

Araştırma Makalesi
(Research Article)

Ege Üniv. Ziraat Fak. Derg., 2020, 57 (2):185-189
DOI: [10.20289/zfdergi.614237](https://doi.org/10.20289/zfdergi.614237)

Ezgi CESUR^{1a}

Yaşar KARAKURT^{1b*}

Damla GÜVERCİN^{2a}

¹Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojisi Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, 32200, Isparta

²Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 32260, Isparta

^{1a} Orcid No: 0000-0001-9954-8719

^{1b} Orcid No: 0000-0003-3914-0652

^{2a} Orcid No: 0000-0002-6639-3818

*sorumlu yazar: karakurty@hotmail.com

Anahtar Sözcükler:

SSR, *Capsicum*, Polimorfizm, Genetik akrabalık

Keywords:

SSR, *Capsicum*, Polymorphism, Genetic relationship

Biber (*Capsicum annum*L.) Genotiplerinin SSR Markörleri ile Genetik Karakterizasyonu

Molecular Characterization of Pepper (*Capsicum annum* L.) Genotypes Using SSR Markers

Alınış (Received): 02.09.2019

Kabul Tarihi (Accepted): 22.10.2019

ÖZ

Amaç:Biber (*Capsicum annum*L.) genotiplerinin SSR (Simple Sequence Repeats) markörleri ile genetik karakterizasyonu yapılmıştır.

Materyal ve Metot:Çalışmada kullanılan biber çeşitleri Akdeniz Bölgesinde yer alan Antalya ilindeki çeşitli fide şirketlerinden temin edilmiştir. Toplamda 10 çeşit biber fidesi ve 10 SSR primeri ile PCR çalışmaları yürütülmüştür.

Bulgular:SSR markörleri ile yapılan UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) analizleri sonucunda biber çeşitleri 2 ana gruba ayrılmıştır. Birinci ana grup iki alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grupta Vezir, Üçburun, Acıburun, Yükselince, Anadol, Serenad, Hayfa Şili yer almaktadır. İkinci alt grupta ise Jalomex yer almaktadır. İkinci ana grupta Ergenekon ve Kanyon genotipleri yer almaktadır. Vezir- Üçburun ve Yükselince- Anadol çeşitleri benzer gruplar olup incelenen SSR bölgeleri bakımından benzer özellik göstererek birlikte gruplanmıştır. Ergenekon- Kanyon, Serenad- Hayfa Şili kendi aralarında benzerlik gösteren diğer gruptur. En uzak benzerlik Jalomex ve Ergenekon arasında olup, ikinci uzak benzerlik Jalomex- Kanyon arasındadır. Toplam allel sayısının 162, spesifik allel sayısının 60 olduğu ve bant büyüklüğünün ise 164 ile 294 bp arasında değiştiği belirlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0.04 ile 0.89 arasında değişim göstermiştir.

Sonuç:Türkiye'deki biber türlerine ait SSR bulgularımız, bölgede bundan sonraki ıslah çalışmalarında ebeveyn seçiminde bir basamak oluştururken, biber genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında, biber genotiplerinin karakterizasyonunda kullanılabilir.

ABSTRACT

Objective: The objective of this study was to investigate the molecular characterization of pepper (*Capsicum annum* L.) genotypes using SSR markers.

Material and Methods:The pepper seedling varieties used in the study were obtained from various seedling companies of Antalya province in the Mediterranean Region. PCR analyses were carried out with 10 different pepper seedlings and 10 SSR primers in total.

Results: As a result of analysis with SSR markers, pepper varieties were divided into 2 main groups according to UPGMA method. The first main group is divided into two sub-groups. In the first sub-group Vezir, Üçburun, Acıburun, Yükselince, Anadol, Serenad, Hayfa Şili is located. In the second subgroup, Jalomex is located. The second main group is Ergenekon and Kanyon. Vezir-Üçburun and Yükselince- Anadol varieties are similar groups and grouped together with the same characteristics in terms of the regions examined. Ergenekon-Kanyon, Serenad-Hayfa Şili is another branch showing similarity among themselves. The most distant similarity is between Jalomex and Ergenekon, the latter being between the similarity Jalomex-Kanyon. It was determined that the total number of alleles was 162, the number of specific alleles was 60, and the band size ranged from 164 to 294 bp. Polymorphic information content (PIC) ranged from 0.04 to 0.89.

Conclusion:SSR findings of pepper species in Turkey, creating a step in the selection of the next breeding parents to work, to determine the span of pepper genotypes, the comparison of genetic collection, used in the characterization of pepper genotypes.

GİRİŞ

Türkiye, kuzey yarımkürede yer alması, bulunduğu yarımada ve enlem-boylam özellikleri itibarıyla geniş bir bitki örtüsüne ve çok sayıda farklı bitki çeşidine sahiptir. Dünya çapında en çok biber üretiminin yapıldığı ülkeler sırasıyla Çin, Meksika, Türkiye, Endonezya ve Amerika'dır. Biber Türkiye'de oldukça geniş tarım alanlarına sahip olup ülkenin iklimi yetiştiriciliğe oldukça müsait olduğu için tüm bölgelerde üretimi yapılabilmektedir. Ülkemizde biberin çok sayıda çeşitliliği ve geniş üretim alanlarına sahip oluşu, biber gen kaynakları açısından zengin olduğunun en güzel göstergesidir (Özbek, 1947). 2018 yılı itibarıyla toplam biber üretim miktarı 2.554.974 ton olup bunun 1.128.060 tonu kapyra biber, 930.349 tonu sivri biber, 397.175 tonu dolmalık biber ve 99.390 tonu çarliston biberdir (TÜİK, 2019). Biber, Solanaceae ailesinin bir üyesi olup, üyesi olduğu *Capsicum* cinsi çok sayıda tür içermektedir. En yaygın türler, *Capsicum chinense*, *C. frutescens* L., *C. annuum* L., *C. baccatum* L. var. *pendulum* ve *C. pubescens*'dir (Eshbaugh, 1980). Dünyada *Capsicum chinense* ve *Capsicum frutescens* nemli alanlarda yetişirken, *Capsicum baccatum* acı olmasından dolayı sınırlı bölgelerde yetiştirilir. *Capsicum pubescens* türünün tüketimi taze olarak yapılırken deniz seviyesinden yüksek alanlarda üretimi yapılmaktadır (Göçmen, 2006). Biberin onlarca çeşidi bulunduğu gibi kullanım alanı da oldukça geniştir. Özellikle yiyecekleri renklendirmede, tatlandırmada, kozmetik ve alternatif tıp alanında sıkça kullanılmaktadır. Biber, içerdiği besinler bakımından fazlasıyla zengin olmakla beraber içerik olarak da oldukça değerlidir. 100 g yeşil biber 29 kalori olup 1.1g protein, 0.2 g yağ, 92.6 g su, 4.2 g karbonhidrat, 1.4 g selüloz içermektedir. A, B1, B2, C vitaminleri açısından da oldukça zengin olup, K ile P vitaminleri ve alkaloidleri de içermektedir (Vural ve ark., 2000; Günay, 2005).

Nükleik asit temeline dayalı genetik markörlerin genom analizlerinde kullanımı ıslahçılar için sıkça başvurulan ve ihtiyaç duyulan bir alandır. Bu markörler kullanılarak birbirine morfolojik olarak çok yakın olan kültür çeşitleri ayrılabilir ve tanımlanabilir (Yorgancılar ve ark., 2015). Geleneksel bitki ıslahı zaman alıcıdır ve çevresel şartlara bağlıdır. Moleküler ıslah çalışmaları ise klasik ıslaha oranla daha az işgücü ve daha kısa zaman gerektirirken ihtiyaç duyulan populasyon büyüklüğü klasik ıslaha nazaran çok daha küçük olmaktadır (Gupta and Rustgi, 2004, Furan ve Yüce, 2009).

Bitki genetik çeşitlerinin tanımlanması, tohum örnekleri ya da türler arasındaki genetik varyasyonun miktarı ve dağılımının ortaya çıkarılması hedeflenerek yapılmaktadır. Türler arasındaki çeşitlilik, moleküler

seviyede SSR, ISSR, AFLP, SNP ve RAPD teknikleri ile belirlenebilmektedir (Paran et al., 1998; Karakurt and Huber, 2009; Hulse-Kemp et al., 2016; Karataş ve ark., 2017). SSR tekniğinde, ardışık dizi tekrarlarının sayısındaki farklılıklar sayesinde PCR sonucu farklı uzunlukta parça çoğaltımı yapılır. Bu tekrarlar çok yakın tür ve çeşitler arasında dahi tekrarlanan ünitelerin sayısında değişikliğe yol açan mutasyonlar nedeni ile oldukça polimorfiktir (Gupta et al., 1994). Ayrıca kodominant markör vermesi ve PCR kolaylığına sahip olması da kullanım oranını arttırmaktadır (Röder et al., 1995). Bu çalışmada biber (*Capsicum annuum* L.) materyaline ait 10 örnek bitki genotipinin 10 SSR belirteci yardımı ile tür içi genetik yakınlıkları ve farklılıkları, diğer çeşitler ile yakınlık dereceleri ve popülasyona ait DNA kimlik tespiti hedeflenmiştir.

MATERYALVEYÖNTEM

Materyal

Çalışmada ülkemizde yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan, farklı agronomik özelliklere sahip ve yetiştiricilerin verdiği ön bilgilerle oluşturulan seleksiyon kriterleri doğrultusunda seçilen 10 farklı biber çeşidibitkisel materyal olarak kullanılmıştır. İncelenen çeşitlere ait fideler Antalya'da bulunan Yüksel Tohum ve Multi Tohum şirketlerinden ticari olarak temin edilmiştir. Kullanılan 10 biber çeşidi; Ergenekon F1(dolma), Kanyon F1 (çarliston), Vezir F1 (sivri), Acıburun F1 (acı kıl sivri), Üçburun F1 (üçburun), Yükselince F1 (sivri), Jalomex F1 (jalapeno), Anadolu F1 (dolma), SerenadF1 (kapyra), Hayfa Şili F1 (şili)'dir. Bu çalışma, literatür taraması sonucu araştırmalarda kullanılarak başarılı sonuçların alındığı 10 SSR primer çifti ile yürütülmüştür (Çizelge 1).

Yöntem

Biber DNA'sının izolasyonu 50-60 mg genç yaprak materyali kullanılarak CTAB ekstraksiyon protokolü ile gerçekleştirilmiştir (Weising et al., 1991). İlk aşamada yaprak örnekleri sıvı azot kullanılarak porselen havan içinde ezilmiştir. 500 µl DNA izolasyon tampon çözeltisi (1M Tris-HCl pH 8.0, 0.5 M EDTA, 5 M NaCl, 20 g CTAB), 0.8 g PVP, 100 µl β-mercaptoethanol ilave edilmiş ve örnekler bir süre daha tampon çözeltisi içinde ezildikten sonra ependorflara alınmış ve izolasyon işlemi protokole uygun olarak gerçekleştirilmiştir. Son aşamada DNA'nın çözünmesi amacıyla tüplere 50 µl TE buffer (1 M Tris-HCl pH 8.0, 0.5 M EDTA) eklenerek her örneğin kalitesi %1.2'lik agaroz jel elektroforezinde koşturulan standart λ-DNA' larla karşılaştırılarak

Çizelge 1. Biber genotiplerinde kullanılan primer çiftleri**Table 1.** Primary pairs used in pepper genotypes

SSR	Forward (İleri)	Reverse (Geri)
UDO99	AAAAACACAACCCGTGCAAT	AAATTCCTCCAAGCCGATCT
DCA4	TTAACTTTGTGCTTCTCCA	CC AGTGACAAAAGCAAAAG
GAPU59	CCCTGCTTTGGTCTTGCTAA	CAAAGGTGCACCTTTCTCTCG
GAPU103	GCATCGCTCGATTTTATCC	GCATCGCTCGATTTTATCC
GAPU47	GATCAGCTTAGTCTCATATTCTCTC	CCTCGACTGATTTACACACCA
Ch05e03	CGAATATTTTCACTCTGACTGGG	CAAGTTGTTGACTGCTCCGAC
GD147	TCCCGCCATTTCTCTGC	AAACCGCTGCTGCTGAAC
GD15	CGAAAGTGAGCAACGAATCC	CAAGTTGTTGACTGCTCCGAC
RİM019	ATTC AAGACTTA ACTGTGGGC	CAATATGCCATCCACAGAGAAA

belirlenmiştir. DNA konsantrasyonu belirlemek amacıyla spektrofotometrede 260 ile 280 nm dalga boylarında okumalar yapılarak çözeltinin saflığı 260 nm ve 280 nm'de ölçülen absorbans değerleri arasındaki oran (OD260/280) ile değerlendirilmiştir. DNA konsantrasyonu ($\mu\text{g}/\mu\text{L}$) = $\text{OD}260 \times 50 \times \text{SO}/1000$ formülü ile hesaplanmıştır. (OD260: 260 nm'de ölçülen absorbans değeri SO: Sulandırma oranı)

İyi amplifikasyon oluşturmeyen primerler elemine edilerek Çizelge 1'de verilen listede görülen 10 primer ile çalışılmıştır. Çalışmamızda kullandığımız primerler, UDO99, DCA4, GAPU59, GAPU103, GAPU47, Ch05e03, GD147, GD15, RİM019 ve RİM036'dır.

UDO99, DCA4, primer çiftleri için PCR reaksiyonu: PCR reaksiyonu; son hacim 50 μl olacak şekilde 20 ng DNA, 1 μl dNTPs, 4 μl MgCl_2 , 1 μl Taq DNA polimeraz, 2 μl her bir primer, 1 X PCR buffer'dan 5 μl (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH: 8.3, 1.1 mM MgCl_2 , 0.01% gelatin) eklenmiş ve son hacim dH_2O ile tamamlanmıştır.

GAPU59, GAPU103, GAPU47, Ch05e03, GD147, GD15, RİM019, RİM036, primer çiftleri için PCR reaksiyonu: PCR reaksiyonu; son hacim 20 μl olacak şekilde 20 ng DNA, 1 μl dNTPs, 1.2 μl MgCl_2 , 0,5 μl Taq DNA polimeraz, her bir primerden 0.8 μl , 2 μl PCR buffer'dan (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH: 8.3, 1.1 mM MgCl_2 , 0.01% gelatin) oluşmuştur.

SSR primerlerinin tamamı için kullanılan PCR protokolü, 95°C'de 3dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 95°C'de 60 sn, 52°C'de 60 sn, 72°C'de 60 sn ve son olarak 72°C'de 10 dk döngü olarak belirlenmiş ve PCR ürünleri %2.2'lik agaroz jelde 90 voltta yürütülerek Kodak GelLogic 200 sistemi ile görüntülenmiştir (Dirlewanger et al., 2002; Fathi et al., 2008).

Elde edilen jel görüntüleri, bant varlığı durumunda (1), yokluğu durumunda (0) değerleri verilerek skor edilmiştir. Genetik parametreler (her lokusa ait allel sayısı (n), allel frekansı, beklenen heterozigotluk (He), gözlenen heterozigotluk (Ho) miktarı, sessiz allel frekansı (r) ile tespit oranı (Probability of Identity) (PI) IDENTITY 1.0 (Wagner and Sefc, 1999) programı kullanılarak belirlenmiştir. Her bir genotip için oluşturulan SSR verileri NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System, NTSYS-pc versiyon 2.02g, Exeter Software, Setauket, N.Y., USA, (Rohlf, 1993)) programında analiz edilmiştir. Benzerlik indeksleri Dice (1945)'e göre hesaplanmış ve genotipler arasındaki benzerlikler UPGMA metodu kullanılarak elde edilen dendrogramlara göre belirlenmiştir.

ARAŞTIRMA BULGULARI

Çalışmada 10 biber genotipi içerisindeki polimorfizmleri tespit etmek için toplam 10 SSR primeri kullanılmış ve kullanılan markörlerin tümü biber genotiplerinde bant üretmiştir. Çizelge 2'de biber SSR markör kombinasyonlarından açığa çıkan allel sayısı, bant büyüklüğü, gözlenen (Ho) ile beklenen (He) heterozigotluk değerleri, tespit olasılığı (TO) ve polimorfik bilgi içeriği (PBI) oranları verilmiştir. SSR yönetimi kullanılarak yapılan çalışma verilerine göre toplam allel sayısı 162, spesifik allel sayısı 60 olup çalışmada kullanılan primerler 123 ile 442 bç arasında bantlar vermişlerdir. Lokus başına allel sayısı 4-16 arasında olup ortalama 11.6'dır. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek olduğu belirlenirken, Ch05e03, GD147, UDA24 VE CH095 primerlerinde beklenen heterozigotluk (He) gözlenen

heterozigotlukta (Ho) daha düşüktür. En fazla allel sayısı RİM019 primerinde 16 adet olarak belirlenirken, en yüksek beklenen heterozigotluk RİM019 (0.859) primerinde, gözlenen heterozigotluk değeri ise GD147 (0.854) primerinde tespit edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0.04-0.89 arasında değişim göstermiştir. En düşük PBI değeri (0.04) GD15 primerinde tespit edilirken, en yüksek 0.83 oranı ile UDO99 primerinde elde edilmiştir. En düşük tespit olasılığı 0.069 ile GD147 primerinde, en yüksek ise 0.954 ile UDO99 primer çiftinde belirlenmiştir. Dice benzerlik değeri kullanılarak çeşit ve genotiplerin birbirleri ile olan ilişkilerini belirlemek için kümelenme analizi UPGMA metodu kullanılarak NTSYS-pc programı ile yapılmıştır. Ortaya çıkan gruplandırmanın benzerlik değerleri 0.76-0.88 arasında değişim göstermiştir. Biber çeşitleri arasında yapılan grup analizinde iki ana grup ortaya çıkmıştır (Şekil 1). İlk ana grupta Ergenekon ve Kanyon genotipleri yer almakta, ikinci ana grup ise dört alt gruptan oluşmaktadır. İlk alt grupta Vezir, Üçburun, ikinci alt grupta Acıburun, Yükselince, Anadol, üçüncü alt grupta Serenad, Hayfa, dördüncü alt grupta Jalomex yer almıştır. Vezir ve Üçburun ile Yükselince ve Anadol çeşitlerini ayırt edecek polimorfizmler bulunmazken çeşitler kendi aralarında gruplanmıştır. Ergenekon, Kanyon ve Jalomex çeşitleri tek başlarına birer alt grup oluşturmuştur. Sonuçta Serenad ile Hayfa genotipleri arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir. Birbirine en uzak olan genotipler ise Jalomex ve Ergenekon olarak tespit edilmiştir (Şekil 1).

Biber çeşitleri arasında Dice coefficient metodu ile hesaplanan benzerlik katsayısı sonuçları 0.715-0.877 arasında farklılık göstermiştir (Çizelge 3). En düşük benzerlik katsayısı Jalomex ve Kanyon arasında (0.715), en yüksek benzerlik katsayıları ise Anadol ve Yükselince, Hayfa ve Anadol, Üç burun ve Vezir genotipleri arasında (0.877) bulunmuştur.

SONUÇ

Yürütmüş olduğumuz çalışmada biber çeşitlerinin genetik karakterizasyonunu belirlemek amacı ile 10 SSR primeri ile 10 biber çeşidinin moleküler karakterizasyonu yapılmış, genotipler arasındaki ilişki ortaya konulmuştur. Moleküler incelemeye alınan 10 biberin populasyon içi benzerlikleri olmasıyla birlikte

farklılıkları da ortaya konulmuştur. Sürmeli ve ark. (2007)'nin yapmış oldukları çalışmada Sürmeli, Yalova Çarliston, Yalova Yağlık, Yalova Çorbacı, Yalova TatlıSivri, Kandil Dolma çeşitlerini kullanmışlar ve bu çeşitlerde SSR primerleri ile polimorfizm elde edemediklerini bildirmişlerdir. Kullanılan markörlerin etkinliği PBI ve He değerleri ile kantitatif olarak belirlenmiş ve SSR primerlerinin *C. annuum* genotipleri arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesinde etkili olduğu görülmüştür (Mandal et al., 2013). GD15 dışında kullanılan tüm primerlerde He ve PBI değerlerinin 0.4'ten daha büyük olması bu primerlerin etkinliğinin göstergesi olarak kabul edilebilir. PBI değerlerine dayanan primerlerin etkinliği ile ilgili sonuçlarımız Rana et al. (2014) ve Olatunji and Afolayan (2019)'ın yaptıkları *C. annuum* genotiplerinin 0.60 olan PBI değerleri ile örtüşmektedir. En yüksek PBI değeri ise *C. annuum* genotiplerinde ISSR markörleri ile yapılan çalışmada 0.77 olarak belirlenmiştir (Ibarra-Torres et al., 2014).

Aktaş et al. (2009)'nin yürütmüş oldukları çalışmada, Ilıca 256 ve Kandil Dolma çeşitlerinin de bulunduğu Alata Bahçe Kültürlerine ait biber genotiplerinde genetik çeşitliliği belirlemek amacı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmasının sonucunda da genetik çeşitliliğin düşük olduğu tespit edilmiştir. Literatür çalışmalarından elde edilen bu sonuçlar çalışmamızın sonucunu destekler niteliktedir. Lefebvre et al. (2002)'nin yürütmüş oldukları çalışmada, biberde hem tür içi hem de türler arası melzelemeler sonucunda geliştirilen genetik haritalar belirlenmiştir. Türler arası melzelemeler ile *C. annuum* × *C. chinense* (Livingstone et al., 1999; Kang et al., 2001; Lee et al., 2004; Yi et al., 2006) ve *C. annuum* × *C. frutescens* (Chaim et al., 2001; Rao et al., 2003; Wu et al., 2009) genom haritaları oluşturulmuştur.

Çalışmamız verilerine göre biber genotiplerinin yapılarının anlaşılması ve sınıflandırmaların yapılmasında SSR markörlerinin oldukça kullanışlı olduğu sonucuna varılmıştır. Elde edilen sonuçlar, biber genotiplerinin giderek genişleyen çalışma alanlarının belirlenmesinde, genetik kaynakların karşılaştırılmasında, biber genotiplerinin karakterizasyonunda ve gelecekte yapılacak ıslah programlarında ana bireylerin seçiminde kullanılabilme özelliğine sahiptir.

KAYNAKLAR

- Aktas, H., K. Abak and S. Sensoy. 2009. Genetic diversity in some Turkish pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes revealed by AFLP analyses. *African Journal of Biotechnology*, 8(18): 4378-4386.
- Chaim, A.B., I. Paran, R.C. Grube, M. Jahn, R.V. Wijk and J. Peleman. 2001. QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*). *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6-7): 1016-1028.
- Dice, L.R. 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26(3): 297-302.
- Dirlwanger, E., P.Cosson, M. Tavaud, M. Aranzana, C.Poizat, A. Zanetto, P. Arús and F. Laigret. 2002. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.)Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 105(1): 127-138.
- Eshbaugh, W.H. 1980. The taxonomy of the genus *Capsicum* (*Solanaceae*). *Phytologia*, 47(3): 153-165.
- Fathi, A., B. Ghareyazi, A. Haghazari, M.R. Ghaffari, S.M. Pirseyedi, S. Kadkhodaei, M.R. Naghavi and M. Mardi. 2008. Assessment of the genetic diversity of almond (*Prunus dulcis*) using microsatellite markers and morphological traits. *Iranian Journal of Biotechnology*, 6(2): 98-106.
- Furan, M.A. and S. Yüce. 2009. Buğdayda Sarı Pasa Dayanıklı ve Duyarlı Bazı Çeşit ve Hatların SSR Analizleri. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 46 (1): 1-8.
- Göçmen, M. 2006. Biberde *Phytophthora capsici*'ye karşı dayanıklılıkta genotip x izolat interaksyonu ve farklı dayanıklılık kaynaklarının karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 159 s.
- Gupta, M., Y.S. Chyi, J. Romero-Severson and J.L. Owen. 1994. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats. *Theoretical and Applied Genetics*, 89(7-8): 998-1006.
- Gupta, P.K. and S. Rustgi. 2004. Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants. *Functional & Integrative Genomics*, 4(3): 139-162.
- Günay, A. 2005. Sebze Yetiştiriciliği-Cilt 2, Nadir Kitap Yayınları, 502 s.
- Hulse-Kemp, A.M., H. Ashrafi, J. Plieske, J. Lemm, K. Stoffel, T. Hill, H. Luerksen, C.L. Pethiyagoda, C.T. Lawley, M.W. Ganal and A.V. Deynze. 2016. A HapMap leads to a *Capsicum annuum* SNP Infinium array: a new tool for pepper breeding. *Horticulture Research*, 3, 16036.
- Ibarra-Torres, P.E. Valadez-Moctezuma, M. Perez-Grajales, R.Rodríguez-Campos and M.E. Jaramillo-Flores. 2014. Inter- and intraspecific differentiation of *Capsicum annuum* and *Capsicum pubescens* using ISSR and SSR markers. *Scientia Horticulturae*, 181, 137-146.
- Kang, B.C., S.H. Nahm, J.H. Huh, H.S. Yoo, J.W. Yu, M.H. Lee, B.D. Kim. 2001. An interspecific (*Capsicum annuum* × *C. chinese*) F2 linkage map in pepper using RFLP and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(4): 531-539.
- Karakurt, Y. and D.J. Huber. 2009. Purification and partial characterization of xyloglucan-hydrolyzing enzymes from watermelon placental tissue. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 89(4): 645-652.
- Karataş, A., D.T. Büyükdinç, A. İpek, M. Yağcıoğlu, K. Sönmez ve Ş.Ş. Ellialtıoğlu. 2017. Türkiye'de Fasulyede Yapılan Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 10(1): 16-27.
- Lee, J.M., S.H. Nahm, Y.M. Kim, B.D. Kim. 2004. Characterization and molecular genetic mapping of microsatellite loci in pepper. *Theoretical and Applied Genetics*, 108(4): 619-627.
- Lefebvre, V., S. Pflieger, A. Thabuis, C. Caranta, A. Blattes, J.C. Chauvet, A.M. Daubèze, and A. Palloix. 2002. Towards the saturation of the pepper linkage map by alignment of three intraspecific maps including known-function genes. *Genome*, 45(5): 839-854.
- Livingstone, K.D., V.K. Lackney, J.R. Blauth, R.V. Wijk and M.K. Jahn. 1999. Genome Mapping in *Capsicum* and the Evolution of Genome Structure in the Solanaceae. *Genetics*, 152(3): 1183-1202.
- Mandal, A., A.K. Datta, S. Datta and S. Gupta. 2013. Genetic assessment of eight *Corchorus* spp. (Tiliaceae) using RAPD and ISSR markers. *Nucleus*, 56(1), 23-30.
- Olatunji, T.L. and A.J. Afolayan. 2019. Evaluation of genetic relationship among varieties of *Capsicum annuum* L. and *Capsicum frutescens* L. in West Africa using ISSR markers. *Heliyon*, 5, e01700.
- Özbek, S.A. 1947. Türkiye'de Armut Yetiştiriciliği ve Önemli Armut Çeşitlerimiz. Ankara Yüksek Ziraat Enstitüsü Basımevi, Ankara, 95 s.
- Paran, I., E. Aftergoot and C. Shiffriss. 1998. Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers. *Euphytica*, 99(3): 167-173.
- Rao, G.U., A.B. Chaim, Y. Borovsky and I. Paran. 2003. Mapping of yield-related QTLs in pepper in an interspecific cross of *Capsicum annuum* and *C. frutescens*. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(8): 1457-1466.
- Rana, M., R. Sharma and P. Sharma. 2014. Estimation of genetic diversity in *Capsicum annuum* L. germplasm using PCR-based molecular markers. *National Academy Science Letters*, 37(3), 295-301.
- Rohlf, F.J. 1997. NTSYS-PC, Version 1.8. Exeter Software, Setauket, NY.
- Röder, M.S. J. Plaschke, S.U. König, A. Börner, M.E. Sorrells, S.D. Tanksley and M.W. Ganal. 1995. Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Molecular and General Genetics MGG*, 246(3): 327-333.
- Sürmeli, N., G. Beşirli, S. Başay, K. Kaynaş, S. Erdoğan, İ. Sönmez, M.U. Kasım, M. Göçmen. 2007. Yeni bir biber çeşidi "Sürmeli Biberi". *Bahçe*, 36 (1-2): 61 – 75.
- TÜİK. 2019. Biber üretim miktarı. <http://www.tuik.gov.tr/Start.do> . Erişim: Şubat, 2019.
- Vural, H., D. Esiyok ve İ. Duman. 2000. Kültür Sebzeleri (Sebze Yetiştirme), Ege Üniversitesi Basımevi, İzmir, 480 s.
- Wagner H.W and K.M. Sefc. 1999. Identity 1.0. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, Vienna.
- Weising, K., B. Beyermann, J. Ramser, and Kahl, G. 1991. Plant DNA fingerprinting with radioactive and digoxigenated oligonucleotide probes complementary to simple repetitive DNA sequences. *Electrophoresis*, 12(2-3): 159-169.
- Wu, F., N.T. Eannetta, Y. Xu, R. Durrett, M. Mazourek, M.M. Jahn and S.D. Tanksley. 2009. A COSII genetic map of the pepper genome provides a detailed picture of synteny with tomato and new insights into recent chromosome evolution in the genus *Capsicum*. *Theoretical and Applied Genetics*, 118(7): 1279-1293.
- Yi, G., J.M. Lee, S. Lee, D. Choi and B.D. Kim. 2006. Exploitation of pepper EST-SSRs and an SSR-based linkage map. *Theoretical and Applied Genetics*, 114(1): 113-130.
- Yorgancılar, M., E. Yakişirve M. Tanur Erköyüncü. 2015. Moleküler Markörlerin Bitki İslahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2): 1-12.