

T.C.
BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



TÜRKİYE'NİN FARKLI BÖLGELERİNDEN TOPLANAN
DEFNE (*Laurus nobilis* L.) GENOTİPLERİNİN
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

DOKTORA TEZİ

ABDURRAHİM YILMAZ

BOLU, MART - 2020

T.C.
BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI



TÜRKİYE'NİN FARKLI BÖLGELERİNDEN TOPLANAN
DEFNE (*Laurus nobilis* L.) GENOTİPLERİNİN
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

DOKTORA TEZİ

ABDURRAHİM YILMAZ

BOLU, MART - 2020

KABUL VE ONAY SAYFASI

ABDURRAHİM YILMAZ tarafından hazırlanan “**TÜRKİYE’NİN FARKLI BÖLGELERİNDEN TOPLANAN DEFNE (*Laurus nobilis* L.) GENOTİPLERİNİN MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**” adlı tez çalışması Tarla Bitkileri Anabilim Dalı’nda 6.03.2020 tarihinde savunularak **Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü** Doktora Tezi olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

Danışman
Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

Üye
Prof. Dr. Nusret ZENCİRCİ
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

Üye
Prof. Dr. Khalid Mahmood KHAWAR
Ankara Üniversitesi

Üye
Prof. Dr. Tolga KARAKÖY
Sivas Bilim ve Teknoloji Üniversitesi

Üye
Doç. Dr. Faheem Shahzad BALOCH
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

İmza

.....


.....


.....


.....


.....


Prof. Dr. Ömer ÖZYURT

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

Bu tezi rahmetli babaannem Nasibe YILMAZ'a ithaf ediyorum.

ETİK BEYAN

Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

- Tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
- Tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
- Tez çalışmada yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi,
- Kullanılan verilerde herhangi bir değişiklik yapmadığımı,
- Bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu bildirir, aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi beyan ederim.

Abdurrahim YILMAZ



ÖZET

**TÜRKİYE’NİN FARKLI BÖLGELERİNDEN TOPLANAN
DEFNE (*Laurus nobilis* L.) GENOTİPLERİNİN
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU
DOKTORA TEZİ
ABDURRAHİM YILMAZ
BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI
(TEZ DANIŞMANI: PROF. DR. VAHDETTİN ÇİFTÇİ)**

BOLU, MART - 2020

Bu çalışma Türkiye’de defne bitkisinin yaygın olarak görüldüğü 26 ilden 94 adet defne genotipinin moleküler karakterizasyonunu yapmak amacıyla yürütülmüştür. Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Tarla Bitkileri Bölümü araştırma laboratuvarında yapılan bu çalışmada 16 adet ISSR ve 10 adet SCoT primeri kullanılmıştır. ISSR analizinde elde edilen toplam 373 banttı 348’i polimorfik bulunmuş ve polimorfizm oranı %94,04 olarak belirlenmiştir. ISSR analizi sonuçlarına göre Nei genetik mesafeleri 0,17 ile 0,70 değerleri arasında değişmiş ve ortalama değer 0,39 olarak bulunmuştur. 0,70 değeri ile genetik mesafesi en uzak genotipler 56. (Zonguldak/Ereğli/Gülüç) ve 10. (Antalya/Gazipaşa/ Demirtaş) genotipler olmuştur. 0,17 değeri ile genetik mesafesi en yakın olan genotipler ise 56. (Zonguldak/ Ereğli/ Gülüç) ve 42. (Sinop/ Türkeli/ Merkez) genotipler olarak tespit edilmiştir. SCoT analizinde ise elde edilen toplam 227 banttı 175’i polimorfik bulunmuş ve polimorfizm oranı %76,07 olarak belirlenmiştir. SCoT analizi sonuçlarına göre Nei genetik mesafeleri 0,12 ile 0,51 arasında değişmiş ve ortalama değer 0,26 olarak bulunmuştur. 0,51 değeri ile genetik mesafesi en uzak genotipler 44. (Kastamonu/ Abana/ Merkez) ve 14. (Antalya/Kumluca/Merkez) genotipler olmuştur. 0,12 değeri ile genetik mesafesi en yakın olan genotipler ise 62. (İstanbul/ Şile/ Merkez) ve 50. (Bartın/ Amasra/ Kaleşah) genotipler olarak tespit edilmiştir. 94 defne genotipinin UPGMA kümeleme analizinde ISSR ve SCoT sonuçları birbirleri ile uyumlu çıkmış olup genotipler 2 ana gruba ayrılmıştır. ISSR ve SCoT analizi sonucunda benzer bir polimorfizm dağılımı görülmüş ve her iki analiz sonucunun doğrusal ilişki boyutunu belirlemek için Nei genetik mesafeleri üzerine yapılan korelasyon analizinde korelasyon katsayısı (r) 0,88 olarak bulunmuştur. Elde edilen bulguların ile ileri ıslah tekniği çalışmalarına kaynak oluşturacağı ve ülke ekonomisi açısından genetik çeşitliliğin korunmasına ve genetik kaynakların yönetimine katkı sağlayacağı düşünülmektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Defne, Moleküler karakterizasyon, Genetik çeşitlilik, SCoT, ISSR

ABSTRACT

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF THE LAUREL (*Laurus nobilis* L.) GENOTYPES COLLECTED FROM DIFFERENT REGIONS OF TURKEY

PHD THESIS

ABDURRAHİM YILMAZ

BOLU ABANT İZZET BAYSAL UNIVERSITY GRADUATE SCHOOL OF
NATURAL AND APPLIED SCIENCES

DEPARTMENT OF FIELD CROPS

(SUPERVISOR: PROF. DR. VAHDETTİN ÇİFTÇİ)

BOLU, MARCH 2020

This study was carried out to make molecular characterization of 94 Laurel genotypes from 26 provinces where the Laurel plant is widely grown in Turkey. In this study, 16 ISSR and 10 SCoT primers were used in the research laboratory of Field Crops Department of Bolu Abant İzzet Baysal University in Bolu. Of 373 bands obtained in ISSR analysis, 348 were found to be polymorphic and the polymorphism rate was 94,04%. According to ISSR results, Nei genetic distances ranged between 0,17 and 0,70 and the mean value was found to be 0,39, The most distant genotypes were 56th (Zonguldak/Ereğli/Gölüç) and 10th (Antalya/ Gazipaşa/ Demirtaş) genotypes with a value of 0,70. Genotypes with the closest genetic distance with value of 0,10 were identified as 56th (Zonguldak/ Ereğli/ Gölüç) and 42nd (Sinop/ Türkel/ Center) genotypes. In the SCoT analysis, 175 of the total 227 bands were found to be polymorphic and the polymorphism rate was determined as 76,07%. According to SCoT results, Nei genetic distances ranged between 0,12 and 0,51 and the mean value was found to be 0,26. The most distant genotypes were 44th (Kastamonu/ Abana/ Center) and 14th (Antalya/Kumluca/Center) genotypes with a value of 0,51. The genotypes with the closest genetic distance with a value of 0,12 were identified as 62nd (Istanbul/ Sile/ Center) and 50th (Bartın/ Amasra/ Kaleşah) genotypes. In UPGMA cluster analysis of 94 laurel genotypes, ISSR and SCoT results were compatible with each other and genotypes were divided into 2 main groups. As a result of ISSR and SCoT analysis, a similar polymorphism distribution was observed and the correlation coefficient (r) was found 0,88 in the correlation analysis performed on Nei genetic distances to determine the linear relationship size of both analysis results. It is thought that the findings will compose resources for advanced breeding techniques and contribute to the preservation of genetic diversity and management of genetic resources for the country's economy.

KEYWORDS: Laurel, Molecular Characterization, Genetic Diversity, SCoT, ISSR

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET.....	v
ABSTRACT	vi
İÇİNDEKİLER	vii
ŞEKİL LİSTESİ.....	ix
ÇİZELGE LİSTESİ.....	x
KISALTMA VE SEMBOLLER LİSTESİ	xi
TEŞEKKÜR	xiii
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI.....	19
2.1 Defne ile İlgili Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları	19
2.2 ISSR ile İlgili Çalışmalar	21
2.3 SCoT ile İlgili Çalışmalar.....	27
2.4 ISSR ve SCoT Primerlerinin Birlikte Kullanıldığı Çalışmalar	31
3. MATERYAL VE YÖNTEM	34
3.1 Materyal.....	34
3.1.1 Bitki Materyali	34
3.2 Yöntem	38
3.2.1 Moleküler Analizler	38
3.2.1.1 DNA İzolasyonu	38
3.2.1.2 DNA Optimizasyonu	40
3.2.1.3 ISSR Analizi	41
3.2.1.4 SCoT Analizi	43
3.2.1.5 Jel Elektroforezi Uygulaması	45
3.2.2 Verilerin Değerlendirilmesi	47
3.2.3 ISSR ve SCoT Genetik Çeşitlilik Değerlerinin Elde Edilmesi....	50
3.2.3.1 PO (Polimorfizm Oranı) değeri	50
3.2.3.2 PIC (Polymorphism Information Content) değeri	50
3.2.3.3 H (Genetik Çeşitlilik) değeri	50
3.2.3.4 I (Shannon İndeksi) değeri.....	50
3.2.3.5 NE (Etkili Alel Sayısı) değeri.....	50
3.2.3.6 HT (Toplam Genetik Çeşitlilik) değeri.....	50
3.2.3.7 PİV (Populasyon İçi Varyasyon) değeri	50
3.2.3.8 ΔK değeri	51
3.2.3 ISSR ve SCoT Korelasyon Analizi.....	51
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	53
4.1 DNA Kalitesi ve Miktarının Belirlenmesi.....	53
4.2 ISSR ve SCoT Analizi.....	57
4.2.1 ISSR Analizi	61
4.2.2 SCoT Analizi	69

4.3	ISSR ve SCoT Korelasyon Analizi	81
5.	SONUÇ VE ÖNERİLER	86
6.	KAYNAKLAR.....	89
7.	EKLER.....	101
	EK A: Tablo A. ISSR analizi verilerine göre 94 defne (<i>Laurus nobilis</i> L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri	102
	EK B: Tablo B. SCoT analizi verilerine göre 94 defne (<i>Laurus nobilis</i> L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri	145
8.	ÖZGEÇMİŞ	188



ŞEKİL LİSTESİ

Sayfa

Şekil 1.1. Defne bitkisinin Türkiye’deki yayılış alanları (Davis, 1982).....	4
Şekil 1.2. İllere göre defne alanı haritası (OGM 2016).	6
Şekil 1.3. İllere göre defne miktarı haritası (OGM 2016).....	7
Şekil 1.4. Türkiye’de yıllara göre defne üretim miktarı (ton) (OGM 2017a).....	7
Şekil 1.5. Türkiye’de yıllara göre defne ithalat ve ihracat miktarları (1000\$) (OGM 2017b).....	8
Şekil 3.1. Defne (<i>Laurus nobilis</i> L.) örneklerinin alındığı populasyon alanları....	34
Şekil 3.2. Çalışmada kullanılan PCR ve UV-Transilluminator cihazları.	45
Şekil 3.3. Çalışmada kullanılan santrifüj cihazları (Normal/Soğutmalı).....	46
Şekil 3.4. Çalışmada kullanılan sıvı azot tankı ve saf su cihazı.	46
Şekil 3.5. Çalışmada kullanılan buz makinesi, su banyosu ve otomatik çalkalayıcı.....	47
Şekil 3.6. Çalışmada kullanılan manyetik karıştırıcı, vorteks ve hassas terazi.....	47
Şekil 3.7. Çalışmada kullanılan jel elektroforez sistemi ve otomatik pipetler.....	48
Şekil 3.8. Çalışmadan bazı laboratuvar analizi aşamalarının fotoğrafları.	49
Şekil 4.1. ISSR analizinden alınan ve 48 defne genotipini temsil eden bir bant görüntüsü (UBC888).....	58
Şekil 4.2. SCoT analizinden alınan ve 48 defne genotipini temsil eden bir bant görüntüsü (S2).....	58
Şekil 4.3. ISSR primerlerinden UBC888’e ait 48 defne genotipini temsil edilen bant görüntüsünün var (1) ve yok (0) skorlamaları.....	59
Şekil 4.4. SCoT primerlerinden S2’ye ait 48 defne genotipini temsil edilen bant görüntüsünün var (1) ve yok (0) skorlamaları	60
Şekil 4.5. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak oluşturulan STRUCTURE kümeleme analizi.....	63
Şekil 4.6. 94 defne genotipinde 16 adet ISSR primeri kullanılarak oluşturulan ΔK tablosu	63
Şekil 4.7. 94 defne genotipi için 16 adet ISSR primeri kullanılarak oluşturulan ve STRUCTURE kümeleme analizi ile elde edilen sonuçlara göre genotiplerin coğrafi bölgelere göre dağılımı.....	64
Şekil 4.8. 94 defne genotipinde 16 adet ISSR primeri kullanılarak UPGMA kümeleme analizine göre oluşturulan soyağacı görüntüsü.....	65
Şekil 4.9. 16 adet ISSR primeri kullanılarak 94 defne genotipinin bulundukları coğrafi bölgeye göre oluşturulan temel koordinat (PCoA) analizi....	66
Şekil 4.10. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak oluşturulan STRUCTURE kümeleme analizi.....	71
Şekil 4.11. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak oluşturulan ΔK tablosu	72
Şekil 4.12. 94 defne genotipi için 10 adet SCoT primeri kullanılarak oluşturulan ve STRUCTURE kümeleme analizi ile elde edilen sonuçlara göre genotiplerin coğrafi bölgelere göre dağılımı.....	73
Şekil 4.13. 94 defne genotipinde 16 adet ISSR primeri kullanılarak UPGMA kümeleme analizine göre oluşturulan soyağacı görüntüsü	74
Şekil 4.14. 10 adet SCoT primeri kullanılarak 94 defne genotipinin bulundukları coğrafi bölgeye göre oluşturulan temel koordinat (PCoA) analizi....	75

ÇİZELGE LİSTESİ

Sayfa

Çizelge 1.1. Defnenin ton başına değer değişimi, OGM 2016.	8
Çizelge 3.1. Defne (<i>Laurus nobilis</i> L.) örneklerinin alındığı bölge, il, ilçe, lokasyon ve rakım (m) bilgileri	35
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan ISSR primerlerinin baz dizilimleri ve bağlanma sıcaklıkları.....	41
Çizelge 3.3. ISSR-PCR analizinde kullanılan kimyasallar ve miktarları	42
Çizelge 3.4. ISSR-PCR Profili.....	42
Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan SCoT primerlerinin sekans dizilimleri ve bağlanma sıcaklıkları.....	43
Çizelge 3.6. SCoT-PCR analizinde kullanılan kimyasallar ve miktarları	44
Çizelge 3.7. SCoT PCR Profili	44
Çizelge 4.1. Nanodropla tespit edilen her bir örneğin DNA kalitesi ve konsantrasyonu.....	54
Çizelge 4.2. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için hesaplanan parametreler listesi.....	62
Çizelge 4.3. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için populasyonlar arası oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA).....	65
Çizelge 4.4. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için coğrafi bölgeler arası oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA).....	67
Çizelge 4.5. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için hesaplanan parametreler listesi.....	70
Çizelge 4.6. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için populasyonlar arası oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA).....	73
Çizelge 4.7. 94 defne genotipinde 10 SCoT primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için coğrafi bölgeler arası oluşturulan moleküler varyans analizi AMOVA).....	75
Çizelge 4.8. SCoT ve ISSR analizi verilerine göre 94 defne (<i>Laurus nobilis</i> L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafelerinin korelasyon katsayıları.....	82

KISALTMA VE SEMBOLLER LİSTESİ

AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
AMOVA	: Analysis of Molecular Variance / Moleküler Varyans Analizi
BAİBÜ	: Bolu Abnat İzzet Baysal Üniversitesi
BAP	: Bilimsel Araştırma Projeleri
CBDP	: CAAT Box-Derived Polymorphism
CDDP	: Conserved DNA-Derived Polymorphism
CTAB	: Cetyl Trimethylammonium Bromide
ddH₂O	: Ultra Saf Su
dk	: Dakika
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	: Deoksinükleosid Trifosfat
EST-SSR	: Expressed Sequence Tag-Simple Sequence Repeat
ETAİ	: Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
g	: Gram
GBS	: Genotyping by Sequencing / Dizileme ile Genotipleme
GM	: Genetik Mesafe
H	: Genetik çeşitlilik
HT	: Toplam genetik çeşitlilik
I	: Shannon indeksi
iPBS	: Inter Primer Binding Site
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeat / Basit Tekrarlı Diziler Arası
K	: Küme
KO	: Kareler Ortalaması
KT	: Kareler Toplamı
mg	: Miligram
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
NE	: Etkili alel sayısı
ng	: Nanogram
nm	: Nanometre
OGM	: Orman Genel Müdürlüğü
PBS	: Polimorfik bant sayısı

PCR	: Polymerase Chain Reaction / Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PIC	: Polimorfizm bilgi içeriği
PİV	: Populasyonlar içi varyasyon
pM	: Pikomol
PO	: Polimorfizm oranı
QTL	: Quantitative Trait Locus
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
RNA	: Ribo Nükleik Asit
SBS	: Skorlanabilir Bant Sayısı
SBS	: Skorlanan bant sayısı
SCAR	: Sequence Characterized Amplified Regions
SCoT	: Start Codon Targeted / Hedeflenmiş Başlangıç Kodonu
SD	: Serbestlik Derecesi
sn	: Saniye
SNP	: Single-Nucleotide Polymorphism / Tek Nükleotid Polimorfizmi
SRAP	: Sequence Related Amplified Polymorphism
SSR	: Simle Sequence Repeat
STS	: Sequence Tagged Site
TBE	: Tris/Borate/EDTA
TPBS	: Toplam Polimorfik Bant Sayısı
TRAP	: Target Region Amplified Polymorphism
TSBS	: Toplam Skorlanabilir Bant Sayısı
TV	: Tahmini Varyans
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean
UV	: Ultraviyole
ΔK	: Delta K
μL	: Mikrolitre
°C	: Santigrat derece
%	: Yüzde
λ	: Lambda
*↑	: Genetik uzaklık bölgesi
*↓	: Genetik yakınlık bölgesi
\$	: Amerikan Doları

TEŞEKKÜR

Danışman hocam Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ'ye bana göstermiş olduğu rehberlik, teşvik ve çalışmam boyunca her türlü desteğinden dolayı içtenlikle teşekkür ederim. Bu çalışmanın yürütülmesi sırasında danışman hocam sayesinde edindiğim deneyimlerin, akademik kariyerimde çok faydalı olacağı düşüncesindeyim.

Çalışmamın tüm detaylarında bana bilgi aktarımında bulunan, yönlendirmelerini ve deneyimlerini her türlü yoğunluğunda paylaşan değerli hocam Doç. Dr. Faheem Shahzad BALOCH'a tüm analizlerin ve değerlendirmelerin yapılmasında bana destek olduğu için şükranlarımı sunarım. Bitki materyali teminimizde yardımlarını esirgemeyen Dr. Ünal KARİK'a ayrıca teşekkür ederim. Prof. Dr. Nusret ZENCİRCİ'ye çalışmamda bana göstermiş olduğu destek, tavsiye ve öğütlerinden dolayı çok teşekkür ederim. Nanodrop çalışmamda emeği olan Doç. Dr. Göksel ÖZER'e çok teşekkür ederim. Laboratuvar çalışmalarımda ve istatistikî analizlerimde katkıları bulunan Dr. Muhammad Azhar NADEEM, Arş. Gör. Emrah GÜLER ve Arş. Gör. Mehmet Zahit YEKEN'e çok teşekkür ederim. Sunum çalışmamda bilgi paylaşımında bulunan ve yardımlarını esirgemeyen değerli kardeşim Arş. Gör. Hakkı Ekrem SOYDEMİR'e içtenlikle teşekkür ederim. Çalışmam boyunca fikir teatisinde bulunduğum değerli yoldaşım Arş. Gör. Ali ÇELİK'e bilahere teşekkür ederim. Tezin tüm aşamalarında her zaman yanımda olan, desteklerini, dualarını ve yardımlarını benden esirgemeyen değerli eşim Öğr. Gör. Hilal YILMAZ'a tez süresince göstermiş olduğu ilgisi, sabrı ve önerileri için özellikle teşekkür ederim.

Tez süreci içerisinde desteklerini her an hissettiğim ve yoğunluğumda dua kapılarını her zaman araladığım değerli babam Mehmet YILMAZ ve değerli annem Ayten YILMAZ'a tüm hayatım boyunca verdikleri desteklerden dolayı minnet ve şükranlarımı sunarım.

Çalışmanın yürütülmesinde sağladıkları katkılardan dolayı BAİBU BAP birimine ayrıca çok teşekkür ederim.

Bu çalışma, 2019.10.07.1414 no'lu proje kapsamında BAP tarafından desteklenmiştir.

1. GİRİŞ

Tıbbi bitkiler, doğadan toplanan, kültürü yapılan ve drogu alınarak alternatif tıp sektöründe veya ilaç sanayinde kullanılan bitkilerdir. Aromatik bitkiler ise aroma ve koku özelliği bulunan bitkilere denilmektedir (Sezik, 2014). Her iki kelimenin de yer aldığı tıbbi ve aromatik bitkiler ise insan ve hayvan sağlığının korunmasını sağlayan, hastalıkları önleyen, içerisinde etken maddeler bulunan ve iyileştirici etkilerinden yararlanılan bitkilerdir (Arslan, 2007). Tıbbi ve aromatik bitkilerin önemi, insanların beslenme, sağlık ve kozmetik sektöründe doğaya ve doğal kaynaklara olan eğiliminden dolayı gün geçtikçe artmaktadır. Tıbbi ve aromatik bitkilerin rutin yaşam koşullarındaki gerekliliği ve önemi hiçbir zaman azalmayacak ve akademik camiâ içerisindeki popülerliğini daima koruyacaktır. Okigbo vd. (2008)'ne göre tıbbi ve aromatik bitkiler; özellikle son yıllarda kırsal kesimdeki insanların ekonomilerindeki rolleri, tıbbi uygulamalardaki kapsamı, kültürel konulardaki kullanımları ve sonuç olarak insanların refahlarına olan katkıları nedeniyle giderek daha fazla tanınmaktadır. Ticaret hacminin büyümesiyle ve oluşan talebin gün geçtikçe artmasıyla da söz konusu bitkilerin üretimine yönelik çalışmaların arttırılması da giderek hızlanmıştır. Aynı zamanda tıbbi ve aromatik bitkilerin doğada toplama oranlarında da ciddi artışlar meydana gelmiştir (Acıbuca ve Budak, 2018).

Ülkemizin önemli tıbbi ve aromatik bitkilerinden birisi olan defne bitkisi dünyada diğer tıbbi ve aromatik bitkilere kıyasla yaygın olarak tanınmamasına karşın Türkiye'de ekonomik değeri ve popülerliği yüksek olan bitkilerdendir. Defne (*Laurus nobilis* L.) bitkisi antik çağlardan beridir önemli bir tıbbi ve aromatik bitki olup, Türkiye ve dünya açısından da bu özelliğini halen korumaktadır (Kayacık, 1977; Bayan, 2016). Antik çağlarda olimpiyat müsabakalarında başarılı olan sporcuların alınlarına yapraklarından oluşturulan taç ile ödül olarak verilirdi. Roma döneminde milattan önce 342 yılında altın paraların üzerinde defne bitkisinden çelenk figürü bulunmaktaydı. Yunanlılar ve Romalılar spor ve savaş zaferlerinde bu bitkinin yapraklarından yapılan çelenkleri taç olarak kullanırlardı. Ayrıca eski Romalılar döneminde defne yaprağının yıldırım çarpmasına karşı insanları koruyucu etkide

olduđuna inanılır ve fırtınalı havalarda birer defne dalı bulundururdu (Duke, 1987; Duke vd., 2008).

Defne bitkisinin anavatanı bazı kaynaklarda Akdeniz lkeleri, bazı kaynaklarda ise Kk Batı Asya (Anadolu) ve Balkanlar olarak gemektedir. Lauraceae Familyasında yaklaşık olarak 45 cins ve 1000 tr, *Laurus* cinsinde ise *L. canariensis* Willd ve *Laurus nobilis* L. olarak iki tr yer almaktadır. Bitkiler aleminde vaskuler bitkiler sınıfında yer alan defne bitkisi (*Laurus nobilis* L.), tohumlu bitkiler (Spermatophyta) řubesi, dikotiledonlar (Magnoliopsida) sınıfı, Magnoliidae alt sınıfı, kapalı tohumlular (Angiospermae) alt blm, Laurales takımı, defnegiller (Lauraceae) familyası ve *Laurus* cinsi ierisinde yer almaktadır. *Laurus nobilis*’in ise, kenarları dalgalı olan *aurea*, *crispa* ve *undula* ile dar yapraklı olan *angustifolia* olarak 4 alt tr bulunmaktadır (Kayacık, 1977; Semen vd., 1995; Baydar, 2009; Boza, 2011).

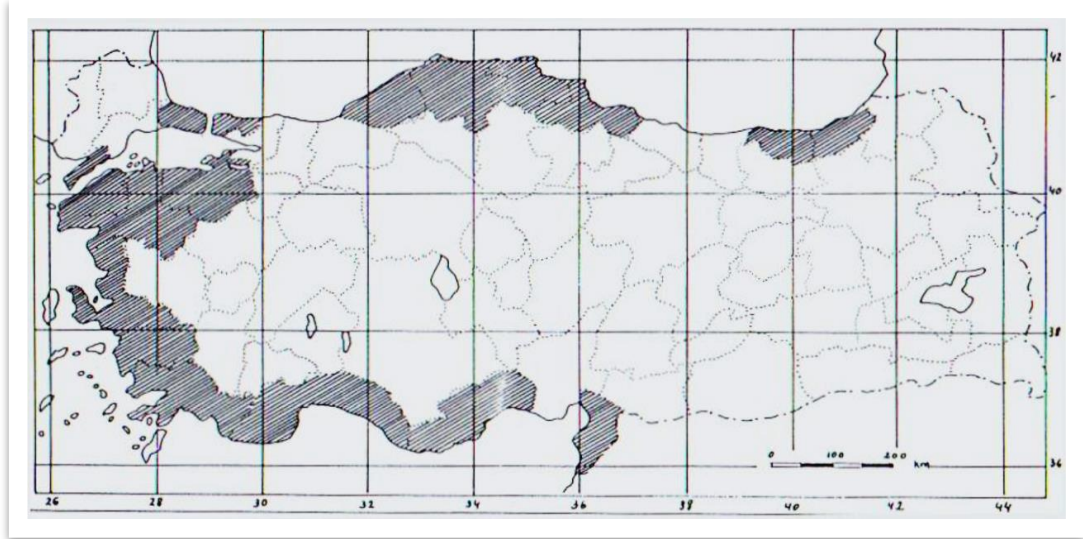
lkemizde halk arasında defne (*Laurus nobilis* L.) bitkisi pek ok farklı isimle adlandırılmaktadır. Mersin, Osmaniye ve Adana’da “teynel, har, defne”, Hatay’ da “gar, teynel, har ve defne”, Manavgat, Antalya-Gazipařa, Akseki, Finike, Sırt Ky ve Sinanhoca Ky’nde “ehnel”, Kahramanmarař’ da “harve, defne”, Sakarya’da ve Samsun Alaam’da “taflan, defne”, Kastamonu İnebolu’da “defnn” ya da “tefrin” (meyve vermeyen defnelere “ařlı”, veren defnelere ”atı” ismi verilmekte), Bartın’ da “tehni”, Cide de “talimi” gibi farklı yresel isimler verilmekte ve Gzelbağ’da defne tohumuna “gilik” denilmektedir. Diđer bazı yerlerde ise “tehneler, teneler, nehteler, tefrn, tahnal ve teynel” isimleri kullanılmaktadır (Baytop, 1994, Dzenli ve Karamerliođlu, 2012; Baytre, 2014).

Dnyanın diđer lkelerinde ise İngilizcede, Laurel, Sweet Bay, Bay Laurel, İspanyolcada; laurel, Fransızcada; Laurier Sauce, Laurier, Almancada; Lorbeerbaum, Lorbeer, incece; Ye Gui, Japoncada; gekke iju, İtalyancada; Lauro, Alloro, Arapada; Habbl Gar, Rend Gar, Rusada; Laur Brogorodry, İsvecede; lager, Fincece; Laakerinlehti, Laakeripuu ve Lehcede; Wacurnzyn Szlachetny olarak isimlendirilir (Pala, 2010; Yurtlu, 2011).

Davis (1982)’in tanımlamalarına gre defne ađacı, yaprak dkmeyen, alı tipi, 2,15 m uzunluđa kadar boylanabilen Akdeniz blgesine zg bir bitkidir. Amerika’da

ve Avrupa’da süs bitkisi olarak yetiştirilen bu bitki, Türkiye’nin genellikle sahil şeridinde olmak üzere 600-800 m rakımlara kadar yetişebilmektedir. Defne bitkisi yağışı yeterli, nemli ve güneşli iklimlerde iyi gelişmektedir. Genç dönemlerde dona karşı hassas olan defne ağaçları tipik Akdeniz iklimine çok iyi adaptasyon sağlamıştır. Yazın sıcak ve nemli, kışın ise ılıman ve yağışlı iklim isteğine sahiptir. Yüksek rakımlarda yaprak alanı ve uçucu yağ içeriği azalmaktadır. Kültürü için de drenaj sorunu olmayan, süzek, hafif kireçli ve verimli topraklar tercih edilmelidir (Baydar, 2009). Defne bitkisinin yayılım alanlarına etki eden en önemli faktörler; toprak ve hava nemidir. Genellikle taban suyunun yüksek olduğu akarsu kenarı ya da denizden gelen nemli rüzgarlara hakim yüksekliklerde yetişebildiği görülmüştür. Doğal olarak yayılış gösterdiği alanlarda toprak yapısı balçık, balçıklı kum, kumlu balçık, killi balçık, kil ve kumlu killi balçık halinde orta derin topraklar olup ana kayası kalkerdir. Defne bitkisinin yetiştiği alanlarda topraklar tuzsuzdur ve tuzluluk problemine rastlanmamaktadır. (Güler, 2006; Özel vd., 2008; Parlak ve Demirci, 2011; Düzenli ve Karaömerlioğlu, 2012; Baytöre, 2014).

Antik çağlardan itibaren Akdeniz’deki tüm kıyı şeridinde görülen defne bitkisi, Türkiye en başta olmak üzere Yunanistan, Cezayir, Fas, Fransa, Belçika, Meksika, İspanya, Portekiz ve Kanarya Adaları gibi ülkelerde de yayılış göstermektedir. Diğer yayılış alanları Libya, Romanya, Arnavutluk, Suriye, Kırım ve özetle tüm diğer Batı Akdeniz Havzası'dır. Türkiye’de ise Ege ve Akdeniz Bölgesi'nin alçak rakımları ile Karadeniz Bölgesi'nde Akdeniz iklimini temsil eden alanlardır. Bitkinin yaygın olarak görüldüğü iller Bursa, Balıkesir, Yalova, İstanbul, Kastamonu, Sinop, Zonguldak, Rize, Trabzon, Muğla, İzmir, Mersin, Antalya ve Kahramanmaraş'tır (Şekil 1.1.; Davis, 1982; Şafak ve Okan, 2004; Ayanoğlu vd., 2010).



Şekil 1.1. Defne bitkisinin Türkiye’deki yayılış alanları (Davis, 1982)

Ana yayılış bölgesi Balkanlar, Küçük Asya ve Akdeniz Havzası olan defne (*Laurus nobilis* L.), makinin (Akdeniz bitki örtüsü) tipik ağaçlarından ve genellikle batı ile kuzey yamaçlarda, dere ve serin vadi içlerindeki nemli alanlarda ve *Pinus brutia*’nın (Kızılçam) bulunmadığı açık bölgelerde yayılış göstermektedir. Kurak ve sıcak alanlarda ise daha az görülmektedir. Bitki bu alanlarda 7-8 m’ye kadar boylanabilmektedir. Karadeniz Bölgesi’nde ise yalancı makiden (pseudomaki) dolayı denizin hemen kıyısında yer alan defneler, bu bölgenin 0 m’den başlayıp 100 m ve biraz üzeri rakımlara kadar olduğu alanlarında yetişebildiği görülmektedir (Güler, 2006; Düzenli ve Karaömerlioğlu, 2012).

Defne yapraklarında antiseptik, antibakteriyel, ağrı kesici, terletici, migren önleyici, mide rahatsızlıklarını giderici ve diyabeti tedavi edici özellikler bulunmaktadır. Ayrıca defne bitkisinin halsizlik, hazımsızlık, uykusuzluk, aybaşı düzensizlikleri ve romatizma hastalıklarına da iyi geldiği birçok araştırmada ortaya konmuştur. (Baytop, 1984; Acartürk, 1997; Duke, 1997; Özhatay vd., 1997).

Sentetik boyar maddelerin yerine son zamanlarda doğal boyar maddelere olan ilgi giderek artmaktadır. Meyvesinde bulunan antosiyanin içeriği ile defne bitkisi (*Laurus nobilis* L.); kozmetik, ilaç ve gıda sanayinde doğal boyar madde olarak değerlendirilmektedir (Özer, 1987; Hammer vd., 1999; Driver ve Arroy, 2001; Longo ve Vasapollo, 2005).

Türkiye, Meksika, Portekiz, İtalya, İspanya, Fransa, Cezayir ve Fas'taki defne bitkisinin aromatik yaprakları ticari amaçlar için yetiştirilmektedir. Türkiye, dünyada en büyük ihracatçı ülke konumundadır. Bu nedenle, Türkiye'nin en popüler şifalı ve aromatik bitkilerinden olan defne bitkisi, birçok amaç için yetiştirilmektedir. Defne yaprakları genellikle Türkiye'de balık, et, çorba, güveç, puding, sirke ve içecekler için baharat ve aromatik tatlandırıcılar olarak kullanılır. Bir diğer yetiştirme amacı uçucu yağ üretimi olan defnenin uçucu yağının az miktarda da ihracatı yapılmaktadır. Hem uçucu yağı hem de sabit yağı; gıda, kozmetik ve tıbbi amaçlar için kullanılmaktadır. Defne yaprakları ayrıca halk tıbbında romatizma, gastrointestinal problemler ve idrarla ilgili problemlerin tedavisinde de yaygın olarak kullanılmaktadır (Ali-Shtayeh vd., 2000).

Defne ağaçları ülkemizde devlete ait ormanlarda bulunduğu gibi özel mülkiyetler içerisinde de yer almaktadır. Orman alanlarında bulunan defne ağaçlarının meyve ve yapraklarının toplanması için Tarım ve Orman Bakanlığı'ndan izin almak gerekmektedir. Defne yapraklarının üretimi için, Orman Genel Müdürlüğü'nün 283 sayılı tebliğ esasına ve yıllık üretim programına göre düzenlenme yapılmaktadır. 6831 sayılı Orman Kanunu'nun 37. maddesine göre izinler verilmekte ve sadece tarife bedeli alınarak 40. maddede ifade edilen köylerde üretim yaptırılmaktadır. Üreticileri teşvik amaçlı çok düşük tutulan bu bedel OGM (Orman Genel Müdürlüğü) tarafından belirlenmektedir. Defne'de yaprak üretimi, sahaya göre değişmekte ve amenajman planlarına bağlı sahalarda belirlenen plana göre yapılmaktadır. Üretim planı yapılmamış ise üretime dayalı sahalarda envanter çalışması yaparak seri planlama ya da yeterli potansiyel mevcut değil ise işletme bazında planlama yapılmaktadır. Ülkemizde yaprak üretimi haziran ayının ortasında ve temmuz ayı başlarında başlayıp ekim ayı sonunda bitmektedir. Bölgesel farklılıklara göre bu üretim zamanları mikro iklim kıyasına bağlı olarak değişim göstermektedir. Yalova'da Tarım ve Orman Kalkınma Kooperatifleri kapsamında yürütülen toplama işlemi ekim ayında başlamakta ve tüccarlara yaş yapraklı olarak satışı yapılmaktadır (Yazıcı, 2002; Sivrikaya vd., 2006; Baytöre, 2014). Dünya'daki defne bitkisi varlığının %90'ı ülkemizde bulunmakta ve yaklaşık olarak 150 bin ha alanda yayılım göstermektedir. Her yıl 22 bin ton civarı kurutulmuş defne yaprağı üretilmekte ve yaklaşık olarak 1 milyon insan da bu alanda istihdam etmektedir (OGM, 2018).

Türkiye’de hem iç pazarda bulunan ve hem de ihracata yönelik olarak toplanan defne türü, Akdeniz defnesi olarak bilinen “*Lauris nobilis*”tır. Akdeniz defnesi defnegiller familyasından her mevsim yeşil renkte kalabilen yaprakları olan, hoş kokulu ve kullanım alanı oldukça geniş olan bir çalı türüdür. Türkiye’nin sahip olduğu defne envanteri 298.948.953 kg’dır ve bu veri ile dünya defne ihtiyacının yaklaşık olarak %90’ı temin edilmektedir. Türkiye’de, alan olarak en yüksek defne yayılımına sahip iller sırası ile Adana, Muğla, Mersin, Bursa ve Kahramanmaraş’tır. Dış ticaret rakamlarına bakıldığında, defne ihracatı toplamının 2005 yılından itibaren 2015 yılına kadar yaklaşık olarak 3 katına çıktığı görülmüştür. 2015 verilerinde Adana’nın 22.239, Muğla’nın 15.796, Mersin’in 15.581, Bursa’nın 15.396 ve Kahramanmaraş’ın 13.893 hektarlık defne alanına sahip olduğu bilinmektedir (Şekil 1.2.; OGM, 2016).

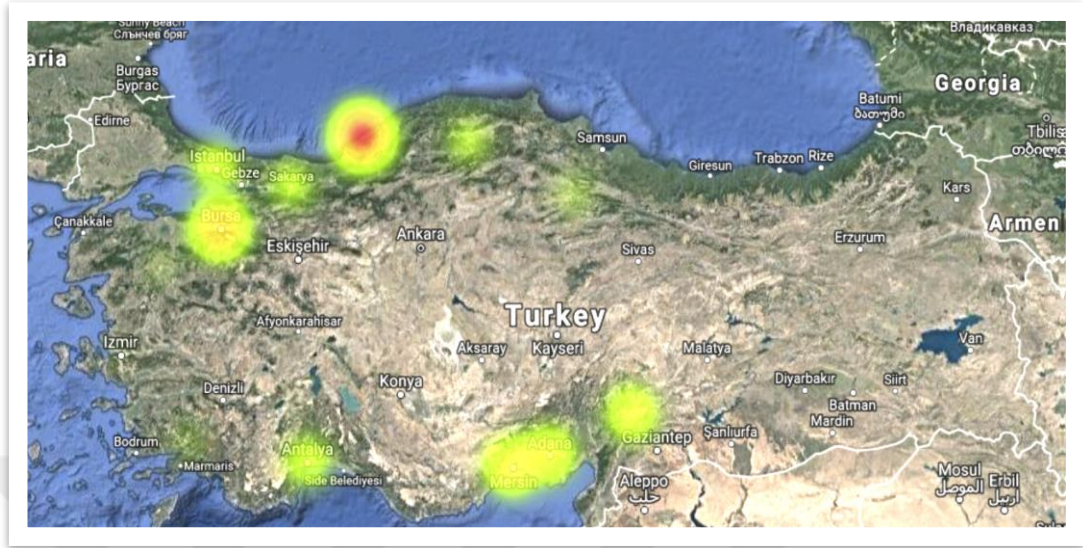
Defne bitkisi, büyük oranda orman arazilerinden orman köylüleri tarafından, az oranda da özel arazi müteşebbisleri tarafından toplanmaktadır. Arazi sahipleri defnenin meyve ve yapraklarını toplamak adına herhangi bir izin almazlar. Ancak kendi bölgelerindeki Orman İşletme Müdürlükleri’ne kendilerine ait olan araziden defne toplayacaklarına dair dilekçe vermeleri gerekmektedir (OGM, 2016).



Şekil 1.2. İllere göre defne alanı haritası (OGM, 2016)

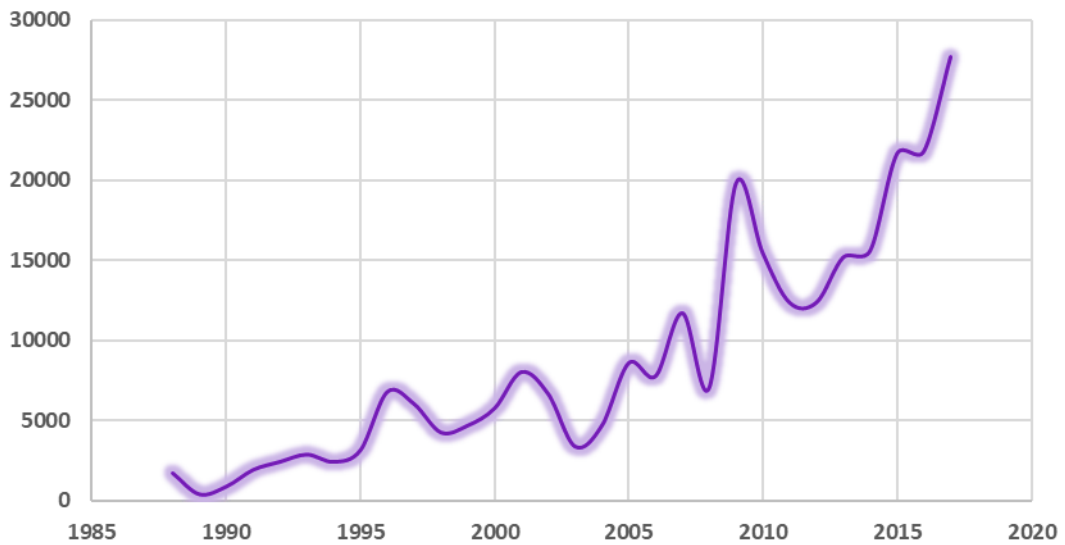
Ton bazında ise defne envanterinde Zonguldak’ın en yüksek il olduğu görülmüştür. Zonguldak, 101.288.917 kg ile 298.948.953 kg’lık toplam Türkiye defne envanterinin 3’te 1’inden fazlasına sahiptir. Sırası ile defne envanterlerinde

Zonguldak'ı Bursa (53.492.019), Mersin (34.379.228), Adana (26.309.022) ve Kahramanmaraş (22.430.933) illeri izlemektedir (Şekil 1.3.; OGM, 2016).



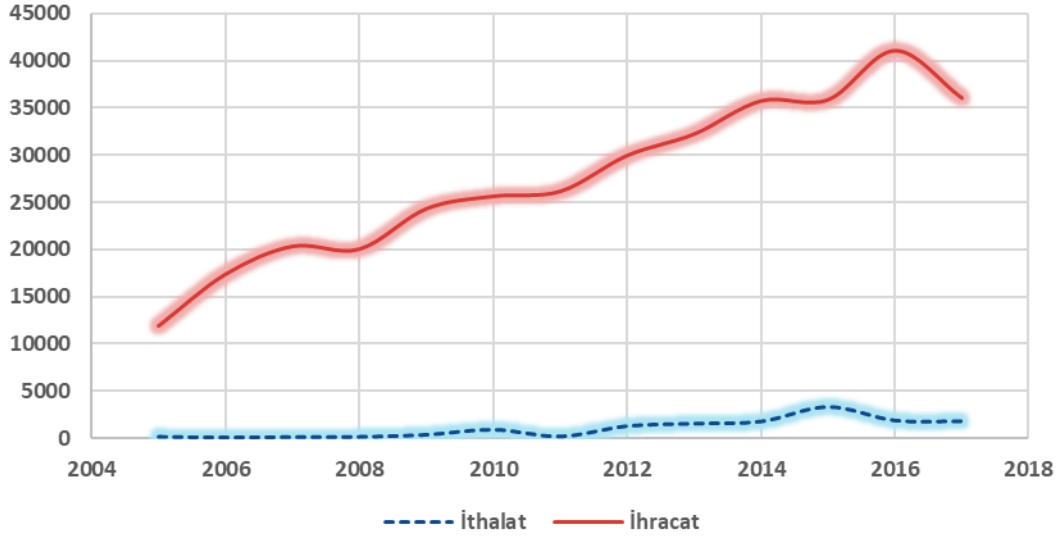
Şekil 1.3. İllere göre defne miktarı haritası (OGM, 2016)

Yıllara göre değerlendirildiğinde, Türkiye’de 2010 sonrası defne miktarının öncesine göre 3 kat arttığı görülmüştür. Gerek bölgedeki değişken faktörlerin defnenin ekonomik değerini görmesi, gerekse dünyada defne bitkisine olan talebin artması, tedarik süreçlerinin hızlandırılmasına ve defne bölgelerinde yeni aktörlerin ortaya çıkmasına neden olmuştur. Artış eğilimi bugün itibari ile de devam etmektedir: 2017 yılında defne miktarı 30 bin tona yaklaşmıştır (Şekil 1.4; OGM, 2016; OGM, 2017a).



Şekil 1.4. Yıllara göre defne üretim miktarı (ton) (OGM, 2017a)

Dış ticaret rakamlarına bakıldığında da defne ihracatı toplamının 2005 yılından itibaren 2017 yılına kadar 3 kattan fazla arttığı ve 2017 itibarı ile kuru defne ihracatında 40 milyon dolarlık rakamlara yaklaşıldığı görülmüştür (36.058.749 \$). İhracatı yapılan yan ürünler de eklendiğinde defnenin ekonomik hacminin 100 milyon doların üzerinde olduğu düşünülmektedir (Şekil 1.5.; OGM, 2016a; OGM, 2017b).



Şekil 1.5. Yıllara göre defne ithalat ve ihracatı (1000 \$) (OGM, 2017b)

Defnenin değer değişimi üzerine değerlendirme yapıldığında ise; 2005 yılında 5.557 ton ihracatı yapılan defneden ton başına 2.130 dolar alındığı görülmüştür. 2015 yılında ise 12.741 ton ihracatı yapılan defneden ton başına 2.817 dolar alındığı görülmüştür. 10 yıllık süreçte ihracatı yapılan defne miktarı iki katından fazlasına yükselmiş, ton başına satış bedelinde ise %32'lik bir artış görülmüştür. Toplam olarak 2005 yılından 2015 yılına kadar defne ihracat rakamlarının yaklaşık olarak 3 katına çıktığı görülmüştür (Çizelge 1.1.; OGM, 2016).

Çizelge 1.1. Defnenin ton başına değer değişimi (OGM, 2016).

Değer	2005	2015	Değişim
Ton	5557	12741	32%
\$	11838907	35889541	
Ton başına \$	2130	2817	

2017 yılı defne miktarı ve ihracat rakamları birlikte değerlendirildiğinde 2017 yılı için defne miktarının 27.678 ton, ihracatının ise 12.708 ton olduğu düşünüldüğünde, kesilen defnenin çok büyük bir bölümünün ihraç edildiği

görülmektedir. Ayrıca, yaş daldan ancak yaklaşık 5'te 1 oranında ürün alınabildiği dikkate alındığında, kayıt altına alınamayan defne kesiminin söz konusu olabileceği anlaşılmaktadır. Envanter ve ihracat verilerine bakıldığında ise defnenin ihracat potansiyeli yüksek olduğu ve yan ürünlerinin çeşitliliği göz önünde bulundurulduğunda dünyada giderek daha fazla talep edilen bir ürün olduğu söylenebilir (OGM, 2017).

Ülkemizin önemli uçucu yağ ve baharat bitkilerinden birisi olan defne bitkisi dış ticaretimizde önemli bir yere sahiptir. Defne bitkisi kültüre alınıp yetiştirilmediğinden dolayı doğadan toplanmaktadır. Ülkemizde aşırı toplama ve hatalı kültürel işlemler nedeniyle defne alanları tahrip olmaktadır. Defne genetik kaynakları ıslah çalışmalarında yeterince değerlendirilemediğinden, geliştirilen herhangi bir çeşit yoktur ve üretim miktarı da yeterli düzeyde değildir. Bu nedenle, ülkemizde defne gen kaynakları yönünden mevcut zenginliğin yapılacak araştırmalarla ortaya çıkarılması, bunların yeni çeşit geliştirme ve alternatif tarım sistemlerinde kullanılması oldukça önem taşımaktadır. Önceki çalışmalara bakıldığında defnenin genetik çeşitliliğine dair çalışmaların sayısı oldukça sınırlıdır. Geleceği tehdit altında olan defne bitkisinin korunması ve geliştirilmesi açısından bu tür çalışmaların önemi gün geçtikçe artmaktadır. Bundan dolayı, ülkemizde defne ıslahı çalışmalarına ağırlık verilerek, yeni çeşitler geliştirilmesi ve bunların üretime katılarak ülkemiz defne üretiminin artırılması, acil olarak ele alınması gereken konulardandır. Bu gibi çalışmalara ağırlık verilmesi adına öncelikli olarak yerel defne genotiplerinin ıslah programlarındaki yeri ve öneminin çok iyi anlaşılması gerekmektedir. Bu sebeple, yerel defne genotiplerinin morfolojik ve moleküler düzeyde tanımlanması ve bunların ıslah çalışmalarında kullanılması; farklı ekolojik bölgeler için defne çeşitlerinin elde edilmesine önemli katkıda bulunacaktır.

Dünya'daki biyoçeşitliliği tehdit eden en önemli etmenler; doğal kaynakların aşırı tüketilmesi, ormanların yok edilmesi, bazı alanlara dış kaynaklı yabancı yayılımcı tür getirilmesi ve iklim değişikliği olarak sınıflandırılmaktadır. Bu faktörlerin etkinlik derecesi coğrafi farklılıklara göre değişebilmektedir. Biyoçeşitliliği tehdit eden ikincil etmenler olarak da dünya nüfusunun artışı, uluslararası çatışmalar, şehirleşme, aşırı atık üretimi ve aşırı tüketim gösterilebilir (Hood, 2010). Biyoçeşitliliğin korunması adına yapılacak işlemler ise şu şekilde sıralanabilir; genetik kaynakların korunması

konusunda çalışacak kadrolar oluşturulması ve bu kadrolara gereken nitelikte ve ölçüde sorumlulukların ve yetkilerin verilmesi ile bu kadroların işlevini artırmak adına nitelikli insanlar yetiştirilerek genetik kaynaklar konusunun çekici hale getirilmesidir. Diğer yandan hükümet, enstitü ve halk nezdinde ulaşılabilecek bitki koleksiyonlarının oluşturulması ve muhafazasının sağlanması ve bu vesile ile insanoğlunun gelecekteki varlığının ve refahının bitkisel üretimi koruma ve iyileştirmenin en temel dayanaklarından biri olan genetik çeşitliliğin devamlılığı ile sağlanacağı bilincinin çok iyi aşılması gerekmektedir (Şehirli ve Özgen, 1987; Şehirli vd., 2005).

Son zamanlarda sıkça kullanılan bitki çeşitliliği kavramı; biyoteknoloji, endüstri, tıp ve tarım sektörünün en temel kaynağını oluşturmaktadır. Doğada yer alan yabani türlerin tıp alanında önemli katkıları bulunmaktadır. Tıbbi ilaçların yarısında yabani bitkilerden elde edilen ürünler yer almakta ve dünya nüfusunun yaklaşık olarak %80'i ilk ilaç kaynağı olarak bu bitkileri kullanmaktadır. Bu bitkilerde de zirai üretimin artırılması adına adaptasyon kabiliyeti iyi, hastalık ve zararlılara karşı dayanıklı tür ve çeşitlerin geliştirilmesi/yetiştirilmesi gerekmektedir. Bu bakımdan elde edilmesi gerekli olan kalıtsal bilgiler için yerel bitkilerin ve yabani akrabalıkların araştırılması gerekmektedir. Bitki çeşitliliği, tarımsal kaynaklı biyoteknoloji çalışmalarında gerekli olan genetik kaynakları oluşturmaktadır. Bu çerçevede oluşturulacak bitkisel kaynaklar, bir ülkenin en önemli sayılabilecek avantajları arasında yer almaktadır (Kence, 1992; Uyanık vd., 2013).

Türkiye, coğrafi yapısının farklılığı ve iklim koşullarının değişkenliği nedeniyle dünyanın gözde biyolojik çeşitlilik noktalarından birisi olup birçok bitki için köken merkezi olarak kabul edilmektedir (Tan, 1992, 1998). Dünyanın en zengin floralarından birine sahip olan ülkemiz, İran-Turan, Akdeniz ve Avrupa-Sibirya fitocoğrafik bölgelerinin birleşim noktasında yer almaktadır. Ekosistemi, iklimi, deniz seviyesi, habitat çeşitliliği ve 5000 metreye kadar rakım değişkenliğine sahip olan topoğrafik yapısı da ülkemizin biyoçeşitliliğini zenginleştiren diğer unsurlardandır. Bu çeşitlilik dünya ortalamasından yaklaşık olarak 6 kat daha fazladır (Toroğlu ve Çenet, 2006; Tümen, 2010). Bütün bu özelliklerinin yanı sıra yüz ölçümünün de geniş olması sebebiyle ülkemiz, içinde bulunduğu farklı iklim koşulları sayesinde birçok yabani ve kültür bitkisinde olduğu gibi tıbbi ve aromatik bitkilerde de dünyanın önde gelen ülkeleri arasında yer almaktadır. Ülkemizin bu önemi; gıda ve katkı maddeleri, bitki

kimyasalları, ilaç, parfümeri ve kozmetik sanayilerinin hakim olduğu ülkelerde bu sektörlere hammadde sağlayacak elementleri teşkil eden floranın zengin olmasından kaynaklanmaktadır. Yani bu bitkiler doğadan toplanarak pazarlanmakta ve katma değer olarak başka ülkelerde de değerlendirilmektedir. Genel olarak Akdeniz, Ege, Güneydoğu Anadolu, Marmara ve Doğu Karadeniz bölgelerinden toplanan tıbbi ve aromatik bitkilerde üretim ve pazarın yeterli bir potansiyele sahip olabilmesi için istenilen miktar ve kalitenin standardize edilmesi gerekmektedir. Bu nedenle ıslah edilmiş çeşitlerin yapılacak çalışmalarla elde edilmesi, bitkilerin doğaya zarar vermeden ve zamanında toplanması, yetiştiricilik yapılacak alanlar için en uygun ekolojik şartlarının saptanması, işleme teknolojileri ve hasat sonrası yapılacak diğer işlemlerin optimize edilmesi; bu bitkilerde üretim ve pazar potansiyelini artıracak unsurlardandır (Bayram vd., 2010; Faydalıoğlu ve Sürücüoğlu, 2011).

21. yüzyılın mahsul ıslah programlarında doğal biyolojik çeşitliliği yeni bir alel kaynağı olarak araştırmak; ürünlerin adapte edilebilirliği, verimi, sağlık özellikleri ve besin değerleri için çok önemlidir (Baloch vd., 2014). Fizyolojik, morfolojik ve sitolojik özellikler öncelikle bitkilerde genetik varyasyonları tanımlamak için kullanılmıştır. Bununla birlikte, bu tür çalışmalar bitki sistematığının tanımlarında yetersiz kalmış ve son yıllarda taksonomi çalışmaları için bu yöntemlerden ziyade moleküler yöntemlere olan eğilim artmıştır. Bu vesile ile moleküler markörler geliştirilmiştir. (Scarano, 2002; Gülşen ve Mutlu, 2005). Diğer tekniklerle karşılaştırıldığında, moleküler teknikler çevresel faktörlerden ve yüksek polimorfizmden etkilenmemek gibi birçok avantaja sahiptir (Bretting ve Widrechner, 1995). Morfolojiden elde edilen bilgilerle genetik farklılıkları tespit etmek yetersizdir. Ayrıca, bir genin birden çok karakteri etkilemesi ve bir karakterin ise birden çok lokus tarafından tanımlanması, morfolojik verilerin genetik farklılıkları belirlemede yeterli tespit yapamayacağını göstermektedir. Bu gibi nedenlerden dolayı, genotipleme için DNA ile ilgili olarak geliştirilmiş olan moleküler tekniklerin kullanılması ile çok daha yararlı veriler elde edilmiş olacaktır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Islah için moleküler metotların uygulanması günümüzde klasik ıslah metotlarından daha çok tercih edilmektedir. Belirli bir kalıtsal bilginin bir bölgesini (DNA parçalarını) temsil eden kısımlara moleküler markörler denilmektedir. Moleküler markörler ile belirli bir organizmanın tüm kalıtsal şifresindeki istenen

bölgeler belirlenebilmektedir. Her bir markör çeşidinin kendine özgü bir uygulanma tekniği bulunmaktadır. Bu markör tekniklerinin PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)'a dayalı olanlarından olan ISSR (Inter Simple Sequence Repeat)'da; farklı sayıda (ikili, üçlü, dördü ve beşli) tekrar eden nükleotid dizilim gruplarına sahip primerler kullanılmaktadır. Bu primerler sayesinde mikrosatellitler arası bölgeler çoğaltılabilmekte ve elde edilen çoğaltılmış DNA ürünleri agaroz jel içerisinde yürütölüp etidyum bromür ile muamele edildikten sonra gözlemlenebilmektedir (Zietkiewicz vd., 1994).

20. yüzyılın en önemli gelişmelerinden biri olarak kabul edilen 'Gen Devrimi' ile birlikte birçok alanda olduđu üzere bitki sistematiginde de önemli gelişmeler olmuştur. Öncelikli olarak fizyolojik, sitolojik ve morfolojik özelliklerin genetik varyasyonları belirlemede kullanıldığı bir dönem yaşanmıştır. DNA'nın yapısının keşfedilmesi ile başlayan Gen Devrimi süreci ile de bitkiler arası genetik farklılıkların tespit edilmesi ve bu farklılıklara göre sınıflandırılmalar yapılmasıyla biyokimyasal markörler geliştirilmiştir (Khawar, 2001; Scarano vd., 2002; Uranbey, 2002; Gülşen ve Mutlu, 2005; Atgüden, 2016). Daha sonra bu tip çalışmaların bitki sistematigini belirlemede yetersiz kaldığı görölmüş ve bu sebeple moleküler markörlerin geliştirilmesi süreci başlamıştır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Morfolojik olarak tespit edilen farklılıklar, genetik olarak tespit edilenlerin küçük bir oranını temsil etmektedir. Genetik farklılık tespitlerinin de büyük bir oranı aynı şekilde morfolojiye yansımamaktadır. Morfolojik yapıdan edindiğimiz bilgiler genetik farklılıkların tespit edilmesinde kullanılsa da çevre-genotip interaksyonu, birden fazla lokusun bir karakteri belirlemesi ve birden fazla karakterin bir gen tarafından etkilenmesi gibi birçok nedenden dolayı her daim yeterli olmamaktadır. Bundan dolayıdır ki iyi bir genotipleme için DNA'ya bağlı olarak geliştirilen moleküler markör tekniklerinin kullanılması daha doğru bir çözüm yolu olacaktır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Genetik kaynaklara ulaşmak adına elektroforetik analizler, genotipler arası farklılıkların görölmesinde oldukça güçlü ve maliyeti az olan tekniklerdir. Özellikle gelişmekte olan ülkeler için direkt olarak DNA veya RNA seviyesindeki bazı diğer çalışmalardan ziyade bu analizlerin tercih edilmesi uygun ve daha avantajlıdır. Diğer taraftan, bu yöntemlerle; sayısı gittikçe artan çeşitlerin saflığının görölmesi, çeşitler

arası bazı tanımlamalar yapılması, biyosistematik analizlere yardımcı olunması, türlerin filogenetik ilişkilerinin ortaya çıkarılması, genetik çeşitlilik hakkındaki bilgilerin artırılması konularında da yeterince bilgiye ulaşılmaktadır. (Peirce ve Brewbaker, 1973; Gorman ve Kiang, 1977; Cardy ve Beversdorf, 1984; Hamrick vd., 1991; Sammour, 1991).

Moleküler işaretler (markörler), genomdaki herhangi bir gen bölgesi ya da gen bölgesi ile ilişkili DNA parçası olarak birçok alanda kullanılabilmektedir. Moleküler ıslah çalışmalarında genetik varyasyonun belirlenmesi, türler arasındaki taksonomik tanımlamanın yapılması ve filogenetik analiz ile akrabalıkların tespit edilmesi için markör tekniklerinden yararlanılmaktadır (Bretting ve Widrlechner, 1995; Solter ve Beckmann, 1983) Genetik ilişkileri belirlemek adına denemeye alınan ilk kez denenen markör sistemi RFLP'dir. Ancak bu sistemin yavaş işlemesinin yanı sıra maliyetinin de yüksek olması sebebiyle PCR odaklı moleküler markörlerin geliştirilmesi süreci başlamıştır (Tanskley vd., 1989). Daha sonra AFLP, SSR, RAPD ve ISSR gibi diğer PCR'a dayalı teknikler geliştirilmiştir ve yoğun olarak kullanılmaktadır.

Birçok araştırmaya göre ISSR ve RAPD tekniklerinin maliyet olarak, SSR ve AFLP işaretleyicilerinin polimorfizm oranı olarak, ISSR, SSR, RFLP ve AFLP işaretleyicilerinin ise tekrarlanabilirlik olarak avantajlı özelliklere sahip olduğu belirlenmiştir. Bu avantajlara ek olarak ISSR, SSR ve RAPD tekniklerinin her birinin çalışılacak laboratuvar olanağı göz önüne alındığında; radyoaktif madde kullanımı olmadığı ve çalışma koşulların kısıtlı olduğu bazı laboratuvarlarda rahat kullanılabilecek yöntemler olduğu bildirilmiştir (Belaj vd., 2003; Kwon vd., 2004; Rana ve Bhat, 2004).

ISSR tekniğinde kullanılmakta olan primerlerle genomik lokuslar değişik bant büyüklüklerinde çoğaltılmaktadır. Bu primerler genel itibarıyla 3' veya 5' uçlarındaki son kısımlarda mikrosatellit bölgelerine uzanmakta olan 1–4 arası dejenere nükleotit içermekte ve uzunluğu 15–30 nükleotit arasında değişen yapıdadırlar. ISSR primerlerindeki GC (Guanin, Sitozin) oranının fazla olması bağlanma sıcaklığının da yüksek olmasına sebep olurken buna karşılık kararlı bağlanmayı sağlamaktadır. Bu nedenle her bir primerin DNA'ya olan yapışma sıcaklığı, içerikteki baz kombinasyonlarına göre belirlenmektedir. Çoğaltılan ürünler genellikle 200–2000 baz çifti arası uzunluktadır. ISSR'lar dominant markörlerdir. Dizi bilgisi gerektirmeden

primer dizaynı yapılabilmesi de avantajlarından biridir (Joshi vd., 2000). Yüksek polimorfizm ve yüksek üretkenlik göstermesi de ISSR analizlerini gen haritalama, taksonomi ve genetik benzerlik çalışmalarında uygulanabilir kılmaktadır (Zietkiewicz vd., 1994).

Moleküler markör metotları içerisinde ISSR (Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm)'lar kullanım avantajları sayesinde yaygın olarak tercih edilir. PCR'a dayalı mikrosatellitleri de içine alan; etkili, hızlı ve basit bir teknik olan ISSR, bir tür için öncül DNA sekansına ihtiyaç duymadan başlangıç genotipleme bilgileri sağladığı için kullanışlı bir seçenektir. ISSR'da kullanılan primerler uzun olduğundan dolayı sıkı bağlanma gerçekleştirirler. Bu tekniğin tekrarlanabilirliği uzun primer yapısına sahip olması sebebiyle yüksektir (Reddy vd., 2002). Bu tekniğin birçok bitki türünde filogenetik çalışmalarda; populasyon içi-populasyonlar arası / tür içi-türler arası genetik varyasyon çalışmalarında ve aynı zamanda genetik haritalarının oluşturulmasında yaygın olarak kullanıldığı görülmüştür (Blair vd. 1999; Joshi vd., 2000; Galván vd., 2003; Belaid vd., 2006; Wang vd., 2008; Arif vd., 2009; Arslan ve Tamkoç, 2011; Jena vd., 2015; Zhao vd., 2016; Babayeva vd., 2018; Duarte vd., 2018; Gomes vd., 2018; Jamal vd., 2018; Jedrzejczyk, 2018; Jedrzejczyk ve Rewers, 2018; Pourhosseini vd., 2018; Yi vd., 2018; Afonso vd., 2019; Andiego vd., 2019; Azizi vd., 2019; Solano vd., 2019; Ismail vd., 2019).

ISSR tekniği, ters doğrultularda konumlanmış iki özdeş mikrosatellit tekrar bölgesinin kendi arasında amplifiye edilebilir uzaklıkta var olan DNA paçasının amplifikasyonunu kapsamaktadır. Primer olarak bu teknikte genellikle 16-25 baz çifti uzunluğundaki mikrosatellitler kullanılmaktadır. Tek primerli PCR reaksiyonunda, farklı boyutlardaki ISSR dizilerini amplifiye etmek için çoklu genomik lokuslar hedef alınır (Reddy vd., 2002).

ISSR'lar basit Mendel kalıtım şemasını takip eden dominant markörlerdir. Ancak bazı durumlarda ise kodominant ayrıldığı görülmüştür. Bu nedenle homozigot ve heterozigotu ayırabilmektedir. Mikrosatellitlerdeki evrimsel değişim diğer DNA tiplerine oranla oldukça yüksektir, yani bu dizilerdeki polimorfizm olasılığı daha yüksektir. ISSR'lardaki bu değişkenliğin kaynağı olan kalıp DNA, kullanılan primerlerin doğası veya tespit yöntemlerinden biri ya da birkaçının kombinasyonu olabilir (Reddy vd., 2002).

Mikrosatellitlerdeki polimorfizmleri tespit eden ISSR marker sistemi, az miktarda DNA şablonu gerektiren düşük maliyetli bir sistemdir (Zietkiewicz vd., 1994). Bu sistem çok sayıda bileşen ve yeniden üretilebilirlik çıkısına sahiptir (Martín ve Sánchez-Yélamo, 2000). Bu sistemdeki primerler genellikle dejenere 3' ucu tarafından tekrarlanan bir dizi aralığına dayanmakta ve ayrıca diziyi iki mikrosatellit arasında yükseltmektedirler (Bornet ve Branchard, 2001).

Gen hedefli markörler ise genlerin ekson, intron veya promotör bölgelerinden, gen fonksiyonları ile doğrudan ilişkili olabilecek polimorfizmleri üretmektedir (De Keyser vd., 2009). Gen hedefli markörlerin bazıları; SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), TRAP (Target Region Amplified Polymorphism) (Hu ve Vick, 2003), SCoT (Start Codon Targeted) (Collard ve Mackill, 2009) CDDP (Conserved DNA-Derived Polymorphism) (Collard ve Mackill, 2009) ve CDBP'dir (CAAT Box Derived Polymorphism) (Singh vd., 2014).

SCoT markörleri, gen hedefli markörlerin üretimi için Collard ve Mackill (2009) tarafından geliştirilen basit ve güvenilir markörlerdir. Diğer markör sistemlerine kıyasla, SCoT markörleri bitkilerde biyolojik özellikler ve evrensellik hakkında daha fazla bilgi sağlamaktadır. Aynı zamanda sıra dizisi tekrarını veya rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA'yı andırmaktadır ve hedef gen ile yakın bağlanma avantajına sahiptir (Collard ve Mackill, 2009). Bu tekniğin de birçok bitki türünde filogenetik çalışmalarda kullanıldığı ve bu çalışmalardan verimli sonuçlar alındığı görülmüştür (Luo vd., 2010; Bhattacharyya vd., 2013; Huang vd., 2014; Rathore vd., 2014; Zeng vd., 2014; Deng vd., 2015; Yadav ve Malik 2016; Aboulila ve Mansour 2017; Feng vd., 2018; Jalilian vd., 2018; Kobeissi vd., 2018; Agarwal vd., 2019; Golkar ve Nourbakhsh 2019; Ali vd., 2020).

SCoT tekniği, RAPD veya ISSR tekniği gibi ileri ve geri primer olarak tek bir primer kullandığından tek primer amplifiye bölge prensibine dayanır. Bununla birlikte, SCoT primerleri kullanılarak PCR amplifikasyonu, her iki DNA şeridinde ATG başlatma kodonunu çevreleyen bölgeleri hedefler (Yadav ve Malik, 2016). SCoT dominant bir marker tekniğidir (Collard ve Mackill, 2009).

SCoT tekniği, genetik olarak çeşitli bir dizi genotip ve arka çapraz populasyonlar kullanılarak ilk olarak çeltikte doğrulanmıştır. Bağlama sıcaklığı 50 °C

olan ve 18 bazdan oluşan bu primerler ATG'nin yan sekanslarındaki polimorfizmleri tespit etmek için kullanılırlar. Bu marker sistemi, incelenen sekans hakkında önceden bilgi gerekmez. Tekrarlanabilir, güvenilir, verimli ve kullanımı kolaydır. Bitkilerdeki genetik ilişkileri değerlendirmek için birçok kez kullanılmıştır. Bitki ıslahı, genetik ilişkilere erişim ve QTL haritalaması için faydalıdır (Sankhla vd., 2015).

Sonuç olarak ISSR ve SCoT primerlerinin, polimorfizmin saptanması için yüksek tekrarlanabilirlikleri ve büyük güçleri nedeniyle genetik çeşitlilik çalışmalarında yararlı olduğu kanıtlanmıştır (Guo vd., 2012; Hamidi vd., 2014).

Biyotik ve abiyotik faktörler nedeniyle, yerel genotipler zaman içerisinde genetik değişikliklere uğramış ve yüzyıllardır temel tarımsal üretimin kaynağını oluşturmuştur (Zeven, 1998; Camacho vd., 2006). Bu nedenle, yerel genetik kaynakları toplamak ve sürdürmek ve bunları uygun şekilde değerlendirmek önemlidir. Defne genetik kaynaklarının moleküler düzeyde teşhisi, Türkiye'de yapılacak defne ıslahı faaliyetleri açısından önemlidir. Bu önemli mahsulün genetik çalışmaları yetersiz kaldığından, ihmal edilmiş ürün veya yetim ürün sınıfında yer almaktadır.

Bilindiği üzere, defne bitkisinin doğal populasyon içerisinde genetik çeşitliliği mevcut olup çok farklı özellikler barındırmaktadır. Populasyon içinde yer alıp pek çok özellik bakımından farklılık gösteren bitkilerin yaprak özellikleri farklı olduğu gibi, uçucu yağ içeriklerinin de farklı olduğu bilinmektedir. Diğer taraftan, dioik bir bitki olan defnenin dişi ve erkek ağaçlar arasında özellikler bakımından bir fark olup olmadığı da yeterince araştırılmamıştır. Ekonomik önemi yüksek olan bu bitki türünün, istenen özelliklere sahip ağaçlarının belirlenerek hızlı bir şekilde çoğaltılabilmesi, ülkemize ekonomik ve sosyal faydalar sağlayacaktır (Boza, 2011).

Ülkemizdeki defne genetik kaynaklarının ıslah çalışmalarında yeterince değerlendirilememesi, mevcut zenginliğin yapılacak araştırmalarla ortaya çıkarılması, bunların yeni çeşit geliştirme ve alternatif tarım sistemlerinde kullanılması oldukça önem taşımaktadır. Bu çalışmanın temel amacı ülkemizin farklı bölgelerinden toplanmış olan yerel defne genotiplerini moleküler yönden tanımlamaktır. Yerel defne genotiplerinin, DNA düzeyinde genetik çeşitliliğinin ayrıntılı bir şekilde

tanımlanması, arzu edilen yüksek verimli ve kaliteli defne çeşitlerinin ıslahına imkân sağlayacaktır.

Defne bitkisinin ıslahı üstün kaliteli tiplerle yapılmalıdır. Bu da ancak uzun yıllar alabilecek bitki ıslahı çalışmaları ile mümkündür. Bitki ıslah programlarında sürenin kısaltılması moleküler markörlerden yararlanarak uygulanan biyoteknolojik yöntemlerin en önemli başarısıdır. Bu çalışma ile Türkiye’de bulunan defne genotiplerinin genetik çeşitliliği ve genetik yapısı kapsamlı bir şekilde araştırılmıştır.

Bu çalışma ile genel olarak;

- 1) Defne genotiplerinin ve mevcut varyasyonlarının moleküler düzeyde tanımlaması yapılmıştır.
- 2) Genotipler arasındaki varyasyonların nedenleri ve bitkilerin genetik yapıları araştırılmıştır.
- 3) Bu varyasyonlardan yararlanarak ileride yapılacak ıslah çalışmalarına temel oluşturulmuştur.
- 4) Defne tiplerinin genetik potansiyelleri belirlenerek bu potansiyelin amaca uygun yönlendirilmesini sağlamak amacıyla, ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) ve SCoT (Start Codon Targeted) markörleri kullanılarak moleküler düzeyde karakterizasyon işlemi yapılmıştır.

Defne bitkisi ülke ekonomisinde önemli bir yer tutmaktadır. Yoğun iç ve dış talebi karşılamak adına yüksek miktarda doğal yetiştirme alanından faydalanılmaktadır. Diğer tıbbi ve aromatik bitkilerde olduğu gibi defne bitkisinde de yaprak uçucu yağı oranı ve bileşenlerinin birçok faktöre (ontogenetik, morfogenetik, diurnal varyabiliteler) göre varyasyon gösterdiği aşikardır. Bu sebeple defne genotipleri üzerinde yürütülecek olan genetik mesafe çalışmaları sayesinde, doğru genotip tespiti ile en uygun bitkiler üzerine çalışmalar yapılabilir.

Bu çalışma ile ülkemiz florasında yayılış gösteren defne (*Laurus nobilis* L.) popülasyonlarından tedarik edilen genotiplerin moleküler karakterizasyonu, coğrafi bölgelere ve lokasyonlara göre yorumlanmış ve ülkemizde bulunan defne bitkisi varlığının geniş çaplı genetik farklılık çalışması ortaya konulmuştur. Bu vesile ile bu araştırma; önemi vurgulanmış ve tehlike altında olabilecek defne genotipleri için de

temel bir alıřma nitelięi tařımaktadır. Defne genotiplerinin korunması, defne yayılıř alanlarında srdrlebilirlięin saęlanması, genetik varyasyonun ve stabilitenin saęlanması adına yrtlen bu alıřma; ileri ıslah yntemlerine ıřık tutacak ve kaynak teřkil edecektir.



2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

2.1. Defne ile İlgili Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları

Arroyo-Garcia vd. (2001) AFLP markörleri kullanarak 14 adet *L. nobilis* ve *L. azorica* genotipindeki genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Fransa ve İtalya'dan tedarik edilen genotiplerin İberyadan alınan genotipler ile düşük benzerlik, Kanarya Adaları'ndan alınan genotipleri ile yüksek benzerlik gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Rodriguez-Sanchez vd. (2009) paradigmatik bir ağaç olan *Laurus nobilis*'in tarihsel çeşitlilik değişimlerini araştırmışlardır. 'Akdeniz Havzası', 'Karadeniz' ve 'Makaronya Takımadaları' bölgelerindeki 57 *Laurus nobilis* ve *Laurus azorica* popülasyonlarında plastid DNA dizilerini (cpDNA) analiz etmişlerdir. Araştırma sonucunda 3 farklı kuşak (1. Türkiye ve Yakın Doğu 2. Ege Bölgeleri 3. Tüm Makaronya ve Orta ve Batı Akdeniz popülasyonları) ortaya çıkmış ve *L. nobilis*'in batı popülasyonları ile *L. azorica*'nın Makaronya popülasyonları arasında yakın bir ilişki bulunmuştur.

Arroyo vd. (2010) ATG, AAC, GA ve CA dizileri ile zenginleştirilmiş genom kütüphaneleri kullanarak 20 polimorfik nükleer mikrosatellit geliştirmişlerdir. Ayrıca geliştirdikleri bu 20 mikrosatellitin, *L. nobilis* ve *L. azorica* türlerinde bölgesel ve yerel genetik çeşitlilik seviyelerini belirlemek ve gen akışını tespit etmek için kullanılabileceğini tespit etmişlerdir. Popülasyonlardaki tetraploidi durumları göz önüne alındığında, alel frekanslarını ve genetik çeşitliliği hesaplamak için verileri hem dominant lokus hem de codominant genotipik veriler olarak analiz etmişlerdir. Netice olarak Akdeniz havzasından aldıkları 37 *L. nobilis* genotipi örneğinden 196, Makaronya adasından aldıkları 22 *L. azorica* genotipi örneğinden ise 222 adet alel bulmuşlardır.

Kavaklı (2012) 27 RAPD markörü kullanarak, Urla, Dilek Yarımadası ve Karaburun bölgelerinden 54 adet yerel defne türünde genetik çeşitliliği araştırmıştır. RAPD markörlerinin defne genotiplerindeki genetik çeşitliliği araştırmak için uygun olduğunu bildirmişlerdir. Çalışma sonunda SSR ve AFLP gibi diğer markör sistemlerinin de defne tiplerinde denenmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

Hajyzadeh vd. (2013) 40 defne genotipi arasındaki genetik farklılıkları belirlemek için 12 SSR markörü kullanmışlardır. Çalışmalarının sonucunda filogenetik olarak iki ana gruba dağılımı elde edilmiştir. Gruplar içindeki çözünürlüğün yetersiz olduğunu ve bu nedenle daha fazla filogenetik analize ihtiyaç duyulduğunu bildirmişlerdir.

Mohamed vd. (2016) 13 ISSR markörü kullanarak, Mısır'da yetişen 8 Lauraceae taksonunu genotipleme ile incelemişlerdir. Çalışma sonunda, laurus türleri ile iki persea türü arasında yakın bir ilişki bulunmuştur. Ayrıca, SCoT, SCAR ve STS gibi moleküler markörlerin daha iyi sonuçlar için test edilmesi gerektiğini önermişlerdir.

Bulut vd. (2018) 6 SSR markörü kullanılarak yaptıkları çalışmada, Hatay ilinden 95 adet defne genotipini araştırmışlardır. Araştırma sonucunda genotipler arasındaki benzerlik oranı düşük bulunmuştur. Bu nedenle bu çalışma ile Hatay'daki genetik çeşitliliğin önemi ortaya konulmuştur.

Karık vd. (2019)'nin Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda Türkiye'nin 26 ilindeki 94 adet defne genotipinde 13 adet iPBS-Retrotranspozon markörü kullanarak genetik çeşitliliği tespit etmek adına yürüttükleri çalışmada 195 adet skorlanabilir banttan 164'ünü polimorfik olarak tespit etmişlerdir. Bu vesile ile elde ettikleri polimorfizm oranı %84,1'e ve primer başına ortalama polimorfik bant sayısı da 12,61'e tekabül etmektedir. Araştırma bulgularına göre en uzak genetik mesafe (0,607) Çanakkale1 (Çanakkale/Küçükkuyu/Mıhlı) ile Mersin1 (Mersin/Toroslar/Musalı) lokasyonları arasında tespit edilmiştir. En yakın genetik mesafe ise (0,089) Zonguldak3 (Zongudak/Merkez/Kozlu) ile Bartın3 (Bartın/Merkez/Karasu) arasında tespit edilmiştir. Ayrıca ortalama gen çeşitliliği (H) 0,22, ortalama Shannon indeksi (I) 0,35 ve ortalama etkili alel sayısı da (NE) 1,36 olarak bulunmuştur. Bayesian kümeleme analizi sonrasında da bütün genotipler Populasyon A ve Populasyon B olmak üzere 2 grup altında toplanmıştır. Populasyon A grubu genel olarak Marmara, Karadeniz ve Ege bölgesi genotiplerini içermekte olup Populasyon B grubunda da Akdeniz bölgesi genotiplerinin çoğunluğu bulunmaktadır. UPGMA kümeleme analizinde de Akdeniz bölgesi genotipleri 0,24 genetik çeşitlilik (H) değeri ile en fazla genetik çeşitlilik gösteren bölge olmuştur. Çalışmada sonuç

olarak elde edilen bilgilerin, defne germplazmasındaki genetik ilişkilerin daha derin anlaşılması, referans koleksiyonunun oluşturulması ve uygun üreme ve koruma stratejilerinin belirlenmesinde kullanılabileceğinden emin olunduğu belirtilmiştir.

Sevindik (2019) ISSR tekniğini kullanarak, Ege Bölgesi'nde 7 defne popülasyonunun genetik çeşitliliğini araştırmıştır. Sonuç olarak, polimorfizm oranının düşük olduğunu, farklı markörler ve daha fazla takson kullanarak daha güvenilir sonuçlar elde edilebileceğini önermiştir.

2.2. ISSR ile İlgili Çalışmalar

Joshi vd. (2000)'nin yaptıkları çalışmada farklı orijin bölgelerine sahip 28 adet yabani çeltik genotipinin olduğu toplam 49 çeltik (*Oryza sativa* L.) türünde 30 ISSR primeri kullanarak çeltik türleri arasında genetik çeşitlilik ve akrabalık ilişkilerini incelenmişlerdir. Kullanılan 30 primerin %60'ı amplifikasyon gösterirken, sadece %40'ında polimorfik bant görülmüştür. Yapılan analizlerde kullanılan yüksek polimorfizm oranına sahip 11 adet primerden 302 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Elde edilen sonuçlar değerlendirilmiş, ISSR markörlerinin, genom/tür/çeşit için potansiyel parmak izi tanımlamada güçlü bir araç olduğu ifade edilmiştir.

Belaid vd. (2006) ISSR tekniği kullanarak *Lathyrus* cinsinde genetik farklılıkları ortaya koymak için yaptıkları çalışmada, *Lathyrus* seksiyonundaki *Lathyrus cicera* ve *Lathyrus sativus* ile *Clymenum* seksiyonundaki *Lathyrus ochrus* türlerini incelemişlerdir. Çalışmada 5 ISSR primeri kullanılmış ve 60 polimorfik bant tespit edilmiştir. Ayrıca *Clymenum* seksiyonunda 500 bp uzunluğuna tekabül eden bandın bulunmadığını tespit eden araştırmacılar, elde ettikleri bulgularla mürdümükte türler arası ve tür içi yüksek polimorfizm seviyesi bulunduğunu bildirmişlerdir.

Arif vd. (2009) tarafından yapılan çalışmada Hindistan'ın farklı lokasyonlarından toplanan 22 adet Hint Gül Ağacı (*Dalbergia sissoo*) popülasyonu arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için 15 ISSR primeri kullanmışlardır. 22 genotipten elde edilen genomik DNA'nın PCR'da çoğaltılmasıyla elde edilen ürünlerden 117 bant elde edilmiş, bu bantların 64 adedinin polimorfik bant olduğu (polimorfizm oranının %54,7) belirtilmiştir. Yapılan biyoinformatik analizi sonucunda Hint Gül Ağacı popülasyonları UPGMA dendogramında 4 alt kümeye ayrılmıştır.

Araştırmada kullanılan ISSR markör tekniğinin, Hint Gül Ağacı'nın 22 genotipi arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için etkin olduğu sonucuna varılmıştır.

Arslan ve Tamkoç (2011) Dar salkımotu (*Poa angustifolia*) ve Adi salkımotu (*Poa trivialis*) bitkileri arasındaki genetik ilişkiyi saptamak amacıyla yaptıkları çalışmada 20 adet ISSR primeri kullanmışlardır. Jel görüntülerinden toplam 401 bant olduğu ve bunun 363 adetinin polimorfik bant olduğu tespit edilmiştir. Elde edilen polimorfik bantların polimorfizm oranı %90,52 olarak bulunmuştur. Bazı ISSR primerlerinin türler arasında ayrımı sağlamak için en elverişli primerler olduğu görülmüştür. Elde edilen sonuçlar ISSR'ın morfolojik görünüme bağlı olarak ortaya çıkan farklılıklardan ziyade bölge içi farklılıkları göstermede daha avantajlı olduğunu ortaya koymuştur. Bu sonuçların sistematik çalışmalara katkıda bulunabileceği ve bitki ıslahı ile uğraşan insanların istedikleri genotipleri daha kolay ve daha güvenli bir şekilde seçmelerine yardımcı olabileceği bildirilmiştir. Bir tür içindeki farklı genotiplerin seçilmesinin, başarılı bir ıslah programının şansını arttırdığı da ifade edilmiştir.

Jena vd. (2015) Hindistan'daki iki doğal populasyon ve bir ex-situ ortamdan alınan 55 adet *Merope angulata* populasyon örneği ile yürüttükleri çalışmada ISSR ve AFLP markörlerini kullanmışlardır. Hem AFLP hem de ISSR markörlerinin birleşik analizi, türlerde düşük polimorfizm (%42,93), orta derecede heterozigotluk ve shannon indeksi ($H=0,393$ / $I=0,571$) ortaya çıkarmıştır. 55 populasyon arasındaki Jaccard benzerlik katsayıları 0,16 ile 0,74 arasında bulunmuştur (ortalama 0,43). STRUCTURE analizindeki Bayesian yöntemine göre ise 2 adet grup tespit edilmiştir. *Merope angulata* bitkisi için ilk defa moleküler çalışma özelliği taşıyan bu araştırmada populasyonlar arasında tespit edilen yüksek gen akışı, bu bitkinin herhangi bir genetik kayma ile karşılaşmadığını ve bu nedenle lokal genetik farklılaşma ve populasyon farklılaşması olmadığını göstermiştir.

Duarte vd. (2018) *Jatropha curcas* ile diğer *jatropha* türleri arasında tohum ve yağ verimleri yüksek atarlardan sentetik melezleme ile oluşan 6 adet projeni arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için yaptıkları çalışmada 20 ISSR primeri kullanılmış ve 177 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Yüksek oranda heterosis oluşturmak için aynı populasyondan seçilen bireylerin arasından biparental çaprazlamayla oluşan yeni rekombinantların arasındaki genetik farklılığın yüksek olması istenmiştir. ISSR

moleküler markör tekniği kullanılarak yapılan bu çalışmada 6 adet projeni arasında düşük genetik farklılık olduğu tespit edilmiş, ancak çalışmada 1. aileye ait kalımların en farklı olduğu ve ileride yapay hibrit elde etmede kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Gomes vd. (2018) bir biyodizel kaynağı olarak önemli bir potansiyele sahip olan ve farklı bölgelerden elde edilen 97 adet Kurkas *Jatropha curcas* (Euphorbiaceae) populasyonu üzerinde yürüttükleri çalışmada populasyonlar arasındaki genetik farklılığın belirlenebilmesi için 100 ISSR markörü arasından seçilen 11 adet ISSR primerini kullanmışlardır. Populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için kullanılan 11 adet primer ile 307 adet bant elde edilmiş, bu bantların 294 adedinin (%95,76) polimorfik bant olduğu jel görüntüleme analizlerinde belirlenmiştir. Kurkas populasyonlarının biyoinformatik programlar ile yapılan analizlerde UPGMA dendogramında 4 alt kümeye ayrıldığı görülmüştür. Yapılan Structure analizinde K=4 değeri tespit edilmiştir. Ayrıca araştırmacılar tarafından seçilen ISSR markörlerinin varyasyon ve populasyon yapısının ortaya çıkarılmasında çok etkili olduğu tespit edilmiştir.

Jamal vd. (2018) tarafından yapılan çalışmada kereste ve doğal lif ürünlerinde yaygın olarak kullanılan ağaç türü olan *Duabanga moluccana* populasyonlarının devamlılığının belirlenmesi amacıyla 3 doğal orman alanından alınan yaprak örnekleri ile *D. moluccana* türünün genetik çeşitliliğini belirlemek için 3 adet ISSR primeri kullanılmıştır. Çalışmada 73 adet polimorfik bant elde edilmiş ve polimorfizm oranının ortalama %87,67 olarak tespit edildiği görülmüştür. Ayrıca *D. moluccana*'nın genetik çeşitliliğinin, diğer orman ağacı türleriyle karşılaştırıldığında orta derecede yüksek olduğunu bildirmişlerdir.

Jedrzejczyk (2018) tarafından önemli morfolojik farklılıklar ve uzak türler arasında doğal hibridizasyon olması nedeniyle, türler arasında karmaşık taksonomiye ve geniş bir genetik varyasyona sahip olan *Origanum* cinsi bitkilerde akrabalık ilişkilerini belirlemek için yapılan çalışmada 16 ISSR primeri kullanılmıştır. 10 adet *Origanum* aksesyonu arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için kullanılan 16 adet primer ile toplam 232 adet çoğunluğu polimorfik olan bantlar elde edilmiş, bu bantların polimorfizm oranlarının ortalama %96 olduğu jel görüntüleme analizlerinde tespit edilmiştir. *Origanum* cinsleri arasındaki ilişkiler genetik mesafe tahmini ve

dendrogram analizi ile yansıtılarak iki ana kümenin varlığını ortaya koymuştur. İlk küme, *O. vulgare*'nin bütün üyelerini gruplandırırken, iki tür; *O. majorana* ve *O. syriacum* ise ikinci küme içerisinde gruplanmıştır. En düşük genetik mesafenin (0,22), Polonya ve İsviçre'den gelen *O. vulgare*'nin iki üyesi arasında, en yüksek genetik mesafenin (0,52), *O. majorana* ve *O. vulgare* ssp. *gracile* ile *O. vulgare* ssp. *vulgare* (Macaristan); arasında olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca ISSR-PCR tekniğinden oluşan tanımlama sisteminin, *Origanum* cinsindeki genotipler için faydalı olduğu bildirilmiştir. Morfolojik özellikler ve yağ bileşimine dayanarak, *O. vulgare*'in alt türlerindeki taksonomik ayrımın ıslah programlarında kullanım potansiyelinin önemli bir sorun olarak görüldüğü ve bu nedenle, kekik bitkileri üzerinde kullanılabilecek moleküler markörlerin, çevresel koşullardan etkilenmedikleri için bu sorunun çözülebilmesinde umut verici olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Jedrzejczyk ve Rewers (2018) *Mentha* cinsinin sistematığı bazik kromozom sayısındaki değişkenlik, sık görülen spesifik hibridizasyon, sitomiks, morfolojide polimorfizm, farklı çevresel koşullar altında uçucu yağ kompozisyonu, kolonyal mutant yayılımı, poliploidi, anoploidi ve homorfazların oluşumu gibi nedenlerden dolayı çok karmaşık ve hala belirsiz olduğu için ISSR markörlerini kullanarak 18 türü gruplandırmışlardır. Yapılan filogenetik çalışma sonucunda 2 tür (*M. requienii* ve *M. smithiana*) hariç diğer tüm türler 7 grup oluşturmuştur. Bu çalışma, nane çeşitlerini geliştirmek üzere *Mentha* cinsindeki türlerin genetik çeşitliliği hakkında faydalı bilgiler sağlamaktadır.

Pourhosseini vd. (2018) araştırmalarında İran'da yabani olarak yetişen 20 adet *Perovskia abrotanoides* popülasyonu arasında genetik varyasyonu belirlemek amacıyla ISSR markör teknolojisini kullanmışlardır. Popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için 9 adet ISSR primeri kullanılmış ve 119 adet bant elde edilmiştir. Bu bantların 96 adedinin (%80,7) polimorfik bant olduğu jel görüntülemesi sonucunda tespit edilmiştir. Popülasyonlar arasındaki genetik benzerlik değerleri 0,07 ile 0,79 (yüksek bir genetik farklılık gösteren) arasında değişmiştir. *Perovskia* ssp. popülasyonları UPGMA dendrogramında 4 alt kümeye ayrılmıştır. Türler arasındaki genetik çeşitliliğin araştırılması, türlerin kökeni ve evrimi, germplazm kaynaklarının korunması, geliştirilmesi, kullanılması ve ıslahına yönelik çalışmaların temelini oluşturduğu sonucuna varılmıştır.

Yi vd. (2018) tarafından yürütülen çalışmada tarla şartlarından elde edilen poliploid ve diploid ıtır (*Pelargonium graveolens*) fidelerinin esansiyel yağ kimyasal bileşenlerinin aynı olduğu ancak poliploid bitkilerde bulunan geraniol, geranyl format ve linalool'un ana bileşenlerinin diploid fidelerinkinden oldukça yüksek olduğu belirtilmiştir. Çalışmada ISSR moleküler markörleri kullanılarak, iki farklı popülasyondaki diploid ve poliploid ıtır fideleri arasında genetik farklılıklar araştırılmıştır. 60 diploid ve poliploid fidenin genomik DNA'sı üzerinde 3 ISSR primerinin kullanıldığı ve iki popülasyonda yedi farklı varyasyon bulunduğu tespit edilen çalışmada varyasyon oranlarının diploid ve poliploid popülasyonları için sırasıyla %6,7 ve %13,3 olduğu tespit edilmiştir. Tarlalarda diploid ve poliploid fideler arasında belirgin bir fenotipik fark bulunmamasına rağmen, ISSR moleküler markörlerinin diploid ve poliploid fidelerinde mutasyonu ortaya çıkardığı görülmüştür. Bu veriler ile ıtır fidelerinde genetik farklılıkların moleküler markörler tarafından gözlemlenebileceği sonucuna varılmıştır. Ayrıca ISSR primerlerinin diploid fidelerdeki bireysel genetik farklılıkların poliploid fidelerinkinden daha büyük olduğunun tespit edildiği bu çalışmayla, bir popülasyondaki poliploid fidelerin nispeten üniform ve üretime uygulanabilir olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Afonso vd. (2019) tarafından Angola'nın farklı bölgelerinde (Cuanza Norte, Uige ve Malanje) yetişen Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) bitkilerinde varyasyon potansiyellerini belirlemek amacıyla yapılan çalışmada Angola Cassava popülasyonlarının genetik çeşitliliğini tespit etmek için 18 ISSR primeri (Basit Tekrarlanan Diziler arasında) kullanılmıştır. Çalışmada farklı bölgelerden alınan 3 popülasyondan toplam 40 genotip ile %93,24 oranında polimorfizm oranına sahip toplam 116 polimorfik bant elde edilmiştir. Çalışmada cassava popülasyonlarının yüksek heterozigotluk gösterdiği; bu sonucun kullanılan popülasyonların gen değişkenliğini tespit edebildiği ifade edilmiştir. Yapılan AMOVA istatistik analizinde, popülasyonlar arasında %10,41 ve popülasyon içlerinde %89,59'luk bir varyasyon olduğu tespit edilmiştir. PCoA (Ana Bileşen Analizi/Principal Component Analyses) sonuçlarında ise Malanje ve Cuanza Norte bölgelerinde en yüksek genetik çeşitlilik varyasyonu görülmüştür.

Andiego vd. (2019) Santalaceae familyasına ait, yaprak dökmeyen, kuraklığa dayanıklı, tropikal bir Afrika ağacı türü olan Sandal ağacı (*Osyris lanceolata*) popülasyonlarında (Kenya bölgesinde doğal olarak yetişen 7 bölgeden /Gwasii,

Baringo, Mt Elgon, Kitui, Wundanyi, Meru and Mau/ alınan örneklerde) genetik farklılığı belirlemek amacıyla yapılan çalışmada ISSR tekniğinden yararlanılmıştır. 6 adet ISSR primerinin kullanıldığı bu çalışmada polimorfik lokusların yüzdesi %51 (Wundanyi) ile %82 (Gwasii) arasında değişmekte olup, ortalama olarak %65'e tekabül etmiştir. Genetik çeşitliliği en yüksek olan populasyon Gwasii bölgesinden alınan örneklerde belirlenirken en düşük genetik çeşitliliğin Wundanyi populasyonunda saptandığı görülmüştür. Çalışmanın AMOVA sonuçları incelendiğinde genetik varyasyon %65 olarak tespit edilmiştir. Sonuç olarak, Gwasii, Mt Elgon ve Baringo populasyonlarının *in situ* koruma için tanımlanmasının gerektiği, *ex situ* koruma için ise tüm populasyonlardan iyi ağaçları hedef alarak seleksiyon yapılması gerektiği araştırmacılar tarafından ifade edilmiştir. Ayrıca bu araştırmada ISSR tekniğinin, türler içerisinde genetik çeşitlilik dizisinin korunması, yaşaması, adaptasyonu ve evrimi için gerekli olan genetik potansiyelin restorasyonunu sağlayabileceği belirtilmiştir.

Azizi vd. (2019) İran'ın farklı bölgelerinden topladıkları 19 farklı *Helichrysum* Mill. (Asteraceae) türünün 64 populasyonu arasında genetik çeşitliliği tespit etmek amacıyla 10 ISSR primerleri kullanılarak yaptıkları çalışmada 1145 adet polimorfik bant elde etmişlerdir. En yüksek polimorfizm oranı *H. armenium* türünde %54,7 olarak tespit edilmiştir. En yüksek genetik benzerlik (0,989) *H. armenium* ve *H. rubicundum* arasındayken, en düşük genetik benzerlik ise (0,213) *H. polyphyllum* ve *H. Graveolens* türleri arasında tespit edilmiştir. Yapılan çalışmayla elde edilen verilerin İran florasına uygun olduğu ve botanik sınıflandırmayla uygunluğu kanıtlanmıştır. ISSR tekniğinin tıbbi bitkilerin genomik DNA seviyesinde doğrulanması için etkin bir moleküler yöntem olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Ismail vd. (2019) Malezya adasında bulunan yedi bölgeden toplanan 57 adet *Etlintera elatior* populasyonu arasındaki genetik çeşitliliğin ve akrabalık ilişkilerin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada 11 ISSR primeri kullanmışlardır. Yapılan çalışmada 197 adet polimorfik bant elde edildiği, polimorfizm oranının %100 olduğu ve ampikon uzunluklarının 290 ile 4000 bp arasında olduğu bildirilmiştir. Her populasyon için polimorfik lokusların yüzdesinin %24 (Melaka) ile %79 (Terengganu) arasında değiştiğini, ortalamanın %52 olduğu, *Etlintera elatior* populasyonlarının UPGMA dendrogramında 7 alt kümeye ayrıldığı analiz sonuçlarında verilmiştir. *Etlintera elatior* populasyonları üzerinde yapılan bu ilk çalışma ile populasyonlar

arasında önemli derecede bir genetik çeşitliliğin olduğu ortaya koyulmuştur. Ayrıca en yüksek polimorfizmin tespiti ile bu çalışmada, SSR markör sisteminden sonra ISSR markör sisteminin de populasyon yapısını açıklamadaki gücü ispatlanmıştır.

Solano vd. (2019) tarafından 45 gün arayla donör bitkiden alınan alt kültürlerin *V.planifolia'* nın somaklonal varyasyonuna etkisi araştırılmış ve ISSR markörleri kullanılarak analiz edilmiştir. Çalışmada 10 adet ISSR primeri ile donör bitki ve 10 alt kültürden elde edilen DNA örneklerinden PCR sonucunda 118 adet polimorfik bant elde edilmiş ve 0-1 skorlaması yapılarak elde edilen dendogramda gruplar 2'ye ayrılmıştır. Daha az genetik farklılığı olan ilk grup, donör bitki ve 1-5 alt kültürleridir; ikinci grubun daha fazla genetik mesafeye sahip olduğu görülmüş ve 6-10 alt kültürlerinden oluştuğu tespit edilmiştir. Ayrıca araştırmadan elde edilen sonuçların ıslah programları için umut verici olduğu da bildirilmiştir.

2.3. SCoT ile İlgili Çalışmalar

Luo vd. (2010) 50 adet Mango germplazmasında 33 adet Start Codon Targeted (SCoT) markörü kullanılarak yapılan çalışmada mango populasyonlarının genetik çeşitlilik ve türler arasındaki ilişkisi analiz edilmiştir. Elde edilen 273 banttan 208'i (%76,19) polimorfik bulunmuş ve primer başına ortalama 8,27 bant tespit edilmiştir. Çalışmada SCoT markörleri kullanılarak mango aksesyonları arasında yüksek bir polimorfizm tespit edilebileceğini bildiren araştırmacılar, UPGMA kullanarak oluşturulan dendrogramda aksesyonların tümünün temel olarak altı kümeye ayrıldığını bildirmişlerdir. Sonuçlar değerlendirildiğinde yapılan bu çalışmanın, germplazmanın yönetimi ve mevcut ıslah stratejilerini geliştirmek için faydalı bilgiler sağlayacağı ve SCoT markör sisteminin, mango kültür bitkilerinin tanımlanması ve genetik çeşitlilik analizi için faydalı olduğu ifade edilmiştir.

Bhattacharyya vd. (2013) tarafından kuzeydoğu Hindistan'ın farklı bölgelerinden toplanan 60 adet yabani orkide (*Dendrobium nobile* Lindl.) genotipi ve 16 adet SCoT markörü kullanılarak yapılan çalışmada, yabani orkide genotiplerinde %92,62 oranında polimorfizm saptanmıştır. Yapılan kümeleme analizleriyle SCoT markörlerinin nesli tükenmekte olan orkide türlerinin genetik çeşitliliği hakkında etkin olduğu sonucuna ulaşılmıştır. SCoT markörleriyle orkide türlerinde yapılan çalışma araştırmacılar tarafından başlangıç noktası olarak görülmüştür.

Huang vd. (2014) tarafından bu çalışmada 86 çift eksprese edilmiş dizi etiketi SSR (EST-SSR) ve 45 başlangıç kodon hedefli polimorfizm (SCoT) primerinden sekiz çift EST-SSR primeri ve yedi SCoT primeri seçilmiştir. 6 *Hemarthria* çeşidinden elde edilen genomik DNA'lar kullanılarak toplam sekiz çift EST-SSR primerinin 193 bandı amplifiye edebildiği ve primer çifti başına ortalama 24,1 bant ürettiği, polimorfik bantların yüzdesinin %83,4 olduğu bildirilmiştir. 7 SCoT primerinden ise toplam 105 bant elde edildiği ve örnek başına ortalama 15 bant olduğu, polimorfik bant yüzdesinin de %84,8 olduğu ilave edilmiştir. EST-SSR ve SCoT markörlerinden aritmetik ortalama dendrogramlı kümeleme yönteminde, altı *Hemarthria* çeşidinin iki ana grupta ayrıldığı ve bu kümelerin bilinen türlerine ve kökenlerine uygun olduğu, sonuçların bu altı *Hemarthria* çeşidinde zengin bir genetik çeşitlilik gösterdiği, analiz edilen altı çeşit için bu sekiz çift EST-SSR ve yedi çift SCoT primerinin kullanılarak kolayca tanımlama yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Rathore vd. (2014) yaptıkları çalışmada önemli bir C4 bitkisi olan, mikroçoğaltım yöntemiyle çoğaltılan *Cleome gynandra* bitkisinden tesadüfi olarak 7 adet bitki seçmiş ve 15 adet yeni geliştirilen bir DNA markör tekniği olan, yani bitki gen bölgelerini hedefleyen başlangıç kodon hedefli (SCoT) polimorfik markörü kullanarak invitro çoğaltımın genetik stabilitesi üzerine araştırma yapmışlardır. Rejenere edilmiş bitkilerde ve ana bitkide herhangi bir polimorfizm tespit edilmemiştir. Bu sonuç *in vitro* alt kültüre alınarak yetiştirilen bitkilerde genetik varyasyon oluşmadığının göstergesidir. Sonuçlar değerlendirildiğinde SCoT tekniğinin, diğer bitki türlerinin mikro çoğaltılmış bitkilerinin genetik stabilite analizi için RAPD, AFLP, SSR veya ISSR gibi diğer primerlere alternatif olarak kullanılabileceği ifade edilmiştir.

Zeng vd. (2014) buğdaygiller familyasına ait farklı bölgeden elde edilen pas hastalığına dirençli 45 adet domuz ayrığı (*Dactylis glomerata* L.) bitkisinde genetik çeşitliliği incelemek üzerine yaptıkları çalışmada, kullandıkları 22 SCoT primeri ile UPGMA kümeleme algoritmasında 5 grup oluştuğunu bildirmişlerdir. Her bir primer için ortalama 12,59 bantla toplam 277 skorlanabilir bandı elde ettiklerini ve bu bantlardan 249'unun (%89,89) polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Sonuçları değerlendirdiklerinde çalışmada SCoT markör tekniğinin geleneksel ve rastgele ampikon oluşturan AFLP'ler, RAPD'ler ve SSR'ler yerine ıslah programlarını

bilgilendirmek için daha yararlı olduđu düşünölen “molekölör markör genler” olarak kabul edilebileceđi açıklanmıřtır.

Deng vd. (2015) yaptıkları çalışmada Çin'in Guangxi Zhuang Özerk Bölgesi'ndeki yerel ve dođal çeřitlerin genetik çeřitliliđini ve aralarındaki akraba iliřkisini belirlemek için bařlangıç kodon hedefli polimorfizm (SCoT) primerlerini kullanarak geniř kapsamlı bir çalışma yapmıřlardır. *Diospyros kaki* Thunb, *D. oleifera* Cheng, *D. kaki* var. *silverstris* Mak ve *D. lotus* Linn'e ait 95 *Diospyros* germplazmını Guangxi'deki farklı eko-iklim bölgelerinden toplayan arařtırmacıların SCoT markörleri kullanılarak molekölör karakterizasyon iřlemi yürüttükleri çalışmadan elde ettikleri sonuçlar ile; 95 *Diospyros* germplazmının SCoT markörleri kullanılarak ayırt edilebildiđini ve kümeleme analizi ile bu germplazmanın üç gruba ayrıldıđını ifade etmiřlerdir. Ayrıca çalışmada Guangxi'deki diospyros germplazm kaynaklarının geniř bir genetik geçmiře ve zengin çeřitliliđe sahip olduđu, ancak bazı kırsal çeřitlerin neslinin kaybolma tehlikesi altında olduđu ve bu durumun önlenbilmesi için ıřlah çalışmalarını hızlandırmak adına SCoT molekölör markörlerinin farklı bölgelerden katılımlar veya dođal popülasyonlar arasındaki genetik çeřitliliđin deđerlendirilmesine yardımcı olduđunu bildirmiřlerdir.

Yadav ve Malik (2016) tarafından Kuzey Hindistan'daki farklı bölgelerden 14 adet rezene (*Foeniculum vulgare*) genotipi üzerinde genetik çeřitlilik ve akraba iliřkilerini belirlemek için toplam 35 SCoT primeri kullanarak yürüttölen çalışmada 240'ı polimorfik olan toplam 256 bant (primer bařına 7,0 bant) elde edildiđi ve polimorfizm oranının %85,69 olduđu ifade edilmiřtir. Filogenetik iliřkiyi saptamak için yapılan çalışmada SCoT verileri ile oluřturulan dendrogram sonucunda 14 genotip iki ayrı alt kümeye ayrılmıř ve kullanılan gen hedefli markörlerden olan SCoT primerlerinin *Foeniculum vulgare* gibi tıbbi bitkilerde genetik çeřitliliđin karakterizasyonu için çok etkili olabileceđi sonucuna varılmıřtır. En eski tıbbi bitkilerden biri olan ve uzun zamandır hem tıbbi hem de baharat bitkisi olarak kullanılan rezene genotiplerinde mevcut olan ve gen bazlı markörler tarafından gösterilen çeřitliliđin rezene bitkisinin gelecekteki molekölör ıřlah programlarında arzu edilen özelliklere sahip genotiplerin seřilmesi adına daha güvenilir olacađı bildirilmiřtir.

Feng vd. (2018) tarafından anti-oksidan, anti-enflamatuar ve anti-kanser etkileri gibi çeşitli farmakolojik aktiviteleri olan çoğu sıtma, romatizma, hepatit, astım ve kanser tedavisi için kullanılan, Çin şifalı bitkileri arasında önemli bir yeri olan ve süs bitkisi türleriyle benzer morfolojik özellikleri nedeniyle kolayca karıştırılan, bu nedenle sıkça kullanımı olup ve korunması engellenemeyen *Physalis* türüne ait toplamda 20 genotipte 36 adet SCoT markörü kullanılarak moleküler karakterizasyon çalışması yapılmıştır. Bu çalışmada geliştirilen spesifik primer çiftleri, spesifik amplikonun sadece hedef *Physalis* türlerinde mevcut olduğunu açıkça görülürken, diğer hedef olmayan *Physalis* türlerinde amplifikasyonun gözlenmediği açıkça belirtilmiştir. Ortaya çıkan spesifik SCAR primerlerinin ise *Physalis* türlerini hızlı ve güvenilir bir şekilde taramak için kullanılabilecek güçlü araçlar olduğu belirtilmiştir.

Kobeissi vd. (2018) tarafından yapılan çalışmada gülün ardından ekonomik açıdan en önemli kesme çiçekler arasında ikinci sırada yer alan ve geleneksel tıbbın farklı yönlerinde önemli kabul edilen 32 Krizantem (*Chrysanthemum morifolium*) çeşidinin genetik çeşitliliği belirlemek istenmiştir. Çalışmada 30 basit sekans tekrarı (SSR) ve 8 başlangıç kodon hedefli polimorfizm (SCoT) markörü kullanılmıştır. İki markör tekniği tarafından benzerlik matrisleri arasında pozitif anlamlı bir korelasyon elde edildiği SSR ve SCoT markörleri için ortalama PIC değerlerinin sırasıyla 0,37 ve 0,34 olduğu ve her iki marker sistemi için oluşturulan kümelendirme analizi sonuçlarının genotipleri dört kümeye ayırdığı tespit edilmiştir. Ayrıca krizantem genotiplerinin parmak izinde SSR ve SCoT markörlerinin etkinliğinin nispeten aynı olduğu ve bu sonuçların germplazmın korunmasında ve *C. morifolium*'un yetiştirme programlarının genetik tabanının arttırılmasında kullanılabileceği bildirilmiştir.

Agarwal vd. (2019) tarafından ticari çiçekçilik, parfümeri, sabun, kozmetik, reçel, jöle ve uçucu yağ üretimi alanında fazlaca kullanılan ayrıca inter-spesifik hibridizasyon nedeniyle, çiçeklerinde büyüklük, şekil ve renk gibi ayırt edici özellikler ortaya çıkan Gül cinsi üzerine yapılan çalışmada; SCoT markörleri ile 29 gül aksesyonunda genetik varyasyonun tanımlanmasının ve karakterizasyonunun yapılması amaçlanmıştır. Çalışmada kullanılan 36 SCoT primerinin 32'sinde toplam 299 adet polimorfik bant elde edilmiş, amplikon uzunluklarının ise 150 bp ile 1,2 kb arasında olduğu ve 29 farklı Gül türünden oluşturulan dendrogramda 2 adet ana grup elde edildiği bildirilmiştir. 29 farklı Rosa germplazmasında genetik polimorfizm hakkındaki ilk rapor olan bu çalışmada yüksek polimorfizm, yüksek tekrarlanabilirlik,

düşük maliyet, kolay erişim ve zaman tasarrufu gibi bazı özellikleri ile SCoT primerlerinin çeşitli Rosa germplazmaları arasındaki genetik ilişkiyi incelemek için oldukça güvenilir ve uygun primerler olduğu sonucuna varılmıştır.

Golkar ve Nourbakhsh (2019) yürüttükleri çalışmada dünyanın farklı coğrafi bölgelerinden elde ettikleri 30 adet çörek otu (*Nigella sativa* L.) koleksiyonunda 12 adet SCoT primeri kullanarak çörek otu bitkisinin populasyon yapısı ve genetik çeşitliliği üzerine çalışmışlardır. 30 adet çörek otu koleksiyonunun tarla şartlarında tesadüf blokları deneme desenine göre yetiştirildiği bu çalışmada 8 adet morfolojik parametre (bitki boyu, bitkide kapsül sayısı, kapsül çapı, kapsülde tohum sayısı vb) alınmış ve sonuçlar istatistik analizlerde değerlendirildiğinde çeşitler arasında önemli farklılıklar çıkmıştır. Çalışmanın moleküler ayağında ise STRUCTURE analizi sonrasında populasyon 4 ana gruba ayrılmış ve polimorfizm oranı %81,75 olarak belirlenmiştir. Ayrıca hem SCoT markörlerinin denendiği hem de morfolojik özelliklerin tespit edildiği bu çalışmanın, çörek otu bitkisiyle gelecekte oluşturulacak populasyon yapısı, genetik ve bağlantı haritası analizlerini amaçlayanın araştırmacılar için faydalı bilgiler sağlayacağı bildirilmiştir.

2.4. ISSR ve SCoT Primerlerinin Birlikte Kullanıldığı Çalışmalar

Gorji vd. (2011) tarafından yapılan çalışmada 3 farklı moleküler markör tekniği kullanılmış (RAPD, ISSR, SCoT) ve farklı ülkelerden elde edilen 24 adet tetraploid patates bitkisinde genetik çeşitlilik üzerine çalışılmıştır. Çeşitler için SCoT, ISSR ve RAPD primerleri kullanılarak üretilen tespit edilebilir polimorfik bantların sayısının toplam genotiplerden daha fazla olduğu ve SCoT markör tekniğinin diğer tekniklere kıyasla polimorfizm bilgi içeriğine göre değerlendirildiğinde daha bilgilendirici olduğu tespit edilmiştir. Genotipler arasındaki ortalama polimorfizm yüzdesi en yüksekten en düşüğe sırasıyla SCoT primerlerinde %61, ISSR primerlerinde %47 ve RAPD primerlerinde %31 olarak saptanmıştır. Diğer analizler değerlendirildiğinde, SCoT, ISSR ve RAPD markörlerinin verimliliğinin genotiplerin parmak izlerinin nispeten aynı olduğu, ancak SCoT analizinin patates çeşitlerinin parmak izlemesinde daha etkili olduğu ifade edilmiştir.

Etminan vd. (2016) yüksek ekonomik değeri ile tüm dünyada yaygın olarak yetiştirilen en önemli tahıl ürünlerinden biri olan 25 ıslah hattı ve 18 genotip olarak toplam 43 makarnalık buğday (*Triticum turgidum* var. *durum*) bitkisi üzerinde

yaptıkları çalışmada 15 ISSR ve 6 adet SCoT kullanmışlardır. Yapılan çalışmada yüksek düzeyde polimorfizm gözlemlendi; %98,70 (ISSR) ve %100 (SCoT), ve bu primerlerin koleksiyondaki genetik varyasyonun tespiti için yararlı araçlar olduğu bildirilmiştir. Sonuçların durum buğdayına ait mini çekirdek koleksiyonu üzerinde özellikle gelecekteki yetiştirme programları için ilginç bilgiler içerdiği ve genotipler arasında yüksek düzeyde genetik varyasyon oluşturduğu bildirilmiştir. Her iki marköre dayanan kümeleme analizi sonucunda ise genotipler beş gruba ayrılmasına rağmen, SCoT markörlerinden elde edilen dendogramın en iyi kümeleme modelini sağladığı açıklanmıştır.

Abdein vd. (2018) tarafından dünyada geniş bir şekilde yetiştiriciliği yapılan ve ekonomik öneme sahip önemli bir bitki olan 8 domates (*Lycopersicum esculentum* L.) genotipinde 6 ISSR ve 7 SCoT markörüyle etkili bir ıslah stratejisi geliştirmek için genotipler arasındaki genetik varyasyon araştırılmıştır. Seçilen yedi SCoT primeri ile 38'i (%60,3) polimorfik olan 63 bant elde edilirken, altı ISSR primerinden ise toplamda 55 bant elde edilmiş ve bu bantların 26 (%47,3) adedinin polimorfik olduğu bildirilmiştir. Çalışmada sonuç olarak, SCoT markörlerinin, domates genotiplerinin karakterizasyonundaki ISSR markörlerine kıyasla daha iyi bir seçim olacağı, ayrıca gelecekteki genetik çeşitlilik çalışmalarında genomun daha yüksek genetik çözünürlüğü için birden fazla markör sisteminin kullanılması gerektiği sonucuna varılmıştır. Ayrıca ISSR ve SCoT moleküler markör sistemlerinin domates genotiplerinin tanımlanması ve genetik çeşitlilik analizi için faydalı olduğu, ancak SCoT markör türünün, incelenen tüm parametrelerde ISSR'dan daha bilgilendirici olduğu ifade edilmiştir.

Etminan vd. (2018) 21 adet ISSR ve 20 adet SCoT primeri ile *Salvia* türlerinde yürüttükleri moleküler karakterizasyon çalışmasında ISSR markörlerinden 350, SCoT markörlerinden ise 329 adet bant elde etmişlerdir. Her iki teknikte de elde edilen bantların hepsi (%100) polimorfik çıkmıştır. Bu çalışma ile polimorfizm bilgi içeriği (ISSR: 0,38/ SCoT: 0,40), ortalama bant sayısı (ISSR: 16,67/ SCoT: 16,45), çözme gücü (ISSR: 9,75/ SCoT: 12,52) ve *Salvia* türleri arasında üstün genetik çeşitlilik ortaya konulmuştur. ISSR ve SCoT verileri göz önüne alındığında, temel kromozom sayısı $x = 8$ olan türlerin polimorfizm lokuslarının (PPL) yüzdesi, gözlenen alellerin (Na) ve Shannon indeksinin (I) diğer türlerden daha yüksek olduğu görülmüştür. ISSR, SCoT ve birleşik verilere dayalı olarak komşu bileşen dendogramındaki kümelerin

bölünmesi benzerlik göstermiş ve tüm bireylerin dört küme halinde gruplandığı görülmüştür. Bununla birlikte, SCoT analizi temel alınarak oluşturulan dendogramda bireyler, türlerine ve seksiyonlarına göre alt kümelere ayrılmıştır. Mantel testine göre ise ISSR ve SCoT teknikleri arasında benzer bir polimorfizm dağılımı görülmüş ve korelasyon katsayısı (r) 0,83 olarak bulunmuştur. Sonuçlar her iki tekniğin de genetik çeşitliliği değerlendirmede etkili olduğunu göstermiştir. SCoT tekniğinin *Salvia* türleri arasındaki genetik çeşitliliğin ve ilişkilerin değerlendirilmesi için çok güvenilir ve bilgilendirici bir teknik olarak kullanılabileceğini de bildirilmiştir.

Qaderi vd. (2019) yaptıkları çalışmada İran'ın farklı bölgelerinden toplanmış 72 adet İran Haşhaş genotipinde ISSR ve SCoT markörleri kullanarak genetik çeşitlilik ve populasyon yapısını incelemişlerdir. Çalışmada 12 ISSR ve 13 SCoT primerleri kullanılmıştır. Populasyonu ISSR markörleri 3 alt gruba ayırırken, SCoT markörleri ise 8 alt gruba ayırmıştır. ISSR ve SCoT verileri birleştirilerek yapılan analizlerde populasyon yapısının 3 alt grup içerdiği belirlenmiştir. Gelecekte yapılacak olan ıslah programlarında bu çalışmadaki veriler kullanılarak populasyon hakkında bilgi alınabileceği ifade edilmiştir.

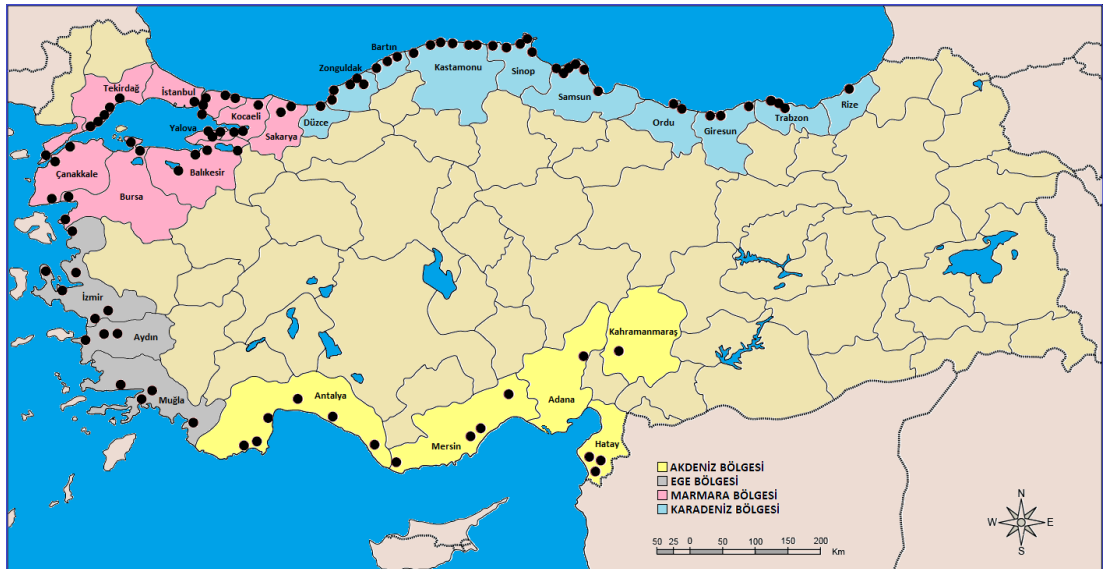
3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

3.1.1 Bitki Materyali

Bu çalışmada bitki materyali olarak Türkiye’de defne bitkisinin yaygın olarak yetiştiği 4 coğrafi bölgedeki (Akdeniz, Marmara, Karadeniz ve Ege) 26 ilden (Kahramanmaraş, Hatay, Adana, Mersin, Antalya, Muğla, Aydın, İzmir, Bursa, Çanakkale, Tekirdağ, İstanbul, Balıkesir, Yalova, Kocaeli, Sakarya, Düzce, Zonguldak, Bartın, Kastamonu, Sinop, Samsun, Ordu, Giresun, Trabzon ve Rize) 94 adet lokasyonun defne genotiplerine ait yaprak örnekleri alınmıştır. Bu örnekleri Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü (ETAİ) tedarik etmiştir.

Çalışma kapsamında kullanılan defne genotiplerinin toplandığı coğrafi bölge, il, ilçe, lokasyon ve rakım bilgileri Şekil 3.1 ve Çizelge 3.1’de verilmiştir. Bu genotiplerden elde edilen yaprak örnekleri, Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Biyoteknoloji Laboratuvarı’nda -20°C’ye ayarlanmış buzdolabında muhafaza edilip gerekli moleküler çalışmaları yürütebilmek adına bir gen havuzu oluşturulmuştur.



Şekil 3.1. Defne (*Laurus nobilis* L.) genotiplerinin alındığı populasyon alanları

Çizelge 3.1. Defne (*Laurus nobilis* L.) genotiplerinin alındığı bölge, il, ilçe, lokasyon ve rakım (m) bilgileri

No	Genotip	Bölge	İl	İlçe	Lokasyon	Rakım
1	HT-1	Akdeniz	Hatay	Samandağı	Yoğunoluk	317
2	HT-2	Akdeniz	Hatay	Yayladağı	Yeşiltepe	696
3	HT-3	Akdeniz	Hatay	Antakya	Harbiye	188
4	KM	Akdeniz	K.Maraş	Andırın	Gökçeli	971
5	ADN	Akdeniz	Adana	Kozan	Eskimantaş	222
6	MSN-1	Akdeniz	Mersin	Toroslar	Musalı	570
7	MSN-2	Akdeniz	Mersin	Erdemli	Esenpınar	783
8	MSN-3	Akdeniz	Mersin	Silifke	Demircili	411
9	MSN-4	Akdeniz	Mersin	Anamur	Korucuk	116
10	ANT-1	Akdeniz	Antalya	Gazipaşa	Demirtaş	281
11	ANT-2	Akdeniz	Antalya	Manavgat	Sarılar	2
12	ANT-3	Akdeniz	Antalya	Aksu	Isparta yolu	22
13	ANT-4	Akdeniz	Antalya	Kemer	Göynük	19
14	ANT-5	Akdeniz	Antalya	Kumluca	Kumluca	380
15	ANT-6	Akdeniz	Antalya	Demre	Gürses	377
16	MG-1	Ege	Muğla	Fethiye	Gökben	503
17	MG-2	Ege	Muğla	Ula	Portakallık	77
18	MG-3	Ege	Muğla	Marmaris	Marmaris	53
19	MG-4	Ege	Muğla	Milas	Kemerköy	23
20	AY-1	Ege	Aydın	Kuşadası	D.Yarımadası	59
21	IZM-1	Ege	İzmir	Urla	Bademli	100
22	IZM-2	Ege	İzmir	Karaburun	Ambarseki	163
23	GRS-1	Karadeniz	Giresun	Merkez	Mezarlık	2
24	GRS-2	Karadeniz	Giresun	Bulancak	Küçükklü	10
25	GRS-3	Karadeniz	Giresun	Eynesil	Çavuşlu	10
26	TRB-1	Karadeniz	Trabzon	Çarşıbaşı	Büyükdere	170
27	RZ-1	Karadeniz	Rize	Pazar	Liman	5
28	TRB-2	Karadeniz	Trabzon	Yomra	Kaşüstü	129
29	TRB-3	Karadeniz	Trabzon	Merkez	Değirmendere	22
30	OR-1	Karadeniz	Ordu	Fatsa	Bolaman	5
31	OR-2	Karadeniz	Ordu	Merkez	Altınordu	5
32	SM-1	Karadeniz	Samsun	Merkez	Barıncık	21
33	SM-2	Karadeniz	Samsun	Ondokuzmayıs	Geleriç	2

Çizelge 3.1 (devam) Defne (*Laurus nobilis* L.) genotiplerinin alındığı bölge, il, ilçe, lokasyon ve rakım (m) bilgileri

No	Genotip	Bölge	İl	İlçe	Lokasyon	Rakım
34	SM-3	Karadeniz	Samsun	Bafra	Kelikler	8
35	SM-4	Karadeniz	Samsun	Alaçam	Yukarıelma	15
36	SM-5	Karadeniz	Samsun	Alaçam	Esentepe	249
37	SM-6	Karadeniz	Samsun	Yakakent	Merkez	15
38	SNP-1	Karadeniz	Sinop	Gerze	Merkez	7
39	SNP-2	Karadeniz	Sinop	Erfelek	Merkez	169
40	SNP-3	Karadeniz	Sinop	Merkez	Osmaniye	115
41	SNP-4	Karadeniz	Sinop	Ayancık	Dervent	61
42	SNP-5	Karadeniz	Sinop	Türkeli	Merkez	30
43	KSM-1	Karadeniz	Kastamonu	Merkez	Ginolu	70
44	KSM-2	Karadeniz	Kastamonu	Abana	Merkez	12
45	KSM-3	Karadeniz	Kastamonu	İnebolu	Gemiciler	62
46	KSM-4	Karadeniz	Kastamonu	Doğanyurt	Kayran	233
47	KSM-5	Karadeniz	Kastamonu	Cide	Aydıncık	145
48	KSM-6	Karadeniz	Kastamonu	Cide	Kuşçu	16
49	BRT-1	Karadeniz	Bartın	Kurucaşile	Kapısuyu	147
50	BRT-2	Karadeniz	Bartın	Amasra	Kaleşah	145
51	BRT-3	Karadeniz	Bartın	Merkez	Karasu	23
52	ZNG-1	Karadeniz	Zonguldak	Merkez	Gökgöl	164
53	ZNG-2	Karadeniz	Zonguldak	Kilimli	Çamlık	88
54	ZNG-3	Karadeniz	Zonguldak	Merkez	Kozlu	46
55	ZNG-4	Karadeniz	Zonguldak	Alaplı	Merkez	20
56	ZNG-5	Karadeniz	Zonguldak	Ereğli	Gülüç	9
57	DUZ	Karadeniz	Düzce	Akçakoca	Merkez	10
58	SAK-1	Marmara	Sakarya	Karasu	Yenimahalle	61
59	SAK-2	Marmara	Sakarya	Kaynarca	Merkez	48
60	KOC-1	Marmara	Kocaeli	Kandıra	Ağva yolu	51
61	IST-1	Marmara	İstanbul	Ağva	Küçükaşığı	96
62	IST-2	Marmara	İstanbul	Şile	Merkez	16
63	IST-3	Marmara	İstanbul	Beykoz	Merkez	214
64	KOC-2	Marmara	Kocaeli	Gölcük	Başıskele	9
65	KOC-3	Marmara	Kocaeli	Karamürsel	Kaytazdere	29
66	YLV-1	Marmara	Yalova	Merkez	Soğucak	29

Çizelge 3.1 (devam) Defne (*Laurus nobilis* L.) genotiplerinin alındığı bölge, il, ilçe, lokasyon ve rakım (m) bilgileri

No	Genotip	Bölge	İl	İlçe	Lokasyon	Rakım
67	YLV-2	Marmara	Yalova	Çınarcık	Merkez	5
68	BRS-1	Marmara	Bursa	Gemlik	Kurşunlu	12
69	BRS-2	Marmara	Bursa	Mudanya	Merkez	4
70	BLK-1	Marmara	Balıkesir	Erdek	Ocaklar	4
71	BLK-2	Marmara	Balıkesir	Bandırma	Edincik	200
72	IZM-3	Ege	İzmir	Selçuk	Şirince	339
73	IZM-4	Ege	İzmir	Tire	Başköy	345
74	AY-2	Ege	Aydın	Merkez	Efeler	59
75	AY-3	Ege	Aydın	Sultanhisar	Salavatlı	74
76	IZM-5	Ege	İzmir	Dikili	Kabakum	73
77	BLK-3	Marmara	Balıkesir	Ayvalık	Merkez	77
78	BLK-4	Marmara	Balıkesir	Altınoluk	Merkez	11
79	CNK-1	Marmara	Çanakkale	Küçükkuyu	Mıhlı	7
80	CNK-2	Marmara	Çanakkale	Merkez	Güzelyalı	4
81	CNK-3	Marmara	Çanakkale	Lapseki	Merkez	19
82	CNK-4	Marmara	Çanakkale	Eceabat	Alçıtepe	80
83	TKR-1	Marmara	Tekirdağ	Merkez	Barbaros	15
84	TKR-2	Marmara	Tekirdağ	Şarköy	Gaziköy	25
85	TKR-3	Marmara	Tekirdağ	Şarköy	Mürefte	11
86	TKR-4	Marmara	Tekirdağ	Şarköy	Merkez	11
87	TKR-5	Marmara	Tekirdağ	Merkez	Değirmenaltı	8
88	IST-4	Marmara	İstanbul	Fatih	Gülhane	41
89	IST-5	Marmara	İstanbul	Adalar	Büyükkada	3
90	IST-6	Marmara	İstanbul	Üsküdar	Fethipaşa	87
91	BRS-3	Marmara	Bursa	İznik	Hocaköy	185
92	YLV-3	Marmara	Yalova	Merkez	Elmalık	78
93	BRS-4	Marmara	Bursa	M.kemalpaşa	Akçapınar	39
94	IZM-6	Ege	İzmir	Menemen	Etae	10

3.2. Yöntem

3.2.1. Moleküler Analizler

3.2.1.1. DNA İzolasyonu

Alınan genç bitki yapraklarından genomik DNA, Doyle ve Doyle (1990)'un Baloch vd. (2016) tarafından modifiye edilmiş CTAB protokolüne göre izole edilmiştir.

DNA izolasyon işlemi sırası ile aşağıdaki maddeler uygulanarak gerçekleştirilmiştir;

1. -20°C'de muhafaza edilen her bir yaprak örneği porselen havanların içine konulduktan hemen sonra bitki dokularını daha iyi parçalamak adına sıvı azot ile muamele edilip porselen havan eli ile parçalanmıştır.

2. Hassas terazide 0,1 g ağırlığında tartımı yapılan her genotipe ait genç ve taze yapraklardan alınan örnekler 2 ml'lik ependorf tüplerine aktarılmıştır.

3. Eperdorf tüpler içerisindeki her bir numuneye 1 ml Fresh Buffer ilave edilmiş ve 1 saat süre ile 65 °C sıcaklığa ayarlanan su banyosunda inkübasyon işlemine tabi tutulmuştur (Bu işlem süresi içerisinde her 5-10 dakikada bir tüpler su banyosundan çıkarılarak bitki parçalarının sıvıya tam karışmasını sağlamak adına hafifçe çalkalamak suretiyle alt-üst edilmiştir) (Şekil 3.5).

4. Bir saat boyunca bekletilen örnekler 5 dakika süre ile soğumaya bırakılmış ve ardından ependorf tüpler içerisine 1 ml kloroform izomil alkol (24/1 oranında) eklenmiştir.

5. Bu aşamadan sonra örnekler 30 dakika boyunca çalkalayıcıda hafif şiddette çalkalanmıştır.

6. Çalkalama işlemi bittikten sonra örnekler 10°C'de, 10000 devir/dk'da ve 30 dakika süre ile santrifüj edilmiştir.

7. Santrifüj işlemi bittikten sonra ependorf tüpler içerisinde kolayca fark edilebilen 2 farklı faz meydana gelmektedir. Tüplerin üst kısmındaki beyaz renkli şeffaf faz DNA içermekte, alt kısmındaki faz ise yaprak dokusundan oluşmaktadır.

Otomatik pipet yardımıyla üst kısımdaki fazlardan (DNA içeren kısımdan) dikkatli ve yavaş bir şekilde alınıp 1,5 ml'lik tüplere aktarılmıştır.

8. 1,5 ml'lik tüplere önceki aşamada DNA fazında alınan hacim kadar izopropanol eklenmiştir. (Örneğin; 0,7 ml DNA fazı + 0,7 ml izopropanol)

9. Dikkatli ve yavaş bir şekilde tüpler 10-15 defa alt üst edilmiştir.

10. Ependorf tüpleri tekrardan 20 dakika boyunca 10°C'de ve 10000 devir/dk'da santrifüj edilmiştir.

11. Bu aşamadan sonra tüplerin alt kısmında DNA peletleri gözle görülür bir şekilde belirginleşmiştir. Sadece DNA peleti kalması sağlanacak bir şekilde tüplerin içerisi boşaltılıp son kalan iz miktardaki sıvı damlatma usulü ile dikkatlice boşaltılmıştır.

12. Yalnızca DNA peletlerini içeren tüplerin içerisine 1 ml miktarında %70'lik etanol ilave edilip yine dikkatli ve yavaş bir şekilde 5 dakika boyunca el ile çalkalanmıştır. Bu işlem DNA'yı diğer kimyasallar ve fenoliklerden uzaklaştırmak adına 2 kere tekrarlanmıştır.

13. Tekrardan sadece DNA peleti kalması sağlanacak bir şekilde tüplerin içerisi damlatma usulü ile dikkatlice boşaltılmıştır.

14. Ependorf tüplerinin ağızları açılarak geri kalan iz miktardaki etanolün uzaklaşması için oda sıcaklığında numuneler bekletilmiştir.

15. Bu işlem tamamlandıktan sonra 100 ml'lik ultra saf su ependorf tüpler içerisine aktarılmış ve NanoDrop cihazında DNA konsantrasyonu ve kalitesini tespit etmek için hazır hale getirilmiştir.

Çalışmada kullanılan bazı cihaz, alet ve ekipmanlar sırasıyla şekil 3.3.,3.4., 3.5., 3.6. ve 3.7.,'de verilmiştir.

3.2.1.2. DNA Optimizasyonu

İzolasyon işleminden sonra temiz ve güçlü bir bant görüntüsü almak için elde edilen örnek DNA'ları optimize etmek (konsantrasyonunun ve saflığının ayarlanması) gerekmektedir.

Elde edilen DNA'ların konsantrasyonları %0,8'lik agaroz jel ile tespit edilmiş ve DS-11 FX serisi NanoDrop spektrofotometrede (Denovix, Wilmington, DE, ABD) doğrulanmıştır. Yoğun konsantrasyondaki stok DNA'lar 50 ng/μl'lik bir derişime kadar seyreltilmiştir.

NanoDrop cihazında, seyreltilen DNA'ların 200nm-300nm dalga boyları arasında tarama işlemleri yapılmıştır. Bu dalga boyları arasında; fenolik bileşikler 230 nm, nükleik asitler 260 nm ve proteinler ise 280 nm olarak kabul edilmektedir. İzole edilen DNA'nın saflığını ise 260 nm/280 nm oranı belirlemektedir.

Agaroz jelde yürütülen çalışmanın içeriği ise şu şekildedir;

Her bir stok DNA'dan 2 μl alınarak PCR tüplerine (0,2 ml) aktarılmış ve bunun üzerine 4 μl loading buffer (5 ml ddH₂O + 20 ml 5X TBE + 25 ml glycerol + 50 mg bromofenol blue karışımı) ile 14 μl ddH₂O eklenmiştir. Bu karışım vorteks yardımıyla hafif şiddette 3-5 sn karıştırılmıştır. Oluşan solüsyon, üst kısımda kalıntı kalmaması adına kısa bir süre ile santrifüje tabi tutulmuştur. Bu karışım içerisinden 10 μl alınarak elektroforez sistemi üzerinde bulunan %0,8'lik agaroz jele yüklenmiştir. Yükleme yapıldıktan sonra elektroforez sistemi 90 voltta 1 saat boyunca çalıştırılmıştır. Elektroforez sisteminin çalışma işlemi bittikten sonra alınan agaroz jel, UV transilluminatör (BIO-RAD ChemiDoc™ XRS+ Imaging System) görüntüleme sisteminde yoğunlukları 25, 50, 100 ve 200 λ DNA'ları ile karşılaştırılmış ve nitel olarak yorumlanıp her bir örneğin DNA miktarı tespit edilmiştir. Tespit edilen DNA konsantrasyonları NanoDrop cihazında yapılan çalışma ile eşleştirilmiş ve nihai olarak PCR analizlerinde kullanılmak üzere 50 ng/μl derişimde olacak şekilde hazırlanmıştır.

Çalışmada kullanılan bazı cihaz, alet ve ekipmanlar sırasıyla şekil 3.2.,3.3.,3.4., 3.5., 3.6. ve 3.7.,'de verilmiştir.

Seyreltilen bu örneklerle 69 adet ISSR ve 12 adet SCoT primeri denemeye alınmıştır.

3.2.1.3. ISSR Analizi

Çalışmada kullanılan ve Çizelge 3.2’de baz dizilimi ve bağlanma sıcaklıklarının verildiği ISSR primerleri Sentegen Biyoteknoloji’den temin edilmiştir. Analiz için Zietkiewicz vd. (1994)’nin belirttiği ve Kafkas vd. (2006) tarafından modifiye edilen ISSR protokolü kullanılmıştır. Protokolde bazı modifiye değişiklikler de yapılmıştır.

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan ISSR primerlerinin baz dizilimleri ve bağlanma sıcaklıkları

Primer	Baz Dizilimi (5’-3’)	Bağlanma Sıcaklığı (°C)
UBC807	AGA GAG AGA GAG AGA GT	50
UBC809	AGA GAG AGA GAG AGA GG	52
UBC810	GAG AGA GAG AGA GAG AT	50
UBC812	GAG AGA GAG AGA GAG AA	50
UBC813	CTC TCT CTC TCT CTC TT	50
UBC814	CTC TCT CTC TCT CTC TA	50
UBC815	CTC TCT CTC TCT CTC TG	50
UBC816	CAC ACA CAC ACA CAC AT	50
UBC817	CAC ACA CAC ACA CAC AA	50
UBC819	GTG TGT GTG TGT GTG TA	50
UBC825	ACA CAC ACA CAC ACA CT	50
UBC834	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	52
UBC847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	52
UBC888	BDB CAC ACA CAC ACA CA	51
UBC890	VHV GTG TGT GTG TGT GT	51
UBC891	HVH TGT GTG TGT GTG TG	51

İzole edilmiş 94 adet DNA ürünü, polimorfizm seviyesi yüksek, temiz ve güçlü bantlar vererek seçilen ISSR primerleri ile PCR işlemine tâbi tutulmuştur. PCR amplifikasyonu için toplam 20 µL reaksiyon hacmi oluşturulmuştur.

Bu hacim; 20 ng DNA, 0,3 mM dNTP (Thermo Scientific), 0,2 pM primer, 2 µL 10XPCR buffer (Thermo Scientific), 1,875 mM MgCl² (Thermo Scientific), 1 U Taq DNA polimeraz (5U/µL-Thermo Scientific) ve 9,5 µL ultra saf su bileşenlerinden meydana gelmiştir. PCR’da kullanılan kimyasallar ve miktarları Çizelge 3.3’te verilmiştir.

Çizelge 3.3. ISSR-PCR analizinde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Kimyasallar		Stok	Miktar	Final
Genomik DNA		50 ng/μL	3 μL	~20 ng
Ultra Saf Su			9,5 μL	
Primer		5 pM	0,8 μL	0,2 pM
MgCl ²		25 mM	1,5 μL	1,875 mM
dNTP		2 mM	3 μL	0,3 mM
10XPCR Buffer	Tris-HCl (pH 8.8)	100 mM	2 μL	10 mM
	KCl	500 mM		50 mM
	Nonidet P-40	%0,8		%0,08
Taq DNA Polimeraz		5 U/μL	0,2 μL	1 U
Toplam Hacim			20 μL	

ISSR-PCR analizinde reaksiyonların sıralaması; 94°C'de 3 dakika boyunca ön denatürasyon, 30 denatürasyon döngüsü (94°C'de 1 dakika boyunca denatürasyon, primere bağlı olarak 50-52°C arası sıcaklıkta 1 dakika süre ile annealing aşaması, 72°C'de 1 dakika boyunca extension aşaması) ve son olarak 72°C'de 10 dakika boyunca final extension aşaması olarak gerçekleşmiştir. PCR aşamalarını gösteren ISSR-PCR profili tablosu Çizelge 3.4'te verilmiştir. Tüm bu aşamalar BIO-RAD T100 Termal Cyclus PCR cihazında gerçekleşmiştir.

Çizelge 3.4. ISSR-PCR Profili

Sıcaklık (°C)	Zaman (dk)	Döngü	Aşama
94	3	1	Ön denatürasyon
94	1	30	Denatürasyon
50-52	1		Annealing
72	1		Extension
72	10	1	Final extension

Çalışmada kullanılan bazı cihaz, alet ve ekipmanlar sırasıyla şekil 3.2., 3.3., 3.4., 3.5., 3.6. ve 3.7.,'de verilmiştir.

3.2.1.4. SCoT Analizi

Çalışmada kullanılan ve Çizelge 3.5'te baz dizilimi ve bağlanma sıcaklıklarının verildiği SCoT primerleri Sentegen Biyoteknoloji'den temin edilmiştir. Collard ve Mackill (2009)'in protokolünün kullanıldığı analizde bazı modifiye değişiklikler de yapılmıştır.

Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan SCoT primerlerinin sekans dizilimleri ve bağlanma sıcaklıkları

Primer	Baz Dizilimi (5'-3')	Bağlanma Sıcaklığı (°C)
S1	CAA CAA TGG CTA CCA CCA	50
S2	CAA CAA TGG CTA CCA CCC	50
S3	CAA CAA TGG CTA CCA CCG	50
S4	CAA CAA TGG CTA CCA CCT	50
S5	CAA CAA TGG CTA CCA CGA	50
S6	CAA CAA TGG CTA CCA CGC	50
S7	CAA CAA TGG CTA CCA CGG	50
S8	CAA CAA TGG CTA CCA CGT	50
S10	CAA CAA TGG CTA CCA GCC	50
S11	AAG CAA TGG CTA CCA CCA	50

İzole edilmiş olan 94 adet DNA ürünü, polimorfizm seviyesi yüksek, temiz ve güçlü bantlar vererek seçilen SCoT primerleri ile PCR işlemine tâbi tutulmuştur. PCR amplifikasyonu için toplam 20 µL reaksiyon hacmi oluşturulmuştur.

Bu hacim; 20 ng DNA, 0,3 mM dNTP (Thermo Scientific), 0,375 pM primer, 2 µL 10XPCR buffer (Thermo Scientific), 3,125 mM MgCl² (Thermo Scientific), 1 U Taq DNA polimeraz (5U/µL-Thermo Scientific) ve 7,8 µL ultra saf su bileşenlerinden meydana gelmiştir. PCR'da kullanılan kimyasallar ve miktarları Çizelge 3.6'da verilmiştir.

Çizelge 3.6. SCoT-PCR analizinde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Kimyasallar		Stok	Miktar	Final
Genomik DNA		50 ng/μL	3 μL	~20 ng
Ultra Saf Su			7,8 μL	
Primer		5 pM	1,5 μL	0,375 pM
MgCl ²		25 mM	2,5 μL	3,125 mM
dNTP		2 mM	3 μL	0,3 mM
10XPCR Buffer	Tris-HCl (pH 8.8)	100 mM	2 μL	10 mM
	KCl	500 mM		50 mM
	Nonidet P-40	%0,8		%0,08
Taq DNA Polimeraz		5 U/μL	0,2 μL	1 U
Toplam Hacim			20 μL	

SCoT-PCR analizinde reaksiyonların sıralaması; 94°C'de 5 dakika boyunca ön denatürasyon, 35 denatürasyon döngüsü (94°C'de 1 dakika boyunca denatürasyon, 50°C'de 1 dakika süre ile annealing aşaması, 72°C'de 2 dakika boyunca extension aşaması) ve son olarak 72°C'de 8 dakika boyunca final extension aşaması olarak gerçekleştirilmiştir. PCR aşamalarını gösteren SCoT-PCR profili tablosu Çizelge 3.7'de verilmiştir. Tüm bu aşamalar BIO-RAD T100 Termal Cykler PCR cihazında gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 3.7. SCoT PCR Profili

Sıcaklık (°C)	Zaman (dk)	Döngü	Aşama
94	5	1	Ön denatürasyon
94	1	35	Denatürasyon
50	1		Annealing
72	2		Extension
72	8	1	Final extension

Çalışmada kullanılan bazı cihaz, alet ve ekipmanlar sırasıyla şekil 3.2., 3.3., 3.4., 3.5., 3.6. ve 3.7.,'de verilmiştir.

3.2.1.5. Jel Elektroforezi Uygulaması

Her iki moleküler analizden de elde edilen çoğaltılmış DNA ürünleri %2'lik agaroz jelde, 150 volta, 2,5-4,5 saat süre ile (primerler arası değişiklik göstermektedir) 0,5 TBE tampon çözeltisi içerisinde elektroforez sisteminde koşturulmuştur. Sistemin çalışması durduktan sonra çözelti içerisinde agaroz jel alınıp Etidium Bromide çözeltisi içerisinde otomatik çalkalayıcı üzerinde 5-8 dk süre ile bekletilmiştir. Daha sonra 5-15 dk süre ile saf su içerisinde ve otomatik çalkalayıcı sistemin üzerinde bekletilmiştir. UV transilluminatör yardımı ile jelden görüntü alınıp bilgisayara kayıt edilmiştir.



Şekil 3.2. Çalışmada kullanılan PCR ve UV-Transilluminator cihazları



Şekil 3.3. Çalışmada kullanılan santrifüj cihazları (Normal/Soğutmalı)



Şekil 3.4. Çalışmada kullanılan sıvı azot tankı ve saf su cihazı



Şekil 3.5. Çalışmada kullanılan buz makinesi, su banyosu ve otomatik çalkalayıcı



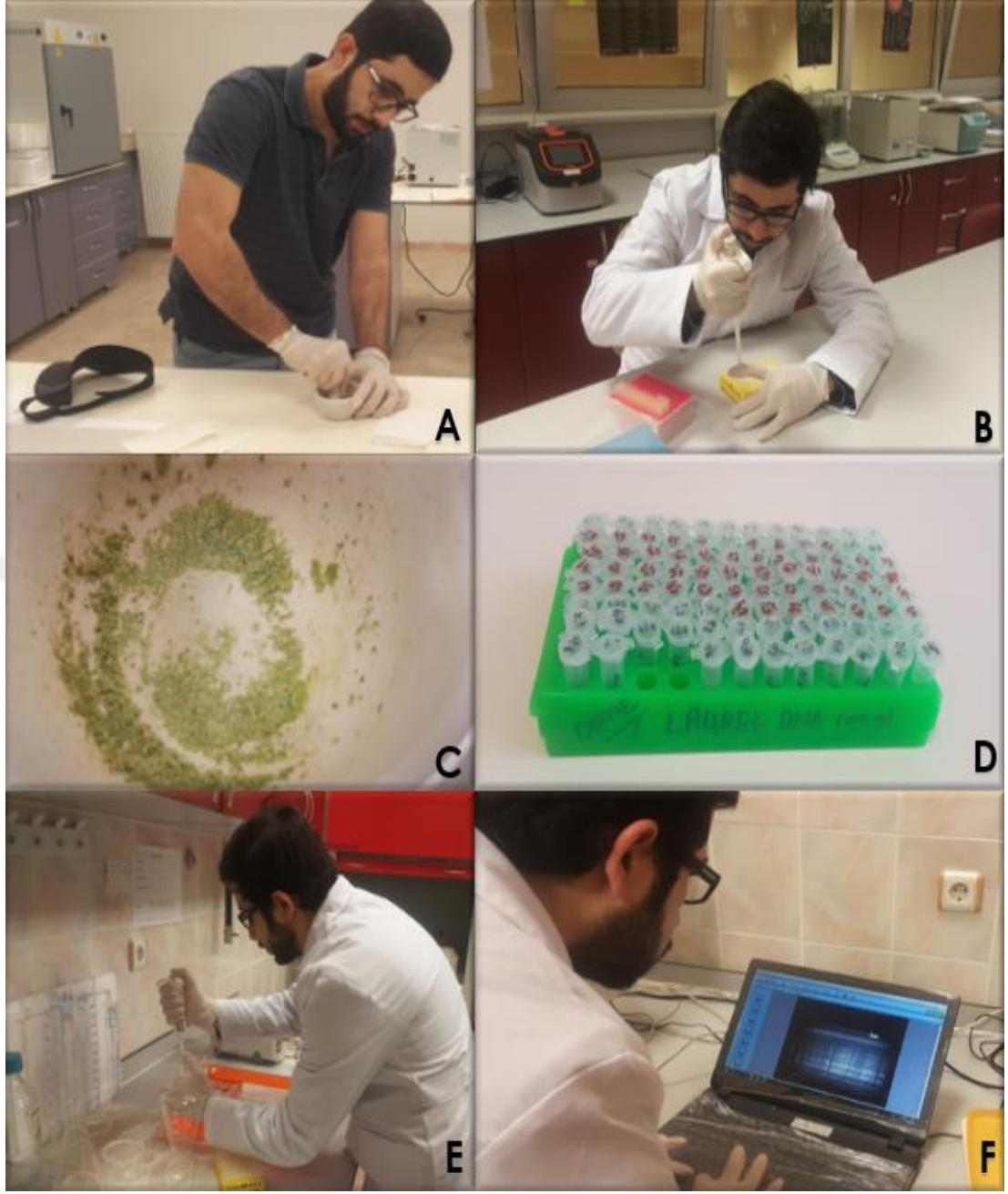
Şekil 3.6. Çalışmada kullanılan manyetik karıştırıcı, vorteks ve hassas terazi



Şekil 3.7. Çalışmada kullanılan jel elektroforez sistemi ve otomatik pipetler

3.2.2. Verilerin Değerlendirilmesi

Her bir primere ait bilgisayarda kayıt altına alınan jel görüntülerindeki bantlar, polimorfizm varlığına göre 1 (var) veya 0 (yok) olarak sınıflandırılıp, genetik benzerlikler matris oluşturularak Nei (1978)'nin prensibine göre hesaplanmıştır. UPGMA kümeleme analizleri ve diğer tüm istatistiki analizler için Mega 7, STRUCTURE ve PopGen paket programları kullanılmıştır. Analiz aşamalarından bazı görüntüler Şekil 3.8'de verilmiştir.



Şekil 3.8. Çalışmadan bazı laboratuvar analizi aşamalarının fotoğrafları

(A: Porselen kroze içerisinde defne yaprağını sıvı azot muamelesi ile birlikte öğütme. B: Stok DNA'dan uygun derişimlere seyreltme işlemi C: Porselen kroze içindeki öğütülmüş defne yaprağı örneği D: Defne stok DNA tüpleri E: Agaroz jele PCR ürününün yerleştirilmesi F: Bilgisayardan jel görüntüsü alma işlemi)

3.2.3. ISSR ve SCoT Genetik Çeşitlilik Değerlerinin Elde Edilmesi

3.2.3.1 PO (Polimorfizm Oranı) değeri

Polimorfizm oranı değeri her bir primer için hesaplanmaktadır. Bu değer ilgili primerden elde edilen polimorfik bant sayısının toplam skorlanabilir bant sayısına oranından elde edilmektedir.

Formül: **PO = TPBS/TSBS**

3.2.3.2 PIC (Polimorphism Information Content) değeri

PIC değerini hesaplamak için güçlü ve net olan DNA bantları manuel olarak ikili matrisler oluşturmak için '1' (var) veya '0' (yok) olarak skorlanmıştır. Roldán - Ruiz vd. (2000) tarafından tanımlanan formüle göre: 'fi' bant varlığına (1) ve '(1 - fi)' ise bant yokluğunu (0) ifade etmektedir.

Formül: **PIC_i = 2fi(1-fi).**

3.2.3.3 H (Genetik Çeşitlilik) değeri

H (Genetik Çeşitlilik) değeri PopGene programından elde edilen her primerin genotiplerindeki H değerlerinin ortalamalarından elde edilmektedir.

3.2.3.4 I (Shannon İndeksi) değeri

I (Shannon İndeksi) değeri PopGene programından elde edilen her primerin genotiplerindeki I değerlerinin ortalamalarından elde edilmektedir.

3.2.3.5 NE (Etkili Alel Sayısı) değeri

NE (Etkili alel sayısı) değeri PopGene programından elde edilen her primerin genotiplerindeki NE değerlerinin ortalamalarından elde edilmektedir.

3.2.3.6 HT (Toplam Genetik Çeşitlilik) değeri

HT (Toplam Genetik Çeşitlilik) değeri PopGene programından elde edilen her primerin genotiplerindeki HT değerlerinin ortalamalarından elde edilmektedir.

3.2.3.7 PİV (Populasyon İçi Varyasyon) değeri

PİV (Populasyon içi varyasyon) değeri toplam genetik çeşitlilik değerinin populasyon içi ve populasyonlar arası dağılımını belirten unsurlardan biridir. PopGen

programından direkt olarak Populasyon içi ve Populasyonlar arası varyasyon oranları tespit edilebilmektedir.

3.2.3.8 GM (Genetik Mesafe) değeri

Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçlarına göre genotiplerin bulundukları coğrafi bölgeler içerisindeki Nei genetik mesafelerinin ortalamaları alınarak hesaplanmaktadır.

3.2.3.9 ΔK değeri

ISSR var-yok (0 ve 1) değerlerine göre STRUCTURE paket programı kullanılarak oluşturulan dosyaların internet üzerinden STRUCTURE HARVESTER uygulaması ile ΔK tablosu elde edilmektedir. Bu tabloda görülen pik değeri bize ΔK değerini (oluşan küme sayısını) vermektedir.

3.2.4. ISSR ve SCoT Korelasyon Analizi

Korelasyon, iki veya daha fazla nicel değişken arasındaki ilişkiyi belirtmek için kullanılan bir terimdir. Bu analiz temel olarak nicel değişkenler arasında doğrusal bir ilişki olduğu varsayımına dayanmaktadır. İkili değişkenler için birleşme ölçütlerine benzer şekilde değişkenler ve onun yönü arasındaki ilişkinin “gücünü” veya “derecesini” ölçmektedir. Korelasyon analizinin sonucuna göre her bir değer -1 ile +1 arasında değişen bir korelasyon katsayısını almaktadır. +1 korelasyon katsayısı, iki değişkenin pozitif yönde mükemmel derecede doğrusal ilişkili olduğunu, -1 korelasyon katsayısı ise iki değişkenin negatif yönde mükemmel derecede doğrusal ilişkili olduğunu, sıfır korelasyon katsayısı ise çalışılan iki değişken arasında doğrusal bir ilişki olmadığını göstermektedir (Lee Rodgers ve Nicewander, 1988).

Korelasyon katsayılarında (r)

- $r < 0,2$ ise korelasyon yok ya da çok zayıf ilişki
- 0,2-0,4 arasında ise zayıf korelasyon
- 0,4-0,6 arasında ise orta şiddette korelasyon
- 0,6-0,8 arasında ise yüksek korelasyon
- $> 0,8$ ise çok yüksek korelasyon olduğu yorumu yapılmaktadır.

Hem ISSR hem de SCoT analizinde belirlenmiş olan Nei genetik mesafe değerleri için bu iki analiz arasında doğrusal bir ilişki olup olmadığını belirlemek amacıyla XLSTAT istatistiksel paket programında (Addinsoft, 2010) korelasyon analizi yapılmıştır. Bu vesile ile bu analiz sonucunda hem her bir genotipin diğer genotiplere SCoT ve ISSR analizi sonrası elde edilen genetik mesafe değerleri arasında doğrusal bir ilişki olup olmadığı, hem de bu değerlerin ortalamaları alınarak SCoT ve ISSR analizlerinin tüm veri setleri arasında doğrusal bir ilişki olup olmadığı tespit edilmiştir.



4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. DNA Miktarı ve Kalitesinin Belirlenmesi

DNA'nın kalitesi ve miktarının belirlenmesi, çalışmanın seyri için çok önemlidir. Zira görüntülerde elde edilen bant kalınlığı, yansıma ve bulanıklık problemleri, bu parametrelerin iyi optimize edilememesinden kaynaklanmaktadır. Bu nedenle çalışma için tekerrürlü olarak Nanodrop cihazında DNA kalitesi ve miktarı ölçülmüştür (Çizelge 4.1). En verimli DNA optimizasyonun sağlanması adına DNA konsantrasyonları her bir örnek DNA'nın kendi konsantrasyon değerine göre gerekli seyreltme oranları hesaplanarak ultra saf su eklenmesi ile tamamlanmıştır. DNA'nın saflığı ise bilindiği üzere 260/280 değerinin 1,8 ile 2,0 arasındaki değerlere tekabül etmesine bağlıdır (Karaca vd., 2005). Bu nedenle, bu değer aralığında tespit edilmeyen her bir örnek DNA'nın optimizasyonu için; bazı örneklerde fenolik bileşiklerin ayrışmaması riskine karşı DNA tüpleri içindeki solüsyon örneğinin ekstra olarak kloroform işlemine tabi tutulması, örneğin tekrardan tamamı ile izolasyon işlemine tabi tutulması ya da -20 C'de muhafaza edilen stok yapraklardan tekrar alınarak yeniden DNA izolasyonuna gidilmesi yollarına başvurulmuştur. Bu işlemler yapıldıktan sonra da herhangi bir bant kirliliği ya da görüntü bozukluğuna rastlanılmamıştır. Hem ISSR analizinden hem de SCoT analizinden alınan jel görüntüleri temiz, güçlü ve nizâmî bantlar vermiştir.

Çizelge 4.1. Nanodrop cihazında tespit edilen her bir örneğin DNA kalitesi ve konsantrasyonu

Genotip No	Genotip Kodu	DNA Konsantrasyonu	260/280
1	HT-1	250,031	1,89
2	HT-2	261,391	1,86
3	HT-3	247,913	1,79
4	KM	323,461	1,77
5	ADN	370,045	1,85
6	MSN-1	371,343	1,77
7	MSN-2	322,79	1,95
8	MSN-3	188,929	1,95
9	MSN-4	309,914	1,76
10	ANT-1	252,353	1,78
11	ANT-2	314,497	1,78
12	ANT-3	168,177	1,79
13	ANT-4	142,686	1,69
14	ANT-5	295,400	1,82
15	ANT-6	358,147	1,79
16	MG-1	302,104	1,73
17	MG-2	240,816	1,74
18	MG-3	337,985	1,80
19	MG-4	289,421	1,89
20	AY-1	278,535	1,82
21	IZM-1	251,165	1,81
22	IZM-2	206,987	1,89
23	GRS-1	279,791	1,81
24	GRS-2	303,536	1,79
25	GRS-3	553,606	1,96
26	TRB-1	415,089	1,79
27	RZ-1	287,505	1,86
28	TRB-2	503,843	1,84
29	TRB-3	352,378	1,86
30	OR-1	302,445	1,82
31	OR-2	206,581	1,74
32	SM-1	571,209	1,88
33	SM-2	101,793	1,75

Çizelge 4.1. (devam) Nanodrop cihazında tespit edilen her bir örneğin DNA kalitesi ve konsantrasyonu

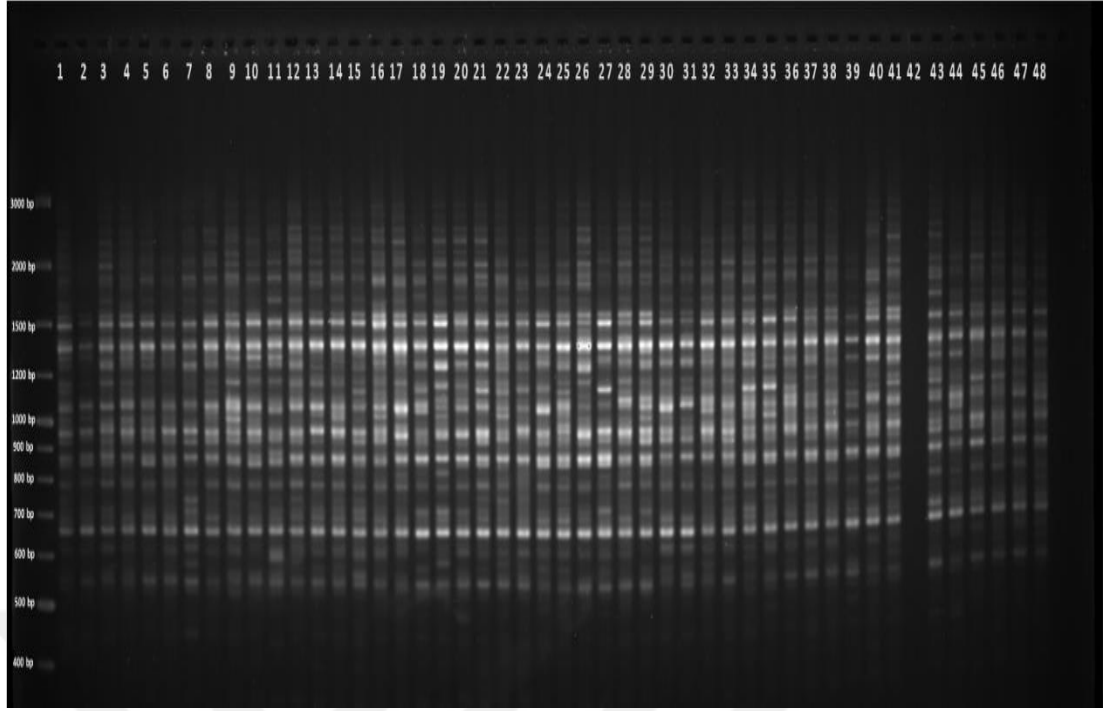
Genotip No	Genotip Kodu	DNA Konsantrasyonu	260/280
34	SM-3	505,086	1,79
35	SM-4	447,880	1,80
36	SM-5	515,487	1,88
37	SM-6	512,279	1,81
38	SNP-1	422,847	1,85
39	SNP-2	437,693	1,88
40	SNP-3	256,631	1,75
41	SNP-4	401,720	1,80
42	SNP-5	427,084	1,78
43	KSM-1	373,351	1,83
44	KSM-2	181,251	1,75
45	KSM-3	385,757	1,82
46	KSM-4	355,147	1,75
47	KSM-5	238,421	1,81
48	KSM-6	132,127	1,66
49	BRT-1	350,659	1,81
50	BRT-2	304,148	1,85
51	BRT-3	228,406	1,76
52	ZNG-1	361,957	1,74
53	ZNG-2	250,507	1,57
54	ZNG-3	250,257	1,79
55	ZNG-4	297,714	1,85
56	ZNG-5	352,412	1,88
57	DUZ	321,896	1,83
58	SAK-1	287,772	1,77
59	SAK-2	409,794	1,75
60	KOC-1	310,045	1,79
61	IST-1	309,202	1,79
62	IST-2	247,652	1,82
63	IST-3	175,100	1,92
64	KOC-2	289,966	1,85
65	KOC-3	282,632	1,76
66	YLV-1	283,639	1,83

Çizelge 4.1. (devam) Nanodrop cihazında tespit edilen her bir örneğin DNA kalitesi ve konsantrasyonu

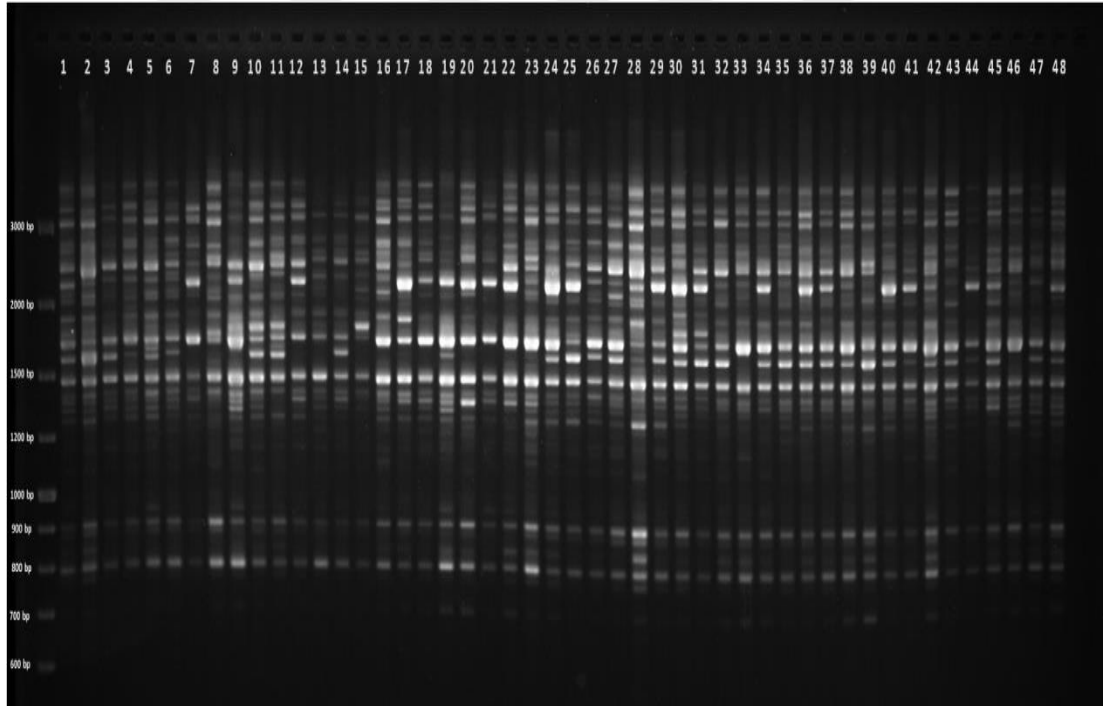
Genotip No	Genotip Kodu	DNA Konsantrasyonu	260/280
67	YLV-2	557,941	1,97
68	BRS-1	315,245	1,79
69	BRS-2	329,129	1,87
70	BLK-1	717,873	2,00
71	BLK-2	213,291	1,85
72	IZM-3	199,588	1,74
73	IZM-4	479,582	1,80
74	AY-2	302,255	1,82
75	AY-3	232,260	1,80
76	IZM-5	236,216	1,84
77	BLK-3	522,165	1,93
78	BLK-4	161,786	1,78
79	CNK-1	356,651	1,78
80	CNK-2	227,242	1,77
81	CNK-3	238,072	1,71
82	CNK-4	252,240	1,81
83	TKR-1	289,769	1,81
84	TKR-2	323,585	1,75
85	TKR-3	317,053	1,85
86	TKR-4	401,879	1,88
87	TKR-5	688,769	1,88
88	IST-4	281,872	1,82
89	IST-5	452,300	1,84
90	IST-6	425,345	1,85
91	BRS-3	216,909	1,80
92	YLV-3	219,235	1,87
93	BRS-4	352,719	1,85
94	IZM-6	311,255	1,71

4.2. ISSR ve SCoT Analizi

Araştırmada ISSR ve SCoT markörleri kullanılarak 26 ilden temin edilen 94 adet defne genotipine ait DNA örnekleri ile moleküler karakterizasyon işlemi yapılmıştır. Defne genotiplerinde yüksek polimorfizm seviyesi, temiz ve güçlü bantlar veren ISSR ve SCoT markörlerini saptamak için ilk olarak 69 adet ISSR primeri ve 12 adet SCoT primeri ile tesadüfen seçilen 8 defne genotipine ait DNA örneği ön tarama (deneme PCR) işlemine alınmıştır. Yapılan ön tarama PCR işlemleri sonucunda denemeye alınan 69 adet ISSR primerinden (UBC807, UBC808, UBC809, UBC810, UBC811, UBC812, UBC813, UBC814, UBC815, UBC816, UBC817, UBC818, UBC819, UBC820, UBC821, UBC822, UBC823, UBC824, UBC825, UBC826, UBC827, UBC828, UBC829, UBC830, UBC834, UBC835, UBC836, UBC840, UBC841, UBC842, UBC843, UBC844, UBC845, UBC846, UBC847, UBC848, UBC849, UBC851, UBC852, UBC853, UBC854, UBC855, UBC856, UBC857, UBC858, UBC859, UBC860, UBC861, UBC865, UBC866, UBC867, UBC868, UBC869, UBC873, UBC874, UBC875, UBC876, UBC877, UBC878, UBC879, UBC880, UBC884, UBC885, UBC886, UBC887, UBC888, UBC890, UBC891 ve UBC897) 16 adedi (UBC807, UBC809, UBC810, UBC812, UBC813, UBC814, UBC815, UBC816, UBC817, UBC819, UBC825, UBC834, UBC847, UBC888, UBC890 ve UBC891) polimorfizm seviyesi yüksek, temiz ve güçlü bantlar vermiş ve işleme alınmıştır. Denemeye alınan 12 adet SCoT primerinden (S1, S2, S3, S4, S5, S6, S7, S8, S9, S10, S11 ve S12) ise 10 adedi (S1, S2, S3, S4, S5, S6, S7, S8, S10 ve S11) polimorfizm seviyesi yüksek, temiz ve güçlü bantlar vermiş ve moleküler karakterizasyon işlemine alınmıştır. ISSR ve SCoT, baskın moleküler markör sistemleridir ve skorlamalar ikili sistem kullanılarak yapılmıştır; 100 bp+ DNA Ladder'a göre primerlerde spesifik bantların yokluğu ve varlığı için 0 veya 1 şeklinde skorlamalar yapılmış ve istatistiki programlarda değerler bu formatta kullanılmıştır. ISSR ve SCoT analizinde skorlaması yapılan jel görüntülerinden temsili örnekler Şekil 4.1 (ISSR/UBC888) ve Şekil 4.2 (SCoT/S2)'de verilmiştir. Ayrıca bu görüntülerden elde edilen skorlamalar da Şekil 4.3 (ISSR/UBC888) ve Şekil 4.4 (SCoT/S2)'de verilmiştir.



Şekil 4.1. ISSR analizinden alınan ve 48 defne genotipini temsil eden bir bant görüntüsü



Şekil 4.2. SCoT analizinden alınan ve 48 defne genotipini temsil eden bir bant görüntüsü

UBC888	540bp	560bp	580bp	600bp	610bp	620bp	650bp	660bp	690bp	720bp	740bp	750bp	790bp	810bp	820bp	850bp	870bp	890bp	920bp	940bp	960bp	990bp	1000bp	1030bp	1050bp	1060bp	1140bp	1170bp	1250bp	1275bp	1300bp	1380bp	1400bp	1450bp	1480bp	1500bp	1550bp	1600bp	1650bp	1700bp	2000bp	2100bp	2200bp			
HT-1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1		
HT-2	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1		
HT-3	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1		
KM	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	
ADN	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
MSN-1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	
MSN-2	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	
MSN-3	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
MSN-4	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1
ANT-1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
ANT-2	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	
ANT-3	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
ANT-4	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1		
ANT-5	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	
ANT-6	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
MG-1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	
MG-2	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	
MG-3	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	
MG-4	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	
AY-1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
IZM-1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
IZM-2	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
GRS-1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
GRS-2	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	
GRS-3	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	
TRB-1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
RZ-1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	
TRB-2	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
TRB-3	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
OR-1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
OR-2	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
SM-1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SM-2	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SM-3	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
SM-4	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SM-5	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SM-6	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	
SNP-1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SNP-2	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SNP-3	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	
SNP-4	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
SNP-5																																														
KSM-1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0																							

S2	790bp	900bp	1280bp	1300bp	1350bp	1400bp	1470bp	1520bp	1600bp	1620bp	1650bp	1670bp	1700bp	1740bp	1780bp	1850bp	1900bp	2020bp	2080bp	2140bp	2200bp	2300bp	2400bp	2500bp	2600bp	2720bp	2800bp	3000bp	3100bp	3200bp	3300bp	3350bp	3400bp	3500bp	
HT-1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
HT-2	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1
HT-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
KM	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
ADN	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	
MSN-1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	
MSN-2	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	
MSN-3	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1
MSN-4	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	
ANT-1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	
ANT-2	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
ANT-3	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	
ANT-4	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	
ANT-5	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0
ANT-6	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0
MG-1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	
MG-2	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	
MG-3	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	
MG-4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	
AY-1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1
IZM-1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	
IZM-2	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	
GRS-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	
GRS-2	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
GRS-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	
TRB-1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	
RZ-1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	
TRB-2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	
TRB-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	
OR-1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
OR-2	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	
SM-1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
SM-2	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
SM-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	
SM-4	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	
SM-5	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	
SM-6	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
SNP-1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	
SNP-2	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	
SNP-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	
SNP-4	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
SNP-5	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
KSM-1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	
KSM-2	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	
KSM-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	
KSM-4	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	
KSM-5	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	
KSM-6	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1

Şekil 4.4. SCoT primerlerinden S2'ye ait 48 defne genotipini temsil edilen bant görüntüsünün var (1) ve yok (0) skorlamaları

4.2.1. ISSR Analizi

Ön taraması yapıp seçilen 16 adet ISSR primerinden toplamda 373 bant üretilmiş olup bunlardan 348 adedinin polimorfik olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1.). Toplam bant sayısı olarak ISSR primerleri için en fazla bant sayısı 46 adet ile UBC890 primerinden, en az bant sayısı ise 10 adet ile UBC819 primerinden elde edilmiştir. ISSR primerleri polimorfizm oranı bakımından incelendiğinde ise, polimorfizm oranının %81,4 ile %100 arasında değiştiği ve ortalama olarak %94,04 polimorfizm oranının olduğu saptanmıştır. En düşük polimorfizm oranının %81,4 ile UBC888 primerinden, en yüksek polimorfizm oranının ise %100 ile UBC816, UBC817, UBC825 ve UBC834 primerlerinden elde edildiği görülmüştür. Primer başına ortalama skorlanabilir bant sayısı 23,31 adet olup, ortalama polimorfik bant sayısı da 21,75 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.2).

Araştırmada ISSR analizi sonucu PopGene istatistiki paket programından elde edilen verilere göre polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri 0,539 (UBC810) ile 0,795 (UBC825) arasında belirlenmiş olup, ortalama PIC değeri 0,704 olarak hesaplanmıştır. NE (Etkili alel sayısı), H (Genetik çeşitlilik) ve I (Shannon indeksi) bulgularında en yüksek ve en düşük değerlerin elde edildiği primer sıralaması aynı sıralamalar olarak tespit edilmiştir. En düşük değerler sırasıyla 1,416/0,249/0,380 ile UBC888 primerinden ve en yüksek değerler ise sırasıyla 1,728/0,388/0,557 ile UBC814 primerinden elde edilmiştir. Ortalama değerler de sırasıyla 1,524/0,308/0,464 (NE/H/I) olarak bulunmuştur. Toplam genetik çeşitlilik (HT) değerleri ise 0,038 (UBC825) ile 0,285 (UBC810) arasında değişmiş olup ortalama toplam genetik çeşitlilik değeri 0,185 bulunmuştur.

Çizelge 4.2. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için hesaplanan parametreler listesi

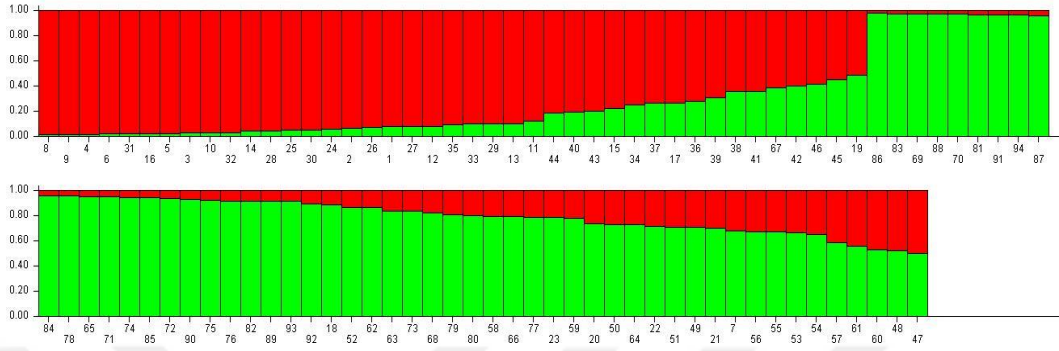
Primer	SBS	PBS	PO	PIC	NE	H	I	HT
UBC807	29	27	93,10	0,72	1,57	0,33	0,50	0,19
UBC809	18	17	94,44	0,71	1,47	0,28	0,43	0,17
UBC810	18	16	88,89	0,54	1,57	0,31	0,46	0,29
UBC812	13	12	92,31	0,72	1,50	0,30	0,45	0,20
UBC813	14	13	92,86	0,57	1,50	0,29	0,43	0,24
UBC814	17	16	94,12	0,77	1,73	0,39	0,56	0,23
UBC815	18	17	94,44	0,73	1,51	0,30	0,46	0,06
UBC816	25	25	100	0,76	1,47	0,29	0,45	0,25
UBC817	21	21	100	0,72	1,58	0,34	0,51	0,17
UBC819	10	9	90	0,68	1,54	0,32	0,48	0,18
UBC825	13	13	100	0,80	1,50	0,31	0,47	0,04
UBC834	16	16	100	0,66	1,50	0,31	0,47	0,11
UBC847	34	33	97,06	0,76	1,44	0,27	0,42	0,16
UBC888	43	35	81,40	0,67	1,42	0,25	0,38	0,18
UBC890	46	42	91,30	0,70	1,50	0,29	0,45	0,27
UBC891	38	36	94,74	0,75	1,61	0,35	0,52	0,21
Toplam	373	348						
Ortalama	23,31	21,75	94,04	0,70	1,52	0,31	0,46	0,19

SBS: Skorlanan bant sayısı, PBS: Polimorfik bant sayısı, PO: Polimorfizm oranı, PIC: Polimorfizm bilgi içeriği, NE: Etkili alel sayısı, H: Genetik çeşitlilik, I: Shannon indeksi, HT: Toplam genetik çeşitlilik

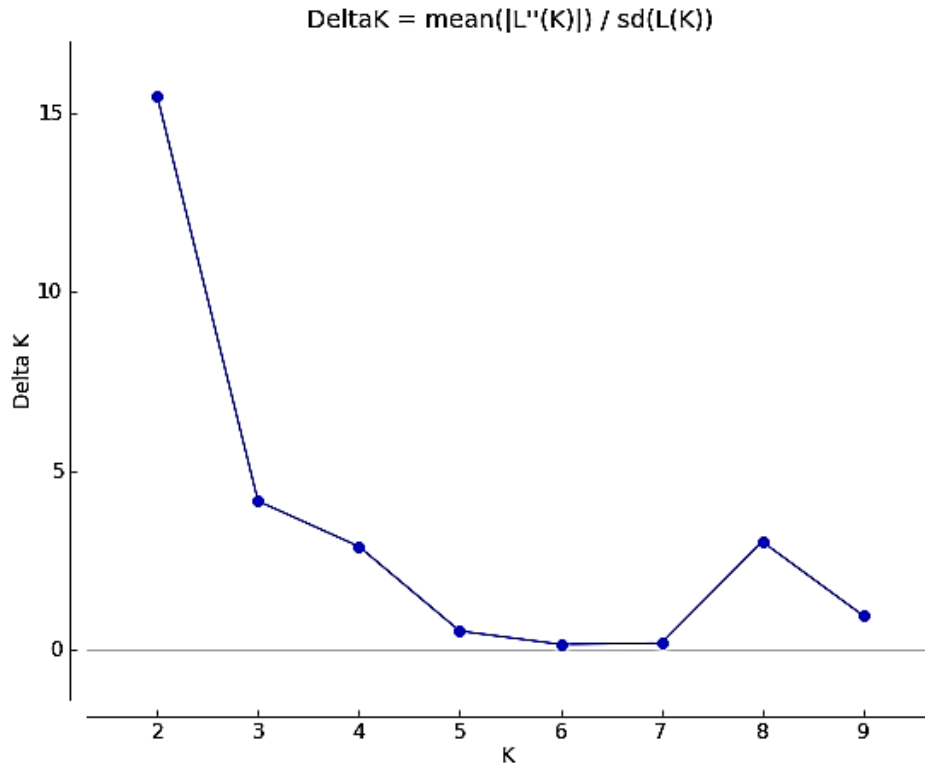
Toplam 94 adet defne genotipinden elde edilen ISSR verileri kullanılarak Nei (1978) prensibine göre hesaplanan genetik mesafeler Tablo A (Ekler/EK A/Syf 102)'da verilmiştir.

Tablo A (Ekler /EK A) incelendiğinde, Nei genetik mesafelerinin 0,172 ile 0,701 arasında değiştiği ve ortalama olarak 0,391 değerinde genetik mesafe olduğu tespit edilmiştir. 0,701 Nei genetik mesafesine göre 56. (Zonguldak/Ereğli/Gülüç) ve 10. (Antalya/ Gazipaşa/ Demirtaş) genotipler genetik olarak birbirlerine en uzak genotipler olarak belirlenmiştir (syf 118). 56. (Zonguldak/ Ereğli/ Gülüç) ve 42. (Sinop/ Türkeli/ Merkez) genotipler ise 0,172 Nei genetik mesafesi ile birbirlerine genetik olarak en yakın genotipler olarak saptanmıştır (syf 122).

ISSR var-yok (0 ve 1) değerlerine göre STRUCTURE paket programı kullanılarak oluşturulan dosyaların internet üzerinden STRUCTURE HARVESTER uygulaması ile elde edildiği kümeleme analizinin gruplandırma şeması Şekil 4.5'te ve ΔK değeri Şekil 4.6'da verilmiştir.

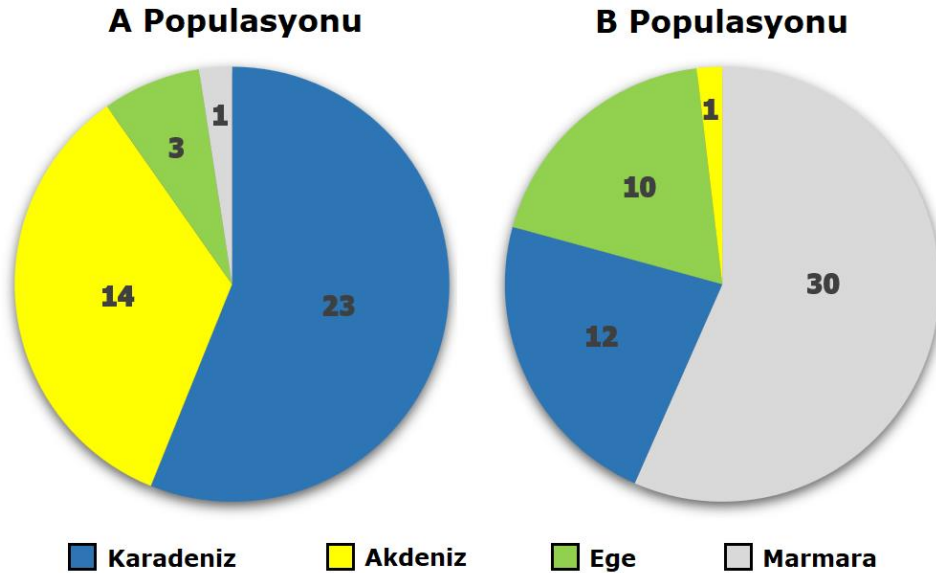


Şekil 4.5. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak oluşturulan STRUCTURE kümeleme analizi



Şekil 4.6. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak oluşturulan ΔK tablosu

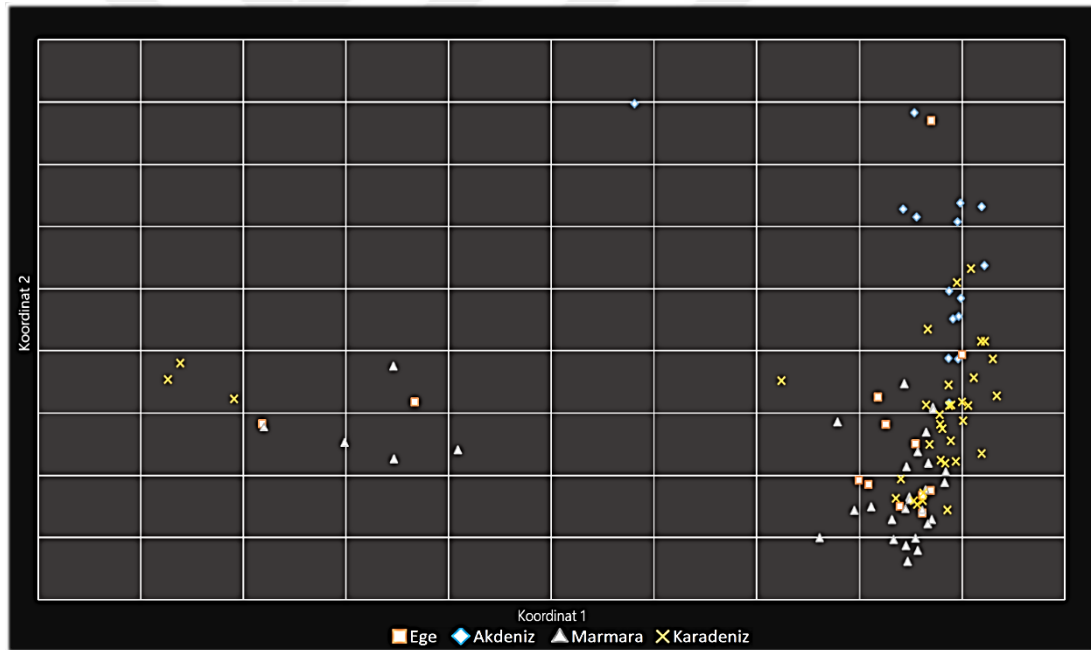
Şekil 4.5 ve Şekil 4.6’da görüldüğü üzere ISSR analizinde incelenen 94 adet defne genotipi, A ve B olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır. Populasyon A’da toplamda 41 adet genotip bulunmakta olup, geri kalan 53 genotip B populasyonu içerisinde yer almıştır. Analiz sonuçlarına göre populasyon A; 7. genotip (Mersin/Erdemli/Esenpınar) hariç bütün Akdeniz bölgesi genotiplerini içermekte olup, Ege bölgesinden 3 adet genotipi, Karadeniz bölgesinden 23 adet genotipi ve Marmara bölgesinden ise yalnızca 67. genotipi (Yalova/Çınarcık/Merkez) içermektedir. B populasyonunda ise bir genotip hariç bütün Marmara bölgesi genotipleri yer almakta olup, 10 adet Ege bölgesi genotipi, 12 adet Karadeniz bölgesi genotipi ve 1 adet Akdeniz genotipi bulunmaktadır. Dağılımın coğrafi bölgelere göre görünümünü daha iyi kavramak adına Şekil 4.7’de başka bir görsel verilmiştir.



Şekil 4.7. 94 defne genotipi için 16 adet ISSR primeri kullanılarak oluşturulan ve STRUCTURE kümeleme analizi ile elde edilen sonuçlara göre genotiplerin coğrafi bölgelere göre dağılımı

ISSR analizi için yapılan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçlarına göre populasyonlar içerisinde (%96) oluşan varyasyon, populasyonlar arası (%4) oluşan varyasyondan yüksek çıkmıştır (Çizelge 4.3).

ISSR sonuçlarına göre genotipleri bulundukları coğrafi bölgelere göre kıyaslama amaçlı olarak genetik mesafe değerlerinin verildiği ve genetik mesafelerin temel koordinat düzleminde görüldüğü, PopGene programında oluşturulan AMOVA ve PCoA analizlerinin çizelge ve görüntüleri Çizelge 4.4 ve Şekil 4.9’de verilmiştir. Elde edilen değerlere göre Karadeniz Bölgesi en yüksek genetik çeşitliliğe (H) sahip bölge (0,28) olarak tespit edilmiş olup, bu bölgeyi sırasıyla Marmara (0,27), Ege (0,26) ve Akdeniz (0,24) bölgeleri takip etmiştir. Etkili alel sayısı (NE) ve Shannon indeksi (I)’nde de aynı sıralamalar görülmüştür. Toplam genetik çeşitlilik (HT) değerlerinde en yüksek değere sahip olan Karadeniz (0,20) bölgesinden sonra sırasıyla Ege (0,19), Marmara (0,17) ve Akdeniz (0,14) bölgeleri bulunmaktadır. Genetik mesafe (GM) değerlerinde ise en yüksek değer Ege (0,40) bölgesine ait olduğu görülmüş ve bu bölgeyi sırasıyla Karadeniz (0,39), Marmara (0,38) ve Akdeniz (0,37) bölgeleri takip etmiştir.



Şekil 4.9. 16 adet ISSR primeri kullanılarak 94 defne genotipinin bulundukları coğrafi bölgeye göre oluşturulan temel koordinat (PCoA) analizi

Çizelge 4.4. 94 defne genotipinde 16 ISSR primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için coğrafi bölgeler arası oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA)

Coğrafi Bölge	NE	H	I	HT	GM
Akdeniz Bölgesi	1,41	0,24	0,37	0,14	0,37
Ege Bölgesi	1,45	0,26	0,40	0,19	0,40
Karadeniz Bölgesi	1,49	0,28	0,43	0,20	0,39
Marmara Bölgesi	1,46	0,27	0,41	0,17	0,38

NE: Etkili alel sayısı, H: Genetik çeşitlilik, I: Shannon indeksi, HT: Toplam genetik çeşitlilik GM: Genetik Mesafe

Defne (*Laurus nobilis* L.) bitkisinde daha önce ISSR analizi ile yürütülen iki adet çalışma tespit edilmiştir. Mohamed vd. (2016)'nin 13 ISSR primeri kullandığı çalışmada 8 adet Lauraceae taksonu örnek DNA'lar olarak alınmıştır. Bu çalışmada ortalama olarak 12,7 polimorfik bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı ortalaması da %79 olarak belirlenmiştir. Söz konusu araştırmacıların bulguları bu çalışmanın bulgularından düşük çıkmıştır. Ayrıca örnek DNA/Genotip sayısının az olması ve çalışmanın defne bitkisi özelinde olmayıp Lauraceae familyasına ait diğer bitkileri de (*L. azorica*, *P. armericana* var. *armericana*, *P. armericana* var. *drymifolia* vs.) içermesi nedeniyle genetik çeşitliliği ve kümeleme analizini bu çalışma ile kıyaslamak doğru olmayacaktır. Bu çalışmanın sonucunda tavsiye edilen diğer primerler arasında SCoT primerleri de bulunmaktadır. Sevindik (2019)'in Ege Bölgesi'nin 7 defne popülasyonunda (Seferihisar, Salihli, Çiğli, Denizli, Aydın, Yeşilyurt ve Muğla) 10 adet ISSR primeri kullanarak genetik çeşitliliği araştırdığı çalışmanın sonucunda ilgili popülasyonlar arasında genetik ilişki kurulduğu tespitine varılmış olup daha fazla genotip ile daha güvenilir sonuçlar çıkacağı hükmüne varılmıştır. Araştırmada 2,2 ortalama polimorfik bant sayısı ve %49,2'lik ortalama polimorfizm oranı elde edilmiş olup elde edilen değerler bu çalışmanın bulgularından oldukça düşük çıkmıştır. Popülasyon sayısının düşük ve araştırma alanının sadece Ege Bölgesi'nden ibaret olması nedeniyle ilgili araştırmanın polimorfizm oranlarının ve polimorfik bant sayılarının bu çalışmada elde edilen değerlerden daha düşük olması da normal olup anlaşılabilir bir durumdur.

ISSR analizi ile diğer bitkilerin moleküler düzeyde araştırılmasına yönelik çalışmalara bakılacak olunursa, Arslan ve Tamkoç (2011)'un 20 adet ISSR primeri ile 3 *Poa angustifolia* (Dar yapraklı salkımotu) ve 11 *Poa trivialis* (Adi salkımotu)'in

arasındaki genetik çeşitliliği araştırmak için yürüttükleri çalışmada ortalama polimorfizm oranının %90,52 olduğu tespit edilmiştir. Çalışmada ayrıca 11 *Poa trivialis*'in tür içerisindeki genetik çeşitliliği araştırılmış, elde edilen 236 banttan 134'ü monomorfik bulunmuş ve ortalama polimorfizm oranı %43,22 olarak tespit edilmiştir. Bu bakımdan araştırmada elde edilen polimorfizm oranının bu çalışmada elde edilen polimorfizm oranından (%94,04) düşük olduğu görülmüştür. Çalışmada markör sayısının bu çalışmaya göre daha fazla olmasına rağmen elde edilen polimorfik bant sayısının bu çalışmadan elde edilen polimorfik bant sayısına kıyasla daha az olduğu görülmüştür. Ayrıca farklı türler arasında yapılan bir analiz olmasına rağmen elde edilen polimorfizm oranı da bu çalışmadan elde edilen polimorfizm oranından düşük çıkmıştır. Bu durum, bu çalışmaya göre daha az genotip ve daha dar alan (Kalecik, Eğrigöl ve Ankara) içeriğinde çalışmanın yürütülmüş olmasıyla da açıklanabilir.

Gomes vd. (2018)'nin 97 Kurkas (*Jatropha curcas*) popülasyonunda 100 adet ISSR marköründen 11'i genetik çeşitliliği tespit etmek için uygun bulunmuş ve bu primerlerden elde edilen 307 banttan 294 adedinin polimorfik bant olduğu tespit edilmiş ve ortalama polimorfizm oranı %95,76 olarak belirlenmiştir. Popülasyon sayısı bakımından bu çalışmaya yakın olması nedeniyle ilgili çalışmanın değerleri ISSR analizinin kıyasını yapmak adına birçok çalışmaya göre daha uygundur. Bu sebeple ilgili çalışmadan ISSR analizi için elde edilen bant sayılarının biraz daha düşük çıkması dışında bu araştırma ile uyumlu bulgular içerdiği söylenebilir. Diğer taraftan yapılan UPGMA dendogramında popülasyonların 4 kümeye ayrılması da bu çalışmanın sonuçlarını farklı kılan diğer unsurlardandır. İlgili çalışmanın bu çalışmadan 2 kat daha fazla olan küme oluşturmalarının nedeni ise çalışma alanının oldukça geniş olmasından kaynaklanabilir. Zira ilgili çalışma hem Brezilya hem de El-Salvador ülkelerindeki popülasyonlardan elde edilen DNA örnekleri ile yürütülmüş olup yüzölçümü kıyası ile bu çalışmanın yürütüldüğü alandan oldukça fazla oranda alanları içermektedir. Brezilya'nın (8.511.000 km²) Türkiye yüzölçümünün (783.562 km²) 10 katından fazla olması ve ilgili çalışma alanının ekvatorun her iki kuşağında da yapıldığı düşünüldüğünde bu çalışmaya kıyasla iki katı küme sayısının nasıl oluştuğu anlaşılabılır.

Bir diğer çalışmada Pourhosseini vd. (2018) İran'da yabani olarak yetişen 20 adet *Perovskia abrotanoides* popülasyonu arasındaki genetik çeşitliliği 9 adet ISSR markörü kullanarak araştırmışlardır. Araştırmada elde edilen 119 adet banttan 96'sı

polimorfik bulunmuş ve ortalama polimorfizm oranı %80,7 olarak belirlenmiştir. Bu bakımdan elde edilen polimorfizm bulgularının bu çalışmada elde edilen bulgulardan düşük olduğu söylenebilir. Jedrzejczyk (2018) ise 10 adet *Origanum* cinsinde 16 ISSR primeri kullanarak genetik çeşitlilik çalışması yürütmüştür. %96 olarak elde edilen ortalama polimorfizm oranı ile cins içerisinde yüksek bir polimorfizm değeri bulunmuştur. Bu çalışmada elde edilen polimorfizm oranının da bu değere yakın olduğu düşünüldüğünde, bu çalışmanın tek tür üzerinde yürütülmesinden dolayı oldukça başarılı bir polimorfizm oranı elde edildiği sonucuna varılabilir.

Afonso vd. (2019) tarafından yürütülen bir çalışmada ise Angola'nın farklı bölgelerinde (Cuanza Norte, Uige ve Malanje) yetişmekte olan Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) populasyonlarından alınan örneklerle 18 ISSR primeri kullanılarak genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Toplamda 40 genotip ile oluşturulan bu çalışmada %93,24 oranında ortalama polimorfizm oranı tespit edilmiştir. Bu bakımdan araştırma değerleri bu çalışma ile uyumlu sonuçlar vermiştir. Ancak yapılan AMOVA moleküler istatistik analizinde elde edilen populasyon içlerindeki varyasyon (%90) bu çalışmanın her iki primerde (ISSR ve SCoT) elde edilen bulgusundan da (%96) düşük çıkmıştır. Ismail vd. (2019) ise Malezya'nın 7 farklı bölgesinden tedarik ettikleri 57 adet *Etlingera elatior* populasyonu arasındaki genetik çeşitliliği 11 ISSR primeri kullanarak tespit etmeyi amaçlamışlardır. Elde edilen 197 adet banttan hepsi polimorfik olarak tespit edilmiş ve polimorfizm oranı %100 olarak bulunmuştur. Ayrıca ilgili çalışmanın UPGMA analizinde 7 alt küme elde edilmesi de varyasyonun ne kadar yüksek olduğunun bir diğer göstergesidir. Araştırmada elde edilen polimorfizm oranından ve daha önce bahsedilen çalışmaların polimorfizm oranlarından da anlaşılabileceği üzere ISSR primerlerinin, farklı populasyonların yapılarını açıklamada oldukça başarılı primerler olduğu anlaşılmaktadır.

4.2.2. SCoT Analizi

Ön taraması yapıp seçilen 10 adet SCoT primerinden toplamda 227 bant üretilmiş olup bunlardan 175 adedinin polimorfik olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.5.). Toplam bant sayısı olarak SCoT primerleri için en fazla bant sayısı 34 adet ile S2 primerinden, en az bant sayısı ise 16 adet ile S7, S8, S10 ve S11 primerlerinden elde edilmiştir. SCoT primerleri polimorfizm oranı bakımından incelendiğinde ise, polimorfizm oranının %31,25 ile %95,24 arasında değiştiği ve ortalama olarak %76,07

polimorfizm oranının olduğu saptanmıştır. En düşük polimorfizm oranının %31,25 ile S8 primerinden, en yüksek polimorfizm oranının ise %95,24 ile S5 primerinden elde edildiği görülmüştür. Primer başına ortalama skorlanabilir bant sayısı 22,7 adet olup, ortalama polimorfik bant sayısı da 17,5 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.5).

Araştırmada SCoT analizi sonucu PopGene istatistiki paket programından elde edilen verilere göre polimorfizm bilgi içeriği (PIC), genetik çeşitlilik (H) ve Shannon indeksi (I) bulgularında en yüksek ve en düşük değerlerin elde edildiği primer sıralaması aynı sıralama olarak tespit edilmiştir. En yüksek değerler sırasıyla 0,640/0,304/0,458 ile S6 primerinden ve en düşük değerler ise sırasıyla 0,154/0,086/0,137 ile S8 primerinden elde edilmiştir. Ortalama değerler de sırasıyla 0,454/0,230/0,352 (PIC/H/I) olarak hesaplanmıştır. Toplam genetik çeşitlilik (HT) değerleri 0,082 (S8) ile 0,241 (S1) arasında değişmiş ve ortalama değer 0,177 bulunmuştur. NE (Etkili alel sayısı) değerleri ise 1,132 (S8) ile 1,522 (S6 ve S10) arasında değişmiş ve ortalama değer 1,383 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.5. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için hesaplanan parametreler listesi

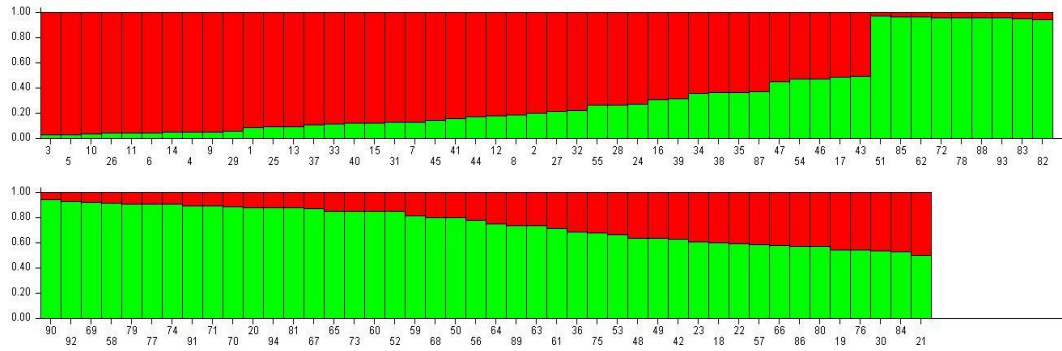
Primer	SBS	PBS	PO	PIC	NE	H	I	HT
S1	32	28	87,50	0,48	1,50	0,29	0,43	0,24
S2	34	27	79,41	0,52	1,39	0,22	0,34	0,21
S3	23	18	78,26	0,43	1,38	0,22	0,34	0,17
S4	28	15	53,57	0,39	1,28	0,17	0,26	0,17
S5	22	21	95,24	0,63	1,42	0,27	0,43	0,23
S6	24	22	91,67	0,64	1,52	0,30	0,46	0,22
S7	16	13	81,25	0,46	1,40	0,25	0,38	0,16
S8	16	5	31,25	0,15	1,13	0,09	0,14	0,08
S10	16	14	87,50	0,53	1,52	0,31	0,46	0,16
S11	16	12	75,00	0,31	1,29	0,18	0,29	0,14
Toplam	227	175						
Ortalama	22,70	17,50	76,07	0,45	1,38	0,23	0,35	0,18

SBS: Skorlanan bant sayısı, PBS: Polimorfik bant sayısı, PO: Polimorfizm oranı, PIC: Polimorfizm bilgi içeriği, NE: Etkili alel sayısı, H: Genetik çeşitlilik, I: Shannon indeksi, HT: Toplam genetik çeşitlilik

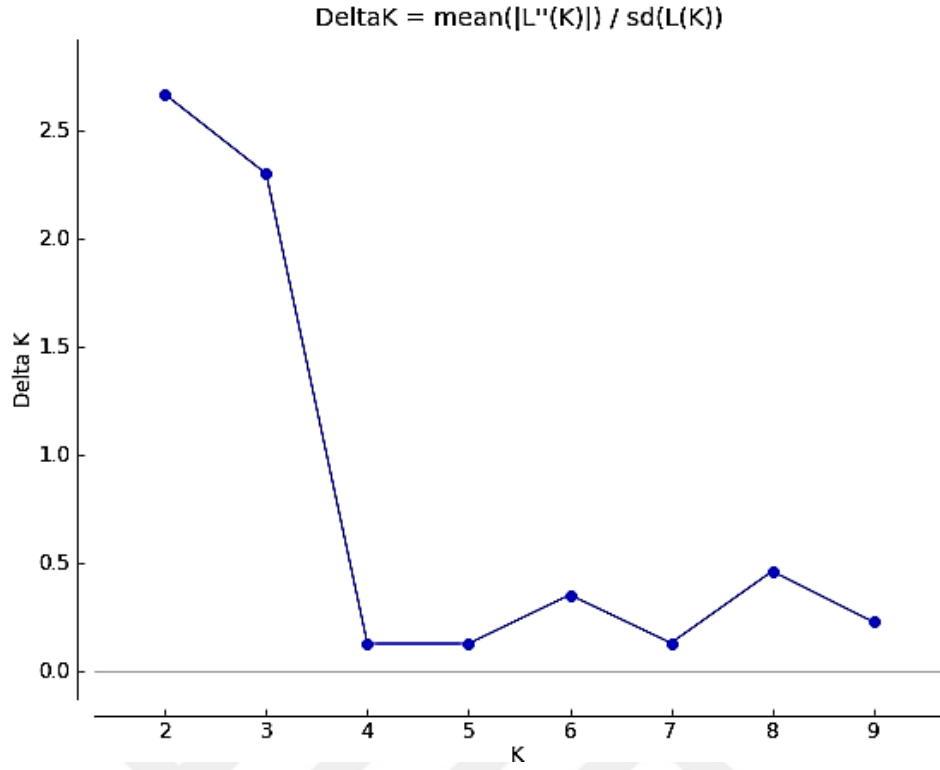
Toplam 94 adet defne genotipinden elde edilen SCoT verileri kullanılarak Nei (1978) prensibine göre hesaplanan genetik mesafeler Tablo B (Ekler /EK B/ Syf 145) 'de verilmiştir.

Tablo B (Ekler /EK B) incelendiğinde, Nei genetik mesafelerinin 0,122 ile 0,512 arasında değiştiği ve ortalama olarak 0,260 değerinde genetik mesafe olduğu tespit edilmiştir. 0,512 Nei genetik mesafesine göre 44. (Kastamonu/ Abana/ Merkez) ve 14. (Antalya/Kumluca/Merkez) genotipler genetik olarak birbirlerine en uzak genotipler olarak belirlenmiştir (syf 161). 62. (İstanbul/ Şile/ Merkez) ve 50. (Bartın/ Amasra/ Kaleşah) genotipler ise 0,122 Nei genetik mesafesi ile birbirlerine genetik olarak en yakın genotipler olarak saptanmıştır (syf 167).

SCoT var-yok (0 ve 1) değerlerine göre STRUCTURE paket programı kullanılarak oluşturulan dosyaların internet üzerinden STRUCTURE HARVESTER uygulaması ile elde edildiği kümeleme analizinin gruplandırma şeması Şekil 4.10'da ve ΔK değeri Şekil 4.11'de verilmiştir.

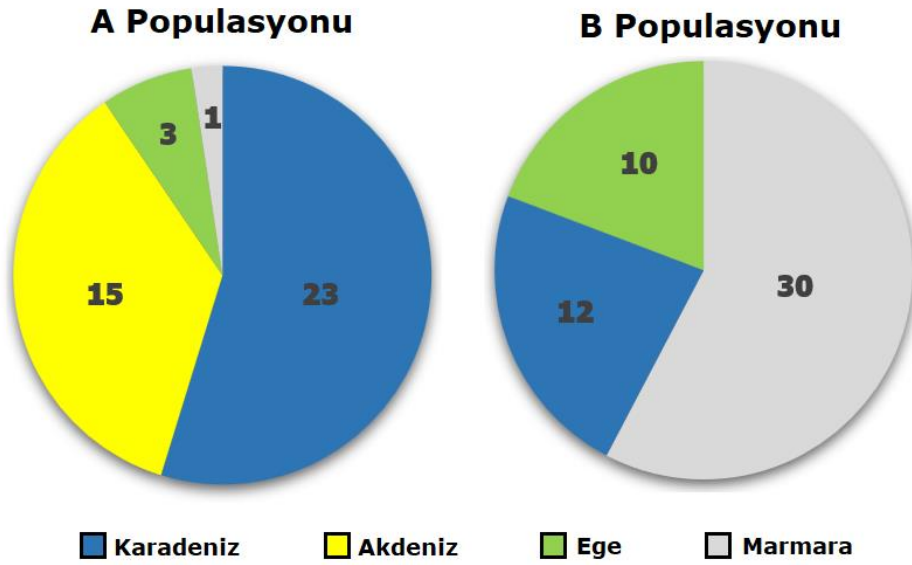


Şekil 4.10. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak oluşturulan STRUCTURE kümeleme analizi



Şekil 4.11. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak oluşturulan ΔK tablosu

Şekil 4.10 ve Şekil 4.11’de de görüldüğü üzere SCoT analizinde incelenen 94 adet defne genotipi, A ve B olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır. Populasyon A’da toplamda 41 adet genotip bulunmakta olup, geri kalan 53 genotip B populasyonu içerisinde yer almıştır. Analiz sonuçlarına göre populasyon A; tüm Akdeniz bölgesi genotiplerini içermekte olup, Ege bölgesinden 3 adet genotipi, Karadeniz bölgesinden 23 adet genotipi ve Marmara bölgesinden ise yalnızca 87. genotipi (Tekirdağ/Merkez/Değirmenaltı) içermektedir. B populasyonunda ise bir genotip hariç bütün Marmara bölgesi genotipleri yer almakta olup, 10 adet Ege bölgesi genotipi ve 12 adet Karadeniz bölgesi genotipi bulunmaktadır. Dağılımın coğrafi bölgelere göre görünümünü daha iyi kavramak adına Şekil 4.12’de başka bir görsel verilmiştir.



Şekil 4.12. 94 defne genotipi için 10 adet SCoT primeri kullanılarak oluşturulan ve STRUCTURE kümeleme analizi ile elde edilen sonuçlara göre genotiplerin coğrafi bölgelere göre dağılımı

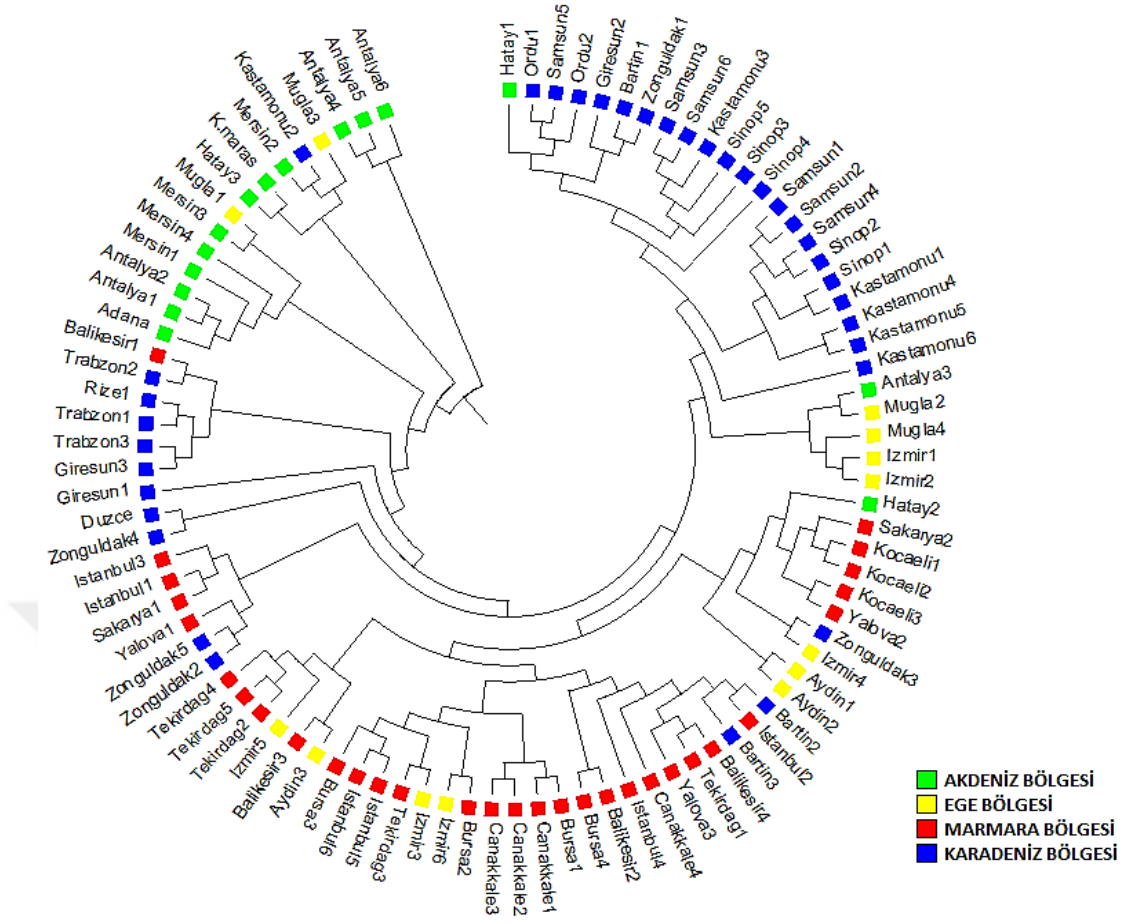
SCoT analizi için yapılan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçlarına göre populasyonlar içerisinde (%96) oluşan varyasyon, populasyonlar arası (%4) oluşan varyasyondan yüksek çıkmıştır (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA)

Kaynak	SD	KT	KO	TV	%
Populasyonlar Arası	3	21,963	7,321	0,157	4
Populsayonlar İçi	90	346,023	3,845	3,845	96
Toplam	93			4,001	100

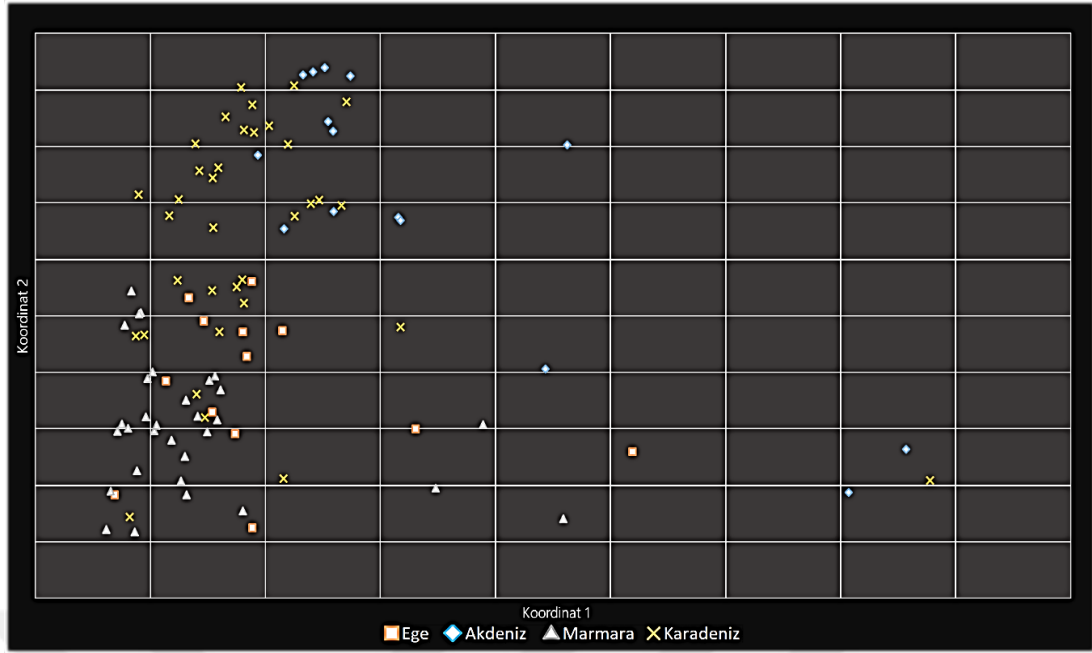
SD: serbestlik derecesi, KT: kareler toplamı, KO: kareler ortalaması, TV: tahmini varyans

Genetik yakınlıkları belirlemek adına 94 adet defne genotipinin genetik mesafelerin görülebilmesi için UPGMA kümeleme analizi ile soyağacı oluşturulmuştur. SCoT analizi skorlamalarının Mega7 paket programına yüklenmesi ile oluşturulan soyağacı çizimi Şekil 4.13'te verilmiştir.



Şekil 4.13. 94 defne genotipinde 10 adet SCoT primeri kullanılarak UPGMA kümeleme analizine göre oluşturulan soyağacı görüntüsü

SCoT sonuçlarına göre genotipleri bulundukları coğrafi bölgelere göre kıyaslama amaçlı olarak genetik mesafe değerlerinin verildiği ve genetik mesafelerin temel koordinat düzleminde görüldüğü, PopGene programında oluşturulan AMOVA ve PCoA analizlerinin çizelge ve görüntüleri Çizelge 4.7 ve Şekil 4.14’de verilmiştir. Elde edilen değerlere göre Akdeniz Bölgesi en yüksek genetik çeşitliliğe (H) sahip bölge (0,23) olarak tespit edilmiş olup, bu bölgeyi sırasıyla Karadeniz (0,22), Ege (0,21) ve Marmara (0,20) bölgeleri takip etmiştir. Etkili alel sayısı (NE) ve Shannon indeksi (I)’nde de bölgelere göre aynı sıralamalar görülmüştür. Toplam genetik çeşitlilik (HT) değerlerinde ise Karadeniz (0,18) bölgesi ilk sırada yer almakta olup bu bölgeyi sırasıyla Marmara (0,16), Akdeniz (0,13) ve Ege (0,12) bölgeleri takip etmektedir. Genetik mesafe (GM) değerlerinde ise en yüksek değerin Akdeniz (0,30) bölgesine ait olduğu görülmüş ve bu bölgeyi sırasıyla Karadeniz (0,26), Ege (0,25) ve Marmara (0,24) bölgeleri takip etmiştir.



Şekil 4.14. 10 adet SCoT primeri kullanılarak 94 defne genotipinin bulundukları coğrafi bölgeye göre oluşturulan temel koordinat (PCoA) analizi

Çizelge 4.7. 94 defne genotipinde 10 SCoT primeri kullanılarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için coğrafi bölgeler arası oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA)

Coğrafi Bölge	NE	H	I	HT	GM
Akdeniz Bölgesi	1,38	0,23	0,35	0,13	0,30
Ege Bölgesi	1,34	0,21	0,31	0,12	0,25
Karadeniz Bölgesi	1,35	0,22	0,33	0,18	0,26
Marmara Bölgesi	1,33	0,20	0,30	0,16	0,24

NE: Etkili alel sayısı, H: Genetik çeşitlilik, I: Shannon indeksi HT: Toplam genetik çeşitlilik GM: Genetik Mesafe

Defne (*Laurus nobilis* L.) bitkisinde daha önce SCoT analizi ile yürütülen herhangi bir çalışma tespit edilememiştir. SCoT analizi ile diğer bitkilerin moleküler düzeyde araştırılmasına yönelik çalışmalara bakılacak olunursa, Luo vd. (2010)'nin 33 adet SCoT markörü kullanarak 50 adet Mango germplazmasında genetik çeşitliliği belirlemek için yürüttükleri çalışmada elde ettikleri 273 banttan 208'inin (%76,19) polimorfik olduğu, primer başına 8,27 bant elde edildiği ve UPGMA analizinin aksesyonları altı alt kümeye ayırdığı görülmüştür. İlgili çalışmanın polimorfizm oranı bakımından bu çalışmanın polimorfizm oranı ile yüksek ölçüde örtüştüğü anlaşılmaktadır. Ancak primer başına elde edilen bant sayısına bakılacak olunursa, bu çalışmanın bant sayısının neredeyse 3'te 1'i oranından bant sayısı elde edildiği

söylenbilir. Çalışmada kullanılan 33 SCoT marköründen 273 bantın elde edilmesine karşın bu çalışmada sadece 10 SCoT marköründen 227 bant elde edildiği düşünüldüğünde defne bitkisinin SCoT markörlerinde bu bitkiye kıyasla 3 katı daha fazla verimli olduğu söylenbilir. Bu bakımdan ve az sayıda markör ile yüksek bilgi içeriği vermesi nedeniyle defne bitkisi için SCoT markörlerinin bu kıyas neticesinde yüksek ölçüde tavsiye edilebilecek markörler olduğu söylenbilir. Bhattacharyya vd. (2013) ise Hindistan'ın farklı bölgelerinden toplanan 60 yabancı orkide (*Dendrobium nobile* Lindl.) genotipinde 16 SCoT markörü kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Elde ettikleri %92,62 polimorfizm oranı bu çalışmada elde edilen polimorfizm oranından oldukça yüksek çıkmıştır. Yadav ve Malik (2016)'ın çalışmasında 35 SCoT markörü kullanılarak Kuzey Hindistan'ın farklı bölgelerinden 14 adet rezene (*Foeniculum vulgare*) genotipinin genetik çeşitliliği araştırılmıştır. Toplamda 256 bantın 240'ı polimorfik olarak tespit edilmiş ve polimorfizm oranının %85,69 olduğu ifade edilmiştir. İlgili çalışmada elde edilen primer başına bant sayısı verisi (7,0) bu çalışmada elde edilen bant sayısına kıyasla oldukça düşük çıkmıştır. Bunun dışında polimorfizm oranının ise bu çalışmadan elde edilen polimorfizm oranından yüksek olduğu görülmüştür.

Jalilian vd. (2018) 12 SCoT markörü ile 30 Ahlat (*Pyrus türü*) bitkisi üzerinde genetik çeşitliliği araştırmak üzere yürüttükleri çalışmada 87 adet elde ettikleri banttan 78'ini polimorfik olarak tespit etmişler ve ortalama polimorfizm oranını %95,9 olarak bulmuşlardır. Araştırmanın verileri bitki türleri üzerine (*P. communis*, *P. pyrifolia*, *P. syriaca* ve *P. Glabra*) olduğundan bu çalışmaya kıyasla çok yüksek polimorfizm içeriği olması normaldir. Ayrıca bu tespiti doğrulayacak diğer bir sonuç da UPGMA analizi sonrası popülasyonların 4 alt küme ve 2 ana kümeye ayrılmış olmasıdır. Kobeissi vd. (2018) ise 8 SCoT markörü kullanarak 32 krizantem (*Chrysanthemum morifolium*) çeşidinde genetik çeşitliliği tespit etmek için yaptıkları çalışmada ortalama PIC değerini 0,34 olarak bulmuşlardır. Bu bakımdan ilgili çalışmanın PIC değeri bu çalışmanın ortalama PIC değerinden (0,45) düşük çıkmıştır. Agarwal vd. (2019) 32 SCoT primeri kullanarak 29 gül türü üzerinde yürüttükleri genetik çeşitlilik çalışmasında 229 (%72,49) polimorfik bant elde etmişlerdir. Araştırmada primer başına bant sayısı 9,34 olarak tespit edilmiş olup, PIC değeri de 0,79 olarak hesaplanmıştır. Polimorfizm oranının bu çalışma ile kıyaslandığında yakın değerde olduğu görülmüş, ancak primer başına bant sayısı ise bu çalışmanın değerinden

oldukça düşük bulunmuştur. PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği) değeri ise bu çalışmanın bulgusunun (0,45) iki katından fazla çıkmıştır.

Golkar ve Nourbakhsh (2019) 30 adet çörekotu koleksiyonu üzerinde 12 adet SCoT primeri kullanarak genetik çeşitliliği araştırmak için yürüttükleri çalışmada ortalama polimorfizm oranını %81,75 olarak tespit etmişler ve STRUCTURE analizi sonrası çörekotu populasyonlarının 4 ana gruba ayrıldığını bildirmişlerdir. Araştırmadaki polimorfizm oranı ve STRUCTURE kümeleme analizi sonrası ayrılan grup sayısı bu çalışmanın polimorfizm oranı ve grup sayısına göre yüksek değerlerde çıkmıştır.

Bu çalışmadaki bulgulardan anlaşılabileceği üzere polimorfizm oranının bazı bulgularla uyumlu olsa da diğer birçok bulguya göre %5-20 değerleri arasında düşük çıktığı görülmüştür. Bunun sebebi SCoT-4 (%53,57) ve SCoT-8 (%31,25) primerlerinin diğer primerlere kıyasla oldukça düşük polimorfizm oranı vermiş olması olup bu vesile ile ortalama polimorfizm oranını da düşürmeleridir. Bazı araştırmacılar (Luo vd., 2010; Kobeissi vd., 2018) bu primeleri monomorfizm oranları yüksek olduğu için tercih etmemişlerdir. Örnek verilecek olunursa bu primerleri tercih eden araştırmacılardan Agarwal vd. (2019)'nin sonuçlarına göre SCoT-4 primerinde %43,33 polimorfizm oranı ve SCoT-8 primerinde %23,33 polimorfizm oranı tespit edilmiştir. Bu bakımdan polimorfizm oranını düşüren bu primerlerde Agarwal vd. (2019)'nin ilgili primerlerdeki polimorfizm oranı değerleri bu çalışmanın değerlerinden de düşük çıkmıştır.

Defne bitkisinde bu çalışmanın içeriğinde olmayan diğer moleküler markörlerin kullanıldığı bazı çalışmalar da bulunmaktadır. Ancak bu çalışmalar gerek genotip sayısının azlığından gerekse de genotip örneklerinin tedarik edildiği alanların küçük çaplı olmasından dolayı bu çalışma ile kıyaslanacak derecede kapsamlı değildir. Bu bakımdan ilgili parametrelerin kıyasının yapılması da makul değildir. Ayrıca bu çalışmaların çoğunda kıyası yapılacak parametrelerin olmaması da karşılaştırma yapılmasını engelleyecek diğer nedenlerdendir. Sadece Karık vd. (2019)'nin bu çalışma ile aynı laboratuvar şartlarında aynı genotipler ile 13 adet İPBS-Retrotranspozon markörü kullanarak yürüttüğü çalışma, karşılaştırması yapılabilecek çok uygun bir araştırmadır. İlgili çalışmada polimorfizm oranı %84,1 olarak tespit edilmiş olup bu çalışmanın ISSR analizinin polimorfizm oranından düşük, SCoT

analizinin polimorfizm oranından ise yüksek değerde tespit edilmiştir. Primer başına düşen polimorfik bant sayısı da 12,61 olarak tespit edilmiş olup bu çalışmanın ISSR analizinden de SCoT analizinden de düşük değerde bulunmuştur. Shannon indeksi (I) 0,35 değerinde bulunmuş olup bu çalışmanın SCoT analizinden elde edilen I değeri ile aynı, ISSR analizinden elde edilen I değerinden ise düşük değerde çıkmıştır. H (0,22), NE (1,36) ve PIC (0,36) değerlerinin hepsi bu çalışmadaki ISSR (H:0,31-NE:1,52-PIC:0,70) ve SCoT (H:0,23-NE:1,38-PIC:0,35) değerlerinden düşük değerde tespit edilmiştir (Çizelge 4.3; Çizelge 4.6). Bahsi geçen üç analizde de kümeleme analizleri sonucunda populasyonların 2 ana grup altında toplandığı görülmüştür. Ancak Karık vd. (2019)'nın yürüttüğü İPBS-Retrotranspozon analizinde bu gruplardan A populasyonunda Karadeniz, Marmara ve Ege bölgesindeki genotiplerin çoğunluğunun bulunduğu ve B populasyonunda Akdeniz bölgesindeki genotiplerin çoğunluğunun bulunduğu bildirilirken, bu çalışmadaki ISSR ve SCoT analizlerinin bulgularına göre Akdeniz ve Karadeniz bölgesindeki genotiplerin çoğunluğu A populasyonunda, Marmara ve Ege bölgesindeki genotiplerin ise B populasyonunda olduğu görülmüştür. İlgili çalışmada İPBS-Retrotranspozon analizi sonrasında yapılan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçlarına göre iki grup arasında (A ve B), yani defne populasyonları içerisinde oluşan varyasyon %85, populasyonlar arası oluşan varyasyon ise %15 bulunmuştur. Bu çalışmadaki her iki analizin değerlerinde ise defne populasyonları içerisinde oluşan varyasyon %96 ve populasyonlar arası oluşan varyasyon %4 olarak tespit edilmiştir. Bu bakımdan bu çalışmanın populasyonlar içerisinde oluşan varyasyon değerinin daha yüksek olduğu görülmüştür. Araştırmacıların genotipleri bulundukları alanlara göre kıyaslama amaçlı olarak genetik mesafe değerlerinin verildiği Neighbour Joining Clustering analizinde en yüksek genetik çeşitliliğe (H:0,24) Akdeniz bölgesi genotipleri sahip olmuştur. Bu çalışmadaki UPGMA ISSR analizi verilerine göre ise en yüksek genetik çeşitliliğe Karadeniz bölgesi (H:0,28) genotipleri sahip olurken SCoT analizi verileri ise ilgili araştırma ile benzer sonucu verip en yüksek genetik çeşitliliğe Akdeniz bölgesi (H:0,23) genotipleri sahip olmuştur. Shannon indeksinde en yüksek değer Ege bölgesi (I:0,31) genotiplerine ait olup, bu çalışmada ise ISSR analizinden elde edilen en yüksek Shannon indeksi değeri (I:0,43) Karadeniz bölgesi genotiplerine ait çıkmıştır. SCoT analizinden elde edilen en yüksek Shannon indeksi değeri ise ilgili çalışma ile aynı olup Akdeniz bölgesi genotiplerine (I:0,35) ait çıkmıştır. Etkili alel sayısında en yüksek değer Akdeniz bölgesi (NE:1,41) genotiplerine ait olup, bu çalışmada ise ISSR

analizinden elde edilen en yüksek etkili alel sayısı (NE:1,49) Karadeniz bölgesi genotiplerine ait bulunmuştur. SCoT analizinden elde edilen en yüksek etkili alel sayısı ise ilgili çalışma ile yine aynı olup Akdeniz bölgesi genotiplerine (NE:1,38) ait bulunmuştur. Toplam genetik çeşitlilikte en yüksek değer Akdeniz bölgesi (HT:0,19) genotiplerine ait olup bu çalışmadaki her iki analizde de (ISSR ve SCoT) elde edilen en yüksek toplam genetik çeşitlilik değerleri (ISSR/HT:0,20 – SCoT/HT:0,18) Karadeniz bölgesi genotiplerine ait çıkmıştır. Nei genetik mesafe ortalamalarının belirlendiği genetik mesafe (GM) verilerinde ise en yüksek değer Akdeniz bölgesinde (GM:0,28) tespit edilmiş olup bu çalışmadaki ISSR analizinden elde edilen en yüksek genetik mesafe (GM:0,40) Ege Bölgesi genotiplerine ait çıkmıştır. SCoT analizinden elde edilen en genetik mesafe değeri ise ilgili çalışma ile yine aynı olup en yüksek değer Akdeniz bölgesi genotiplerine (GM:0,30) ait çıkmıştır.

Bu çalışmada da görüldüğü üzere ISSR ve SCoT primerlerinin birlikte kullanıldığı bazı moleküler karakterizasyon çalışmaları mevcuttur (Gorji vd., 2011; Etminan vd., 2016; Abdein vd., 2018; Etminan vd., 2018; Qaderi vd., 2019). Bu çalışmalardan bitkiler farklı olsa da primer sistemlerini kıyaslamak adına çok daha uyumlu karşılaştırmalar olacağı öngörülmüştür. İlgili araştırmalardan Gorji vd. (2011)'nin 15 ISSR ve 15 SCoT primeri kullanarak yürüttükleri çalışmada 24 adet tetraploid patates çeşidinin genetik çeşitliliği araştırılmıştır. Araştırma bulgularında ISSR analizinden %47'lik ortalama polimorfizm oranı tespit edilmiş olup, SCoT analizinden ise %61'lik ortalama polimorfizm oranı tespit edilmiştir. İlgili araştırmanın polimorfizm oranı değerleri bu çalışmanın değerlerinden düşük çıkmıştır. Etminan vd. (2016) ise 15 ISSR ve 6 SCoT primeri kullanarak 25 ıslah hattı ve 18 genotipten oluşan 43 adet makarnalık buğday (*Triticum turgidum* var. *durum*) bitkisinde genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmada çok yüksek düzeyde polimorfizm oranları gözlemlemişlerdir (ISSR:%93,61 – SCoT:%100). İlgili araştırmanın bulguları bu çalışmanın ISSR değerinden düşük, SCoT değerinden ise yüksek çıkmıştır. PIC (Polimorfizm bilgi içeriği) değeri bakımından ISSR analizinden 0,41, SCoT analizinden ise 0,39 değeri elde edilmiştir. Bu çalışmada ise ISSR analizinden 0,70, SCoT analizinden ise 0,45 değeri elde edilerek ilgili çalışmanın değerlerinden yüksek bulgular elde edilmiştir. Ayrıca ilgili çalışmada her iki analizde de kümeleme analizi sonrası 5 adet grup elde edilmiş ve analizler arası doğrulama payı bu vesile ile yüksek çıkmıştır.

Abdein vd. (2018) 6 ISSR ve 7 SCoT primeri kullanarak Dünyada geniş bir şekilde yetiştiriciliği yapılan ve ekonomik öneme sahip önemli bir bitki olan 8 domates (*Lycopersicum esculentum* L.) genotipinde genetik çeşitliliği araştırmışlardır. SCoT analizinde primer başına ortalama 5,43 polimorfik bant elde edilmiş olup bu çalışmada daha yüksek bir değer elde edilmiştir. ISSR analizinde ise primer başına ortalama 4,33 polimorfik bant elde edilmiş olup bu değer için de bu çalışmadan daha düşük bulgu elde edildiği tespit edilmiştir. Polimorfizm oranı olarak ise SCoT analizinden %60,3'lik bir değer elde edilmişken ISSR analizinden %47,3'lük bir değer elde edilmiştir. Bu çalışmanın polimorfizm oranları ise ilgili çalışmanın polimorfizm oranlarından yüksek değerlerde bulunmuştur. Ayrıca ilgili çalışmada SCoT primerlerinin incelenen tüm parametrelerde ISSR primerlerinden daha bilgilendirici olduğu ifade edilmiştir.

Etminan vd. (2018) 21 adet ISSR ve 20 adet SCoT primeri ile *Salvia* türleri üzerinde yürüttükleri moleküler karakterizasyon çalışmasında ISSR markörlerinden 350, SCoT markörlerinden ise 329 adet bant elde etmişlerdir. Bütün bantların polimorfik çıkması neticesinde polimorfizm oranı da her iki analiz tekniği için %100 olarak tespit edilmiştir. Bu bakımdan araştırma bulgularının bu çalışmadaki bulgulardan yüksek değerlerde olduğu görülmüştür. ISSR analizinde primer başına düşen ortalama bant sayısının 16,67, SCoT analizinde primer başına düşen ortalama bant sayısının ise 16,45 olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmadan elde edilen primer başına düşen ortalama bant sayısı değerleri ise ilgili çalışmanın değerlerinden yüksek çıkmıştır (ISSR PBS: 21,75 – SCoT PBS: 17,50). PIC değerlerinde ise ISSR primerlerinin ortalama 0,38, SCoT primerlerinin ise ortalama 0,40 değerini verdiği tespit edilmiştir. Bu çalışmadaki değerler ise ilgili çalışmalarla uyumlu çıkmış olup çok yakın bulgular içermektedir (ISSR PIC: 0,41 – SCoT PIC: 0,39).

Qaderi vd. (2019) 12 adet ISSR ve 13 adet SCoT primeri kullanarak İran'ın farklı bölgelerinden toplanmış 72 adet İran Haşhaş genotipinde genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Çalışmada ISSR analizinden 98 adet polimorfik bant elde edilmiş olup primer başına ortalama 8,17 polimorfik bant oluşmuştur. SCoT analizinden ise 186 adet polimorfik bant elde edilmiş olup primer başına ortalama 14,31 polimorfik bant oluşmuştur. Bu çalışmadan elde edilen primer başına düşen ortalama bant sayısı değerleri ise ilgili çalışmanın değerlerinden yüksek çıkmıştır (ISSR PBS: 21,75 – SCoT PBS: 17,50).

4.3. ISSR ve SCoT Korelasyon Analizi

Defne (*Laurus nobilis* L.) genotipleri için yapılan ISSR ve SCoT analizleri sonucunda ortaya çıkan Nei genetik mesafelerinin (Tablo A ve Tablo B) birbirleri arasındaki doğrusal ilişki katsayılarını belirlemek amacıyla yapılan bu analiz sonucunda, her bir genotipin diğer genotiplere olan genetik mesafelerinin SCoT ve ISSR analizi sonrası elde edilen değerleri arasındaki korelasyon bulguları ve bu bulguların ortalamaları alınarak SCoT ve ISSR analizlerinin tüm veri seti içeriğindeki ilişkisinin (Ortalama korelasyon katsayısı değeri) yer aldığı korelasyon değerleri XLSTAT paket programında belirlenmiştir. Belirlenen korelasyon katsayısı (r) değerleri Çizelge 4.8.'de verilmiştir.

Çizelge 4.8. SCoT ve ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafelerinin korelasyon katsayıları

Genotip No	Genotip Kodu	ISSR-SCoT Korelasyon Katsayısı (r)
1	HT-1	0,457**
2	HT-2	0,446**
3	HT-3	0,662**
4	KM	0,756**
5	ADN	0,763**
6	MSN-1	0,659**
7	MSN-2	0,592**
8	MSN-3	0,770**
9	MSN-4	0,806**
10	ANT-1	0,778**
11	ANT-2	0,814**
12	ANT-3	0,854**
13	ANT-4	0,755**
14	ANT-5	0,843**
15	ANT-6	0,837**
16	MG-1	0,769**
17	MG-2	0,865**
18	MG-3	0,890**
19	MG-4	0,890**
20	AY-1	0,881**
21	IZM-1	0,921**
22	IZM-2	0,896**
23	GRS-1	0,911**
24	GRS-2	0,856**
25	GRS-3	0,901**
26	TRB-1	0,888**
27	RZ-1	0,907**
28	TRB-2	0,886**
29	TRB-3	0,926**
30	OR-1	0,928**
31	OR-2	0,914**
32	SM-1	0,935**

Çizelge 4.8. (devam) SCoT ve ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafelerinin korelasyon katsayıları

Genotip No	Genotip Kodu	ISSR-SCoT Korelasyon Katsayısı (r)
33	SM-2	0,938**
34	SM-3	0,932**
35	SM-4	0,939**
36	SM-5	0,940**
37	SM-6	0,942**
38	SNP-1	0,940**
39	SNP-2	0,923**
40	SNP-3	0,902**
41	SNP-4	0,947**
42	SNP-5	0,470**
43	KSM-1	0,912**
44	KSM-2	0,875**
45	KSM-3	0,945**
46	KSM-4	0,950**
47	KSM-5	0,927**
48	KSM-6	0,877**
49	BRT-1	0,939**
50	BRT-2	0,951**
51	BRT-3	0,958**
52	ZNG-1	0,956**
53	ZNG-2	0,832**
54	ZNG-3	0,956**
55	ZNG-4	0,949**
56	ZNG-5	0,497**
57	DUZ	0,947**
58	SAK-1	0,952**
59	SAK-2	0,962**
60	KOC-1	0,938**
61	IST-1	0,934**
62	IST-2	0,929**
63	IST-3	0,935**
64	KOC-2	0,936**

Çizelge 4.8. (devam) SCoT ve ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafelerinin korelasyon katsayıları

Genotip No	Genotip Kodu	ISSR-SCoT Korelasyon Katsayısı (r)
65	KOC-3	0,931**
66	YLV-1	0,960**
67	YLV-2	0,813**
68	BRS-1	0,935**
69	BRS-2	0,954**
70	BLK-1	0,967**
71	BLK-2	0,970**
72	IZM-3	0,939**
73	IZM-4	0,923**
74	AY-2	0,920**
75	AY-3	0,965**
76	IZM-5	0,941**
77	BLK-3	0,952**
78	BLK-4	0,956**
79	CNK-1	0,944**
80	CNK-2	0,950**
81	CNK-3	0,946**
82	CNK-4	0,864**
83	TKR-1	0,954**
84	TKR-2	0,952**
85	TKR-3	0,951**
86	TKR-4	0,934**
87	TKR-5	0,934**
88	IST-4	0,931**
89	IST-5	0,905**
90	IST-6	0,926**
91	BRS-3	0,886**
92	YLV-3	0,922**
93	BRS-4	0,904**
94	IZM-6	0,880**
Ortalama		0,880798**

** = %1 önem düzeyinde ilişkili bulunmuştur.

ISSR ve SCoT karşılaştırmalı korelasyon analizi sonucunda 5 genotip (HT-1, HT-2, MSN-5, ZNG-5 ve SNP-5) hariç bütün genotipler yüksek ve çok yüksek korelasyon değerleri vermiştir. Bu beş genotipte ise korelasyon değerleri 0,4 ile 0,6 arasında olduğundan dolayı orta derecede korelasyona sahip bulunmuştur. Yani istatistiki değerlendirmelere göre ISSR ve SCoT analizi sonuçlarındaki tüm genotip bulgularında bu iki analizin birbirlerine göre ilişkisinin doğrusal yönde olduğu sonucuna varılabilir. Ayrıca bu verilere göre ortalama değerin 0,881 (Çizelge 4.8) olması sebebiyle iki analiz (ISSR ve SCoT) arasında tüm veri setinde çok yüksek bir korelasyon olduğu görülmüştür. Her iki korelasyon değerlendirmesinde elde edilen bütün değerler %1 önem düzeyinde doğrusal ilişkili bulunmuştur.

Etminan vd. (2018)'nin *Salvia* türleri üzerinde 22 adet ISSR ve 20 adet SCoT primeri kullanarak yürüttükleri moleküler karakterizasyon çalışmasında analizler arasında benzer bir polimorfizm dağılımı görülmüş ve korelasyon katsayısı ortalaması (r) 0,83 olarak bulunmuştur. Bu sonuç araştırma bulgularından daha düşük çıksa da 0,8 değerinden yüksek olduğundan dolayı çok yüksek bir korelasyon değeri olarak kabul edilmiştir.

Genel itibarıyla ISSR ve SCoT primerlerinin birlikte kullanıldığı birçok çalışma olsa da bunların çalışma sonucunda doğrusal ilişkiye sahip olup olmadığının kontrolü yapılmamış olup korelasyon analizi sonuçları bulunmamaktadır.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Genetik çeşitliliğin derecesi ve dağılımının belirlenmesi, ıslah materyalinin gelecekteki çalışmaları için önemli adımlardandır. Bu çalışmada, defne bitkisinin genetik çeşitliliğini tespit etmek için çok etkili olan ISSR ve SCoT teknikleri kullanılmıştır. Daha önce de belirtildiği üzere defne genotipleri üzerinde SCoT primerleri adına hiçbir çalışma yapılmazken, ISSR primerlerinde küçük çaplı da olsa iki çalışma yapılmıştır. Türkiye’de bulunan defne genotipleri için yürütülen bu büyük ölçekli çalışma ise diğer markör tiplerinde yapılan dar alanlı çalışmalara kıyasla ıslahçılara daha fazla bilgi sağlayacaktır.

ISSR ve SCoT analizleri sonucunda oluşturulan soyağacına göre 94 adet defne genotipi A ve B olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır. Her iki analizde de A grubunda Akdeniz, B grubunda ise Marmara ve Ege bölgesindeki genotiplerin çok yüksek oranda veyahut tamamının olduğu görülmüştür. Yine her iki analizde Karadeniz bölgesindeki genotiplerin yaklaşık olarak 3’te 2’sinin A grubunda, 3’te birinin ise B grubunda olduğu tespit edilmiştir. Bu bakımdan iki analizin birbirlerini doğrular nitelikte analizler olduğu görülmüştür. Zirâ iki analizin doğrusal ilişkisinin olup olmadığını anlamak adına yapılan korelasyon analizinde ‘r’ değeri ‘0,881’ olarak çıkmış ve analizler arasında çok yüksek korelasyon olduğu sonucuna varılmıştır.

Moleküler analizler sonucunda denemeye alınan ISSR primerlerinden 16 adedi (UBC807, UBC809, UBC810, UBC812, UBC813, UBC814, UBC815, UBC816, UBC817, UBC819, UBC825, UBC834, UBC847, UBC888, UBC890 ve UBC891), SCoT primerlerinden ise 10 adedi (SCoT1, SCoT2, SCoT3, SCoT4, SCoT5, SCoT6, SCoT7, SCoT8, SCoT10 ve SCoT11) defne genotiplerinin DNA’ları adına yüksek oranda polimorfik olan güçlü ve temiz bantlar vermiş olup işleme alınmıştır. Bu bakımdan seçilen bu primerlerin defne bitkisinin genetik çeşitliliğini tespit etmek için en uygun primerler olduğu söylenebilir.

Defne ile ilgili daha önce yapılan diğer moleküler karakterizasyon çalışmalarının bu çalışmaya kıyasla hem genotip sayılarının az olması, hem de çalışma alanlarının dar olması sebebiyle genetik çeşitlilik karşılaştırması yapılması mantıklı bir tercih olmayacaktır. Bu sebeple, yapılan bu çalışma; 94 genotip, 4 farklı bölge ve 26 ili içermesi bakımından defne bitkisi için öncü bir araştırma niteliği taşımaktadır.

Türkiye’de defne (*Laurus nobilis* L.) bitkisi ile ilgili bazı çalışmalar yürütülmüş olmakla birlikte, doğal populasyonda bulunan ağaçların özelliklerini belirlemek için kapsamlı bir çalışma yapılmamıştır. Bilindiği üzere doğal populasyonlar içinde yüksek genetik farklılıklar mevcut olup çok farklı özelliklere sahip ağaçlar bulunmaktadır. Defne populasyonları içerisinde bulunan ve pek çok nitelik bakımından farklılık gösteren fertlerin yaprak özellikleri değişik olduğu gibi, uçucu yağ oranları ve uçucu yağ içeriklerinin de farklı olduğu bilinmektedir. Ayrıca, dioik bir bitki olan defnenin dişi ve erkek ağaçlar arasındaki özellikler bakımından ne gibi farklılıklar olduğu yeterince araştırılmamış ve kapsamlı bir kayıt oluşturulmamıştır. Ülkemiz için yüksek ekonomik öneme sahip olan bu bitki türünün, istenilen parametrelerde istenilen düzeyde özelliklere sahip olan genotiplerinin belirlenerek hızlı bir şekilde çoğaltılabilmesi adına çalışmalar yürütülmesi ülkemiz ekonomisine yüksek katkılar sağlayacaktır.

Bu bakımdan ülkemizde defne bitkisinin moleküler ıslahına yönelik yapılacak olan çalışmalara ağırlık verilmesi, yeni çeşitler geliştirilmesi ve bunların üretime katılması ile ülkemiz defne üretiminin artırılması, acil olarak ele alınması gereken konulardandır.

Yerel genotiplerin diğer bitkilerde olduğu gibi defne ıslahında da çok önemli bir yeri vardır. Bu sebeple yapılan bu çalışma ile yerel defne genotipleri moleküler seviyede tanımlanmış olup, bu bilgilerin ileride yapılacak ıslah çalışmalarında kullanılması ve farklı ekolojik bölgeler için defne çeşitlerinin elde edilmesine çok önemli katkılar sağlayacağı aşikârdır.

Ayrıca SCoT ve ISSR markörlerinin genomun fonksiyonel bölgesinden üretildiğinden yola çıkılacak olunursa ve genetik çeşitlilik ile genotip tanımlama yetisi de göz önünde bulundurulursa, bu markörlerin defne genotipleri için QTL haritalamada ve diğer bağlantı haritalarının oluşturulmasında kullanılması daha yararlı olacaktır.

Bütün bu bilgiler ışığında elde edilen veriler ile ileri vadede, defne bitkisi adına bir kütük defteri hazırlanması, yerel defne genotiplerinin kayıt altına alınması ve bu verilerin defne ıslahı çalışmalarında kullanmak üzere ıslahçıların bilgi ve kullanımlarına sunulması gerekmektedir

Ayrıca yapılacak projelerde ıslah amaçlarına uygun ve farklı ebeveynler seçilerek melezleme yapılması ve QTL haritalama için populasyon geliştirilmesi,

- Yapılacak diğer DNA analizleri ile birlikte her yerel genotipin kendine özgü DNA parmak izi oluşturulması ve böylece bunların da kayıt altına alınması,

- Buna ilave olarak defne ıslahında genetik varyasyonların oluşturulması adına DNA analiz sonuçlarının kullanılabilmesi,

- Defne genotiplerinden elde edilen DNA'lar ile SNP'ler oluşturulması ve Sekanslama ile Genotipleme (GBS) çalışmalarıyla da SNP keşiflerinin sürdürülmesi,

- Aynı zamanda, defne ıslah çalışmalarında temel oluşturacak olan ileriye yönelik defne genom haritalarının elde edilmesi de diğer hedeflenmesi gereken unsurlardandır.

6. KAYNAKLAR

- Abdein M A, El-Moneim D A, Taha SS, Al-Juhani WS, Mohamed SE (2018) Molecular characterization and genetic relationships among some tomato genotypes as revealed by ISSR and SCoT markers. *Egyptian Journal of Genetics And Cytology*, 47(1).
- Aboulila AA ve Mansour M (2017) Efficiency of Triple-SCoT primer in characterization of genetic diversity and genotype-specific markers against SSR fingerprint in some Egyptian barley genotypes. *American Journal of Molecular Biology*, 7(03), 123.
- Acartürk R (1997) Şifalı Bitkiler, Flora ve Sağlığımız. OVAK Yayınları, Yayın No:1, Ankara.
- Acıbuca V, Budak DB (2018) Dünya’da ve Türkiye’de Tıbbi ve Aromatik Bitkilerin Yeri ve Önemi. Çukurova J. Agric. Food Sci. 33(1): 37-44, 2018.
- Addinsoft SARL (2010) XLSTAT software, version 9.0. Addinsoft, Paris, France.
- Afonso SDJ, Moreira RFC, da Silva CA (2019). Genetic structure of cassava populations (*Manihot esculenta* Crantz) from Angola assessed through (ISSR) markers.
- Agarwal A, Gupta V, Haq SU, Jatav PK, Kothari SL, Kachhwaha S (2019) Assessment of genetic diversity in 29 rose germplasms using SCoT marker. *Journal of King Saud University-Science*, 31(4), 780-788.
- Ali F, Nadeem MA, Habyarimana E, Yılmaz A, Nawaz MA, Khalil IH, Ercişli S, Chung G, Chaudhary HJ, Baloch FS (2020) Molecular characterization of genetic diversity and similarity centers of safflower accessions with ISSR markers. *Brazilian Journal of Botany*, 1-13.
- Ali-Shtayeh MS, Yaniv Z, Mahajna J (2000) Ethnobotanical survey in the Palestinian area: a classification of the healing potential of medicinal plants. *Journal of Ethnopharmacology*, 73(1-2), 221-232.
- Andiego KP, Dangasuk OG, Odee DW, Omondi FS, Otieno DF, Balozi BK (2019) Genetic diversity of endangered sandalwood (*Osyris lanceolata*) populations in Kenya using ISSR molecular markers. *East African Agricultural and Forestry Journal*, 1-14.
- Arif M, Zaidi NW, Singh YP, Haq QMR, Singh US (2009) A comparative analysis of ISSR and RAPD markers for study of genetic diversity in Shisham (*Dalbergia sissoo*). *Plant molecular biology reporter*, 27(4), 488-495.
- Arroyo JM, Rigueiro C, Rodríguez R, Hampe A, Valido A, Rodríguez-Sánchez F, Jordano P (2010) Isolation and characterization of 20 microsatellite loci for laurel species (*Laurus*, Lauraceae). *American Journal of Botany*, 97(5), e26-e30.

- Arroyo-García R, Martínez-Zapater JM, Prieto JF, Álvarez-Arbesú R (2001) AFLP evaluation of genetic similarity among laurel populations (*Laurus L.*). *Euphytica*, 122(1), 155-164.
- Arslan N (2007) Genel Tıbbi Bitkiler Ders Notları (Basılmamış kitap /Online), 2007.
- Arslan E ve Tamkoc A (2011) The application of ISSR-PCR to determine the genetic relationship and genetic diversity between narrow leaved bluegrass (*Poa angustifolia*) and rough bluegrass (*Poa trivialis*) accessions. *Turkish Journal of Biology*, 35(4), 415-423.
- Atgüden C (2016) Türkiye'de doğal yayılış gösteren ankyropetalum fenzl (Caryophyllaceae) taksonları arasındaki akrabalık ilişkilerinin ISSR (Inter-simple sequence repeats) yöntemi ile belirlenmesi/Determination of phylogenetic relationships among the taxa of the genus ankyropetalum fenzl (Caryophyllaceae) from Turkey based on ISSR (Inter-simple sequence repeats) method (Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi).
- Ayanoğlu F, Mert A, Kaya A, Köse E (2010) Hatay Yöresinde Doğal Olarak Yetişen Defne (*Laurus nobilis L.*) Bitkisinin Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi ve Seleksiyonu, Tübitak Proje No: 108O878, 268s, Hatay.
- Azizi N, Sheidai M, Mozaffarian V, Arman M, Noormohammadi Z (2019) Assessment of relationships among and within *Helichrysum* Mill.(Asteraceae) species by using ISSR markers and morphological traits. *Hacquetia*, 18(1), 105-118.
- Babayeva S, Akparov Z, Amirov L, Shikhaliyeva K, Hasanova S, Rustamov K, Abbasov M (2018) Genetic Relationship Among Introduced Lentil Germplasm Using Agronomic Traits And Issr Markers. *Genetika-Belgrade*, 50(2), 575-590.
- Baloch FS, Alsaleh A, Andeden EE, Hatipoğlu R, Nachit M, Özkan H (2016) High levels of segregation distortion in the molecular linkage map of bread wheat representing the West Asia and North Africa region. *Turk J Agric For*, 40: 352–364.
- Bayan AA (2016) International Engineering, Science and Education Conference, 22-26
- Baydar H (2009) Tıbbi ve Aromatik Bitkiler Bilimi ve Teknolojisi. Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları No. 51, 234-235s, Isparta.
- Bayram E, Kırıcı S, Tansı S, Yılmaz G, Arabacı O, Kızıl S, Telci İ (2010) Tıbbi ve Aromatik Bitkiler Üretiminin Arttırılması Olanakları. Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi Bildiriler Kitabı-I, 437–456, 11–15 Ocak, Ankara.
- Baytop T (1984) Türkiye’de Bitkiler İle Tedavi. İ.Ü., Eczacılık Fakültesi Yayınları No:40, İstanbul, 520s.

- Baytop T (1994) Türkçe Bitki Adları Sözlüğü. Atatürk Kültür, Dil ve Tarih Yüksek Kurumu, Türk Dil Kurumu Yayınları, No: 578, Ankara.
- Baytöre F (2014) Yalova ilinde farklı yüksekliklerde doğal olarak yetişen defne (*Laurus nobilis* L.) populasyonlarında bazı morfolojik ve kalite özellikleri ile ontogenetik varyabilitenin belirlenmesi. *Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı*.
- Beckmann JS, Solter M (1983) Restriction fragment length polymorphisms in genetic improvement: methodologies, mapping and costs. *Theoretical and Applied Genetics*, 67(1), 35-43.
- Belaid Y, Chtourou-Ghorbel N, Marrakchi M, Trifi-Farah N (2006) Genetic diversity within and between populations of *Lathyrus* genus (Fabaceae) revealed by ISSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(7), 1413-1418.
- Belaj A, Satovic Z, Cdpriani G, Baldoni L, Testolev R, Rallo L, Trujillo I (2003) Comparative study of the discriminating capacity of RAPD, AFLP and SSR markers and of their effectiveness in establishing genetic relationships in olive. *Theoretical and Applied Genetics*, 107(4): 736-744.
- Bhattacharyya P, Kumaria S, Kumar S, Tandon P (2013) Start Codon Targeted (SCoT) marker reveals genetic diversity of *Dendrobium nobile* Lindl., an endangered medicinal orchid species. *Gene*, 529(1), 21-26.
- Blair MW, Panaud O, McCouch SR (1999) Inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 98(5), 780-792.
- Bornet B, Branchard M (2001) Nonanchored inter simple sequence repeat (ISSR) markers: reproducible and specific tools for genome fingerprinting. *Plant molecular biology reporter*, 19(3), 209-215.
- Boza A (2011) Karaburun Çeşme ve Dilek Yarımadası'nda Bulunan Doğal Defne (*Laurus nobilis* L.) Populasyonları Üzerinde Araştırmalar. Doktora Tezi, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, İzmir.
- Bretting PK, Widrlechner MP (1995) Genetic markers and plant genetic resource management.
- Bulut MÇ, Özmen CY, Ergül A, Ayanoglu F (2018) Genetic Characterization of Bay Laurel (*Laurus nobilis* L.) Populations Using Microsatellite Markers and Flow Cytometry. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 23(2), 242-253.
- Camacho Villa TC, Maxted N, Scholten M, Ford-Lloyd B (2006) Defining and identifying crop landraces. *Plant Genet. Resour.* 3: 373–384.

- Cardy BJ ve Beversdorf WD (1984) A procedure for the starch gel electrophoretic detection of isozymes in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. Dep. Crop Sci. Tech. Bull 119/8401. Univ. of Guelph, Ontario, Canada.
- Collard BC, Mackill DJ (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant molecular biology reporter*, 27(1), 86. Sidney HA (1974) Introduction to Pyhsical Metallurgy, Second Edition, Mc Graw-Hill Book Co., New York.
- Davis PH (1982). Flora of Turkey, Vol. 7, Edinburg Universty Pres, 947p., Edinburg.
- De Keyser E, De Riek J, Van Bockstaele E (2009) Discovery of species-wide EST-derived markers in *Rhododendron* by intron-flanking primer design. *Molecular breeding*, 23(1), 171-178.
- Deng L, Liang Q, He X, Luo C, Chen H, Qin Z (2015) Investigation and analysis of genetic diversity of diospyros germplasms using SCoT molecular markers in Guangxi. *PloS one*, 10(8), e0136510.
- Doyle JJ ve Doyle JL (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue, *Focus* 12:13-15.
- Driver C ve Arroy G (2001) Contributions of Jeffrey Harborne and coworkers to the study of anthocyanins. *Phytochemistry*, 56: 229-236.
- Duarte AB, Gomes WS, Nietsche S, Pereira MCT, Rodrigues BRA, Ferreira LB, Paixão PTM (2018) Genetic diversity between and within full-sib families of *Jatropha* using ISSR markers. *Industrial crops and products*, 124, 899-905.
- Duke JA (1987) CRC Handbook of Medicinal Herbs, CRC Pres inc., 677s Florida, U.S.A.
- Duke JA (1997) The green pharmacy: New discoveries in herbal remedies for common diseases and conditions from the world's foremost authority on healing herbs. New York, NY: Rodale Press. 501s USA.
- Duke JA, Duke PAK, Judith L, DuCellie JL (2008) Duke's Handbook of Medicinal Plants of the Bible CRC press 237-240 s, USA.
- Düzenli A ve Karaömerlioğlu D (2012) Türkiyede Defne ve Defnecilik Orman ve Su İşleri Bakanlığı Orman Genel Müdürlüğü ISBN:978-605-4610-10-5, 5-8 s, Ankara.
- Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Mohammadi R, Ahmadi-Rad A, Noori A, Mahdavian Z, Moradi Z (2016) Applicability of start codon targeted (SCoT) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers for genetic diversity analysis in durum wheat genotypes. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 30(6), 1075-1081.

- Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Noori A, Ahmadi-Rad A, Shooshtari L, Mahdavian Z, Yousefiazar-Khanian M (2018) Genetic relationships and diversity among wild *Salvia* accessions revealed by ISSR and SCoT markers. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(3), 610-617.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8), 2611-2620.
- Faydaoğlu E, Sürücüoğlu MS (2011) Geçmişten günümüze tıbbi ve aromatik bitkilerin kullanılması ve ekonomik önemi. *Kastamonu Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi*, 11(1), 52-67.
- Feng S, Zhu Y, Yu C, Jiao K, Jiang M, Lu J, Wang H (2018) Development of species-specific SCAR markers, based on a SCoT analysis, to authenticate *Physalis* (Solanaceae) species. *Frontiers in genetics*, 9, 192.
- Galvan MZ, Bornet B, Balatti PA, Branchard M (2003) Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as a tool for the assessment of both genetic diversity and gene pool origin in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 132(3), 297-301.
- Golkar P ve Nourbakhsh, V (2019) Analysis of genetic diversity and population structure in *Nigella sativa* L. using agronomic traits and molecular markers (SRAP and SCoT). *Industrial Crops and Products*, 130, 170-178.
- Gomes SO, Mendes RFM, Gomes RLF, Veloso, MDC, Arriel NHC, de Azevedo DMP, Lima PDC (2018) Assessment of the genetic diversity and population structure of *Jatropha curcas* accessions in Brazil using ISSR markers. *Embrapa Meio-Norte-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
- Gorji AM, Poczai P, Polgar Z, Taller J (2011) Efficiency of arbitrarily amplified dominant markers (SCoT, ISSR and RAPD) for diagnostic fingerprinting in tetraploid potato. *American journal of potato research*, 88(3), 226-237.
- Gorman MB ve Kiang T (1977) Variety-specific electrophoretic variants of four soybean enzymes. *Crop Science* 17: 963-965
- Gülşen O, Mutlu N (2005) Genetic markers used in plant sciences and their utilization. – *Alatarım* 4(2): 27-37.
- Guo DL, Zhang JY, Liu CH (2012) Genetic diversity in some grape varieties revealed by SCoT analyses. *Molecular biology reports*, 39(5), 5307-5313.
- Güler S (2006) Defne (*Laurus nobilis* L.) Yaprığı Verimi Üzerinde Etkili Faktörlerin Belirlenmesi Üzerine Araştırmalar (Antalya-Manavgat Yaylaalanı Örneği), Yüksek Lisans Tezi, Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Orman Mühendisliği Ana Bilim Dalı, Isparta.

- Hajyzadeh M, Çavuşoğlu A, Sulusoğlu M, Ünver T (2013) DNA SSR fingerprinting analysis among cherry laurel (*Prunus laurocerasus* L.) types. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 11(2), 630-638.
- Hamidi H, Talebi R, Keshavarzi F (2014) Comparative efficiency of functional gene-based markers, start codon targeted polymorphism (SCoT) and conserved DNA-derived polymorphism (CDDP) with ISSR markers for diagnostic fingerprinting in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Cereal research communications*, 42(4), 558-567.
- Hammer KA, Carson CF, RleyTV (1999) Antimicrobial Activity of Essential Oils and Other Plant Extracts. *Journal of Applied Microbiology*, 86, 985-990 s.
- Hamrick JL, Godt MJW, Murawski DA Loveless MD (1991) Correlations between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology. In: Genetic and conservation of rare plants (Falk DA and Holsinger KE, eds.). Oxford University Press, New York, 75-86.
- Hood L (2010) Biodiversity: Facts and Figures. <http://www.scidev.net/global/biodiversityfeature/biodiversity-facts-and-figures-1.html>
- Hu J ve Vick BA (2003). Target region amplification polymorphism, anovel marker technique for plant genotyping. *Plant Mol. Biol.Rep.* 21, 289–294.
- Huang L, Huang X, Yan H, Yin G, Zhang X, Tian Y, Peng Y (2014) Constructing DNA fingerprinting of Hemarthria cultivars using EST-SSR and SCoT markers. *Genetic resources and crop evolution*, 61(6), 1047-1055.
- Ismail NA, Rafii MY, Mahmud TMM, Hanafi MM, Miah G (2019) Genetic Diversity of Torch Ginger (*Etlingera elatior*) Germplasm Revealed by ISSR and SSR Markers. *BioMed research international*, 2019.
- Jalilian H, Zarei A, Erfani-Moghadam J (2018) Phylogeny relationship among commercial and wild pear species based on morphological characteristics and SCoT molecular markers. *Scientia horticulturae*, 235, 323-333.
- Jamal DM, Ho WS, Liew KS, Pang SL (2018) Determination of genetic diversity and genetic relatedness using ISSR markers in *Duabanga moluccana*. *Determination of genetic diversity and genetic relatedness using ISSR markers in Duabanga moluccana*, 7(1), 8-8.
- Jedrzejczyk I (2018) Study on genetic diversity between *Origanum* L. species based on genome size and ISSR markers. *Industrial crops and products*, 126, 201-207.
- Jedrzejczyk I ve Rewers M (2018) Genome size and ISSR markers for *Mentha* L. (Lamiaceae) genetic diversity assessment and species identification. *Industrial Crops and Products*, 120, 171-179.

- Jena SN, Verma S, Nair KN, Srivastava AK, Misra S, Rana TS (2015) Genetic diversity and population structure of the mangrove lime (*Merope angulata*) in India revealed by AFLP and ISSR markers. *Aquatic Botany*, 120, 260-267.
- Joshi SP, Gupta VS, Aggarwal RK, Ranjekar PK, Brar DS (2000) Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. *Theoretical and Applied Genetics*, 100(8), 1311-1320.
- Kafkas S, Ozkan H, Ak BE, Acar I, Atli HS, Koyuncu S (2006) Detecting DNA polymorphism and genetic diversity in a wide pistachio germplasm: Comparison of AFLP, ISSR, and RAPD markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 131(4), 522-529.
- Karaca M, İnce AG, Elmasulu SY, Onus AN, Turgut K (2005) Coisolation of genomic and organelle DNAs from 15 genera and 31 species of plants. *Analytical biochemistry*, 343(2), 353-355.
- Karık Ü, Nadeem MA, Habyarimana E, Ercişli S, Yıldız M, Yılmaz A, Baloch FS (2019) Exploring the Genetic Diversity and Population Structure of Turkish Laurel Germplasm by the iPBS-Retrotransposon Marker System. *Agronomy*, 9(10), 647.
- Kavaklı Ş (2012) Ege Bölgesi doğal defne populasyonunda genetik farklılıkların belirlenmesi, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi
- Kayacık H (1977) Orman ve Park ağaçlarının Özel sistematığı. *Cilt II*.
- Kence A (1992) Biyolojik zenginlikler, sorunlar ve öneriler. *Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Dergisi*, (74), 13-16.
- Khawar KM (2001) Mercimek (*Lens culinaris* Medik)'te Doku Kültürü Çalışmaları ve *Agrobacterium tumefaciens* Aracılığıyla Gen Aktarımı Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 147 s., Ankara.
- Kobeissi B, Saidi A, Kobeissi A, Shafie M (2018) Applicability of SCoT and SSR Molecular Markers for Genetic Diversity Analysis in *Chrysanthemum morifolium* Genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences*, 1-11.
- Kurt R, Karayılmazlar S, İmren E, Çabuk Y (2016) "Türkiye Ormancılık Sektöründe Odun Dışı Orman Ürünleri: İhracat Analizi", *Bartın Orman Fakültesi Dergisi*, 18(2), Bartın 2016. Erişim: <http://dergipark.gov.tr/download/article-file/233882>
- Kwon YS, Ryu TH, Kim CH, Song IH, Kim KM (2004) A Comparative Study of the RAPD and SSR Markers in Establishing a Genetic Relationship of the Various Types of *Cucurbita*. *Korean Journal of Genetics*, 26 (2): 115-122.
- Lee Rodgers J ve Nicewander WA (1988) Thirteen ways to look at the correlation coefficient. *The American Statistician*, 42(1), 59-66.

- Longo L ve Vasapollo G (2005) Anthocyanins from Bay (*Laurus nobilis* L.) Berries. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 53, 8063-8067 s.
- Luo C, He XH, Chen H, Ou SJ, Gao MP (2010) Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 38(6), 1176-1184.
- Martín J P, Sánchez-Yélamo MD (2000) Genetic relationships among species of the genus *Diplotaxis* (Brassicaceae) using inter-simple sequence repeat markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 101(8), 1234-1241.
- Mohamed ASH, Ahmed W, Rabia SS, Mourad MM (2016) Implications of Morphology And Molecular Criteria In Taxonomy Of Lauraceae Juss. *The Egyptian Journal Of Experimental Biology (Botany)*, 12(1), 45-52.
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3), 583-590.
- OGM (2016) Orman Genel Müdürlüğü, Odun Dışı Ürün ve Hizmetler Dairesi Başkanlığı, Defne Eylem Planı 2016-2020, Orman ve Su İşleri Bakanlığı, Orman Genel Müdürlüğü Erişim: https://www.ogm.gov.tr/ekutuphane/Yayinlar/Defne_Eylem_Plani.Pdf
- OGM (2017a) Ormancılık İstatistikleri, Tali Orman Ürünleri, Orman ve Su İşleri Bakanlığı, Orman Genel Müdürlüğü, 2017. Erişim: <https://www.ogm.gov.tr/ekutuphane/Istatistikler/Forms/AllItems.aspx?RootFolder=%2fekutuphane%2fIstatistikler%2fOrmanc%C4%B1l%C4%B1k%20%C4%B0statistikleri&FolderCTID=0x012000301D182F8CB9FC49963274E712A2DC00>
- OGM (2017b) Orman Genel Müdürlüğü, Odun Dışı Orman Ürünleri Resmi İstatistikleri, 2017
- Okigbo RN, Eme UE, Ogbogu S (2008) Biodiversity and conservation of medicinal and aromatic plants in Africa. *Biotechnology and Molecular Biology Reviews*, 3(6), 127-134.
- OSUİB (2017) Orman ve Su İşleri Bakanlığı, <http://www.ormansu.gov.tr/haber/odund%C4%B1%C5%9F%C4%B1-orman%C3%BCr%C3%BCnlerininekonomiye-katk%C4%B1s%C4%B1-giderek-art%C4%B1yor> Erişim Tarihi: 11.03.2017.
- Özel N, Akbin G, Öner HH, Altun N, Akbin NA (2008) Batı Anadolu'da Defne (*Laurus nobilis* L.) Yayılış Alanlarının ayrtışme Ortamı Özelliklerinin Belirlenmesi Çevre ve Orman Bakanlığı Ege Ormancılık Araştırma Müdürlüğü Teknik Bülten No:40, Bakanlık Yayın No: 329, Müdürlük Yayın No: 39, 4-73s, İzmir.
- Özer S (1987) Ülkemizdeki Bazı Önemli Orman Tali Ürünlerinin Teşhis ve Tanıtım Klavuzu. Orman Genel Müdürlüğü Yayını, Yayın No: 659, Seri No: 18, Ankara.

- Özhatay N, Koyuncu M, Atay S, Byfield A (1997) Türkiye'nin Doğal Tıbbi Bitkilerinin Ticareti Hakkında Bir Çalışma. Doğal Hayatı Koruma Derneği, ISBN:975-96081-9- 7, 121 s, İstanbul.
- Pala B (2010) Defne (*Laurus nobilis* L.) Üzerinde Bazı Agroteknik Çalışmalar. Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.
- Parlak S, Demirci A (2011) Soil Properties in Natural Habitats of Daphne (*Laurus nobilis* L.) 2nd International Non-Wood Forest Products Symposium 123s., Isparta.
- Peirce LC ve Brewbaker JL (1973) Applications of isozyme analysis in horticultural science. Hort. Science, 8: 17-22
- Pourhosseini SH, Hadian J, Sonboli A, Nejad Ebrahimi S, Mirjalili MH (2018) Genetic and Chemical Diversity in *Perovskia abrotanoides* Kar.(Lamiaceae) Populations Based on ISSR s Markers and Essential Oils Profile. *Chemistry & biodiversity*, 15(3), e1700508.
- Qaderi A, Omid M, Pour-Aboughadareh A, Pocza P, Shaghghi J, Mehrafarin A, Etminan A (2019) Molecular diversity and phytochemical variability in the Iranian poppy (*Papaver bracteatum* Lindl.): A baseline for conservation and utilization in future breeding programmes. *Industrial Crops and Products*, 130, 237-247.
- Rana MK ve Bhat KV (2004) A Comparison of AFLP and RAPD Markers for Genetic Diversity and Cultivar Identification in Cotton. J. Plant Biochemistry & Biotechnology, 13: 19-24.
- Rathore NS, Rai MK, Phulwaria M, Rathore N, Shekhawat NS (2014) Genetic stability in micropropagated *Cleome gynandra* revealed by SCoT analysis. *Acta physiologiae plantarum*, 36(2), 555-559.
- Reddy MP, Sarla N, Siddiq EA (2002) Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *euphytica*, 128(1), 9-17.
- Rodríguez-Sánchez F, Guzmán B, Valido A, Vargas P, Arroyo J (2009) Late Neogene history of the laurel tree (*Laurus* L., Lauraceae) based on phylogeographical analyses of Mediterranean and Macaronesian populations. *Journal of Biogeography*, 36(7), 1270-1281.
- Roldán-Ruiz I, Dendauw J, Van Bockstaele E, Depicker A, De Loose MAFLP (2000) AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular breeding*, 6(2), 125-134.
- Sammour RH (1991) Using electrophoretic techniques in varietal identification, biosystematic analysis, phylogenetic relations and genetic resources management. J. Islamic Acad. Sci., 4: 221-226.

- Sankhla AK, Malik CP, Parashar M (2015) A review on start codon targeted (SCoT) marker. *The Journal of Plant Science Research*, 31(2), 153.
- Scarano MT, Abbate L, Ferrante S, Lucretti, S, Tusa N (2002) ISSR-PCR technique: a useful method for characterizing new allotetraploid somatic hybrids of mandarin. – *Plant Cell Reports* 20: 1162-1166.
- Seçmen Ö, Gemici Y, Leblebici E, Görk G, Bekat L (1992) Tohumlu Bitkiler Sistematığı, Ege Üniversitesi Fen Fakültesi Kitaplar Serisi No. 116, 241 s, İzmir.
- Sevindik E. (2019) Molecular Genetic Diversity Of Some *Laurus nobilis* L. (Lauraceae) Populations Grown In The Aegean Region/Turkey. *Afs-Advances In Food Sciences*, 28.
- Sezik E (2014) Tıbbi ve Aromatik Bitkiler ve Kalite”, İnönü Üniversitesi Tıbbi ve Aromatik Bitkilerin Eczacılık ve Ormancılıktaki Önemi Çalıştayı, 2014
- Singh AK, Rana MK, Singh S, Kumar S, Kumar R, Singh R (2014) CAAT box-derived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. *Journal of plant biochemistry and biotechnology*, 23(2), 175-183.
- Sivrikaya F, Karahalil, U, Keleş S, Kırış R (2006) Bazı Odun Dışı Orman Ürünlerinin (Reçine, Defne, Sığla) Amenajman Planlama Felsefesi Açısından Değerlendirilmesi, 1. Uluslararası Odun Dışı Orman Ürünleri Sempozyumu Bildiriler Kitabı, Trabzon, 413-424 s.
- Solano MCP, Ruiz JS, Arnao MTG, Castro OC, Tovar MEG, Bello JJB (2019) Evaluation of in vitro shoot multiplication and ISSR marker based assessment of somaclonal variants at different subcultures of vanilla (*Vanilla planifolia* Jacks). *Physiology and molecular biology of plants*, 25(2), 561-567.
- Şafak İ ve Okan T (2004) Kekik, defne ve çam fıstığının üretimi ve pazarlaması, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü DOA Dergisi, 10: 101-129.
- Şehirali S ve Özgen M (1987) Bitki genetik kaynakları. Ankara Üniv. Ziraat Fak. Yayınları No: 1020. Ders Kitabı: 294, Ankara
- Şehirali S, Özgen M, Karagöz A, Sürek M, Adak S, Güvenç İ, Tan A, Burak M, Kaymak HÇ, Kenar D (2005) Bitki genetik kaynaklarının korunma ve kullanımı. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası VI. Teknik Kongresi. Cilt 1. Kozan Ofset, Ankara. 253- 273.
- Tan A (1992) “Türkiye’de Bitkisel Çeşitlilik ve Bitki Gen Kaynakları”. Anadolu, Bitki Gen Kaynaklar Araştırma Enstitüsü Yayını, S: 3, İzmir.
- Tan A (1998) Current Status of Plant Genetic Resources Conservation in Turkey. In: International Symposium on In situ Conservation of Plant genetic Diversity. N. Zencirci, Z. Kaya, Y. Anikster and W. T. Adams (Eds.). Central Research Institute for Field Crops. 5-16.

- Tanksley SD, Young ND, Paterson AH, Bonierbale MW (1989) RFLP mapping in plant breeding: new tools for an old science. *Bio/technology*, 7(3), 257.
- Toroğlu S ve Çenet M (2006) Tedavi Amaçlı Kullanılan Bazı Bitkilerin Kullanım Alanları ve Antimikrobiyal Aktivitelerinin Belirlenmesi İçin Kullanılan Metodlar. *KSÜ Fen ve Mühendislik Dergisi*, 9(2), 18s
- Tümen İ (2010) Tıbbi bitkilerin Ekonomik Değeri. Bitkilerle Tedavi Sempozyumu, İstanbul, 123s.
- Uranbey S (2002) *Agrobacterium tumefaciens* Aracılığıyla Patates (*Solanum tuberosum* L.) Gen Aktarımı ve Patojen İlişkili Genlerin Transgenik Bitkilerdeki Belirtileri, Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara, 174s.
- Uyanık M, Kara ŞM, Gürbüz B, Özgen Y (2013) Türkiye’de bitki çeşitliliği ve endemizm. *Ekoloji Kongresi*, 02-04.
- Wang C, Zhang H, Qian ZQ, Zhao GF (2008) Genetic differentiation in endangered *Gynostemma pentaphyllum* (Thunb.) Makino based on ISSR polymorphism and its implications for conservation. *Biochemical Systematics and Ecology*, 36(9), 699-705.
- Yadav C, Malik CP (2016) Molecular Characterization of Fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.) accessions using Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Journal of Plant Science Research*, 32(1).
- Yazıcı H (2002) Batı Karadeniz Bölgesinde Yetişen Defne (*Laurus nobilis* L.) Yaprak ve Meyvelerinden Faydalanma İmkanlarının Araştırılması. Doktora Tezi, Zonguldak Karaelmas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Orman Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı, Zonguldak.
- Yi QY, Yi SW, Qin TF, Li CY (2018) Using RAPD and ISSR Molecular Markers to Analyze the Genetic Diversity of Rose scented Pelargonium Populations. *Flavour and Fragrance Journal*, 33(1), 75-81.
- Yurtlu BY (2011) Drying Characteristics of Bay Laurel (*Laurus nobilis* L.) Fruits İn a Convective Hot-Air Dryer, *African Journal of Biotechnology* Vol. 10(47): 9593-9599.
- Zeng B, Zhang Y, Huang L, Jiang XM, Luo D, Yin G (2014) Genetic diversity of orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.) germplasms with resistance to rust diseases revealed by Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 54, 96-102.
- Zeven AC (1998) Landraces: a review of definitions and classifications. *Euphytica*, 104(2), 127-139.

Zhao H, Wang Y, Yang D, Zhao X, Li N, Zhou Y (2016) An analysis of genetic diversity in *Marphysa sanguinea* from different geographic populations using ISSR polymorphisms. *Biochemical Systematics and Ecology*, 64, 65-69.

Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D (1994) Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20(2), 176-183.





EKLER

7. EKLER

EK A: Tablo A. ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri.



Tablo A. ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	HT-1	HT-2	HT-3	KM	ADN	MSN-1	MSN-2
HT-1	****	0,678	0,745	0,740	0,796	0,713	0,649
HT-2	0,388	****	0,601	0,643	0,678	0,751	0,676
HT-3	0,294	0,510	****	0,743	0,761	0,662	0,668
KM	0,301	0,441	0,298	****	0,713	0,721	0,635
ADN	0,228	0,388	0,273	0,338	****	0,708	0,676
MSN-1	0,338	0,287	0,412	0,327	0,346	****	0,716
MSN-2	0,433	0,392	0,404	0,454	0,392	0,334	****
MSN-3	0,301	0,475	0,334	0,283	0,252	0,342	0,479
MSN-4	0,361	0,466	0,342	0,298	0,280	0,404	0,479
ANT-1	0,312	0,445	0,400	0,384	0,276	0,475	0,458
ANT-2	0,429	0,589	0,361	0,408	0,373	0,441	0,466
ANT-3	0,392	0,484	0,349	0,357	0,338	0,429	0,388
ANT-4	0,316	0,556	0,342	0,445	0,309	0,412	0,380
ANT-5	0,327	0,551	0,400	0,369	0,380	0,376	0,449
ANT-6	0,365	0,479	0,353	0,376	0,373	0,424	0,424
MG-1	0,396	0,255	0,433	0,400	0,365	0,252	0,369
MG-2	0,376	0,466	0,327	0,349	0,353	0,429	0,454
MG-3	0,420	0,506	0,416	0,392	0,420	0,475	0,369
MG-4	0,380	0,429	0,392	0,376	0,380	0,441	0,441
AY-1	0,437	0,454	0,458	0,475	0,404	0,492	0,408
IZM-1	0,433	0,519	0,412	0,373	0,392	0,462	0,437
IZM-2	0,429	0,506	0,433	0,424	0,420	0,492	0,441
GRS-1	0,454	0,542	0,408	0,441	0,437	0,484	0,433
GRS-2	0,357	0,445	0,376	0,458	0,283	0,466	0,424
GRS-3	0,408	0,510	0,349	0,412	0,376	0,462	0,437
TRB-1	0,424	0,556	0,342	0,396	0,408	0,514	0,542
RZ-1	0,416	0,492	0,396	0,365	0,376	0,445	0,488
TRB-2	0,388	0,497	0,361	0,392	0,412	0,458	0,484
TRB-3	0,346	0,484	0,357	0,388	0,323	0,445	0,420
OR-1	0,338	0,501	0,373	0,412	0,309	0,454	0,479
OR-2	0,380	0,542	0,338	0,400	0,342	0,466	0,449
SM-1	0,376	0,492	0,396	0,357	0,369	0,429	0,445
SM-2	0,396	0,471	0,408	0,361	0,365	0,369	0,384

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	MSN-3	MSN-4	ANT-1	ANT-2	ANT-3	ANT-4	ANT-5
HT-1	0,740	0,697	0,732	0,652	0,676	0,729	0,721
HT-2	0,622	0,627	0,641	0,555	0,617	0,574	0,576
HT-3	0,716	0,711	0,670	0,697	0,705	0,711	0,670
KM	0,753	0,743	0,681	0,665	0,700	0,641	0,692
ADN	0,778	0,756	0,759	0,689	0,713	0,735	0,684
MSN-1	0,711	0,668	0,622	0,643	0,652	0,662	0,686
MSN-2	0,619	0,619	0,633	0,627	0,678	0,684	0,638
MSN-3	****	0,828	0,761	0,708	0,764	0,689	0,719
MSN-4	0,188	****	0,778	0,692	0,716	0,641	0,702
ANT-1	0,273	0,252	****	0,662	0,692	0,638	0,705
ANT-2	0,346	0,369	0,412	****	0,751	0,676	0,694
ANT-3	0,269	0,334	0,369	0,287	****	0,694	0,740
ANT-4	0,373	0,445	0,449	0,392	0,365	****	0,778
ANT-5	0,331	0,353	0,349	0,365	0,301	0,252	****
ANT-6	0,331	0,369	0,349	0,312	0,287	0,309	0,235
MG-1	0,416	0,408	0,412	0,479	0,392	0,384	0,365
MG-2	0,357	0,320	0,369	0,392	0,320	0,373	0,346
MG-3	0,416	0,424	0,462	0,396	0,353	0,408	0,396
MG-4	0,384	0,408	0,420	0,388	0,369	0,408	0,404
AY-1	0,433	0,400	0,445	0,429	0,408	0,458	0,412
IZM-1	0,396	0,412	0,433	0,384	0,380	0,479	0,408
IZM-2	0,408	0,433	0,429	0,388	0,361	0,392	0,349
GRS-1	0,433	0,441	0,479	0,479	0,384	0,484	0,412
GRS-2	0,376	0,376	0,334	0,420	0,416	0,400	0,388
GRS-3	0,349	0,380	0,392	0,331	0,342	0,396	0,400
TRB-1	0,365	0,388	0,458	0,376	0,349	0,373	0,400
RZ-1	0,342	0,342	0,449	0,424	0,365	0,471	0,424
TRB-2	0,353	0,400	0,471	0,388	0,346	0,449	0,380
TRB-3	0,342	0,388	0,369	0,353	0,357	0,365	0,361
OR-1	0,327	0,388	0,353	0,361	0,357	0,388	0,323
OR-2	0,346	0,361	0,396	0,357	0,369	0,416	0,365
SM-1	0,373	0,373	0,384	0,400	0,357	0,388	0,369
SM-2	0,346	0,323	0,404	0,357	0,331	0,416	0,373

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	ANT-6	MG-1	MG-2	MG-3	MG-4	AY-1	IZM-1
HT-1	0,694	0,673	0,686	0,657	0,684	0,646	0,649
HT-2	0,619	0,775	0,627	0,603	0,652	0,635	0,595
HT-3	0,702	0,649	0,721	0,660	0,676	0,633	0,662
KM	0,686	0,670	0,705	0,676	0,686	0,622	0,689
ADN	0,689	0,694	0,702	0,657	0,684	0,668	0,676
MSN-1	0,654	0,778	0,652	0,622	0,643	0,611	0,630
MSN-2	0,654	0,692	0,635	0,692	0,643	0,665	0,646
MSN-3	0,719	0,660	0,700	0,660	0,681	0,649	0,673
MSN-4	0,692	0,665	0,727	0,654	0,665	0,670	0,662
ANT-1	0,705	0,662	0,692	0,630	0,657	0,641	0,649
ANT-2	0,732	0,619	0,676	0,673	0,678	0,652	0,681
ANT-3	0,751	0,676	0,727	0,702	0,692	0,665	0,684
ANT-4	0,735	0,681	0,689	0,665	0,665	0,633	0,619
ANT-5	0,791	0,694	0,708	0,673	0,668	0,662	0,665
ANT-6	****	0,711	0,702	0,721	0,657	0,652	0,676
MG-1	0,342	****	0,719	0,625	0,673	0,641	0,638
MG-2	0,353	0,331	****	0,697	0,740	0,692	0,689
MG-3	0,327	0,471	0,361	****	0,753	0,769	0,756
MG-4	0,420	0,396	0,301	0,283	****	0,796	0,735
AY-1	0,429	0,445	0,369	0,262	0,228	****	0,761
IZM-1	0,392	0,449	0,373	0,280	0,309	0,273	****
IZM-2	0,365	0,479	0,369	0,305	0,357	0,269	0,287
GRS-1	0,412	0,454	0,392	0,388	0,412	0,320	0,346
GRS-2	0,396	0,445	0,376	0,420	0,420	0,404	0,433
GRS-3	0,376	0,441	0,396	0,416	0,449	0,392	0,373
TRB-1	0,384	0,501	0,412	0,433	0,384	0,408	0,412
RZ-1	0,433	0,475	0,412	0,408	0,416	0,400	0,420
TRB-2	0,373	0,454	0,392	0,471	0,429	0,454	0,466
TRB-3	0,316	0,416	0,429	0,376	0,392	0,384	0,380
OR-1	0,353	0,441	0,373	0,400	0,408	0,369	0,396
OR-2	0,404	0,454	0,369	0,420	0,420	0,396	0,441
SM-1	0,361	0,400	0,388	0,384	0,433	0,433	0,429
SM-2	0,388	0,404	0,369	0,412	0,429	0,445	0,400

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	IZM-2	GRS-1	GRS-2	GRS-3	TRB-1	RZ-1	TRB-2
HT-1	0,652	0,635	0,700	0,665	0,654	0,660	0,678
HT-2	0,603	0,582	0,641	0,601	0,574	0,611	0,609
HT-3	0,649	0,665	0,686	0,705	0,711	0,673	0,697
KM	0,654	0,643	0,633	0,662	0,673	0,694	0,676
ADN	0,657	0,646	0,753	0,686	0,665	0,686	0,662
MSN-1	0,611	0,617	0,627	0,630	0,598	0,641	0,633
MSN-2	0,643	0,649	0,654	0,646	0,582	0,614	0,617
MSN-3	0,665	0,649	0,686	0,705	0,694	0,711	0,702
MSN-4	0,649	0,643	0,686	0,684	0,678	0,711	0,670
ANT-1	0,652	0,619	0,716	0,676	0,633	0,638	0,625
ANT-2	0,678	0,619	0,657	0,719	0,686	0,654	0,678
ANT-3	0,697	0,681	0,660	0,711	0,705	0,694	0,708
ANT-4	0,676	0,617	0,670	0,673	0,689	0,625	0,638
ANT-5	0,705	0,662	0,678	0,670	0,670	0,654	0,684
ANT-6	0,694	0,662	0,673	0,686	0,681	0,649	0,689
MG-1	0,619	0,635	0,641	0,643	0,606	0,622	0,635
MG-2	0,692	0,676	0,686	0,673	0,662	0,662	0,676
MG-3	0,737	0,678	0,657	0,660	0,649	0,665	0,625
MG-4	0,700	0,662	0,657	0,638	0,681	0,660	0,652
AY-1	0,764	0,727	0,668	0,676	0,665	0,670	0,635
IZM-1	0,751	0,708	0,649	0,689	0,662	0,657	0,627
IZM-2	****	0,721	0,673	0,719	0,676	0,654	0,673
GRS-1	0,327	****	0,673	0,708	0,627	0,654	0,657
GRS-2	0,396	0,396	****	0,745	0,686	0,745	0,700
GRS-3	0,331	0,346	0,294	****	0,748	0,753	0,756
TRB-1	0,392	0,466	0,376	0,290	****	0,737	0,761
RZ-1	0,424	0,424	0,294	0,283	0,305	****	0,794
TRB-2	0,396	0,420	0,357	0,280	0,273	0,231	****
TRB-3	0,376	0,392	0,331	0,241	0,298	0,283	0,252
OR-1	0,384	0,416	0,316	0,320	0,349	0,357	0,273
OR-2	0,454	0,404	0,342	0,309	0,369	0,309	0,305
SM-1	0,408	0,416	0,294	0,342	0,373	0,357	0,331
SM-2	0,388	0,404	0,349	0,353	0,361	0,331	0,334

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	TRB-3	OR-1	OR-2	SM-1	SM-2	SM-3	SM-4
HT-1	0,708	0,713	0,684	0,686	0,673	0,662	0,681
HT-2	0,617	0,606	0,582	0,611	0,625	0,657	0,622
HT-3	0,700	0,689	0,713	0,673	0,665	0,686	0,652
KM	0,678	0,662	0,670	0,700	0,697	0,686	0,678
ADN	0,724	0,735	0,711	0,692	0,694	0,705	0,702
MSN-1	0,641	0,635	0,627	0,652	0,692	0,719	0,662
MSN-2	0,657	0,619	0,638	0,641	0,681	0,708	0,635
MSN-3	0,711	0,721	0,708	0,689	0,708	0,660	0,694
MSN-4	0,678	0,678	0,697	0,689	0,724	0,654	0,668
ANT-1	0,692	0,702	0,673	0,681	0,668	0,630	0,692
ANT-2	0,702	0,697	0,700	0,670	0,700	0,668	0,702
ANT-3	0,700	0,700	0,692	0,700	0,719	0,702	0,689
ANT-4	0,694	0,678	0,660	0,678	0,660	0,702	0,673
ANT-5	0,697	0,724	0,694	0,692	0,689	0,689	0,702
ANT-6	0,729	0,702	0,668	0,697	0,678	0,673	0,708
MG-1	0,660	0,643	0,635	0,670	0,668	0,694	0,670
MG-2	0,652	0,689	0,692	0,678	0,692	0,638	0,657
MG-3	0,686	0,670	0,657	0,681	0,662	0,705	0,681
MG-4	0,676	0,665	0,657	0,649	0,652	0,657	0,660
AY-1	0,681	0,692	0,673	0,649	0,641	0,694	0,660
IZM-1	0,684	0,673	0,643	0,652	0,670	0,702	0,689
IZM-2	0,686	0,681	0,635	0,665	0,678	0,700	0,681
GRS-1	0,676	0,660	0,668	0,660	0,668	0,678	0,649
GRS-2	0,719	0,729	0,711	0,745	0,705	0,705	0,729
GRS-3	0,786	0,727	0,735	0,711	0,702	0,681	0,727
TRB-1	0,743	0,705	0,692	0,689	0,697	0,692	0,678
RZ-1	0,753	0,700	0,735	0,700	0,719	0,681	0,700
TRB-2	0,778	0,761	0,737	0,719	0,716	0,700	0,735
TRB-3	****	0,812	0,761	0,727	0,713	0,692	0,727
OR-1	0,208	****	0,820	0,791	0,708	0,729	0,753
OR-2	0,273	0,198	****	0,729	0,711	0,673	0,702
SM-1	0,320	0,235	0,316	****	0,751	0,745	0,737
SM-2	0,338	0,346	0,342	0,287	****	0,689	0,729

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	SM-5	SM-6	SNP-1	SNP-2	SNP-3	SNP-4	SNP-5
HT-1	0,689	0,665	0,668	0,654	0,630	0,678	0,552
HT-2	0,571	0,611	0,609	0,590	0,539	0,598	0,558
HT-3	0,702	0,721	0,670	0,678	0,638	0,697	0,576
KM	0,670	0,700	0,686	0,684	0,681	0,676	0,582
ADN	0,684	0,686	0,657	0,676	0,668	0,678	0,552
MSN-1	0,643	0,641	0,611	0,625	0,579	0,595	0,517
MSN-2	0,670	0,689	0,654	0,668	0,568	0,638	0,507
MSN-3	0,681	0,694	0,686	0,673	0,681	0,686	0,609
MSN-4	0,681	0,668	0,660	0,673	0,649	0,670	0,587
ANT-1	0,668	0,654	0,668	0,654	0,635	0,641	0,542
ANT-2	0,689	0,740	0,657	0,681	0,673	0,662	0,574
ANT-3	0,670	0,748	0,670	0,678	0,649	0,665	0,598
ANT-4	0,692	0,689	0,660	0,652	0,627	0,627	0,501
ANT-5	0,711	0,708	0,684	0,649	0,678	0,668	0,547
ANT-6	0,694	0,686	0,700	0,670	0,678	0,673	0,552
MG-1	0,635	0,686	0,630	0,638	0,619	0,619	0,526
MG-2	0,660	0,689	0,681	0,684	0,665	0,665	0,571
MG-3	0,700	0,735	0,711	0,697	0,646	0,711	0,568
MG-4	0,678	0,724	0,694	0,660	0,662	0,684	0,547
AY-1	0,705	0,735	0,737	0,670	0,641	0,684	0,547
IZM-1	0,676	0,721	0,676	0,668	0,713	0,702	0,576
IZM-2	0,705	0,708	0,716	0,654	0,657	0,652	0,590
GRS-1	0,732	0,681	0,678	0,670	0,657	0,652	0,585
GRS-2	0,716	0,676	0,689	0,713	0,678	0,684	0,579
GRS-3	0,713	0,716	0,751	0,727	0,681	0,740	0,587
TRB-1	0,702	0,689	0,697	0,662	0,692	0,692	0,544
RZ-1	0,697	0,673	0,681	0,694	0,697	0,708	0,560
TRB-2	0,705	0,719	0,700	0,719	0,721	0,727	0,579
TRB-3	0,740	0,759	0,756	0,764	0,692	0,751	0,550
OR-1	0,751	0,743	0,735	0,716	0,702	0,740	0,576
OR-2	0,721	0,735	0,705	0,740	0,684	0,732	0,585
SM-1	0,729	0,727	0,702	0,705	0,681	0,708	0,598
SM-2	0,705	0,735	0,700	0,729	0,678	0,662	0,601

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	KSM-1	KSM-2	KSM-3	KSM-4	KSM-5	KSM-6	BRT-1
HT-1	0,625	0,630	0,652	0,678	0,603	0,676	0,697
HT-2	0,555	0,566	0,609	0,630	0,593	0,606	0,595
HT-3	0,681	0,692	0,681	0,670	0,649	0,673	0,673
KM	0,654	0,686	0,692	0,676	0,665	0,630	0,657
ADN	0,646	0,630	0,635	0,668	0,635	0,654	0,660
MSN-1	0,585	0,611	0,627	0,665	0,643	0,641	0,630
MSN-2	0,660	0,670	0,686	0,676	0,681	0,716	0,641
MSN-3	0,670	0,660	0,654	0,665	0,676	0,619	0,678
MSN-4	0,665	0,681	0,654	0,686	0,633	0,630	0,662
ANT-1	0,657	0,619	0,635	0,673	0,603	0,665	0,627
ANT-2	0,673	0,678	0,662	0,657	0,646	0,590	0,665
ANT-3	0,713	0,665	0,713	0,649	0,676	0,641	0,689
ANT-4	0,638	0,643	0,665	0,654	0,622	0,646	0,630
ANT-5	0,673	0,662	0,652	0,646	0,635	0,633	0,638
ANT-6	0,678	0,668	0,668	0,625	0,662	0,633	0,681
MG-1	0,625	0,625	0,678	0,678	0,635	0,676	0,617
MG-2	0,697	0,643	0,681	0,692	0,670	0,646	0,657
MG-3	0,684	0,689	0,700	0,711	0,678	0,627	0,724
MG-4	0,673	0,652	0,711	0,700	0,689	0,633	0,643
AY-1	0,646	0,662	0,694	0,678	0,700	0,622	0,697
IZM-1	0,681	0,692	0,681	0,686	0,676	0,673	0,716
IZM-2	0,678	0,652	0,641	0,646	0,673	0,622	0,692
GRS-1	0,652	0,646	0,694	0,700	0,668	0,654	0,686
GRS-2	0,678	0,662	0,646	0,700	0,652	0,676	0,633
GRS-3	0,719	0,697	0,708	0,692	0,681	0,652	0,678
TRB-1	0,708	0,692	0,681	0,676	0,670	0,657	0,673
RZ-1	0,670	0,654	0,649	0,654	0,670	0,646	0,662
TRB-2	0,705	0,657	0,694	0,668	0,662	0,681	0,686
TRB-3	0,708	0,713	0,692	0,702	0,697	0,689	0,694
OR-1	0,740	0,697	0,697	0,719	0,670	0,668	0,689
OR-2	0,716	0,748	0,705	0,678	0,689	0,633	0,665
SM-1	0,708	0,708	0,686	0,702	0,660	0,673	0,716
SM-2	0,705	0,678	0,684	0,705	0,694	0,681	0,665

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BRT-2	BRT-3	ZNG-1	ZNG-2	ZNG-3	ZNG-4	ZNG-5
HT-1	0,678	0,686	0,673	0,627	0,684	0,649	0,523
HT-2	0,603	0,622	0,603	0,622	0,603	0,606	0,534
HT-3	0,665	0,673	0,633	0,566	0,665	0,678	0,558
KM	0,676	0,684	0,649	0,576	0,670	0,662	0,568
ADN	0,657	0,681	0,668	0,585	0,668	0,676	0,512
MSN-1	0,633	0,668	0,649	0,555	0,633	0,652	0,526
MSN-2	0,676	0,684	0,660	0,523	0,638	0,662	0,499
MSN-3	0,692	0,716	0,702	0,603	0,686	0,668	0,568
MSN-4	0,676	0,684	0,649	0,593	0,638	0,673	0,531
ANT-1	0,646	0,665	0,662	0,601	0,625	0,622	0,496
ANT-2	0,668	0,654	0,684	0,579	0,652	0,670	0,582
ANT-3	0,697	0,694	0,692	0,603	0,681	0,684	0,595
ANT-4	0,643	0,662	0,660	0,576	0,606	0,630	0,504
ANT-5	0,668	0,697	0,689	0,606	0,641	0,638	0,550
ANT-6	0,678	0,697	0,711	0,590	0,673	0,697	0,528
MG-1	0,646	0,665	0,646	0,568	0,625	0,617	0,517
MG-2	0,665	0,689	0,649	0,609	0,633	0,646	0,531
MG-3	0,705	0,735	0,721	0,617	0,678	0,686	0,560
MG-4	0,657	0,692	0,657	0,595	0,646	0,686	0,566
AY-1	0,684	0,719	0,694	0,595	0,652	0,665	0,566
IZM-1	0,708	0,721	0,729	0,630	0,681	0,694	0,585
IZM-2	0,711	0,702	0,705	0,638	0,657	0,702	0,582
GRS-1	0,705	0,719	0,716	0,606	0,668	0,697	0,571
GRS-2	0,662	0,654	0,684	0,595	0,635	0,654	0,512
GRS-3	0,719	0,721	0,719	0,593	0,692	0,662	0,552
TRB-1	0,654	0,684	0,654	0,587	0,654	0,662	0,536
RZ-1	0,686	0,700	0,660	0,571	0,654	0,673	0,552
TRB-2	0,700	0,702	0,657	0,590	0,673	0,686	0,576
TRB-3	0,702	0,721	0,702	0,593	0,724	0,668	0,552
OR-1	0,692	0,705	0,681	0,646	0,665	0,646	0,579
OR-2	0,694	0,708	0,646	0,617	0,678	0,654	0,555
SM-1	0,713	0,705	0,665	0,625	0,676	0,662	0,547
SM-2	0,673	0,729	0,700	0,622	0,684	0,697	0,571

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	DUZ	SAK-1	SAK-2	KOC-1	IST-1	IST-2	IST-3
HT-1	0,606	0,694	0,678	0,633	0,689	0,662	0,643
HT-2	0,611	0,603	0,603	0,536	0,609	0,646	0,611
HT-3	0,646	0,643	0,665	0,678	0,633	0,670	0,684
KM	0,657	0,638	0,681	0,662	0,676	0,622	0,635
ADN	0,654	0,689	0,694	0,643	0,678	0,630	0,676
MSN-1	0,635	0,638	0,633	0,587	0,633	0,622	0,614
MSN-2	0,689	0,676	0,649	0,625	0,649	0,692	0,689
MSN-3	0,673	0,660	0,708	0,635	0,665	0,643	0,668
MSN-4	0,678	0,617	0,670	0,657	0,665	0,622	0,635
ANT-1	0,638	0,641	0,641	0,590	0,668	0,603	0,638
ANT-2	0,633	0,694	0,689	0,676	0,652	0,625	0,665
ANT-3	0,689	0,665	0,702	0,657	0,649	0,681	0,700
ANT-4	0,598	0,670	0,633	0,630	0,617	0,633	0,673
ANT-5	0,665	0,657	0,668	0,638	0,635	0,582	0,617
ANT-6	0,643	0,684	0,689	0,638	0,689	0,657	0,670
MG-1	0,633	0,635	0,625	0,563	0,641	0,657	0,622
MG-2	0,662	0,654	0,643	0,635	0,627	0,692	0,689
MG-3	0,665	0,684	0,732	0,670	0,678	0,694	0,702
MG-4	0,633	0,700	0,694	0,643	0,619	0,662	0,676
AY-1	0,633	0,662	0,711	0,681	0,619	0,694	0,692
IZM-1	0,678	0,676	0,745	0,673	0,670	0,681	0,700
IZM-2	0,686	0,705	0,737	0,654	0,678	0,716	0,735
GRS-1	0,713	0,678	0,694	0,697	0,641	0,705	0,660
GRS-2	0,638	0,662	0,652	0,633	0,678	0,689	0,670
GRS-3	0,662	0,654	0,713	0,668	0,697	0,702	0,711
TRB-1	0,598	0,665	0,686	0,668	0,660	0,654	0,657
RZ-1	0,641	0,643	0,681	0,678	0,670	0,660	0,689
TRB-2	0,643	0,673	0,684	0,686	0,673	0,662	0,692
TRB-3	0,657	0,724	0,724	0,678	0,729	0,681	0,711
OR-1	0,689	0,697	0,713	0,689	0,702	0,692	0,700
OR-2	0,676	0,652	0,689	0,676	0,673	0,662	0,660
SM-1	0,630	0,670	0,686	0,678	0,697	0,665	0,673
SM-2	0,681	0,689	0,700	0,686	0,668	0,662	0,697

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	KOC-2	KOC-3	YLV-1	YLV-2	BRS-1	BRS-2	BLK-1
HT-1	0,638	0,617	0,657	0,635	0,598	0,643	0,689
HT-2	0,617	0,601	0,603	0,560	0,576	0,558	0,603
HT-3	0,662	0,603	0,627	0,595	0,633	0,630	0,638
KM	0,668	0,603	0,627	0,611	0,654	0,630	0,676
ADN	0,654	0,601	0,662	0,566	0,614	0,622	0,635
MSN-1	0,657	0,539	0,643	0,585	0,590	0,587	0,579
MSN-2	0,652	0,593	0,595	0,558	0,568	0,641	0,654
MSN-3	0,614	0,625	0,676	0,627	0,622	0,641	0,649
MSN-4	0,619	0,598	0,665	0,585	0,627	0,609	0,633
ANT-1	0,617	0,595	0,619	0,550	0,619	0,633	0,609
ANT-2	0,676	0,606	0,684	0,576	0,625	0,633	0,652
ANT-3	0,646	0,641	0,654	0,617	0,622	0,635	0,660
ANT-4	0,614	0,560	0,638	0,568	0,579	0,668	0,622
ANT-5	0,627	0,568	0,684	0,619	0,614	0,638	0,657
ANT-6	0,676	0,601	0,678	0,593	0,635	0,676	0,684
MG-1	0,643	0,552	0,609	0,555	0,576	0,585	0,593
MG-2	0,652	0,598	0,681	0,579	0,622	0,668	0,660
MG-3	0,708	0,665	0,700	0,582	0,684	0,735	0,764
MG-4	0,676	0,660	0,668	0,550	0,635	0,681	0,721
AY-1	0,681	0,654	0,689	0,603	0,662	0,681	0,737
IZM-1	0,673	0,641	0,681	0,622	0,681	0,700	0,729
IZM-2	0,692	0,670	0,737	0,593	0,646	0,686	0,716
GRS-1	0,686	0,660	0,678	0,603	0,673	0,686	0,705
GRS-2	0,643	0,601	0,646	0,619	0,619	0,579	0,635
GRS-3	0,652	0,609	0,702	0,649	0,649	0,652	0,660
TRB-1	0,652	0,593	0,676	0,617	0,654	0,646	0,649
RZ-1	0,635	0,635	0,660	0,622	0,660	0,598	0,670
TRB-2	0,670	0,660	0,668	0,641	0,619	0,601	0,689
TRB-3	0,689	0,635	0,708	0,633	0,660	0,657	0,702
OR-1	0,673	0,614	0,692	0,633	0,654	0,652	0,702
OR-2	0,670	0,590	0,668	0,619	0,614	0,633	0,662
SM-1	0,668	0,614	0,670	0,643	0,638	0,614	0,649
SM-2	0,692	0,601	0,694	0,619	0,641	0,643	0,668

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-2	IZM-3	IZM-4	AY-2	AY-3	IZM-5	BLK-3
HT-1	0,692	0,668	0,611	0,625	0,721	0,668	0,657
HT-2	0,643	0,566	0,531	0,662	0,593	0,582	0,625
HT-3	0,684	0,638	0,609	0,611	0,702	0,654	0,654
KM	0,652	0,601	0,646	0,579	0,676	0,686	0,676
ADN	0,692	0,630	0,627	0,598	0,689	0,646	0,662
MSN-1	0,614	0,638	0,534	0,601	0,617	0,590	0,649
MSN-2	0,662	0,643	0,576	0,590	0,627	0,660	0,649
MSN-3	0,668	0,601	0,630	0,617	0,676	0,638	0,660
MSN-4	0,668	0,579	0,635	0,590	0,643	0,638	0,633
ANT-1	0,665	0,582	0,627	0,571	0,635	0,630	0,614
ANT-2	0,660	0,598	0,638	0,598	0,635	0,635	0,635
ANT-3	0,673	0,622	0,614	0,627	0,643	0,665	0,697
ANT-4	0,625	0,660	0,582	0,590	0,681	0,638	0,654
ANT-5	0,638	0,646	0,606	0,609	0,689	0,646	0,646
ANT-6	0,665	0,619	0,617	0,593	0,694	0,662	0,630
MG-1	0,638	0,571	0,520	0,614	0,625	0,603	0,625
MG-2	0,673	0,606	0,614	0,611	0,670	0,692	0,660
MG-3	0,724	0,694	0,692	0,652	0,711	0,689	0,700
MG-4	0,697	0,641	0,681	0,646	0,678	0,694	0,705
AY-1	0,708	0,657	0,654	0,635	0,684	0,711	0,678
IZM-1	0,705	0,686	0,684	0,633	0,697	0,686	0,670
IZM-2	0,686	0,662	0,665	0,635	0,689	0,684	0,684
GRS-1	0,708	0,662	0,649	0,635	0,705	0,673	0,662
GRS-2	0,686	0,641	0,595	0,619	0,662	0,619	0,630
GRS-3	0,646	0,622	0,646	0,574	0,665	0,654	0,649
TRB-1	0,657	0,611	0,646	0,590	0,665	0,627	0,617
RZ-1	0,662	0,617	0,630	0,617	0,665	0,643	0,633
TRB-2	0,670	0,614	0,633	0,609	0,673	0,668	0,678
TRB-3	0,694	0,660	0,662	0,611	0,708	0,681	0,643
OR-1	0,694	0,660	0,652	0,643	0,692	0,681	0,676
OR-2	0,654	0,598	0,622	0,635	0,646	0,630	0,635
SM-1	0,678	0,638	0,625	0,643	0,681	0,676	0,676
SM-2	0,670	0,635	0,660	0,635	0,646	0,662	0,657

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-4	CNK-1	CNK-2	CNK-3	CNK-4	TKR-1	TKR-2
HT-1	0,619	0,617	0,681	0,643	0,571	0,662	0,676
HT-2	0,593	0,568	0,611	0,574	0,609	0,598	0,579
HT-3	0,649	0,662	0,684	0,657	0,568	0,643	0,689
KM	0,665	0,662	0,673	0,641	0,574	0,633	0,673
ADN	0,657	0,638	0,670	0,649	0,560	0,662	0,665
MSN-1	0,633	0,587	0,641	0,609	0,531	0,611	0,614
MSN-2	0,611	0,635	0,668	0,668	0,536	0,681	0,668
MSN-3	0,692	0,652	0,673	0,641	0,627	0,665	0,678
MSN-4	0,627	0,646	0,657	0,635	0,595	0,643	0,673
ANT-1	0,603	0,627	0,633	0,606	0,550	0,625	0,622
ANT-2	0,673	0,643	0,638	0,643	0,571	0,652	0,665
ANT-3	0,681	0,641	0,668	0,635	0,574	0,670	0,662
ANT-4	0,670	0,609	0,646	0,646	0,579	0,627	0,625
ANT-5	0,673	0,649	0,665	0,633	0,587	0,662	0,649
ANT-6	0,694	0,654	0,665	0,638	0,593	0,684	0,681
MG-1	0,614	0,590	0,627	0,574	0,539	0,625	0,606
MG-2	0,649	0,646	0,673	0,657	0,568	0,665	0,678
MG-3	0,732	0,702	0,681	0,708	0,619	0,721	0,745
MG-4	0,662	0,670	0,670	0,665	0,598	0,673	0,681
AY-1	0,694	0,676	0,643	0,660	0,635	0,700	0,681
IZM-1	0,713	0,694	0,657	0,673	0,633	0,702	0,753
IZM-2	0,753	0,676	0,638	0,708	0,625	0,711	0,681
GRS-1	0,700	0,719	0,660	0,660	0,625	0,727	0,702
GRS-2	0,641	0,665	0,617	0,665	0,587	0,673	0,660
GRS-3	0,681	0,689	0,668	0,641	0,601	0,697	0,684
TRB-1	0,681	0,668	0,678	0,625	0,601	0,676	0,662
RZ-1	0,686	0,673	0,662	0,641	0,617	0,660	0,711
TRB-2	0,641	0,660	0,665	0,638	0,603	0,673	0,681
TRB-3	0,702	0,678	0,668	0,630	0,601	0,702	0,721
OR-1	0,660	0,678	0,641	0,630	0,601	0,686	0,694
OR-2	0,657	0,697	0,643	0,638	0,587	0,689	0,697
SM-1	0,665	0,662	0,603	0,619	0,611	0,670	0,668
SM-2	0,668	0,676	0,670	0,643	0,582	0,684	0,686

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	TKR-3	TKR-4	TKR-5	IST-4	IST-5	IST-6	BRS-3
HT-1	0,649	0,643	0,646	0,660	0,627	0,692	0,633
HT-2	0,643	0,552	0,598	0,595	0,606	0,595	0,542
HT-3	0,652	0,641	0,665	0,652	0,635	0,684	0,641
KM	0,625	0,635	0,654	0,657	0,684	0,668	0,646
ADN	0,676	0,627	0,652	0,643	0,654	0,665	0,622
MSN-1	0,641	0,539	0,611	0,625	0,662	0,625	0,582
MSN-2	0,657	0,625	0,665	0,625	0,652	0,635	0,662
MSN-3	0,678	0,657	0,654	0,630	0,641	0,668	0,657
MSN-4	0,652	0,609	0,660	0,587	0,635	0,652	0,635
ANT-1	0,622	0,585	0,641	0,622	0,601	0,654	0,601
ANT-2	0,686	0,633	0,673	0,627	0,665	0,665	0,649
ANT-3	0,657	0,662	0,670	0,646	0,652	0,678	0,673
ANT-4	0,625	0,625	0,617	0,635	0,614	0,641	0,630
ANT-5	0,601	0,660	0,646	0,654	0,638	0,670	0,654
ANT-6	0,649	0,676	0,684	0,654	0,611	0,670	0,654
MG-1	0,638	0,585	0,614	0,638	0,638	0,627	0,568
MG-2	0,625	0,657	0,692	0,673	0,652	0,700	0,625
MG-3	0,692	0,745	0,721	0,724	0,719	0,692	0,729
MG-4	0,660	0,676	0,678	0,686	0,670	0,686	0,681
AY-1	0,681	0,713	0,678	0,686	0,670	0,676	0,740
IZM-1	0,694	0,705	0,708	0,716	0,673	0,705	0,737
IZM-2	0,686	0,713	0,711	0,670	0,654	0,697	0,708
GRS-1	0,665	0,708	0,684	0,697	0,665	0,692	0,697
GRS-2	0,633	0,638	0,619	0,617	0,622	0,676	0,595
GRS-3	0,662	0,646	0,681	0,625	0,630	0,694	0,630
TRB-1	0,635	0,668	0,670	0,630	0,662	0,705	0,646
RZ-1	0,641	0,689	0,665	0,646	0,668	0,673	0,657
TRB-2	0,611	0,670	0,678	0,617	0,638	0,676	0,633
TRB-3	0,673	0,678	0,697	0,652	0,668	0,705	0,668
OR-1	0,619	0,678	0,643	0,652	0,678	0,711	0,646
OR-2	0,627	0,660	0,657	0,633	0,638	0,665	0,649
SM-1	0,641	0,646	0,638	0,641	0,657	0,657	0,646
SM-2	0,643	0,643	0,657	0,633	0,702	0,702	0,692

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	YLV-3	BRS-4	IZM-6
HT-1	0,638	0,633	0,643
HT-2	0,606	0,643	0,686
HT-3	0,593	0,593	0,566
KM	0,598	0,603	0,609
ADN	0,611	0,606	0,627
MSN-1	0,566	0,576	0,582
MSN-2	0,571	0,566	0,582
MSN-3	0,641	0,641	0,614
MSN-4	0,598	0,614	0,609
ANT-1	0,579	0,590	0,633
ANT-2	0,611	0,617	0,585
ANT-3	0,641	0,652	0,609
ANT-4	0,587	0,603	0,598
ANT-5	0,633	0,627	0,633
ANT-6	0,654	0,622	0,643
MG-1	0,595	0,601	0,633
MG-2	0,603	0,625	0,609
MG-3	0,633	0,676	0,681
MG-4	0,606	0,686	0,670
AY-1	0,633	0,676	0,686
IZM-1	0,625	0,684	0,662
IZM-2	0,617	0,649	0,654
GRS-1	0,627	0,660	0,670
GRS-2	0,595	0,633	0,649
GRS-3	0,598	0,614	0,593
TRB-1	0,614	0,652	0,614
RZ-1	0,625	0,635	0,619
TRB-2	0,627	0,611	0,611
TRB-3	0,630	0,630	0,652
OR-1	0,652	0,657	0,678
OR-2	0,638	0,627	0,627
SM-1	0,625	0,625	0,652
SM-2	0,622	0,617	0,617

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	HT-1	HT-2	HT-3	KM	ADN	MSN-1	MSN-2
SM-3	0,412	0,420	0,376	0,376	0,349	0,331	0,346
SM-4	0,384	0,475	0,429	0,388	0,353	0,412	0,454
SM-5	0,373	0,560	0,353	0,400	0,380	0,441	0,400
SM-6	0,408	0,492	0,327	0,357	0,376	0,445	0,373
SNP-1	0,404	0,497	0,400	0,376	0,420	0,492	0,424
SNP-2	0,424	0,528	0,388	0,380	0,392	0,471	0,404
SNP-3	0,462	0,618	0,449	0,384	0,404	0,546	0,565
SNP-4	0,388	0,514	0,361	0,392	0,388	0,519	0,449
SNP-5	0,594	0,584	0,551	0,542	0,594	0,659	0,680
KSM-1	0,471	0,589	0,384	0,424	0,437	0,537	0,416
KSM-2	0,462	0,570	0,369	0,376	0,462	0,492	0,400
KSM-3	0,429	0,497	0,384	0,369	0,454	0,466	0,376
KSM-4	0,388	0,462	0,400	0,392	0,404	0,408	0,392
KSM-5	0,506	0,523	0,433	0,408	0,454	0,441	0,384
KSM-6	0,392	0,501	0,396	0,462	0,424	0,445	0,334
BRT-1	0,361	0,519	0,396	0,420	0,416	0,462	0,445
BRT-2	0,388	0,506	0,408	0,392	0,420	0,458	0,392
BRT-3	0,376	0,475	0,396	0,380	0,384	0,404	0,380
ZNG-1	0,396	0,506	0,458	0,433	0,404	0,433	0,416
ZNG-2	0,466	0,475	0,570	0,551	0,537	0,589	0,649
ZNG-3	0,380	0,506	0,408	0,400	0,404	0,458	0,449
ZNG-4	0,433	0,501	0,388	0,412	0,392	0,429	0,412
ZNG-5	0,649	0,628	0,584	0,565	0,669	0,644	0,696
DUZ	0,501	0,492	0,437	0,420	0,424	0,454	0,373
SAK-1	0,365	0,506	0,441	0,449	0,373	0,449	0,392
SAK-2	0,388	0,506	0,408	0,384	0,365	0,458	0,433
KOC-1	0,458	0,623	0,388	0,412	0,441	0,533	0,471
IST-1	0,373	0,497	0,458	0,392	0,388	0,458	0,433
IST-2	0,412	0,437	0,400	0,475	0,462	0,475	0,369
IST-3	0,441	0,492	0,380	0,454	0,392	0,488	0,373
KOC-2	0,449	0,484	0,412	0,404	0,424	0,420	0,429
KOC-3	0,484	0,510	0,506	0,506	0,510	0,618	0,523
YLV-1	0,420	0,506	0,466	0,466	0,412	0,441	0,519

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	MSN-3	MSN-4	ANT-1	ANT-2	ANT-3	ANT-4	ANT-5
SM-3	0,416	0,424	0,462	0,404	0,353	0,353	0,373
SM-4	0,365	0,404	0,369	0,353	0,373	0,396	0,353
SM-5	0,384	0,384	0,404	0,373	0,400	0,369	0,342
SM-6	0,365	0,404	0,424	0,301	0,290	0,373	0,346
SNP-1	0,376	0,416	0,404	0,420	0,400	0,416	0,380
SNP-2	0,396	0,396	0,424	0,384	0,388	0,429	0,433
SNP-3	0,384	0,433	0,454	0,396	0,433	0,466	0,388
SNP-4	0,376	0,400	0,445	0,412	0,408	0,466	0,404
SNP-5	0,497	0,533	0,613	0,556	0,514	0,691	0,604
KSM-1	0,400	0,408	0,420	0,396	0,338	0,449	0,396
KSM-2	0,416	0,384	0,479	0,388	0,408	0,441	0,412
KSM-3	0,424	0,424	0,454	0,412	0,338	0,408	0,429
KSM-4	0,408	0,376	0,396	0,420	0,433	0,424	0,437
KSM-5	0,392	0,458	0,506	0,437	0,392	0,475	0,454
KSM-6	0,479	0,462	0,408	0,528	0,445	0,437	0,458
BRT-1	0,388	0,412	0,466	0,408	0,373	0,462	0,449
BRT-2	0,369	0,392	0,437	0,404	0,361	0,441	0,404
BRT-3	0,334	0,380	0,408	0,424	0,365	0,412	0,361
ZNG-1	0,353	0,433	0,412	0,380	0,369	0,416	0,373
ZNG-2	0,506	0,523	0,510	0,546	0,506	0,551	0,501
ZNG-3	0,376	0,449	0,471	0,429	0,384	0,501	0,445
ZNG-4	0,404	0,396	0,475	0,400	0,380	0,462	0,449
ZNG-5	0,565	0,633	0,701	0,542	0,519	0,685	0,599
DUZ	0,396	0,388	0,449	0,458	0,373	0,514	0,408
SAK-1	0,416	0,484	0,445	0,365	0,408	0,400	0,420
SAK-2	0,346	0,400	0,445	0,373	0,353	0,458	0,404
KOC-1	0,454	0,420	0,528	0,392	0,420	0,462	0,449
IST-1	0,408	0,408	0,404	0,429	0,433	0,484	0,454
IST-2	0,441	0,475	0,506	0,471	0,384	0,458	0,542
IST-3	0,404	0,454	0,449	0,408	0,357	0,396	0,484
KOC-2	0,488	0,479	0,484	0,392	0,437	0,488	0,466
KOC-3	0,471	0,514	0,519	0,501	0,445	0,579	0,565
YLV-1	0,392	0,408	0,479	0,380	0,424	0,449	0,380

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	ANT-6	MG-1	MG-2	MG-3	MG-4	AY-1	IZM-1
SM-3	0,396	0,365	0,449	0,349	0,420	0,365	0,353
SM-4	0,346	0,400	0,420	0,384	0,416	0,416	0,373
SM-5	0,365	0,454	0,416	0,357	0,388	0,349	0,392
SM-6	0,376	0,376	0,373	0,309	0,323	0,309	0,327
SNP-1	0,357	0,462	0,384	0,342	0,365	0,305	0,392
SNP-2	0,400	0,449	0,380	0,361	0,416	0,400	0,404
SNP-3	0,388	0,479	0,408	0,437	0,412	0,445	0,338
SNP-4	0,396	0,479	0,408	0,342	0,380	0,380	0,353
SNP-5	0,594	0,644	0,560	0,565	0,604	0,604	0,551
KSM-1	0,388	0,471	0,361	0,380	0,396	0,437	0,384
KSM-2	0,404	0,471	0,441	0,373	0,429	0,412	0,369
KSM-3	0,404	0,388	0,384	0,357	0,342	0,365	0,384
KSM-4	0,471	0,388	0,369	0,342	0,357	0,388	0,376
KSM-5	0,412	0,454	0,400	0,388	0,373	0,357	0,392
KSM-6	0,458	0,392	0,437	0,466	0,458	0,475	0,396
BRT-1	0,384	0,484	0,420	0,323	0,441	0,361	0,334
BRT-2	0,388	0,437	0,408	0,349	0,420	0,380	0,346
BRT-3	0,361	0,408	0,373	0,309	0,369	0,331	0,327
ZNG-1	0,342	0,437	0,433	0,327	0,420	0,365	0,316
ZNG-2	0,528	0,565	0,497	0,484	0,519	0,519	0,462
ZNG-3	0,396	0,471	0,458	0,388	0,437	0,429	0,384
ZNG-4	0,361	0,484	0,437	0,376	0,376	0,408	0,365
ZNG-5	0,638	0,659	0,633	0,579	0,570	0,570	0,537
DUZ	0,441	0,458	0,412	0,408	0,458	0,458	0,388
SAK-1	0,380	0,454	0,424	0,380	0,357	0,412	0,392
SAK-2	0,373	0,471	0,441	0,312	0,365	0,342	0,294
KOC-1	0,449	0,575	0,454	0,400	0,441	0,384	0,396
IST-1	0,373	0,445	0,466	0,388	0,479	0,479	0,400
IST-2	0,420	0,420	0,369	0,365	0,412	0,365	0,384
IST-3	0,400	0,475	0,373	0,353	0,392	0,369	0,357
KOC-2	0,392	0,441	0,429	0,346	0,392	0,384	0,396
KOC-3	0,510	0,594	0,514	0,408	0,416	0,424	0,445
YLV-1	0,388	0,497	0,384	0,357	0,404	0,373	0,384

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	IZM-2	GRS-1	GRS-2	GRS-3	TRB-1	RZ-1	TRB-2
SM-3	0,357	0,388	0,349	0,384	0,369	0,384	0,357
SM-4	0,384	0,433	0,316	0,320	0,388	0,357	0,309
SM-5	0,349	0,312	0,334	0,338	0,353	0,361	0,349
SM-6	0,346	0,384	0,392	0,334	0,373	0,396	0,331
SNP-1	0,334	0,388	0,373	0,287	0,361	0,384	0,357
SNP-2	0,424	0,400	0,338	0,320	0,412	0,365	0,331
SNP-3	0,420	0,420	0,388	0,384	0,369	0,361	0,327
SNP-4	0,429	0,429	0,380	0,301	0,369	0,346	0,320
SNP-5	0,528	0,537	0,546	0,533	0,608	0,579	0,546
KSM-1	0,388	0,429	0,388	0,331	0,346	0,400	0,349
KSM-2	0,429	0,437	0,412	0,361	0,369	0,424	0,420
KSM-3	0,445	0,365	0,437	0,346	0,384	0,433	0,365
KSM-4	0,437	0,357	0,357	0,369	0,392	0,424	0,404
KSM-5	0,396	0,404	0,429	0,384	0,400	0,400	0,412
KSM-6	0,475	0,424	0,392	0,429	0,420	0,437	0,384
BRT-1	0,369	0,376	0,458	0,388	0,396	0,412	0,376
BRT-2	0,342	0,349	0,412	0,331	0,424	0,376	0,357
BRT-3	0,353	0,331	0,424	0,327	0,380	0,357	0,353
ZNG-1	0,349	0,334	0,380	0,331	0,424	0,416	0,420
ZNG-2	0,449	0,501	0,519	0,523	0,533	0,560	0,528
ZNG-3	0,420	0,404	0,454	0,369	0,424	0,424	0,396
ZNG-4	0,353	0,361	0,424	0,412	0,412	0,396	0,376
ZNG-5	0,542	0,560	0,669	0,594	0,623	0,594	0,551
DUZ	0,376	0,338	0,449	0,412	0,514	0,445	0,441
SAK-1	0,349	0,388	0,412	0,424	0,408	0,441	0,396
SAK-2	0,305	0,365	0,429	0,338	0,376	0,384	0,380
KOC-1	0,424	0,361	0,458	0,404	0,404	0,388	0,376
IST-1	0,388	0,445	0,388	0,361	0,416	0,400	0,396
IST-2	0,334	0,349	0,373	0,353	0,424	0,416	0,412
IST-3	0,309	0,416	0,400	0,342	0,420	0,373	0,369
KOC-2	0,369	0,376	0,441	0,429	0,429	0,454	0,400
KOC-3	0,400	0,416	0,510	0,497	0,523	0,454	0,416
YLV-1	0,305	0,388	0,437	0,353	0,392	0,416	0,404

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	TRB-3	OR-1	OR-2	SM-1	SM-2	SM-3	SM-4
SM-3	0,369	0,316	0,396	0,294	0,373	****	0,756
SM-4	0,320	0,283	0,353	0,305	0,316	0,280	****
SM-5	0,301	0,287	0,327	0,316	0,349	0,305	0,225
SM-6	0,276	0,298	0,309	0,320	0,309	0,323	0,290
SNP-1	0,280	0,309	0,349	0,353	0,357	0,342	0,338
SNP-2	0,269	0,334	0,301	0,349	0,316	0,361	0,349
SNP-3	0,369	0,353	0,380	0,384	0,388	0,365	0,331
SNP-4	0,287	0,301	0,312	0,346	0,412	0,388	0,331
SNP-5	0,599	0,551	0,537	0,514	0,510	0,537	0,533
KSM-1	0,346	0,301	0,334	0,346	0,349	0,429	0,338
KSM-2	0,338	0,361	0,290	0,346	0,388	0,388	0,376
KSM-3	0,369	0,361	0,349	0,376	0,380	0,312	0,353
KSM-4	0,353	0,331	0,388	0,353	0,349	0,365	0,346
KSM-5	0,361	0,400	0,373	0,416	0,365	0,412	0,338
KSM-6	0,373	0,404	0,458	0,396	0,384	0,331	0,380
BRT-1	0,365	0,373	0,408	0,334	0,408	0,338	0,342
BRT-2	0,353	0,369	0,365	0,338	0,396	0,357	0,323
BRT-3	0,327	0,349	0,346	0,349	0,316	0,361	0,334
ZNG-1	0,353	0,384	0,437	0,408	0,357	0,357	0,323
ZNG-2	0,523	0,437	0,484	0,471	0,475	0,501	0,497
ZNG-3	0,323	0,408	0,388	0,392	0,380	0,412	0,384
ZNG-4	0,404	0,437	0,424	0,412	0,361	0,408	0,380
ZNG-5	0,594	0,546	0,589	0,604	0,560	0,523	0,604
DUZ	0,420	0,373	0,392	0,462	0,384	0,353	0,437
SAK-1	0,323	0,361	0,429	0,400	0,373	0,373	0,384
SAK-2	0,323	0,338	0,373	0,376	0,357	0,327	0,338
KOC-1	0,388	0,373	0,392	0,388	0,376	0,408	0,396
IST-1	0,316	0,353	0,396	0,361	0,404	0,420	0,392
IST-2	0,384	0,369	0,412	0,408	0,412	0,373	0,392
IST-3	0,342	0,357	0,416	0,396	0,361	0,361	0,388
KOC-2	0,373	0,396	0,400	0,404	0,369	0,424	0,373
KOC-3	0,454	0,488	0,528	0,488	0,510	0,501	0,479
YLV-1	0,346	0,369	0,404	0,400	0,365	0,412	0,353

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	SM-5	SM-6	SNP-1	SNP-2	SNP-3	SNP-4	SNP-5
SM-3	0,737	0,724	0,711	0,697	0,694	0,678	0,585
SM-4	0,799	0,748	0,713	0,705	0,719	0,719	0,587
SM-5	****	0,761	0,748	0,724	0,711	0,743	0,590
SM-6	0,273	****	0,751	0,737	0,686	0,745	0,587
SNP-1	0,290	0,287	****	0,772	0,684	0,748	0,590
SNP-2	0,323	0,305	0,259	****	0,702	0,745	0,566
SNP-3	0,342	0,376	0,380	0,353	****	0,716	0,568
SNP-4	0,298	0,294	0,290	0,294	0,334	****	0,622
SNP-5	0,528	0,533	0,528	0,570	0,565	0,475	****
KSM-1	0,342	0,301	0,342	0,346	0,357	0,298	0,584
KSM-2	0,334	0,323	0,342	0,294	0,380	0,283	0,584
KSM-3	0,320	0,309	0,298	0,331	0,396	0,327	0,537
KSM-4	0,298	0,338	0,342	0,361	0,454	0,327	0,546
KSM-5	0,312	0,331	0,357	0,416	0,373	0,349	0,584
KSM-6	0,331	0,373	0,408	0,396	0,441	0,369	0,680
BRT-1	0,369	0,305	0,361	0,380	0,384	0,331	0,579
BRT-2	0,327	0,280	0,334	0,369	0,429	0,334	0,546
BRT-3	0,331	0,283	0,273	0,349	0,392	0,331	0,542
ZNG-1	0,327	0,353	0,349	0,392	0,404	0,388	0,537
ZNG-2	0,501	0,488	0,492	0,551	0,556	0,441	0,312
ZNG-3	0,357	0,323	0,357	0,384	0,437	0,357	0,510
ZNG-4	0,353	0,349	0,331	0,342	0,449	0,384	0,551
ZNG-5	0,618	0,537	0,533	0,604	0,570	0,560	0,172
DUZ	0,441	0,429	0,376	0,429	0,400	0,424	0,471
SAK-1	0,334	0,408	0,420	0,376	0,437	0,412	0,594
SAK-2	0,334	0,309	0,312	0,361	0,373	0,396	0,475
KOC-1	0,361	0,373	0,400	0,404	0,416	0,369	0,551
IST-1	0,365	0,369	0,412	0,369	0,454	0,349	0,546
IST-2	0,396	0,346	0,388	0,416	0,445	0,412	0,565
IST-3	0,408	0,334	0,361	0,380	0,384	0,408	0,579
KOC-2	0,416	0,312	0,458	0,445	0,458	0,441	0,542
KOC-3	0,433	0,479	0,408	0,396	0,466	0,408	0,365
YLV-1	0,373	0,392	0,357	0,400	0,462	0,396	0,546

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	KSM-1	KSM-2	KSM-3	KSM-4	KSM-5	KSM-6	BRT-1
SM-3	0,652	0,678	0,732	0,694	0,662	0,719	0,713
SM-4	0,713	0,686	0,702	0,708	0,713	0,684	0,711
SM-5	0,711	0,716	0,727	0,743	0,732	0,719	0,692
SM-6	0,740	0,724	0,735	0,713	0,719	0,689	0,737
SNP-1	0,711	0,711	0,743	0,711	0,700	0,665	0,697
SNP-2	0,708	0,745	0,719	0,697	0,660	0,673	0,684
SNP-3	0,700	0,684	0,673	0,635	0,689	0,643	0,681
SNP-4	0,743	0,753	0,721	0,721	0,705	0,692	0,719
SNP-5	0,558	0,558	0,585	0,579	0,558	0,507	0,560
KSM-1	****	0,775	0,700	0,711	0,716	0,670	0,692
KSM-2	0,255	****	0,727	0,711	0,705	0,665	0,676
KSM-3	0,357	0,320	****	0,743	0,716	0,697	0,686
KSM-4	0,342	0,342	0,298	****	0,737	0,735	0,676
KSM-5	0,334	0,349	0,334	0,305	****	0,708	0,713
KSM-6	0,400	0,408	0,361	0,309	0,346	****	0,700
BRT-1	0,369	0,392	0,376	0,392	0,338	0,357	****
BRT-2	0,342	0,365	0,380	0,357	0,342	0,384	0,211
BRT-3	0,309	0,369	0,301	0,338	0,309	0,365	0,255
ZNG-1	0,404	0,454	0,357	0,327	0,342	0,338	0,346
ZNG-2	0,449	0,546	0,492	0,501	0,584	0,514	0,429
ZNG-3	0,357	0,380	0,388	0,404	0,365	0,369	0,280
ZNG-4	0,353	0,400	0,376	0,408	0,400	0,388	0,320
ZNG-5	0,628	0,680	0,560	0,589	0,628	0,675	0,546
DUZ	0,441	0,424	0,376	0,392	0,400	0,365	0,404
SAK-1	0,388	0,471	0,437	0,365	0,373	0,376	0,392
SAK-2	0,357	0,404	0,357	0,388	0,380	0,424	0,338
KOC-1	0,346	0,424	0,384	0,416	0,400	0,437	0,380
IST-1	0,404	0,373	0,445	0,404	0,437	0,392	0,424
IST-2	0,396	0,412	0,365	0,373	0,365	0,331	0,392
IST-3	0,369	0,433	0,408	0,369	0,392	0,357	0,342
KOC-2	0,392	0,466	0,400	0,392	0,353	0,437	0,380
KOC-3	0,484	0,519	0,475	0,475	0,501	0,506	0,454
YLV-1	0,373	0,420	0,420	0,357	0,388	0,424	0,346

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	BRT-2	BRT-3	ZNG-1	ZNG-2	ZNG-3	ZNG-4	ZNG-5
SM-3	0,700	0,697	0,700	0,606	0,662	0,665	0,593
SM-4	0,724	0,716	0,724	0,609	0,681	0,684	0,547
SM-5	0,721	0,719	0,721	0,606	0,700	0,702	0,539
SM-6	0,756	0,753	0,702	0,614	0,724	0,705	0,585
SNP-1	0,716	0,761	0,705	0,611	0,700	0,719	0,587
SNP-2	0,692	0,705	0,676	0,576	0,681	0,711	0,547
SNP-3	0,652	0,676	0,668	0,574	0,646	0,638	0,566
SNP-4	0,716	0,719	0,678	0,643	0,700	0,681	0,571
SNP-5	0,579	0,582	0,585	0,732	0,601	0,576	0,842
KSM-1	0,711	0,735	0,668	0,638	0,700	0,702	0,534
KSM-2	0,694	0,692	0,635	0,579	0,684	0,670	0,507
KSM-3	0,684	0,740	0,700	0,611	0,678	0,686	0,571
KSM-4	0,700	0,713	0,721	0,606	0,668	0,665	0,555
KSM-5	0,711	0,735	0,711	0,558	0,694	0,670	0,534
KSM-6	0,681	0,694	0,713	0,598	0,692	0,678	0,509
BRT-1	0,810	0,775	0,708	0,652	0,756	0,727	0,579
BRT-2	****	0,783	0,732	0,633	0,775	0,713	0,571
BRT-3	0,245	****	0,804	0,678	0,788	0,759	0,590
ZNG-1	0,312	0,218	****	0,665	0,727	0,729	0,609
ZNG-2	0,458	0,388	0,408	****	0,676	0,625	0,729
ZNG-3	0,255	0,238	0,320	0,392	****	0,724	0,603
ZNG-4	0,338	0,276	0,316	0,471	0,323	****	0,595
ZNG-5	0,560	0,528	0,497	0,316	0,506	0,519	****
DUZ	0,392	0,373	0,346	0,429	0,384	0,327	0,424
SAK-1	0,334	0,323	0,334	0,475	0,327	0,331	0,542
SAK-2	0,334	0,252	0,269	0,416	0,327	0,301	0,488
KOC-1	0,400	0,349	0,400	0,488	0,369	0,349	0,466
IST-1	0,349	0,369	0,373	0,458	0,365	0,376	0,599
IST-2	0,327	0,361	0,365	0,575	0,380	0,400	0,628
IST-3	0,346	0,305	0,309	0,533	0,353	0,349	0,575
KOC-2	0,369	0,342	0,369	0,523	0,353	0,365	0,565
KOC-3	0,441	0,373	0,416	0,334	0,441	0,380	0,376
YLV-1	0,327	0,316	0,334	0,433	0,380	0,369	0,570

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	DUZ	SAK-1	SAK-2	KOC-1	IST-1	IST-2	IST-3
SM-3	0,702	0,689	0,721	0,665	0,657	0,689	0,697
SM-4	0,646	0,681	0,713	0,673	0,676	0,676	0,678
SM-5	0,643	0,716	0,716	0,697	0,694	0,673	0,665
SM-6	0,652	0,665	0,735	0,689	0,692	0,708	0,716
SNP-1	0,686	0,657	0,732	0,670	0,662	0,678	0,697
SNP-2	0,652	0,686	0,697	0,668	0,692	0,660	0,684
SNP-3	0,670	0,646	0,689	0,660	0,635	0,641	0,681
SNP-4	0,654	0,662	0,673	0,692	0,705	0,662	0,665
SNP-5	0,625	0,552	0,622	0,576	0,579	0,568	0,560
KSM-1	0,643	0,678	0,700	0,708	0,668	0,673	0,692
KSM-2	0,654	0,625	0,668	0,654	0,689	0,662	0,649
KSM-3	0,686	0,646	0,700	0,681	0,641	0,694	0,665
KSM-4	0,676	0,694	0,678	0,660	0,668	0,689	0,692
KSM-5	0,670	0,689	0,684	0,670	0,646	0,694	0,676
KSM-6	0,694	0,686	0,654	0,646	0,676	0,719	0,700
BRT-1	0,668	0,676	0,713	0,684	0,654	0,676	0,711
BRT-2	0,676	0,716	0,716	0,670	0,705	0,721	0,708
BRT-3	0,689	0,724	0,778	0,705	0,692	0,697	0,737
ZNG-1	0,708	0,716	0,764	0,670	0,689	0,694	0,735
ZNG-2	0,652	0,622	0,660	0,614	0,633	0,563	0,587
ZNG-3	0,681	0,721	0,721	0,692	0,694	0,684	0,702
ZNG-4	0,721	0,719	0,740	0,705	0,686	0,670	0,705
ZNG-5	0,654	0,582	0,614	0,627	0,550	0,534	0,563
DUZ	****	0,676	0,708	0,652	0,665	0,660	0,727
SAK-1	0,392	****	0,775	0,729	0,743	0,684	0,708
SAK-2	0,346	0,255	****	0,751	0,721	0,716	0,735
KOC-1	0,429	0,316	0,287	****	0,676	0,681	0,678
IST-1	0,408	0,298	0,327	0,392	****	0,689	0,686
IST-2	0,416	0,380	0,334	0,384	0,373	****	0,767
IST-3	0,320	0,346	0,309	0,388	0,376	0,266	****
KOC-2	0,404	0,331	0,309	0,269	0,441	0,353	0,320
KOC-3	0,429	0,416	0,346	0,429	0,424	0,441	0,412
YLV-1	0,384	0,357	0,349	0,408	0,365	0,404	0,331

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	KOC-2	KOC-3	YLV-1	YLV-2	BRS-1	BRS-2	BLK-1
SM-3	0,654	0,606	0,662	0,630	0,614	0,622	0,684
SM-4	0,689	0,619	0,702	0,617	0,638	0,646	0,708
SM-5	0,660	0,649	0,689	0,625	0,662	0,676	0,716
SM-6	0,732	0,619	0,676	0,617	0,654	0,689	0,735
SNP-1	0,633	0,665	0,700	0,635	0,668	0,692	0,743
SNP-2	0,641	0,673	0,670	0,606	0,649	0,652	0,697
SNP-3	0,633	0,627	0,630	0,614	0,625	0,606	0,657
SNP-4	0,643	0,665	0,673	0,641	0,662	0,670	0,716
SNP-5	0,582	0,694	0,579	0,670	0,563	0,609	0,627
KSM-1	0,676	0,617	0,689	0,625	0,630	0,670	0,689
KSM-2	0,627	0,595	0,657	0,609	0,625	0,665	0,652
KSM-3	0,670	0,622	0,657	0,609	0,657	0,729	0,684
KSM-4	0,676	0,622	0,700	0,625	0,657	0,660	0,721
KSM-5	0,702	0,606	0,678	0,635	0,635	0,654	0,705
KSM-6	0,646	0,603	0,654	0,622	0,617	0,646	0,654
BRT-1	0,684	0,635	0,708	0,665	0,654	0,673	0,692
BRT-2	0,692	0,643	0,721	0,646	0,641	0,697	0,727
BRT-3	0,711	0,689	0,729	0,638	0,676	0,721	0,745
ZNG-1	0,692	0,660	0,716	0,657	0,668	0,697	0,737
ZNG-2	0,593	0,716	0,649	0,740	0,611	0,657	0,633
ZNG-3	0,702	0,643	0,684	0,662	0,668	0,708	0,716
ZNG-4	0,694	0,684	0,692	0,590	0,670	0,684	0,708
ZNG-5	0,568	0,686	0,566	0,684	0,614	0,585	0,603
DUZ	0,668	0,652	0,681	0,633	0,660	0,662	0,692
SAK-1	0,719	0,660	0,700	0,625	0,689	0,702	0,716
SAK-2	0,735	0,708	0,705	0,646	0,705	0,708	0,753
KOC-1	0,764	0,652	0,665	0,611	0,713	0,684	0,697
IST-1	0,643	0,654	0,694	0,635	0,657	0,681	0,673
IST-2	0,702	0,643	0,668	0,646	0,657	0,702	0,689
IST-3	0,727	0,662	0,719	0,627	0,606	0,689	0,702
KOC-2	****	0,630	0,702	0,590	0,670	0,678	0,735
KOC-3	0,462	****	0,660	0,697	0,660	0,657	0,729
YLV-1	0,353	0,416	****	0,635	0,684	0,708	0,705

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-2	IZM-3	IZM-4	AY-2	AY-3	IZM-5	BLK-3
SM-3	0,643	0,662	0,611	0,689	0,684	0,673	0,721
SM-4	0,694	0,654	0,619	0,681	0,681	0,660	0,676
SM-5	0,719	0,684	0,654	0,646	0,727	0,662	0,678
SM-6	0,694	0,654	0,646	0,611	0,643	0,708	0,702
SNP-1	0,681	0,652	0,665	0,630	0,652	0,732	0,678
SNP-2	0,673	0,633	0,641	0,601	0,676	0,708	0,670
SNP-3	0,649	0,625	0,665	0,603	0,668	0,668	0,700
SNP-4	0,697	0,652	0,654	0,625	0,673	0,673	0,673
SNP-5	0,630	0,558	0,603	0,724	0,585	0,558	0,590
KSM-1	0,643	0,593	0,622	0,603	0,635	0,662	0,641
KSM-2	0,633	0,593	0,611	0,566	0,625	0,646	0,630
KSM-3	0,665	0,668	0,643	0,635	0,662	0,716	0,705
KSM-4	0,724	0,657	0,649	0,641	0,678	0,678	0,689
KSM-5	0,676	0,619	0,643	0,630	0,635	0,689	0,673
KSM-6	0,662	0,649	0,582	0,606	0,665	0,676	0,660
BRT-1	0,716	0,665	0,652	0,665	0,676	0,724	0,708
BRT-2	0,719	0,646	0,681	0,662	0,684	0,732	0,694
BRT-3	0,727	0,649	0,662	0,692	0,719	0,708	0,719
ZNG-1	0,702	0,684	0,670	0,668	0,727	0,678	0,711
ZNG-2	0,630	0,633	0,614	0,767	0,633	0,595	0,622
ZNG-3	0,692	0,630	0,649	0,646	0,689	0,689	0,678
ZNG-4	0,711	0,638	0,652	0,643	0,686	0,686	0,676
ZNG-5	0,590	0,560	0,595	0,711	0,587	0,555	0,635
DUZ	0,678	0,643	0,619	0,692	0,633	0,660	0,697
SAK-1	0,697	0,689	0,670	0,662	0,753	0,721	0,673
SAK-2	0,692	0,716	0,697	0,684	0,727	0,721	0,689
KOC-1	0,668	0,665	0,662	0,643	0,686	0,681	0,676
IST-1	0,681	0,657	0,681	0,582	0,716	0,625	0,614
IST-2	0,713	0,646	0,617	0,641	0,684	0,689	0,689
IST-3	0,668	0,638	0,646	0,676	0,670	0,713	0,713
KOC-2	0,700	0,681	0,673	0,660	0,681	0,692	0,665
KOC-3	0,716	0,649	0,641	0,778	0,676	0,649	0,660
YLV-1	0,751	0,668	0,676	0,673	0,721	0,684	0,689

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-4	CNK-1	CNK-2	CNK-3	CNK-4	TKR-1	TKR-2
SM-3	0,694	0,649	0,697	0,681	0,619	0,700	0,649
SM-4	0,665	0,662	0,657	0,678	0,617	0,686	0,652
SM-5	0,668	0,697	0,649	0,708	0,619	0,694	0,681
SM-6	0,676	0,684	0,662	0,662	0,595	0,697	0,694
SNP-1	0,711	0,729	0,670	0,627	0,614	0,678	0,697
SNP-2	0,676	0,684	0,635	0,646	0,606	0,713	0,727
SNP-3	0,678	0,697	0,633	0,665	0,582	0,668	0,708
SNP-4	0,657	0,708	0,670	0,665	0,619	0,678	0,745
SNP-5	0,627	0,619	0,614	0,625	0,735	0,638	0,625
KSM-1	0,662	0,692	0,638	0,633	0,582	0,662	0,692
KSM-2	0,657	0,697	0,617	0,633	0,587	0,657	0,719
KSM-3	0,678	0,686	0,660	0,627	0,593	0,678	0,692
KSM-4	0,689	0,708	0,665	0,660	0,603	0,646	0,681
KSM-5	0,694	0,676	0,649	0,697	0,619	0,684	0,670
KSM-6	0,601	0,635	0,646	0,652	0,531	0,665	0,646
BRT-1	0,686	0,641	0,678	0,657	0,611	0,729	0,700
BRT-2	0,684	0,702	0,686	0,708	0,625	0,743	0,713
BRT-3	0,756	0,721	0,711	0,694	0,643	0,735	0,727
ZNG-1	0,748	0,719	0,708	0,719	0,641	0,716	0,729
ZNG-2	0,627	0,619	0,609	0,593	0,745	0,654	0,635
ZNG-3	0,711	0,702	0,708	0,676	0,668	0,737	0,692
ZNG-4	0,697	0,684	0,657	0,652	0,649	0,702	0,743
ZNG-5	0,603	0,601	0,601	0,585	0,716	0,587	0,606
DUZ	0,665	0,684	0,684	0,646	0,638	0,692	0,689
SAK-1	0,689	0,681	0,692	0,719	0,603	0,753	0,686
SAK-2	0,743	0,740	0,686	0,713	0,646	0,753	0,740
KOC-1	0,670	0,678	0,646	0,668	0,595	0,692	0,694
IST-1	0,662	0,681	0,654	0,654	0,603	0,711	0,724
IST-2	0,689	0,697	0,681	0,724	0,593	0,711	0,713
IST-3	0,713	0,689	0,684	0,700	0,595	0,702	0,705
KOC-2	0,719	0,673	0,678	0,694	0,595	0,745	0,689
KOC-3	0,681	0,652	0,657	0,619	0,735	0,665	0,689
YLV-1	0,748	0,702	0,676	0,692	0,630	0,721	0,708

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	TKR-3	TKR-4	TKR-5	IST-4	IST-5	IST-6	BRS-3
SM-3	0,681	0,665	0,657	0,697	0,665	0,686	0,665
SM-4	0,657	0,668	0,654	0,662	0,678	0,684	0,614
SM-5	0,649	0,692	0,700	0,681	0,692	0,702	0,654
SM-6	0,711	0,694	0,697	0,684	0,684	0,673	0,689
SNP-1	0,670	0,697	0,716	0,681	0,654	0,686	0,697
SNP-2	0,657	0,668	0,686	0,662	0,673	0,668	0,657
SNP-3	0,606	0,697	0,694	0,643	0,643	0,681	0,643
SNP-4	0,686	0,708	0,716	0,724	0,686	0,702	0,681
SNP-5	0,609	0,619	0,622	0,614	0,566	0,630	0,560
KSM-1	0,654	0,697	0,662	0,643	0,638	0,686	0,665
KSM-2	0,633	0,649	0,657	0,627	0,654	0,665	0,654
KSM-3	0,665	0,697	0,668	0,676	0,708	0,713	0,686
KSM-4	0,654	0,654	0,657	0,665	0,686	0,735	0,676
KSM-5	0,654	0,692	0,684	0,654	0,665	0,681	0,676
KSM-6	0,635	0,662	0,660	0,689	0,652	0,689	0,652
BRT-1	0,668	0,721	0,724	0,716	0,694	0,689	0,716
BRT-2	0,719	0,756	0,732	0,713	0,692	0,702	0,719
BRT-3	0,694	0,721	0,735	0,716	0,727	0,732	0,737
ZNG-1	0,692	0,729	0,700	0,729	0,686	0,751	0,740
ZNG-2	0,635	0,646	0,611	0,641	0,593	0,641	0,609
ZNG-3	0,708	0,708	0,705	0,697	0,670	0,713	0,702
ZNG-4	0,673	0,673	0,686	0,678	0,678	0,673	0,700
ZNG-5	0,590	0,606	0,587	0,606	0,552	0,617	0,601
DUZ	0,619	0,662	0,692	0,684	0,662	0,673	0,662
SAK-1	0,676	0,708	0,694	0,697	0,702	0,751	0,708
SAK-2	0,735	0,740	0,759	0,735	0,708	0,740	0,740
KOC-1	0,678	0,716	0,654	0,668	0,657	0,678	0,673
IST-1	0,686	0,702	0,684	0,660	0,654	0,681	0,643
IST-2	0,697	0,702	0,678	0,665	0,660	0,702	0,643
IST-3	0,652	0,716	0,713	0,684	0,662	0,732	0,705
KOC-2	0,694	0,684	0,681	0,684	0,716	0,700	0,684
KOC-3	0,684	0,668	0,692	0,673	0,635	0,641	0,684
YLV-1	0,713	0,729	0,700	0,686	0,708	0,724	0,681

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	YLV-3	BRS-4	IZM-6
SM-3	0,585	0,627	0,654
SM-4	0,630	0,646	0,678
SM-5	0,606	0,654	0,681
SM-6	0,652	0,662	0,652
SNP-1	0,606	0,676	0,665
SNP-2	0,609	0,662	0,641
SNP-3	0,585	0,622	0,617
SNP-4	0,654	0,692	0,697
SNP-5	0,694	0,689	0,641
KSM-1	0,627	0,643	0,617
KSM-2	0,611	0,627	0,622
KSM-3	0,595	0,654	0,627
KSM-4	0,622	0,665	0,649
KSM-5	0,595	0,633	0,643
KSM-6	0,576	0,598	0,635
BRT-1	0,625	0,614	0,673
BRT-2	0,670	0,633	0,708
BRT-3	0,668	0,673	0,689
ZNG-1	0,643	0,660	0,654
ZNG-2	0,732	0,737	0,727
ZNG-3	0,676	0,665	0,686
ZNG-4	0,619	0,668	0,668
ZNG-5	0,686	0,676	0,649
DUZ	0,630	0,641	0,652
SAK-1	0,643	0,649	0,697
SAK-2	0,638	0,681	0,686
KOC-1	0,614	0,646	0,668
IST-1	0,633	0,633	0,681
IST-2	0,627	0,633	0,627
IST-3	0,635	0,625	0,619
KOC-2	0,635	0,614	0,662
KOC-3	0,673	0,753	0,732
YLV-1	0,649	0,681	0,660

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	HT-1	HT-2	HT-3	KM	ADN	MSN-1	MSN-2
YLV-2	0,454	0,579	0,519	0,492	0,570	0,537	0,584
BRS-1	0,514	0,551	0,458	0,424	0,488	0,528	0,565
BRS-2	0,441	0,584	0,462	0,462	0,475	0,533	0,445
BLK-1	0,373	0,506	0,449	0,392	0,454	0,546	0,424
BLK-2	0,369	0,441	0,380	0,429	0,369	0,488	0,412
IZM-3	0,404	0,570	0,449	0,510	0,462	0,449	0,441
IZM-4	0,492	0,633	0,497	0,437	0,466	0,628	0,551
AY-2	0,471	0,412	0,492	0,546	0,514	0,510	0,528
AY-3	0,327	0,523	0,353	0,392	0,373	0,484	0,466
IZM-5	0,404	0,542	0,424	0,376	0,437	0,528	0,416
BLK-3	0,420	0,471	0,424	0,392	0,412	0,433	0,433
BLK-4	0,479	0,523	0,433	0,408	0,420	0,458	0,492
CNK-1	0,484	0,565	0,412	0,412	0,449	0,533	0,454
CNK-2	0,384	0,492	0,380	0,396	0,400	0,445	0,404
CNK-3	0,441	0,556	0,420	0,445	0,433	0,497	0,404
CNK-4	0,560	0,497	0,565	0,556	0,579	0,633	0,623
TKR-1	0,412	0,514	0,441	0,458	0,412	0,492	0,384
TKR-2	0,392	0,546	0,373	0,396	0,408	0,488	0,404
TKR-3	0,433	0,441	0,429	0,471	0,392	0,445	0,420
TKR-4	0,441	0,594	0,445	0,454	0,466	0,618	0,471
TKR-5	0,437	0,514	0,408	0,424	0,429	0,492	0,408
IST-4	0,416	0,519	0,429	0,420	0,441	0,471	0,471
IST-5	0,466	0,501	0,454	0,380	0,424	0,412	0,429
IST-6	0,369	0,519	0,380	0,404	0,408	0,471	0,454
BRS-3	0,458	0,613	0,445	0,437	0,475	0,542	0,412
YLV-3	0,449	0,501	0,523	0,514	0,492	0,570	0,560
BRS-4	0,458	0,441	0,523	0,506	0,501	0,551	0,570
IZM-6	0,441	0,376	0,570	0,497	0,466	0,542	0,542

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	MSN-3	MSN-4	ANT-1	ANT-2	ANT-3	ANT-4	ANT-5
YLV-2	0,466	0,537	0,599	0,551	0,484	0,565	0,479
BRS-1	0,475	0,466	0,479	0,471	0,475	0,546	0,488
BRS-2	0,445	0,497	0,458	0,458	0,454	0,404	0,449
BLK-1	0,433	0,458	0,497	0,429	0,416	0,475	0,420
BLK-2	0,404	0,404	0,408	0,416	0,396	0,471	0,449
IZM-3	0,510	0,546	0,542	0,514	0,475	0,416	0,437
IZM-4	0,462	0,454	0,466	0,449	0,488	0,542	0,501
AY-2	0,484	0,528	0,560	0,514	0,466	0,528	0,497
AY-3	0,392	0,441	0,454	0,454	0,441	0,384	0,373
IZM-5	0,449	0,449	0,462	0,454	0,408	0,449	0,437
BLK-3	0,416	0,458	0,488	0,454	0,361	0,424	0,437
BLK-4	0,369	0,466	0,506	0,396	0,384	0,400	0,396
CNK-1	0,429	0,437	0,466	0,441	0,445	0,497	0,433
CNK-2	0,396	0,420	0,458	0,449	0,404	0,437	0,408
CNK-3	0,445	0,454	0,501	0,441	0,454	0,437	0,458
CNK-4	0,466	0,519	0,599	0,560	0,556	0,546	0,533
TKR-1	0,408	0,441	0,471	0,429	0,400	0,466	0,412
TKR-2	0,388	0,396	0,475	0,408	0,412	0,471	0,433
TKR-3	0,388	0,429	0,475	0,376	0,420	0,471	0,510
TKR-4	0,420	0,497	0,537	0,458	0,412	0,471	0,416
TKR-5	0,424	0,416	0,445	0,396	0,400	0,484	0,437
IST-4	0,462	0,533	0,475	0,466	0,437	0,454	0,424
IST-5	0,445	0,454	0,510	0,408	0,429	0,488	0,449
IST-6	0,404	0,429	0,424	0,408	0,388	0,445	0,400
BRS-3	0,420	0,454	0,510	0,433	0,396	0,462	0,424
YLV-3	0,445	0,514	0,546	0,492	0,445	0,533	0,458
BRS-4	0,445	0,488	0,528	0,484	0,429	0,506	0,466
IZM-6	0,488	0,497	0,458	0,537	0,497	0,514	0,458

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	ANT-6	MG-1	MG-2	MG-3	MG-4	AY-1	IZM-1
YLV-2	0,523	0,589	0,546	0,542	0,599	0,506	0,475
BRS-1	0,454	0,551	0,475	0,380	0,454	0,412	0,384
BRS-2	0,392	0,537	0,404	0,309	0,384	0,384	0,357
BLK-1	0,380	0,523	0,416	0,269	0,327	0,305	0,316
BLK-2	0,408	0,449	0,396	0,323	0,361	0,346	0,349
IZM-3	0,479	0,560	0,501	0,365	0,445	0,420	0,376
IZM-4	0,484	0,654	0,488	0,369	0,384	0,424	0,380
AY-2	0,523	0,488	0,492	0,429	0,437	0,454	0,458
AY-3	0,365	0,471	0,400	0,342	0,388	0,380	0,361
IZM-5	0,412	0,506	0,369	0,373	0,365	0,342	0,376
BLK-3	0,462	0,471	0,416	0,357	0,349	0,388	0,400
BLK-4	0,365	0,488	0,433	0,312	0,412	0,365	0,338
CNK-1	0,424	0,528	0,437	0,353	0,400	0,392	0,365
CNK-2	0,408	0,466	0,396	0,384	0,400	0,441	0,420
CNK-3	0,449	0,556	0,420	0,346	0,408	0,416	0,396
CNK-4	0,523	0,618	0,565	0,479	0,514	0,454	0,458
TKR-1	0,380	0,471	0,408	0,327	0,396	0,357	0,353
TKR-2	0,384	0,501	0,388	0,294	0,384	0,384	0,283
TKR-3	0,433	0,449	0,471	0,369	0,416	0,384	0,365
TKR-4	0,392	0,537	0,420	0,294	0,392	0,338	0,349
TKR-5	0,380	0,488	0,369	0,327	0,388	0,388	0,346
IST-4	0,424	0,449	0,396	0,323	0,376	0,376	0,334
IST-5	0,492	0,449	0,429	0,331	0,400	0,400	0,396
IST-6	0,400	0,466	0,357	0,369	0,376	0,392	0,349
BRS-3	0,424	0,565	0,471	0,316	0,384	0,301	0,305
YLV-3	0,424	0,519	0,506	0,458	0,501	0,458	0,471
BRS-4	0,475	0,510	0,471	0,392	0,376	0,392	0,380
IZM-6	0,441	0,458	0,497	0,384	0,400	0,376	0,412

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	IZM-2	GRS-1	GRS-2	GRS-3	TRB-1	RZ-1	TRB-2
YLV-2	0,523	0,506	0,479	0,433	0,484	0,475	0,445
BRS-1	0,437	0,396	0,479	0,433	0,424	0,416	0,479
BRS-2	0,376	0,376	0,546	0,429	0,437	0,514	0,510
BLK-1	0,334	0,349	0,454	0,416	0,433	0,400	0,373
BLK-2	0,376	0,346	0,376	0,437	0,420	0,412	0,400
IZM-3	0,412	0,412	0,445	0,475	0,492	0,484	0,488
IZM-4	0,408	0,433	0,519	0,437	0,437	0,462	0,458
AY-2	0,454	0,454	0,479	0,556	0,528	0,484	0,497
AY-3	0,373	0,349	0,412	0,408	0,408	0,408	0,396
IZM-5	0,380	0,396	0,479	0,424	0,466	0,441	0,404
BLK-3	0,380	0,412	0,462	0,433	0,484	0,458	0,388
BLK-4	0,283	0,357	0,445	0,384	0,384	0,376	0,445
CNK-1	0,392	0,331	0,408	0,373	0,404	0,396	0,416
CNK-2	0,449	0,416	0,484	0,404	0,388	0,412	0,408
CNK-3	0,346	0,416	0,408	0,445	0,471	0,445	0,449
CNK-4	0,471	0,471	0,533	0,510	0,510	0,484	0,506
TKR-1	0,342	0,320	0,396	0,361	0,392	0,416	0,396
TKR-2	0,384	0,353	0,416	0,380	0,412	0,342	0,384
TKR-3	0,376	0,408	0,458	0,412	0,454	0,445	0,492
TKR-4	0,338	0,346	0,449	0,437	0,404	0,373	0,400
TKR-5	0,342	0,380	0,479	0,384	0,400	0,408	0,388
IST-4	0,400	0,361	0,484	0,471	0,462	0,437	0,484
IST-5	0,424	0,408	0,475	0,462	0,412	0,404	0,449
IST-6	0,361	0,369	0,392	0,365	0,349	0,396	0,392
BRS-3	0,346	0,361	0,519	0,462	0,437	0,420	0,458
YLV-3	0,484	0,466	0,519	0,514	0,488	0,471	0,466
BRS-4	0,433	0,416	0,458	0,488	0,429	0,454	0,492
IZM-6	0,424	0,400	0,433	0,523	0,488	0,479	0,492

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	TRB-3	OR-1	OR-2	SM-1	SM-2	SM-3	SM-4
YLV-2	0,458	0,458	0,479	0,441	0,479	0,462	0,484
BRS-1	0,416	0,424	0,488	0,449	0,445	0,488	0,449
BRS-2	0,420	0,429	0,458	0,488	0,441	0,475	0,437
BLK-1	0,353	0,353	0,412	0,433	0,404	0,380	0,346
BLK-2	0,365	0,365	0,424	0,388	0,400	0,441	0,365
IZM-3	0,416	0,416	0,514	0,449	0,454	0,412	0,424
IZM-4	0,412	0,429	0,475	0,471	0,416	0,492	0,479
AY-2	0,492	0,441	0,454	0,441	0,454	0,373	0,384
AY-3	0,346	0,369	0,437	0,384	0,437	0,380	0,384
IZM-5	0,384	0,384	0,462	0,392	0,412	0,396	0,416
BLK-3	0,441	0,392	0,454	0,392	0,420	0,327	0,392
BLK-4	0,353	0,416	0,420	0,408	0,404	0,365	0,408
CNK-1	0,388	0,388	0,361	0,412	0,392	0,433	0,412
CNK-2	0,404	0,445	0,441	0,506	0,400	0,361	0,420
CNK-3	0,462	0,462	0,449	0,479	0,441	0,384	0,388
CNK-4	0,510	0,510	0,533	0,492	0,542	0,479	0,484
TKR-1	0,353	0,376	0,373	0,400	0,380	0,357	0,376
TKR-2	0,327	0,365	0,361	0,404	0,376	0,433	0,429
TKR-3	0,396	0,479	0,466	0,445	0,441	0,384	0,420
TKR-4	0,388	0,388	0,416	0,437	0,441	0,408	0,404
TKR-5	0,361	0,441	0,420	0,449	0,420	0,420	0,424
IST-4	0,429	0,429	0,458	0,445	0,458	0,361	0,412
IST-5	0,404	0,388	0,449	0,420	0,353	0,408	0,388
IST-6	0,349	0,342	0,408	0,420	0,353	0,376	0,380
BRS-3	0,404	0,437	0,433	0,437	0,369	0,408	0,488
YLV-3	0,462	0,429	0,449	0,471	0,475	0,537	0,462
BRS-4	0,462	0,420	0,466	0,471	0,484	0,466	0,437
IZM-6	0,429	0,388	0,466	0,429	0,484	0,424	0,388

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	SM-5	SM-6	SNP-1	SNP-2	SNP-3	SNP-4	SNP-5
YLV-2	0,471	0,484	0,454	0,501	0,488	0,445	0,400
BRS-1	0,412	0,424	0,404	0,433	0,471	0,412	0,575
BRS-2	0,392	0,373	0,369	0,429	0,501	0,400	0,497
BLK-1	0,334	0,309	0,298	0,361	0,420	0,334	0,466
BLK-2	0,331	0,365	0,384	0,396	0,433	0,361	0,462
IZM-3	0,380	0,424	0,429	0,458	0,471	0,429	0,584
IZM-4	0,424	0,437	0,408	0,445	0,408	0,424	0,506
AY-2	0,437	0,492	0,462	0,510	0,506	0,471	0,323
AY-3	0,320	0,441	0,429	0,392	0,404	0,396	0,537
IZM-5	0,412	0,346	0,312	0,346	0,404	0,396	0,584
BLK-3	0,388	0,353	0,388	0,400	0,357	0,396	0,528
BLK-4	0,404	0,392	0,342	0,392	0,388	0,420	0,466
CNK-1	0,361	0,380	0,316	0,380	0,361	0,346	0,479
CNK-2	0,433	0,412	0,400	0,454	0,458	0,400	0,488
CNK-3	0,346	0,412	0,466	0,437	0,408	0,408	0,471
CNK-4	0,479	0,519	0,488	0,501	0,542	0,479	0,309
TKR-1	0,365	0,361	0,388	0,338	0,404	0,388	0,449
TKR-2	0,384	0,365	0,361	0,320	0,346	0,294	0,471
TKR-3	0,433	0,342	0,400	0,420	0,501	0,376	0,497
TKR-4	0,369	0,365	0,361	0,404	0,361	0,346	0,479
TKR-5	0,357	0,361	0,334	0,376	0,365	0,334	0,475
IST-4	0,384	0,380	0,384	0,412	0,441	0,323	0,488
IST-5	0,369	0,380	0,424	0,396	0,441	0,376	0,570
IST-6	0,353	0,396	0,376	0,404	0,384	0,353	0,462
BRS-3	0,424	0,373	0,361	0,420	0,441	0,384	0,579
YLV-3	0,501	0,429	0,501	0,497	0,537	0,424	0,365
BRS-4	0,424	0,412	0,392	0,412	0,475	0,369	0,373
IZM-6	0,384	0,429	0,408	0,445	0,484	0,361	0,445

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	KSM-1	KSM-2	KSM-3	KSM-4	KSM-5	KSM-6	BRT-1
YLV-2	0,471	0,497	0,497	0,471	0,454	0,475	0,408
BRS-1	0,462	0,471	0,420	0,420	0,454	0,484	0,424
BRS-2	0,400	0,408	0,316	0,416	0,424	0,437	0,396
BLK-1	0,373	0,429	0,380	0,327	0,349	0,424	0,369
BLK-2	0,441	0,458	0,408	0,323	0,392	0,412	0,334
IZM-3	0,523	0,523	0,404	0,420	0,479	0,433	0,408
IZM-4	0,475	0,492	0,441	0,433	0,441	0,542	0,429
AY-2	0,506	0,570	0,454	0,445	0,462	0,501	0,408
AY-3	0,454	0,471	0,412	0,388	0,454	0,408	0,392
IZM-5	0,412	0,437	0,334	0,388	0,373	0,392	0,323
BLK-3	0,445	0,462	0,349	0,373	0,396	0,416	0,346
BLK-4	0,412	0,420	0,388	0,373	0,365	0,510	0,376
CNK-1	0,369	0,361	0,376	0,346	0,392	0,454	0,445
CNK-2	0,449	0,484	0,416	0,408	0,433	0,437	0,388
CNK-3	0,458	0,458	0,466	0,416	0,361	0,429	0,420
CNK-4	0,542	0,533	0,523	0,506	0,479	0,633	0,492
TKR-1	0,412	0,420	0,388	0,437	0,380	0,408	0,316
TKR-2	0,369	0,331	0,369	0,384	0,400	0,437	0,357
TKR-3	0,424	0,458	0,408	0,424	0,424	0,454	0,404
TKR-4	0,361	0,433	0,361	0,424	0,369	0,412	0,327
TKR-5	0,412	0,420	0,404	0,420	0,380	0,416	0,323
IST-4	0,441	0,466	0,392	0,408	0,424	0,373	0,334
IST-5	0,449	0,424	0,346	0,376	0,408	0,429	0,365
IST-6	0,376	0,408	0,338	0,309	0,384	0,373	0,373
BRS-3	0,408	0,424	0,376	0,392	0,392	0,429	0,334
YLV-3	0,466	0,492	0,519	0,475	0,519	0,551	0,471
BRS-4	0,441	0,466	0,424	0,408	0,458	0,514	0,488
IZM-6	0,484	0,475	0,466	0,433	0,441	0,454	0,396

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	BRT-2	BRT-3	ZNG-1	ZNG-2	ZNG-3	ZNG-4	ZNG-5
YLV-2	0,437	0,449	0,420	0,301	0,412	0,528	0,380
BRS-1	0,445	0,392	0,404	0,492	0,404	0,400	0,488
BRS-2	0,361	0,327	0,361	0,420	0,346	0,380	0,537
BLK-1	0,320	0,294	0,305	0,458	0,334	0,346	0,506
BLK-2	0,331	0,320	0,353	0,462	0,369	0,342	0,528
IZM-3	0,437	0,433	0,380	0,458	0,462	0,449	0,579
IZM-4	0,384	0,412	0,400	0,488	0,433	0,429	0,519
AY-2	0,412	0,369	0,404	0,266	0,437	0,441	0,342
AY-3	0,380	0,331	0,320	0,458	0,373	0,376	0,533
IZM-5	0,312	0,346	0,388	0,519	0,373	0,376	0,589
BLK-3	0,365	0,331	0,342	0,475	0,388	0,392	0,454
BLK-4	0,380	0,280	0,290	0,466	0,342	0,361	0,506
CNK-1	0,353	0,327	0,331	0,479	0,353	0,380	0,510
CNK-2	0,376	0,342	0,346	0,497	0,346	0,420	0,510
CNK-3	0,346	0,365	0,331	0,523	0,392	0,429	0,537
CNK-4	0,471	0,441	0,445	0,294	0,404	0,433	0,334
TKR-1	0,298	0,309	0,334	0,424	0,305	0,353	0,533
TKR-2	0,338	0,320	0,316	0,454	0,369	0,298	0,501
TKR-3	0,331	0,365	0,369	0,454	0,346	0,396	0,528
TKR-4	0,280	0,327	0,316	0,437	0,346	0,396	0,501
TKR-5	0,312	0,309	0,357	0,492	0,349	0,376	0,533
IST-4	0,338	0,334	0,316	0,445	0,361	0,388	0,501
IST-5	0,369	0,320	0,376	0,523	0,400	0,388	0,594
IST-6	0,353	0,312	0,287	0,445	0,338	0,396	0,484
BRS-3	0,331	0,305	0,301	0,497	0,353	0,357	0,510
YLV-3	0,400	0,404	0,441	0,312	0,392	0,479	0,376
BRS-4	0,458	0,396	0,416	0,305	0,408	0,404	0,392
IZM-6	0,346	0,373	0,424	0,320	0,376	0,404	0,433

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	DUZ	SAK-1	SAK-2	KOC-1	IST-1	IST-2	IST-3
YLV-2	0,458	0,471	0,437	0,492	0,454	0,437	0,466
BRS-1	0,416	0,373	0,349	0,338	0,420	0,420	0,501
BRS-2	0,412	0,353	0,346	0,380	0,384	0,353	0,373
BLK-1	0,369	0,334	0,283	0,361	0,396	0,373	0,353
BLK-2	0,388	0,361	0,369	0,404	0,384	0,338	0,404
IZM-3	0,441	0,373	0,334	0,408	0,420	0,437	0,449
IZM-4	0,479	0,400	0,361	0,412	0,384	0,484	0,437
AY-2	0,369	0,412	0,380	0,441	0,542	0,445	0,392
AY-3	0,458	0,283	0,320	0,376	0,334	0,380	0,400
IZM-5	0,416	0,327	0,327	0,384	0,471	0,373	0,338
BLK-3	0,361	0,396	0,373	0,392	0,488	0,373	0,338
BLK-4	0,408	0,373	0,298	0,400	0,412	0,373	0,338
CNK-1	0,380	0,384	0,301	0,388	0,384	0,361	0,373
CNK-2	0,380	0,369	0,376	0,437	0,424	0,384	0,380
CNK-3	0,437	0,331	0,338	0,404	0,424	0,323	0,357
CNK-4	0,449	0,506	0,437	0,519	0,506	0,523	0,519
TKR-1	0,369	0,283	0,283	0,369	0,342	0,342	0,353
TKR-2	0,373	0,376	0,301	0,365	0,323	0,338	0,349
TKR-3	0,479	0,392	0,309	0,388	0,376	0,361	0,429
TKR-4	0,412	0,346	0,301	0,334	0,353	0,353	0,334
TKR-5	0,369	0,365	0,276	0,424	0,380	0,388	0,338
IST-4	0,380	0,361	0,309	0,404	0,416	0,408	0,380
IST-5	0,412	0,353	0,346	0,420	0,424	0,416	0,412
IST-6	0,396	0,287	0,301	0,388	0,384	0,353	0,312
BRS-3	0,412	0,346	0,301	0,396	0,441	0,441	0,349
YLV-3	0,462	0,441	0,449	0,488	0,458	0,466	0,454
BRS-4	0,445	0,433	0,384	0,437	0,458	0,458	0,471
IZM-6	0,429	0,361	0,376	0,404	0,384	0,466	0,479

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	KOC-2	KOC-3	YLV-1	YLV-2	BRS-1	BRS-2	BLK-1
YLV-2	0,528	0,361	0,454	****	0,571	0,585	0,598
BRS-1	0,400	0,416	0,380	0,560	****	0,708	0,700
BRS-2	0,388	0,420	0,346	0,537	0,346	****	0,713
BLK-1	0,309	0,316	0,349	0,514	0,357	0,338	****
BLK-2	0,357	0,334	0,287	0,466	0,301	0,349	0,287
IZM-3	0,384	0,433	0,404	0,479	0,365	0,376	0,365
IZM-4	0,396	0,445	0,392	0,528	0,301	0,380	0,346
AY-2	0,416	0,252	0,396	0,357	0,479	0,458	0,349
AY-3	0,384	0,392	0,327	0,445	0,357	0,331	0,342
IZM-5	0,369	0,433	0,380	0,488	0,404	0,361	0,290
BLK-3	0,408	0,416	0,373	0,454	0,388	0,376	0,357
BLK-4	0,331	0,384	0,290	0,454	0,365	0,316	0,305
CNK-1	0,396	0,429	0,353	0,449	0,369	0,305	0,323
CNK-2	0,388	0,420	0,392	0,466	0,433	0,320	0,384
CNK-3	0,365	0,479	0,369	0,492	0,441	0,388	0,331
CNK-4	0,519	0,309	0,462	0,388	0,479	0,424	0,373
TKR-1	0,294	0,408	0,327	0,445	0,373	0,287	0,283
TKR-2	0,373	0,373	0,346	0,433	0,376	0,298	0,273
TKR-3	0,365	0,380	0,338	0,556	0,346	0,327	0,331
TKR-4	0,380	0,404	0,316	0,458	0,376	0,283	0,280
TKR-5	0,384	0,369	0,357	0,523	0,373	0,338	0,312
IST-4	0,380	0,396	0,376	0,501	0,353	0,312	0,316
IST-5	0,334	0,454	0,346	0,613	0,301	0,342	0,384
IST-6	0,357	0,445	0,323	0,458	0,316	0,320	0,331
BRS-3	0,380	0,380	0,384	0,433	0,392	0,357	0,309
YLV-3	0,454	0,396	0,433	0,416	0,466	0,412	0,376
BRS-4	0,488	0,283	0,384	0,408	0,400	0,365	0,309
IZM-6	0,412	0,312	0,416	0,441	0,408	0,396	0,323

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	BLK-2	IZM-3	IZM-4	AY-2	AY-3	IZM-5	BLK-3
YLV-2	0,627	0,619	0,590	0,700	0,641	0,614	0,635
BRS-1	0,740	0,694	0,740	0,619	0,700	0,668	0,678
BRS-2	0,705	0,686	0,684	0,633	0,719	0,697	0,686
BLK-1	0,751	0,694	0,708	0,705	0,711	0,748	0,700
BLK-2	****	0,724	0,721	0,692	0,778	0,724	0,708
IZM-3	0,323	****	0,686	0,668	0,732	0,700	0,711
IZM-4	0,327	0,376	****	0,595	0,681	0,686	0,665
AY-2	0,369	0,404	0,519	****	0,673	0,635	0,673
AY-3	0,252	0,312	0,384	0,396	****	0,737	0,721
IZM-5	0,323	0,357	0,376	0,454	0,305	****	0,716
BLK-3	0,346	0,342	0,408	0,396	0,327	0,334	****
BLK-4	0,280	0,365	0,353	0,404	0,283	0,380	0,373
CNK-1	0,320	0,408	0,342	0,458	0,346	0,353	0,376
CNK-2	0,327	0,338	0,412	0,408	0,316	0,361	0,346
CNK-3	0,342	0,376	0,388	0,400	0,301	0,376	0,361
CNK-4	0,458	0,497	0,484	0,255	0,388	0,514	0,479
TKR-1	0,266	0,357	0,353	0,373	0,298	0,342	0,380
TKR-2	0,248	0,331	0,305	0,424	0,273	0,309	0,361
TKR-3	0,327	0,346	0,380	0,424	0,338	0,384	0,369
TKR-4	0,327	0,408	0,349	0,376	0,294	0,301	0,361
TKR-5	0,323	0,388	0,400	0,437	0,334	0,334	0,396
IST-4	0,312	0,331	0,404	0,361	0,301	0,338	0,384
IST-5	0,327	0,384	0,388	0,441	0,384	0,376	0,392
IST-6	0,305	0,316	0,349	0,384	0,280	0,294	0,361
BRS-3	0,388	0,384	0,334	0,416	0,361	0,301	0,361
YLV-3	0,365	0,458	0,471	0,346	0,392	0,424	0,433
BRS-4	0,349	0,408	0,437	0,273	0,400	0,449	0,416
IZM-6	0,373	0,408	0,420	0,294	0,384	0,424	0,416

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	BLK-4	CNK-1	CNK-2	CNK-3	CNK-4	TKR-1	TKR-2
YLV-2	0,635	0,638	0,627	0,611	0,678	0,641	0,649
BRS-1	0,694	0,692	0,649	0,643	0,619	0,689	0,686
BRS-2	0,729	0,737	0,727	0,678	0,654	0,751	0,743
BLK-1	0,737	0,724	0,681	0,719	0,689	0,753	0,761
BLK-2	0,756	0,727	0,721	0,711	0,633	0,767	0,780
IZM-3	0,694	0,665	0,713	0,686	0,609	0,700	0,719
IZM-4	0,702	0,711	0,662	0,678	0,617	0,702	0,737
AY-2	0,668	0,633	0,665	0,670	0,775	0,689	0,654
AY-3	0,753	0,708	0,729	0,740	0,678	0,743	0,761
IZM-5	0,684	0,702	0,697	0,686	0,598	0,711	0,735
BLK-3	0,689	0,686	0,708	0,697	0,619	0,684	0,697
BLK-4	****	0,761	0,713	0,735	0,694	0,753	0,740
CNK-1	0,273	****	0,716	0,748	0,601	0,708	0,769
CNK-2	0,338	0,334	****	0,694	0,633	0,751	0,700
CNK-3	0,309	0,290	0,365	****	0,670	0,756	0,748
CNK-4	0,365	0,510	0,458	0,400	****	0,684	0,660
TKR-1	0,283	0,346	0,287	0,280	0,380	****	0,772
TKR-2	0,301	0,262	0,357	0,290	0,416	0,259	****
TKR-3	0,273	0,334	0,320	0,312	0,416	0,294	0,298
TKR-4	0,323	0,312	0,349	0,327	0,400	0,245	0,215
TKR-5	0,305	0,353	0,361	0,353	0,437	0,262	0,309
IST-4	0,294	0,388	0,334	0,349	0,416	0,323	0,312
IST-5	0,331	0,365	0,349	0,373	0,501	0,323	0,320
IST-6	0,287	0,327	0,255	0,298	0,416	0,259	0,269
BRS-3	0,294	0,312	0,334	0,404	0,416	0,361	0,312
YLV-3	0,392	0,462	0,388	0,429	0,331	0,384	0,396
BRS-4	0,361	0,396	0,420	0,404	0,266	0,392	0,349
IZM-6	0,408	0,437	0,471	0,429	0,301	0,369	0,388

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	TKR-3	TKR-4	TKR-5	IST-4	IST-5	IST-6	BRS-3
YLV-2	0,574	0,633	0,593	0,606	0,542	0,633	0,649
BRS-1	0,708	0,686	0,689	0,702	0,740	0,729	0,676
BRS-2	0,721	0,753	0,713	0,732	0,711	0,727	0,700
BLK-1	0,719	0,756	0,732	0,729	0,681	0,719	0,735
BLK-2	0,721	0,721	0,724	0,732	0,721	0,737	0,678
IZM-3	0,708	0,665	0,678	0,719	0,681	0,729	0,681
IZM-4	0,684	0,705	0,670	0,668	0,678	0,705	0,716
AY-2	0,654	0,686	0,646	0,697	0,643	0,681	0,660
AY-3	0,713	0,745	0,716	0,740	0,681	0,756	0,697
IZM-5	0,681	0,740	0,716	0,713	0,686	0,745	0,740
BLK-3	0,692	0,697	0,673	0,681	0,676	0,697	0,697
BLK-4	0,761	0,724	0,737	0,745	0,719	0,751	0,745
CNK-1	0,716	0,732	0,702	0,678	0,694	0,721	0,732
CNK-2	0,727	0,705	0,697	0,716	0,705	0,775	0,716
CNK-3	0,732	0,721	0,702	0,705	0,689	0,743	0,668
CNK-4	0,660	0,670	0,646	0,660	0,606	0,660	0,660
TKR-1	0,745	0,783	0,769	0,724	0,724	0,772	0,697
TKR-2	0,743	0,807	0,735	0,732	0,727	0,764	0,732
TKR-3	****	0,743	0,751	0,716	0,743	0,743	0,716
TKR-4	0,298	****	0,756	0,748	0,737	0,780	0,748
TKR-5	0,287	0,280	****	0,772	0,751	0,756	0,702
IST-4	0,334	0,290	0,259	****	0,753	0,769	0,737
IST-5	0,298	0,305	0,287	0,283	****	0,796	0,732
IST-6	0,298	0,248	0,280	0,262	0,228	****	0,759
BRS-3	0,334	0,290	0,353	0,305	0,312	0,276	****
YLV-3	0,349	0,373	0,433	0,388	0,471	0,373	0,388
BRS-4	0,349	0,380	0,392	0,373	0,404	0,373	0,334
IZM-6	0,365	0,342	0,353	0,334	0,380	0,380	0,373

Tablo A. (devam) ISSR analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	YLV-3	BRS-4	IZM-6
YLV-2	0,660	0,665	0,643
BRS-1	0,627	0,670	0,665
BRS-2	0,662	0,694	0,673
BLK-1	0,686	0,735	0,724
BLK-2	0,694	0,705	0,689
IZM-3	0,633	0,665	0,665
IZM-4	0,625	0,646	0,657
AY-2	0,708	0,761	0,745
AY-3	0,676	0,670	0,681
IZM-5	0,654	0,638	0,654
BLK-3	0,649	0,660	0,660
BLK-4	0,676	0,697	0,665
CNK-1	0,630	0,673	0,646
CNK-2	0,678	0,657	0,625
CNK-3	0,652	0,668	0,652
CNK-4	0,719	0,767	0,740
TKR-1	0,681	0,676	0,692
TKR-2	0,673	0,705	0,678
TKR-3	0,705	0,705	0,694
TKR-4	0,689	0,684	0,711
TKR-5	0,649	0,676	0,702
IST-4	0,678	0,689	0,716
IST-5	0,625	0,668	0,684
IST-6	0,689	0,689	0,684
BRS-3	0,678	0,716	0,689
YLV-3	****	0,786	0,759
BRS-4	0,241	****	0,812
IZM-6	0,276	0,208	****

EK B: Tablo B. SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri



Tablo B. SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	HT-1	HT-2	HT-3	KM	ADN	MSN-1	MSN-2
HT-1	****	0,793	0,802	0,806	0,802	0,762	0,749
HT-2	0,232	****	0,762	0,767	0,797	0,767	0,727
HT-3	0,221	0,272	****	0,793	0,753	0,714	0,771
KM	0,216	0,266	0,232	****	0,784	0,797	0,775
ADN	0,221	0,227	0,283	0,243	****	0,811	0,718
MSN-1	0,272	0,266	0,337	0,227	0,210	****	0,696
MSN-2	0,289	0,319	0,260	0,255	0,331	0,362	****
MSN-3	0,337	0,272	0,331	0,350	0,344	0,301	0,319
MSN-4	0,243	0,272	0,295	0,337	0,260	0,255	0,408
ANT-1	0,283	0,255	0,313	0,272	0,199	0,227	0,337
ANT-2	0,289	0,249	0,344	0,325	0,205	0,210	0,382
ANT-3	0,227	0,255	0,313	0,283	0,232	0,238	0,255
ANT-4	0,313	0,283	0,448	0,375	0,295	0,278	0,395
ANT-5	0,369	0,301	0,455	0,408	0,301	0,307	0,512
ANT-6	0,337	0,319	0,356	0,362	0,331	0,325	0,283
MG-1	0,283	0,255	0,313	0,295	0,243	0,227	0,266
MG-2	0,232	0,260	0,319	0,313	0,272	0,255	0,238
MG-3	0,337	0,356	0,319	0,337	0,435	0,401	0,260
MG-4	0,313	0,295	0,408	0,388	0,344	0,289	0,356
AY-1	0,255	0,295	0,382	0,337	0,382	0,337	0,260
IZM-1	0,307	0,301	0,337	0,356	0,337	0,295	0,301
IZM-2	0,283	0,255	0,350	0,344	0,313	0,295	0,289
GRS-1	0,313	0,319	0,331	0,362	0,331	0,337	0,283
GRS-2	0,221	0,238	0,295	0,289	0,272	0,289	0,216
GRS-3	0,210	0,238	0,331	0,337	0,283	0,313	0,344
TRB-1	0,266	0,227	0,307	0,255	0,283	0,221	0,344
RZ-1	0,249	0,289	0,362	0,356	0,362	0,344	0,301
TRB-2	0,238	0,232	0,350	0,344	0,266	0,283	0,325
TRB-3	0,238	0,301	0,325	0,307	0,278	0,307	0,313
OR-1	0,168	0,283	0,295	0,278	0,238	0,266	0,260
OR-2	0,183	0,278	0,301	0,260	0,255	0,272	0,289
SM-1	0,205	0,278	0,301	0,238	0,255	0,260	0,301
SM-2	0,249	0,210	0,289	0,295	0,278	0,216	0,337

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	MSN-3	MSN-4	ANT-1	ANT-2	ANT-3	ANT-4	ANT-5
HT-1	0,714	0,784	0,753	0,749	0,797	0,731	0,692
HT-2	0,762	0,762	0,775	0,780	0,775	0,753	0,740
HT-3	0,718	0,745	0,731	0,709	0,731	0,639	0,634
KM	0,705	0,714	0,762	0,723	0,753	0,687	0,665
ADN	0,709	0,771	0,819	0,815	0,793	0,745	0,740
MSN-1	0,740	0,775	0,797	0,811	0,789	0,758	0,736
MSN-2	0,727	0,665	0,714	0,683	0,775	0,674	0,599
MSN-3	****	0,692	0,758	0,709	0,696	0,665	0,661
MSN-4	0,369	****	0,775	0,727	0,793	0,745	0,767
ANT-1	0,278	0,255	****	0,828	0,780	0,705	0,745
ANT-2	0,344	0,319	0,189	****	0,802	0,745	0,740
ANT-3	0,362	0,232	0,249	0,221	****	0,767	0,762
ANT-4	0,408	0,295	0,350	0,295	0,266	****	0,828
ANT-5	0,414	0,266	0,295	0,301	0,272	0,189	****
ANT-6	0,356	0,307	0,350	0,369	0,375	0,238	0,350
MG-1	0,232	0,289	0,216	0,278	0,249	0,289	0,331
MG-2	0,307	0,283	0,313	0,307	0,168	0,295	0,350
MG-3	0,331	0,421	0,414	0,408	0,313	0,421	0,441
MG-4	0,435	0,356	0,313	0,283	0,232	0,295	0,266
AY-1	0,395	0,408	0,441	0,344	0,266	0,283	0,388
IZM-1	0,428	0,350	0,344	0,301	0,173	0,301	0,307
IZM-2	0,375	0,362	0,331	0,313	0,205	0,350	0,356
GRS-1	0,395	0,356	0,337	0,356	0,301	0,331	0,388
GRS-2	0,331	0,307	0,266	0,227	0,232	0,382	0,350
GRS-3	0,356	0,307	0,289	0,295	0,255	0,295	0,278
TRB-1	0,382	0,260	0,278	0,283	0,243	0,295	0,313
RZ-1	0,350	0,325	0,344	0,350	0,260	0,350	0,369
TRB-2	0,313	0,313	0,307	0,301	0,331	0,375	0,408
TRB-3	0,350	0,401	0,260	0,289	0,272	0,301	0,319
OR-1	0,356	0,344	0,301	0,249	0,221	0,307	0,325
OR-2	0,414	0,337	0,331	0,278	0,216	0,325	0,319
SM-1	0,375	0,301	0,272	0,210	0,216	0,243	0,272
SM-2	0,301	0,289	0,295	0,266	0,272	0,243	0,283

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	ANT-6	MG-1	MG-2	MG-3	MG-4	AY-1	IZM-1
HT-1	0,714	0,753	0,793	0,714	0,731	0,775	0,736
HT-2	0,727	0,775	0,771	0,700	0,745	0,745	0,740
HT-3	0,700	0,731	0,727	0,727	0,665	0,683	0,714
KM	0,696	0,745	0,731	0,714	0,678	0,714	0,700
ADN	0,718	0,784	0,762	0,648	0,709	0,683	0,714
MSN-1	0,723	0,797	0,775	0,670	0,749	0,714	0,745
MSN-2	0,753	0,767	0,789	0,771	0,700	0,771	0,740
MSN-3	0,700	0,793	0,736	0,718	0,648	0,674	0,652
MSN-4	0,736	0,749	0,753	0,656	0,700	0,665	0,705
ANT-1	0,705	0,806	0,731	0,661	0,731	0,643	0,709
ANT-2	0,692	0,758	0,736	0,665	0,753	0,709	0,740
ANT-3	0,687	0,780	0,846	0,731	0,793	0,767	0,841
ANT-4	0,789	0,749	0,745	0,656	0,745	0,753	0,740
ANT-5	0,705	0,718	0,705	0,643	0,767	0,678	0,736
ANT-6	****	0,767	0,700	0,736	0,656	0,718	0,670
MG-1	0,266	****	0,837	0,767	0,758	0,749	0,771
MG-2	0,356	0,178	****	0,771	0,797	0,797	0,811
MG-3	0,307	0,266	0,260	****	0,727	0,789	0,793
MG-4	0,421	0,278	0,227	0,319	****	0,780	0,846
AY-1	0,331	0,289	0,227	0,238	0,249	****	0,784
IZM-1	0,401	0,260	0,210	0,232	0,168	0,243	****
IZM-2	0,414	0,227	0,189	0,255	0,210	0,221	0,162
GRS-1	0,356	0,243	0,295	0,369	0,307	0,283	0,350
GRS-2	0,448	0,289	0,205	0,319	0,260	0,283	0,243
GRS-3	0,382	0,337	0,260	0,331	0,283	0,272	0,266
TRB-1	0,408	0,278	0,249	0,356	0,260	0,331	0,266
RZ-1	0,388	0,356	0,289	0,325	0,337	0,325	0,295
TRB-2	0,401	0,344	0,243	0,362	0,325	0,337	0,369
TRB-3	0,455	0,283	0,301	0,325	0,289	0,289	0,272
OR-1	0,344	0,289	0,238	0,272	0,283	0,216	0,232
OR-2	0,441	0,307	0,243	0,301	0,289	0,243	0,272
SM-1	0,337	0,272	0,266	0,289	0,266	0,255	0,216
SM-2	0,350	0,272	0,266	0,362	0,289	0,255	0,260

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	IZM-2	GRS-1	GRS-2	GRS-3	TRB-1	RZ-1	TRB-2
HT-1	0,753	0,731	0,802	0,811	0,767	0,780	0,789
HT-2	0,775	0,727	0,789	0,789	0,797	0,749	0,793
HT-3	0,705	0,718	0,745	0,718	0,736	0,696	0,705
KM	0,709	0,696	0,749	0,714	0,775	0,700	0,709
ADN	0,731	0,718	0,762	0,753	0,753	0,696	0,767
MSN-1	0,745	0,714	0,749	0,731	0,802	0,709	0,753
MSN-2	0,749	0,753	0,806	0,709	0,709	0,740	0,723
MSN-3	0,687	0,674	0,718	0,700	0,683	0,705	0,731
MSN-4	0,696	0,700	0,736	0,736	0,771	0,723	0,731
ANT-1	0,718	0,714	0,767	0,749	0,758	0,709	0,736
ANT-2	0,731	0,700	0,797	0,745	0,753	0,705	0,740
ANT-3	0,815	0,740	0,793	0,775	0,784	0,771	0,718
ANT-4	0,705	0,718	0,683	0,745	0,745	0,705	0,687
ANT-5	0,700	0,678	0,705	0,758	0,731	0,692	0,665
ANT-6	0,661	0,700	0,639	0,683	0,665	0,678	0,670
MG-1	0,797	0,784	0,749	0,714	0,758	0,700	0,709
MG-2	0,828	0,745	0,815	0,771	0,780	0,749	0,784
MG-3	0,775	0,692	0,727	0,718	0,700	0,723	0,696
MG-4	0,811	0,736	0,771	0,753	0,771	0,714	0,723
AY-1	0,802	0,753	0,753	0,762	0,718	0,723	0,714
IZM-1	0,850	0,705	0,784	0,767	0,767	0,745	0,692
IZM-2	****	0,749	0,784	0,749	0,775	0,736	0,736
GRS-1	0,289	****	0,736	0,700	0,745	0,687	0,705
GRS-2	0,243	0,307	****	0,789	0,762	0,749	0,767
GRS-3	0,289	0,356	0,238	****	0,797	0,793	0,749
TRB-1	0,255	0,295	0,272	0,227	****	0,793	0,784
RZ-1	0,307	0,375	0,289	0,232	0,232	****	0,780
TRB-2	0,307	0,350	0,266	0,289	0,243	0,249	****
TRB-3	0,238	0,337	0,255	0,221	0,243	0,272	0,272
OR-1	0,266	0,319	0,205	0,183	0,238	0,278	0,278
OR-2	0,260	0,337	0,189	0,210	0,266	0,272	0,319
SM-1	0,272	0,266	0,199	0,243	0,221	0,283	0,307
SM-2	0,272	0,289	0,243	0,278	0,255	0,331	0,295

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	TRB-3	OR-1	OR-2	SM-1	SM-2	SM-3	SM-4
HT-1	0,789	0,846	0,833	0,815	0,780	0,819	0,793
HT-2	0,740	0,753	0,758	0,758	0,811	0,727	0,762
HT-3	0,723	0,745	0,740	0,740	0,749	0,753	0,745
KM	0,736	0,758	0,771	0,789	0,745	0,749	0,749
ADN	0,758	0,789	0,775	0,775	0,758	0,745	0,789
MSN-1	0,736	0,767	0,762	0,771	0,806	0,740	0,775
MSN-2	0,731	0,771	0,749	0,740	0,714	0,771	0,745
MSN-3	0,705	0,700	0,661	0,687	0,740	0,674	0,727
MSN-4	0,670	0,709	0,714	0,740	0,749	0,727	0,727
ANT-1	0,771	0,740	0,718	0,762	0,745	0,731	0,767
ANT-2	0,749	0,780	0,758	0,811	0,767	0,736	0,780
ANT-3	0,762	0,802	0,806	0,806	0,762	0,784	0,775
ANT-4	0,740	0,736	0,723	0,784	0,784	0,718	0,736
ANT-5	0,727	0,723	0,727	0,762	0,753	0,731	0,740
ANT-6	0,634	0,709	0,643	0,714	0,705	0,718	0,736
MG-1	0,753	0,749	0,736	0,762	0,762	0,758	0,767
MG-2	0,740	0,789	0,784	0,767	0,767	0,789	0,736
MG-3	0,723	0,762	0,740	0,749	0,696	0,771	0,736
MG-4	0,749	0,753	0,749	0,767	0,749	0,789	0,753
AY-1	0,749	0,806	0,784	0,775	0,775	0,789	0,780
IZM-1	0,762	0,793	0,762	0,806	0,771	0,775	0,758
IZM-2	0,789	0,767	0,771	0,762	0,762	0,758	0,767
GRS-1	0,714	0,727	0,714	0,767	0,749	0,771	0,780
GRS-2	0,775	0,815	0,828	0,819	0,784	0,789	0,780
GRS-3	0,802	0,833	0,811	0,784	0,758	0,780	0,797
TRB-1	0,784	0,789	0,767	0,802	0,775	0,771	0,753
RZ-1	0,762	0,758	0,762	0,753	0,718	0,793	0,784
TRB-2	0,762	0,758	0,727	0,736	0,745	0,775	0,749
TRB-3	****	0,784	0,806	0,762	0,736	0,784	0,758
OR-1	0,243	****	0,863	0,846	0,784	0,806	0,806
OR-2	0,216	0,147	****	0,815	0,771	0,819	0,802
SM-1	0,272	0,168	0,205	****	0,859	0,811	0,855
SM-2	0,307	0,243	0,260	0,152	****	0,775	0,811

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	SM-5	SM-6	SNP-1	SNP-2	SNP-3	SNP-4	SNP-5
HT-1	0,833	0,828	0,789	0,780	0,789	0,767	0,775
HT-2	0,767	0,771	0,749	0,775	0,740	0,700	0,771
HT-3	0,749	0,797	0,749	0,749	0,758	0,727	0,736
KM	0,762	0,749	0,771	0,753	0,753	0,767	0,731
ADN	0,775	0,780	0,767	0,731	0,749	0,709	0,753
MSN-1	0,771	0,775	0,789	0,727	0,753	0,740	0,740
MSN-2	0,784	0,762	0,740	0,767	0,705	0,727	0,771
MSN-3	0,687	0,692	0,687	0,696	0,687	0,612	0,683
MSN-4	0,714	0,727	0,731	0,705	0,723	0,709	0,692
ANT-1	0,745	0,749	0,771	0,745	0,718	0,705	0,731
ANT-2	0,775	0,762	0,802	0,731	0,740	0,718	0,771
ANT-3	0,797	0,784	0,762	0,780	0,771	0,828	0,758
ANT-4	0,731	0,745	0,731	0,723	0,749	0,745	0,727
ANT-5	0,718	0,731	0,727	0,727	0,736	0,740	0,749
ANT-6	0,714	0,674	0,758	0,696	0,678	0,648	0,709
MG-1	0,753	0,775	0,762	0,745	0,736	0,705	0,749
MG-2	0,819	0,797	0,749	0,758	0,740	0,771	0,762
MG-3	0,767	0,745	0,749	0,731	0,731	0,700	0,727
MG-4	0,802	0,806	0,775	0,749	0,749	0,771	0,771
AY-1	0,819	0,789	0,749	0,793	0,758	0,753	0,797
IZM-1	0,806	0,793	0,771	0,753	0,797	0,784	0,758
IZM-2	0,806	0,811	0,771	0,753	0,727	0,767	0,775
GRS-1	0,731	0,745	0,749	0,802	0,731	0,745	0,789
GRS-2	0,846	0,841	0,802	0,767	0,784	0,771	0,824
GRS-3	0,793	0,771	0,767	0,758	0,802	0,771	0,736
TRB-1	0,767	0,789	0,758	0,784	0,775	0,789	0,745
RZ-1	0,789	0,749	0,771	0,753	0,745	0,731	0,714
TRB-2	0,780	0,767	0,745	0,727	0,709	0,678	0,749
TRB-3	0,797	0,802	0,745	0,736	0,762	0,758	0,767
OR-1	0,881	0,841	0,819	0,775	0,793	0,771	0,806
OR-2	0,850	0,846	0,780	0,797	0,762	0,793	0,775
SM-1	0,841	0,846	0,850	0,833	0,806	0,819	0,819
SM-2	0,815	0,837	0,806	0,806	0,789	0,784	0,811

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	KSM-1	KSM-2	KSM-3	KSM-4	KSM-5	KSM-6	BRT-1
HT-1	0,740	0,731	0,780	0,753	0,780	0,784	0,837
HT-2	0,736	0,692	0,758	0,731	0,775	0,745	0,771
HT-3	0,674	0,718	0,767	0,723	0,740	0,718	0,753
KM	0,670	0,749	0,780	0,692	0,709	0,696	0,740
ADN	0,709	0,709	0,740	0,714	0,767	0,709	0,806
MSN-1	0,723	0,696	0,771	0,762	0,753	0,661	0,784
MSN-2	0,683	0,859	0,758	0,705	0,687	0,727	0,745
MSN-3	0,656	0,709	0,714	0,723	0,696	0,674	0,692
MSN-4	0,709	0,656	0,687	0,740	0,723	0,700	0,762
ANT-1	0,723	0,731	0,771	0,718	0,727	0,696	0,767
ANT-2	0,789	0,683	0,758	0,740	0,758	0,692	0,762
ANT-3	0,775	0,723	0,771	0,736	0,745	0,740	0,819
ANT-4	0,727	0,648	0,696	0,723	0,784	0,700	0,736
ANT-5	0,749	0,599	0,709	0,736	0,753	0,696	0,749
ANT-6	0,656	0,709	0,661	0,723	0,731	0,683	0,692
MG-1	0,705	0,740	0,762	0,789	0,780	0,723	0,784
MG-2	0,727	0,753	0,793	0,767	0,749	0,718	0,833
MG-3	0,727	0,753	0,775	0,775	0,740	0,762	0,745
MG-4	0,789	0,709	0,784	0,767	0,784	0,745	0,780
AY-1	0,745	0,745	0,758	0,775	0,802	0,806	0,753
IZM-1	0,793	0,731	0,789	0,771	0,762	0,740	0,784
IZM-2	0,740	0,775	0,806	0,815	0,789	0,740	0,793
GRS-1	0,745	0,700	0,714	0,731	0,767	0,771	0,797
GRS-2	0,797	0,780	0,819	0,749	0,758	0,771	0,841
GRS-3	0,789	0,683	0,749	0,758	0,758	0,762	0,797
TRB-1	0,736	0,700	0,775	0,749	0,784	0,718	0,762
RZ-1	0,731	0,705	0,753	0,727	0,700	0,714	0,758
TRB-2	0,696	0,723	0,745	0,700	0,700	0,696	0,767
TRB-3	0,740	0,723	0,815	0,709	0,771	0,731	0,793
OR-1	0,815	0,745	0,784	0,758	0,784	0,780	0,815
OR-2	0,767	0,705	0,797	0,753	0,780	0,784	0,837
SM-1	0,819	0,740	0,797	0,797	0,824	0,784	0,784
SM-2	0,793	0,678	0,780	0,780	0,806	0,731	0,793

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BRT-2	BRT-3	ZNG-1	ZNG-2	ZNG-3	ZNG-4	ZNG-5
HT-1	0,793	0,758	0,789	0,723	0,753	0,767	0,727
HT-2	0,780	0,745	0,758	0,727	0,802	0,727	0,740
HT-3	0,736	0,700	0,714	0,656	0,714	0,674	0,687
KM	0,714	0,731	0,718	0,696	0,780	0,723	0,700
ADN	0,771	0,718	0,758	0,700	0,802	0,806	0,705
MSN-1	0,749	0,723	0,745	0,696	0,797	0,767	0,709
MSN-2	0,736	0,806	0,740	0,753	0,740	0,665	0,714
MSN-3	0,745	0,709	0,661	0,718	0,696	0,727	0,714
MSN-4	0,745	0,709	0,714	0,727	0,723	0,718	0,767
ANT-1	0,784	0,714	0,718	0,740	0,745	0,758	0,718
ANT-2	0,780	0,700	0,758	0,700	0,758	0,762	0,705
ANT-3	0,784	0,784	0,797	0,811	0,789	0,714	0,824
ANT-4	0,780	0,745	0,749	0,700	0,793	0,771	0,731
ANT-5	0,758	0,696	0,727	0,678	0,745	0,740	0,700
ANT-6	0,771	0,780	0,723	0,700	0,775	0,727	0,687
MG-1	0,811	0,784	0,771	0,775	0,762	0,775	0,762
MG-2	0,780	0,806	0,837	0,789	0,758	0,718	0,775
MG-3	0,745	0,815	0,784	0,745	0,714	0,718	0,758
MG-4	0,771	0,762	0,793	0,745	0,749	0,745	0,767
AY-1	0,780	0,797	0,802	0,762	0,758	0,745	0,784
IZM-1	0,758	0,802	0,815	0,749	0,771	0,714	0,789
IZM-2	0,758	0,793	0,833	0,767	0,780	0,705	0,762
GRS-1	0,780	0,736	0,740	0,727	0,731	0,718	0,714
GRS-2	0,780	0,780	0,819	0,745	0,775	0,736	0,723
GRS-3	0,771	0,736	0,749	0,709	0,731	0,753	0,723
TRB-1	0,745	0,718	0,758	0,727	0,758	0,736	0,731
RZ-1	0,749	0,749	0,762	0,767	0,692	0,696	0,745
TRB-2	0,714	0,749	0,780	0,767	0,709	0,705	0,718
TRB-3	0,749	0,723	0,762	0,714	0,727	0,749	0,718
OR-1	0,806	0,797	0,811	0,718	0,767	0,806	0,723
OR-2	0,749	0,723	0,789	0,687	0,736	0,767	0,700
SM-1	0,837	0,758	0,815	0,740	0,797	0,784	0,753
SM-2	0,775	0,723	0,771	0,696	0,771	0,740	0,736

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	DUZ	SAK-1	SAK-2	KOC-1	IST-1	IST-2	IST-3
HT-1	0,692	0,731	0,758	0,780	0,718	0,749	0,727
HT-2	0,696	0,736	0,797	0,802	0,723	0,736	0,740
HT-3	0,634	0,683	0,727	0,714	0,643	0,700	0,731
KM	0,665	0,723	0,731	0,718	0,656	0,678	0,709
ADN	0,767	0,683	0,771	0,740	0,705	0,718	0,714
MSN-1	0,736	0,731	0,723	0,727	0,727	0,696	0,718
MSN-2	0,687	0,718	0,762	0,740	0,670	0,736	0,749
MSN-3	0,705	0,648	0,727	0,705	0,670	0,683	0,678
MSN-4	0,696	0,718	0,727	0,705	0,687	0,718	0,696
ANT-1	0,727	0,678	0,740	0,736	0,683	0,731	0,700
ANT-2	0,705	0,692	0,762	0,740	0,714	0,700	0,705
ANT-3	0,736	0,802	0,740	0,736	0,753	0,802	0,789
ANT-4	0,696	0,718	0,718	0,705	0,749	0,753	0,731
ANT-5	0,709	0,705	0,714	0,709	0,718	0,705	0,683
ANT-6	0,670	0,683	0,727	0,723	0,705	0,727	0,723
MG-1	0,771	0,740	0,775	0,762	0,700	0,793	0,745
MG-2	0,758	0,824	0,745	0,775	0,758	0,789	0,758
MG-3	0,740	0,780	0,753	0,758	0,714	0,753	0,723
MG-4	0,740	0,797	0,736	0,740	0,758	0,780	0,723
AY-1	0,714	0,780	0,762	0,784	0,775	0,806	0,749
IZM-1	0,727	0,802	0,740	0,727	0,727	0,802	0,771
IZM-2	0,736	0,775	0,740	0,762	0,745	0,793	0,727
GRS-1	0,758	0,753	0,780	0,758	0,687	0,771	0,749
GRS-2	0,714	0,753	0,780	0,758	0,714	0,762	0,723
GRS-3	0,696	0,727	0,709	0,749	0,767	0,736	0,731
TRB-1	0,723	0,771	0,745	0,749	0,714	0,718	0,740
RZ-1	0,683	0,731	0,723	0,780	0,692	0,705	0,736
TRB-2	0,718	0,723	0,758	0,771	0,683	0,696	0,683
TRB-3	0,674	0,705	0,696	0,700	0,700	0,731	0,727
OR-1	0,758	0,762	0,780	0,793	0,784	0,780	0,749
OR-2	0,727	0,731	0,740	0,771	0,762	0,705	0,736
SM-1	0,736	0,767	0,828	0,806	0,745	0,784	0,762
SM-2	0,727	0,749	0,775	0,762	0,762	0,740	0,753

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	KOC-2	KOC-3	YLV-1	YLV-2	BRS-1	BRS-2	BLK-1
HT-1	0,740	0,758	0,762	0,771	0,802	0,767	0,767
HT-2	0,806	0,789	0,705	0,802	0,771	0,718	0,745
HT-3	0,665	0,709	0,696	0,705	0,727	0,692	0,674
KM	0,687	0,714	0,683	0,718	0,705	0,714	0,696
ADN	0,753	0,736	0,749	0,731	0,780	0,727	0,718
MSN-1	0,714	0,767	0,736	0,753	0,784	0,740	0,705
MSN-2	0,727	0,718	0,731	0,775	0,736	0,736	0,745
MSN-3	0,745	0,762	0,678	0,749	0,736	0,674	0,700
MSN-4	0,700	0,727	0,758	0,705	0,780	0,692	0,648
ANT-1	0,749	0,749	0,762	0,718	0,758	0,705	0,723
ANT-2	0,753	0,718	0,723	0,749	0,753	0,709	0,727
ANT-3	0,758	0,740	0,789	0,762	0,846	0,767	0,740
ANT-4	0,700	0,718	0,731	0,731	0,736	0,736	0,665
ANT-5	0,723	0,696	0,692	0,700	0,749	0,723	0,652
ANT-6	0,692	0,753	0,687	0,740	0,718	0,683	0,692
MG-1	0,784	0,767	0,771	0,753	0,802	0,740	0,723
MG-2	0,762	0,771	0,793	0,802	0,824	0,780	0,780
MG-3	0,736	0,745	0,687	0,749	0,727	0,745	0,771
MG-4	0,736	0,736	0,767	0,775	0,780	0,762	0,762
AY-1	0,753	0,762	0,731	0,775	0,771	0,771	0,771
IZM-1	0,723	0,678	0,762	0,745	0,758	0,767	0,731
IZM-2	0,775	0,749	0,745	0,806	0,793	0,758	0,775
GRS-1	0,780	0,745	0,749	0,758	0,771	0,709	0,753
GRS-2	0,762	0,753	0,767	0,828	0,797	0,789	0,780
GRS-3	0,736	0,727	0,714	0,758	0,753	0,745	0,745
TRB-1	0,736	0,745	0,740	0,784	0,762	0,718	0,709
RZ-1	0,740	0,723	0,718	0,780	0,767	0,714	0,731
TRB-2	0,793	0,767	0,727	0,824	0,775	0,731	0,784
TRB-3	0,723	0,714	0,709	0,771	0,740	0,731	0,731
OR-1	0,762	0,753	0,740	0,793	0,797	0,841	0,815
OR-2	0,749	0,696	0,727	0,753	0,767	0,784	0,758
SM-1	0,767	0,740	0,762	0,797	0,767	0,749	0,749
SM-2	0,749	0,740	0,718	0,771	0,767	0,731	0,705

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-2	IZM-3	IZM-4	AY-2	AY-3	IZM-5	BLK-3
HT-1	0,789	0,718	0,749	0,758	0,767	0,811	0,762
HT-2	0,758	0,749	0,762	0,762	0,780	0,753	0,767
HT-3	0,723	0,678	0,665	0,718	0,700	0,736	0,678
KM	0,753	0,683	0,678	0,723	0,714	0,731	0,709
ADN	0,819	0,705	0,745	0,700	0,753	0,780	0,714
MSN-1	0,780	0,709	0,749	0,731	0,758	0,775	0,753
MSN-2	0,767	0,731	0,683	0,780	0,683	0,692	0,731
MSN-3	0,714	0,634	0,674	0,709	0,727	0,700	0,687
MSN-4	0,740	0,678	0,692	0,674	0,753	0,762	0,705
ANT-1	0,780	0,665	0,705	0,696	0,714	0,723	0,692
ANT-2	0,749	0,723	0,762	0,709	0,736	0,745	0,723
ANT-3	0,797	0,753	0,775	0,714	0,758	0,784	0,753
ANT-4	0,740	0,714	0,718	0,709	0,753	0,753	0,749
ANT-5	0,700	0,718	0,723	0,678	0,749	0,740	0,718
ANT-6	0,740	0,705	0,718	0,797	0,709	0,718	0,705
MG-1	0,815	0,727	0,749	0,749	0,767	0,758	0,745
MG-2	0,819	0,767	0,771	0,736	0,771	0,780	0,784
MG-3	0,749	0,767	0,727	0,762	0,727	0,727	0,723
MG-4	0,758	0,811	0,806	0,727	0,753	0,789	0,758
AY-1	0,767	0,793	0,780	0,833	0,718	0,753	0,767
IZM-1	0,789	0,789	0,793	0,705	0,749	0,749	0,745
IZM-2	0,797	0,806	0,802	0,767	0,714	0,731	0,753
GRS-1	0,775	0,740	0,736	0,745	0,727	0,753	0,749
GRS-2	0,802	0,749	0,762	0,736	0,771	0,797	0,784
GRS-3	0,749	0,731	0,762	0,727	0,753	0,753	0,731
TRB-1	0,749	0,740	0,771	0,727	0,736	0,762	0,740
RZ-1	0,745	0,718	0,758	0,714	0,705	0,731	0,727
TRB-2	0,780	0,753	0,767	0,758	0,731	0,723	0,727
TRB-3	0,762	0,718	0,714	0,705	0,705	0,749	0,727
OR-1	0,811	0,793	0,815	0,771	0,789	0,789	0,749
OR-2	0,789	0,745	0,758	0,723	0,784	0,793	0,789
SM-1	0,789	0,771	0,784	0,749	0,758	0,802	0,789
SM-2	0,753	0,745	0,740	0,714	0,749	0,767	0,753

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-4	CNK-1	CNK-2	CNK-3	CNK-4	TKR-1	TKR-2
HT-1	0,780	0,780	0,771	0,780	0,731	0,740	0,740
HT-2	0,740	0,723	0,731	0,775	0,753	0,753	0,727
HT-3	0,714	0,652	0,687	0,714	0,727	0,727	0,674
KM	0,727	0,700	0,718	0,736	0,714	0,723	0,696
ADN	0,749	0,731	0,731	0,731	0,692	0,762	0,736
MSN-1	0,762	0,745	0,771	0,753	0,723	0,758	0,740
MSN-2	0,758	0,705	0,696	0,723	0,797	0,771	0,674
MSN-3	0,714	0,687	0,670	0,652	0,709	0,727	0,648
MSN-4	0,749	0,705	0,740	0,705	0,674	0,753	0,709
ANT-1	0,736	0,683	0,700	0,683	0,723	0,740	0,687
ANT-2	0,705	0,678	0,714	0,723	0,700	0,718	0,727
ANT-3	0,753	0,771	0,815	0,771	0,731	0,767	0,749
ANT-4	0,731	0,758	0,731	0,740	0,709	0,736	0,806
ANT-5	0,700	0,736	0,736	0,709	0,670	0,705	0,740
ANT-6	0,758	0,723	0,678	0,687	0,727	0,771	0,718
MG-1	0,824	0,771	0,745	0,753	0,767	0,793	0,731
MG-2	0,784	0,775	0,784	0,784	0,771	0,789	0,753
MG-3	0,775	0,731	0,714	0,731	0,771	0,753	0,683
MG-4	0,775	0,775	0,784	0,775	0,771	0,771	0,762
AY-1	0,793	0,784	0,723	0,784	0,789	0,789	0,736
IZM-1	0,771	0,753	0,771	0,780	0,758	0,740	0,740
IZM-2	0,745	0,753	0,780	0,789	0,784	0,775	0,731
GRS-1	0,784	0,749	0,758	0,767	0,745	0,797	0,771
GRS-2	0,767	0,731	0,767	0,767	0,797	0,771	0,727
GRS-3	0,714	0,758	0,749	0,740	0,736	0,692	0,727
TRB-1	0,723	0,723	0,740	0,758	0,718	0,753	0,718
RZ-1	0,692	0,709	0,736	0,718	0,714	0,705	0,714
TRB-2	0,718	0,700	0,727	0,745	0,687	0,740	0,687
TRB-3	0,709	0,736	0,727	0,736	0,714	0,696	0,731
OR-1	0,811	0,811	0,784	0,819	0,797	0,780	0,745
OR-2	0,762	0,753	0,771	0,780	0,723	0,723	0,740
SM-1	0,789	0,762	0,762	0,771	0,767	0,775	0,767
SM-2	0,780	0,736	0,753	0,780	0,775	0,758	0,740

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	TKR-3	TKR-4	TKR-5	IST-4	IST-5	IST-6	BRS-3
HT-1	0,758	0,789	0,745	0,758	0,784	0,775	0,753
HT-2	0,753	0,767	0,731	0,762	0,780	0,745	0,758
HT-3	0,692	0,714	0,696	0,683	0,736	0,718	0,696
KM	0,723	0,700	0,700	0,678	0,705	0,723	0,718
ADN	0,718	0,740	0,740	0,700	0,700	0,718	0,723
MSN-1	0,740	0,762	0,745	0,678	0,723	0,740	0,745
MSN-2	0,771	0,731	0,705	0,745	0,727	0,745	0,714
MSN-3	0,639	0,714	0,670	0,727	0,665	0,630	0,687
MSN-4	0,700	0,793	0,758	0,665	0,736	0,700	0,696
ANT-1	0,714	0,718	0,718	0,723	0,714	0,696	0,692
ANT-2	0,753	0,749	0,731	0,700	0,745	0,745	0,731
ANT-3	0,811	0,797	0,780	0,714	0,811	0,784	0,780
ANT-4	0,762	0,802	0,811	0,683	0,736	0,736	0,749
ANT-5	0,714	0,727	0,762	0,670	0,705	0,705	0,736
ANT-6	0,727	0,775	0,731	0,683	0,674	0,700	0,714
MG-1	0,775	0,789	0,753	0,749	0,731	0,749	0,745
MG-2	0,833	0,793	0,758	0,736	0,806	0,789	0,793
MG-3	0,771	0,731	0,687	0,745	0,762	0,771	0,758
MG-4	0,806	0,758	0,758	0,762	0,806	0,824	0,811
AY-1	0,806	0,784	0,740	0,762	0,780	0,797	0,837
IZM-1	0,828	0,780	0,771	0,731	0,819	0,802	0,824
IZM-2	0,811	0,745	0,700	0,714	0,767	0,784	0,815
GRS-1	0,780	0,740	0,775	0,771	0,753	0,771	0,731
GRS-2	0,789	0,758	0,740	0,780	0,833	0,841	0,784
GRS-3	0,762	0,767	0,749	0,700	0,789	0,771	0,793
TRB-1	0,753	0,749	0,740	0,674	0,780	0,762	0,731
RZ-1	0,740	0,753	0,736	0,714	0,749	0,740	0,727
TRB-2	0,723	0,736	0,683	0,731	0,714	0,731	0,718
TRB-3	0,749	0,709	0,718	0,687	0,731	0,749	0,753
OR-1	0,815	0,784	0,758	0,762	0,806	0,815	0,811
OR-2	0,775	0,736	0,762	0,740	0,784	0,784	0,780
SM-1	0,775	0,762	0,806	0,775	0,802	0,819	0,780
SM-2	0,740	0,762	0,797	0,723	0,784	0,767	0,780

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	YLV-3	BRS-4	IZM-6
HT-1	0,784	0,762	0,767
HT-2	0,753	0,749	0,745
HT-3	0,718	0,714	0,709
KM	0,705	0,718	0,678
ADN	0,753	0,758	0,709
MSN-1	0,758	0,700	0,714
MSN-2	0,745	0,758	0,736
MSN-3	0,736	0,696	0,700
MSN-4	0,762	0,678	0,727
ANT-1	0,749	0,718	0,687
ANT-2	0,718	0,714	0,718
ANT-3	0,740	0,736	0,749
ANT-4	0,762	0,714	0,745
ANT-5	0,687	0,674	0,723
ANT-6	0,762	0,723	0,718
MG-1	0,811	0,789	0,758
MG-2	0,780	0,775	0,780
MG-3	0,753	0,749	0,745
MG-4	0,745	0,758	0,797
AY-1	0,780	0,793	0,780
IZM-1	0,740	0,736	0,775
IZM-2	0,740	0,762	0,758
GRS-1	0,780	0,793	0,727
GRS-2	0,736	0,740	0,789
GRS-3	0,709	0,731	0,780
TRB-1	0,736	0,749	0,753
RZ-1	0,714	0,700	0,749
TRB-2	0,731	0,753	0,740
TRB-3	0,687	0,718	0,714
OR-1	0,753	0,775	0,789
OR-2	0,705	0,771	0,749
SM-1	0,767	0,780	0,767
SM-2	0,749	0,745	0,767

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	HT-1	HT-2	HT-3	KM	ADN	MSN-1	MSN-2
SM-3	0,199	0,319	0,283	0,289	0,295	0,301	0,260
SM-4	0,232	0,272	0,295	0,289	0,238	0,255	0,295
SM-5	0,183	0,266	0,289	0,272	0,255	0,260	0,243
SM-6	0,189	0,260	0,227	0,289	0,249	0,255	0,272
SNP-1	0,238	0,289	0,289	0,260	0,266	0,238	0,301
SNP-2	0,249	0,255	0,289	0,283	0,313	0,319	0,266
SNP-3	0,238	0,301	0,278	0,283	0,289	0,283	0,350
SNP-4	0,266	0,356	0,319	0,266	0,344	0,301	0,319
SNP-5	0,255	0,260	0,307	0,313	0,283	0,301	0,260
KSM-1	0,301	0,307	0,395	0,401	0,344	0,325	0,382
KSM-2	0,313	0,369	0,331	0,289	0,344	0,362	0,152
KSM-3	0,249	0,278	0,266	0,249	0,301	0,260	0,278
KSM-4	0,283	0,313	0,325	0,369	0,337	0,272	0,350
KSM-5	0,249	0,255	0,301	0,344	0,266	0,283	0,375
KSM-6	0,243	0,295	0,331	0,362	0,344	0,414	0,319
BRT-1	0,178	0,260	0,283	0,301	0,216	0,243	0,295
BRT-2	0,232	0,249	0,307	0,337	0,260	0,289	0,307
BRT-3	0,278	0,295	0,356	0,313	0,331	0,325	0,216
ZNG-1	0,238	0,278	0,337	0,331	0,278	0,295	0,301
ZNG-2	0,325	0,319	0,421	0,362	0,356	0,362	0,283
ZNG-3	0,283	0,221	0,337	0,249	0,221	0,227	0,301
ZNG-4	0,266	0,319	0,395	0,325	0,216	0,266	0,408
ZNG-5	0,319	0,301	0,375	0,356	0,350	0,344	0,337
DUZ	0,369	0,362	0,455	0,408	0,266	0,307	0,375
SAK-1	0,313	0,307	0,382	0,325	0,382	0,313	0,331
SAK-2	0,278	0,227	0,319	0,313	0,260	0,325	0,272
KOC-1	0,249	0,221	0,337	0,331	0,301	0,319	0,301
IST-1	0,331	0,325	0,441	0,421	0,350	0,319	0,401
IST-2	0,289	0,307	0,356	0,388	0,331	0,362	0,307
IST-3	0,319	0,301	0,313	0,344	0,337	0,331	0,289
KOC-2	0,301	0,216	0,408	0,375	0,283	0,337	0,319
KOC-3	0,278	0,238	0,344	0,337	0,307	0,266	0,331
YLV-1	0,272	0,350	0,362	0,382	0,289	0,307	0,313

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	MSN-3	MSN-4	ANT-1	ANT-2	ANT-3	ANT-4	ANT-5
SM-3	0,395	0,319	0,313	0,307	0,243	0,331	0,313
SM-4	0,319	0,319	0,266	0,249	0,255	0,307	0,301
SM-5	0,375	0,337	0,295	0,255	0,227	0,313	0,331
SM-6	0,369	0,319	0,289	0,272	0,243	0,295	0,313
SNP-1	0,375	0,313	0,260	0,221	0,272	0,313	0,319
SNP-2	0,362	0,350	0,295	0,313	0,249	0,325	0,319
SNP-3	0,375	0,325	0,331	0,301	0,260	0,289	0,307
SNP-4	0,491	0,344	0,350	0,331	0,189	0,295	0,301
SNP-5	0,382	0,369	0,313	0,260	0,278	0,319	0,289
KSM-1	0,421	0,344	0,325	0,238	0,255	0,319	0,289
KSM-2	0,344	0,421	0,313	0,382	0,325	0,435	0,512
KSM-3	0,337	0,375	0,260	0,278	0,260	0,362	0,344
KSM-4	0,325	0,301	0,331	0,301	0,307	0,325	0,307
KSM-5	0,362	0,325	0,319	0,278	0,295	0,243	0,283
KSM-6	0,395	0,356	0,362	0,369	0,301	0,356	0,362
BRT-1	0,369	0,272	0,266	0,272	0,199	0,307	0,289
BRT-2	0,295	0,295	0,243	0,249	0,243	0,249	0,278
BRT-3	0,344	0,344	0,337	0,356	0,243	0,295	0,362
ZNG-1	0,414	0,337	0,331	0,278	0,227	0,289	0,319
ZNG-2	0,331	0,319	0,301	0,356	0,210	0,356	0,388
ZNG-3	0,362	0,325	0,295	0,278	0,238	0,232	0,295
ZNG-4	0,319	0,331	0,278	0,272	0,337	0,260	0,301
ZNG-5	0,337	0,266	0,331	0,350	0,194	0,313	0,356
DUZ	0,350	0,362	0,319	0,350	0,307	0,362	0,344
SAK-1	0,435	0,331	0,388	0,369	0,221	0,331	0,350
SAK-2	0,319	0,319	0,301	0,272	0,301	0,331	0,337
KOC-1	0,350	0,350	0,307	0,301	0,307	0,350	0,344
IST-1	0,401	0,375	0,382	0,337	0,283	0,289	0,331
IST-2	0,382	0,331	0,313	0,356	0,221	0,283	0,350
IST-3	0,388	0,362	0,356	0,350	0,238	0,313	0,382
KOC-2	0,295	0,356	0,289	0,283	0,278	0,356	0,325
KOC-3	0,272	0,319	0,289	0,331	0,301	0,331	0,362
YLV-1	0,388	0,278	0,272	0,325	0,238	0,313	0,369

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	ANT-6	MG-1	MG-2	MG-3	MG-4	AY-1	IZM-1
SM-3	0,331	0,278	0,238	0,260	0,238	0,238	0,255
SM-4	0,307	0,266	0,307	0,307	0,283	0,249	0,278
SM-5	0,337	0,283	0,199	0,266	0,221	0,199	0,216
SM-6	0,395	0,255	0,227	0,295	0,216	0,238	0,232
SNP-1	0,278	0,272	0,289	0,289	0,255	0,289	0,260
SNP-2	0,362	0,295	0,278	0,313	0,289	0,232	0,283
SNP-3	0,388	0,307	0,301	0,313	0,289	0,278	0,227
SNP-4	0,435	0,350	0,260	0,356	0,260	0,283	0,243
SNP-5	0,344	0,289	0,272	0,319	0,260	0,227	0,278
KSM-1	0,421	0,350	0,319	0,319	0,238	0,295	0,232
KSM-2	0,344	0,301	0,283	0,283	0,344	0,295	0,313
KSM-3	0,414	0,272	0,232	0,255	0,243	0,278	0,238
KSM-4	0,325	0,238	0,266	0,255	0,266	0,255	0,260
KSM-5	0,313	0,249	0,289	0,301	0,243	0,221	0,272
KSM-6	0,382	0,325	0,331	0,272	0,295	0,216	0,301
BRT-1	0,369	0,243	0,183	0,295	0,249	0,283	0,243
BRT-2	0,260	0,210	0,249	0,295	0,260	0,249	0,278
BRT-3	0,249	0,243	0,216	0,205	0,272	0,227	0,221
ZNG-1	0,325	0,260	0,178	0,243	0,232	0,221	0,205
ZNG-2	0,356	0,255	0,238	0,295	0,295	0,272	0,289
ZNG-3	0,255	0,272	0,278	0,337	0,289	0,278	0,260
ZNG-4	0,319	0,255	0,331	0,331	0,295	0,295	0,337
ZNG-5	0,375	0,272	0,255	0,278	0,266	0,243	0,238
DUZ	0,401	0,260	0,278	0,301	0,301	0,337	0,319
SAK-1	0,382	0,301	0,194	0,249	0,227	0,249	0,221
SAK-2	0,319	0,255	0,295	0,283	0,307	0,272	0,301
KOC-1	0,325	0,272	0,255	0,278	0,301	0,243	0,319
IST-1	0,350	0,356	0,278	0,337	0,278	0,255	0,319
IST-2	0,319	0,232	0,238	0,283	0,249	0,216	0,221
IST-3	0,325	0,295	0,278	0,325	0,325	0,289	0,260
KOC-2	0,369	0,243	0,272	0,307	0,307	0,283	0,325
KOC-3	0,283	0,266	0,260	0,295	0,307	0,272	0,388
YLV-1	0,375	0,260	0,232	0,375	0,266	0,313	0,272

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	IZM-2	GRS-1	GRS-2	GRS-3	TRB-1	RZ-1	TRB-2
SM-3	0,278	0,260	0,238	0,249	0,260	0,232	0,255
SM-4	0,266	0,249	0,249	0,227	0,283	0,243	0,289
SM-5	0,216	0,313	0,168	0,232	0,266	0,238	0,249
SM-6	0,210	0,295	0,173	0,260	0,238	0,289	0,266
SNP-1	0,260	0,289	0,221	0,266	0,278	0,260	0,295
SNP-2	0,283	0,221	0,266	0,278	0,243	0,283	0,319
SNP-3	0,319	0,313	0,243	0,221	0,255	0,295	0,344
SNP-4	0,266	0,295	0,260	0,260	0,238	0,313	0,388
SNP-5	0,255	0,238	0,194	0,307	0,295	0,337	0,289
KSM-1	0,301	0,295	0,227	0,238	0,307	0,313	0,362
KSM-2	0,255	0,356	0,249	0,382	0,356	0,350	0,325
KSM-3	0,216	0,337	0,199	0,289	0,255	0,283	0,295
KSM-4	0,205	0,313	0,289	0,278	0,289	0,319	0,356
KSM-5	0,238	0,266	0,278	0,278	0,243	0,356	0,356
KSM-6	0,301	0,260	0,260	0,272	0,331	0,337	0,362
BRT-1	0,232	0,227	0,173	0,227	0,272	0,278	0,266
BRT-2	0,278	0,249	0,249	0,260	0,295	0,289	0,337
BRT-3	0,232	0,307	0,249	0,307	0,331	0,289	0,289
ZNG-1	0,183	0,301	0,199	0,289	0,278	0,272	0,249
ZNG-2	0,266	0,319	0,295	0,344	0,319	0,266	0,266
ZNG-3	0,249	0,313	0,255	0,313	0,278	0,369	0,344
ZNG-4	0,350	0,331	0,307	0,283	0,307	0,362	0,350
ZNG-5	0,272	0,337	0,325	0,325	0,313	0,295	0,331
DUZ	0,307	0,278	0,337	0,362	0,325	0,382	0,331
SAK-1	0,255	0,283	0,283	0,319	0,260	0,313	0,325
SAK-2	0,301	0,249	0,249	0,344	0,295	0,325	0,278
KOC-1	0,272	0,278	0,278	0,289	0,289	0,249	0,260
IST-1	0,295	0,375	0,337	0,266	0,337	0,369	0,382
IST-2	0,232	0,260	0,272	0,307	0,331	0,350	0,362
IST-3	0,319	0,289	0,325	0,313	0,301	0,307	0,382
KOC-2	0,255	0,249	0,272	0,307	0,307	0,301	0,232
KOC-3	0,289	0,295	0,283	0,319	0,295	0,325	0,266
YLV-1	0,295	0,289	0,266	0,337	0,301	0,331	0,319

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	TRB-3	OR-1	OR-2	SM-1	SM-2	SM-3	SM-4
SM-3	0,243	0,216	0,199	0,210	0,255	****	0,833
SM-4	0,278	0,216	0,221	0,157	0,210	0,183	****
SM-5	0,227	0,127	0,162	0,173	0,205	0,178	0,137
SM-6	0,221	0,173	0,168	0,168	0,178	0,142	0,205
SNP-1	0,295	0,199	0,249	0,162	0,216	0,210	0,168
SNP-2	0,307	0,255	0,227	0,183	0,216	0,168	0,157
SNP-3	0,272	0,232	0,272	0,216	0,238	0,199	0,232
SNP-4	0,278	0,260	0,232	0,199	0,243	0,205	0,260
SNP-5	0,266	0,216	0,255	0,199	0,210	0,194	0,216
KSM-1	0,301	0,205	0,266	0,199	0,232	0,295	0,249
KSM-2	0,325	0,295	0,350	0,301	0,388	0,283	0,283
KSM-3	0,205	0,243	0,227	0,227	0,249	0,168	0,232
KSM-4	0,344	0,278	0,283	0,227	0,249	0,301	0,210
KSM-5	0,260	0,243	0,249	0,194	0,216	0,255	0,199
KSM-6	0,313	0,249	0,243	0,243	0,313	0,227	0,216
BRT-1	0,232	0,205	0,178	0,243	0,232	0,216	0,227
BRT-2	0,289	0,216	0,289	0,178	0,255	0,238	0,162
BRT-3	0,325	0,227	0,325	0,278	0,325	0,272	0,249
ZNG-1	0,272	0,210	0,238	0,205	0,260	0,189	0,266
ZNG-2	0,337	0,331	0,375	0,301	0,362	0,227	0,295
ZNG-3	0,319	0,266	0,307	0,227	0,260	0,313	0,289
ZNG-4	0,289	0,216	0,266	0,243	0,301	0,295	0,238
ZNG-5	0,331	0,325	0,356	0,283	0,307	0,221	0,243
DUZ	0,395	0,278	0,319	0,307	0,319	0,289	0,325
SAK-1	0,350	0,272	0,313	0,266	0,289	0,260	0,319
SAK-2	0,362	0,249	0,301	0,189	0,255	0,227	0,194
KOC-1	0,356	0,232	0,260	0,216	0,272	0,221	0,199
IST-1	0,356	0,243	0,272	0,295	0,272	0,337	0,278
IST-2	0,313	0,249	0,350	0,243	0,301	0,249	0,260
IST-3	0,319	0,289	0,307	0,272	0,283	0,243	0,266
KOC-2	0,325	0,272	0,289	0,266	0,289	0,272	0,227
KOC-3	0,337	0,283	0,362	0,301	0,301	0,272	0,260
YLV-1	0,344	0,301	0,319	0,272	0,331	0,289	0,243

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	SM-5	SM-6	SNP-1	SNP-2	SNP-3	SNP-4	SNP-5
SM-3	0,837	0,868	0,811	0,846	0,819	0,815	0,824
SM-4	0,872	0,815	0,846	0,855	0,793	0,771	0,806
SM-5	****	0,881	0,868	0,815	0,789	0,802	0,828
SM-6	0,127	****	0,819	0,819	0,837	0,833	0,859
SNP-1	0,142	0,199	****	0,789	0,797	0,758	0,819
SNP-2	0,205	0,199	0,238	****	0,789	0,828	0,811
SNP-3	0,238	0,178	0,227	0,238	****	0,811	0,793
SNP-4	0,221	0,183	0,278	0,189	0,210	****	0,789
SNP-5	0,189	0,152	0,199	0,210	0,232	0,238	****
KSM-1	0,221	0,260	0,189	0,278	0,255	0,238	0,205
KSM-2	0,243	0,272	0,266	0,301	0,375	0,331	0,249
KSM-3	0,173	0,147	0,216	0,238	0,183	0,221	0,199
KSM-4	0,249	0,243	0,216	0,260	0,307	0,313	0,221
KSM-5	0,194	0,189	0,216	0,216	0,238	0,243	0,168
KSM-6	0,210	0,238	0,266	0,178	0,232	0,249	0,238
BRT-1	0,157	0,194	0,232	0,266	0,221	0,205	0,205
BRT-2	0,199	0,238	0,178	0,232	0,232	0,295	0,216
BRT-3	0,221	0,283	0,243	0,289	0,301	0,295	0,260
ZNG-1	0,152	0,199	0,227	0,272	0,260	0,232	0,221
ZNG-2	0,301	0,307	0,337	0,313	0,337	0,307	0,295
ZNG-3	0,272	0,255	0,227	0,295	0,249	0,289	0,243
ZNG-4	0,255	0,249	0,243	0,325	0,255	0,331	0,260
ZNG-5	0,260	0,278	0,307	0,260	0,260	0,255	0,289
DUZ	0,307	0,313	0,356	0,344	0,356	0,350	0,301
SAK-1	0,255	0,319	0,289	0,278	0,325	0,249	0,283
SAK-2	0,221	0,238	0,243	0,243	0,289	0,356	0,216
KOC-1	0,205	0,278	0,249	0,205	0,331	0,325	0,221
IST-1	0,272	0,362	0,331	0,307	0,331	0,313	0,325
IST-2	0,255	0,283	0,266	0,266	0,243	0,283	0,249
IST-3	0,272	0,301	0,344	0,272	0,319	0,301	0,289
KOC-2	0,243	0,295	0,266	0,255	0,362	0,369	0,260
KOC-3	0,278	0,307	0,278	0,301	0,313	0,369	0,272
YLV-1	0,260	0,278	0,319	0,283	0,283	0,278	0,313

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	KSM-1	KSM-2	KSM-3	KSM-4	KSM-5	KSM-6	BRT-1
SM-3	0,745	0,753	0,846	0,740	0,775	0,797	0,806
SM-4	0,780	0,753	0,793	0,811	0,819	0,806	0,797
SM-5	0,802	0,784	0,841	0,780	0,824	0,811	0,855
SM-6	0,771	0,762	0,863	0,784	0,828	0,789	0,824
SNP-1	0,828	0,767	0,806	0,806	0,806	0,767	0,793
SNP-2	0,758	0,740	0,789	0,771	0,806	0,837	0,767
SNP-3	0,775	0,687	0,833	0,736	0,789	0,793	0,802
SNP-4	0,789	0,718	0,802	0,731	0,784	0,780	0,815
SNP-5	0,815	0,780	0,819	0,802	0,846	0,789	0,815
KSM-1	****	0,683	0,767	0,775	0,793	0,780	0,824
KSM-2	0,382	****	0,767	0,740	0,749	0,745	0,745
KSM-3	0,266	0,266	****	0,789	0,824	0,793	0,828
KSM-4	0,255	0,301	0,238	****	0,850	0,758	0,767
KSM-5	0,232	0,289	0,194	0,162	****	0,828	0,819
KSM-6	0,249	0,295	0,232	0,278	0,189	****	0,806
BRT-1	0,194	0,295	0,189	0,266	0,199	0,216	****
BRT-2	0,227	0,319	0,232	0,232	0,157	0,216	0,194
BRT-3	0,272	0,238	0,278	0,255	0,289	0,260	0,227
ZNG-1	0,289	0,289	0,183	0,260	0,205	0,243	0,168
ZNG-2	0,382	0,272	0,337	0,362	0,362	0,331	0,295
ZNG-3	0,289	0,350	0,272	0,307	0,238	0,350	0,266
ZNG-4	0,283	0,408	0,289	0,301	0,232	0,272	0,249
ZNG-5	0,325	0,337	0,283	0,295	0,295	0,255	0,255
DUZ	0,301	0,414	0,307	0,295	0,319	0,350	0,255
SAK-1	0,249	0,395	0,278	0,301	0,313	0,331	0,216
SAK-2	0,295	0,295	0,255	0,266	0,232	0,249	0,227
KOC-1	0,301	0,313	0,283	0,227	0,227	0,232	0,232
IST-1	0,266	0,428	0,331	0,272	0,260	0,313	0,255
IST-2	0,283	0,307	0,289	0,266	0,232	0,249	0,227
IST-3	0,337	0,388	0,319	0,344	0,344	0,362	0,266
KOC-2	0,307	0,356	0,313	0,289	0,278	0,249	0,272
KOC-3	0,356	0,356	0,325	0,313	0,289	0,331	0,283
YLV-1	0,350	0,337	0,307	0,295	0,283	0,325	0,255

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	BRT-2	BRT-3	ZNG-1	ZNG-2	ZNG-3	ZNG-4	ZNG-5
SM-3	0,789	0,762	0,828	0,797	0,731	0,745	0,802
SM-4	0,850	0,780	0,767	0,745	0,749	0,789	0,784
SM-5	0,819	0,802	0,859	0,740	0,762	0,775	0,771
SM-6	0,789	0,753	0,819	0,736	0,775	0,780	0,758
SNP-1	0,837	0,784	0,797	0,714	0,797	0,784	0,736
SNP-2	0,793	0,749	0,762	0,731	0,745	0,723	0,771
SNP-3	0,793	0,740	0,771	0,714	0,780	0,775	0,771
SNP-4	0,745	0,745	0,793	0,736	0,749	0,718	0,775
SNP-5	0,806	0,771	0,802	0,745	0,784	0,771	0,749
KSM-1	0,797	0,762	0,749	0,683	0,749	0,753	0,723
KSM-2	0,727	0,789	0,749	0,762	0,705	0,665	0,714
KSM-3	0,793	0,758	0,833	0,714	0,762	0,749	0,753
KSM-4	0,793	0,775	0,771	0,696	0,736	0,740	0,745
KSM-5	0,855	0,749	0,815	0,696	0,789	0,793	0,745
KSM-6	0,806	0,771	0,784	0,718	0,705	0,762	0,775
BRT-1	0,824	0,797	0,846	0,745	0,767	0,780	0,775
BRT-2	****	0,841	0,802	0,753	0,819	0,833	0,802
BRT-3	0,173	****	0,811	0,806	0,811	0,753	0,802
ZNG-1	0,221	0,210	****	0,819	0,797	0,758	0,806
ZNG-2	0,283	0,216	0,199	****	0,731	0,700	0,881
ZNG-3	0,199	0,210	0,227	0,313	****	0,767	0,736
ZNG-4	0,183	0,283	0,278	0,356	0,266	****	0,740
ZNG-5	0,221	0,221	0,216	0,127	0,307	0,301	****
DUZ	0,278	0,278	0,238	0,255	0,331	0,232	0,272
SAK-1	0,272	0,216	0,221	0,260	0,266	0,356	0,199
SAK-2	0,162	0,205	0,199	0,238	0,266	0,238	0,210
KOC-1	0,199	0,255	0,194	0,278	0,295	0,255	0,249
IST-1	0,255	0,266	0,307	0,375	0,319	0,301	0,283
IST-2	0,122	0,152	0,210	0,216	0,232	0,260	0,168
IST-3	0,266	0,289	0,272	0,289	0,272	0,375	0,260
KOC-2	0,216	0,238	0,210	0,249	0,266	0,260	0,266
KOC-3	0,194	0,227	0,232	0,238	0,232	0,283	0,243
YLV-1	0,210	0,255	0,295	0,255	0,319	0,289	0,238

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	DUZ	SAK-1	SAK-2	KOC-1	IST-1	IST-2	IST-3
SM-3	0,749	0,771	0,797	0,802	0,714	0,780	0,784
SM-4	0,723	0,727	0,824	0,819	0,758	0,771	0,767
SM-5	0,736	0,775	0,802	0,815	0,762	0,775	0,762
SM-6	0,731	0,727	0,789	0,758	0,696	0,753	0,740
SNP-1	0,700	0,749	0,784	0,780	0,718	0,767	0,709
SNP-2	0,709	0,758	0,784	0,815	0,736	0,767	0,762
SNP-3	0,700	0,723	0,749	0,718	0,718	0,784	0,727
SNP-4	0,705	0,780	0,700	0,723	0,731	0,753	0,740
SNP-5	0,740	0,753	0,806	0,802	0,723	0,780	0,749
KSM-1	0,740	0,780	0,745	0,740	0,767	0,753	0,714
KSM-2	0,661	0,674	0,745	0,731	0,652	0,736	0,678
KSM-3	0,736	0,758	0,775	0,753	0,718	0,749	0,727
KSM-4	0,745	0,740	0,767	0,797	0,762	0,767	0,709
KSM-5	0,727	0,731	0,793	0,797	0,771	0,793	0,709
KSM-6	0,705	0,718	0,780	0,793	0,731	0,780	0,696
BRT-1	0,775	0,806	0,797	0,793	0,775	0,797	0,767
BRT-2	0,758	0,762	0,850	0,819	0,775	0,886	0,767
BRT-3	0,758	0,806	0,815	0,775	0,767	0,859	0,749
ZNG-1	0,789	0,802	0,819	0,824	0,736	0,811	0,762
ZNG-2	0,775	0,771	0,789	0,758	0,687	0,806	0,749
ZNG-3	0,718	0,767	0,767	0,745	0,727	0,793	0,762
ZNG-4	0,793	0,700	0,789	0,775	0,740	0,771	0,687
ZNG-5	0,762	0,819	0,811	0,780	0,753	0,846	0,771
DUZ	****	0,802	0,784	0,780	0,780	0,758	0,745
SAK-1	0,221	****	0,771	0,793	0,819	0,806	0,793
SAK-2	0,243	0,260	****	0,881	0,696	0,815	0,758
KOC-1	0,249	0,232	0,127	****	0,762	0,784	0,753
IST-1	0,249	0,199	0,362	0,272	****	0,775	0,771
IST-2	0,278	0,216	0,205	0,243	0,255	****	0,793
IST-3	0,295	0,232	0,278	0,283	0,260	0,232	****
KOC-2	0,232	0,272	0,142	0,107	0,313	0,249	0,313
KOC-3	0,278	0,260	0,216	0,168	0,289	0,216	0,255
YLV-1	0,272	0,232	0,289	0,331	0,283	0,189	0,272

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	KOC-2	KOC-3	YLV-1	YLV-2	BRS-1	BRS-2	BLK-1
SM-3	0,762	0,762	0,749	0,819	0,833	0,762	0,745
SM-4	0,797	0,771	0,784	0,802	0,806	0,736	0,762
SM-5	0,784	0,758	0,771	0,824	0,811	0,828	0,837
SM-6	0,745	0,736	0,758	0,811	0,806	0,780	0,762
SNP-1	0,767	0,758	0,727	0,797	0,802	0,784	0,775
SNP-2	0,775	0,740	0,753	0,762	0,784	0,740	0,740
SNP-3	0,696	0,731	0,753	0,771	0,784	0,775	0,714
SNP-4	0,692	0,692	0,758	0,749	0,780	0,762	0,700
SNP-5	0,771	0,762	0,731	0,828	0,806	0,762	0,771
KSM-1	0,736	0,700	0,705	0,731	0,762	0,771	0,753
KSM-2	0,700	0,700	0,714	0,767	0,718	0,727	0,745
KSM-3	0,731	0,723	0,736	0,780	0,793	0,775	0,767
KSM-4	0,749	0,731	0,745	0,736	0,802	0,740	0,740
KSM-5	0,758	0,749	0,753	0,753	0,775	0,767	0,731
KSM-6	0,780	0,718	0,723	0,731	0,745	0,745	0,762
BRT-1	0,762	0,753	0,775	0,784	0,815	0,815	0,780
BRT-2	0,806	0,824	0,811	0,811	0,833	0,789	0,789
BRT-3	0,789	0,797	0,775	0,828	0,824	0,815	0,797
ZNG-1	0,811	0,793	0,745	0,833	0,828	0,811	0,802
ZNG-2	0,780	0,789	0,775	0,819	0,797	0,709	0,762
ZNG-3	0,767	0,793	0,727	0,806	0,784	0,802	0,740
ZNG-4	0,771	0,753	0,749	0,758	0,771	0,780	0,727
ZNG-5	0,767	0,784	0,789	0,780	0,819	0,758	0,714
DUZ	0,793	0,758	0,762	0,762	0,819	0,758	0,758
SAK-1	0,762	0,771	0,793	0,784	0,797	0,780	0,745
SAK-2	0,868	0,806	0,749	0,811	0,797	0,745	0,745
KOC-1	0,899	0,846	0,718	0,797	0,793	0,749	0,793
IST-1	0,731	0,749	0,753	0,762	0,767	0,775	0,740
IST-2	0,780	0,806	0,828	0,793	0,850	0,789	0,745
IST-3	0,731	0,775	0,762	0,780	0,793	0,758	0,705
KOC-2	****	0,833	0,723	0,811	0,815	0,753	0,806
KOC-3	0,183	****	0,749	0,872	0,806	0,780	0,806
YLV-1	0,325	0,289	****	0,789	0,811	0,784	0,731

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-2	IZM-3	IZM-4	AY-2	AY-3	IZM-5	BLK-3
SM-3	0,793	0,775	0,789	0,762	0,736	0,789	0,758
SM-4	0,802	0,749	0,771	0,780	0,736	0,797	0,758
SM-5	0,833	0,797	0,802	0,784	0,784	0,828	0,789
SM-6	0,784	0,767	0,771	0,753	0,762	0,806	0,767
SNP-1	0,797	0,771	0,775	0,784	0,740	0,802	0,745
SNP-2	0,753	0,727	0,731	0,775	0,696	0,767	0,753
SNP-3	0,762	0,753	0,758	0,723	0,749	0,819	0,718
SNP-4	0,731	0,758	0,727	0,718	0,745	0,771	0,758
SNP-5	0,775	0,811	0,762	0,806	0,736	0,789	0,784
KSM-1	0,749	0,784	0,762	0,736	0,745	0,762	0,767
KSM-2	0,758	0,723	0,674	0,771	0,665	0,683	0,731
KSM-3	0,780	0,780	0,758	0,740	0,731	0,784	0,753
KSM-4	0,762	0,762	0,767	0,767	0,758	0,740	0,771
KSM-5	0,762	0,780	0,767	0,775	0,749	0,811	0,780
KSM-6	0,749	0,767	0,736	0,762	0,753	0,753	0,723
BRT-1	0,846	0,811	0,780	0,745	0,815	0,815	0,802
BRT-2	0,811	0,784	0,797	0,797	0,762	0,841	0,767
BRT-3	0,828	0,811	0,797	0,824	0,780	0,753	0,784
ZNG-1	0,824	0,833	0,828	0,767	0,793	0,811	0,797
ZNG-2	0,793	0,731	0,736	0,718	0,736	0,709	0,740
ZNG-3	0,771	0,771	0,811	0,793	0,758	0,784	0,780
ZNG-4	0,775	0,758	0,762	0,753	0,771	0,815	0,731
ZNG-5	0,771	0,771	0,749	0,731	0,767	0,758	0,745
DUZ	0,824	0,789	0,793	0,696	0,802	0,731	0,789
SAK-1	0,793	0,802	0,789	0,736	0,780	0,753	0,819
SAK-2	0,802	0,775	0,771	0,797	0,771	0,789	0,793
KOC-1	0,789	0,797	0,802	0,802	0,767	0,767	0,789
IST-1	0,771	0,806	0,775	0,731	0,758	0,731	0,789
IST-2	0,828	0,793	0,780	0,797	0,753	0,797	0,758
IST-3	0,789	0,806	0,767	0,749	0,758	0,749	0,815
KOC-2	0,784	0,775	0,797	0,771	0,771	0,762	0,767
KOC-3	0,784	0,775	0,789	0,815	0,771	0,797	0,775
YLV-1	0,824	0,745	0,749	0,714	0,749	0,775	0,780

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	BLK-4	CNK-1	CNK-2	CNK-3	CNK-4	TKR-1	TKR-2
SM-3	0,784	0,758	0,767	0,775	0,762	0,762	0,753
SM-4	0,802	0,802	0,767	0,767	0,762	0,797	0,789
SM-5	0,824	0,797	0,797	0,833	0,811	0,802	0,793
SM-6	0,767	0,758	0,767	0,784	0,780	0,762	0,771
SNP-1	0,806	0,762	0,780	0,789	0,784	0,811	0,775
SNP-2	0,745	0,762	0,727	0,736	0,723	0,758	0,723
SNP-3	0,753	0,771	0,780	0,771	0,758	0,758	0,775
SNP-4	0,714	0,758	0,784	0,767	0,718	0,736	0,797
SNP-5	0,793	0,749	0,740	0,775	0,797	0,815	0,745
KSM-1	0,758	0,793	0,784	0,775	0,762	0,736	0,762
KSM-2	0,740	0,687	0,714	0,705	0,771	0,771	0,700
KSM-3	0,753	0,762	0,797	0,771	0,775	0,749	0,749
KSM-4	0,789	0,789	0,736	0,745	0,758	0,784	0,731
KSM-5	0,806	0,789	0,762	0,771	0,775	0,811	0,784
KSM-6	0,802	0,775	0,775	0,758	0,753	0,762	0,727
BRT-1	0,819	0,811	0,855	0,819	0,789	0,797	0,780
BRT-2	0,837	0,811	0,784	0,775	0,815	0,841	0,806
BRT-3	0,828	0,828	0,784	0,793	0,815	0,841	0,771
ZNG-1	0,789	0,780	0,797	0,815	0,775	0,775	0,784
ZNG-2	0,749	0,731	0,723	0,740	0,736	0,762	0,709
ZNG-3	0,762	0,789	0,727	0,753	0,767	0,819	0,758
ZNG-4	0,784	0,793	0,749	0,749	0,727	0,780	0,789
ZNG-5	0,789	0,762	0,762	0,736	0,740	0,758	0,740
DUZ	0,780	0,789	0,753	0,780	0,758	0,749	0,723
SAK-1	0,784	0,793	0,793	0,784	0,780	0,762	0,736
SAK-2	0,828	0,775	0,749	0,775	0,762	0,815	0,745
KOC-1	0,806	0,762	0,727	0,771	0,758	0,793	0,723
IST-1	0,780	0,797	0,780	0,762	0,784	0,740	0,731
IST-2	0,846	0,811	0,775	0,802	0,824	0,841	0,780
IST-3	0,789	0,771	0,727	0,762	0,793	0,775	0,731
KOC-2	0,784	0,775	0,749	0,775	0,727	0,762	0,727
KOC-3	0,793	0,767	0,714	0,740	0,789	0,824	0,727
YLV-1	0,797	0,771	0,745	0,727	0,758	0,802	0,767

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	TKR-3	TKR-4	TKR-5	IST-4	IST-5	IST-6	BRS-3
SM-3	0,771	0,767	0,767	0,745	0,789	0,789	0,767
SM-4	0,762	0,775	0,811	0,762	0,789	0,762	0,793
SM-5	0,837	0,815	0,789	0,793	0,828	0,837	0,824
SM-6	0,771	0,793	0,767	0,745	0,797	0,789	0,758
SNP-1	0,811	0,745	0,771	0,775	0,758	0,828	0,797
SNP-2	0,731	0,736	0,780	0,758	0,767	0,758	0,745
SNP-3	0,767	0,797	0,789	0,731	0,784	0,758	0,780
SNP-4	0,771	0,775	0,811	0,700	0,806	0,797	0,740
SNP-5	0,789	0,749	0,758	0,797	0,762	0,806	0,784
KSM-1	0,824	0,758	0,784	0,771	0,806	0,824	0,775
KSM-2	0,745	0,696	0,670	0,745	0,692	0,745	0,731
KSM-3	0,775	0,745	0,736	0,714	0,784	0,784	0,762
KSM-4	0,758	0,727	0,745	0,723	0,749	0,775	0,762
KSM-5	0,767	0,780	0,789	0,767	0,784	0,793	0,806
KSM-6	0,736	0,775	0,731	0,815	0,771	0,780	0,767
BRT-1	0,850	0,811	0,784	0,797	0,833	0,850	0,811
BRT-2	0,824	0,819	0,811	0,833	0,789	0,806	0,784
BRT-3	0,859	0,828	0,758	0,806	0,780	0,815	0,802
ZNG-1	0,819	0,789	0,745	0,775	0,811	0,837	0,833
ZNG-2	0,762	0,784	0,723	0,753	0,745	0,736	0,740
ZNG-3	0,811	0,780	0,753	0,723	0,758	0,775	0,797
ZNG-4	0,745	0,775	0,758	0,736	0,745	0,753	0,749
ZNG-5	0,767	0,797	0,753	0,758	0,775	0,740	0,771
DUZ	0,767	0,736	0,718	0,740	0,749	0,749	0,736
SAK-1	0,833	0,758	0,731	0,736	0,797	0,833	0,793
SAK-2	0,771	0,775	0,767	0,806	0,745	0,753	0,749
KOC-1	0,775	0,727	0,718	0,784	0,749	0,775	0,771
IST-1	0,784	0,745	0,736	0,705	0,767	0,767	0,797
IST-2	0,833	0,819	0,793	0,806	0,815	0,815	0,828
IST-3	0,811	0,771	0,789	0,731	0,802	0,784	0,780
KOC-2	0,771	0,740	0,714	0,780	0,745	0,762	0,767
KOC-3	0,771	0,749	0,705	0,762	0,745	0,762	0,767
YLV-1	0,775	0,806	0,780	0,740	0,793	0,775	0,745

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↑)

Gen. Kodu	YLV-3	BRS-4	IZM-6
SM-3	0,762	0,793	0,789
SM-4	0,780	0,784	0,753
SM-5	0,784	0,806	0,784
SM-6	0,753	0,784	0,815
SNP-1	0,775	0,762	0,758
SNP-2	0,767	0,762	0,731
SNP-3	0,740	0,736	0,784
SNP-4	0,692	0,714	0,745
SNP-5	0,789	0,802	0,806
KSM-1	0,709	0,714	0,789
KSM-2	0,780	0,740	0,718
KSM-3	0,723	0,745	0,767
KSM-4	0,775	0,753	0,767
KSM-5	0,802	0,806	0,784
KSM-6	0,789	0,793	0,771
BRT-1	0,780	0,811	0,833
BRT-2	0,859	0,802	0,806
BRT-3	0,833	0,784	0,833
ZNG-1	0,793	0,806	0,784
ZNG-2	0,771	0,793	0,771
ZNG-3	0,784	0,727	0,767
ZNG-4	0,771	0,749	0,789
ZNG-5	0,793	0,771	0,793
DUZ	0,758	0,789	0,758
SAK-1	0,762	0,758	0,780
SAK-2	0,833	0,819	0,789
KOC-1	0,802	0,797	0,740
IST-1	0,723	0,745	0,749
IST-2	0,850	0,802	0,815
IST-3	0,758	0,762	0,784
KOC-2	0,789	0,802	0,745
KOC-3	0,806	0,758	0,753
YLV-1	0,784	0,771	0,767

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	HT-1	HT-2	HT-3	KM	ADN	MSN-1	MSN-2
YLV-2	0,260	0,221	0,350	0,331	0,313	0,283	0,255
BRS-1	0,221	0,260	0,319	0,350	0,249	0,243	0,307
BRS-2	0,266	0,331	0,369	0,337	0,319	0,301	0,307
BLK-1	0,266	0,295	0,395	0,362	0,331	0,350	0,295
BLK-2	0,238	0,278	0,325	0,283	0,199	0,249	0,266
IZM-3	0,331	0,289	0,388	0,382	0,350	0,344	0,313
IZM-4	0,289	0,272	0,408	0,388	0,295	0,289	0,382
AY-2	0,278	0,272	0,331	0,325	0,356	0,313	0,249
AY-3	0,266	0,249	0,356	0,337	0,283	0,278	0,382
IZM-5	0,210	0,283	0,307	0,313	0,249	0,255	0,369
BLK-3	0,272	0,266	0,388	0,344	0,337	0,283	0,313
BLK-4	0,249	0,301	0,337	0,319	0,289	0,272	0,278
CNK-1	0,249	0,325	0,428	0,356	0,313	0,295	0,350
CNK-2	0,260	0,313	0,375	0,331	0,313	0,260	0,362
CNK-3	0,249	0,255	0,337	0,307	0,313	0,283	0,325
CNK-4	0,313	0,283	0,319	0,337	0,369	0,325	0,227
TKR-1	0,301	0,283	0,319	0,325	0,272	0,278	0,260
TKR-2	0,301	0,319	0,395	0,362	0,307	0,301	0,395
TKR-3	0,278	0,283	0,369	0,325	0,331	0,301	0,260
TKR-4	0,238	0,266	0,337	0,356	0,301	0,272	0,313
TKR-5	0,295	0,313	0,362	0,356	0,301	0,295	0,350
IST-4	0,278	0,272	0,382	0,388	0,356	0,388	0,295
IST-5	0,243	0,249	0,307	0,350	0,356	0,325	0,319
IST-6	0,255	0,295	0,331	0,325	0,331	0,301	0,295
BRS-3	0,283	0,278	0,362	0,331	0,325	0,295	0,337
YLV-3	0,243	0,283	0,331	0,350	0,283	0,278	0,295
BRS-4	0,272	0,289	0,337	0,331	0,278	0,356	0,278
IZM-6	0,266	0,295	0,344	0,388	0,344	0,337	0,307

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	MSN-3	MSN-4	ANT-1	ANT-2	ANT-3	ANT-4	ANT-5
YLV-2	0,289	0,350	0,331	0,289	0,272	0,313	0,356
BRS-1	0,307	0,249	0,278	0,283	0,168	0,307	0,289
BRS-2	0,395	0,369	0,350	0,344	0,266	0,307	0,325
BLK-1	0,356	0,435	0,325	0,319	0,301	0,408	0,428
BLK-2	0,337	0,301	0,249	0,289	0,227	0,301	0,356
IZM-3	0,455	0,388	0,408	0,325	0,283	0,337	0,331
IZM-4	0,395	0,369	0,350	0,272	0,255	0,331	0,325
AY-2	0,344	0,395	0,362	0,344	0,337	0,344	0,388
AY-3	0,319	0,283	0,337	0,307	0,278	0,283	0,289
IZM-5	0,356	0,272	0,325	0,295	0,243	0,283	0,301
BLK-3	0,375	0,350	0,369	0,325	0,283	0,289	0,331
BLK-4	0,337	0,289	0,307	0,350	0,283	0,313	0,356
CNK-1	0,375	0,350	0,382	0,388	0,260	0,278	0,307
CNK-2	0,401	0,301	0,356	0,337	0,205	0,313	0,307
CNK-3	0,428	0,350	0,382	0,325	0,260	0,301	0,344
CNK-4	0,344	0,395	0,325	0,356	0,313	0,344	0,401
TKR-1	0,319	0,283	0,301	0,331	0,266	0,307	0,350
TKR-2	0,435	0,344	0,375	0,319	0,289	0,216	0,301
TKR-3	0,448	0,356	0,337	0,283	0,210	0,272	0,337
TKR-4	0,337	0,232	0,331	0,289	0,227	0,221	0,319
TKR-5	0,401	0,278	0,331	0,313	0,249	0,210	0,272
IST-4	0,319	0,408	0,325	0,356	0,337	0,382	0,401
IST-5	0,408	0,307	0,337	0,295	0,210	0,307	0,350
IST-6	0,462	0,356	0,362	0,295	0,243	0,307	0,350
BRS-3	0,375	0,362	0,369	0,313	0,249	0,289	0,307
YLV-3	0,307	0,272	0,289	0,331	0,301	0,272	0,375
BRS-4	0,362	0,388	0,331	0,337	0,307	0,337	0,395
IZM-6	0,356	0,319	0,375	0,331	0,289	0,295	0,325

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	ANT-6	MG-1	MG-2	MG-3	MG-4	AY-1	IZM-1
YLV-2	0,301	0,283	0,221	0,289	0,255	0,255	0,295
BRS-1	0,331	0,221	0,194	0,319	0,249	0,260	0,278
BRS-2	0,382	0,301	0,249	0,295	0,272	0,260	0,266
BLK-1	0,369	0,325	0,249	0,260	0,272	0,260	0,313
BLK-2	0,301	0,205	0,199	0,289	0,278	0,266	0,238
IZM-3	0,350	0,319	0,266	0,266	0,210	0,232	0,238
IZM-4	0,331	0,289	0,260	0,319	0,216	0,249	0,232
AY-2	0,227	0,289	0,307	0,272	0,319	0,183	0,350
AY-3	0,344	0,266	0,260	0,319	0,283	0,331	0,289
IZM-5	0,331	0,278	0,249	0,319	0,238	0,283	0,289
BLK-3	0,350	0,295	0,243	0,325	0,278	0,266	0,295
BLK-4	0,278	0,194	0,243	0,255	0,255	0,232	0,260
CNK-1	0,325	0,260	0,255	0,313	0,255	0,243	0,283
CNK-2	0,388	0,295	0,243	0,337	0,243	0,325	0,260
CNK-3	0,375	0,283	0,243	0,313	0,255	0,243	0,249
CNK-4	0,319	0,266	0,260	0,260	0,260	0,238	0,278
TKR-1	0,260	0,232	0,238	0,283	0,260	0,238	0,301
TKR-2	0,331	0,313	0,283	0,382	0,272	0,307	0,301
TKR-3	0,319	0,255	0,183	0,260	0,216	0,216	0,189
TKR-4	0,255	0,238	0,232	0,313	0,278	0,243	0,249
TKR-5	0,313	0,283	0,278	0,375	0,278	0,301	0,260
IST-4	0,382	0,289	0,307	0,295	0,272	0,272	0,313
IST-5	0,395	0,313	0,216	0,272	0,216	0,249	0,199
IST-6	0,356	0,289	0,238	0,260	0,194	0,227	0,221
BRS-3	0,337	0,295	0,232	0,278	0,210	0,178	0,194
YLV-3	0,272	0,210	0,249	0,283	0,295	0,249	0,301
BRS-4	0,325	0,238	0,255	0,289	0,278	0,232	0,307
IZM-6	0,331	0,278	0,249	0,295	0,227	0,249	0,255

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	IZM-2	GRS-1	GRS-2	GRS-3	TRB-1	RZ-1	TRB-2
YLV-2	0,216	0,278	0,189	0,278	0,243	0,249	0,194
BRS-1	0,232	0,260	0,227	0,283	0,272	0,266	0,255
BRS-2	0,278	0,344	0,238	0,295	0,331	0,337	0,313
BLK-1	0,255	0,283	0,249	0,295	0,344	0,313	0,243
BLK-2	0,227	0,255	0,221	0,289	0,289	0,295	0,249
IZM-3	0,216	0,301	0,289	0,313	0,301	0,331	0,283
IZM-4	0,221	0,307	0,272	0,272	0,260	0,278	0,266
AY-2	0,266	0,295	0,307	0,319	0,319	0,337	0,278
AY-3	0,337	0,319	0,260	0,283	0,307	0,350	0,313
IZM-5	0,313	0,283	0,227	0,283	0,272	0,313	0,325
BLK-3	0,283	0,289	0,243	0,313	0,301	0,319	0,319
BLK-4	0,295	0,243	0,266	0,337	0,325	0,369	0,331
CNK-1	0,283	0,289	0,313	0,278	0,325	0,344	0,356
CNK-2	0,249	0,278	0,266	0,289	0,301	0,307	0,319
CNK-3	0,238	0,266	0,266	0,301	0,278	0,331	0,295
CNK-4	0,243	0,295	0,227	0,307	0,331	0,337	0,375
TKR-1	0,255	0,227	0,260	0,369	0,283	0,350	0,301
TKR-2	0,313	0,260	0,319	0,319	0,331	0,337	0,375
TKR-3	0,210	0,249	0,238	0,272	0,283	0,301	0,325
TKR-4	0,295	0,301	0,278	0,266	0,289	0,283	0,307
TKR-5	0,356	0,255	0,301	0,289	0,301	0,307	0,382
IST-4	0,337	0,260	0,249	0,356	0,395	0,337	0,313
IST-5	0,266	0,283	0,183	0,238	0,249	0,289	0,337
IST-6	0,243	0,260	0,173	0,260	0,272	0,301	0,313
BRS-3	0,205	0,313	0,243	0,232	0,313	0,319	0,331
YLV-3	0,301	0,249	0,307	0,344	0,307	0,337	0,313
BRS-4	0,272	0,232	0,301	0,313	0,289	0,356	0,283
IZM-6	0,278	0,319	0,238	0,249	0,283	0,289	0,301

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	TRB-3	OR-1	OR-2	SM-1	SM-2	SM-3	SM-4
YLV-2	0,260	0,232	0,283	0,227	0,260	0,199	0,221
BRS-1	0,301	0,227	0,266	0,266	0,266	0,183	0,216
BRS-2	0,313	0,173	0,243	0,289	0,313	0,272	0,307
BLK-1	0,313	0,205	0,278	0,289	0,350	0,295	0,272
BLK-2	0,272	0,210	0,238	0,238	0,283	0,232	0,221
IZM-3	0,331	0,232	0,295	0,260	0,295	0,255	0,289
IZM-4	0,337	0,205	0,278	0,243	0,301	0,238	0,260
AY-2	0,350	0,260	0,325	0,289	0,337	0,272	0,249
AY-3	0,350	0,238	0,243	0,278	0,289	0,307	0,307
IZM-5	0,289	0,238	0,232	0,221	0,266	0,238	0,227
BLK-3	0,319	0,289	0,238	0,238	0,283	0,278	0,278
BLK-4	0,344	0,210	0,272	0,238	0,249	0,243	0,221
CNK-1	0,307	0,210	0,283	0,272	0,307	0,278	0,221
CNK-2	0,319	0,243	0,260	0,272	0,283	0,266	0,266
CNK-3	0,307	0,199	0,249	0,260	0,249	0,255	0,266
CNK-4	0,337	0,227	0,325	0,266	0,255	0,272	0,272
TKR-1	0,362	0,249	0,325	0,255	0,278	0,272	0,227
TKR-2	0,313	0,295	0,301	0,266	0,301	0,283	0,238
TKR-3	0,289	0,205	0,255	0,255	0,301	0,260	0,272
TKR-4	0,344	0,243	0,307	0,272	0,272	0,266	0,255
TKR-5	0,331	0,278	0,272	0,216	0,227	0,266	0,210
IST-4	0,375	0,272	0,301	0,255	0,325	0,295	0,272
IST-5	0,313	0,216	0,243	0,221	0,243	0,238	0,238
IST-6	0,289	0,205	0,243	0,199	0,266	0,238	0,272
BRS-3	0,283	0,210	0,249	0,249	0,249	0,266	0,232
YLV-3	0,375	0,283	0,350	0,266	0,289	0,272	0,249
BRS-4	0,331	0,255	0,260	0,249	0,295	0,232	0,243
IZM-6	0,337	0,238	0,289	0,266	0,266	0,238	0,283

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	SM-5	SM-6	SNP-1	SNP-2	SNP-3	SNP-4	SNP-5
YLV-2	0,194	0,210	0,227	0,272	0,260	0,289	0,189
BRS-1	0,210	0,216	0,221	0,243	0,243	0,249	0,216
BRS-2	0,189	0,249	0,243	0,301	0,255	0,272	0,272
BLK-1	0,178	0,272	0,255	0,301	0,337	0,356	0,260
BLK-2	0,183	0,243	0,227	0,283	0,272	0,313	0,255
IZM-3	0,227	0,266	0,260	0,319	0,283	0,278	0,210
IZM-4	0,221	0,260	0,255	0,313	0,278	0,319	0,272
AY-2	0,243	0,283	0,243	0,255	0,325	0,331	0,216
AY-3	0,243	0,272	0,301	0,362	0,289	0,295	0,307
IZM-5	0,189	0,216	0,221	0,266	0,199	0,260	0,238
BLK-3	0,238	0,266	0,295	0,283	0,331	0,278	0,243
BLK-4	0,194	0,266	0,216	0,295	0,283	0,337	0,232
CNK-1	0,227	0,278	0,272	0,272	0,260	0,278	0,289
CNK-2	0,227	0,266	0,249	0,319	0,249	0,243	0,301
CNK-3	0,183	0,243	0,238	0,307	0,260	0,266	0,255
CNK-4	0,210	0,249	0,243	0,325	0,278	0,331	0,227
TKR-1	0,221	0,272	0,210	0,278	0,278	0,307	0,205
TKR-2	0,232	0,260	0,255	0,325	0,255	0,227	0,295
TKR-3	0,178	0,260	0,210	0,313	0,266	0,260	0,238
TKR-4	0,205	0,232	0,295	0,307	0,227	0,255	0,289
TKR-5	0,238	0,266	0,260	0,249	0,238	0,210	0,278
IST-4	0,232	0,295	0,255	0,278	0,313	0,356	0,227
IST-5	0,189	0,227	0,278	0,266	0,243	0,216	0,272
IST-6	0,178	0,238	0,189	0,278	0,278	0,227	0,216
BRS-3	0,194	0,278	0,227	0,295	0,249	0,301	0,243
YLV-3	0,243	0,283	0,255	0,266	0,301	0,369	0,238
BRS-4	0,216	0,243	0,272	0,272	0,307	0,337	0,221
IZM-6	0,243	0,205	0,278	0,313	0,243	0,295	0,216

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	KSM-1	KSM-2	KSM-3	KSM-4	KSM-5	KSM-6	BRT-1
YLV-2	0,313	0,266	0,249	0,307	0,283	0,313	0,243
BRS-1	0,272	0,331	0,232	0,221	0,255	0,295	0,205
BRS-2	0,260	0,319	0,255	0,301	0,266	0,295	0,205
BLK-1	0,283	0,295	0,266	0,301	0,313	0,272	0,249
BLK-2	0,289	0,278	0,249	0,272	0,272	0,289	0,168
IZM-3	0,243	0,325	0,249	0,272	0,249	0,266	0,210
IZM-4	0,272	0,395	0,278	0,266	0,266	0,307	0,249
AY-2	0,307	0,260	0,301	0,266	0,255	0,272	0,295
AY-3	0,295	0,408	0,313	0,278	0,289	0,283	0,205
IZM-5	0,272	0,382	0,243	0,301	0,210	0,283	0,205
BLK-3	0,266	0,313	0,283	0,260	0,249	0,325	0,221
BLK-4	0,278	0,301	0,283	0,238	0,216	0,221	0,199
CNK-1	0,232	0,375	0,272	0,238	0,238	0,255	0,210
CNK-2	0,243	0,337	0,227	0,307	0,272	0,255	0,157
CNK-3	0,255	0,350	0,260	0,295	0,260	0,278	0,199
CNK-4	0,272	0,260	0,255	0,278	0,255	0,283	0,238
TKR-1	0,307	0,260	0,289	0,243	0,210	0,272	0,227
TKR-2	0,272	0,356	0,289	0,313	0,243	0,319	0,249
TKR-3	0,194	0,295	0,255	0,278	0,266	0,307	0,162
TKR-4	0,278	0,362	0,295	0,319	0,249	0,255	0,210
TKR-5	0,243	0,401	0,307	0,295	0,238	0,313	0,243
IST-4	0,260	0,295	0,337	0,325	0,266	0,205	0,227
IST-5	0,216	0,369	0,243	0,289	0,243	0,260	0,183
IST-6	0,194	0,295	0,243	0,255	0,232	0,249	0,162
BRS-3	0,255	0,313	0,272	0,272	0,216	0,266	0,210
YLV-3	0,344	0,249	0,325	0,255	0,221	0,238	0,249
BRS-4	0,337	0,301	0,295	0,283	0,216	0,232	0,210
IZM-6	0,238	0,331	0,266	0,266	0,243	0,260	0,183

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	BRT-2	BRT-3	ZNG-1	ZNG-2	ZNG-3	ZNG-4	ZNG-5
YLV-2	0,210	0,189	0,183	0,199	0,216	0,278	0,249
BRS-1	0,183	0,194	0,189	0,227	0,243	0,260	0,199
BRS-2	0,238	0,205	0,210	0,344	0,221	0,249	0,278
BLK-1	0,238	0,227	0,221	0,272	0,301	0,319	0,337
BLK-2	0,210	0,189	0,194	0,232	0,260	0,255	0,260
IZM-3	0,243	0,210	0,183	0,313	0,260	0,278	0,260
IZM-4	0,227	0,227	0,189	0,307	0,210	0,272	0,289
AY-2	0,227	0,194	0,266	0,331	0,232	0,283	0,313
AY-3	0,272	0,249	0,232	0,307	0,278	0,260	0,266
IZM-5	0,173	0,283	0,210	0,344	0,243	0,205	0,278
BLK-3	0,266	0,243	0,227	0,301	0,249	0,313	0,295
BLK-4	0,178	0,189	0,238	0,289	0,272	0,243	0,238
CNK-1	0,210	0,189	0,249	0,313	0,238	0,232	0,272
CNK-2	0,243	0,243	0,227	0,325	0,319	0,289	0,272
CNK-3	0,255	0,232	0,205	0,301	0,283	0,289	0,307
CNK-4	0,205	0,205	0,255	0,307	0,266	0,319	0,301
TKR-1	0,173	0,173	0,255	0,272	0,199	0,249	0,278
TKR-2	0,216	0,260	0,243	0,344	0,278	0,238	0,301
TKR-3	0,194	0,152	0,199	0,272	0,210	0,295	0,266
TKR-4	0,199	0,189	0,238	0,243	0,249	0,255	0,227
TKR-5	0,210	0,278	0,295	0,325	0,283	0,278	0,283
IST-4	0,183	0,216	0,255	0,283	0,325	0,307	0,278
IST-5	0,238	0,249	0,210	0,295	0,278	0,295	0,255
IST-6	0,216	0,205	0,178	0,307	0,255	0,283	0,301
BRS-3	0,243	0,221	0,183	0,301	0,227	0,289	0,260
YLV-3	0,152	0,183	0,232	0,260	0,243	0,260	0,232
BRS-4	0,221	0,243	0,216	0,232	0,319	0,289	0,260
IZM-6	0,216	0,183	0,243	0,260	0,266	0,238	0,232

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri (*↓)

Gen. Kodu	DUZ	SAK-1	SAK-2	KOC-1	IST-1	IST-2	IST-3
YLV-2	0,272	0,243	0,210	0,227	0,272	0,232	0,249
BRS-1	0,199	0,227	0,227	0,232	0,266	0,162	0,232
BRS-2	0,278	0,249	0,295	0,289	0,255	0,238	0,278
BLK-1	0,278	0,295	0,295	0,232	0,301	0,295	0,350
BLK-2	0,194	0,232	0,221	0,238	0,260	0,189	0,238
IZM-3	0,238	0,221	0,255	0,227	0,216	0,232	0,216
IZM-4	0,232	0,238	0,260	0,221	0,255	0,249	0,266
AY-2	0,362	0,307	0,227	0,221	0,313	0,227	0,289
AY-3	0,221	0,249	0,260	0,266	0,278	0,283	0,278
IZM-5	0,313	0,283	0,238	0,266	0,313	0,227	0,289
BLK-3	0,238	0,199	0,232	0,238	0,238	0,278	0,205
BLK-4	0,249	0,243	0,189	0,216	0,249	0,168	0,238
CNK-1	0,238	0,232	0,255	0,272	0,227	0,210	0,260
CNK-2	0,283	0,232	0,289	0,319	0,249	0,255	0,319
CNK-3	0,249	0,243	0,255	0,260	0,272	0,221	0,272
CNK-4	0,278	0,249	0,272	0,278	0,243	0,194	0,232
TKR-1	0,289	0,272	0,205	0,232	0,301	0,173	0,255
TKR-2	0,325	0,307	0,295	0,325	0,313	0,249	0,313
TKR-3	0,266	0,183	0,260	0,255	0,243	0,183	0,210
TKR-4	0,307	0,278	0,255	0,319	0,295	0,199	0,260
TKR-5	0,331	0,313	0,266	0,331	0,307	0,232	0,238
IST-4	0,301	0,307	0,216	0,243	0,350	0,216	0,313
IST-5	0,289	0,227	0,295	0,289	0,266	0,205	0,221
IST-6	0,289	0,183	0,283	0,255	0,266	0,205	0,243
BRS-3	0,307	0,232	0,289	0,260	0,227	0,189	0,249
YLV-3	0,278	0,272	0,183	0,221	0,325	0,162	0,278
BRS-4	0,238	0,278	0,199	0,227	0,295	0,221	0,272
IZM-6	0,278	0,249	0,238	0,301	0,289	0,205	0,243

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	KOC-2	KOC-3	YLV-1	YLV-2	BRS-1	BRS-2	BLK-1
YLV-2	0,210	0,137	0,238	****	0,837	0,802	0,819
BRS-1	0,205	0,216	0,210	0,178	****	0,824	0,762
BRS-2	0,283	0,249	0,243	0,221	0,194	****	0,806
BLK-1	0,216	0,216	0,313	0,199	0,272	0,216	****
BLK-2	0,243	0,243	0,194	0,216	0,147	0,199	0,221
IZM-3	0,255	0,255	0,295	0,205	0,221	0,189	0,243
IZM-4	0,227	0,238	0,289	0,178	0,183	0,227	0,216
AY-2	0,260	0,205	0,337	0,189	0,238	0,249	0,249
AY-3	0,260	0,260	0,289	0,243	0,216	0,227	0,260
IZM-5	0,272	0,227	0,255	0,243	0,194	0,216	0,260
BLK-3	0,266	0,255	0,249	0,173	0,221	0,210	0,278
BLK-4	0,243	0,232	0,227	0,249	0,189	0,210	0,278
CNK-1	0,255	0,266	0,260	0,260	0,178	0,199	0,266
CNK-2	0,289	0,337	0,295	0,283	0,189	0,232	0,289
CNK-3	0,255	0,301	0,319	0,249	0,210	0,232	0,232
CNK-4	0,319	0,238	0,278	0,199	0,238	0,227	0,249
TKR-1	0,272	0,194	0,221	0,199	0,183	0,238	0,249
TKR-2	0,319	0,319	0,266	0,266	0,216	0,260	0,307
TKR-3	0,260	0,260	0,255	0,221	0,183	0,173	0,183
TKR-4	0,301	0,289	0,216	0,238	0,210	0,266	0,313
TKR-5	0,337	0,350	0,249	0,295	0,243	0,278	0,350
IST-4	0,249	0,272	0,301	0,255	0,249	0,260	0,216
IST-5	0,295	0,295	0,232	0,255	0,216	0,227	0,283
IST-6	0,272	0,272	0,255	0,221	0,216	0,194	0,227
BRS-3	0,266	0,266	0,295	0,227	0,199	0,210	0,313
YLV-3	0,238	0,216	0,243	0,266	0,216	0,260	0,295
BRS-4	0,221	0,278	0,260	0,238	0,232	0,289	0,266
IZM-6	0,295	0,283	0,266	0,210	0,194	0,183	0,283

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	BLK-2	IZM-3	IZM-4	AY-2	AY-3	IZM-5	BLK-3
YLV-2	0,806	0,815	0,837	0,828	0,784	0,784	0,841
BRS-1	0,863	0,802	0,833	0,789	0,806	0,824	0,802
BRS-2	0,819	0,828	0,797	0,780	0,797	0,806	0,811
BLK-1	0,802	0,784	0,806	0,780	0,771	0,771	0,758
BLK-2	****	0,780	0,802	0,767	0,811	0,784	0,797
IZM-3	0,249	****	0,837	0,802	0,784	0,767	0,789
IZM-4	0,221	0,178	****	0,789	0,780	0,771	0,775
AY-2	0,266	0,221	0,238	****	0,736	0,797	0,802
AY-3	0,210	0,243	0,249	0,307	****	0,815	0,846
IZM-5	0,243	0,266	0,260	0,227	0,205	****	0,793
BLK-3	0,227	0,238	0,255	0,221	0,168	0,232	****
BLK-4	0,173	0,205	0,232	0,210	0,199	0,178	0,194
CNK-1	0,205	0,216	0,221	0,232	0,221	0,210	0,205
CNK-2	0,205	0,249	0,255	0,337	0,210	0,221	0,272
CNK-3	0,194	0,216	0,210	0,278	0,168	0,232	0,227
CNK-4	0,199	0,199	0,238	0,238	0,272	0,295	0,221
TKR-1	0,189	0,189	0,216	0,173	0,227	0,194	0,221
TKR-2	0,232	0,301	0,283	0,260	0,205	0,162	0,210
TKR-3	0,147	0,137	0,194	0,216	0,205	0,216	0,189
TKR-4	0,216	0,249	0,266	0,266	0,199	0,232	0,238
TKR-5	0,260	0,295	0,337	0,301	0,221	0,199	0,216
IST-4	0,221	0,278	0,260	0,260	0,283	0,260	0,266
IST-5	0,232	0,199	0,227	0,307	0,227	0,227	0,232
IST-6	0,199	0,178	0,205	0,260	0,227	0,238	0,199
BRS-3	0,205	0,183	0,199	0,255	0,266	0,278	0,249
YLV-3	0,210	0,278	0,283	0,227	0,272	0,205	0,255
BRS-4	0,142	0,238	0,243	0,266	0,278	0,289	0,260
IZM-6	0,210	0,189	0,227	0,216	0,205	0,238	0,210

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	BLK-4	CNK-1	CNK-2	CNK-3	CNK-4	TKR-1	TKR-2
YLV-2	0,780	0,771	0,753	0,780	0,819	0,819	0,767
BRS-1	0,828	0,837	0,828	0,811	0,789	0,833	0,806
BRS-2	0,811	0,819	0,793	0,793	0,797	0,789	0,771
BLK-1	0,758	0,767	0,749	0,793	0,780	0,780	0,736
BLK-2	0,841	0,815	0,815	0,824	0,819	0,828	0,793
IZM-3	0,815	0,806	0,780	0,806	0,819	0,828	0,740
IZM-4	0,793	0,802	0,775	0,811	0,789	0,806	0,753
AY-2	0,811	0,793	0,714	0,758	0,789	0,841	0,771
AY-3	0,819	0,802	0,811	0,846	0,762	0,797	0,815
IZM-5	0,837	0,811	0,802	0,793	0,745	0,824	0,850
BLK-3	0,824	0,815	0,762	0,797	0,802	0,802	0,811
BLK-4	****	0,850	0,789	0,815	0,855	0,881	0,775
CNK-1	0,162	****	0,833	0,815	0,793	0,819	0,828
CNK-2	0,238	0,183	****	0,868	0,749	0,767	0,819
CNK-3	0,205	0,205	0,142	****	0,819	0,811	0,828
CNK-4	0,157	0,232	0,289	0,199	****	0,850	0,753
TKR-1	0,127	0,199	0,266	0,210	0,162	****	0,815
TKR-2	0,255	0,189	0,199	0,189	0,283	0,205	****
TKR-3	0,168	0,168	0,199	0,147	0,162	0,162	0,194
TKR-4	0,205	0,205	0,227	0,205	0,266	0,199	0,178
TKR-5	0,227	0,216	0,227	0,227	0,325	0,221	0,147
IST-4	0,157	0,278	0,278	0,255	0,216	0,227	0,307
IST-5	0,210	0,210	0,221	0,178	0,205	0,238	0,238
IST-6	0,210	0,243	0,189	0,168	0,194	0,216	0,249
BRS-3	0,194	0,194	0,216	0,205	0,210	0,232	0,289
YLV-3	0,147	0,243	0,289	0,266	0,216	0,162	0,272
BRS-4	0,183	0,272	0,295	0,227	0,199	0,221	0,301
IZM-6	0,199	0,210	0,243	0,232	0,194	0,216	0,272

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	TKR-3	TKR-4	TKR-5	IST-4	IST-5	IST-6	BRS-3
YLV-2	0,802	0,789	0,745	0,775	0,775	0,802	0,797
BRS-1	0,833	0,811	0,784	0,780	0,806	0,806	0,819
BRS-2	0,841	0,767	0,758	0,771	0,797	0,824	0,811
BLK-1	0,833	0,731	0,705	0,806	0,753	0,797	0,731
BLK-2	0,863	0,806	0,771	0,802	0,793	0,819	0,815
IZM-3	0,872	0,780	0,745	0,758	0,819	0,837	0,833
IZM-4	0,824	0,767	0,714	0,771	0,797	0,815	0,819
AY-2	0,806	0,767	0,740	0,771	0,736	0,771	0,775
AY-3	0,815	0,819	0,802	0,753	0,797	0,797	0,767
IZM-5	0,806	0,793	0,819	0,771	0,797	0,789	0,758
BLK-3	0,828	0,789	0,806	0,767	0,793	0,819	0,780
BLK-4	0,846	0,815	0,797	0,855	0,811	0,811	0,824
CNK-1	0,846	0,815	0,806	0,758	0,811	0,784	0,824
CNK-2	0,819	0,797	0,797	0,758	0,802	0,828	0,806
CNK-3	0,863	0,815	0,797	0,775	0,837	0,846	0,815
CNK-4	0,850	0,767	0,723	0,806	0,815	0,824	0,811
TKR-1	0,850	0,819	0,802	0,797	0,789	0,806	0,793
TKR-2	0,824	0,837	0,863	0,736	0,789	0,780	0,749
TKR-3	****	0,837	0,802	0,797	0,850	0,859	0,837
TKR-4	0,178	****	0,850	0,758	0,828	0,784	0,789
TKR-5	0,221	0,162	****	0,758	0,819	0,775	0,771
IST-4	0,227	0,278	0,278	****	0,780	0,806	0,784
IST-5	0,162	0,189	0,199	0,249	****	0,877	0,855
IST-6	0,152	0,243	0,255	0,216	0,132	****	0,846
BRS-3	0,178	0,238	0,260	0,243	0,157	0,168	****
YLV-3	0,238	0,210	0,266	0,173	0,272	0,238	0,232
BRS-4	0,210	0,249	0,307	0,189	0,255	0,199	0,227
IZM-6	0,173	0,199	0,232	0,238	0,205	0,183	0,221

Tablo B. (devam) SCoT analizi verilerine göre 94 defne (*Laurus nobilis* L.) genotipi arasında tespit edilen Nei genetik mesafeleri

Gen. Kodu	YLV-3	BRS-4	IZM-6
YLV-2	0,767	0,789	0,811
BRS-1	0,806	0,793	0,824
BRS-2	0,771	0,749	0,833
BLK-1	0,745	0,767	0,753
BLK-2	0,811	0,868	0,811
IZM-3	0,758	0,789	0,828
IZM-4	0,753	0,784	0,797
AY-2	0,797	0,767	0,806
AY-3	0,762	0,758	0,815
IZM-5	0,815	0,749	0,789
BLK-3	0,775	0,771	0,811
BLK-4	0,863	0,833	0,819
CNK-1	0,784	0,762	0,811
CNK-2	0,749	0,745	0,784
CNK-3	0,767	0,797	0,793
CNK-4	0,806	0,819	0,824
TKR-1	0,850	0,802	0,806
TKR-2	0,762	0,740	0,762
TKR-3	0,789	0,811	0,841
TKR-4	0,811	0,780	0,819
TKR-5	0,767	0,736	0,793
IST-4	0,841	0,828	0,789
IST-5	0,762	0,775	0,815
IST-6	0,789	0,819	0,833
BRS-3	0,793	0,797	0,802
YLV-3	****	0,819	0,789
BRS-4	0,199	****	0,811
IZM-6	0,238	0,210	****

8. ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Abdurrahim YILMAZ

Doğum Yeri ve Tarihi : Mersin / 22.02.1988

Lisans Üniversite : Atatürk Üniversitesi

Y. Lisans Üniversite : Yüzüncü Yıl Üniversitesi

Elektronik posta : abdurrahimyilmaz@ibu.edu.tr

İletişim Adresi : BAİBÜ Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi