = 523000 (will not be increased)
  Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
  'Multrees' option in effect
  No topological constraints in effect
  Trees are unrooted

```

Şekil 4.27 Eksera popülasyonu maksimum parsimoni ağacı sonrası karakter durumu.



Şekil 4.28 Eksera popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan maksimum parsimoni ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL-trnF gen bölgesi veri seti ile yapılan maksimum parsimoni analizine göre oluşturulan ağaçta *washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan maksimum parsimoni ağacına bakıldığında, popülasyon içinde cins bazında farklılık gözlemlenmiş ve NCBI Gene bank'tan alınan *P. dactylifera*, *P. canariensis*, ana klad ayrımından farklılık göstermiştir. *P. reclinata* ise ikinci klad ayrımından popülasyondan ayrılmıştır. Oluşan parsimoni ağacında cins ayrımı klad farkı ile gerçekleştiği gözlemlenmiştir. Ağacın için popülasyon klad ayrımına bakıldığında farkı uzaklıkta iki ana klad ayrımı varlığı tespit edilmiş ve GUM örneği kladlar içerisinde yer almıştır(Şekil 4.28).

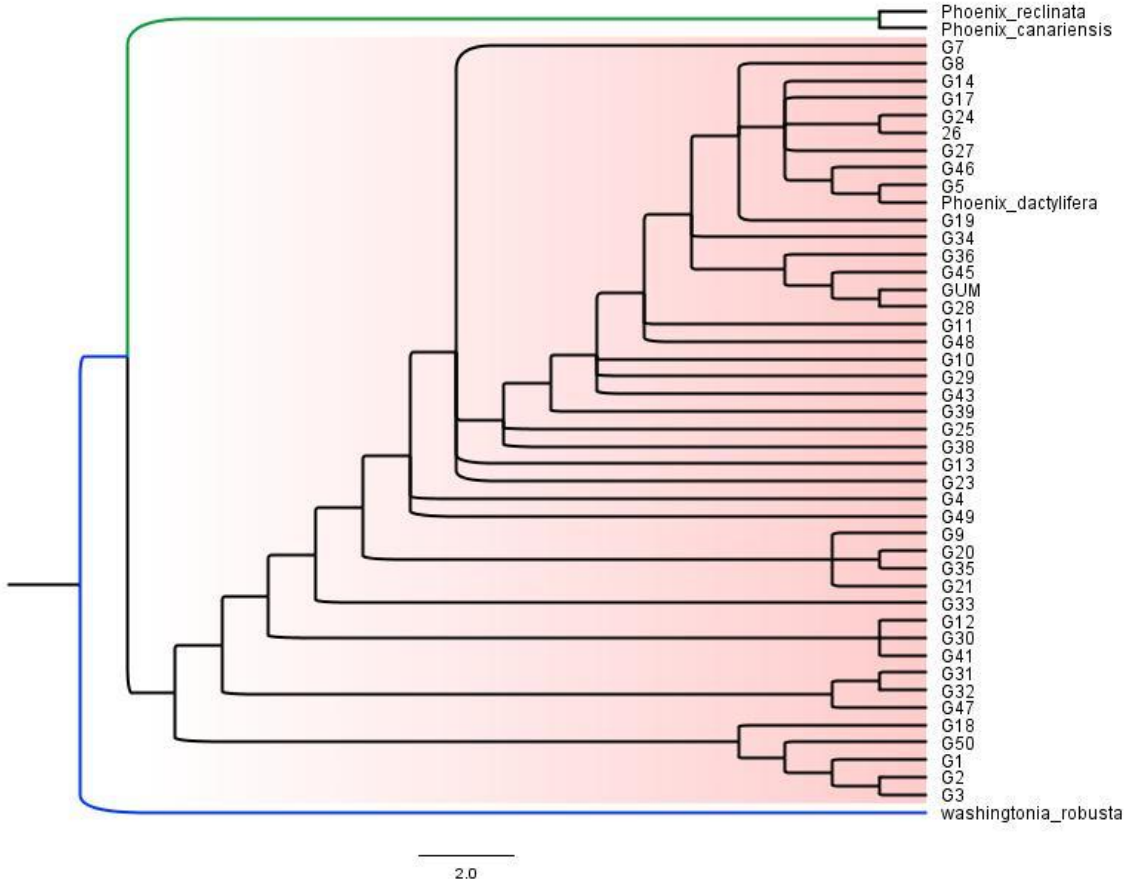
Maksimum parsimoni analizinde Gölköy popülasyonu trnL- trnF gen bölgesinden elde edilen bulgulara göre, toplam 47 örnekten 1 örnek dış grup olarak diğer 46 örnek iç grup olarak belirlenmiştir. Optimum kriter, parsimoni olarak seçilmiştir. Karakter durumu olarak toplam 5047 karakterden tümü eşit olarak ağırlıklandırılmış ve 4415 sabit karakter, 424 parsimonik bilgi verici karakter 209 parsimoni bilgi verici olmayan karakter) bulunmuştur(Şekil 4.29). Başlangıç ağacı tek tek eklemeli seçeneği ile oluşturulmuş ve eklenen sekanslar için rastgele ekleme seçeneği kullanılmıştır. Tekrar sayısının 100 olduğu belirlenmiştir. Dal değiş tokuş algoritması TBR'dir.

```

Heuristic search settings:
  Optimality criterion = parsimony
  Character-status summary:
    Of 5047 total characters:
      All characters are of type 'unord'
      All characters have equal weight
      4414 characters are constant (proportion = 0.874579)
      424 variable characters are parsimony-uninformative
      Number of parsimony-informative characters = 209
    Gaps are treated as "missing"
    Multistate taxa interpreted as uncertainty
  Starting tree(s) obtained via stepwise addition
  Addition sequence: simple (reference taxon = G2)
  Number of trees held at each step = 1
  Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with reconnection limit = 8
  Steepest descent option not in effect
  Saving 100 best trees found by branch-swapping (on best trees only)
  'Maxtrees' setting = 523000 (will not be increased)
  Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
  'MulTrees' option in effect
  No topological constraints in effect
  Trees are unrooted

```

Şekil 4.29 Gölköy popülasyonu maksimum parsimoni ağacı sonrası karakter durumu.



Şekil 4.30 Gölköy popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan maksimum parsimoni ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL-trnF gen bölgesi veri seti ile yapılan maksimum parsimoni analizine göre oluşturulan ağaçta *washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan maksimum parsimoni ağacına bakıldığında, popülasyon içinde cins bazında farklılık gözlemlenmiştir. *P.reclinata* ve *P. canariensis* ilk klad ayrımında ayrılmıştır. *P. dactylifera* ise Gölköy popülasyonu içerisinde ve G5 bireyine en yakın konuma yerleşmiştir. Klad ayrımına bakıldığında tüm popülasyon aynı ana klad içerisinde yer almış ve GUM örneği G28 bireyi ile yakınlık göstermiştir(Şekil 4.30).

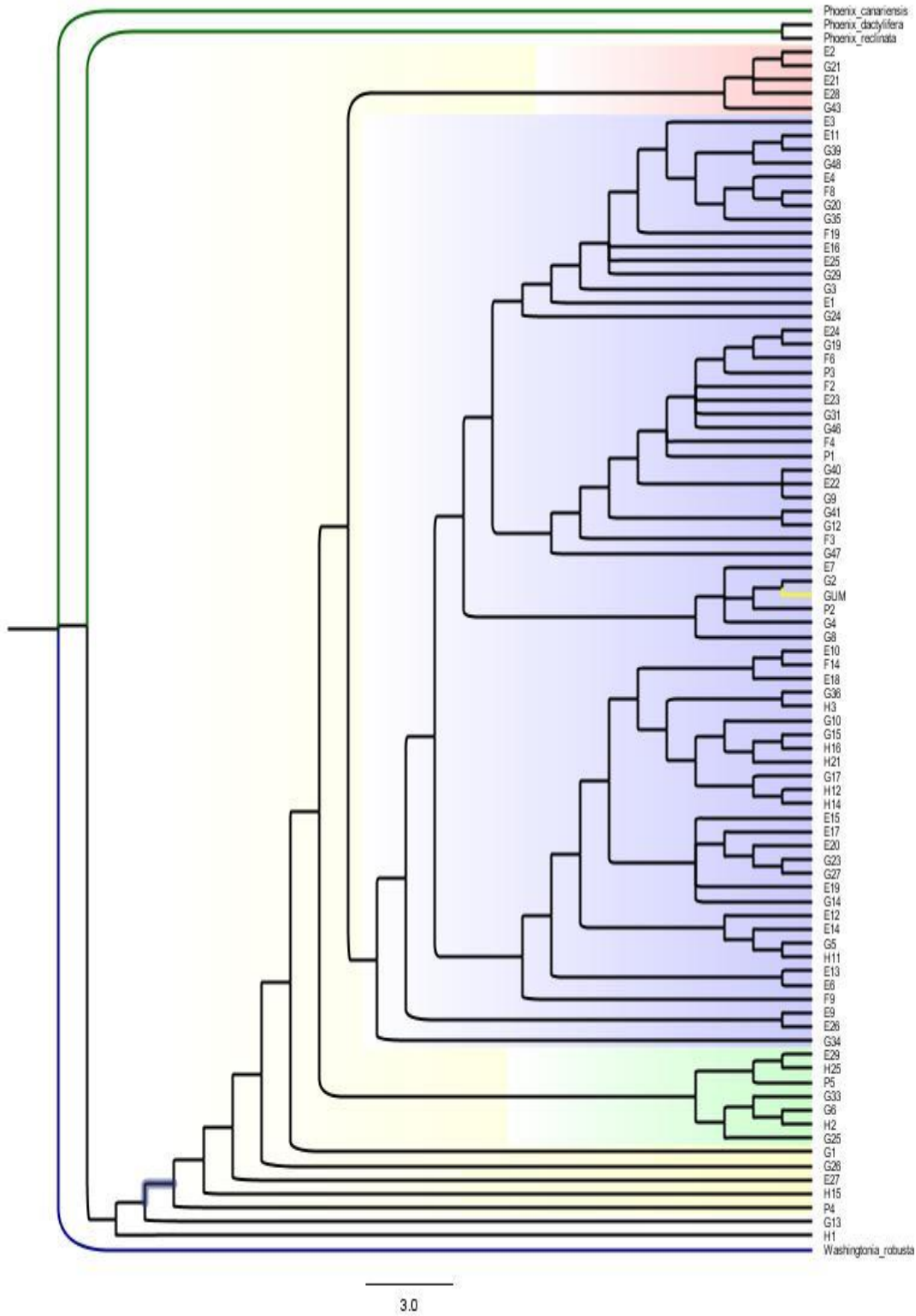
Maksimum parsimoni analizinde tüm popülasyonlardan seçilen baz dizileri en düzenli olan bireylerden matK gen bölgesinden elde edilen bulgulara göre, toplam 90 örnekten 1 örnek dış grup olarak diğer 89 örnek iç grup olarak belirlenmiştir. Optimum kriter, parsimoni olarak seçilmiştir. Karakter durumu olarak toplam 2331 karakterden tümü eşit olarak ağırlıklandırılmış ve 2251 sabit karakter, 33 parsimonik bilgi verici karakter (47 parsimoni bilgi verici olmayan karakter) bulunmuştur(Şekil 4.26). Başlangıç ağacı tek tek eklemeli seçeneği ile oluşturulmuş ve eklenen sekanslar için rastgele ekleme seçeneği kullanılmıştır. Tekrar sayısının 100 olduğu belirlenmiştir. Dal değiş tokuş algoritması TBR'dir.

```

Heuristic search settings:
  Optimality criterion = parsimony
  Character-status summary:
    Of 2331 total characters:
      All characters are of type 'unord'
      All characters have equal weight
      2251 characters are constant (proportion = 0.96568)
      33 variable characters are parsimony-uninformative
      Number of parsimony-informative characters = 47
  Gaps are treated as "missing"
  Multistate taxa interpreted as uncertainty
  Starting tree(s) obtained via stepwise addition
  Addition sequence: simple (reference taxon = Phoenix canariensis)
  Number of trees held at each step = 1
  Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with reconnection limit = 8
  Steepest descent option not in effect
  Saving 100 best trees found by branch-swapping (on best trees only)
  'Maxtrees' setting = 523000 (will not be increased)
  Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
  'Multrees' option in effect
  No topological constraints in effect
  Trees are unrooted

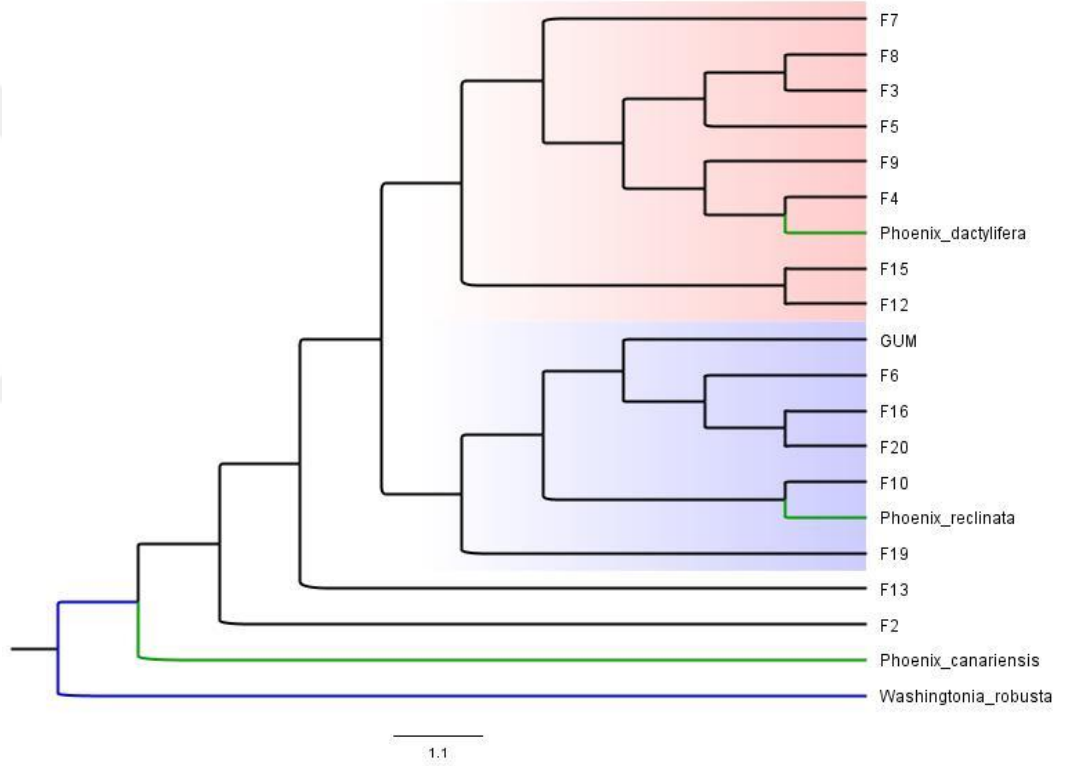
```

Şekil 4.31 MatK gen bölgesi üzerinde tüm popülasyonların maksimum parsimoni ağacı sonrası karakter durumu.



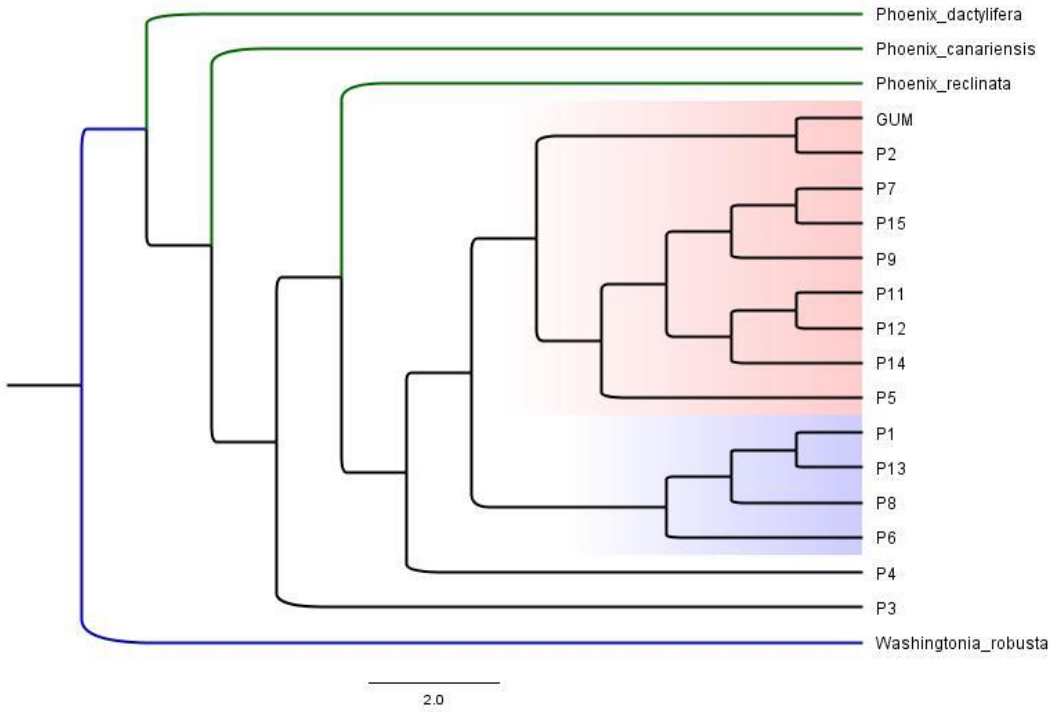
Şekil 4.32 Tüm popülasyonların MatK gen bölgesi ile PAUP programında yapılan maksimum parsimoni ile elde edilen ağaç (orjinal).

MatK gen bölgesi veri seti ile tüm popülasyonlardan seçilen örnekler ile yapılan maksimum parsimoni analizine göre oluşturulan ağaçta dış grubu *washingtonia robusta* temsil etmektedir. Oluşan maksimum parsimoni ağacına bakıldığında, cins düzeyinde ayrım gerçekleşmiş ve tüm popülasyonlar ikinci anaklad ile ayrılmıştır. Popülasyonlardaki tüm örnekler birbiri içerisinde yer almış ve yakınlık göstermiştir. GUM örneği popülasyon kladı içerisinde yer almaktadır (Şekil 4.33).



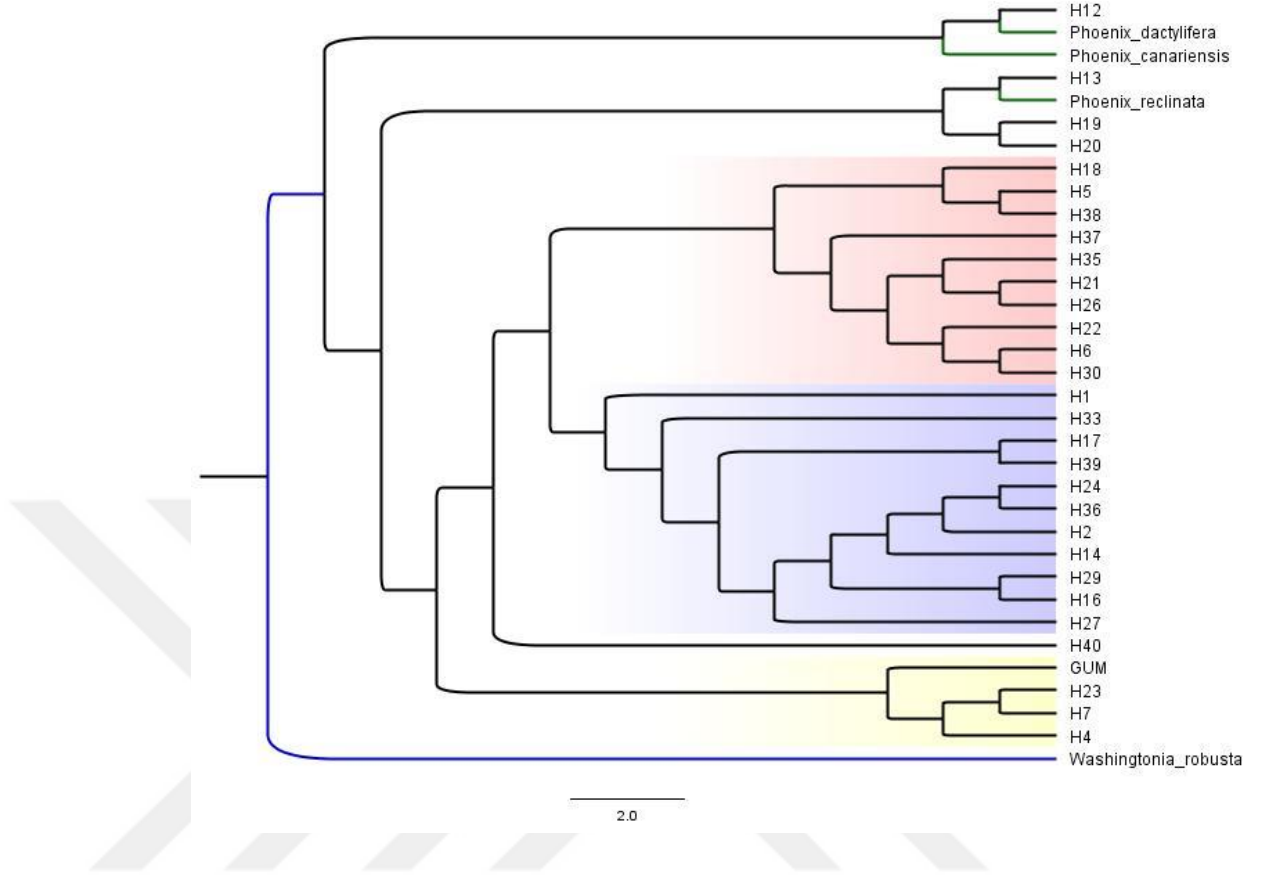
Şekil 4.33 Finike popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan Neighbour-joining (NJ) ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL- trnF bölgesi ile oluşturulan Neighbour joining (Nj) analizi sonucunda oluşan ağaç içerisinde *washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan ağaca bakıldığında, maksimum parsimoni ağacından farklı olarak iki ana klad hakimiyeti tespit edilmiştir. Maksimum parsimoni ağacında ayrı bir klad içerisinde yer alan GUM örneği yapılan NJ çalışması ile popülasyon kladları içerisinde yer almıştır. *P.dactylifera* F4 örneği ile maksimum parsimoni ağacında olduğu gibi yakınlık göstermiştir. Maksimum parsimoni ağacında ana klad ayrımı ile ayrılan *p. reclinata* NJ analizi ile *P. canariensis*'in yerine geçmiştir(Şekil 4.33).



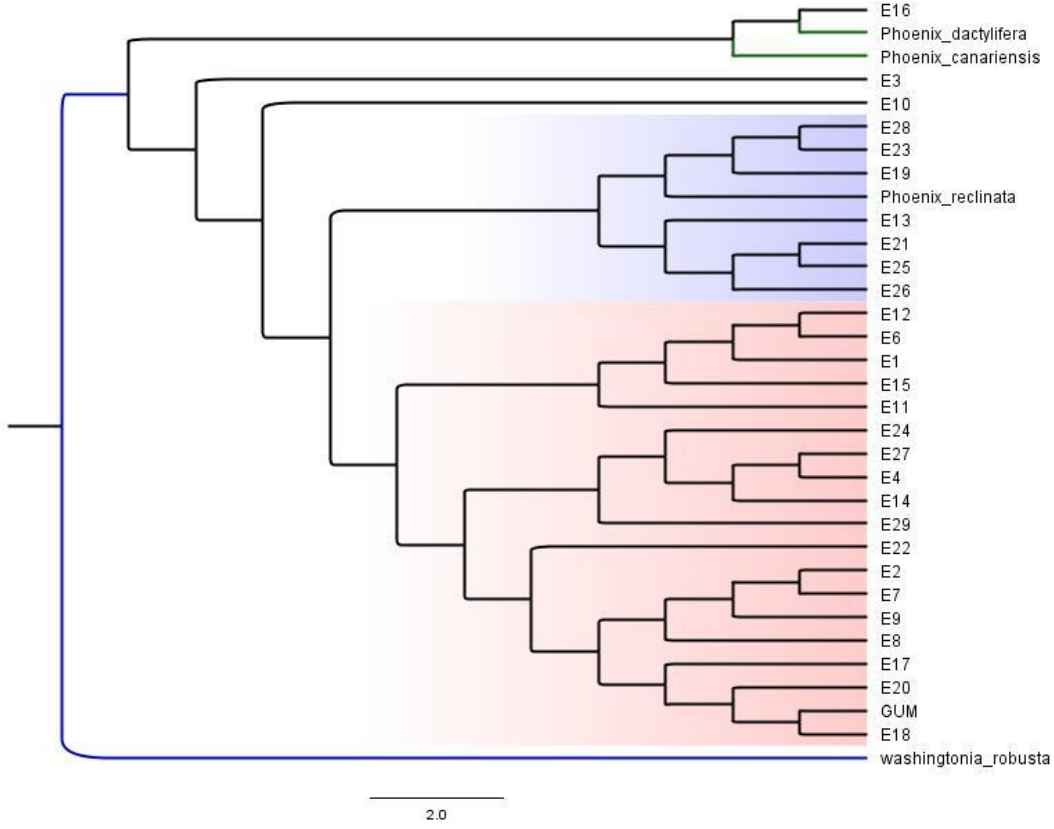
Şekil 4.34 Patara popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan Neighbour-joining (NJ) ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL- trnF bölgesi ile oluşturulan Neighbour joining (Nj) analizi sonucunda oluşan ağaç içerisinde *Washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan ağaca bakıldığında, maksimum parsimoni ağacından farklı olarak *P.theophrasti* dışındaki tüm *Phoenix* bireyleri popülasyon kladlarından ayrılmıştır. P3 örneğinin dal uzunluklarına bakıldığında *P.reclinata*'dan daha önce ayrım gerçekleştirdiği görülmüştür(Şekil 4.34).



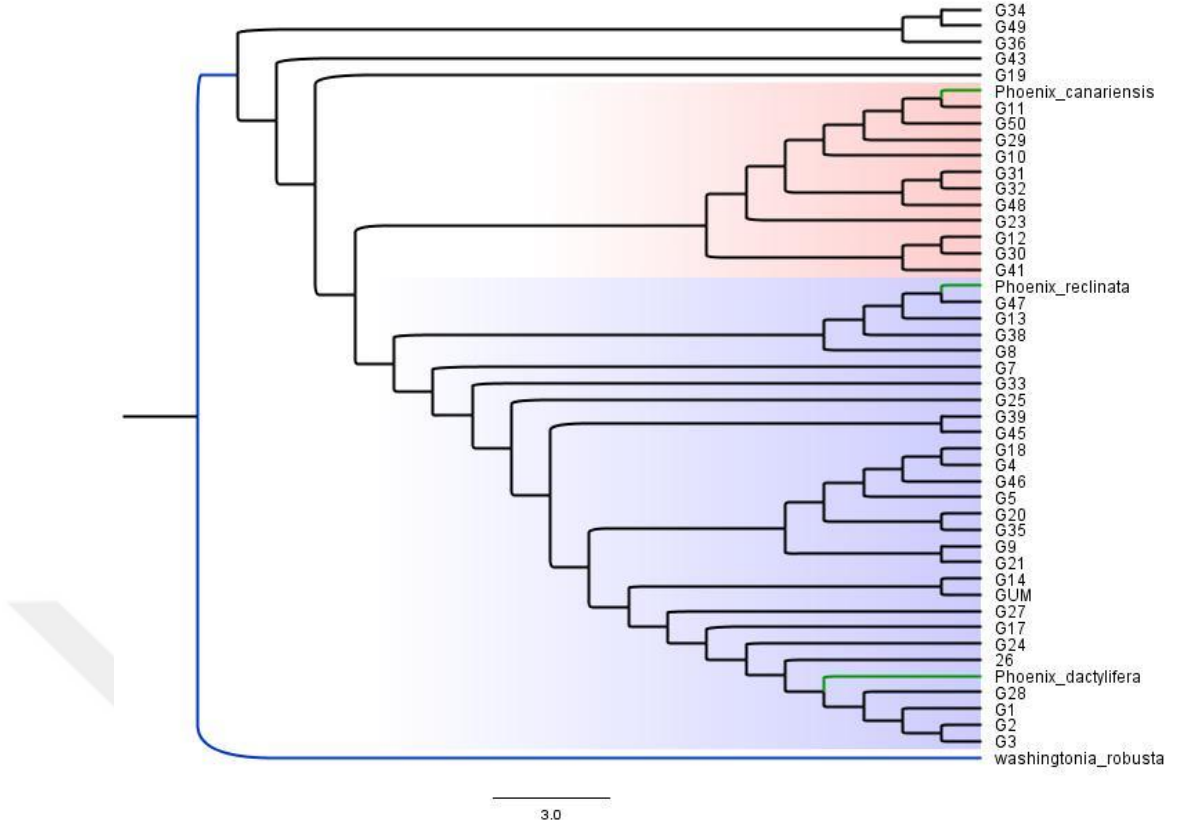
Şekil 4.35 Hurmalibük popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan Neighbour-joining (NJ) ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL- trnf bölgesi ile oluşturulan Neighbour joining (Nj) analizi sonucunda oluşan ağaç içerisinde *washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan ağaca bakıldığında, H12 örneği *P.dactylifera* ve *P.canariensis* türleri ile ilk klad ayırımından ayrıldığı tespit edilmiştir. *P.reclinata* ise popülasyon kladları içerisinde yer almıştır. Maksimum parsimoni ağacında iki ana klad hakimiyeti olmasına rağmen NJ ağacında 3 ana klad hakimiyeti tespit edilmiştir(Şekil 4.35).



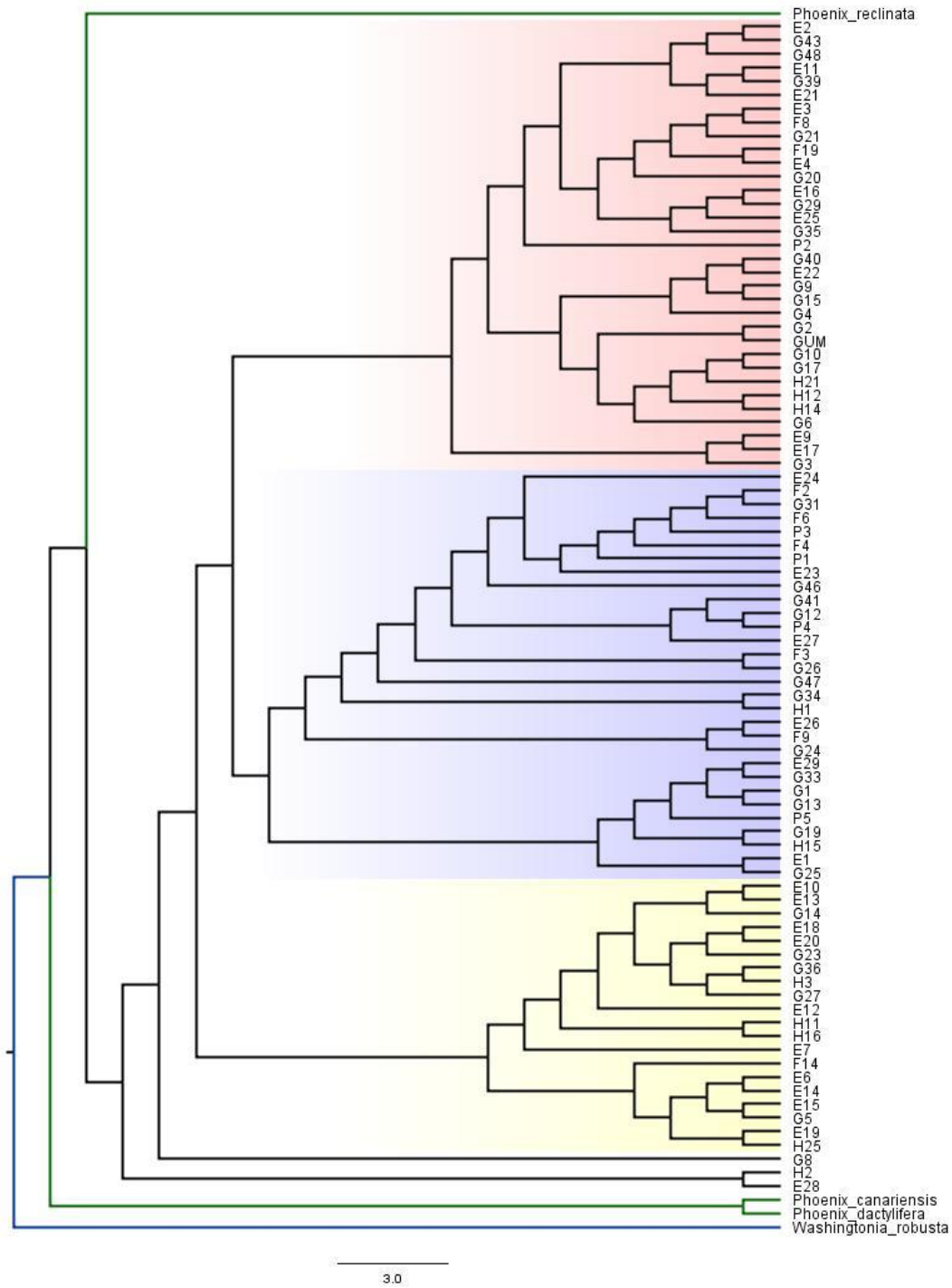
Şekil 4.36 Eksera popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan Neighbour-joining (NJ) ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL- trnf bölgesi ile oluşturulan Neighbour joining (Nj) analizi sonucunda oluşan ağaç içerisinde *Washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan ağaca bakıldığında, maksimum parsimoni ağacından farklı *P. dactylifera* ile yakınlık gösteren E16 örneği ve *P. canariensis* ana klad ayrımından popülasyon içi kladlardan ayrılmıştır. *P. reclinata* ise popülasyon içi kladlarda yer almaktadır (Şekil 4.36).



Şekil 4.37 Gök köy popülasyonunda TrnL-trnF bölgeleri ile PAUP programında yapılan Neighbour-joining (NJ) ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL- trnF bölgesi ile oluşturulan Neighbour joining (Nj) analizi sonucunda oluşan ağaç içerisinde *Washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan ağaca bakıldığında, maksimum parsimoni ağacında ana klad ayrımından ayrılma gösterecek *P.reclinata* NJ ağacında popülasyon kladları arasında yer almıştır. Maksimum parsimoni ağacı ile tek klad hakimiyeti gösteren popülasyon NJ ağacında iki ana klada ayrılmıştır(Şekil 4.37).



Şekil 4.39 Tüm popülasyonlar MatK bölgesi ile PAUP programında yapılan Neighbour-joining (NJ) ile elde edilen ağaç (orjinal).

TrnL- trnf bölgesi ile oluşturulan Neighbour joining (Nj) analizi sonucunda oluşan ağaç içerisinde *Washingtonia robusta* dış grubu temsil etmektedir. Oluşan ağaca bakıldığında, maksimum parsimoni ağacında ana klad ayrımından ayrılma göstersen *P.reclinata* NJ ağacında popülasyon kladları arasında yer almıştır.

Maksimum parsimoni ağacı ile tek klad hakimiyeti gösteren popülasyon NJ ağacında iki ana klada ayrılmıştır(Şekil 4.39).





5. SONUÇ VE TARTIŞMA:

Son yıllarda küresel ısınma, üzerinde çok sayıda çalışma yapılan bir sorun olmasına rağmen, farklı sebeplerle her gün çok sayıda tür dünya üzerinden silinip gitmektedir (Grainger, 2003). Gelecek asırda, binlerce organizmanın yok olacağı düşünülmektedir. Bu bağlam da türlerin korunması tüm dünyada önem arz etmektedir. Ülkemiz mevcut coğrafi konumu itibari ile dünya üzerinde bugüne kadar belirlenmiş 37 bitki coğrafyası bölgelerinden 3 tanesinin kesiştiği nadir ülkelerdendir. Bu üç bitki coğrafyası bölgesi –Avrupa-Sibirya, -Iran-Turan ve - Akdeniz Bitki Coğrafyası bölgeleridir. Ancak Anadolu bugünkü yeryüzü şekillerine ulaşana kadar, 65 myıl öncesinden başlayarak geçirdiği devinim süreci içerisinde farklı iklimsel ve/veya buna bağlı farklı flora elemanlarının etkisi altında kalmıştır. Özellikle, Tersiyer dönemi olarak bilinen ve 65-1.8 myıl öncesine kadar gelen devirde, Anadolu genelinde, nemli ve sıcak (tropikal) iklim etkisi ile tropikal ormanları andıran gür bir bitki örtüsü hakimiyeti gözlenmekteydi. Bunu takip eden dönemde geçirilen buzul ve buzullar arası devirler floranın bugünkü şeklini almasında etken olmuştur. Özellikle buzul devirlerinde bazı flora elemanları sığınma bölgeleri olarak adlandırılan noktalarda yaşamlarını sürdürmüşler ve bu yolla farklılaşmadan bu güne kadar korunmuşlardır. Relikt olarak tanımlanan bu taksonların bazıları, bugün siyasi sınırlarımız dahilinde de endemik olarak gözlenmekte veya bulunduğumuz coğrafyada bölgesel endemikler olarak tanımlanmaktadır. Çalışmanın ana materyalini oluşturan ve 80’li yılların sonuna kadar Girit hurması olarak bilinen ve Boydak ve ark. tarafından 1983 yılında yapılan çalışma ile ülkemizde varlığı belirlenen *P.theophrasti* ülkemizin tek doğal palmyesi konumunda olan relik endemik bir türdür. *P. theophrasti*’nin Girit’teki en büyük popülasyonu Vai bölgesindedir. Bu popülasyon 1970’lerin sonlarında “aesthetic forest preserve” olarak ilan edilmiştir. Etrafı çevrilerek 1983’te koruma altına alınmıştır. Bu alanın büyüklüğü 20 ha’dır (Leon C, 1983). Ege Endemiği olarak geçen Datça hurması, Red Data Book of Greece göre, Türkiye de ki yayılışına da değinilerek VU (vulnerable) tehlike kategorisine dahil edilmiştir. Bu tehlike sınıfı IUCN küresel kırmızı listesinde Near Threatened (NT) kategorisinde verilmiştir. Türkiye bitkileri kırmızı listesine göre ise tür ulusal ölçekte EN (endangered) kategorisinde yer almaktadır (Phitos D., Constantinidis T., Kamari G.

2009), (Ekim ve Ark. 2000). Ayrıca Türkiye de Avrupa Birliğine uyum süreci kapsamında geç de olsa 2017 - 2018 yıllarında ‘Türkiye Natura 2000 Alanlarının Belirlenmesi’ projesi kapsamında Natura 2000 habitatlarını belirlemiştir. Bu çalışmadan elde edilen veriler de 9370 (Akdeniz Sklerofil Ormanları- Phoenix’e İlişkin Palmiye Koruları) Annex kodu ile Türkiye Natura 2000 habitatları arasında özel ve korunması öncelikli alanlar olarak önerilmiş ve kabul edilmiştir (Şenol, 2018, kişisel görüşme).

Dünya genelinde Phoenix cinsine ait tüm doğal alanların mevcut tanımı, habitat tipinin yorumlanması, koruma stratejilerinin oluşturulmasında göze çarpan eksikliklerin başında habitatın yanlış tanımlanması ve yorumlanması, dağılım haritalarının oluşturulması ve popülasyonların izlenmesi açısından devamlılık sağlanmaması gelmektedir (Carreño 2017; Rivera et al. 2017). Bu bilgiler ışında *P. theophrasti* Türkiye popülasyonları için türün mevcut durumu ve korunması açısından tespit edilen bu eksiklikler yapılan bu çalışma ile giderilmiştir. Bu çalışma ile türün popülasyonlar bağlamında net birey sayılarının belirlenmiş ve haritalanmış gerçek ve potansiyel yayılım alanının ortaya konulmuş habitat yapısı ve türün moleküler olarak tüm popülasyonların ele alınması ve türün gerek sistematik durumunun gerekse popülasyon içi genetik çeşitliliği belirlenmiştir. Tüm bu verilerin korelasyonu ile türün mevcut durum tespit edilmiş ve geleceğe taşınması adına koruma yaklaşımlarında bulunulmuştur.

Günümüzde türlerin korunmasında habitatın tanımlanması ve doğru algılanabilmesi önemlidir. Bu çalışma ile türe ait tüm popülasyonlarda habitat tanımlaması yapılmıştır. Türün en güney sınırını oluşturan, Patara ve Finike popülasyonu (kızıl çam ile karışık orman)kalker anakaya üzerinde bulunurken, Datça popülasyonun (Hürmalıbük-Eksera) kalker serpantin anakayasının birlikte bulunduğu Datça yarım adası güneyinde sadece serpantin anakaya üzerinde yer aldığı tespit edilmiştir. Gölköy popülasyonu, yüzey suları ile beslenen derin toprak taban arazi üzerinde yayılışa sahiptir. Cins üyeleri, deniz seviyesi kumul çalılıklardan, 2000m yükseklikteki çam ormanlarına ve sulak mangrove kıyılarından, yarıkurak zona kadar farklı habitatlarda gözlenmektedirler (Barrow SC., 1998). Türün en kuzey popülasyonunu oluşturan Gümüldür popülasyonun ise kumlu bir toprak yapısını tercih ettiği belirlenmiştir. Tüm popülasyonlara bakıldığında türün geçici veya devamlı bir su kaynağına ihtiyaç duyduğu

belirlenmiştir. popülasyonlara bakıldığında Patara ve Gölköy popülasyonları dört mevsim su sistemi (göl) yakınında bulunmaktadır. Eksera, Hurmalıbük ve Finike popülasyonları ise mevsimsel su sistemi olan dere yatakları etrafında yer aldığı belirlenmiştir. (UICN, 2019) Phoenix cinsi ana habitat topoğrafya ve arazi kullanımına dayanarak dokuz kategoriye ayrılmıştır. (Obon et.al .) bu kategoriler; “Ramblas” (periyodik olarak veya bazen su basmış olan geniş ve açık kuru nehir yatakları); Gullies (dik kenarlara sahip uzun dar vadiler); Ravines (dik tarafa sahip çok derin dar vadiler); Tarlalar (bitkilerin yetiştirildiği arazi alanları); Dağ ve tepelerin yamaçları (kenarları); Uçurumlar (denizin yanında, çok dik bir tarafı olan yüksek kara alanları); Sandy deniz kıyısı; Havzalar ve rezervuarlar; Nehirler’dir. Bu bilgiler ışığında *Phoenix theophrasti* Türkiye haibatları; Finike popülasyonu uçurumlar, Patara tarlalar, Datça popülasyonları özellikle Eksera vadisi için gullies ,ravines ve ramblas, Gölköy popülasyonu havzalar ve rezervuarlar ve Gümüldür popülasyonu sandy deniz kıyısı habitat tiplerine girmektedirler.

P. theophrasti’nin Türkiye yayılışına ait lokalite bilgisi Flora of Turkey e göre T. Baytop’un ISTE 36264 no’lu örneği üzerinden verilmektedir. Daha sonra Boydak M. tarafından aynı bölgeye arazi çalışmaları yapılmış ve Baytop’un lokalite kayıtları ayrıntılandırılmıştır (Boydak, M. 1983), (Boydak & Yaka, 1983), (Boydak, M. 1985). Daha sonraki yıllarda türe ait yeni lokalitelerde aynı araştırmacı tarafından literatüre alınmıştır (Boydak, M., 1985-1986-1987), (Boydak ve Barrow, 1995). Önceki yıllarda yapılan çalışmalarda teknolojinin günümüzdeki kadar ileri olmayışı türün tüm kayıtlarının daha yüzeysel tutulmasını gerektirmiştir. Ancak yapılan bu çalışma ile türün kayıt altına alınan tüm bireyleri ArcGIS ile sayısallaştırılmış ve sadece popülasyon değil birey bazında GPS verileri kaydedilmiştir. Ülkemizde henüz var olmayan bir sistemle tüm bireyler plaka sistemi ile numaralandırılarak koruma çalışmaları için önemli bir adım atılmıştır.

Popülasyonlar morfolojik olarak ele alındığında türün Türkiye Florasındaki deskripsiyonuna en yakın olan popülasyonlar Hurmalıbük ve Eksera (Datça popülasyonu) ve Gümüldür popülasyonlarıdır. Finike popülasyonu meyve ve çiçek sapı karakteri olarak deskripsiyona uysada yaprak boyu, taç açıklığı, gövde inceliği ve çok gövdeli birey sayısının azlığı olarak diğer popülasyonlardan sapmalar göstermektedir. Kültür formu olduğu düşünülen Patara popülasyonuna bakıldığında tüm popülasyonlardan gövde uzunluğu ve yaprak uzunluğu olarak bariz şekilde

fazlalık göstermektedir. Aynı zamanda tüm bireylerin erkek oluşu meyve karakteri bakımından bize bilgi vermemekle birlikte türün morfolojik olarak ayırımında yetersizdir.

Çalışmanın ana konusunu oluşturan ve türün popülasyonlarının mevcut durumlarını saptamak ve moleküler belirteçler ile ortaya konulması ışığında, türün tüm popülasyonlarının trnF, trnL ve MatK barkod bölgesi olarak dizileri kayıt altına alınmış ve NCBI Gen bankasına girişi gerçekleştirilmiştir. Bu veriler dünya genelinde gerek *Phoenix* cinsi gerekse Aracaceae familyası üzerinde yapılan tüm çalışmalara ülkemize ait relik tır olan *P.theophrasti* 'ninde katılmasında kolaylık sağlayacaktır. Eksera popülasyonu ulaşılabilen tüm bireyleri MatK barkod primeri ile barkodlanmış ve kayıt altına alınmıştır. Bu ülkemiz için yapılan ilk çalışmadır.

Moleküler çalışmalar ışığında Finike popülasyonu maksimum parsimoni analizi sonucunda oluşturulan ağaçta ana klad ayrımı üzerinden *Phoenix reclinata* 'dan ayrımı ile tür ile uzaklığını ortaya koymuştur. Aynı zamanda *Phoenix .dactylifera* 'nın popülasyon içerisinde yer alması bize trnL-trnF bölgeleri ile yapılan bu çalışmada Finike popülasyonu içerisinde *P.dactylifera* ile dizi benzerliği gösteren bireylerin olduğunu göstermektedir. Populasyon üzerine yapılan Neighbour-joining (NJ) analizi sonucunda oluşturulan ağaçta klad ayrımında ilk ayrılan önce *P.canariensis* olmuştur. *P.dactylifera* ve *P.canariensis* türleri bu analizde popülasyon içerisinde yer almaktadır.

Patara popülasyonu maksimum parsimoni ağacında *P.canariensis* ve *P.dactylifera* ana klad ayrımı ile ayrılmıştır. *P.reclinata* türünün popülasyon kladı içerisinde yer alması ve türün morfolojik olarak popülasyon morfolojisine yakınlığı *Phoenix theophrasti* olarak bilinen bu popülasyon için bir soru işareti oluşturmaktadır. Popülasyon üzerinde yapılan NJ analizi sonucunda *P.dactylifera* ve *P.canariensis* türleri ilk ayrım ile popülasyondan ayrılmıştır. *P.reclinata* türü analize katılan diğer *Phoenix* türlerine karşı, popülasyon ile yakınlık göstermiştir. Bu veriler ilk analiz ile korelasyon sağlayan bir sonuç elde ettiğimiz göstermektedir. Patara Populasyonu'nun yapılan SSR çalışması ile diğer populasyonlar ile arasındaki genetik uzaklıkların 1.0'e çok yakın ve 1.0'in üzerinde olması bu popülasyonun diğerlerinden önemli ölçüde farklı olduğunu göstermiştir (Vardaeli ve ark. 2019).

Hurmalıbük popülasyonu üzerinde yapılan maksimum parsimoni ağacında *P.dactylifera* ile yakınlık tespit edilememiş fakat *P. canariensis* ve *P.reclinata* popülasyon kladları içerisinde yer almıştır. Her iki türünde yabancı formda olmasından dolayı yabancı form olan *P.theophrasti* ile dizi yakınlığı gösterdikleri düşünülmektedir. Popülasyonun NJ analiz sonucuna bakıldığında popülasyon içerisinde 4 birey analiz içerisindeki diğer Phoenix türleri ile aynı klad üzerinde yer almıştır.

Eksera popülasyonu maksimum parsimoni ağacına bakıldığında popülasyon *P.dactylifera* ve *P.canariensis*'den yüksek ayrım göstermiştir. *P.reclinata* ile ikinci klad ayırımından farklılık gösteren popülasyon, Datça popülasyonları içerisinde yer alan Hurmalıbük popülasyonundan daha izole bir ayrım oluşturmaktadır. Popülasyon üzerinde yapılan NJ analiz sonucunda *P. reclinata* türü maksimum parsimoni analizi ile korelasyon göstererek popülasyon kladı içerisinde yer almıştır.

Gölköy popülasyonu maksimum parsimoni ağacına bakıldığında *P.reclinata* ve *P.canariensis* türlerinden ana klad ayırımı ile ayrılmıştır. Popülasyon kendi içerisinde morfolojik karakterlerinde gösterdiği gibi yüksek dallanma oranına sahiptir. Aynı zaman da popülasyon içerisinde *P.dactylifera*'nın varlığı bize hibrit türlerin popülasyon içerisinde olabileceğini düşündürmektedir. Popülasyon üzerinde yapılan NJ analizinde popülasyon bireylerinin içerisinde ayrı klad oluşturan bireylerin varlığı tespit edilmiştir. Aynı zamanda analize katılan diğer Phoenix üyeleri popülasyon kladları içerisinde yer almış ve ana klad hakimiyeti iki olarak tespit edilmiştir. Popülasyon üzerine Boydak tarafından 2019 yılında yayınlanan çalışmada, Gölköy Phoenix popülasyonunun, *P. theophrasti*, ve *P. dactylifera* arasında morfolojik farklılık göstermesinden dolayı popülasyonun türün bir alt türü (*Phoenix theophrasti* Greuter subsp. *golkoyana* Boydak) olduğu ele alınmıştır(Boydak,M.2019). Fakat yapılan bu çalışmada morfolojik karakter ölçümünün yetersizliği, örneklemin az sayıda olması ve popülasyon içerisindeki bireylerin her birinin moleküler çalışmalar ile farklı dallanmalar göstermesi popülasyonun alt tür kategorisine alınmasının bu bilgiler ışığında yanlış olduğunu göstermektedir.

Tüm popülasyonlar üzerinde MatK gen bölgesi ile yapılan maksimum parsimoni analizi sonucunda *P.theophrasti* türüne ait tüm popülasyonlar aynı ana klad içerisinde yer almış ve analize katılan diğer *Phoenix* cinsi üyelerinden ayrılmıştır.

Tüm popülasyonlar içerisinde trnL- trnF bölgeleri üzerinde yapılan maksimum parsimoni analizlerinin her birinde popülasyon içindeki bireyler ile yakınlık göstermesi (ayrı bir klad oluşturmaması) ve aynı zamanda cins içinde Matk barkod bölgesi üzerinde yapılan maksimum parsimoni analizinde ayrılan kladlar içerisinde *P.theophrasti* türüne ait klad içerisinde yer alması Gümüldür popülasyonun *P.theophrasti* olduğu düşüncemizi kanıtlar niteliktedir. Bu veri ışığında *P.theophrasti* türünün Türkiye içerisinde yeni bir lokalite kaydı gerçekleştirilmiştir. Gümüldür popülasyonu içerisindeki bireyin dişi ve tek birey oluşu saf türün devamlılığında türün hibritleşmeye gitmek zorunda olduğunu göstermektedir. İler ki çalışmalarda türün saflığını korumak adına *P. theophrasti* türüne ait erkek bireyler ile popülasyonun genişletilmesi sağlanabilecektir.

Yapılan bu çalışma ile popülasyonları en çok tehdit eden faktör turizm kaynaklı insan etkisi (Yapılaşma riski, kirliliğin artışı vb.) olduğu belirlenmiştir. Özellikle Gölköy popülasyonu yerleşim yerlerinin içinde kalması nedeni ile bu baskıya en çok maruz bırakılan popülasyondur. Obon ve ark. tarafından 2018 yılında yapılan çalışmada türün bir başka yayılım alanı olan Girit adasında gözlenen tehdit faktörü hibridizasyon riski olarak bildirilmiştir. Türkiye popülasyonlarından da başta Gölköy popülasyonu yerleşim yerlerine yakınlığı ve yerleşim yerlerinde peyzajda kullanılan diğer *Phoenix* cinsi elemanlarının fazla sayıda olması nedeni ile popülasyon genetik bütünlüğü açısından aynı riski taşımaktadır.

Palmiye kırmızı böceği olarak bilinen *Rynchophorus ferrugineus* (Olivier); yumuşak lifli dokularla beslenerek galeriler açan, Palmae/Arecaceae familyasına ait bazı türlerde özellikle *Phoenix* cinsi üyelerinde dal ve taç kısmından girerek büyüme noktasında geriye dönüşü olmayan zararlar vererek ağacın devrilmesine ve çürüyerek ölmesine neden olan zararlıdır. Bu zararlının ülkemizde Mısır'dan ithal gelen hurma ağaçları (*Phoenix* sp.) nedeniyle hızla yayıldığı düşünülmektedir. (KUTO, 2011).Türkiye'deki tüm *P.theophrasti* popülasyonlarını tehdit eden ve ülkemizdeki diğer palmiye türlerinin de baş düşmanı olan bu zararlı koruma

alışmalarında öncelik verilmesi gereken en önemli konulardan biri olarak belirlenmiştir. Şuan için bu zararlıya sadece Glky poplasyonunda ve Gmldr poplasyonunda kurulan kapanlarda rastlanmıştır. Gmldr poplasyonun ierisinde bulunduėu tabiat parkında diėer *Phoenix* cinsi yelerinde zararlının enfekte olduėu aėalar gzlemlenmiř fakat *P.theophrasti* olarak dřnlen bireyde herhangi bir zarar gzlemlenmemiřtir. Glky poplasyonunda ise, tatil siteleri ierisindeki bir birey zararlı tarafından enfekte olduėu ve kesildiėi tespit edilmiřtir. Tm poplasyonlar ierisinde bcek tehdidine en aık olan poplasyonun Glky poplasyonu olduėu dřnlmektedir. Bunun nedeni olarak Glky poplasyonunun saf bir poplasyon olmaması gsterilebilir aynı zamanda zamansız budama yapılmasının da bceėi ektiėi tarafımızca gzlemlenmiřtir. Bu nedenle zamanında ve bilinli budama trn korunmasında olduka nemlidir. Diėer poplasyonlarda diėer *Phoenix* cinsi elemanlarına bceėin geldiėi ancak *P. theophrasti*'e gelmediėi belirlenmiřtir. Bu alıřma ile saf yabani trn bu zararlıya karřı direnli olduėu dřnlmektedir.

lkemiz floristik eřitliliėinin bulunduėu coėrafya genelinde hatta dnya leėinde n plana ıktıėı ařıkardır. Dnyada korumada ncelikli blgelerin 2 tanesinin (Akdeniz ve İran-Anadolu) lkemizde keřiřtiėi dřnlrse genetik kaynakların korunması baėlamında zerimize ok iř dřmektedir. Bu yn ile gerekleřtirdiėimiz bu alıřma, zellikle lkemizin nadir ancak blgesel lekte endemik olan relikte ve hurmaya ait atasal genler tařıyan *P. theophrasti* trnn, mevcut durumunun orataya konması ve geleceėe tařınması adına yapılması gerekenlere btnleřik bir yaklařım ve bir pencere amıřtır. Aynı zamanda trn yeni bir lokalitesi olarak Gmldr poplasyonu kayıt altına alınmıřtır.



KAYNAKLAR DİZİNİ

- Barrow, SC.**, 1998, A monograph of Phoenix L. (Palmae:Coryphoidea). Kew Bull., 53:513-575.
- Basu, S., Sengupta, R., Zondi, P.**, 2014, Arecaceae: The Majestic Family of Palms. The Encyclopedia of Earth.
- Boyer, K.**,1992, Palms and Cycads Beyond The Tropics. The publication Fund, PACSOA.
- Boydak, M.**, 1983, Ülkemizin nadide bir doğal türü Datça Hurması (*P. theophrasti* Greuter). Çevre Koruma 18:20-21. İstanbul.
- Boydak, M.**, 1985, The distribution of *P. theophrasti* in the Datça Peninsula, Turkey. Biol. Conservation 32:129-135.
- Boydak, M.**, 1986, Kumluca-Karaöz de saptanan yeni bir doğal palmiye (*P.theophrasti*) yayılışı. İstanbul Ü. Orman Fak.Derg., A36-1:1-13
- Boydak, M.**, 1987, A new occurrence of *P. theophrasti* in Kumluca-Karaöz, Turkey. Principes 31 (2):89-95.
- Boydak, M., Barrow, S.**,1995, A new locality for *Phoenix* in Turkey: Gököy-Bodrum. Principes 39 (3):117-122
- Boydak, M.**, 2019, A new subspecies of *Phoenix theophrasti* Greuter (*Phoenix theophrasti* Greuter subsp. *golkoyana* Boydak) from Turkey. Forestist 69(2): 133-144.
- Brown, TA.**, 2002, Genomes. Molecular Phylogenetics. Oxford: Wiley-Liss UK.
- Clegg, M.T. and Zurawski, G.**, 1993 Chloroplast DNA and the study of plant phylogeny.
- Coşkun, A.**, 2006, Dünya ve Türkiye deki palmiyeler, ekolojik özellikleri ile İzmir ve Çeşme deki kullanımları üzerine araştırmalar, Yüksek Lisans Tezi, Ege Ü. Fen Bil. Tezi

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Davis, P.H.**, 1965- 1988, Flora of Turkey East Egean Islands, 1-10, Edinburgh Uni. Press, UK.
- Ekim T., Koyuncu M., Vural M., Duman H., Aytaç Z., Adıgüzel N.** 2000, Türkiye Bitkileri Kırmızı Listesi, Ankara.
- Esener R.**, 1999, Palmiyeler. Palmiye Merkezi Yayınları, Ankara.
- Grainger, J.**, 2003, People are living in the park linking biodiversity conservation to community development in the Middle East region: a case study from the Saint Katherine Protectorate, Southern Sinai. *Journal of Arid Environments*, 54, 29-38
- Heslop-Harrison, JS (Pat)., Trude, Schwarzacher.**, 2011, The plant genome: an evolutionary view on structure and function. Organisation of the plant genome in chromosomes *The Plant Journal* 66: 18-33.
- Heslop-Harrison, JS(Pat)., Thomas, Schmidt.**, 2007, Plant Nuclear Genome Composition. Wiley Online Library.
- IUCN Species Survival Commission**, “ IUCN Red List of Threatened Species”<https://www.iucnredlist.org/> (Erişim Tarihi: 22 Temmuz 2019).
- KUTO (Kuşadası Ticaret Odası), 2011.** “Kırmızı Palmiye Böceği Raporu. KUTO Araştırma Yayınları, Aydın.
- Liò, P. and Goldman, N.**, 1998 Models of molecular evolution and phylogeny. *Genome Res.* 8(12): 1233-44
- Liu, X., Wang, Z. and Dongsheng, W.**, 2016, Phylongeny of Populus-Salix (Salicaceae) and their relative genera using molecular data set, *Biochemical and Systematic Ecology*, 68, 210-215
- Maddison, W. P. And Maddison, D. R.**, 2011, Mesquite : a modular system for evolutionary analysis, version 3.31.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Nei M. and Kumar S.**, 2000 *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Nixon R.W.**, 1951, The date palm: "Tree of Life" in the subtropical deserts *Econ. Bot.* 52:743-1
- Popenoe, O.**, 1973, The date palm Field Research Projects Miami, FL
- Rambaut A.**, 2009, FigTree v1.4.2 Available from: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/FigTree>.
- Rivera D., Castro C., Carreno E., Inocencio C., Alcaraz F., Rios S., Palazon, J.A., Vazquez L. and Laguna E.**, 2008 Morphological Systematics of date-palm diversity (*Phoenix*, Arecaceae) in western Europe and some preliminary molecular results. Proc. V. IS on Taxonomy of Cult. Plants Eds.: N. Groendijk-Wilders et al. Acta Hort. 799, ISHS.
- Small, R.L., Ryburn, J.A., Cronn, R.C., Seelanan, T., Wendel, J.F.**, 1998, The tortoise and the hare, choosing between noncoding plastid and nuclear Adh sequences for phylogenetic reconstruction in a recently diverged plant group. *American Journal of Botany* 85: 1301-1315.
- Soltis PS, Soltis DE, Doyle JJ (eds)**, Molecular systematics of plants. Chapman and Hall, London, 1-13.
- Soltis, D.E. and Soltis, P.S.**, 1998, *Choosing an approach and an appropriate gene for phylogenetic analysis*, 2-31, Molecular Systematics of Plants II: DNA Sequencing. Kluwer Academic Publishers, Boston.
- Soltis, D.E., Soltis, P.S., and Doyle, J.J.**, 1998, Molecular Systematics of Plants II: DNA Sequencing. Kluwer Academic Press, Boston MA.
- Stewart, L.**, 1994, A guide to palms and Cycads of the World. Angus & Robertson Publishers, Australia

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Taberlet, R., Gielly, L., Pautou, G., Bouvet, J.,** 1991, Universal primers for amplification of three noncoding regions of chloroplast DNA. P1. Molec. Biol. 17: 1105-1109.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., and Kumar S.,** 2013
MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., and Kumar, S.,** 2013, MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol.Biol.Evol., 30,2725-2729 pp.
- The Food and Agriculture Organization (FAO),**<http://www.fao.org/docrep/X0451E/X0451e03.htm> (Erişim Tarihi: 22 Temmuz 2019).
- Tsai, LC., Yu, YC., Hsieh, HM., Wang, JC., Linacre, A., Lee, JCI.,** 2006, Species identification using sequences of the trnL intron and the trnL-trnF IGS of chloroplast genome among popular plants in Taiwan. *Forensic Science International* 164: 193-200
- Vardareli, N., Doğaroğlu, T., Doğaç, E., Taşkın, V., Taşkın B.** 2019,
Genetic characterization of tertiary relict endemic *Phoenix theophrasti* populations in Turkey and phylogenetic relations of the species with other palm species revealed by SSR markers. *Plant Systematics and Evolution* 305:415–429.
- Wolfe, KH., Li ,WH., Sharp, PM.,** 1987, Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 84: 9054-9058.
- Xu, DH. and Ban, T.,** 2004, Phylogenetic and evolutionary relationships between *Elymus humidus* and other *Elymus* species based on sequencing of non-coding regions of cpDNA and AFLP of nuclear DNA. *Theor Appl Genet.* 108: 1443-1448

Zohary, D. and Hopf, M., 2000, Domestication of plants in the old world:
The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe, and
the Nile ValleyOxford University PressOxon, UK.





TEŞEKKÜR

Tez çalışmamın yürütülmesi ve hazırlanması esnasındaki emeği ve bana olan güveni, desteğini ve sabrını hiç bir zaman esirgemeyen, engin bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım çok değerli danışman hocam, Sayın Doç. Dr. Serdar Gökhan ŞENOL'a ,

Lisans ve lisansüstü öğrenim hayatım boyunca bilgi ve deneyimlerini benimle paylaşan, Sayın emekli hocam Prof. Dr. Özcan SEÇMEN'e ,

Tezimin tüm aşamalarında bana destek olan ve çalışmam için gerekli ortamı sağlayan, deneyim ve tecrübelerini benimle paylaşan sevgili hocam Doç. Dr. Ortaç ONMUŞ'a,

Çalışmam süresince çalışma alanının haritalanması aşamasında her zaman destek olan Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Toprak Bölümü öğretim üyesi değerli hocam Doç. Dr. Mustafa Tolga ESETLİLİ'ye,

Tezimi okuyup değerlendiren jüri üyesi hocam Doç. Dr. Kamuran AKTAŞ'a,

Tezimin gerek arazi gerek laboratuvar olmak üzere her aşamasında yanımda olarak en az benim kadar emek veren sevgili çalışma arkadaşım Biyolog Duygu BOZYEL'e

Tezin arazi çalışmalarında bana zaman ayırarak zor arazi koşullarında yanımda olan ve gerek laboratuvar gerekse analiz basamaklarında bana her daim destek veren değerli arkadaşlarım, Dr. Öğr. Gör. Volkan EROĞLU, Ebru GÜRSOY, Göksel Erdem ARSLAN, Gökhan YASAVUR ve Nejdet BOZKURT, Duygu BALATLI KAN 'a

Son olarak beni bu günlere getiren her zaman yanımda olduklarını bildiğim en büyük teşekkürü hak ettiklerini düşündüğüm, tüm arazi çalışmalarında benimle birlikte olup bütün zorluklara göğüs geren canım babam Haldun PELİT ve hayatım boyunca tüm sabrı ile benim elimden tutan canım annem Şehnaz PELİT'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bu çalışma TÜBİTAK 1001 Projesi kapsamında (116Z288 numaralı proje) maddi olarak desteklenmiştir. Bu nedenle, adı geçen kuruma, ayrıca çalışmalarım

süresince olanaklarından yararlandığım E.Ü Fen Fakültesi Dekanlığı'na ve Biyoloji Bölümü Başkanlığı'na teşekkür ederim.

19/08/2019

Nazlı Bahar PELİT



ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Nazlı Bahar PELİT

Doğum Yeri ve Tarihi : İSTANBUL / 01-05-1991

Ev Adresi : Erzene mah. 67 sok. no :36 daire :7 Bornova / İzmir

Tel : 05558441799

Mail : nbaharpelit@gmail.com

EĞİTİM :

Lisans - Ege Üniversitesi Biyoloji Bölümü - Moleküler Biyoloji ve Genetik opsiyonu 2009-2014

Yüksek Lisans - Ege Üniversitesi Biyoloji Bölümü Botanik Anabilim Dalı 2015- ...

Tez Konusu : *Phoenix theophrasti* (Datça-Girit hurması) Türkiye popülasyonlarının mevcut durumlarının saptanması ve genetik farklılıklarının SSR belirteçleri ve Kloroplast DNA'sı (trnL – trnF bölgeleri) kullanılarak belirlenmesi.

Tez Danışmanı : Doç. Dr. Serdar Gökhan ŞENOL

STAJ :

07.2013 – 08.2013 İstanbul Üniversitesi Tıp Fakültesi Patoloji Anabilim Dalı

ÇALIŞMA :

Bursiyer-Tersiyer Kalıntısı, *Phoenix theophrasti* (Datça Hurması) Koruma Biyolojisi ve Popülasyon Genetiği- 116Z288 no'lu TÜBİTAK projesi. (2017-....)

KATILDIĞI KURSLAR VE ÇALIŞTAYLAR :

-Bitki barkodlama çalıştay. 20-21 Ekim 2016.Hacettepe Üniversitesi Moleküler Bitki Sistematiği Laboratuvarı(MOBİS), Ankara.

- Uygulamalı Bitki Genom Analizleri Eğitimi.29-30 Nisan 2019.Pamukkale Üniversitesi Tohum Islahı ve Genetik Uygulama ve Araştırma Merkezi, Denizli.

KONGRE VE SEMPOZYUMLAR

- 21. Ulusal Biyoloji Kongresi 03-07 Eylül 2012 Ege Üniversitesi/İzmir

- Kanser Biyolojisi ve Genetiği Sempozyumu 31 Mart 2013 Ege Üniversitesi/İzmir

- 1. Ege Nanoteknoloji Günleri 18-19 Nisan 2013 Ege Üniversitesi / İzmir

- 1.Ulusal Bitki Biyolojisi Kongresi 02-04 Eylül 2015 Abant İzzet Baysal Üniversitesi / Bolu

-Second Symposium on EuroAsian Biodiversity (SEAB-2016) 23-27 Mayıs 2016 Antalya

-Interactive Conservation Platform for Orchids Native to Greece-Turkey (ICON) International Final Conference, 18-21 April 2017, Antalya/Turkey.

-XIII. Congress Of Ecology And Environment With International Participation 12-15 September 2017, Edirne

-1st International Congress on Plant Biology, 10- 12 May 2018, Konya, Turkey.

Ulusal ve uluslararası kongrelerdeki bildiriler:

1. **Şenol SG., Pelit NB., Bozyel D.** Distribution of *Phoenix theophrasti* and Problematic Gököy-Muğla Population in Turkey, Second Symposium on EuroAsian Biodiversity, 23-27 Mayıs 2016, Antalya,P:435. **(Poster)**
2. **Şenol SG., Oğur E., Bozyel D., Pelit NB., Arslan GE.** Morphological, Anatomical, Ecological Features of *Pilularia minuta* and Its Distribution in Turkey , Second Symposium on EuroAsian Biodiversity, 23-27 Mayıs 2016, Antalya, P:434. **(Poster)**
- 3.**Bozkurt N., Pelit NB., Bozyel D., Şenol SG.** Distribution of *Ophrys omegaifera* Complex (Orchidaceae) in Turkey, Interactive Conservation Platform for Orchids Native to Greece-Turkey (ICON) International Final Conference, 18-21 April 2017, Antalya/Turkey.**(Poster)**
4. **Bozkurt N., Pelit NB., Bozyel D.** Orchid Populations in the Çeşme Peninsula and Their Major Threatening Factors. Interactive Conservation Platform for Orchids Native to Greece-Turkey (ICON) International Final Conference, 18-21 April 2017, Antalya/Turkey.**(Poster)**
- 5.**Şenol SG., Pelit NB.,Bozyel D., Eroğlu V., ARSLAN GE.** Habitat Descriptions of *Phoenix theophrasti* (Datça Hurması) Populations in Turkey. XIII. Congress Of Ecology And Environment With International Participation 12-15 September 2017, Edirne/Turkey. **(Poster)**
6. **Bozyel D., Pelit NB., Şenol SG.** Ecological Structure of Mediterranean Type Temporary Wetlands in Cesme Peninsula (Izmir). XIII. Congress Of Ecology And Environment With International Participation 12-15 September 2017, Edirne/Turkey. **(Poster)**

YAYINLAR :

-**Şenol SG.,Eroğlu V., Pelit NB., Bozyel D.** A new species from South-West Anatolia, *Ekimia ozcan-secmenii* (Apiaceae). Turkish Journal of Botany (2018).

SERTİFİKALAR

ISO 9001 :2008 KALİTE YÖNETİM SİSTEMİ

ISO 22716 :2007 KOZMETİK İYİ ÜRETİM UYGULAMALARI -GMP

ISO/IEC 17025 : 2005 DENEY KALİBRASYON LABORATUVALARININ YETERLİLİĞİ

GLP - İYİ LABORATUVAR UYGULAMALARI

GMP - İYİ ÜRETİM UYGULAMALARI

EKLER

Ek1: Habitat Descriptions of *Phoenix theophrasti* (Datça Hurması) Populations in Turkey (POSTER).

Ek2: Distribution of *Phoenix theophrasti* and Problematic Glky-Muğla Population in Turkey (POSTER).



Ek 1 :

Habitat Descriptions of *Phoenix theophrasti* (Datça Hurması) Populations in Turkey

Serdar Gökhan Şenol 1, Nazlı Bahar Pelit 1, Duygu Bozyel 1, Volkan Eroğlu 2, Göksel Erdem Arslan 1

1 Ege Üniversitesi

2 Ege Üniversitesi Botanik Bahçesi Herbaryum Uygulama Ve Araştırma Merkezi
nbaharpelit@gmail.com

Introduction

Phoenix genus is one of the most known genus of Palm genera. It is considered to be an important breed, especially in the date palm, *Phoenix dactylifera*. Individuals of genus are observed in different habitats, from sea-level sand dune scrub to pine forests up to 2000m high and from the coast of wet mangrove to the semi-arid zone. Field studies conducted in this study revealed the general habitat descriptions of our country populations of *Phoenix theophrasti*, which is endemic to Turkey and Crete Island, located in the Phoenix genus.

Material method

The first records of *Phoenix theophrasti* date back to the 4th century BC. The Greek botanist Theophrastus wrote about the presence of palm trees in Crete. These palms are thought to be *P. dactylifera* (date palm) until the early 20th century. In the second half of the 1900s, Datça date palm was introduced to the world of science as a separate species by Greuter, and it was named after *P. theophrasti* in the name of Theophrastus. It is known in the literature as Crete date palm, because the type of location is given to Crete Island. Turkish name is given as Datça date palm. Habitat study of species; Has been determined by field studies on populations of 5 different localities in our country. The habitat descriptions (bedrock, water systems) of Finike , Patara, two different populations on the northern and southern side, on the Datça Peninsula and Bodrum-Gölköy population were determined.

Results and Discussion

Habitat descriptions of populations as a result of field studies:

Finike population is located on the Limestone main rock walls of the *Pinus brutia* forest openings and sea level side where the surface water flow is not present on the limestone bedrock. Patara population is near a water system (lake) with four seasons of water, and at the same time it is located in the Patara Ancient City, explaining that it is a population that has moved and cultivated here. Datça populations are distributed over the serpentine bedrock and up to the seaside areas where the basin water is high, continuing along the seasonal stream beds that open to the sea. Bodrum-Gölköy population is distributed over four seasons water (lake) bitter water resources and swamp areas around the water system in the region. The different habitat types in the 5 identified populations reflect differently on the morphology of individuals as well, which is determined by the field studies we conducted. The correlation of the morphological differences and ecologies in the populations in the continuation of our studies will be discussed.

Acknowledgment This study is supported by TUBITAK project 116Z288.

Key Words: *Phoenix theophrasti*, habitat, ecology



Habitat Descriptions of *Phoenix theophrasti* (Datça Hurması) Populations in Turkey

Serdar Gökhan ŞENOL¹, Nazlı Bahar PELİT¹, Duygu BOZYEL¹, Volkan EROĞLU¹, Gökseil Erdem ARSLAN¹
¹Botanical Garden, Herbarium and Application Centre, Ege University, Izmir
nbaharpelit@gmail.com



Introduction



Fig.1 General appearance of *Phoenix theophrasti*

Phoenix genus is one of the most known genus of Palm genera. It is considered to be an important breed, especially in the date palm, *Phoenix dactylifera*. Individuals of genus are observed in different habitats, from sea-level sand dune scrub to pine forests up to 2000m high and from the coast of wet mangrove to the semi-arid zone. Field studies conducted in this study revealed the general habitat descriptions of our country populations of *Phoenix theophrasti*, which is endemic to Turkey and Crete Island, located in the *Phoenix* genus.

Materials and Methods

The first records of *Phoenix theophrasti* date back to the 4th century BC. The Greek botanist Theophrastus wrote about the presence of palm trees in Crete. These palms are thought to be *P. dactylifera* (date palm) until the early 20th century. In the second half of the 1900s, Datça date palm was introduced to the world of science as a separate species by Greuter, and it was named after *P. theophrasti* in the name of Theophrastus. It is known in the literature as Crete date palm, because the type of location is given to Crete Island. Turkish name is given as Datça date palm. Habitat study of species; Has been determined by field studies on populations of 5 different localities in our country. The habitat descriptions (bedrock, water systems) of Finike, Patara, two different populations on the northern and southern side, on the Datça Peninsula and Bodrum-Gölköy population were determined.

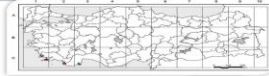


Fig.2 Distribution of *P. theophrasti* in Turkey.

Description : Tree to 10m. Stems slender, usually several. Leaves erect-arcuate, becoming pendent with age, subglaucous; median segments 30-50 cm, rigid; basal segments 8-15 x 0.8-1 cm. Sepals of staminate flowers 2-3 mm, triangular-acute; petals 6-7 x 2.5 mm. Petals of pistillate flowers as long as sepals, 2.5 x 4-4.5 mm, obtuse. Fruit ellipsoid, (12-)14-16 x 7-11 mm, ripen yellowish-brown, fibrous. [2]
Fruiting: 7-11. month
Habitat: Small valleys to the sea, sea level-200 m
East Mediterranean Element



Fig.3 General morphological characters of *Phoenix theophrasti*.

Results and Discussion

Habitat descriptions of populations as a result of field studies:
Finike population is located on the Limestone main rock walls of the *Pinus brutia* forest openings and sea level side where the surface water flow is not present on the limestone bedrock.



Fig.4 Individuals on limestone bedrocks in Finike population.

Patara population is near a water system (lake) with four seasons of water, and at the same time it is located in the Patara Ancient City, explaining that it is a population that has moved and cultivated here.



Fig.5 Patara population and the water system (lake) near the population.

Bodrum-Gölköy population is distributed over four seasons water (lake) bitter water resources and swamp areas around the water system in the region.



Fig.6 Habitat of Bodrum-Gölköy population

Datça populations are distributed over the serpentine bedrock and up to the seaside areas where the basin water is high, continuing along the seasonal stream beds that open to the sea.



Fig.7 Habitat of Datça - Hurmatböyük population.

Fig.8 Habitat of Datça - Eksara population in seasonal stream.

The different habitat types in the 5 identified populations reflect differently on the morphology of individuals as well, which is determined by the field studies we conducted. The correlation of the morphological differences and ecologies in the populations in the continuation of our studies will be discussed.



Fig.9 Different morphologies observed according to different habitats.

Acknowledgement

This study is supported by TUBITAK project 116Z288.



Distribution of *Phoenix theophrasti* and Problematic Gökölü-Muğla Population in Turkey

Serdar Gökhan ŞENOL, Nazlı Bahar PELİT, Duygu BOZYEL.
Botanical Garden, Herbarium and Application Centre, Ege University, İzmir
sgsenol@yahoo.com



Aim of study: This study primarily aims to determine distribution, number of individuals and sexual distribution of *P.theophrasti* population in Turkey, and differences and similarities between populations in terms of morphological characteristics. In the field trip to Bodrum - Gökölü (Gölköy) population during the study, it was determined that individuals in the population differ in morphological characteristics (flowering and fruiting in particular). Considering these differences, existing state of relict taxon has been examined.

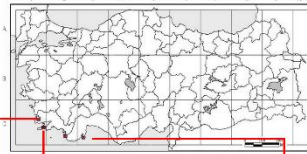


Fig. 1. Distribution of *P.theophrasti* in Turkey

Bodrum- Gökölü Population :

Bodrum-Gölköy population consists of 82 individuals distributed in 0,24 km² area. In terms of sex distribution of 35 male 47 female individuals were recorded (Fig. 2, Fig. 3).

Fruit samples were taken from 13 individuals for the determination of morphological differences and parthenocarpic fruit structure was observed in 4 of them. (Fig. 7)

Additionally, fruit length change between 1.1 cm – 2.8 cm and width change 0.6 cm - 1.3 cm. It was found that the colours of fruit turn into red from yellow before ripening, and turn into mahogany from brown in ripening period. (Fig. 6) As a result of measurement carried out on the flower axis of 10 males in same population (Fig. 4.), it was determined that axis size is between 85-105 cm. (Fig. 5)



Fig. 2. Habitat of Bodrum- Gökölü population.



Fig. 3. Appearance of individual in Bodrum- Gökölü population



Fig. 4. Female flower axis in Bodrum - Gökölü population



Fig. 5. Male flower axis in Bodrum- Gökölü population.



Fig. 6. The different maturity fruits observed in different individuals in different variety of sizes and colors of Gökölü population.

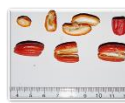


Fig. 7. Some individuals structures observed in parthenocarpic fruit in the Gökölü population

Datça – Hürmalibük Population :

Hürmalibük (Datça) population distributed in 0,1 km² and 62 individuals (12 of them are juveniles) were determined. (Fig. 8.) In terms of sex distribution of 32 male 18 female individuals were recorded.

Fruit length change between 1.7 - 2 cm and width change 1 - 1.2 cm. At the same time, it was found that this population has standard diagnostic characteristics in terms of flower axis and fruit characteristics. (Fig. 9, Fig. 10.)



Fig. 8. Habitat of Datça – Hürmalibük population.

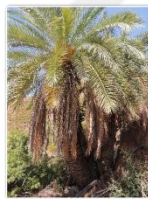


Fig. 9. Appearance of individual in Datça- Hürmalibük population.



Fig. 10. Male flower axis in Datça – Hürmalibük population.



Figure. 11. Fruits are collected from the Datça population.

References

- [1] Greuter W., (1967). Beträge zur Flora der Südgais 8-9. Bauhinia 3(2): 243-250.
- [2] Davis PH. (1954). Flora of Turkey and The East Aegean Islands. Vol.8 p. 38-39, Edinburgh.
- [3] Boydağ, M., (1986). Kumluca-Karadüz de saplanan yeni bir doğal palmiye (*Phoenix theophrasti*) yayılışı. İstanbul U. Orman Fak.Derg., A36-1:1-13/46
- [4] Boydağ, M., Yaky, M., (1983). Datça hurması (*P. theophrasti*) ve Datça yarımadasında saplanan doğal yayılışı. İstanbul Üniv. Orman Fak. Dergisi A 33-1:73-92
- [5] Boydağ, M., Barrow, S., (1995). A new locality for *Phoenix* in Turkey: Gökölü-Bodrum. Principes 39 (3):117-122.

Material and Methods:

P. theophrasti was originally described by W. Greuter in 1967 on Crete Island. The state of this palm species which is relict in Turkey and geography had not been known until 1980's. [1]

Description : Tree to 10m. Stems slender, usually several. Leaves erect-arcuate, becoming pendent with age, subglabrous; median segments 30-50 cm, rigid; basal segments 8-15 x 0.8-1 cm. Sepals of staminate flowers 2-3 mm, triangular-acute; petals 6-7 x 2.5 mm. Petals of pistillate flowers as long as sepals, 2.5 x 4-4.5 mm, obtuse. Fruit ellipsoid, (12-)14-16 x 7-11 mm, ripen yellowish-brown, fibrous. [2]

Fruiting: 7-11. month

Habitat: Small valleys to the sea, sea level-200 m

East Mediterranean Element

Distribution area: **Muğla:** 48 km from Marmaris to Datça, 100 m, (ISTE36264). Datça, Eksere Valley, 150-200 m. Azamaklıbük sea level. - **Muğla:** From Marmaris to Datça Hürmalibük, sea level -100m - **Muğla:** Bodrum Türkbükü, sea level. - **Muğla:** Patara, sea level- **Antalya:** Finike, Kumluca, Karadüz Mevki, sea level 30m. [2] (Figure 1)

In field researches for *P. theophrasti* made by using distribution areas given in Flora of Turkey as a base, determination of number of individuals and male and female individuals, morphological observations and measurements on individuals in terms of characteristics were carried out. Distribution area of populations were mapped. Bodrum-Gölköy population has also been studied. Colour scale was created by means of fruit samples taken from Gökölü population, width-length measurement was carried out and individuals with parthenocarpic fruits were determined. [3,4,5]

Finike – Kumluca Population :

One part of Finike population was determined as gene protection forest, and 27 individuals were counted in total including 10 females, 15 males and 2 juveniles with individuals that were put under protection. (Fig. 13)

Finike-Antalya population has standard characteristics like Datça population but differ as individuals have shorter leaf length-width, narrow stem with a single trunk (rare branching from base) and lower fruiting. (Fig. 12, Fig. 14)



Fig. 12. General appearance of individual in Finike population.



Fig. 13. Individuals on limestone bedrocks in Finike population.



Fig. 15. Female flower axis in Finike- Kumluca.

Results: It has been found that the Datça- Hürmalibük population shows the main characteristics of the species according to the Flora of Turkey. Although, Bodrum-Gölköy and Finike-Kumluca populations have different morphological characters.

Length of Female and male inflorescences, length and color of fruits (turn into red from yellow before ripening, and turn into mahogany from brown in ripening period, not yellow to brown). On the other hand this population is so close to the city center. These observations caused a suspicion that Gökölü population in particular might be a hybridization center.

Finike population differ as individuals have shorter leaf length-width, narrow stem with a single trunk (rare branching from base) and lower fruiting.

Taken in terms of habitat types of the different populations : Gökölü population on swamps, surrounding by limestone slopes, Datça population on seasonal water flows on serpentine bedrock of the small valley to the sea , Finike population on the limestone cliffs at the sea level. This habitat differences can be considered as a cause of the morphological differences.

All these differences demonstrate that all the morphological , ecological and molecular in terms of characters must be considered together on the *P.theophrasti* populations in Turkey.