T.C.

AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ

BATI AKDENİZ VE EGE BÖLGESİNDE YETİŞEN YABANİ VE KÜLTÜR ENGİNARLARINDA (*Cynara scolymus* L.) MOLEKÜLER KARAKTERİZASYON

Seval ŞENÇOPUR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

ŞUBAT 2021

ANTALYA

T.C.

AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ

BATI AKDENİZ VE EGE BÖLGESİNDE YETİŞEN YABANİ VE KÜLTÜR ENGİNARLARINDA (*Cynara scolymus* L.) MOLEKÜLER KARAKTERİZASYON

Seval ŞENÇOPUR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

ŞUBAT 2021

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BATI AKDENİZ VE EGE BÖLGESİNDE YETİŞEN YABANİ VE KÜLTÜR ENGİNARLARINDA (*Cynara scolymus* L.) MOLEKÜLER KARAKTERİZASYON

Seval ŞENÇOPUR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi Koordinasyon Birimi tarafından FYL-2020-5352 nolu proje ile desteklenmektedir.

ŞUBAT 2021

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BATI AKDENİZ VE EGE BÖLGESİNDE YETİŞEN YABANİ VE KÜLTÜR ENGİNARLARINDA (*Cynara scolymus* L.) MOLEKÜLER KARAKTERİZASYON

SEVAL ŞENÇOPUR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

Bu tez 10/02/2021 tarihinde jüri tarafından oybirliği ile kabul edilmiştir.

Danışman : Doç. Dr. Hatice İKTEN
Prof. Dr. Faik KANTAR
Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU

ÖZET

BATI AKDENİZ VE EGE BÖLGESİNDE YETİŞEN YABANİ VE KÜLTÜR ENGİNARLARINDA (*Cynara scolymus* L.) MOLEKÜLER KARAKTERİZASYON

Seval ŞENÇOPUR

Yüksek Lisans Tezi

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Hatice İKTEN

Şubat 2021; 59 Sayfa

Enginar (*Cynara scolymus* L.) Asteraceae familyasına dahil olup dünyanın birçok yerinde yabani formuna rastlanmaktadır. Özellikle Akdeniz ülkelerinde ve bazı Amerika ülkelerinde yetiştiriciliği yapılmaktadır. Ülkemizde ise enginar yetiştiriciliği özellikle Ege ve Marmara bölgelerinde yoğunlaşmış olup son yıllarda Akdeniz bölgesinde de artış göstermiştir. Enginar, besleyici özelliğinin yanı sıra tıbbi olarak da insan vücudunun fizyolojik faaliyetlerine de etkide bulunmasıyla büyük öneme sahiptir. Yabani formlarının da tohum açısından insan sağlığına yararları yanında çiçek kısmı süsü bitkisi olarak da kullanılmaktadır. Bu çalışmada Türkiye'nin Batı Akdeniz ve Ege Bölgelerinden toplanan 51 kültür ve yabani enginar (*Cynara scolymus* L.) genotipinin moleküler analizleri yapılarak genetik çeşitliliğinin incelenmesi amaçlanmıştır. Moleküler karakterizasyon için iPBS (inter-primer binding site (iPBS) retrotransposons/Primer arası bağlanma yeri) ve SSR (Simple Sequence Repeat/ Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatelitler) primerleri kullanılmıştır.

Genetik kaynakların tanımlanması ve korunması, genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde ilk adımı oluşturmaktadır. Morfolojiden gelen bulgular popülasyonların ayırt edilmesinde kullanılıyor olsa da bazı etkenler sebebiyle morfolojik veriler yeterli gelmemektedir. Moleküler belirteç yöntemlerinin kullanılması ile kaydedilen gelişmeler, bitki gruplarının genetik çeşitliliğin belirlenmesinde, korunmasında ve ıslah amaçlı kullanımlarında güçlü yöntemler sağlamıştır. Sonraki yıllarda yapılacak seleksiyon ve ıslah çalışmalarında elde edilen moleküler veriler ana-baba seçiminde yol gösterici olarak ıslah çalışmalarının daha etkili ve daha hızlı ilerlemesine katkı sağlayacaktır. Bu çalışma ile enginar bitkisinin hem genetik kaynaklar yönünden zenginliği belirlenmiş hem de ülkemizde ve dünyada yabani olarak yetişen ve kültürü yapılan genotiplerde yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları sınırlı olduğu için elde edilecek sonuçlar ulusal ve uluslararası düzeyde literatürlere katkıda bulunacaktır.

Bu çalışmada Türkiye'nin Batı Akdeniz ve Ege Bölgelerinden toplanan 45 kültür ve yabani enginar (*Cynara scolymus* L.) genotipinin moleküler analizleri yapılarak genetik çeşitliliğinin incelenmesi amaçlanmıştır. Moleküler karakterizasyon için iPBS (Primer arası bağlanma yeri) ve SSR (Simple Sequence Repeat/ Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatelitler) primerleri kullanılmıştır. On iPBS primeri ile yapılan PCR amplifikasyonu

sonucunda toplamda 198 adet bant elde edilmiş ve bunlardan 140 tanesi polimorfik olarak skorlanmıştır. Altı SSR primeri ile yapılan PCR sonucunda da toplamda 47 adet bant elde edilmiş ve bütün primerler polimorfik bant vermiştir. Genotipler arasındaki benzerlik indeksi iPBS primerleri ile yapılan analizler sonucunda 0,52 ile 1,00, SSR primerleri ile yapılan analizler sonucunda 0,59 ile 1,00 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Benzerlik indekslerine bağlı olarak elde edilen dendrogramda yabani genotiplerin toplandıkları coğrafi bölgelere veya rakıma göre gruplanmadığı ancak çiçek baş sayısı ve baş iriliğine göre kısmen gruplandığı görülmüştür.

ANAHTAR KELİMELER: Enginar, *Cynara scolymus L.*, *Cynara carcundulus*, genetik çeşitlilik, SSR, iPBS

JÜRİ: Doç. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Faik KANTAR

Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF WILD AND CULTURAL ARTICHOKE (*Cynara scolymus L.*) GROWING IN THE WESTERN AKDENIZ AND EGE REGION

Seval ŞENÇOPUR

MSc Thesis in Agriculture Biotechnology

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Hatice İKTEN

February 2021; 59 Pages

Artichoke (*Cynara scolymus* L.) is included in Asteraceae family and its wild type can be found in various places in the world. The cultivation of artichoke is made especially in Mediterranean countries and several American countries. In our country, the cultivation of artichoke has been mostly concentrated in Aegean and Marmara regions, but it has been increased in Mediterranean region in recent years. Artichoke has the importance of the influence of the human body's physiological activities medically, besides its nutritional properties. Its wild versions are beneficial for human's health, and its flower parts are also used as ornamental plant.

Identification and protection of its genetic sources defines the first step to determine the genetic variability. The findings obtained from morphology are used to differentiate the populations, however the morphological data are not sufficient due to some factors. The developments recorded by using molecular identifier method has presented powerful methods in determination, protection of genetic variability of plant groups and usage for improvement-intended. Molecular data that will be obtained in selection and improvement studies in the later years will contribute to improvement studies with more effective and faster progress as a guide in parental selection. With this study, the richness of artichoke regarding genetic sources is determined. This study will also contribute to the national and international works of literature with its consequences that will be obtained since the molecular characterization studies which are done with wild and culturable genotypes are limited.

This study aimed to examine the genetic variability of 45 cultured and wild artichoke (*Cynara scolymus* L.) genotypes picked from the Western Mediterranean and Aegean regions in Turkey by molecular analysis. iPBS and SSR-primers (Simple Sequence Repeat) were used for molecular characterization. As a result of PCR amplification with ten iPBS primers, a total of 198 bands were obtained and 140 of them were scored as polymorphic. As a result of PCR with six SSR primers, a total of 47 bands were obtained and all primers gave polymorphic bands. It was observed that the similarity index between genotypes varied between 0.52 and 1.00 as a result of the analyzes made with iPBS primers, and between 0.59 and 1.00 as a result of the analysis with SSR primers. In the dendrogram obtained based on the similarity indexes, it was observed that the wild genotypes were not grouped according to geographical regions or the height of the region, but partially grouped according to the number and size of flower heads.

KEYWORDS: Artichoke, *Cynara scolymus* L., *Cynara carcundulus*, genetic diversity, SSR, iPBS

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Faik KANTAR

Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU

ÖNSÖZ

Tez çalışmamın başından sonuna kadar desteğini her zaman hissettiren, beni cesaretlendiren, sabırla bana yol gösteren, yönlendiren ve gelişmeme katkıda bulunmak adına bana her anlamda verdiği değerli bilgilerden dolayı kıymetli saygıdeğer danışmanım Doç. Dr. Hatice İKTEN'e şükranlarımı saygı ve sevgiyle sunuyorum.

Tez çalışmamın laboratuvar aşamalarında engin deneyim ve bilgilerinden yararlandığım değerli hocam Dr. Öğr. Üyesi Cengiz İKTEN'e teşekkür ederim. Tez çalışmamda fikirlerini ve desteklerini esirgemeyen kıymetli Prof. Dr. Faik KANTAR'a, değerli tecrübelerini ve yardımlarını esirgemeyen Ar. Gör. Hilal Şule TOSUN'a teşekkürlerimi sunuyorum.

Lisansüstü eğitimimin başlangıcından itibaren bana yol gösteren ve yardımını esirgemeyen değerli Yeliz Yılmaz ve Betül TÜZÜN'e, tez çalışmam boyunca arazi çalışmalarımda yardımlarını esirgemeyen değerli arkadaşım Mamoudou ZONON'a teşekkürlerimi sunuyorum.

Çalışmalarım boyunca yanımda olduklarını her zaman hissettiren, desteklerini ve samimiyetlerini esirgemeyen kıymetli arkadaşlarım Bahar SANCAR, Seda Saynur SARGIN, Kaan Alp TEKİN, Berkant İsmail YILDIZ, Tuğçe YAYLA, Gizem HAVUTCU'ya teşekkür ederim.

Hayatım boyunca olduğu gibi bu süreçte de sonsuz anlayışla, maddi ve manevi desteklerini her zaman üzerimde hissettiğim kıymetli annem Dudu ŞENÇOPUR'a, babam Oktay ŞENÇOPUR'a ve abim Kemal ŞENÇOPUR'a derin teşekkür ve şükranlarımı sunuyorum.

İÇİNDEKİLER

ÖZET……..……..i
ABSTRACT……..…….iii
ÖNSÖZ……..……..v
AKADEMİK BEYAN……..…….……ix
SİMGELER VE KISALTMALAR …….……ixx
ŞEKİLLER DİZİNİ…….……..xii
ÇİZELGELER DİZİNİ…….…...xiii
1. GİRİŞ…….…….1
2. KAYNAK TARAMASI…….……6
2.1. Morfolojik çalışmalar…….…….…8
2.2. Moleküler çalışmalar…….…….....9
3. MATERYAL VE METOT…….……..13
3.1 Materyal…….…….……...…13
3.2. Metot…….…….……..….19
3.2.1. Tohumların Çimlendirilmesi……..…..……...19
3.2.2. Genomik DNA İzolasyonu…….…….....20
3.2.3. iPBS Analizleri …….…...……20
3.2.4. SSR Analizleri …….…….……..…21
3.2.5. Moleküler Verilerin Analizi…….…….…….....22
4. BULGULAR VE TARTIŞMA…….…….……...…23
4.1. Moleküler Bulgular Ve Tartışma…….……..…23
4.1.1. Genomik DNA izolasyonu……....…….23
4.2.2. İpbs Analizleri.....27
4.2.3. SSR Analizleri.....35
4.2.4. SSR ve iPBS analizleri sonucu elde edilen verilerin birlikte değerlendirilmesi…….....39
4.2.5. SSR ve iPBS Analizleri sonucu elde edilen verilerin karşılaştırılması.....42

6. SONUÇLAR……44
7. KAYNAKLAR……46
8. EKLER……51
ÖZGEÇMİŞ

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum "Batı Akdeniz ve Ege Bölgesinde Yetişen Yabani ve Kültür Enginarlarında (*Cynara scolymus* L.) Moleküler Karakterizasyon" adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak bulunduğunu belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

10/02/2021

Seval ŞENÇOPUR

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

µl	: Mikrolitre
ml	: Mililitre
%	: Yüzde oranı
bp	: Baz çifti
cm	: Santimetre
m	: Metre
mg	: Miligram
n	: Sayı
g	: Gram
kg	: Kilogram
kcal/g	: Kilokalori/gram
dk	: Dakika
sn	:Saniye
°C	: Santigrat derece
M	: Molar
mM	: Milimolar

Kısaltmalar

DNA	: Deoksiribonükleikasit
RNA	: Ribonükleikasit
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism-Kısıtlanmış Parça
SSR	: Simple Sequence Repeat-Basit Dizi Tekrarları
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA - Rasgele Çoğaltılmış DNA Farklılığı

AFLP : Amplified Fragment Length Polymorphism-Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Farklılığı

ISSR : Inter Simple Sequence Repeat-Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi

SRAP : Sequence-Related Amplified Polymorphism-Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizm

STS : Sequence Tagged Site

SCAR : Sequence Characterized Amplified Regions

CAPS : Cleaved Amplified Polymorphic

SNP : Single Nucleotide Polymorphism

MP-PCR : Microsatellite Primed Polymerase Chain Reaction

İPBS : Primer arası bağlanma yeri

LTR : Long Terminal Repeats

S-SAP : Dizilim-spesifik çoğaltılmış polimorfizm

CTAB : Cetly Trimethyl Amonyum Bromide

EDTA : Etilen Diamin Tetra Asetik Asit

Tris-HCl : Tris(hydroxymethyl)aminomethane-klorür

NaCl : Sodyum klorür

GA_3 : Giberellik Asit

dNTP : Deoksiribonükleotidtrifosfat

MgCl2 : Magnezyum klorür

NTSYS : Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System - Sayısal Taksonomi ve Çok Değişkenli Analiz Sistemi

UPGMA : Unweighted Pair-Goups Method Using Arithmetic Averages

rpm : Rotation Per Minute-Dakikadaki Devir Sayısı

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Dünyada toplam enginar üretimi (FAO 2018).....2

Şekil 1.2. Enginarın ülkeler bazında dünyadaki üretim değerleri (ton) (FAO 2018)…….2

Şekil 1.3. Türkiye'de yıllara göre enginar üretim değerleri (ton) (FAO 2018).....3

Şekil 2.1. Yabani enginar *Cynara Cardunculus*'un yapısal formu (Gündoğdu-Antalya)...3

Şekil 2.2. Kültür enginarı *Cynara scolymus*'un yapısal formu (Ticari-Antalya)……....4

Şekil 3.1. Tohumları alınan yabani enginarların yetiştiği bölgedeki yapısal formunun, baş ve tohumlarının yer aldığı görselleri……..…….....15

Şekil 3.2. Taze yaprak örnekleri alınan yabani enginarlar…….……...16

Şekil 3.3. Örnek kültür enginarları……..……...17

Şekil 3.4. Tohumların ekim süreci……..…..…19

Şekil 4.1. Tüm genotiplerin DNA izolasyon görüntüsü……..…...23

Şekil 4.2. Primerler arasında ortak çalışmayan genotiplerin kolum ile yapılan izolasyon……24

Şekil 4.3. iPBS PCR örnek jel görüntüleri; a.2076 primeri b.2276 primeri c.2085 primeri……30

Şekil 4.5. 105 iPBS markırı ile yapılan kümeleme (UPGMA) analizi sonucu elde edilen dendrogram ……...……33

Şekil 4.6. 105 iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik……...……..34

Şekil 4.7. 105 iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan üç boyutlu grafik……...……..34

Şekil 4.8. SSR PCR örnek jel görüntüsü; CDAT-01 primeri …….……..35

Şekil 4.9. 47 SSR markırı ile yapılan kümeleme (UPGMA) analizi sonucu elde edilen dendrogram……...…38

Şekil 4.10. 47 SSR markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik……...……..……39

Şekil 4.11. 47 SSR markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan üç boyutlu grafik……...……..…39

Şekil 4.12. 152 SSR ve iPBS markırı ile yapılan kümeleme (UPGMA) analizi sonucu elde edilen dendrogram .....……..41

Şekil 4.13. 152 SSR ve iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik ……42

Şekil 4.14. 152 SSR ve iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan üç boyutlu grafik ……...…….42

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Yabani enginar genotiplerinin lokasyonları…….……13

Çizelge 1.2. Kültür enginar genotiplerinin listesi…….…….17

Çizelge 1.3. Çalışmada kullanılan SSR primerlerinin listesi…….…...20

Çizelge 1.4. Çalışmada kullanılan iPBS primerlerinin listesi……..….....20

Çizelge 2.1. Yabani genotiplerin tohumların sayısı ve ağırlığı……..21

Çizelge 3.1. CTAB protokolü bileşenleri.....23

Çizelge 3.2. NSB (Neutralization Solution) bileşenleri……..……..24

Çizelge 3.3. CWA (Column Wash Solution) bileşenleri……..…..…24

Çizelge 3.4. SSR PCR döngü aşamaları.....24

Çizelge 3.5. Licor jel matriks bileşenleri.....25

Çizelge 3.6. Poliakrilamid jel bileşenleri.....25

Çizelge 3.7. iPBS PCR döngü aşamaları.....25

Çizelge 4.1. iPBS primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları……..28

Çizelge 4.2. Yabani enginar genotiplerinin iPBS primerlerine ait toplam bant sayısı polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları…….28

Çizelge 4.3. Kültür enginar genotiplerinin iPBS primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları…….29

Çizelge 4.4. Enginar genotiplerinin SSR primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları……...……35

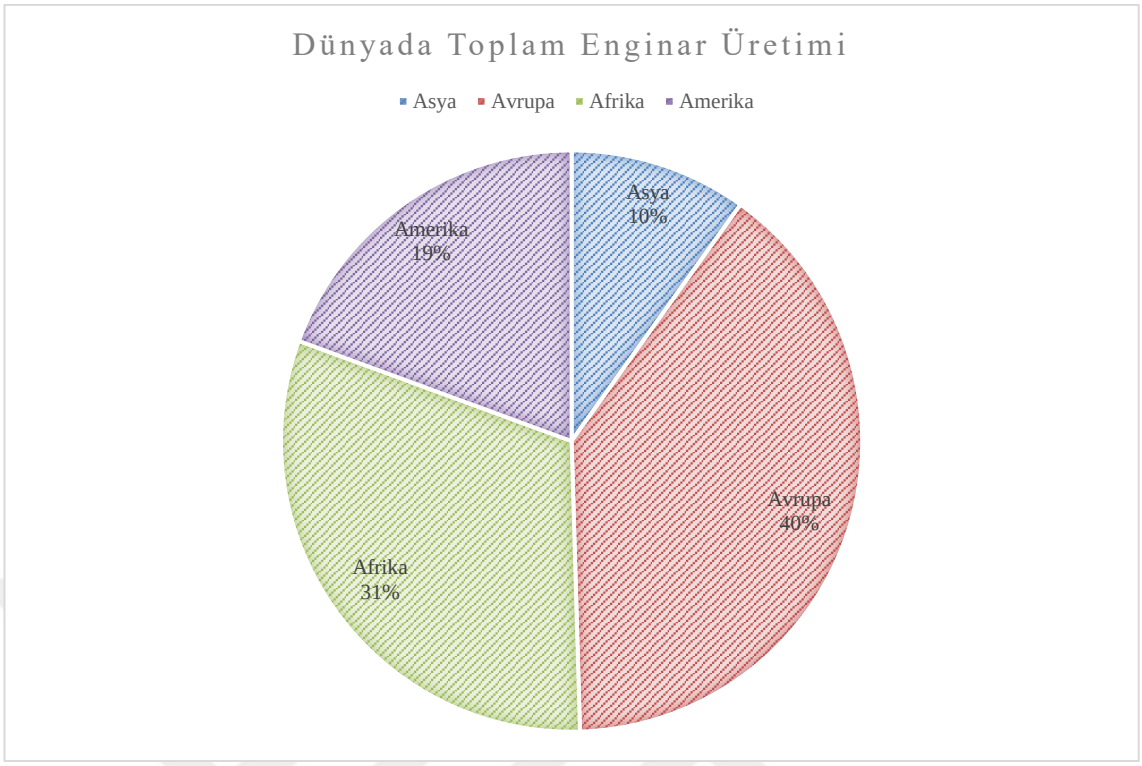
1. GİRİŞ

Endemik bitki türleri bakımından Asteraceae familyası en geniş yayılım gösteren ve en fazla türe sahip olan çiçekli bitki familyasıdır (Seçmen vd. 2000). Enginar (*Cynara scolymus* L.), Asteraceae familyasına ait çok yıllık türleri bulunan, yabancı döllenme özelliğine sahip, diploid (2n=34) bir bitkidir. Kültür enginarının; bazı botanikçiler tarafından *Cynara cardunculus*'tan geldiği, önceki zamanlarda yabani formunun tüketildiği ve daha sonra da kültür formuna alındığını bildirmişlerdir (Ryder vd. 1983). Yabani enginar formundan söz eden ilk bilgiler M.Ö. 300'lü yıllara dayanmaktadır (Eser vd. 2006). Günümüzde Batı ve Doğu Akdeniz ülkeleri ile birlikte Kuzey Afrika ve Güney Avrupa ülkelerinde de enginarın yabani ve kültür formlarına oldukça sık rastlanılmaktadır (Thompson vd. 1957).

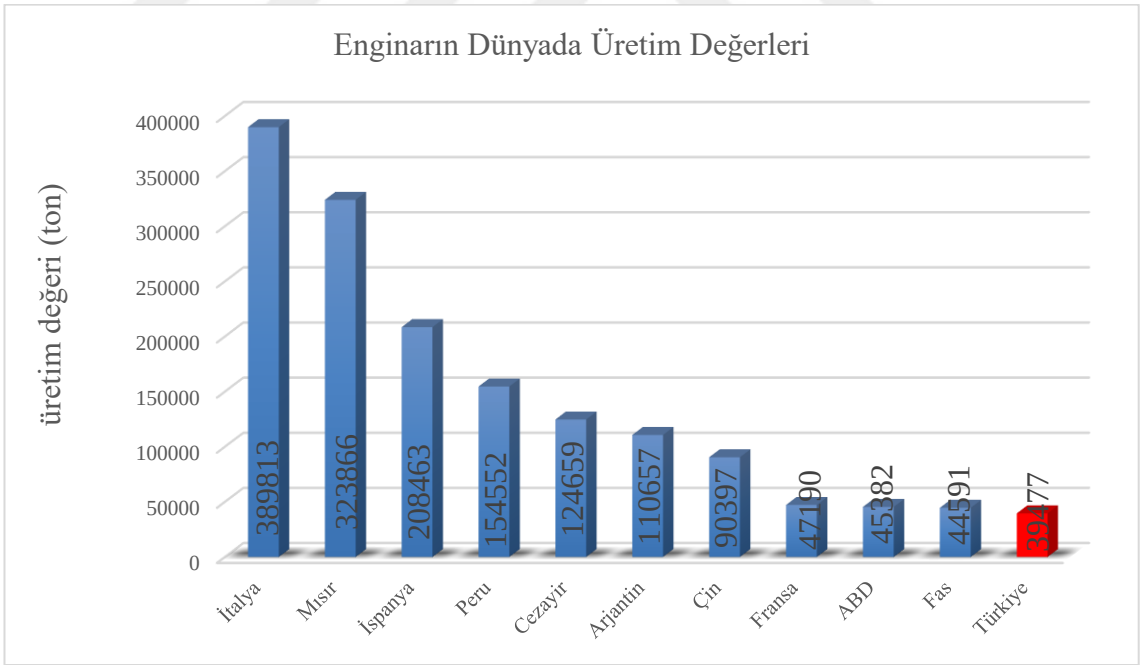
Enginar bitkisi, genellikle taze ve pişirilerek tüketilen, besin değeri oldukça yüksek bir sebzedir; %85 su, %10 karbonhidrat, %3 protein ve %1 vitamin ve mineral maddeler içermektedir (Şinik 2008). Yüksek protein ve karbonhidrat içeriğinin yanı sıra, içerisinde önemli vitamin ve mineral elementleri de bulundurmaktadır. (Macit ve Şalk 1970; Abak 1987; Koçer 1993; Eser vd. 2006). Potasyum, magnezyum, demir ve sodyum içeriğinin yanında B1 ve C vitaminlerince zengindir. Konserve veya dondurulmuş gıda üretimine oldukça uygun olup yemek, salata, çorba şeklinde Akdeniz mutfaklarında kullanılmaktadır (Delaveau 1985; Eser vd. 2006). Çoğu zaman gıda amaçlı kullanılmasına rağmen enginar kozmetik, içki, yem ve boya sanayinde de kullanımı görülmektedir. (Bayraktar 1981; Abak 1987; Koçer 1993). Enginarın sağlık yönünden de epey ön plana çıkan özellikleri vardır. Bu özelliklerden idrar söktürücü, böbrek taşı düşürme etkisi, üre ve kolesterol ve şeker düzeyini düzenlemesi ve vücuttaki ödemin atılması gibi etkileri sayılabilir (Macit ve Şalk 1970; Bayraktar 1981; Abak 1987; Müller vd. 1988; Koçer 1993; Pelt 1993). Enginar geçmişten günümüze kadar çeşitli tıp tedavilerinde kullanıldığını belirten Aksu ve Altınterim (2013), özellikle karaciğer ve safra kesesi büyük ölçüde yararı olduğunu, daha çok yapraklarında bulunan cynarin etken maddesi silymarin benzerliğiyle dikkat çektiğini belirtmişlerdir.

Enginar, eski Yunanlılar ve Romalılar dönemlerinden beri tüketilen bir sebzedir. Son zamanlarda insan sağlığı açısından oldukça önemli bir yer edinmesiyle dünya genelinde olduğu gibi Türkiye'de de enginar üretimi artış göstermiştir.

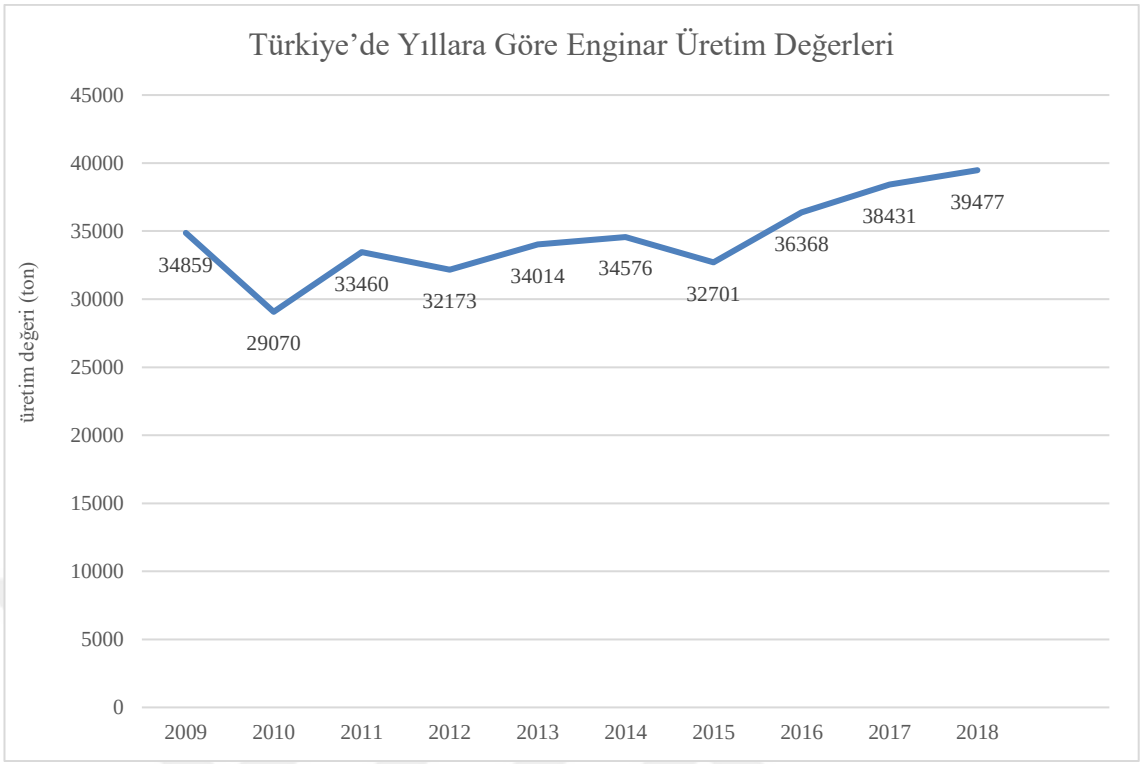
Dünyada enginar yetiştiriciliğinin en yaygın yapıldığı bölge Akdeniz havzası olup %85'i bu bölgede gerçekleşmektedir. Dünyada toplam enginar üretimi 1.678.872 ton ve bunun %40'lık kısmı Avrupa'da üretilmektedir (Şekil 1.1) (FAO 2018). Ülkelere göre dünya üretimi incelendiğinde ise, İtalya 389.813 ton üretimle ilk sırada yer alırken, bunu Mısır 323.866 ton ve İspanya 208.463 ton ile izlemektedir (Şekil 1.2). Ülkemizde son 10 yıldaki enginar üretim değerlerinde ise dalgalanmalar söz konusuyken 2015 yılından itibaren olan artışla, 39.477 ton üretimle son yıllarda yüksek üretim değeri aldığı görülmektedir (Şekil 1.3). Enginar üretimi özellikle Ege ve Marmara bölgelerinde yoğunlaşmıştır. Ancak, Akdeniz bölgesinde yetiştiriciliği son yıllarda yayılım göstermektedir. Genel olarak son yıllarda talep artışı ülkemizde üretim miktarında ve alanlarında artışa sebep olmuştur.



Şekil 1.1. Dünyada toplam enginar üretimi (FAO 2018)



Şekil 1.2. Enginarın ülkeler bazında dünyadaki üretim değerleri (ton) (FAO 2018)



Şekil 1.3. Türkiye'de yıllara göre enginar üretim değerleri (ton) (FAO 2018)

Avrupa'da büyük öneme sahip olan yabani *Cynara* formu *Cardunculus*'tur ve iki alt varyetesinden biri olan *Cynara scolymus* kültüre alınan enginar çeşididir. *Cynara Cardunculus* 2 m'ye kadar yükselebilmektedir. Mor renkli olan çiçekler bir arada ve büyük bir baş şeklindedir. Geniş bir çiçek tablasına sahip olup çevresini brakteler sarmıştır. Yaprakları sivri uçlu yapıya sahiptir. Çok yıllık bitki olarak değerlendirilen enginarın toprak üstü organları bir yıllık, toprak altında bulunan esas gövdeyi oluşturan kök kısmı ise çok yıllıktır (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. Yabani enginar *Cynara Cardunculus*'un yapısal formu (Gündoğdu-Antalya)

Enginar ılık iklim şartlarına uygun yetişen kışlık bir sebzedir. Sonbahar ve ilkbahar dönemlerinde gece gündüz sıcaklık farkları bitki gelişimini ve verimini etkilemektedir. Enginar bitkisinin iyi bir şekilde gelişebilmesi için ihtiyaç duyduğu optimum sıcaklık değerleri 15-18°C arasındadır (Abak 1987). Tohumla üretilen çeşitlerde tohumun çimlenme sıcaklığı 10-25°C derecedir ve ekimden 10-12 gün sonra çimlenme gerçekleşir. Daha yüksek sıcaklıklarda çimlenmenin zayıfladığı bilinmektedir. Çok geniş toprak koşullarına uygun olan enginar organik madde açısından zengin, iyi drene edilmiş topraklarda çok iyi gelişir ve verimini arttırır. Düzenli sulama enginar üretimi için en önemli bakım işlemlerinden biridir. Otsu bir yapısı olan enginarın aktif büyüme şekli, yetiştirildiği bölgelere ve sıcaklığa göre değişmektedir (Macit ve Şalk 1970; Abak 1987, Basnizki ve Mayer 1985; Foury 1987). Bahar döneminde aktif büyümeye devam edip yağışların az olduğu yaz ayları dinlenme dönemi olarak bilinir. Sürgünleri 1-1.5 m'ye kadar boylanmaktadır. Çok yıllık özelliğini kazandıran toprakaltı kısım olan kökleri yıllar içinde 1-1.2 m'ye ulaşmaktadır. Baş olarak nitelendirilen ve olgunlaşmamış mor çiçek kısmı değerlendirilen ve tüketilen kısmıdır. Ayrıca olgunlaşmış mor enginar çiçekleri, bazı batı ülkelerinde süs bitkisi olarak da kullanılmaktadır. Uzun ve oval yapıda olan yaprakları, parçalı ve düz veya girintili çıkıntılı değişik formlarda bulunmaktadır. Bu farklı yaprak formları çeşitlere göre değişiklik gösterebilmekte ve çeşitlerin ayırt edilmesinde kullanılabilmektedir.



Şekil 2.2. Kültür enginarı *Cynara scolymus*'un yapısal formu (Ticari-Antalya)

Enginar ıslahında erkencilik, baş kalitesi ve verim gibi karakterler ıslahın temel amacıyken 1980'li yıllardan sonra çalışmalar yön değiştirmeye başlamış ve tohumdan yetiştirilen çeşitlerin geliştirilmesi amacına yönelik ıslah programları oluşturulmuştur (Basnizki ve Goldschmidt 1994a). Enginar ıslahının geçmişi göz önüne alındığında, ıslah ve genetik çalışmalarının bazı karakterlerin kalıtımı ile sınırlandırıldığı görülmektedir (Pécaut 1993).

Dünyadaki enginar çeşidi oldukça sınırlı sayıda olmasına rağmen, bu çeşitler birçok özellik bakımından birbirinden belirgin farklılıklar gösterirler (Dellacecca vd. 1976). Bitki gruplarının genetik yapısının belirlenmesi için yapılan ilk çalışmalar morfolojik özelliklere dayanmaktadır. Genetik çeşitlilik bütünüyle morfolojiye yansımamaktadır.

Moleküler belirteç sistemlerinde son yıllarda kaydedilen gelişmeler, araştırmacılara, bitki gruplarının genetik çeşitliliğin belirlenmesinde, korunmasında ve ıslah amaçlı kullanımlarında önemli bilgiler sağlamıştır. Bitki popülasyonlarını doğal ortamlarında tanımlamada ve taksonları ayırt etmede zorluklarla karşılaşılabilmektedir. Özellikle kültürü yapılan türlerle, bunlardan geliştirilen doğal tiplerin akrabalıklarının ortaya konmasında, türlerin teşhisi, toplanması, korunması ve tanımlama açısından büyük değer taşımaktadır (Baldwin vd. 1995).

Enginarda dünya ve ülkemizde genetik çalışmalar diğer sebzelere oranla nispeten sınırlı kalmıştır. Islah çalışmalarının hızlanması ve ıslah çalışmalarına yön verilmesi açısından moleküler çalışmalar önem arz etmektedir. Yabani ve kültür genotipleri arasındaki benzerlik ve farklılıkların ortaya çıkarılması ileride yapılacak ıslah çalışmalarında kullanılacak genetik materyali tanımlanması açısından önemlidir.

Bu çalışmada Akdeniz ve Ege bölgesinden toplanılarak yabani enginar ve yetiştiriciliği yapılan kültür çeşitlerinin iBPS ve SSR markörları ile moleküler karakterizasyonu ile yabani ve kültür enginarı arasındaki benzerlik ve farklılıklar ortaya konulmuştur.

2. KAYNAK TARAMASI

Enginar (*Cynara scolymus* L.) *Asteraceae* familyasına dahil olup dünyanın birçok yerinde özellikle Akdeniz ülkelerinde ve bazı Amerika ülkelerinde yabani ve kültür formuna rastlanmaktadır. Ülkemizde ise enginar yetiştiriciliği özellikle Ege ve Marmara bölgelerinde yoğunlaşmıştır. Ancak, Akdeniz bölgesinde de son yıllarda yayılım gösterdiği görülmektedir. Enginar, besleyiciliğinin yanı sıra tıbbi olarak da insan vücudunun fizyolojik faaliyetlerine de etkide bulunmasıyla büyük öneme sahiptir. Yabani formlarının da tohum açısından insan sağlığına yararları yanında çiçek kısmı ile süsü bitkisi olarak da kullanılmaktadır. Üretim ve tüketim yanında ihracatta da dikkat çekmektedir.

Genetik kaynaklarının tanımlanması ve korunması, genetik çeşitliliğinin belirlenmesi ile ilk adımı oluşturmaktadır. Dünyadaki enginar çeşidi sayısı oldukça sınırlı olmasına rağmen, birçok özellikte birbirinden belirgin farklılıklar gösterirler (Dellacecca vd. 1976). Bitki gruplarının genetik yapısının belirlenmesi için yapılan ilk çalışmalar morfolojik özelliklere dayanmaktadır ancakgenetik çeşitlilik bütünüyle morfolojiye yansımamaktadır.

Bitki genotipleri arasındaki genetik benzerlikler/farklılıklar günümüzde en yaygın olarak moleküler teknikler ile belirlenmektedir. Moleküler tekniklerin çevresel faktörlerden etkilenmemesi, analizlerin zaman ile sınırlanmaması ve birçok türde önemli agronomik özellikler ile ilgili genlerin veya gen bölgelerinin belirlenmesi ıslah çalışmalarında hedefe ulaşmayı daha etkin hale getirmiştir. Moleküler markörler, genetik çeşitliliğin araştırılması, çeşit tanımlama, genetik haritalama, tohumlularda ismine doğruluk ve saflığın belirlenmesi, marköre dayalı seleksiyon, sistematik çalışmaları, genotipler arasındaki yakınlıkların belirlenmesi gibi birçok şekilde kullanılmaktadır. Moleküler markörler gözlenebilir karakterlere dayanan morfolojik markörlere ve protein markörlerine göre oldukça güvenilirdir. DNA markörleri bir tür içerisinde farklı bireylerde bulunan dizi polimorfizmini gösteren DNA bölgeleridir ve farklılıkların belirlenmesinde günümüzde sıklıkla kullanılmaktadır.

Bitki popülasyonlarını doğal ortamlarında tanımlamada ve taksonları ayırt etmede zorluklarla karşılaşılabilmektedir. Özellikle kültürü yapılan türlerle, bunlardan geliştirilen doğal tiplerin akrabalıklarının ortaya konmasında, türlerin teşhisi, toplanması, korunması ve tanımlama açısından büyük değer taşımaktadır (Baldwin vd. 1995).

Gen kaynaklarının genetik kimliğinin belirlenmesi ve karakterizasyonu, bitki genetik kaynaklarının korunması ve kullanımı için son derece önemli bir adımdır. DNA tabanlı işaretleyiciler, bitki çeşitlerinin genetik çeşitliliğini değerlendirmek ve genetik, morfolojik, kimyasal ve ekolojik değişkenler arasındaki bağlantıyı irdelemek amacıyla yaygın şekilde kullanılmaktadır (Melito vd. 2014). Gen kaynaklarının tanımlanmasında ve sınıflandırılmasında morfolojik, biyokimyasal ve moleküler belirteçlerden faydalanılmaktadır. Gen kaynakların tespit edilmesinde ve korunmasında moleküler belirteçlerden yararlanılmaktadır (Aksu ve Çevik, 2014). Kalitatif ve kantitatif özelliklerin ıslahında, gen haritalama çalışmalarında, çeşit tanımlanması ve korunmasında, genotipler arası genetik uzaklığın belirlenmesinde moleküler belirteçlerden yararlanılmaktadır (Alp, 2007).

DNA temelli moleküler belirteçler bitki genetik çeşitliliğini değerlendirmek için yaygın olarak kullanılır (Melito vd. 2014). Kullanılan yöntemler bakımından moleküler belirteçler, hibridizasyona dayalı belirteçler ve Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PCR) Dayalı Belirteçler olarak iki ana gruba ayrılabilir. Hibridizasyona dayalı belirteçlere örnek olarak; RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism/ Sınırlı Parça Uzunlukları Polimorfizmi), PCR tabanlı belirteçlere örnek olarak; SSR (Simple Sequence Repeat/ Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatelitler), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA/ Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism/ Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat/ Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm) verilebilir. Bu moleküler belirteçler dışında; SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions), STS (Sequence Tagged Site), CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic), ve bunlara ek olarasit dizi DNA sekanslamasına dayalı SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markörleri ve MP-PCR (Microsatellite Primed Polymerase Chain Reaction), stratejileri de polimorfizmin belirlenmesinde kullanılmaktadır (Yorgancılar vd. 2015). Son zamanlarda iPBS belirteçleri bitkilerde genetik çeşitliliğin belirlenmesinde alternatif olarak kullanılmaktadır (Mehmood vd. 2013).

Moleküler markör tekniklerinden biri de iPBS retrotranspozon (inter-primer binding site (iPBS) retrotransposons/Primer arası bağlanma yeri) yöntemidir. Retrotranspozonlar tekrar eden ve hareket eden DNA parçalarıdır ve hem bitki hem de hayvan genomunda yer alan iki büyük transpozon grubundan (sınıf I ve sınıf II) birisidir. Bir hücrenin genomunda, bir konumdan farklı bir konuma taşınarak hareket edebilen DNA dizileri olan transpozonlar mutasyonlara ve genomdaki DNA miktarının değişimine neden olurlar. Retrotranspozonlar (veya sınıf I transpozonlar) bir RNA ara ürünü aracılığıyla kendilerini kopyalayarak hareket ederler ve genomun başka bir konumuna yerleşirler.

DNA transpozonları (Sınıf II transpozonlar) ise bir RNA ara ürünü kullanmazlar ve bulundukları konumdan kesilip taşınarak genomun başka bir konumuna yerleşirler (Todorovska 2007; Startek vd. 2017). Retrotranspozonlar bu özellikleri ile genom içerisindeki kopya sayılarını artırırlar fakat hücre içerisinde çeşitli kontrol basamakları ile denetim altına alınmaktadır (Todorovska 2007). Retrotraspozonların taşınma mekanizması stres etmenleri (Grandbastien vd. 2005) nedeniyle aktif hale gelmekte ve bitkilerin genomunda mutasyonlara ve genom büyüklüğünde artışlara, dolayısıyla genetik çeşitliliğe sebep olmaktadır.

Genel uygulanabilirlikleri, uygulanmalarının basit olması ve genotip çözünürlükleri nedeniyle değişik retrotranspozon markör sistemleri, çok sayıdaki evrimsel ve genetik çeşitlilik çalışmalarında yaygın olarak kullanılmıştır (Feschotte vd. 2002; Kalendar ve Schulman 2006; Schulman vd. 2004). Bununla birlikte önceki yıllarda kullanılan retrotraspozon markör sistemleri türe özgüydü ve bir türde iyi çalışan retrotranspozon başka bir türde kullanışlı olamamaktaydı. Bir türde retrotranspozon markör sistemi geliştirebilmek için o türün en azından retrotranspozon bölgelerine komşu bölgelerinin dizi bilgisi gerekmekteydi. Bu kısıtlayıcı faktörleri ortadan kaldırmak için Kalendar vd. (2010), bitki ve hayvanlarda başarılı bir şekilde kullanılabilecek iPBS çoğaltma (Inter Primer Binding Site Amplification) yöntemi adı verilen yeni bir evrensel retrotraspozon markör sistemi geliştirmişlerdir.

iPBS metodu PCR ile çoğaltılabilecek mesafede birbirine yakın olan LTR retrotranspozonların, ters transkriptaz primer bağlanma bölgeleri arasındaki DNA parçasının çoğaltılmasına dayalıdır. Genomun her yerine dağılmaları, genomda yüksek kopya sayılarının olması ve kromozomların içerisinde geniş alana yayılım göstermeleri nedeniyle retrotranspozonların moleküler markör kaynağı olarak mükemmel potansiyele sahip oldukları bildirilmektedir (Kalendar vd. 2010).

Canlıların genomunda sıklıkla tekrarlanan DNA dizileri bulunmaktadır. Basit dizi tekrarları (SSR -Simple Sequence Repeats) veya mikrosatellitler, ökaryotik genomlara dağılmış ve ardışık olarak tekrarlanmakta olan 2-6 nükleotid gruplarından oluşmaktadır (Yorgancılar vd. 2015). Tekrarlama sayısı bireyler arasında değişiklik gösterebilirken yüksek mutasyon değerlerinin tekrarlanma sayılarını etkilemesinden dolayı SSR belirteçleri yüksek oranda polimorfizm göstermektedir (Hemmat vd. 2003). Ökaryotik genoma özgünlük gösteren mikrosatellitlerin kullanışlı bir yöntem olarak belirlenmesinde, ko-dominant özellik göstermesi, yüksek derecede polimorfik ve çok sayıda allel üretebilir olması, tekrar etmesi ve otomasyona uygun olması, aynı tür ve familyaya ait cinsler arasında transfer edilebilir ve uluslararası veri tabanlarının karşılaştırmasına olanak sağlaması gösterilebilir. SSR primerlerinin bu avantajları, bitki tanımlamada diğer DNA markörlere (RFLP, RAPD, AFLP vb) göre daha çok tercih edilmesini sağlamıştır (Altınbay 2012; Litt ve Luty 1989; Orta 2016). SSR primerlerinin en önemli dezavantajı ise yeni primer sentezlenmesinin zor ve maliyetli olmasıdır (Yorgancılar vd. 2015).

2.1. Morfolojik Çalışmalar

Enginar yetiştirme metoduna bağlı olarak enginarlarda morfoloji ve büyüme özellikleri arasındaki farklılıkları inceleyen Salata (2006) bu çalışmada, tohumdan elde edilen fidelerden yetiştirilen enginar bitkilerinin dip sürgünleriyle çoğaltılan enginarlara göre daha erken çiçek açtığını bildirmişlerdir.

'Teorem' enginar çeşidinin tohumlarından seleksiyonla elde ettikleri T3 genotipinin en uygun ekim dikim zamanının belirlenmesiyle ilgili çalışan Tesi ve Lenzi (2000), erkencilik ve verimin ekim zamanı ile doğrudan ilgili olduğunu bildirmişlerdir. En yüksek verim ile kalitenin 15 Temmuz'da tohum ekimi ve tohumların 20 Ağustos'ta şaşırtılması ile elde edildiğini bulmuşlardır.

Sekiz adet hibrit enginar çeşidi ve 2 adet vejetatif yolla çoğaltılan enginar çeşidinde GA3 uygulamalarının erkencilik ve verim üzerine etkileri inceleyen üzere Calabrese vd. (2000), bu çalışma sonucunda, GA3 uygulamalarıyla dikimden 97 gün sonra hasat yapabildiklerini, çeşitlere göre 220.000 ile 175.000 adet/ha baş alabildikleri ve ortalama baş ağırlığının tüm çeşitlerde 150 g civarında olduğu bildirilmiştir.

Keleş ve Eti (2004), mevsimsel sıcaklık değişimlerinin 'Sakız' enginarında, dişicik oluşumu, polen kalitesi ve polen üretim miktarlarına etkilerini incelemiş, düşük sıcaklık ve ani sıcaklık yükselmesi gibi durumlarda dişicik gelişimi ile birlikte polen kalitesinin ve üretim miktarlarının olumsuz yönde etkilendiğini belirlemişlerdir.

Enginar tohumlarının çimlenme kapasitelerini araştırmak için çalışma da bulunan Vannella vd. (2005), ikisi F1 hibrit, ikisi açık tozlanan olmak üzere toplam 4 farklı çeşit

üzerinde çalışmışlardır. F1 hibrit çeşitlerin çimlenme kapasitelerinin, açık tozlanan çeşitlerden daha yüksek olduğunu bunun yanında sıcaklık artışının ise çimlenme kapasitesini düşürdüğünü tespit etmişlerdir.

Arısoy (2005) 'Sakız', 'Yerli', '6No', '8No', 'Bayrampaşa', 'Kıbrıs Kara', 'Talpiot' ve 'ISI 2165' çeşit ve genotiplerini kullanarak, enginarlar üzerinde bulunan stomaların sayımını ve boyut ölçümleriyle, kromozom sayımı çalışması yapmışlardır. Çeşitler arasında farklı ploidi sonuçları belirlemişler, fakat bu sonuçların kromozom sayımları ile desteklenmesi gerektiği bildirilmiştir. Pinelli vd. (2007), türün ayırt edici özelliğinin yaprakları olduğunu belirtmişlerdir.

2.2. Moleküler Çalışmalar

1990'lı yıllara kadar enginarda türler arası ya da çeşitler arası farklılıkları ve genetik yönden ilişkilerini saptamaya yönelik bir çalışma yapılmamıştır. Bu zamana kadar da çeşitler arasındaki genetik ilişkileri ve farklılık düzeyleri ayrıntılı olarak bilinmiyordu. Stevens vd. (1990), yabani enginarlarda ve *Cynara* cinsi içerisinde bitkiler arasındaki farklılıkları saptamak için kimyasal markörler kullanmışlar; belirtilen bitkilerdeki poliasetilen miktarlarını saptayarak türlerin faklılıklarını ortaya koymaya çalışmışlardır. Yapılan bu çalışma sonucunda poliasetilen bakımından *Cynara* cinsi içerisindeki bitkilerde farklılıkların gösterilebileceği belirtmişlerdir.

Dünyada farklı moleküler belirteç sistemleri kullanılarak enginar bitkisinde moleküler karakterizasyon çalışmaları yürütülmüştür. Literatür incelendiğinde enginar genomu ile ilgili moleküler çalışmalar oldukça sınırlı sayıda kalmıştır.

Yapılan ilk çalışmalar Amerikan enginar çeşitleri arasındaki farklılıkların belirlenmesi üzerine olmuştur. Tivang vd. (1996), çalışmalarında vejetatif olarak çoğaltılan 'Gren Globe', tohumla çoğaltılan 'Imperial Star', 'Big Heart' çeşitlerini ve 2 adet ıslah çalışmaları ile elde edilmiş popülasyonu kullanmışlardır. RAPD markör sistemi ile çeşit ve genotipler arasındaki genetik farklılıkları belirlemek için, 27 adet primer kullanmışlardır. Yapılan bu çalışmayla 'Gren Globe' ve 'Imperial Star' çeşitlerinin bireyleri arasında düşük düzeyde RAPD farklılığı görülürken iki adet ıslah popülasyonuna ait bitkilerin kendi içerisinde farklılıklarına bakıldığında daha yüksek düzeyde olduğu görülmüştür. Araştırıcılar 'Gren Globe' çeşidi klonlarından seçilen iki adet ıslah hattında oluşan bazı RAPD bantlarının 'Gren Globe' çeşidinde olmamasını, bu denemede kullanılan 5 adet 'Gren Globe' çeşidi bitkilerinin ıslah hatlarını oluşturan klonlarından seçilmemiş olabileceği ya da bu 5 bitkinin ıslah hatlarını oluşturan 100 adet klonun tam bir göstergesi olmadığını belirtmişlerdir. Çalışma sonucunda RAPD markör sistemi ile enginar genotiplerinin ayırt edilebileceği sonucunu ortaya çıkarmışlardır.

Lanteri vd. (2001), kültüre alınan enginarlar arasındaki farklılıkları ele almışlar ve genetik varyasyonun fazla olmasından dolayı İtalyan enginar gen kaynağındaki genotipleri tanımlamak için çeşit kavramı yerine tip kavramını kullanmayı tercih etmişlerdir. İtalya'da yaygın yetiştiriciliği yapılan 'Spinoso Sardo' çeşidini beş farklı bölgeden seçmişler ve moleküler yönden incelemek amacıyla, aralarındaki genetik farklılıkları RAPD markörünü kullanarak belirlemişlerdir. Denemede 20 primer kullanmışlardır. Bunlar içerisinde OPA18, OPB10, OPAF07, OPAG03 ve OPAG10 primerleri, yapılan PCR sonucunda polimorfik bant oluşturmazken, OPAF04, OPAG11

ve OPAG12 primerleri, bireyler arasında en iyi polimorfik bantları ortaya çıkarmıştır. Araştırıcılar denemelerinde toplam 118 polimorfik bant elde etmişlerdir. PCR analizlerinde elde edilen bantların her zaman tekrarlanabilir olduğunu belirtmişlerdir. Oluşturulan toplam 118 RAPD markörının yalnız 2 tanesi bütün popülasyonda kendini gösterirken, 22 tanesi popülasyonların birkaçında kendini göstermiştir, büyük çoğunluğu oluşturan 94 markör ise tüm popülasyonlarda farklılık göstermiştir. Popülasyonlardaki genetik farklılık incelendiğinde, Usini ve Tratalias bölgelerine ait popülasyonlarda yüksek değerlerde genetik farklılık belirlenirken, Samassi ve Tratalias popülasyonları arasındaki genetik farklılık daha düşük düzeylerde bulunmuştur.

Bir başka çalışmada ise İtalya'da enginar çeşitleri ve yabani enginarlar arasındaki farklılıkların belirlenmesinde RAPD yöntemi kullanılmıştır (Sonnante vd. 2002). Sonnante vd. (2002) İtalya'da 32 adet kültür enginar çeşidi, 2 adet kültürü de yapılan yabani enginar çeşidi (*Cynara cardunculus var. altilis* L.) ile 3 adet yabani enginar (*Cynara cardunculus var. cardunculus* L.) genotiplerinin RAPD yöntemi ile moleküler farklılıklarını incelemişlerdir. RAPD çalışmasında 18 adet random primer kullanılmıştır. Kullanılan primerler sayıları 3 ile 10 arasında değişen bantlar ortaya çıkarmışlardır. Oluşan RAPD ürünlerinde toplam 113 bant sayılmış ve bunlardan 69 (%61) bant genotipler arasında polimorfik olarak bulunmuştur. Araştırmacılar çalışmalarında kullandıkları 'Violetto di Toscana', 'Spinoso Sardo', 'Romanesco' ve 'Green Globe' çeşitlerinde de çeşitler arasındaki moleküler farklılıkları belirlemek amacıyla RAPD tekniği kullanmışlardır. PCR analizlerinde her çeşitten 5 adet bitki kullanmışlardır. RAPD analizlerinde elde ettikleri sonuç, çeşit içindeki bitkiler arasında farklılıkların olmadığını göstermiştir. İstatistik analizleri ile denemeye alınan tüm genotipler birlikte değerlendirmeye alındığında 2 adet genotipik ana küme ortaya çıkmıştır. İlk kümede tüm kültür enginarları ile kültürü yapılan *Cardunculus* cinsine ait genotipler bulunurken, diğer kümede ise yabani enginar genotipleri yer almıştır. Aynı çalışmada Türk enginar çeşitleri olan 'Sakız' ve 'Bayrampaşa' çeşidi de yer almıştır. Elde edilen RAPD bulgularına göre 'Sakız' çeşidi Spinoso grubunda yer alırken, Bayrampaşa çeşidi ise hiçbir grupta yer almayarak grup dışı kalmıştır.

Mikrosatellite veya basit dizi tekrarları (SSR) markörleri ko-dominant ve yüksek derecede polimorfik özellik göstermesinden dolayı RAPD sistemine göre belli avantajlara sahiptir. Acquardo vd. (2003), 15 kültür enginar çeşidinde (*Cynara scolymus* L. *var. scolymus*) 9 adet mikrosatellit lokusu izole etmişlerdir. Elde edilen mikrosatellit lokusları enginar çeşitleri arasında test edilmiş, kültür çeşitleri arasında mikrosatellit markörlerin 2 ile 6 adet allel meydana getirirken, yabani enginarlarda ise 1 ile 3 arasında allel meydana getirdiği gözlenmiştir.

Felice vd. (2016), kültür ve yabani türler arasındaki genetik varyasyonu değerlendirmek için 10 mikrosatellite belirteci kullanılmıştır. Spesifik moleküler belirteçler, özelliklerin kültür ve yabani enginar türlerinde etkili bir şekilde içe aktarıldığını gösterir. Küme analizi ile, 30 genotipin tümünü ayırt etmiş ve kültür ile yabani türleri farklı gruplarda sınıflandırmışlardır. PCoA analizinden elde edilen sonuçlar ile enginar genotipinin daha yüksek sayıda benzersiz alel içerdiğini göstermişlerdir.

Lanteri vd. (2006), enginarın (*Cynara cardunculus var scolymus* L.) ilk genetik haritalarını, iki yönlü olarak test çapraz stratejisi ile oluşturulduğunu sunmuşlardır. Geç olgunlaşan, dikensiz tip ve erken olgunlaşan dikenli tip arasında 94 bireylik bir F1 eşleme

popülasyonu oluşturmuşlardır. 30 AFLP, 13 M-AFLP ve 9 SSAP primer kombinasyonu sırasıyla 352, 38 ve 41 polimorfik markör olarak seçmişlerdir. 32 mikrosatellit primer çifti test edilmiş, bir veya diğer ebeveynde tanımlanmış 12 heterozigot lokus olduğu ve 7 tanesi, her iki ebeveynde de ayrıldığından tamamen bilgilendirici olduğunu belirtmişlerdir. Tüm SSR lokusları bağlantı analizine dahil edilmiştir. Oluşturulan haritalar, tarımsal olarak ilgili özelliklerin haritalanması için bir temeli sağladığı, daha sonra bu türlerde bir işaretçi destekli seleksiyon yetiştirme stratejisinin uygulanmasının yolunu açacağını bildirmişlerdir.

Acquadro vd. (2009), 22 adet *Cynara cardunculus* genotipinde toplam 208 allel amplifiye eden 61 yeni mikro uydu lokusunun izolasyonunu bildirmişlerdir. Bunlardan 51'i bağlantı analizi için bilgilendiri, 39'u mevcut dünya enginar genetik haritalarında işaret yoğunluğunu artırmak için kullanılmıştır. Genlerle ilişkili 22 lokusun sekans analizi, 9'un kodlama sekansı içinde yer aldığını, tekrarlayan alanın muhtemelen DNA bağlanmasında veya protein-protein etkileşimlerinde yer aldığını göstermişlerdir.

Sonnante vd. (2008), enginar genomunda çeşitli yaklaşımlar kullanılarak 24 mikrosatellit markör seti tanımlamışlardır. Bir genomik kütüphaneden, 14 SSR markörünü elde etmişler, diğer 10 tanesini de gen intron / UTR bölgelerinden veya diğer türlerden elde etmişlerdir. Allelik varyasyon, *Cynara Cardunculus* örneklerinde ve diğer yabani *Cynara* genotiplerinde puanlanmıştır. 23 polimorfik lokus için, 135'i enginar birincil gen havuzunda ve kalanlar diğer *Cynara* türlerinde olmak üzere toplam 165 allel puanlanmıştır. Bazı alel kombinasyonları enginar çeşitlerini tanımlayabildiğini, diğer aleller ise belirli gruplara özel olduğunu bildirmişlerdir.

iPBS primerleri ile enginar (*Cynara scolymus* L.) genotipinde yapılmış henüz bir çalışma bulunmamaktadır. Ancak farklı türler ile yapılan çalışmalara baktığımızda;

Bonchev vd. (2019), Helianthus, Echinaceae, Tagetes, Tithonia ve Verbesina cinslerini inceleyerek *Asteraceae* familyasındaki genetik varyasyon ve intergenerik hibrit dinamikleri değerlendirmek için retrotranspozon bazlı markör yöntemi ara primer bağlanma siteleri (iPBS) kullanmıştır. İki seçilmiş iPBS primeri (2222 ve 2224), sırasıyla %44.8-%93.3 (ortalama% 70) ve %85.7-%100 (ortalama% 89.5) aralığında intergenerik polimorfizm saptamıştır. iPBS markörleri, *Helianthus* çeşitleri arasında (%35,7 ve%19,1) ve aynı zamanda tek melezin ayrı ayrı nesiller arası melezleri (%28,6 ve %40) arasında tür içi düzeyde genetik ayrıma izin verdiğini belirtmişlerdir. Helianthus'un nesiller arası melezlerinde sırasıyla iPBS markörlerinin ve ebeveyn genomlarının kalıtımı, esas olarak yabani türlerin menşeli markörlerin rastgele olmayan bir şekilde ortadan kaldırılması ve Helianthus'a özgü markörlerin tercihli kalıtımı ile kendini göstermiştir. Bu tür bir dengesizlik, LTR elemanlarını içeren genomik yeniden yapılanmayı kanıtlamaktadır. Sonuç olarak, iPBS yöntemi, *Asteraceae* germplazmlarının genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi için güvenilir bir yaklaşım ve ayçiçeği ve ilgili türlerin ıslah uygulamalarında kullanım için bir perspektif olarak durmakta olduğunu bildirmişlerdir.

Vanıjajıva vd. (2020), genetik çeşitliliği belirlemek için, Tayland'ın farklı bölgelerinden toplanan 96 *Asteraceae* familyasına ait *Cissampelopsis* türünde retrotranspozon (İPBS) sistemini kullanmışlardır. Varlık / yokluk karakterleri olarak toplam 120 iPBS bandı puanlanarak, UPGMA ve PCoA analizlerinden elde edilen sonuçlar ile, *C. corifolia* ve *C. volubilis*'in farklı türler olduğunu göstermişlerdir. *C.*

volubilis popülasyonları arasındaki ve içindeki genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma *C. corifolia*'dan daha yüksek olduğunu bununla birlikte her iki türün Moleküler Varyans (AMOVA) analizi, popülasyonlar içindeki genetik varyans değerinin, her türün popülasyonları arasında olduğundan daha yüksek olduğunu göstermişlerdir. İki *Cissampelopsis* türü arasındaki toplam çeşitlilik ve popülasyon farklılaşma seviyelerindeki farklılıklar, *Cissampelopsis* popülasyonlarının genetik yapısının bölgesel dağılımla uyumlu olduğunu göstermiştir. Bu çalışma ile genetik çeşitlilik ve yapısını tahmin etmek için iPBS işaretleyici sisteminin etkinliğini göstermişlerdir.

Ali vd. (2019) çalışmasında, Asteraceae familyasına ait Aspir (*Carthamus tinctorius L.*) bitkisinin, 13 iPBS-retrotranspozon markörü kullanılarak 28 farklı ülkeden gelen 131 aspir girişinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını araştırmayı amaçlamıştır. 275'i (%93,22) polimorfik bulunan toplam 295 iPBS bandı gözlemlemişlerdir.

Enginarda dünya ve ülkemizde genetik genetik çalışmalar diğer sebzelere oranla nispeten sınırlı kalmıştır. Islah çalışmalarının hızlanması ve ıslah çalışmalarına yön verilmesi açısından moleküler çalışmalar önem arz etmektedir. Yabani ve kültür genotipleri arasındaki benzerlik ve farklılıkların ortaya çıkarılması ileride yapılacak ıslah çalışmalarında kullanılacak genetik materyali tanımlanması açısından önemlidir.

Bu çalışmada Akdeniz ve Ege bölgesinden toplanılarak yabani enginar ve yetiştiriciliği yapılan kültür çeşitlerinin SSR ve iBPS primerleri ile moleküler karakterizasyonu yapılarak benzerlik ve farklılıkları belirlenmeye çalışılmıştır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Çalışma materyali olarak Ege ve Akdeniz Bölgesinin farklı lokasyonlarından 2019-2020 yılı Haziran-Eylül döneminde 21 yabani enginar ve 24 kültür enginar çeşiti toplanmıştır.

Farklı lokasyonlardan toplanan yabani enginar genotiplerinin lokasyonları ile ilgili bilgiler Çizelge 1.1'de verilmiştir.

Çizelge 1.1. Yabani enginar genotiplerinin lokasyonları

No	Kod adı	Bölge Adı	Enlem	Boylam	Yükseklik
1	WILD1	Bademağacı 1-Antalya	37°13'13.09"N	30°28'37.09"E	795 m
2	WILD 2	Bademağacı 2-Antalya	37°13'13.89"N	30°28'37.89"E	795 m
3	WILD 3	Bucak 1- Burdur	37°18'25.02"N	30°23'27.09"E	801 m
4	WILD 4	Bucak 2- Burdur	37°17'01.39"N	30°29'27.38"E	790 m
5	WILD 5	Acıpayam-Denizli	37°23'30.76"N	29°24'17.92"E	866 m
6	WILD 6	Ketelle - Antalya	36°52'38.57"N	30°26'11.87"E	1109 m
7	WILD 7	Buruncu-Muğla	37°10'30.36"N	28°24'42.81"E	623 m
8	WILD 8	Bölmepınar-Burdur	37°04'03.25"N	29°47'19.81"E	1406 m
9	WILD 9	Yelten1-Antalya	37°10'49.66"N	30°19'11.14"E	872 m
10	WILD 10	Yelten2-Antalya	37°11'23.28"N	30°15'01.93"E	969 m
11	WILD 11	Geyikbayırı1-Antalya	36°52'41.79"N	30°28'22.84"E	552 m
12	WILD 12	Feslikan Yaylası 2	36°51'31.36"N	30°24'33.46"E	1548 m
13	WILD 13	Feslikan Yaylası 1	36°51'34.75"N	30°25'55.08"E	1451 m

Çizelge 1.1.'in devamı

14	WILD 14	Akdeniz Üniversitesi-Antalya	36°53'45.14"N	30°38'49.96"E	32 m
15	WILD 15	Gündoğdu-Antalya	36°49'54.01"N	36°16'57.31"E	24 m
16	WILD 16	Isparta	37°51'40.92"N	30°23'39.36"E	859 m
17	WILD 17	Muğla- Kale yolu-Muğla	37°18'43.49"N	28°42'41.24"E	505 m
18	WILD 18	Çavdır-Burdur	37°11'56.59"N	29°37'39.48"E	1079 m
19	WILD 19	Serinhisar-Denizli	37°36'33.66"N	29°16'25.21"E	983 m
20	WILD 20	Tavas - Denizli	37°31'49.42"N	29°02'02.14"E	906 m
21	WILD 21	Kaş-Antalya	36°15'16.69"N	29°46'11.34"E	450 m

Ege ve Akdeniz Bölgesinin farklı lokasyonlarından toplanan yabani enginarlardan; Bademağacı1, Bademağacı2, Bucak1, Bucak2, Acıpayam, Ketelle, Buruncu, Bölmepınar, Yelten1, Yelten2 (WILD1, WILD2, WILD 3, WILD 4, WILD 5, WILD 6, WILD 7, WILD 8, WILD 9, WILD 10) genotiplerinin baş, gövde ve tohum görselleri aşağıda verilmiştir (Şekil 3.1). Geyikbayırı1, Feslikan Yaylası 2, Feslikan Yaylası 1, Akdeniz Üniversitesi, Gündoğdu, Isparta, Muğla- Kale yolu, Çavdır, Serinhisari, Tavas, Kaş genotiplerinin ise bulundukları lokasyondan görselleri verilmiştir (Şekil 3.2).



a) b)



c) d)

Şekil 3.1. Tohumları alınan yabani enginarların yetiştiği bölgedeki yapısal formunun, baş ve tohumlarının yer aldığı görseller; **a)**WILD 1, **b)**WILD 2, **c)**WILD 3, **d)**WILD 4, **e)**WILD 5, **f)**WILD 6, **g)**WILD 7, **h)**WILD 8, **ı)**WILD 9, **i)**WILD 10



e) f)



g) h)

Şekil 3.1.‘in devamı



ı) i)

Şekil 3.1.‘in devamı

Farklı lokasyonlardan toplanan ve taze yaprak örnekleri alınan yabani enginarlardan WILD 11, WILD 12, WILD 13, WILD 14, WILD 15, WILD 16, WILD 17, WILD 18, WILD 19, WILD 20, WILD 21 genotiplerinin yetiştiği bölgedeki yapısal formları Şekil 3.2’de verilmiştir.



a) b) c) d)



e) f) g) h)



ı) i) j)

Şekil 3.2. Taze yaprak örnekleri alınan yabani enginarlar; **a)**WILD 11, **b)**WILD 12, **c)**WILD 13, **d)**WILD 14, **e)**WILD 15, **f)**WILD 16, **g)**WILD 17, **h)**WILD 18, **ı)**WILD 19, **i)**WILD 20, **j)**WILD 21

Farklı genotiplere ait olan kültür enginar listesi Çizelge 1.2.'de verilmiş ve örnek kültür enginarlar gösterilmiştir (Şekil 3.3).

Çizelge 1.2. Kültür enginar genotiplerinin listesi

No	Kod adı	Çeşit Adı	No	Kod adı	Çeşit Adı	No	Kod adı	Çeşit Adı
22	SAKZ 1	Sakız	31	CLTR 2	Ticari	40	CLTR 8	Taşağıl
23	SAKZ 2	Sakız	32	CLTR 3	Ticari	41	CLTR 9	Finike
24	SAKZ 3	Sakız	33	CLTR 4	Ticari	42	CLTR 10	Manavgat
25	SAKZ 4	Sakız	34	CLTR 5	Ticari	43	CLTR 11	Geyikbayırı1
26	CLTR 14	İzmir	35	CLTR 6	Ticari	44	CLTR 12	Geyikbayırı2
27	CLTR15	Döşeme altı	36	TRKL 1	Bursa	45	CLTR 13	Geyikbayırı3
28	BYRP 1	Bayram paşa	37	HBRT1	Hibrit			
29	BYRP 2	Bayram paşa	38	HBRT 2	Hibrit			
30	CLTR 1	Ticari	39	CLTR 7	İzmir			



Şekil 3.3. Örnek kültür enginarları

Yürütülen bu çalışmada 6 adet SSR ve 10 adet iPBS primeri ile analizler yapılmıştır. Albaladejo vd. (2010) tarafından geliştirilmiş 10 SSR primer çifti Çizelge 1.3.'de verilmiştir.

Çizelge 1.3. Çalışmada kullanılan SSR primerlerinin listesi

Lokus Adı	**Primer dizilimi (5'-3')**
Cs1-SST	F: AAG CAC AAC TGG ATC CAT TC
	R: AAA TAT AAT CTC ACA AGT GGA
CsPal01	F: TTC GGA GCT ACC TCT CAC C
	R: AAT TTA GAT TGA AAT CGT ATG AGG A
CsPal02	F: GAA TTG GGT TTA GGT AGA TTG AGT G
	R: TGG CTG CTC TTG TTG CTG AAT GTG
CsPal03	F: ACT TGC CTT CTC TTG TGC CTA CCT
	R: TCC GCA ACC ATT CTC TTC ACC TCA
CDAT-01	F: AAT GAA GGA AGC ACA ACT G
	R: CGG AAT CAT GCT AAC CAT A
CDAT-02	F: GCG CTG CAA AGT TAT TT
	R: TGA GTT CTT AAT CAT CAT CTT C

Çalışmada kullanılan ve Kalender vd. (2010) tarafından geliştirilmiş iPBS primerlerinin listesi Çizelge 1.4'te verilmiştir. iPBS primerleri belirlenirken, 30 primer arasında tarama yapılmış ve en fazla polimorfizm gösteren 10 primer belirlenmiştir.

Çizelge 1.4. Çalışmada kullanılan iPBS primerlerinin listesi

Primer No	**Primer Kodu**	**Primer Dizilimi (5'-3')**
1	2272	GGCTCAGATGCCA
2	2076	GCTCCGATGCCA
3	2080	CAGACGGCGCCA
4	2085	ATGCCGATACCA
5	2378	GGTCCTCATCCA
6	2393	TACGGTACGCCA
7	2273	GCTCATCATGCCA
8	2279	AATGAAAGCACCA
9	2382	TGTTGGCTTCCA
10	2391	ATCTGTCAGCCA

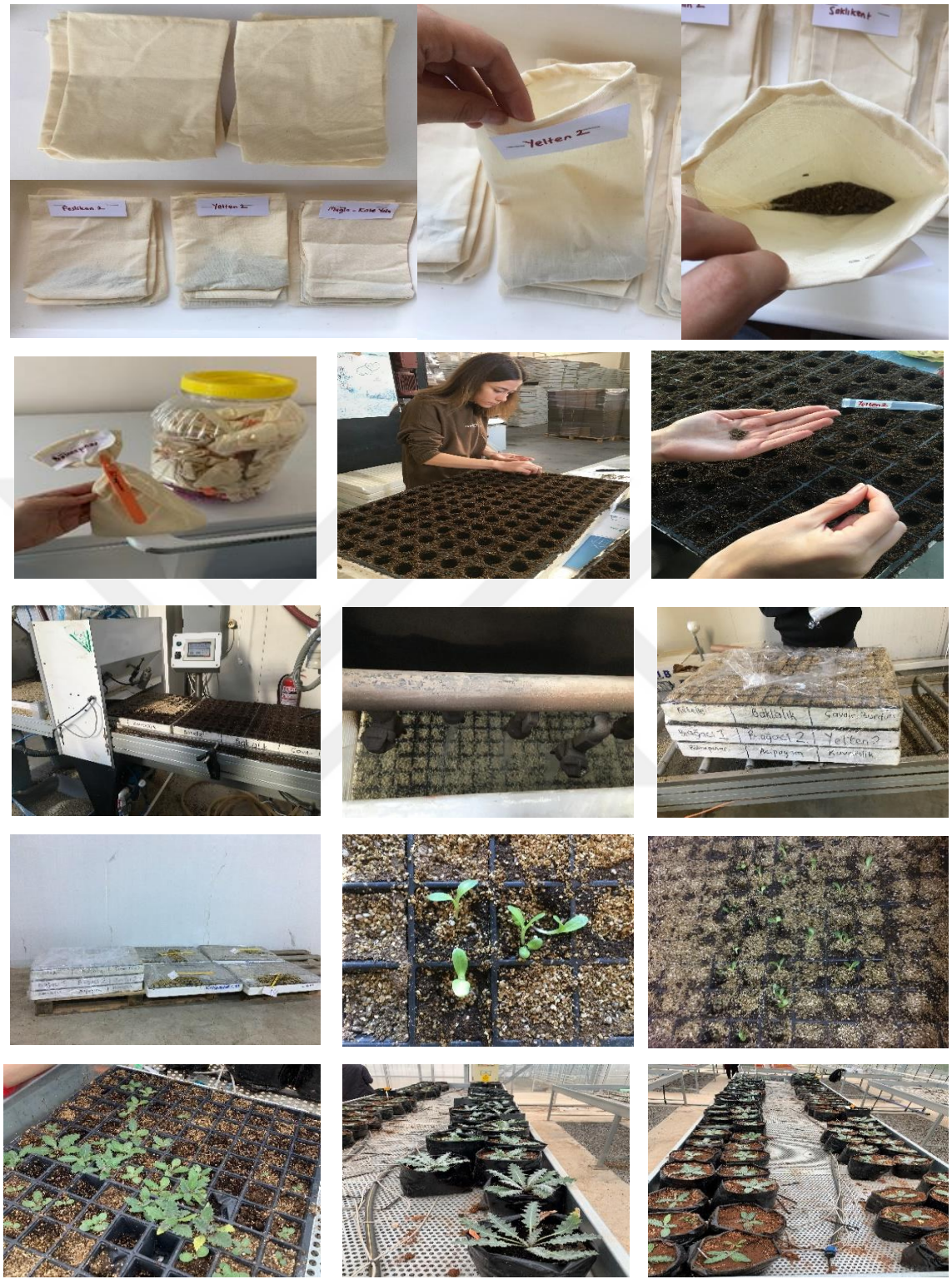
3.2.Metot

3.2.1. Tohumların çimlendirilmesi

Farklı lokasyonlarında ve rakımda yetişen enginar genotiplerinin bazılarında toplama döneminde taze yaprak bulunamadığı için tohumları alınarak çimlendirilmiş ve elde edilen fidelerden alınan taze yapraklardan DNA izolasyonu yapılmıştır. Çimlendirilmeden önce belirlenen genotiplerden elde edilen tohumların sayısına ve ağırlığına bakılmıştır (Çizelge 2.1). Yabani enginar genotiplerinden Bademağacı1, Bademağacı2, Bucak1, Bucak2, Acıpayam, Ketelle, Buruncu, Bölmepınar, Yelten1, Yelten2 genotiplerinin baş kısmından elde edilen tohumlar +2°C'de, keselerde muhafaza edilmiştir. Oda sıcaklığında viyollere ekilmiş ve çimlenen tohumlardan elde edilen taze yapraklar DNA izolasyonu için alınmıştır. Gelişim gösteren genotipler yeterli büyüklüğe eriştiklerinde 2:1 oranında torf-perlit karışımı olan siyah torbalara alınmıştır. Tohum ekim süreci Şekil 3.4'de verilmiştir.

Çizelge 2.1. Yabani genotiplerin tohumların sayısı ve ağırlığı

Kod adı	**Bölge Adı**	**Tohum Sayısı**	**Tohum ağırlığı (gr)**
WILD1	Bademağacı 1- Antalya	250	1,809
WILD 2	Bademağacı 2- Antalya	250	1,744
WILD 3	Bucak1- Burdur	325	6,815
WILD 4	Bucak2- Burdur	760	7,718
WILD 5	Acıpayam- Denizli	670	6,852
WILD 6	Ketelle- Antalya	570	4,215
WILD 7	Buruncu- Muğla	1010	31,212
WILD 8	Bölmepınar- Burdur	1295	17,138
WILD 9	Yelten1- Antalya	1252	15,805
WILD 10	Yelten2- Antalya	1535	26,234



Şekil 3.4. Tohumların ekim süreci

3.2.2. Genomik DNA izolasyonu

Farklı lokasyonlardan toplanan ve -20^{0}Cde muhafaza edilen yaprak örneklerinden CTAB protokolünde (Çizelge 3.1) belirtilen aşamalar izlenerek DNA izolasyonu yapılmıştır. (Doyle and Doyle, 1990). Yaprak örnekleri (100mg) 0,5 ml ekstraksiyon çözeltisi (%2 CTAB, EDTA 20mM, Tris-Cl 100mM, NaCl 1.4M, %0,2 merkaptoethanol) ile muamele edilerek, havan yardımıyla ezilip ve 65^{0}C'de 1,5 saat bekletilmiştir. Daha sonra 500 µl kloroform-isoamyl alkol (24:1) eklenerek, tüpler alt üst edilerek karıştırılıp ve 13000 rpm'de 20 dakika santrifüj edilmiştir. Üstteki sıvı kısımdan 150 µl (süpernetant) temiz tüpe alınarak üzerine 2/3 hacim izopropanol eklenmiş ve –20°C de bir gece bekletilmiştir. Ertesi gün 20 dakika 13000 rpm santrifüjden sonra sıvı kısım boşaltılmış ve çökeltinin üzerine 150 µl yıkama solüsyonu (%70 etanol) eklenerek tekrar santrifüj yapılmıştır. Sıvı kısım boşaltılarak pellet oda sıcaklığında 30 dakika kurutmaya bırakıldıktan sonra tüplere 100 µl saf otoklavlanmış su eklenmiş ve örnekler -20°C'de muhafaza edilmiştir. DNA örnekleri %1'lik agaroz jelde yürütülerek kalite ve miktarları kontrol edilmiştir.

Çizelge 3.1. CTAB protokolü bileşenleri

Bileşenler	**Buffer Son Konsantrasyonları**	**Hacim**
NaCl	1.4 M	280 ml
Tris-HCL PH:8	1000mM	100 ml
EDTA PH:8	20 mM	40 ml
CTAB	% 2	20 g
Beta-merkaptoethanol	% 0.2	2 ml
Toplam		1000 ml

Tüm genotiplerin genomik DNA izolasyonu yapılmıştır ancak kalitesi düşük olan ve PCR reaksiyonlarında kaliteli ürün vermeyen genotipler (WILD1, WILD2, WILD3, WILD4, WILD5, WILD6, WILD7, WILD9, WILD10, WILD14) tespit edilmiş ve bu genotiplerin DNA izolasyonları spin-kolum ile tekrar yapılmıştır (Şekil 4.2).

Spin kolum ile yapılacak DNA izolasyonu için taze yaprak örnekleri (100mg) 0,5 ml ekstraksiyon çözeltisi (%2 CTAB, EDTA 20mM, Tris-Cl 100mM, NaCl 1.4M, %0,2 merkaptoethanol) ile seramik havan ile ezilmiş ve 65˚C'de 10-15 dk bekletilmiştir. Daha sonra 600 µl kloroform-isoamyl alkol (24:1) eklenerek, tüpler alt üst edilerek karıştırılması sağlanmış ve santrifüj yapılmıştır. Üstteki sıvı kısım koluma alınarak,150 µl sıvı kısım için 60 µl NSB (Çizelge 3.2) eklenerek koluma aktarılmış ve santrifüj yapılmıştır. Alta inen sıvı boşaltılıp ve taze hazırlanmış 600 µl yıkama solüsyonu (CWA+%70 ethanol) (Çizelge 3.3) koluma eklenerek tekrar santijüj yapılmıştır. Yıkanan sıvı boşaltıldıktan sonra boş bir şekilde 120000 rpm'de 5 dk boyunca santrijüj yapılarak,

kolum yeni eppendorfun üzerine alınmıştır. Üzerine 115 µl su eklenerek ve 2 dk bekletilmiş ve santrifüj yapılmıştır. DNA örnekleri %1'lik agaroz jel de yürütülmüştür.

Çizelge 3.2. NSB (Neutralization Solution) bileşenleri

Bileşenler	Buffer Son Konsantrasyonları
Guadine Hydrochloride	4.09 M
Potassium Acetate	0.759 M
Glacial Acetic Acid	2.12 M

Çizelge 3.3. CWA (Column Wash Solution) bileşenleri

Bileşenler	Buffer Son Konsantrasyonları	Hacim
Potassium Acetate	162.8 mM	500 ml
Tris-HCl PH:8	22.6 mM	500 ml
EDTA PH:8	0.159 mM	500 ml
CWA		20 ml
Ethanol	%95	35 ml

3.2.2. SSR analizleri

SSR- PCR reaksiyonlarında Schuelke (2000) tarafından optimize edilmiş PCR protokolü uygulanmıştır. PCR karışımında 30ng DNA 1 X pcr bufferı için 0.2 mM dNTP, 1 unit Taq DNA polimeraz 1.5 mM MgCl2 0.2µM reverse ve forward primerler kullanılmıştır. Forward primerin 5` ucuna 5'- GGA AAC AGC TAT GAC CAT -3' baz dizisi eklenerek sentezlenmiş ve IRD- 700 ya da IRD- 800 ile işaretlenmiştir. SSR için gerekli PCR protokolü Çizelge 3.4'te verilmiştir.

Çizelge 3.4 SSR PCR döngü aşamaları

Aşamalar	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç Denetürasyon	94^{O}C	4 dk	1
Denetürasyon	94^{O}C	30 sn	30
Primer Bağlanması	50-60^{O}C	30 sn	30
Zincir Uzaması	72^{O}C	1 dk	30
Son Döngü	72^{O}C	10 dk	1

SSR ürünlerinin ayrıştırılması %6.5'luk polyakrilmait jel kullanılarak yapılmış ve 25 cm'lik cam plakalar kullanılmıştır. Camlar dikkatli şekilde saf su ile yıkanıp kuruması sağlanmıştır. 25 ml jel matriksi hazırlanıp (Çizelge 3.5'te verilen miktarlarda) üzerine amonyum persülfat ve temed eklenerek şırınga yardımıyla cam plakalar arasına enjekte edilmiştir (Çizelge 3.6).

Taraklar yerleştirildikten sonra yaklaşık 45 dk veya 1 saat polimerize olması beklenmiştir. PCR ürünleri yüklemeden önce formamit içeren yükleme tamponu eklenerek 95°C'de 5 dk denatüre edildikten sonra buzun üzerine alınmıştır. SSR primerleri ile elde edilen PCR ürünleri %6.5'luk poliakrilamit jelde 1500 Volt ve 45°C'de yürütülmüştür ve Licor- IR2 4200 (LI-COR Biosciences) cihazında görüntülenmiştir.

Çizelge 3.5. Licor jel matriks bileşenleri

Jel Matriks (500ml)	**% 5.5**	**%6.5**
% 40 Akrilamid + BİS (19:1)	68.75 ml	81.25 ml
TBE (10X)	50 ml	50 ml
Üre (7 M)	210 g	210 g

Çizelge 3.6. Poliakrilamid jel bileşenleri

Poliakrilamid jel bileşenleri	**25 cm cam için**
%10 luk APS	243 ul
Temed	17 ul
Akrilamid jel matriks	25 ml

3.2.3. iPBS analizleri

iPBS PCR reaksiyonlarında Kalender vd. (2010) geliştirmiş oldukları protokol uygulanmıştır. PCR reaksiyonu için; yaklaşık 20 ng DNA, 10 pmol primer, 200µl dNTP (0,2Mm), 1.5 µl (10X) buffer, 1 unit Taq DNA polimeraz enzimi içeren PCR karışımı kullanılarak Çizelge 3.7'de verilen PCR döngüsü uygulanmıştır. PCR ürünleri %2'lik agaroz jelde elektroforezde yürütülerek ayrıştırılmıştır.

Çizelge 3.7. iPBS PCR döngü aşamaları

Aşamalar	**Sıcaklık**	**Süre**	**Döngü Sayısı**
Başlangıç Denetürasyon	95^{0}C	3 dk	1
Denetürasyon	94^{0}C	30 sn	35
Primer Bağlanması	55^{0}C	30 sn	35
Zincir Uzaması	72^{0}C	2 dk	35
Son Döngü	72^{0}C	5 dk	1

3.2.4. Moleküler verilerin değerlendirilmesi

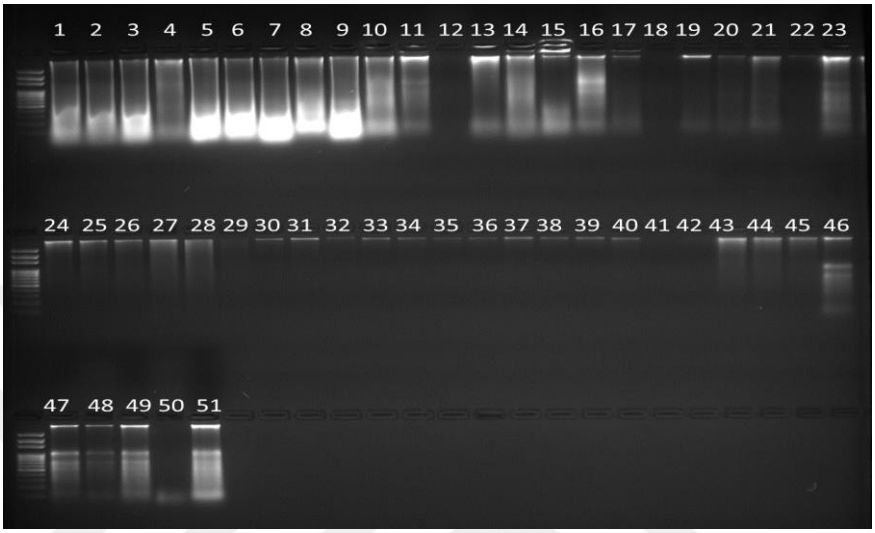
SSR ve iPBS PCR ürünlerinin yüklemeleri tamamlandıktan sonra elde edilen jel görüntüleri bant varlığında 1, yokluğunda 0, net görülmeyen bantlar ise 999 olarak skorlanmıştır. Elde edilen veriler NTSYS (Numeracal Taxonomy Multivariate Analysis System, NTSYS-pc version 2.1 Exeter Software, Setauket, N.Y. USA (Rohlf 1993)) bilgisayar paket programı kullanılarak analiz edilmiştir. UPGMA (Unweighted Pair-Group Method With Arithmetic Average) metodu ile benzerlik matriksi oluşturulmuştur. Elde edilen benzerlik matriksi kullanılarak UPGMA metodu ile dendrogramlar oluşturulmuştur. Aİki ve üç boyutlu grafik üzerinde bireyler arasındaki mesafeleri gösteren Temel Bileşenler Analizi (PCA: Principle Component Analizi) aynı program kullanılarak Jaccard benzerlik matrikisi kullanılarak oluşturulmuştur.Bunun için SIMINT modülü seçilerek eigen vektörleri hesaplanmışt ve PROJ modülü kullanılmıştır. SSR ve iPBS verilerinden elde edilen benzerlik indeksleri arasındaki korelasyon Mantel kofenetik korelasyon testi (Mantel, 1967) yapılarak hesaplanmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

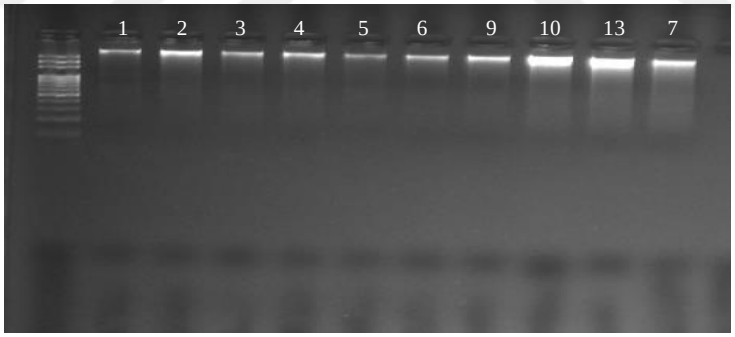
4.1. Moleküler Bulgular ve Tartışma

4.1.1. Genomik DNA izolasyonu

İzole edilen DNA'ların kalitesi ve yaklaşık miktarlarını belirlemek için %1,5'luk agaroz jelde yürütülmüştür. Jel görüntüsü Şekil 4.1'de verilmiştir.



Şekil 4.1. Tüm genotiplerin DNA izolasyon görüntüsü



Şekil 4.2. Spin kolum ile DNA izolasyonu yapılan genotipler (WILD1, WILD2, WILD3, WILD4, WILD5, WILD6, WILD7, WILD9, WILD10, WILD13)

4.2.2. iPBS analizleri

Bu çalışmada, 45 genotip arasındaki genetik ilişkiyi belirlemek için 10 adet iPBS primeri kullanılmıştır ve 198 toplam bant elde edilmiştir. Bu bantlardan 140 tanesi polimorfik bulunmuştur. En fazla polimorfik bant sayısı 2393 kodlu primer ile 20 allel ve en düşük polimorfik bant sayısı 2080 kodlu primer ile 9 allel olarak skorlanmıştır. Ortalama toplam bant sayısı 19,8 iken ortalama polimorfik bant sayısı 14 olarak hesaplanmıştır. Yapılan analizler sonucunda elde edilen toplam ve polimorfik bant sayıları Çizelge 4.1'de, örnek jel görüntüleri Şekil 4.3'te verilmiştir.

Yabani ve kültür genotipleri arasındaki polimorfik bant sayıları ayrı olarak Çizelge 4.2 ve Çizelge 4.3'te verilmiştir. Yabani genotiplerde toplam 117 bantın 103'ü (%70,70) polimorfik olarak tespit edilmiştir. Buna göre yabani genotipler arasında en fazla polimorfik bant 2393 ve 2085 kodlu primer ile 14 allel olarak skorlanmıştır. Kültür genotipleri arasında ise 81 bantın 37'si (%45,67) polimorfik bulunmuş ve en fazla polimorfik bant sayısı 2393 ve 2076 kodlu primerlerde 6 allel şeklinde skorlanmıştır.

Çizelge 4.1. iPBS primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları

Primer	Polimorfik bant sayısı	Toplam bant sayısı	% Polimorfizm	Bant Büyüklüğü (bp)
2076	19	24	79,16	150-1200 bp
2080	9	15	60	300-600 bp
2085	18	22	81,18	220-1000 bp
2273	11	18	61,11	250-1300 bp
2276	15	23	65,21	250-1750 bp
2275	13	20	65	300-1000 bp
2378	13	21	61,9	250-1800 bp
2382	7	10	70	250-800 bp
2391	15	21	75,42	125-1000 bp
2393	20	24	83,33	290-700 bp
Toplam	140	198		
Ortalama	14	19,8		

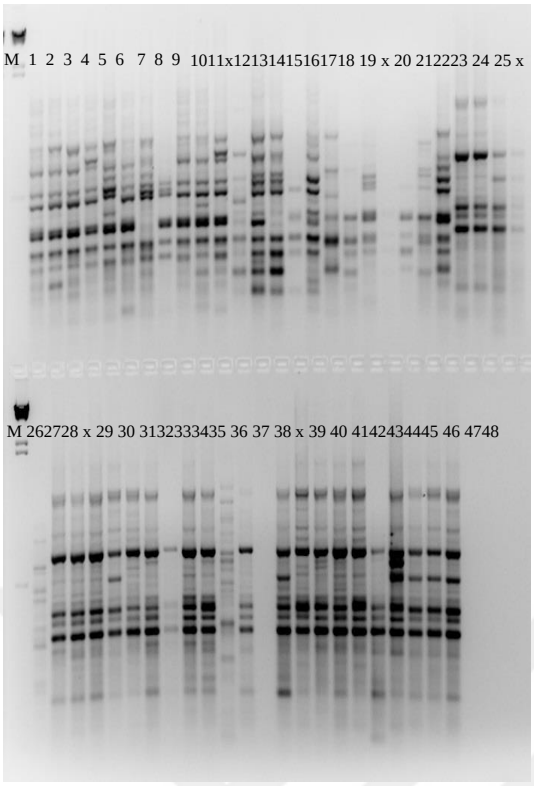
Çizelge 4.2. Yabani enginarlarının iPBS primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları

Primer	Polimorfik bant sayısı	Toplam bant sayısı	% Polimorfizm	Bant Büyüklüğü (bp)
2076	13	14	92.85	150-1200 bp
2080	8	10	80	300-600 bp
2085	14	14	100	220-1000 bp
2273	11	13	84.61	250-1300 bp
2276	11	13	84.61	250-1750 bp
2275	6	8	75	300-1000 bp
2378	10	13	76.92	250-1800 bp
2382	6	7	85.71	250-800 bp
2391	10	11	90.90	125-1000 bp
2393	14	14	100	290-700 bp
Toplam	103	117		
Ortalama	10,3	11,7		

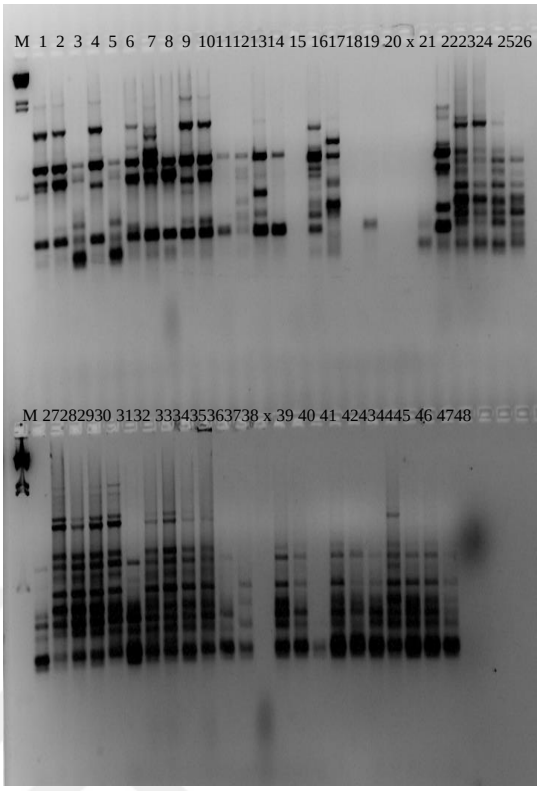
Çizelge 4.3. Kültür enginarlarının iPBS primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları

Primer	Polimorfik bant sayısı	Toplam bant sayısı	% Polimorfizm	Bant Büyüklüğü (bp)
2076	6	10	60	150-1200 bp
2080	1	5	20	300-600 bp
2085	4	8	50	220-1000 bp
2273	0	5	0	250-1300 bp
2276	4	10	40	250-1750 bp
2275	7	12	58,33	300-1000 bp
2378	3	8	37,5	250-1800 bp
2382	1	3	33,33	250-800 bp
2391	5	10	50	125-1000 bp
2393	6	10	60	290-700 bp
Toplam	37	81		
Ortalama	3,7	8,1		

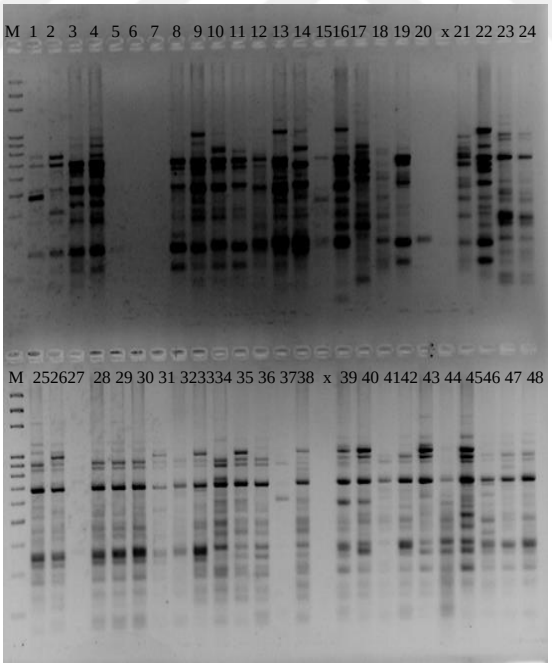
Ali vd. (2019), 131 aspir (Carthamus tinctorius L.) bitkisinin, 13 iPBS-retrotranspozon markörü kullanılarak genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını araştırmayı amaçladıkları çalışmalarında 275'i polimorfik olam üzere toplam 295 iPBS bandı elde etmişlerdir .Bizim çalışmamızda ise 10 iPBS-retrotranspozon markörü kullanılarak 45 kültür ve yabani enginar genotipinde toplam 198 bant elde edilmiş ve bunlardan 140 tanesi polimorfik bulunmuştur. Vanıjajıva vd. (2020), genetik çeşitliliği belirlemek için, Tayland'ın farklı bölgelerinden toplanan Asteraceae familyasına ait 96 Cissampelopsis türünde iPBS markörsistemini kullanmışlar ve toplam sayısını 120 olarak skor etmişlerdir. Bonchev vd. (2019), *Helianthus, Echinaceae, Tagetes, Tithonia ve Verbesina* cinslerini inceleyerek Asteraceae familyasındaki genetik varyasyon değerlendirmek için iPBS primerlerini kullanmıştır. İki seçilmiş iPBS primeri (2222 ve 2224), sırasıyla %44.8 -%93.3 (ortalama% 70) ve %85.7 -%100 (ortalama% 89.5) aralığında intergenerik polimorfizm saptamıştır. Bizim çalışmamızda ise 10 adet iPBS primeri kullanılmış (2076, 2080,2085,2273,2276,2275,2378,2382,2391 ve 2393), sırasıyla ortalama %79,16; %60; %81,18; %61,11; %65,21; %65; %61,9; %70; %75,42; %83,33 polimorfizm saptamıştır.



(a)



(b)



(c)

Şekil 4.3. iPBS PCR örnek jel görüntüleri; a. 2076 primeri b. 2276 primeri c. 2085 primeri

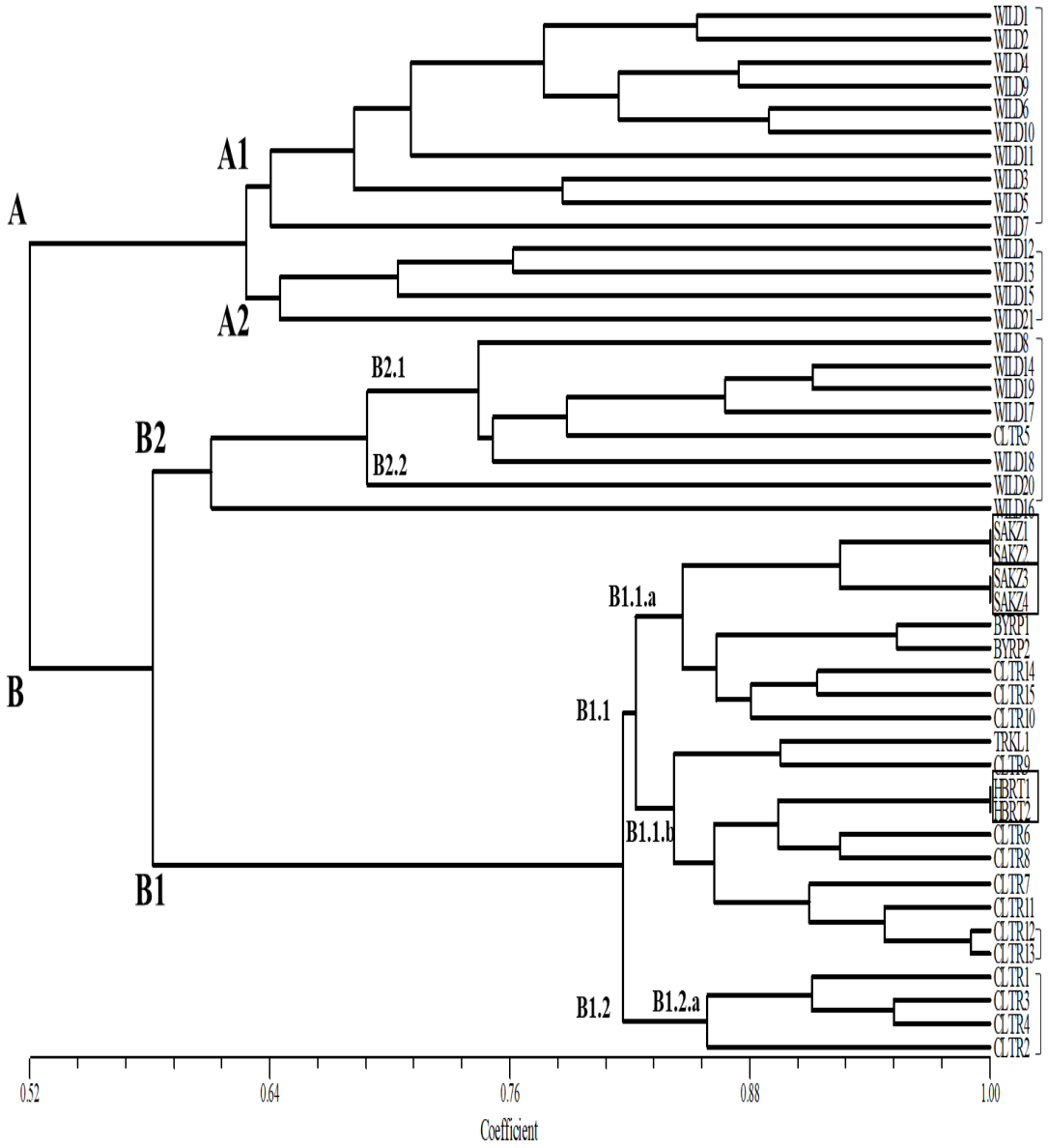
NTYSTSpc (Ver 2.1) programında DİCE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matriksine göre, yabani genotipler arasındaki iPBS verilerinden oluşturulan benzerlik endekslerinde birbirine en yakın genotipler ortalama 7,61 benzerlik oranı ile WILD1 (Bademağacı1)-WILD2(Bademağacı 1); WILD4 (Bucak 2)- WILD9 (Yelten 1); WILD6 (Ketelli)- WILD9 (Yelten 1); WILD6 (Ketelli)- WILD10 (Yelten 2); WILD9 (Yelten 1)- WILD10 (Yelten 2) olarak belirlenmiştir. En uzak genotip ise 0,96 benzerlik indeksi ile WILD14 (Akdeniz Üniversitesi)- WILD16 (Isparta) olarak belirlenmiştir. Benzerlik matriksine göre yabani genotiplerinde benzerlik ortalamaları 3,58 olarak bulunmuştur (EK-1).

Kültür genotipler arasındaki iPBS verilerinden oluşturulan benzerlik endekslerinde birbirine en yakın genotipler 1,00 benzerlik indeksi ile SAKZ1-SAKZ2; SAKZ3-SAKZ4; HBRT1-HBRT2 olarak belirlenmiştir. En uzak genotip ise ortalama 2,47 benzerlik indeksi ile CLTR 5 genotipi diğer bütün kültür genotiplerine uzak olarak değerlendirilmiştir. İkinci en uzak genotipler ise 4,89 benzerlik indeksi ile CLT8-BYRP2 genotipleri ve 3,89 benzerlik indeksi ile TRKL1-SAKZ5; CLTR6-SAKZ5 genotipleri olarak bulunmuştur. Benzerlik matriksine göre kültür genotiplerinde benzerlik ortalamaları 6,69 olarak bulunmuştur (EK-2).

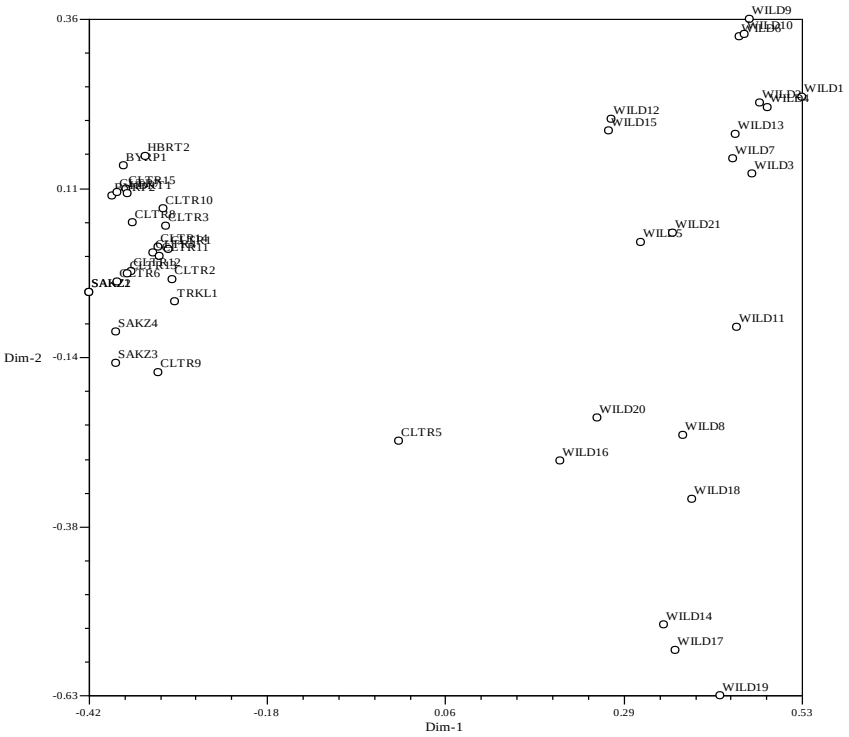
Elde edilen veriler yabani ve kültür genotiplerinde ortak olarak incelendiğinde, aralarında hiç benzerlik olmayan 0 benzerlik indeksine sahip olan CLTR5- WILD15 (Akdeniz Üniversitesi) ile SAKZ5- WILD17 (Muğla-Kale yolu) bulunmuştur. Bunun takibinde en yakın yabani genotipi ile kültür genotipleri ortalama 4,69 benzerlik indeksi ile WILD12-CLTR1 olarak belirlenmiştir. Benzerlik matriksine göre kültür genotiplerinde benzerlik ortalamaları 2,61 olarak bulunmuştur (EK-3).

iPBS verileri ile oluşturulan dendrogramlar incelendiğinde benzerlik oranları 0,52 ile 1,00 arasında bulunmuştur (Şekil 4.5). iPBS verilerinin analizi sonucunda genotipler 0,52 benzerlik katsayısı seviyesinde A ve B olarak iki ana gruba ayrılmıştır. B ana grubu 0,58 benzerlik kat sayısı seviyesinde B1 ve B2 olarak iki alt gruba ayrılmıştır. B1 alt grubunda 0,81 benzerlik kat sayısı ile B1.1. ve B1.2 grubuna ayrılmıştır. B1.1 grubu 0,82 benzerlik katsayısı ile ayrılarak B1.1.a ve B1.1.b gruplarını oluşturarak, B1.1.a grubunda SAKZ1-SAKZ2 ve SAK3-SAK4 genotipleri 1,00 oranında BYRP1-BYRP2 genotipleri 0,95 oranında benzerlik göstermişlerdir. Bu örnekler farklı lokasyonlardan alınmış ve kültürü yapılan ‘Sakız’ ve ‘Bayrampaşa’ çeşitlerine aittir. B.1.1.b alt grubunda bulunan HBRT1-HBRT2 genotipleri de 1,00 oranında benzer, CLTR12-CLTR13 genotipleri 0,97 benzerlik katsayısı bulunmuştur. B1.2 grubunda bulunan CLTR1-CLTR2-CLTR3-CLTR4 genotipleri 0,85 oranında aynı grup altında toplanmıştır ve ticari enginar çeşidi olduğu bilinmektir. B2 alt grubunda 0,61 benzerlik oranı ile WILD16 (Isparta) genotipi diğer yabani genotiplerden ayrılmıştır. B2.1 alt grubuyla 0,68 benzerlik kat sayısı ile ayrılmış ve CLTR5 genotipi diğer kültür genotiplerinden ayrılarak yabani genotiplerin bulunduğu grup altında toplanmıştır. A ana grubu 0,62 benzerlik katsayısı seviyesinde 2 alt gruba ayrılmıştır. A2 alt grubunda bulunan WILD12 (Feslikan Yaylası 2), WILD13 (Feslikan Yaylası 1), WILD15 (Gündoğdu- Antalya), WILD21 (Kaş- Antalya) genotipleri Antalya ili bölgesinden toplanmıştır ve 0,65 benzerlik katsayısı seviyesinde aynı grup altında toplanmıştır.

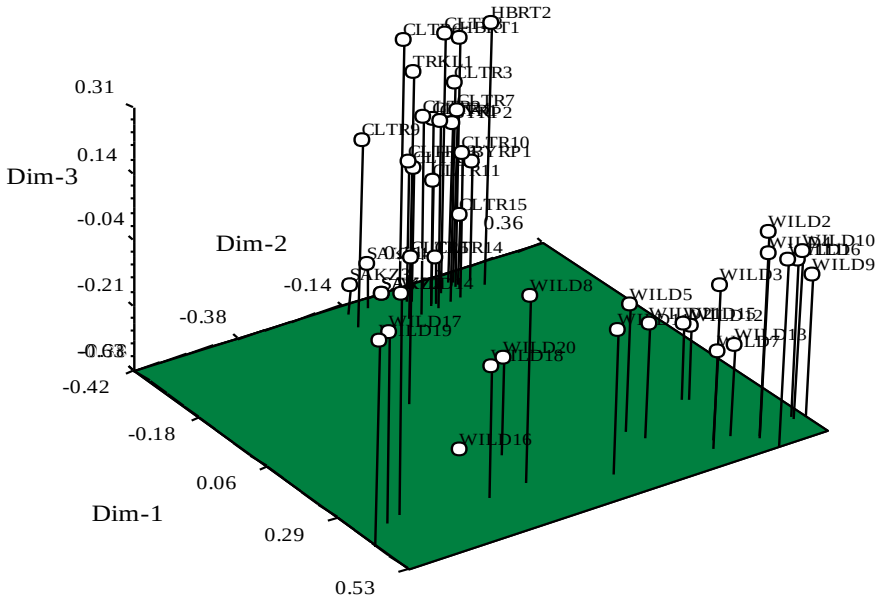
Temel bileşen analizi, çok boyutlu alan içinde genotipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edecek bir eksen ya da eksenler dizisi üzerindeki izdüşümlerinin görüntülenmesi temeline dayanmaktadır. Ana bileşenler çevresinde dağılan örneklerin varyansları her bir bileşen için ayrı ayrı hesaplanmaktadır. Bunlara da öz değer (eigen değeri) adı verilmektedir. Temel bileşen analizinin etkin kullanılabilmesi ve doğru yorumlanabilmesi için toplam varyasyonun ilk iki veya üç bileşen oranının % 25'ten büyük olması gerekmektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003). Temel Bileşenler Analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem ve üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik sonuçları Şekil 4.6 ve Şekil 4.7'de verilmiştir. Bu iki grafik birbiriyle paralellik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değerin açıkladığı varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın % 38'ini açıklamıştır. İlk 5 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın % 47'sini açıklamıştır. PCA analizi sonucu elde edilen iki boyutlu ve üç boyutlu grafikteki kümelenme dendrogram sonuçları ile paralellik göstermiş ve iki boyutlu düzlem ve üç boyutlu düzlem üzerinde de kültür genotipleri ve yabani genotiplerin birbirinden ayrıldığı ve kendi içinde bir arada toplandığı görülmüştür.



Şekil 4.5. 105 iPBS markırı ile yapılan kümeleme (UPGMA) analizi sonucu elde edilen dendrogram



Şekil 4.6. 105 iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik



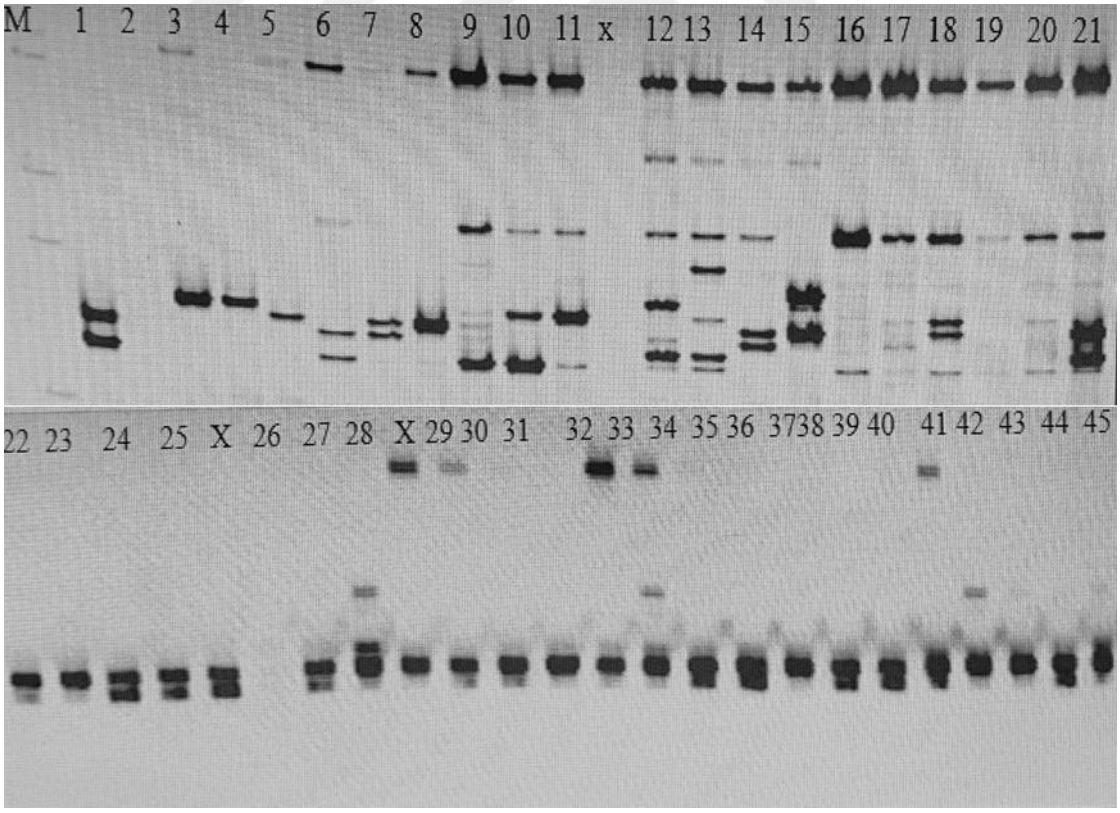
Şekil 4.7. 105 iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan üç boyutlu grafik

4.2.3. SSR analizleri

Bu çalışmada 45 adet yabani ve kültür enginar genotipi için 6 SSR primer çifti kullanılmıştır. PCR analizleri sonucundaki örnek poliakrilamit jel görüntüleri Şekil 4.4'te ve polimorfik bant sayıları Çizelge 3.6'da verilmiştir. Toplam banrt sayısı 47 olarak skor edilmiştir. Polimorfik bant sayıları en fazla *CsPal02* ve *CDAT-01* primerinde 11 adet olarak, en az *CsPal01* ve *CsPal03* primerinde 5 adet olarak skorlanmıştır.

Çizelge 4.4. Enginar genotiplerinin SSR primerlerine ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranları

Primer	Polimorfik bant sayısı	Toplam bant sayısı	% Polimorfizm	Bant Büyüklüğü (bp)
Cis1	7	7	100	220-310
CsPal01	5	5	100	230-265
CsPal02	11	11	100	227-540
CsPal03	5	5	100	320-337
CDAT-01	11	11	100	146-240
CDAT-02	8	8	100	130-210
Toplam	47	47		
Ortalama	7,83	7,83		



Şekil 4.8. SSR PCR örnek jel görüntüsü; CDAT-01 primeri

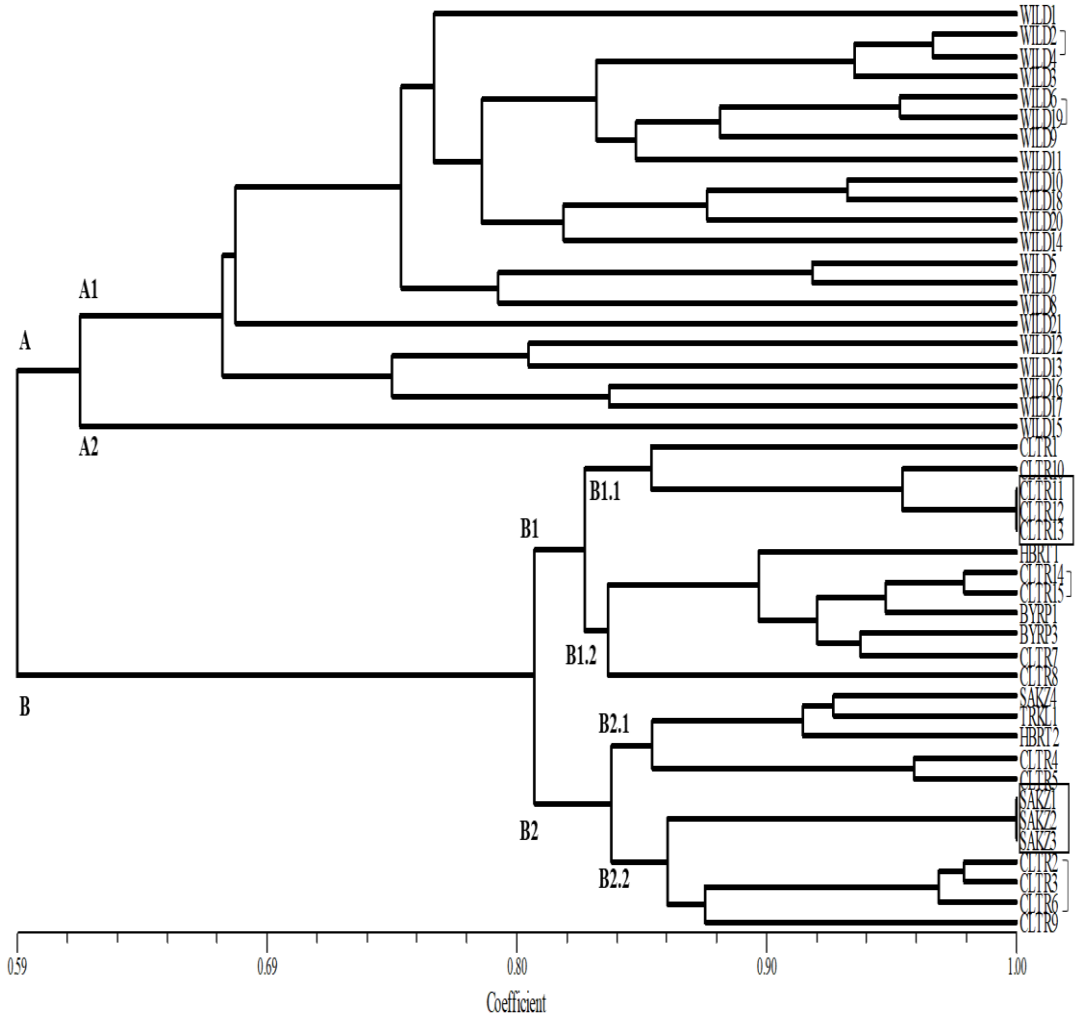
Acquardo vd. (2003), 15 kültür enginar çeşidinde (*Cynara scolymus L. var. scolymus*) 9 adet mikrosatellit lokusu izole etmişlerdir. Elde edilen mikrosatellit lokusları enginar çeşitleri arasında test edilmiş , kültür çeşitleri arasında mikrosatellit markörlerin 2 ile 6 adet allel meydana getirirken, yabani enginarlarda ise 1 ile 3 arasında allel meydana getirdiği gözlenmiştir. Bizim çalışmamızda 24 kültür ve 21 yabani enginar genotipinde çeşidinde 6 adet SSR primeri kullanılmış ve tolam 47 allel Elde edilmiştir. Felice vd. (2016), kültür ve yabani türler arasındaki genetik varyasyonu değerlendirmek için 10 mikrosatellite belirteci kullanılmıştır. Küme analizi ile, 30 genotipin tümünü ayırt etmiş ve kültür ile yabani türleri farklı gruplarda sınıflandırmışlardır. Bu çalışmada da 6 mikrosatellite belirteci ile 45 genotipin tümü ayırt edilmiş ve kültür ile yabani türleri farklı gruplarda gösterilmiştir. Sonnante vd. (2008), enginar genomunda çeşitli yaklaşımlar kullanılarak 24 mikrosatellit markör seti kullanmışlardır. Allelik varyasyon, *Cynara Cardunculus* örneklerinde ve diğer yabani *Cynara* genotiplerinde puanlanmıştır. 23 polimorfik lokus elde etmişlerdir. Bizim çalışmamızda ise 21 *Cynara Cardunculus* ve 24 *Cynara scolymus L.* genotiplerinde 6 mikrosatellit markörü kullanılmış ve 47 allel puanlanmış ve 47 polimorfik bant elde edilerek %100 polimorfizm sağlanmıştır.

NTYSTSpc (Ver 2.1) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matriksine göre yabani genotipler arasındaki SSR verilerinden elde edilen benzerlik matriksinde 9,33 benzerlik endeksi ile birbirine en yakın genotipler WILD2 (Bademağacı 2)- WILD3 (Bucak 1) , WILD2 (Bademağacı 2)-WILD4 (Bucak 2), WILD2(Bademağacı 2)-WILD6 (Ketelle),WILD2(Bademağacı 2)-WILD7 (Buruncu) , WILD2(Bademağacı 2)-WILD19 (Serinhisar), WILD3 (Bucak 1)- WILD4 (Bucak 2), WILD3 (Bucak 1)- WILD7 (Buruncu), WILD5 (Acıpayam)- WILD7 (Buruncu), WILD6 (Ketelle)- WILD9 (Yelten1), WILD6 (Ketelle)- WILD19 (Serinhisar), WILD16 (Isparta)- WILD19 (Serinhisar), WILD19 (Serinhisar)- WILD20 (Tavas) genotipleri olarak belirlenmiştir. En uzak genotipler ise 4,47 benzerlik endeksi ile WILD2(Bademağacı 2)- WILD17 (Muğla- Kale yolu), WILD7 (Buruncu)- WILD12 (Feslikan Yaylası 2), WILD15 (Gündoğdu)- WILD17 (Muğla- Kale yolu) genotipleri olarak belirlenmiştir. Benzerlik matriksine göre yabani genotiplerinde benzerlik ortalamaları 7,82 olarak bulunmuştur (EK-4). Kültür genotipler arasındaki SSR verilerinden oluşturulan benzerlik endekslerinde birbirine en yakın genotipler 1,00 benzerlik indeksi ile SAKZ1-SAKZ2, SAKZ1-SAKZ3, SAKZ2-SAKZ3, SAKZ3-SAKZ4, SAKZ3-CLTR4, SAK3-HBRT2, CLTR11-CLT12, CLTR11-CLTR13, CLTR12-CLTR13 olarak belirlenmiştir. En uzak genotipler ise ortalama 6,32 benzerlik indeksi ile SAKZ3-HBRT1, CLTR4-HBRT1, CLTR5-HBRT1, TRKL-CLTR8, HBRT1-HBRT2 genotipleri olarak belirlenmiştir. Benzerlik matriksine göre yabani genotiplerinde benzerlik ortalamaları 8,63 olarak bulunmuştur (EK-5). Elde edilen veriler yabani ve kültür genotiplerinde ortak olarak incelendiğinde, en yakın yabani genotipi ile kültür genotipleri ortalama 8,00 benzerlik indeksi ile WILD16 -SAKZ3, WILD17-SAKZ3 ve WILD19-SAKZ3 olarak bulunmuştur. En uzak genotipler ise ortalama 3,79 benzerlik indeksi ile WILD21 (Kaş)- SAKZ4, WILD21 (Kaş)- CLTR1 genotipleri olarak belirlenmiştir. Benzerlik matriksine göre kültür ve yabani genotiplerinde benzerlik ortalamaları 5,91 olarak bulunmuştur (EK-6).

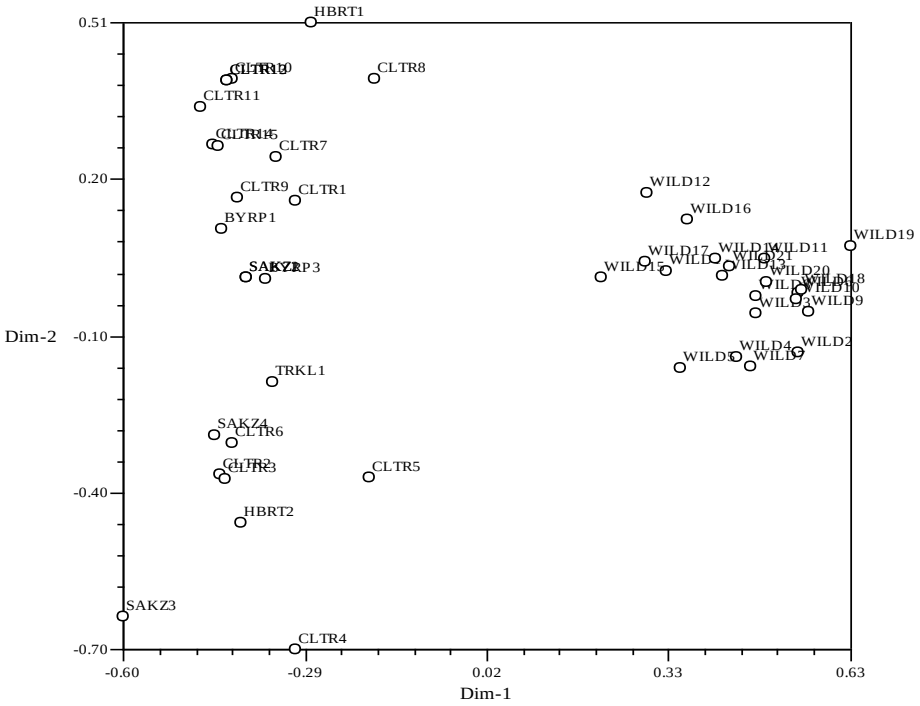
SSR verileri ile oluşturulan benzerlik indeksi ve dendrogram incelendiğinde benzerlik oranları 0,59 ile 1,00 arasındadır. SSR analizleri sonucunda dendrogram 0,59

benzerlik katsayısı seviyesinde (A ve B) iki gruba ayrılmıştır (Şekil 4.9). A ana grubu 0,62 benzerlik katsayısı seviyesinde A1 ve A2 alt gruplarına ayrılmışlardır. A1 alt grubunda bulunan WILD5 (Acıpayam), WILD7 (Buruncu), WILD8 (Bölmepınar) genotipleri yaklaşık olarak 0,80 oranında benzerlik göstermişlerdir. Bu genotiplerin orta baş büyüklüğü gösterdikleri belirlenmiştir. WILD10 (Yelten2), WILD14 (Akdeniz Üniversitesi) , WILD18 (Çavdır), WILD20 (Tavas) genotipleri yaklaşık olarak 0,82 oranında benzerlik göstermişler ve incelendiğinde orta baş büyüklüğü belirlenmiştir. A2 alt grubunda bulunan WILD15 (Gündoğdu) genotipi diğer yabani genotiplerden ayrılmıştır. WILD2 (Bademağazı2)-WILD4 (Bucak2) genotipleri 0,96 benzerlik katsayısı seviyesinde, WILD6 (Acıpayam)- WILD19 (Serinhisar) 0,94 oranında benzerlik göstermektedir. B ana grubu 0,81 benzerlik katsayısı seviyesinde B1 ve B2 alt gruplarına ayrılmıştır. B1 alt grubuna bağlı olan B1.1 grubunda CLTR11, CLTR12, CLTR13 genotipleri 1,00 oranında benzerlik göstermiştir. Bu genotiplerin aynı lokasyondan alındığı bilinmektedir. B1.2 alt grubunda ise CLTR14-CLTR15 genotipleri 0,98 oranında benzerlik göstermiş ve bu genotiplerin BYRP1 genotipi ile 0,93 oranında benzerlik göstermesi nedeniyle aynı çeşit olabileceği düşünülmüştür. B2 alt grubunda B2.2 grubunda bulunan SAKZ1, SAKZ2, SAKZ3 genotipleri 1,00 oranında benzerlik göstererek 0,85 benzerlik seviyesiyle bu gruptaki diğer genotiplerden ayrılmıştır. Aynı çeşit olduğu bilinen SAKZ4 genotipi ile ise 0,84 oranında benzerlik göstermişlerdir. CLTR2-CLTR3-CLR6 genotipleri ise 0,96 oranında benzerlik göstermişlerdir.

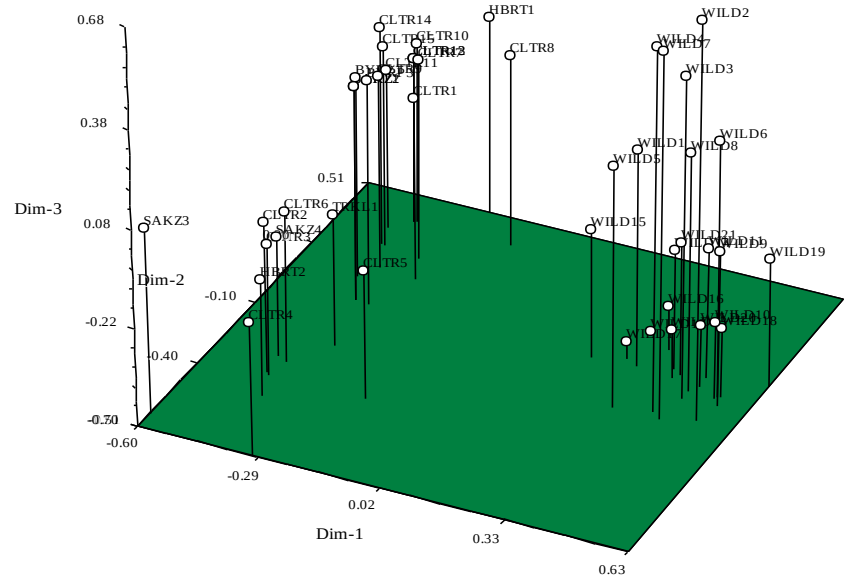
Temel Bileşenler Analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem ve üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik sonuçları Şekil 4.9 ve Şekil 4.10'de verilmiştir. Bu iki grafik birbiriyle paralellik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan eigen değerleri ve her değerin açıkladığı varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın % 36'ını açıklamıştır. İlk 5 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın % 49'unu açıklamıştır. Elde ettiğimiz pcr sonucuyla yapılan analizler uyumluluk göstermiştir. PCA analizi sonucu elde edilen iki boyutlu ve üç boyutlu grafikteki kümelenme dendrogram sonuçları ile paralellik göstermiş ve iki boyutlu düzlem ve üç boyutlu düzlem üzerinde de kültür genotipleri ve yabani genotiplerin birbirinden ayrıldığı ve kendi içinde bir arada toplandığı görülmüştür.



Şekil 4.9. 47 SSR markırı ile yapılan kümeleme (UPGMA) analizi sonucu elde edilen dendrogram



Şekil 4.10. 47 SSR markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik



Şekil 4.11. 47 SSR markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan üç boyutlu grafik

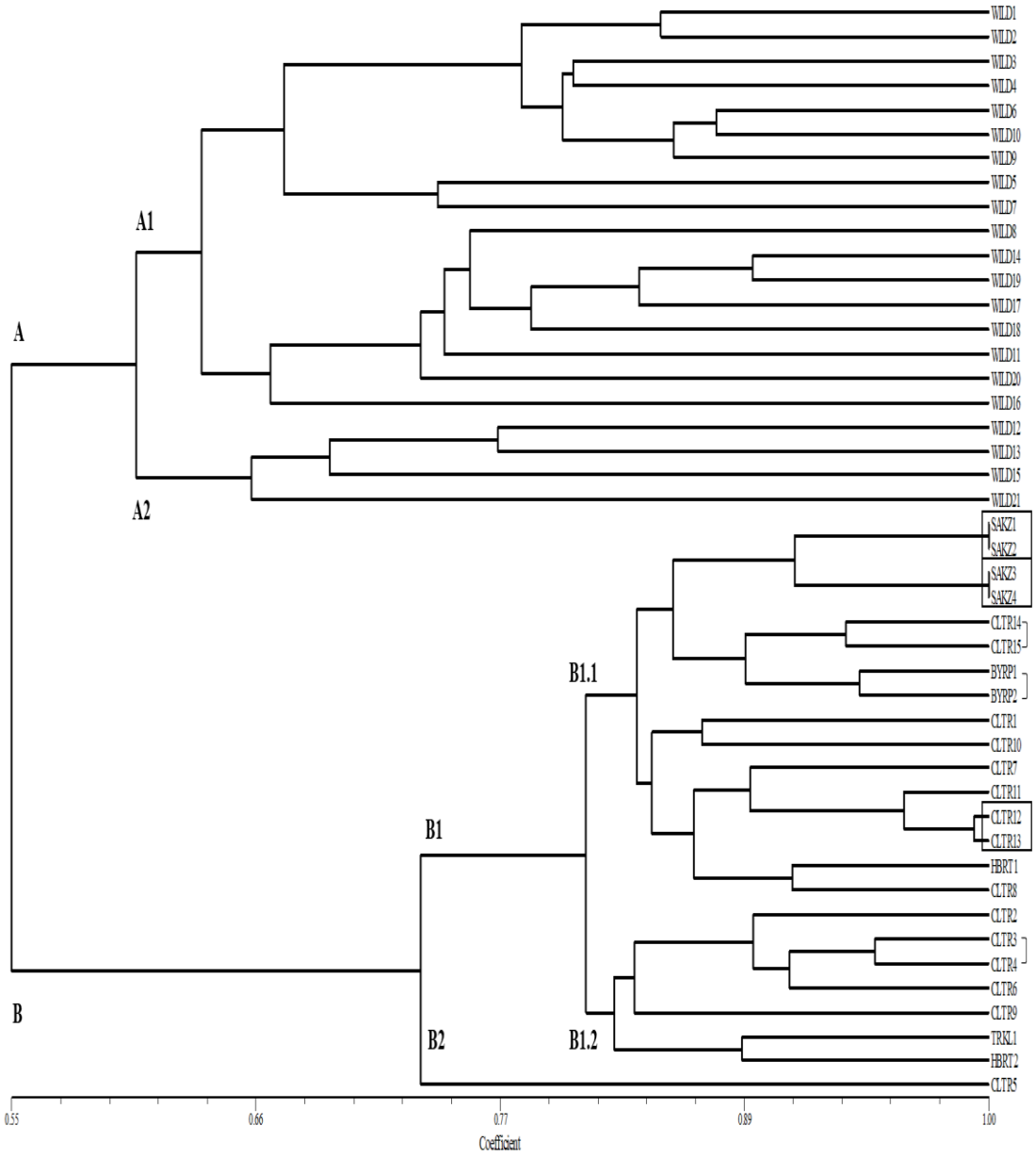
4.2.4. SSR ve iPBS analizleri sonucu elde edilen verilerin birlikte değerlendirilmesi

Çalışmamızda Batı Akdeniz ve Ege Bölgelerinden toplanan 45 Enginar (*Cynara scolymus* L.) genotipinde SSR ve iPBS primerleri kullanılarak genetik çeşitlilikleri incelenmiştir. 6 SSR primer çifti ve 10 iPBS primerleri kullanılarak toplamda 187 polimorfik bant üretilmiştir. Bunlardan 140 tanesi iPBS primeri ile 47 tanesi de SSR primerleriyle elde edilmiştir. 2393 primeri en fazla allel (20 allel) sayısını verirken en az CsPal01 ve CsPal03 primerleri (5 allel) vermiştir.

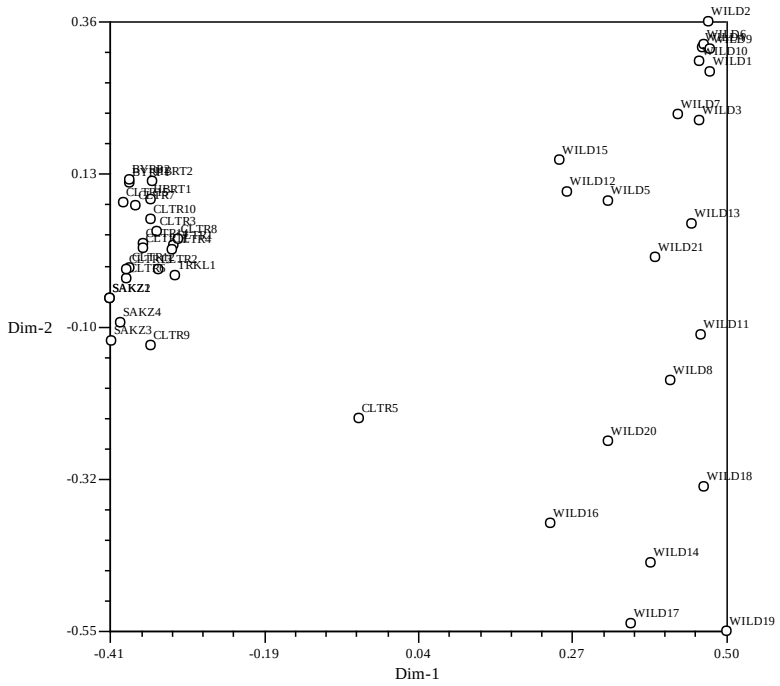
NTYSTSpc (Ver 2.1) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matriksine göre yabani ve kültür genotipleri arasındaki analiz sonucuna göre yabani genotiplerde 8,68 benzerlik endeksi ile birbirine en yakın genotipler WILD6 (Ketelle)-WILD9 (Yelten1), WILD6(Ketelle)-WILD10 (Yelten2), WILD9 (Yelten1) - WILD10 (Yelten2), WILD14(Akdeniz Üniversitesi)- WILD19 (Serinhisar), WILD17 (Muğla- Kale yolu)- WILD19 (Serinhisar) olarak belirlenmiştir. Benzerlik matriksine göre benzerlik ortalamaları 7,21 olarak bulunmuştur (EK-7). Kültür genotipler arasındaki verilerinden oluşturulan benzerlik endekslerinde birbirine en yakın genotipler 1,00 benzerlik indeksi SAKZ1-SAKZ2, SAK3-SAKZ4 bulunmuş ve takibinde en yakın 9,93 benzerlik katsayısı seviyesinde olduğu bulunmuştur. Benzerlik matriksine göre benzerlik ortalamaları 8,63 olarak bulunmuştur (EK-8). Elde edilen veriler yabani ve kültür genotiplerinde ortak olarak incelendiğinde, en yakın yabani ve kültür genotipleri ortalama 5,47 benzerlik katsayısı seviyesinde olduğu belirlenmiştir (EK-9)

iPBS ve SSR verileri ile oluşturulan dendrogram kümesi ve benzerlik indeksi incelendiğinde benzerlik oranları 0,55 ile 1,00 arasındadır. Analizler sonucunda dendrogram 0,55 benzerlik katsayısı seviyesinde (A ve B) iki gruba ayrılmıştır (Şekil 4.11). A ana grubunda bulunan yabani genotipler 0,60 benzerlik katsayısı seviyesinde A1 ve A2 alt gruplarına ayrılmışlardır. B ana grubunda bulunan kültür genotipleri ise 0,73 benzerlik katsayısı seviyesinde 2 gruba ayrılmışlardır. B1 alt grubu 0,81 benzerlik oranı ile B1.1 grubuna ayrılmış ve bu grup altında SAKZ1-SAKZ2, SAKZ3-SAKZ4 genotipleri 1,00 oranında benzerlik göstermiş, 0,93 benzerlik oranıyla CLTR14-CLTR15, 0,94 benzerlik oranıyla da BYRP1-BYRP2 benzerlik göstermiştir. CLTR12- CLTR13 genotipleri 0,97 benzerlik katsayısı seviyesindedir. Bu oranlar iPBS verileri ile oluşturulan dendrogram ile yakın bir sonuç sağlamaktadır. B1.2 alt grubunda bulunan CLTR3-CLTR4 genotipleri 0,95 oranında benzerlik seviyesi göstermişlerdir.

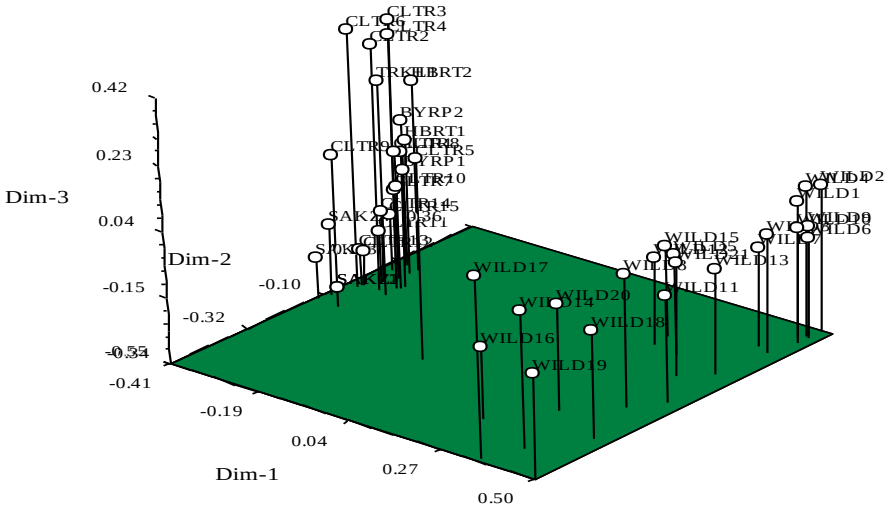
Temel Bileşenler Analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem ve üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik sonuçları Şekil 4.12 ve Şekil 4.13'de verilmiştir. Bu iki grafik birbiriyle paralellik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değerin açıkladığı varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın %36'sını açıklamıştır. İlk 5 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın %45'ini açıklamıştır. Elde ettiğimiz pcr sonucuyla yapılan analizler uyumluluk göstermiştir. PCA analizi sonucu elde edilen iki boyutlu ve üç boyutlu grafikteki kümelenme dendrogram sonuçları ile paralellik göstermiş ve iki boyutlu düzlem ve üç boyutlu düzlem üzerinde de kültür genotipleri ve yabani genotiplerin birbirinden ayrıldığı ve kendi içinde bir arada toplandığı görülmüştür.



Şekil 4.12. 152 iPBS ve SSR markırı ile yapılan kümeleme (UPGMA) analizi sonucu elde edilen dendrogram



Şekil 4.13. 152 iPBS ve SSR markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik



Şekil 4.14. 152 iPBS ve SSR markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonu oluşturulan iki boyutlu grafik

4.2.5. SSR ve iPBS analizleri sonucu elde edilen verilen karşılaştırılması

Yapılan analizler sonucunda SSR primerleriyle toplamda 47 bant, iPBS primerleri ile de toplamda 198 bant elde edilmiştir. SSR primeriyle polimorfik allel sayısı 5 ile 11 arasında iPBS primeriyle de 7 ile 20 arasında çıkmıştır. Polimorfizm oranlarını incelediğimizde SSR primerlerinde %100 polimorfizm elde edilirken iPBS primerlerinde polimorfizm oranı %60-%83,33 arasında değişmektedir.

SSR primerlerinin iPBS primerlerine göre yüksek polimorfizm göstermesinin nedeni türe özgün bir primer olması aynı zamanda kodominant özellik göstermesi ve çok sayıda allel üretebiliyor olmasından kaynaklanabilir. Ayrıca SSR PCR ürünleri poliakrilamit jelde yürütülmüş olması, poliakrilamit jelin agaroz jele göre 1 bazlık farklılıkları bile ayrıştırabiliyor olması yüksek polimorfizm göstermesini sağlamış olabilir.

SSR ve iPBS analizlerinde elde edilen verilen karşılaştırıldığında kültür genotiplerinin benzerlik seviyeleri iBPS analizleri sonuçları ile örtüştüğü belirlenmiştir.

SSR ve iPBS primerlerinin benzerlik matriksleri temel alınıp Mantel testi (Mantel, 1967) yapılarak aralarındaki korelasyon tespit edilmiştir. SSR ve iPBS primerlerinden elde edilen mantel testi sonucu kabul edilir bulunmuştur. (r= 0,70)

6. SONUÇLAR

Çalışmada Batı Akdeniz ve Ege Bölgelerinin farklı lokasyonlarından 45 adet enginar (*Cynara scolymus* L.) genotipi toplanmıştır. Enginar genotipleri yabani ve kültür olarak ayrı ve birlikte değerlendirilmiştir. Genotipler moleküler olarak 6 SSR primer çifti ve 10 iPBS primerleriyle genetik karakterizasyonları incelenmiştir.

Moleküler çalışmalar sonucunda; SSR analizlerinde 47 polimorfik bant, iPBS analizlerinde 140 polimorfik bant elde edilmiştir. SSR analizlerinde en fazla bandı *CsPal02* ve *CDAT-01* primeri ile 11 allel elde edilirken en az bandı *CsPal01* ve *CsPal02* primerleri ile 5 allel elde edilmiştir. SSR primerleri hiç monomorfik bant oluşturmamıştır. SSR primerleri ile yapılan analizler sonucunda %100 polimorfizm oranı elde edilmiştir. iPBS analizlerinde ise en fazla bandı 2393 primeriyle 20 allel elde edilirken en az bandı 2080 primeri ile 9 allel elde edilmiştir. iPBS primerleriyle elde edilen analizler sonucunda %60 - 83,33 arasında polimorfizm oranı belirlenmiştir. Genotipler arasındaki benzerlik indeksi iPBS primerleri ile yapalan analizler sonucunda 0,52 ile 1,00, SSR primerleri ile yapılan analizler sonucunda 0,59 ile 1,00 arasında değiştiği gözlemlenmiştir.

Moleküler analizler sonucunda genotipler bitki formu bakımından benzerlikleri incelendiğinde fenotip olarak daha küçük baş yapısına sahip olan WILD16 (Isparta) yabani enginar genotipi diğer yabani enginar genotiplerinden ayrıldığı görülmüştür. Genotiplerin baş büyüklüğü bakımından benzerlikleri genel olarak incelendiğinde birbirine benzer olan genotiplerin dendrogramda kısmen aynı grup altında toplandığı belirlenmiştir. SSR ve iPBS primerleri ve her iki primerin birlikte analizleri sonucunda elde edilen dendrogram incelendiğinde genotiplerin toplandıkları ya da yetiştirildikleri lokasyon ve bölgelere ya da rakıma göre kümelenmedikleri görülmüştür. Çalışmaya dahil edilen yabani enginarlarının hiçbiri kültür enginarlarına yakın benzerlik seviyesi göstermemiştir.

Bitkilerin kültüre alınmasıyla; belli bölgeye has, çevreleriyle adaptasyonu sağlamış ve uzun bir zaman değişmeden kalan tiplerin, yerel populasyonlarının oluşmasına neden olmuştur. Uzun yıllar kültüre alınma; yakın türler, yabaniler ve ataları arasında introgresyon (melezleme yoluyla farklı sistemlerin genlerini birleştirme işlemi) sonucu bu populasyonlarda etkisi olan genler, bitki ıslahında üstün verimli çeşitlerin geliştirilmesi açısından büyük önem taşır. Kültür formları ve yabani türleri arasında daha verimli ve dayanıklı genotipleri bulmaya çalışmakla beraber bulunan verimlilik ve dayanıklılık özelliklerinin kalıtımını ortaya çıkarmak, ıslah çalışmalarında seleksiyonda etkin bir şekilde kullanılabilecek hale getirmeyi, ayrıca moleküler markör veya markörlar saptamaya etkili olmaktadır.

Gen dizilimlerinde görülen değişkenlik; aynı zamanda bireylerin (veya populasyonların) herhangi bir çevresel etkene bağlı baskılara dayanma yeteneğini de temsil etmektedir kültür çeşitleri arasındaki genetik varyasyonun düşük olması, değişen çevre şartlarına uyum, hastalıklara karşı direnç ve türün adaptasyon kabiliyetinin azaldığını belirlemektedir.

Ülkemizde enginar (*Cynara scolymus* L.)'da morfolojik karakterizasyon çalışmalarına oldukça sıkça rastlanılmaktadır fakat moleküler karakterizasyon çalışmaları sınırlı sayıda kalmıştır. Geleneksel ıslah çalışmalarında bitki populasyonlarındaki mevcut genetik çeşitliliğin yeterli düzeyde biliniyor olması, bitki gen kaynaklarının etkili bir şekilde korunması ve verimli bir şekilde kullanımı için oldukça önemlidir. Yapılan bu tez çalışması ilerideki yapılabilecek enginar gen kaynakları ve ıslah çalışmaları için yol gösterici olabilir. Ülkemizde doğal olarak yetişen yabani enginar genotiplerinin ve kültür enginarlarının moleküler olarak incelenmesi ve genetik çeşitliliğin ortaya çıkarılması için daha detaylı çalışmaların yapılması gerekmektedir.

7. KAYNAKLAR

Abak, K., 1987. *Enginar ve Kuşkonmaz Yetiştiriciliği*. TAV Yayınları Yalova, 64 s.

Acquadro A., Portis E., Lanteri S., 2003. *Isolation of microsatellite loci in artichoke* (*Cynara cardunculus L. var. scolymus L.*). Mol Ecol Notes 3:37–39.

Acquadro A., Lanteri S., Scaglione D., Arens P., Vosman B., Portis E., 2009. *Genetic mapping and annotation of genomic microsatellites isolated from globe artichoke*. Theor Appl Genet, 118:1573–1587.

Aksu ve Altınterim, 2013. *Hepatoprotective effects of artichoke* (*Cynara scolymus*). Bilim ve Gençlik Dergisi. Cilt 1, Sayı 2.

Aksu, M. Şahin-Çevik, M. 2014. *Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları*. Meyve Bilimi (Fruit Science) 2(1), 49-59.

Ali, F., Yılmaz, A., Nadeem, M. A., Habyarimana, E., Subaşı, I, Nawaz, M. A. and Chung G., 2019. *Mobile genomic element diversity in world collection of safflower (Carthamus tinctorius L.) panel using iPBS-retrotransposon markers*. PloS one, 14(2), e0211985. (SCIE).

Alp, S. 2007. Kışlık Ekmeklik Buğday (*Triticumaestivum* L.)'da Yr5 Sar Pas (Puccinia Striiformisf sptritici) Dayanıklılık Geninin Moleküler Belirteçler (markör) ile Araştırılması. Yüksek Lisans Tezi, Yıldız Teknik Üniversitesi, İstanbul, 63 s.

Altınbay, H., 2012. Doğu Anadolu'da Yetişen Bazı Armut Gen Kaynaklarının SSR's(Simple Sequence Repeats) Markörlere Dayalı Genetik Karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, 49 s.

Anonim: FAO, 2018. http://www.faostat.fao.org [Son erişim tarihi: 20.11.2020].

Arısoy, Ş., 2005. Farklı Enginar Genotiplerinde Ploidi Düzeylerinin Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi, İzmir, 53 s.

Baldwin, B.G., Sanderson, M. J., Porter, J. M., Wojcıechowoski, M. F., Campell, C. S. and Donoghue, M. J., 1995. *The ITS Region of Nuclear Ribosomal DNA: A Valuable*. Annals of the Missouri Botanical Garden, 247-277.

Basnizki Y, Goldschmidt EE (1994) *Further examination of gibberellin A3 effects on flowering of globe artichokes (Cynara scolymus L.) under controlled environment and field conditions*. Isr J Plant Sci 42, 159-166.

Basnizki, Y. Ve Mayer, A. M., 1985, *Germination of Cynara seeds; effect of light and Temperature and function of the endosperm*, Agronomie, 5 (6), 529-532.

Bayraktar, K., 1981, *Sebze Yetiştirme*. Kültür Sebzeleri, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, No:169. Bornova, İzmir.

Bonchev G., Vassilevska R., 2019. *Fingerprinting the genetic variation and intergeneric hybrid dynamics in the family Asteraceae (genera Helianthus, Echinaceae, Tagetes and Verbesina) using iPBS markers*. Biologia, 75(4).

Calabrese, N., De Palma E. And Bıanco V.V. 2000(b). *Gibberellic acid And earliness of new seed propagated artichoke cultivars*. IV International Congres on Artichoke, October 17-21. Valenzano- Bari, Italy, 2000. Abstract.

Delaveau Le, C., 1985. Le Concours, Medical 29, 242371-2372.

Dellacecca, V., Magnifico, V., Marzi, V. Ve Porceddu, E., 1976. *Scarascia Mugnozza GT Contributo alla conoscenza delle varietà di carciofo coltivate nel mondo*, Procede. 2nd Int Congress on Artichoke, Bari.

Doyle, J.J., Doyle, J.L.,1990. *Isolation of Plant DNA from fresh tissue* , Focus, 12: 13-15.

Eser, B., İlbi, H. And Uğur, A., 2006. *Enginar Yetiştiriciliği*, Hasat Yayıncılık Ltd. Şti., Ekim 2006, s. 7.

Felice B., Borra M., Manfellotto F., Anna S., Biffali E., Guida M., 2016. *Assessment of genetic diversity between wild and cultivated artichokes using SSR markers*, Genet Resour Crop Evol (2016) 63:1363–1369.

Feschotte, C., Jiang, N., Wessler, S.R., 2002. *Plant transposable elements: where genetics meets genomics*, Nature Reviews Genetics, 3(5): 329-341.

Foury, C., 1987. *Quelques aspects du developpement de l'artichaut (Cynara scolymus L.) issue de semences; analyse plus particuliére de la floraison en conditions naturelles*. Thése Doc. és Sciences Naturelles Univ. Orsay, 189.

Grandbastien, M.A., Audeon, C., Bonnivard, E., Casacuberta Chalhoub, Costa, A.P.P., Le, Q.H., Melayah, D., Petit, M., Poncet, C., Tam, S.M., Van Sluys, M.A., Mhiri, C., 2005. *Stress activation and genomic impact of Tnt1 retrotransposons in Solanaceae*. Cytogenetics and Genome Research, 110: 229-241.

Hemmat, M. Weeden, N.F. Brown, S.K. 2003. *Mapping and evaluation of malus x domestica microsatellites in apple and pear*. Journalof the American Society for Horticultural Science, 128: 515-520.

Kalendar, R., Antonius, K., Smykal, P., Schulman, AH., 2010. *iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation*. Theorretical and Applied Genetics, 121: 1419-1430.

Kalendar, R., Schulman, AH., 2006. *IRAP and REMAP for retrotransposon based genotyping and fingerprinting*. Nature Protocols, 1: 2478-2484.

Keleş, D. Ve Eti, S., 2004, *Sakız enginar çeşidinde (Cynara scolymus L. Cv. Sakız) mevsimsel sıcaklık değişimlerinin çiçekçik oluşumu ile çiçek tozu Kalitesi ve üretim miktarı üzerine etkileri*, Alatarım, 3(2), 1-8.

Koçer G., 1993. Sakız Enginar Çeşitinde (*Cynara scolymus L*. Cv. Sakız) Verim Dağılımına, Bitki Yaşı, Uyandırma Suyu Veriliş Zamanı ve GA_3 Uygulamalarının Etkilerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. Doktora Tezi, Ege Üniversitesi, İzmir, 226 s.

Lanterı, S., Acquadro, A., Comıno, C., Mauro, R., Mauromıcale, G., Portıs, E., 2006. *A First Linkage Map of Globe Artichoke (Cynara cardunculus var. Scolymus L.) Based on AFLP, S-SAP, M-AFLP and Microsatellit Markers*. Theor. Appl. Genet. 112: 1532-1542.

Lanteri S., Di Leo I., Ledda L., Mameli M.G., Portis E., 2001. *RAPD, variation within and among populations of globe artichoke (Cynara scolymus L.), cv 'Spinoso sardo'*. Plant Breeding, 120, 243–247.

Litt, M., Luty, J.A., 1989. *A Hypervarible Microsatellite Revealed by In Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene*. American Society of Human Genetics, 44: 397-401.

Macit, F. Ve Şalk A., 1970. *Enginar*. Ege Üniversitesi. Ziraat Fakültesi. Teknik Bülten (14).

Mantel, N. 1967. *The Detection of Disease Clustering and Generalized Regression Approach*. Cancer Res., 27: 209–220.

Mehmood, A., Jakar Jaskani, M., Ahmad, S., Ahmad, R., 2013. *Evaluatıon of Genetic Dıversıty ın Open Pollınated Guava by İPBS Primers*. Pak. J. Agri. Sci., Vol. 50(4), 591-597; 2013.

Melito, S., Fadda, A., Rapposelli, E., Mulas, M., 2014. *Genetic diversity and population structure of sardinian Myrtle (Mytruscommunis L.) selections as obtainedby AFLP markers*. Hort Scıence, 49, 531-537.

Mohammadi, S.A., Prasanna, B.M., 2003. *Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations*. Crop Science, 43(4): 1235-1248.

Müller, A., Diemann, E. And Sassenberg, P., 1988. *Chromium contents in Medicinal plants used for treating diabetes mellitus type* II. Naturwissenchaften 75 (3) 155-156.

Orta, H. 2016. Seçilmiş Karayemiş (*Prunus laurocerasus L*.) Genotiplerinin SSR Markörlerı ile Moleküler Karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Ordu Üniversitesi, 36 s.

Pécaut, P., 1993, *Globe artichoke: Cynara scolymus L., In: Genetic improvement of vegetable crops*, Eds: Elsevier, p. 737-746.

Pelt, J.M., 1993. Des Legumes, Livre de poche. Fayard (1993).

Pinelli, P., Agostini, F., Comino, C., Lanteri, S., Portis, E., Romani, A., 2007. *Simultaneous quantification of caffeoyl esters and flavonoids in wild and cultivated cardoon leaves*, Food chemistry, 105 (4), 1695-1701.

Ryder, E.J., Devos, N.E., ve Barı, M.A., 1983. *The globe artichoke* (*Cynara scolymus L.*). Hortscience, Vol. 18(5): 646-653.

Salata, A., 2006. *Dynamika kwitnienia roślin karczocha (Cynara scolymus L.) W Zależności od metody uprawy*, Acta Agrobotanica, 59(1), 463-470.

Schulman, A.H., Flavell, A.J., Ellis, T.H.N., 2004. *The Application of LTR Retrotransposons as Molecular Markers in Plants.* In: Miller W.J., Capy P. (eds) Mobile Genetic Elements. Methods in Molecular Biology, 260.

Seçmen, Ö., Gemici, Y., Gork, G., Bekat, L. ve Leblebici, E., 2000. *Tohumlu Bitkiler Sistematiği*, EU Fen Fak, Kitaplar Serisi (116).

Sonnante G., De Paolis A., Lattanzio V., Perrino P., 2002. *Genetic variation in wild and cultivated artichoke revealed by RAPD markers*. Genetic Resources and Crop Evolution, 49, 247–252.

Sonnante G., Carluccio A.V., Paolis A., Pignone D., 2008, *Identification of artichoke SSR markers: molecular variation and patterns of diversity in genetically cohesive taxa and wild allies*.Genet Resour Crop Evol (2008) 55:1029–1046.

Startek, M.P., Nogly, J., Gromadka, A., Grzebelus, D., Gambin, A., 2017. *Inferring transposons activity chronology by TRANScendence –Tes database and de-novo minning tool.* BMC Bioinformatics 18:422.

Stevens, K.L., Wıtt, S.C., Turner, C.E. 1990. *Polyacetylenes in related thistles of the subtribes centaureinae and carduinae*. Biochem. Syst. Ecol. 18: 229-232.

Şinik, A., 2008. Enginarda (*Cynara scolymus L.*) Sulama; azot form ve dozlarının yaprak oluşumu ve aktif içerik maddeleri üzerinde etkileri. Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi, İzmir. 43 s.

Tesi, R. And Lenzı, A., 2000. *Artichoke propagated by seed for spring production İn Tuscany*. IV International Congres on Artichoke, October 17-21. Valenzano-Bari, Italy, 2000. Abstract.

Thompson, H. C., And Kelly, W.C., 1957. Vegetable Crops, 8, mcgraw Hill Book Company Inc., New York, 23-25.

Tivang J., Skroch PW., Nienhuis J., De Vos N., 1996. *Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) variation among and within artichoke (Cynara scolymus L.) cultivars and breeding populations*. Journal of American Society of Horticultural Science, 121, 783–788.

Todorovska, E., 2007. *Retrotransposons and their role in plant genome evolution*. Biotechnology Biotechnological Equipment, 21:3.

Vanıjajıva O., Ornpongrungrueng P., 2020. *Inter-primer binding site (iPBS) markers reveal the population genetic diversity and structure of tropical climbing Cissampelopsis (Asteraceae) in Thailand*. Biodiversitas, 3919-3928.

Vannella, S., Damato, G. And Calabrese, N., 2005. *Influence Of Temperature And Substrate On The Germınatıon Of Artıchoke Achenes*. Acta Hortic. 681, 361-368.

Yorgancılar, M., Yakışır, E., Tanur Erkoyuncu, M., 2015. *Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı*. Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi, 4(2,) 1-12.

8. EKLER

EK-1. Yabani genotipleri arasında iPBS Benzerlik indeksi değerleri

	WILD1	WILD2	WILD3	WILD4	WILD5	WILD6	WILD7	WILD8	WILD9	WILD10	WILD11	WILD12	WILD13	WILD14	WILD15	WILD16	WILD17	WILD18	WILD19	WILD20	WILD21
WILD1	1,00E+00																				
WILD2	7,23E-01	1,00E+00																			
WILD3	5,52E-01	5,52E-01	1,00E+00																		
WILD4	6,07E-01	6,08E-01	5,82E-01	1,00E+00																	
WILD5	3,70E-01	4,47E-01	6,06E-01	3,57E-01	1,00E+00																
WILD6	6,60E-01	6,67E-01	6,47E-01	6,33E-01	4,57E-01	1,00E+00															
WILD7	4,83E-01	4,58E-01	4,66E-01	3,67E-01	5,00E-01	5,32E-01	1,00E+00														
WILD8	3,89E-01	4,00E-01	3,33E-01	3,85E-01	3,75E-01	3,27E-01	3,21E-01	1,00E+00													
WILD9	6,10E-01	6,00E-01	6,07E-01	7,84E-01	4,63E-01	7,14E-01	5,44E-01	4,14E-01	1,00E+00												
WILD10	6,51E-01	6,50E-01	6,83E-01	6,67E-01	4,49E-01	8,15E-01	5,23E-01	3,81E-01	7,67E-01	1,00E+00											
WILD11	4,17E-01	4,63E-01	5,37E-01	4,88E-01	3,33E-01	4,74E-01	3,86E-01	4,15E-01	4,72E-01	5,51E-01	1,00E+00										
WILD12	3,91E-01	4,39E-01	5,56E-01	5,00E-01	4,50E-01	4,72E-01	3,90E-01	3,68E-01	6,09E-01	5,30E-01	3,82E-01	1,00E+00									
WILD13	4,73E-01	4,73E-01	4,82E-01	4,34E-01	3,94E-01	4,90E-01	6,04E-01	3,40E-01	5,96E-01	5,17E-01	4,04E-01	6,33E-01	1,00E+00								
WILD14	2,42E-01	2,96E-01	3,10E-01	2,19E-01	2,92E-01	2,22E-01	1,94E-01	3,20E-01	2,20E-01	2,05E-01	2,67E-01	1,55E-01	2,06E-01	1,00E+00							
WILD15	4,32E-01	4,48E-01	3,94E-01	4,51E-01	4,90E-01	4,48E-01	4,41E-01	2,71E-01	5,43E-01	4,75E-01	3,56E-01	5,83E-01	5,61E-01	1,78E-01	1,00E+00						
WILD16	1,59E-01	1,52E-01	2,38E-01	1,62E-01	1,96E-01	2,26E-01	2,42E-01	1,25E-01	1,92E-01	2,27E-01	2,65E-01	2,58E-01	2,59E-01	9,68E-02	2,37E-01	1,00E+00					
WILD17	2,00E-01	1,94E-01	2,90E-01	3,13E-01	1,49E-01	2,00E-01	1,21E-01	3,33E-01	2,22E-01	2,20E-01	2,80E-01	1,49E-01	2,07E-01	3,08E-01	1,91E-01	2,22E-01	1,00E+00				
WILD18	3,00E-01	3,43E-01	4,29E-01	3,51E-01	3,57E-01	3,24E-01	3,94E-01	4,00E-01	3,17E-01	3,33E-01	4,48E-01	3,04E-01	2,50E-01	3,32E-01	3,20E-01	2,29E-01	3,33E-01	1,00E+00			
WILD19	2,17E-01	2,50E-01	2,86E-01	2,11E-01	3,33E-01	2,11E-01	1,58E-01	3,57E-01	1,74E-01	2,31E-01	3,33E-01	1,66E-01	2,11E-01	5,00E-01	1,38E-01	1,67E-01	4,44E-01	3,57E-01	1,00E+00		
WILD20	3,47E-01	3,57E-01	3,95E-01	4,32E-01	3,82E-01	3,41E-01	3,33E-01	4,59E-01	3,47E-01	3,52E-01	4,21E-01	3,75E-01	2,56E-01	2,26E-01	3,86E-01	2,79E-01	3,00E-01	4,41E-01	2,63E-01	1,00E+00	
WILD21	4,00E-01	5,52E-01	5,17E-01	5,08E-01	4,09E-01	4,50E-01	4,03E-01	3,97E-01	5,54E-01	4,93E-01	4,12E-01	5,90E-01	4,91E-01	1,95E-01	4,74E-01	2,58E-01	2,75E-01	4,52E-01	2,50E-01	4,04E-01	1,00E+00

EK-2. Kültür genotipleri arasında iPBS Benzerlik indeksi değerleri

	SAKZ1	SAKZ2	SAKZ3	SAKZ4	CLTR14	CLTR15	BYRP1	BYRP2	CLTR1	CLTR2	CLTR3	CLTR4	CLTR5	CLTR6	TRKL1	HBRT1	HBRT2	CLTR7	CLTR8	CLTR9	CLTR10	CLTR11	CLTR12	CLTR13
SAKZ1	1,00E+00																							
SAKZ2	1,00E+00	1,00E+00																						
SAKZ3	8,29E-01	8,29E-01	1,00E+00																					
SAKZ4	8,30E-01	8,30E-01	1,00E+00	1,00E+00																				
CLTR13	8,08E-01	8,08E-01	6,53E-01	6,73E-01	1,00E+00																			
CLTR14	8,30E-01	8,30E-01	6,80E-01	6,99E-01	8,39E-01	1,00E+00																		
BYRP1	6,98E-01	6,98E-01	6,38E-01	6,60E-01	7,14E-01	8,33E-01	1,00E+00																	
BYRP3	6,43E-01	6,43E-01	6,39E-01	6,67E-01	6,82E-01	7,44E-01	8,93E-01	1,00E+00																
CLTR1	6,60E-01	6,60E-01	6,90E-01	7,08E-01	6,79E-01	6,98E-01	6,80E-01	6,98E-01	1,00E+00															
CLTR2	5,66E-01	5,66E-01	5,58E-01	5,80E-01	6,18E-01	6,14E-01	6,35E-01	6,84E-01	6,99E-01	1,00E+00														
CLTR3	6,03E-01	6,03E-01	5,69E-01	5,96E-01	7,07E-01	6,72E-01	6,67E-01	7,21E-01	8,34E-01	7,25E-01	1,00E+00													
CLTR4	6,36E-01	6,36E-01	5,71E-01	6,00E-01	7,45E-01	6,78E-01	6,73E-01	7,14E-01	7,92E-01	7,00E-01	9,00E-01	1,00E+00												
CLTR5	2,22E-01	2,22E-01	2,31E-01	2,31E-01	2,00E-01	2,26E-01	2,69E-01	2,80E-01	2,00E-01	2,73E-01	2,26E-01	1,94E-01	1,00E+00											
CLTR6	6,00E-01	6,00E-01	5,95E-01	6,23E-01	6,25E-01	6,60E-01	6,36E-01	6,86E-01	7,44E-01	6,75E-01	7,95E-01	7,86E-01	2,27E-01	1,00E+00										
TRKL1	5,51E-01	5,51E-01	5,60E-01	5,96E-01	5,47E-01	5,96E-01	5,71E-01	6,34E-01	6,46E-01	5,43E-01	7,08E-01	6,46E-01	2,31E-01	6,83E-01	1,00E+00									
HBRT1	5,93E-01	5,93E-01	6,22E-01	6,47E-01	5,33E-01	6,67E-01	6,92E-01	7,18E-01	7,39E-01	6,20E-01	6,85E-01	6,00E-01	3,04E-01	7,25E-01	6,98E-01	1,00E+00								
HBRT2	5,81E-01	5,81E-01	6,18E-01	6,53E-01	5,53E-01	7,05E-01	7,25E-01	7,50E-01	7,30E-01	6,00E-01	7,05E-01	6,14E-01	2,50E-01	7,30E-01	7,65E-01	1,00E+00	1,00E+00							
CLTR7	5,87E-01	5,87E-01	5,50E-01	5,97E-01	5,60E-01	6,53E-01	5,96E-01	6,15E-01	6,59E-01	5,91E-01	6,38E-01	5,96E-01	2,27E-01	8,06E-01	6,76E-01	8,00E-01	8,48E-01	8,21E-01	1,00E+00					
CLTR8	6,46E-01	6,46E-01	6,50E-01	6,74E-01	5,74E-01	5,71E-01	5,00E-01	5,12E-01	6,67E-01	5,74E-01	6,15E-01	6,20E-01	2,50E-01	7,11E-01	7,44E-01	6,04E-01	6,10E-01	6,67E-01	6,25E-01	1,00E+00				
CLTR9	7,02E-01	7,02E-01	6,47E-01	6,67E-01	7,46E-01	8,28E-01	7,37E-01	7,05E-01	7,31E-01	6,43E-01	7,00E-01	6,78E-01	1,94E-01	6,81E-01	6,60E-01	6,96E-01	7,50E-01	7,31E-01	7,23E-01	6,00E-01	1,00E+00			
CLTR10	7,25E-01	7,25E-01	6,67E-01	6,86E-01	6,79E-01	7,32E-01	6,36E-01	6,83E-01	7,23E-01	5,66E-01	6,32E-01	5,79E-01	2,92E-01	6,74E-01	5,98E-01	7,20E-01	6,74E-01	7,83E-01	6,59E-01	6,81E-01	7,02E-01	1,00E+00		
CLTR11	7,20E-01	7,20E-01	6,98E-01	7,14E-01	6,43E-01	7,27E-01	6,60E-01	7,35E-01	7,02E-01	5,20E-01	5,96E-01	6,00E-01	2,92E-01	6,59E-01	6,22E-01	7,50E-01	7,25E-01	8,18E-01	6,82E-01	6,74E-01	6,96E-01	8,70E-01	1,00E+00	
CLTR12	7,35E-01	7,35E-01	7,14E-01	7,29E-01	6,25E-01	7,09E-01	6,42E-01	7,00E-01	7,17E-01	5,38E-01	6,07E-01	5,82E-01	3,04E-01	6,59E-01	6,36E-01	7,66E-01	7,25E-01	8,37E-01	6,98E-01	6,89E-01	6,79E-01	8,89E-01	9,76E-01	1,00E+00

EK-3. Yabani ve kültür genotipleri arasındaki iPBS Benzerlik indeksi değerleri

	WILD1	WILD2	WILD3	WILD4	WILD5	WILD6	WILD7	WILD8	WILD9	WILD10	WILD11	WILD12	WILD13	WILD14	WILD15	WILD16	WILD17	WILD18	WILD19	WILD20	WILD21
SAKZ1	1,69E-01	2,21E-01	2,69E-01	2,43E-01	3,06E-01	2,84E-01	2,25E-01	2,17E-01	3,06E-01	2,91E-01	2,22E-01	3,79E-01	2,22E-01	1,47E-01	3,51E-01	2,58E-01	1,35E-01	2,09E-01	9,09E-02	3,40E-01	3,01E-01
SAKZ2	1,69E-01	2,21E-01	2,69E-01	2,43E-01	3,06E-01	2,84E-01	2,25E-01	2,17E-01	3,06E-01	2,91E-01	2,22E-01	3,79E-01	2,22E-01	1,47E-01	3,51E-01	2,58E-01	1,35E-01	2,09E-01	9,09E-02	3,40E-01	3,01E-01
SAKZ3	2,00E-01	2,11E-01	2,41E-01	1,83E-01	2,65E-01	2,46E-01	2,17E-01	2,31E-01	2,70E-01	2,61E-01	2,55E-01	3,56E-01	2,18E-01	2,00E-01	3,38E-01	2,59E-01	1,52E-01	2,63E-01	1,50E-01	3,72E-01	2,95E-01
SAKZ4	2,05E-01	2,58E-01	2,88E-01	2,35E-01	2,65E-01	2,92E-01	2,50E-01	2,24E-01	3,10E-01	2,99E-01	2,55E-01	3,64E-01	2,38E-01	2,00E-01	3,42E-01	2,67E-01	1,52E-01	2,63E-01	1,50E-01	3,72E-01	3,14E-01
CLTR14	2,31E-01	2,75E-01	2,86E-01	3,00E-01	3,73E-01	3,14E-01	2,57E-01	2,74E-01	3,51E-01	3,33E-01	2,41E-01	4,33E-01	2,81E-01	1,58E-01	4,10E-01	2,73E-01	1,79E-01	2,44E-01	8,33E-02	3,60E-01	3,84E-01
CLTR15	2,53E-01	3,00E-01	3,48E-01	3,19E-01	4,04E-01	3,77E-01	2,80E-01	2,42E-01	3,65E-01	3,70E-01	2,81E-01	4,48E-01	2,97E-01	1,58E-01	4,49E-01	2,61E-01	1,43E-01	2,34E-01	8,00E-02	3,73E-01	3,55E-01
BYRP1	2,60E-01	3,08E-01	2,99E-01	2,75E-01	3,73E-01	3,58E-01	2,60E-01	2,10E-01	3,19E-01	3,51E-01	2,41E-01	3,58E-01	2,38E-01	8,57E-02	3,59E-01	2,31E-01	7,89E-02	1,86E-01	4,76E-02	2,86E-01	2,80E-01
BYRP2	2,37E-01	3,04E-01	2,93E-01	2,64E-01	3,24E-01	3,40E-01	2,50E-01	2,29E-01	2,97E-01	3,39E-01	2,08E-01	3,68E-01	2,46E-01	7,14E-02	3,06E-01	2,04E-01	8,70E-02	2,50E-01	8,33E-02	3,03E-01	2,98E-01
CLTR1	2,73E-01	3,68E-01	3,56E-01	3,33E-01	3,72E-01	3,57E-01	2,90E-01	3,40E-01	3,86E-01	3,77E-01	2,78E-01	4,69E-01	3,50E-01	2,35E-01	3,66E-01	2,46E-01	2,26E-01	2,63E-01	1,88E-01	3,18E-01	4,52E-01
CLTR2	2,14E-01	2,58E-01	2,90E-01	2,42E-01	2,74E-01	2,66E-01	2,06E-01	2,36E-01	2,90E-01	2,76E-01	1,96E-01	3,49E-01	2,41E-01	1,72E-01	2,69E-01	1,59E-01	1,61E-01	1,79E-01	9,52E-02	2,89E-01	2,86E-01
CLTR3	2,67E-01	3,38E-01	3,28E-01	3,33E-01	3,08E-01	3,09E-01	2,50E-01	2,79E-01	3,51E-01	3,38E-01	2,63E-01	4,55E-01	3,23E-01	1,79E-01	3,80E-01	1,86E-01	2,05E-01	2,67E-01	9,09E-02	3,27E-01	4,03E-01
CLTR4	2,43E-01	3,08E-01	2,99E-01	2,86E-01	2,94E-01	2,79E-01	2,39E-01	2,71E-01	2,93E-01	3,16E-01	2,32E-01	3,88E-01	2,90E-01	1,67E-01	3,42E-01	2,12E-01	2,29E-01	2,33E-01	4,76E-02	3,00E-01	3,47E-01
CLTR5	5,41E-02	6,25E-02	1,11E-01	5,41E-02	1,30E-01	1,33E-01	1,11E-01	8,00E-02	1,00E-01	1,00E-01	9,68E-02	1,08E-01	7,89E-02	0,00E+00	9,76E-02	9,68E-02	1,00E-01	1,18E-01	0,00E+00	1,82E-01	1,76E-01
CLTR6	2,13E-01	2,69E-01	2,88E-01	2,91E-01	3,16E-01	2,69E-01	1,69E-01	2,98E-01	3,03E-01	3,13E-01	2,29E-01	3,44E-01	2,18E-01	1,82E-01	3,18E-01	1,45E-01	2,14E-01	1,89E-01	1,54E-01	3,10E-01	3,28E-01
TRK1	2,03E-01	2,63E-01	3,21E-01	2,93E-01	2,79E-01	2,73E-01	2,33E-01	2,08E-01	2,86E-01	3,33E-01	2,65E-01	3,03E-01	2,50E-01	2,00E-01	3,04E-01	2,11E-01	1,92E-01	2,42E-01	1,67E-01	3,00E-01	3,13E-01
HBRT1	2,39E-01	3,23E-01	3,13E-01	2,92E-01	3,62E-01	3,55E-01	2,69E-01	2,24E-01	3,58E-01	3,51E-01	2,35E-01	3,54E-01	2,50E-01	1,52E-01	3,60E-01	1,69E-01	1,05E-01	2,68E-01	9,09E-02	3,13E-01	3,29E-01
HBRT2	2,94E-01	3,83E-01	3,27E-01	3,40E-01	3,68E-01	3,78E-01	3,11E-01	2,55E-01	4,08E-01	4,00E-01	2,75E-01	3,60E-01	2,50E-01	1,61E-01	4,39E-01	1,70E-01	1,11E-01	2,37E-01	1,00E-01	3,18E-01	3,33E-01
CLTR7	2,58E-01	3,05E-01	3,51E-01	3,00E-01	3,27E-01	3,82E-01	2,54E-01	2,32E-01	3,50E-01	4,00E-01	2,83E-01	3,75E-01	2,69E-01	1,61E-01	3,82E-01	1,93E-01	1,11E-01	2,05E-01	1,00E-01	3,11E-01	2,94E-01
CLTR8	2,19E-01	2,79E-01	3,11E-01	2,63E-01	3,33E-01	3,16E-01	1,88E-01	2,50E-01	3,00E-01	3,28E-01	2,33E-01	3,52E-01	2,24E-01	1,54E-01	3,59E-01	1,38E-01	1,38E-01	1,62E-01	1,05E-01	3,00E-01	2,50E-01
CLTR9	1,74E-01	2,50E-01	2,83E-01	2,42E-01	2,29E-01	2,42E-01	1,82E-01	2,55E-01	2,84E-01	2,92E-01	2,61E-01	3,17E-01	2,28E-01	2,59E-01	2,67E-01	2,11E-01	2,00E-01	1,79E-01	1,76E-01	2,95E-01	2,99E-01
CLTR10	2,86E-01	3,38E-01	3,68E-01	3,49E-01	4,12E-01	3,68E-01	2,70E-01	3,02E-01	3,94E-01	3,70E-01	2,81E-01	4,26E-01	3,17E-01	1,84E-01	4,49E-01	2,25E-01	1,67E-01	2,55E-01	1,60E-01	3,92E-01	3,68E-01
CLTR11	2,33E-01	3,17E-01	3,28E-01	3,08E-01	3,75E-01	3,65E-01	2,61E-01	3,04E-01	4,03E-01	3,97E-01	3,20E-01	4,44E-01	3,05E-01	1,71E-01	3,68E-01	2,19E-01	1,58E-01	2,86E-01	2,00E-01	3,54E-01	3,97E-01
CLTR12	2,22E-01	2,92E-01	3,23E-01	2,58E-01	3,54E-01	3,71E-01	3,03E-01	2,68E-01	3,38E-01	3,70E-01	2,86E-01	3,75E-01	3,05E-01	1,94E-01	3,42E-01	2,26E-01	1,39E-01	3,08E-01	2,00E-01	3,19E-01	3,33E-01
CLTR13	2,25E-01	2,97E-01	3,28E-01	2,62E-01	3,33E-01	3,77E-01	2,88E-01	2,73E-01	3,43E-01	3,75E-01	2,92E-01	3,81E-01	2,88E-01	1,94E-01	3,29E-01	2,10E-01	1,39E-01	3,08E-01	2,00E-01	3,19E-01	3,33E-01

EK-4. Yabani genotipleri arasında SSR Benzerlik indeksi değerleri

	WILD1	WILD2	WILD3	WILD4	WILD5	WILD6	WILD7	WILD8	WILD9	WILD10	WILD11	WILD12	WILD13	WILD14	WILD15	WILD16	WILD17	WILD18	WILD19	WILD20	WILD21
WILD1	1,00E+00																				
WILD2	8,28E-01	1,00E+00																			
WILD3	7,66E-01	9,31E-01	1,00E+00																		
WILD4	7,87E-01	9,66E-01	9,33E-01	1,00E+00																	
WILD5	6,57E-01	6,23E-01	7,14E-01	7,49E-01	1,00E+00																
WILD6	8,33E-01	9,31E-01	8,94E-01	8,30E-01	7,14E-01	1,00E+00															
WILD7	7,78E-01	9,44E-01	9,17E-01	8,88E-01	9,17E-01	8,88E-01	1,00E+00														
WILD8	7,66E-01	7,93E-01	7,87E-01	7,66E-01	7,14E-01	7,66E-01	8,61E-01	1,00E+00													
WILD9	7,59E-01	8,62E-01	8,23E-01	7,75E-01	6,57E-01	9,00E-01	7,59E-01	7,00E-01	1,00E+00												
WILD10	7,22E-01	7,22E-01	8,09E-01	7,22E-01	6,23E-01	8,33E-01	7,22E-01	7,36E-01	8,62E-01	1,00E+00											
WILD11	6,86E-01	7,50E-01	8,23E-01	7,71E-01	6,23E-01	8,00E-01	7,08E-01	7,49E-01	8,57E-01	8,33E-01	1,00E+00										
WILD12	6,33E-01	4,74E-01	6,00E-01	5,33E-01	5,67E-01	6,33E-01	4,21E-01	5,67E-01	7,00E-01	7,37E-01	8,00E-01	1,00E+00									
WILD13	6,17E-01	5,52E-01	6,30E-01	6,17E-01	5,43E-01	6,60E-01	5,56E-01	5,96E-01	7,59E-01	7,78E-01	6,60E-01	8,00E-01	1,00E+00								
WILD14	8,00E-01	7,24E-01	7,75E-01	7,25E-01	7,14E-01	8,00E-01	7,59E-01	7,36E-01	8,00E-01	7,59E-01	8,00E-01	7,67E-01	7,00E-01	1,00E+00							
WILD15	6,57E-01	5,52E-01	6,23E-01	5,75E-01	6,68E-01	6,00E-01	5,86E-01	6,30E-01	6,00E-01	6,21E-01	5,43E-01	6,33E-01	7,00E-01	7,36E-01	1,00E+00						
WILD16	7,59E-01	6,11E-01	6,55E-01	5,86E-01	6,67E-01	7,59E-01	6,55E-01	6,30E-01	7,59E-01	8,28E-01	7,92E-01	7,88E-01	6,90E-01	8,28E-01	5,86E-01	1,00E+00					
WILD17	6,25E-01	4,62E-01	5,83E-01	5,00E-01	5,83E-01	6,25E-01	5,00E-01	5,42E-01	7,92E-01	7,08E-01	7,92E-01	7,88E-01	7,08E-01	7,08E-01	4,58E-01	8,33E-01	1,00E+00				
WILD18	7,00E-01	6,55E-01	7,25E-01	6,75E-01	6,67E-01	7,59E-01	6,90E-01	8,00E-01	9,31E-01	8,00E-01	8,00E-01	8,00E-01	8,35E-01	8,00E-01	7,00E-01	7,59E-01	7,08E-01	1,00E+00			
WILD19	8,10E-01	9,00E-01	8,10E-01	7,82E-01	7,30E-01	9,52E-01	8,10E-01	8,57E-01	8,10E-01	8,73E-01	7,27E-01	7,62E-01	8,57E-01	6,19E-01	9,52E-01	8,13E-01	8,10E-01	1,00E+00			
WILD20	7,00E-01	6,90E-01	7,75E-01	7,25E-01	6,57E-01	8,00E-01	7,24E-01	7,00E-01	8,53E-01	8,97E-01	8,00E-01	7,33E-01	7,59E-01	8,00E-01	6,00E-01	8,62E-01	8,33E-01	9,30E-01	9,52E-01	1,00E+00	
WILD21	6,17E-01	6,21E-01	6,81E-01	6,17E-01	5,71E-01	7,00E-01	6,94E-01	7,32E-01	6,53E-01	6,94E-01	7,14E-01	7,00E-01	7,45E-01	7,00E-01	6,00E-01	5,86E-01	5,42E-01	8,00E-01	7,14E-01	7,00E-01	1,00E+00

EK-5. Kültür genotipleri arasında SSR Benzerlik indeksi değerleri

	SAKZ1	SAKZ2	SAKZ3	SAKZ4	CLTR14	CLTR15	BYRP1	BYRP2	CLTR1	CLTR2	CLTR3	CLTR4	CLTR5	CLTR6	TRKL1	HBRT1	HBRT2	CLTR7	CLTR8	CLTR9	CLTR10	CLTR11	CLTR12	CLTR13
SAKZ1	1,00E+00																							
SAKZ2	1,00E+00	1,00E+00																						
SAKZ3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00																					
SAKZ4	7,75E-01	7,75E-01	1,00E+00	1,00E+00																				
CLTR14	8,72E-01	8,72E-01	9,38E-01	8,25E-01	1,00E+00																			
CLTR15	8,51E-01	8,51E-01	9,38E-01	8,50E-01	9,79E-01	1,00E+00																		
BYRP1	8,94E-01	8,94E-01	1,00E+00	8,50E-01	9,36E-01	9,57E-01	1,00E+00																	
BYRP2	8,09E-01	8,09E-01	9,38E-01	8,00E-01	8,94E-01	9,15E-01	1,00E+00																	
CLTR1	8,30E-01	8,30E-01	8,75E-01	8,00E-01	7,87E-01	7,66E-01	8,09E-01	7,66E-01	1,00E+00															
CLTR2	8,51E-01	8,51E-01	9,38E-01	8,50E-01	8,51E-01	8,30E-01	8,30E-01	7,23E-01	1,00E+00															
CLTR3	8,30E-01	8,30E-01	9,38E-01	8,75E-01	8,30E-01	8,51E-01	8,51E-01	7,02E-01	9,79E-01	1,00E+00														
CLTR4	8,09E-01	8,09E-01	1,00E+00	8,50E-01	7,66E-01	7,87E-01	8,30E-01	8,72E-01	7,23E-01	9,15E-01	9,36E-01	1,00E+00												
CLTR5	7,92E-01	7,92E-01	9,38E-01	8,33E-01	7,50E-01	7,92E-01	8,33E-01	8,75E-01	7,92E-01	7,92E-01	8,33E-01	9,36E-01	1,00E+00											
CLTR6	8,30E-01	8,30E-01	8,75E-01	8,25E-01	8,30E-01	8,09E-01	8,09E-01	7,45E-01	9,79E-01	9,57E-01	8,94E-01	8,33E-01	1,00E+00											
TRKL1	7,23E-01	7,23E-01	8,75E-01	9,25E-01	8,09E-01	8,30E-01	7,87E-01	8,30E-01	7,66E-01	8,30E-01	8,51E-01	8,30E-01	7,92E-01	8,09E-01	1,00E+00									
HBRT1	7,50E-01	7,50E-01	6,00E-01	7,24E-01	9,17E-01	9,44E-01	8,89E-01	8,33E-01	7,22E-01	7,30E-01	6,67E-01	6,15E-01	7,22E-01	7,50E-01	1,00E+00									
HBRT2	8,00E-01	8,00E-01	1,00E+00	9,25E-01	7,50E-01	7,75E-01	8,25E-01	8,25E-01	8,75E-01	9,00E-01	9,25E-01	8,75E-01	8,50E-01	9,00E-01	6,21E-01	1,00E+00								
CLTR7	8,30E-01	8,30E-01	8,75E-01	7,75E-01	9,15E-01	9,36E-01	9,36E-01	7,45E-01	8,09E-01	8,30E-01	8,09E-01	7,92E-01	7,87E-01	8,09E-01	8,89E-01	7,50E-01	1,00E+00							
CLTR8	8,51E-01	8,51E-01	8,13E-01	7,00E-01	8,09E-01	8,30E-01	8,72E-01	7,87E-01	7,66E-01	7,45E-01	7,66E-01	7,45E-01	7,92E-01	7,66E-01	6,60E-01	8,89E-01	7,25E-01	8,09E-01	1,00E+00					
CLTR9	8,51E-01	8,51E-01	8,13E-01	7,25E-01	8,51E-01	8,30E-01	8,30E-01	7,87E-01	7,66E-01	8,72E-01	8,51E-01	7,87E-01	7,30E-01	8,94E-01	7,02E-01	8,06E-01	7,50E-01	8,09E-01	8,72E-01	1,00E+00				
CLTR10	8,51E-01	8,51E-01	8,13E-01	7,75E-01	8,51E-01	8,30E-01	8,30E-01	7,87E-01	8,94E-01	7,87E-01	7,66E-01	7,02E-01	7,08E-01	8,09E-01	7,45E-01	8,06E-01	8,00E-01	8,09E-01	8,30E-01	8,72E-01	1,00E+00			
CLTR11	8,33E-01	8,33E-01	8,75E-01	8,28E-01	8,33E-01	8,61E-01	8,33E-01	8,06E-01	8,06E-01	8,33E-01	7,30E-01	7,08E-01	7,78E-01	7,78E-01	8,00E-01	8,62E-01	8,33E-01	8,06E-01	8,33E-01	9,44E-01	1,00E+00			
CLTR12	8,51E-01	8,51E-01	8,75E-01	8,25E-01	8,51E-01	8,72E-01	8,30E-01	8,51E-01	7,87E-01	8,09E-01	7,45E-01	7,08E-01	7,66E-01	7,87E-01	8,33E-01	8,50E-01	8,51E-01	8,30E-01	8,30E-01	9,57E-01	1,00E+00	1,00E+00		
CLTR13	8,51E-01	8,51E-01	8,75E-01	8,25E-01	8,51E-01	8,72E-01	8,30E-01	8,51E-01	7,87E-01	8,09E-01	7,45E-01	7,08E-01	7,66E-01	7,87E-01	8,33E-01	8,50E-01	8,51E-01	8,30E-01	8,30E-01	9,57E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	

EK-6. Yabani ve kültür genotipleri arasındaki SSR Benzerlik indeksi değerleri

	WILD1	WILD2	WILD3	WILD4	WILD5	WILD6	WILD7	WILD8	WILD9	WILD10	WILD11	WILD12	WILD13	WILD14	WILD15	WILD16	WILD17	WILD18	WILD19	WILD20	WILD21
SAKZ1	7,23E-01	5,86E-01	7,02E-01	6,81E-01	5,71E-01	6,81E-01	6,39E-01	6,17E-01	6,00E-01	5,83E-01	6,57E-01	6,00E-01	7,00E-01	6,00E-01	6,21E-01	5,83E-01	5,50E-01	7,14E-01	6,50E-01	5,11E-01	
SAKZ2	7,23E-01	5,86E-01	7,02E-01	6,81E-01	5,71E-01	6,81E-01	6,39E-01	6,17E-01	6,00E-01	5,83E-01	6,57E-01	6,00E-01	5,11E-01	6,00E-01	6,21E-01	5,83E-01	5,50E-01	7,14E-01	6,50E-01	5,11E-01	
SAKZ3	7,50E-01	6,88E-01	7,50E-01	7,50E-01	5,63E-01	7,50E-01	6,00E-01	5,00E-01	7,50E-01	4,00E-01	6,88E-01	7,27E-01	5,63E-01	7,50E-01	6,25E-01	8,00E-01	8,00E-01	5,63E-01	8,00E-01	7,50E-01	5,00E-01
SAKZ4	6,25E-01	4,48E-01	5,50E-01	5,50E-01	6,29E-01	5,25E-01	5,17E-01	4,25E-01	5,25E-01	4,83E-01	6,00E-01	6,00E-01	4,75E-01	6,25E-01	5,75E-01	6,55E-01	6,67E-01	4,75E-01	5,24E-01	5,75E-01	3,75E-01
CLTR14	6,81E-01	5,17E-01	6,60E-01	6,38E-01	5,43E-01	6,38E-01	5,83E-01	5,74E-01	5,50E-01	5,28E-01	6,29E-01	6,00E-01	4,68E-01	6,50E-01	5,50E-01	5,52E-01	5,42E-01	5,00E-01	6,19E-01	6,00E-01	4,68E-01
CLTR15	6,60E-01	4,83E-01	6,81E-01	6,17E-01	5,71E-01	6,60E-01	6,11E-01	5,53E-01	5,75E-01	5,56E-01	6,57E-01	6,33E-01	4,89E-01	6,75E-01	5,75E-01	5,86E-01	5,03E-01	5,25E-01	6,19E-01	6,25E-01	4,89E-01
BYRP1	7,02E-01	5,52E-01	7,23E-01	6,60E-01	6,00E-01	7,02E-01	6,67E-01	5,96E-01	6,25E-01	6,11E-01	6,86E-01	6,33E-01	5,32E-01	7,25E-01	6,25E-01	6,55E-01	6,25E-01	5,75E-01	7,14E-01	6,75E-01	5,32E-01
BYRP2	7,02E-01	5,86E-01	7,23E-01	7,02E-01	6,57E-01	7,02E-01	7,22E-01	5,96E-01	6,25E-01	6,11E-01	6,29E-01	6,00E-01	4,89E-01	6,75E-01	5,75E-01	5,86E-01	5,42E-01	5,75E-01	6,19E-01	6,75E-01	4,89E-01
CLTR1	6,38E-01	5,17E-01	6,17E-01	5,96E-01	5,43E-01	5,96E-01	5,56E-01	5,32E-01	5,25E-01	5,56E-01	5,14E-01	5,33E-01	4,68E-01	5,75E-01	5,75E-01	6,21E-01	5,00E-01	4,75E-01	6,19E-01	5,75E-01	3,83E-01
CLTR2	7,02E-01	5,52E-01	6,38E-01	6,60E-01	5,71E-01	6,17E-01	6,11E-01	5,53E-01	5,75E-01	5,56E-01	6,00E-01	5,67E-01	4,89E-01	6,75E-01	5,75E-01	5,86E-01	5,03E-01	5,25E-01	6,19E-01	6,25E-01	4,47E-01
CLTR3	6,81E-01	5,17E-01	6,60E-01	6,38E-01	6,00E-01	6,38E-01	6,39E-01	5,32E-01	6,00E-01	5,83E-01	6,29E-01	6,00E-01	5,11E-01	7,00E-01	6,00E-01	6,21E-01	6,25E-01	5,50E-01	6,19E-01	6,50E-01	4,68E-01
CLTR4	7,02E-01	6,21E-01	7,23E-01	7,02E-01	6,86E-01	7,02E-01	7,22E-01	5,96E-01	6,75E-01	6,67E-01	6,57E-01	6,00E-01	5,32E-01	7,25E-01	6,25E-01	6,55E-01	6,67E-01	6,25E-01	6,67E-01	7,25E-01	4,89E-01
CLTR5	6,25E-01	5,83E-01	6,67E-01	6,25E-01	5,42E-01	6,67E-01	6,15E-01	5,00E-01	7,50E-01	7,69E-01	6,67E-01	6,94E-01	5,42E-01	7,50E-01	5,83E-01	7,69E-01	7,08E-01	6,67E-01	8,00E-01	7,92E-01	4,17E-01
CLTR6	6,81E-01	5,17E-01	6,17E-01	6,38E-01	5,43E-01	5,96E-01	6,11E-01	5,32E-01	5,50E-01	5,56E-01	5,71E-01	5,33E-01	4,68E-01	6,50E-01	5,50E-01	5,86E-01	5,03E-01	5,00E-01	6,19E-01	6,00E-01	4,26E-01
TRK1	6,17E-01	4,14E-01	5,96E-01	5,74E-01	6,00E-01	5,74E-01	5,88E-01	4,68E-01	5,00E-01	5,83E-01	5,14E-01	5,33E-01	4,89E-01	5,50E-01	5,50E-01	5,86E-01	5,03E-01	4,50E-01	4,76E-01	5,50E-01	3,62E-01
HBRT1	6,11E-01	3,33E-01	6,39E-01	5,56E-01	5,42E-01	6,11E-01	6,11E-01	5,83E-01	4,83E-01	5,56E-01	5,83E-01	5,79E-01	4,44E-01	6,21E-01	5,17E-01	5,86E-01	5,42E-01	4,83E-01	6,19E-01	5,86E-01	4,72E-01
HBRT2	6,50E-01	5,52E-01	6,25E-01	6,25E-01	6,57E-01	6,00E-01	6,21E-01	5,00E-01	6,00E-01	5,86E-01	5,71E-01	5,67E-01	5,50E-01	6,50E-01	6,50E-01	6,90E-01	6,25E-01	5,50E-01	6,19E-01	6,50E-01	4,00E-01
CLTR7	6,81E-01	5,17E-01	7,02E-01	6,38E-01	5,71E-01	6,81E-01	6,67E-01	5,74E-01	6,00E-01	6,11E-01	6,57E-01	6,33E-01	4,68E-01	7,00E-01	5,50E-01	6,55E-01	6,25E-01	5,50E-01	6,67E-01	6,50E-01	5,11E-01
CLTR8	7,02E-01	5,52E-01	7,23E-01	6,60E-01	5,71E-01	7,02E-01	6,67E-01	5,96E-01	6,25E-01	6,11E-01	6,57E-01	6,33E-01	5,32E-01	7,25E-01	6,25E-01	6,55E-01	5,03E-01	5,75E-01	7,14E-01	6,75E-01	5,32E-01
CLTR9	6,17E-01	4,83E-01	5,96E-01	5,74E-01	4,57E-01	5,74E-01	5,28E-01	5,11E-01	5,00E-01	4,72E-01	5,48E-01	5,33E-01	4,04E-01	6,00E-01	5,00E-01	5,17E-01	5,42E-01	4,50E-01	5,71E-01	5,50E-01	4,04E-01
CLTR10	6,60E-01	4,83E-01	5,96E-01	5,74E-01	4,86E-01	5,74E-01	5,28E-01	5,11E-01	5,00E-01	5,28E-01	5,14E-01	5,67E-01	4,47E-01	6,00E-01	5,50E-01	6,55E-01	5,00E-01	4,50E-01	6,19E-01	5,50E-01	4,04E-01
CLTR11	6,67E-01	4,83E-01	5,83E-01	5,28E-01	4,47E-01	5,83E-01	4,40E-01	4,44E-01	5,52E-01	4,80E-01	5,42E-01	7,37E-01	5,00E-01	6,21E-01	5,86E-01	6,11E-01	6,15E-01	4,83E-01	5,00E-01	5,86E-01	4,44E-01
CLTR12	6,60E-01	4,83E-01	6,38E-01	5,74E-01	5,43E-01	6,17E-01	5,56E-01	5,11E-01	5,50E-01	5,56E-01	5,71E-01	6,33E-01	4,89E-01	6,50E-01	6,00E-01	6,90E-01	5,42E-01	5,00E-01	6,19E-01	6,00E-01	4,47E-01
CLTR13	6,60E-01	4,83E-01	6,38E-01	5,74E-01	5,43E-01	6,17E-01	5,56E-01	5,11E-01	5,50E-01	5,56E-01	5,71E-01	6,33E-01	4,89E-01	6,50E-01	6,00E-01	6,90E-01	5,42E-01	5,00E-01	6,19E-01	6,00E-01	4,47E-01

EK-7. Yabani genotipler arasındaki iPBS-SSR Benzerlik indeksi değerleri

	WILD1	WILD2	WILD3	WILD4	WILD5	WILD6	WILD7	WILD8	WILD9	WILD10	WILD11	WILD12	WILD13	WILD14	WILD15	WILD16	WILD17	WILD18	WILD19	WILD20	WILD21
WILD1	1,00E+00																				
WILD2	8,48E-01	1,00E+00																			
WILD3	7,41E-01	7,76E-01	1,00E+00																		
WILD4	7,78E-01	8,21E-01	8,07E-01	1,00E+00																	
WILD5	6,10E-01	6,47E-01	7,71E-01	6,29E-01	1,00E+00																
WILD6	8,12E-01	8,29E-01	8,22E-01	8,00E-01	6,67E-01	1,00E+00															
WILD7	6,93E-01	6,70E-01	7,12E-01	6,47E-01	7,45E-01	7,40E-01	1,00E+00														
WILD8	7,11E-01	7,12E-01	6,78E-01	7,01E-01	6,67E-01	6,77E-01	1,00E+00														
WILD9	7,57E-01	7,76E-01	7,72E-01	8,44E-01	6,46E-01	8,52E-01	7,03E-01	6,62E-01	1,00E+00												
WILD10	7,73E-01	7,72E-01	8,03E-01	7,74E-01	6,17E-01	8,74E-01	6,77E-01	6,60E-01	8,56E-01	1,00E+00											
WILD11	6,80E-01	7,25E-01	7,79E-01	7,37E-01	5,94E-01	7,50E-01	6,49E-01	7,30E-01	7,30E-01	7,66E-01	1,00E+00										
WILD12	5,80E-01	5,76E-01	6,73E-01	6,22E-01	5,83E-01	6,29E-01	5,00E-01	5,58E-01	7,14E-01	6,67E-01	6,36E-01	1,00E+00									
WILD13	6,49E-01	6,38E-01	6,57E-01	6,19E-01	5,86E-01	6,58E-01	6,79E-01	6,12E-01	7,40E-01	6,99E-01	6,55E-01	7,73E-01	1,00E+00								
WILD14	6,94E-01	6,93E-01	7,07E-01	6,40E-01	6,49E-01	6,91E-01	6,14E-01	7,50E-01	6,38E-01	6,19E-01	7,18E-01	5,16E-01	6,06E-01	1,00E+00							
WILD15	6,14E-01	6,00E-01	5,74E-01	5,91E-01	6,57E-01	5,95E-01	5,83E-01	5,52E-01	6,47E-01	6,04E-01	5,57E-01	6,91E-01	7,09E-01	5,65E-01	1,00E+00						
WILD16	5,15E-01	4,47E-01	5,36E-01	4,52E-01	5,21E-01	5,42E-01	5,25E-01	5,67E-01	4,72E-01	5,30E-01	6,31E-01	5,09E-01	5,52E-01	6,60E-01	4,78E-01	1,00E+00					
WILD17	6,06E-01	5,68E-01	6,24E-01	6,05E-01	5,00E-01	5,88E-01	4,88E-01	7,13E-01	6,12E-01	5,85E-01	7,23E-01	5,32E-01	6,05E-01	8,12E-01	4,57E-01	7,34E-01	1,00E+00				
WILD18	6,36E-01	6,33E-01	6,38E-01	6,37E-01	6,22E-01	6,56E-01	6,59E-01	7,64E-01	6,44E-01	6,77E-01	7,60E-01	5,92E-01	6,22E-01	8,12E-01	5,82E-01	6,57E-01	7,55E-01	1,00E+00			
WILD19	6,56E-01	6,98E-01	7,08E-01	6,43E-01	6,97E-01	6,80E-01	6,00E-01	8,13E-01	6,00E-01	6,25E-01	8,00E-01	4,67E-01	6,36E-01	8,91E-01	4,84E-01	7,50E-01	8,64E-01	7,97E-01	1,00E+00		
WILD20	6,24E-01	6,23E-01	6,76E-01	6,70E-01	6,16E-01	6,60E-01	6,09E-01	7,26E-01	6,48E-01	6,42E-01	7,18E-01	5,92E-01	5,76E-01	7,04E-01	5,64E-01	6,70E-01	7,34E-01	7,73E-01	7,66E-01	1,00E+00	
WILD21	5,86E-01	6,86E-01	6,76E-01	6,42E-01	5,82E-01	6,41E-01	6,00E-01	6,69E-01	6,67E-01	6,42E-01	6,52E-01	6,96E-01	6,85E-01	5,83E-01	5,94E-01	5,20E-01	5,74E-01	7,18E-01	6,25E-01	6,32E-01	1,00E+00

EK-8. Kültür genotipler arasındaki iPBS-SSR Benzerlik indeksi değerleri

	SAKZ1	SAKZ2	SAKZ3	SAKZ4	CUTR14	CUTR15	BYRP1	BYRP2	CUTR1	CUTR2	CUTR3	CUTR4	CUTR5	CUTR6	TRKU1	HBRT1	HBRT2	CUTR7	CUTR8	CUTR9	CUTR10	CUTR11	CUTR12	CUTR13
SAKZ1	1,00E+00																							
SAKZ2	1,00E+00	1,00E+00																						
SAKZ3	9,39E-01	9,39E-01	1,00E+00																					
SAKZ4	8,83E-01	8,83E-01	1,00E+00	1,00E+00																				
CUTR14	8,95E-01	8,95E-01	8,39E-01	8,28E-01	1,00E+00																			
CUTR15	8,95E-01	8,95E-01	8,48E-01	8,41E-01	9,34E-01	1,00E+00																		
BYRP1	8,62E-01	8,62E-01	8,48E-01	8,34E-01	8,73E-01	9,28E-01	1,00E+00																	
BYRP2	8,21E-01	8,21E-01	8,51E-01	8,27E-01	8,53E-01	8,88E-01	9,40E-01	1,00E+00																
CUTR1	8,25E-01	8,25E-01	8,34E-01	8,38E-01	8,11E-01	8,11E-01	8,25E-01	8,21E-01	1,00E+00															
CUTR2	8,03E-01	8,03E-01	8,14E-01	8,14E-01	8,16E-01	8,03E-01	8,22E-01	8,51E-01	9,11E-01	1,00E+00														
CUTR3	7,96E-01	7,96E-01	7,95E-01	8,07E-01	8,33E-01	8,22E-01	8,29E-01	8,38E-01	9,53E-01	9,01E-01	1,00E+00													
CUTR4	8,09E-01	8,09E-01	8,13E-01	8,07E-01	8,33E-01	8,09E-01	8,29E-01	8,66E-01	8,39E-01	8,75E-01	9,47E-01	1,00E+00												
CUTR5	7,23E-01	7,23E-01	7,36E-01	7,45E-01	6,81E-01	6,91E-01	7,55E-01	7,77E-01	6,91E-01	7,77E-01	7,02E-01	7,23E-01	1,00E+00											
CUTR6	8,09E-01	8,09E-01	8,23E-01	8,22E-01	8,09E-01	8,16E-01	8,46E-01	8,43E-01	8,39E-01	8,97E-01	9,19E-01	8,97E-01	7,59E-01	1,00E+00										
TRKU1	7,55E-01	7,55E-01	8,06E-01	8,38E-01	7,69E-01	7,97E-01	7,88E-01	8,28E-01	8,04E-01	7,97E-01	8,53E-01	8,25E-01	7,34E-01	8,38E-01	1,00E+00									
HBRT1	7,80E-01	7,80E-01	8,12E-01	8,06E-01	7,80E-01	8,51E-01	8,38E-01	8,62E-01	8,33E-01	7,94E-01	8,16E-01	7,59E-01	7,47E-01	8,32E-01	8,33E-01	1,00E+00								
HBRT2	7,72E-01	7,72E-01	8,40E-01	8,51E-01	7,23E-01	8,07E-01	8,42E-01	8,54E-01	8,38E-01	8,16E-01	8,51E-01	8,25E-01	7,02E-01	8,57E-01	8,86E-01	8,39E-01	1,00E+00							
CUTR7	8,43E-01	8,43E-01	8,20E-01	8,05E-01	8,57E-01	9,14E-01	8,86E-01	8,69E-01	7,94E-01	7,79E-01	8,00E-01	7,86E-01	7,56E-01	8,31E-01	8,24E-01	8,91E-01	8,33E-01	1,00E+00						
CUTR8	8,18E-01	8,18E-01	7,96E-01	7,72E-01	7,83E-01	8,25E-01	8,25E-01	8,13E-01	8,33E-01	7,95E-01	7,83E-01	7,66E-01	8,66E-01	7,91E-01	9,10E-01	8,49E-01	8,78E-01	1,00E+00						
CUTR9	8,42E-01	8,42E-01	8,48E-01	8,21E-01	8,03E-01	7,89E-01	7,70E-01	7,76E-01	8,18E-01	8,23E-01	8,22E-01	8,09E-01	7,77E-01	8,82E-01	8,32E-01	8,16E-01	7,72E-01	8,23E-01	8,53E-01	1,00E+00				
CUTR10	8,42E-01	8,42E-01	8,13E-01	8,07E-01	8,55E-01	8,82E-01	8,49E-01	8,28E-01	8,67E-01	8,03E-01	8,09E-01	7,83E-01	6,60E-01	8,24E-01	7,97E-01	8,30E-01	8,33E-01	8,36E-01	8,53E-01	8,16E-01	1,00E+00			
CUTR11	8,33E-01	8,33E-01	8,46E-01	8,45E-01	8,30E-01	8,58E-01	8,23E-01	8,46E-01	8,48E-01	7,87E-01	8,09E-01	7,66E-01	7,45E-01	8,24E-01	7,88E-01	8,54E-01	8,25E-01	8,76E-01	8,33E-01	8,51E-01	8,65E-01	1,00E+00		
CUTR12	8,62E-01	8,62E-01	8,66E-01	8,55E-01	8,22E-01	8,62E-01	8,49E-01	8,38E-01	8,53E-01	7,70E-01	7,89E-01	7,76E-01	7,45E-01	8,16E-01	8,11E-01	8,72E-01	8,53E-01	8,93E-01	8,46E-01	8,49E-01	8,73E-01	9,57E-01	1,00E+00	
CUTR13	8,68E-01	8,68E-01	8,73E-01	8,62E-01	8,16E-01	8,55E-01	8,36E-01	8,51E-01	8,60E-01	7,76E-01	7,96E-01	7,70E-01	7,55E-01	8,16E-01	8,18E-01	8,79E-01	8,51E-01	9,00E-01	8,53E-01	8,55E-01	8,68E-01	9,65E-01	9,59E-01	1,00E+00

EK-9. Yabani ve kültür genotipler arasındaki iPBS-SSR Benzerlik indeksi değerleri

	WILD1	WILD2	WILD3	WILD4	WILD5	WILD6	WILD7	WILD8	WILD9	WILD10	WILD11	WILD12	WILD13	WILD14	WILD15	WILD16	WILD17	WILD18	WILD19	WILD20	WILD21
SAKZ1	4,93E-01	4,80E-01	5,59E-01	5,28E-01	5,33E-01	5,43E-01	4,65E-01	5,72E-01	5,15E-01	4,96E-01	5,57E-01	5,55E-01	4,63E-01	6,20E-01	5,45E-01	5,75E-01	5,53E-01	5,27E-01	5,94E-01	6,15E-01	4,90E-01
SAKZ2	4,93E-01	4,80E-01	5,59E-01	5,28E-01	5,33E-01	5,43E-01	4,65E-01	5,72E-01	5,15E-01	4,96E-01	5,57E-01	5,55E-01	4,63E-01	6,20E-01	5,45E-01	5,75E-01	5,53E-01	5,27E-01	5,94E-01	6,15E-01	4,90E-01
SAKZ3	5,00E-01	5,15E-01	5,34E-01	4,90E-01	5,00E-01	5,20E-01	4,37E-01	5,71E-01	5,15E-01	4,65E-01	5,83E-01	5,49E-01	4,68E-01	6,67E-01	5,45E-01	5,94E-01	6,13E-01	5,93E-01	6,23E-01	6,67E-01	5,14E-01
SAKZ4	4,97E-01	4,80E-01	5,22E-01	4,89E-01	5,33E-01	5,04E-01	4,38E-01	5,31E-01	5,00E-01	4,85E-01	5,74E-01	5,46E-01	4,57E-01	6,39E-01	5,38E-01	5,97E-01	6,17E-01	5,55E-01	5,78E-01	6,24E-01	4,71E-01
CLTR14	5,07E-01	4,88E-01	5,38E-01	5,42E-01	5,48E-01	5,29E-01	4,49E-01	5,72E-01	5,15E-01	4,96E-01	5,33E-01	5,80E-01	4,70E-01	5,74E-01	5,59E-01	5,45E-01	5,48E-01	5,09E-01	5,33E-01	5,90E-01	5,17E-01
CLTR15	5,07E-01	4,88E-01	5,80E-01	5,35E-01	5,62E-01	5,72E-01	4,65E-01	5,33E-01	5,29E-01	5,25E-01	5,66E-01	5,97E-01	4,85E-01	5,83E-01	5,86E-01	5,30E-01	5,11E-01	5,00E-01	5,16E-01	5,98E-01	4,97E-01
BYRP1	5,53E-01	5,36E-01	5,80E-01	5,42E-01	5,62E-01	5,87E-01	4,80E-01	5,53E-01	5,29E-01	5,46E-01	5,74E-01	5,46E-01	4,78E-01	6,02E-01	5,52E-01	5,32E-01	5,32E-01	5,27E-01	5,94E-01	5,90E-01	4,76E-01
BYRP2	5,60E-01	5,60E-01	5,97E-01	5,79E-01	5,75E-01	5,92E-01	4,95E-01	5,82E-01	5,28E-01	5,53E-01	5,40E-01	5,64E-01	4,78E-01	6,06E-01	5,28E-01	5,26E-01	5,79E-01	5,87E-01	6,55E-01	6,36E-01	4,96E-01
CLTR1	5,45E-01	5,69E-01	5,82E-01	5,63E-01	5,52E-01	5,74E-01	4,92E-01	6,01E-01	5,44E-01	5,53E-01	5,41E-01	5,97E-01	5,22E-01	6,02E-01	5,44E-01	5,44E-01	5,76E-01	5,15E-01	6,18E-01	5,65E-01	5,37E-01
CLTR2	5,46E-01	5,28E-01	5,73E-01	5,42E-01	4,95E-01	5,29E-01	4,65E-01	5,86E-01	5,15E-01	4,96E-01	5,49E-01	5,46E-01	4,93E-01	6,57E-01	4,90E-01	5,15E-01	6,17E-01	5,36E-01	5,78E-01	5,98E-01	4,76E-01
CLTR3	5,39E-01	5,44E-01	5,73E-01	5,63E-01	5,24E-01	5,36E-01	4,72E-01	5,66E-01	5,29E-01	5,18E-01	5,49E-01	5,97E-01	5,15E-01	5,93E-01	5,52E-01	4,93E-01	5,74E-01	5,36E-01	5,63E-01	5,81E-01	5,31E-01
CLTR4	5,39E-01	5,52E-01	5,80E-01	5,56E-01	5,52E-01	5,43E-01	4,96E-01	5,92E-01	5,15E-01	5,32E-01	5,49E-01	5,55E-01	5,07E-01	6,20E-01	5,38E-01	5,37E-01	6,28E-01	5,64E-01	5,78E-01	6,07E-01	5,10E-01
CLTR5	5,32E-01	5,74E-01	5,74E-01	5,32E-01	5,44E-01	5,73E-01	4,64E-01	6,28E-01	5,53E-01	5,30E-01	6,17E-01	5,24E-01	5,11E-01	7,33E-01	5,00E-01	6,27E-01	7,88E-01	6,62E-01	8,39E-01	6,93E-01	5,17E-01
CLTR6	5,37E-01	5,23E-01	5,67E-01	5,63E-01	5,28E-01	5,33E-01	4,32E-01	5,96E-01	5,04E-01	5,20E-01	5,48E-01	5,18E-01	4,65E-01	6,20E-01	5,12E-01	5,00E-01	6,24E-01	5,05E-01	6,55E-01	5,83E-01	4,85E-01
TRKL1	5,17E-01	4,91E-01	5,75E-01	5,48E-01	5,31E-01	5,35E-01	4,83E-01	5,31E-01	4,85E-01	5,53E-01	5,66E-01	4,96E-01	4,85E-01	6,11E-01	5,15E-01	5,44E-01	6,35E-01	5,35E-01	6,18E-01	5,74E-01	4,56E-01
HBRT1	5,18E-01	5,26E-01	5,68E-01	5,34E-01	5,64E-01	5,75E-01	5,04E-01	5,74E-01	5,36E-01	5,46E-01	5,59E-01	5,37E-01	4,72E-01	5,98E-01	5,37E-01	5,07E-01	5,21E-01	5,45E-01	5,63E-01	5,75E-01	5,07E-01
HBRT2	5,61E-01	5,53E-01	5,43E-01	5,47E-01	5,81E-01	5,60E-01	5,28E-01	5,18E-01	5,71E-01	5,63E-01	5,16E-01	4,89E-01	4,69E-01	5,83E-01	5,96E-01	5,34E-01	5,00E-01	5,28E-01	5,00E-01	5,81E-01	4,39E-01
CLTR7	5,64E-01	5,13E-01	6,11E-01	5,53E-01	5,43E-01	6,11E-01	5,13E-01	5,50E-01	5,56E-01	5,89E-01	5,91E-01	5,70E-01	4,94E-01	6,04E-01	5,49E-01	5,41E-01	5,00E-01	5,00E-01	5,19E-01	5,71E-01	4,66E-01
CLTR8	5,52E-01	5,44E-01	6,15E-01	5,70E-01	5,73E-01	5,89E-01	4,58E-01	6,15E-01	5,51E-01	5,53E-01	6,02E-01	5,82E-01	5,00E-01	6,67E-01	5,88E-01	5,20E-01	5,88E-01	5,25E-01	6,41E-01	6,20E-01	4,85E-01
CLTR9	5,07E-01	5,20E-01	5,66E-01	5,35E-01	4,67E-01	5,14E-01	4,41E-01	5,99E-01	5,00E-01	5,04E-01	5,00E-01	5,21E-01	4,63E-01	6,67E-01	4,83E-01	5,60E-01	6,28E-01	5,09E-01	6,41E-01	5,81E-01	4,83E-01
CLTR10	5,33E-01	5,20E-01	5,66E-01	5,42E-01	5,43E-01	5,43E-01	4,41E-01	5,99E-01	5,22E-01	5,18E-01	5,25E-01	5,63E-01	4,85E-01	5,65E-01	5,79E-01	5,15E-01	5,00E-01	4,82E-01	5,47E-01	5,81E-01	4,76E-01
CLTR11	5,18E-01	5,36E-01	5,61E-01	5,34E-01	5,32E-01	5,67E-01	4,40E-01	5,82E-01	5,76E-01	5,62E-01	5,95E-01	6,30E-01	5,20E-01	5,88E-01	5,52E-01	5,37E-01	5,54E-01	5,45E-01	6,04E-01	5,94E-01	5,46E-01
CLTR12	5,76E-01	5,12E-01	5,73E-01	5,21E-01	5,52E-01	5,87E-01	5,12E-01	5,79E-01	5,37E-01	5,60E-01	5,90E-01	5,71E-01	5,15E-01	6,39E-01	5,45E-01	5,75E-01	5,53E-01	5,73E-01	6,25E-01	5,90E-01	5,08E-01
CLTR13	5,33E-01	5,22E-01	5,80E-01	5,28E-01	5,43E-01	5,94E-01	5,04E-01	5,86E-01	5,44E-01	5,67E-01	5,98E-01	5,80E-01	5,07E-01	6,39E-01	5,38E-01	5,67E-01	5,53E-01	5,73E-01	6,25E-01	5,90E-01	5,08E-01

ÖZGEÇMİŞ

SEVAL ŞENÇOPUR

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans 2018 - 2021	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Antalya
Lisans 2014 - 2018	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Bölümü, Antalya