

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK BİBER
KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

Tuğba Pelin TOKER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİTKİ ISLAHI ve GENETİĞİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2024

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK BİBER
KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

Tuğba Pelin TOKER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİTKİ ISLAHI ve GENETİĞİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez TÜBİTAK tarafından 5220044 nolu proje ile desteklenmiştir

TEMMUZ 2024

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK BİBER
KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

**Tuğba Pelin TOKER
BİTKİ GENETİĞİ VE ISLAHI
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

TEMMUZ 2024

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK BİBER
KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

Tuğba Pelin TOKER
BİTKİ ISLAHI ve GENETİĞİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 11/07/2024 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Engin YOL
Prof. Dr. Hakan AKTAŞ
Dr. Öğr. Üyesi Rüstem ÜSTÜN

ÖZET

YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK BİBER KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

Tuğba Pelin TOKER

Yüksek Lisans Tezi, Bitki Islahı ve Genetiği Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Engin YOL

Temmuz 2024; 43 sayfa

Biber bitkisi (*Capsicum annuum* L.), dünya genelinde yaygın olarak yetiştirilen ve tüketilen bir sebze olup yüksek verim, hastalıklara dayanıklılık ve iklim koşullarına adaptasyon gibi özelliklerin iyileştirilmesi amacıyla biber ıslah çalışmaları büyük önem taşımaktadır. Geniş bir coğrafyada üretimi yapılan ve talep gören biber bitkisinde ıslah çalışmalarının daha etkin olabilmesi adına genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve güncel yenilikçi bilgiler ışığında karakterizasyonu oldukça önemlidir. Bu kapsamda ele alınan bu tez çalışmasında Akdeniz iklim kuşağında yetiştirilen biber koleksiyonunda yeni nesil dizileme verilerini kullanarak genetik çeşitliliğin ve popülasyon yapısının belirlenmesi amaçlanmıştır. Toplam 99 biber hattının yer aldığı koleksiyonda 21 adet Dolma tip, 19 adet Charleston tip, 13 adet Kapya tip, 11 adet Kıl tip, 4 adet Üçburun tip, 5 adet Şili tip, 24 adet Sivri tip, 2 adet Jalapeno tipi biber bulunmaktadır. ddRADSeq yöntemi kullanılarak SNP seviyesinde karakterize edilen koleksiyonda toplam 318.76 milyon okuma ve ortalama %37.66 GC içeriği elde edilmiştir. Yürütülen biyoinformatik analizler sonrasında 8475 SNP popülasyon yapısını belirlemede kullanılmıştır. Hatlar arasında genetik çeşitliliği belirleme amacıyla filogenetik ağaç oluşturulmuş ve ticari tiplerine göre hatların kümelendiği belirlenmiştir. Yapılan STRUCTURE analizi ile koleksiyonda iki (K=2) belirgin alt grup tanımlarken, PCoA analizi sonrası ise biber hatlarının beş gruba ayrıldığı belirlenmiştir. Popülasyonda gözlenen homozigotluk (Ho) ve beklenen heterozigotluk (He) değerleri sırasıyla 0.493 ve 0.313 olarak kaydedilmiştir. Genetik olarak uzak olan hatların melezleme sonrası potansiyel heterosis etkisine sahip olduğu dikkate alınarak potansiyel ana-baba hatlar ortaya konulmuştur. Elde edilen bulguların Akdeniz iklimine uygun biber çeşitlerinin geliştirilmesine yönelik yeni ıslah stratejilerinin geliştirilmesine ışık tutması beklenmektedir.

ANAHTAR KELİMELEER: *Capsicum*, Biber, Genetik Çeşitlilik, SNP, Yeni Nesil Dizileme

JÜRİ: Doç. Dr. Engin YOL

Prof. Dr. Hakan AKTAŞ

Dr. Öğr. Üyesi Rüstem ÜSTÜN

ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY IN PEPPER COLLECTION BY NEXT-GENERATION SEQUENCING DATA

Tuğba Pelin TOKER

MSc Thesis in Plant Breeding and Genetics

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Engin YOL

July 2024; 43 pages

The pepper plant (*Capsicum annuum* L.) is a widely cultivated and consumed vegetable, worldwide. Therefore, pepper breeding studies aimed at improving traits such as high yield, disease resistance, and climate adaptation. Determining the genetic diversity and characterizing is crucial for more effective breeding studies in the pepper plant. In this context, the aim was to determine the genetic diversity and population structure using next-generation sequencing data in a pepper collection adapted to Mediterranean climate zone. The collection includes 99 pepper lines consisting of 21 Dolma types, 19 Charleston types, 13 Kapyra types, 11 Chili types, 4 Mazamort types, 5 Chili types, 24 Sivri types, and 2 Jalapeno types. Using the ddRADSeq method, this collection characterized at the SNP level resulted in a total of 318.76 million reads and an average of %37.66 GC content. After bioinformatics analyses, 8475 SNPs were used to determine the population structure. A phylogenetic tree was created to determine genetic diversity among the lines, and it was observed that the lines clustered according to their commercial types. The STRUCTURE analysis identified two (K=2) distinct subgroups within the collection, while the PCoA analysis divided the pepper lines into five groups. The observed homozygosity (Ho) and expected heterozygosity (He) values in the population were recorded as 0.493 and 0.313, respectively. Potential parent lines were identified considering the potential heterosis effect after hybridization of genetically distant lines. The findings are expected to shed light on the development of new breeding strategies aimed at developing pepper varieties suitable for the Mediterranean climate.

KEYWORDS: *Capsicum*, Genetic Diversity, Next Generation Sequencing, Pepper, SNP

COMMITTEE: Assoc. Prof. Engin YOL

Prof. Dr. Hakan AKTAŞ

Asst. Prof. Rüstem ÜSTÜN

ÖNSÖZ

Yeni nesil dizileme verileri kullanılarak biber koleksiyonunda genetik çeşitliliğin belirlenmesi, modern tarım ve ıslah çalışmaları için büyük bir önem taşımaktadır. Bu çalışmalar, biber çeşitlerinin genetik yapısını ve popülasyon dinamiklerini derinlemesine anlamamızı sağlayacaktır. Aynı zamanda hastalık ve zararlılara daha dayanıklı, yüksek verimli ve çevresel streslere karşı toleranslı biber çeşitleri geliştirme sürecini kısıltacaktır. Genetik çeşitlilik, canlı ve cansız streslere karşı biber bitkisinin dayanıklılık kazanması ve iklim değişikliklerine uyum sağlaması için kritik bir faktördür. Ayrıca, biberin genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir tarım uygulamalarının desteklenmesi açısından da büyük bir öneme sahiptir. Yeni nesil dizileme teknolojileri, genetik materyalin daha hızlı ve doğru bir şekilde analiz edilmesine olanak tanıyarak, ıslah çalışmalarının etkinliğini artırır. Bu nedenle, bu tür genetik çalışmalar, biber yetiştiriciliğinde yenilikçi çözümler sunarak tarımsal üretimin sürdürülebilirliğine ve gıda güvenliğine katkı sağlar.

Bu tez çalışmasında, 99 biber hattının genetik çeşitliğinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Biberin genetik çeşitliliğinin belirlenmesi, bitki genetiği ve ıslahı alanına önemli katkılar sunmaktadır. Bu tez konusunu bana veren ve yüksek lisans tezi çalışmamın planlanmasında ve her aşamasında her türlü bilgi ve tecrübesiyle bana yol gösteren ve sabırla desteğini hiçbir zaman esirgemeyen danışmanım Doç. Dr. Engin YOL'a teşekkürlerimi ve şükranlarımı sunarım. Tez kapsamında kullanılan biber hatlarını sağlayan Anamas Tohum Şirketine şükranlarımı arz ederim.

Akdeniz Üniversitesi Bitki Islahı Genetiği Anabilim Dalı Başkanlığına ve akademik kadroda yer alan bütün saygı değer hocalarıma, teorik ve pratik bilgilerini benimle paylaşan özellikle Prof. Dr. Cengiz TOKER'e ve bölümdeki diğer çalışma arkadaşlarıma teşekkür ederim. Tez çalışmam sırasında değerli bilgi ve tecrübelerini benimle paylaşan ve laboratuvar imkanlarından faydalanmamı sağlayan sayın Doç. Dr. Cengiz İKTEN hocama, yapılan çalışmalarda bana yardımcı olan Dr. Hilal Şule TOSUN'a ve Dr. Payman EHSAS'a değerli katkılarından ötürü teşekkür ederim. Ayrıca, tezimin yazımı aşamasında deneyimlerini benimle paylaşan, manevi ablam Dr. Hatice SARI'ya (Washington State University, Pullmann, ABD), ve yüksek lisans eğitimimde her zaman yanımda olan çocukluk arkadaşım Dyt. İrem Serra PEKŞEN'e teşekkür ederim.

Bugüne kadar edindiğim eğitim ve öğretim hayatım boyunca her konuda maddi ve manevi destek sağlayan, beni cesaretlendiren, beni bugünlere getiren, sevgisini hiçbir zaman esirgemeyen canım annem Sibel TOKER'e ve kardeşim Karahan TOKER'e sonsuz teşekkürler.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ.....	iii
AKADEMİK BEYAN	v
SİMGELER VE KISALTMALAR	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI.....	4
2.1. Biberde Yapılan Genetik Çalışmalar.....	4
2.2. ddRAD Kullanılarak Yapılan Genetik Çalışmalar	10
3. MATERYAL VE METOT	12
3.1. Materyal.....	12
3.1.1. Genetik materyal.....	12
3.2. Metot	15
3.2.1. DNA izolasyonu	15
3.2.2. Kütüphane kurulması.....	18
3.2.3. Biyoinformatik analizler.....	19
3.2.4. Genetik çeşitlilik analizleri.....	20
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	21
4.1. Genotipleme.....	21
4.2. Popülasyon Yapısının Belirlenmesi.....	26
5. SONUÇLAR.....	33
6. KAYNAKLAR	34
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Yeni Nesil Dizileme Verileri Kullanılarak Biber Koleksiyonunda Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

17/07/2024

Tuğba Pelin TOKER



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

cm : Santimetre

°C : Santigrat derece

gr : Gram

ha : Hektar

HCl : Hidroklorik asit

K : Popülasyon sayısı

Kb : Kılobaz

Kg: Kilogram

M : Molar

Mb : Megabaz

ml : Mililitre

mM : Milimolar

NaCl : Sodyum Klorür

rpm : Dakikadaki devir sayısı

µl : Mikrolitre

t: ton

Tezin tüm bölümlerinde geçen ondalık rakamlarında ayraç olarak “.” kullanılmıştır.

Kısaltmalar

AFLP : Amplified Fragment Length Polimorphism - oęaltılmış Para Uzunluk Polimorfizmi

AMOVA : Moleküler Varyans Analizi

CTAB : Cetyl Trimethylammonium Bromide

ddRAD: double-digest restriction-site associated DNA sequencing

EDTA : Etilen Diamin Tetra Asetat

FAO : Food and Agriculture Organization of the United Nations – Dnya Tarım rgt

FIS: Akrabalı yetiřtirme katsayısı

GBS: Genotyping by Sequencing

GD: Genetik eřitlilik

GWAS: Genom apında iliřkilendirme alıřmaları

HPLC: High Basınlı Sıvı Kromatografisi

HRM: High resolution melting

ISSR : Inter-Simple Sequence Repeat- Kısa Dizi Tekrarı Arası

MAF: Minor allel frekansı

MAS: Marker assisted selection

NJ: Neighbour joining – Bitiřik birleřtirme

PCA: Temel komponent Analizi

PCoA : Temel koordinat Analizi

PCR: Polymerase Chain Reaction – Polimeraz Zincir Reaksiyonu

PIC : Polimorfizm Bilgi İerięi

RAPD : Random Amplified Polymorphic DNA- Rastgele oęaltılmış DNA Farklılıęı

RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism – Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi

QTL : Kantitatif Özellik Lokusu

SCAR : Belirlenmiş ve Çoğaltılmış Polimorfik Diziler

SNP : Single Nucleotide Polymorphisms - Tek Nükleotit Polimorfizmi

SSR : Simple Sequence Repeats - Basit Dizi Tekrarı

UPGMA: Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean - Ağırlıksız Grup Yöntemi ile Aritmetik Ortalama



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Tez çalışmasında kullanılan biber bitkileri.....	15
Şekil 3.2. Tez çalışması kapsamında yapılan DNA izolasyonu.....	17
Şekil 3.3. DNA izolasyonu sonuçları.....	17
Şekil 3.4. Çalışma kapsamında kütüphane hazırlanması	18
Şekil 4.1. UPGMA kümeleme yöntemi ile biber hatları arasındaki genetik ilişki	27
Şekil 4.2. Toplam 99 biber hattının temel koordinat analizi (PCoA) sonuçları	28
Şekil 4.3. En iyi K değerinin belirlenmesi için oluşturulan Delta K grafiği.....	32
Şekil 4.4. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen verilere sonuçların dağılımları.....	32

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Çalışma kapsamında kullanılan biber genotipleri.....	12
Çizelge 4.1. Tez kapsamında kullanılan biber hatlarının filtreleme öncesi ve sonrası okuma değerleri.....	21
Çizelge 4.2. SNP'lerin kromozomlara dağılımı.....	24
Çizelge 4.3. Filtrelenmiş verilerdeki alel sayısını ve alel oluşum sıklığını gösteren SNP istatistikleri.....	25
Çizelge 4.4. Tez kapsamında kullanılan 99 biber genotipinden oluşan çeşitlilik panelinde biber popülasyonunun genetik varyasyonu.....	26
Çizelge 4.5. Tez kapsamında kullanılan 99 biber hattının ait olduğu gruplar	30

1. GİRİŞ

Biber (*Capsicum annuum* L.) Solanaceae familyasındaki *Capsicum* L. cinsine aittir (Greenleaf 1986). Biber cinsi içinde yaygın olarak tarımı yapılan türler: *C. annuum* L., *C. chinense* Jacq., *C. frutescens* L. ve *C. baccatum* L. ve *C. pubescens* Ruiz & Pav. olarak belirlenmiştir (Walsh ve Hoot 2001). Tarımı yapılan biberlerin Orta Amerika yerlileri tarafından yaklaşık 6000 yıl önce yabani biber popülasyonlarından kültüre aldığı tahmin edilmektedir (García-Gaytán vd. 2017). Biber kendine döllen bir bitkidir (Lange 1949) ve $2n = 24$ kromozom sayısına sahiptir. Biberin tahmini genom boyutu 3.5 Gb olarak bildirilmiştir (Shirasawa vd. 2023).

FAO 2022 verilerine göre dünyada *Capsicum* cinsindeki biberler (tatlı ve yeşil türleri dahil olmak üzere) yaklaşık 2 milyon ha alanda yetiştirilmekte olup yaklaşık 37 milyon tonluk bir üretim söz konusudur (FAOSTAT 2024). TÜİK (2024) verilerine göre Türkiye’de biber yaklaşık 76 bin ha alanda ekilmekte ve 3 milyon tonun üzerinde üretilmektedir. Sivri biber üretimi yaklaşık 939 bin ton üzerindeyken, salçalık ve kopya biber üretimi 1.6 milyon ton ile en yüksek olmuştur, bunu yaklaşık 395 bin ton ile dolmalık biber takip etmiştir. En düşük üretim ise 143 bin ton ile çarliston biberde gerçekleşmiştir (TÜİK, 2024). Ülkemizde biberden elde edilen verim yaklaşık dekara 4 ton olarak açıklanmıştır (FAOSTAT 2024). Dünyada biber üretim trendleri izlendiğinde, 1961 yılında yaklaşık 6 milyon ton üretimi yapılırken, günümüzde bu rakam yaklaşık 37 milyon ton olarak kaydedilmiştir (FAOSTAT 2024). Global biber üretiminin yaklaşık yarım asırda altı kattan fazla artması biber bitkisine olan talebin her geçen yıl giderek arttığını yansıtmaktadır.

Üretilen biberler, özellikle C ve A vitaminlerinin yanı sıra karotenoidler ve kapsaisinoidler de dahil olmak üzere yüksek besin değeri nedeniyle insan beslenmesi dahil birçok alanda kullanılmaktadır (Villa ve Ochoa 2020). Biber bitkisinin ağrı giderici, kanser önleyici ve kilo verdirici olarak da potansiyel değere sahip olabileceği rapor edilmiştir (Srinivasan 2016). Biber, C ve E vitaminleri, provitamin A, karotenoidler ve fenolik bileşikler bakımından zengin olması yanı sıra antioksidan aktiviteye sahip metabolitlerle beslenme açısından faydalı pek çok biyoaktif bileşiklere (polifenoller, flavonoidler ve tanenler) de sahiptir (Materska ve Perucka 2005; Sun vd. 2007; Bae vd. 2016). *C. annuum*, dünyada yetiştirilen beş biber arasında en yaygını olup, tatlı ve acı biberlerden oluşur. Tatlı biber olarak tüketilen Dolma biberi, Akdeniz mutfağında yaygın olarak pirinç/bulgur vb ve etle doldurularak tüketilmektedir (Demirkaya ve Güneş 2022). Sivri tip biberler uzun ve Sivri uçlu olup, Dolma tipi biberler Sivri bibere göre daha yüksek C vitamini içeriğine sahiptir (Frery vd. 2008). Kıl biberler Sivri biberlere benzerler ama Kıl biberler Sivri biberlerden oldukça incedir. Çarliston biberleri daha çok çiğ tüketilir ve tatlıdır (Frery vd. 2008). Taze tüketime veya salça üretimine uygun tatlı biber çeşidine Kopya tipi biberler denir (Tomlekova vd. 2021). Üçburun biberinin üç ucu vardır, olgunlaşmadan önce (taze iken) yeşildir ve tatlıdır. Genellikle acı tat veren ve taze veya salamura ile yenilen biberler acı ve Jalapeno tipi biberlerdir.

Biberin anavatanı Kuzey Amerika'nın güneyi, Karayipler, Orta Amerika ve Güney Amerika'nın kuzeyi (Richard vd. 1964; Mangelsdorf vd. 1964) olarak kabul edilse de dünya çapında hem acı hem de tatlı olarak çok sayıda kültür biberi çeşidi üretilmektedir. Özellikle acı biberler, beslenmede acılık (kapsaisin) ve renk (kapsantin) katması için

kullanılmaktadır. Kapsaisin maddesinin, özellikle tıbbi amaçlarla, antiinflamatuvar formülasyonlarda kullanımı mevcuttur (Papoiu, ve Yosipovitch, 2010). Kapsaisin maddesi aynı zamanda, eski kültürlerde mide ülseri, hazımsızlık, iştah kaybı ve gastroözofageal reflü hastalıkları dahil olmak üzere çeşitli gastrointestinal sorunları tedavi etmek için kullanılmıştır (Maji ve Banerji 2016). Ayrıca, allopatik ve ayurvedik olarak tıpta (Sumathy ve Mathew 1984) da kullanılmaktadır. Bununla birlikte, biberin birden fazla şekilde kullanılması, birçok yeni çeşidin oluşmasına ve dolayısıyla önemli bir çeşitlenmeye (genetik varyasyona) yol açmıştır (Bosland 1995).

Yeni çeşitlerin geliştirilmesine yönelik çalışmalarda genetik çeşitliliğin keşfedilmesi ve biber genetiği ve ıslah çalışmalarında kullanılması son derece önemlidir (Taranto vd. 2016). Biber ıslahında çeşitli boyut, şekil ve renklerde dolmalık biber, acı biber ve tatlı biber üretmek için önemli sayıda genetik kaynak kullanılmıştır (Babu vd. 2011). Mevcut çalışma çabaları ile elde edilmiş geniş çeşitliliğe rağmen, dünya çapında çeşitli iklim koşullarına, tüketici tercihlerine ve kalite standartlarına uygun, canlı ve cansız (biyotik ve abiyotik) streslere dayanıklı yeni biber hatlarına gereksinim bulunmaktadır (Babu vd. 2011). Biber yetiştiriciliğinde popülasyon yapısını ve genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla tarımsal-morfolojik özellikler (Golkar ve Nourbakhsh 2019), kalite özellikleri ve moleküler markerler gibi birçok araç kullanılmaktadır. Bunlar arasında moleküler markerler, geleneksel yöntemlere kıyasla seçim (seleksiyon) başarısını önemli ölçüde artırabilmektedirler. Aynı zamanda bunlar ıslah süreçlerini de kısaltabilmektedirler (Lee 2019). Bitki ıslahı çalışmalarında, kültürü yapılan ve yabani tip türlerdeki ilişkiler ve genetik çeşitlilik düzeyleri, RFLP (restriction fragment length polymorphism) (Botstein vd. 1980; Livneh vd. 1992) RAPD (random-amplified polymorphic DNA) (Hadrys vd. 1992), AFLP (amplified fragment length polymorphism) (Caetano-Anolles, vd. 1993) ve SSR (simple sequence repeat, microsatellite) (Akkaya vd. 1992) gibi bazı DNA markerleri kullanılarak belirlenmiştir. Bununla birlikte, bu markerlerin çoğu, spesifik olmama, düşük yoğunluk ve eksik kapsam nedeniyle sınırlamalara sahiptir ve özellikle biberin büyük genomu nedeniyle modern genetik çalışmalarında kullanımlarını zorlaştırmaktadır (Qin 2014; Kim 2014). Ancak, tek nükleotid polimorfizmi SNP (single nucleotid polymorphism) markerleri, bi-alelik yapıları nedeniyle çeşitli avantajlara sahiptir. SNP markerler sadece büyük popülasyonların daha hızlı analizine olanak sağlamaz, aynı zamanda çeşitli türde genotipleme sistemlerine, basit allel belirleme ve veri tabanı depolamasına olanak tanırlar (Manivannan vd. 2018; Thomson 2014). Son yıllarda, *Capsicum* spp.'de çeşit tanımlaması için SNP markerleri üretilmiş ve kullanılmıştır (Jung vd. 2010; Jeong vd. 2010).

ddRADSeq (double-digest restriction site associated DNA), genomun büyük bölgelerinde uygun bir şekilde kullanılabilen, daha az maliyetli olmasının yanında, farklılık analizine imkân sağlayan bir genom dizileme yöntemidir (Peterson vd. 2012). Kısaca, bu yöntem şu adımlardan oluşur: (i) DNA'nın iki enzim tarafından kesilmesi, (ii) ortak bir adaptörün ve barkodlu adaptörlerin ligasyonu, (iii) bir araya getirme, (iv) sekanslama için boyut seleksiyonu, (v) kütüphane zenginleştirme (vi) ve dizileme yapılmasıdır (Peterson vd. 2012). ddRAD kütüphane hazırlama aşamasında iki restriksiyon enzimi kullanılır, böylece verimli bir şekilde daha fazla veri elde etme şansı ortaya çıkmaktadır (Schweyen vd. 2014). Son yıllarda ddRADSeq yöntemi kullanılarak susam (Başak vd. 2019), domates (Esposito vd. 2020), hardal bitkisi (Sudan vd. 2019),

anason (Mehravi vd. 2021) ve tatlı biber (Tripodi vd. 2022) gibi farklı bitkilerdeki genetik çeşitlilikler SNP ile tanımlanmıştır.

Genetik çeşitlilik, yeni iklim koşullarına ve farklı stres faktörlerine dayanıklı yeni ve fonksiyonel alelleri kullanma açısından son derece önemlidir. Ayrıca tüketiciler, biberlerin lezzeti, rengi ve acı yoğunluğu konusunda farklı tercihlere sahiptirler. Farklı biber hatlarının geliştirilmesi ile üreticiler ve ziraat mühendisleri, bu tercih yelpazesine uygun biberlerin piyasaya sunulmasını ancak sahip oldukları genetik farklılık ile sağlayabilirler. Bu açıdan mevcut çalışma, SNP düzeyinde 99 biber hattından oluşan bir biber koleksiyonunun genetik çeşitliliğinin ddRADSeq metoduyla belirlenmeyi amaçlamaktadır. Bu genetik verilerin gelecek ıslah çalışmalarında ve yeni melez kombinasyonlarında kullanılması projenin temel hedefidir.



2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Biberde Yapılan Genetik Çeşitlilik Çalışmaları

İnsan beslenmesinin önemli bir parçası olan biber bitkisinin ıslahında, özellikle moleküler markerler (Tsaballa vd. 2015) ve yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak (Ashrafi vd. 2012), biberin genetik yapısı ve çeşitleri hakkında ayrıntılı bilgiler elde edilmektedir (Hill vd. 2017). Bu çalışmalar genellikle çeşitli moleküler markerlerin örneğin SSR'ler (basit dizi tekrarları) (Minamiyama vd. 2006), SNP'ler (tek nükleotid polimorfizmleri) (Lu vd. 2012; Nicolai vd. 2012) ve RAPD'ler (rasgele amplifiye polimorfik DNA) (Patel vd. 2009) analizi ile yapılmaktadır. Daha güçlü bir heterotik etkiye sahip üstün türler ve hibrit kombinasyonlar oluşturmak için biber genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik çok önemlidir (Santos Pessoa, vd. 2018). Genetik çeşitliliği değerlendirerek, araştırmacılar genotipleri tanımlayabilir, germplazm koleksiyonlarını karakterize edebilir (Swarup vd. 2021) ve hastalık dayanıklılığı (Khan ve Korban 2022), meyve kalitesi (Naegel vd. 2016) ve verim potansiyeli gibi önemli özelliklerin genetik temelinin açıklayabilmektedirler. Bu tür çalışmalar, arzu edilen tarımsal özelliklere sahip geliştirilmiş biber çeşitleri geliştirmeyi hedefleyen ıslah programları için değerli öngörüler sağlamaktadır.

Kochieva ve Ryzhova (2003) yılında 14 *Capsicum annuum* çeşidinde AFLP markerleri kullanarak genetik çeşitliliği ele almışlardır...İncelenen çeşitlerin tanımlanmasını sağlamak için dokuz primer çifti seçilip, bu primerlerle tespit edilebilen çeşitler arası polimorfizmin %16,5 olduğu belirlenmiştir. Her çeşit için karakteristik bir AFLP modeli elde edilmiş ve yedi çeşit için farklı çeşitlere özgü markerler ortaya çıkarılmıştır. AFLP verilerine dayanarak çeşitler arasındaki genetik mesafeler belirlenmiş ve hiyerarşik küme analizi (UPGMA) kullanılarak bir filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Bu bilginin, incelenen çeşitleri içeren ıslah programlarında faydalı olacağı belirtilmiştir.

Oyama vd. (2006) RAPD markerleri ile *Capsicum annuum*'un 15 yabancı popülasyonunun ve kültüre alınmış üç popülasyonun genetik varyasyon düzeylerini ve genetik yapısını incelemişlerdir. Toplamda, sırasıyla yabancı ve kültüre alınmış popülasyonlarda 166 bant (hepsi polimorfik) ve 126 bant (bunların 125'i polimorfik) amplifiye edilmiştir. Ortalama polimorfizm yüzdesi, yabancı popülasyonlarda %34.2 ve kültüre alınmış popülasyonlarda %34.7 olarak belirlenmiştir. Ortalama ve toplam genetik çeşitlilik, yabancı popülasyonlar için sırasıyla 0.069 ve 0.165, kültüre alınmış popülasyonlar için ise 0.081 ve 0.131 olarak bulunmuştur. Yabancı ve kültüre alınmış popülasyonlar, Jaccard mesafelerinden oluşturulan UPGMA dendrogramında (ortalama GD = 0.197), AMOVA (popülasyon türleri arasında varyansın %17.2'si, $p = 0.001$) ve çok boyutlu ölçekleme analizi ile belirgin bir biçimde ayrılmıştır. Bu farklılaşmanın, örneklerin gen havuzlarının farklı kökenleri ile ilişkilendirilebileceği belirtilmiştir.

De Masi vd. (2007) Güney İtalya'dan sekiz yerel biber (*Capsicum annuum* spp.) çeşidinin morfolojik, verim, başlıca kalite parametreleri ve genetik farklılıkları üzerine bir çalışma ele almışlardır. Meyve morfolojik karakterleri ve verim değerleri tarımsal analizlerle değerlendirilmiştir. Kimyasal ve genetik araştırmalar yüksek performanslı sıvı kromatografisi (HPLC) ve rastgele amplifiye edilmiş polimorfik DNA (RAPD)-PCR yöntemleriyle gerçekleştirilmiştir. Özellikle, karotenoid ve kapsaisinoid (acılık) içerikleri, acı biberin başlıca kalite parametreleri olarak kabul edilmiştir. Seçilen sekiz

örnek için, oluşturulan RAPD markerlerinden türetilen genetik benzerlik değerleri hesaplanmış ve genetik benzerlik dendrogramı oluşturulmuştur. Tüm sekiz yerel çeşit, karakteristik RAPD morifleri göstermiş ve bunların karakterize edilmesini sağlamıştır. Bu çalışmanın sonuçları, ıslaha uygun üç değerli popülasyonu anlaşılır kılmıştır ve bunlar dendrogram sonuçları ile uyumlu bulunmuştur.

Aktaş vd. (2009) tarafından yapılan bir araştırmada, 6'sı kendilenmiş hat olmak üzere ülkemizde yetiştirilen 14 biber genotipi arasındaki genetik ilişki moleküler marker ile belirlenmiştir. Bu genotipler arasındaki taksonomik ilişkiler ve genetik çeşitlilik 5 yabancı biber genotipi ile birlikte araştırılmıştır. Biber genotipleri arasındaki genetik benzerliği dendrogramlarla veya iki ve üç boyutlu ölçeklendirmeye tanımlamak için 4 primer çiftinden toplam 215 DNA fragmanından 56 (%26) polimorfik AFLP markeri kullanılmıştır. Sonuç olarak Alata Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nün kendilenmiş hatları benzer gruplara ayrılmış ve düşük genetik çeşitlilik göstermiştir. Yerel diğer hatların ise nispeten daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu bildirilmiştir.

Bozokalfa vd. (2009) Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan biber koleksiyonunda fenotipik çeşitlilik, niceliksel ve niteliksel özellikler açısından değerlendirilmiştir. Germplazm hatları ve ticari çeşitler de dahil olmak üzere toplam 48 genotip İzmir'de tarla koşullarında birbirini takip eden iki yaz döneminde (2004 ve 2005) incelenmiştir. Tüm aksesyonlar, fidelerin ortaya çıkmasından bitkilerin olgunluğuna kadar 67 tarımsal-morfolojik özellik açısından karakterize edilmiştir. Morfolojik veriler temel bileşenler analizine ve ardından hiyerarşik kümelemeye tabi tutulmuştur. Bu, morfolojik ve tarımsal özelliklere dayalı olarak yedi grup olduğunu göstermiştir. İlk altı temel bileşen eksen, 48 aksesyon ve bunların satırları arasındaki varyansın %54.29'unu açıklamaktadır. Varyansın büyük bir kısmı meyve çapı, meyve ağırlığı, hacmi, meyve duvar kalınlığı, meyve verimliliği ve meyvede çözünebilir katı ve kuru madde içeriği gibi özelliklerden kaynaklanmaktadır. Koleksiyonda bulunan yüksek çeşitlilik, biberin tarımsal özelliklerin geliştirilmesinde büyük potansiyele sahip olduğunu gösterdiği belirtilmektedir.

Monteiro vd. (2010) *Capsicum* cinsine ait 23 aksesyonun genetik farklılığına bakmışlardır. Varyans analizleri, biber aksesyonları arasında ($P < 0.05$) gibi önemli farklar göstermiştir. Varyasyon katsayısı, %8.97 (LF) ile %30.91 (NFA) arasında değişmiştir. Tocher optimizasyon yöntemi ile kantitatif tanımlayıcılar için sekiz küme ve aynı zamanda kalitatif çok kategorili tanımlayıcılar için de sekiz küme tespit etmiştir. UPGMA yöntemi, kantitatif tanımlayıcılar için üç küme ve çok kategorili tanımlayıcılar için dört küme belirlemiştir. Bu sonuçlara göre, kullanılan *Capsicum* gen bankasında türler arası ve tür içi genetik çeşitlilik belirlenmiştir ve tekrarlanan aksesyonların olmadığına işaret etmiştir. Sonuç olarak, genetik kaynakların korunması ve ıslah programlarına dahil edilmesi bakımından gen bankalarındaki aksesyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi önem arz etmektedir.

Tripodi vd. (2022), İtalya menşeli yerel bir tatlı biber tipi olan 'Peperone Cornetto di Pontecorvo' üzerinde genetik çeşitlilik belirleme çalışmaları yapmışlardır. Bu çeşitle aynı isme sahip olarak iddia edilen farklı aksesyonlar bulunmakta ve bu genotipin saf çeşit özelliklerinin ortaya konması hedeflenmiştir. Bu çalışmada, 14 'Peperone Cornetto di Pontecorvo' aksesyonu ve 7 benzer boynuz tipi biber, agro-morfolojik performansları ve kimyasal bileşimleri açısından incelenmiştir. Dijital meyve görüntüleme, meyvelerin

morfometrik parametrelerini yüksek doğrulukla belirlemek için bir araç olarak kullanılmıştır. Toplamda 52 özellik değerlendirilmiştir. Çok değişkenli analiz, 'Peperone Cornetto di Pontecorvo'yu benzer tiplerden ayıran farklı kümeleri ortaya koymuştur. Meyvelerin ağırlığı ve boyutu ile çözünür katı içeriği, incelenen çeşitler arasındaki en ayırt edici faktörler olarak belirlenmiştir. ddRAD dizileme kullanılarak gerçekleştirilmiş ve analizlerde toplamda 120 milyon ham veri ve 2196 yüksek kaliteli SNP elde edilmiştir. Hem Bayesian hem de hiyerarşik kümelenme analizleri, 'Peperone Cornetto di Pontecorvo' aksesyonlarını benzer tiplerden ayıran iki farklı ($K = 2$) alt popülasyonun varlığını doğrulamıştır. Ayrıca, çeşitlerin genetik çeşitliliği ile coğrafi kökenleri arasında doğrudan bir ilişki bulunmuş ve farklı kırsal alanlardaki yerel çeşitlerin ıslah tarihleri hakkında ipuçları sağlanmıştır. Genomik markerler, bu yerel çeşidin farklılığını belirlemek için değerli bir araç olarak kullanılmıştır.

Zhao vd. (2014) 13 'Xianlajiao' ve *Capsicum* cinsinden yedi aksesyon ile toplam 20 *Capsicum* gen plazmasının genetik çeşitliliği RAPD ve SSR markörleri kullanılarak analiz etmişlerdir. Xianlajiao, Çin'de uzun yıllardır yetiştirilen *Capsicum annuum* türüne ait bir biber çeşididir ancak, Çin'deki 'Xianlajiao' gen plazmasında çok benzer fenotipik çeşitlilik bulunmaktadır. Bahsedilen çalışmada, moleküler markör analizleri, morfolojik karakterlere dayalı bir analizle karşılaştırılmıştır. Sonuçlar, her iki tür moleküler markörün de 20 *Capsicum* aksesyonu içinde genetik çeşitliliği belirleyebildiğini ve SSR'ler ile elde edilen genetik çeşitlilik tahminlerinin RAPD'lere göre daha yüksek olduğunu göstermiştir. RAPD'lerde her bir primer ile üç ila on fragment amplifiye edilmiştir, ortalama olarak primer başına 5.7 fragment. 38 rastgele primer kullanılarak, 20 aksesyonda 218 bant amplifiye edilmiş ve bunların 168'i polimorfik çıkmıştır (polimorfizm oranı %77.1 bulunmuştur). 20 *Capsicum* aksesyonunun genetik benzerliği (GC) 0.615 ile 0.905 arasında değişmiştir. SSR'lerde, primer çifti başına iki ila sekiz fragment amplifiye edilmiştir (ortalama 4.4). 33 çift SSR primeri kullanılarak, 20 aksesyonda 153 fragment amplifiye edilmiş ve bunların 128'i polimorfizm göstermiştir (polimorfizm oranı %82.3). 20 *Capsicum* aksesyonu GC=0.632 ile 0.886 arasında değişmiştir. Korelasyon analizi, RAPD markörleri ile morfolojik özellikler arasındaki korelasyon katsayısının 0.743, SSR markörleri ile morfolojik özellikler arasındaki korelasyon katsayısının 0.710 ve kombine RAPD+SSR verileri ile morfolojik özellikler arasındaki korelasyon katsayısının 0.65 olduğunu göstermiştir; bu korelasyon katsayılarının tümü istatistiksel olarak mantıklı bulunmuştur. Kümeleme analizi, yüksek GC ve benzer morfolojik özelliklere sahip aksesyonların birlikte kümelenme eğiliminde olduğunu göstermiştir. Moleküler markörler ve morfolojik karakterler kullanılarak elde edilen sonuçlar arasında iyi bir uyum bulunmuştur.

Rivera vd. (2016) biberde kaliteli çeşitlerin dünya genelinde çeşitlilik gösteren ve heterojen olan yerel çeşitlerin yerini giderek daha fazla almış olmasından dolayı genetik erozyonu incelemişlerdir. Bahsedilen çalışmada, yirmi yedi morfolojik tanımlayıcı ve yirmi SSR marker kullanılarak Kuzey-Batı İspanya'dan yirmi altı yerel çeşit kaynaklı saf hat ve üç yerel çeşidin tarımsal performansları ve genetik çeşitliliklerine bakılmıştır. Bu koleksiyonda, tüm incelenen özellikler için fenotipik değişkenlik sergilenmiştir ve bu özellikler, verim haricinde, lokasyondan etkilenmiştir. Temel komponent analizi, yerel çeşitleri tanımlayıp gruplara ayırmış, yalnızca Arnoia, Punxin ve Blanco Rosal çeşitleri birtakım benzerlikler göstermiştir. Varyansın büyük kısmı, meyve ağırlığı, perikarp kalınlığı ve meyve şekli ve rengi gibi özelliklerden kaynaklanmıştır. Moleküler analizler,

koleksiyon içinde yüksek düzeyde genetik çeşitlilik sergilemiş ve diğer İspanyol biber yerel çeşitlerinde daha önce tespit edilmemiş belirli allellerin var olabileceğini göstermiştir. Çok değişkenli ve Bayesian kümeleme analizleri, yerel çeşitlerin öncelikle coğrafi kökenlerine, ikincil olarak da meyve özelliklerine göre gruplanmış olduğunu gösterdi. Bunun sonucunda, genetik olarak birbirinden farklı altı yerel çeşit grubu belirgin bir şekilde tanımlanmıştır. Ayrıca, Mougan ve Arnoia yerel çeşitleri acılık karakteri ile ilişkili bir allel barındırdığı belirtilmiştir.

Solomon vd. (2019) yaptıkları bir araştırmayla Etiyopya'nın farklı coğrafi bölgelerinden 142 *Capsicum* genotipinden oluşan bir koleksiyonun genetik çeşitliliğini belirlemeyi amaçlamışlardır. Bitki büyüme parametrelerinin ölçümü, bitki yüksekliği, sap kalınlığı, internod uzunluğu, yan dalların sayısı, meyve genişliği ve meyve uzunluğu gibi parametrelerde germplazmlar arasında farklılık gösterdiğini ortaya koymuştur. 142 *Capsicum* germplazm panelinde tek nükleotid polimorfizmlerini (SNP'ler) belirlemek için GBS yöntemi kullanılmış ve genom genelinde 2.831.791 SNP markeri görülmüştür. Bunlardan 53.284 yüksek kaliteli SNP seçilmiş ve genetik çeşitlilik, populasyon yapısı ve filogenetik ilişkilerin seviyesinin tahmin edilmesinde kullanılmıştır. Model tabanlı genetik analizi, filogenetik ağacı ve temel-koordinat analizi (PCoA) ile iki ayrı genetik populasyon belirlenmiş olup biri 132 *C. annuum* aksesyonu içerirken diğeri ise dokuz *C. frutescens* aksesyonundan oluşmuştur. GWAS analizi sonucunda; meyve, sap ve yaprakla ilgili özelliklerle büyük ölçüde ilişkilendirilen 509 SNP markeri tespit edilmiştir.

López Castilla vd. (2019) yabancı türlerin sürdürülebilir kullanımına, yönetimine ve korunmasına yönelik faydalı bilgiler üretmek için 42 ISSR lokusu kullanılarak batı Yucatan Yarımadası'nda yetiştirilen büyük önem taşıyan dokuz *Capsicum* spp. türünün genetik yapısını, çeşitliliğini ve aralarındaki genetik ilişkileri değerlendirmişlerdir. Sonuçlar, her bir aksesyonun, ilgili türü tarafından tanımlanan üç genetik gruptan oluştuğunu göstermiştir. Genetik çeşitlilik düzeyi orta düzeyde olmakla birlikte aksesyonlar arasında dağılmıştır. ISSR markerleri ile yüksek düzeyde polimorfizm tespit edilmiş ve türlerin markerler ile ayırt edilebilirliği gerçekleştirilmiştir. Sonuçlar, Batı Yucatan Yarımadası'nda toplanan aksesyonların, ıslah programlarında ve koruma programlarında kullanılabilecek değerli genetik kaynaklar olduğunu göstermiştir.

Du vd. (2019) biber çeşitlerini meyve şekline dayalı olarak bloklu, uzun boynuzlu, kısa boynuzlu ve lineer meyveler olmak üzere morfolojik olarak kategorize etmiştir. SNP temelli analizlerde ise ortalama polimorfizm bilgi içeriği, gözlenen heterozigotluk, beklenen heterozigotluk ve minör alel frekansı değerlerinin sırasıyla 0.31, 0.28, 0.4 ve 0.31 olduğu araştırmacılar tarafından bulunmuştur. Uzun boynuzlu meyve populasyonu en yüksek genetik çeşitliliği gösterirken, onu kısa boynuzlu, lineer ve bloklu meyve populasyonları takip etmiştir. Ardından, 35 SNP, çeşit tanımlaması için başka bir genotipleme tekniği olan kompetitif alel spesifik PCR (KASP) markerine dönüştürülmüştür. Yapılan PCA ve filogenetik ağaç dört meyve şekli populasyonunun birtakım benzerlikler göstermiştir. STRUCTURE analizinde çeşitlerin meyve şekline uygun olarak beş alt populasyona ayrılması mümkün olmuştur. Bu çalışmada geliştirilen SNP'lerin biberde genetik çeşitliliği, populasyon ilişkilerini ve moleküler ıslahı yapmak amacıyla önemli araçlar olduğu ifade edilmiştir. Ayrıca, bu çalışma, Çin biber çeşitlerinin genetik yapısının meyve şekline odaklanan ıslah programları tarafından önemli ölçüde etkilendiğini göstermiştir.

Gurung vd. (2020) Bhutan'da yetiştirilen Şili biber aksesyonlarının genetik varyasyonunu morfolojik karakterizasyon kullanarak belirlemeyi amaçlamışlardır. Bunun için, farklı lokasyonlardan 27 aksesyon, 50 morfolojik tanımlayıcıya göre değerlendirilmiştir. Sonuçlar, bu çalışmada değerlendirilen ve *Capsicum frutescens* L., içeren aksesyonlar hariç, tüm aksesyonların *Capsicum annuum* L. olduğunu göstermiştir. *C. annuum* aksesyonları arasında kalitatif ve kantitatif karakterlerde yüksek varyasyonlar gözlemlenmiştir. Meyve bileşenleri, özellikle meyve genişliği (%54.99), meyve uzunluğu (%50.87) ve meyve duvar kalınlığı (%148) yüksek varyasyon katsayıları sergilemiştir. Hiyerarşik kümeleme analizi, aksesyonları 5 Euclidian (öklid) mesafede 10 kümeye bölmüştür. İnce uzun meyveler ve yarı buruşuk meyveler ile karakterize edilen on bir aksesyon bir kümeye yerleştirilmiş ve temel komponent analizinde, değerleri 1'den büyük olan on dört bileşen görülmüştür. Bu bileşenler varyasyonun %83'ünü izah etmiştir. Bu sonuçlar ile, Bhutan'da yetiştirilen *C. annuum* aksesyonları geniş bir varyasyon göstermiştir. Bu varyasyon, çeşitli ekolojik bölgeler ve mikro iklimler ile açıklanabilmektedir. Ancak, aksesyonların çeşitliliğini ispat etmek için moleküler düzeyde çalışmalar yapılması önerilmektedir.

Shiragaki vd. (2020) ele aldıkları çalışmalarında beşi kültür formu, ikisi yabani tür olmak üzere 28 *Capsicum* genotipinde rDNA-ITS kullanarak koleksiyondaki genetik çeşitliliği analiz etmişlerdir. *C. annuum*, *C. baccatum* ve *C. pubescens*'te spesifik morfolojik özellikler bulunmuştur. *C. annuum*'un bu çalışmada tüm türler arasında en düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğu ifade edilmiştir. Filogenetik ağaçta, *C. annuum*, *C. baccatum* ve *C. pubescens* için türlerinin ayrıldığı görülmüştür. Bu çalışma, rDNA-ITS bölgelerinin kültüre alınmış *Capsicum* türlerinin basit tanımlanması için kullanılabileceğini göstermektedir.

Rabuma vd. (2020), Etiyopya ve Hindistan'dan toplam 233 biber aksesyonunun *P. capsici* enfeksiyonuna maruz kalmasının üzerine bir araştırma yürütmüşlerdir. Araştırmada 22 yüksek dayanıklı ve 17 orta derecede dayanıklı genotip belirlenmiştir. Araştırmacılar aynı zamanda koleksiyonda yer alan 32 biber aksesyonunda genetik çeşitlilik analizi yapmışlardır. Değerlendirilen toplam 19 SSR markerden, yalnızca 14 SSR marker polimorfik yapı göstermiştir. Sonuçlar, seçilen genotipler arasında ortalama 2.214 allel olmak üzere toplam 31 allelin amplifiye edildiğini göstermiştir. Yalnızca 3 SSR markerde maksimum 3 allel gözlemlenmiştir. 14 SSR dikkate alındığında, 0.12 ile 0.98 arasında değişen ortalama 0.64 PIC değerleri, %11.45 ila %96.87 arasında değişen ortalama %57.69 polimorfik lokus oranları ve 1.058 ila 2.174 arasında değişen ortalama 2.213 etkili allel sayısı (Ne) elde edilmiştir. Genetik farklılık indeksi (GDI) değeri, en yüksek GDI (0.51) değeriyle Gutowayu_80039 ve IC_537646 genotiplerinde gözlenmiştir. AMOVA analizine göre, *C. annuum*'un dokuz popülasyonunda toplamda popülasyonlar arasında %42 ve popülasyonlar içinde %58 varyasyon tespit edilmiştir.

Yıldız vd. (2020) yürüttükleri çalışmada, 94 biber genotipinden oluşan koleksiyonlarında genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısını iPBS markerleri kullanarak karakterize etmişlerdir. Toplam 20 iPBS primerinin kullanıldığı çalışmada polimorfik olan 172 bant elde edilmiş (ortalama = 8.6 bant/primer), *C. annuum*, *C. chinense* ve *C. frutescens* alt kümelerinde sırasıyla %83, %69 ve %80 oranında polimorfizm kaydedilmiştir. Analiz edilen tüm taksonlar iPBS markerleri tarafından net bir şekilde farklılaştırılmıştır. Markerlerin polimorfizm bilgi içeriği 0.15 ile 0.99 arasında değişmekte olup ortalama 0.66 olarak bulunmuştur. Farklı yöntemlerle yapılan küme

analizleri (UPGMA, YAPI, ve temel koordinat analizi), tüm *C. annuum* aksesyonlarını diğer biber türlerinden net bir şekilde ayrıldığını göstermiştir. Türler arası düzeyde, 3 kümeleme yönteminde *C. annuum*'u *C. frutescens* ve *C. chinense*'ten net bir şekilde ayırmıştır. Ancak, iPBS tabanlı kümeleme ile aksesyonların coğrafi kökeni veya meyve özellikleri arasında net bir ilişki bulunamamıştır.

Christov vd. (2021) yaptıkları bir araştırmada, Balkan Yarımadası'ndaki farklı yerlerden toplanan 179 *C. annuum* genotipini, 21 SSR; mikrosatellit ile karakterize etmişlerdir. Toplamda, çoğunluğu düşük frekanslarda (<5%) olan 146 allel amplifiye edilmiştir. 21 SSR lokusu için ortalama He, Ho ve PIC sırasıyla 0.531, 0.249 ve 0.483 bulunmuştur. Model tabanlı STRUCTURE analizi, koleksiyonu 3 ana kümeye (K = 3) bölmüş ve genotipleri şekil, boyut, acılık gibi farklı meyve özelliklerine sahip olan kümelere gruplamıştır. Çalışmada ayrıca Balkan *C. annuum* mini kor koleksiyonu oluşturulmuş olup bu genetik kaynağın biber ıslahçıları açısından oldukça kıymetli olduğu ifade edilmiştir.

Mougiou vd. (2021) 'Florinis', 'Florinis' tipi ve 'Karatzova' tip biberlerinin genetik profillerini ISSR markerleri kullanarak ortaya koymuşlardır. Morfolojik değerlendirme meyve organoleptik ve besinsel özelliklerini etkileyen toplam diyet lifi, toplam fenolik ve likopen içerikleri ile şeker profili gibi biyokimyasal parametreler ile değerlendirilmiştir. Bu çalışma sırasında kurulan moleküler protokol, orijinal 'Florinis' çeşidini 'Florinis' tipi biberlerden başarılı bir şekilde ayırt edilebilmesine olanak sağlamıştır. 'Karatzova' çeşidi de 'Florinis' meyvelerine benzer meyve profili göstermiştir. Biyokimyasal değerlendirme, 'Florinis' biberlerinin en yüksek tatlılık indeksine ve toplam fenolik içeriğe sahip olduğunu ortaya koymuştur. Bu tür bir analizin, ortak morfolojik özelliklere sahip biber çeşitlerinin ayırt edilmesi için kullanılabileceği araştırmacılar tarafından belirtilmiştir.

Ahmed vd. (2022) biberdeki genetik çeşitlilikle ilgili yaptıkları bir çalışma, yerli olarak geliştirilen hibritlerle birlikte elit hatlar ve ticari hibritler de dahil olmak üzere yirmi farklı acı biber (*Capsicum annuum* L.) genotipinin performansı incelemişlerdir. Dikkate değer bir şekilde, tüm parametreler için önemli istatistiksel farklılıklar bulunmuş ve geniş varyasyon olduğu ortaya konmuştur. Yerel olarak geliştirilen biber hibriti CH-15140'ın taze meyve verimi en yüksek olarak belirlenmiştir. En yüksek taze meyve verimi genellikle erken olgunlaşan genotipler tarafından elde edilmiştir. Çeşitlilik analizinde sekiz genotipin diğer yirmi iki genotipten farklı olduğu belirlenmiştir.

Guo vd. (2023) 22 kalitatif özellik, 13 kantitatif özellik ve 27 moleküler marker ile (26 SSR ve 1 InDel) Çin'deki 94 yerel biber çeşidi ve 85 mevcut ıslah hattının çeşitliliğini ve popülasyon yapısını gözlemlemişlerdir. Sonuçlar, mevcut ıslah hatlarındaki 9 kalitatif özellik ve 8 kantitatif özelliğin Shannon Çeşitlilik indekslerinin, 11'i meyveyle ilgili özellikler olan yerel çeşitlerden daha büyük olduğuna işaret etmektedir. Mevcut ıslah hatlarıyla karşılaştırıldığında, yerel çeşitlerin Gen Çeşitlilik indeksi ve Polimorfizm Bilgi içeriğinin ortalama değerleri sırasıyla 0.08 ve 0.09 daha yüksek bulunmuştur. Popülasyon yapısı ve filogenetik ağaç analizi, 179 gen plazma kaynağının, sırasıyla yerel çeşitler ve ıslah edilebilecek özelliklerin ön planda olduğu iki taksona ayırmıştır. Yukarıdaki sonuçlar, mevcut ıslah hatlarının kantitatif özellik çeşitliliğinin, özellikle meyve organlarıyla ilgili özelliklerin, yerel çeşitlerden daha yüksek olduğunu, ancak moleküler markörlere dayalı genetik çeşitliliğin yerel çeşitlerden daha düşük olduğunu

göstermektedir. Bu çalışmada, gelecekteki ıslah sürecinde, sadece hedef özelliklerin seçimine odaklanmakla kalmayıp, aynı zamanda moleküler markerlere dayalı laboratuvar ekipmanı seçimlerini de güçlendirmemiz gerektiği belirtilmiştir. Ayrıca, diğer kültüre alınmış türlerin ve yabani türlerin genetik bilgileri, türler arası melezlemeler yoluyla ıslah hatlarına aktarılabileceği ve ıslah materyalinin genetik arka planı genişletilebileceği açıklanmıştır.

Sood vd. (2023) Dolma biber (*Capsicum annuum* L. var. *grossum* Sendt.) ile ilgili yaptıkları çalışmada bu tipteki genetik çeşitliliği ele almışlardır. Çalışmada, 25 agro-morfolojik [9 ayırt edicilik, homojenlik ve kararlılık (DUS) tanımlayıcıları; 13 nicel özellik ve 3 kalite özelliği] ve 82 mikrosatelit veya basit dizi tekrarı (SSR) markeri kullanılarak 24 Dolma biber genotipinin genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısı değerlendirilmeye çalışılmıştır. Sekiz DUS tanımlayıcısı, uzunlamasına kesitte meyve şekli için maksimum morfolojik varyasyon ($H = 1.29$) ile polimorfizm göstermiştir. Yapılan çok değişkenli analiz, genotipleri 11 kümeye ayırmıştır. Lokus başına ortalama 4.08 allel ile toplamda 37 polimorfik SSR primerinden 151 allel üretilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PIC), 0.14 (CAMS 451) ile 0.76 (CA 525390) arasında değişmekte olup ortalama 0.54 bulunmuştur. Kümelenme analizine dayalı olarak genotipler iki ana kümeye ayrılmıştır. Popülasyon, yapı analizine dayalı olarak üç gruba ayrılmıştır. Agro-morfolojik ve moleküler kümeleri karşılaştırıldığında, BWT-39, BWT-39-BR, BWT-39-DR, BWT-29, BWT-3Y, BWT-3Y-4L, Kandaghat Seçimi, BWT-48-AC, BWT-49-AC, EC-464107 ve EC-464115 olmak üzere 11 genotipin ortak olduğu belirlenmiştir. Bu genotipler ayrıca bakteriyel yanıklık hastalığına karşı önemli ölçüde dayanıklılık göstermiştir. Mantel testi, agro-morfolojik (DUS tanımlayıcıları) ve moleküler veriler arasında orta derecede pozitif bir korelasyon olduğunu göstermiştir.

2.2. ddRADSeq Kullanılarak Yürütülen Genetik Çalışmalar

Erol vd. (2021) fındık çeşitleri arasındaki genetik varyasyonu açıklamak ve hastalık dayanımıyla ilişkilendirilen alellerin tanımlamak için bir çalışma yürütmüşlerdir. Külleme hastalığına dayanıklı seçilen hatlar ddRADSeq ile dizilemeye tabi tutulmuştur. Dokuz fındık çeşidinden 101 spesifik ve altı ortak allel, dayanıklı olanlardan dört spesifik ve hassas olanlardan ise yalnızca bir tanesi, belirli bir fındık çeşidinin veya külleme hastalığına karşı dayanıklılık teşhis edilmesi için belirlenmiştir. Filogenetik analiz ve popülasyon yapısı hesaplamaları, 'Mincane', 'Şarifindık', 'Tombul', 'ÇaKıldak' ve 'Palaz' çeşitlerinin genetik olarak birbirine yakın olduğunu göstermiştir; ancak, her çeşit grubundaki bireyler farklı alt-popülasyonlarda bulunmuştur. Bulgular, bazı tercih edilen fındık çeşitlerin Karadeniz Bölgesi'nde yıllar boyunca klonal çoğaltmasının genetik çeşitlilikle sonuçlandığını göstermektedir.

Guo vd. (2018) DNA degradasyonunu, ddRADSeq üzerindeki etkilerini araştırmışlardır. Bu çalışmada, moleküler materyalleri iki farklı DNA ekstraksiyon yöntemiyle muhafaza etmeye yönelik uygun metodları araştırmak için ilk olarak altı bambu türü (Bambusoideae, Poaceae) seçilmiştir. Daha sonra yirmi bir bambu sekanslamış ve ddRADSeq tekniğini (MiddRAD-seq) kullanarak DNA kalitesinin veri üretimi üzerindeki etkilerini incelenmişlerdir. Son olarak yirmi bambu türünün filogenisini yeniden oluşturulmuştur. ddRADSeq verileri, DNA'nın ciddi şekilde degradasyona uğradığı durumlar dışında sağlam olduğu gözlemlenmiştir. Ayrıca örneklenen *Phyllostachys* spp.'nin filogenisi de çözümlenmiştir. Sonuçlar, kuru ve toz

haline getirilmiş DNA'nın bitki moleküler materyalleri için en uygun koruma yöntemi olduğunu göstermektedir. Ayrıca, orta düzeyde bir DNA degradasyonunun, ddRADSeq tarafından sekanslama teknikleri üzerinde çok az etkisi olacağını açıklamışlardır.

Laila vd. (2019) Çin lahanasında ddRADSeq kullanılarak yeni bir lahana kök uru dayanımı QTL'inin haritalanması üzerine çalışmışlardır. *Plasmodiophora brassicae*, kültüre alınan *Brassica* türlerinde mahsul verimi kaybına yol açan lahana kök uru hastalığına neden olan, toprak kaynaklı bir bitki patojenidir. Dayanıklılık ve hassas ebeveyn soylarını geçilmiş ve 348 hattan oluşan bir F2 popülasyonundaki segregasyon modeli analiz edilmiştir. Bu hastalık bakımından hassas Çin lahanası ve dayanıklı turp hatlarının bulunduğu aynı haritalama popülasyonunu kullanarak yeni bir kök uru dayanımının olduğu QTL'i belirlenilip ve haritası çıkarılmıştır. Kırk beş dayanıklı ve 45 hassas F2 hatları, ebeveyn çizgileriyle birlikte, ddRAD-seq için kullanılmıştır. Yeni lokusu doğrulamak için SNP pozisyonlarının HRM bazlı doğrulaması yapılmıştır. Mendel açılımına uygun olarak hassas genotipler için 3:1 oranı gözlenmiş, ddRAD-seq, A08 kromozomu üzerinde kök uruna karşı dayanıklılık (CR) lokusu Crr1'den farklı olan yeni bir CR lokusunu belirlemiştir. Bu sonuçların, Seosan'a dayanıklı genotipleri tespit etmek ve daha dayanıklı Çin lahanası çeşitleri geliştirmek için moleküler markerler geliştirmek amacıyla kullanılabileceği belirtilmiştir.

Yol vd (2021) yaptıkları bir çalışmada, susam kapsüllerinin açılma özelliğini incelemek için, bu özelliği gösteren bir çeşidin (Muganli-57) ve çatlamayan kapsüle sahip bir mutantın (PI 599446) melezlenmesiyle elde edilen bir susam F2 popülasyonu oluşturmuşlar ve bu popülasyonu ddRAD'a dayalı bir genetik harita oluşturmak için kullanmışlardır. Ortaya çıkan genetik harita, 782 tek nükleotid polimorfizmi (SNP) ve 697.3 cM uzunluğunda olup, ortalama marker aralığı 0.89 cM bulunmuştur. Referans genomuna dayanarak, kapsül çatlama özelliği, LG8'in (kromozom 8) distal ucuna yakın olan S8_5062843 (78.9 cM) SNP markerinde konumlanmıştır. Çatlama özelliğini potansiyel olarak kontrol eden genleri ortaya çıkarmak için S8_5062843 marker bölgesi incelendi ve altı CDS içeren bir gen belirlendi. Genomik verilerin kullanımıyla, MAS çalışmalarında çatlayan ve çatlamayan kapsül genotiplerini ayırt etmek için InDel ve CAPS markörleri geliştirilmiştir. Bu çalışmadan elde edilen sonuçların, çatlamayı önlemek ve susam verimini artırmak için ıslah programlarında faaliyete geçirilebileceği belirtilmiştir.

Güden vd. (2024) sorgum ıslahında yeni nesil dizileme teknolojisini (ddRADSeq verilerini) kullanarak InDel markörlerini geliştirmeyi hedeflemişlerdir. Sorgum genomundaki 10 kromozoma dağılmış bulunan toplam 19.226 InDel tanımlanmıştır. Bunların %65.7'si delesyon, geri kalanı ise insersiyon olarak belirlenmiştir. Kromozomların kapsamlı bu analizi, minimum uzunluğu 10 bp olan toplam 80 InDel bölgesini göstermiştir. InDel bölgelerinin moleküler markörlere dönüştürülmesi için, 47 InDel bölgesinin amplifikasyonu için özel primerler tasarlanmıştır. Geliştirilen InDel markörlerinin kontrol edilmesi için 16 aksesyondan oluşan çeşitli bir sorgum paneli kullanılmıştır. 16 markörün polimorfik bilgi içeriği (PIC) değerleri 0.11 ile 0.38 arasında değişmiş ve ortalama 0.28 olmuştur.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Genetik Materyal

Bu çalışmada genetik materyal olarak toplam 99 biber hattı kullanılmıştır (Çizelge 3.1). Bu biber koleksiyonunda 25 sivri, 21 dolma, 12 kıl, 19 çarliston, 12 kapy, 4 üçburun, 4 şili ve 2 jalapeno biber tipi bulunmaktadır. Sivri tip, kalem şeklinde yeşil renkli, hafif ila aşırı acı veya tatlı olabilir. Çarliston biberleri, yumuşak ve etli, minik çekirdekli ve meyvemsi bir tada sahip olan boynuz biçimli biberler olarak bilinir. Dolmalık bibere en yakın olan kapy, genellikle ruj kırmızısı rengine sahip, küçük, sivri uçlu bir biberdir. Hafiftir, 10-12 cm boyutundadır ve çoğunlukla tatlıdır. Kıl biberleri, olgunlaşmadan soluk yeşil görünür, sonra olgunlaşıp kırmızı bir renge dönüşür ve uzun, ince, tatlı veya acı olabilen biberlerdir. Jalapeno biberlerinin acılığı hafif ila yoğun arasında değişir. Yaklaşık 4 cm uzunluğunda olup koyu yeşil veya kırmızı olgun meyvesi olur. Üçburun türü biberler gevrek, tatlı, düzgün şekilli, koyu yeşil renkli, üç uçludur. 10 ila 12 cm uzunluğundadırlar. Genellikle Şili tipi biberler çok acı biberler olurlar. Dolma tipi biber, yaklaşık 6 X 6,5 cm boyutlarında yuvarlağa yakın bir görünüme sahiptirler. Bu biber, açık yeşilden kırmızımsı kahverengiye doğru olgunlaştığında Akdeniz mutfağında Dolma olarak kullanılır. Tez çalışması kapsamında kullanılan biber bitkileri, biber hatlarının tatları ve renkleri de Çizelge 3.1.'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışma kapsamında kullanılan biber genotipleri

SIRA	GENOTİP	TİP	TAT	RENK
1	ANS1	DOLMA	TATLI	YEŞİL
2	ANS2	DOLMA	TATLI	YEŞİL
3	ANS3	DOLMA	TATLI	YEŞİL
4	ANS4	DOLMA	TATLI	YEŞİL
5	ANS5	DOLMA	TATLI	YEŞİL
6	ANS6	DOLMA	TATLI	YEŞİL
7	ANS7	DOLMA	TATLI	YEŞİL
8	ANS8	DOLMA	TATLI	YEŞİL
9	ANS9	DOLMA	TATLI	YEŞİL
10	ANS10	DOLMA	TATLI	YEŞİL
11	ANS12	DOLMA	TATLI	YEŞİL
12	ANS13	DOLMA	TATLI	YEŞİL
13	ANS14	DOLMA	TATLI	YEŞİL
14	ANS15	DOLMA	TATLI	YEŞİL
15	ANS16	DOLMA	TATLI	YEŞİL
16	ANS17	DOLMA	ACI	YEŞİL
17	ANS18	DOLMA	ACI	YEŞİL
18	ANS19	DOLMA	ACI	YEŞİL

Çizelge 3.1.'in devamı

19	ANS23	DOLMA	TATLI	KIRMIZI
20	ANS24	DOLMA	TATLI	YEŞİL
21	ANS25	DOLMA	TATLI	YEŞİL
22	ANS28	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
23	ANS29	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
24	ANS30	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
25	ANS31	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
26	ANS32	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
27	ANS33	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
28	ANS34	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
29	ANS35	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
30	ANS36	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
31	ANS37	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
32	ANS38	ÇARLISTON	TATLI	YEŞİL
33	ANS39	ÇARLISTON	ACI	YEŞİL
34	ANS40	ÇARLISTON	ACI	YEŞİL
35	ANS42	ÇARLISTON	TATLI	KIRMIZI
36	ANS43	ÇARLISTON	TATLI	KIRMIZI
37	ANS45	ÇARLISTON	TATLI	KIRMIZI
38	ANS46	ÇARLISTON	TATLI	KIRMIZI
39	ANS47	ÇARLISTON	TATLI	KIRMIZI
40	ANS48	ÇARLISTON	TATLI	KIRMIZI
41	ANS52	KAPYA	TATLI	YEŞİL
42	ANS54	KAPYA	TATLI	YEŞİL
43	ANS55	KAPYA	TATLI	YEŞİL
44	ANS56	KAPYA	TATLI	YEŞİL
45	ANS57	KAPYA	ACI	YEŞİL
46	ANS58	KAPYA	ACI	YEŞİL
47	ANS59	KAPYA	ACI	YEŞİL
48	ANS60	KAPYA	TATLI	YEŞİL
49	ANS61	KAPYA	TATLI	YEŞİL
50	ANS62	KAPYA	TATLI	YEŞİL
51	ANS63	KAPYA	TATLI	YEŞİL

Çizelge 3.1.'in devamı

52	ANS121	KAPYA	TATLI	KIRMIZI
53	ANS122	KAPYA	TATLI	KIRMIZI
54	ANS64	KİL	ACI	KIRMIZI
55	ANS65	KİL	ACI	KIRMIZI
56	ANS66	KİL	ACI	KIRMIZI
57	ANS67	KİL	ACI	KIRMIZI
58	ANS68	KİL	ACI	KIRMIZI
59	ANS69	KİL	ACI	KIRMIZI
60	ANS70	KİL	TATLI	YEŞİL
61	ANS71	KİL	TATLI	YEŞİL
62	ANS72	KİL	TATLI	YEŞİL
63	ANS73	KİL	TATLI	YEŞİL
64	ANS74	KİL	TATLI	YEŞİL
65	ANS75	ÜÇBURUN	TATLI	YEŞİL
66	ANS77	ÜÇBURUN	TATLI	YEŞİL
67	ANS78	ÜÇBURUN	TATLI	YEŞİL
68	ANS80	ÜÇBURUN	TATLI	YEŞİL
69	ANS81	ŞİLİ	TATLI	YEŞİL
70	ANS82	ŞİLİ	TATLI	YEŞİL
71	ANS83	ŞİLİ	TATLI	YEŞİL
72	ANS84	ŞİLİ	TATLI	YEŞİL
73	ANS85	ŞİLİ	TATLI	YEŞİL
74	ANS87	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
75	ANS88	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
76	ANS89	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
77	ANS90	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
78	ANS92	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
79	ANS93	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
80	ANS94	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
81	ANS95	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
82	ANS96	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
83	ANS97	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
84	ANS99	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
85	ANS100	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
86	ANS103	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
87	ANS105	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
88	ANS106	SİVRİ	TATLI	YEŞİL

Çizelge 3.1.'in devamı

89	ANS107	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
90	ANS108	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
91	ANS109	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
92	ANS110	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
93	ANS112	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
94	ANS114	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
95	ANS115	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
96	ANS116	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
97	ANS118	SİVRİ	TATLI	YEŞİL
98	ANS119	JALAPENO	ACI	YEŞİL
99	ANS120	JALAPENO	ACI	YEŞİL

3.2. Metot

3.2.1. DNA izolasyonu

Tez çalışması kapsamında viyollerde yetiştirilen biberlerden 3 haftalık olgunluğa ulaştıklarında her genotipe ait 2 bitkiden örnek alınmış (Şekil 3.1) DNA izolasyonu yapılmıştır. Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Moleküler Bitki Islahı Laboratuvarında Doyle ve Doyle (1990) tarafından geliştirilen CTAB yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonuna ait fotoğraflar Şekil 3.2’de, DNA izolasyonu sonuçları Şekil 3.3’te gösterilmiştir.



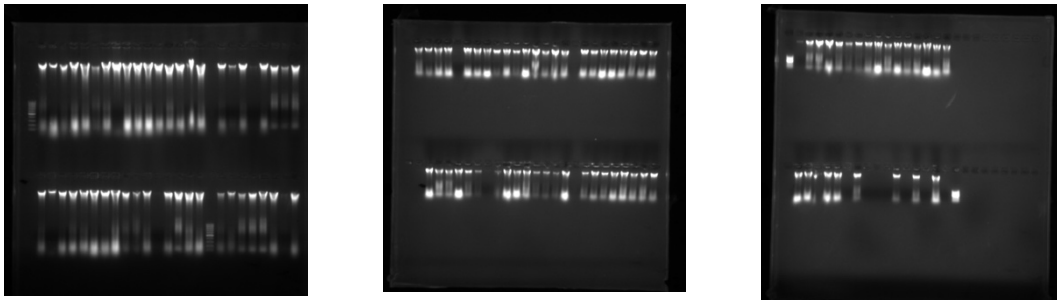
Şekil 3.1. Tez çalışmasında kullanılan biber bitkileri

DNA izolasyon protokolü (Doyle ve Doyle 1990) şu adımları içerir:

1. Biber bitkilerinin genç yaprakları (bir bitki için yaprağın ortalama ağırlığı 0.1 gr) 1.5 ml'lik ependorf tüplere konulup üzerine %0.5 merkaptetanol içeren CTAB (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB) çözeltisinden 500 ml eklenmiştir.
2. Ependorf tüp içerisindeki yaprakları rahatça hareket ettirebilen plastik ezme çubukları (pestil) yardımıyla her bir ependorf için başka bir çubuk kullanarak yapraklar tamamen ezilmiştir.
3. Ezme işlemi tamamlandıktan sonra bitki DNA'sının tüp içindeki sıvıya geçmesi için sıcaklığı önceden 65 °C'ye ayarlanmış olan su banyosu içerisine örnekler 15 dakika aralıklarla hafifçe çalkalanmak üzere 3 saat boyunca inkübasyona konulmuştur.
4. İnkübasyon aşamasından sonra örneklerden protein uzaklaştırılabilmesi için tüp başına 600 µl kloroform izoamil alkol (24:1) çözeltisi eklenerek tüp içerisindeki sıvı ile tamamen karışana kadar çalkalanmıştır.
5. Çalkalanma işleminin ardından tüpler 20 dakika boyunca 14000 rpm hızında santrifüj edilmiştir.
6. Santrifüj sonrası ependorf tüplerde alt kısımda kloroform, orta kısımda protein, üst kısımda DNA'nın bulunduğu sıvı olarak üç ayrı faz gözlemlenmiştir. Ependorf tüpünün süpernatant (üst faz) adı verilen DNA'nın bulunduğu sıvı kısmı 1.5 ml'lik yeni ependorf tüpe aktarılmıştır (ortalama 300 µl). Bu aşama daha temiz DNA izolasyonu için tekrar edilmiş ve ikinci tekrar sonrası yeni ependorflara ortalama 150 µl süpernatant kısım (üst faz) aktarılmıştır.
7. Aktarılan sıvı içerisindeki DNA'nın tüpün dibine çökmesi için tüpün içerisine 500 µl -20 °C'de muhafaza edilen soğuk izopropanol eklenir; ekleme sonrası tüp ters düz edilerek 10 saniye boyunca hafifçe karıştırılır. DNA tamamen dibe çökmesi için bir gece -20 °C'de bekletilmiştir.
8. Bir gece -20 °C'de bekletilen örnekler alınıp 14000 rpm'de 10 dakika santrifüj yapılmıştır.
9. Santrifüj işlemi sonrası ependorf tüplerinin dibinde pelet oluşumu gözlenmiştir. Tüpün içerisindeki peletler hareket ettirilmeden tüp içindeki sıvı dökülmüştür.
10. Bu aşamadan sonra -20 °C'de muhafaza edilen %70'lik etil alkol (etanol) tüp başına 300 µl konulup 14000 rpm'de 5 dakika santrifüj yapılmıştır. Aynı işlem bir defa daha tekrar edilmiştir.
11. Bu aşamadan sonra dipteki pelete zarar vermeden içindeki etanol dikkatlice boşaltılmış ve tüpler ters şekilde ağız açık olarak kurutulmaya bırakılmıştır (yaklaşık 30-40 dakika).



Şekil 3.2. Tez çalışması kapsamında yapılan DNA izolasyonu



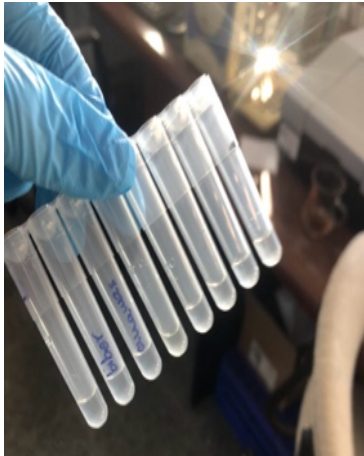
Şekil 3.3. DNA izolasyonu sonuçları

3.2.2. Kütüphane kurulması

Sahip olduğumuz biber genetik materyalleri tez çalışması kapsamında Peterson vd. (2012) tarafından geliştirilen ddRAD dizileme yöntemi temel alınarak dizileme işlemine tabi tutulmuş ve analizlerde kullanılmak üzere SNP'ler elde edilmiştir. Dizileme öncesi kütüphaneler oluşturulmuştur. Temel olarak kütüphane hazırlık aşamasında genomik DNA'lar iki farklı kesim enzimi (*VspI* ve *MspI*) ile kesilmiş ve ayrı ayrı barkodlandırılmıştır. Tüm biber genotipleri Illumina Hiseq 4000 cihazında dizilemeye tabi tutulmuş ve 150 bp uzunluğunda okumalar yapılmıştır. Elde edilen ham data barkodlarından çıkarılarak her genotipin ham FASTQ dosyasına ulaşılmıştır. Bu veriler fastp programı ile temizlenerek analizlere hazır hale getirilmiştir. Laboratuvarında kütüphane hazırlık aşamalarını içeren fotoğraflar Şekil 3.4'te yer almaktadır.

Peterson vd. (2012) tarafından geliştirilen ddRAD yönteminde kütüphane hazırlık aşamaları aşağıdaki adımları kapsamaktadır:

1. Biber genotipleri 120 ependorf tüplerine dağıtılmış, nazikçe çalkalanmıştır.
2. 1 dakika 1400 rpm'de santrifüj edilmiştir.
3. Ependorf tüpleri elde ısıtılmış ve nazikçe çalkalanmış, tekrar 1 dakika 1400 rpm'de santrifüj edilmiştir.
4. Birinci mix; Tango buffer , *VspI*, *MspI*, sudan oluşmaktadır ve 9 µl çekilip 1'den 16'ya kadar tüplere bırakılmıştır. 37°C'de 2 saat inkübe edilmiştir.
5. Tango bufferlar eritmeye bırakılmış, *VspI* ve *MspI* enzimleri buza batırılmıştır.
6. Birinci mix vorteks edilmiştir.
7. İkinci mix, Ligaz buffer, T4 DNA Ligaz, su ve adaptör P2'den oluşmuştur. Adaptörler 1:9 oranında seyreltilmiştir.
8. Adaptörler bir saatliğine 37°C'de kesim bölgelerine bağlanması için eklenmiştir.





Şekil 3.4. Çalışma kapsamında kütüphane kurulması

3.2.3. Biyoinformatik analizler

Je (v1.2) (Girardot vd. 2016) programı kullanılarak ham veriler çıkarılmıştır. Daha sonra her bir genotipe ait fastq dosyaları kalite kontrolü için fastp (Chen vd. 2018) programında analiz edilmiştir. Filtreleme işleminden sonra her bir fastq dosyası, varsayılan parametrelerle Bowtie2 yazılımı (Langmead ve Salzberg, 2012) kullanılarak *C. annuum* referans genomu “UCD10Xv1.1” (Hulse-Kemp vd. 2018) ile hizalanmıştır. Elde edilen her bir genotipe özgü bireysel BAM (ikili dizi hizalama dosyası formatı) dosyası, freebayes (Galaxy Versiyon 1.1.0.46-0) (Garrison ve Marth 2012) ile analiz edilmiş ve varyantlar tanımlanmıştır. Burada parametre olarak basit diploid arama coverage değeri 20X olarak belirlenmiştir. Çalışmamızda genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla sadece SNP’ler kullanılmıştır. Dolayısıyla VCFfilter (Galaxy Sürüm 1.0.0) ile InDel bölgeleri elemime edilmiştir. Filtreleme adımını takiben, her bir genotipe özgü VCF dosyası, tek bir veri dosyası oluşturmak üzere BCFtools Merge ile birleştirilmiştir. Oluşturulan varyant dosyasında ise site minimum sayısı=50, Minör Alel Frekansı (MAF) >0.05 parametreleri kullanılarak Tassel V5.2.52 (Glaubitz vd. 2014) ile filtreleme işlemi yapılmış ve ardından genetik çeşitlilik çalışmaları bu dosya ile yürütülmüştür.

3.2.4. Genetik çeşitlilik analizleri

Popülasyon genetiğine ilişkin istatistikler GenAlex V6.5 programı kullanılarak yapılmıştır (Peakall ve Smouse 2012). Popülasyon yapısı, alel frekanslarına dayalı bir model kullanılarak STRUCTURE V2.3.4'te (Pritchard vd. 2000) uygulanan Bayes kümeleme metodu kullanılarak belirlenmiştir. Toplam 99 biber genotipi içinde mevcut olan optimal popülasyon sayısını (K) belirlemek için 10.000 Markov Zinciri Monte Carlo simülasyon metodu ve 100.000 çalışma uzunluğu ile bir hazırlık aşaması kurulmuştur. Her bir K değeri için 2 ile 10 arasında değişen on bağımsız çalışma gerçekleştirilmiştir. En uygun K, Structure Harvester (Earl ve vonHoldt 2012) (<http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>) kullanılarak belirlenmiştir. Daha sonra her bir biber genotipi olasılığa dayalı olarak bir kümeyle (Q) gösterilmiştir. Popülasyon yapısı grafiği, Q değerine göre sıralanan STRUCTUREPLOT V2.0 (<http://omicsspeaks.com/strplot2/>) web tabanlı araç (Ramasamy vd. 2014) ile oluşturulmuştur.

Temel koordinat analizi PAST 3.23V (Hammer ve Harper 2001) ile yapılmıştır. Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) [Sokal ve Michener 1958] yönteme dayalı filogenetik ağaç, Tassel v5.2.52 ile oluşturulmuş ve FigTree v1.4.4'te değiştirilmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Genotipleme

Yürütülen bu tez çalışmasında 99 biber hattı Peterson vd. (2012) tarafından geliştirilen ddRAD yöntemi temel alınarak oluşturulan kütüphane sonrası dizileme işlemine tabi tutulmuş ve analizlerde kullanılmak üzere SNP'ler elde edilmiştir. Yüksek kaliteli filtrelemenin ardından Illumina HiSeq'te 150 bp PE diziliminden toplamda 318,76 M okuma elde edilmiştir. Popülasyondaki ortalama okuma sayısı ve guanin-sitozin (GC) içeriği sırasıyla 3.21 M ve %37.66 olarak bulunmuştur. Kopya tipi olan ANS121 genotipi filtreleme sonrasında 5.21 M değeri ile en yüksek okuma değerine sahip olmuştur (Çizelge 4.1). Okuma sayısındaki bu geniş aralık, kısa okuma uzunluğundan, PCR'deki sorunlardan veya dizileme hatalarından kaynaklanmış olabilir (Bailey vd. 2013).

Çizelge 4.1. Tez kapsamında kullanılan biber hatlarının filtreleme öncesi ve sonrası okuma değerleri

SIRA	GENOTİP	TİP	FİLTRELEME			
			Okumalar baz)	(Milyon SONRA	GC (%)	
			ÖNCE		ÖNCE	SONRA
1	ANS1	DOLMA	2.68	2.58	40.21	38.35
2	ANS2	DOLMA	3.34	3.2	40.1	38.09
3	ANS3	DOLMA	3.58	3.43	40.4	38.05
4	ANS4	DOLMA	3.23	3.08	39.53	37.52
5	ANS5	DOLMA	3.05	2.9	39.06	36.94
6	ANS6	DOLMA	3.48	3.24	40.23	37.47
7	ANS7	DOLMA	3.09	2.93	39.78	37.36
8	ANS8	DOLMA	3.22	3.07	39.62	37.29
9	ANS9	DOLMA	3.36	3.22	39.76	37.54
10	ANS10	DOLMA	3.2	3.05	39.7	37.69
11	ANS12	DOLMA	3.68	3.53	40.29	38.14
12	ANS13	DOLMA	3.43	3.29	39.49	37.33
13	ANS14	DOLMA	3.93	3.79	39.72	37.7
14	ANS15	DOLMA	3.51	3.38	39.77	37.59
15	ANS16	DOLMA	3.6	3.47	39.83	37.56
16	ANS17	DOLMA	2.47	2.38	40.23	38.37
17	ANS18	DOLMA	2.96	2.85	40.03	38.04
18	ANS19	DOLMA	3.34	3.19	40.23	38.25
19	ANS23	DOLMA	3.05	2.9	40.14	37.71
20	ANS24	DOLMA	3.16	3.02	40.04	37.64
21	ANS25	DOLMA	2.32	2.31	39.5	37.35

Çizelge 4.1'in devamı

22	ANS28	ÇARLİSTON	3.29	3.16	40.25	38.23
23	ANS29	ÇARLİSTON	3.07	2.94	39.6	37.55
24	ANS30	ÇARLİSTON	0.82	0.76	39.16	37.42
25	ANS31	ÇARLİSTON	3.23	3.11	39.86	37.63
26	ANS32	ÇARLİSTON	3.1	2.98	39.59	37.53
27	ANS33	ÇARLİSTON	3.54	3.41	40.06	38.19
28	ANS34	ÇARLİSTON	3.99	3.82	39.84	37.86
29	ANS35	ÇARLİSTON	4.05	3.87	40.02	37.94
30	ANS36	ÇARLİSTON	3.88	3.71	39.99	38.15
31	ANS37	ÇARLİSTON	3.37	3.19	39.17	37.12
32	ANS38	ÇARLİSTON	3.58	3.32	40.55	37.83
33	ANS39	ÇARLİSTON	3.51	3.34	40.01	37.53
34	ANS40	ÇARLİSTON	3.8	3.63	39.68	37.34
35	ANS42	ÇARLİSTON	2.83	2.68	39.87	37.98
36	ANS43	ÇARLİSTON	3.74	3.58	40.15	38.02
37	ANS45	ÇARLİSTON	4.03	3.86	39.57	37.5
38	ANS46	ÇARLİSTON	3.75	3.61	39.75	37.75
39	ANS47	ÇARLİSTON	4.2	4.04	39.74	37.6
40	ANS48	ÇARLİSTON	3.74	3.59	39.46	37.38
41	ANS52	KAPYA	3.26	3.13	39.68	37.59
42	ANS54	KAPYA	3.38	3.13	40.42	37.7
43	ANS55	KAPYA	3.8	3.61	39.67	37.31
44	ANS56	KAPYA	3.12	2.97	39.81	37.46
45	ANS57	KAPYA	3.63	3.47	39.48	37.39
46	ANS58	KAPYA	3.28	3.12	39.45	37.53
47	ANS59	KAPYA	3.66	3.51	39.88	37.77
48	ANS60	KAPYA	3.44	3.29	39.95	37.92
49	ANS61	KAPYA	3.28	3.14	39.33	37.25
50	ANS62	KAPYA	3.56	3.43	39.59	37.57
51	ANS63	KAPYA	3.43	3.29	40.08	38.06
52	ANS121	KAPYA	5.49	5.21	38.8	36.9
53	ANS122	KAPYA	5.29	4.99	38.71	37
54	ANS64	KIL	3.25	3.11	39.62	37.57
55	ANS65	KIL	2	1.91	40.33	38.72
56	ANS66	KIL	2.92	2.8	40.04	38.27
57	ANS67	KIL	3.24	3.1	39.8	37.8
58	ANS68	KIL	2.47	2.35	39.81	38.03
59	ANS69	KIL	2	1.88	39.47	37.58
60	ANS70	KIL	2.96	2.76	40.09	37.58

Çizelge 4.1'in devamı

61	ANS71	KIL	2.79	2.64	39.94	37.74
62	ANS72	KIL	1.7	1.6	39.76	37.58
63	ANS73	KIL	2.6	2.49	39.31	37.33
64	ANS74	KIL	2.22	2.12	39.51	37.69
65	ANS75	ÜÇBURUN	2.3	2.2	40.35	38.4
66	ANS77	ÜÇBURUN	2.74	2.63	39.35	37.42
67	ANS78	ÜÇBURUN	2.82	2.72	39.56	37.64
68	ANS80	ÜÇBURUN	2.72	2.61	39.3	37.32
69	ANS81	ŞİLİ	2.42	2.33	39.81	37.97
70	ANS82	ŞİLİ	2.53	2.42	39.89	38.04
71	ANS83	ŞİLİ	2.7	2.58	40.13	38.24
72	ANS84	ŞİLİ	2.74	2.62	39.43	37.57
73	ANS85	ŞİLİ	2.27	2.15	39.36	37.53
74	ANS87	SİVRİ	2.64	2.51	39.67	37.4
75	ANS88	SİVRİ	2.53	2.4	39.5	37.36
76	ANS89	SİVRİ	2.11	2.01	39.63	37.75
77	ANS90	SİVRİ	2.47	2.33	39.49	37.8
78	ANS92	SİVRİ	2.66	2.54	40.09	38.23
79	ANS93	SİVRİ	2.6	2.48	39.23	37.31
80	ANS94	SİVRİ	2.95	2.82	39.26	37.44
81	ANS95	SİVRİ	3.06	2.93	39.84	37.95
82	ANS96	SİVRİ	3.43	3.28	39.3	37.4
83	ANS97	SİVRİ	4.12	3.94	39.83	38.17
84	ANS99	SİVRİ	5.46	5.19	40.02	38.08
85	ANS100	SİVRİ	4.89	4.65	39.59	37.78
86	ANS103	SİVRİ	5.33	5.02	39.78	37.66
87	ANS105	SİVRİ	5.14	4.89	39.24	37.33
88	ANS106	SİVRİ	5.43	5.13	38.94	37.16
89	ANS107	SİVRİ	5.23	4.99	40.03	38.11
90	ANS108	SİVRİ	4.78	4.56	40.0	38.11
91	ANS109	SİVRİ	3.96	3.77	39.57	37.76
92	ANS110	SİVRİ	4.66	4.46	39.1	37.32
93	ANS112	SİVRİ	4.54	4.31	39.27	37.56
94	ANS114	SİVRİ	4.41	4.19	39.03	37.16
95	ANS115	SİVRİ	3.77	3.57	39.38	37.37
96	ANS116	SİVRİ	3.85	3.65	38.91	37.09
97	ANS118	SİVRİ	3.94	3.53	39.91	36.9
98	ANS119	JALAPENO	3.79	3.56	39.35	37.15
99	ANS120	JALAPENO	3.54	3.33	39.12	37
Toplam			334.5	318.76		

Biyoinformatik analizler sonrasında genomda 4120941 ham SNP verisi belirlenmiş, filtrelemenin ardından 8475 polimorfik SNP markeri analizlerde kullanılmıştır (Çizelge 4.2). Tüm genomda filtrelenen SNP başına ortalama harita uzunluğu 315 kb olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2). En fazla sayıda SNP Scaffold'da 3495 SNP olarak belirlenmiştir. Kromozom seviyesinde, filtreleme adımları sonrasında en az sayıda SNP kromozom ya da linkage grup (LG) 8'de 317 SNP olarak saptanmıştır. Ortalama SNP yoğunluğu 526.69 kb olup, biber referans genomuna göre en yüksek ve en düşük SNP yoğunlukları sırasıyla LG 5 (621 SNP/kb) ve LG 2 (412 SNP/kb) üzerinde bulunmuştur. Tripodi vd. (2022) tarafından karakterize edilen biber koleksiyonunda elde edilen SNP'lerin düzensiz dağılımı da gözlemlenmiştir. Bu durumun, biber genomunun tekrarlayan yapısından, rekombinasyon oranlarındaki farklılıklardan (Nachman 2001) ve mutasyonlardan (Rogozin ve Pavlov 2003) kaynaklanmış olabilir. Taranto vd. (2016) 108.591 SNP markeri belirlenmiş, 105.184'ün *C. annuum* aksesyonlarından geldiği belirlenmiştir. *C. annuum*'un genetik çeşitliliğini belirlemek için, 222 *C. annuum* aksesyonunu 32.950 SNP ile tanımlanmıştır (Taranto vd. 2016). Bahsedilen çalışmanın SNP değerleri bulgularımıza yakındır. Bir başka çalışmada, Illumina Infinium dizisi 19.000 SNP markeri ile analizlerde kullanılmıştır.

Çizelge 4.2. SNP'lerin kromozomlara dağılımı

Kromozom	Başlangıçtaki SNP sayısı	Filtrelenen SNP sayısı	Filtrelenen SNP başına ortalama harita uzunluğu (kb)
Tüm genom	4120941	8475	315
NC_061111.1	374481	490	522
NC_061112.1	273688	375	412
NC_061113.1	418134	645	420
NC_061114.1	306678	374	619
NC_061115.1	258345	356	621
NC_061116.1	312253	425	537
NC_061117.1	276882	388	586
NC_061118.1	267237	317	548
NC_061119.1	257904	415	528
NC_061120.1	273478	359	618
NC_061121.1	289064	421	560
NC_061122.1	289356	415	561
Scaffold	523441	3495	-

Filtreleme adımlarının ardından, bu verilerdeki allel sayısı ve allel oluşum oranı da belirlenmiştir. Buna göre, en yüksek sayıda allel tipi 1401 ile C/T (C:T) oranında ve en az 214 allel ile G/C oranında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. Filtrelenmiş verilerdeki alel sayısını ve alel oluşum sıklığını gösteren SNP istatistikleri

Allel*	Allel sayısı	Alel oluşum oranı
C:T	1401	16.53
G:A	1339	15.80
A:G	1231	14.53
T:C	1201	14.17
T:A	498	5.88
A:T	491	5.79
A:C	486	5.73
C:A	471	5.56
G:T	460	5.43
T:G	438	5.17
C:G	245	2.89
G:C	214	2.53

*Birinci ve ikinci harfler referans ve alternatif alellerdir

Sunulan bu tez kapsamında gözlenen homozigotluk (H_o) ve beklenen heterozigotluk (H_e) değerleri, sırasıyla 0.493 ve 0.313 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). Başka bir çalışmada, 271 biber çeşidinde SNP markerleri kullanılarak H_o ve H_e ortalama değeri 0.28 ve 0.4 olarak bulunmuştur (Du vd. 2019). Çalışmamıza kıyasla, bu iki değerin birbirlerinden nispeten daha uzak olduğu görülmüştür. H_o ve H_e değerleri arasındaki farkın çok olması daha fazla genetik çeşitlilikle ilişkilendirilmektedir (Nybom, 2004; Pandey vd. 2018). Bahsedilen çalışmadaki mevcut durum popülasyon içindeki genetik çeşitliliğin korunduğunu ve popülasyonun beklenen genetik desenlerden önemli sapmalar yaşamadığını göstermektedir. Bu, allel frekanslarının muhtemelen nesiller boyunca stabil olduğunu, rastgele eşleşmeden, mutasyon, seçilim veya genetik yük ve sürüklenmeden önemli sapmalar olmadığını göstermektedir. Sunulan tez kapsamında, 0.493 olan H_o değeri küçük bir standart hatası ile beklenen heterozigozite ($H_e = 0.313$) değerine yakın bulunmuştur. Birbirine yakın beklenen ve bulunan heterozigote popülasyonun Hardy-Weinberg dengesine kısmen yakın olduğuna işaret etmektedir. Wang vd. (2024) Çin'de beş biber türünün 496 biber hattı arasındaki genetik benzerliğini test etmek için 425 SNP kullanmışlardır. Gözlemlenen heterozigotluk $H_o = 0.449$ olarak bulunmuştur (Wang vd. 2024). Gözlenen heterozigotluğun bizim bulgularımıza kıyasla daha düşük çıkmasının sebebi, bahsedilen çalışmadaki biberlerin birbirine genetik olarak yakın olmasından kaynaklanabilir. Bu tez çalışmasındaki gözlenen heterozigotluk değerinin ($H_o = 0.493$) dört biber türü ve 496 biber genotipi ile yapılan çalışmaya (Wang vd. 2024) göre daha yüksek olması bu biber hatlarının genetik olarak birbirlerinden daha uzak olduğunu yansıtmaktadır.

Pacheco-Olvera vd. (2012) Meksika'nın kuzeybatısından 12 yabani biber popülasyonu, 3 yerel popülasyon ve 7 hibrit popülasyonu SSR markerleri ile incelemişlerdir. Yabani akrabalarda lokus başına ortalama 3.62, yerel çeşitlerde 3.37 ve hibritlerde 3.08 allel tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluk (H_e) ortalama değerlerine göre yabani akrabalarda $H_e = 0.466$ olarak bulunurken, hibritlerde $H_e = 0.440$ ve yerel

çeşitlerde $H_e = 0.422$ olarak bulunmuştur (Pacheco-Olvera vd. 2012). Bu derin genetik çeşitlilik, biberdeki yabancı ve yerel popülasyonların Kochieva ve Ryzhova (2003) tarafından, *C. annuum* çeşitlerinde AFLP markerleri için ortalama beklenen heterozigozite 0.74–0.75 iken ortalama gözlenen heterozigozite 0.02–0.03 olarak bulunmuştur. Aynı çalışmada, UPGMA, AFLP verilerine dayanarak 14 biber çeşidinden oluşan bir ağaç oluşturulmuş ve bunlar iki ana gruba ayrılmıştır (Kochieva ve Ryzhova, 2003). Sunulan tez kapsamında biber çeşitlerinde, ortalama Shannon indeksi (I) 0.591 olarak bulunurken, Jung vd. (2010) tarafından SNP markerleri üzerinde *Capsicum* cinsini incelediği bulgulara bu değer $I = 0.487$ olarak bulunmuştur. Jung vd. (2010) bulguları tez kapsamındaki bulgulardan küçük olmasına karşın yakın değerdir. Ancak, Akyavuz vd. (2018) tarafından yapılan çalışmada Shannon çeşitlilik indeksi $I = 0.29$ olarak bulunmuştur. Bu sonuç bizim bulgularımız ile karşılaştırılınca, çalıştığımız biber çeşitlerinde daha geniş bir çeşitlilik olduğu anlaşılmaktadır. Bu durum çalışmamızda kullanılan biber çeşitlerinin nispeten daha farklı çeşitlere sahip olmasıyla da açıklanabilir. Genetik varyasyon bitki ıslahında başarının ilk anahtarı olarak bilinmektedir. Genetik çeşitliliğin büyük olması hatlar arası melezlemeden üstün döllerin çıkma olasılığını artıracaktır.

Çizelge 4.4. Tez kapsamında kullanılan 99 biber genotipinden oluşan çeşitlilik panelinde biber popülasyonunun genetik varyasyonu

Biber popülasyonu	Değerler	Na*	Ne	I	Ho	He	FIS
	Ortalama ($\bar{x}$)	2.281	1.755	0.591	0.493	0.313	-0.345
	SH ($\pm$)	0.081	0.066	0.034	0.005	0.008	0.025

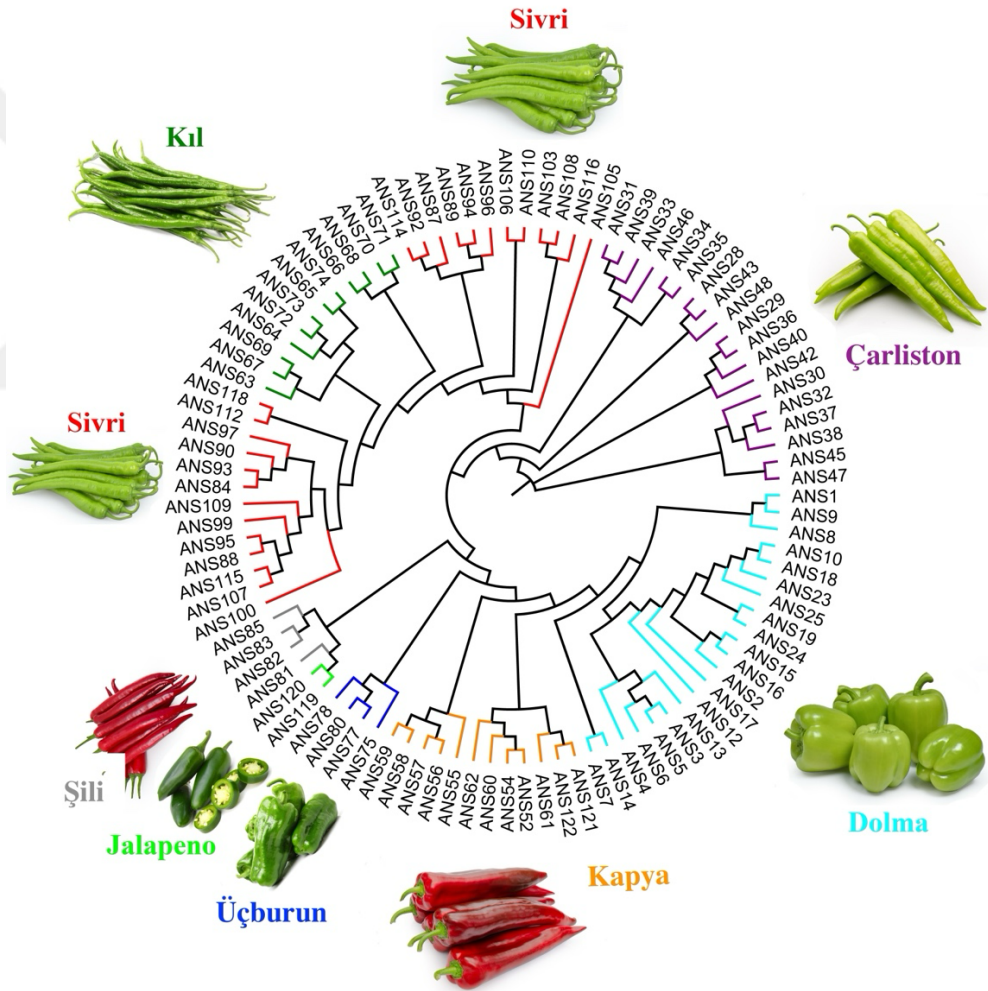
(Na, farklı alellerin sayısı; Ne, etkili alellerin sayısı; I, Shannon çeşitlilik indeksi; Ho, gözlenen heterozigotluk, He, beklenen heterozigotluk ve FIS, bir bireyin (I) alt popülasyona göre akrabalı yetiştirme katsayısını temsil etmektedir.)

4.2. Popülasyon Yapısının Belirlenmesi

Çalışılan 99 biber hattı arasındaki genetik mesafe TASSEL V5.2.52'nin mesafe matrisi seçeneği kullanılarak hesaplanmış ve 0.314 ile 0.414 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. ANS 2 (dolma)–ANS 30 (çarliston) ve ANS 94 (sivri)–ANS 92 (sivri) hatları sırasıyla en yüksek ve en küçük genetik mesafelere sahip genotipler olarak bulunmuştur. Geleta vd. (2008) biber bitkisinde heterosis ile genetik uzaklık arasında önemli ilişkiler saptamıştır.

Tez çalışması kapsamında, 8475 yüksek kaliteli SNP kullanılarak UPGMA kümeleme yöntemiyle 99 biber hattından oluşan bir filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 4.1). Bu şekil, biber hatlarının genetik mesafesini ve ilişkisini temsil etmektedir. Şili biberler ve jalapenoların nispeten yakın genetik bir ilişkiye sahip olduğunu, öte yandan dolma ve çarliston tipi biberlerin birbirlerinden farklı olduğu görülmektedir. Özellikle kıl biberler iki sivri tip biber hattı arasında konumlanmıştır. Kıl tipi biberler her iki biber tipine de önemli benzerlik göstermiştir. Kapy biberler dolma ve üçburun biber tiplerinin arasına yerleşmiştir. Şili ve jalapeno biberler birbirlerine genetik olarak yakın bulunmuşlardır (Şekil 4.1). Karakurt vd. (2019) yaptıkları SSR markerleri ve UPGMA dendogramı neticesinde biber (*C. annuum*) varyetelerini 2 ana gruba ayrılmıştır. Birinci

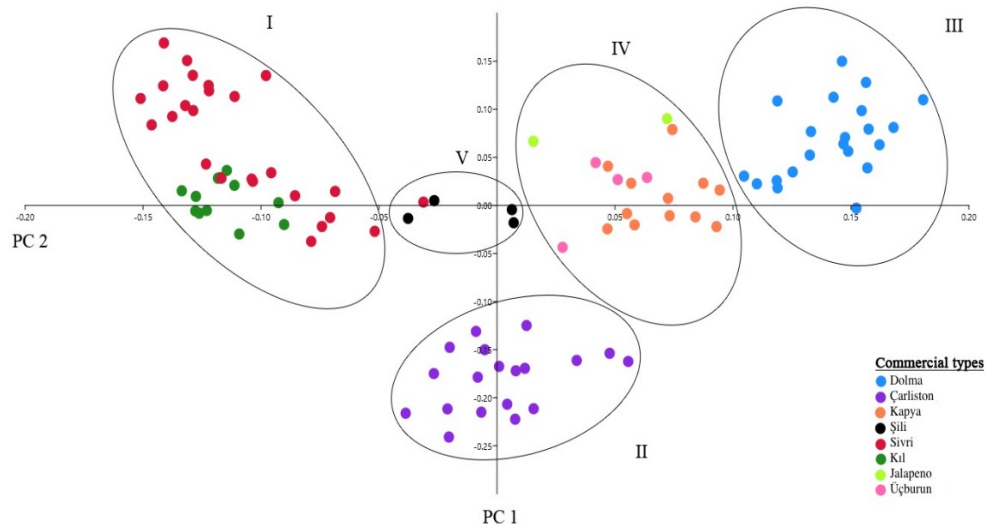
ana grupta iki alt grup görülmüştür. İlkinde Vezir (sivri bibere benzer), Üçburun, Acıburun, Yükseline (acı ince sivri bibere benzer), Anadol (dolma bibere benzer), Serenad (kappa bibere benzer), Hayfa şili (şili bibere benzer) yer almaktadır. Jalomex (jalapeno bibere benzer) ise ikinci alt gruptadır. Ergenekon ve Kanyon biberler ikinci ana grupta görülmüştür. Vezir- Üçburun ve Yükseline- Anadol varyeteleri birbirine benzer yani üzerinde durulan SSR bölgeleri açısından benzer özellik göstererek birlikte görülmüştür. Kendi aralarında benzerlik gösteren tek grup Ergenekon- Kanyon, Serenad-Hayfa şili'dir. Birbirine en uzak genetik benzerlik Jalomex ve Ergenekon çeşitleri arasındadır. İkinci uzak benzerlik Jalomex- Kanyon arasında görülmüştür (Karakurt vd. 2019). Bu bulgular, dolma ve jalapenoya benzer tiplerin birbirine uzaklığı ve kappa-dolmaya benzer tipte biberlerin yakınlığı bakımından bizim çalışmamızla tutarlıdır. Rosado vd. (2021) UPGMA dendogramını 9 genotipten biberler (*C. annuum*) ile yapmış, iki ana küme gözlemlemişlerdir. Buna göre, acı biberler, tatlı biberlerden belirgin bir şekilde ayrılmıştır (Rosado vd. 2021).



Şekil 4.1. UPGMA kümeleme yöntemi ile biber hatları arasındaki genetik ilişki

PCoA (Şekil 4.2) grafiği bireyler arasındaki genetik mesafeleri veya farklılıkları 5 küme ile biber tiplerinin başarılı bir şekilde karakterize edildiğini ve gruplandığını göstermiştir. Küme I'de, sivri ve kıl tipi biberler bu küme içinde en belirgin genetik

akrabalığı sergilemiştir. Charleston tipi biberler, genetik olarak diğer çeşitlerden farklı olduğunu gösteren küme II'de belirgin bir şekilde ayrılmıştır. Benzer şekilde, dolma tipi biberler, diğer biber tipleriyle genetik benzerliği olmayan küme III'te yer almaktadır. Kapyra, üçburun ve jalapeno tipi biberler, küme IV'te bir araya gelmiştir. Bir sivri tip, ANS 108, Küme V'te şili biberleriyle gruplanmıştır. Yakın zamanda yapılan bir çalışmada, Du vd. (2019)'a göre, morfolojik olarak, düz (Charlstona benzer) ve kısa (Dolma bibere benzer) biberler benzer meyve tipine sahiptir. Çalışmamızda olduğu gibi, ilgili makalede de jalapeno veya şili biberlerine benzeyen kısa biberler tanımlanmış ve bu biberlerin sivri veya kıl tipi biberlerle genetik benzerliği olduğu belirtilmiştir. İlgili çalışmaya göre, Dolma tipi biberlere benzer meyve boyutlarına sahip biberler daha geniş dağılıma sahip olup, kıl veya sivri tipi biberlerle karşılaştırıldığında daha az genetik benzerlik göstermektedir (Du vd. 2019). Bu sonuçlar, dolma tipi biberler ile sivri veya kıl tipi biberler arasında bir genetik yakınlık olmadığı için bulgularımızla tutarlıdır. Bu iki biber hattı arasında önemli bir fark olduğunu göstermektedir. Bu kapsamlı kümelenme analizi, çeşitli biber tipleri arasındaki genetik ilişkileri aydınlatarak, bunların benzerlikleri ve farklılıkları hakkında değerli bilgiler sunmaktadır.



Şekil 4.2. Toplam 99 biber hattının temel koordinat analizi (PCoA) sonuçları

Çizelge 4.5'e göre biber hatlarının 0.50 eşiğinin altında ve üstünde olduğu durumlarda bir grup olarak kabul edildiğinde, Q1 ve Q2 sırasıyla 46 ve 53 hat içermektedir (Çizelge 4.5. ve Şekil 4.3). STRUCTURE Plot V2.0'den elde edilen grafik, üçburun, jalapeno ve dolma tipi biberlerin yalnızca Q1'e (<0.5) ait olduğunu göstermektedir. Kapyra ve Charleston tipi biberler (bir istisnası dışında) Q1 grubunda görülmüştür. Üç şili biber tipi Q2'de (>0.5) görülürken, iki şili biber tipi Q1'e aittir. Q2, kıl ve sivri tipi biberlerin hepsini içermektedir. Daha önceki çalışmalarda, bu iki sonucun, Yıldız vd. (2020) tarafından yapılan çalışma bulgularıyla uyumlu olduğu bulunmuştur. Bahsedilen çalışmaya göre, Türk biber germplazmında STRUCTURE analizi ile, üç ana kümenin varlığı ortaya konulmuştur. En büyük küme, ≥ 0.5 değerine sahiptir ve her biri bizdeki tüm *C. annuum* hatlarını içermektedir. Bahsedilen çalışmada (Yıldız vd. 2020),

şili-kapya tipi biberler arasındaki yakınlık ve bazı sivri biberlerin de şili tipi çeşitlere benzerlik göstermesi bakımından bizim bulgularımızla tutarlıdır. Ancak, buradaki bulgular, kapa biberlerinin sivri tipi biberlere yakın gözlemlenmesi bakımından, araştırmamızın bulgularıyla çelişmektedir. Taranto vd. (2016) çalışmasında, Bayesian ve Hiyerarşik kümelemeye dayanarak koleksiyonlarını üç kümeye bölmüşlerdir. Bunlardan, küme I, ağırlıklı olarak Güney ve Kuzey İtalya'dan ve Doğu Avrupa'dan gelen çeşitler ve yerel çeşitleri içerirken, küme II ve III ise farklı coğrafi kökenlere sahip aksesyonlardan oluşmuştur. Küme I'e dahil edilen aksesyonlar arasındaki genom çapındaki genetik varyasyonu dikkate alarak, Bayesian ($K = 3$) ve Hiyerarşik ($K = 2$) olarak bulunmuştur. Grup 1; İtalyan, Doğu Avrupa ve Türk biber genotiplerinden oluşurken, dünyanın diğer yerlerinden aksesyonlar grup II'ye aittir. Farklı kökenlere sahip acı biberler grup 3'te görülmüştür (Taranto vd. 2016). Bu çalışma, kökenlerine göre biberleri ayırmakta ve K değerinin 2 bulunması bakımından bu çalışmayla paralellik göstermektedir ve daha çok SNP markeriyle çalışılmış, bunlardan çoğu *C. annuum*'a ait bulunmuştur. Zhang vd. (2016) STRUCTURE ile popülasyon yapısını analiz ettiklerinde, 3 biber (*C. annuum* L.) grubu sınıflandırmışlardır. Grup 1'in üyeleri, daha kısa meyve uzunluğu ve meyvelerin büyük bir kısmı üçgen, yarı uzun dörtgen veya kare (bloklı) tipte tatlı biber çeşitleriydi. Grup 3 ise uzun ve küçük meyve yapılı çeşitlerden oluşmuştur. Grup 2'de ise küçük, uzun meyveleri ile grup 3'e daha yakın görülmüştür (Zhang vd. 2016). Buna göre, grup 1'deki biber tipleri dolma bibere, grup 3'teki biberler ise jalapeno veya şili biberlere benzemesi bakımından bizim bulgularımızla tutarlıdır. Ronald vd. (2023) yirmi iki biber (*C. annuum* L.) germplazm hattını üç küme olarak sınıflandırmıştır. Birinci kümede on altı genotip, 3. kümede bir genotip görülmüştür. Genetik farklılaşmaya en önemli katkıyı sağlayan, biberlerdeki toplam kapsaisinoid içeriği, sonrasında meyve uzunluğu, meyve genişliği, plasenta genişliği ve tohum sayısı olmuştur. Bahsedilen çalışmada, 1. küme ve 2. küme arasında en yüksek kümeler arası mesafe görülmüştür; bu durumda içindeki genotiplerin genetik olarak yakından ilişkili olduğunu ve aralarındaki farklılığın fazla olduğuna işaret etmektedir. Buna göre, 1. küme ile 2. küme arasındaki genotipler arası melezlemelerin umut vadet edeceği düşünülmüştür (Ronald vd. 2023). Genetik mesafe olarak birbirine uzak genotiplerin melezlemelerinden daha iyi sonuçlar alınabileceği açıktır. Genetik olarak uzak genotiplerin (hatların) melezlenmesinden daha yüksek heterosis elde edileceği pek çok bitki türünde ispatlanmıştır (Geleta vd. 2004; Napolitano vd. 2020; Berilli vd. 2011; Jiang vd. 2023). Eğer bu genotipler doğrudan çeşit geliştirmede değil de hat geliştirmede kullanılacaksa, genetik olarak uzak genotiplerin melezlenmesinden de F_2 ve F_3 generasyonlarında transgressif açılmalar (melezlemede kullanılan ana ve baba bitki değerinden artı ve eksi yönde değerlere sahip döller) ve ileri generasyonlarda da üstün hatların (superior lines) elde edileceği kanıtlanmıştır (Sarı vd. 2022; Yamazaki vd. 2020). Bitki ıslahında genel ilke genetik olarak uzak bireylerin melezlenmesinden F_1 generasyonunda heterobeltiosis elde edilmektedir. Eğer heterobeltiosis elde edilmiş ise bu melez popülasyon $F_{2/3}$ generasyonunda transgresif döller ve ileri generasyonlarda da üstün saf hatlar meydana getireceği düşünülmektedir.

Çizelge 4.5. Tez kapsamında kullanılan 99 biber hattının ait olduğu gruplar

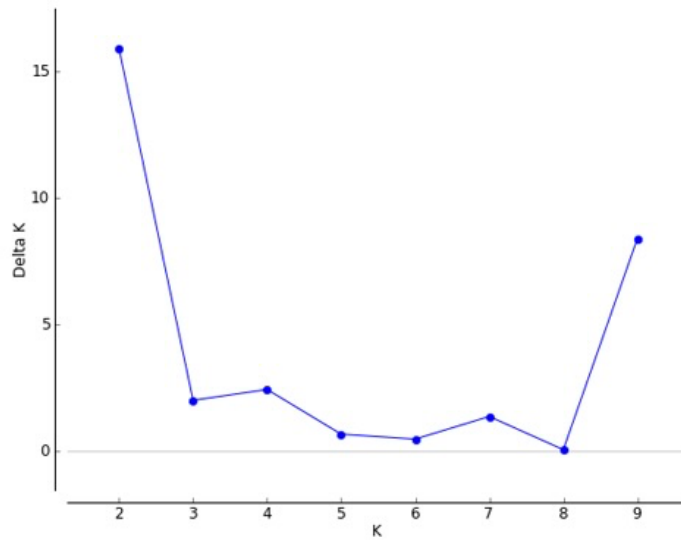
SIRA	TİP	GENOTİP	GRUP
1	DOLMA	ANS1	Q1
2	DOLMA	ANS2	Q1
3	DOLMA	ANS3	Q1
4	DOLMA	ANS4	Q1
5	DOLMA	ANS5	Q1
6	DOLMA	ANS6	Q1
7	DOLMA	ANS7	Q1
8	DOLMA	ANS8	Q1
9	DOLMA	ANS9	Q1
10	DOLMA	ANS10	Q1
11	DOLMA	ANS12	Q1
12	DOLMA	ANS13	Q1
13	DOLMA	ANS14	Q1
14	DOLMA	ANS15	Q1
15	DOLMA	ANS16	Q1
16	DOLMA	ANS17	Q1
17	DOLMA	ANS18	Q1
18	DOLMA	ANS19	Q1
19	DOLMA	ANS23	Q1
20	DOLMA	ANS24	Q1
21	DOLMA	ANS25	Q1
22	ÇARLISTON	ANS33	Q1
23	ÇARLISTON	ANS45	Q1
24	ÇARLISTON	ANS46	Q1
25	ÇARLISTON	ANS47	Q1
26	ÇARLISTON	ANS48	Q1
27	KAPYA	ANS52	Q1
28	KAPYA	ANS54	Q1
29	KAPYA	ANS55	Q1
30	KAPYA	ANS56	Q1
31	KAPYA	ANS57	Q1
32	KAPYA	ANS58	Q1
33	KAPYA	ANS59	Q1
34	KAPYA	ANS60	Q1
35	KAPYA	ANS61	Q1
36	KAPYA	ANS62	Q1
37	ÜÇBURUN	ANS75	Q1
38	ÜÇBURUN	ANS77	Q1
39	ÜÇBURUN	ANS78	Q1
40	ÜÇBURUN	ANS80	Q1
41	ŞİLİ	ANS82	Q1

Çizelge 4.5.'in devamı

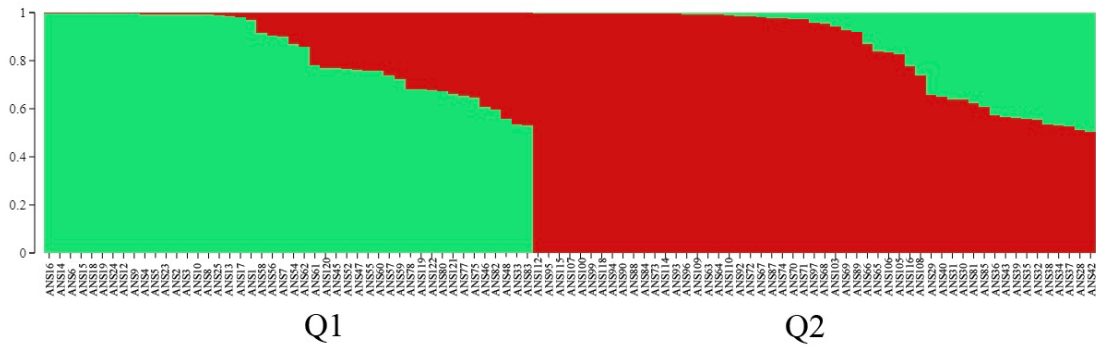
42	ŞİLİ	ANS83	Q1
43	JALAPENO	ANS119	Q1
44	JALAPENO	ANS120	Q1
45	KAPYA	ANS121	Q1
46	KAPYA	ANS122	Q1
47	SİVRİ	ANS89	Q2
48	SİVRİ	ANS90	Q2
49	SİVRİ	ANS92	Q2
50	SİVRİ	ANS93	Q2
51	SİVRİ	ANS94	Q2
52	SİVRİ	ANS95	Q2
53	SİVRİ	ANS96	Q2
54	SİVRİ	ANS97	Q2
55	SİVRİ	ANS99	Q2
56	SİVRİ	ANS100	Q2
57	SİVRİ	ANS103	Q2
58	SİVRİ	ANS105	Q2
59	SİVRİ	ANS106	Q2
60	SİVRİ	ANS107	Q2
61	SİVRİ	ANS108	Q2
62	SİVRİ	ANS109	Q2
63	SİVRİ	ANS110	Q2
64	SİVRİ	ANS112	Q2
65	SİVRİ	ANS114	Q2
66	SİVRİ	ANS115	Q2
67	SİVRİ	ANS116	Q2
68	SİVRİ	ANS118	Q2
69	ÇARLİSTON	ANS28	Q2
70	ÇARLİSTON	ANS29	Q2
71	ÇARLİSTON	ANS30	Q2
72	ÇARLİSTON	ANS31	Q2
73	ÇARLİSTON	ANS32	Q2
74	ÇARLİSTON	ANS34	Q2
75	ÇARLİSTON	ANS35	Q2
76	ÇARLİSTON	ANS36	Q2
77	ÇARLİSTON	ANS37	Q2
78	ÇARLİSTON	ANS38	Q2
79	ÇARLİSTON	ANS39	Q2
80	ÇARLİSTON	ANS40	Q2
81	ÇARLİSTON	ANS42	Q2
82	ÇARLİSTON	ANS43	Q2
83	KAPYA	ANS63	Q2
84	KİL	ANS64	Q2
85	KİL	ANS65	Q2
86	KİL	ANS66	Q2

Çizelge 4.5.'in devamı

87	KİL	ANS67	Q2
88	KİL	ANS68	Q2
89	KİL	ANS69	Q2
90	KİL	ANS70	Q2
91	KİL	ANS71	Q2
92	KİL	ANS72	Q2
93	KİL	ANS73	Q2
94	KİL	ANS74	Q2
95	ŞİLİ	ANS81	Q2
96	ŞİLİ	ANS84	Q2
97	ŞİLİ	ANS85	Q2
98	SİVRİ	ANS87	Q2
99	SİVRİ	ANS88	Q2



Şekil 4.3. En iyi K değerinin belirlenmesi için oluşturulan Delta K grafiği



Şekil 4.4. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen verilere sonuçların dağılımları (1. grup; yeşil, 2. grup; kırmızı ile temsil edilmektedir).

5. SONUÇLAR

Yeni nesil dizileme verileri kullanılarak biber koleksiyonundaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi konulu bu tez çalışması, bitki genetiği ve ıslahı alanına önemli katkılar sunmaktadır. Öncelikle, bu çalışma biber çeşitlerinin genetik yapısını derinlemesine analiz ederek, çevresel koşullara nasıl uyum sağladıklarını anlamamızı sağlamaktadır. Bu bilgiler, özellikle Akdeniz bölgelerinde yetişen biberlerin ıslah programlarında kullanılacak genetik kaynakları tanımlamak için önemlidir. Bu genetik çeşitlilik, yeni ve daha dayanıklı biber çeşitlerinin geliştirilmesinde temel teşkil edecektir.

Genetik çeşitliliğin kapsamlı bir şekilde belirlenmesi, ıslah çalışmalarında genetik varyasyonun korunmasına ve artırılmasına yönelik stratejilerin oluşturulmasına olanak tanır (Govindaraj ve Vetriventhan, 2015). Bu, özellikle hastalık dayanıklılığı, stres toleransı ve verimlilik gibi özelliklerin iyileştirilmesinde kritik bir rol oynar. Ayrıca, popülasyon yapısının belirlenmesi, biber çeşitlerinin genetik akrabalıklarını ve evrimsel geçmişlerini anlamamıza yardımcı olur, bu da hedefe yönelik ıslah çalışmalarının daha etkili bir şekilde yapılmasını sağlar.

Çalışma, ddRADSeq gibi ileri teknoloji dizileme yöntemleri kullanarak geniş bir veri seti sunmakta ve bu sayede biber çeşitleri arasındaki genetik ilişkileri ve farklılıkları yüksek doğrulukla ortaya koymaktadır. STRUCTURE ve PCoA analizleri, biber popülasyonunun genetik yapısını ve alt gruplarını belirleyerek, bu çeşitlerin evrimsel geçmişi hakkında değerli bilgiler sağlamaktadır. Bu tür bilgiler, ıslahçılara hangi çeşitlerin melezlenmesinin genetik çeşitliliği artıracığını, en iyi potansiyel ana baba hatlarının seçilmesini ve hangi genetik hatların dayanıklılık özellikleri kazandırabileceğini göstermektedir.

Bu çalışma ayrıca, genetik kaynakların korunması açısından da önemli çıkarımlar sunmaktadır. Genetik çeşitliliğin korunması, tarımsal biyolojik çeşitliliğin sürdürülebilirliği ve gelecekteki ıslah programları için sağlam bir temel oluşturur (Smith vd. 2015). Bu sayede, genetik erozyonun önüne geçilerek, biber çeşitlerinin adaptasyon potansiyeli ve uzun vadeli tarımsal üretim kapasitesi artırılabilir.

Sonuç olarak, bu tez çalışması bitki genetiği ve ıslahı alanında hem teorik hem de pratik açıdan önemli katkılar sunmakta, biber genetik kaynaklarının korunması ve geliştirilmesi için yeni ufuklar açmaktadır. Bu sayede, gelecekte daha verimli, dayanıklı ve çevresel koşullara uyum sağlayabilen biber çeşitlerinin geliştirilmesine yönelik bilimsel ve uygulamalı çalışmalar desteklenmiş olacaktır.

6. KAYNAKLAR

- Ahmed, I. Nawab, N.N. Rehmat Kabir, F.M. Intikhab, A. Rehman, A.U. Farid, M.Z. Ali, I. 2022. Genetic diversity for production traits in hot chilli (*Capsicum annuum* L.). *Pakistan Journal of Botany*, 54(6): 2157-2166.
- Akkaya, M.S. Shoemaker, R.C. Specht, J.E. Bhagwat, A.A. Cregan, P.B. 1995. Integration of simple sequence repeat DNA markers into a soybean linkage map. *Crop Science*, 35(5): 1439-1445.
- Aktas, H. Abak, K. Sensoy, S. 2009. Genetic diversity in some Turkish pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes revealed by AFLP analyses. *African J. Biotechnology*, 8(18).
- Akyavuz, R. Taskin, B. Koçak, M. and Yildiz, M. 2018. Exploring the genetic variations and population structure of Turkish pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes based on peroxidase gene markers. *3 Biotech*, 8, 1-9.
- Ashrafi, H. Hill, T. Stoffel, K. Kozik, A. Yao, J. Chin-Wo, S. R. and Van Deynze, A. 2012. De novo assembly of the pepper transcriptome (*Capsicum annuum*): a benchmark for in silico discovery of SNPs, SSRs and candidate genes. *BMC genomics*, 13, 1-15.
- Babu, B. S. Pandravada, S. R. Rao, R. P. Anitha, K. Chakrabarty, S. K. and Varaprasad, K. S. 2011. Global sources of pepper genetic resources against arthropods, nematodes and pathogens. *Crop Protection*, 30(4): 389-400.
- Bae, J. H. Park, Y. J. Namiesnik, J. Gülçin, I. Kim, T. C. Kim, H. C. ... and Ku, Y. G. 2016. Effects of artificial lighting on bioactivity of sweet red pepper (*Capsicum annuum* L.). *International Journal of Food Science & Technology*, 51(6): 1378-1385.
- Bailey, T. Krajewski, P. Ladunga, I. Lefebvre, C. Li, Q. Liu, T. ... and Zhang, J. 2013. Practical guidelines for the comprehensive analysis of ChIP-seq data. *PLoS Computational Biology*, 9(11): e1003326.
- Basak, M. Uzun, B. and Yol, E. 2019. Genetic diversity and population structure of the Mediterranean sesame core collection with use of genome-wide SNPs developed by double digest RAD-Seq. *PLoS one*, 14(10): e0223757.
- Berilli, A. P. C. G. Pereira, M. G. Gonçalves, L. S. A. da Cunha, K. S. Ramos, H. C. C. Souza Filho, G. A. and do Amaral Júnior, A. T. 2011. Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. *Genetics and Molecular Research*, 10(4): 2589-2596.
- Bosland, P. W. 1995. The Wild and the Beautiful: Exotic Sources for Improving *Capsicum* (Pepper). *HortScience*, 30(4): 905F-905.
- Botstein, D. White, R. L. Skolnick, M. and Davis, R. W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3): 314.

- Bozokalfa, M. K. Esiyok, D. and Turhan, K. 2009. Patterns of phenotypic variation in a germplasm collection of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Turkey. *Spanish Journal of Agricultural Research*, (1): 83-95.
- Caetano-Anollés, G. Bassam, B. J. and Gresshoff, P. M. 1993. Enhanced detection of polymorphic DNA by multiple arbitrary amplicon profiling of endonuclease-digested DNA: identification of markers tightly linked to the supernodulation locus in soybean. *Molecular and General Genetics MGG*, 241: 57-64.
- Chen, S. Zhou, Y. Chen, Y. and Gu, J. 2018. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*, 34(17): i884-i890.
- Christov, N. K. Tsonev, S. Todorova, V. and Todorovska, E. G. 2021. Genetic diversity and population structure analysis—a prerequisite for constructing a mini core collection of Balkan *Capsicum annuum* germplasm. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(1): 1010-1023.
- Darwin, C. 1868. *The variation of animals and plants under domestication* by Charles Darwin, pp. 280-281.
- De Masi, L. Siviero, P. Castaldo, D. Cautela, D. Esposito, C. and Laratta, B. 2007. Agronomic, chemical and genetic profiles of hot peppers (*Capsicum annuum* ssp.). *Molecular Nutrition & Food Research*, 51(8): 1053-1062.
- Demirkaya, M. and Güneş, A. 2022. Effects of different effective microorganism and nitrogen fertilization doses on seed yield and quality of pepper (*Capsicum annuum* L.) plants. *Gesunde Pflanzen*, 74(1): 125-132.
- Doyle, J. J. 1990. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Du, H. Yang, J. Chen, B. Zhang, X. Zhang, J. Yang, K. ... and Wen, C. 2019. Target sequencing reveals genetic diversity, population structure, core-SNP markers, and fruit shape-associated loci in pepper varieties. *BMC Plant Biology*, 19: 1-16.
- Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4: 359-361.
- Esposito, S. Cardi, T. Campanelli, G. Sestili, S. Díez, M. J. Soler, S. ... and Tripodi, P. 2020. ddRAD sequencing-based genotyping for population structure analysis in cultivated tomato provides new insights into the genomic diversity of Mediterranean ‘da serbo’ type long shelf-life germplasm. *Horticulture Research*, 7.
- FAO (Food and Agriculture Organization) 2022. FAOSTAT. [Son erişim tarihi: 2024-03-18]. (<http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>)
- Frery, A. Keçeli, M. A. Ökmen, B. Şığva, H. Ö. Yemenicioğlu, A. and Doğanlar, S. 2008. Water-soluble antioxidant potential of Turkish pepper cultivars. *HortScience*, 43(3): 631-636.

- García-Gaytán, V. Gómez-Merino, F. C. Trejo-Téllez, L. I. Baca-Castillo, G. A. and García-Morales, S. 2017. The chilhuacle chili (*Capsicum annuum* L.) in Mexico: Description of the variety, its cultivation, and uses. *International Journal of Agronomy*, 2017.
- Garrison, E. and Marth, G. 2012. Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. *arXiv preprint arXiv:1207.3907*.
- Geleta, L. F. Labuschagne, M. T. and Viljoen, C. D. 2004. Relationship between heterosis and genetic distance based on morphological traits and AFLP markers in pepper. *Plant Breeding*, 123(5): 467-473.
- Girardot, C. Scholtalbers, J. Sauer, S. Su, S. Y. and Furlong, E. E. 2016. Je, a versatile suite to handle multiplexed NGS libraries with unique molecular identifiers. *BMC Bioinformatics*, 17: 1-6.
- Glaubitz, J. C. Casstevens, T. M. Lu, F. Harriman, J. Elshire, R. J. Sun, Q. and Buckler, E. S. 2014. TASSEL-GBS: a high capacity genotyping by sequencing analysis pipeline. *PLoS one*, 9(2): e90346.
- Golkar, P. and 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.
- Govindaraj, M. Vetriventhan, M. and Srinivasan, M. 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Genetics Research International*, 2015(1): 431487.
- Greenleaf W. H., "Pepper breeding," in *Breeding Vegetable Crops*, M. J. Basset, Ed. The AVI Publishing Company, Westport, Conn, USA, 1986, pp. 67–134.
- Guden, B. Kiemde, O. Yol, E. and Uzun, B. 2024. Development and utilization of genome-wide InDel markers in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. *Euphytica*, 220(5): 1-10.
- Guo, Y. Yang, G. Chen, Y. Li, D. and Guo, Z. 2018. A comparison of different methods for preserving plant molecular materials and the effect of degraded DNA on ddRAD sequencing. *Plant Diversity*, 40(3): 106-116.
- Guo, G. Pan, B. Yi, X. Khan, A. Zhu, X. Ge, W. ... and Wang, S. 2023. Genetic diversity between local landraces and current breeding lines of pepper in China. *Scientific Reports*, 13(1): 4058.
- Gurung, T. Penjor, T. Tshomo, D. and Sitaula, B. 2020. Genetic diversity of chili pepper (*Capsicum* spp.) genotypes grown in Bhutan based on morphological characters.
- Hadrys, H. Balick, M. and Schierwater, B. 1992. Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology*, 1(1): 55-63.

- Hammer, Ø. and Harper, D. A. 2001. Past: paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1): 1.
- Hill, T. A. Chunthawodtiporn, J. Ashrafi, H. Stoffel, K. Weir, A. and Van Deynze, A. 2017. Regions underlying population structure and the genomics of organ size determination in *Capsicum annuum*. *The plant Genome*, 10(3), plantgenome2017-03.
- Hulse-Kemp, A. M. Ashrafi, H. Plieske, J. Lemm, J. Stoffel, K. Hill, T. ... and Van Deynze, A. 2016. A HapMap leads to a *Capsicum annuum* SNP Infinium array: a new tool for pepper breeding. *Horticulture Research*, 3.
- Hulse-Kemp, A. M. Maheshwari, S. Stoffel, K. Hill, T. A. Jaffe, D. Williams, S. R. ... and Van Deynze, A. 2018. Reference quality assembly of the 3.5-Gb genome of *Capsicum annuum* from a single linked-read library. *Horticulture Research*, 5.
- Jeong, H. S. Jang, S. Han, K. Kwon, J. K. and Kang, B. C. 2015. Marker-assisted backcross breeding for development of pepper varieties (*Capsicum annuum*) containing capsinoids. *Molecular Breeding*, 35: 1-10.
- Jiang, F. Yin, X. Li, Z. W. Guo, R. Wang, J. Fan, J. ... and Fan, X. 2023. Predicting heterosis via genetic distance and the number of SNPs in selected segments of chromosomes in maize. *Frontiers in Plant Science*, 14: 1111961.
- Jung, J. K. Park, S. W. Liu, W. Y. and Kang, B. C. 2010. Discovery of single nucleotide polymorphism in *Capsicum* and SNP markers for cultivar identification. *Euphytica*, 175: 91-107.
- Karakurt, Y. Güvercin, D. and Cesur, E. 2020. Biber (*Capsicum annuum* L.) genotiplerinin SSR markörleri ile genetik karakterizasyonu. *Journal of Agriculture Faculty of Ege University*, 57(2): 185-191.
- Kim, S. Park, M. Yeom, S. I. Kim, Y. M. Lee, J. M. Lee, H. A. ... and Choi, D. 2014. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *Nature Genetics*, 46(3): 270-278.
- Khan, A. and Korban, S. S. 2022. Breeding and genetics of disease resistance in temperate fruit trees: challenges and new opportunities. *Theoretical and Applied Genetics*, 135(11): 3961-3985.
- Kochieva, E. Z. and Ryzhova, N. N. 2003. Molecular AFLP analysis of the genotypes of pepper *Capsicum annuum* cultivars. *Russian Journal of Genetics*, 39: 1345-1348.
- Laila, R. Park, J. I. Robin, A. H. K. Natarajan, S. Vijayakumar, H. Shirasawa, K. ... and Nou, I. S. 2019. Mapping of a novel clubroot resistance QTL using ddRAD-seq in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L.). *BMC Plant Biology*, 19: 1-9.
- Lange, A. H. 1949. Intergeneric and interspecific cross-pollination studies of *Capsicum lycopersicum*, *Physalis* and *Solanum*.

- Langmead, B. and Salzberg, S. L. 2012. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*, 9(4): 357-359.
- Lee, J. 2019. Development and evolution of molecular markers and genetic maps in capsicum species. *The capsicum genome*, 85-103.
- Livneh, O. Vardi, E. Stram, Y. Edelbaum, O. and Sela, I. 1992. The conversion of a RFLP assay into PCR for the determination of purity in a hybrid pepper cultivar. *Euphytica*, 62: 97-102.
- López Castilla, L. D. C. Garruña Hernández, R. Castillo Aguilar, C. D. L. C. Martínez-Hernández, A. Ortiz-García, M. M. and Andueza-Noh, R. H. 2019. Structure and genetic diversity of nine important landraces of *Capsicum* species cultivated in the Yucatan Peninsula, Mexico. *Agronomy*, 9(7): 376.
- Lu, F. H. Kwon, S. W. Yoon, M. Y. Kim, K. T. Cho, M. C. Yoon, M. K. and Park, Y. J. 2012. SNP marker integration and QTL analysis of 12 agronomic and morphological traits in F8 RILs of pepper (*Capsicum annuum* L.). *Molecules and Cells*, 34: 25-34.
- Maji, A. K. and Banerji, P. 2016. Phytochemistry and gastrointestinal benefits of the medicinal spice, *Capsicum annuum* L.(Chilli): a review. *Journal of Complementary and Integrative Medicine*, 13(2): 97-122.
- Mangelsdorf, P. C. MacNeish, R. S. and Willey, G. R. 1964. Origins of agriculture in Middle America. In *Handbook of Middle American Indians, Volume 1: Natural Environment and Early Cultures*. University of Texas Press, pp. 427-445.
- Manivannan, A. Kim, J. H. Yang, E. Y. Ahn, Y. K. Lee, E. S. Choi, S. and Kim, D. S. 2018. Next-generation sequencing approaches in genome-wide discovery of single nucleotide polymorphism markers associated with pungency and disease resistance in pepper. *BioMed Research International*, 2018(1): 5646213.
- Materska, M. and Perucka, I. 2005. Antioxidant activity of the main phenolic compounds isolated from hot pepper fruit (*Capsicum annuum* L.). *Journal of Agricultural and food Chemistry*, 53(5): 1750-1756.
- Mehravi, S. Ranjbar, G. A. Mirzaghaderi, G. Severn-Ellis, A. A. Scheben, A. Edwards, D. and Batley, J. 2021. De novo SNP discovery and genotyping of Iranian *Pimpinella* species using ddRAD sequencing. *Agronomy*, 11(7): 1342.
- Minamiyama, Y. Tsuru, M. and Hirai, M. 2006. An SSR-based linkage map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding*, 18(2): 157-169.
- Monteiro, E. R. Bastos, E. M. Lopes, Â. C. D. A. Gomes, R. L. F. and Nunes, J. A. R. 2010. Genetic diversity among accessions of cultivated peppers species. *Ciência Rural*, 40: 258-263.
- Mougiou, N. Triikka, F. Michailidou, S. Pantoura, M. and Argiriou, A. 2021. Molecular and biochemical characterization of the Greek pepper (*Capsicum annuum*) cultivars "Florinis" and "Karatzova". *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*, 71(1).

- Nachman, M. W. 2001. Single nucleotide polymorphisms and recombination rate in humans. *TRENDS in Genetics*, 17(9): 481-485.
- Naegle, R. P. Mitchell, J. and Hausbeck, M. K. 2016. Genetic diversity, population structure, and heritability of fruit traits in *Capsicum annuum*. *Plos one*, 11(7): e0156969.
- Napolitano, M. Terzaroli, N. Kashyap, S. Russi, L. Jones-Evans, E. and Albertini, E. 2020. Exploring heterosis in melon (*Cucumis melo* L.). *Plants*, 9(2): 282.
- Nicolaï, M. Pisani, C. Bouchet, J. P. Vuylsteke, M. and Palloix, A. 2012. Discovery of a large set of SNP and SSR genetic markers by high-throughput sequencing of pepper (*Capsicum annuum*). *Genetics and Molecular Research*, 11(3): 2295-2300.
- Nybom, H. 2004. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology*, 13(5): 1143-1155.
- Oyama, K. Hernandez-Verdugo, S. Sanchez, C. González-Rodríguez, A. Sanchez-Pena, P. Garzon-Tiznado, J. A. and Casas, A. 2006. Genetic structure of wild and domesticated populations of *Capsicum annuum* (Solanaceae) from northwestern Mexico analyzed by RAPDs. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53: 553-562.
- Oztolan-Erol, N. Helmstetter, A. J. İnan, A. Buggs, R. J. and Lucas, S. J. 2021. Unraveling genetic diversity amongst European hazelnut (*Corylus avellana* L.) varieties in Turkey. *Frontiers in Plant Science*, 12: 661274.
- Pacheco-Olvera, A. Hernández-Verdugo, S. Rocha-Ramírez, V. González-Rodríguez, A. and Oyama, K. 2012. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Crop Science*, 52(1): 231-241.
- Pandey, S. Ansari, W. A. Pandey, M. and Singh, B. 2018. Genetic diversity of cucumber estimated by morpho-physiological and EST-SSR markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 24: 135-146.
- Papoiu, A. D., and Yosipovitch, G. 2010. Topical capsaicin. The fire of a 'hot' medicine is reignited. *Expert Opinion on Pharmacotherapy*, 11(8): 1359-1371.
- Patel, P. N. Fougat, R. S. and Sasidharan, N. 2009. Characterization of chilli (*Capsicum annuum* L.) genotypes using RAPD markers. *Research on Crops*, 10(3): 748-754.
- Peterson, B. K. Weber, J. N. Kay, E. H. Fisher, H. S. and Hoekstra, H. E. 2012. Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS one*, 7(5): e37135.
- Peakall, R. O. D. and Smouse, P. E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6(1): 288-295.

- Pritchard, J. K. Stephens, M. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2): 945-959.
- Qin, C. Yu, C. Shen, Y. Fang, X. Chen, L. Min, J. ... and Zhang, Z. 2014. Whole-genome sequencing of cultivated and wild peppers provides insights into *Capsicum* domestication and specialization. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(14): 5135-5140.
- Rabuma, T. Gupta, O. P. and Chhokar, V. 2020. Phenotypic characterization of chili pepper (*Capsicum annuum* L.) under *Phytophthora capsici* infection and analysis of genetic diversity among identified resistance accessions using SSR markers. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 112: 101539.
- Ramasamy, R. K. Ramasamy, S. Bindroo, B. B. and Naik, V. G. 2014. STRUCTURE PLOT: a program for drawing elegant STRUCTURE bar plots in user friendly interface. *SpringerPlus*, 3: 1-3.
- Richard, S. Neish, M. and Cordon, R. W. 1964. 13. Origins of Agriculture in Middle America. *Handbook of Middle American Indians, Volume 1: Natural Environment and Early Cultures*, 1: 427.
- Rivera, A. Monteagudo, A. B. Igartua, E. Taboada, A. García-Ulloa, A. Pomar, F. ... and Silvar, C. 2016. Assessing genetic and phenotypic diversity in pepper (*Capsicum annuum* L.) landraces from North-West Spain. *Scientia Horticulturae*, 203: 1-11.
- Rogozin, I. B. and Pavlov, Y. I. 2003. Theoretical analysis of mutation hotspots and their DNA sequence context specificity. *Mutation Research/Reviews in Mutation Research*, 544(1): 65-85.
- Ronald, S. Reddy, K. M. Rao, V. K. Singh, L. J. and Yathan, L. J. 2023. Genetic Diversity for Fruit Quality Traits in Elite Capsicum (*Capsicum annuum* L.) Germplasm Lines. *International Journal of Environment and Climate Change*, 13(11): 1530-1536.
- Rosado, R. D. S. Cecon, P. R. de Oliveira, A. C. R. Finger, F. L. Suela, M. M. Cruz, C. D. and Nascimento, M. 2021. Genetic diversity among pepper and chili genotypes by Kohonen's Self-Organizing Maps. *Genetics Molecular Research*, 20: 1-11.
- Santos Pessoa, A. M. D. do Rêgo, E. R. de Carvalho, M. G. Pereira dos Santos, C. A. and do Rêgo, M. M. 2018. Genetic diversity among accessions of *Capsicum annuum* L. through morphoagronomic characters. *CEP*, 14090: 190.
- Sari, D. Sari, H. Eker, T. Ikten, C. Uzun, B. and Toker, C. 2022. Intraspecific versus interspecific crosses for superior progeny in *Cicer* species. *Crop Science*, 62(6): 2122-2137.
- Schweyen, H. Rozenberg, A. and Leese, F. 2014. Detection and removal of PCR duplicates in population genomic ddRAD studies by addition of a degenerate base region (DBR) in sequencing adapters. *The Biological Bulletin*, 227(2): 146-160.

- Shiragaki, K. Yokoi, S. and Tezuka, T. 2020. Phylogenetic analysis and molecular diversity of *Capsicum* based on rDNA-ITS region. *Horticulturae*, 6(4): 87.
- Shirasawa, K. Hosokawa, M. Yasui, Y. Toyoda, A. and Isobe, S. 2023. Chromosome-scale genome assembly of a Japanese chili pepper landrace, *Capsicum annuum* ‘Takanotsume’. *DNA Research*, 30(1): dsac052.
- Smith, S. Bubeck, D. Nelson, B. Stanek, J. and Gerke, J. 2015. Genetic diversity and modern plant breeding. *Genetic diversity and erosion in plants: Indicators and prevention*, 55-88.
- Srinivasan, K. 2016. Biological activities of red pepper (*Capsicum annuum*) and its pungent principle capsaicin: a review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 56(9): 1488-1500.
- Sokal, R. R. and Michener, C. D. 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships.
- Solomon, A. M. Han, K. Lee, J. H. Lee, H. Y. Jang, S. and Kang, B. C. 2019. Genetic diversity and population structure of Ethiopian *Capsicum* germplasms. *PLoS One*, 14(5): e0216886.
- Sood, T. Sood, S. Sood, V. K. Badiyal, A. Kapoor, S. Sood, V. and Kumar, N. 2023. Characterisation of bell pepper (*Capsicum annuum* L. var. *grossum* Sendt.) accessions for genetic diversity and population structure based on agro morphological and microsatellite markers. *Scientia Horticulturae*, 321: 112308.
- Sudan, J. Singh, R. Sharma, S. Salgotra, R. K. Sharma, V. Singh, G. ... and Zargar, S. M. 2019. ddRAD sequencing-based identification of inter-genepool SNPs and association analysis in *Brassica juncea*. *BMC plant biology*, 19: 1-15.
- Sumathy, K. M. A. and Mathew, A. G. 1984. Chilli processing. *Indian Cocoa, Arecanut and Spice J.* 7: 112-113.
- Sun, T. Xu, Z. Wu, C. T. Janes, M. Prinyawiwatkul, W. and No, H. K. 2007. Antioxidant activities of different colored sweet bell peppers (*Capsicum annuum* L.). *Journal of Food Science*, 72(2): S98-S102.
- Swarup, S. Cargill, E. J. Crosby, K. Flagel, L. Kniskern, J. and Glenn, K. C. 2021. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Science*, 61(2): 839-852.
- Taranto, F. D’Agostino, N. Greco, B. et al. Genome-wide SNP discovery and population structure analysis in pepper (*Capsicum annuum*) using genotyping by sequencing. *BMC Genomics* 17: 943 2016.
- Thomson, M. J. 2014. High-throughput SNP genotyping to accelerate crop improvement. *Plant Breeding and Biotechnology*, 2(3): 195-212.

- Tomlekova, N. Spasova-Apostolova, V. Pantchev, I. and Sarsu, F. 2021. Mutation associated with orange fruit color increases concentrations of β -carotene in a sweet pepper variety (*Capsicum annuum* L.). *Foods*, 10(6): 1225.
- Tripodi, P. D'Alessandro, R. Festa, G. Taviani, P. and Rea, R. 2022. Profiling the diversity of sweet pepper 'Peperone Cornetto di Pontecorvo'PDO (*Capsicum annuum*) through multi-phenomic approaches and sequencing-based genotyping. *Agronomy*, 12(6): 1433.
- Tsaballa, A. Ganopoulos, I. Timplalexi, A. Alik, X. Bosmali, I. Irini, N. O. ... and Madesis, P. 2015. Molecular characterization of Greek pepper (*Capsicum annuum* L.) landraces with neutral (ISSR) and gene-based (SCoT and EST-SSR) molecular markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 59: 256-263.
- TUİK (Türkiye İstatistik Kurumu). 2022. [Son erişim tarihi: 2024-03-24]. (<http://tuik.gov.tr/Start.do>)
- Van Dijk, E. L. Jaszczyzyn, Y. and Thermes, C. 2014. Library preparation methods for next-generation sequencing: tone down the bias. *Experimental cell research*, 322(1): 12-20.
- Villa-Rivera, M. G. and Ochoa-Alejo, N. 2020. Chili pepper carotenoids: Nutraceutical properties and mechanisms of action. *Molecules*, 25(23): 5573.
- Walsh, B. M. and Hoot, S. B. 2001. Phylogenetic relationships of *Capsicum* (Solanaceae) using DNA sequences from two noncoding regions: the chloroplast atpB-rbcL spacer region and nuclear waxy introns. *International Journal of Plant Sciences*, 162(6): 1409-1418.
- Wang, Y. Zhang, X. Yang, J. Chen, B. Zhang, J. Li, W. ... and Geng, S. 2024. Optimized Pepper Target SNP-Seq Applied in Population Structure and Genetic Diversity Analysis of 496 Pepper (*Capsicum* spp.) Lines. *Genes*, 15(2): 214.
- Yamazaki, A. Shirasawa, K. and Hosokawa, M. 2020. Transgressive segregation and gene regions controlling thermotolerance of fruit set and pollen germination in *Capsicum chinense*. *Euphytica*, 216(11): 179.
- Yildiz, M. Koçak, M. Nadeem, M. A. Cavagnaro, P. Barboza, K. Baloch, F. S. ... and Keleş, D. 2020. Genetic diversity analysis in the Turkish pepper germplasm using iPBS retrotransposonbased markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 44(1): 1-14.
- Yol, E. Basak, M. Kızıl, S. Lucas, S. J. and Uzun, B. 2021. A high-density SNP genetic map construction using ddRAD-seq and mapping of capsule shattering trait in sesame. *Frontiers in Plant Science*, 12, 679659.
- Zhang, X. M. Zhang, Z. H. Gu, X. Z. Mao, S. L. Li, X. X. Chadœuf, J., ... and Zhang, B. X. 2016. Genetic diversity of pepper (*Capsicum* spp.) germplasm resources in China reflects selection for cultivar types and spatial distribution. *Journal of integrative agriculture*, 15(9): 1991-2001.

- Zhao, Z. L. Wu, G. P. and Xu, N. L. 2014. Genetic diversity in 'Xianlajiao' pepper (*Capsicum annuum* var. *annuum*) in China. In *XXIX International Horticultural Congress on Horticulture: Sustaining Lives, Livelihoods and Landscapes (IHC2014)*: 1127 , pp. 521-526.



ÖZGEÇMİŞ

Tuğba Pelin TOKER

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2022-2024	Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Islahı ve Genetiği Anabilim Dalı, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2018-2022	Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Antalya

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

- 1- Jain, S. K., Wettberg, E. J. V., Punia, S. S., Parihar, A. K., Lamichaney, A., Kumar, J., & Toker, C. (2023). Genomic-mediated breeding strategies for global warming in chickpeas (*Cicer arietinum* L.). *Agriculture*, 13(9), 1721.
- 2- Toker, P., Canci, H., Turhan, I., Isci, A., Scherzinger, M., Kordrostami, M., & Yol, E. (2024). The advantages of intercropping to improve productivity in food and forage production—a review. *Plant Production Science*, 1-15.