

**T. C.  
BOZOK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**Yüksek Lisans Tezi**

**GEVNE VADİSİNDEN (KONYA-ANTALYA)  
TOPLANAN BAZI LİKEN ÖRNEKLERİNİN  
MOLEKÜLER YÖNDEN İNCELENMESİ**

**Rabiye ÖRNEK**

**Tez Danışmanı  
Yrd. Doç. Dr. Mustafa KOCAKAYA**

**Aralık 2017**

**YOZGAT**

**T. C.  
BOZOK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**Yüksek Lisans Tezi**

**GEVNE VADİSİNDEN (KONYA-ANTALYA)  
TOPLANAN BAZI LİKEN ÖRNEKLERİNİN  
MOLEKÜLER YÖNDEN İNCELENMESİ**

**Rabiye ÖRNEK**

**Tez Danışmanı  
Yrd. Doç. Dr. Mustafa KOCAKAYA**

**Bu çalışma Bozok Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi  
tarafından 6601-FBE/16-14 kodu ile desteklenmiştir.**

**Aralık 2017**

**YOZGAT**

T.C.  
BOZOK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TEZ ONAYI**

Enstitümüzün Biyoloji Anabilim Dalı Tezli Yüksek Lisans Programı 70110314013 numaralı öğrencisi Rabiye ÖRNEK'in hazırladığı "Gevne Vadisinden (Konya-Antalya) Toplanan Bazı Liken Örneklerinin Moleküler Yönden İncelenmesi" başlıklı tezi ile ilgili tez savunma sınavı, Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliği'nin ilgili maddeleri gereğince 14/12/2017 günü saat 13:00'da yapılmış, tezin onayına oy birliği ile karar verilmiştir.

**Başkan** : Doç. Dr. Murat KOÇ



**Jüri Üyesi** : Yrd. Doç. Dr. Mustafa KOCAKAYA  
(Danışman)



**Jüri Üyesi** : Yrd. Doç. Dr. Ahmet CEYLAN



**ONAY:**

Bu tezin kabulü, Enstitü Yönetim Kurulu'nun 20.../12.../2017 tarih ve 35... sayılı Enstitü Yönetim Kurulu Kararı ile onaylanmıştır.

20.../12.../2017

  
Doç. Dr. Fuat KÖKSAL  
Müdür

# 1. İÇİNDEKİLER

TEZ ONAYI .....	Hata! Yer işareti tanımlanmamış.
İÇİNDEKİLER .....	ii
ÖZET .....	iv
ABSTRACT .....	v
TEŞEKKÜR .....	vi
TABLolar LİSTESİ.....	vii
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	viii
KISALTMALAR LİSTESİ.....	x
GİRİŞ .....	1
1. BÖLÜM .....	5
GENEL BİLGİLER.....	5
1.1. Araştırma Alanının Coğrafik Durumu .....	5
1.2. İklim .....	5
2. GEREÇ VE YÖNTEM.....	12
2.1. GEREÇ.....	12
2.2. YÖNTEM.....	13
2.2.1. Toplama Yöntemi.....	13
2.2.2. Tayin Yöntemi .....	13
2.2.3. Moleküler Analizlerin Yöntemleri.....	15
2.2.3.1. Kit ile DNA izolasyonu.....	15
2.2.3.2. ITS Bölgesi Analizleri.....	16
2.2.3.3. Agaroz Jel Elektroforezi .....	17

2.2.3.4. Dizi Analizi .....	17
2.2.3.4.1. Sanger Yöntemi.....	17
<b>3. BULGULAR.....</b>	<b>20</b>
3.1 Tespit edilen taksonların sistematik pozisyonları .....	20
3.2. Belirlenen Türlerin Listesi, Deskripsiyonları, Ekolojileri, Lokaliteleri ve Dünya'daki Yayılışları .....	20
3.2.1. <i>Acarospora cervina</i> A. Massal.....	22
3.2.2. <i>Myriolecis semipallida</i> (H. Magn.) Śliwa et all. ....	22
3.2.3. <i>Toninia sedifolia</i> (Scop.) Timdal .....	23
3.2.4. <i>Lecanora rupicola</i> (L.) Zahlbr. ....	24
3.2.5. <i>Caloplaca cerina</i> (Hedw.) Th. Fr.....	26
3.2.6. <i>Xanthoria parietina</i> (L.) Th. Fr.....	27
3.2.7. <i>Melanohalea exasperata</i> (De Not.) O. Blanco et all.....	28
3.4. Teşhis Edilen Örneklerin Moleküler Yönden İncelenmesi .....	29
<b>4. BÖLÜM .....</b>	<b>53</b>
<b>TARTIŞMA-SONUÇ VE ÖNERİLER.....</b>	<b>50</b>
<b>KAYNAKLAR .....</b>	<b>58</b>
<b>ÖZGEÇMİŞ.....</b>	<b>64</b>

# GEVNE VADİSİNDEN (KONYA-ANTALYA) TOPLANAN BAZI LİKEN ÖRNEKLERİNİN MOLEKÜLER YÖNDEN İNCELENMESİ

**Rabiye ÖRNEK**

**Bozok Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Biyoloji Anabilim Dalı  
Yüksek Lisans Tezi**

**2017; Sayfa:77**

**Tez Danışmanı: Yrd. Doç. Dr. Mustafa KOCAKAYA**

## ÖZET

Konya-Antalya illeri sınırları içerisinde yer alan Gevne vadisinden toplanmış bazı örnekler için rDNA(ITS) bölgeleri ITS IF ve ITS 4R primerleri kullanılarak Thermal Cycler cihazında çoğaltılmıştır. Amplifiye edilen parçalar sanger yöntemi ile dizilenmiştir. Dizi analizleri sonucunda (*Acarospora cervina*, *Myriolepis semipallida*, *Lecanora rupicola*, *Toninia sedifolia*, *Melanohalea exasperata*, *Xanthoria parietina*, *Caloplaca cerina*) liken türlerinin filogenetik ilişkileri saptanmıştır. Teşhisleri yapılan örneklerin rDNA ITS gen bölgeleri moleküler olarak analiz edilerek filogenetik dendogramlar oluşturulmuştur. Çalışılan türlerin lokalite bilgileri, ekolojileri ve deskripsiyonları ve yayılışları belirlendi. Bu tez çalışması ile Gevne vadisinin (Konya/Antalya) liken biyoçeşitliliğinin ortaya çıkartılmasına yardımcı olacaktır.

**Anahtar Kelimeler:** Filogenetik, ITS, PCR, NJ, Gevne Vadisi.

**MOLECULAR INVESTIGATION OF SOME LICHEN SAMPLES CALLED  
FROM GEVNE VALLEY (KONYA-ANTALYA)**

**Rabiye ÖRNEK**

**Bozok University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Biology  
Master of Science Thesis**

**2017; Page:77**

**Thesis Supervisor: Asst. Prof. Dr. Mustafa KOCAKAYA**

**ABSTRACT**

The rDNA (ITS) regions of some specimens collected from the Gevne valley located in the borders of Konya-Antalya are replicated in Thermal Cycler using ITS IF and ITS 4R primers. The amplified fragments are sequenced by sanger method. As a result of analysis (*Acarospora cervina*, *Myriolesis semipallida*, *Lecanora rupicola*, *Toninia sedifolia*, *Melanohalea exasperata*, *Xanthoria parietina*, *Caloplaca cerina*) phylogenetic relationships of lichen species were determined. Phylogenetic dendograms were created by molecular analysis of the rDNA ITS gene regions of the samples that were diagnosed. The locality information, ecology and description of the species studied and their distribution were determined. This thesis will help to reveal the biodiversity of the Gevne valley (Konya / Antalya).

**Keywords:** Phylogenetic, ITS, PCR, NJ, Gevne Valley.

## TEŞEKKÜR

Yüksek lisans tezim boyunca benden hiçbir zaman desteğini esirgemeyen, tez çalışmamın her aşamasında bilgi ve önerileriyle bana yol gösteren, danışman hocam Sayın Yrd. Doç. Dr. Mustafa KOCAKAYA'ya

Moleküler çalışmalarımın her aşamasında bana yardımcı olan ve yol gösteren değerli hocalarım Sayın Yrd. Doç. Dr. Zekiye KOCAKAYA ve Öğr. Gör. Mehmet Ünsal BARAK'a,

Her zaman yanımda duran, maddi ve manevi desteklerini hiçbir zaman esirgemeyerek bana güç veren sevgili babam Hüseyin Avni ÖRNEK, sevgili annem Sultan ÖRNEK, sevgili kardeşimlerim Ertuğrul ÖRNEK ve Taha Eren ÖRNEK'e karşılıksız destekleri için sonsuz teşekkür ederim.

Bu tez çalışmamı 6601-FBE/16-14 kodlu proje ile destekleyen Bozok Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne ayrıca teşekkür ederim.

Rabiye ÖRNEK

Yozgat, 2017



## TABLolar LİSTESİ

<b>Tablo 2.1.</b> Örneklerin Toplandığı Lokaliteler .....	14
<b>Tablo 2.2.</b> PCR reaksiyon karışımı. ....	16
<b>Tablo 2.3.</b> ITS PCR döngü koşulları .....	16
<b>Tablo 2.4.</b> Primer Sekansı .....	167
<b>Tablo 2.5.</b> Sanger Yöntemi ile DNA Sıralarının Belirlenmesi.....	168
<b>Tablo 3.1.</b> Tespit edilen taksonların sistematik basamaktaki yerleri.....	20
<b>Tablo 3.2.</b> Karşılaştırılan <i>Acarospora cervina</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları .	33
<b>Tablo 3.3.</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	33
<b>Tablo 3.4.</b> Karşılaştırılan <i>Myriolecis semipallida</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları .....	36
<b>Tablo 3.5.</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	36
<b>Tablo 3.6.</b> Karşılaştırılan <i>Toninia sedifolia</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları .....	38
<b>Tablo 3.7.</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	39
<b>Tablo 3.8.</b> Karşılaştırılan <i>Caloplaca cerina</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları .....	42
<b>Tablo 3.9.</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	42
<b>Tablo 3.10.</b> Karşılaştırılan <i>Lecanora rupicola</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları .	45
<b>Tablo 3.11</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	45
<b>Tablo 3.12.</b> Karşılaştırılan <i>Xanthoria parietina</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayılar	48
<b>Tablo 3.13.</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	48
<b>Tablo 3.14.</b> Karşılaştırılan <i>Melanohalea exasperata</i> örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları .....	50
<b>Tablo 3.15.</b> Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi .....	51

## ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 3.1. <i>Acarospora cervina</i> türünün Türkiye’deki yayılışı .....	21
Şekil 3.2. <i>Acarospora cervina</i> ’nın morfolojik görüntüsü .....	21
Şekil 3.3. <i>Myriolecis semipallida</i> türünün Türkiye’deki yayılışı .....	22
Şekil 3.4. <i>Myriolecis semipallida</i> türünün morfolojik görüntüsü .....	23
Şekil 3.5. <i>Toninia sedifolia</i> türünün Türkiye’deki yayılışı .....	24
Şekil 3.6. <i>Toninia sedifolia</i> türünün morfolojik görüntüsü. ....	24
Şekil 3.7. <i>Lecanora rupicola</i> türünün Türkiye’deki yayılışı. ....	25
Şekil 3.8. <i>Lecanora rupicola</i> türünün morfolojik görüntüsü. ....	25
Şekil 3.9. <i>Caloplaca cerina</i> türünün Türkiye’deki yayılışı .....	26
Şekil 3.10. <i>Caloplaca cerina</i> türünün morfolojik görüntüsü .....	27
Şekil 3.11. <i>Xanthoria parietina</i> türünün Türkiye’deki yayılışı .....	28
Şekil 3.12. <i>Xanthoria parietina</i> türünün morfolojik görüntüsü. ....	28
Şekil 3.13. <i>Melanohalea exasperata</i> türünün Türkiye’deki yayılışı.....	29
Şekil 3.14. <i>Melanohalea exasperata</i> türünün morfolojik görüntüsü .....	29
Şekil 3.15. ITS primerleri ile çoğaltılan gen bölgesinin PCR ürünlerinin bazılarının jel görüntüsü.....	30
Şekil 3.16. ITS baz dizilerinin Bioedit programı ile hizalanmış görüntüsü.....	30
Şekil 3.17. <i>Acarospora cervina</i> (MK0.229)’nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	31
Şekil 3.18. <i>Acarospora cervina</i> (MK0.443)’nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	31
Şekil 3.19. <i>Acarospora cervina</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı .....	32
Şekil 3.20. <i>Myriolecis semipallida</i> (MK0.254)’nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	34
Şekil 3.21. <i>Myriolecis semipallida</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı .....	35
Şekil 3.22. <i>Toninia sedifolia</i> (MK0.523)’nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	37
Şekil 3.23. <i>Toninia sedifolia</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining	

filogenetik ağacı .....	38
<b>Şekil 3.24.</b> <i>Caloplaca cerina</i> (MK0.012)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	40
<b>Şekil 3.25.</b> <i>Caloplaca cerina</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı .....	41
<b>Şekil 3.26.</b> <i>Lecanora rupicola</i> (MK0.010)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	43
<b>Şekil 3.27.</b> <i>Lecanora rupicola</i> (MK0.017)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	44
<b>Şekil 3.28.</b> <i>Lecanora rupicola</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı .....	44
<b>Şekil 3.29.</b> <i>Xanthoria parietina</i> (MK0.020)'nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	46
<b>Şekil 3.30.</b> <i>Xanthoria parietina</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı .....	47
<b>Şekil 3.31.</b> <i>Melanohalea exasperata</i> (MK0.021)'nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi.....	49
<b>Şekil 3.32.</b> <i>Melanohalea exasperata</i> türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağaç.....	50

## KISALTMALAR LİSTESİ

**DNA** : Deoksiribonükleik Asit

**ITS** : İnternal Ara Bölgeler

**ml** : Mikrolitre

**cm** : Santimetre

**mm** : Milimetre

**NJ** : Neighbor Joining

**LSU** : Büyük Alt Ünite

**SSU** : Küçük Alt Ünite

**PCR** : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

**TAE** : Tris Asetik Asit

**HPTLC** : High Performance Thin Layer Chromatography (Yüksek Performanslı İnce Tabaka Kromatografisi)

**HPLC** : High Performance Liquid Chromatography (Yüksek Performanslı Sıvı Kromatografisi)

## GİRİŞ

Likenler, bir mantar (fotobiyont ortak) ile bir yeşil alg veya siyanobakteriden (fotosentetik ortak) oluşan zorunlu simbiyotik sistemlerdir. Son zamanlarda gerçekleştirilen çalışmalara göre bu birlikteliğe bakterilerin de dâhil olduğu belirtilmektedir [1, 2]. Likenlerin tallus yapısında mantar hifleri ve algler bulunmaktadır. Bu yapıda bulunan algler, mantar ortağına organik besin ve oksijen temin eder. Mantar ortağı ise, su, mineral ve CO<sub>2</sub> temin sağlar. Likenler, yapısında bulunan mantar ve alg ortaklarının ayrı birer birey olarak yaşayamadıkları ekstrem koşullarda (yoğun ışık, aşırı sıcak ve soğuk vs.) bile geliştirdikleri adaptasyonlar ile yaşamlarını sürdürebilmektedir [3]. Likenler kutuptan tropik bölgelere kadar yayılış göstermektedirler [4]. Dünyada şuana kadar tespit edilen liken türü sayısının yaklaşık olarak 25000 civarında olduğu ve dünyanın karasal yüzeyinin yaklaşık % 8'ini likenlerin kaplamış olduğu tahmin edilmektedir [5, 6].

Likeni oluşturan mantar ortakları çoğunlukla Ascomycota şubesine ait mantarlar olmasına karşın az bir kısmı da Basidiomycota şubesine aittir. Likenler sınıflandırmada taksonomik bir birim olarak kabul görmezler ve biyolojik bir birliktelik olarak kabul edilirler. Bu nedenle likenler sınıflandırılırken bu birlikte yer alan mantara göre sınıflandırılır [7]. Bu ortaklıktaki algler ise bir hücreli veya iplikli algler olabilir. Bu algler; *Cyanobacteria* (siyanobakteriler) bölümünden *Nostoc*, *Chroococcus* ve *Chlorophyta* (yeşil algler) bölümünden *Trebouxia*, *Trentepohlia* ve *Protococcus* cinslerine ait bazı türlerdir [8]. Buna ek olarak yapılan son çalışmalarda bu birlikteliğe Brucellaceae ve Acetobacteraceae familyalarından bazı bakteri türlerinin de katıldığı belirtilmiştir [9].

Likenler, likenleşme meydana Ascomycetes üyelerine göre oldukça yüksek organizasyonlu bir tallus oluştururlar. Diğer mantarlarda bulunmayan vejetatif

yapıları oluşturlar. Likenolojinin babası olarak sayılan İsveçli bilim insanı Eric Acharius 1803 yılında izid, sored ve sifel gibi terimleri kullanarak bu yapıyı açıklamıştır [10].

İlk kez liken terimini Yunanlı Theophrastus kullanmıştır. Fakat liken diye isimlendirdiği organizmalar liken olmayıp ciğer otları idi. Likenlerin mantar ve alg ortaklarından oluştuğunu ilk kez Alman Botanikçi “Schwenderer” bildirmiştir [11].

Likenlerin simbiyotik bir birliktelik olmalarının yanısıra aynı zamanda da kontrollü parazitliğin bir örneğidir. Likenin fotobiont örneği olan algler liken yapısına katıldığı zaman serbest yaşamına göre daha yavaş büyüme kaydetmektedir [12].

Likenler olumsuz çevresel koşullara karşı oldukça hassas bir yapıya sahiptirler. Özellikle hava kirliliğinin yüksek olduğu bölgelerde bazı türler ortamdan kaybolurlar. Hava kirliliğinin olduğu bölgelerde likenler bir biyoindikatör olarak kullanılmaktadır [13].

Çok çeşitli habitatlarda yaşayabilen likenler kutup bölgelerinden ekvatorial bölgelere kadar yayılış göstermektedir. Likenler susuzluk, ultraviyole radyasyon, çok düşük ve çok yüksek sıcaklıklar gibi en ekstrem şartlar altında dahi hayatta kalabilirler. Hem mantar hem de alg ortağı tek başına ayrı ayrı ekstrem süreler altında yaşayamazlar. Fakat liken yapısına katıldıkları zaman bu ekstrem süreler altında dahi yaşamlarını sürdürebilmektedirler. Buda likenlerin ne kadar önemli bir birliktelik olduğunu göstermektedir [13].

Likenler, yaklaşık 1000 kadar ikincil (sekonder) metabolit içermektedir. Bu sekonder metabolitlerden dolayı likenler, antioksidan, antiinflamatuvar, antiproliferatif, antibiyotik, antifungal ve antiviral özelliklere sahiptirler. Bu nedenle çeşitli hastalıkların tedavisinde kullanılmışlardır. Tıp ve eczacılık alanlarında kullanımlarının yanısıra boya endüstrisi, parfümeri ve boya sanayii gibi çeşitli alanlarda da kullanılmaktadır [14, 15].

Likenler içerdikleri asitler sayesinde üzerinde buldukları kayaları parçalayarak hem toprak oluşumuna katkıda bulunurlar hem de buldukları ortamda primer süksesyonu başlatırlar. Likenlerden sonra ortama karayosunları yerleşir. Daha sonra

otus ve çalimsı bitkiler ortama yerleşmeye başlar. Son olarakta yüksek yapılı ağaçlar oluşur. Bu nedenle bir ortamda bitki örtüsünün oluşmasında ilk basamak likenlerdir [16, 17].

Likenler eşeyli ve eşeysiz olmak üzere iki yolla çoğalırlar. Likenlerde eşeyli üremede apotesyum ve peritesyum ismi verilen yapılar görev almaktadır. Ascomycetes sınıfında yer alan likenlerde himenyum tabasında bulunan askus ismi verilen keseler içerisinde askosporlar meydana gelmektedir. Bu sporlar olgunlaştıkları zaman askuslardan dışarı çıkarak çevreye yayılırlar. Uygun ortam koşullarında bu sporlar çimlenirler. Çimlenen sporlar uygun fotosentetik ortağa rastlarsa yeni bir liken tallusu oluşmaya başlar [13, 18]. Eşeysiz üreme de ise, sored ve içerisinde alg hücreleri bulunan mantar hifleri ile sarılmış tallus parçacıkları görev alırlar. Soredler tallusun parçalanması ile çevreye dağılırlar ve yerleştikleri ortamda yeni bireyler oluştururlar [19].

Likenlerin üreme yapılarının şekilleri, tipleri, askus yapıları ve askosporların sayısı ve yapısı sınıflandırmada kullanılan önemli karakterlerdir [12].

Türkiye’de şüana kadar tespit edilmiş yaklaşık 1300 likenleşmiş mantar türü tespit edilmiştir. Ülkemizin fitocoğrafik yapısı gözönüne alındığında bu sayının 2000 civarında olduğu tahmin edilmektedir [20].

Likenler üzerine yapılan sistematik çalışmalar son zamanlara kadar çoğunlukla yalnızca morfolojik ve anatomik karakterlere göre yapılmaktaydı. Bu karakter sistematik çalışmalarda en doğru sonuca ulaşmak için yeterli değildir. Bunlara ek olarak TLC, HPLC ve HPTLC gibi bazı kimyasal yöntemlerde kullanılmaktadır [21-23]. Likenlerin ortam koşullarına göre morfolojik yapılarında değişiklikler söz konusu olabilmektedir. Bu nedenle yalnızca kimyasal, morfolojik ve anatomik karakterler göz önüne alınarak sistematik çalışmalar yapılması yeterli değildir. Bu karakterlerin incelenmesine ek olarak moleküler yöntemlerden de faydanılması gerekmektedir. Gerçekleştirilen bu moleküler çalışmalar ile taksonomik problemlerin çözülmesi sağlanacak ve daha doğru sonuçlar elde edilecektir [24, 25].

Likenlerde gerekleřtirilen molekler alıřmalar likenin yapısında bulunan mantarlardan dolayı genellikle rDNA (ribozomal DNA) zerinde yapılmaktadır. rDNA zerinde ITS blgeleri bulunmaktadır. Bu blgeler poplasyon, cins ve tr dzeyinde benzerlik ve farklılıkların belirlenmesinde kullanılmaktadır [26].

Bu alıřma da Gevne Vadisi (Konya)'nde bulunan bazı liken trlerinin morfolojik, anatomik ve molekler yntemlerle incelenmesi amalanmıřtır. Bylece lkemiz liken biyotasına ve biyoeřitliliđine katkıda bulunması hedeflenmiřtir.





# 1. BÖLÜM

## GENEL BİLGİLER

### 1.1. Araştırma Alanının Coğrafik Durumu

Gevne Vadisi, İç Anadolu Bölgesi ile Akdeniz Bölgesi geçiş kuşağında, Antalya-Konya illeri arasında, Hadim-Alanya ilçeleri sınırlarında ve Gevne Çayı'nın geçtiği derin bir vadidir. Vadinin yüksekliği tabanda 1100 m olup aniden yükselmeye başlayarak 2200 m'ye kadar ulaşır. Alan Davis'in kareleme sisteminde bölge olarak tamamaen C4 karesinde yer alır. Fitocoğrafik açıdan ise Akdeniz fitocoğrafik bölgesine girer. Vadi yaklaşık 25 km uzunluğunda ve kuş uçuşu 500-1000 m genişliğinde bulunur. Vadiye ulaşım Taşkent Alanya yoluyla sağlanır. Taşkent'ten vadinin en kuzey ucuna mesafe yaklaşık 25 km, Alanya'dan ise en güney ucuna yaklaşık 50 km kadardır. Vadi içinde Beyreli köyü ve İshaklı, Elikesik, Çayarası ve Tosmur yaylaları vardır. Gevne Çayı ise vadinin başlangıcında doğar ve vadi boyunca debisi artarak devam eden bu uzun yolu kateden Gevne Çayı daha sonra Göksu nehrine dökülür [27].

### 1.2. İklim

Araştırma alanı coğrafi konumu, doğal bitki örtüsü ve vejetasyon açısından Akdeniz ikliminin etkisi altındadır. Akdeniz iklimi; fotoperiyodizmi günlük ve mevsimlik olan, yağışları soğuk veya nispeten soğuk mevsimlere toplanmış, kurak mevsimi yaz ve bu yaz kuraklığı maksimum bir yaz sıcaklığı ile uyuşan ekstra-tropikal bir iklimdir [28]. Bir bölgenin ikliminin belirlenebilmesi için meteorolojik verilerin tümüyle değerlendirilmesi gerekir. Çalışma alanının ikliminin belirlenmesinde ve yorumlanmasında çalışma alanına yakın olan Alanya, Hadim ve Bozkır meteoroloji istasyonlarının verileri kullanılmıştır. Bu istasyonlarda hem yağış hem de sıcaklık rasadı yapılmaktadır. Bu istasyonların verilerine göre yıllık ortalama sıcaklık; Alanya

18.6 °C, Bozkır 10.3 °C, Hadim 9.6 °C'dir. En düşük sıcaklık; Alanya -3.1 °C, Bozkır 24.5 °C, Hadim -19.4 °C ile Ocak ayında ölçülmüştür. En yüksek sıcaklık; Alanya için 41.9 °C ile Eylül'de, Bozkır için 36.4 °C ile Ağustos'ta, Hadim için 35 °C ile Temmuz'da ölçülmüştür. Yıllık ortalama yağış; Alanya'da 1105.7 mm, Bozkır'da 496.3 mm, Hadim'de 664.4 mm'dir. Yağışın mevsimlere dağılışı ise her üç istasyonda da Kış, Sonbahar, İlkbahar, Yaz (KSİY) şeklindedir [27].

Ülkemiz likenleriyle ilgili 7 revizyon çalışması gerçekleştirilmiştir. Bunlardan biri Türkiye'de yayılış gösteren *Hypogymnia* cinsine ait türün incelenmesidir [29]. Bir başkası ise *Peltigera* cinsine ait türün yayılışları, habitatları ve üzerinde bulunan likenikol mantar türleri incelenmiştir [30]. Bir diğer çalışma da ise, *Caloplaca* cinsine ait yaklaşık 150 tür taksonomik ve moleküler olarak incelenmiştir [31]. Diğer bir çalışmada ise *Usnea* cinsine ait Türkiye'de yayılış gösteren türler çalışılmıştır [32].

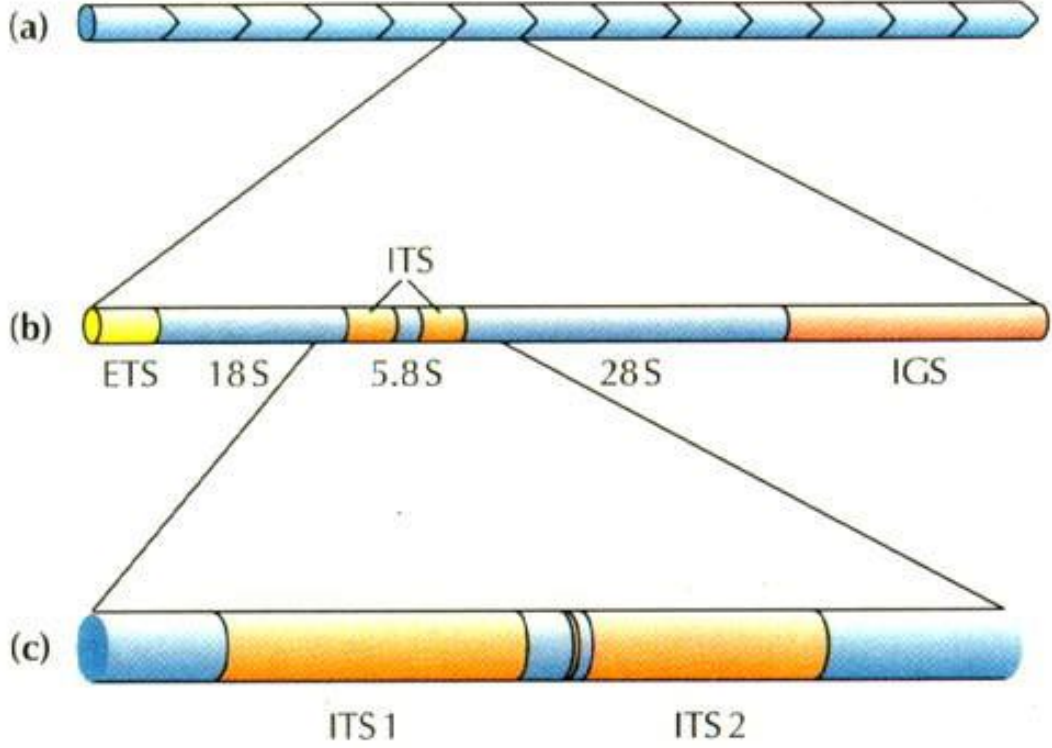
Başka bir çalışmada, *Lecidea* cinsine ait dizi analiz metoduyla çalışılarak filogenetik ilişkileri incelenmiştir [33]. Bir diğerinde ise *Cladonia* cinsine ait türlerin morfolojik ve anatomik özellikleri ve sekonder bileşiklerinin incelenmesinin yanısıra moleküler olarak da dizi analizleri yapılarak kapsalı bir revizyon çalışması yapılmıştır [34]. Son çalışmada ise *Candelariella* cinsine ait türlerin morfolojik ve anatomik karakterlerinin incelenmesi ve multilokus moleküler dizi analizleri gerçekleştirilerek modern revizyon çalışması gerçekleştirilmiştir [35].

Biyçeşitlilik, bir ülkenin florasının belirlenebilmesi ve yazılabilmesi için en önemli şartlardan biridir. Bu nedenle yapılan bu çalışmada Gevne Vadisinden Toplanan Likenlerin morfo-anatomik karakterleri ve moleküler analizleri incelenerek, PCR yöntemi ile rDNA (ITS) gen bölgelerinin çoğaltılması, çoğaltılan gen bölgelerinin sekans analiz metoduyla incelenmesi, analiz sonuçları ile gen bankasından alınan diğer türlerle aralarındaki farklılık ve benzerlikler ortaya çıkartılmıştır. Ayrıca türlerin morfolojik ve anatomik karakterleri incelenmiş ve deskripsiyonları hazırlanarak türlerin Türkiye ve Dünyada'ki yayılışları gösterilmiştir.

Türkiye’de likenler üzerine yapılan moleküler sistematik çalışmalara bakıldığında ilk olarak Aras ve Cansaran (2006)’nın herbaryum materyallerini kullanarak yaptıkları çalışmadır. Bu çalışma sonucunda likenlerden DNA izolasyon protokolü geliştirmişlerdir [36]. Cansaran vd. (2006) toplamış oldukları *Rhizoplaca* türlerinin ITS bölgesinin dizi analizlerinin yapılarak filogenetik olarak akrabalıklarını ortaya koymuşlardır [37]. Ayrım (2006) tez çalışmasında Türkiye’de bulunan bazı *Ramalina* (Ach.) cinsine ait türlerin ITS gen bölgesinin sekans analiz metodu ile filogenetik incelenmesi yapmıştır [38]. Arup vd. (2015) Türkiye, İsveç ve Alaska’dan toplanan *Parvoplaca nigroblastidiata* türünün rDNA ITS bölgesini dizi analiz yöntemiyle tanımlamışlardır [39]. Vondrák vd. (2016) nrDNA ITS analizleri ile Türkiye’deki *Athallia* liken cinsinin yayılışlarını belirlemişlerdir [40].

Günümüzde mantarlar aleminin detaylı multi-lokus filogeni çalışmaları ile bağlantılı olarak gen bölgelerinde bir artış görülmüştür. Çalışmalar hali hazırda yeterli derecede olmadığı için, mantarlar arasındaki ilişkileri tespit etmede bilgi eksiklikleri vardır. Bu mevcut olan eksikliklerin moleküler filogenetik çalışmalar ile giderileceği tahmin edilmektedir [11]. Tür ve cins bazında ki filogenetik çalışmalarda, ITS bölgeleri güvenli olarak kullanılır. rDNA’nın çok fazla koruyucu (konservatif) genlere sahip olması ve ITS bölgeleri gen bölgeleri arasına yerleşmiş olduğundan dolayı ITS oldukça avantajlıdır [41].

rDNA Genomik DNA üzerinde bulunur. rDNA üzerinde bulunan kısımlar ise gen ardışık tekrar eden sıralı diziler şeklindedir. rDNA üzerinde ki tekrar eden kısımlar, rDNA’yı kodlayan küçük alt birim olan 18S, 5.8S ve büyük alt birim olan 28S genlerden oluşur. Bu alt birimler genomik DNA’da ki NOR bölgelerine (Nükleolar Organizer Region) yerleşmiş olarak bulunurlar. ITS bölgeleri de, genomik DNA üzerinde bulunan bu rDNA tekrarları içine yerleşmiş olarak bulunur. rDNA üzerindeki ITS primerlerinin bağlanma bölgeleri Şekil 1.1’de gösterilmiştir [41].



**Şekil 1.1 a-) Gen, b-) rDNA, c-) rDNA üzerindeki ITS primerlerinin bağlanma bölgeleri [41]**

rDNA genleri, ITS kopyalanmayan bölgeler (IGS) ile birbirinden ayrılmıştır. Komşu rDNA tekrar birimleri arasında IGS bölgeleri (ETS ve NTS) bulunur. ETS, ribozomal mRNA ile kodlanan dış kopya bölgesidir ve onun promotör bölgesini taşır. Tekrar birimleri arasında bulunan NTS (Non Transcribed Spacer) bölgeleri kodlanmayan bölgelerdir [41].

Mantarlara özgü primer olan ITS1F primeri rDNA'nın SSU geninin 3' ucunda bulunur. Herkes tarafından kabul gören bu primer LSU geninin 5' ucunun tamamlayıcısıdır [26].

PCR metodu ile liken sistematığının moleküler düzeyde incelendiği ve ilerleme sağlanmış olduğu gözlemlenmiştir. Şuanda da mantar filogenisinin moleküler çalışmalarında PCR yönteminin önemli bir yöntem olarak kullanıldığı görülmektedir [42].

PCR: DNA dizilerini çoğaltmak için in vitro şartlarda uygun primerler kullanarak yapılan enzimatik çoğaltma tekniğidir [43]. Çoğaltma işlemleri gelişmiş cihazlar ile uygun sıcaklıklarda gerçekleştirilir. Az bir kalıp DNA ile DNA fragmentinin sayısız kopyası üretilir ve boyanır. Daha sonra bunlar gelişmiş cihazlarda kolaylıkla tespit edilebilirler [44].

PCR belirteçlerinde 10-25 baz çifti uzunluğunda primer adı verilen oligonükleotidler kullanılır. Günümüzde çeşitli primer ve primer kombinasyonlarıyla farklı belirteçler geliştirilmiştir. Bütün cinslerin üzerinde kullanılan ITS primerleri ile cinse özel geliştirilen primerlerin kullanımı da güvenilir sonuçlar vermeye başlamıştır [45].

DNA sekans analiz yöntemi ile nükleotidler belirlenir. DNA molekülünün 3 boyutlu yapısı, 1953 yılında tamamlandıktan sonra dizi analiz çalışmalarına başlangıç oluşturacak ilk denemelerde RNA parçaları üzerinde çalışılmış olup, Robert Holley tarafından 1965 yılında tRNA molekülünün dizi analizi yapılmıştır. Maxam-Walter Gilbert ve Sanger tarafından 1977 yılında iki farklı dizi analiz yöntemi bulunmuştur. Böylelikle dizi analizi teknikleri de geliştirilmeye başlanmıştır [46].

Evrimsel ilişkiyi ve akrabalığı araştıran ve türler arasındaki genetik ilişkileri araştıran bilim dalı filogenetiktir. Morfolojik ve genetik özellikleri taşıyan organizmaların genetik olarak birbirine yakın olduğu varsayılarak aralarındaki ilişki değerlendirilir.

Günümüzde moleküler filogenetik kavramı DNA ve protein dizilerini de içeren moleküler veriler ile türler arası ilişkileri analiz etmek için kullanılmaktadır.

Genomlar mutasyonların birikmesi ile evrimleşirler. Böylelikle birbirinden farklı genomlar karşılaştırılarak türler arasındaki evrimsel akrabalığı belirlemek olanaklaşır. Filogenetik dendogramlar ile de bu ilişki akrabalık derecesi görsel olarak gösterilir [47].

Filogenetik ağaçlar iki farklı yönteme dayandırılarak yapılmaktadır. Bu yöntemler karakter temelli yöntemler ve mesafe temelli yöntemlerdir. Karakter temelli yöntemler de uygulanan; dizilerde çoğalan mutasyonların sayılması tekniğidir. Farklı karakterlere dayandırılarak yapılmaktadır, bu karakterler her bir taksondaki canlıya ait moleküler diziler olarak belirtilmiştir. Mesafe temelli yöntemlerde ise; dizilerin

hizalanması sonucunda elde edilen evrimsel mesafelerin hesaplanması ve her bir takson çifti arasındaki mesafelerin matrisinin oluşturulmasına yönelik kullanılmaktadır. Genetik uzaklık yönteminde filogenetik ağaçlar oluşturulurken dizi grubunda bulunan çiftler arasındaki değişikliklerin sayısını temel alarak uygulanmaktadır. Ağaç oluşturulurken genetik uzaklığı birbirine en az olan türler birleştirilir. Aralarında nükleotid değişikliği az sayıda olan bu dizi çiftleri komşu (neighbours) olarak isimlendirilir. Ağaç oluşturulurken uzaklık metodları kullanılarak hizalanan diziler arasındaki farklılıkların miktarları belirlenir. Ağaçtaki dallarda gözüken değişiklik sayısı diziler arasındaki uzaklığı belirtir [48]. Taksonlar arasındaki mesafeyi en aza indirgeyen ağaç genellikle tercih edilen ağaçtır [49]. Bu yöntemler diğer yöntemlere kıyasla daha hızlı ve daha kolay olup çok sayıda dizi için kullanılabilir. Bunlar içinde en çok kullanılanlar Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) metodu ve Neighbour Joining (NJ) metodudur.

Moleküler tekniklerin gelişmesiyle likenleşmiş mantarlar için moleküler yöntemler ile çalışmaya başlanmıştır. Blum ve Kashevarov (1986) *Umbilicaria* ve *Lasallia* likenleşmiş mantar familyalarının DNA analizleri ile yaptıkları çalışma ilk moleküler çalışmadır [50]. White vd. (1990)'da likenleşmiş mantarlarda moleküler çalışmalar için son derece önemli olan filogeni çalışmaları sebebiyle likenleşmiş mantar rRNA genlerinin çoğaltılmasını ve dizi analizini kolaylaştıracak primerler geliştirmişlerdir [36]. Gargas ve Taylor (1992) 18S nrDNA bölgesine uygun olan primere PCR reaksiyonu gerçekleştirmişlerdir [51]. Gardes ve Bruns (1993) Basidiomycetes'e özgü olan ITS primerlerini bulmuşlardır [52]. Gargas vd. (1995) rDNA nuSSU bölgesinin analizlerini yaparak likenleşmiş mantarlar ile diğerleri arasındaki ilişkiyi inceleyen çalışma ile en kapsamlı yayını yapmışlardır [53]. Printzen vd. (2000) likenlerin çeşitlendirilmesi için moleküler filogenetik çalışmalar ile kanıt göstermişlerdir [54]. Stefan Ekman (2001) Bacidiaceae'nin (Lecanorales, Ascomycota) moleküler filogenetiğini incelemiştir [26]. Thell vd. (2002) Parmeliaceae familyasındaki likenlerde morfolojik ve anatomik özelliklerin yanısıra sekonder bileşiklerin yanında ITS gen bölgesi ile birlikte filogenisini de ortaya koymuşlardır [55]. Blanco vd. (2004) *melanelixia* ve *melanohalea* moleküler ve morfolojik bilgiler ışığında *melanelia* (Parmeliaceae) 'den ayrılan iki yeni cins

bildirmişlerdir [56]. Wedin vd. (2005) Lecanoromycetes (Ascomycota) sınıflarının mtSSU ve nLSU rDNA sekans dizilerini tespit ettikten sonra filogenetik ilişkilerini ortaya koymuştur [57]. Sérusiaux vd. (2009) Papua Yeni Gine’de bulunan *Peltigera* cinsinin ITS sekans verileriyle filogenetik, taksonomi ve biyocoğrafyasını belirtmişlerdir [58]. Raja vd. (2011) Ascomycota divisiosuna ait mantarların tıbbi, ekolojik, ekonomik ve endüstriyel önemi olduğundan Ascomycota divisiosuna ait moleküler filogenetik çalışmalar için uygun belirteçler bulmak sorun olmuş ve yaptıkları diğer çalışmalarla Ascomycota’nın sınıfları arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemede belirli olacak tek kopya ile protein kodlayan genin filogenetik kullanışlarını tanıtmışlardır [59]. Grande vd. (2014) Dictyo chloropsiss cinsinin moleküler filogenetiğini ve simbiyotik seçiciliğini incelemişler (*Trebouxia phyceae*) Lobariaceae liken familyasında fotobiyotik aracılı glikozlar oluşturan polifyetik ve yaygın grup belirtmişlerdir [60]. Zhao vd. (2015) Çin de bulunan *Lecidella* cinsinin moleküler filogenetiğini çalışmışlardır [61]. Gueidan vd. (2016) tropik liken familyası Pyrenulaceae'nin moleküler filogenisini incelemişlerdir. Kurutulmuş herbarium numunelerinden yararlanmıştır [62]. Blanco vd. (2017) Parmotremoid likenlerin moleküler filogenetiğini incelenmiş ve yakın zamanda morfolojik ve kimyasal özelliklerine dayanarak *parmalaria*'yı *parmotrema*'dan ayırmışlardır. Parmelioid likenler içerisinde jenerik kavramın revizyonuna devam etmek için üç genin moleküler verilerini kullanarak Nükleer ITS, LSU rDNA ve mitokondriyal SSU rDNA dizilerinin Bayes analizini yapmışlardır. Sonuç olarak bu üç cinsin parmotrema ile benzerliklerin aynı olduğu görülmüştür [63].

## 2. GEREÇ VE YÖNTEM

### 2.1. GEREÇ

Konya-Antalya illeri sınırlarında bulunan Gevne Vadisi'nden Mustafa Kocakaya tarafından toplam 7 lokaliteden toplanmış olan 9 likenleşmiş mantar örneği çalışılmıştır. Arazide örneklerin toplanması, alınması ve taşınması amacıyla sırt çantası, çekiç, keski, yumuşak kağıt ve kese kağıtlarına ihtiyaç duyulmaktadır. Arazinin konumu, durumu, ekolojik özellikleri ve substrat gibi bilgiler hakkında kayıt alınması için kalem, not defteri ve GPS kullanılmıştır.

Morfolojik incelemeler için Olympus marka BX53 model stereomikroskop kullanılmıştır. Anatomik incelemeler içinse jilet ile kesit alınıp lam üzerine konularak incelemek için Olympus marka KL1500 model ışık mikroskobu kullanılmıştır. Sistematik katogorilerini belirlemek için en önemli karakterler olan askus boyutları, spor boyutları, parafizlerin genişlikleri, himenyum yükseklikleri ve rengi gibi karakterler mikroskoplara bağlı görüntüleme sistemleri ile fotoğraflandırılmış ve oküler mikrometreyle de ölçümleri yapılmıştır. Ayrıca teşhis anahtarlarında istenilen yerlerde kimyasal reaktiflerden de faydalanılmıştır.

Morfolojik olarak teşhis edilmiş olan liken örneklerinin moleküler analizleri yapılmıştır. Moleküler analizler liken örneklerinin tallus yapısından alınan küçük parçalarla gerçekleştirilir. Qiagen DNeasy plant mini kit ile DNA izolasyonları yapılmıştır.

DNA izolasyonları yapılan liken örneklerinin ITS bölgesine ait olan uygun primerler kullanılarak Bio-Rad T-100 marka PCR cihazı kullanılarak çoğaltılan ürünler Bio-Rad Sub-Cell GT marka elektroforez cihazında agaroz jel elektroforezinde yürütülmüştür. Syngene G:BOX F3 jel görüntüleme sistemi ile agaroz jel görüntülenerek DNA dizi analizi için BMLabosis firmasına gönderilmiştir.



Gelen dizi analiz sonuçları ise NCBI (National Center for Biotechnology Information, www.ncbi.nlm.nih.gov) gen bankasındaki veriler ile BLAST programı üzerinden karşılaştırılarak filogenetik benzerlikleri incelenmiştir. Elde edilen veriler Bioedit programı kullanılarak hizalanmıştır. Hizalanmış olan örnekler ile NCBI gen bankasından bu örneklere yakın örneklere ait veriler MEGA 7 Neighbor-Joining metodu kullanılarak incelenmiştir. Daha sonra bu veriler ile kullanılan türlerin filogenetik ağaçları oluşturulmuştur.

## **2.2. YÖNTEM**

### **2.2.1. Toplama Yöntemi**

Çalışılan örnekler 2009-2011 yılları arasında Yrd. Doç. Dr. Mustafa Kocakaya tarafından toplanmıştır. Liken örnekleri toprak, kaya, karayosunu ve ağaç kabuğu gibi substratlar ile beraber alınmıştır. Kabuksu ve yapraksı türler tayin işlemi sırasında gerekli olan özelliklerinin bozunmamasına dikkat edilerek toplanmıştır. Toplanan liken materyalleri yumuşak kağıtlara sarılarak kağıttan yapılmış torbaların içerisine konulmuştur. Bu torbaların üzerine substrat çeşidi, istasyonun yüksekliği ve lokalitesi, ortamın özelliği not edilmiştir. Herbaryuma getirilen liken örnekleri, torbalardan çıkartılmış ve oda sıcaklığında kurumaya bırakılmıştır. Belli bir müddet kuruduktan sonra örnekler liken zarflarına alınarak etiketleme işlemi yapılmıştır.

### **2.2.2. Tayin Yöntemi**

Toplanan örneklerinin tayininde bazı flora kitaplarından faydalanılmıştır [64-66].

Türlerin tayininde morfolojik ve anatomik incelemelerde kullanılan kimyasal reaktifler ve sembolleri aşağıda verilmiştir:

**K:** Yaklaşık olarak % 10'luk potasyum hidroksit çözeltisidir. Konsantrasyonun tam olarak ayarlanmasının pek bir önemi yoktur. Çözelti kapalı bir kaptan ağzı kapatılarak muhafaza edilirse uzun süre kullanılabilir.

**C:** Kalsiyum hipoklorit çözeltisidir. Kalsiyum hipoklorit evlerde kullanılan birçok çamaşır suyunun bileşimidir. Birkaç ay kullanılabilmesine rağmen sık sık değiştirilmesi önerilir.

**KC:** K çözeltisi uygulandıktan sonra 30 saniye bekleyerek C çözeltisinden bir damla damlatılır.

**CK:** C çözeltisi uygulandıktan sonra 30 saniye bekleyerek K çözeltisinden bir damla damlatılır.

**Pd:** Parafenilendiamin çözeltisidir. Stabil bir çözelti değildir. Birkaç kristalin bir miktar alkol içerisinde çözülmesiyle hazırlanır. Referans türler üzerinde (*Parmelia sulcata* medulla sarı – kırmızı arası) belirli aralıklar ile test edilmelidir. Pd çözeltisinin reaksiyon vermesi birkaç dakika sürebilir. Bu nedenle sonucun negatif olduğuna karar vermeden önce biraz beklenmelidir veya birkaç kez uygulanmalıdır. Pd'nin karsinojen bir madde olduğu düşünülmektedir. Bu nedenle hazırlanması ve uygulanması sırasında oldukça dikkatli davranılmalıdır.

**I:** İyot. Nişasta benzeri bir ürün olan izolikenin var olduğu durumlarda kullanılır.

**Tablo 2.1.** Örneklerin Toplandığı Lokaliteler.

	Lokalite	Tarih	Rakım (m)
1	Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Tosmur yaylasının bitişi, 36° 53' 12" K, 32° 19' 12" D	26.09.2009	2100
2	Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Bozuk karaçam ormanı, 36° 45' 86" K, 32° 25' 10" D	06.08.2010	1700
3	Konya, Taşkent, Gevne Vadisi, Eşekkırıldı mevkisinin taban kısmı, 36° 47' 77" K, 32° 25' 14" D	03.10.2010	1530
4	Konya, Taşkent, Gevne Vadisi 36° 46' 33" K, 32° 27' 07" D	30.09.2011	1300
5	Konya, Gevne Vadisi, tesis önü, 36° 45' 98" K, 32° 27' 30" D	07.08.2010	1300
6	Konya, Taşkent, Gevne Vadisi, Başyayladan eşekkırıldı mevkisine iniş, 36° 47' 05" K, 32° 24' 34" D	02.10.2010	1900
7	Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Şekerpınarı mevkii, Antalya-Konya il sınırı, 36° 45' 19" K, 32° 27' 69" D	25.09.2009	1350

## 2.2.3. Moleküler Analizlerin Yöntemleri

### 2.2.3.1. Kit ile DNA izolasyonu

Liken örneklerinin DNA izaolasyonu DPMK(DNeasy Plant Mini Kit) izolasyon kiti ile yapılmıştır. İzolasyon basamakları şu şekildedir;

- Liken örneklerine ait tallus parçaları havanda ezilir.
- Ezilen örneklerin üzerine 400 µl Buffer AP1 ilave edilir ve ependorf tüpe konulur. Daha sonra üzerine 4 µl RNaz A eklenerek vortekslenir. 65 °C'de 10 dk inkübe edilir. Bu sırada 2-3 defa ters düz edilir.
- İnkübasyon sonrası tüplere 130 µl AP2 Buffer eklenerek karıştırılır ve 5 dk buzda bekletilir.
- 14000 rpm'de 5 dk santrifüj edilir.
- Lizat mavi ependorf tüpe (2 ml) alınarak 2 dk 14000 rpm'de santrifüj edilir,
- Sıvı kısım başka bir ependorf tüpe aktarılırak üzerine 1,5 hacim AP3/E Buffer eklenir ve pipetle iyice karıştırılır,
- Daha sonra beyaz kapaklı tüplere 650 µl eklenerek 14000 rpm'de 1 dk santrifüj yapılır. Sonra ependorf tüpte kalanlar beyaz kapaklı tüplere eklenip tekrar santrifüj yapılır.
- Beyaz spin kolonu kapaksız kit tüplerine konulur, 500 µl AW Buffer eklenerek 14000 rpm'de 1 dk santrifüj yapılır ve alta inen sıvı kısmı atılır. Aynı işlem ikinci kez tekrarlanır.
- Spin kolonu kapaksız kit tüplerine konur.
- 50 µl Buffer AE eklenerek 5 dk oda sıcaklığında karıştırılır, 1 dk 14000 rpm'de santrifüj yapılır,
- Bir önceki aşama tekrarlanır ve 25 µl Buffer AE konularak 1 dk 14000 rpm'de santrifüj yapılır,

- Bu aşamadan sonra altta kalan sıvı kısım DNA'yı içeren kısımdır, bu sıvı kısım başka bir ependorf tüpe aktarılır [67].

### 2.2.3.2. ITS Bölgesi Analizleri

Liken örneklerinden izole edilen rDNA ITS bölgeleri çeşitli PCR sıcaklıklarında çoğaltılması ilgili bölgeyi içine alan primerler ile gerçekleştirilmiştir. (Tablo 2.2)

**Tablo 2.2.** PCR reaksiyon karışımı

Bileşenler	Miktar (µl)
PCR Tamponu	5
ddH <sub>2</sub> O (Steril)	32.8
MgCl <sub>2</sub>	5
dNTP karışımı	2
ITS 1F	0.5
ITS 4	0.5
Tag Polimeraz	0.2
DNA	4
<b>Toplam</b>	<b>50</b>

### ITS PCR döngü şartları:

**Tablo 2.3.** ITS PCR döngü koşulları

Sıcaklık	Zaman	Döngü
94 °C (DNA'nın ön denatürasyonu)	5 dakika	1
94 °C (DNA'nın denatürasyonu)	1 dakika	5
56-52 °C (Bağlanma sıcaklığı)	1 dakika	
72 °C (Uzama safhası)	2 dakika	
94 °C (DNA'nın denatürasyonu)	1 dakika	34
56 °C (Bağlanma sıcaklığı)	1 dakika	
72 °C (Uzama safhası)	2 dakika	
72 °C (Final uzama)	5 dakika	1
4 °C (Bekleme sıcaklığı)	∞	-

**Tablo 2.4.** Primer sekanları

<b>ITS1-F</b>	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA
<b>ITS4</b>	TCCTCCGCTTATTGATATGC

### **2.2.3.3. Agaroz Jel Elektroforezi**

PCR Amplifikasyon ürünlerinin elektroforetik ayırımı %1.2' lik agaroz { % 0.6 agaroz (Applichem) + % 0.6 NuSieve agaroz (Prona)} jelinde yapıp, jel 0.5µl /ml etidyum bromür ile boyanmıştır. 20 kuyudan oluşan jel tepsileri ve yükleme tamponu kullanılmıştır (%40 sükröz ve % 0.25 bromofenol mavisi). 100 bç DNA ladder moleküler ağırlık belirteci ile 50X TAE tamponu kullanılarak 100 voltta 1 saat elektroforez gerçekleştirilmiştir. Jel görüntüleme sistemi ile bant elde edilen örneklerin fotoğrafları çekilmiştir.

Elde edilen ürünlerin DNA dizilerinin okunması BMLabosis firmasından hizmet alımı şeklinde yapılmıştır.

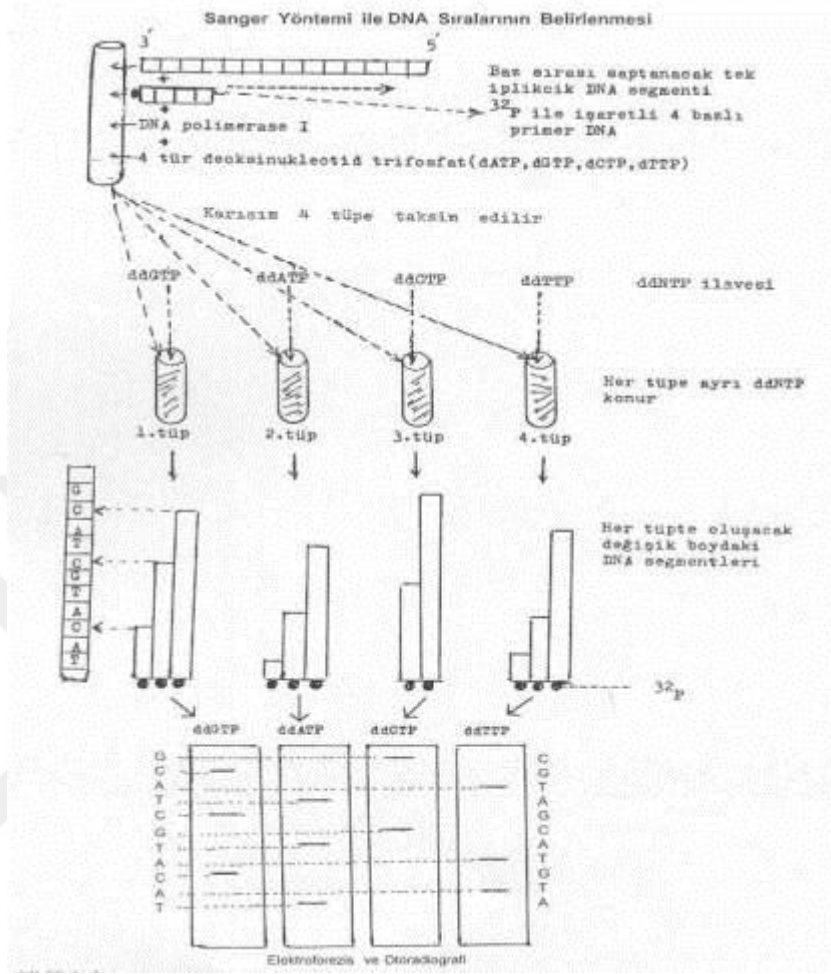
### **2.2.3.4. Dizi Analizleri**

#### **2.2.3.4.1.Sanger Yöntemi:**

Zincir terminatörleri olarak 4 tür olan 2,-3-dideoksinukleotidlerin ( ddTTP, ddCTP, ddGTP ,ddATP) sanger yöntemi ile kontrollü miktarlarda ve sürelerde kullanılmasıdır.Kullanılan maddelerin yapılarında bulunan ,deoksiribozlarda 2. ve 3.Pozisyonlarında OH moleküllerinde oksijenlerin olmaması ve H'in sadece bulunmasından dolayı sentez sırasında ,maddelerin sıraya girmesi halinde polimerasyonu durdurmaktadır.Sebebi ise, yandaki moleküllerle fosfodiester bağları kuramama olmasıdır.

Sanger yönteminde test ortamında 4 tür ddNTP, DNA polimeraz I, 4 tür DNTP (dATP, dCTP, dGTP , dTTP ) bunun yanı sıra baz sırası tayini yapılacak olan kısa tek iplikçik DNA segmentinin 3'-ucundaki DNA bazlarına komplementer olan ve 32P ile 5'-uçlarından işaretlenmiş çok kısa olan primer DNA segmentleri de bulundurulur.Polimeraz I enziminin sentezinde , bu primer DNA fragmentleri için basamak oluşturmuşlardır.

**Tablo 2.5.**Sanger Yöntemi ile DNA Dizilerinin Belirlenmesi



Sanger yöntemi ile baz sırası tayini şu şekildedir:

Baz sırası bulunacak olan DNA , spesifik restriksiyon endonükleazlardan biri ile kesilerek DNA segmentleri değişik boylarda elde edilir.Elde edilen bu segmentler ısı ile denatüre edilir ve tek iplikcikli hale getirilirler.Elde edilmiş bu segmentler denatürasyondan sonra 4 eşit kısma ayrılarak tüplere konur. Kısa olan DNA primerleri test ortamına ilave edilir.Baz sırası tayini yapılacak olan bu primerlerin DNA segmentlerinin 3'-uçlarındaki 4 bazın komplementeri olduklarından dolayı bunlarla çok çabuk birleşirler.Primierlerin yanı sıra tüplerin her birine yeterli miktarda ve polimerizasyonda kullanılacak olan 4 tür deoksiribonükleotid trifosfat, polimeraz I enzimi ile her tüpe ayrı tür ddNTP konulur.

Tayini yapılacak DNA segmentinin 3'-ucundaki 4 nukleotide, Primer DNA segmentleri bağlanınca, polimeraz I enzimi, ortamdaki deoksinukleotid trifosfatları primerlerin 3' -OH ucuna yerleştirerek zincirin büyümesini gerçekleştirir. Eğer, sıraya ortamdaki spesifik dideoksinukleotid trifosfatların girmesi halinde sentez durur ve sonlanır. Karışım ayrı ayrı 4 tüpe konur.

1. tüpte: Bu tüpe ddGTP konulmuş olduğunu düşünürsek: Tüpte polimerizasyon sırasında, baz sırası belirlenecek olan hedef DNA segmentinde sitozinin (C) sırada bulunduğu durumda, polimerase enzimi bunun karşısına guanini (G) getirirse primerin 3'-OH ucuna ilave etmesi gerekmektedir. Ortamda, normal guanosin trifosfatlar (dGTP) yanı sıra, dideoksinukleotid guanosin trifosfatlar (ddGTP) da bulunmaktadır. Eğer, polimerase enzimi ddGTP'ı, normal dGTP yerine, sıraya koyarsa, sentez bu aşamadan sonra daha ileryemez ve sonlanır.

2.tüpte: Bu tüpe ddATP konulmuş olduğunu düşünürsek: polimerizasyon sırasında, enzim, DNA segmentinde Timinin (T) sırada olduğu durumda, primerin 3'-OH ucuna Adenini (A) ilave etmesi gerekmektedir. Eğer enzim, ddATP'ı primerin ucuna katarsa, buradan itibaren sentez durur.

3.tüpte: Tüpe ddCTP konulduğunda, sentez sırasında bu madde DNA'daki adenin karşısında sıraya girerek sentezi durdurur.

4.tüpte: Son olarak bu tüpe de ddTTP konulduğundan, DNA'daki adenin karşısında sentez sırasında bu ddTTP gireceğinden sentez sona ererek ve değişik boylarda segmentler oluşacaktır.

Bundan sonra ki işlemde 4 tüp ayrı ayrı agaroz jel elektroforeze tabi tutulur ve segmentler boylarına göre, bir ayırma işlemine tabi tutulurlar. Elde edilen segmentler otoradyografi ile belirgin siyah bantlar haline getirilir ve karşılaştırılarak baz sıraları saptanmaya çalışılır.

Baz sıralarının saptanması şeklinde ifade edilen yöntemde yapılır [68].

### 3. BULGULAR

#### 3.1 Tespit edilen taksonların sistematik pozisyonları

**Tablo 3.1** Tespit edilen taksonların sistematik basamaktaki yerleri.

ASCOMYCOTA		
		Tür Sayıları
ACAROSPORALES		
Acarosporaceae:	<i>Acarospora cervina</i>	2
LECANORALES		
Lecanoraceae	<i>Myriolecis semipallida</i>	1
Lecanoraceae	<i>Lecanora rupicola</i>	2
Ramalinaceae	<i>Toninia sedifolia</i>	1
Parmeliaceae	<i>Melanohalea exasperata</i>	1
TELOSCHISTALES		
Teloschistaceae	<i>Xanthoria parietina</i>	1
Teloschistaceae	<i>Caloplaca cerina</i>	1

#### 3.2. Belirlenen Türlerin Listesi, Deskripsiyonları, Ekolojileri, Lokaliteleri ve Dünya'daki Yayılışları

##### 3.2.1. *Acarospora cervina* A. Massal.

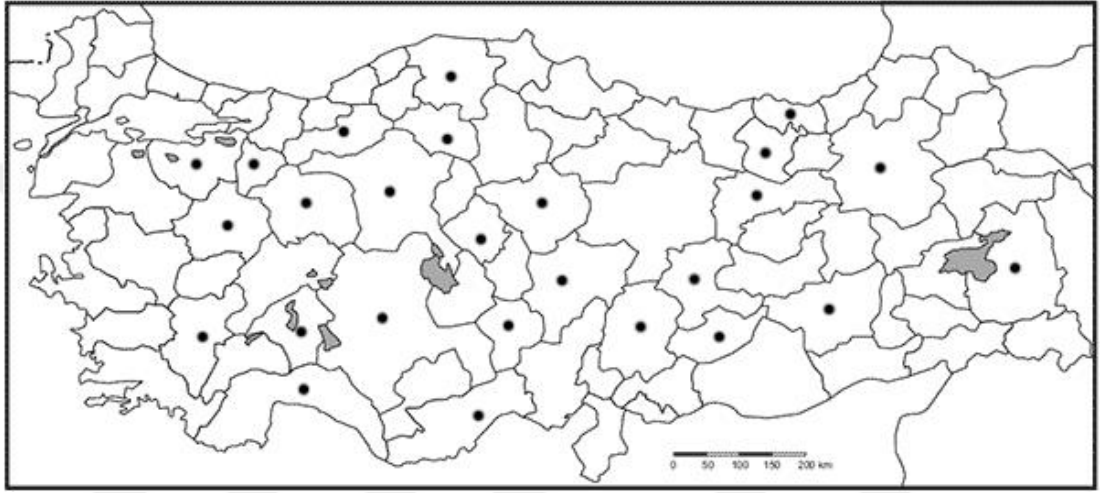
**Deskripsiyonu:** Tallus krustoz yapıdadır. Sayısız areoller mevcuttur. Kahverengimsi, grimsi kahverengi, kırmızımsı kahverengi, beyazımsı kahverengi, kahverengimsi kırmızı renklerde. Tallus üstyüzeyi squamuloz yapıdadır. Askus



Klavat ve 100 spordan fazladır. Askosporlar renksiz ve septumsuzdur. Spot testler: Korteks ve medulla tüm testler negatiftir.

**Çalışılan örneklerin lokalitesi:** Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Şekerpınarı mevki, Antalya-Konya il sınırı, 36°45'19" K, 32°27'69" D, 1350 m, 25.09.2009.

**Dünya'daki yayılışı:** Orta Avrupa ve Akdeniz bölgesinde yayılış gösterir [69].



Şekil 3.1. *Acarospora cervina* türünün Türkiye'deki yayılışı



Şekil 3.2. *Acarospora cervina*'nin morfolojik görüntüsü

### 3.2.2. *Myriolecis semipallida* (H. Magn.) Śliwa et all.

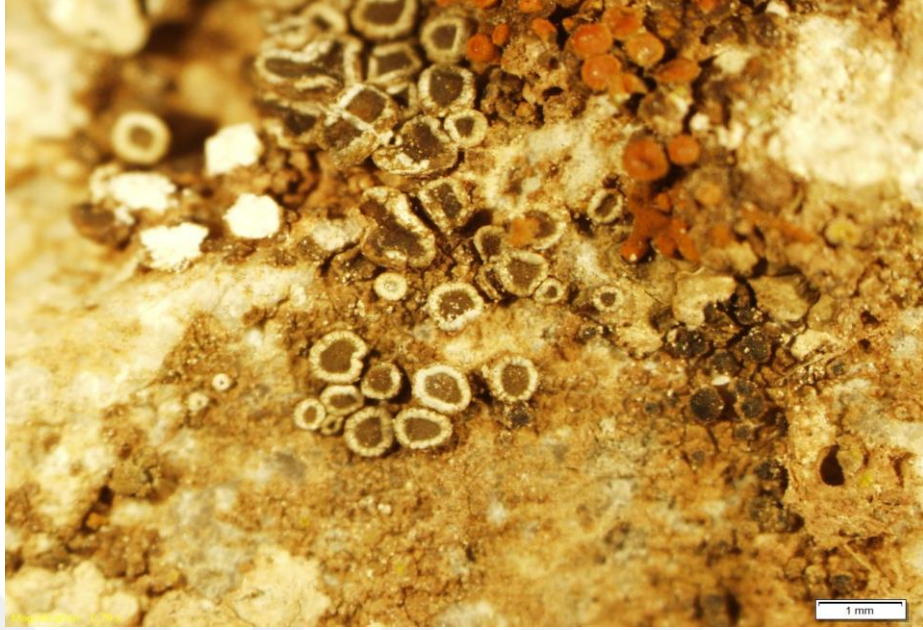
**Deskripsiyonu:** Tallus substratın içerisinde gömük veya belirgin değil, krustoz yapıdadır. Saluk gri, sarımsı gri veya yeşilimsi gri renklerdedir ve genellikle mavimsi pigmentler vardır. Apotesyum tek veya kümelenmiş gruplar halinde görülür. Genellikle sapsızdır. Apotesyum diski düz, yassı soluk yeşilimsi sarı, sarımsı turuncu veya solgun kahverengi renkte görülür. Zayıf bir şekilde purinozluk gözlenir veya hiç purinozluk gözlenmez. Epitesyum renksiz veya sarımsı veya kahverengi olarak görülür. Himenyum renksizdir. Askus klavattır ve 4-8 sporelidir. Askospolar renksiz basit, hafif geniş elipsoid yapıdadır. Spot testler: Apotesyum kenarı; K (+) sarı, C- veya C (+) sarı, KC (+) sarı, Pd (-), Apotesyum diski; K (+) sarı veya turuncu, C (+) sarı veya turuncu, Pd (-). Ekolojik olarak kalkerli kayalar üzerinde yayılış gösterirler.

**Çalışılan örneğin lokalitesi:** Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Bozuk karaçam ormanı, 36°45'86" K, 32°25'10" D, 1700 m, 06.08.2010.

**Dünya'daki yayılışı:** Kozmopolit bir türdür [70].



**Şekil 3.3.** *Myriolecis semipallida* türünün Türkiye'deki yayılışı



**Şekil 3.4.** *Myriolecis semipallida* türünün morfolojik görüntüsü

### 3.2.3. *Toninia sedifolia* (Scop.) Tindal

**Deskripsiyonu:** Tallus squamuloz ve konveks yapıdadır. Beyazımsı, solgun gri, mat koyu gri, nemlendiği zaman solgun yeşilimsi renklere olabilir. Apotesyum genellikle çok sayıdadır, sapsızdır, düz ile hafif konveks arasındadır. Apotesyum diski siyah renktedir. Askosporlar fusiform ve tek septumludur. Fotobiyont olarak *Trebouxia* bulundurulur. Spot test: Medulla ve korteks tüm testler negatiftir [65].

**Çalışılan örneğin lokalitesi:** Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Şekerpınarı mevki, Antalya-Konya il sınırı, 36°45'19" K, 32°27'69" D. 1350 m. 25.09.2009.

**Dünya'daki yayılışı :** Kozmopolit bir türdür [71].





Şekil 3 .5. *Toninia sedifolia* türünün Türkiye'deki yayılışı



Şekil 3.6. *Toninia sedifolia* türünün morfolojik görüntüsü.

#### 3.2.4. *Lecanora rupicola* (L.) Zahlbr.

**Deskripsiyonu:** Tallus krustoz ve areollü yapıdadır. Protallus beyaz renklidir veya görülmez. Areoller yassı, ince veya kalın, opak veya parlaktır. Yüzeyi beyazımsı gri, gri, solgun yeşil veya yeşilimsi beyaz renklerde. Düzdür ve purinozluk yoktur. Apotesyum lekanorin tiptedir ve genç olduğu zaman gömüktür, olgunlaştığı zaman ise sapsızdır. Apotesyum diski kahverengi veya grimsi kahverengidir ve düzdür. Paratesyum renksizdir ve kristaller bulunmaz. Himenyum renksizdir. Askus klavat yapıda ve 8 sporelidir. Askosporlar renksiz, basit ve elipsoid yapıdadır, duvarları

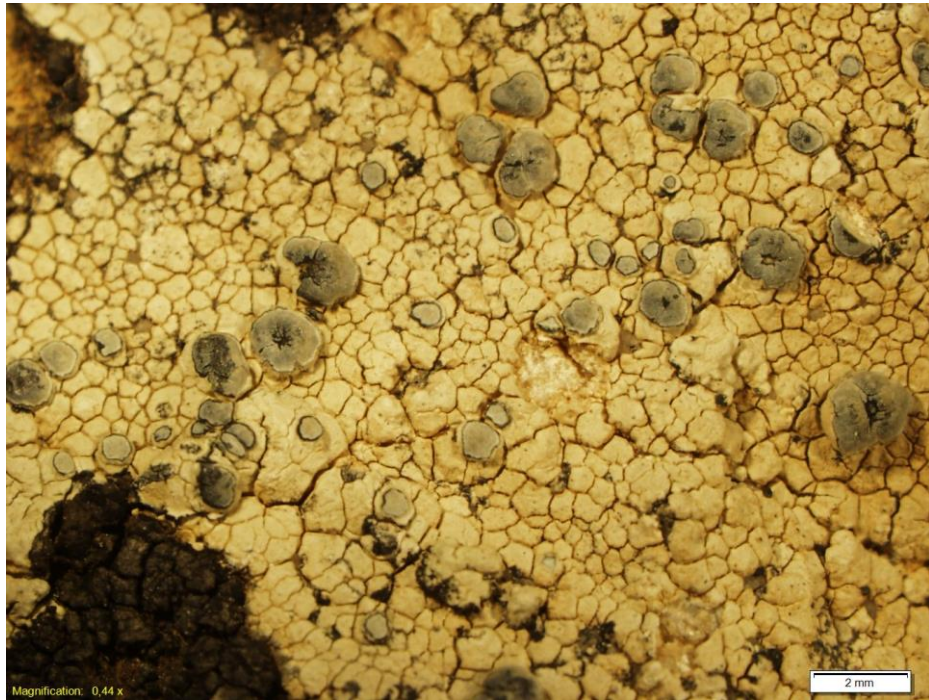
oldukça incedir. Spot testler: Tallus ve apotesyum kenarı K (+) sarı, C (-) veya C (+) turuncu veya kırmızımsı turuncu veya sarı, P (+) solgun sarı; Apotesyum diski C (+) turuncudur.

**Çalışılan örneğin lokalitesi:** Konya/Antalya, Gevne Vadisi, Bozuk karaçam ormanı, 36°45'86" K, 32°25'10" D. 1700 m. 06.08.2010.

**Dünya'daki yayılışı:** Kuzey Yarımküre'de yayındır [71].



Şekil 3. 7. *Lecanora rupicola* türünün Türkiye'deki yayılışı.



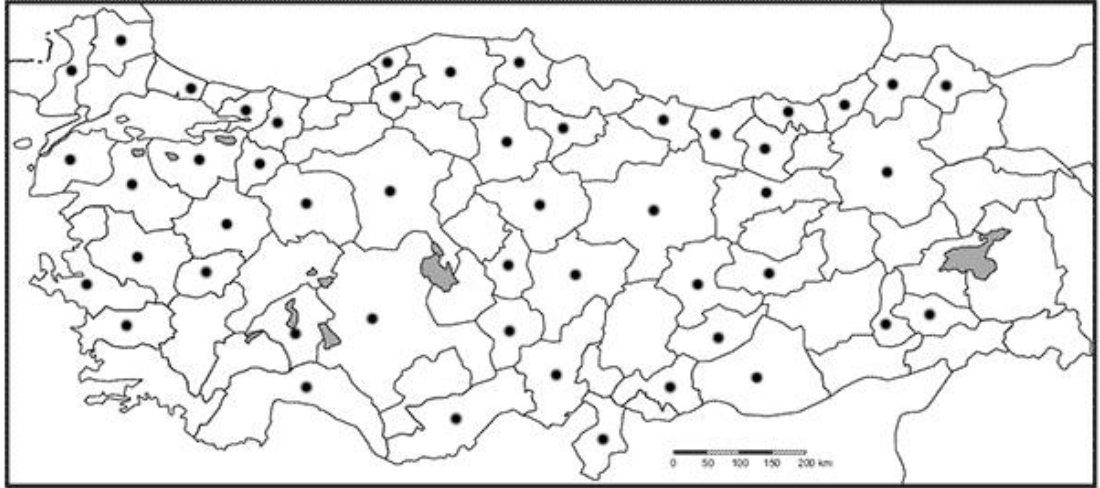
Şekil 3.8. *Lecanora rupicola* türünün morfolojik görüntüsü.

### 3.2.5. *Caloplaca cerina* (Hedw.) Th. Fr.

**Deskripsiyonu:** Tallus krustoz ve genellikle areollüdür. Koyu gri renkte protallus mevcuttur. Yüzeyi gri, mavimsi gri, düzdür. Apotesyum lekanorin tiptedir. Apotesyum diski turuncu renkte ve düzdür, prunozluk görülebilir. Epihimenyum altın sarısı ve K (KOH) ile kırmızı renk vermektedir. Himenyum renksizdir. Askus silindirik ve 8 sporelidir. Askosporlar renksiz ve elipsoiddir. Spot testler: Tallus ve apotesyum kenarı K (+) mor (Şekil 3.12).

**Çalışılan örneğin lokalitesi:** Konya, Taşkent, Gevne Vadisi, 36°46'33" K, 32°27'07" D, 1300 m, 30.09.2011.

**Dünya'daki yayılışı:** Kozmopolit bir türdür [71].



Şekil 3.9. *Caloplaca cerina* türünün Türkiye'deki yayılışı





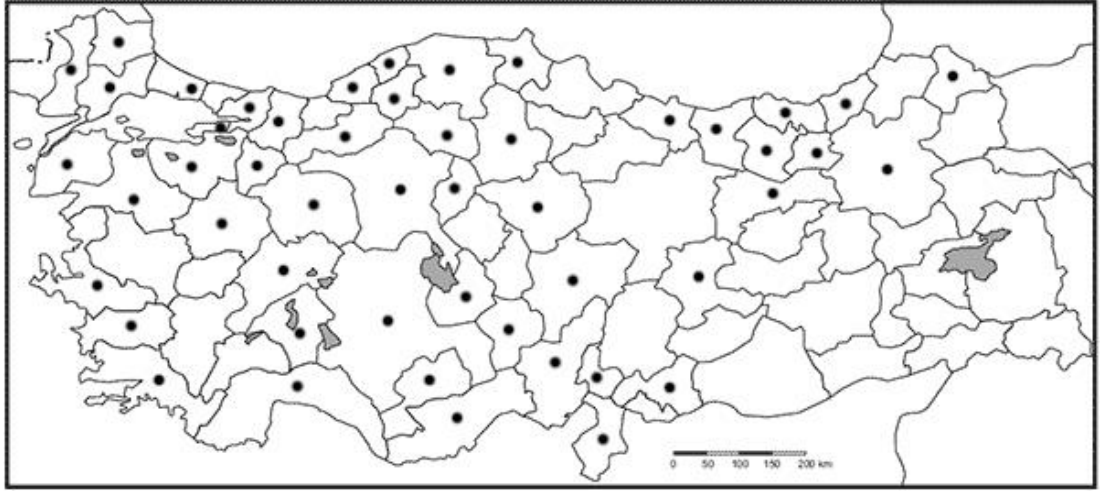
Şekil 3.10. *Caloplaca cerina* türünün morfolojik görüntüsü

### 3.2.6. *Xanthoria parietina* (L.) Th. Fr.

**Deskripsiyonu:** Tallus folioz 10cm genişliğe kadar geniş rozetler oluşturur, lopludur. Loplars dorsiventral, konkav veya yassılaştırmıştır. Üst yüzeyi sarıyla turuncu renklerde, düzdür, soredler yoktur. Medulla beyaz uzunlamasına hifler vardır. Apotesyum yaygındır, 8 cm çapına kadardır, düz veya krenulattır. Disk turuncu renktedir. Epihimenyum kahverengidir. Himenyum renksizdir. Askus klavat ve 8 sporludur. Askosporlar elipsoid, polariokular, septumlu ve renksizdir. Spot testler: üst yüzey K (+) mor, C (-), KC (-), P (-) (Şekil 3.14).

**Çalışılan örneğin lokalitesi:** Konya, Gevne Vadisi, Tesis önü, 36°45'98" K, 32°27'30" D, 1300 m, 07.08.2010.

**Dünya'daki yayılışı:** Avustralya, Afrika, Arktik altı bölgelerde, Sıcak ve kıyusal bölgelerde yayılış gösterir [71].



Şekil 3.11. *Xanthoria parietina* türünün Türkiye'deki yayılışı



Şekil 3.12. *Xanthoria parietina* türünün morfolojik görüntüsü.

### 3.2.7. *Melanohalea exasperata* (De Not.) O. Blanco et all.

**Deskripsiyonu:** Tallus yapraksı (folioz), yeşilimsi, zeytin yeşili, kahverengi, kırmızımsı kahverengi renklindedir. Üst yüzeyde purinozluk yoktur. Psödosifeller mevcuttur. Apotesyum çok sayıda bulunur. Askus lekanorin tiptedir. Askosporlar geniş elipsoid tiptedir, septum bulunmaz, renksizdir. Spot testler: Tüm testler medulla ve korteks için negatiftir (Şekil 3.16).



**Çalışılan örneğin lokalitesi:** Konya, Taşkent, Gevne Vadisi, Başyayladan Eşekkırıldı mevkesine iniş, 36°47'05" K, 32°24'34" D, 1900 m. 02.10.2010

**Dünya'daki yayılışı:** Kuzey ve Batı Amerika, Avrupa ve Asya bölgelerinde yayılış gösterir [72].



**Şekil 3.13.** *Melanohalea exasperata* türünün Türkiye'deki yayılışı

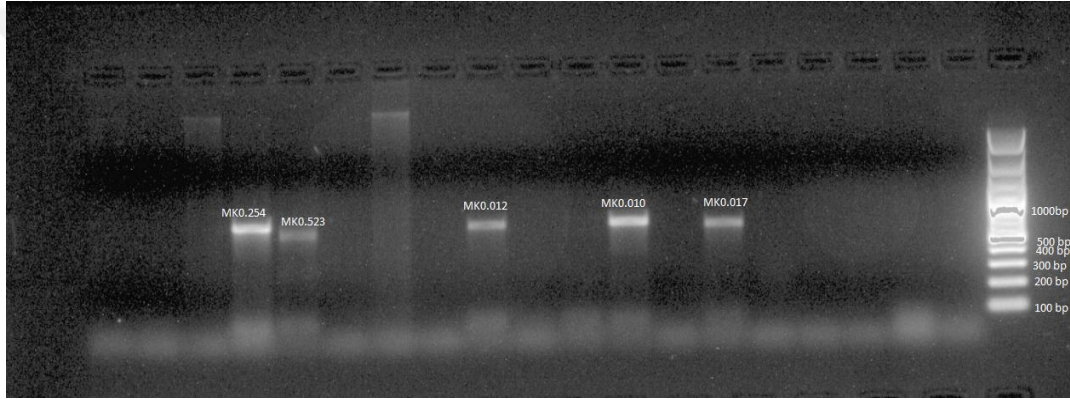


**Şekil 3.14.** *Melanohalea exasperata* türünün morfolojik görüntüsü

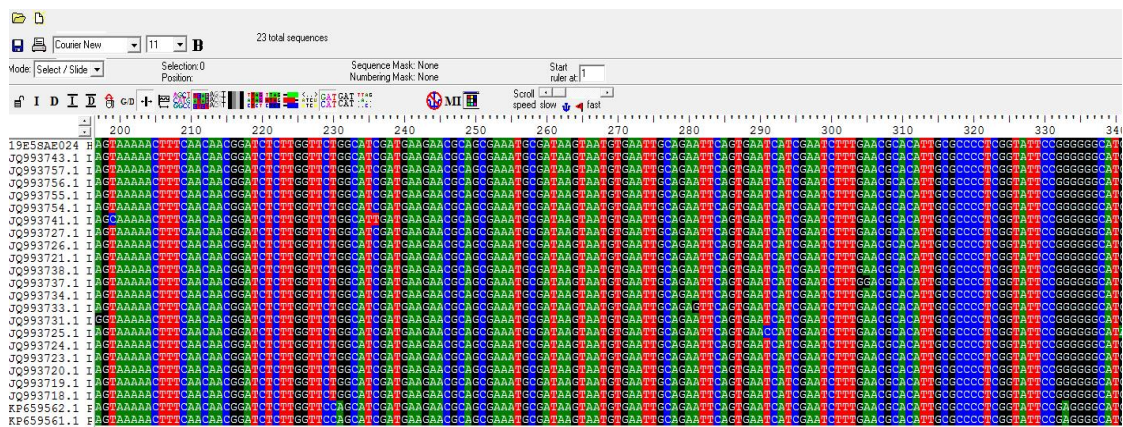
#### **3.4. Teşhis Edilen Örneklerin Moleküler Yönden İncelenmesi**

Teşhis edilen 8 farklı cinse ait 10 liken örneğinin moleküler çalışmaları yapılmıştır. Örneklerin DNA izolasyonları yapıldıktan sonra PCR yardımıyla ITS bölgeleri

çoğaltılarak, agaroz jel elektroforezinde bu ürünlerin yürütme işlemi yapılmıştır. Elektroforez sonucunda bant gözlemlenen örnekler (Şekil 3.17) sekans analizine gönderilmiştir. Gelen sekans sonuçlarında 500-1000 bp aralığında bantlar elde edilmiştir. Örneklerle ait diziler NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov) gen bankasındaki veriler ile BLAST programı üzerinden karşılaştırılmış ve filogenetik açıdan benzerlikleri ve farklılıkları incelenmiştir. Elde edilen veriler Bioedit programı kullanılarak sıralanmıştır (Şekil 3.18). Örnekler hizalandıktan sonra gen bankasındaki (NCBI) en yakın benzerliklerine ait veriler MEGA 7 programı ile Neighbor-Joining yöntemi kullanılarak incelenmiştir.



Şekil 3.15. ITS primerleri ile çoğaltılan gen bölgesinin PCR ürünlerinin bazılarının jel görüntüsü



Şekil 3.16. ITS baz dizilerinin Bioedit programı ile hizalanmış görüntüsü

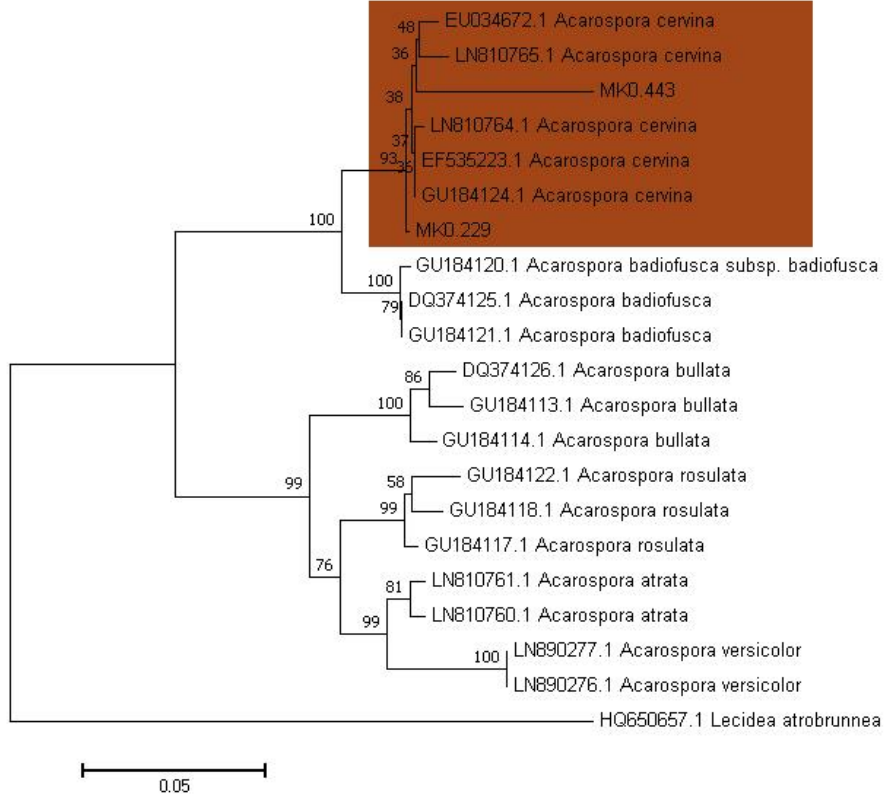


Range 1: 1 to 815		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>		
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1454 bits(787)	0.0	806/815(99%)	2/815(0%)	Plus/Minus	
Query 8	GTAT - CCTTCCCTGATCCGAGGTCA - CCTTTAGAAAAACATGAGGGTTGTCGGCTGACTCA	65			
Sbjct 815	GTATCCCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTTAGAAAAACATGAGGGTTGTCGGCTGACTCA	756			
Query 66	GACCCGAGCTTCCAAGCGAAAGATGAAACTGATGCTGCTTGAAGCCGAGGCTGTGCCG	125			
Sbjct 755	GACCCGAGCTTCCAAGCGAAAGATGAAACTGATGCTGCTTGAAGCCGAGGCTGTGCCG	696			
Query 126	CGCTAATTTCCAGGCACGTCCACGGGGGACGAAAGCCCAATACCAAGCCAAAGCTTGAGTG	185			
Sbjct 695	CGCTAATTTCCAGGCACGTCCACGGGGGACGAAAGCCCAATACCAAGCCAAAGCTTGAGTG	636			
Query 186	GTGTAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCTTGGAAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCA	245			
Sbjct 635	GTGTAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCTTGGAAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCA	576			
Query 246	AAGATTCGATGATTCAGTAACTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTTC	305			
Sbjct 575	AAGATTCGATGATTCAGTAACTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTTC	516			
Query 306	TTTCATCGATGCCAGAACCAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAACTATTGTATTGGTACT	365			
Sbjct 515	TTTCATCGATGCCAGAACCAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAACTATTGTATTGGTACT	456			
Query 366	CAGACGGCACAAATAACGGAGTTTGATGGGCTTTGACGGGCACTCGACAGCCGCGGCC	425			
Sbjct 455	CAGACGGCACAAATAACGGAGTTTGATGGGCTTTGACGGGCACTCGACAGCCGCGGCC	396			
Query 426	ATCGGTGAGTTGCCTCAACAGGCCCGTCAAAGCAACAAAGGTAGGTACACATAGGGTTGG	485			
Sbjct 395	ATCGGTGAGTTGCCTCAACAGGCCCGTCAAAGCAACAAAGGTAGGTACACATAGGGTTGG	336			
Query 486	AGGTTGGGCCGAAAGACCCCTAACTCTGTAATGATCCTTCCGACAGTTTACCTACGGAAC	545			
Sbjct 335	AGGTTGGGCCGAAAGACCCCTAACTCTGTAATGATCCTTCCGACAGTTTACCTACGGAAC	276			
Query 546	GTGTGCCCTCCAGCTGGTTACAGTGGAGACCGGTATATCTTAAACCAACAGTTTCAGACG	605			
Sbjct 275	GTGTGCCCTCCAGCTGGTTACAGTGGAGACCGGTATATCTTAAACCAACAGTTTCAGACG	216			
Query 606	AGCCGAGCTGTTGGCCACCATTGTTTATCTGTGAACCTGTGCTGAACAGGCCACTGGTG	665			
Sbjct 215	AGCTGAGCTGTTGGCCACCATTGTTTATCTGTGAACCTGTGCTGAACAGGCCACTGGTG	156			
Query 666	TTCACACCCGGCAGGACGAGATGGAGGTCACAGTGAAGATCATGGTGTGCCCAGAGCGG	725			
Sbjct 155	TTCACACCTGACAGGACGAGATGGAGGTCACAGTGAAGATCATGGTGTGCCCAGAGCGG	96			
Query 726	ACTGGTGAATTTGTTAGAGTCGCTGCGGCAAAAGCTTCGGTGGGTTACACTGTGGAAGGA	785			
Sbjct 95	ACTGGTGAATTTGTTAGAGTCGCTGCGGCAAAAGCTTCGGTGGGTTACACTGTGGAAGGA	36			
Query 786	ACCGCATGTGGGGAAACCTTGTTACGACTTTTACT 820				
Sbjct 35	ACCGCATGTGGGGAAACCTTGTTACGACTTTTACT 1				

**Şekil 3.17.** *Acarospora cervina* (MK0.229)'nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi

Range 1: 184 to 675		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>		
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
536 bits(290)	6e-148	431/492(88%)	37/492(7%)	Plus/Minus	
Query 858	TTGAAGCC - AAGCTGGGCCCGCGTAATTC - AGGGACGTCACGGGGGACAGAGGCCCA	915			
Sbjct 675	TTGAAGCCGAGGCTGTACCGCGCGTAATTCACAGGCACGTCACGGGGGACAGAGGCCCA	616			
Query 916	ATACCAAGCCAAAGCTTGAGTGGGG - AATGACGCTCGAACAGGCATGCCCTTGGAAATACC	974			
Sbjct 615	ATACCAAGCCAAAGCTTGAGTGGGTAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCTTGGAAATACC	556			
Query 975	GAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAG - TTCGATGATCC - CTGAATTCGCAATTCA - ATTAC	1031			
Sbjct 555	GAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCACATGAAATTCGCAATTCAATTAC	496			
Query 1032	TTATCGCATT - CGCTGCGTTCT - CATCGATGCC - GAACCAAAAAATCCGT - GT - GAAAGT	1086			
Sbjct 495	TTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGT	436			
Query 1087	TT - AACATTTG - ATTGGTACTCGAACGGC - CAATTAACGG - TTTGATGGGCTTTGACG	1142			
Sbjct 435	TTTAACTATTGTATTGGTACGACAGCGCACAAATTAACGGAGTTTGATGGGCTTTGACG	376			
Query 1143	GGCACTCAA - AGCCTG - GAAATCGGTGA - TTGCTCAAAGGGCC - GTCAAA - C - ACAA	1196			
Sbjct 375	GGCACTCGACAGCTGCGGACATCGGTGAGTTGCTCAAAGGGCCGTCAAAGCAACAAA	316			
Query 1197	GGTAGGTACCCA - AGGGTTGGAGGTTGG - CCTAAA - ACC - TAAC - CTTTAAAGA - CCTT	1250			
Sbjct 315	GGTAGGTACACATAGGGTTGGAGGTTGGGCCGAAAGACCTAACTCTGTAATGATCCTT	256			
Query 1251	CCCCAGGTTCA - - TACGGAACGTG - GCC - TCCA - - TGG - TACGGGGGAAACGGGTTAT - T	1302			
Sbjct 255	CCGCAGGTTCACTACGGAACGTGTCCTCCAGCTGGTTACAGTGGAGACCGGTCATAT	196			
Query 1303	- TTAACCA - CCA 1312				
Sbjct 195	CTTAACCAACCA 184				

**Şekil 3.18.** *Acarospora cervina* (MK0.443)'nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



**Şekil 3.19.** *Acarospora cervina* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı

Filogenetik ağaç Neighbor-Joining metodu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.19). Toplam dal uzunluğu = 0,56314166 ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi (1000 tekrar) dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar hesaplamada Maximum Composite Likelihood yöntemi kullanılmıştır ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 21 nükleotid sekansı içermektedir. Kayıp veri ve boşlukları içeren tüm pozisyonlar elendi. En son veri kümesinde toplam 373 pozisyon vardı. Evrimsel analizler gerçekleştirilirken MEGA7 programı kullanılmıştır.

Tüm tekrarlar takson üzerinde ortalama değerleridir.

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii=Identical Pairs (Aynı çiftler), si= Transsitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3. 2’de gösterilmiştir.

**Tablo 3.2.** Karşılaştırılan *Acarospora cervina* örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları

İlgili bölge	ii	si	Sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
ITS gen bölgesi	437	37	19	1,92	102	11	2	2	13	118	2	2
	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Total			
	3	4	101	5	2	2	9	116	493,82			

Diziler karşılaştırılmasından sonra 437 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 37, transversiyon oranı 19 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 1.92 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.3’te verilmiştir.

**Tablo 3.3.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayılarının yüzdesi

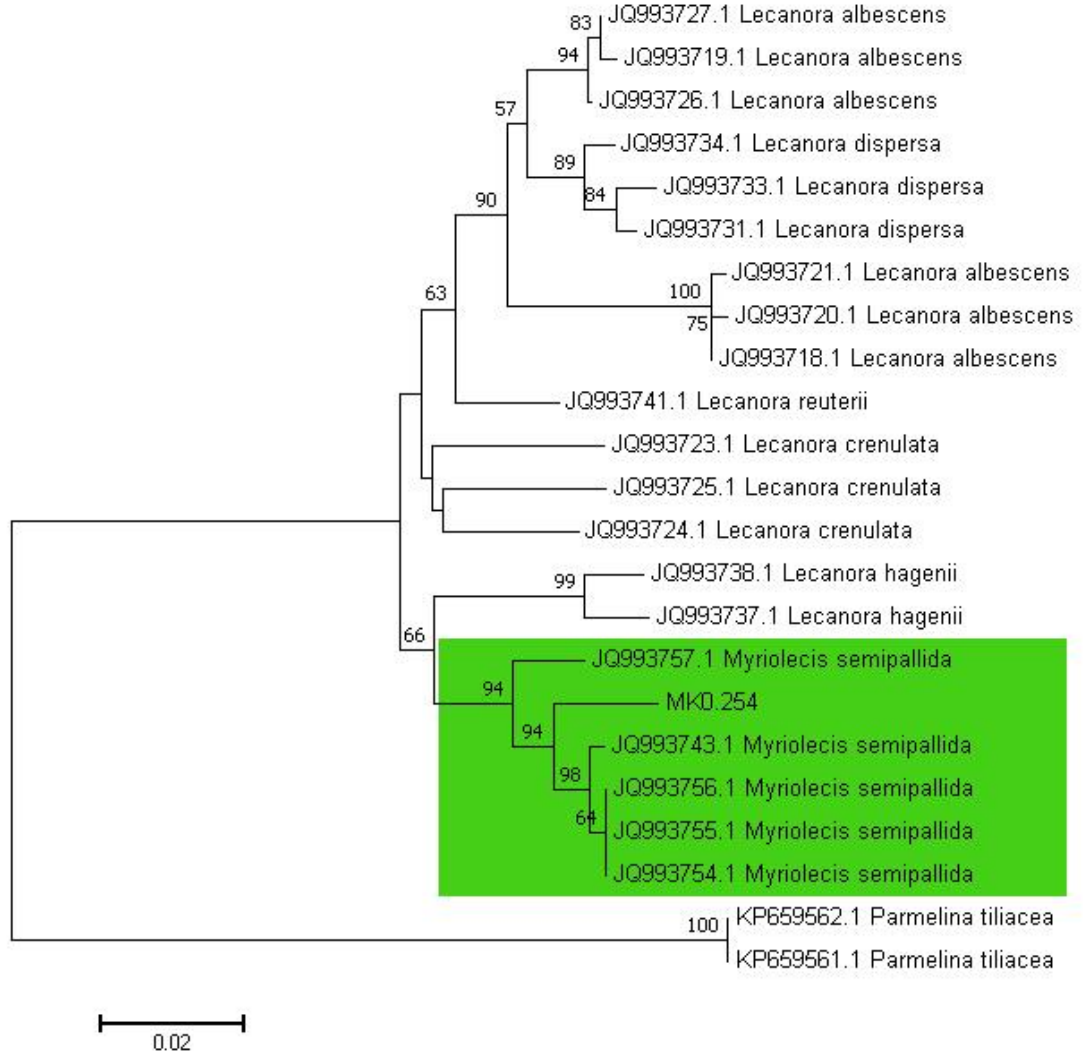
	T(U)	C	A	G	Total
MK0.229	23,7	27,6	23,4	25,4	642,0
MK0.443	26,8	26,1	22,1	25,1	471,0
EF535223.1 <i>Acarospora cervina</i>	24,8	27,2	23,3	24,8	412,0
GU184124.1 <i>Acarospora cervina</i>	23,5	27,7	23,8	24,9	642,0
EU034672.1 <i>Acarospora cervina</i>	23,2	28,0	23,4	25,4	642,0
LN810765.1 <i>Acarospora cervina</i>	24,0	27,4	23,2	25,4	642,0
LN810764.1 <i>Acarospora cervina</i>	23,7	27,7	23,7	24,9	642,0
LN810761.1 <i>Acarospora atrata</i>	22,3	28,7	22,6	26,3	623,0
LN810760.1 <i>Acarospora atrata</i>	22,6	28,3	22,9	26,2	625,0
DQ374125.1 <i>Acarospora badiofusca</i>	25,4	27,1	23,5	24,0	417,0

GU184120.1 <i>Acarospora badiofusca</i> subsp. <i>Badiofusca</i>	24,9	26,6	23,7	24,8	642,0
GU184121.1 <i>Acarospora badiofusca</i>	24,6	26,9	23,5	24,9	642,0
DQ374126.1 <i>Acarospora bullata</i>	23,1	28,6	21,9	26,4	416,0
GU184114.1 <i>Acarospora bullata</i>	23,1	26,6	24,0	26,3	467,0
GU184113.1 <i>Acarospora bullata</i>	23,0	26,9	23,7	26,5	465,0
GU184122.1 <i>Acarospora rosulata</i>	24,2	27,3	21,8	26,6	623,0
GU184117.1 <i>Acarospora rosulata</i>	25,6	26,3	22,0	26,1	422,0
GU184118.1 <i>Acarospora rosulata</i>	25,1	26,5	22,1	26,3	430,0
LN890277.1 <i>Acarospora versicolor</i>	22,8	28,0	22,9	26,3	624,0
LN890276.1 <i>Acarospora versicolor</i>	22,9	27,9	22,9	26,3	624,0
HQ650657.1 <i>Lecidea atrobrunnea</i>	22,6	27,9	22,4	27,1	509,0
Ortalama	23,8	27,5	23,0	25,7	553,4

Range 1: 1 to 508 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
922 bits(499)	0.0	506/509(99%)	1/509(0%)	Plus/Minus
Query 31	TCAATCATTGAAAATAAAAGGCTTGT	TTGGCCGGTCCC	GGCGCGAACTTCCA	AAAGCGGGA 90
Sbjct 508	TCAATCATTGAAAATAAAAGGCTTGT	TTGGCCGGTCCC	GGCGCGAACTTCCA	AAAGCGGGA 449
Query 91	GATAATTTAACTACGCTCGAAGT	CACGCCCGGCCACTGACTTTC	GGGTCGGCCAGG 150	
Sbjct 448	GATAATTTAACTACGCTCGAAGT	CACGCCCGGCCACTGACTTTC	GGGTCGGCCAGG 389	
Query 151	GAGCGGGGCCCAATACCAAGCAGAGCTT	GAGGGGTGCAATGACGCTCGAACAGGCATGCC 210		
Sbjct 388	GAGCGGGGCCCAATACCAAGCAGAGCTT	GAGGGGTGCAATGACGCTCGAACAGGCATGCC 329		
Query 211	CCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTT	CAAAGATTCGATGATTCACTGAATTC	TGC 270	
Sbjct 328	CCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTT	CAAAGATTCGATGATTCACTGAATTC	TGC 269	
Query 271	AATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTT	CTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCC 330		
Sbjct 268	AATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTT	CTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCC 209		
Query 331	GTTGTTGAAAGTTTTACTATTGTGGTT	GTA	CTCGGACGTCAGAGAA	TAGGGTTG 390
Sbjct 208	GTTGTTGAAAGTTTTACTATTGTGGTT	GTA	CTCGGACGTCAGAGAA	TAGGGTTG 149
Query 391	ATGGGCCTCTGACGGGCGCAACCGAGCCGGCGACT	CTTGCCGCGGACGACGTGGGGCG 450		
Sbjct 148	ATGGGCCTCTGACGGGCGCAACCGAGCCGGCGACT	CTTGCCGCGGACGACGTGGGGCG 89		
Query 451	AACCCCAAGGCCCGCCAAAGCAACAAAGGTAGGT	AACAAGGGGTAGAGTTGGGGGGCC 510		
Sbjct 88	AACCCCAAGGCCCGCCAAAGCAACAAAGGTAGGT	AACAAGGGGTAGAGTTGGGGGGCC 30		
Query 511	GGAGCCCCCGGGTTTTACCCCTCAT	539		
Sbjct 29	GGAGCCCCCGGGTTTTACCCCTCAT	1		

**Şekil 3.20.** *Myriolecis semipallida* (MK0.254)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



**Şekil 3.21.** *Myriolecis semipallida* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı

Filogenetik ağaç, Neighbor-Joining metodu kullanılarak çıkarıldı (Şekil 3.21). Dal uzunluğu = 0.42115345 toplamı ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde (1000 tekrarlar) birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar Maximum Composite Likelihood metodu kullanılarak hesaplandı ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 23 nükleotid sekansı içermektedir.



Boşlukları ve kayıp verileri içeren tüm pozisyonlar elendi. En son veri kümesinde toplam 469 pozisyon vardı. Evrimsel analizler MEGA7'de yapılmıştır.

**Tablo 3.4.** Karşılaştırılan *Myriolecis semipallida* örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları

İlgili bölge	ii	si	Sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
ITS gen bölgesi	463	22	14	1,6	104	8	2	1	8	135	2	2
	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Top			
	1	3	97	3	2	1	3	127	499,3			

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii=Identical Pairs (Aynı çiftler), si= Transsitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3.6.'da gösterilmiştir.

Diziler karşılaştırılmasından sonra 463 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 22, transversiyon oranı 14 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 1.6 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.7'te verilmiştir.

**Tablo 3.5.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi

	T(U)	C	A	G	Total
MK0.254	23,2	29,1	21,2	26,5	509,0
JQ993743.1 <i>Lecanora semipallida</i>	23,2	29,8	20,2	26,8	504,0
JQ993757.1 <i>Lecanora semipallida</i>	24,0	29,5	20,6	25,9	505,0
JQ993756.1 <i>Lecanora semipallida</i>	23,2	29,6	20,4	26,8	500,0
JQ993755.1 <i>Lecanora semipallida</i>	23,4	29,3	20,6	26,7	505,0
JQ993754.1 <i>Lecanora semipallida</i>	23,4	29,3	20,4	26,9	505,0
JQ993741.1 <i>Lecanora reuterii</i>	23,9	28,6	20,9	26,6	507,0
JQ993727.1 <i>Lecanora albescens</i>	23,1	29,4	21,3	26,2	507,0

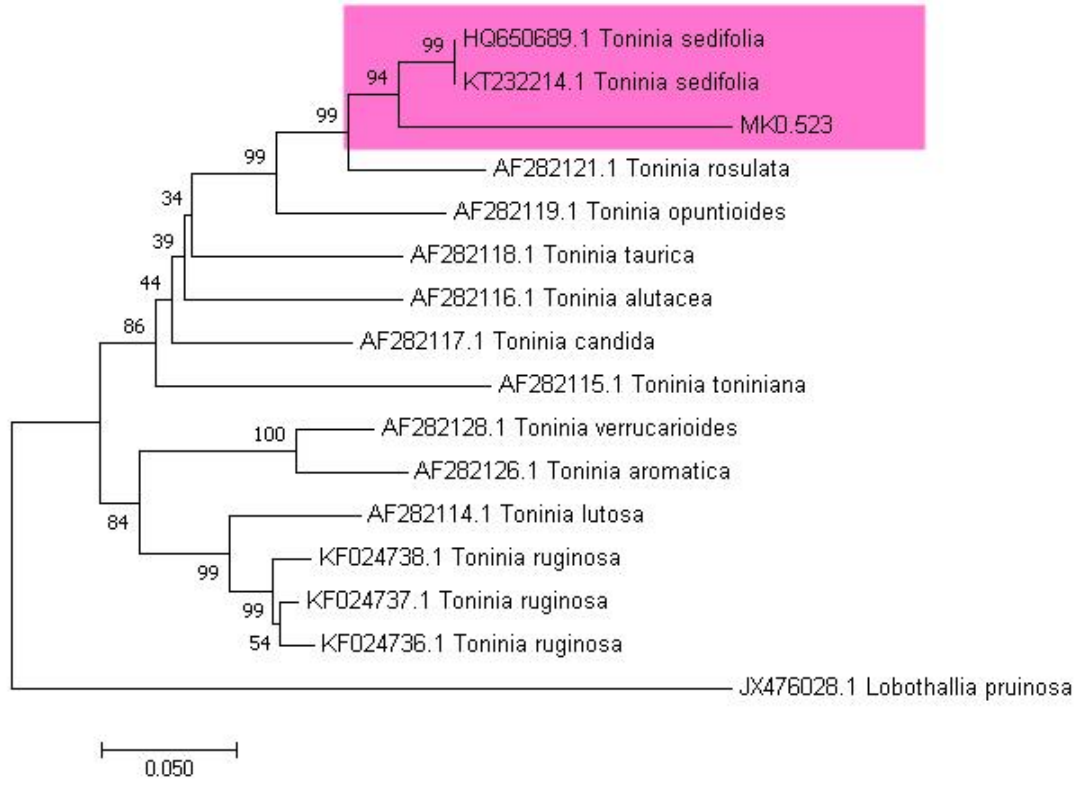


JQ993726.1 Lecanora albescens	23,3	29,2	21,3	26,2	507,0
JQ993721.1 Lecanora albescens	22,6	29,9	21,1	26,4	508,0
JQ993738.1 Lecanora hagenii	22,2	30,6	20,4	26,9	510,0
JQ993737.1 Lecanora hagenii	23,1	29,4	20,6	26,9	506,0
JQ993734.1 Lecanora dispersa	22,4	30,1	21,2	26,3	509,0
JQ993733.1 Lecanora dispersa	22,4	30,5	20,4	26,7	509,0
JQ993731.1 Lecanora dispersa	22,4	30,3	20,6	26,7	509,0
JQ993725.1 Lecanora crenulata	23,7	28,3	21,1	26,9	506,0
JQ993724.1 Lecanora crenulata	23,5	29,0	21,1	26,4	507,0
JQ993723.1 Lecanora crenulata	23,9	29,2	20,9	25,9	506,0
JQ993720.1 Lecanora albescens	22,4	30,1	21,3	26,2	508,0
JQ993719.1 Lecanora albescens	23,3	29,2	21,3	26,2	507,0
JQ993718.1 Lecanora albescens	22,2	30,3	21,1	26,4	508,0
KP659562.1 Parmelina tiliacea	23,4	28,6	21,6	26,3	482,0
KP659561.1 Parmelina tiliacea	23,4	28,6	21,6	26,3	482,0
Ortalama	23,1	29,5	20,9	26,5	504,6

Range 1: 135 to 536 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
712 bits(385)	0.0	397/402(99%)	3/402(0%)	Plus/Minus
Query 19	GATCCGAGGTC-ATCGTGATGAATTCATGGGTTGGGCAGGCCGTGGCCGCAAGGCTTTCA	77		
Sbjct 536	GATCCGAGGTCAATCGTGATGAATTCATGGGTTGGGCAGGCCGTGGCCGCAAGGCTTTCA	477		
Query 78	GGACGGGGAGGAACTCTACTTCGTCAAAGTCACGTCCGGCCGCTGCTACTTTTGAGGCA	137		
Sbjct 476	GGACGGGGAGGAACTCTACTTCGTCAAAGTCACGTCCGGCCGCTGCTACTTTTGAGGCA	417		
Query 138	CGCTGCCCGGTTGGGGAGAGCGACGCCAAGACCAAGCTACGCTTGAGGGATGTAATGA	197		
Sbjct 416	CGCTGCCCGGTTGGGGAGAGCGACGCCAAGACCAAGCTACGCTTGAGGGATGTAATGA	357		
Query 198	CGCTCGGACAGGTATGCCCTCCGGAGTGCCGGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGA	257		
Sbjct 356	CGCTCGGACAGGTATGCCCTCCGGAGTGCCGGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGA	297		
Query 258	TGATTCACTGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCCTCATCGAT	317		
Sbjct 296	TGATTCACTGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCCTCATCGAT	237		
Query 318	GCCAGAGCCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTTAAGAGGTATTGTTCAAGACTCGGA	377		
Sbjct 236	GCCAGAGCCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTTAAGAGGTATTGTTCAAGACTCGGA	177		
Query 378	CGACACT--AAAAGATCAGGGTTGGGTGGGGGGCTTCTGA	417		
Sbjct 176	CGACACTTAAAAAGATCAGGGTTGGGTAGGGGGGGCTTCTGA	135		

**Şekil 3.22.** *Toninia sedifolia* (MK0.523)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



**Şekil 3.23.** *Toninia sedifolia* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı

Filogenetik ağaç Neighbor-Joining metodu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.22). Toplam dal uzunluğu = 1.33733371 ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi (1000 tekrar) dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar hesaplamada Maximum Composite Likelihood yöntemi kullanılmıştır ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 17 nükleotid sekansı içermektedir. Kayıp veri ve boşlukları içeren tüm pozisyonlar elendi. En son veri kümesinde toplam 437 pozisyon vardı. Evrimsel analizler gerçekleştirilirken MEGA7 programı kullanılmıştır.

Tüm tekrarlar takson üzerinde ortalama değerleridir.

**Tablo 3.6.** Karşılaştırılan *Toninia sedifolia* örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları

İlgili Bölge	ii	si	Sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
--------------	----	----	----	---	----	----	----	----	----	----	----	----

ITS gen bölge si	388	59	46	1,29	82	21	5	5	17	113	7	388
	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Top			
	5	6	7	85	10	5	6	11	109			

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii= Identical Pairs (Aynı çiftler), si= Transsitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3.8.'de gösterilmiştir.

Diziler karşılaştırılmasından sonra 388 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 59, transversiyon oranı 46 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 1.29 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.9'te verilmiştir.

**Tablo 3.7.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi

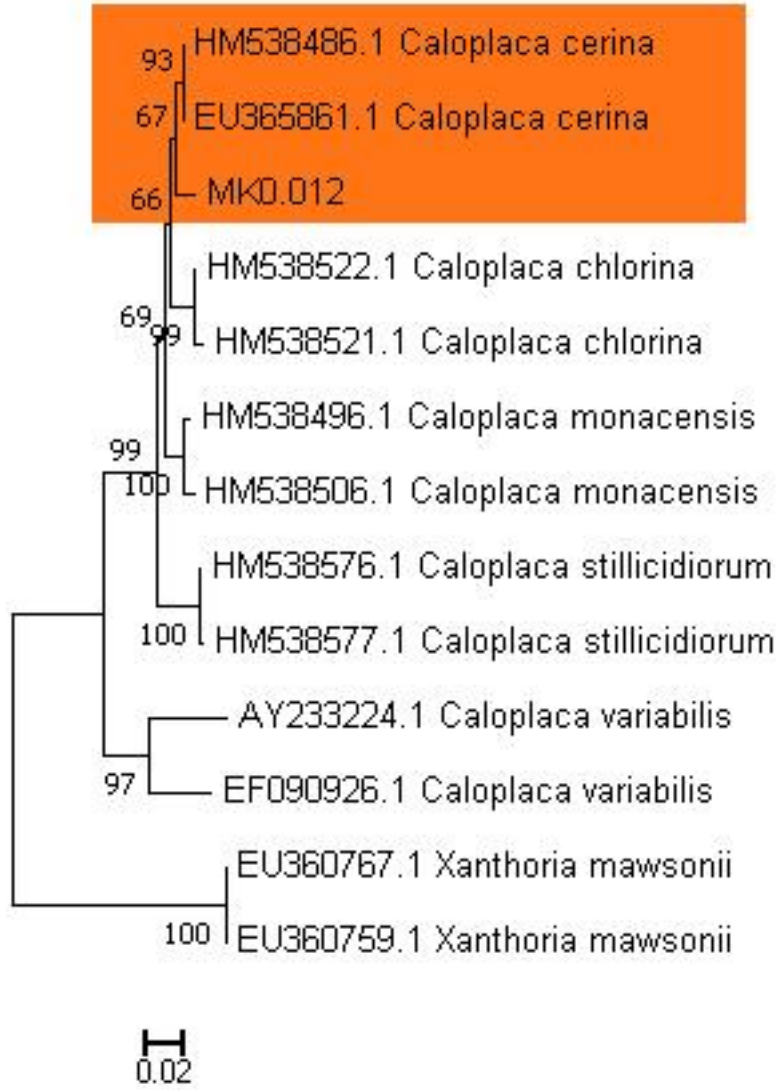
	T(U)	C	A	G	Total
MK0.523	24,3	28,5	21,4	25,8	617,0
KT232214.1 <i>Toninia sedifolia</i>	21,6	31,4	21,6	25,5	561,0
HQ650689.1 <i>Toninia sedifolia</i>	21,6	31,4	21,6	25,5	561,0
KF024738.1 <i>Toninia ruginosa</i>	22,3	28,6	24,1	25,0	503,0
KF024737.1 <i>Toninia ruginosa</i>	22,1	29,2	22,9	25,8	503,0
KF024736.1 <i>Toninia ruginosa</i>	21,7	29,3	23,5	25,5	502,0
AF282128.1 <i>Toninia verrucarioides</i>	21,7	30,5	21,3	26,5	498,0
AF282127.1 <i>Toninia coelestina</i>	24,6	27,8	22,8	24,8	496,0
AF282126.1 <i>Toninia aromatica</i>	21,2	31,6	20,0	27,1	509,0
AF282121.1 <i>Toninia rosulata</i>	24,9	28,5	21,3	25,3	526,0
AF282119.1 <i>Toninia opuntioides</i>	23,3	28,9	19,8	27,9	519,0
AF282118.1 <i>Toninia taurica</i>	22,2	28,5	22,4	26,9	499,0

AF282117.1 <i>Toninia candida</i>	22,5	30,4	20,5	26,6	497,0
AF282116.1 <i>Toninia alutacea</i>	23,2	27,9	22,2	26,7	509,0
AF282115.1 <i>Toninia toniniana</i>	24,4	26,8	24,2	24,6	504,0
AF282114.1 <i>Toninia lutosa</i>	21,7	29,1	23,1	26,1	502,0
JX476028.1 <i>Lobothallia pruinosa</i>	24,2	26,8	21,1	27,9	559,0
Ortalama	22,8	29,1	22,0	26,1	521,5

Range 1: 12 to 811 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1354 bits(733)	0.0	778/800(97%)	2/800(0%)	Plus/Minus
Query 10	CTACCTGATCCGAGGTCA-TGATTGGGGGTGATCGTTGGCTGGCGGGGCCGAGGCAGAA	68		
Sbjct 811	CTACCTGATCCGAGGTCAATGATTGGGGGTGATCGTTGGCTGGCGGGGCCGAGGCAGAA	752		
Query 69	GGCTTCAAAGCGAACCAAAGTTTACTGCGCTTGAAGTCTACCTGGACCGCCACTGGATT	128		
Sbjct 751	GGCTTCAAAGCGAACCAAAGTTTACTGCGCTTGAAGTCTACCTGGACCGCCACTGAATT	692		
Query 129	TCGGGCGCGCCCCGGGATCGGGGGCGGACGCCCAATACCAAGCAGAGCTTGAGGGGT	188		
Sbjct 691	TCGGGCGCGCCCCGATCCCGGGGGCGGACGCCCAATACCAAGCAGAGCTTGAGGGGT	632		
Query 189	GTAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCTTCGGAATACCAAAGGCGCAATGTGCGTTCAA	248		
Sbjct 631	GTAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCTTCGGAATACCAAAGGCGCAATGTGCGTTCAA	572		
Query 249	GATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTT	308		
Sbjct 571	GATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTT	512		
Query 309	CATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTGATTACTCGTATACTC	368		
Sbjct 511	CATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTGATTACTCGTATACTC	452		
Query 369	AGACGGCACTGATACAACAGGTTTAAAGGGCCTCCGGCGGGCGCTCGCAGCCCCCTTC	428		
Sbjct 451	AGACGGCACTGATACAACAGGTTTAAAGGGCCTCCGGCGGGCGCTCGCAGCCCCCTTC	392		
Query 429	GCAGGGGGCCGGCGCCGAGGGGTAAGCCCCGGGGCCCGCCAAAGCAACAGTGGAAAATAC	488		
Sbjct 391	GCAGGGGGCCGGCGCCGAGGGGTAAGCCCCGGGGCCCGCCAAAGCAACAGTGGAAATAC	332		
Query 489	ACACAGGGTGGAAAGGTGCGGGGCACGAGGCCCTGGAGCGCAGGGCCCCCTCTCAATA	548		
Sbjct 331	ACAAAGGGTGGAAAGGTGCGGGGCACGAGGCCCTGGAGCGCAGGGCTCCCCTCTCAATA	272		
Query 549	ATGATCCTTCCGAGGTTACCTACGGAAGTGGGTGTCGACTCTTCGAGAGCTGCTA	608		
Sbjct 271	ATGATCCTTCCGAGGTTACCTACGGAAGTGGGTGTCGACTCTTCGAGAGCTGCTA	212		
Query 609	CGGTATATCTCAACTCGGGCGCAGGCCACTCGCGTTTGATCTGTGGACTGCACGGTT	668		
Sbjct 211	CGGTATATCTCAACTCGGGCGCAGGCCACTCGCGTTTGATCTGTGGACTGCACGGTT	152		
Query 669	CGGGCATGCAGCAGCTGATCGTTGCCCGGGGAACCCGGGGGAACCTTCCAGCTCCAGG	728		
Sbjct 151	CGGGCATGCAGCAGCTGATCGTTGCCCGGGGGCCCGGGGGGAACCTTCCAGCTCCAGG	92		
Query 729	CGAATGTCCCCCGCCGAAAGCGGACTCCGTGTGCAAGGCTCCGTAGGGCACCTTGTTA	788		
Sbjct 91	CGAATGTCCGCCCGCCGAAAGCGGACTCCGTGTGCAAGGCTCCGTAAAGCACCTTGTTA	32		
Query 789	CGACTTTTACTTC-TCT <sub>aaa</sub> 807			
Sbjct 31	CGACTTTTACTTCCTCTAAA 12			

**Şekil 3.24.** *Caloplaca cerina* (MK0.012)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



**Şekil 3.25.** *Caloplaca cerina* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Joining filogenetik ağacı

Filogenetik ağaç Neighbor-Joining metodu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.23). Toplam dal uzunluğu = 0.38291015 ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi (1000 tekrar) dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar hesaplamada Maximum Composite Likelihood yöntemi kullanılmıştır ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 13 nükleotid sekansı içermektedir. Kayıp veri ve boşlukları içeren tüm pozisyonlar elendi. En son

veri kümesinde toplam 444 pozisyon vardı. Evrimsel analizler gerçekleştirilirken MEGA7 programı kullanılmıştır.

Tüm tekrarlar takson üzerinde ortalama değerleridir.

**Tablo 3.8.** Karşılaştırılan Caloplaca cerina örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları

İlgili bölge	ii	Si	sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
ITS gen bölgesi	511	37	26	1,45	114	14	3	3	11	148	3	4
	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Top			
	2	4	105	6	3	3	6	144	573,73			

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii=Identical Pairs (Aynı çiftler), si= Transsitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3.10'da gösterilmiştir.

Diziler karşılaştırılmasından sonra 511 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 37, transversiyon oranı 26 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 1.45 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.11'te verilmiştir.

**Tablo 3.9.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi

	T(U)	C	A	G	Total
MK0.012	22,3	30,4	20,2	27,2	843,0
HM538486.1 Caloplaca cerina	21,5	29,5	20,4	28,6	637,0
EU365861.1 Caloplaca cerina	22,2	29,0	21,2	27,6	855,0
AY233224.1 Caloplaca variabilis	24,1	28,3	21,8	25,8	551,0
EF090926.1 Caloplaca variabilis	23,0	29,1	21,0	26,9	499,0
HM538522.1 Caloplaca chlorina	22,2	29,9	20,2	27,7	733,0



HM538521.1 Caloplaca chlorina	22,1	29,4	20,9	27,6	819,0
HM538576.1 Caloplaca stillicidiorum	21,7	30,3	18,3	29,7	714,0
HM538577.1 Caloplaca stillicidiorum	21,3	30,8	18,5	29,4	728,0
HM538496.1 Caloplaca monacensis	24,6	27,7	21,5	26,2	638,0
HM538506.1 Caloplaca monacensis	24,2	27,9	21,6	26,3	624,0
EU360767.1 Xanthoria mawsonii	24,5	28,0	22,3	25,2	511,0
EU360759.1 Xanthoria mawsonii	24,5	27,8	22,4	25,3	510,0
Ortalama	22,8	29,2	20,7	27,3	666,3

Range 1: 376 to 852 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

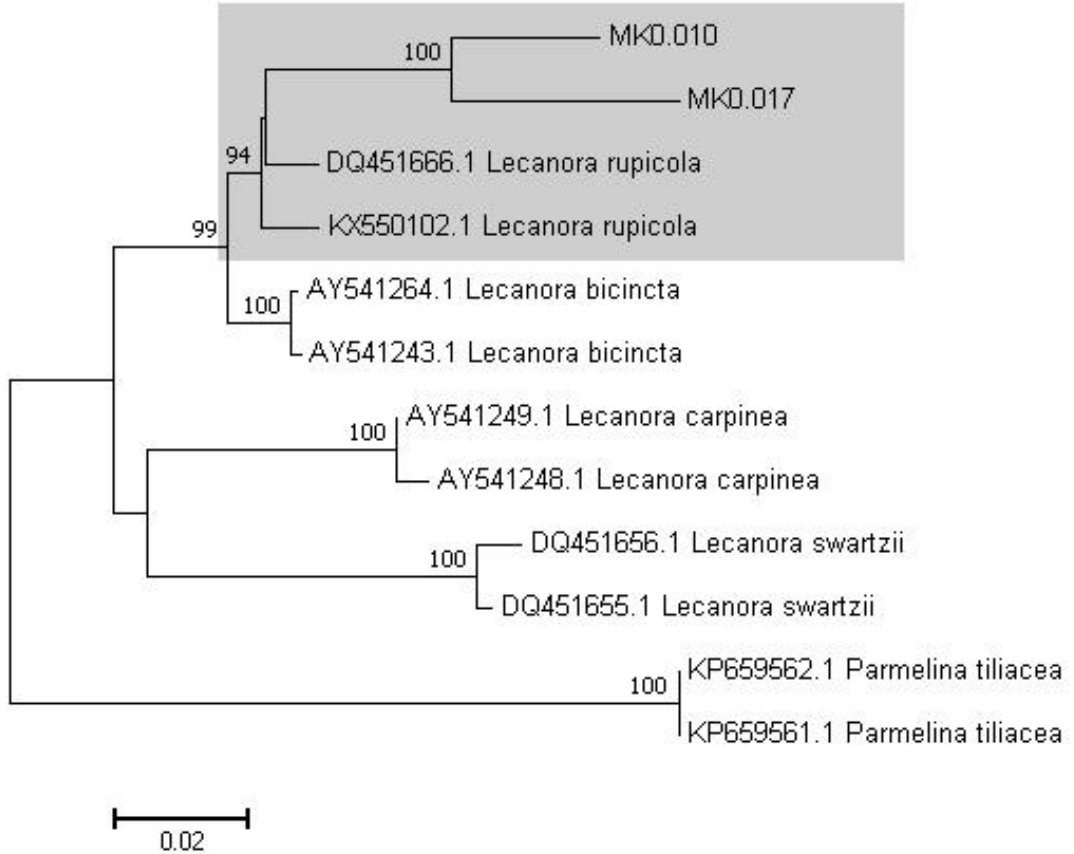
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
833 bits(451)	0.0	471/480(98%)	4/480(0%)	Plus/Minus
Query 22	GAGGTCATCGTTCGGAATAAATCGGGGTTTT-GGCCGGTCGCGACGCGAACGTTTCGAAGC	80		
Sbjct 852	GAGGTCATCGTTCGGA-TAAATCGGGGTTTTCGGCCGGTCGCGACGCGAACGTTTCGAAGC	794		
Query 81	GGGAGAAAAATTTACTACGCTTGAAGTCACGACGGACCGCCACTGATTTTCGGGTACGCCA	140		
Sbjct 793	GGGAGAAA-TTTACTACGCTTGAAGTCACGACGGACCGCCACTGATTTTCGGGTACGCCA	735		
Query 141	CGGTCGGCGAGGGCCCAATACCAAGCTACGCTTGAGGGGTGTAATGACGCTCGAACAGGC	200		
Sbjct 734	CGGTCGGCGAGGGCCCAATACCAAGCTACGCTTGAGGGGTGTAATGACGCTCGAACAGGC	675		
Query 201	ATGCCCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAC TGAA	260		
Sbjct 674	ATGCCCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAC TGAA	616		
Query 261	TTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAG	320		
Sbjct 615	TTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAG	556		
Query 321	AGATCCGTTGTTGAAAGTTTTTACTATTATGGTTTATACTCGGACTTCACCAATAGACGG	380		
Sbjct 555	AGATCCGTTGTTGAAAGTTTTTACTATTATGGTTTATACTCGGACTTCACCAAGAGACGG	496		
Query 381	GTTTTGATGGACCTCCGACGGGCGCTTACCGGACGGGACGCGAAGGCCCTCGGCCGGCAG	440		
Sbjct 495	GTTTTGATGGACCTCCGACGGGCGCTTACCGGACGGGACGCGAAGGCCCTCGGCCGGCAG	436		
Query 441	GAGCGATGCTCCGGGCCCGCCAAAGCAACAAGGTAGGTGGACACGGGGTGGAAAAATTG	500		
Sbjct 435	GAGCGGTGCTCCGGGCCCGCCAAAGCAACAAGGTAGGTGGACACGGGGTGGAAAGATTG	376		

Şekil 3.26. *Lecanora rupicola* (MK0.010)' nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi

Range 1: 382 to 852 GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
843 bits(456)	0.0	468/473(99%)	3/473(0%)	Plus/Minus
Query 25	GAGGTCATCGTTCGGAATAAAATCGGGGTTTTT-GGCCGGTCGCGACGCGAACGTTTCGAAGC	83		
Sbjct 852	GAGGTCATCGTTCGGA-TAAATCGGGGTTTTTGGCCGGTCGCGACGCGAACGTTTCGAAGC	794		
Query 84	GGGAGAAAAATTTACTACGCTTGAAGTCACGACGGACCGCCACTGATTTTCGGGTACGCCA	143		
Sbjct 793	GGGAGAAA-TTTACTACGCTTGAAGTCACGACGGACCGCCACTGATTTTCGGGTACGCCA	735		
Query 144	CGGTCGGCGAGGGCCAATACCAAGCTACGCTTGAGGGGTGAATGACGCTCGAACAGGC	203		
Sbjct 734	CGGTCGGCGAGGGCCAATACCAAGCTACGCTTGAGGGGTGAATGACGCTCGAACAGGC	675		
Query 204	ATGCCCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAGTGAAT	263		
Sbjct 674	ATGCCCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAGTGAAT	615		
Query 264	TCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGA	323		
Sbjct 614	TCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGA	555		
Query 324	GATCCGTTGTTGAAAGTTTTTACTATTATGGTTTATACTCGGACTTCACCAATAGACGGG	383		
Sbjct 554	GATCCGTTGTTGAAAGTTTTTACTATTATGGTTTATACTCGGACTTCACCAAGAGACGGG	495		
Query 384	TTTTGATGGACCTCCGACGGGCGCTTGCCGGACGGGACGCGAAGGCCCTCGGCCGGCAGG	443		
Sbjct 494	TTTTGATGGACCTCCGACGGGCGCTTGCCGGACGGGACGCGAAGGCCCTCGGCCGGCAGG	435		
Query 444	AGCGGTGCTCCGGGCCCGCCAAAGCAAAAGGTAAGTGGACACGGGGTGGAA	496		
Sbjct 434	AGCGGTGCTCCGGGCCCGCCAAAGCAAAAGGTAAGTGGACACGGGGTGGAA	382		

Şekil 3.27. *Lecanora rupicola* (MK0.017)' nin gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



Şekil 3.28. *Lecanora rupicola* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağacı



Filogenetik ağaç Neighbor-Joining metodu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.24). Toplam dal uzunluğu = 0.35842285 ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi (1000 tekrar) dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar hesaplamada Maximum Composite Likelihood yöntemi kullanılmıştır ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 12 nükleotid sekansı içermektedir. Kayıp veri ve boşlukları içeren tüm pozisyonlar elendi. En son veri kümesinde toplam 465 pozisyon vardı. Evrimsel analizler gerçekleştirilirken MEGA7 programı kullanılmıştır.

Tüm tekrarlar takson üzerinde ortalama değerleridir.

**Tablo 3.10.** Karşılaştırılan *Lecanora rupicola* örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları

İlgili bölge	ii	si	Sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
ITS gen bölgesi	446	29	18	1,6	101	11	1	1	9	129	4	3
	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Top			
	1	3	96	3	3	1	5	120	492,3			

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii=Identical Pairs (Aynı çiftler), si=Transsitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3.12’de gösterilmiştir.

Diziler karşılaştırılmasından sonra 446 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 29, transversiyon oranı 18 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 1.6 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.13’te verilmiştir.

**Tablo 3.11.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdiği baz sayıları yüzdesi

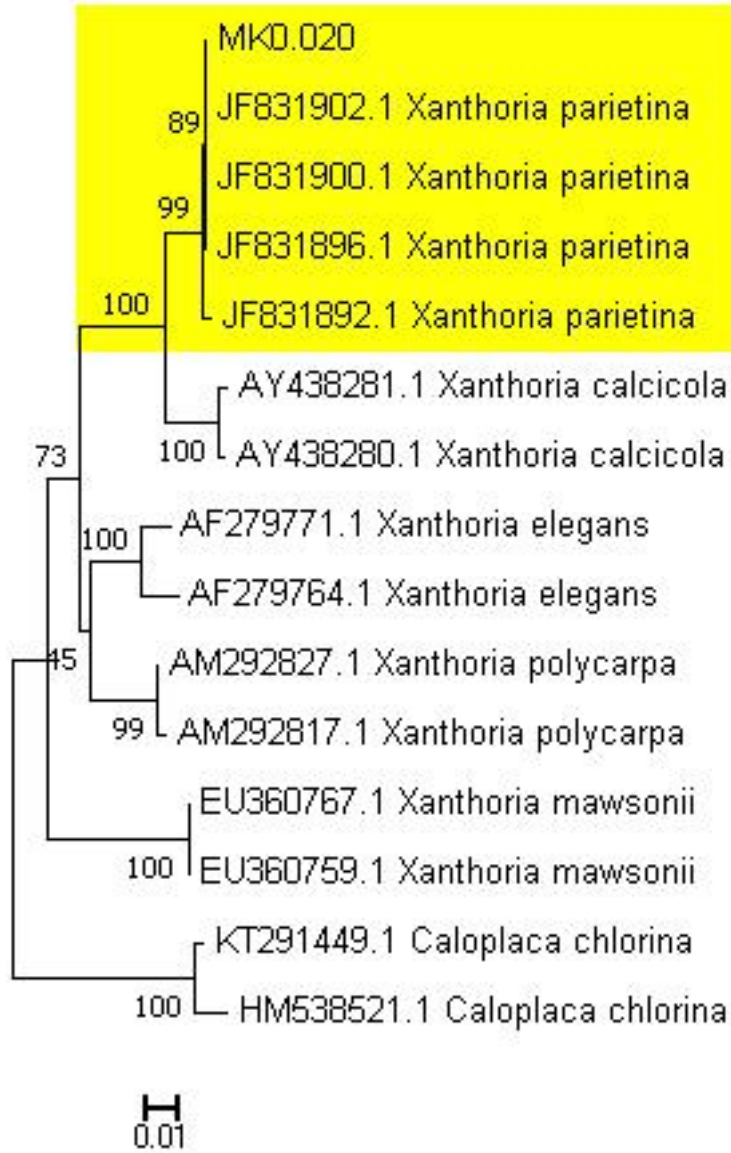
	T(U)	C	A	G	Total

MK0.010	24,4	28,4	22,4	24,8	504,0
MK0.017	25,4	27,2	21,9	25,6	497,0
DQ451666.1 <i>Lecanora rupicola</i>	21,7	31,1	20,9	26,3	502,0
KX550102.1 <i>Lecanora rupicola</i>	21,9	31,3	20,5	26,3	502,0
AY541264.1 <i>Lecanora bicincta</i>	22,3	30,7	21,3	25,7	502,0
AY541243.1 <i>Lecanora bicincta</i>	22,6	30,5	21,4	25,5	501,0
AY541249.1 <i>Lecanora carpinea</i>	24,6	27,9	21,6	25,9	505,0
AY541248.1 <i>Lecanora carpinea</i>	24,4	28,5	20,8	26,3	495,0
DQ451656.1 <i>Lecanora swartzii</i>	22,8	30,6	19,6	27,0	500,0
DQ451655.1 <i>Lecanora swartzii</i>	23,4	30,5	19,6	26,5	501,0
KP659562.1 <i>Parmelina tiliacea</i>	23,4	28,8	21,5	26,3	483,0
KP659561.1 <i>Parmelina tiliacea</i>	23,4	28,8	21,5	26,3	483,0
Ortalama	23,3	29,5	21,1	26,0	497,9

Range 1: 1 to 564 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1027 bits(556)	0.0	562/565(99%)	2/565(0%)	Plus/Minus
Query 9	CCTA-CTGATCCGAGGTCAATCATTGGAATTTGGGGGTTTTCTGGCCAGGCCGAGGCCA	67		
Sbjct 564	CCTACTGATCCGAGGTCAATCATTGGAATTTGGGGGTTTTCTGGCCAGGCCGAGGCCA	505		
Query 68	CACCTCGATAGCGGAATGTTTCTACTGCGCTTGAAGTCTCCCTGGACGCCACTGATTG	127		
Sbjct 504	CACCTCGATAGCGGAATGTTTCTACTGCGCTTGAAGTCTCCCTGGACGCCACTGATTG	445		
Query 128	CGGGCGCGCCTCCTTGGAAAGCGAACGCCCAATACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGCAATGA	187		
Sbjct 444	CGGGCGCGCCTCCTTGGAAAGCGAACGCCCAATACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGCAATGA	385		
Query 188	CGCTCGAACAGGCATGCCCCCGGAATACAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGCA	247		
Sbjct 384	CGCTCGAACAGGCATGCCCCCGGAATACAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGCA	325		
Query 248	TGATTCACCTGAAATCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGAT	307		
Sbjct 324	TGATTCACCTGAAATCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGAT	265		
Query 308	GCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATATTGATTGCAAAATCCTCGGACGTC	367		
Sbjct 264	GCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATATTGATTGCAAAATCCTCGGACGTC	205		
Query 368	ACTGTAGAGCCGAATGGAGAGGGGCTCGGGCGAGAGCTCACGGCCGGAGCCGGGGCCGA	427		
Sbjct 204	ACTGTAGAGCCGAATGGAGAGGGGCTCGGGCGAGAGCTCACGGCCGGAGCCGGGGCCGA	145		
Query 428	GGCGCGAAAGGCCTCGACGCTCGCCGAAGCAACAAGGGCAAATATTACAGGGTTGAAGA	487		
Sbjct 144	GGCGCGAAAGGCCTCGACGCTCGCCGAAGCAACAAGGGCAAATATTACAGGGTTGAAGA	85		
Query 488	GGTGG	547		
Sbjct 84	GGTGG	26		
Query 548	CTTCGCGAGGTTACCTACGGAAAC	572		
Sbjct 25	CTTCGCGAGGTTACCTACGGAAAC	1		

**Şekil 3.29.** *Xanthoria parietina* (MK0.020)'nın gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



**Şekil 3.30.** *Xanthoria parietina* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Joining filogenetik ağacı

Filogenetik ağaç Neighbor-Joining metodu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.25). Toplam dal uzunluğu = 0.26587051 ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi (1000 tekrar) dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar hesaplamada Maximum Composite Likelihood yöntemi kullanılmıştır ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 15 nükleotid

sekansı içermektedir. Kayıp veri ve boşlukları içeren tüm pozisyonlar elendi. En son veri kümesinde toplam 419 pozisyon vardı. Evrimsel analizler gerçekleştirilirken MEGA7 programı kullanılmıştır.

Tüm tekrarlar takson üzerinde ortalama değerleridir.

**Tablo 3.12.** Karşılaştırılan *Xanthoria parietina* örneklerinin dizi çiftleri ve sayılar

İlgili bölge	ii	si	Sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
ITS gen bölgesi	422	34	29	1,17	89	12	4	4	12	126	3	5
	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Top			
	3	3	86	4	3	5	6	121	485,25			

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii=Identical Pairs (Aynı çiftler), si= Transsitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3.14’de gösterilmiştir.

Diziler karşılaştırılmasından sonra 422 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 34, transversiyon oranı 29 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 1.17 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.15’te verilmiştir.

**Tablo 3.13.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdği baz sayıları yüzdesi

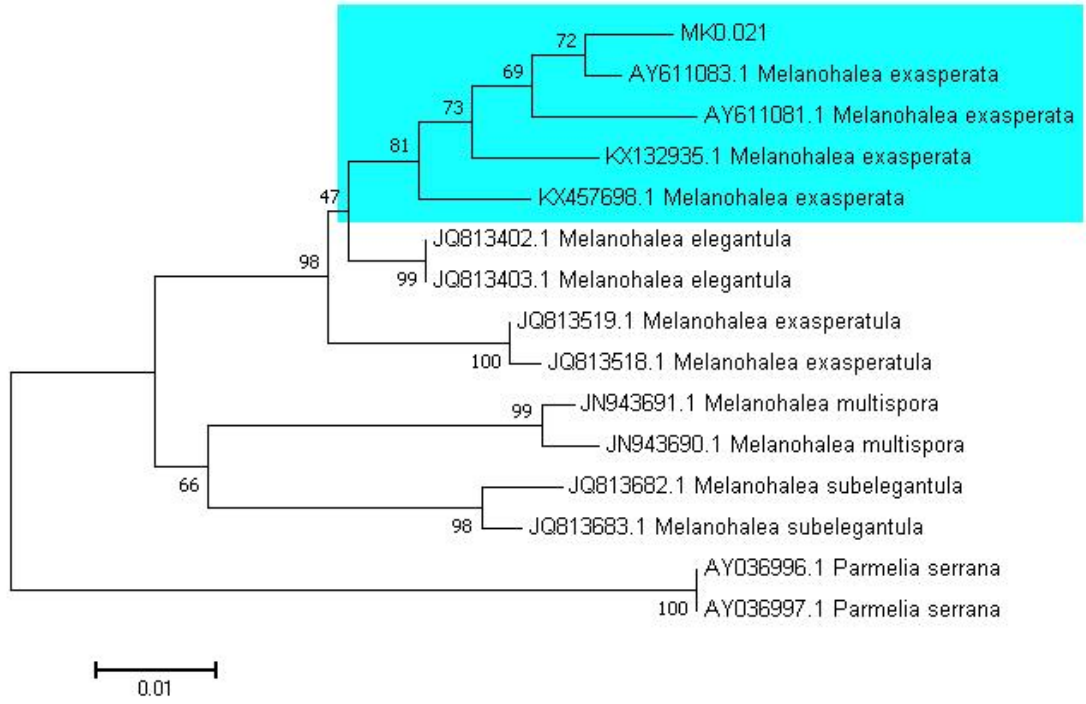
	T(U)	C	A	G	Total
MK0.020	21,4	30,7	20,2	27,7	501,0
JF831902.1 <i>Xanthoria parietina</i>	21,4	30,6	20,2	27,8	500,0
JF831900.1 <i>Xanthoria parietina</i>	21,4	30,6	20,2	27,8	500,0
JF831896.1 <i>Xanthoria parietina</i>	21,4	30,6	20,2	27,8	500,0
JF831892.1 <i>Xanthoria parietina</i>	21,4	30,6	20,2	27,8	500,0
EU360767.1 <i>Xanthoria mawsonii</i>	24,3	27,4	22,3	26,0	485,0

EU360759.1 <i>Xanthoria mawsonii</i>	24,4	27,3	22,3	26,0	484,0
AY438281.1 <i>Xanthoria calcicola</i>	20,1	31,7	19,5	28,7	502,0
AY438280.1 <i>Xanthoria calcicola</i>	20,6	31,1	19,4	28,9	501,0
AF279771.1 <i>Xanthoria elegans</i>	21,6	30,5	20,2	27,7	509,0
AF279764.1 <i>Xanthoria elegans</i>	24,2	28,3	19,5	28,0	508,0
AM292827.1 <i>Xanthoria polycarpa</i>	21,4	32,1	17,9	28,6	514,0
AM292817.1 <i>Xanthoria polycarpa</i>	21,6	31,9	17,7	28,8	514,0
KT291449.1 <i>Caloplaca chlorina</i>	22,6	30,3	19,7	27,4	456,0
HM538521.1 <i>Caloplaca chlorina</i>	23,2	31,1	19,0	26,7	505,0
Ortalama	22,0	30,3	19,9	27,7	498,6

Range 1: 1 to 782 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1363 bits(738)	0.0	769/783(98%)	5/783(0%)	Plus/Minus
Query 12	CTACCTGATCCGAGGTCA- TTATTGAAATAATGGGGTTGTCTGGCCGGCCGCGGGGCGAT	78		
Sbjct 782	CTACCTGATCCGAGGTCAATTATTGGAATAATGGGGTTGTCTGGCCGGCCGCGGGGCGAA	723		
Query 71	CTTTCAAAGCGGG-AGA- AAATTTACTACGCTTAAAGTCACTCCGGACCGCCACTGCTTT	128		
Sbjct 722	CTTTCAAAGCGGGGAGAGAAAGTTTACTACGCTTAAAGCCGCTCCGGACCGCCACTGCTTT	663		
Query 129	TCGGGCACGCCGCGGGGGCGAAGGCCAATACC- AAGCTACGCTTGAGGGGTGCAATGAC	187		
Sbjct 662	TCGGGCACGCCGCGGGGGCGAAGGCCAATACCCAAAGCTACGCTTGAGGGGTGCAATGAC	603		
Query 188	GCTCGAACAGGCATGCCCCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGAT	247		
Sbjct 602	GCTCGAACAGGCATGCCCCCCGGAATACCGAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGAT	543		
Query 248	GATTCACTGAATTTCTGCAATTACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATG	307		
Sbjct 542	GATTCACTGAATTTCTGCAATTACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATG	483		
Query 308	CTGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTTATTATTATGTTTTGACTCGGACATCAC	367		
Sbjct 482	CTGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTTATTATTATGTTTTGACTCGGACATCAC	423		
Query 368	TGATACAATGGGTTTTAATGAGCCTCTGACGGACACTCGCCGGCGGCGACGCCGGAGTGG	427		
Sbjct 422	TAATACAATGGGTTTTGATGAGCCTCTGACGGACACTCGCCGGCGGCGAAGCCGGAGTGG	363		
Query 428	GGAGACCCCAAGTCCGCCAAAAGCAACAAGGTACGGTACACAATGGGTGAAGAGGTTAG	487		
Sbjct 362	GGAGACCCCAAGTCCGCCAAAAGCAACAAGGTACGGTACACAATGGGTGAAGAGGTTAG	303		
Query 488	GGCCGAAACCCCGGAGCGCAAGCCCCCTCTCTCAGTAATGATCCTTCCGCAAGGTTCCGC	547		
Sbjct 302	GGCCGAAACCCCGGAGCGCAAGCCCCCTCTCTCAGTAATGATCCTTCCGCAAGGTTCCGC	243		
Query 548	AAAATTTCTGGGCCGGTAAACAGCCGAGGCCGGTCAATCTCAACCACCGCGGTGGCCGCC	607		
Sbjct 242	AAAATTTCTGGGCCGGTAAACAGCCGAGGCCGGTCAATCTCAACCACCGCGGTGGCCGCC	183		
Query 608	AGCGTATTGATCTGTGGACTCCAGGTGAGTGGAGCTGCTGGTTAACCCCATCGGGACCT	667		
Sbjct 182	AGCGTATTGATCTGTGGACTCCAGGTGAGTGGAGCTGCTGGTTAACCCCATCGGG-ACCT	124		
Query 668	TTCAGCACAGAATGAAGGCGTCGCCAGCCCCAAAGCGTTGGGGTGACTCGGGGCACTTGT	727		
Sbjct 123	TTCAGCACAGAATGAAGGCGTCGCCAGCCCCAAAGCGTTGGGGTGACTCGGGGCACTTGT	64		
Query 728	TTAGAGTCGCTGCGGGGCTTCCAGTAGGCAAAACCAATCACCTACGGAAACCTTGTACGA	787		
Sbjct 63	TTAGAGTCGCTGCGGGGCTTCCAGTAGGCAAAACCAATCACCTACGGAAACCTTGTACGA	4		
Query 788	CTT 790			
Sbjct 3	CTT 1			

Şekil 3.31. *Melanohalea exasperata* (MK0.021)'nin gen bankasındaki en yakın tür ile eşleşmesi



**Şekil 3.32.** *Melanohalea exasperata* türlerinin ITS gen bölgesine ait Neighbor-Soining filogenetik ağaç.

Filogenetik ağaç Neighbor-Joining metodu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.26). Toplam dal uzunluğu = 0.24660662 ile en uygun ağaç gösterilmiştir. Bootstrap testinde birlikte kümelenmiş ilişkili taksonların yinelenen ağaçlarının yüzdesi (1000 tekrar) dalların yanında gösterilir. Ağaç, filogenetik ağacı çıkarmak için kullanılan evrimsel uzaklıklarla aynı birimlerdeki dal uzunluklarıyla ölçeklendirilir. Evrimsel uzaklıklar hesaplamada Maximum Composite Likelihood yöntemi kullanılmıştır ve her alan için baz yer değiştirmelerinin birimi cinsindedir. Analiz, 15 nükleotid sekansı içermektedir. Kayıp veri ve boşlukları içeren tüm pozisyonlar elendi. En son veri kümesinde toplam 397 pozisyon vardı. Evrimsel analizler gerçekleştirilirken MEGA7 programı kullanılmıştır.

Tüm tekrarlar takson üzerinde ortalama değerleridir.

**Tablo 3.14.** Karşılaştırılan *Melanohalea exasperata* örneklerinin dizi çiftleri ve sayıları

İlgili bölge	ii	Si	sv	R	TT	TC	TA	TG	CT	CC	CA	CG
ITS gen bölgesi	457	22	8	2,56	106	9	1	1	9	128	1	1



	AT	AC	AA	AG	GT	GC	GA	GG	Top			
	1	2	106	2	1	1	2	118	487,10			

Dizilerin karşılaştırılması sonucu elde edilen ii=Identical Pairs (Aynı çiftler), si= Transitional Pairs (Transisyon oranları), sv= Transversional Pairs (Transversiyon oranları), R= si/sv oranı değerleri Tablo 3.16'da gösterilmiştir.

Diziler karşılaştırılmasından sonra 457 aynı çift elde edilmiştir. Transisyon oranı 22, transversiyon oranı 8 bulunmuştur. Transisyon oranı/transversiyon oranı olan R değeri ise 2.56 olarak bulunmuştur.

Filogenetik dendogram oluştururken kullanılan sıralı dizilerin içerdikleri her bir bazın yüzdesi ve bazların toplam sayıları ayrı ayrı her bir tür için Tablo 3.17'de verilmiştir.

**Tablo 3.15.** Karşılaştırılan örneklerin dizilerinin içerdği baz sayıları yüzdesi

	T(U)	C	A	G	Total
MK0.021	23,7	29,5	21,3	25,5	860,0
KX457698.1 Melanohalea exasperata	22,5	28,1	23,8	25,7	795,0
AY611081.1 Melanohalea exasperata	25,3	27,5	22,4	24,8	501,0
KX132935.1 Melanohalea exasperata	23,2	28,5	21,8	26,5	801,0
AY611083.1 Melanohalea exasperata	24,0	28,8	22,2	25,0	500,0
JQ813519.1 Melanohalea exasperatula	23,9	29,6	22,0	24,5	473,0
JQ813518.1 Melanohalea exasperatula	22,9	28,4	24,1	24,6	402,0
JN943691.1 Melanohalea multispora	23,9	28,5	22,1	25,5	498,0
JN943690.1 Melanohalea multispora	23,7	28,7	22,1	25,5	498,0
JQ813682.1 Melanohalea subelegantula	23,7	28,8	22,5	24,9	497,0
JQ813683.1 Melanohalea subelegantula	24,1	28,6	22,5	24,7	497,0
AY036996.1 Parmelia serrana	23,5	28,3	22,7	25,5	494,0
AY036997.1 Parmelia serrana	23,7	28,1	22,7	25,5	494,0
JQ813402.1 Melanohalea	25,6	28,0	22,3	24,1	497,0

elegantula					
JQ813403.1 Melanohalea elegantula	25,6	28,0	22,3	24,1	497,0
Ortalama	23,9	28,5	22,4	25,2	553,6





## 4. BÖLÜM

### TARTIŞMA-SONUÇ VE ÖNERİLER

Biyçeşitlilik bir ülke florasının belirlenmesinde en temel şartlardan biridir. Bu nedenle Gevne Vadisi (Konya) likenlerinin morfolojik ve anatomik karakterlerinin incelenerek deskripsiyonlarının hazırlanmasını amaçlayan ve rDNA (ITS) bölgelerinin PCR yardımıyla çoğaltılmasını ve ilgili bölgelerinin dizi analiz yöntemiyle incelenmesini, elde edilen sonuçların gen bankasından alınan diğer veriler ile birlikte değerlendirilerek türler arasındaki farklılıklar ve benzerliklerin ortaya çıkartılmasını amaçlayan bu çalışma ülkemiz biyoçeşitliliğine önemli bir katkı sağlayacaktır.

Bu çalışmada Gevne Vadisi'nden toplanmış olan yaklaşık 9 liken taksonu çalışılmıştır. Morfo-anatomik incelemeleri yapılan bu taksonların hepsinden moleküler sonuçlar alınamamıştır. Bu nedenle çalışmamızda morfo-anatomik incelemeleri yapıldıktan sonra moleküler sonuçları alınan taksonlara yer verilmiştir.

Tablo 3.1' de morfolojik, anatomik ve moleküler dizi analizi sonuçları elde edilen 9 taksonun sistematik pozisyonları gösterilmiştir. 5 farklı likenleşmiş mantar sınıfına ait 7 farklı cins olmak üzere toplam 9 takson gösterilmiştir.

MEGA 7.0 programı ile Neighbor Joining yöntemi kullanılarak elde edilen verilerle her cins için ayrı bir filogenetik dendogramlar oluşturulmuştur. Bu dendogramların oluşturulması sırasında Gen bankasından çalışılan örneklerle ilişkili olan türlerden bazıları kullanılmıştır. Gen bankasından alınan türler ile çalışmamızda kullandığımız türler genel olarak birbirleriyle uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir.

*Acarospora cervina* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK 0.443 ve MK0.229 numaralı örnekler ile Gen bankasından alınan *Acarospora* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken örnekleri ise *A. cervina* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Lecidea atrobrunnea* liken türü kullanılmıştır.

*Myriolecis semipallida* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK0.254 numaralı örnek ile Gen bankasından alınan *Myriolecis* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken örnekleri ise *M. semipallida* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Parmelina tiliacea* liken türü kullanılmıştır.

*Toninia sedifolia* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK0.523 numaralı örnek ile Gen bankasından alınan *Toninia* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken örnekleri ise *T. sedifolia* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Lobothallia pruinosa* liken türü kullanılmıştır.

*Caloplaca cerina* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK0.012 numaralı örnek ile Gen bankasından alınan *Caloplaca* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken örnekleri ise *C. cerina* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Xanthoria mawsonii* liken türü kullanılmıştır.

*Lecanora rupicola* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK0.010 ve MK0.017 numaralı örnekler ile Gen bankasından alınan *Lecanora* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken

örnekleri ise *L. rupicola* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Parmelina tiliacea* liken türü kullanılmıştır.

*Xanthoria parietina* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK0.020 numaralı örnek ile Gen bankasından alınan *Xanthoria* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken örnekleri ise *X. parietina* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Caloplaca chlorina* liken türü kullanılmıştır.

*Melanohalea exasperata* liken türü için yapılan NJ dendogramında çalışılmış olan MK0.021 numaralı örnek ile Gen bankasından alınan *Melanohalea* cinsinde bulunan türler uyumlu bir şekilde dallanma göstermiştir. Çalışılan liken örnekleri ise *M. exasperata* türleri ile eşleşerek birlikte dallanma göstermişlerdir. Bunun yanısıra Gen bankasından alınmış olan diğer liken türleri de kendi aralarında uyumlu bir şekilde dallanma göstermişlerdir. Dış grup olarak ise *Parmelia serrana* liken türü kullanılmıştır.

*Acarospora cervina* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 750 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 676'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 402 (C), değişken nükleotit sayısı ise 250 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 158'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

*Myriolecis semipallida* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 650 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 522'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 364 (C), değişken nükleotit sayısı ise 151 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 121'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

*Toninia sedifolia* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 800 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 695'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 257 (C), değişken nükleotit sayısı ise 332 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 217'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

*Caloplaca cerina* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 1000 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 893'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 588 (C), değişken nükleotit sayısı ise 264 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 186'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

*Lecanora rupicola* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 600 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 510'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 366 (C), değişken nükleotit sayısı ise 138 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 105'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

*Xanthoria parietina* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 650 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 529'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 338 (C), değişken nükleotit sayısı ise 189 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 162'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

*Melanohalea exasperata* liken türlerinde, ITS bölgesinin uzunluğu yaklaşık olarak 1000 bp olarak gözlemlenmiştir. ITS bölgesinden elde edilen sıralanabilir nükleotit sayısı 912'dir. Sıralanabilir bu bölgelerin sabit nükleotit sayısı 694 (C), değişken nükleotit sayısı ise 108 (V) olarak tespit edilmiştir. Değişken bu nükleotitlerden 105'sinin parsimoni informatif olduğu görülmektedir.

Çalışılmış olan liken örneklerinden bir tanesi yakın zamanda yeni bir cinsle aktarılmış bulunmaktadır. Gen bankası verilerinde henüz yeni cins ismi ile girilmiş veri olmadığı için eski bulunduğu cins adına sahip olan veriler alınarak kullanılmıştır. *Myriolecis semipallida* örneğinde olduğu gibi eski cins ismi *Lecanora*'dır. Fakat yeni

cins ismi ile Gen bankasında veriler bulunmadığı için eski adı (sinonimi) *Lecanora semipallida* olan örnekler kullanılmıştır.

Biyçeşitlilik içerisinde likenler oldukça önemli bir yer kaplamaktadır. Zengin tür çeşitliliğine sahip olması ile biyçeşitliliğin en önemli kaynaklarından birini likenler oluşturmaktadır. Bu nedenle likenler üzerine yapılacak biyçeşitlilik çalışmaları son derece önemlidir. Ülkemizde yapılan biyçeşitlilik çalışmalarının çoğu morfolojik ve anatomik seviyede ki inceleme ile yapılmaktadır. Sistematik sınıflandırma da morfolojik ve anatomik karakterler temel olarak kullanılsa da çevresel etkenler gibi bazı etkenler ile değişikliğe uğramaları son derece muhtemeldir. Bu nedenle morfo-anatomik karakterlerin yanısıra moleküler düzeyde yapılan çalışmaların da kullanılması daha kesin ve daha doğru sonuçların alınması için kaçınılmazdır.

Bu çalışmada, rDNA ITS bölgeleri, PCR yardımı ile ITS1F ve ITS4 primerleri kullanılarak çoğaltılmıştır. Çoğaltılan ürünlerin DNA dizileri sekans analiz yöntemi kullanılarak belirlenmiştir. Daha sonra dizileri belirlenen türler ile gen bankasından alınan diğer türler arasındaki evrimsel akrabalık ve yakınlık derecelerine bakılmıştır ve sistematik basamaktaki yerleri daha kesin bir şekilde belirlenmiştir. Sonuç olarak, organizmaların tür düzeyinde sistematik kategorilerin belirlenmesinde, birbirleriyle olan bağlantılarının belirlenmesinde ve evrimsel akrabalıkların belirlenmesinde yeterli veriler sunan rDNA ITS gen bölgelerinin bu tip çalışmalar için uygun olduğu sonucuna varılmıştır.

Ülkemiz biyçeşitliliği açısından moleküler sistematik çalışmaların yapılması son derece büyük bir öneme sahiptir. Bu ve benzeri çalışmaların sayısı arttıkça ülkemiz liken biyçeşitliliği daha doğru ve kesin bir şekilde belirlenecektir.

## KAYNAKLAR

1. Hodkinson, B., Lutzoni, F., A microbiotic survey of lichen-associated bacteria reveals a new lineage from the Rhizobiales, *Symbiosis*, 49, 163–180, 2009.
2. Selbmann, L., Zucconi, L., Ruisi, S., Grube, M., Cardinale, M., Onofri, S., Culturable bacteria associated with Antarctic lichens: affiliation and psychrotolerance, *Polar Biology*, 33: 71–83, 2010.
3. Yıldırım A., Kerim G., *Bitki Biyolojisi Botanik*, Palme Yayıncılık, Ankara 2006.
4. Ahmadjian V. *The Lichen Symbiosis*, Wiley, 1-264, New York 1993.
5. Ahmadjian, V., Lichens are more important than you think, *Bioscience*, 45: 123–124, 1995.
6. Kence, A., Türkiye'nin biyolojik zenginlikleri, 2005, <http://www.cevre.org>, (ErisimTarihi: 01.07.2017).
7. Yıldız, A., Yurdakulol, E, *Likenler Tabiat ve İnsan*, p. 6–11, 2002.
8. Hodkinson, B., Lutzoni, F., A microbiotic survey of lichen-associated bacteria reveals a new lineage from the Rhizobiales, *Symbiosis*, 49, 163–180, 2009.
9. Hale, M.E., *The Biology of Lichens In: Contemporary Biology*, Editors, E. J. W., Bornington, F. R. S. and Wills, Clowe Sons, London, 1974.
10. Brodo, I.M., Sharnoff, S.D., Sharnoff, S., *Lichens of North American*, Yale University Press, New Haven and London, 2001.
11. Zeybek U., Jhon V., *Likenler, Kimyasal Bileşikleri ve Tıbbi Kullanımları*, *Pharmacia –JTPA* , 32(1) : 37-48, 1992 ,
12. Hawksworth, D.L., The variety of fungal-algal symbioses, their evolutionary significance, and the nature of lichens, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 96: 3–20, 1988.
13. Graham E.L., Graham M.J., Wilcox W.L., *Bitki Biyolojisi, Çev.: Kani Işık*, Palme Yayıncılık, Ankara 2004.
14. Dayan, F.E., Romagni, J.G., Lichens as a potential source of pesticides, *Pesticide Outlook*, 12: 229–232, 2001.

15. Molnár, K., Farkas, E., Current Results on Biological Activities of Lichen Secondary Metabolites, Verlag der Zeitschrift für Naturforschung, 65: 157–173, 2010.
16. Cansaran D.D , Farklı Liken Örneklerindeki Usnik Asit Miktarlarının Yüksek Basınçlı Sıvı Kromatografisi (HPLC) Yöntemi İle Belirlenmesi Antimikrobiyal Aktiviteleri, Türk Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi, 64(3): 17-21, 2007.
17. Ahmadjian, V., Hale, M.E., The Lichens, Academic Press, New York, 1973.
18. İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi, İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi, dergipark.ulakbim.gov.tr , (ET: 05.06.2017)
19. Güner, H., Likenlerin Biyoloji ve Ege bölgesinde Bulunan Bazı Türleri, Ege Üniversitesi Kitaplar Serisi, 92, s.4-9, Türkiye.
20. John, V., Lichenological studies in Turkey and their relevance to environmental interpretation, Abstract book, XI OPTIMA meeting 5., Belgrad: 45–11.9.2004.
21. Halıcı, M.G., Hawksworth, D., Aksoy, A., Contributions to Lichenized and Lichenicolous Fungal Biota of Turkey, Mycotaxon, 102: 403-414, 2007.
22. Lumbsch, H.T., Analysis of Phenolic Products in Lichens for Identification and Taxonomy. Protocols in Lichenology, Part of the series Springer Lab Manuals, p. 281–295, 2002.
23. Arup, U., Ekmana, S., Lindblom, L., Mattsson, J.E., High performance thin layer chromatography (HPTLC), an improved technique for screening lichen substances, The Lichenologist, 25: 1, 61–71, 1993.
24. Guzow, B., Gamiak, M.K., Wegrzyn, G., Molecular determination keys: construction of keys for species identification based on restriction fragment, 2001.
25. Rambold, G., Triebel, D., The inter-lecanoralean associations, Bibliotheca Lichenologica, 48, 3-201, 1992.
26. White, T.J., Bruns, T., Lee, S., Taylor, J., Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics, Academic Press, 315–322, New York, 1990.
27. Candan, M., Halıcı, M.G. Seven new records of lichenicolous fungi from Turkey. Mycotaxon, 104: 241-246, 2008.
28. Çobanoğlu, G., Yavuz, M. Lichen Records from Afyonkarahisar and Isparta Provinces, Turkish Journal of Botany, 30: 467-476, 2006.

29. Kabaoğlu, A., Türkiye’de Bulunan Hypogymnia (Nyl.) Nyl. Türlerinde rDNA ITS Bölgesi Dizi Analizi ile Çeşitliliğin Tanımlanması, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, 2007.
30. Özdemir T.A., Halıcı, M.G., Candan, M., Yavuz, Y., The lichenized fungus genus *Peltigera* in Turkey, *Biological Diversity and Conservation*, 8: 2, 146–156, 2015.
31. Halıcı, M.G., Vondrak, J., Demirel, R., Ceylan, A., Candan, M., Teloschistaceae (Lichenized Ascomycetes) In Turkey, Some Poorly Known Taxa, Supported By Molecular Data, *Nova Hedwigia*, 98: 449–458, 2014.
32. Şenkardeşler, A., Preliminary work of a Synopsis of the Genus *Usnea* in Turkey, Symposium, Asilomar, CA, 64: 13–19, USA, 2008.
33. Başaran, E., Türkiye’de Yayılış Gösteren Bazı Lecidea liken türlerinin rDNA ITS Bölgelerinin Dizi Analizi Yöntemi İle Tanımlanması, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, 2010.
34. Kocakaya, M., Halıcı, M.G., Bodas, R.P., New or additional cladoniicolous fungi for Turkey, *Turkish Journal Of Botany*, 40, 2016.
35. Kocakaya, Z., Türkiye’de Yayılış Gösteren *Candelariella* Müll. Arg. Türlerinin Morfo-Anatomik Karakterleri ve Multilokus Moleküler Sekans Analizleri İle Modern Revizyonu, Doktora tezi, 2016.
36. Aras, S., Cansaran, D., Isolation of DNA for Sequence Analysis from Herbarium Material of Some Lichen Specimens, *Turkish Journal of Botany*, 30: 449–453, 2006.
37. Cansaran, D., Aras, S., Kandemir, İ., Halıcı, M.G., Phylogenetic Relations of *Rhizoplaca* Zopf. From Anatolia Inferred from ITS Sequence Data, *Zeitschrift für Naturforschung*, 61: 405–412, 2006.
38. Ayrım, A., Türkiye’de Bulunan Bazı *Ramalina* (Ach.) Türlerinin rDNA ITS Bölgesi Dizi Analizi ile Filogenetik Analizi, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, 2006.
39. Arup, U., Vondrák, J., Halıcı, M.G., *Parvoplaca nigroblastidiata*, a new corticolous lichen (Teloschistaceae) in Europe, Turkey and Alaska, *The Lichenologist*, 47 (6): 379–385, 2015.
40. Vondrák, J., Halıcı, M.G., Güllü, M., Demirel, R., Taxonomy of the genus *Athallia* and its diversity in Turkey, *Turkish Journal of Botany*, 2016.



41. Hodkinson, B., Lutzoni, F., A microbiotic survey of lichen-associated bacteria reveals a new lineage from the Rhizobiales, *Symbiosis*, 49, 163–180, 2009.
42. Mullis, K.B., Faloona, F.A., Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalysed chain reaction, *Methods in Enzymology*, 155: 355–350, 1987.
43. Erlich, H. A., *PCR Technology*, Stockton Press, NY, 1989.
44. Weissing, K., *DNA Fingerprinting Plants and Fungi*, CRC Press, USA, 1995.
45. Schmitt, I., Crespo, A., Divakar, P.K., et al., New primers for promising single-copy genes in fungal phylogenetics and systematics, *Persoonia*, 23: 35–40, 2009.
46. Zülal, A., İnsan Genomu, kalıtım şifresinin peşinde 136 yıl, *Tübitak Yayınları*, Mart;5-11,2001.
47. Saitou, N., İmanishi, T., Relative efficiens of the Fitch-Margoliash, Maximum Parsimony, Maximum-Likelihood, Minimum-Evolution and Neighbour-Joining methods of phylogenetic tree construction in obtaining the correct tree, *Molecular Biology and Evolution*, 6: 514–525, 1989.
48. Mount, D., *Bioinformatics*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, *Phylogenetic prediction*, 281–324, New York, 2001.
49. Freeman, S., Herron, J.C., et al., *Evrimsel Analiz*, Palme Yayıncılık, 28–29: 438–449, 1999.
50. DePriest, P.T., Early Molecular Investigations of Lichen– Forming Symbionts, *Annual Review of Microbiology*, 58: 273–301, 2004.
51. Gargas, A., Taylor, J.W., Polymerase chain reaction (PCR) primers for amplifying and sequencing 18S nrDNA from lichenized fungi, *Mycologia*, 84: 589–592, 1992.
52. Gardes, M., Bruns, T.D., ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts, *Molecular Ecology*, 2: 113–118, 1993.
53. Myllys L., Lohtander K., et al., Sequence Insertion and ITS Data Provide Congruent Information on *Roccellacanariensis* and *R.tuberculata* (Arthoniales, Euascomycetes) Phylogeny, 295-309, 1999.

54. Printzen, C., Molecular Phylogenetic and Evolution Molecular Evidence for the Diversification of Extant Lichens in the Late Cretaceous and Tertiary, 379-387, 2000.
55. Thell, A., Stenroos, S., et al., Phylogeny of cetrarioid lichens (Parmeliaceae) inferred from ITS and B-tubulin sequences, morphology, anatomy and secondary chemistry. *Mycological Progress*, 1 (4): 335–354, 2002.
56. Blanco, O., Crespo, A., et al., *Melanelixia* and *Melanohalea*, two new genera segregated from *Melanelia* (Parmeliaceae) based on molecular and morphological, 873-884, 2004.
57. Wedin, M., Wiklund, E., et al., Phylogenetic relationships of Lecanoromycetes (Ascomycota) as revealed by analyses of mtSSU and nLSU rDNA sequence data, *Mycological Research*, 109: 1–14, 2005.
58. Sérusiaux, E., Goffinet, B., Miadlikowska, J., phylogeny and biogeography of the lichen genus *Peltigera* in Papua New Guinea, *Fungal Diversity, Taxonomy*, 38: 185–224, Vitikainen, 2009.
59. Šoun, J., Vondrák, J., et al., Taxonomy and phylogeny of the *Caloplaca cerina* group in Europe, *The Lichenologist*, 43: 113–135, 2011.
60. Francesco, D.G., Beck, A., Molecular phylogeny and symbiotic selectivity of the green algal genus *Dictyochloropsis*, (Trebouxiophyceae), polyphyletic and wide spread group forming photobiont lichen family Lobariaceae, 2014.
61. Zhao X., et al., Towards a revised generic classification of lecanoroid lichens (Lecanoraceae, Ascomycota) based on molecular, morphological and chemical evidence, *Fungal Diversity*, p. 293-304, 2016.
62. Gueidan, C., Aptroot A., et al., Molecular phylogeny of the tropical lichen family Pyrenulaceae: contribution from dried herbarium specimens and FTA card sample, 2016.
63. Miadlikowska, J., Kauff F., et al. New insights into classification and evolution of the Lecanoromycetes (Pezizomycotina, Ascomycota) from phylogenetic analyses of three ribosomal RNA- and two protein-coding genes, 2017.
64. Wirth, V., *Die Flechten Baden–Württembergs, Teil 1*, Eugen Ulmer GmbH & Co., Stuttgart, Germany, 1995.
65. Purvis, O.W., Coppins, B.J., Hawksworth, D.L., James, P.W., Moore, D.M., *The Lichen Flora of Great Britain and Ireland*, Natural History Museum Publications, London, 2002.

66. Westberg, M., et al., Candelariella Lichen flora of the Greater Sonoran Desert Region, 46–53, Arizona State University, 2004.
67. [www.qiagen.com/handbooks](http://www.qiagen.com/handbooks) (Eriřim tarihi: 01.12.2017)
68. <http://www.mikrobiyoloji.org/> (Eriřim tarihi: 15.12.2017)
69. Halıcı, M.G., A key to the lichenicolous Ascomycota (including mitosporic fungi) of Turkey, Mycotaxon, 104, 253-286, 2008.
70. Yazıcı, K., Trabzon İli Akçaabat Yöresi Likenleri, Turkish Journal of Botany, 19: 277-279, 1995.
71. <http://www.discoverlife.org/> (Eriřim tarihi: 01.12.2017)
72. <http://www.eol.org/> (Eriřim tarihi : 10.12.2017)

## ÖZGEÇMİŞ

1992 yılında Erzurum’da doğan Rabiye ÖRNEK, orta ve lise öğrenimini sırasıyla Cumhuriyet İlköğretim Okulu ve Gebze Lisesi’nde tamamlamıştır. 2010 yılında kazandığı Bozok Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümünü 2014 yılında ikincilikle bitirmiştir.

2015 yılında yüksek lisans eğitimine Bozok Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında başlamıştır. Yrd. Doç. Dr. Mustafa KOCAKAYA danışmanlığında hazırladığı “**Gevne Vadisinden (Konya-Antalya) Toplanan Bazı Liken Örneklerinin Moleküler Yönden İncelenmesi**” başlıklı tezini yürütmektedir.

### İletişim Bilgileri

Adres: Bozok Üniversitesi FEF Biyoloji Bölümü Divanlı Yolu 10. km. 66100  
YOZGAT

Telefon:05532559225

E-posta: rabia.ornek66@gmail.com