



T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BAZI MARAŞ BİBERİ İLERİ HATLARININ
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

SÜMEYYE ADALI

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

KAHRAMANMARAŞ 2017

T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BAZI MARAŞ BİBERİ İLERİ HATLARININ
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

SÜMEYYE ADALI

Bu tez,
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalında
YÜKSEK LİSANS
derecesi için hazırlanmıştır.

KAHRAMANMARAŞ 2017

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Sümeyye Adalı tarafından hazırlanan “BAZI MARAŞ BİBERİ İLERİ HATLARININ MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU” adlı bu tez, jürimiz tarafından 06/01/2017 tarihinde oy birliği ile Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalında Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Yrd. Doç. Dr. Adem BARDAK (DANIŞMAN)

Tarımsal Biyoteknoloji

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Yrd. Doç. Dr. B. Bülent ARPACI (ÜYE)

Biyosistem Mühendisliği Anabilim Dalı,

NEÜ

Yrd.Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR (ÜYE)

Tarımsal Biyoteknoloji

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

Prof. Dr. Mustafa ŞEKKELİ

Fen Bilimleri Enstitüsü 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, alıntı yapılan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Sümeyye ADALI

Bu çalışma Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 2015/3-8YLS

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

**BAZI MARAŞ BİBERİ İLERİ HATLARININ MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU
(YÜKSEK LİSANS TEZİ)**

SÜMEYYE ADALI

ÖZET

Patlıcangiller (*Solanaceae*) familyasına ait olan biber, (*Capsicum annuum* L.) hem Dünyada hem ülkemizde açıkta ve örtü altında yetiştiriciliği yapılan, sevilerek tüketilen ve endüstriyel açıdan önemi olan bir tarım ürünüdür. Biber, günümüzde gıda, ilaç, boya endüstrisi gibi birçok alanda hammadde olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada 26 adet biber genotipi arasındaki genetik benzerliğin durumunu değerlendirmek amacıyla 26 adet SRAP markörü kullanılmıştır. 8 primer kombinasyonunda amplifikasyon gözlenmemiş, 18 adet primer amplifikasyonu sonucu toplam 90 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Çalışılan tüm genotipler arasındaki genetik benzerlik, % 72 ile % 24 arasında değişmiştir. Genotipler arasındaki PIC (Polimorphism information Content) değerleri 0.09 ile 0.99 arasındadır. Bu çalışmada çalışılan tüm *Capsicum annuum* genotipleri arasında geniş bir genetik varyasyon gözlenmiştir. SRAP markörlerinin genetik akrabalığı belirlemede kullanışlı olduğu sonucuna varılmıştır. Bu çalışma ile genetik olarak birbirine daha az benzerliği ortaya konan bireylerin ileride yapılacak olan ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabileceği düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Biber (*Capsicum annuum*), SRAP, Moleküler markör, Genetik benzerlik, PCR

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Ocak / 2017

Danışman: Yrd.Doç. Dr. Adem BARDAK

Sayfa sayısı: 45

**MOLECULAR CHARACTERIZATION OF SOME ADVANCED MARAŞ CHİLİ
PEPPER LİNES
(M.SC.THESIS)**

SÜMEYYE ADALI

ABSTRACT

Chili (*Capsicum annuum L.*), belonging to the family *Solanaceae*, is an agricultural product which is cultivated in open and undercover both in the world and in our country, and also which is lovely consuming and industrially important. Today, chili pepper is used as a raw material in many fields such as food, medicine and paint industry. Twenty-six SRAP markers were used to assess the genetic similarity between 26 pepper genotypes in the study. A total number of 90 polymorphic bands were obtained as a result of 18 SRAP primer combinations, but there was no amplification in the 8 SRAP primer combinations. The genetic similarity among the genotypes that is studied ranged from 72 to 24%. Polymorphism information content (PIC) values of the marker combinations ranked between 0.09 and 0.99. In this study wide variation was observed among all *Capsicum annuum* genotypes. It is determined that SRAP markers are useful in identifying genetic relationship. It is concluded that individuals which are genetically diverse to each other can be used as potential parents in breeding programs.

Key words: Chili (*Capsicum annuum*), SRAP, Molecular marker, Genetic similarity, PCR

University of Kahramanmaraş Sütçü İmam
Graduate School of Natural And Applied Sciences
Department of Agricultural Biotechnology, January / 2017

Supervisor: Assist. Prof. Dr. Adem BARDAK

Page Numbers:45

TEŐEKKÜR

Bu tez alıőmasının her aőamasında bana yardımcı olan, engin bilgi birikimlerinden yararlandıđım ve beni sürekli aydınlatan danıőman hocam Yrd. Do. Dr. Adem BARDAK'a sonsuz teőekkürlerimi sunarım.

Bu alıőmaya baőlamama vesile olan aynı zamanda alıőmamın her aőamasında benden hiçbir desteđi esirgemeyen annem Zehra BABAOĐLU'na, babama ve kardeőlerime teőekkür ederim.

alıőmam tamamlanıncaya kadar beni yalnız bırakmayan deđerli hayat arkadaőım Muhammet Raőit ADALI'ya göstermiő olduđu üstün destek, gayret ve sabırdan dolayı teőekkür ederim.

Tez alıőmam boyunca bana yardım eden Halil TEKEREK'e ve diđer laboratuvar arkadaőlarıma gösterdikleri emekten ötürü çok teőekkür ederim. Zorlandıđım her aőamada bana destek ıkan meslektaőım Arő. Gör. Serap DEMİREL'e sonsuz teőekkürlerimi sunarım.

Bu tez alıőmasını yürütölmesinde sađlamıő olduđu maddi destek olanađı için KSÜ-BAP'a ve yüksek lisans eđitimimde sađladıđı burs desteđi için TÜBİTAK Bilim İnsanı Destekleme Daire Baőkanlıđı (BİDEB)'na teőekkürü bir bor bilirim.

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	viii
1.GİRİŞ	1
2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	10
3.MATERYAL ve METOT	17
3.1. Materyal	17
3.1.1.1. Bitki materyali	17
3.1.1.2. Bitkisel materyalin seraya ekimi	18
3.2. Metot	18
3.2.1.1. Yaprak ve meyve örneklerinin alınması	18
3.2.1.2. DNA izolasyonu	18
3.2.1.3. Biber yaprağından DNA izolasyonu	18
3.2.1.4. Yapraktan izole edilen DNA konsantrasyonunun Ölçümü	19
3.2.1.5. Biber meyvesinden DNA izolasyonu	19
3.2.1.6. DNA konsantrasyonunun ölçümü	20
3.2.1.7. SRAP analizleri	21
3.2.1.8. PCR ürünlerinin elektroforez işlemi ve DNA bantlarının elde edilmesi	23
3.2.1.9. DNA bantlarının skorlanması	23
3.2.1.10. Veri analizi	23
4.BULGULAR ve TARTIŞMA	25
4.1. Kullanılan Markörlerin Polimorfizm Bilgi İçerikleri (PIC) ve Allel Sayıları	25
4.2. Genotipler Arasındaki Genetik Benzerliklerin Değerlendirilmesi	26
4.3. Maraş Biberi Popülasyonundan Seçilmiş S ₅ Seleksiyon Hattına Ait Biberler Arasındaki Genetik Benzerlik	27
4.4. GM ₂ F ₃ Biber Bitkileri Arasındaki Genetik Benzerlik	27
4.5. Diğer Biber Hatları Arasındaki Genetik Benzerlik	27
4.6. Genotiplere Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç	30
4.7. Popülasyonun Genetik Yapı Analizi	32
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	34

KAYNAKLAR.....	36
ÖZGEÇMİŞ.....	44

ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 3.1. Biber genotiplerinin serada farklı açılardan görünüşleri.....	18
Şekil 3.2. İzolasyon aşamasında tüplere isopropanol eklendikten sonra DNA pelletinin görünüşü.....	20
Şekil 3.3. İzole edilen DNA'lar %1'lik agaroz jelde görünüşü	21
Şekil 3.4. SRAP markörlerinin PCR koşulları.....	21
Şekil 3.5. Me11Em3 Primer kombinasyonu sonucu elde edilmiş jel görüntüsü.....	23
Şekil 4.1.Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç	31
Şekil 4.2. STRUCTURE Programından elde edilen ideal K değeri hesaplama grafiği.....	32
Şekil 4.3. Biber genotiplerinin STRUCTURE programı ile kümeleme analizi	33

ÇİZELGELER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Çizelge 1.1. 2005-2015 yılları arasında Türkiye biber üretimi (1000 ton ; Anonim, 2015a; Anonim 2015b).....	3
Çizelge 1.2. 2012-2016 yılları arasında Türkiye toplam biber ihracatı değeri (Anonim, 2016c).....	4
Çizelge 1.3. 2016 yılında Türkiye'nin en fazla biber ihracatı yaptığı ülkeler (Anonim, 2016d).....	4
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan genotipler ve ait oldukları türler.....	17
Çizelge 3.2. PCR'da kullanılan SRAP primer kombinasyonları ve nükleotit dizilimleri...	22
Çizelge 4.1. Genotiplerin taranmasında Kullanılan SRAP primerlerinin nükleotit dizilimleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri.....	26
Çizelge 4.2. Genotipler arasındaki genetik benzerlik (Nei,1972).....	29

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

SSR	: Basit Dizi Tekrarı (Simple Sequence Repeat)
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)
G	: Gram
RFLP	: Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (Restriction Fragment Length Polymorphism)
SRAP	: Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizm (Sequence-Related Amplified Polymorphism)
VNTR	: Değişken Sayılı Ardışık Tekrarlar (Variable Number Tandem Repeat)
AFLP	: Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (Amplified Fragment Length Polymorphism)
ISSR	: Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm (Inter-Simple Sequence Repeat)
SCAR	: Karakterize Edilmiş Çoğaltılan Alanlar (Sequence Characterized Amplification Region)
SAMPL	: Mikrosatellit Polimorfik Lokusunun Seçici Amplifikasyonu (Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci)
CAPS	: Kesilip Çoğaltılmış Polimorfik Diziler (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence)
RAPD	: Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi (Random amplified polymorphic DNA)
S-SAP	: Diziye Özgü Çoğaltılmış Polimorfizm (Sequence-specific amplification polymorphism)
STS	: Hedef Dizilimli DNA Bölgeleri (Sequence Tagged Sites)
SNP	: Tek Nükleotit Polimorfizmi (Single Nucleotide Polymorphism)
COSII	: Tek Kopyalı Ortolog Genler (Single Copy Orthologous Genes)
DNA	: Deoksiribo nükleik asit
cM	: Santimorgan (centi Morgen)
RSAP	: Çoğaltılmış Restriksiyon Bölgesi Polimorfizmi (Restriction Site Amplified Polymorphism)
MI	: Markör İndeksi (Marker Index)
Rp	: Çözünürlük Gücü (Resolution power)
SCoT	: Start-based Codon Targeted

HRM	: High Resolution Melting
TE-AFLP	: Three-endonuclease amplified fragment length polymorphism
Mg	: Miligram
ml	: Mililitre
μ l	: Mikrolitre
rpm	: Dakikadaki devir sayısı (Revolutions per minute)
ng	: Nanogram
bç	: baz çifti
mM	: Milimolar
EST	: Eksprese Edilen Sekans (Expressed Sequence Tag)
PIC	: Polimorfik Bilgi İçeriği (Polimorphic Information Content)
UPGMA	: Aritmetik Ortalama ile ağırlıksız Çifti Grubu Metodu (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)
dk	: Dakika
sn	: Saniye

1. GİRİŞ

Biber (*Capsicum annuum* L.), hem Dünyada hem ülkemizde açıkta ve örtü altında yetiştiriciliği yapılan, sevilerek tüketilen ve endüstriyel açıdan önemi olan bir tarım ürünüdür. Biber, patlıcangiller (*Solanaceae*) familyasında yer alan çift çenekli bir kültür bitkisidir. Genelde ılıman iklimlerde yetişen biberin anavatanının Meksika olduğu ve kökeninin 7000 yıl önceye dayandığı bilinmektedir (Verit ve ark. 2001). Ayrıca pek çok biber türünün kökeninin Orta ve Güney Amerika Bölgesinden geldiği bilinmektedir (Ahmed, 2013). Ayrıca Brezilyanın *Capsicum* genusunun ikincil merkezi olduğuna da inanılmaktadır (Dias ve ark. 2013). Bir araştırmaya göre Amerika'nın keşfinden sonra biber, Avrupa'da da tanınmış ve ilerleyen dönemlerde 1493'de İspanya'ya, 1548'de İngiltere'ye, 1585'de Orta Avrupa'ya gelmiştir. Osmanlı imparatorluğunun biberle tanışması ise 16. yüzyıl'a dayanır. Çeşitli ticari etkileşimler sonucu Avrupalılar tarafından İstanbul'a getirilen biber, zamanla tüm Anadolu'ya yayılmıştır (Vural ve ark. 2000).

Solanaceae ailesinden orjinlenen *Capsicum* cinsi içinde yaklaşık 38 biber türü bulunmaktadır (Hill ve ark. 2013). Ancak günümüzde bunlardan yalnızca 5 türün (*C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens*) kültürü yapılmaktadır (Shirasawa ve ark. 2013). *Capsicum* genusunun en fazla çeşitlilik gösteren ve kültürü yapılan türü ise *Capsicum annuum*'dur (Zaki ve ark. 2013). Bu 5 türün içinde dünya çapında en yaygın kullanılan tür olmasının yanı sıra ıslah programlarında en çok tercih edilen ticari tür *Capsicum annuum* 'dur (Bosland ve Votava, 2000). Bu türün yabani atasının *Glabriusculum* olduğu düşünülmektedir (Torres, 2014). Biber türlerinin birçoğu $2n=24$ kromozom içermektedir ancak bazı yabani biberlerde $2n=48$ kromozoma rastlamak da olasıdır (Krug, 1986). Biberin diploid genomu yaklaşık 1.25×10^9 baz çifti içerdiği bildirilmektedir (An ve ark. 1996).

Capsicum annuum L.'nin meyve yapısı oldukça geniş varyasyon göstermektedir. Meyveleri uzun, dar ve yuvarlak şekillerde morfolojiler gösterebilmektedir (IBPGR, 1983). Biber, tropik ve ılıman iklime sahip alanlarda yetişir ancak esas olarak sıcak ve ılıman iklimlerde yetişen bir bitkidir. Biber bitkilerinin gelişimi için en uygun sıcaklık 20-30 °C'dir. Bitkiler 5 °C'den aşağı sıcaklıklarda hayati işlevini kaybetmekte, 45°C'nin üstündeki sıcaklıklarda ise bitki büyümesi tamamen durmaktadır (Anonim, 2016a). Genel bir sınıflandırma yapılacak olunursa dünyada yetiştirilen biber meyveleri şekilleri ve kullanım amaçlarına göre dolmalık biberler, sivri biberler, domates biberi ve paprika olarak gruplandırılabilir (Anonim, 2016b).

Kimi biberler olgunlaştıkça kızarıırken kimileri tazeyken bile kırmızıdır, kırmızıbiber terimi ise tüm biberler kurutulup kırmızı renk aldıktan sonra küçük parçalara veya toz haline gelene kadar öğütülmesiyle oluşan biber çeşidi için kullanılır (Anonim, 2016b).

Biber, sağlık açısından önemli bir besin maddesidir. Taze biberin besin değeri; 100 g yeşil taze tatlı biberde, 29 kalori, 1.1 g protein, 0.2 g yağ, 92.6 g su, 4.2 g karbonhidrat ve 1.4 g selüloz bulunmaktadır (Anonim, 2016a). Biber, suyu sıkıldığı ve dışardan sürüldüğü zaman romatizmaya iyi gelir. Ayrıca *Pleuritis* ve *Angina pectoris* mikroorganizmalarına karşı ilaç olarak kullanılmaktadır (Anonim, 2016a). Biber tohumlarındaki yağ oranı ise % 25 ile % 28 arasında değişmektedir. Fotokimyasallar açısından çok zengin olan biber (Ahn ve ark. 2014), bol miktarda A, C ve E vitaminleri, karoten, bioflavonoidler ve kapsaisin alkoloidi (C₁₈H₂₄O₈) gibi insan sağlığına faydalı birçok içerik bakımından zengindir (Topak ve ark. 2008). Kırmızıbiberin kendine özgü rengi içerdiği 30 farklı pigment ve karotenoidler tarafından sağlanırken (Deli ve ark., 2002; Topuz ve ark., 2009) acı biberlere kendine özgü tadını, içerdiği kapsaisinoidler verir. Biberde en bol bulunan kapsaisinoidler, kapsaisin ve dihidrokapsaisindir.

Sivri biber varyetelerinde yaklaşık % 69 oranında kapsaisin bulunurken, % 29 oranında dihidrokapsaisin bulunmaktadır (Kosuge ve Furuta, 1970). Ayrıca kapsaisinoidlerin güçlü fizyolojik ve farmakolojik özellikleri bilinmektedir (Perucka ve ark. 2000). Kapsaisinin birçok hastalık üzerinde olumlu etkileri gözlemlenmiş ve çeşitli ağrılara iyi geldiği belirtilmiştir (Şener ve ark. 2010). Ayrıca bazı çalışmalarda kapsaisin maddesinin ölümsüz olma özelliği gösteren kanser hücrelerinde kontrollü hücre ölümünü uyararak çeşitli kötü huylu hücrelerin büyümesini baskıladığı belirtilmiştir (Yun ve ark., 1999; Kang ve ark., 1995). Bu özelliklerinden dolayı kapsaisin günümüzde ilaç yapımında kullanılmaktadır (Perucka ve ark. 2000).

Biber (*Capsicum annuum* L.) , Antarktika hariç dünyanın hemen her bölgesinde yetişme alanı bulmaktadır. Tüm Dünyada, mutfakların vazgeçilmez ve en önemli parçası olan biber, yemeklere acılık, lezzet ve renk vermesi amacıyla kullanılmaktadır (Prasad ve ark. 2013). Türkiye’de ise Güney ve Güneydoğu bölgeleri başta olmak üzere genel olarak Akdeniz, Ege, Marmara bölgelerinde yetiştirilmektedir. Bu bölgelerde biberler hem taze olarak tüketilir hem de baharat, salça, konserve, turşu, acı sos, işlenmiş et ürünleri (pastırma-sucuk-sosis-salam vb.), hazır çorba gibi bazı ürünlerin hammaddesi olarak

kullanılır (Duman ve ark. 2002). Gıda sektöründe kullanılmasının yanı sıra biber, boya, ilaç ve yem sanayiinde de kullanılmaktadır (Topak ve ark. 2008).

Dünya yaş sebze üretiminde ilk 10 ürün sırasıyla domates, karpuz, kuru soğan, lahana, hıyar ve kornişon, patlıcan, havuç, şalgam, biber, marul ve hindiba, sarımsak bulunmaktadır. Biber, dünya yaş sebze üretiminde 9. sırada yer almaktadır (Anonim, 2012a). Dünya yaş sebze üretiminde ise Çin, Hindistan, ABD 'den sonra Türkiye 4. Sırayı almaktadır (Anonim, 2012a). Biber 2013 yılında 2.159.348 ton üretimle Türkiye'nin üretimde Dünya'da lider olduğu ürünler arasına girmiştir.

Çizelge 1.1'de Türkiye'nin 2005-2015 yılları arasındaki biber üretiminin seyri görülmektedir. Tablodan da görüleceği gibi Türkiye'de biber üretimi son 10 yılda sürekli artış göstermektedir. 2013 yılı verilerine göre biber, yaklaşık 2.2 milyon ton üretimiyle domates ve karpuzdan sonra ülkemizde en çok yetiştirilen 3. sebze konumundadır (Anonim, 2013).

Çizelge 1.1. 2005-2015 yılları arasında Türkiye biber üretimi (1000 ton ; Anonim, 2015a; Anonim 2015b)

Yıllar	Salçalık	Dolmalık	Sivri	Çarliston	Baharatlık-İşlenmemiş	Toplam
2005	685.000	400.000	744.000	-	45.000	1.874.000
2011	730.493	364.930	879.846	-	162.125	2.136.394
2012	748.422	383.213	910.725	-	165.527	2.207.887
2013	814.372	398.470	946.506	-	198.636	2.357.984
2014	829.809	391.009	907.126	104.364	186.291	2.418.599
2015	879.775	393.109	919.004	115.568	204.131	2.511.587

Dünya yaş sebze ihracatında ilk sırayı 7.9 milyar dolarlık ihracat miktarı ile Domates alırken 2. sırayı 4.3 milyar dolarlık ihracat miktarıyla biber almaktadır. Hollanda 1.1 milyar dolarlık biber ihracatı ile Dünya lideri konumundadır. Hollanda'yı ise İspanya ve Meksika izlemektedir. Türkiye ise 2012 yılında 75 milyon dolarlık biber ihracatıyla Dünya biber ihracatında 9. sırayı almaktadır. Ayrıca Türkiye domates, biber ve hıyarda Dünyanın 3. Büyük üreticisi konumundadır (Anonim, 2012b).

Çizelge 1.2'de yıllara göre Türkiye ekonomisi içinde *Capsicum* cinsi (kurutulmuş/ezilmiş/öğütülmüş) biber ihracatının ABD doları cinsinden miktarı gösterilmiştir. 2016 yılı verileri geçici olup, Türkiye'nin biber ihracatı bütçesinin 2012-2016 yılları arasında, genel olarak arttığı görülmektedir. (Çizelge, 1.2)

Çizelge 1.2. 2012-2016 yılları arasında Türkiye toplam biber ihracatı değeri (Anonim, 2016c)

Yıllar	İhracat Değeri(1000 ABD\$)
2012	4.711.506
2013	6.511.587
2014	7.454.830
2015	7.310.849
2016	3.955.353

Çizelge 1.3’de yıllara göre Türkiye’nin *Capsicum* cinsi (kurutulmuş/ ezilmiş/ öğütülmüş) biberlerde en fazla biber ihracatı yaptığı ülkeler ve ABD doları cinsinden miktarlarının dağılımı gösterilmiştir.

Çizelge 1.3. 2016 yılında Türkiye’nin en fazla biber ihracatı yaptığı ülkeler (Anonim, 2016d)

	Ülkeler	İhracat değeri (1000 ABD\$)
1.	Fransa	187.215
2.	Hollanda	167.826
3.	Almanya	656.151
4.	İngiltere	497.295
5.	Danimarka	13.699

Türkiyede biber ihtiyacının % 33 gibi önemli bir kısmı Akdeniz bölgesinden karşılanmakta ve bu bölgeyi Ege, Marmara ve Karadeniz Bölgeleri takip etmektedir (Kaplan, 2012).

Türkiyede biberin açıkta ve örtü altı üreticiliğinde söz sahibi olan iller genellikle; Kahramanmaraş, Gaziantep, Şanlıurfa, Antalya, Mersin, Hatay, Samsun, Manisa, Bursa, İzmir ve Çanakkale’dir. Kahramanmaraş’ta üretilen biberin büyük bir kısmı baharat olarak kullanılmak üzere toz biber ve pul biber yapımında kullanılmaktadır. Kahramanmaraş ilinin ekolojik özellikleri yörede yetiştirilen biberleri farklı bir lezzet ve koku verdiği için yörede üretilen biberleri ayrıcalıklı bir konuma koymaktadır. Özellikle ülkemizin birçok bölgesinde talebinin yoğun olduğu toz biber, pul biber ve salça yapımına da bu kalite yansımakta ve bu özellikler Kahramanmaraş biberinin önemini daha fazla arttırmaktadır (Duman ve ark. 2002).

Kahramanmaraş, Türkiyede biber üretimi açısından çok önemli bir merkez olup kırmızıbiber ekim alanlarının yaklaşık %48'i Kahramanmaraş ve Gaziantep illerinde bulunmakta, üretimin ise % 65'i yine bu illerde yapılmaktadır (Akbyay ve ark. 2012). Ancak ülkemizde yaygın yetişme alanı olan ve ekonomik anlamda ciddi önem taşıyan biber bitkisinin geleceği bazı tehditlerle karşı karşıyadır. Bazı biber hastalıkları, iklim yapısının değişmesi, özellikle aflatoksin tehdidi ülkemiz pul biber üretiminde yıldan yıla dalgalanmalara, belirsizliklere, verim kayıplarına sebebiyet vermektedir. Tüm bunların sonucu olarak ülke ve il ekonomisi etkilenmekte, ihracat payı düşebilmektedir (Akbyay ve ark. 2012). Bu sebeplerden ötürü Türkiye'de yetişen biber türlerinin mevcut genetik kaynaklarının toplanıp genetik karakterizasyonun yanında, verim, kalite, biyotik ve abiyotik etkenlere karşı toleranslıklarının belirlenerek ıslah programlarına aktarılması önem arz etmektedir.

Genetik kaynaklar, bitki ıslahı yönündeki çalışmalarda gerek yeni çeşitlerin geliştirilebilmesi gerek genetik varyasyonun tespiti açısından bilimsel araştırmalarda kullanılan temel kaynakları temsil etmektedir (Bliss, 1981). Bugün bile kullandığımız kültürü yapılan bitkilerin büyük bir kısmı yıllardır yapılan ıslah çalışmalarının birer ürünüdür (Balkaya ve Uzun, 2009). Özellikle biberde yüzyıllardır süregelen insan seleksiyonu ve çevre şartlarının etkisiyle güçlü bir fenotipik çeşitlilik oluşmuştur (Rivera ve ark. 2016). Bu genetik zenginliğin devamlılığının sağlanması da var olan kaynakların belirlenip, koruma altına alınmasını gerektirir (Tan ve ark. 2004).

1953'de Watson ve Crick tarafından DNA yapısının keşfedilmesi moleküler biyoloji'de devrim etkisi yaratmış, PCR'ın kullanılmaya başlanmasıyla birlikte ise canlıların filogenetik sınıflandırma çalışmaları artan bir ivme kazanmıştır. Günümüzde biber dahil tüm bitki türlerinin tanımlanmasında, tür içi ve türler arası genetik varyasyonun miktarı ve dağılımının tesbit edilmesinde moleküler markörler yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Moleküler markörler sayesinde fonksiyonel genetik varyasyonların tanımlamaları yapılabilmekte (Liu ve ark. 2013) ve bu bilgiler bitki ıslahı çalışmalarında kullanılabilir (Kong ve ark. 2012). Uzun zamandan bu yana klasik ıslah metotlarıyla istenilen genler ıslahçılar tarafından kültürü yapılan türlere aktarılmaktadır. Ancak klasik ıslah metotlarıyla yüksek kalitede biber genotiplerinin görsel olarak gözlemlenmesi hali hazırda dar bir genetik germplasm boyutuyla ıslahçılara sınırlama getirmiştir. Dolayısıyla daha yeni germplasm kaynaklarının bulunması biber ıslahında önemlidir (Xie ve ark. 2014). Ayrıca klasik bitki ıslahı çalışmaları fazla işgücü gerektirir

ve uzun yıllar alabilmektedir. Günümüzde gıdaya olan talebin artmasıyla üretime sağlanan girdilerin artma ihtiyacı, hastalık ve zararlıların neden olduğu ürün kayıpları, sanayileşmeyle birlikte tarım alanlarının giderek daralması gibi nedenlerden ötürü klasik ıslah yöntemleri bitki ıslahında üreticiye yeterli verimi tek başına sağlayamaz hale gelmiştir. Öte yandan klasik bitki ıslahı ile moleküler yöntemlerin kombine şekilde kullanılması, her iki yöntem birbirini tamamlayarak klasik bitki ıslahının dezavantajlarını ortadan kaldırmaktadır (Şimşek ve ark. 2014).

Türkiyede yetiştirilen yerel biberlere uygulanan seleksiyonlar, doğal melezlemeler ve ülkemizdeki iklim yapısı gibi özellikler, biberlerde farklı morfolojik özellikleri olan yeni genotiplerin ortaya çıkmasını sağlamış ve bu durum biber çeşitliliğinin giderek artmasına neden olmuştur (Bozokalfa ve Eşiyok, 2010). Genetik çeşitliliğin artması ise ıslah başarısını arttıran etmenlerden birisidir.

Islah materyalleri arasındaki genetik farklılığın dağılımı ve miktarı bitki ıslahında son derece önemli bir rol oynamaktadır. Islah programlarının etkinliğini artırmak ve gelecekte verimli, dayanıklı çeşitler geliştirebilmek için uygun ebeveyn seçimi en önemli ölçütlerden birisidir.

Günümüzde genetik kaynaklardaki çeşitliliği değerlendirmek için kullanılan birkaç markör çeşidi kullanılmaktadır (Zhang ve ark. 2007). Bunlar; morfolojik markörler, biyokimyasal markörler ve hızlı bir şekilde gelişmeye devam eden moleküler markörler olarak sınıflandırılmaktadır (Zhang ve ark. 2007).

Morfolojik markörler gözle görülebilen ve gözlemcinin kolay ayırım yapmasını sağlayan bitki boyu, meyve rengi gibi basit Mendel kalıtımı gösteren morfolojik karakterlerdir. Ancak morfolojik markörlerdeki allel sayısının az olması, çevre şartlarından etkilenmeleri gibi sebepler bu makörlerin dezavantajları arasındadır (Liu, 1998). Ayrıca bitkilerin vejetatif fazdayken bitki boyu gibi morfolojik karakterler kullanılarak türlerin ayırımını yapmanın çok zor olduğu söylenmiştir (Sitthiwong ve ark. 2005). Biyokimyasal markörler ise protein markörler ve bunların enzim-izoenzim formlarını temsil etmektedir (Zhang ve ark. 2007). Protein markörler, proteinler arasındaki polimorfizmin belirlenmesi esasına dayanır ve yaygın olarak izoenzim markörler formunda kullanılmaktadır (Taşpınar ve ark. 2002).

İzoenzimler, enzimlerin alternatif formlarıdır ve aynı karakteristik görevi yapmakla birlikte farklı şekilleri sayesinde jel elektroforezinde ayrımları sağlanabilmektedir

(Taşpınar ve ark. 2002). Biberde genetik çeşitlilik analizinde uzun zamandan bu yana değişik teknikler kullanılmaktadır; örneğin; biber genotiplerinin çeşitliliğini analiz etmek için geleneksel olarak bitki ağırlığı, çiçek rengi, meyve boyutu, tohum yapısı gibi rutinde kullanılan morfolojik karakterler kullanılmıştır (Sitthiwong ve ark. 2005). Ayrıca son yüzyılda kromozom morfolojisi (Pickersgill, 1971) ve protein-enzim profillemesi (Kumar ve ark. 2010) tekniklerinden yararlanılmıştır. Ancak sayılarının çok az olması, iş yükünün yorucu olması, polimorfizm oranlarının nispeten düşük olması ve analizlerin uzun zaman alması gibi sebepler, bu markörlerin kullanımı kısıtlayan dezavantajlarıdır (Özşensoy ve ark. 2008). Bilim insanları yaptıkları genetik sınıflandırma çalışmalarında çevre şartlarından etkilenmeyen ve genotip bilgisini doğrudan belirleyecek özellikleri bulmaya çalışmışlardır. Bunların arasında yalnızca DNA markörleri gen seviyesindeki polimorfizm bilgisini eksiksiz olarak doğrudan araştırmacıya vermektedir (Ansari, 2015).

Moleküler markörler, aynı tür içerisindeki farklı bireylerin genetik yapılarındaki polimorfizmi gösteren DNA bölgeleridir ve günümüzde genetik varyasyonun saptanmasında en çok kullanılan yöntemdir (Liu, 1998). Moleküler markörlerin yüksek polimorfizm oranı, analizlerinin kısa ve tekrarlanabilir olup otomasyona uygunluğu, maliyetinin az olması, kısa ve hafif iş gücü gereksinimi, hızlı bir şekilde tekrarının yapılabilmesi, çevre şartlarından etkilenmemesi ve fenotipik gözlemlerdeki yanılgıların önüne geçerek kesin bir sonuç vermeleri bu markörlerin bilim insanlarına verdiği bazı avantajlar arasındadır (Aksu ve ark. 2014).

Moleküler markörler, genetik çeşitlilik analizi, genom haritalama, bağlantı analizleri, parmak izi analizleri çalışmaları için kullanılan mükemmel araçlardır (Mathew, 2006). Ayrıca moleküler markörlerin kullanımı için kalıp olarak kullanılacak DNA'nın dizi bilgisini bilmeye gerek olmadığı gibi radyoaktif maddeler kullanılmadığı için de kullanıcı sağlığı açısından güvenlidir (Sitthiwong ve ark. 2005). Bugün, bilimsel çalışmalarda kullanılan farklı özelliklerine göre sınıflandırılmış birçok moleküler markör çeşidi rapor edilmiştir (Ibitoye, 2011). DNA markörleri; hibridizasyon temelli ve PCR temelli markörler olarak polimorfizmi belirleme tekniklerine göre 2 temel gruba ayrılmıştır. Kesilmiş parça uzunlukları polimorfizmi (RFLP) (Restriction Fragment Length Polymorphism) markörleri PCR' a bağlı olmayan markörler arasındadır ve RFLP analizinde DNA-DNA hibridizasyonu görüntüsü alınırken genellikle radyoaktif maddelerden yararlanır (Kaymak, 2012).

Moleküler markörlerin bazıları; RFLP (Restriction fragment length polymorphism, restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi), SRAP (Sequence-related amplified polymorphism, Dizi ilişkili çoğaltılmış polimorfizm), VNTR (Variable number tandem repeat, değişken Sayılı Ardışık Tekrarlar), AFLP (Amplified fragment length polymorphism, Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizm), SSR (simple sequence repeat, basit dizi tekrarları), ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat, basit tekrarlı diziler arası polimorfizm), SCAR (sequence characterized amplification region, Karakterize Edilmiş Çoğaltılan Alanlar), SAMPL (Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci, Mikrosatellit Polimorfik Lokusunun Seçici Amplifikasyonu), CAPS (cleaved amplified polymorphic sequence, Kesilip Çoğaltılmış Polimorfik diziler), RAPD (random amplified polymorphic DNA, rasgele çoğaltılmış DNA polimorfizmi), S-SAP (sequence-specific amplification polymorphism, diziye özgü çoğaltılmış polimorfizm), STS (sequence tagged sites, hedef dizilimli DNA bölgeleri), SNP (single nucleotide polymorphism, tek nükleotit polimorfizmi) ve COSII (single copy orthologous genes, tek kopyalı ortolog genler) olarak adlandırılan markörlerdir (Kumar, 1999; Jones ve ark., 2009). Çalışmanın amacı ve kullanılan materyalin türüne göre kullanılan moleküler markör çeşidi farklılık göstermektedir. Biberde genetik çeşitlilik çalışmalarında yaygın olarak RFLP, AFLP, RAPD (Lefebvre, 2001), SSR, S-SAP (Tam ve ark. 2005) ve SRAP (Ren ve ark. 2008) markörleri kullanılmaktadır.

Bugüne kadar biber üzerinde moleküler markörler kullanarak önemli sekonder metabolitler (Lee ve ark. 2005) , erkek kısırlığı (Kim ve ark. 2006) ve hastalık direnci (Minamiyama ve ark. 2007) gibi kırmızıbiber özelliklerini geliştirme amaçlı bir çok çalışma yapılmış ve *Capsicum* genusuna ait çok sayıda moleküler markör rapor edilmiştir (Barchi ve ark., 2007; Truong ve ark., 2010; Ashrafi ve ark., 2012)

Farklılığı analiz edilen türler arasındaki ayrımın moleküler markörlerle sağlanması kesin ve doğru bilgileri araştırmacıya vermesine rağmen morfolojik ve moleküler markörler arasındaki fenotipik ilişkinin bilinmesi halen önemini korumaktadır (Dias ve ark. 2013). DNA markörleri kodominant veya dominant özellik gösterebilmektedir. ISSR markörler, kodominant markörler sınıfındadır. ISSR markörler yakın ilişkili bireyler arasındaki genetik mesafenin tahmin edilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Hassan, 2007).

ISSR, analizleri çok az miktarda kalıp DNA'nın yeterli olabilmesi, tekrarlanabilirliğinin yüksek olması gibi avantajlardan ötürü kullanıcıya kolaylık sağlamaktadır (Zietkiewicz ve ark., 1994).

SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) markörleri Li ve Quiros (2001), tarafından geliştirilmiş, DNA'daki açık okuma çerçevelerinin (ORF) amplifikasyonunu amaçlayan (Cai ve ark. 2011) PCR temelli bir moleküler markör sistemidir. Ayrıca SRAP tekniğini geliştiren araştırmacılar bu yöntemin, uygulanması kolay, tekrarlanabilirliği yüksek, ucuz ve etkinlik değeri fazla olan bir sistem olduğunu vurgulamışlardır (Li ve Quiros, 2001; Wang ve ark., 2008) SRAP sistemi 2 primer amplifikasyonunu temel almaktadır. SRAP kombinasyonunda yaklaşık 17 nükleotitten oluşan forward primer ve yaklaşık 18 nükleotitten oluşan reverse primer kullanılmaktadır (Li ve ark., 2001; Jones ve ark., 2009). Tekniğin kullanımı basit olmakla birlikte SRAP markörleri kullanıcıya yüksek derecede polimorfik veri sunmaktadır. SRAP markörlerinin birçok ürüne uygulanabilirliğinin yanısıra haritalama çalışmaları, gen etiketleme, genomik ve cDNA parmak izi analizi, genetik bağlantı haritalarının oluşturulması gibi çeşitli kullanım alanları bulunmaktadır (Cai ve ark. 2011).

Bu çalışmada bazı ileri biber genotipleri arasındaki genetik benzeşimin SRAP markör sistemi ile ortaya konması amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Ilbi (2003), Hibrit biber hatlarında genetik saflığı test etmek için RAPD markörlerini kullanmıştır. Çalışmada 5 hibrit biber hattı ve bu hatların ebeveynleriyle birlikte toplamda 12 RAPD primeri ile taranmıştır. 2 primerden sonuç alınamamış kalan 10 RAPD primeri kullanılarak toplamda 177 bant analiz edilmiştir. Bu gözlenen bantlar arasında 163 tanesi tüm hatlarda bulunurken, 9 primer tarafından amplifiye edilen 14 bantın ise polimorfik markörler olduğu gözlemlenmiştir. En yüksek polimorfik bant ise Q5 primerinde gözlenmiştir. Bu 10 primerden 6 tanesi kullanılan hibrit varyetelerin tohum saflığını belirlemede RAPD tekniği açısından kullanıma elverişli bulunmuştur.

Göçmen (2006)'in yaptığı çalışmaya göre 16 biber genotipinde 27 SSR ve 31 SRAP primer kombinasyonu kullanılmıştır. SSR analizi sonucu 12 markörün polimorfik 17 markörün monomorfik bant oluşturduğu gözlemlenmiştir. Çalışmada genetik uzaklığın 0.29-1.00 arasında değiştiği rapor edilmiştir. Toplam 144 SRAP kombinasyonunun yapıldığı denemede ise 30 primer kombinasyonundan polimorfik bant elde edilmiştir. DNA bant büyüklükleri 250 baz çiftinden 1600 baz çiftine kadar değişmiştir. Elde edilen 254 DNA bandının 155'i polimorfik 99'u ise monomorfik olarak gözlenmiştir. Çalışmada elde edilen SSR ve SRAP sonuçları birlikte değerlendirildiğinde en fazla genetik uzaklık COO-276 ile PM 702 genotipleri arasında gözlemlenirken en az genetik uzaklık PBC 179 ile PBC 1364 genotipleri arasında gözlemlenmiştir. Ayrıca oluşturulan dendogramda *C. annuum* ve *C. frutescens* 2 ayrı grupta yer almış ve aralarındaki genetik uzaklık 0.56 olarak ölçülmüştür. Bu çalışma sonucunda SSR verileri sonucu birbirinden genetik olarak ayrılamayan hatların SRAP markörleriyle rahatlıkla birbirinden ayrılabilirdiği belirtilmiştir. Bu nedenle yapılacak genetik çeşitlilik analiz çalışmalarında birden çok markör sisteminin bir arada kullanımının sonuçların güvenilirliği açısından avantajlı olabileceği vurgulanmıştır.

Keleş (2007), oluşturulan biber çekirdek koleksiyonunda SSR ve SRAP primerlerine dayalı parmak izi analizi yapmıştır. 10 genotipte 8 SRAP primerinin oluşturduğu toplam 72 bandın 67'si polimorfik 5'i monomorfik olarak gözlemlenmiştir. En yüksek polimorfizm değeri Me3/Em6 SRAP primer çiftine aitken en düşük polimorfizm değeri Me5/Em8 SRAP kombinasyonunda bulunmuştur. Çalışmada aynı zamanda 5 SSR primeri kullanılmış ve toplam 7 bant elde edilmiştir. Yalnızca CM11 SSR primeri monomorfik diğerleri polimorfik olarak gözlemlenmiştir. Primer çalışmaları sonucu her bir

bandın birbirinden olan teorik uzaklığı 15.19 cM (centi Morgan) olarak belirtilmiştir. Yapılan morfolojik belirteç çalışmaları moleküler belirteç çalışmalarıyla birlikte değerlendirildiğinde ise bu çalışmada kullanılan biber genotiplerinin düşük sıcaklığa duyarlı-tolerant seçilmesinde etkili olamayacağı bildirmiştir.

Refaat ve ark. (2007), bazı ebeveyn biber hatlarında ebeveynler ile F₁ hibrit hatları arasındaki genetik mesafeyi ISSR markörlerini kullanarak tahmin etmeye çalışmışlardır. Çalışmada 7 ebeveyn ve 21 melez hat arasındaki heterosis ölçülmüştür. Tüm ebeveyn ve hibrit hatlar arasında en yüksek verimi F₁(P₄ x P₆) göstermiştir. Ayrıca F₁(P₄ x P₆) % 108.95'lik oranla en yüksek heterositeyi gösteren genotip olmuştur. Söz konusu hatlar arasındaki genetik mesafeyi hesaplamak için 9 ISSR primer kullanılmıştır. PCR sonucu üretilen 104 amplifikasyon ürününden (%96.15) 100 tanesi polimorfik bulunmuştur. Tüm primerlerin ürettiği bantlarda polimorfik amplifikasyon ürünleri gözlemlenmiş ve polimorfizm oranı % 81.82'den %100'e değişim göstermiştir. Nei'nin benzelik katsayısına göre ortalama genetik mesafe 0.336 olarak gözlemlenmiştir. Araştırmacılar, söz konusu sonuçların biber hatları arasındaki ISSR profillemesinin moleküler sınıflandırmada güvenilir bir araç olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Bozokalfa ve ark. (2010), Türkiyenin farklı bölgelerinden topladıkları 48 biber genotipini 67 agronomik ve morfolojik özellik bakımından karakterize etmişlerdir. Elde edilen morfolojik verilere "cluster" ve "principal component" analizlerini uygulamışlardır. Ayrıca araştırmacılar yaptıkları morfolojik tanımlamada ülkemizin biber gen kaynakları açısından büyük bir zenginliğe sahip olduğunu ve genotiplerdeki artan varyasyonlar sayesinde sonraki karakterizasyon çalışmalarında büyük varyasyonların göz önünde bulundurulmasına dikkat çekmişlerdir. Bundan dolayı genotiplerin karakterize edilmesinde uygulanacak moleküler tanımlama yöntemlerinden yararlanmanın daha etkin sonuçlar verebileceğini söylemişlerdir.

Xiaohua Du ve ark. (2010), 10 tane kendilenmiş *Capsicum annuum* L. hattı arasında RSAP (Restriction site amplified polymorphism), SRAP (sequence-related amplified polymorphism) ve SSR (simple sequence repeat) belirteçlerini kullanarak genetik farklılık analizi yapmışlardır. RSAP markerinde 41 primerden 538 tanesi polimorfik olan toplam 2121 bant elde edilmiştir. SRAP denemesinde ise üretilen 776 bandın % 29.6'sı yani 230 bantı polimorfik bulunmuştur. 23 tane SSR primeri kullanılarak yapılan SSR analizi sonuçlarına göre üretilen 41 bandın 21 tanesini polimorfik bulunmuştur. Ortalama genetik mesafe; RSAP marköründe 0.4115, SSR marköründe

0.4551 ve SRAP marköründe 0.3591 olarak hesaplanmıştır. Kullanılan her markör sisteminde geniş bir varyasyon gözlemlenmiştir. Ayrıca her bir primer seti için en yüksek polimorfik lokasyon en fazla RSAP'da ve en düşük ise SSR'da gözlemlenmiştir.

Lijun ve ark. (2012), 5 biber çeşidine ait 28 hat arasındaki tür içi ve türler arası genetik çeşitliliği tahmin etmek amacıyla 13 tane ISSR primerinden yararlanmışlardır. Çalışma neticesinde 102'si polimorfik olan toplamda 135 DNA bandı elde edilmiş ve bu bantların boyutlarının 100-2000 arasında değiştiği belirtilmiştir. Çeşit türler arasında en yüksek polimorfizm değeri *C. chinense* Jacquin'de % 25.08, en düşük polimorfizm *C. pubescens* Ruiz & Pavon 'da % 10.57 olarak gözlemlenmiştir. Çalışmada Nei'nin genetik çeşitlilik endeksi (H) 0.03 ve 0.08 arasında, Shannon'un bilgi endeksi (I) 0.06 ve 0.13 arasında ölçülmüştür. Çalışmada yapılan UPGMA dendogramları 5 biber türünün 2 büyük gruba ayrıldığını göstermiştir. Neticede *C. annuum* L., *C. frutescens* L. ve *C. chinense* Jacquin hatlarının yakından ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Araştırmacılar ISSR markörlerin polimorfik olmaları ve iyi derecede stabilitelelerinin olmasından ötürü bu markörlerin bitki genetik çeşitliliğinin araştırılmasında kullanışlı bir araç olduklarını belirtmişlerdir.

Ahmed (2013), *Capsicum annuum* ve *Capsicum frutescens*'den oluşan 6 hibrit biber hattında 10 tane ISSR belirteci kullanarak genetik farklılık analizi yapmıştır. Elde edilen 87 bandın 52 bandın (% 60) polimorfik olduğu tespit edilmiştir. 16 tane ise benzersiz bant gözlenmiştir. En düşük polimorfizm % 20 polimorfizm oranıyla HB1 primerinde kaydedilirken en yüksek polimorfizm % 92 polimorfizm oranıyla HB15 primerinde okunmuştur. Benzerlik katsayısı 0.709'dan 0.883'e kadar değişkenlik göstermiştir. En yüksek genetik benzerlik 0.883 değeriyle *C. frutescens*'in khairat ve yoser1 hibritleri arasında gözlemlenirken en az genetik benzerlik 0.709 değeriyle *C. frutescens*'in yoser 1 ve *C. annuum*'un kotof 2 hibritleri arasında gözlemlenmiştir. UPGMA analizi sonucu 0.25 genetik mesafe ile 2 ana gruba ayrılmıştır. Benzerlik katsayısı değerleri ve UPGMA dendogramı sonucu yorumlandığında yapılan çalışmada test edilen bireylerin dar bir genetik tabana sahip olduğu belirtilmiştir. Bu çalışmada elde edilen verilerin gelecekte markör destekli seleksiyonda kullanılacak hatların seçilmesinde, yeni hibritlerin oluşturulmasında ve ulusal gen kaynaklarının korunmasında önemli olduğunu bildirmiştir.

Peeraullee ve ark. (2013), 5 farklı *Capsicum annuum* varyetesinde morfolojik ve moleküler karakterizasyon yapmışlardır. 40 farklı RAPD primerinin kullanıldığı çalışmada

en yüksek polimorfizm % 54.55 değeri ile OPW04 marköründen elde edilmiştir. Genotiplerin farklılık değerleri 0.444 ile 0.994 arası değişmiştir. Çalışmada meyve şekli, boyutu, rengi, yaprak rengi gibi morfolojik olarak birbirinden çok farklı olan 2 varyetenin (Piment carri ve Piment blanc) süpriz bir şekilde moleküler analizler sonucu birlikte kümelendiği görülmüştür. Yine aynı şekilde çok az ortak morfolojik karakter içeren Long chilli ve Small chilli varyeteleri de birlikte kümelenmiştir. Çalışmada kullanılan çeşitler arasındaki maksimum benzerlik değeri 0.556 iken minimum benzerlik değeri 0.006 bulunmuştur. Araştırmacılar morfolojik olarak farklılık gösteren bazı bireylerin aslında RAPD tekniği açısından genetik bir benzerlik gösterdiğini vurgulamışlardır.

Tilahun ve ark. (2013), 30 biber genotipi arasında 20 RAPD ve 9 SSR primerini kullanarak genetik çeşitlilik analizi yapmışlardır. RAPD primerlerinden 65'i polimorfik olan 75 bant elde etmişlerdir. Her bir primerin ortalama polimorfik bant sayısı 5.41 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmada en yüksek polimorfizm gösteren RAPD primeri % 100 polimorfizm değeriyle OPA-2 primeridir. RAPD'de ortalama benzerlik katsayısı 0.60 çıkmıştır. SSR primerleri amplifikasyon ürünleri ise 28 bant üretmiş, ortalama lokus sayısının 3.21 allelden oluştuğu hesaplanmıştır. Benzerlik katsayısı oranı RAPD için 0.36-0.91, SSR için 0.117-0.9 arası değişkenlik göstermiştir. SSR primerlerinin ortalama PIC değeri 0.546 olarak ölçülmüştür. Parmakizi analizi için en bilgilendirici SSR primerinin CAMS-864 primeri olduğu belirtilmiştir. Hem SSR hem RAPD çalışması sonucu biberlerin genetik değişkenlik gösterdiği, ayrıca genetik benzerliği değerlendirmede her iki primerin de kullanışlı olduğu belirtilmiş, Ancak SSR tekniğinin RAPD tekniğine göre daha geniş genetik ilişkileri ortaya koyabileceği belirtilmiştir.

Carvalho ve ark. (2015)'nin bildirdiğine göre SSR'lar biber genetik materyalinin tanımlanması, genetik çeşitlilik ve filogeni çalışmaları için yararlı markör sistemleridir. Bu amaçla çalışmada SSR'ların *Capsicum annuum* L., *C. frutescens* L. ve *C. chinense* Jacquin için transfer edilebilirliği araştırılmıştır. Toplamda 185 primer taraması sonucu *C. frutescens* L. ve *C. chinense* Jacquin'e aktarılabilirlik 116 primer için (% 62.7) olmuştur. *C. frutescens* L. polimorfizmi % 16.37 iken *C. chinense* Jacquin'de % 31.03 olarak ölçülmüştür. *C. frutescens* L. için PIC değeri 0.30-0.65 arasında ve *C. chinense* Jacquin için 0.19-0.68 arasında çıkmıştır. Çalışma neticesinde *C. annuum* L. SSR primerlerinin *C. frutescens* L. ve *C. chinense* Jacquin için çoğunlukla transfer edilebilir ve polimorfik olduğu kanısına varılmıştır.

Krishnamurthy ve ark. (2015), 59 şili biberinde (3 *C. baccatum* ve 56 *C. annuum*) AFLP tabanlı genetik çeşitlilik analizi yapmışlardır. 8 AFLP primer kombinasyonu toplamda 414 bant üretmiş ve bunların 389 tanesi polimorfik bulunmuştur. Bu primer kombinasyonlarından *EcoRI*+AGC ve *MseI*+GCT % 97.53 polimorfizm oranıyla en polimorfik primerler olarak bulunmuştur. PIC değerleri ortalama 0.93 olmakla birlikte 0.84-0.97 arasında değişmiştir. Tüm *C. baccatum* türleri bir kümede (cluster I) toplanırken diğer 56 şili *C. annuum* genotipi başka bir kümede 9 gruba ayrılmıştır. Cluster I (*C. baccatum* genotipleri) ve diğer kümeler arasında (*C. annuum* genotipleri) 0.81 değeri ile yüksek derecede bir genetik çeşitlilik gözlenmiştir. Çalışılan 2 gruptaki genotipler arasında genetik benzerlik katsayısı çok az bir farklılık göstermiş ve genetik benzerlik oranı (GS değeri) Tayvan genotiplerinde 0.19-0.85 arasında, Hindistan genotipleri arasında ise 0.24-0.90 arasında değişmiştir. Çalışmada aynı coğrafik orjinden geldiği bilinen bazı genotiplerin AFLP sonucu genetik benzerlikleri birbirine çok yakın çıkmıştır. Shivani ve Susan's joy genotipleri en uzak genetik mesafe olan genotipler olduğu belirtilmiş, bu genotiplerin biberde ıslahta, fizyolojik ve morfolojik çalışmalarda kullanımının faydalı olabileceği belirtilmiştir.

Torres ve ark. (2015), yaptıkları çalışmada 2 Serrano ve 2 Jalapeño olarak seçilen *C. annuum* hatları ile 1 tane *C. pubescens*'e ait olan hatların polimorfizmlerine bakmışlardır. Polimorfizmleri değerlendirirken SSR ve ISSR primerlerinden yararlandıkları çalışmada her iki markörden de polimorfik veriler elde etmişlerdir. ISSR analizi için iso1 ve iso2 primerleri birlikte değerlendirildiğinde bu iki primer, 12 test örneğinden toplamda 38 polimorfik bant amplifiye etmiş ve bu primerler için PIC değeri 0.77 MI (Marker Index) değeri 0.74 ve Rp (Resolution power) değeri 16.08 şeklinde gözlemlenmiştir. SSR markörlerini de kullanan çalışmacılar SSR markörleri için ortalama PIC değerini 0.5 olarak bulmuşlardır. Sonuç olarak her iki tekniğin de kullanılan her iki *Capsicum* türünün ayırt edilmesinde faydalı olacağı gözlemlenmiştir.

Tsaballa ve ark. (2015), bir ticari Yunan biberi ile 30 yerel biber genotipi arasındaki genetik çeşitliliği araştırmak amacıyla ISSR, SCoT (Start-based Codon Targeted) ve EST-SSR markör sistemlerinden yararlanmışlardır. Yapılan çalışmada 30 yerel biber genotipi; EST-SSR analiz sonucuna göre 5 grupta, ISSR sonuçlarına göre 8 grupta, SCoT analizi sonuçlarına göre ise EST-SSR analizine benzer şekilde 5 grupta toplanmıştır. Yapılan çalışmada EST-SSR markör sistemini HRM (High Resolution Melting) analizine tabi tutan ve diğer markör sonuçlarına benzer analizler elde eden araştırmacılar bu markör sisteminin

çalışmalarda faydalı olduğunu tespit etmişlerdir. SCoT markör amplifikasyon sonuçlarına göre toplam 53 bant elde edilmiş bunların 48 tanesi polimorfik bulunmuştur. Ortalama polimorfizm oranı % 88.9 olup, en yüksek PIC değeri ise SCoT15 primerinde 0.258 olarak gözlemlenmiştir. Yapılan çalışmada en yüksek Rp (Resolving Power) değerine sahip 3 Scot primerinin (SCoT15, SCoT1 ve SCoT34) genetik çeşitliliği tahmin etmede en bilgilendirici primerler olduğu söylenmiştir. Yapılan çalışmada ISSR fragmentlerinin % 83.6'sını polimorfik bulunmuştur. ISSR primerlerinde gözlemlenen en yüksek PIC değeri UBC881 primerinde 0.268 ve en yüksek R_p değeri UBC811 primerinde 5.742 olarak gözlemlenmiştir. Araştırmacılar çalışmalarında elde edilen çıktıların *C. annuum*'un sistematiği ve evrimini anlamak için faydalı olacağını belirtmişlerdir.

Cheng ve ark. (2016),'nın vurguladığına göre Capsicum genomuna dağılmış olan SSR'ların kapsamlı karakterizasyonunun yapılması Capsicum'da yapılacak olan genetik çalışmalara destek olacaktır. Bu amaçla araştırmacılar biber, kloroplast, mitokondri ve çekirdek genomundaki ortalama SSR lokasyonu sayılarını belirlemişlerdir. Pilot olarak bir çalışma yapmak isteyen araştırmacılar seçtikleri 21 biber genotipi arasında yaptıkları SSR taraması sonucu 65 polimorfik markör belirlemişlerdir. Ortalama PIC değeri 0.64 olarak bulunmuştur. Yapılan kümelenme analizi sonuçlarının daha önce yapılan bir çalışma ile karşılaştırıldığında ise elde edilen yeni geliştirilmiş SSR markörlerin kullanılabilir olduğunun sonucuna varılmıştır.

Islam ve ark. (2016), Kuzey Doğu Hindistana ait yerel 171 *Capsicum* hattında 6 tane AFLP primer kombinasyonunu kullanarak genetik karakterizasyonu belirlemişlerdir. Toplamda üretilen 416 bandın 254'ünün (%61) polimorfik olduğu gözlemlenmiştir. Bantların boyutu 65-650 bp arası değişmiş, maksimum polimorfizm değerini % 86.25 ile E-AA_P-A primer kombinasyonu vermiştir. Ortalama PIC değeri 0.35 olup ve ortalama heterosite (H_e) değeri 0.21 olup, Jaccard'ın benzerlik katsayısının 0.03-0.97 değerleri arasında (ortalama 0.40) gözlemlendiği bildirilmiştir. Çalışılan hatların daha önceden capsaisin ve morfolojik özellikler bakımından varyasyon gösterdiği tespit edilmiş olup TE-AFLP (three-endonuclease amplified fragment length polymorphism) markörleri sonucu gözlemlenen yüksek derecedeki genetik varyasyon sonuçları bu sonuçlarla uyumlu çıkmıştır. Yapılan UPGMA analizi sonucu analizi yapılan hatlar 2 temel kümeyi oluşturmuştur. Araştırmacılar bu çalışmada kullanılan TE-AFLP markörlerinin biber hatlarının genetik karakterizasyonunun yapılmasında yararlı olduğunu ve ileriki gen haritalama çalışmalarında kullanışlı olabileceğini belirtmişlerdir.

Rivera ve ark. (2016), 26 tane kendilenmiş biber hattında 20 SSR markörü ve 27 morfolojik özellik kullanarak söz konusu biber hatlarındaki genetik çeşitlilik seviyesini araştırmışlardır. 29 kendilenmiş biber hattında 20 SSR markörü kullanılarak yapılan çalışmada, boyutları 118 baz çifti ile 360 baz çifti arası değişen 60 allel elde edilmiştir. Tüm ekilen biber hatlarının ortalama PIC değeri 0.44 olup minimum PIC değeri 0.17 ile HpmsE082 marköründe bulunurken, en yüksek PIC değeri 0.82 değeri ile GMPS197 marköründe bulunmuştur. Yapılan multidisipliner çalışma sonucunda tüm ekilen biber hatları arasında başarılı bir şekilde genetik çeşitlilik ayrımı yapılmıştır.

Toledo-Aguilar ve ark. (2016), 44 biber genetik materyali arasında genetik çeşitliliği tahmin etmek için 24 mikrosatellit lokusu kullanmışlardır. Toplamda 220 allel tespit edilmiş, her bir lokusa ortalama 9.2 allel denk gelmiştir. Heterozigotluk değeri 0.36-0.59 arasında çıkmış, PIC değeri ise 0.07-1 arası değerler göstermiştir. 59 eşsiz allel gözlemlenmiş ve 8 allel tüm popülasyona yayılmıştır. Yapılan F istatistiğine göre çalışılan popülasyonlar arasında geniş bir genetik farklılık olduğu vurgulanmıştır. Ayrıca araştırmacılar çalışılan ancho tür biber popülasyonlarının kendi içindeki genetik çeşitliliğin popülasyonlar arası genetik çeşitlilikten daha fazla olduğunu belirtmişlerdir.

Saleh ve ark. (2016), tarım ürünleri ıslahının gerçekleştirilebilmesi için çeşitlilik analizi çalışmalarının yapılmasının zorunlu olduğunu bildirmektedir. Yaptıkları çalışmada Eritrean biber genotiplerinin de arasında bulunduğu 407 bitkide 28 SSR markörü kullanılarak genetik çeşitlilik değerlendirilmiştir. 28 SSR markörü toplamda 352 allel üretmiştir. Ortalama PIC değeri 0.62, ortalama heterozigotluk 0.41 olarak ölçülmüştür. Çalışmaya dahil edilen popülasyonlar arası moleküler değişimin % 10, popülasyondaki bireyler arası değişimin ise % 60 olduğu ifade edilmiştir. 7 popülasyonun polimorfizm yüzdesi (Elabered, Dekemhare, Mendefera, Gindae, Afabet, HAC, AVRDC popülasyonları) % 100 olarak tespit edilmiştir. Nei'nin benzerlik katayısın ortalama 0.83 genetik mesafe ile göre en uzak popülasyonun KALRO popülasyonu olduğu belirtilmiştir. Genotipler ise 3 ana kümede gruplandırılmış ancak küçük bir dördüncü küme eklenmiştir. Araştırmacılar Eritrean biber genotiplerinde yakalanan varyasyonun gelecekteki ıslah çalışmalarına destek verebileceğini vurgulamışlardır.

3. MATERYAL ve METOT

3.1. Materyal

3.1.1.1. Bitki materyali

Çalışmada tümü Türkiye kökenli ve *C. annuum* türüne ait toplam 26 adet biber genotipi kullanılmıştır. Genotipler arasında KK ile başlayan genotipler kolay kopan anlamına gelmektedir. KK1, KK2, KK3, KK4, KK5 ve KK6 genotiplerinin bir kısmı *C. annuum* × 46 çaprazlamasıyla elde edilen genotiplerin 2 kere geriye melezlenmesi ve 3 kere de kendilenmesi sonucu elde edilmiş bitkiler olup bir kısmı da *C. annuum* × Sena bitkilerinin 2 kere geriye melezlenmesi ve 3 kere kendilenmesiyle elde edilen bitkilerdir (GM₂F₃). Bitki tohumları seraya ekildiğinde KK6, KK5 ve KK3 bitkileri arasında fenotipik çeşitlilik gözlenmiştir. Açılan popülasyonda farklılık gözlenen bitkilere ekstradan numara (KK5-1, KK6-4 gibi) verilmiştir. Ayrıca çalışmada kullanılan K3, K5, K7, K8, K9 bitkilerinin olduğu grup Maraş biberi popülasyonundan seçilmiş S₅ seleksiyon hatlarına ait bitkilerdir. (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan genotipler ve ait oldukları türler

No	Genotip	Ait olduğu populasyon
1	PA8	Bilinmiyor
2	KB20	Bilinmiyor
3	KK6-4	GM ₂ F ₃
4	KK5-1	GM ₂ F ₃
5	PK2	Bilinmiyor
6	KK1	GM ₂ F ₃
7	KK6-3	GM ₂ F ₃
8	KK6-2	GM ₂ F ₃
9	KB17	Bilinmiyor
10	KK6-1	GM ₂ F ₃
11	KB21	Bilinmiyor
12	KK4	GM ₂ F ₃
13	KK2	GM ₂ F ₃
14	K5	Maraş biberi popülasyonundan seçilen S ₅ seleksiyon hattı
15	PM5	Bilinmiyor
16	KK3-1	GM ₂ F ₃
17	KK3-2	GM ₂ F ₃
18	KB2	Bilinmiyor
19	KB12	Bilinmiyor
20	KK5-3	GM ₂ F ₃
21	KK5-2	GM ₂ F ₃
22	K7	Maraş biberi popülasyonundan seçilen S ₅ seleksiyon hattı
23	KB19	Bilinmiyor
24	K8	Maraş biberi popülasyonundan seçilen S ₅ seleksiyon hattı
25	K9	Maraş biberi popülasyonundan seçilen S ₅ seleksiyon hattı
26	K3	Maraş biberi popülasyonundan seçilen S ₅ seleksiyon hattı

3.1.1.2. Bitkisel materyalin seraya ekimi

Çalışmada kullanılacak olan biber genotiplerinin Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü laboratuvarlarında torf (1/3), perlit(1/3) ve toprak (1/3) karışımı hazırlanarak viyollere doldurulmuş ve biber genotiplerinin ekimleri yapılarak, iklimlendirme kabinlerinde 24 °C sıcaklıkta çimlendirilmiştir. Kabin içinde gerekli bakımlar yapılarak fideler elde edilmiştir. Fideler gerçek yapraklarını çıkardıktan sonra serada torf (1/3), perlit(1/3) ve toprak (1/3) karışımı doldurulan plastik tüplere şaşırtılmış ve gerekli bakım işlemleri yapılmıştır (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. Biber genotiplerinin serada farklı açılardan görünüşleri

3.2. Metot

3.2.1.1. Yaprak ve meyve örneklerinin alınması

Biber bitkilerinin her birine ait taze yaprak örnekleri kuru buz ile muhafaza edilerek laboratuvara getirilmiş ve sonrasında hemen DNA izolasyonu yapılmıştır. Meyve örnekleri ise toplandıktan sonra DNA izolasyonu yapılanaya kadar +4 derecede bekletilmiştir.

3.2.1.2. DNA izolasyonu

Çalışmada yaprak ve meyve için DNA izolasyon protokolü Bardak (2007)' a göre aşağıda belirtildiği gibi yapılmıştır.

3.2.1.3. Biber yaprağından DNA izolasyonu

1. Bitkiden alınan 3-4 adet genç yaprak sıvı azot ile porselen havanda iyice ezilmiş ve ezilen yaprak parçaları 2 ml'lik ependorf tüplere konulmuştur.

2. Tüplerin üzerine 0.5 ml izolasyon solüsyonu {0.1 M Tris-HCl (pH:8), 1 M NaCl, 0.02 M EDTA(pH:8), % 2 w/v CTAB, % 2 Polyvinyl-pyrrolidone-40, 1 mM 1,10-Phenanthroline monohydrate, % 0.2 P-mercaptoethanol} eklenmiştir.
3. Tüpler hafif şekilde çalkalanarak 65 °C sıcaklıktaki su banyosunda 1 saat bekletilmiştir.
4. Su banyosundan alınıp üzerine 0.5 ml chloroform:isoamyl alkol (24:1) eklenerek 12000 (rpm) devirde, +4 °C'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
5. Santrifüj sonunda tüpün üst bölümünde kalan sıvı kısım yaprak parçalarıyla karışmamasına dikkat edilerek yeni tüplere aktarılmıştır.
6. Yeni tüplerin üzerine 0.5 ml isopropanol eklendikten sonra 1 saat, -20 °C'de bekletilerek 12000 devirde, +4 °C'de 10 dakika santrifüj yapılarak DNA'ların tüplerin dibine çökmesi sağlanarak sıvı kısım uzaklaştırılmıştır.
7. 0.5 ml % 70 etanol eklenerek 13000 devir de, +4 °C'de 2 dakika santrifüj edildikten sonra sıvı kısım uzaklaştırılmış, daha sonra 0.5 ml % 96 'lık etanol eklenerek 13000 devirde, +4 °C'de 2 dakika santrifüj yapılarak DNA'lar temizlenmiş ve kurumaya bırakılmıştır.
8. Kuruyan DNA'lara, 300 µl Tris-EDTA solüsyonu {10 mM Tris (pH:8), 1 mM EDTA (pH:8), 1 M NaCl} eklenerek DNA izolasyonu tamamlanmıştır.

3.2.1.4. Yapraktan izole edilen DNA konsatrasyonunun ölçümü

Jelde görüntüleri ve Nanodrop spektrofotometre ölçüm sonuçları neticesinde saflık dereceleri yeterli bulunmadığı için protokol modifiye edilerek biber meyvesinden izolasyon denenmiştir.

3.2.1.5. Biber meyvesinden DNA izolasyonu

Çalışmada, meyve için DNA izolasyon protokolü Bardak (2007)' a göre modifiye edilerek aşağıda belirtildiği gibi yapılmıştır.

1. Bitkiden alınan 300-350 mg sapı çıkartılmış genç biber meyvesi sıvı azot ile porselen havanda iyice ezilmiş ve ezilen meyve parçaları 14 ml'lik falkon tüplere konulmuştur.
2. Tüplerin üzerine 5 ml izolasyon solüsyonu {0.1 M Tris-HCl (pH:8), 1 M NaCl, 0.02 M EDTA(pH:8), % 2 w/v CTAB, % 2 Polyvinyl-pyrrolidone-40, 1 mM 1,10-Phenanthroline monohydrate, % 0.2 P-mercaptoethanol} eklenmiştir.

3. Tüpler hafif şekilde çalkalanarak 65 °C sıcaklıktaki su banyosunda 1 saat bekletilmiştir.
4. Su banyosundan alınıp üzerine 5 ml chloroform:isoamyl alkol (24:1) eklenerek 6000 (rpm) devirde, +4 °C'de 20 dakika santrifüj edilmiştir.
5. Santrifüj sonunda tüpün üst bölümünde kalan sıvı kısım yaprak parçalarıyla karışmamasına dikkat edilerek 2 ml'lik yeni tüplere 1'er ml yaklaşık 3-4 tüpe bölünerek aktarılmıştır.
6. Yeni tüplerin üzerine 1 ml isopropanol eklendikten (Şekil 3.2) sonra 1 saat, -20 °C'de bekletilerek, 12000 devirde, +4 °C'de 4 dakika santrifüj yapılmış ve DNA'ların tüplerin dibine çökmesi sağlanarak sıvı kısım uzaklaştırılmıştır.
7. 0.5 ml % 70 etanol eklenerek 13000 devir de, +4 °C'de 2 dakika santrifüj edildikten sonra sıvı kısım uzaklaştırılmış, daha sonra 0.5 ml % 96 'lık etanol eklenerek 13000 devirde, +4 °C'de 2 dakika santrifüj yapılarak DNA'lar temizlenmiş ve kurumaya bırakılmıştır.
8. Kuruyan DNA'lara, 300 µl Tris-EDTA solüsyonu {10 mM Tris (pH:8), 1 mM EDTA (pH:8), 1 M NaCl} eklenerek DNA izolasyonu tamamlanmıştır.

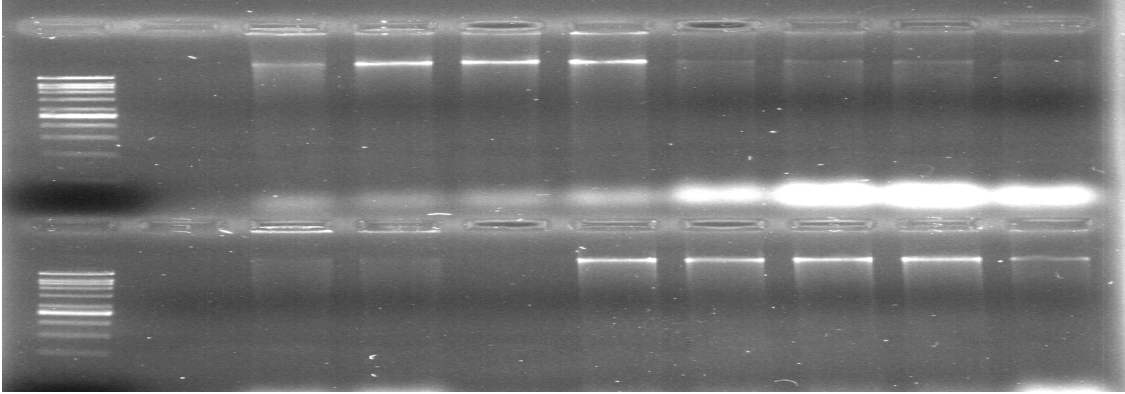


Şekil 3.2. İzolasyon aşamasında tüplere isopropanol eklendikten sonra DNA pelletinin görünümü

3.2.1.6. DNA konsantrasyonunun ölçümü

İzole edilen DNA'lar %1'lik agaroz jel ile görüntülenmiştir (Şekil 3.3). Daha sonra Nanodrop spektrofotometre (Thermo Nanadrop 2000 spektrofotometre) ile DNA konsantrasyonları ve izolasyon saflıkları belirlenmiştir. Sonraki markör çalışmaları için DNA konsantrasyonları 25 ng/µl olacak şekilde seyreltilmiştir. Agaroz jel elektroforezi ve

nanodrop ölçümleri sonrası daha iyi sonuç alınan biber meyve DNA'larıyla çalışmak için seyreltilen DNA'lar kullanılarına kadar +4°C'de muhafaza edilmiştir.



Şekil 3.3. İzole edilen DNA'ların % 1'lik agaroz jelde görünümü

3.2.1.7. SRAP analizleri

Çalışmada 24 adet SRAP marker çifti kullanılarak tüm genotiplerde tarama yapılmıştır. Çalışılan SRAP primer kombinasyonları Keleş (2006) ve Göçmen (2006)'dan yararlanılarak ve rastgele seçilerek oluşturulmuştur. PCR reaksiyonu için 0.2 ml hacminde 96'lık PCR tüplerine; 1 µl dNTP (5mM) (Vivantis), 2 µl 10x PCR solüsyonu, 2.5µl MgCl₂ (25mM), SRAP markör (1 µl (10 pmol) F ve 1 µl (10 pmol) R), 2 µl genomik DNA (25 ng), 11 µl dH₂O, ve 0.5 µl DNA Taq polimeraz (vivantis) olacak şekilde toplam 20 µl solüsyon hazırlanmış ve Şekil 3.4'deki gibi PCR programlanarak çalıştırılmıştır.

PCR Programı: 94 °C'de 5 dk.
35 °C'de 1 dk.
72 °C'de 1 dk.
94 °C'de 1 dk.
50 °C'de 30 sn. } 35 döngü
72 °C'de 1 dk.

72 °C'de 10 dk.
4 °C'de ∞

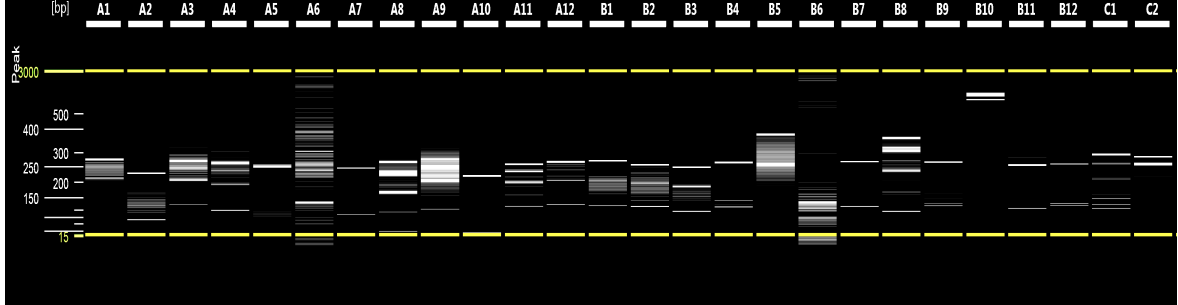
Şekil 3.4. SRAP markörlerinin PCR koşulları

Çizelge 3.2. PCR’da kullanılan SRAP primer kombinasyonları ve nükleotit dizilimleri

	Primer Kombinasyonu	Nükleotit Dizilimi
1	ME3/ EM7	5'- TGA GTC CAA ACC GGA AT-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAA -3'
2	ME9/ EM14	5'-TGA GTC CAA ACC GGA GG-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTT -3'
3	ME9/ EM2	5'-TGA GTC CAA ACC GGA GG-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT TGC -3'
4	ME9/ EM3	5'-TGA GTC CAA ACC GGA GG-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC -3'
5	ME3/ EM6	5'- TGA GTC CAA ACC GGA AT-3 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GCA -3'
6	ME9/ EM8	5'-TGA GTC CAA ACC GGA GG-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAC -3'
7	ME7/ EM3	5'- TGA GTC CAA ACC GGA CG-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC -3'
8	ME5/ EM8	5'-TGA GTC CAA ACC GGA AG-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAC-3'
9	ME11/ EM13	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTG -3'
10	ME11/ EM3	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC -3'
11	ME11/ EM15	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'
12	ME11/ EM1	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT AAT -3'
13	ME2/ EM13	5'-TGA GTC CAA ACC GGA GC-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT CTG -3'
14	ME11/ EM2	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT TGC -3'
15	ME8/ EM5	5'-TGA GTC CAA ACC GGA CT-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT AAC -3'
16	ME11/ EM10	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT CAT -3'
17	ME1/ EM3	5'-TGA GTC CAA ACC GGA TA-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAC-3'
18	ME1/ EM4	5'-TGA GTC CAA ACC GGA TA-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT TGA-3'
19	ME11/ EM8	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAC-3'
20	ME11/ EM12	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTC -3'
21	ME11/ EM16	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GTC-3'
22	ME11/ EM11	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTA -3'
23	ME11/ EM5	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT AAC -3'
24	ME11/ EM14	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT CTT -3'
25	ME11/EM7	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAA -3'
26	ME11/EM9	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAG -3'

3.2.1.8. PCR ürünlerinin elektroforez işlemi ve DNA bantlarının elde edilmesi

PCR ürünleri QIAxcel fragment analiz cihazı kullanılarak DNA'lar boyutlarına göre ayrıştırılarak görüntüleri alınmıştır. DNA elektroforezinde QIAxcel DNA High Resolution Kit (1200) kullanılarak görüntüleri ve DNA verileri alınmıştır (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. Me11Em3 Primer kombinasyonu sonucu elde edilmiş jel görüntüsü

3.2.1.9. DNA bantlarının skorlanması

26 adet biber genotipinin QIAxcel fragment analiz cihazında yapılan analiz sonucuna göre okuma aralığı 100 baz çifti ile 1400 baz çifti arasında seçilmiştir. Skorlama işlemi yapılırken, yaklaşık 1 baz eksik veya fazla baz içeren bantlar benzer kabul edilerek benzer baz çifti içeriğine sahip olan bantlara ‘‘1’’, olmayanlara ‘‘0’’ verilerek kodlama yapılmıştır.

3.2.1.10. Veri analizi

Çalışma sonucu elde edilen genetik veriler sayesinde çalışılan popülasyon içerisindeki genetik benzerlikler ve popülasyona ait allel verileri hakkında bilgi edinilmiştir. Elde edilen veriler, POPGENE32 versiyon 1.32 (Population Genetic Analysis) ve MEGA 7 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) programları kullanılarak analiz edilmiş ve genetik mesafe (Genetic Distance), Nei (1972) kümeleme (cluster) analizleri ‘‘Unweighted Pair Group of Arithmetic Means’’ (UPGMA) analizi MEGA 7 paket programı kullanılarak yapılmıştır. Ayrıca çalışmada kullanılan primerlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC, Polymorphism Information Content) Laborda ve ark. (2005)’na göre aşağıdaki formülden faydalanılarak MS excell yazılımı ile hesaplanmıştır. Buna göre, öncelikle polimorfik bantlarda toplam var (1) ve yok (0) olan bantların sayıları hesaplanıp daha sonra bu bantların ayrı ayrı frekansları hesaplanmıştır. Formüle göre f_i , i bandının frekansını temsil etmektedir.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n f_i^2$$

Kümeleme analizi STRUCTURE 3.4 paket programı kullanılarak yapılmıştır. İdeal grup sayısını belirlemek amacıyla, her bir K değeri için 15 bağımsız simülasyon ile K değerleri 1'den 15'e kadar çalıştırılmıştır. Ayrıca permütasyon modülü, 1000-10.000 aralığında seçilip, her bir K değeri için 5 tekrar yapılarak, grup sayısını belirlemede temel faktör olan uygun Delta K değeri hesaplanmıştır.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

4.1. Kullanılan Markörlerin Polimorfizm Bilgi İçerikleri (PIC) ve Allel Sayıları

Çalışmada yer alan 26 adet biber genotipi arasındaki genetik benzerlik, 26 SRAP markörleri ile taranmıştır. Çalışmada 8 SRAP kombinasyonunda DNA amplifikasyonu gerçekleşmezken, polimorfik bant veren toplam 18 adet SRAP primer çifti seçilerek (Çizelge 4.1) 26 biber genotipinde taranmış ve toplam 90 adet polimorfik (allel farklılıkları) bant olduğu gözlenmiştir. Ortalama allel sayısı 5 olup, en fazla allel üreten primer kombinasyonları Em13/Me11, Em13/Me2, Em2/Me11, Em1Me11 olurken en az allel üreten primer kombinasyonları; Em5/Me11, Em6/Me11, Em11/Me11 olmuştur. Keleş 2006' da 96 biber genotipi arasında yapmış oldukları çalışmada en yüksek polimorfik bant 16 polimorfik bant ile Me3/Em6 primer kombinasyonunda gözlemlenmiştir. Bizim çalışmamızda Me3/Em6 primer kombinasyonunda 4 polimorfik bant gözlenmiştir. Bu iki çalışmada aynı primerden farklı sayıda polimorfik bant gözlenmesinin; bu çalışmada kullanılan biber genotiplerinin birbirine daha yakın akraba olması, çalışmamızda daha az genotiple çalışılmış olması, PCR şartlarının birbirinden farklı olması gibi birçok muhtemel sebebi olabilir. Yine Keleş 2006' da en düşük polimorfizm gösteren primer kombinasyonunu 4 polimorfik bant ile Me5/Em8 primer çiftinde gözlemlemiştir. Bizim çalışmamızda da Me5/Em8 primer kombinasyonu 3 polimorfik bant ile en az allel gözlenen primer çiftleri arasındadır ve bu sonuç Keleş, (2006) ile örtüşmektedir.

Çalışmamızda ortalama Polimorfizm bilgi içeriği değeri (PIC) 0.77 olarak hesaplanmıştır. En yüksek PIC değeri 0,99 olarak hesaplanırken en düşük PIC değeri 0.09 olarak hesaplanmıştır. Benzer şekilde Toledo-Aguilar ve ark. (2016), 44 biber materyali arasında yaptıkları çalışmada PIC değerlerinin 0.07-1 aralığında hesaplamışlardır. Hanáček ve ark (2009), 41 adet *Capsicum annuum* L. hattı arasında 8 SSR markörü kullanarak yaptıkları çalışmada ortalama PIC değerini 0,32 olarak gözlemişlerdir. Ayrıca Minamiyama ve ark. (2006), dihaploit biber (*C. annuum*) hatları arasında yaptıkları çalışmada PIC değerini 0,46 olarak bulmuşlardır.

Çizelge 4.1. Genotiplerin taranmasında Kullanılan SRAP primerlerinin nükleotit dizilimleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri

Primerler	Primer Dizilimi	Allel Sayısı	PIC Değeri
EM1/ME11	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT AAT-3'	7	0.97
EM15/ME11	5'-TGA GTC CAA ACC GGG TA-3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	5	0.96
EM7/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAA -3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	5	0.64
EM9/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAG -3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	4	0.09
EM13/ME2	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTG -3' 5'-TGA GTC CAA ACC GGA GC-3'	9	0.99
EM2/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT TGC -3' 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	9	0.99
EM12/ME11	5'-GAC TGC GTA CGA ATT CTC-3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	4	0.67
EM11/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTA -3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	2	0.78
EM6/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT GCA -3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	2	0.33
EM5/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT AAC -3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	2	0.63
EM13/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTG -3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	10	0.99
EM3/ME11	5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC -3' 5'-GAC TGC GTA CGA ATT GAT -3'	3	0.56
EM6/ME3	5'- GAC TGC GTA CGA ATT GCA -3' 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AT-3'	4	0.98
EM7/ME3	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAA -3' 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AT-3'	5	0.95
EM3/ME7	5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC -3' 5'- TGA GTC CAA ACC GGA CG-3'	6	0.98
EM8/ME5	5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAC -3' 5'-TGA GTC CAA ACC GGA AG-3'	3	0.52
EM2/ME9	5'- GAC TGC GTA CGA ATT TGC -3' 5'-TGA GTC CAA ACC GGA GG-3'	5	0.99
EM3/ME9	5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC -3' 5'-TGA GTC CAA ACC GGA GG-3'	5	0.98

*Microsatellite primers producing multiple loci are indicated by "L".

4.2. Genotipler Arasındaki Genetik Benzerliklerin Değerlendirilmesi

Genetik benzerlik, Nei 1972'ye göre hesaplanarak genotipler arasındaki benzerlik katsayısı yüzde (%) olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.2). Çizelgeye bakıldığında incelenen tüm genotipler arasında en fazla genetik benzerlik % 72 ile KK6-3 ve PK2 genotipleri arasında, en az genetik benzerlik ise % 24 ile K3 ve KK6-2 genotipleri arasında gözlenmiştir. Biber genotipleri arasındaki ortalama genetik benzerlik değeri % 47.9 olarak

bulunmuştur. Bahurupe ve ark. (2015)'de 23 adet *Capsicum annuum* L. ile RAPD markörleri kullanarak yaptıkları çalışmada ortalama benzerliği 0.73 bulmuş olup, benzerlik katsayıları 0.42 ile 0.97 arasında değişkenlik göstermektedir.

Krishnamurthy ve ark. 2015'de 56 adet *C.annuum* biber çeşidini 8 AFLP primeriyle tarayarak genotipler arasındaki genetik benzerliği Tayvan kökenliler arasında % 19-% 85 aralığında, Hindistan kökenli biberler arasında ise % 24-% 90 aralığında bulmuşlardır. Bu çalışmada elde edilen genetik benzerlik oranının çalışmamızla yakın olduğu görülmektedir. Çalışmamızda genetik benzerlik aralığının biraz daha dar olmasının sebebi, kullanılan genotiplerin birbirinden farklı olmasından, kullanılan materyal sayısının daha az olmasından veya kullanılan primer çeşitlerinin birbirinden farklı olmasından kaynaklanıyor olabilir.

4.3. Maraş Biberi Popülasyonundan Seçilmiş S₅ Seleksiyon Hattına Ait Biberler Arasındaki Genetik Benzerlik

Çalışmada kullanılan K3, K5, K7, K8 ve K9 Kahramanmaraş Popülasyonundan seleksiyon yoluyla geliştirilen S₅ seleksiyon hattına ait bitkilerdir. Bu popülasyon içerisinde en fazla genetik benzerlik % 56 değeri ile K5 ve K9 genotipleri arasında gözlenirken en az genetik benzerlik ise %32 ile K5 ve K3 genotipleri arasında gözlenmiştir.

4.4. GM₂F₃ Biber Bitkileri Arasındaki Genetik Benzerlik

Çalışmada kullanılan GM₂F₃ bitkileri arasındaki ortalama genetik benzerlik % 48 olup, en yüksek genetik benzerlik % 64 oranı ile KK5-2 ve KK6-4 genotipleri arasında gözlenirken en düşük genetik benzerlik % 28 oranı ile KK3-1 ve KK6-1 genotipleri arasında gözlenmiştir. Ahmed (2013)'in yürüttüğü bir çalışmada 6 adet *C. annuum* ve *C. frutescens* melezleri arasındaki genetik benzerliği ISSR markörleri kullanarak gözlemlemiştir. Dice benzerlik katsayısı hesabına göre en düşük benzerlik katsayısı *C.annuum* ile *C. frutescens* melez çeşitleri arasında 0.709 olarak gözlenirken, en yüksek genetik benzerlik *C. frutescens* melez çeşitler arasında 0.883 olarak gözlenmiştir.

4.5. Diğer Biber Hatları Arasındaki Genetik Benzerlik

Çalışmada kullanılan arasında GM₂F₃ olan ve Maraş biberi popülasyonundan seçilmiş S₅ seleksiyon hattına ait olduğu bilinen biberler dışında kullanılan genotiplerin

yine *Capsicum annuum* türüne ait olduğu ancak hangi popülasyona ait olduğu bilinmemektedir. Bu grupta PA8, KB20, PK2, KB17, KB21, PM5, KB2, KB12, KB19 olmak üzere 9 genotip bulunmaktadır. Bu biber çeşitleri arasındaki ortalama genetik benzerlik değeri yaklaşık % 50 olarak hesaplanmıştır. Söz konusu genotipler arası genetik benzerlik ise en yüksek % 65 değeri ile KB12 ve PK2 genotipleri arasında gözlenirken en düşük genetik benzerlik KB2 ve PA8 genotipleri arasında % 39 olarak gözlenmiştir.

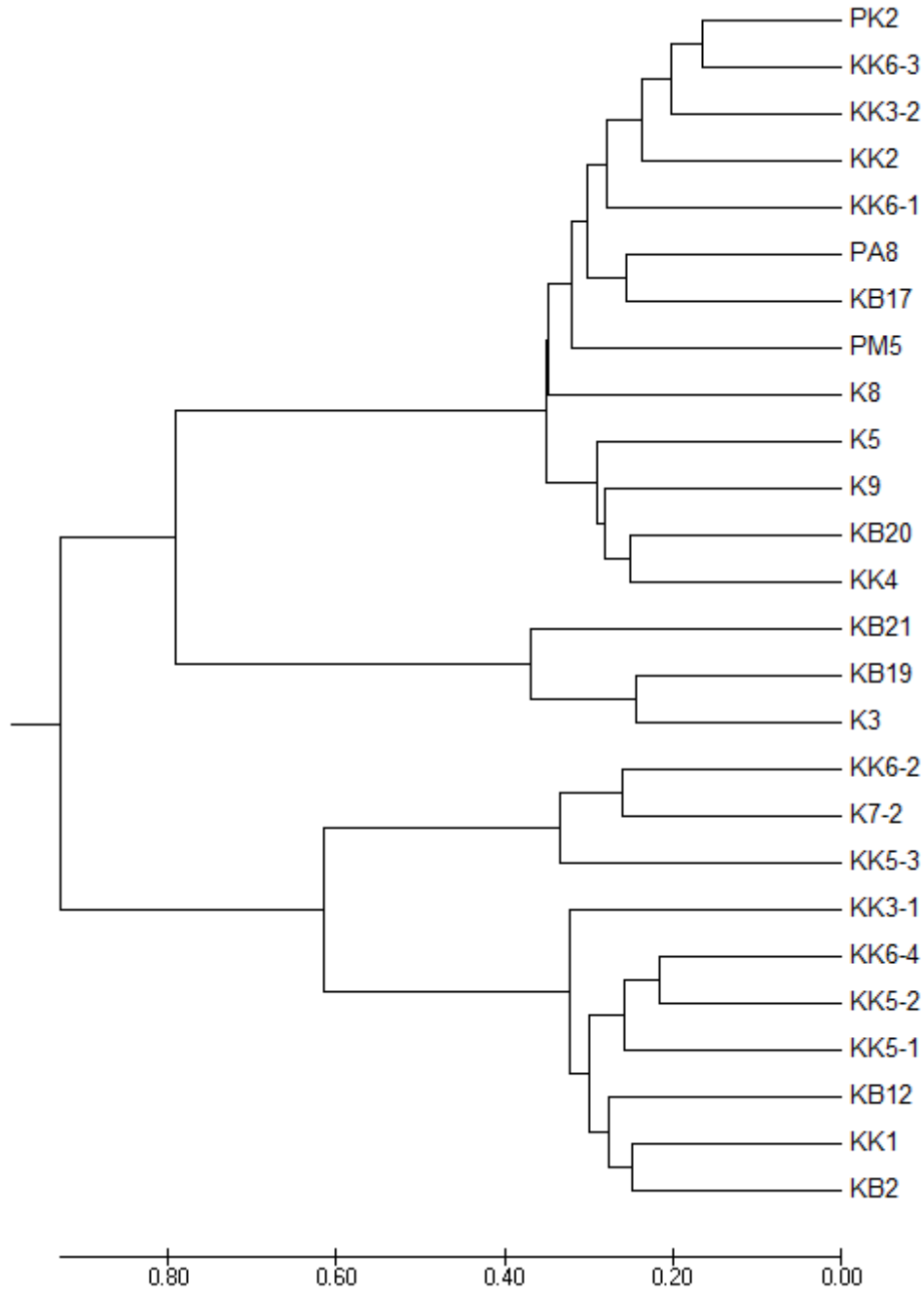
Bu sonuçlara göre genetik benzerlik değerlerinin daha düşük çıktığı genotipler arası yapılacak olası melezleme programları ile sonraki nesillerde genetik varyasyonu yüksek olacağından seleksiyon başarısı artacaktır.

Çizelge 4.2. Genotipler arasındaki genetik benzerlik (Nei,1972)

	PA8	KB20	KK6-4	KK5-1	PK2	KK1	KK6-3	KK6-2	KB17	KK6-1	KB21	KK4	KK2	K5	PM5	KK3-1	KK3-2	KB2	KB12	KK5-3	KK5-2	K7	KB19	K8	K9
PA8																									
KB20	0.58																								
KK6-4	0.51	0.36																							
KK5-1	0.48	0.46	0.62																						
PK2	0.58	0.53	0.39	0.48																					
KK1	0.46	0.46	0.60	0.56	0.49																				
KK6-3	0.61	0.54	0.44	0.56	0.72	0.58																			
KK6-2	0.41	0.40	0.39	0.36	0.44	0.48	0.46																		
KB17	0.60	0.51	0.54	0.58	0.57	0.55	0.54	0.45																	
KK6-1	0.60	0.56	0.42	0.47	0.55	0.32	0.65	0.37	0.49																
KB21	0.50	0.42	0.41	0.49	0.48	0.38	0.46	0.38	0.45	0.43															
KK4	0.46	0.61	0.51	0.52	0.38	0.48	0.44	0.39	0.49	0.41	0.46														
KK2	0.58	0.44	0.49	0.62	0.65	0.46	0.63	0.41	0.47	0.52	0.53	0.46													
K5	0.47	0.59	0.38	0.43	0.56	0.35	0.51	0.45	0.52	0.56	0.43	0.53	0.54												
PM5	0.51	0.55	0.38	0.41	0.58	0.46	0.54	0.49	0.56	0.54	0.49	0.46	0.43	0.55											
KK3-1	0.46	0.49	0.43	0.55	0.59	0.55	0.50	0.43	0.47	0.29	0.51	0.49	0.48	0.46	0.45										
KK3-2	0.54	0.51	0.41	0.44	0.69	0.44	0.65	0.46	0.52	0.58	0.42	0.44	0.59	0.52	0.54	0.46									
KB2	0.40	0.41	0.51	0.50	0.43	0.61	0.46	0.53	0.49	0.30	0.49	0.49	0.49	0.42	0.43	0.53	0.41								
KB12	0.49	0.45	0.51	0.48	0.66	0.58	0.55	0.53	0.46	0.36	0.40	0.47	0.56	0.51	0.47	0.55	0.53	0.58							
KK5-3	0.38	0.45	0.39	0.42	0.41	0.47	0.48	0.55	0.43	0.44	0.35	0.52	0.40	0.55	0.48	0.48	0.39	0.48	0.57						
KK5-2	0.50	0.39	0.65	0.58	0.49	0.58	0.43	0.41	0.57	0.33	0.41	0.49	0.56	0.42	0.43	0.55	0.41	0.61	0.64	0.47					
K7	0.45	0.39	0.37	0.51	0.49	0.43	0.49	0.59	0.45	0.55	0.45	0.34	0.43	0.38	0.54	0.38	0.44	0.54	0.48	0.47	0.53				
KB19	0.56	0.40	0.39	0.59	0.59	0.41	0.51	0.39	0.51	0.48	0.50	0.41	0.56	0.40	0.53	0.52	0.49	0.40	0.46	0.37	0.47	0.58			
K8	0.49	0.49	0.52	0.53	0.52	0.48	0.50	0.32	0.54	0.44	0.39	0.47	0.54	0.49	0.41	0.49	0.56	0.48	0.45	0.36	0.55	0.37	0.43		
K9	0.47	0.58	0.50	0.48	0.49	0.40	0.49	0.40	0.45	0.44	0.52	0.56	0.52	0.57	0.49	0.45	0.64	0.43	0.40	0.38	0.46	0.38	0.50	0.49	
K3	0.40	0.31	0.33	0.57	0.47	0.34	0.43	0.24	0.44	0.42	0.46	0.39	0.50	0.32	0.38	0.48	0.43	0.40	0.43	0.37	0.45	0.54	0.61	0.48	0.34

4.6. Genotiplere Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç

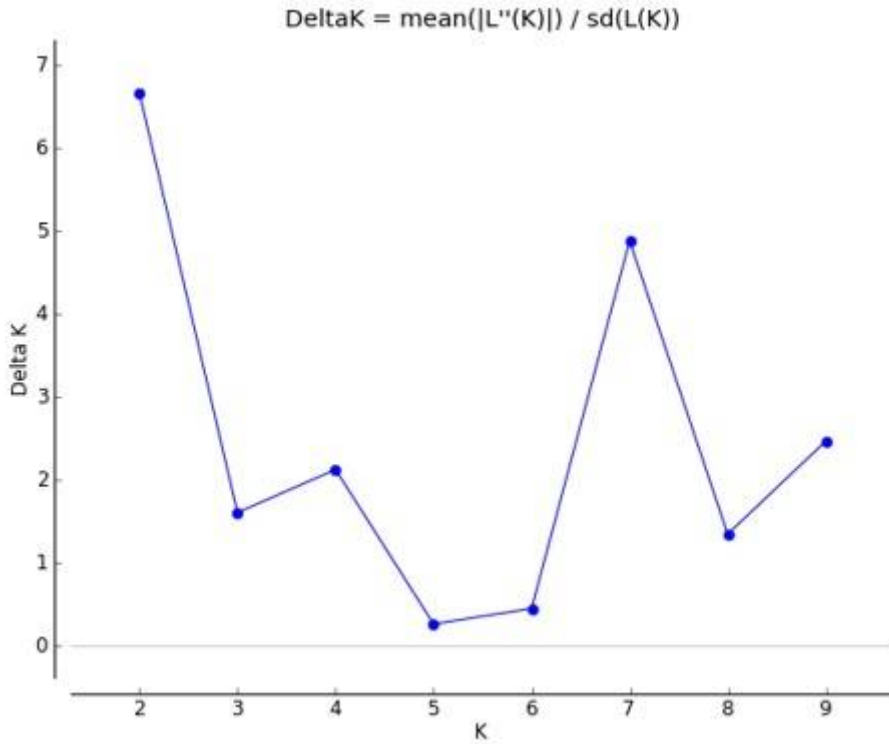
26 adet biber genotipleri 18 adet SRAP markörleri ile tarandıktan sonra elde edilen veriler UPGMA (Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages) yöntemi kullanılarak Nei'nin genetik mesafe matrisine göre filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 4.1). Yapılan analiz sonucunda oluşturulan filogenetik ağaç ilk olarak iki ana gruba ve daha sonra dört alt gruba ayrılmaktadır. Filogenetik ağaca bakıldığında genel olarak genotiplerin ikişerli alt gruplara ayrıldığı görülmektedir. Kahramanmaraş yöresinden seleksiyon yöntemiyle geliştirilmiş S₅ seleksiyon hattına ait K3, K5, K8 ve K9 genotiplerinin birinci grupta yer aldığı ancak K7'nin ikinci grupta yer aldığı görülmektedir. Moses ve ark. (2013), Dünyanın farklı bölgelerinden köken alan *C. chinense*, *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. frutescens*, *C. pubescens* türlerine ait çeşitler arasında SSR markörleri kullanarak yaptıkları çalışma neticesinde elde ettikleri filogenetik ağaçta, genotiplerini P, Q, R ismini verdikleri 3 ana kümeye ayırmışlardır. GM₂F₃ genotiplerinin ağacın her iki ana grubuna yakın sayıda dağıldığı görülmektedir. KK6 genotipinin açılımları olan KK6-1 ile KK6-3 genotipleri birinci grupta yer alırken KK6-2 ile KK6-4 genotiplerinin 2. grupta yer aldığı görülmektedir. Yine KK5 bitkisinin açılımı olan KK5-1, KK5-2 ve KK5-3 genotiplerinin tamamının ise 2. Grupta yer aldığı görülmektedir. Diğer *Capsicum annuum* genotiplerinin ise yine ağacın her iki grubuna da dağılım gösterdiği görülmektedir.



Şekil 4.1.Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç

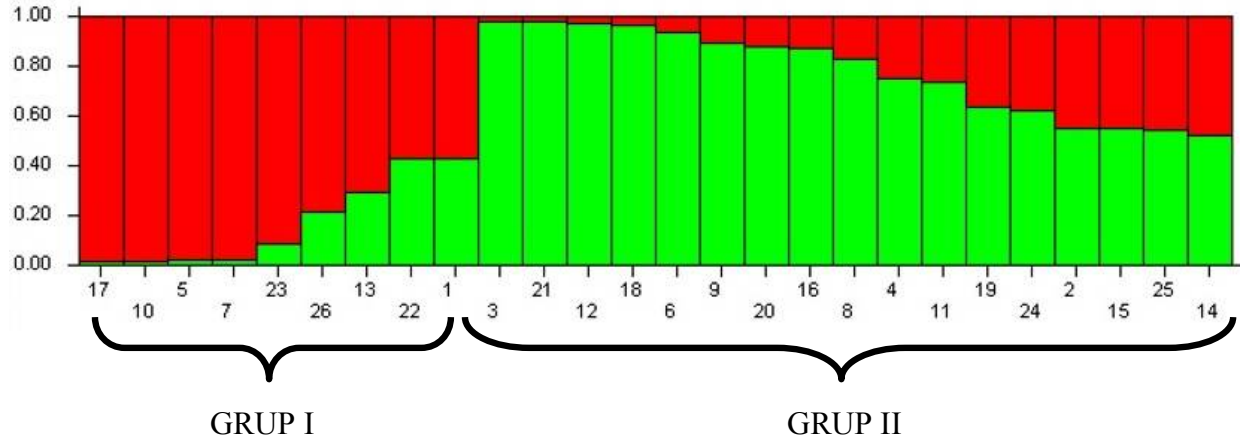
4.7. Popülasyonun Genetik Yapı Analizi

Çalışılan genotipler içerisinde optimum genetik grup sayısını belirlemek için Bayesian yöntemi model alan STRUCTURE 2.3.4 yazılımı kullanılarak, dominant genotipik verilere dayalı 26 adet biber genotipinin kümeleme analizi yapılmıştır (Pritchard ve ark. 2000). Delta K (ideal Grup Sayısı) değeri 2 olarak bulunmuştur.



Şekil 4.2. STRUCTURE programından elde edilen ideal K değeri hesaplama grafiği

İdeal K değeri 2 olarak hesaplanan analiz sonucunda Şekil 4.2' deki yapısal diyagram elde edilmiştir. Şekil incelendiğinde kırmızı ve yeşil renk ile gösterilen genetik olarak 2 grup elde edilmiştir. 1. grup içerisinde K değerine bakıldığında kümeler arasında önemli derecede karışım meydana geldiği gözlenmiştir.(Şekil 4.3). Şekil 4.3'ten anlaşılacağı üzere STRUCTURE analizi sonucu çalışılan genetik materyaller 2 ana gruba ayrılmıştır. Birinci grup 9 adet genotip içermektedir. Birinci grupta KK3-2, KK6-1, PK2, KK6-3, KB19, K3, KK2, K7-2, PA8 genotipleri yer alırken, ikinci grupta KK6-2, KK6-4, KK5-2, KK4, KB2, KK1, KB17, KK5-3, KK3-1, KK5-1, KB21, KB12, K8, KB20, PM5, K9 ve K5 genotipleri yer almıştır.



Şekil 4.3. Biber genotiplerinin STRUCTURE programı ile kümeleme analizi

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Ulusal gen kaynakları bir ülkenin hem bugününü hem geleceğini şekillendiren en değerli mirasıdır. Dolayısıyla ülkelerin gen kaynaklarına sahip çıkması, çeşitli koruma programlarına alması, olası genetik erozyonların önüne geçilmesi için çalışmalar başlatması ve bu çalışmaları büyük bir titizlikle yürütmesi gerekmektedir. Tarımda da durum farklı değildir. Ekolojik döngünün en önemli elemanı olan, sofralarımıza baş tacı ettiğimiz ve severek tükettiğimiz tarım ürünleri ilerde yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalabilecektir. Özellikle gündün güne gerçekleşen nüfus artışına paralel olarak, gıdaya olan talebin giderek arttığı dünyamızda, bir de yakın zamanda vuku bulacağı tahmin edilen iklim değişiklikleri ihtimali eklendiğinde genetik çeşitlilik kayıplarının yeniden kazanılması insanlık için artık zorunlu bir görev haline gelmiştir. Bunun için öncelikle germlasmlar tanımlanmalı ve doğru bir şekilde sınıflandırılıp koruma altına alınmalıdır. Tarih boyunca bir çok sınıflandırma tekniği uygulanmıştır. Geleneksel olarak bitki gen kaynaklarının sınıflandırılması ise morfolojik ve agronomik özelliklere göre yapılmıştır. Ancak gen teknolojilerindeki son gelişmeler, ıslah çalışmalarını moleküler markörlerle desteklendirilmiş radikal bir değişime uğratmıştır. Bilindiği gibi bitki ıslahında en önemli parametrelerden birisi uygun ebeveyn seçimini doğru yapmaktır. Bu çalışmada kullanılan 26 adet biber genotipinde 18 adet SRAP markörü, 90 adet polimorfik bant üretmiştir. Genotipler arasındaki polimorfizm bilgi içerikleri 0,09 ile 0,99 arasında değişmiştir. Genotipler arasındaki genetik benzerlik değerleri ise %72 ve %24 arasında değişmektedir. Genetik çeşitlilik ve popülasyon yapılarının belirlenmesi için POPGENE 3.2.1, MEGA7 VE STRUCTURE programları kullanılmıştır. STRUCTURE sonuçlarına göre popülasyon 2 temel alt gruba ayrılmıştır. Yine Nei'nin genetik uzaklık katsayısı kullanılarak oluşturulmuş filogenetik ağaçta genotipler ilk başta iki alt gruba ayrılmış daha sonra da dört alt gruba ayrılmıştır. STRUCTURE analizi sonuçlarına göre genotiplerin dağılımı ile oluşturulan filogenetik ağaçta genotiplerin dağılımı birbirini destekler niteliktedir. SRAP markörleri; polimorfik markörler olması, ucuz ve tekrarlanabilirliğinin yüksek olması gibi sebeplerden ötürü genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde kullanılabilir. Bu çalışma sonucu elde edilen veriler, gelecekte biberde markör destekli seleksiyonda kullanılacak hatların seçilmesinde faydalı olacaktır. Aynı zamanda SRAP markörlerinin tanıdığı diziler açısından genetik benzerliği ortaya konulmuş olan olan bu ebeveynler kullanılarak yeni hibrit çeşitler oluşturulabilir. Ayrıca bu çalışma SSR gibi daha spesifik dizileri hedef alan bir teknikle desteklendirilebilir. İlave olarak bu çalışma, morfolojik ve biyokimyasal

markörlerle desteklendirilerek daha geniş bir araştırma için kullanılabilir. Bu tür çalışmaların ulusal gen kaynaklarımızın korunması ve muhafazası ve gelecek nesillere aktarılması açısından günümüzde ve gelecekte önemi giderek artacaktır. Bu çalışma gelecekte yapılması planlanan ıslah çalışmalarına ve markör destekli seleksiyon uygulamalarına bir ön çalışma niteliğinde kullanılabilir.

KAYNAKLAR

- Aguilar, R.T., Sánchez, H.L., Varela, A.S., Moctezuma, E.V., López, P.A., Rincón, V.H.A., Hernández, V.A.G., Huerta, H.V. 2016. Characterization of Genetic Diversity of Native ‘Ancho’ Chili Populations of Mexico Using Microsatellite Markers. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 76 (1) : 18-26.
- Ahmed, S.M. 2013. Inter-simple Sequence Repeat (ISSR) Markers in the Evaluation of Genetic Polymorphism of Egyptian *Capsicum L.* Hybrids. *African Journal of Biotechnology*, 12 (7) : 665-669.
- Ahn, Y.K., Tripathi, S., Cho, Y.I., Kim, J.H., Lee, H.E., Kim, D.S., Woo, J.G. 2014. Molecular marker information from de novo assembled transcriptomes of chilli pepper (*Capsicum annuum L.*) varieties based on next-generation sequencing technology. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 12(1) : 83-86
- Akbay, C., Boz, İ., Tiryaki, G.Y., Candemir, S., Arpacı, B.B. 2012. Kahramanmaraş ve Gaziantep İllerinde Kırmızıbiberin Üretim Yapısı ve Kurutma Yöntemleri. *KSÜ Doğa Bilimleri Dergisi*, 15 (2) : 1-10
- Aksu, M., Çevik-Şahin, M. 2015. Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları. *Meyve Bilimi*, Vol. 2 (1) : 49-59.
- An, C.S., Kim, S.C., Go, S.L., 1996. Analysis of red pepper (*Capsicum annuum*) genome. *J. Plant Biol*, 39 : 57-62.
- Anonim 2016c, <http://rapory.tuik.gov.tr/08-08-2016-09:38:44-8493178911421813807783823082.html?> Erişim tarihi: 08.08.2016
- Anonim 2016d <http://rapory.tuik.gov.tr/08-08-2016-15:17:54-19561573952042814178768242978.html?> Erişim tarihi:08.08.2016
- Anonim, 2012a. http://www.zmo.org.tr/resimler/ekler/b5a3b0088c4bc9e_ek.pdf Erişim tarihi: 22.11.2016
- Anonim, 2012b http://www.zmo.org.tr/resimler/ekler/b5a3b0088c4bc9e_ek.pdf Erişim tarihi: 23.03.2016
- Anonim, 2013. http://www.zmo.org.tr/resimler/ekler/b5a3b0088c4bc9e_ek.pdf Erişim tarihi:22.11.2016
- Anonim, 2015a, <http://rapory.tuik.gov.tr/23-11-2016-10:07:45-21267083037901207125183708.html?> Erişim tarihi: 23.11.2016.
- Anonim, 2015b, <http://rapory.tuik.gov.tr/10-01-2017-11:42:19-6794658827121612651882606862.html?> Erişim tarihi: 10.01.2017
- Anonim, 2016a. http://www.tarim.gov.tr/GKGM/Belgeler/Bitki%20Sa%C4%9Fl%C4%B1%C4%9F%C4%B1%20Hizmetleri/hastalik_zararlilari_ile_m%C3%BCcadele_dokumanlari/biber.pdf

- Anonim, 2016b. <https://tr.wikipedia.org/wiki/Biber#.C3.87e.C5.9Fitleri>. Erişim tarihi: 22.11.2016
- Ansari, A.M. 2015. Molecular markers in vegetable improvement. *Horticultural Biotechnology Research*, Vol.1 (1) : 5-10.
- Ashrafi, H., Hill, T., Stoffel, K., Kozik, A., Yao, J.Q., Chin-Wo, S.R., Deynze, A.V. 2012. Denovo Assembly of the Pepper Transcriptome (*Capsicum annuum*): A Benchmark for in Silico Discovery of SNPs, SSRs and Candidate Genes. *BMC Genomics*, 13:571.
- Bahurupe, J.V., Sakhare, S.B., Kulwal, P.L., Akhare, A.A., Pawar, B.D. 2013. Genetic Diversity Analysis in Chilli (*Capsicum annuum L.*) Using RAPD Markers. *The Bioscan*, 8 (3) : 915-918.
- Balkaya, A., Uzun, S. 2009. Türkiye sebze genetik kaynaklarının organik bitki ıslahı ile organik çeşit geliştirilmesinde kullanılabilirliklerinin değerlendirilmesi, Famagusta, North Cyprus, *International Conference on Organic Agriculture. in Scope of Environmental Problems*, 03-07 February 2010.
- Barchi, L., Bonnet, J., Boudet, C., Signoret, P., Nagy, I., Lanteri, S., Palloix, A., Lefebvre, V. 2007. A High-Resolution Intraspecific Linkage Map of Pepper (*Capsicum annuum L.*) and Selection of Reduced Recombinant Inbred Line Subsets for Fast Mapping. *Genome*, 50 : 51–60.
- Bardak, A., 2007. Diploid ve Tetraploid Pamuklarda SSR Markörleriyle Belirlenen Genetik Farklılık ve Lif Kalite Özellikleri İlişkisi, Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Kahramanmaraş, s. 46.
- Bliss, F. A., 1981. Utilization of vegetable germplasm. Proceedings of the Symposium. *Hortscience*, Vol. 16 (2) : 129–132.
- Bosland, P.W., Votava, E.J. 2000. Peppers: Vegetable and spice *Capsicums*. CABI Publishing, Oxon, UK and New York. s. 204.
- Bozokalfa, M.D., Eşiyok, D., 2010. Biber (*Capsicum annuum L.*) Aksesyonlarında Genetik Çeşitliliğin Agronomik Özellikler İle Belirlenmesi. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 47 (2): 123-134.
- Cai, X., Feng, Z., Zhang, X., Xu, W., Hou, B., Ding, X. 2011. Genetic Diversity and Population Structure of An Endangered Orchid (*Dendrobium loddigesii* Rolfe) From China Revealed By SRAP Markers. *Scientia Horticulturae*, 129 : 877–881.
- Carvalho, S.I.C., Ragassi, C.F., Oliveira, I.B., Amara, Z.P.S., Reifschneider, F.J.B., Faleiro, F.G., Buso, G.S.C. 2015. Transferability of Microsatellite Markers of *Capsicum annuum L.* to *C. frutescens L.* and *C. chinense Jacq.* *Genetics and Molecular Research*, 14 (3) : 7937-7946.
- Cheng, J., Zhao, Z., Li, B., Qin, C., Wu, Z., Saavedra, D.L.T., Luo, X., Cui, J., Bustamante, R.F.R., Li, S., Hu, K. 2016. A Comprehensive Characterization of

Simple Sequence Repeats in Pepper Genomes Provides Valuable Resources for Marker Development in *Capsicum*. *Scientific Reports*, 6 : 18919.

Deli, J., Pfander, H., Toth, G. 2002. Investigation of carotenoid composition of paprika paste. *Chromat Suppl*, 56 : 177-179

Dias G.B., Gomes V.M., Moraes, T.M.S., Zottich U.P., Rabelo, G.R., Carvalho, A.O., Moulin, M., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues R., Cunha, M. Da. 2013. Characterization of *Capsicum* species using anatomical and molecular data. *Genetics and Molecular Research*, 12 (4) : 6488-6501.

Du, X., Wang D., Gong, Z. 2010. Comparison of RSAP, SRAP and SSR Markers For Genetic Analysis in Hot Pepper. *Indian Journal of Horticulture*, 67 (4) : 505-512.

Duman, A.D., Zorlugenç, B., Evliya, B. 2002. Kahramanmaraş'ta Kırmızıbiberin Önemi ve Sorunları. *KSÜ Fen ve Mühendislik Dergisi*, 5 (1) : 111-117

Göçmen, M. 2006. Biberlerde Phytophthora Capsici'ye Karşı Dayanıklılıkta Genotip X İzolat İnteraksiyonu ve Farklı Dayanıklılık Kaynaklarının Karakterizasyonu. Doktora tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 159s.

Gülsüm, Y., Menşure, Ö. 2011. Farklı Süs Biberi (*Capsicum* Sp.) Tür ve Hatlarının Çukurova Koşullarına Adaptasyonu. *Yyü Tarım Bilimleri dergisi*, 21 (1) : 1-11.

Hanáček, P., Vyhnánek, T., Rohrer, M., Cieslarová, J., Stavěliková H. 2009. DNA Polymorphism in Genetic Resources of Red Pepper Using Microsatellite Markers. *Hort. Sci. (Prague)*, 36 (4) : 127–132.

Hill, T.A., Ashrafi, H., Chin-Wo, S.R., Yao, J., Stoffel, K., et al., Truco M.J., Kozik, A., Michelmore, R.W., Deynze, A.V. 2013. Characterization of *Capsicum annuum* Genetic Diversity and Population Structure Based on Parallepolymorphism Discovery with a 30K Unigene Pepper GeneChip. *Plos One*, 8 (2) : e56200.

Ibarra-Torres, P., Valadez-Moctezuma, E., Pérez-Grajales M., Rodríguez-Campos, J., Eugenia Jaramillo-Flores, M.E. 2015. Inter- and Intraspecific Differentiation of *Capsicum annuum* and *Capsicum pubescens* Using ISSR and SSR Markers. *Scientia Horticulturae*, 181 : 137–146

Ibitoye, D.O., Akin-Idowu, P.E. 2011. Marker-assisted-selection (MAS): A Fast Track to Increase Genetic Gain in Horticultural Crop Breeding. *African Journal of Biotechnology* Vol. 10 (55) : 11333-11339.

IBPGR, 1983. Genetic Resources of *Capsicum*, IBPGR Secretariat, Rome, 49.

Ilbi, H. 2002. RAPD Markers Assisted Varietal Identification and Genetic Purity Test in Pepper, *Capsicum annuum*. *Scientia Horticulturae*, 97 : 211–218.

Islam, M.A., Sinha, P., Sharma, S.S., Negi, M.S., Neog, B., Tripathi, S.B. 2016. Analysis of Genetic Diversity and Population Structure in Capsicum Landraces from North Eastern India Using TE-AFLP markers. *Plant Mol Biol Rep*, 34 : 869–875.

- Jones, N., Ougham H., Thomas H., Pasakinskiene I. 2009. Markers and Mapping Revisited: Finding Your Gene. *New Phytologist*, 183: 935-966.
- Kang, J.Y., Tabg, Ch., Wee, A., Chen, F.C. 1995. Effect of Capsaicin on Chilli on Ethanol Induced Gastric Mucosal in Jury in the Rat. *Gut*, 36 : 664-669.
- Kaplan, F.N., 2012. Biber (*Capsicum annuum L.*) Islah Materyallerinden Dihaploid Hatların Üretimi. Yüksek Lisans Tezi. Pamukkale Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Denizli. s 63.
- Kaymak, S. 2012. Elma Kara Lekesi Hastalığı Etmeni *Venturia inaequalis* [(Cooke) G.Winter 1875]'in Türkiye İzolatlarının Moleküler Karakterizasyonu ve Patojenisitelerinin Belirlenmesi. Doktora tezi. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Konya. 112s.
- Keleş, D. 2007. Farklı Biber Genotiplerinin Karakterizasyonu ve Düşük Sıcaklığa Tolerans. Doktora tezi. Çukurova üniversitesi, Fen bilimleri Enstitüsü. Adana. 212s.
- Kim, D.S., Kim, D.H., Yoo, J.H., Kim, B.D. 2006. Cleaved Amplified Polymorphic Sequence and Amplified Fragment Length Polymorphism Markers Linked to the Fertility Restorer Gene in Chili Pepper (*Capsicum annuum L.*). *Mol. Cells*, 21 : 35–140.
- Kong, Q., Zhang, G., Chen, W., Zhang, Z., Zou, X. 2012. Identification and Development of Polymorphic EST-SSR Markers by Sequence Alignment in Pepper, *Capsicum annuum (Solanaceae)*. *American Journal of Botany*, 99 : e59–e61.
- Kosuge, S., Furuta, M. 1970. Studies on the Pungent Principle of *Capsicum*. Part XIV: Chemical Constitution of the Pungent Principle. *Journal of Agricultural and Biological Chemistry*, 34 : 248-256.
- Krishnamurty, S.L., Prashanth, Y., Rao, A.M., Reddy, K.M., Ramachandra, R. 2015. Assesment of AFLP Marker Based Genetic Diversity in Chilli. *Indian Journal of Biotechnology*,. 14 : 49-54.
- Krug, H. 1986. Gemüseproduktion. Ein Lehr-und Nachschlagewerk für Studium und Praxis. Verlag Paul Parey. Berlin und Hamburg, 446 s.
- Kumar, L.S. 1999. DNA Markers in Plant Improvement: An Overview. *Biotechnology Advances*, 17: 143-182.
- Kumar, O.A., Rupavati, T., Tata, S.S. 2010. Seed Storage Protein Profiles in Cultivars of *Capsicum annuum L.* *Recent Res. Sci. Technol*, 2 (3) : 23-27.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33 : 1870-1874.
- Laborda, P.R., Oliveira, K.M., Garcia, A.A., Paterniani, M.E., de Souza, A.P. 2005. Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers *Theor Appl Genet* 111(7): 1288–1299

- Lee, C.J., Yoo, E., Shin, J., Lee, J., Hwang, H.S., Kim, B.D. 2005. Non-pungent *Capsicum* Contains a Deletion in the Capsaicinoid Synthetase Gene, which Allows Early Detection of Pungency with SCAR markers. *Mol. Cells*, 19 : 262–267.
- Lefebvre, V., Goffinet, B., Chauvet, J.C., Caromel, B., Signoret, P., Brand, R., Palloix, A. 2001. Evaluation of Genetic Distances Between Pepper Inbred Lines for Cultivar Protection Purposes: Comparison of AFLP, RAPD and Phenotypic Data. *Theor. Appl. Genet.*, 102: 741-50.
- Li, G., Quiros, C.F. 2001. Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP), A New Marker System Based on A Simple PCR Reaction : Its Application to Mapping and Gene Tagging in *Brassica*. *Theoretical and Applied Genetics*, 103 : 455-461.
- Li, M., Zhang, C., Qian, W., Meng J., 2007. Genetic Diversity of Brassica Species Revealed by Amplified Fragment Length Polymorphism and Simple Sequence Repeat Markers. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 48: 9–15.
- 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.
- Liu, B.H., 1998. Statistical Genomics: Linkage, Mapping, and QTL Analysis. CRC Press LLC, Boca Raton New York, 648s.
- Liu, S., Li, W., Wu, Y., Chen, C., Lei, J. 2013. De Novo transcriptome assembly in Chilli Pepper (*Capsicum frutescens*) to identify genes involved in the biosynthesis of capsaicinoids. *PLoS One*, Vol. 8(1), e48156.
- Mathew, D. 2006. Molecular Markers in Improvement of *Capsicum* spp. *Journal of Species And Aromatic Crops*, Vol. 15 (1) : 1-13.
- Minamiyama, Y., Tsuru, M., Hirai, M. 2006. An SSRbased Linkage Map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding*, 18 : 157–169.
- Minamiyama, Y., Tsuru, M., Kubo, T., Hirai, M. 2007. QTL Analysis for Resistance to *Phytophthora capsici* in Pepper Using a High Density SSR-based Map. *Breeding Sci*, 57 : 129–134.
- Moses, M., Umaharan, P., Dayanandan S. 2013. Microsatellite Based Analysis of The Genetic Structure and Diversity of *Capsicum chinense* in The Neotropics. *Genet Resour Crop Evol*, 61: 741.
- Nei, M. 1972. Genetic Distance between Populations. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- Özsensoy, Y., Kurar, E., Bulut, Z., Nizamlioglu, M. 2008. Mikrosatellit DNA Markörleri Kullanılarak Atlarda Ebeveyn Tayini: Bir Vaka Takdimi. *Vet. Bil. Derg.* 1 : 87-91.
- Peeraullee, N., Ranghoo-Sanmukhiya, V.M. 2013. Assessment of Genetic Diversity in Local Chilli (*Capsicum annuum*) Varieties in Mauritius. *International Journal of Agriculture and Biology*, 15: 891–896.

- Perucka, I., Materska, M. 2003. Antioxidant activity and content of capsaicinoids isolated from paprika fruits. *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*, Vol. 12/53, No: 2, s. 15-18.
- Pickersgill, B. 1971. Relationships Between Weedy and Cultivated Forms in Some Species of Chili Peppers (genus *Capsicum*). *Evolution*, 25 : 683-691.
- Prasad, B., Khan, R.G., Radha, T., Ravi, C., Venkataiah, P., Subhash, K., Reuben, T.C. 2013. DNA profiling of commercial chilli pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *African Journal of Biotechnology*, Vol. 12(30) s. 4730-4735.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. and Donnelly, P., 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetic.*, 155: 945-959.
- Refaat, M.H., Hoda, A.S. 2007. Elgarhy Relationship Between Hybrid Performance and Genetic Diversity Based on ISSR-PCR Markers in Pepper (*Capsicum annuum*. L.). *Annals of Agric. Sci., Moshtohor*, Vol. 45 (4) : 1565-1579.
- Ren, Y., Zhang, Y., Yin, J., Wang, D. 2008. Parent grouping of 31 elite inbred lines in hot pepper (*Capsicum annuum* L.). *Hereditas*, 30: 237-45.
- Riveiro-Leira, M., Silvar, C. 2016. Assessing genetic and phenotypic diversity in pepper (*Capsicum annuum* L.) landraces from North-West Spain. *Scientia Horticulturae*, 203 : 1-11.
- Rivera, A., Monteagudo, A.B., Igartua, E., Taboada, A., García-Ulloa, A., Pomar, F., Saleh, B.K., Kasili, R.W., Mamati, E.G., Yao, K.N., Villiers, S.M., Araia, W., Nyende, A.B. 2016. Genetic Diversity and Population Structure of Eritrean Pepper (*Capsicum* species) as Revealed by SSR Markers. *Molecular Plant Breeding*, 7 (09) : 1-16.
- Shirasawa, K., Ishii, K., Kim, C., Ban, T., Suzuki, M., Ito, T., Muranaka, T., Kobayashi, M., Nagata, N., Isobe, S., Tabata, S. 2013. Development of Capsicum EST-SSR markers for species identification and in silico mapping onto the tomato genome sequence. *Mol Breeding*, 31 : 101–110
- Sitthiwong, K., Matsui, T., Sukprakarn, S., Okuda, N., Kosugi, Y. 2005. Classification of Pepper (*Capsicum annuum* L.) Accessions by RAPD Analysis. *Biotechnology*, 4 (4) : 305–309.
- Sneath, P.H.A., Sokal, R.R. 1973. Numerical Taxonomy. Freeman San Francisco.
- Şener, E., Şahin, S. 2010. Kapsaisin: farmakokinetik, toksikolojik ve farmakolojik özellikleri. *Hacettepe Üniversitesi Eczacılık Fakültesi Dergisi*, Sayı 2, s.149-163.
- Şimşek, D. 2014. Moleküler İslah Yöntemleri Kullanılarak Tospovirus ve Tobamoviruslere Dayanıklı Çarlı Biber (*Capsicum Annuum* L.) Hat ve Çeşitlerinin Geliştirilmesi. *Selçuk Tarım Bilimleri Dergisi*, 1 (1) : 1-5.
- Tam, S.M., Mhiri, C., Vogelaar, A., Kerkveld, M., Pearce, S.R., Grandbastien, M.A. 2005. Comparative Analyses of Genetic Diversities within Tomato and Pepper

- Collections Detected by Retrotransposon- based SSAP, AFLP and SSR. *Theor. Appl. Genet.*, 110: 819-31.
- Tan, A., Taşkın, T., İnal, A. 2004. Bitki genetik kaynakları çalışmaları. *Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü İzmir. Tanıtım Broşürü* No: 3.
- Taşpınar, M.S., Tosun, M. 2002. İzoenzim Elektroforez Tekniğinin Bitki Islahında Kullanımı. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 33 (4) : 451-456.
- Tilahun, S., Paramaguru, P., Bapu, J.R.K. 2013. Genetic Diversity in Certain Genotypes of Chilli and Paprika as Revealed by RAPD and SSR Analysis. *Asian Journal of Agricultural Sciences*, 5 (2) : 25-31.
- Topak, H., Erbil, N., Dıġrak, M. 2008. Doġuakdeniz ve Güneydoġu Anadolu Bölgesi'nde yetiştirilen biberlerin (*Capsicum annuum* L.) Antimikrobiyal Aktivitesinin Araştırılması. *Fırat Üniversitesi Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*, 20 (2) : 257-264.
- Topuz, A., Feng, H., Kushad, M. 2009. The Effect of Drying Method and Storage on Colour Characteristics of Paprika. *Food Science and Technology*, 42 : 1667-1673.
- Truong, H.T.H., Kim, K.T., Kim, S., Chae, Y., Park, J.H., Oh, D.G., Cho, M.C. 2010. Comparative Mapping of Consensus SSR Markers in An Intraspecific Recombinant Inbred Line Population in *Capsicum*. *Hortic. Environ. Biotechnol.*, 51 : 193–206.
- Tsaballa, A., Ganopoulos, I., Timplalexi, A., Alikı, X., Bosmali, I., Irini, N.O., Athanasios, T., Madesis, P. 2015. Molecular Characterization of Greek Pepper (*Capsicum annuum* L.) Landraces with Neutral (ISSR) and Gene-Based (SCoT and EST-SSR) Molecular Markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 59 : 256-263.
- Verit A., Yeni E., Ünal D. 2001. Tarihten Günümüz Ürolojisine Kırmızı Acı Biber. *Türk Üroloji Dergisi*, 27 (4) : 399-402.
- Vural, H., Eşiyok, D., Duman, İ. 2000. Kültür Sebzeleri (Sebze Yetiştirme). Ege Üniversitesi Basımevi, Bornova-İzmir, 440 s.
- Wang, L.L., Ping, Z.L., Qin, G.Y., Xia, W.M., Ming, C.L., Lan, Y.J., Yan, W., Min, Y.F., Zhi, W.L. 2008. DNA Fingerprinting and Genetic Diversity Analysis of Late-Bolting Radish Cultivars with RAPD, ISSR and SRAP Markers. *Scientia Horticulturae*, 116: 240-247.
- Watson, J.D., Crick, F.H.C. 1953. A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature*, 171, 737-738.
- Xie, L., Wang, X., Peng, M., Meng, F., Zhou, Y., Chen, L., Liu, L., Gao, Y., Guo, Y. 2014. Isolation and Detection of Differential Genes in Hot Pepper (*Capsicum annuum* L.) After Space Flight Using AFLP Markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 57 : 27-32.
- Yun, T.K. 1999. Update from Asia: Asian Study on Cancer Chemoprevention. *Ann NY Acad Sci.*, 889 : 291-298.

- Zaki, N., Hakmaoui, A., Ouattmane, A., Hasib, A., Trujillo, J.P.F. 2013. Morphological characterization and quality evaluation of some cultivated paprika morphotypes (*Capsicum annuum* L.) from Tadla-Azilal region of Morocco. *Food Science and Quality Management*, Vol.17, s. 2224-6088
- Zhang L., Li H., Wang H., Li L., 2007. Genetic Diversification of The Chinese Wheat landrace Mazhamai as revealed by morphological characteristics, seed storage proteins, and microsatellite markers. *Canadian Journal of Plant Science*, 87: 763–771.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D. 1994. Genome Fingerprinting by Simple Sequence Repeat (SSR) Anchored Polymerase Chain Reaction Amplification. *Genomic*, 20 (2) : 176-183.

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı, soyadı : Sümeyye ADALI
Uyruğu : T.C.
Doğum tarihi ve yeri: 16.03.1992/Kahramanmaraş
Medeni hali : Evli
Telefon : 4445065-22223
Faks : -
e-posta : sumeyyeadali@yyu.edu.tr

Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet tarihi
Yüksek lisans	KSÜ /Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü	2017
Lisans	Atatürk Üniversitesi,Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü	2014
Lise	Özel Ali Kenger Lisesi	2009

İş Denevimi

Yıl	Yer	Görev
2016-Devam	Yüzüncü Yıl Üniversitesi	Araştırma Görevlisi

Yabancı Dil

İngilizce

Yayınlar

1. Gedik O., Bölek Y., Bardak A., Sever A. C., Tekerek H., Uçar R., İnce M., Alğaç Ş., Parlak D., **Adalı S.**, Çardaklı E., Çelik S., Kaya A. R., (2016). Karyological Investigation on *Gossypium hirsutum* (Stoneville 453) and *Gossypium barbadense* (Askabat 100). International Conference On Natural Science And Engineering.
2. **ADALI S.**, BARDAK A., Ak A. (2016). Marker Assisted Selection for the Identification of Genotypes to be Used in Pepper Breeding Program. 27th International Scientific-Expert Congress of Agriculture and Food Industry.

Hobiler

Yüzme, Masa tenisi, Sinema