

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

**PEROKSİDAZ GEN MARKÖRLERİ KULLANARAK BAZI BİBER
TÜRLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZIRLAYAN: Rıfat AKYAVUZ
DANIŞMAN: Doç. Dr. Mehtap YILDIZ

VAN-2018

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

**PEROKSİDAZ GEN MARKÖRLERİ KULLANARAK BAZI BİBER
TÜRLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZIRLAYAN: Rıfat AKYAVUZ

Bu çalışma YYÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığı tarafından FYL-2016-5521
No'lu proje olarak desteklenmiştir

VAN-2018

KABUL VE ONAY SAYFASI

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda Doç. Dr. Mehtap YILDIZ danışmanlığında, Rifat AKYAVUZ tarafından sunulan “Peroxidaz Gen Markörleri Kullanarak Bazı Biber Türlerinde Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi” isimli bu çalışma Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği'nin ilgili hükümleri gereğince 28/06/2018 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği / oy çokluğu ile başarılı bulunmuş ve Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Doç. Dr. Mehtap YILDIZ.

İmza: 


Üye: Doç. Dr. Faheem Shahzad BALOCH

İmza: 

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Çeknas ERDİNÇ

İmza: 

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun 22/07/2018 tarih ve 2018/30-I sayılı kararı ile onaylanmıştır.


Doç.Dr.Serhat KARACA İmza
Enstitü Müdür Yrd. Enstitü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

(İmza)

Rıfat AKYAVUZ

ÖZET

PEROKSİDAZ GEN MARKÖRLERİ KULLANARAK BAZI BİBER TÜRLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

AKYAVUZ, Rıfat
Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı
Tez Danışmanı: Doç. Dr. Mehtap YILDIZ
Haziran 2018, 55 sayfa

Capsicum, Dünya'nın farklı alanlarındaki çeşitli kullanımlarının bulunması nedeni ile en fazla çeşitliliğe sahip cinslerden biridir. Türkiye'de geniş ve fenotipik olarak çeşitlilik gösteren biber gen kaynağı ülke genelinde lokal üreticiler tarafından geleneksel olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada, Türkiye'nin farklı bölgelerine ait 71 biber genotipinde genetik çeşitliliği ve populasyon yapısını belirlemek için peroksidaz gen polimorfizmi (POGP) markörleri kullanılmıştır. Bu amaçla 14 peroksidaz primer çifti kullanılmıştır. Tüm gen kaynağı koleksiyonunda ~ % 85.6'sı polimorfik olan 139 bant (ortalama=9.9 bant/primer) elde edilmiştir. Polimorfizm bilgi içerik ortalama değeri (PIC) 0.75 bulunmuş ve bu değerler 0.48 ile 0.97 arasında değişim göstermiştir. Çalışmamızda kullanılan üç kümeleme metodu da (unweighted pair-group method with arithmetic means, principal coordinate analysis, and STRUCTURE) tüm *C. annuum* genotiplerini *C. frutescens* ve *C. chinense* genotiplerinden açık bir şekilde ayırmıştır. Kümeler, genotipler ve coğrafik orijinleri arasında bir bağlantı kurmamıştır. Bu çalışma, ülkemizin farklı bölgelerine ait biber genotiplerinde peroksidaz gen polimorfizmine dayalı genetik çeşitlilik yoluyla populasyon yapısını araştıran ilk çalışmadır. Bu çalışmanın sonuçlarının Türkiye ve Dünya'da yeni biber çeşitlerinin elde edilmesine temel oluşturacağına inanmaktayız.

Anahtar kelimeler: *Capsicum annuum* L., Genetik çeşitlilik, Peroksidaz gen markörleri, Populasyon yapısı.



ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY IN SOME *CAPSICUM* SPECIES USING PEROXIDASE GENE MARKERS

AKYAVUZ, Rifat
M.Sc.Thesis, Agricultural Biotechnology
Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Mehtap YILDIZ
June 2018, 55 pages

Capsicum is thought as one of the most diverse and significant genera due to its varied uses in different parts of the world. In Turkey, a broad and phenotypically diverse pepper germplasm collection has been traditionally used by local producers throughout the country. In this study, we worked with a total of 71 pepper genotypes from different locations of Turkey to investigate the level of their diversity by using the peroxidase gene polymorphism (POGP) markers to reveal their population structure. For this purpose, 14 peroxidase primer pairs were used. They produced 139 bands (mean=9.9 bands/primer), of which ~85.6% were polymorphic in the all germplasm collection. Polymorphism information content (PIC) ranged between 0.48 and 0.97 with an average of 0.75. Using three clustering methods (unweighted pair-group method with arithmetic means, principal coordinate analysis, and STRUCTURE) revealed a clear separation of all the *C. annuum* accessions from *C. frutescens* and *C. chinense* accessions in our study. Clusters did not establish an association between the accessions and their geographical origin. This is the first study exploring the population structure through the genetic diversity of Turkish peppers from different regions of the country based on the peroxidase gene markers. We believe that the results of this study will provide a basis for the development of new and improved pepper varieties in Turkey and the world.

Key words: *Capsicum annuum* L., Genetic diversity, Peroxidase gene markers, Population structure



ÖN SÖZ

Bu tez çalışmasında, her türlü bilgi ve yardımlarını esirgemeyen ve bana her türlü desteği sağlayan danışman hocam Sayın Doç. Dr. Mehtap YILDIZ'a saygı ve teşekkürlerimi sunarım. Tez verilerimin analizinde destek sağlayan ayrıca tezimin her aşamasında benden yardımını esirgemeyen Dr. Öğr. Üyesi Bilgin TAŞKIN ve Arş. Gör. Metin KOÇAK'a teşekkürlerimi sunarım. Biber genetik kaynaklarını bizimle paylaşan Dr. Davut KELEŞ ve Alata Bahçe Kùltürleri Araştırma Enstitüsüne teşekkür ederim. Tez jürimde yer alan ve değerli katkılarını sunan sayın Doç. Dr. Faheem Shehzad BALOCH ve Dr. Öğr. Üyesi Çeknas ERDİNÇ'e teşekkür ederim. Çalışma sürecinde gösterdikleri sabır, anlayış ve destekleri için sevgili eşim Selda AKYAVUZ'a ve oğlum Ahmet Said AKYAVUZ'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmaya FYL-2016-5521 nolu proje ile destek veren Yüzüncü Yıl Üniversitesi BAP Koordinasyon Birimine teşekkür ederim.

2018

Rıfat AKYAVUZ



İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖN SÖZ.....	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
ÇİZELGELER LİSTESİ	ix
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR	xiii
EKLER DİZİNİ	xv
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ	7
2.1. Biberlerde Genetik Çeşitlilik ile İlgili Yapılan Çalışmalar	7
2.2. Peroksidaz Gen Polimorfizm (POGP) Markırları ile İlgili Yapılan Çalışmalar..	13
3. MATERYAL VE YÖNTEM	16
3.1. Materyal.....	16
3.1.1. Bitkisel materyal.....	16
3.1. Yöntem	17
3.1.1. Bitkilerin yetiştirilmesi	17
3.2.2. Genomik DNA izolasyonu	18
3.2.3. DNA izolasyon protokolü.....	18
3.2.4. DNA miktarı ve kalitesi.....	19
3.2.5. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR/PCR).....	20
3.2.6. Agaroz jel elektroforezi	22
3.2.7. Verilerin değerlendirilmesi.....	23
3.2.8. Popülasyon yapısı analizi	23
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	24
5. SONUÇ.....	34
KAYNAKLAR.....	36

ÖZ GEÇMİŞ.....	41
EKLER	42



ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge	Sayfa
Çizelge 1.1. Dünya biber üretiminin dağılımı.....	3
Çizelge 3.1. Tez çalışmasında kullanılan 71 Capsicum genotip/çeşit numarası ve özellikleri.....	16
Çizelge 3.2. <i>Capsicum</i> tür/genotiplerinden izole edilen genomik DNA örneklerinin Nanodropta ölçülen konsantrasyonları.....	19
Çizelge 3.3. Tez çalışmasında kullanılan POGP primerleri, baz dizilimleri ve yapışma sıcaklığı.....	21
Çizelge 3.4. POGP markır tekniğinde kullanılan polimeraz zincir reaksiyonu bileşeni	22
Çizelge 3.5. POGP markır tekniği için kullanılan PZR döngüsü.....	22
Çizelge 4.1. <i>Capsicum</i> genotiplerinde taranan 14 POX primerin sekans dizilimi, Polimorfizm oranı ve PIC değeri.....	26
Çizelge 4.2. Structure analizinde hesaplanan Delta K değeri.....	32

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil		Sayfa
Şekil 1.1.	<i>Capsicum</i> türlerinin filogenetik ilişkisi.....	2
Şekil 4.1.	POX1 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	27
Şekil 4.2.	POX 11 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	27
Şekil 4.3.	POX10FdRe primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	27
Şekil 4.4.	POX5 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	27
Şekil 4.5.	POX6 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	28
Şekil 4.6.	POX9 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	28
Şekil 4.7.	POX10 FbRe primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	28
Şekil 4.8.	POX10 FcRe primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.....	28
Şekil 4.9.	POX verileri kullanılarak UPGMA metoduna göre oluşturulan dendrogram.....	30
Şekil 4.10.	POX verileri kullanılarak PCoA yöntemine göre oluşturulan kümelenme.....	31
Şekil 4.11.	Çalışmada kullanılan 71 biber genotipinin Genetik Yapı Analiz şeması (K=2).....	32



SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış bazı simgeler ve kısaltmalar, açıklamaları ile birlikte aşağıda sunulmuştur.

Simgeler

Açıklama

°C

Derece

dk

Dakika

M

Molar

ml

Mililitre

mM

Milimolar

ng

Nanogram

µl

Mikrolitre

rpm

Dakikadaki devir sayısı

sn

Saniye

Kısaltmalar

Açıklama

At

Bağlanma Sıcaklığı

AFLP

Amlified Fragment Length Polymorphic

BSA

Sığır serum albümin

CTAB

Cetyl Trimethyl ammonium Bromide

DNA

Deoksiribonükleikasit

dNTP

Deoksinükleotitfosfat

dH₂O

Distile Su

EDTA

Ethylene diamino tetra acetic acid

H₂O

Su

H₂O₂

Hidrojen peroksit

ISSR

Inter Simple Sequence Repeat

K

Popülasyon Numaralandırılması

MgCl₂	Magnezyum klorür
NaCl₂	Sodyum klorür
NGS	Yeni Nesil Dizileme
PB	Presipitasyon Tamponu
PCoA	Temel Koordinat Analizi
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
pH	Power Of Hydrogen
PIC	Polymorphic Information Content
POX	Peroksidaz
POGP	Peroksidaz gen polimorfizmi
P%	Yüzdellik Polimorfizm
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
SRAP	Sequence Related Amplified Polymorphism
SSR	Simple Sequence Repeat
STS	Sequence Tagged Site
Taq	Thermus aquaticus
Taq DNA Polimeraz	Termo Stabil DNA Polimeraz Enzimi
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with
AM	Arithmetic Mean
UV	Ultraviyole

EKLER DİZİNİ

Ekler	Sayfa
Ek 1. POX Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu.....	42-55



1. GİRİŞ

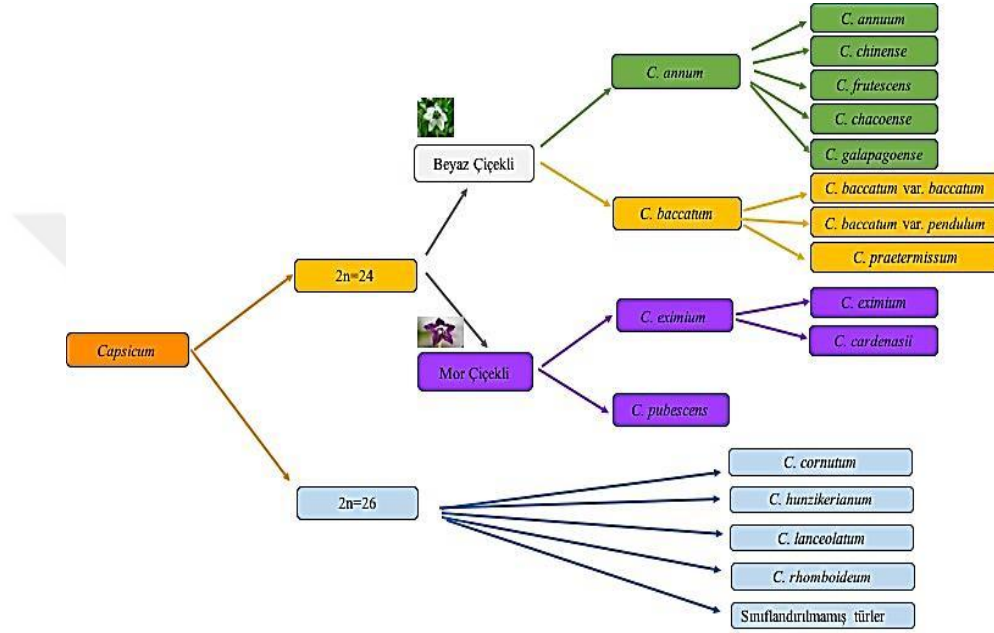
Biber (*Capsicum annuum* L.) anavatanı Orta ve Güney Amerika olan ekonomik anlamda dünya genelinde önemli yer tutan sebze türlerinden biridir. Biber dünyanın farklı bölgelerinde yaygın olarak yetiştirilmekte ve değişik şekillerde yoğun olarak tüketilmektedir. Biberin uzun sivri, dolmalık, çarliston, iri kare ve konik olmak üzere değişik meyve tipleri mevcuttur. Biberin ülkemizde kırmızı toz ve pul biber, turşu, biber salçası, taze ve dondurulmuş olarak değişik şekillerde kullanımı mevcuttur. Ayrıca, ilaç yapımında ham madde ve süs bitkisi olarak da kullanılmaktadır (Keleş, 2007).

Capsicum cinsi Solanaceae familyasına mensuptur ve yaklaşık 30 türü kapsadığı bildirilmektedir. Bu türler içinde *Capsicum annuum* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum frutescens* L., *Capsicum baccatum* L., ve *Capsicum pubescens* Ruiz ve Pav. kültüre alınan beş önemli türüdür. *Capsicum* cinsleri çiçek, meyve yapısı ve kromozom sayısı ($2n=24, 26$) gibi özellikler ile sınıflandırılmışlardır. *Capsicum* türlerinin yabani ataları tam olarak bilinmemesine karşın $2n=26$ kromozom sayısı ilkel sınıfı temsil etmekte, bazı yabani türler ve kısmen kültüre alınmış türler $2n=24$ kromozom sayısına sahiptir (Walsh ve Hoot, 2001; Djian-Caporilano ve ark. 2007). Yabani türler küçük, kırmızı, dik meyvelere sahiptir ve parlak meyve rengi kuşları çekerek tohumların yayılmasını sağlamaktadır. Kültür süreci boyunca ıslahçılar meyve boyutu ve ağırlığının artırılması için seleksiyon yapmışlar ve meyve morfolojisi dikten sarkığa doğru değişmiştir (Paran ve van der Knaap, 2007).

Coğrafik orijin, morfolojik özellikler, üreme şekli, karyotip analizi, biyokimyasal ve moleküler markör bilgileri temeline göre *Capsicum* türleri *C. annuum*, *C. baccatum* ve *C. pubescens* olarak üç ana komplekse gruplanmıştır. Bu kompleks gruplar iki ana fenotipik dalda organize olmuşlardır; beyaz çiçekli grup (*C. annuum* ve *C. baccatum*) ve mor çiçekli grup (*C. pubescens*) (Şekil 1.1.; Wahyuni ve ark. 2013). *C. annuum*, *C. frutescens* ve *C. chinense*'den oluşan *C. annuum* kompleksi kendi aralarında tozlanabilir ve muhtemelen ortak bir atadan türemişlerdir. Yabani *C. annuum* var. *glabriusculum* (Dunal) Heiser Pickersgill büyük bir ihtimalle kültür türü olan *C. annuum*'un atasıdır. *C. chinense*'nin *C. frutescens*'den geliştiği düşünülmektedir. *C.*

baccatum kompleksi kültür türlerinden *C. baccatum* var. *pendulum* ve yabancı tür *C. baccatum* var. *baccatum* ve *C. praetermissum*'u içermektedir (Wahyuni ve ark. 2013).

Andrews (1999), biberin Orta Amerika'dan Hindistan'a buradan Arap Yarımadasına girdiğini daha sonra Bağdat ve Antakya üzerinden İstanbul'a getirildiğini ve buradan 1515-1662 yılları arasında Rusya, Venedik ve Orta Avrupa'ya yayıldığını bildirmiştir.



Şekil 1.1. *Capsicum* türlerinin filogenetik ilişkisi (Wahyuni ve ark. 2013).

Sebze tüketimi sağlık açısından önemlidir. Dünya Sağlık Örgütü (WHO) ve Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Organizasyonu (FAO) günlük en az 400 g meyve ve sebze tüketimini önermekte ve yeterli miktarda sebze ve meyve alımının mikro besin yetersizliklerinin önlenmesine katkıda bulunacağını bildirmektedir. *Capsicum*'un dünyada yaygın olarak yetiştirilmesinin sebebi beslenme, kozmetik ve faydalı özellikleridir (Bosland, 1996). *Capsicum* meyveleri kapsaisinoidler, karotenler (provitamin A), flavonoidler, askorbik asid (C Vitamini) ve tokoferollerin (E Vitamini) zengin bir kaynağıdır. Metabolitlerin kompozisyonu ve miktarı genotipler arasında farklılık gösterir ve meyve olgunluğu, yetiştirme sistemi ve işleme metotları gibi birçok koşuldandır etkilenmektedir. Bu metabolitlerin bazılarının varlığı farklı biyotik/abiyotik strese karşı korunma mekanizmasında görev yapmaktadır (Wahyuni ve ark., 2013).

Biber besin içeriği bakımından oldukça zengindir. 100 g taze yeşil tatlı biberde 92.6 g su, 4.2 g karbonhidrat, 29 kalori, 0.2 g yağ, 1.4 g selüloz, 1.1 g protein, A, B1, B2, C vitaminlerince zengin ve P ve K vitaminleri de bulunmaktadır (Günay, 2005; Keleş 2007).

Dünya biber üretimi yaklaşık 2 milyon hektar alanda 32 milyon 324 bin tondur. Biber üretimi en fazla olan ülkeler arasında 16 milyon ton ile Çin ilk sırayı alırken, Meksika 2.7 milyon ton ile ikinci, Türkiye 2 milyon ton ile üçüncü sırada yer almaktadır (FAOSTAT, 2014). Biber üretimindeki diğer önemli ülkeler arasında Endonezya, İspanya, ABD ve Nijerya yer almaktadır (Çizelge 1.1). Ülkemizin her bölgesinde az veya çok biber yetiştiriciliği yapılmaktadır. Biber ülkemiz sebze üretiminde domates ve karpuzdan sonra üçüncü sırada yer almaktadır (TUİK, 2014). Biber yetiştiriciliğinin % 82'si açık alanda ve % 18'i örtü altı tarımında yapılmaktadır.

Çizelge 1.1 Dünya biber üretiminin dağılımı (FAOSTAT, 2014)

Bölge	Üretim alanı (ha)	Üretim miktarı (ton)
Çin	711 690	16 120 406
Meksika	143 465	2 732 635
Türkiye	101 000	2 127 944
Endonezya	263 616	1 875 095
İspanya	18 513	1 130 340
Amerika Birleşik Devletleri	25 540	914 490
Nijerya	95 300	739 599
Diğerleri	578 246	6 683 836
Dünya	1 937 370	32 324 345

Bitki ıslah çalışmalarında öncelikli amaç, bitkinin genetik yapısında mevcut olan veya melezlemelerle çeşitli mutasyon teknikleri kullanarak ortaya çıkan varyasyonların seleksiyon yöntemleri ile seçilmesi ve bu bağlamda çeşitli biyotik/abiyotik stres koşullarına tolerant veya dayanıklı, adaptasyon yeteneği yüksek, toprak tuzluluğuna ve kuraklığa dayanıklı, yüksek verim ve kalite özelliklerine sahip yeni çeşitlerin kısa sürede elde edilmesidir. Bitkilerde var olan çeşitlerin eksik yönlerinin tamamlanması veya yeni çeşitlerin geliştirilmesi her ne kadar melezlemeler ve mutasyonlarla elde edilen varyasyonlardan seleksiyon yöntemi ile geliştirilse de genetik kaynaklar taşıdıkları geniş genetik çeşitlilikten dolayı ıslah çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır. Bitki genetik kaynakları bitki ıslahında yüksek verimli, kaliteli,

hastalık ve zararlılara dayanıklı ve adaptasyonu yüksek olan çeşitlerin geliştirilmesinde gen havuzu olarak kullanılmaktadır. Bu kaynaklardan yararlanabilmek için çeşitliliğin araştırılması gerekmekte ve bu amaçla morfolojik ve genetik olarak karakterizasyonlar yapılmaktadır.

Genetik materyallerin karakterizasyonunda morfolojik özelliklerin karakterizasyonu ıslah çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır. Değerlendirilen bir çok karakter çok gen tarafından kontrol edilmekte ve bu özelliklerin ortaya çıkmasında çevresel faktörlerin etkisinin olması morfolojik özellikler ile birlikte moleküler markırların kullanımını zorunlu hale getirmektedir (Escribano ve ark. 1998; Singh ve ark. 2004). Tanımlayıcılar olarak da adlandırılan morfolojik markırlar bitkilerde varyetelerin tanımlanmasında ve genetik çeşitlilik analizlerinde kapsamlı verilerin toplanmasında kullanılmaktadır. Bununla birlikte, elit germplazmlarda morfolojik karakterler için polimorfizm oranı bazen sınırlıdır ve çeşit/genotip ayırımı için yetersizdir (Geleta ve ark. 2005). Geleneksel çeşitlilik metotları, homojenlik ve stabilite (DUS) testleri pahalı ve zaman almakta, geniş alanlara, vasıflı personele ihtiyaç duyulmakta ve çoğunlukla çevresel faktörlerden etkilenmektedir (Singh ve ark. 2004). Ayrıca, *Capsicum* cinsinin taksonomisinde bazen sadece öznel morfo-agronomik verilerin genotiplerin tanımlanmasında kullanımı zordur (Costa ve ark. 2006).

Bitki ıslah programlarında moleküler markır teknikleri genetik materyallerin tanımlanması ve genetik akrabalık ilişkilerinin belirlenmesinde kısa zamanda etkili sonuçların alınmasında sıklıkla kullanılmaktadır. Moleküler teknikler çevresel faktörlerden etkilenmemekte ve analizler zaman ile sınırlanmamaktadır. Moleküler markırlar çeşit tanımlama, genetik haritalama, genetik çeşitliliğin belirlenmesi, markıra dayalı seleksiyon, ismine doğruluk ve saflığın belirlenmesi ve sistematik çalışmalarda kullanılmaktadır (Kumar, 1999). Moleküler markırlar bireyler arasındaki DNA dizilim farklılıklarını ortaya çıkararak dizi polimorfizmini gösteren DNA bölgeleridir ve günümüzde yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. Gen bankalarında bulunan genetik kaynaklarda gerek morfolojik gerekse moleküler markırlar kullanılarak yapılan karakterizasyon çalışmaları yeni çeşitlerin geliştirilmesi veya var olan çeşitlerin eksik yönlerinin giderilmesinde ıslahçılar için büyük önem taşımaktadır.

Peroksidazlar bitki, hayvan ve mikroorganizma dokularında bulunan enzimlerin bir sınıfıdır. Peroksidazlar, hidrojen peroksit (H_2O_2) veya oksijen (O_2) varlığında

bileşikleri oksitleyebilen (Hiraga ve ark., 2001; Almagro ve ark. 2009) ve uygun olmayan çevre koşulları altında üretilen zararlı oksijen radikallerini indirgeyen süperoksit dismutaz (SOD) ve katalazı içeren bitki hücrelerinin koruyucu enzim komplekslerinin bir parçasıdır. Bu peroksidazların 35 kDa'dan 100 kDa'a kadar değişen moleküler kütleleri vardır ve moleküler kütlelerinin yaklaşık olarak %25'i karbonhidrattır (Becana ve ark., 1989; O'Brien, 2000). Büyük ölçüde korunmuş alanlara sahip bitki peroksidazları çoklu moleküler formlara sahiptir. Çoklu gen ailesine mensup peroksidazlar bitkilerde böcek toleransı, oksijen indirgeme, patojen enfeksiyonu, tuz toleransı, hücre duvarı lignifikasyonu ve bitki yaşlanması gibi strese bağlı etkilerde önemli bir rol oynamaktadır (Amaya ve ark., 1999; Chittoor ve ark., 1999; Passardi ve ark., 2005; Gulsen ve ark., 2007). Yoshida ve ark. (2003)'te yaptıkları bir araştırmada birkaç peroksidaz geninin regülatör mekanizmasını incelemişler ve doku odunlaşması, patojen zararı, tuz stresi ve virus enfeksiyonlarında peroksidaz genlerinin regülasyonunun gerçekleştiğini rapor etmişlerdir. Bitkiler bakteriyal peroksidazlarla ilişkili hücre-içi peroksidazlar (sınıf I) ve salgısal döngüyü hedef alan peroksidazlar (sınıf III) olmak üzere iki sınıf peroksidaza sahiptirler (Welinder, 1992, Jespersen ve ark., 1997; Hiraga ve ark., 2001; Almagro ve ark., 2009). Sınıf III POX geniş bir çoklu-gen aile üyesidir; Arabidopsiste 73 üye (Welinder ve ark., 2002) ve pirinçte 138 üye (Passardi ve ark., 2004) bulunmaktadır.

Peroksidaz gen ailesi hedefli primerler evrimsel çalışmalar ve genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılabilir. Peroksidaz gen polimorfizm (POGP) markırları farklı coğrafik bölgelerde maruz kalınan stres faktörlerini yansıtabileceği için bitki genotipleri arasındaki ilişkileri belirlemede ve biyotik/abiyotik stres faktörlerine bağlı olarak oluşan gen ifadesi çalışmalarında da kullanılabilirler (Gulsen ve ark., 2007). Peroksidaz genlerinin de içinde olduğu 25 çoklu gen ailesinin moleküler evrimi incelendiğinde peroksidaz genleri arasında dizi benzerlik seviyesinin ikinci en düşük oranda olduğu ve ortalamanın üzerinde evrimleştirici güç gösterdiği düşünülmektedir. Bu özelliği sayesinde peroksidaz gen dizilerinin bazı taksonlarda evrim ilişkilerinin belirlenmesinde yardımcı olacağı anlaşılmaktadır (Zhang ve ark., 2001).

Biber gen kaynaklarında moleküler karakterizasyon ile ilgili farklı markır teknikleri ile yapılan bir çok çalışma mevcuttur (Odeigah ve ark., 1999; Sanwen ve ark., 2000; Kochieva ve Ryzhova, 2003; Lanteri ve ark., 2003; Toquica ve ark., 2003; Geleta

ve ark., 2005; Kwon ve ark., 2005; Adetula, 2006; Costa ve ark., 2006; Gomen, 2006; Aktař ve ark., 2009; Rego ve ark., 2010; Lu ve ark., 2011; Olvera ve ark., 2011; Lijun ve Xuexiao, 2012; Nicolai ve ark., 2013; Dhaliwal ve ark., 2014; Zonneveld ve ark., 2015; Zhang ve ark., 2016). Peroksidaz gen temelli markırlar ile pirin (Zhang ve ark., 2001), Arabidopsis (Welinder ve ark., 2002), řeker kamıřı (Manjunatha ve ark., 2003), imde (Gulsen ve ark., 2006), elmada (Gulsen ve ark., 2010), karpuzda (Ocal ve ark., 2014), turungillerde (Uzun ve ark., 2014), bademde (Pinar ve ark., 2016) molekler karakterizasyon alıřmaları yapılmıřtır.

Bu tez alıřmasında Alata Bahe Bitkileri Arařtırma Enstits biber genetik kaynaklarında bulunan koleksiyondaki Potato Virus Y, Tobacco Etch Virus gibi hastalıklara toleranslı *C. frutescens* (PI 281418), *C. chinense* (PI 159264) ve nematod gibi hastalık ve zararlılara dayanıklı/tolerans olan ve olmayan, farklı tkretim řekillerine ve farklı kkenlere sahip biber tr ve genotiplerinde ilk kez biber bitkisinde kullanılacak olan Peroksidaz gen polimorfizmi(POGP) markır teknięi ile genetik eřitlilik belirlenmeye alıřılmıřtır.

2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ

Giderek artan dünya nüfusu beraberinde beslenme sorununu getirmektedir. Bu sorunun çözümü için gıda üretimini artırmak ve bu amaç doğrultusunda tarım alanlarını genişletmek ilk akla gelen çözümlerdir. Fakat nüfusun artmasına paralel olarak tarım alanlarının azalması veya var olan alanların yanlış kullanımlardan dolayı bitkisel üretim için kullanılamaz hale gelmesi verimi yüksek ve çeşitli biyotik/abiyotik streslere karşı toleransı yüksek çeşitlerin geliştirmesi zorunluluğunu ortaya çıkarmaktadır. Melezlemelerin başlangıcı olan 19. yy'ın ortalarına kadar kültür çeşitleri doğal seleksiyon yöntemleri ile geliştirilmekteydi. Genetik biliminin gelişmesiyle varyasyon oluşturma ve seleksiyon yöntemlerinin gelişimi bitki ıslahına büyük ivme kazandırmıştır (Çömlekçioğlu ve ark., 2001).

2.1. Biberlerde Genetik Çeşitlilik ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Türkiye ekolojisine ve tüketici isteklerine uygun biber çeşitleri yabancı ülkelerde yetiştirilen çeşitlerden farklıdır (Keleş, 2007). Bu nedenle yerel biber popülasyonların değerlendirilmesi ve seleksiyonu ile yeni çeşitlerin geliştirilmesi ıslah çalışmalarında öncelikli olmalıdır (Keleş, 2007). Yerel biber popülasyonlarının değerlendirilmesi ile ilgili ilk çalışmalardan biri Bağcı (1965) tarafından 94 adet biber genotipinde yapılan karakterizasyon çalışmasıyla yapılmış ve iç pazar için önemli genotipler tespit edilmiştir.

Özçalabı ve Alan (1978), Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 9 ince-uzun sivri biber popülasyonunda teksel ve yedek tohum seleksiyonu yöntemi kullanarak saf hatlar seçmişlerdir. Döl kontrolü ve seleksiyonlar sonucunda elde edilen hatlarda yapılan morfolojik ve pomolojik karakterizasyonlar ve 3 yıllık verim denemeleri ile tüm özellikler bakımından üstün bir hat elde etmişlerdir (Keleş, 2007).

Islah çalışmalarında 1960'lardan bu yana artan bir şekilde *Capsicum* türleri kullanılmaktadır. *Capsicum* türleri özellikle biyotik ve abiyotik stres koşullarına dayanıklılık gibi bir çok önemli özelliği taşımaktadırlar. *C. baccatum* ve *C. frutescens*'in verticillium solgunluğuna, *C. chacoense*'nin bakteriyel yaprak lekesine,

C. baccatum'un hıyar mozaik virüsü ve patates Y virüsüne dayanıklı oldukları belirlenmiştir. Bunun yanında *C. cardenasii*'nin kurağa tolerant olduğu saptanmıştır (Grubben, 1977; Pickersgill, 1980; Anonim, 1983; Keleş, 2007).

Odeigah ve ark. (1999) Nijerya'da yetiştirilen *Capsicum annum* ve *Capsicum frutescens* türlerinde karakterizasyon için elektroforez kullanım potansiyelini araştırmıştır. Çalışmada açığa çıkan ve moleküler ağırlığı 22 ile 98 kilodalton olan 12 polipeptid band, ayırt edici özellikte bulunmuştur. Sonuçlar, 6 çeşit 7 polipeptid bandın boyanma yoğunluğu ve var/yok temeli ile karakterize edilebileceğini göstermiştir.

Sanwen ve ark. (2000) gen bankasında bulunan biberlerde farklılıkların belirlenmesi amacıyla SSR markırını kullanmışlardır. Bu amaç doğrultusunda *Capsicum* sekansında değişik motiflere sahip 58 SSR belirlemişlerdir. Bu SSR primerlerinden 5 tanesi *Capsicum* hatları arasındaki polimorfizmi belirleyebilmiştir.

Walsh ve Hoot (2001) *Capsicum* (Solanaceae) ile ilgili üç filogenetik problem üzerinde durmuşlardır: 1) Cinsin monofilisi, 2) Cins içindeki türlerin sınırlarının belirlenmesi ve 3) *Capsicum* içindeki türlerin filogenetik ilişkileri. Kloroplast atpB-rbcL kodlanmamış bölgesi *Capsicum*'un 11 türü ve 7 grup dışı cinsinin filojenisini oluşturmak için kullanmışlardır. *Capsicum* içinde filogenetik ilişkiler ve türlerin sınırları ile ilgili soruları çözmek için nükleer waxy gen içindeki 5 introndan elde edilen veriler ve atpB-rbcL verileri ayrı ve kombine olarak kullanılmıştır. Yaptıkları çalışmanın sonuçlarına göre, *Capsicum* monofiletiktir. Hem moleküler hem de morfolojik olarak farklı olan *Capsicum ciliatum* çalışılan tüm diğer *Capsicum* türlerinin bağlı olduğu aynı soydan gelen türlerin kardeşidir. *Capsicum cardenasii* ve *Capsicum eximium* kardeş türlerdir ve *C. tovarii*, *C. pubescens*, *C. chacoense*, *C. baccatum*, *C. galapagoense*, *C. chinense*, *C. frutescens*, ve *C. annum*'un bağlı bulunduğu gruba kardeşirler. Akrabalık derecesi çok çalışılmayan *Capsicum galapagoense* ise *C. annum*, *C. chinense* ve *C. frutescens*'in bağlı olduğu gruba zayıf bir şekilde dahildir.

Kochieva ve Ryzhova (2003) çalışmada 14 *Capsicum annum* çeşidini AFLP markırını ile değerlendirmiştir. Büyük meyveli tatlı biberlerin genomik varyasyonunun düşük olduğunun bilinmesine karşın AFLP analizi ile biber çeşitleri arasında polimorfizm belirlenmiş ve gruplama yapılmıştır. AFLP primerleri ile çeşitler arasında belirlenen polimorfizm % 16.5 bulunmuştur. Her çeşit için karakteristik AFLP deseni elde edilmiştir. Yedi çeşit için birkaç spesifik fragment belirlenmiştir. AFLP verileri ile

çeşitler arasındaki genetik mesafe belirlenmiş ve dendrogram Jacquard katsayısı ile UPGMA'ya göre oluşturulmuştur.

Lanteri ve ark. (2003) tarafından İtalya'nın kuzey batısında sınırlı bir alanda yetiştirilen ve lokal olarak 'Cuneo' diye adlandırılan *C. annuum* L.'nin 5 popülasyonu arasında ve içindeki genetik farklılığı belirlemek için RAPD ve AFLP markırları kullanılmıştır. Shannon's farklılık indeksi ile yapılan genetik varyasyon analizleri popülasyon içinde % 58.4 ve popülasyonlar arası % 41.6 olduğu açığa çıkmıştır. RAPD ve AFLP markırları ile ayrı ayrı yapılan analizler de paralel sonuçlar elde edilmiştir.

Toquica ve ark. (2003) Kolombiya Amazon Departmanına ait *C. chinense* Jacq., *C. baccatum* L., *C. annuum* L. ve *C. frutescens* türlerinde 71 biber genotipinde genetik farklılıkların belirlenmesi için AFLP markır tekniği kullanmıştır. Çalışmaya referans olarak bir tür grubuna ait 10 genotip eklenmiştir. Nei-Li genetik benzerlik ile UPGMA analizinden bir dendrogram ve çoklu benzerlik analizi (MCA) ile Amazon genotipleri üç kümede tanımlanmıştır. Kümeler *Capsicum chinense* (genotiplerin çoğunluğu), *Capsicum baccatum* ve kompleks *annuum-frutescens*'in gen grubu ile uyumlu olmuştur. Dördüncü grup referans olarak kullanılan *Capsicum pubescens*'e ait genotipleri içermiştir. MCA analizi toplam varyasyonun % 95'i açıklamıştır. Toplam genetik varyasyon düşük (Ht: 0.119) bulunmuş ve genetik index (Gst) 0.331 olarak elde edilmiştir.

Geleta ve ark. (2005) tarafından 2001 ve 2002 yılları boyunca Güney Afrika'nın Free State Üniversitesi'nde farklı ülke orijinli 39 biber genotipi tesadüf blokları deseninde üç tekerrürlü olarak serada yetiştirilmiştir. Toplam 20 morfolojik özellik incelenmiş ve 6 AFLP primer kombinasyonu kullanılarak genetik mesafeleri belirlenmiştir. Her iki veri seti farklı genotipler arasında yüksek genetik mesafe ve genetik farklılık göstermiştir. Benzer meyve boyutlu genotipler birlikte gruplanmıştır. Etiyopya acı-uzun meyveli genotipler arasında ki zayıf genetik tabanı, Etiyopya biber ıslahı programında dünyanın farklı yerlerinden biber genotiplerinin getirilmesi ile zenginleştirilmesi önerilmiştir.

Kwon ve ark. (2005) biber genotiplerinde morfolojik özellikler ile ayırt edicilik, uniformluk ve stabilite (DUS) testlerinin ve SSR markırlarının karşılaştırılmasıyla çeşit tanımlama için SSR markırlarının potansiyelinin araştırılması üzerine çalışma yapılmıştır. Altmış-altı biber genotipinde kullanılan 27 SSR markır, toplam 89 allel

vermiştir. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri 0.03 ve 0.877 arasında değişimi ve ortalama 0.529 olarak belirlenmiştir. Kümeleme analizi, genotipleri çeşit özelliklerine göre üç gruba ayırmıştır. Morfolojik temelli kümeleme analizi, SSR temelli dendrogram ile çok az benzerlik göstermiştir. Bununla beraber morfolojik veriler ile SSR arasında önemli bir korelasyon bulunamamıştır.

Adetula (2006) Nijerya Ulusal Bahçe Bitkileri Araştırma Enstitüsüne ait toplam 150 biber genetik kaynak koleksiyonunun karakterizasyonu ve değerlendirilmesini yapmıştır. RAPD markır tekniği kullanılarak genetik farklılık ve taksonomik ilişkilerine göre *C. annuum* ve *C. frutescens*'e ait 50 genotip seçilmiştir. Kümeleme analizi UPGMA ile yapılmış ve genotipler 4 ana gruba ayrılmıştır. Morfolojik ve moleküler datalar, *Capsicum* genotiplerinde dikkate değer farklılıklar ortaya koymuştur.

Göçmen (2006) 16 biber genotipinde 31 SRAP primer kombinasyonu ile toplam 254 bant elde etmiş ve bu bantların % 39'unun monomorfik % 61'inin ise polimorfik olduğunu, ortalama bant sayısının 8.18 ve polimorfik bant sayısının 5 olduğunu rapor etmiştir. Çalışmada *C. annuum* ve *C. frutescens* arasında yaklaşık olarak % 30 benzerlik tespit edilmiştir. Araştırmada SRAP ve SSR markırlarından elde edilen verilerin kombine edilmesiyle genotiplerin genetik olarak ayırımının daha iyi olduğu belirtilmiştir.

Capsicum cinsi 5'i kültür ve 22 tanesi yarı-kültür ve yabani olanlardan oluşan 27 türe sahiptir. İslah programlarında genetik kaynakların kullanımı için koleksiyondaki genotiplerin tanımlanması ve değerlendirilmesi gereklidir. Yetmiş *Capsicum* genotipi arasında genetik farklılığı tanımlamak ve muhtemel duplikasyonları belirlemek için yapılan çalışmada RAPD markırları kullanılmıştır. Araştırmada elde edilen veriler sonucunda tür içi ve türler arası genetik çeşitliliğin var olduğu ve bu çeşitliliğin morfolojik ve botanik sınıflandırmalarla paralel olduğu tespit edilmiştir. Tanımlanan 53 genotipin (16 adet *C. annuum*, 7 adet *C. frutescens*, 14 adet *C. baccatum* ve 16 adet *C. chinense*) adına doğruluğu tespit edilmiştir. Muhtemelen yabani bir tür olan UENF 1620 en uzak genotip bulunmuştur (Costa ve ark., 2006).

Keles (2007), biber ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere 6 kez kendilenmiş 562 biber genotipinde morfolojik karakterizasyon yapmıştır. Morfolojik veriler SAS ve NTSYSpc bilgisayar paket programı kullanılarak analiz edilmiş ve dendogramlar değerlendirilerek 96 adet genotip içeren koleksiyon oluşturulmuştur. Biber

genotiplerinde ortalama benzerlik katsayısı sivri biberde 0.44, çarlistonda 0.42, yağlık biberde 0.41, Kahramanmaraş-Şanlıurfa biberinde 0.37, süs biberinde 0.45 ve dolma biberde 0.42 olarak hesaplanmıştır. Temel Bileşenler Analizinde 53 morfolojik özellikte ilk üç Eigen değeri sonucu toplam varyans % 30 olarak belirlenmiştir. Genetik çeşitliliği %100 açıklayan 25 morfolojik özelliğin kendi içinde değerlendirildiğinde ilk üç Eigen değerinin toplam varyansı % 50'ye ulaştığı rapor edilmiştir. Oluşturulan koleksiyonda 16 sivri, 11 çarliston, 11 yağlık, 9 Kahramanmaraş-Şanlıurfa, 9 dolmalık ve 10 süs biberi genotipi ile düşük sıcaklık testlemesi sonucu belirlenen 10 duyarlı, 10 orta tolerant ve 10 tolerant genotipten oluştuğunu bildirmişlerdir.

Aktas ve ark. (2009) altısı ıslah hattı olan 14 Türkiye biber genotipi arasındaki genetik ilişkiyi moleküler özellikler ile belirlemeye çalışmışlardır. Araştırmaya 5 yabancı biber genotipi de eklenmiştir. Dört AFLP primer kombinasyonundan toplam 215 DNA fragmenti elde edilmiş ve bunun 56 tanesi (% 26) polimorfik bulunmuştur. Alata Bahçe Bitkileri Araştırma Enstitüsüne ait ıslah hatları benzer grupta kümelenmiş ve çok düşük genetik varyasyon göstermişken diğer Türk biber genotipleri kısmen daha yüksek genetik farklılık sergilemiştir.

Rego ve ark. (2010), 29 acı biber genotipinde 10 adet RAPD primeri kullanarak genetik çeşitliliği belirlemeye çalışmışlardır. Sekiz primerde (UBC-135, UBC-146, UBC-155, UBC-168, UBC-228, UBC-247, UBC-253 ve UBC-269) polimorfik bantlar elde etmişlerdir. Biber genotiplerinin 10 farklı gruba ayrıldığını ve genotipler arasında minimum mesafenin 0.09 olduğunu rapor etmişlerdir. Araştırmacılar elde ettikleri sonuçlara göre RAPD markır sisteminin acı biber genotiplerinde genetik çeşitliliği tespit etmede başarılı olduğunu bildirmişlerdir.

Lijun ve Xuexiao (2012), beş kültür biber türünde genetik farklılığı ISSR markır tekniğini kullanarak belirlemeye çalışmışlardır. Kullanılan 13 primerden 135 band elde edilmiş ve bunların 102 tanesi (% 75) polimorfik bulunmuştur. *Capsicum annuum* kültür tipi iki yabancı tip tür ile kıyaslandığında daha az spesifik band vermiştir. Nei gen farklılık indeksi, Shannon farklılık indeksi ve genetik farklılık indeksi sırasıyla 0.21, 0.33 ve 0.8306 olarak bulunmuştur. Kümeleme analizi *Capsicum annuum* L., *Capsicum chinense* Jacquin ve *Capsicum frutescens* L.'i bir grupta toplarken *Capsicum baccatum* L. ve *Capsicum pubescens* Ruiz Pavon diğer bir grupta toplanmıştır. *Capsicum annuum* en düşük genetik farklılığa sahip çıkmıştır.

Dhaliwal ve ark. (2014) tarafından çoğunluğu Hindistan orijinli 64 Şili biberi genotiplerinde genetik farklılık 50 SSR markırı kullanılarak belirlenmeye çalışılmıştır. Polimorfizm gösteren 27 SSR primerinde her lokusta ortalama 2.78 allel ile toplam 75 allel elde edilmiştir. En yüksek allel (4 allel) AVRDC PP32 numaralı primerden elde edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) ortalama değeri 0.59, değer aralıkları 0.39 (AVRDC PP 138) ile 0.78 (AVRDC PP 18) arasında belirlenmiştir. Kümeleme analizi genotipleri 9 gruba ayırmıştır.

Nas (2016) tarafından, biber (*Capsicum annuum* L.) saf hatları arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmada, 35 adet çarliston ve 44 adet dolmalık biber saf hattı arasındaki genetik benzerlik, SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) markörü ile araştırılmıştır. Çarliston ve dolmalık biber hatları için sırasıyla 71 ve 24 SRAP primer kombinasyonu denenmiş ve çarliston biber hatlarında 50, dolmalık biber hatlarında 15 SRAP primer kombinasyonu polimorfizm göstermiştir. Araştırmada, çarliston biber hatlarında 123, dolmalık biber hatlarında 25 adet polimorfik bant elde edilmiş ve çarliston biber hatlarının genetik benzerlik düzeyleri 0.62 ile 0.98 arasında değişim gösterirken dolmalık biber hatlarında 0.54 ile 1.00 arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Oluşturulan dendrogramda en uzak genotipler çarliston biber hatlarında 185 ile 193 numaralı bireyler olurken dolmalık biber hatlarında 141 ile 168 numaralı bireyler olduğu tespit edilmiştir. Çarliston grubunda genetik olarak en yakın hatlar 190-191 ve 218-219, dolmalık biber hatlarında ise 163-164, 183-184 ve 180-181 nolu hatlar olmuştur. Bu çalışma ile biberde SRAP markırlarının kendilenmiş saf hatların genetik uzaklıklarının belirlenmesinde başarılı olduğu rapor edilmiştir.

Zhang ve ark. (2016) tarafından Çin biber genetik kaynaklarına ait yerel çeşitler ve popülasyonuna ait 372 genotip ve farklı ülkelerden alınan 31 genotipte 28 SSR markırı kullanılarak genetik farklılık çalışması yapılmış ve toplam 363 allel elde edilmiştir. Gen çeşitliliği, polimorfik bilgi içeriği ve heterozigoti sırasıyla 0.09-0.92, 0.08-0.92 ve 0.01-0.34 olarak hesaplanmıştır. UPGMA kümeleme analizi *Capsicum annuum* L.'yi diğer biber türlerinden ayırmıştır. Üçyüz-altmış-sekiz *Capsicum annuum*'a ait popülasyon yapısı analizi, bitki ve meyve özelliklerine uyan uzak kültür bitkilerini de kapsayan üç genetik grubu ortaya çıkarmıştır. Ayrıca genetik yapı yerel genotiplerin coğrafik orijinleri ile de ilişkili bulunmuştur.

Bozokalfa ve ark. (2017) coğrafik konumu itibariyle ticaret yolu üzerinde bulunan Türkiye, biberin diğer ülkelere yayılmasında rol oynamıştır. Ülkemiz biber yetiştiriciliğinde bir çok yerel popülasyonlar ve ticari çeşitler kullanılmaktadır. Çalışmada kullanılan biber genotipleri, 2004-2007 yılları arasında yürütülen yerel biber çeşitlerin morfolojik ve agronomik özellikler yönünden karakterizasyonu yapılan genotiplerden oluşturmaktadır. Koleksiyondaki 94 biber genotipinin birbirine olan genetik uzaklıkları SRAP markır sistemi kullanılarak belirlenmiştir. Araştırmada kullanılan 33 SRAP markır kombinasyonu ile elde edilen veriler sonucunda varyasyonun % 85'inin 9 faktör grubunda yer aldığı ve genotiplerin genetik uzaklıklarının % 62 ile % 94 arasında değiştiği rapor edilmiştir.

2.2. Peroksidaz Gen Polimorfizm (POGP) Markırları ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Gulsen ve ark. (2006), Buffalo grass [*Buchloe dactyloides* (Nutt.) Engelm.] genotipleri ve 8 diğer çim bitkisi arasındaki peroksidaz gen polimorfizmini çalışmışlardır. Otuz-dört pirinç peroksidaz cDNA kullanılarak alternatif ileri ve geri primerleri ile 40 peroksidaz spesifik primeri dizayn edilmiştir. Yirmi sekiz adet Buffalo grass genotipi, 4 C4 ve 4 C3 çim bitkisi genotipleri ile yaptıkları çalışmada POGP markır tekniğini kullanmışlardır. Yedisi buffalo grass ve dördü diğer çim bitki türlerine ait toplam 11 peroksidaz gen fragmenti sekans edilmiştir. Bu sekanslardan 5 tanesi pirinç (*Oryza sativa* L.) askorbat peroksidazı ile gruplanmıştır. Bu sonuçlar peroksidaz gen ailesi primerlerinin genotipik farklılık ve evrimsel ilişkilerin değerlendirilmesinde kullanılabileceğini göstermiştir. Araştırmacılar ayrıca PCR temelli peroksidaz markırlarının çimlerde gen ekspresyon çalışmalarında ve bağlantı haritalarında kullanılma potansiyelinin olduğunu bildirmişlerdir.

Gülşen ve ark. (2009), Türkiye'nin Akdeniz sahili boyunca Toros Dağlarının güney alanlarından toplanmış 182 adet *Cynodon* genotipinin ploidi düzeyi ve çeşitliliği arasındaki ilişkiyi RAPD, ISSR, SRAP ve POGP markır teknikleri kullanarak belirlemeye çalışmışlardır. Araştırmada, 13 POGP primeri ile polimorfik bantlar elde etmişlerdir. Nadir allelleri tespit etme açısından kullanılan 4 moleküler markır karşılaştırıldığında POGP markırlarının SRAP, RAPD ve ISSR'a göre % 5 ve % 10 düzeyinde nadir allelleri daha sık üreten markır olduğunu bildirmiştir.

Gulsen ve ark. (2010) 192 adet elma (*Malus spp.*) genotipi analizinde POGP yöntemi kullanarak yaptıkları çalışmada 14 adet peroksidaz primeri kullanmışlardır. Çalışmada, 80-1000 bç aralığında 46 bant elde etmişlerdir. Bu bantlardan 44 tanesi polimorfik özellik göstermiş ve polimorfizm oranı % 96 olarak hesaplanmıştır. Bantlar 0.77 ortalama ile 0.56-0.98 benzerlik aralığında değiştiği bildirilmiş ve elma örnekleri arasındaki genetik yakınlık ve evrimsel ilişkinin belirlenmesi için POGP yönteminin kullanışlı olduğu rapor edilmiştir.

Ceylan (2010), değişik ploidi seviyelerinde 59 buğday çeşidinde (diploid, tetraploid, hekzaploid) peroksidaz gen polimorfizmini belirlemek için 14 farklı POX primeri kullanılarak polimorfizm belirlemeye çalışmış ve toplam 145 bant elde etmiştir. Buğday çeşitleri arasında % 74 oranında polimorfizm belirlenmiş ve 59 genotip arasındaki genetik mesafe ortalama 0.82 bulunmuştur. POX9, POX11, POX13 ve POX14 primerleri tetraploid ve hekzaploid buğdayları birbirinden ayırmıştır. Buğdaylarda daha önce farklı markır sistemleri kullanılarak yapılan çalışmalarla karşılaştırıldığında Peroksidaz gen polimorfizm (POGP) markırlarının daha avantajlı olduğunu bildirilmiştir.

Türkiye’de doğal yayılış gösteren *Echinops* cinsi *Ritrodes* seksiyonu; *Echinops spinosissimus* ve *Echinops orientalis* türleri ile temsil edilmektedir. Kaya (2011) yaptığı çalışmada, *Ritrodes* seksiyonuna ait iki tür ve 2 alt türden 42 birey ve 4 dış grupta Peroksidaz Gen Polimorfizm (POGP) markır tekniği ile değerlendirmiştir. Araştırmada kullanılan 14 POGP primer kombinasyonunda 104 polimorfik bant elde edilmiştir. En yüksek bant sayısı (15 bant) Pox1F/Pox1R primer kombinasyonundan alınmışken en düşük bant sayısı (3 bant) Pox11F/Pox11R primer kombinasyonundan elde edilmiştir. Bireyler arasındaki genetik mesafe 0.66 ile 0.96 arasında bulunmuştur. Bu çalışma POGP markır sisteminin *Echinops* türlerinde kullanılabileceğini göstermiştir.

Ocal ve ark. (2014) 256 karpuz [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. ve Nakai] genotipinde farklılık, popülasyon yapısı ve bağlantı eşitsizliği peroksidaz gen polimorfizm (POGP) markırları kullanılarak belirlemeye çalışmıştır. On-dört POGP primeri yüksek oranda (% 98) polimorfizm göstermiştir. UPGMA, neighbor-joining (NJ) ve temel bileşenler analizi (PCA) karpuz genotipleri arasında düşük oranda genetik farklılık olduğunu göstermiştir. Bayesian analizi 258 karpuz genotipini 3 alt gruba ayırmıştır. Moleküler varyans analizi (AMOVA) alt popülasyonlar içinde % 54

moleküler varyasyon belirlemiştir. Bağlantı eşitsizliği (LD) analizi POGP lokusları arasında LD varlığını işaret etmiştir.

Uzun ve ark. (2014), 80 Citrus ve ona yakın olan Aurantioideae arasındaki ilişki, farklılıkların belirlenmesi ve popülasyon yapısı analizleri için peroksidaz gen polimorfizm (POGP) markırlarını kullanmıştır. On-dört primer toplam 148 fragment üretmiş ve bunun 147 tanesi polimorfizm göstermiştir. UPGMA analizi genotiplerde 0.27 ile 0.98 aralığında benzerlik açığa çıkarmıştır. Bu çalışmadaki sonuçlar farklı markır sistemleri ile yapılan çalışmalarla çoğunlukla tutarlı bulunmuş fakat birkaç farklılık belirlenmiştir. Clauseninae (tribe Clauseneae) alt-tribi Citreae tribinin alt-tribinden açık bir şekilde ayrılmamıştır. Genotipler arasında 6 alt popülasyon oluşmuştur.

Pınar ve ark. (2016), 69 Türk ve 27 yabancı badem çeşidinde POGP markırları kullanarak UPGMA analizi ile genetik farklılık ve ilişki belirlemeye çalışmıştır. Sekiz peroksidaz primerinden toplam 83 fragment elde edilmiş ve bunun % 94'ü polimorfizm göstermiştir. Badem genotipleri arasındaki benzerlik oranı 0.63 ile 0.93 arasında bulunmuştur ve tüm genotipler ayrılmıştır. Ortak genetik geçmiş ve bölgeler arası gen göçünden dolayı genellikle Türk ve yabancı genotipler karışık kümelenmiştir. Bazı küçük gruplar dışında kümelenme coğrafik bölge temelli olmamıştır. Bu çalışma peroksidaz gen markırlarının bademlerde genetik ilişkilerin tanımlanmasında kullanılabileceğini göstermektedir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1.Bitkisel materyal

Çalışma Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölüm Laboratuvarı ve Alata Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsüne ait sera ve laboratuvarlarında gerçekleştirilmiştir. Bitkisel materyal olarak Alata Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen (bazıları hastalık ve zararlılara karşı dayanıklı/tolerant özellik gösteren, farklı tiplerde ve farklı kökenlerden gelen), 64 *C. annuum*, 6 *C. frutescens* ve 1 *C. Chinense* türünden olmak üzere toplam 71 adet *Capsicum* genotip/çeşit kullanılmıştır (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Tez çalışmasında kullanılan 71 *Capsicum* genotip/çeşit numarası ve özellikleri

Dendrogram kodu	Genotip Numarası	Orijin	Özellik
Hybrid1		Türkiye	-
Hybrid2		Türkiye	-
283A		Türkiye	-
ChiliPepper1	221	Türkiye	Süs biberi
FloridaVR2	56	Florida/ABD	Sivri biber, Florida VR2, Potato Virus Y (PVY)'ye dayanıklı
LamiaType	1608	Türkiye	2-3 dolmalık biber büyüklüğünde,
Perennial	67	-	Süs biberi, Çok yıllık, CMV ve ToMV'ye dayanıklı
KmarasPepper2	1779	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
BellPepper1	467	Türkiye	Dolmalık biber
ChiliPepper3	320	Türkiye	Süs biberi
Kapia2	1121A	Türkiye	Yağlık biber
Charleston2	441	Türkiye	Çarliston
BellPepper2	405	Türkiye	Dolmalık biber
frutescens1	1842	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281418)
chinense2	1840	Georgia Üniversitesi	<i>C. chinense</i> (PI 159264)
SivriPepper3	215	Türkiye	Sivri biber (kısa meyve)
KmarasPepper4	111	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
ChiliPepper4	47	India	Süs biberi, Hindistan kökenli, Yüksek sıc. tolerant, düşük sıc. Hassas
frutescens2	1841	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281421)
HatayPepper	1676	Türkiye	Hatay biberi (Geyik boynuzu tipinde)
YoloWonder	66	ABD	Dolmalık Biber (Yolo Wonder), PVY ve TMV'ye dayanıklı
SivriPepper4	343	Türkiye	Sivri biber
frutescens4	1843	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281419)
SanlurfaPepper1	302	Türkiye	Şanlıurfa biberi
frutescens5	1845	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281422)
ChiliPepper5	390	Türkiye	Süs biberi
ChiliPepper6	293A	Türkiye	Süs biberi
SivriPepper5	475A	Türkiye	Sivri biber

Çizelge 3.1. Tez çalışmasında kullanılan 71 *Capsicum* genotip/çeşit numarası ve özellikleri (devam)

Dendrogram kodu	Genotip Numarası	Orijin	Özellik
BellPepper3	468	Türkiye	Dolmalık biber
SivriPepper6	164	Türkiye	Sivri biber
BellPepper4	458	Türkiye	Dolmalık biber
HungarianPepper1	776-7	Macaristan	Macar biberi
BellPepper5	244	Türkiye	Dolmalık biber (konik meyveli)
YoloY	63	ABD	Yolo Y, PVY ve TMV'ye dayanıklı
ChiliPepper7	N50	Türkiye	Süs biberi, Nematoda dayanıklı
SivriPepper7	425	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
SivriPepper8	24-A	Türkiye	Sivri biber
HungarianPepper2	765-4-1B	Macaristan	Macar biberi
HungarianPepper3	765-4-2B	Macaristan	Macar biberi
BellPepper6	15-A	Türkiye	Dolmalık biber
SivriPepper10	409	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
ChiliPepper8	398-A	Türkiye	Mut biberi, ince tipli, acı, sivri biber
B7	B-7	Türkiye	-
SivriPepper11	N164	Türkiye	Sivri biber, Nematoda dayanıklı
KmarasPepper6	107	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
SivriPepper12	32	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
KmarasPepper7	1452	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
Charleston4	333	Türkiye	Çarliston, heterosis gücü yüksek
SanliurfaPepper2	İNAN	Türkiye	Şanlıurfa biberi
SivriPepper14	331	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
Kapia3	K34	Türkiye	Karaisalı biberi, yağlık biber
Kapia4	K7	Türkiye	Karaisalı biberi, yağlık biber
ChilliPepper9	317	Türkiye	Süs biberi
ChiliPepper10	35	Türkiye	Süs biber
ChiliPepper11	261	Türkiye	Süs biberi
KmarasPepper8	KMH-1	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
frutescens7	287-A	-	<i>C. frutescens</i> (gül biberi)
Kapia5	K25	Türkiye	Karaisalı biberi, yağlık biber
HungarianPepper8	774-4-2B	Macaristan	Macar biberi, heterosis gücü yüksek
frutescens8	287	-	<i>C. frutescens</i> (gül biberi)
SweetPicle	1895	Türkiye	Süs biberi, Sweet pickle
KmarasPepper9	250	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
BellPepper8	1530	Türkiye	Dolmalık biber
SivriPepper16	195	Türkiye	Sivri biber
SivriPepper17	438	Türkiye	Sivri biber, verim çok yüksek
SivriPepper18	407	Türkiye	Sivri biber, verim çok yüksek
Aricne	1882	ABD	Aricne, Amerika kökenli
Kapia6	953W	Türkiye	Yağlık biber, verim yüksek
SivriPepper19	332-D	Türkiye	Sivri biber
KmarasPepper10	1787	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
SivriPepper20	32-B	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek

3.1 Yöntem

3.1.1 Bitkilerin yetiştirilmesi

Temin edilen bitki tohumları DNA izolasyonu için sera koşullarında 2:1 oranında torf:perlit karışımı içeren viyollere ekilmiş ve yeterli gerçek yaprak elde edilinceye kadar gerekli bakım işlemleri yapılmıştır

3.2.2. Genomik DNA izolasyonu

Genotiplere ait alınan yapraklar 24 saat süreyle -80°C'de derin dondurucuda bekletilmiştir. DNA izolasyonundan hemen önce -80°C'de dondurulmuş taze yapraklar, liyoflizatörde (CHRIST-ALPHA 2-4 LD plus) kurutulmuş ve Tissue Lyser'da (QIAGEN-Tissue LyserII) öğütülmüştür. Öğütülmüş yaprak numunelerinden elde edilen toplam genomik DNA izolasyonu, Murray ve Thompson (1980)'in DNA ekstraksiyon protokolü modifiye edilerek yapılmıştır.

3.2.3. DNA izolasyon protokolü

1. Ortalama 180- 200 mg öğütülmüş doku 2 ml'lik PCR tüpüne yerleştirilmiştir.
2. Su banyosu 65°C'ye ayarlanmıştır.
3. 1 ml ekstraksiyon tamponu [50 mM Tris-HCl, pH8.0, 700 mM NaCl, 10 mM EDTA, % 1 (w/v) CTAB (cetyltriethylammoniumbromide), % 1 (v/v) beta-mercaptoethanol] ve 1 µl RNase eklenerek vortex ile karıştırılmıştır.
4. Örnekler 45 dakika su banyosunda bekletildikten sonra soğumaya bırakılmıştır.
5. Soğuma işleminden sonra örnekler üzerine 1000 µl chloroform: isoamyl (24:1 hacim) çözeltisi ilave edilmiş ve iyice karışması sağlanmıştır.
6. 14000 rpm'de 5 dk. santrifüj yapılmıştır.
7. Üst faz pipetle çekilerek temiz bir 2 ml'lik tüpe aktarılmıştır.
8. Üzerine 100 µl CTAB (% 10 w/v) eklenmiş ve iyice karıştırmak için ters-düz edilmiştir.
9. Karışım işleminden sonra tüplere 1000 µl chloroform: isoamyl (24:1 hacim) eklenmiş ve tekrar karışması sağlanmıştır.
10. 14000 rpm'de 5 dk. santrifüj yapılmıştır.
11. Üst faz pipetle çekilerek temiz bir 2 ml'lik tüpe aktarılmıştır.
12. Çözelti üzerine 1000 µl PB (presipitasyon tamponu) tamponu [50 mM Tris-HCl, pH8.0, 10 mM EDTA, % 1 (w/v) CTAB (cetyltriethylammoniumbromide)] eklenerek hafifçe ters-düz edilmiştir.
13. Çözelti ortalama 30-35 dk. oda sıcaklığında inkübe edilmiştir.
14. 1400 rpm'de 10 dk. santrifüj edilerek sıvı kısım uzaklaştırılmıştır.
15. Pelet üzerine 400 µl 1 M NaCl ilave edilmiştir.

16. 60 °C su banyosunda 20 dk. bekletilmiştir.
17. Su banyosundan çıkarılan pelet üzerine 1000 µl % 95 soğuk etil alkol (ETOH) eklenmiş ve iyice karıştırılmıştır.
18. Çözelti -20°C’de gece boyunca bekletilmiştir.
19. 1400 rpm’de 10 dk. santrifüj edilerek sıvı kısım uzaklaştırılmıştır.
20. Çökelti üzerine 500 µl % 70’lik ETOH eklenmiştir.
21. 1400 rpm’de 5 dk. santrifüj edilerek sıvı kısım uzaklaştırılmıştır.
22. Çökelti 37°C’de 30 dk. tüplerin kapakları açık bir şekilde inkübe edilerek kuruması sağlanmıştır.
23. Kurumuş DNA pelet üzerine 100 µl steril distile H₂O ilave edilmiştir.

3.2.4. DNA miktarı ve kalitesi

PCR reaksiyonlarında kullanılacak DNA’nın miktarı ve kalitesi önemlidir. İzolasyon sonrası DNA konsantrasyonu Nano Drop (Thermo Scientific-Nanodrop2000) ile ölçülmüş (Çizelge 3.3.) ve PZR reaksiyonları için 25 ng/µl’ye seyreltilmiştir.

Çizelge 3.2 *Capsicum* tür/genotiplerinden izole edilen genomik DNA örneklerinin Nanodropta ölçülen konsantrasyonları

Dendrogram kodu	Genotip Numarası	Orijin	Özellik
Hybrid1		Türkiye	-
Hybrid2		Türkiye	-
283A		Türkiye	-
ChiliPepper1	221	Türkiye	Süs biberi
FloridaVR2	56	Florida/ABD	Sivri biber, Florida VR2, Potato Virus Y (PVY)'ye dayanıklı
LamiaType	1608	Türkiye	2-3 dolmalık biber büyüklüğünde,
Perennial	67	-	Süs biberi, Çok yıllık, CMV ve ToMV'ye dayanıklı
KmarasPepper2	1779	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
BellPepper1	467	Türkiye	Dolmalık biber
ChiliPepper3	320	Türkiye	Süs biberi
Kapia2	1121A	Türkiye	Yağlık biber
Charleston2	441	Türkiye	Çarliston
BellPepper2	405	Türkiye	Dolmalık biber
frutescens1	1842	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281418)
chinense2	1840	Georgia Üniversitesi	<i>C. chinense</i> (PI 159264)
SivriPepper3	215	Türkiye	Sivri biber (kısa meyve)
KmarasPepper4	111	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
ChiliPepper4	47	India	Süs biberi, Hindistan kökenli, Yüksek sıc. tolerant, düşük sıc. Hassas
frutescens2	1841	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281421)
HatayPepper	1676	Türkiye	Hatay biberi (Geyik boynuzu tipinde)
YoloWonder	66	ABD	Dolmalık Biber (Yolo Wonder), PVY ve TMV'ye dayanıklı
SivriPepper4	343	Türkiye	Sivri biber
frutescens4	1843	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281419)
SanlurfaPepper1	302	Türkiye	Şanlıurfa biberi
frutescens5	1845	California Üniversitesi, ABD	<i>C. frutescens</i> (PI 281422)
ChiliPepper5	390	Türkiye	Süs biberi

Çizelge 3.2 *Capsicum* tür/genotiplerinden izole edilen genomik DNA örneklerinin Nanodropta ölçülen konsantrasyonları (devam)

Dendrogram kodu	Genotip Numarası	Orijin	Özellik
ChiliPepper6	293A	Türkiye	Süs biberi
SivriPepper5	475A	Türkiye	Sivri biber
BellPepper3	468	Türkiye	Dolmalık biber
SivriPepper6	164	Türkiye	Sivri biber
BellPepper4	458	Türkiye	Dolmalık biber
HungarianPepper1	776-7	Macaristan	Macar biberi
BellPepper5	244	Türkiye	Dolmalık biber (konik meyveli)
YoloY	63	ABD	Yolo Y, PVY ve TMV'ye dayanıklı
ChiliPepper7	N50	Türkiye	Süs biberi, Nematoda dayanıklı
SivriPepper7	425	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
SivriPepper8	24-A	Türkiye	Sivri biber
HungarianPepper2	765-4-1B	Macaristan	Macar biberi
HungarianPepper3	765-4-2B	Macaristan	Macar biberi
BellPepper6	15-A	Türkiye	Dolmalık biber
SivriPepper10	409	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
ChiliPepper8	398-A	Türkiye	Mut biberi, ince tipli, acı, sivri biber
B7	B-7	Türkiye	-
SivriPepper11	N164	Türkiye	Sivri biber, Nematoda dayanıklı
KmarasPepper6	107	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
SivriPepper12	32	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
KmarasPepper7	1452	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
Charleston4	333	Türkiye	Çarliston, heterosis gücü yüksek
SanliurfaPepper2	İNAN	Türkiye	Şanlıurfa biberi
Sivripepper14	331	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek
Kapia3	K34	Türkiye	Karaisalı biberi, yağlık biber
Kapia4	K7	Türkiye	Karaisalı biberi, yağlık biber
ChilliPepper9	317	Türkiye	Süs biberi
ChiliPepper10	35	Türkiye	Süs biber
ChiliPepper11	261	Türkiye	Süs biberi
KmarasPepper8	KMH-1	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
frutescens7	287-A	-	<i>C. frutescens</i> (gül biberi)
Kapia5	K25	Türkiye	Karaisalı biberi, yağlık biber
HungarianPepper8	774-4-2B	Macaristan	Macar biberi, heterosis gücü yüksek
frutescens8	287	-	<i>C. frutescens</i> (gül biberi)
SweetPicle	1895	Türkiye	Süs biberi, Sweet pickle
KmarasPepper9	250	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
BellPepper8	1530	Türkiye	Dolmalık biber
SivriPepper16	195	Türkiye	Sivri biber
SivriPepper17	438	Türkiye	Sivri biber, verim çok yüksek
SivriPepper18	407	Türkiye	Sivri biber, verim çok yüksek
Aricne	1882	ABD	Aricne, Amerika kökenli
Kapia6	953W	Türkiye	Yağlık biber, verim yüksek
SivriPepper19	332-D	Türkiye	Sivri biber
KmarasPepper10	1787	Türkiye	Kahramanmaraş biberi
SivriPepper20	32-B	Türkiye	Sivri biber, heterosis gücü yüksek

3.2.5. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR/PCR)

Bu çalışmada. Gülşen ve arkadaşları (2010) tarafından geliştirilen Peroksidaz gen polimorfizmi (POGP) markır tekniği kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan primerlere ait detaylı bilgi Çizelge 3.3'de verilmiştir.

Çizelge 3.3 Tez çalışmasında kullanılan POGP primerleri, baz dizilimleri ve yapışma Sıcaklıkları

Primer ismi	Baz Dizisi (5'-3')	Yapışma sıcaklığı (°C)
POX1F POX1R	CTCGACCTACAAGGAC ATGTAGGCGCTGGTGA	46
POX2F POX2R	CTCGACGTCAAGGACCTC GCCCATCTTCACCATGG	46
POX3F POX3R	CAACGAGACCAACATCGA CCTGATCTGTCCCTGCG	47
POX4F POX4R	TTACGCTACATAACAATTTCAA ACTCGACTGCGACCAG	46
POX5F POX5R	CACACGATCGGGGCGATC AATCTGCCGGCAGAGCC	53
POX6F POX6R	TACCCGACGGTGAGC CTTGATCGTACTGACTCTA	40
POX7F POX7R	CTCGACACAACCGATGTTG TTCACAAACTAGTCACAATCACA	47
POX8Fa POX8Ra	CACCATCAAGAGCGTCATAAC TTGGGCGTCGTCGTGT	50
POX8Fa POX8Rb	CACCATCAAGAGCGTCATAAC TTGCTAGAGCGAGCTGG	50
POX8Fa POX8Rc	CACCATCAAGAGCGTCATAAC ATCCTCCATGCATGCCTTC	50
POX9F POX9R	GGCGTCGGCGTCCG ATCGGGAAGCTTCCCCTC	52
POX10Fa POX10Ra	CCACGCCCTCATCGC CATCTGGCCGTGCGTC	50
POX10Fb POX10Rb	CCGAGGGACACGACGAC GAGCGTGGTGATGTCGG	50
POX10Fc POX10Rc	CTGTCCAACAAGGGCCTC CAGGTTGCTCTACAGATCCCG	50
POX10Fd POX10Rd	GTTCTGCAGCGCCTTCG AAACATGTAGCGCTCCACAAC	50
POX10Fd POX10Re	GTTCTGCAGCGCCTTCG GGGTCACTCAGCAGGGC	50
POX11F POX11R	CCTTCTTCTTGCCATCTTGC CATATCGCTCCACGACCTTT	51
POX12Fa POX12Ra	CGAGCTGAGAGTGAATCGATC CTTGAACGCCTGGATGAGC	50
POX12Fb POX12Rb	CTCTCTCCTGGGGTTCTATGC GCGAGCGTGGTGATGTC	55
POX12Fc POX12Rb	CGTGAGGTGGCACCTCAC GCGAGCGTGGTGATGTC	55
POX13F POX13R	GACGGTTCTATTGGGAAGAAG CATGAAAGTGATGAGATGGC	47
POX14F POX14R	CTCATCGTTAACGTCGCATC GATGCAAGGAGTATAGTGCAAATG	50

Çizelge 3.3'de verilen 22 primer çifti ile *Capsicum* genotip/çeşitlerinde PZR ürünü ve polimorfizm verenlerin tespiti için rastgele seçilen 8 adet tür/genotipte PZR yapılmıştır. Polimorfizm gösteren 14 primer çifti tüm *Capsicum* genotip/çeşitlerinde

moleküler karakterizasyon yapmak için kullanılmıştır. PZR reaksiyonları her tüp için 20 µl olacak şekilde ayarlanmıştır (Çizelge 3.4).

Çizelge 3.4 POGP markır tekniğinde kullanılan polimeraz zincir reaksiyonu bileşeni

PCR Bileşeni	Kullanılan miktar (µl)
dH ₂ O	4.5
Primer R (5mM)	3.0
Primer F	3.0
Buffer	2.0
MgCl ₂ (25mM)	2.5
dNTP (2.5mM)	2.0
TaqPolimeraz (5UFermentas)	0.2
BSA	0.8
gDNA (25 ng/ µl)	2.0
Toplam reaksiyon hacmi	20.0

Reaksiyonlar thermal cycler cihazında (Applied Biosystems-Veriti) gerçekleştirilmiştir. Bütün PZR beş basamakta gerçekleştirilmiştir (Çizelge 3.5).

Çizelge 3.5 POGP markır tekniği için kullanılan PZR döngüsü

Basamaklar	Sıcaklık/Süre/Döngü
Ön Denatürasyon	94°C/ 2 dk. / 1 döngü
Denatürasyon	94°C/1 dk. / 34 döngü
Yapışma	48-57°C/ 1 dk. / 34 döngü (primere bağlı olarak değişmek üzere)
Uzama	72°C/ 1 dk. / 34 döngü
Son Uzama	72°C/ 5 dk. / 1 döngü
Bekleme	+4 °C

3.2.6. Agaroz jel elektroforezi

POGP analizleri için elde edilen PZR ürünleri 1xTAE tampon çözeltisi kullanılarak % 2.5'lik agaroz jelde 110 V / 5 saat koşularak yürütülmüştür. Ayırışan bantların büyüklüğü 100-20000 baz çifti aralığında DNA markırı (ThermoFisher. ZipRuler Express DNA Ladder) kullanılarak belirlenmiştir. Amplifikasyon yapan DNA bantlarının görüntüleri 0.5 µg/ml konsantrasyonda ethidium bromit ile boyanarak UV kaynağı altında görüntüleme cihazında resimleri çekilerek elde edilmiştir.

3.2.7. Verilerin değerlendirilmesi

Veri analizi için sadece tekrarlanabilir ve okunabilir bantlar kullanılmıştır. Her bir POGP primer çifti için çoğaltılan PZR ürünlerinin jel görüntüleri; bantların varlığı durumunda (1), yokluğu durumunda (0) değerleri girilerek skorlama yapılmıştır. Yetmişbir biber genotipi arasında genetik çeşitlilik, Jaccard'ın benzerlik katsayısına (Jaccard 1987) dayanan UPGMA yöntemi kullanılarak yapılmıştır. Çoğaltılan her bir POGP markırı için toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı hesaplanmıştır. Polimorfizm bilgi içerikleri (PIC. Polymorphism Information Content) Laborda ve ark. (2005)'na göre yapılmıştır. Genetik benzerlik matriksi PAST3 programında Jaccard katsayısı (Jaccard, 1987) kullanılarak hesaplanmıştır. Genotipler arasındaki uzaklık Jaccards benzerlik katsayısı alınarak hesaplandıktan sonra UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) ile hesaplanmış ve ITOL: interactive tree of life (itol.embl.de) sitesinde dendrogram oluşturulmuştur.

3.2.8. Popülasyon yapısı analizi

Popülasyon yapısı analizleri STRUCTURE v.2.3.4 (Pritchard ve ark. 2000) yazılımı ile admixture modeline göre elde edilmiştir. STRUCTURE programına popülasyon numaraları (K), her biri her lokustaki bir allel setinin frekansı karakterize edilerek girilmiştir. Popülasyon numaraları (K) karıştırılmış ve ilişkilendirilmiş allel frekanslarının karakterize edilmesi modeline göre 1-10 arasında seçilmiştir. Her bir değer için bağımsız 10 tekrarlama [50.000 Burn-in periods ve 150.000 MCMC (Monte Carlo Markov Chain) (Evano ve ark., (2005))] ile farklı K değerleri (1'den 10'a kadar) test edilmiştir. Ardışık K değerleri arasındaki verilerin logaritmik olasılıklarındaki değişim, doğru alt popülasyon numarasını tespit etmek için kullanılan STRUCTURE programının çıktılarından elde edilmiştir. Structure Harvester kullanılarak Delta K (ΔK) yöntemine göre en uygun K değeri (alt popülasyon sayısı) belirlenmiştir. Ayrıca popülasyonların dağılımı PAST3 kullanılarak temel koordinat analizi (PCoA) ile de analiz edilmiştir. Biber koleksiyonunda genetik farklılık parametreleri Pop Gene ver. 1.32 (Yeh ve ark., 2000) paket programı kullanılarak belirlenmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Alata Bahçe Kùltürleri Araştırma Enstitüsü biber genetik kaynaklarından temin edilen 71 *Capsicum* genotip/çeşidinde genetik varyasyonun ve genotipler arası genetik ilişkinin belirlenmesi amacıyla Gülşen ve arkadaşları (2007) tarafından geliştirilen POGP markır tekniđi biberde ilk kez kullanılmıştır.

Bu tez çalışmasında, *Capsicum* genotiplerinde polimorfizm veren POGP primerlerinin tespiti için rastgele seçilen 8 adet genotipte 22 primer çifti ile ön tarama yapılmıştır. Seçilmiş olan 8 adet genotipte polimorfizm gösteren 14 primer çifti tüm *Capsicum* genotip/çeşidinde moleküler karakterizasyon yapmak için kullanılmıştır (Çizelge 4.1). Çalışmada kullanılan 14 POX primerine ait bazı PCR jel görüntüleri Şekil 4.1- 4.2- 4.3- 4.4- 4.5- 4.6- 4.7- 4.8’de verilmiştir.

PZR analizlerinde kullanılan 14 POGP primer çiftinden toplam 139 bant elde edilmiş ve bunlardan 120 tanesi (% 85.6) polimorfik özelliktedir. Primer kombinasyonu başına ortalama skorlanan bant sayısı 9.9 ve ortalama polimorfik bant sayısı 8.6 olarak hesaplanmıştır. Toplam bant sayısı bakımından karşılaştırıldığında en yüksek bant sayısı (14 adet) POX10Fa-POX10Rd primer kombinasyonundan elde edilmişken en düşük bant sayısı (7 adet) POX10Fa-POX10Ra, POX10Fb-POX10Rc ve POX10Fd-POX10Re primer kombinasyonlarından elde edilmiştir (Çizelge 4.1). Bu tez çalışmasında elde edilen polimorfik bant sayısı, Ibarra-Torres ve ark. (2015) ile Aktaş ve ark. (2009)’nın daha önceden yaptıkları çalışmalarda elde ettikleri sayılardan yüksek çıkmıştır. Ibarra-Torres ve ark. (2015) *C. pubescens* and *C. annuum*’da tür içi ve tür arası genetik çeşitliliđi belirlemek için polimorfik 24 SSR ve 36 ISSR bandı elde etmişlerdir. Aktas ve ark. (2009) Türk *C. annuum* genotiplerindeki çeşitliliđi değerlendirmek için 56 polimorfik bant elde etmişlerdir. Aynı şekilde bu tez çalışmasında elde edilen polimorfizm oranı Göçmen (2006)’nin 16 biber genotipinde 31 SRAP primer kombinasyonu ile elde ettikleri polimorfizm oranından (% 61) ve Kochieva ve Ryzhova (2003)’nin *C. annuum* genotilerinde AFLP markır teknikleri ile elde ettikleri polimorfizm oranından (% 16.5) daha yüksek bulunmuştur. Öte yandan yaptığımız çalışma ile kıyaslandığında daha yüksek seviyede polimorfizm elde edilen bir çalışmada, Krishnamurthy ve ark. (2015). 59 *C. annuum* and *C. baccatum*

genotiplerinde AFLP kullanarak 389 tanesi polimorfik olmak üzere toplamda 414 bant elde etmişlerdir. Bununla birlikte, AFLP (Krishnamurthy ve ark. 2015) ve POGP (mevcut çalışma) markörleri kullanılarak yapılan her iki çalışmanın da diğer çalışmalarla karşılaştırıldığında daha yüksek polimorfik bantlar ortaya çıkardığı görülmektedir. Bu nedenle, POGP'nin *Capsicum*'daki genetik varyasyonları tespit etmek için ekonomik bir markör seçeneği olabileceği sonucuna varılabilir.

Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri incelendiğinde en yüksek değer 0.97 ile POX10Fa-POX10Rb primer kombinasyonundan alınmışken en düşük değer 0.48 ile POX6Fa-Fb primer kombinasyonundan alınmıştır. Ortalama PIC değeri 0.75 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.1). PIC değerlerinin hem değişim aralığı hem de ortalaması, Kwon ve ark. (2005)'nin 66 biber genotipinde 27 SSR kullanarak elde ettikleri 0.03-0.877 aralığı ve 0.529 ortalamadan, Zhang ve ark. (2016)'nin Çin biber genetik kaynaklarına ait 372 genotip ve farklı ülkelerden temin edilen 31 genotipte 28 SSR markırı ile yapılan çalışmada elde ettikleri 0.08-0.92 PIC değer aralığından, Naegele ve ark. (2016)'nin 9 farklı ülkeden oluşturdukları *C. annuum* koleksiyonunda SSR markörleri kullanarak elde ettikleri değerlerden (PIC=0.40) daha yüksek bulunmuştur. Bu çalışmada elde edilen ortalama PIC değeri, Rai ve arkadaşları (2013) tarafından farklı coğrafi kökenlere ait *Capsicum* koleksiyonunda SSR kullanarak buldukları PIC değerinden (0.69) daha yüksek bulunmuştur.

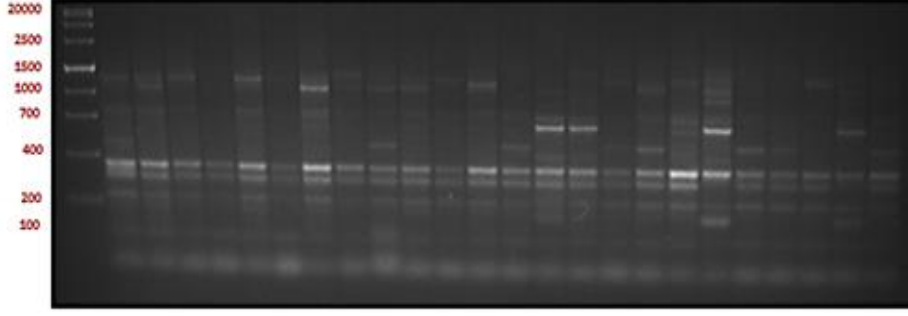
Allelik çeşitlilik ve markörlerin genomik dağılımı, çeşitlerin tanımlanması için evrensel kriter olarak kabul edilir. Werner ve ark. (2004)'na göre aday belirteçlerin allel frekansının 0.1'den yüksek olması gerekmektedir. Tüm primerler için bu değerden daha yüksek bir Shannon bilgi indeksi değeri elde edilmiştir. Bu çalışmada ortalama Shannon bilgi indeksi 0.29 olarak belirlenirken, maksimum (0.35) ve minimum (0.18). Shannon bilgi indeksi sırasıyla POX10Fa-POX10Rc ve POX10Fa-POX10Ra primer kombinasyonlarından elde edilmiştir (Çizelge 4.1). Bu sonuçlar Aktas ve ark. (2009)'nin Türk biberinde yaptıkları araştırmada elde ettikleri sonuçlar ile paralellik göstermektedir. Bununla birlikte, aralık ve ortalama Shannon bilgi indeksi değerleri, Jung ve ark. (2010) tarafından *Capsicum* cinsinde SNP markörleri kullanarak elde ettikleri Shannon bilgi indeksi aralık (I=0.035-0.69) ve ortalama (I=0.49) değerlerinden daha düşük bulunmuştur. Lijun ve Xuexiao (2012) beş kültür biber türünde genetik farklılığı ISSR markır tekniğini kullanılarak yaptıkları çalışmada elde ettikleri Shannon

farklılık indeksi (0.33) bizim çalışmamızdan yüksek bulunmuştur. Bu tez çalışmasında Nei gen diversity değeri ortalama 0.17 bulunmuş ve en yüksek değer (0.22) POX1 primerinden ve en düşük değer (0.09) ile POX10Fa-POX10Ra ve POX12Fa-POX12Ra primer kombinasyonlarında elde edilmiştir (Çizelge 4.1). Bu çalışmada elde edilen ortalama Nei gen diversity değeri Lijun ve Xuexiao (2012)'nin yaptıkları çalışmada elde ettikleri ortalamadan (0.21) düşük bulunmuştur. Aynı şekilde Zhang ve ark. (2016)'nın Çin biber genetik kaynaklarına ait 372 genotip ve farklı ülkelerden temin edilen 31 genotipde SSR markırı kullanılarak yapılan genetik farklılık çalışmasında elde edilen Nei gen diversity değeri aralığındaki (0.09-0.92) minimum değerle benzerlik gösterirken maksimum değerden düşük bulunmuştur.

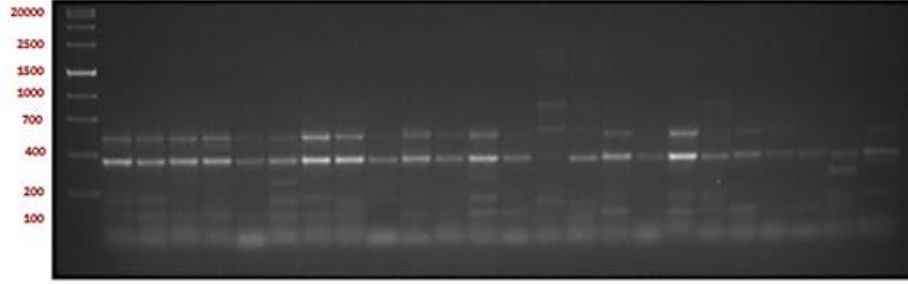
Çizelge 4.1 *Capsicum* genotiplerinde taranan 14 POX primerin sekans dizilimi, Polimorfizm oranı ve PIC değerleri

Primer kombinasyonu	Bağlanma Sıcaklığı	Toplam Bant	Polimorfik Bant	% P	PIC	h	I
POX1	46	10	9	90	0.72	0.22	0.34
POX5	53	10	9	90	0.77	0.12	0.22
POX6	40	12	11	91.7	0.48	0.18	0.31
POX9	52	13	12	92.3	0.68	0.21	0.34
POX10Fa-POX10Ra	50	7	6	85.7	0.86	0.09	0.18
POX10Fa-POX10Rb	50	8	6	75	0.97	0.17	0.29
POX10Fa-POX10Rc	50	9	7	77.8	0.77	0.21	0.35
POX10Fa-POX10Rd	50	14	12	85.7	0.78	0.16	0.29
POX10 Fb-POX10Rc	50	7	6	85.7	0.89	0.15	0.27
POX10Fb-POX10Re	50	11	11	100	0.60	0.17	0.29
POX10Fc-POX10Re	50	11	9	81.8	0.77	0.19	0.31
POX10Fd-POX10Re	50	7	6	85.7	0.67	0.15	0.25
POX11	51	11	10	90.9	0.83	0.21	0.34
POX12Fa-POX12Ra	50	9	6	66.7	0.69	0.09	0.19
Toplam		139	120				
Ortalama		9.9	8.6	85.6	0.75	0.17	0.29

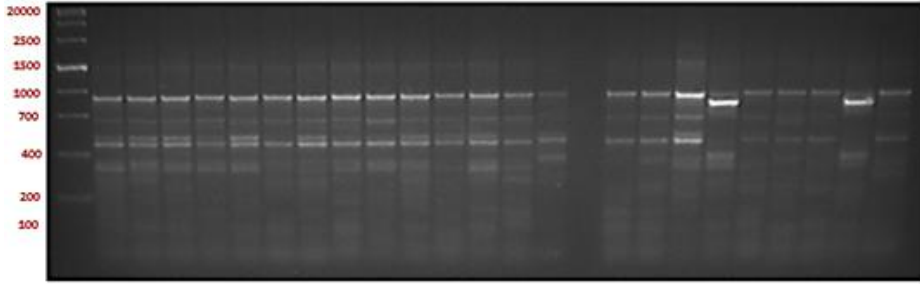
%P: yüzdeler polimorfizm, H: gen çeşitliliği, I: Shannon bilgi içeriği, PIC: Polimorfizm bilgi içeriği



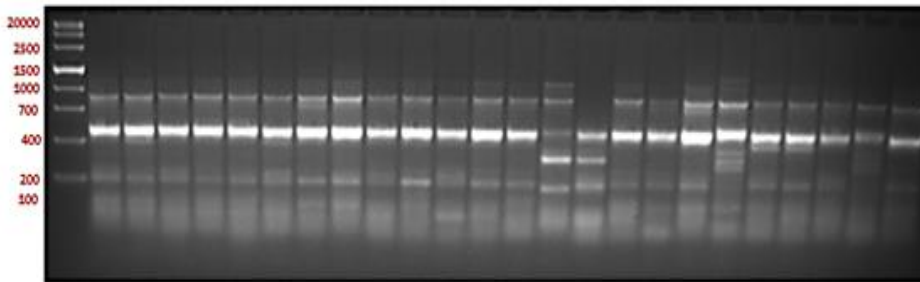
Şekil 4.1 POX1 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



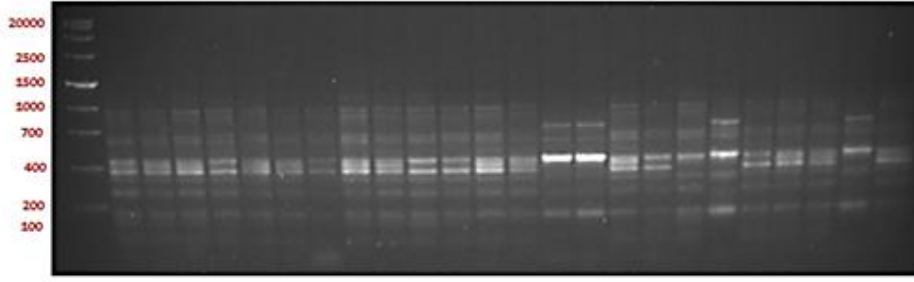
Şekil 4.2 POX 11 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



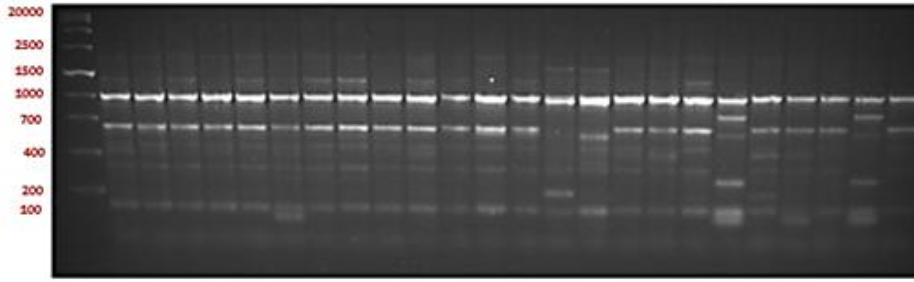
Şekil 4.3 POX10FdRe primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



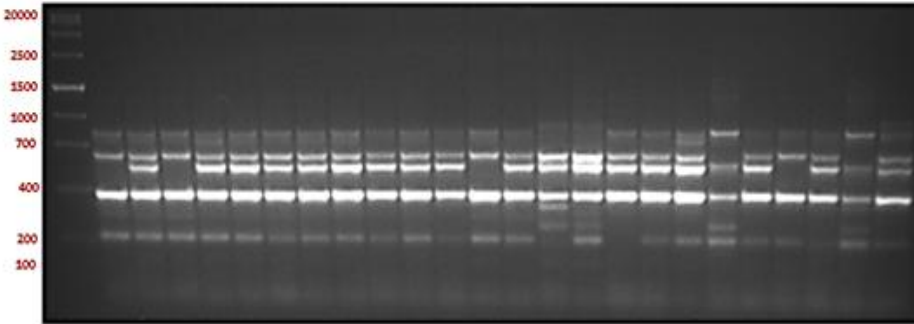
Şekil 4.4 POX5 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



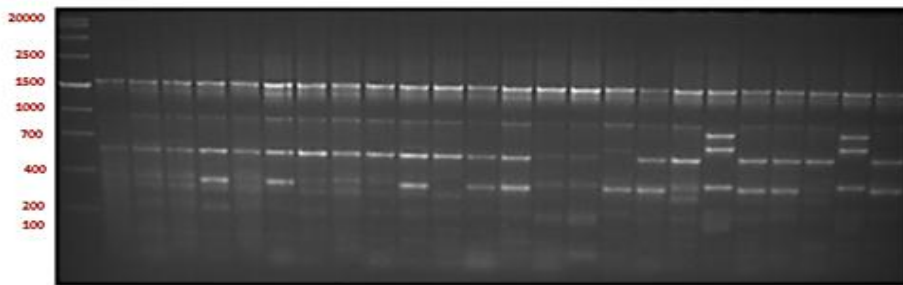
Şekil 4.5 POX6 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



Şekil 4.6 POX9 primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



Şekil 4.7 POX10 FbRe primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.



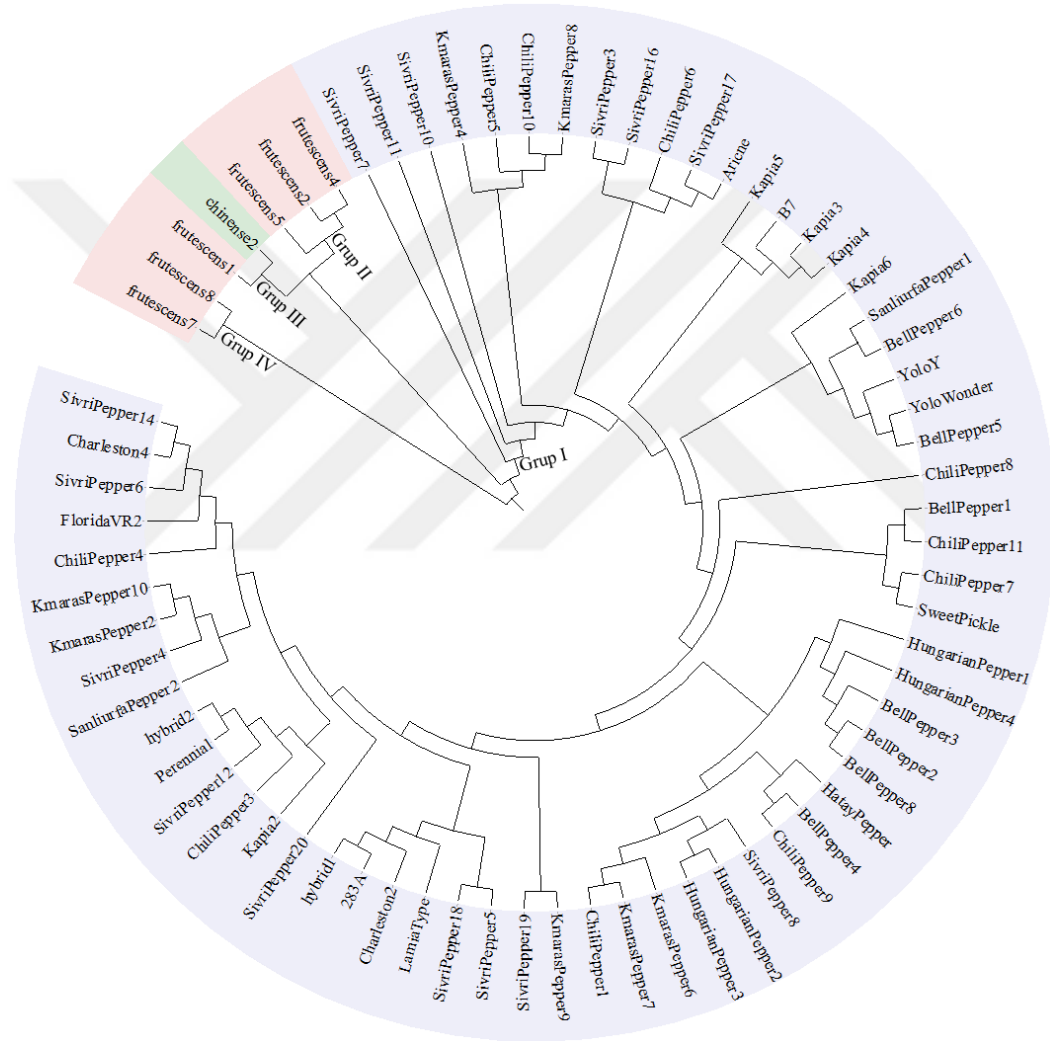
Şekil 4.8 POX10 FcRe primerinden elde edilen ilk 24 genotipe ait PCR jel görüntüsü.

POGP analizleri sonucunda oluşturulan UPGMA dendrogramında *Capsicum* genotipleri 4 gruba ayrılmıştır (Şekil 4.9). En büyük grup, 64 genotipi içeren grup I'dir. Bu gruptaki genotiplerin tamamı *C. annuum*'a aittir. Bu grupta, kümelenme ile coğrafi köken ya da bireylerin meyve özellikleri arasında açık bir ilişki bulunmamıştır. Grup III, *C. chinense* ve *C. frutescens*'i kapsamaktadır ve bu ilişki *C. chinense*'nin *C. frutescens*'den geldiği hipotezini desteklemektedir (Djian-Caporilano ve ark. 2007). Öte yandan, grup II ve grup IV, sadece *C. frutescens* türüne ait genotipleri içermektedir. Çalışmamıza benzer sonuçlar Toquica ve ark. (2003)'nın Kolombiya Amazon Departmanına ait *C. chinense* Jacq., *C. baccatum* L., *C. annuum* L. ve *C. frutescens* türlerinde 71 biber genotipinde genetik farklılıkların belirlenmesi için AFLP markır tekniği kullandıkları çalışmada rapor edilmiştir. Nei-Li genetik benzerlik ile UPGMA analizinden bir dendrogram ve çoklu benzerlik analizi (MCA) ile Amazon genotiplerinde üç kümede tanımlanmıştır. Kümeler *Capsicum chinense* (genotiplerin çoğunluğu), *Capsicum baccatum* ve kompleks *annuum-frutescens*'in gen grubu ile uyumlu olmuştur. Yine aynı şekilde, Adetula (2006) Nijerya Ulusal Bahçe Bitkileri Araştırma Enstitüsüne ait toplam 150 biber genetik kaynak koleksiyonunun karakterizasyonu ve değerlendirilmesini yapmıştır. RAPD markır tekniği kullanılarak genetik farklılık ve taksonomik ilişkilerine göre *C. annuum* ve *C. frutescens*'e ait 50 genotip seçilmiştir. Kümeleme analizi UPGMA ile yapılmış ve genotipler 4 ana gruba ayrılmıştır. Morfolojik ve moleküler dotalar *Capsicum* genotiplerinde dikkate değer farklılıklar ortaya koymuştur.

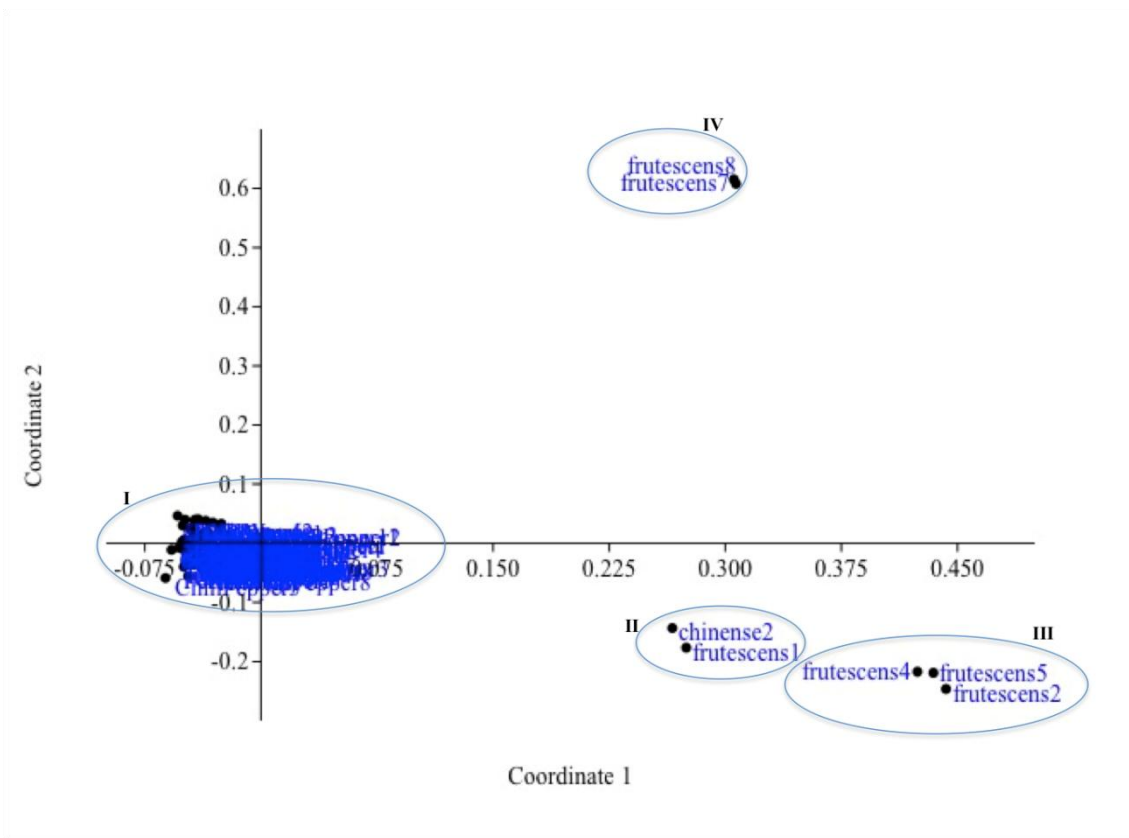
Bizim çalışmamızdan farklı olarak, Lijun ve Xuexiao (2012) beş kültür biber türünde genetik farklılığı ISSR markır tekniğini kullanılarak belirlenmeye çalışmışlar ve yapılan kümeleme analizinde *Capsicum annuum* L., *Capsicum chinense* Jacquin ve *Capsicum frutescens* L. bir grupta toplanırken *Capsicum baccatum* L. ve *Capsicum pubescens* Ruiz Pavon diğer bir grupta toplanmıştır. *Capsicum annuum* en düşük genetik farklılığa sahip olmuştur.

Yetmiş bir adet *Capsicum* genotipi arasındaki genetik ilişki hakkında daha ayrıntılı bilgi elde etmek için temel koordinat analizi (PCoA) yapılmıştır. PCoA genotipleri 4 gruba ayıran UPGMA'nın sonuçlarını da doğrulamıştır (Şekil 4.10). UPGMA kümelenme modeline benzer şekilde, PCoA, *C. annuum*'a ait tüm bireylerin aynı dalda gruplandığını ve *C. frutescens* ve *C. chinense*'nin çoğunun birlikte

kümelendiğini göstermiştir. Ancak UPGMA sonuçlarından farklı olarak, *C. frutescens* (frutescens8-frutescens7)'in bazı bireylerinin diğerlerinden uzaklaştıkları görülmüştür. Söz konusu bireylerin gül meyve şeklinin bu farklılığa neden olabileceği düşünülmektedir. Bir diğer analiz metodu olan popülasyon yapı analizi, bu 71 adet Türk genotipini $K=2$ değerinde 3 kümeye ayırmıştır (Şekil 4.11).



Şekil 4.9 POX verileri kullanılarak UPGMA metoduna göre oluşturulan dendrogram.



Şekil 4.10 POX verileri kullanılarak PCoA yöntemine göre oluşturulan kümelenme.

Çalışmamızda 71 *Capsicum* genotip/çeşitleri arasındaki genetik benzerlik değerinin 0.106 ile 0.953 arasında değiştiği saptanmıştır. (Ek 1.) Çizelgeye göre 0.953 Jaccard benzerlik katsayısı ile SivriPepper14 ve Charleston4'ün en yakın genotipler olduğu ortaya çıkmıştır. BellPepper8-BellPepper2(0.935) ve KmarasPepper10-KmarasPepper2(0.930) genotipleri diğer en yakın genotipler olarak tespit edilmiştir. Diğer taraftan, Jaccard benzerlik katsayısına göre genetik olarak en uzak genotipler, 0.106 değeri ile *frutescens7-chinense2* genotipleridir. Bu genotipleri takip eden diğer uzak genotipler, *frutescens7-frutescens1*(0.108), *frutescens8-frutescens1*(0.108)'tir. Genel olarak, tüm biber koleksiyonundaki ortalama benzerlik değeri 0.63 olarak saptanmıştır. *C. annuum* ve *C. frutescens* arasındaki farklılıklar ıslah amaçlı yeni fenotiplerin geliştirilmesi ve üretimi için kullanılabileceği gibi populasyonda istenen özelliklerin geliştirilmesi içinde kullanılabileceğini düşünmekteyiz.

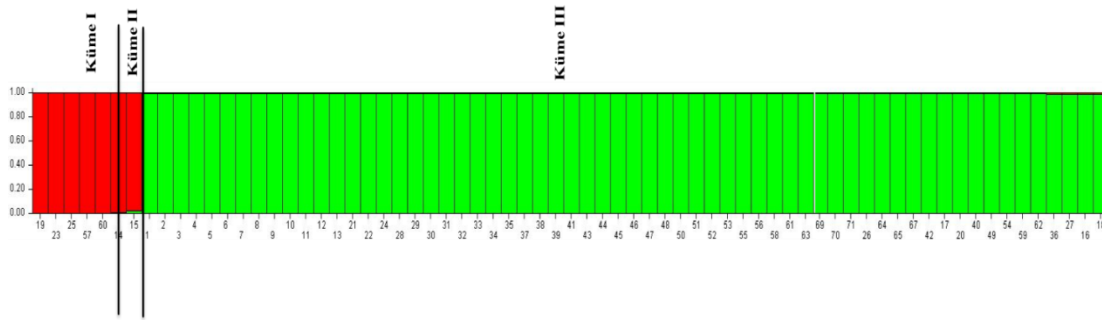
Tez çalışmasında kullanılan 71 adet biber genotipinin populasyon yapısı hakkında bilgi almak için STRUCTURE analizi yapılmıştır (Evanno ve ark., 2005).

Delta K değeri kullanılarak iki ana genetik havuz (alt popülasyon) tanımlanmıştır (K=2); birinci alt popülasyonda *C. frutescens* grubu (küme I), *C. frutescens* + *C. chinense* grubu (küme II), ikinci alt popülasyonda ise *C. annuum* grubu (küme III) toplanmıştır (Şekil 4.11).

En yüksek Delta K değeri 243.003197 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). Delta K'ya göre 71 biber genotipinin 2 farklı alt popülasyondan oluştuğu görülmüştür.

Çizelge 4.2 Structure analizinde hesaplanan Delta K değeri

K	Reps	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln"(K)	Delta K
1	10	-2572.580000	0.580804	—	—	—
2	10	-1842.170000	3.313290	730.410000	805.140000	243.003197
3	10	-1916.900000	224.328167	-74.730000	153.420000	0.683909
4	10	-1838.210000	232.055211	78.690000	570.630000	2.459027
5	10	-2330.150000	758.940774	-491.940000	718.140000	0.946240
6	10	-2103.950000	597.859768	226.200000	563.900000	0.943198
7	10	-2441.650000	711.956639	-337.700000	158.520000	0.222654
8	10	-2937.870000	1371.741425	-496.220000	1993.020000	1.452912
9	10	-5427.110000	3289.992984	-2489.240000	3839.830000	1.167124
10	10	-4076.520000	1956.375475	1350.590000	—	—



Şekil 4.11 Çalışmada kullanılan 71 biber genotipinin “Genetik Yapı Analiz” şeması (K=2).

Her 3 kümeleme metodu (UPGMA, PCoA, ve Structure) kullanarak elde edilen sonuçlar, tüm *C. annuum* genotiplerinin *C. frutescens* ve *C. chinense* genotiplerinden açıkça ayrıldığını göstermektedir. Bu sonuçlar, Gonzalez-Perez ve ark. (2014)'nın

bildirdikleri *C. annuum*, *C. frutescens* ve *C. chinense* genotipleri arasındaki açık genetik ayrım ile uyum sağlamaktadır.



5. SONUÇ

Tez çalışmasından elde edilen sonuçlar aşağıda maddeler halinde verilmiştir.

1- *Capsicum* genotip/çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesinde 14 polimorfik POGP primeri kullanılmış ve toplam 139 bant elde edilmiştir. Bu bantlardan 120 tanesinin (% 85.6) polimorfik olduğu saptanmıştır. Primer başına ortalama toplam skorlanan bant sayısı 9.9 ve primer başına ortalama polimorfik bant sayısı 8.6 olarak hesaplanmıştır, elde edilen bant büyüklükleri 80 ile 1600 bp arasında değişim göstermiştir. POX10Fa-POX10Rd primer kombinasyonu en fazla (14 adet) bant üretirken, POX10Fa-POX10Ra, POX10Fb-POX10Rc ve POX10Fd-POX10Re primer kombinasyonları en az (7 adet) bant sayısını vermiştir. Maksimum polimorfik bant sayısı (12) POX9 ve POX10Fa-POX10Rd primer çiftlerinden elde edilirken, minimum polimorfik bant sayısı (6) POX10Fa-POX10Ra, POX10Fa-POX10Rb, POX10Fb-POX10Rc, POX10Fd-POX10Re ve POX12Fa-POX12Ra primer çiftlerinden elde edilmiştir. Seçilen 14 primer çiftinin tamamı yüksek oranda polimorfizm göstermiştir ve Türk biber germplazmasında ortalama polimorfizm oranı % 85.6 olarak saptanmıştır.

2- Polimorfizm bilgi içeriğinin (PIC) ortalama değeri 0.75'tir. POX10Fa-POX10Rb ve POX6 primer çiftleri, sırasıyla 0.97 ve 0.48 değerleri ile maksimum ve minimum PIC değerlerini vermiştir. Gen çeşitliliği (h)'nin aralık ve ortalama değerleri sırasıyla 0.09-0.22 ve 0.17 dir. POGP markırına göre Shannon'un bilgi indeksi (I) 0.18 ile 0.35 arasında değişmekte olup, ortalama değer 0.29 bulunmuştur.

3- Biber genotipleri arasındaki Jaccard genetik mesafe katsayısının 0.106 ile 0.953 arasında değiştiği saptanmıştır. Jaccard benzerlik katsayısına (0.953) göre SivriPepper14 ve Charleston4'ün en yakın genotipler olduğu ortaya çıkmıştır. BellPepper8-BellPepper2(0.935), KmarasPepper10-KmarasPepper2(0.930) genotipleri diğer en yakın genotipler olarak tespit edilmiştir. Diğer taraftan, Jaccard benzerlik katsayısına göre genetik olarak en uzak genotipler, 0.106 değeri ile *frutescens7-chinense2* genotipleridir. Bu genotipleri takip eden diğer uzak genotipler, *frutescens7-frutescens1*(0.108), *frutescens8-frutescens1*(0.108)'tir. Genel olarak tüm biber koleksiyonundaki ortalama Jaccard benzerlik katsayısı değeri 0.63 olarak saptanmıştır.

4- POGP analizleri sonucunda oluşturulan UPGMA dendrogramında genotipler dört ana gruba ayrılmıştır. Birinci grup (I). *C. annuum* türüne ait olan genotipleri içermektedir. Bu gruba diğer gruplardan daha fazla sayıda genotip katılmıştır (71 genotipin % 90'ı bu grupta kümelenmiştir). Grup II, 3 *frutescens* genotipini içerirken, Grup III ise *C. chinense* ve *C. frutescens*'in her ikisini de içermektedir. Grup IV, 2 *C. frutescens* genotipinden oluşmaktadır.

5- *Capsicum* genotiplerini kümelemek için yapılan PCoA analizinde *C. frutescens* ve *C. chinense* grup II, III ve IV'te yer alırken, *C. annuum* varyetelerinin hepsi grup I'de toplanmıştır. Bu bulgu aynı zamanda UPGMA'nın kümelenmesini de desteklemektedir.

6- Türk biber genotiplerinin populasyon alt yapısı incelenmiş ve iki ana genetik havuz tanımlanmıştır (K=2); birinci popülasyonda *C. frutescens* grubu (küme I), *C. frutescens* + *C. chinense* grubu (küme II) ikinci popülasyonda ise *C. annuum* grubu (küme III) bulunmaktadır. Genel olarak, UPGMA, STRUCTURE ve PCoA'nın kümelenme sonuçları oldukça uyumlu bulunmuştur.

Bu tez çalışmasında alınan sonuçlar doğrultusunda POGP markır sisteminin *Capsicum* genotip/çeşitlerinde genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanımının uygun olduğu ortaya çıkmıştır. Bu sonuçların biber genetik çeşitlilik çalışmalarına yol göstereceği ve gelecekte yapılacak ıslah çalışmalarına katkıda bulunacağı düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Adetula, O.A., 2006. Genetic diversity of *Capsicum* using Random Amplified Polymorphic DNAs. *African Journal of Biotechnology*, **5**(2): 120-122.
- Aktaş, H., Abak, K., Sensoy, S., 2009. Genetic diversity in some Turkish pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes revealed by AFLP analyses. *African Journal of Biotechnology*, **8**(18): 4378-4386.
- Almagro, L., Gómez Ros, L.V., Belchi-Navarro, S., Bru, R., Ros Barceló, A., Pedreño, M.A., 2009. Class III peroxidases in plant defense reactions. *Journal of Experimental Botany*, **60**:377-390.
- Amaya, I., M. A. Botella, M. de la Calle. M. I. Medina. A. Heredia. R. A. Bressan.P. M. Hasegawa. M. A. Quesada, and V. Valpaesta., 1999. Improved germination under osmotic stress of tobacco plants over expressing a cell wall Peroxidase. *FEBS Letters*, **457**: 80-84.
- Andrews, J., 1999. The pepper trail, history and recipes from around the World, University of North Texas Pres, Denton, TX, USA.
- Bağcı, M., 1965. *Türkiye’de Yetiştirilen Yerli ve Yabancı Biber Çeşitlerinin Morfolojik ve Pomolojik Özellikleri ile Çiçek Biyolojileri Üzerinde Mukayeseli Araştırmalar*, (Doktora Tezi). E.Ü. Z.F. İzmir.
- Becana, M., Paris, F.J., Sandalio, L.M., Del Río L.A., 1989. Isoenzymes of superoxide dismutase in nodules of *Phaseolus vulgaris* L., *Pisum sativum* L., and *Vigna unguiculata* (L.). Walp. *Plant Physiology*, **90**:1286-1292.
- Bosland, P.W., 1996. Capsicums: Innovative uses of an ancient crop, In: J. Janick (ed.), **Progress in New Crops**. ASHS Pres s, Arlington, VA, 3:479 - 487.
- Bozokalfa, M.K., Aşçıoğlu, T.K., Eşiyok, D., 2017. Biber genotiplerinin genetik çeşitliliklerinin SRAP markörleri kullanılarak belirlenmesi. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, **32**: 321-329.
- Ceylan, H., 2010. *Türkiye orijinli bazı buğday çeşitlerinde peroksidaz gen polimorfizminin belirlenmesi*. Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Yüksek Lisans Tezi, Kayseri.
- Chittoor, J. M., J. E. Leach, F. F. White., 1999. Induction of peroxidase during defense against pathogens. In S. K. Datta and S. Muthukrishnan [eds.], **Pathogenesis-Related Proteins in Plants**. CRC, Boca Raton, FL. pp. 171- 193.
- Çömlekçiöğlü, N., Büyükalaca, S., Abak, K., 2001. Effect of Silver Nitrate on Haploid Embryo Induction by Anther Culture in Pepper (*Capsicum annuum* L.). *XI.th. Eucarpia Meeting on Genetics and Breeding of Capsicum and Eggplant*, April 9-13, 2001, Antalya, Turkey, 133-136.
- Dhaliwal, M.S., Yadav, A., Jindal, S.K., 2014. Molecular characterization and diversity analysis in chilli pepper using simple sequence repeats (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, **13**(31): 3137-3143.
- Djian-Caporilano, C., Lefebvre, V. Sage-Daubez, A.M., Palloix, A., 2007. In **Genetic Resources, Chromosome Engineering, And Crop Improvement: Vegetable Crops**; Singh, R. J., Ed.; CRC Press: Boca Raton, FL. Vol. 3:185-243.
- Escribano, M.R., Santalla, M., Casquero, P.A., De Ron, A.R., 1998. Patterns of genetic diversity in landraces of common bean (*Phaseolus vulgaris* L .) from Galicia. *Plant Breeding*, **117**: 49 -56.

- Evanno G., Regnaut S., Goudet J., (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, **14**:2611-20
- FAOSTAT, 2014. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> Erişim tarihi: 12.01.2014
- Geleta, L.F., Labuschagne, M.T., Viljoen, C.D., 2005. Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum* L.) estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism markers. *Biodiversity and Conservation*, **14**: 2361-2375.
- González-Pérez S., Garcés-Claver A., Mallor C., de Miera LE., Fayos O., Pomar F., Merino F., Silvar C., (2014). New insights into capsicum spp relatedness and the diversification process of *Capsicum annuum* in Spain. PLOS one doi: 10.1371/journal.pone.0116276
- Göçmen, M., 2006. *Biberde Phytophthora capsici' ye karşı dayanıklılıkta genotip x izolat interaksyonu ve farkı dayanıklılık kaynaklarının karakterizasyonu*, Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, 160s.
- Grubben, G., J., H., 1977. **Tropical vegetables and their genetic resources. International Board for Plant Genetic Resources**, Rome, FAO. 197 pp.
- Gulsen, O., Shearman, RC., Heng-Moss, TM., Mutlu N., Lee DJ., Sarath G., 2006. Peroxidase Gene Polymorphism in buffalograss and Other Grasses. *Crop Science*, **47**(2): 767-772.
- Gulsen O, Shearman RC, Heng-Moss TM, Mutlu N, Lee DJ, Sarath G (2007) Peroxidase gene polymorphism in buffalograss and other grasses. *Crop Sci*, **47**:767-772
- Gulsen, O., Kaymak, S., Ozongun, S., Uzun, A., 2010. Genetic analysis of Turkish apple germplasm using peroxidase gene-based markers. *Scientia Horticulturae*, **125**: 368-373.
- Gülşen, O., Sever-Mutlu, S., Mutlu, N., Tuna, M., Karagüzel, O., Hearman, R.C., Riordan, T.P., Heng-Moss, T.M., 2009. Polyploidy creates higher diversity among *Cynodon* accessions as assessed by molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*, **118**: 1309-1319.
- Günay A., 2005. *Sebze Yetiştiriciliği*. Cilt II, Meta basımevi, İzmir s. 345
- Hiraga, S., Sasaki, K., Ohashi, Y., Matsui, A., 2001. A large family of class III plant peroxidases. *Plant Cell Physiology*, **42**: 462-468.
- Ibarra-Torres P., Valadez-Moctezuma E., Pérez-Grajales M., Rodríguez-Campos J., Jaramillo-Flores M.E., (2015). Inter-and intraspecific differentiation of *Capsicum annuum* and *Capsicum pubescens* using ISSR and SSR markers. *Sci Hort*, **181**(2):137-46
- Jaccard P., (1987). Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Societe Vaudoise des Sciences Naturelles*, **44**:103-107
- Jespersen, H.M., Kjarsgard, I.V., Ostergaard, L., Welinder, K.G., 1997. From sequence analysis of three novel ascorbate peroxidases from *Arabidopsis thaliana* to structure, function and evolution of seven types of ascorbate peroxidase. *Biochemical Journal*, **326**:305-310.
- Jung J.K., Park S.W., Liu W.Y., Kang B.C., (2010). Discovery of single nucleotide polymorphism in *Capsicum* and SNP markers for cultivar identification. *Euphytica* **175**(1): 91-107
- Kaya, S. 2011. *Türkiye Echinops L. Cinsi Ritrodes Bunge Seksiyonu Türlerinin Peroksidaz Gen Polimorfizm (POGP) Yöntemi Kullanılarak Araştırılması*. Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi, Kayseri.

- Keleş, D., 2007. *Farklı Biber Genotiplerinin Karakterizasyonu Ve Düşük Sıcaklığa Tolerans* (Doktora Tezi). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana
- Kochieva, E.Z., Ryzhova, N.N., 2003. Molecular AFLP analysis of the genotypes of pepper *Capsicum annuum* cultivars. *Russian Journal of Genetics*, **39**(1): 1345-1348.
- Krishnamurthy S.L., Prashanth Y., Rao A.M, Reddy K.M, Ramachandra R (2015). Assessment of AFLP marker based genetic diversity in chilli (*Capsicum annuum* L. & *C. baccatum* L.). *Indian J Biotech*, **14**(1):49-54
- Kumar, L. S., 1999. DNA Markers in plant improvement: An Overview. *Biotechnology Advances*, **17**: 143-182.
- Kwon, Y.S., Lee, J.M., Yi, G.B., Yi, S.I., Kim, K.M., Soh, E.H., Bae, K.M., Park, E.K., Song, I.H., Kim, B.D., 2005. Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) Varieties. *Molecules and Cells*, **19**(3): 1-8.
- Lanteri, S., Acquadro, A., Quagliotti, L., Portis, E., 2003. RAPD and AFLP assessment of genetic variation in a landrace of pepper (*Capsicum annuum* L.) grown in North-West Italy. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **50**: 723-735.
- Lijun, O., Xuexiao, Z., 2012. Inter simple sequence repeat analysis of genetic diversity of five cultivated pepper species. *African Journal of Biotechnology*, **11**(4): 752-757.
- Lu, F.H., Yoon, M.Y., Cho. Y.I., Chung. J.W., Kim, K.T., Cho, C.M., Cheong, S.R., Park, Y.J., 2011. Transcriptome analysis and SNP/SSR marker information of red pepper variety YCM334 and Taean. *Scientia Horticulturae*, **129**(1): 38-45.
- Manjunatha. B.R., Virupakshi, S., Naik. G.R., 2003. Peroxidase isozyme polymorphism in popular sugarcane cultivars. *Current Science*, **85**:1347-1349.
- Murray MG., & Thompson WF., 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Res*, **8**: 4321-4325.
- Naegele R.P., Mitchell J., Hausbeck M.K., 2016. Genetic diversity, population structure, and heritability of fruit traits in capsicum annuum. PLOS one <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156969>
- Nas, Y., 2016. *Biber Hatlarında Moleküler Markörlerle Genetik İlişkilerin Belirlenmesi*. Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tohumluk Bilimi ve Teknolojisi Anabilim Dalı Yüksek Lisans Tezi, İzmir.
- Nicolai, M., Cantet, M., Lefebvre, V., Sage-Palloix, A.N., Palloix, A., 2013. Genotyping a large collection of pepper (*Capsicum* spp.) with SSR loci brings new evidence for the wild origin of cultivated *C. annuum* and the structuring of genetic diversity by human selection of cultivar types. *Genetic Resources Crop Evolution*, **60**: 2375-2390.
- O'Brien, P.J., 2000. Peroxidases. *Chemico-Biological Interactions*, **129**: 113-139.
- Ocal, N., Akbulut, M., Gulsen, O., Yetisir, H., 2014. Genetic diversity, population structure and linkage disequilibrium among watermelons based on peroxidase gene markers. *Scientia Horticulturae*, **176**: 151-161.
- Olvera, A.P., Verdugo, S.H., Ramirez, V.R., Rodriguez, A.G., Oyama, K., 2011. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Alliance of Crop. Soil and Environmental Science Societies*, **52**:1. 231-241.
- Odeigah, P.G.C., Oboh, B., Aghalokpe, I.O., 1999. The characterization of Nigerian varieties of pepper. *Capsicum annuum* and *Capsicum frutescens* by SDS-

- polyacrylamide gel electrophoresis of seed proteins. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **46**: 127-131.
- Paran, I., van der Knaap, E.J., 2007. Genetic and molecular regulation of fruit and plant domestication traits in tomato and pepper. *Journal of Experiment Botany*, **58**: 3841–3852.
- Passardi, F., et al., (2004). The plant peroxidase multigenic family in rice and its evolution in green plants. *Phytochemistry*, **65**: 1879–1893
- Passardi, F., C. Cosio, C. Penel, C. Dunand., 2005. Peroxidases have more Functions than a Swiss Army Knife. *Plant Cell Reports*, **24**: 255–265.
- Pickersgill, B., 1980. Some aspects of interspecific hybridisation in Capsicum. Paper Presented during the fourth meeting of Eucarpia working group, Wageningen, Netherlands. Anonim, 1983.
- Pinar, H., Unlu, M., Ercisli, S., Uzun, A., Bircan, M., 2016. Genetic analysis of selected almond genotypes and cultivars grown in Turkey using peroxidase-gene-based markers. *Journal of Forest Research*, **27**(4): 747-754.
- Pritchard JK., Stephens M., Donnelly P., (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, **155**: 945–959.
- Rai V.P., Kumar R., Kumar S., Rai A., Kumar S., Singh M., Singh S.P., Rai A.B., Paliwal R., (2013). Genetic diversity in Capsicum germplasm based on microsatellite and random amplified microsatellite polymorphism markers. *Physiol Mol Biol Plants*, **19**(4):575-86
- Rêgo, E.R., Rego, M.M., Farias-Filho, L.P., 2010. Genetic Diversity In Pepper (*Capsicum* Spp by RAPD Markers ISHS Acta Horticulturae 918: **XXVIII International Horticultural Congress on Science and Horticulture for People (IHC2010)**: III International Symposium on Plant Genetic Resources.
- Sanwen, H., Baoxi, Z., Milbourne, D., Cardiel, L., Guimei, Y., Jijazhen, G., 2000. Development of SSR markers from sequence databases. *Euphytica*, **117**: 163-167.
- Singh, R.K., Sharma, R.K., Singh, A.K., Singh, V.P., Singh, N.K., Tiwari, S.P., Mohapatra, T., 2004. Suitability of mapped sequence tagged microsatellite site markers for establishing distinctness, uniformity and stability in aromatic rice. *Euphytica*, **135**: 135-143.
- Toquica, S.P., Rodriguez, F., Martinez, E., Duque, M.C., Tohme, J., 2003. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon Department in Colombia, characterization by AFLPs of *Capsicum*.. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **50**: 639-647.
- TUİK. 2014. Türkiye İstatistik Kurumu Bitkisel Üretim İstatistikleri <http://www.tuik.gov.tr/>
- Uzun, A., G., O., Seday, U., Yesiloglu, T., Aka-Kacar, Y., 2014. Peroxidase gene-based estimation of genetic relationships and population structure among *Citrus* spp. and their relatives. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **61**: 1307-1317.
- Wahyuni Y., Ballester A-R., Sudarmonowati E., Bino R.J., Bovy A.G., 2013. Secondary metabolites of capsicum species and their importance in the human diet. *J. Nat. Prod.*, DOI: 10.1021/np300898z
- Walsh, B.M., Hoot, S.B., 2001. Phylogenetic relationships of Capsicum (Solanaceae) using DNA sequences from two noncoding regions: the chloroplast atpB-rbcL spacer region and nuclear waxy introns. *International Journal of Plant Sciences*, **162**: 1409–1418.
- Welinder, K.G. 1992. Super family of plant. fungal and bacterial peroxidases. *Current*

***Opinion in Structural Biology*, 2:388-393.**

- Welinder, K.G., Justesen, A.F., Kjaersgard, IV.H., Jensen, R.B., 2002. Rasmussen SK, Jespersen HM, et al., Structural diversity and transcription of class III peroxidases from *Arabidopsis thaliana*. ***European Journal of Biochemistry*, 269:6063–6081.**
- Werner FA., Durstewitz G., Habermann FA., Thaller G., Krämer W., Kollers S., Buitkamp J., Georges M., Brem G., Mosner J., Fries R., (2004). Detection and characterization of SNPs useful for identity control and parentage testing in major European dairy breeds. ***Anim Genet*, 35(1): 44-9**
- Yeh FC., Yang R., Boyle T.J., Ye Z., et al., (2000). Pop Gene 32, Microsoft Windows-based Freeware for population genetic analysis. Version 1.32. Mol Biol Biotechnol Centre University of Alberta. Edmonton
- Yoshida, K., Kaothien, T., Matsui, T., Kawaoka, A. ve Shinmyo, A., 2003. Molecular biology and application of plant peroxidase genes. ***Applied Microbiology and Biotechnology*, 60: 665-670.**
- Zhang, L., S. K. Pond, and B. S. Gaut., 2001. A Survey of the molecular evolutionary dynamics of twenty-five multigene families from four Taxa. ***Journal of Molecular Evolution*, 52: 144–156.**
- Zhang, X.M., Zhang, Z.H., Gu, X.Z., Mao, S.L., LI, X.X., Joel, C., Palloix, A., Wang, L.H., Zhang, B.X., 2016. Genetic diversity of pepper (*Capsicum* spp.) germplasm resources in China reflects selection for cultivar types and spatial distribution. ***Journal of Integrative Agriculture*, 15(9): 1991-2001.**
- Zonneveld, M., Ramirez, M., Williams, D.E., Petz, M., Meckelmann, S., Avila, T., Bejarano, C., Rios, L., Pena, K., Jager, M., Libreros, D., Amaya, K., Scheldeman, X., 2015. Screening genetic resources of *Capsicum* peppers in their primary center of diversity in Bolivia and Peru. ***PLOS ONE***. DOI:10.1371/journal.pone.0134663

ÖZ GEÇMİŞ

Van'ın Çaldıran ilçesinde 1988 yılında doğdu. İlk ve orta öğrenimini Van'da lise öğrenimini ise Balıkesir'de tamamladı. Lisans eğitimini 2012 yılında Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Öğretmenliği Bölümünde tamamladı. 2014 yılında Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans eğitimine başladı ve halen bu bölümde eğitimine devam etmektedir.



EKLER

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu

Genotip Adı	hybrid1	hybrid2	283A	ChiliPepper1	FloridaVR2	LamiaType	Perennial
hybrid2	0.898						
283A	0.915	0.854					
ChiliPepper1	0.760	0.813	0.750				
FloridaVR2	0.833	0.851	0.867	0.745			
LamiaType	0.843	0.824	0.800	0.760	0.760		
Perennial	0.804	0.896	0.760	0.792	0.792	0.769	
KmarasPepper2	0.796	0.851	0.826	0.708	0.822	0.796	0.830
BellPepper1	0.784	0.765	0.740	0.667	0.700	0.784	0.780
ChiliPepper3	0.820	0.875	0.776	0.848	0.809	0.820	0.894
Kapia2	0.816	0.872	0.809	0.766	0.766	0.745	0.851
Charleston2	0.857	0.800	0.851	0.771	0.735	0.820	0.712
BellPepper2	0.769	0.750	0.760	0.720	0.720	0.804	0.731
frutescens1	0.286	0.290	0.284	0.273	0.313	0.286	0.294
chinense2	0.306	0.290	0.305	0.293	0.316	0.323	0.295
SivriPepper3	0.755	0.735	0.708	0.667	0.702	0.720	0.680
KmarasPepper4	0.660	0.673	0.646	0.711	0.638	0.660	0.653
ChiliPepper4	0.820	0.800	0.851	0.700	0.809	0.750	0.780
frutescens2	0.165	0.197	0.158	0.162	0.178	0.179	0.184
HatayPepper	0.780	0.760	0.735	0.844	0.729	0.745	0.740
YoloWonder	0.692	0.642	0.647	0.673	0.640	0.725	0.654
SivriPepper4	0.813	0.792	0.844	0.723	0.800	0.813	0.771
frutescens4	0.195	0.213	0.190	0.179	0.195	0.210	0.200
SanliurfaPepper1	0.704	0.685	0.630	0.686	0.654	0.704	0.636
frutescens5	0.147	0.181	0.155	0.159	0.176	0.162	0.167
ChiliPepper5	0.706	0.792	0.660	0.761	0.653	0.740	0.809
ChiliPepper6	0.633	0.646	0.652	0.721	0.721	0.702	0.660
SivriPepper5	0.854	0.796	0.848	0.694	0.766	0.816	0.776
BellPepper3	0.860	0.840	0.816	0.776	0.813	0.824	0.784
SivriPepper6	0.840	0.820	0.833	0.720	0.830	0.840	0.765
BellPepper4	0.824	0.769	0.745	0.740	0.740	0.824	0.784
HungarianPepper1	0.750	0.731	0.740	0.667	0.735	0.750	0.712
BellPepper5	0.800	0.745	0.720	0.714	0.714	0.765	0.725

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip Adı	hybrid1	hybrid2	283A	ChiliPepper1	FloridaVR2	LamiaType	Perennial
YoloY	0.816	0.725	0.771	0.694	0.729	0.816	0.673
ChiliPepper7	0.731	0.780	0.686	0.714	0.680	0.800	0.760
SivriPepper7	0.841	0.778	0.814	0.727	0.810	0.818	0.795
SivriPepper8	0.745	0.792	0.704	0.731	0.667	0.745	0.709
HungarianPepper2	0.750	0.765	0.740	0.735	0.700	0.717	0.712
HungarianPepper3	0.765	0.816	0.755	0.826	0.714	0.731	0.760
BellPepper6	0.725	0.740	0.647	0.745	0.673	0.760	0.720
SivriPepper10	0.813	0.792	0.804	0.702	0.723	0.740	0.809
ChiliPepper8	0.717	0.765	0.740	0.700	0.735	0.655	0.745
B7	0.811	0.759	0.769	0.698	0.698	0.714	0.741
SivriPepper11	0.702	0.702	0.767	0.667	0.744	0.778	0.681
KmarasPepper6	0.804	0.784	0.760	0.830	0.792	0.804	0.800
SivriPepper12	0.898	0.878	0.854	0.776	0.776	0.824	0.896
KmarasPepper7	0.750	0.800	0.740	0.848	0.771	0.717	0.780
Charleston4	0.837	0.894	0.830	0.787	0.867	0.800	0.872
SanliurfaPepper2	0.755	0.848	0.822	0.778	0.818	0.720	0.826
SivriPepper14	0.796	0.851	0.826	0.783	0.864	0.796	0.830
Kapia3	0.736	0.750	0.692	0.686	0.623	0.704	0.731
Kapia4	0.788	0.769	0.745	0.706	0.642	0.722	0.750
ChiliPepper9	0.792	0.809	0.745	0.778	0.739	0.755	0.826
ChiliPepper10	0.706	0.755	0.660	0.761	0.620	0.740	0.735
ChiliPepper11	0.660	0.706	0.680	0.673	0.673	0.760	0.755
KmarasPepper8	0.725	0.740	0.714	0.708	0.673	0.760	0.686
frutescens7	0.194	0.181	0.171	0.127	0.159	0.178	0.167
Kapia5	0.725	0.740	0.750	0.745	0.745	0.692	0.720
HungarianPepper4	0.740	0.755	0.694	0.761	0.723	0.776	0.735
frutescens8	0.211	0.164	0.188	0.127	0.176	0.194	0.151
SweetPickle	0.774	0.788	0.731	0.760	0.725	0.808	0.804
KmarasPepper9	0.750	0.765	0.740	0.700	0.735	0.784	0.712
BellPepper8	0.784	0.731	0.776	0.735	0.735	0.820	0.712
SivriPepper16	0.725	0.740	0.714	0.783	0.745	0.692	0.686
SivriPepper17	0.667	0.714	0.653	0.681	0.756	0.700	0.694
SivriPepper18	0.796	0.776	0.787	0.673	0.745	0.760	0.755
Aricene	0.714	0.804	0.667	0.696	0.733	0.714	0.745
Kapia6	0.691	0.704	0.648	0.706	0.642	0.661	0.685
SivriPepper19	0.750	0.837	0.776	0.700	0.771	0.750	0.780
KmarasPepper10	0.816	0.913	0.848	0.729	0.844	0.780	0.851
SivriPepper20	0.736	0.820	0.725	0.720	0.720	0.736	0.837

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	KmarasPepper2	BellPepper1	ChiliPepper3	Kapia2	Charleston2	BellPepper2	frutescens1
BellPepper1	0.809						
ChiliPepper3	0.809	0.760					
Kapia2	0.844	0.755	0.830				
Charleston2	0.735	0.725	0.760	0.792			
BellPepper2	0.792	0.780	0.780	0.776	0.780		
frutescens1	0.292	0.279	0.318	0.288	0.279	0.275	
chinense2	0.333	0.317	0.322	0.310	0.345	0.311	0.696
SivriPepper3	0.739	0.729	0.660	0.723	0.729	0.714	0.262
KmarasPepper4	0.638	0.702	0.667	0.660	0.633	0.688	0.274
ChiliPepper4	0.809	0.725	0.796	0.830	0.760	0.745	0.338
frutescens2	0.194	0.171	0.187	0.208	0.187	0.169	0.294
HatayPepper	0.729	0.720	0.755	0.750	0.755	0.740	0.288
YoloWonder	0.608	0.735	0.667	0.596	0.700	0.755	0.273
SivriPepper4	0.884	0.867	0.787	0.783	0.787	0.771	0.297
frutescens4	0.195	0.203	0.218	0.224	0.218	0.200	0.306
SanliurfaPepper1	0.623	0.712	0.679	0.642	0.712	0.731	0.313
frutescens5	0.176	0.169	0.169	0.191	0.153	0.167	0.302
ChiliPepper5	0.688	0.680	0.787	0.745	0.714	0.667	0.258
ChiliPepper6	0.682	0.638	0.711	0.630	0.674	0.696	0.267
SivriPepper5	0.804	0.755	0.792	0.826	0.830	0.776	0.308
BellPepper3	0.776	0.765	0.837	0.833	0.837	0.896	0.290
SivriPepper6	0.792	0.745	0.816	0.776	0.816	0.800	0.313
BellPepper4	0.740	0.765	0.837	0.760	0.765	0.784	0.328
HungarianPepper1	0.735	0.760	0.760	0.720	0.692	0.816	0.279
BellPepper5	0.680	0.776	0.776	0.667	0.776	0.796	0.284
YoloY	0.694	0.755	0.720	0.680	0.792	0.776	0.232
ChiliPepper7	0.714	0.813	0.776	0.667	0.740	0.725	0.284
SivriPepper7	0.786	0.773	0.814	0.767	0.733	0.756	0.283
SivriPepper8	0.698	0.755	0.722	0.717	0.755	0.709	0.296
HungarianPepper2	0.771	0.760	0.725	0.792	0.796	0.816	0.279
HungarianPepper3	0.750	0.706	0.776	0.809	0.813	0.760	0.284
BellPepper6	0.708	0.735	0.735	0.694	0.700	0.792	0.292
SivriPepper10	0.761	0.750	0.750	0.822	0.787	0.700	0.306
ChiliPepper8	0.735	0.725	0.760	0.755	0.725	0.712	0.338
B7	0.667	0.755	0.691	0.717	0.788	0.679	0.296
SivriPepper11	0.810	0.711	0.711	0.711	0.711	0.814	0.271
KmarasPepper6	0.755	0.712	0.854	0.776	0.745	0.765	0.313
SivriPepper12	0.813	0.765	0.875	0.833	0.800	0.750	0.290
KmarasPepper7	0.771	0.725	0.833	0.720	0.692	0.780	0.261
Charleston4	0.867	0.740	0.851	0.809	0.740	0.760	0.303

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	KmarasPepper2	BellPepper1	ChiliPepper3	Kapia2	Charleston2	BellPepper2	frutescense1
SanliurfaPepper2	0.860	0.729	0.804	0.841	0.729	0.787	0.281
SivriPepper14	0.822	0.700	0.809	0.766	0.735	0.792	0.292
Kapia3	0.686	0.712	0.712	0.706	0.780	0.731	0.294
Kapia4	0.740	0.765	0.698	0.760	0.765	0.717	0.271
ChiliPepper9	0.778	0.804	0.804	0.800	0.766	0.750	0.302
ChiliPepper10	0.688	0.750	0.787	0.708	0.714	0.700	0.277
ChiliPepper11	0.745	0.809	0.771	0.694	0.700	0.755	0.273
KmarasPepper8	0.673	0.735	0.771	0.694	0.700	0.755	0.292
frutescens7	0.212	0.221	0.153	0.191	0.186	0.200	0.108
Kapia5	0.745	0.667	0.700	0.729	0.771	0.720	0.254
HungarianPepper4	0.800	0.714	0.787	0.745	0.714	0.848	0.258
frutescens8	0.194	0.203	0.153	0.174	0.203	0.217	0.108
SweetPickle	0.760	0.784	0.820	0.780	0.784	0.769	0.286
KmarasPepper9	0.735	0.760	0.692	0.720	0.692	0.712	0.225
BellPepper8	0.771	0.760	0.760	0.755	0.833	0.935	0.279
SivriPepper16	0.708	0.667	0.700	0.694	0.700	0.720	0.254
SivriPepper17	0.717	0.673	0.673	0.667	0.708	0.694	0.266
SivriPepper18	0.822	0.735	0.735	0.804	0.735	0.686	0.273
Aricne	0.773	0.723	0.723	0.756	0.723	0.708	0.270
Kapia6	0.642	0.667	0.698	0.660	0.731	0.784	0.271
SivriPepper19	0.809	0.760	0.760	0.792	0.725	0.780	0.261
KmarasPepper10	0.930	0.792	0.830	0.867	0.755	0.776	0.288
SivriPepper20	0.830	0.745	0.816	0.813	0.679	0.765	0.313

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	chinense2	SivriPepper3	KmarasPepper4	ChiliPepper4	frutescens2	HatayPepper	YoloWonder
SivriPepper3	0.298						
KmarasPepper4	0.268	0.667					
ChiliPepper4	0.368	0.694	0.600				
frutescens2	0.350	0.183	0.174	0.203			
HatayPepper	0.310	0.723	0.696	0.686	0.160		
YoloWonder	0.267	0.667	0.711	0.604	0.147	0.694	
SivriPepper4	0.364	0.795	0.689	0.826	0.181	0.745	0.688
frutescens4	0.338	0.200	0.192	0.234	0.882	0.163	0.179
SanliurfaPepper1	0.333	0.714	0.723	0.648	0.169	0.673	0.792
frutescens5	0.316	0.164	0.190	0.186	0.680	0.157	0.159
ChiliPepper5	0.298	0.646	0.727	0.647	0.197	0.745	0.620
ChiliPepper6	0.308	0.714	0.683	0.638	0.164	0.744	0.682
SivriPepper5	0.351	0.723	0.625	0.830	0.176	0.680	0.694
BellPepper3	0.311	0.771	0.708	0.765	0.182	0.796	0.740
SivriPepper6	0.317	0.750	0.653	0.854	0.169	0.706	0.720
BellPepper4	0.356	0.735	0.673	0.765	0.167	0.796	0.740
HungarianPepper1	0.295	0.729	0.739	0.760	0.171	0.720	0.735
BellPepper5	0.283	0.708	0.681	0.706	0.143	0.735	0.826
YoloY	0.305	0.761	0.660	0.686	0.176	0.750	0.804
ChiliPepper7	0.322	0.673	0.717	0.642	0.173	0.700	0.787
SivriPepper7	0.308	0.659	0.659	0.773	0.129	0.711	0.689
SivriPepper8	0.317	0.692	0.667	0.661	0.190	0.717	0.667
HungarianPepper2	0.322	0.804	0.702	0.760	0.203	0.755	0.700
HungarianPepper3	0.305	0.745	0.756	0.740	0.205	0.771	0.647
BellPepper6	0.288	0.739	0.711	0.667	0.147	0.729	0.783
SivriPepper10	0.321	0.681	0.596	0.787	0.162	0.673	0.688
ChiliPepper8	0.345	0.660	0.633	0.796	0.203	0.623	0.667
B7	0.317	0.660	0.604	0.691	0.160	0.685	0.698
SivriPepper11	0.288	0.659	0.667	0.750	0.164	0.674	0.721
KmarasPepper6	0.317	0.714	0.723	0.780	0.184	0.776	0.720
SivriPepper12	0.311	0.667	0.673	0.800	0.167	0.760	0.642
KmarasPepper7	0.279	0.694	0.702	0.725	0.171	0.755	0.700
Charleston4	0.305	0.745	0.646	0.851	0.173	0.735	0.680
SanliurfaPepper2	0.281	0.696	0.667	0.766	0.167	0.723	0.633
SivriPepper14	0.293	0.739	0.674	0.809	0.162	0.729	0.708
Kapia3	0.295	0.647	0.653	0.618	0.169	0.706	0.686
Kapia4	0.311	0.700	0.640	0.667	0.182	0.760	0.673
ChiliPepper9	0.327	0.773	0.705	0.766	0.183	0.800	0.702
ChiliPepper10	0.276	0.646	0.689	0.647	0.197	0.745	0.688
ChiliPepper11	0.288	0.667	0.674	0.735	0.178	0.627	0.708

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	chinense2	SivriPepper3	KmarasPepper4	ChiliPepper4	frutescens2	HatayPepper	YoloWonder
KmarasPepper8	0.288	0.633	0.750	0.667	0.194	0.694	0.708
frutescens7	0.106	0.200	0.190	0.169	0.120	0.174	0.176
Kapia5	0.288	0.667	0.571	0.667	0.162	0.729	0.673
HungarianPepper4	0.293	0.717	0.652	0.647	0.164	0.783	0.688
frutescens8	0.123	0.200	0.172	0.203	0.120	0.174	0.194
SweetPickle	0.350	0.686	0.627	0.717	0.195	0.745	0.760
KmarasPepper9	0.274	0.694	0.600	0.725	0.187	0.686	0.700
BellPepper8	0.339	0.729	0.667	0.760	0.171	0.755	0.771
SivriPepper16	0.267	0.818	0.674	0.667	0.162	0.729	0.708
SivriPepper17	0.304	0.711	0.609	0.640	0.186	0.667	0.681
SivriPepper18	0.333	0.667	0.540	0.771	0.178	0.694	0.608
Aricne	0.309	0.767	0.698	0.653	0.224	0.717	0.696
Kapia6	0.311	0.667	0.640	0.607	0.167	0.725	0.776
SivriPepper19	0.274	0.660	0.633	0.760	0.203	0.654	0.700
KmarasPepper10	0.305	0.761	0.660	0.830	0.208	0.680	0.627
SivriPepper20	0.333	0.647	0.620	0.780	0.184	0.673	0.654

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	SivriPepper4	frutescens4	SanliurfaPepper1	frutescens5	ChiliPepper5	ChiliPepper6	SivriPepper5
frutescens4	0.213						
SanliurfaPepper1	0.700	0.185					
frutescens5	0.162	0.607	0.183				
ChiliPepper5	0.702	0.197	0.667	0.179			
ChiliPepper6	0.738	0.183	0.660	0.143	0.698		
SivriPepper5	0.822	0.208	0.706	0.157	0.673	0.667	
BellPepper3	0.755	0.213	0.750	0.181	0.720	0.717	0.796
SivriPepper6	0.809	0.200	0.765	0.167	0.700	0.696	0.813
BellPepper4	0.792	0.213	0.750	0.149	0.755	0.717	0.833
HungarianPepper1	0.750	0.218	0.745	0.186	0.680	0.711	0.755
BellPepper5	0.766	0.175	0.796	0.139	0.729	0.689	0.735
YoloY	0.783	0.208	0.740	0.174	0.708	0.744	0.787
ChiliPepper7	0.766	0.205	0.760	0.171	0.804	0.727	0.735
SivriPepper7	0.805	0.155	0.667	0.136	0.667	0.659	0.875
SivriPepper8	0.712	0.205	0.808	0.189	0.745	0.608	0.717
HungarianPepper2	0.787	0.218	0.780	0.186	0.714	0.674	0.720
HungarianPepper3	0.729	0.221	0.725	0.188	0.766	0.689	0.735
BellPepper6	0.723	0.165	0.830	0.159	0.688	0.682	0.694
SivriPepper10	0.739	0.179	0.694	0.159	0.688	0.609	0.907
ChiliPepper8	0.750	0.234	0.712	0.203	0.647	0.604	0.720
B7	0.712	0.190	0.741	0.158	0.648	0.577	0.750
SivriPepper11	0.780	0.171	0.660	0.180	0.667	0.718	0.744
KmarasPepper6	0.771	0.215	0.731	0.167	0.700	0.733	0.740
SivriPepper12	0.792	0.198	0.625	0.149	0.792	0.646	0.833
KmarasPepper7	0.750	0.188	0.712	0.169	0.714	0.674	0.654
Charleston4	0.844	0.190	0.692	0.155	0.729	0.689	0.771
SanliurfaPepper2	0.795	0.184	0.615	0.164	0.681	0.674	0.723
SivriPepper14	0.800	0.179	0.686	0.159	0.723	0.721	0.766
Kapia3	0.667	0.185	0.731	0.167	0.735	0.592	0.673
Kapia4	0.755	0.198	0.685	0.181	0.720	0.580	0.692
ChiliPepper9	0.837	0.200	0.714	0.164	0.795	0.714	0.800
ChiliPepper10	0.702	0.213	0.667	0.179	0.778	0.622	0.673
ChiliPepper11	0.761	0.211	0.686	0.176	0.688	0.682	0.729
KmarasPepper8	0.688	0.211	0.720	0.212	0.723	0.644	0.729
frutescens7	0.197	0.139	0.183	0.130	0.162	0.125	0.174
Kapia5	0.723	0.165	0.720	0.176	0.653	0.682	0.729
HungarianPepper4	0.702	0.167	0.667	0.179	0.667	0.698	0.708
frutescens8	0.215	0.139	0.200	0.114	0.145	0.143	0.191
SweetPickle	0.776	0.225	0.704	0.178	0.740	0.702	0.745
KmarasPepper9	0.750	0.203	0.679	0.203	0.647	0.638	0.720

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	SivriPepper4	frutescens4	SanliurfaPepper1	frutescens5	ChiliPepper5	ChiliPepper6	SivriPepper5
BellPepper8	0.787	0.203	0.745	0.153	0.647	0.711	0.792
SivriPepper16	0.723	0.179	0.755	0.159	0.620	0.721	0.694
SivriPepper17	0.696	0.187	0.694	0.185	0.660	0.732	0.667
SivriPepper18	0.761	0.179	0.623	0.159	0.653	0.644	0.886
Aricene	0.750	0.222	0.708	0.206	0.750	0.750	0.717
Kapia6	0.654	0.183	0.784	0.164	0.686	0.646	0.660
SivriPepper19	0.750	0.218	0.679	0.203	0.647	0.604	0.755
KmarasPepper10	0.864	0.224	0.673	0.191	0.708	0.667	0.826
SivriPepper20	0.771	0.200	0.731	0.183	0.700	0.625	0.813

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	BellPepper3	SivriPepper6	BellPepper4	HungarianPepper1	BellPepper5	YoloY	ChiliPepper7
SivriPepper6	0.857						
BellPepper4	0.840	0.820					
HungarianPepper1	0.837	0.854	0.837				
BellPepper5	0.780	0.833	0.816	0.776			
YoloY	0.833	0.776	0.796	0.792	0.809		
ChiliPepper7	0.745	0.760	0.780	0.740	0.792	0.771	
SivriPepper7	0.761	0.778	0.814	0.756	0.750	0.750	0.711
SivriPepper8	0.759	0.709	0.759	0.691	0.736	0.717	0.769
HungarianPepper2	0.837	0.816	0.765	0.796	0.776	0.755	0.706
HungarianPepper3	0.816	0.760	0.745	0.740	0.720	0.700	0.720
BellPepper6	0.776	0.792	0.776	0.771	0.826	0.729	0.750
SivriPepper10	0.755	0.809	0.792	0.714	0.729	0.729	0.750
ChiliPepper8	0.731	0.780	0.667	0.692	0.706	0.623	0.706
B7	0.727	0.679	0.696	0.603	0.704	0.685	0.704
SivriPepper11	0.756	0.857	0.717	0.791	0.727	0.744	0.727
KmarasPepper6	0.820	0.800	0.820	0.745	0.760	0.740	0.692
SivriPepper12	0.804	0.784	0.804	0.731	0.745	0.725	0.745
KmarasPepper7	0.800	0.780	0.731	0.760	0.776	0.720	0.706
Charleston4	0.780	0.872	0.780	0.740	0.792	0.700	0.720
SanliurfaPepper2	0.809	0.750	0.700	0.694	0.673	0.653	0.673
SivriPepper14	0.813	0.870	0.776	0.771	0.787	0.729	0.714
Kapia3	0.750	0.698	0.717	0.679	0.760	0.673	0.725
Kapia4	0.736	0.655	0.704	0.636	0.712	0.725	0.679
ChiliPepper9	0.771	0.750	0.848	0.729	0.822	0.761	0.745
ChiliPepper10	0.720	0.700	0.755	0.714	0.766	0.708	0.766
ChiliPepper11	0.706	0.792	0.706	0.771	0.750	0.660	0.787
KmarasPepper8	0.776	0.720	0.740	0.809	0.714	0.766	0.750
frutescens7	0.197	0.183	0.197	0.203	0.188	0.174	0.171
Kapia5	0.740	0.686	0.642	0.635	0.680	0.729	0.647
HungarianPepper4	0.870	0.735	0.755	0.750	0.694	0.745	0.694
frutescens8	0.197	0.200	0.197	0.186	0.206	0.191	0.155
SweetPickle	0.824	0.769	0.788	0.685	0.731	0.780	0.837
KmarasPepper9	0.731	0.780	0.667	0.725	0.706	0.792	0.706
BellPepper8	0.875	0.816	0.800	0.796	0.776	0.792	0.706
SivriPepper16	0.776	0.720	0.706	0.700	0.680	0.729	0.680
SivriPepper17	0.714	0.766	0.647	0.673	0.723	0.702	0.761
SivriPepper18	0.706	0.720	0.740	0.667	0.647	0.729	0.680
Aricne	0.766	0.708	0.694	0.688	0.702	0.756	0.778
Kapia6	0.769	0.685	0.736	0.698	0.816	0.725	0.712
SivriPepper19	0.765	0.780	0.667	0.760	0.706	0.720	0.706

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	BellPepper3	SivriPepper6	BellPepper4	HungarianPepper1	BellPepper5	YoloY	ChiliPepper7
KmarasPepper10	0.796	0.813	0.725	0.755	0.700	0.714	0.735
SivriPepper20	0.717	0.731	0.750	0.712	0.692	0.642	0.725

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	SivriPepper7	SivriPepper8	HungarianPepper2	HungarianPepper3	BellPepper6	SivriPepper10	ChiliPepper8
SivriPepper8	0.620						
HungarianPepper2	0.625	0.824					
HungarianPepper3	0.638	0.840	0.891				
BellPepper6	0.689	0.731	0.809	0.750			
SivriPepper10	0.805	0.740	0.729	0.745	0.702		
ChiliPepper8	0.660	0.691	0.760	0.740	0.667	0.714	
B7	0.688	0.815	0.691	0.736	0.636	0.760	0.755
SivriPepper11	0.725	0.627	0.733	0.674	0.744	0.744	0.674
KmarasPepper6	0.756	0.709	0.780	0.833	0.792	0.714	0.712
SivriPepper12	0.860	0.696	0.698	0.745	0.673	0.792	0.731
KmarasPepper7	0.681	0.755	0.833	0.813	0.771	0.660	0.760
Charleston4	0.791	0.704	0.776	0.755	0.787	0.766	0.776
SanliurfaPepper2	0.721	0.692	0.766	0.783	0.702	0.717	0.766
SivriPepper14	0.767	0.698	0.771	0.750	0.783	0.761	0.735
Kapia3	0.633	0.808	0.745	0.760	0.755	0.714	0.679
Kapia4	0.667	0.792	0.765	0.745	0.673	0.700	0.698
ChiliPepper9	0.738	0.796	0.804	0.822	0.778	0.795	0.694
ChiliPepper10	0.630	0.780	0.750	0.804	0.723	0.702	0.680
ChiliPepper11	0.705	0.698	0.735	0.750	0.708	0.723	0.735
KmarasPepper8	0.696	0.731	0.700	0.750	0.708	0.688	0.667
frutescens7	0.159	0.189	0.221	0.188	0.194	0.164	0.169
Kapia5	0.689	0.731	0.700	0.714	0.673	0.702	0.700
HungarianPepper4	0.705	0.679	0.750	0.729	0.761	0.667	0.647
frutescens8	0.159	0.173	0.221	0.171	0.194	0.147	0.169
SweetPickle	0.739	0.714	0.750	0.731	0.692	0.760	0.750
KmarasPepper9	0.756	0.661	0.692	0.642	0.700	0.735	0.692
BellPepper8	0.756	0.691	0.796	0.740	0.809	0.714	0.692
SivriPepper16	0.667	0.731	0.771	0.787	0.745	0.667	0.700
SivriPepper17	0.674	0.642	0.708	0.723	0.717	0.717	0.673
SivriPepper18	0.825	0.698	0.667	0.680	0.640	0.864	0.667
Aricene	0.651	0.720	0.761	0.739	0.733	0.696	0.688
Kapia6	0.646	0.792	0.765	0.712	0.740	0.667	0.667
SivriPepper19	0.739	0.691	0.725	0.706	0.735	0.750	0.760
KmarasPepper10	0.767	0.750	0.792	0.809	0.729	0.783	0.792
SivriPepper20	0.773	0.774	0.712	0.725	0.720	0.787	0.745

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	B7	SivriPepper11	KmarasPepper6	SivriPepper12	KmarasPepper7	Charleston4	SanliurfaPeper 2
SivriPepper11	0.577						
KmarasPepper6	0.709	0.696					
SivriPepper12	0.759	0.681	0.784				
KmarasPepper7	0.661	0.733	0.816	0.731			
Charleston4	0.704	0.791	0.833	0.816	0.851		
SanliurfaPepper2	0.692	0.738	0.787	0.771	0.804	0.864	
SivriPepper14	0.667	0.829	0.792	0.776	0.848	0.953	0.860
Kapia3	0.774	0.646	0.698	0.750	0.679	0.692	0.714
Kapia4	0.827	0.600	0.717	0.804	0.698	0.712	0.735
ChiliPepper9	0.725	0.698	0.787	0.771	0.766	0.822	0.773
ChiliPepper10	0.648	0.644	0.735	0.720	0.750	0.694	0.681
ChiliPepper11	0.667	0.762	0.720	0.706	0.735	0.750	0.702
KmarasPepper8	0.636	0.682	0.720	0.706	0.700	0.647	0.667
frutescens7	0.173	0.177	0.167	0.181	0.169	0.171	0.182
Kapia5	0.800	0.689	0.686	0.706	0.700	0.714	0.739
HungarianPepper4	0.618	0.744	0.735	0.720	0.787	0.729	0.756
frutescens8	0.189	0.180	0.183	0.181	0.169	0.188	0.164
SweetPickle	0.745	0.702	0.804	0.788	0.750	0.765	0.755
KmarasPepper9	0.661	0.773	0.679	0.698	0.725	0.776	0.694
BellPepper8	0.691	0.833	0.780	0.731	0.760	0.776	0.766
SivriPepper16	0.698	0.667	0.792	0.642	0.809	0.750	0.739
SivriPepper17	0.642	0.738	0.694	0.615	0.673	0.723	0.674
SivriPepper18	0.731	0.727	0.686	0.776	0.635	0.750	0.702
Aricne	0.654	0.714	0.673	0.694	0.688	0.739	0.727
Kapia6	0.727	0.633	0.685	0.673	0.765	0.712	0.700
SivriPepper19	0.661	0.773	0.712	0.731	0.760	0.813	0.804
KmarasPepper10	0.717	0.767	0.776	0.796	0.792	0.889	0.884
SivriPepper20	0.741	0.717	0.731	0.784	0.745	0.833	0.787

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	SivriPepper14	Kapia3	Kapia4	ChiliPepper9	ChiliPepper10	ChiliPepper11	KmarasPepper8
Kapia3	0.686						
Kapia4	0.673	0.857					
ChiliPepper9	0.818	0.750	0.771				
ChiliPepper10	0.688	0.771	0.755	0.837			
ChiliPepper11	0.745	0.654	0.611	0.739	0.723		
KmarasPepper8	0.673	0.720	0.673	0.739	0.841	0.708	
frutescens7	0.159	0.200	0.214	0.182	0.179	0.176	0.159
Kapia5	0.708	0.755	0.776	0.702	0.620	0.640	0.640
HungarianPepper4	0.761	0.700	0.686	0.717	0.702	0.653	0.723
frutescens8	0.176	0.167	0.197	0.182	0.145	0.176	0.143
SweetPickle	0.725	0.673	0.755	0.720	0.706	0.725	0.660
KmarasPepper9	0.771	0.589	0.667	0.694	0.647	0.700	0.667
BellPepper8	0.809	0.745	0.698	0.766	0.680	0.735	0.735
SivriPepper16	0.745	0.623	0.642	0.702	0.620	0.673	0.640
SivriPepper17	0.717	0.627	0.585	0.674	0.625	0.717	0.612
SivriPepper18	0.708	0.623	0.673	0.739	0.620	0.673	0.640
Aricene	0.733	0.673	0.694	0.767	0.674	0.660	0.660
Kapia6	0.740	0.820	0.769	0.735	0.686	0.642	0.642
SivriPepper19	0.809	0.712	0.698	0.729	0.714	0.735	0.771
KmarasPepper10	0.844	0.706	0.725	0.800	0.708	0.766	0.729
SivriPepper20	0.792	0.731	0.750	0.787	0.700	0.755	0.686

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	frutescens7	Kapia5	HungarianPepper4	frutescens8	SweetPickle	KmarasPepper9	BellPepper8
Kapia5	0.159						
HungarianPepper4	0.197	0.723					
frutescens8	0.857	0.159	0.179				
SweetPickle	0.178	0.692	0.740	0.178			
KmarasPepper9	0.153	0.700	0.680	0.153	0.750		
BellPepper8	0.186	0.735	0.826	0.221	0.750	0.725	
SivriPepper16	0.159	0.745	0.723	0.159	0.725	0.700	0.735
SivriPepper17	0.167	0.717	0.696	0.149	0.735	0.708	0.673
SivriPepper18	0.159	0.745	0.688	0.159	0.725	0.771	0.700
Aricne	0.188	0.733	0.750	0.169	0.750	0.723	0.688
Kapia6	0.181	0.740	0.720	0.181	0.722	0.636	0.765
SivriPepper19	0.169	0.735	0.714	0.153	0.717	0.833	0.796
KmarasPepper10	0.191	0.766	0.745	0.174	0.745	0.755	0.755
SivriPepper20	0.167	0.755	0.700	0.167	0.736	0.712	0.745

EK 1. POGP Primer sonuçlarını kullanarak 71 biber genotipinde Jaccard'a göre elde edilen benzerlik katsayı değerleri ve genetik mesafe tablosu (devam)

Genotip	SivriPepper16	SivriPepper17	SivriPepper18	Aricne	Kapia6	SivriPepper19	KmarasPepper10
SivriPepper17	0.717						
SivriPepper18	0.673	0.681					
Aricne	0.696	0.786	0.733				
Kapia6	0.706	0.647	0.611	0.694			
SivriPepper19	0.700	0.673	0.735	0.723	0.698		
KmarasPepper10	0.766	0.739	0.804	0.795	0.660	0.870	
SivriPepper20	0.686	0.627	0.792	0.708	0.750	0.816	0.851

**YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLER ENSTİTÜSÜ
LİSANSÜSTÜ TEZ ORJİNALLİK RAPORU**

Tarih: 28/06/2018

Tez Başlığı / Konusu:

Peroksidaz Gen Markörleri Kullanarak Bazı Biber Türlerinde Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi

Yukarıda başlığı/konusu belirlenen tez çalışmamın Kapak sayfası, Giriş, Ana bölümler ve Sonuç bölümlerinden oluşan toplam 13 sayfalık kısmına ilişkin, 28/06/2018 tarihinde /tez danışmanım tarafından Turnitin intihal tespit programından aşağıda belirtilen filtreleme uygulanarak alınmış olan orijinallik raporuna göre, tezimin benzerlik oranı % 2 (iki) tir.

Uygulanan filtreler aşağıda verilmiştir:

- Kabul ve onay sayfası hariç,
- Teşekkür hariç,
- İçindekiler hariç,
- Simge ve kısaltmalar hariç,
- Gereç ve yöntemler hariç,
- Kaynakça hariç,
- Alıntılar hariç,
- Tezden çıkan yayınlar hariç,
- 7 kelimededen daha az örtüşme içeren metin kısımları hariç (Limit inatch size to 7 words)

Yüzüncü Yıl Üniversitesi Lisansüstü Tez Orijinallik Raporu Alınması ve Kullanılmasına İlişkin Yönergeyi inceledim ve bu yönergede belirtilen azami benzerlik oranlarına göre tez çalışmamın herhangi bir intihal içermediğini; aksinin tespit edileceği muhtemel durumda doğabilecek her türlü hukuki sorumluluğu kabul ettiğimi ve yukarıda vermiş olduğum bilgilerin doğru olduğunu beyan ederim.

Gereğini bilgilerinize arz ederim.

28.06.2018


Tarih ve İmza

Adı Soyadı: Rifat AKYAVUZ

Öğrenci No: 149101260

Anabilim Dalı: Tarımsal Biyoteknoloji

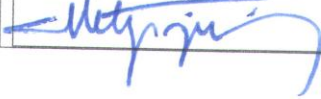
Programı: Tarımsal Biyoteknoloji

Statüsü: Y. Lisans

Doktora

**DANIŞMAN ONAYI
UYGUNDUR**

Doç. Dr. Mehtap YILDIZ



**ENSTİTÜ ONAYI
UYGUNDUR**


Doç. Dr. Serhat KARACA
Enstitü Müdür Yrd.