

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**AKDENİZ SUSAM KOR KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE
POPÜLÂSYON YAPISININ BELİRLENMESİ**

Merve BAŞAK

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2019

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**AKDENİZ SUSAM KOR KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE
POPÜLÂSYON YAPISININ BELİRLENMESİ**

Merve BAŞAK

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2019

ANTALYA

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

**AKDENİZ SUSAM KOR KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE
POPÜLÂSYON YAPISININ BELİRLENMESİ**

**Merve BAŞAK
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS**

**Bu tez Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından FBA-2018-
3018 nolu proje ile desteklenmiştir.**

HAZİRAN 2019

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

AKDENİZ SUSAM KOR KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE
POPÜLASYON YAPISININ BELİRLENMESİ

Merve BAŞAK
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

Bu tez 21/06/2019 tarihinde jüri tarafından Oybirligi / ~~Oyçokluğu~~ ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Engin YOL (Danışman)
Prof. Dr. Bülent UZUN
Prof. Dr. Mevlüt TÜRK



ÖZET

AKDENİZ SUSAM KOR KOLEKSİYONUNDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE POPÜLÂSYON YAPISININ BELİRLENMESİ

Merve BAŞAK

Yüksek Lisans, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Engin YOL

Haziran 2019; 92 Sayfa

Bu tez çalışmasında Asya, Afrika, Avrupa ve Amerika kıtasında yer alan 21 farklı ülkeden toplanan genotiplerin yer aldığı Akdeniz Susam Kor Koleksiyonu yeni nesil dizilime yöntemi ile elde edilen 5292 SNP kullanılarak popülasyon temelinde analiz edilmiştir. Eldeki bu genetik bilgi ile koleksiyona ait genetik çeşitlilik, popülasyon yapısı ve filogenetik ilişkiler değerlendirilmiştir. Popülasyon yapısını belirlemek için STRUCTURE programı kullanılmış, analiz sonucunda dört ayrı kıtadan yer alan genotipler üç ayrı gruba dağıtılmıştır. Moleküler varyans analizi (AMOVA) verileri genetik varyasyonun en fazla popülasyonlar içindeki bireyler arasında (% 68) olduğunu göstermiştir. Alt popülasyonlar arasında genetik mesafe (F_{ST}) 0.084 değeri ile düşük düzeyde farklılaşma göstermiş ayrıca en düşük ikişerli F_{ST} değeri (0.042) Asya ve Amerika gruplarında elde edilmiştir. Filogenetik ağaç TASSEL 5.2.52 programı ile oluşturulmuştur. Popülasyon içindeki ilişkilerin belirlenmesinde temel koordinat analizi (PCoA) kullanılmıştır. Analiz sonucunda farklı ülkelere köken alan genotiplerin yer aldığı dört farklı küme elde edilmiştir. Analizler sonucunda Asya ülkelerine ait genotiplerin tüm gruplarda içinde yer aldığı, ülkemiz ve Yunanistan'ın ise aynı grupta bulunduğu belirlenmiş olup bu durum iki ülke arasındaki muhtemel tohum transferini ortaya koymaktadır. Çalışmada analizler sonucu elde edilen moleküler ve sistematik bulguların ileride yapılacak susam çalışmalarına katkı sağlaması beklenmektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Filogeni, SNP, Susam, Yeni nesil dizileme

JÜRİ: Doç. Dr. Engin YOL

Prof. Dr. Bülent UZUN

Prof. Dr. Mevlüt TÜRK

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY and POPULATION STRUCTURE of MEDITERRANEAN SESAME CORE COLLECTION

Merve BAŞAK

MSc Thesis in Department of Field Crops

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Engin YOL

June 2019; 92 pages

In this thesis, The Mediterranean sesame core collection which contains accessions collected from 21 countries in Asia, Africa, Europe and America was analyzed on the basis of population with 5292 SNP markers obtained by next generation sequencing method. This genetic information was used to evaluate genetic diversity, population structure and phylogenetic relations of the collection. The STRUCTURE program determined population structure and the accessions from four continentals were distributed three separate groups. Molecular variance analysis (AMOVA) data showed that genetic variation was the highest among individuals (68%). A low level of differentiation was observed between subpopulations with a genetic distance (FST) of 0.084 and the lowest FST value was obtained in the Asian and American groups. The phylogenetic tree was created by TASSEL 5.2.52 program. Principal coordinate analysis (PCoA) was used to determine the relations of accessions. As a result of the analysis, four different groups originating from different countries were acquired. The accessions from Asian countries included in all groups. Turkey and Greece were also part of same group and it might be sourced of seed transferring between these countries. Molecular and systematic findings obtained in this study will be helpful in future sesame studies.

KEYWORDS: Next generation sequencing Phylogeny, Sesame, SNP

COMMITTEE: Assoc. Prof. Engin YOL

Prof. Dr. Bülent UZUN

Prof. Dr. Mevlüt TÜRK

ÖNSÖZ

Susam içerdiği antioksidanlar ve yüksek yağ kalitesi ile önemli bir yağlı tohum bitkisidir. Tohumları ve yağı direk kullanılabilir olmasının yanı sıra ülkemizde farklı gıda maddeleri yapımında da kullanılmaktadır. Ancak ekim alanları ve tohum üretimi her geçen yıl azalış göstermektedir. Kapsüllerin çatlamasından dolayı hasatta yaşanan verim kayıpları ve hastalıklara dayanıklı çeşitlerin bulunmaması üretimin azalış sebepleridir. Verim kayıplarını önlemek ve hastalıklara dayanıklı çeşitler geliştirmek başlıca çözüm yollarıdır. Buradan yola çıkarak Yol ve Uzun (2012) tarafından oluşturulan yüksek verimli, yüksek yağ içeriği ve erkenci susam çeşitlerini bulunan Akdeniz Susam Kor Koleksiyonunda ileride yapılacak ıslah çalışmalarına yeni ebeveynleri kazandırmak amacıyla, yeni nesil dizilim yöntemi kullanılarak tek nükleotid değişiklikleri tespit edilmiş ve moleküler analizler sonrası koleksiyonun genetik çeşitliliği belirlenmiştir.

Yüksek lisans eğitim hayatımda hedeflerimde ilerlememde bana yol gösteren, tez çalışmamın her aşamasında yardımı ve desteğini esirgemeyen danışman hocam Sayın Doç. Dr. Engin YOL'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmada yapılan analizlerde yardımlarını esirgemeyen fakültemizin Bitki Koruma Bölümünden Sayın Dr. Öğr. Üye. Cengiz İKTEN ve Arş. Gör. Hilal Şule TOSUN ile Zootekni bölümünden Sayın Dr. Öğr. Üye. Taki KARSLI'ya teşekkür ederim.

Ayrıca çalışma süresince desteğini her zaman hissettiğim, sürekli yanımda olan arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Son olarak da eğitim hayatım boyunca maddi manevi tüm destekleri sağlayan ve her zaman beni destekleyen anneme, babama, amcam Özcan BAŞAK'a ve çalışması aşamasında yardımcı olan kardeşim Hilal BAŞAK sonsuz teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

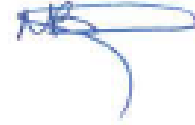
ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ	iii
AKADEMİK BEYAN	v
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. Susamda Yapılan Genetik Çeşitlilik Çalışmaları	4
2.2. Yeni Nesil Dizileme Tekniklerinden Elde Edilen SNP Verisi Kullanılarak Yürütülen Genetik Çeşitlilik Çalışmaları	7
3. MATERYAL VE METOT	10
3.1. Materyal.....	10
3.1.1. Genetik materyal.....	10
3.2. Metot	13
3.2.1. DNA izolasyonu	13
3.2.2. Yeni nesil dizileme	14
3.2.3. Popülasyon yapısı belirleme ve veri analizleri	17
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	19
4.1. İkişerli F_{ST} Değerleri.....	19
4.2. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)	20
4.3. Popülasyon Yapısı Belirlenmesi	20
4.4. Temel Koordinat Analizi (PCoA)	24
5. SONUÇLAR	26
6. KAYNAKLAR	27
7. EKLER.....	33
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum "Akdeniz susam kor koleksiyonunda genetik çeşitliliğin ve popülasyon yapısının belirlenmesi" adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

21/06/2019

Merve BAŞAK



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

cm : Santimetre

°C : Santigrat derece

g : Gram

ha : Hektar

HCl : Hidroklorik asit

K : Popülasyon sayısı

Kb : Kilobaz

M : Molar

Mb : Megabaz

ml : Mililitre

mM : Milimolar

NaCl : Sodyum Klorür

P : Önemlilik düzeyi

r : Korelasyon sayısı

r^2 : Korelasyon katayısı

rpm : Dakikadaki devir sayısı

μ l : Mikrolitre

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

Kısaltmalar

AFLP	: Amplified Fragment Length Polimorphism - ođaltılmıř Para Uzunluk Polimorfizmi
AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
CTAP	: Cetyl Trimethylammonium Bromide
DP	: Primer Ayırma Gc
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetat
F _{ST}	: Genetik Mesafe
FAO	: Food and Agriculture Organization of the United Nations – Dnya Tarım rgt
GBS	: Genotyping By Sequencing
IPGRI	: Internatioal Plant Genetic Resources Institute-Uluslararası Bitki Genetik Kaynakları Enstits
ISSR	: Inter-Simple Sequence Repeat- Kısa Dizi Tekrarı Arası
MI	: Marker İndeksi
PCoA	: Ana komponent Analizi
PIC	: Polimorfizm Bilgi İeriđi
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA- Rastgele ođaltılmıř DNA Farklılıđı
RIL	: Rekombinant Kendilenmiř Hat
R _p	: özme Gc
QTL	: Kantitatif zellik Lokusu
SCAR	: Belirlenmiř ve ođaltılmıř Polimorfik Diziler
SNP	: Single Nucleotide Polymorphisms - Tek Nkleotit Polimorfizmi
SSR	: Simple Sequence Repeats - Basit Dizi Tekrarı
STS	: Sekans Etiketli Blgeler

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3. 1. Tez çalışması kapsamında viyollerde yetiştirilen susam bitkisi resimleri	12
Şekil 4. 1. Susam genotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren filogenetik ağaç	21
Şekil 4. 2. En iyi K değeri belirlenmesi için kullanılan ad hoc istatistiği sonucu	23
Şekil 4. 3. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen verilere sonuçları dağılımları (1.grup; kırmızı, 2.grup; yeşil, 3.grup; mavi renk ile temsil edilmiştir)	23
Şekil 4. 4. Temel koordinat analizi (PCoA) sonucu genotiplerin birbirinden ayrılması	25
Şekil 4. 5. Temel koordinat analizi (PCoA) genotip isimlerine göre dağılış şeması	25

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3. 1. Çalışma kapsamında kullanılan genotipler ve orijinleri	10
Çizelge 3. 2. Yeni nesil dizileme verileri; filtre öncesi-filtre sonrası okuma değerleri.....	14
Çizelge 4. 1. Popülasyonlar arasında tahmin edilen ikişerli F_{ST} değerleri.....	19
Çizelge 4. 2. Susam genotiplerinin moleküler varyans analizi (AMOVA)	20
Çizelge 4. 3. PC koordinatı yüzdesel değerleri.....	24

1. GİRİŞ

Pedaliaceae familyasında 16 cins yer almaktadır. *Sesamum* bu cinslerden biri olup bünyesinde yer alan *Sesamum indicum* L. (2n=26) türü cinsin kültürü yapılan tek üyesidir (Kobayashi 1981). Kültür susamının bugün dünya üzerinde daha çok tropikal ve sıcak kuşağa yayılmış yaklaşık 3000 varyete ve ekotipi bulunmaktadır (Baydar vd. 2000). Susam bitkisinin 17 türünün Afrika'da bulunmasından dolayı orijininin bu bölge olabileceği ifade edilmekle birlikte Hindistan'da elde edilen diğer bulgular susamın gen merkezinin bu bölge olabileceği fikrini de ortaya çıkarmıştır (Bedigian 2003). Susamın ayrıca Anadolu ve Mezopotamya (şimdiki Irak) için de antik bir bitki olduğu bildirilmektedir (Bedigian 2003). Susam; Sudan, Hindistan, Myanmar ve Çin başta olmak üzere dünyanın tropik ve subtropik iklim kuşaklarına (40°K - 40°G) (Ashri 2007) sahip birçok yerinde kültürü yapılan tarihte en eski yağlı tohumlu bitkilerden biri olarak bilinen tek yıllık bir bitkidir.

Dünya üzerinde susam ekim alanı yaklaşık 9.4 milyon ha olup sırasıyla yaklaşık 2 milyon ha ile Sudan, 1.8 milyon ha ile Hindistan ve 1.5 milyon ha ile Myanmar en geniş alanlarda üretim yapan ülkelerdir. Dünyada en fazla üretime sahip ülkeler ise 764320 ton ile Myanmar ilk sırada, 751000 ton ile Hindistan ikinci sırada, 500000 ton ile üçüncü sırada Sudan ve Nijerya yer almaktadır (FAO 2017). Türkiye'de yaklaşık 25985 ha alanda susam ekimi yapılmaktadır. İl bazında bakıldığında sırasıyla yaklaşık olarak 6452 ha ile Manisa, 4892 ha ile Antalya, 3845 ha ile Uşak, 2996 ha ile Muğla en fazla susam ekim alanına sahip bölgelerdir (TUİK 2018). Ülkemiz toplam üretimi ise 17437 tondur. Ülkemizde en fazla susam tohumu üretilen başlıca iller; 3443 ton ile Manisa 1.sırada, 3426 ton ile Antalya 2.sırada, 3115 ton ile Muğla 3.sırada ve 2440 ton ile Uşak 4.sırada yer almaktadır (TUİK 2018). Türkiye, Nijerya, Pakistan, Hindistan, Uganda, Etiyopya ve birçok Afrika ülkesi başta olmak üzere toplam 27 ülkeden susam ithalatı gerçekleştirmektedir. Afrika'nın geleneksel susam üreticileri ve birkaç Asya ülkesi ile sınırlı kalan susam ithalatı 2011 yılı itibariyle Paraguay'dan Özbekistan'a, Bangladeş'ten Meksika'ya kadar çok geniş bir alanı kapsamış bulunmaktadır (Şahin 2014).

Susam 90-120 günlük gelişme periyoduna sahip ve 40 cm'den 2 metreye kadar boylanabilen, güçlü köke, aşağıdan yukarıya doğru dik şekilde boylanan tüylü gövd.e yapısına sahip önemli bir yağ bitkisidir. Susam çatlayan kapsül yapısına sahip olmakla birlikte kapalı kapsüllü düşük verimli mutant tiplerde bulunmaktadır. Ancak bu susam tipleri sürdürülebilir tarım için uygun değildir. Olgunlaşma süresinin kısa olması, toprak seçiciliğinin az olması, kuraklığa dayanıklılık karakterine sahip olması sebebiyle önemli bir bitkidir. Dünyada ve Türkiye'de farklı çevre koşullarına uyum sağlamış, fazla miktarda susam varyeteleri ve ekotipleri var olmaktadır. Mevcut olan bu varyete ve ekotipler çok sayıda genotipin bir araya gelerek oluşturduğu popülasyonlar halinde bulunurlar. Bu popülasyonlardan tek ve toplu bitki seleksiyonuna dayalı ıslah çalışmaları ile üstün özellikli susam çeşitleri günümüze kadar geliştirilmiş ve geliştirilmeye devam edilmektedir. Lokal germplasm havuzları içinden üreticiler tarafından bilinçli veya bilinçsiz olarak yapılan seleksiyonlar bugün halen ticari olarak üretilen pek çok susam varyetesinin ortaya çıkmasına olanak sağlamıştır (Ashri 1989). Susam, bilinen en eski yağ bitkisi olmasına rağmen diğer kültürü yapılan bitkilere göre daha az çalışılmıştır. Dünyada susamda yapılan ıslah çalışmaları sınırlı sayıdadır ve

ülkemizde bu oran daha da kısıtlıdır. Islahı yapılmış bitkiler elde edilmesine karşın genelde adaptasyon gücü yüksek yerel çeşitler tercih edilmiştir (Baydar vd. 1999).

Susam tohumlarında yaklaşık %50-60 yağ ve %25 protein bulundurmakta olup çok eskiden beri insanlar tarafından farklı şekillerde kullanılan değerli bir yağ bitkisidir. Hatta bazı tiplerde yağ oranı % 62.7'ye kadar çıkabilmektedir (Uzun vd. 2007, 2008). Susam yağı, yüksek kalitedeki bitkisel yağlardandır. Susam yağı yemeklik olarak direkt sıvı halde kullanılmasının yanında margarin veya farklı merhem ve kremlerin yapımında da kullanılmaktadır. İkinci ve üçüncü preslemeden sonra alınan yağ, sabun yapımında kullanılmaktadır. Ayrıca yaygın olarak simit, kek, çörek, pasta gibi hamur işlerinde veya şekerleme yapılarak doğrudan tohumları tüketilmektedir. Susam tohumları kavrulup kabuğu alındıktan sonra ezilerek tahin yapılır. Tohumların yağı alındıktan sonra geriye kalan kısmı ise küspedir. Küspe değerli bir hayvan yemi olmakla beraber bazı ülkelerde ekmeğe de karıştırılmaktadır (Atakişi 1999). Susam yağında diğer bitkisel yağlardan farklı olarak her birinin oranı yaklaşık % 35-45 arasında değişen oleik ve linoleik asitler mevcuttur. Susam yapısında sesamin, sesamol, sesamolin ve sesaminol antioksidanlarını içermektedir (Yoshida ve Takagi 1997). İçerdiği sesamin (% 0.5-1.5) ve sesamolin (% 0.3-0.5) gibi ikincil maddeler sebebiyle susam yağı oksitlenmeye karşı son derece dirençlidir (Baydar 2005). Ayrıca yüksek oranda protein içeren phenylpropanoidi de yapısında bulundurmaktadır. Aynı zamanda susam, yapısında triptofan, kalsiyum, metiyonin ve çok sayıda mineral madde içermektedir (Johnson vd. 1979). Susam tohumlarının veya ununun tüketimi ile insan ve farelerde kolesterol seviyesinin azalması ilişkili bulunmuştur (Chen vd. 2005). Ek olarak, susam tüketilmesi ile kan plazmasında E vitamini konsantrasyonunda artış ilişkisi gözlenmiş (Frank 2005) ve antimutajenik (Kaur ve Saini 2000) ve antikanserojen (Kapadia vd. 2002) etkilerinin olduğu bildirilmiştir. Antioksidan olan sesamolinin ise kan kanseri hücrelerinin gelişimini engellediği ortaya konmuştur (Ryu vd. 2003). Susamın insan ve bitki patojenlerine karşı da koruyucu etkilere sahip olduğu bilinmektedir (Costa vd. 2007). Susam bitkisinin farklı kısımlarından çıkarılan özütlerin *Macrophomina phaseolina* ve *Fusarium oxysporum* gibi toprak kökenli fungal patojenlerin gelişimini engellediği gözlenmiştir (Hernan ve Laurentin 2007). Sorgum ile münavebeli yetiştirildiğinde ise susamın *Striga* türü gibi bazı kök parazitlerine karşı da etkili olduğu bulunmuştur (Hess ve Dodo 2004). Susam içerisinde bulunan bileşikler sayesinde bitki korunmasında yeni uygulamalarda yarar sağlaması ile tarımsal alana ve insan sağlığına faydalı etkileri olduğu görülmektedir. İçerdiği antioksidanlar ve diğer maddeler susamın antiseptik, bakterisit, virüsit, dezenfektan ve tuberkular ajan olarak kullanılmasına olanak sağlamıştır (Bedigian vd. 1985). Ek olarak susamla beslenme cinsiyet hormonları, antioksidan durumları ve postmenopozal dönemdeki kadınların kan yağ oranları üzerinde pozitif bir etki yaptığı ifade edilmiştir (Wu vd. 2006).

Ülkemizdeki susam ekim alanları ve elde edilen ürün yıldan yıla azalış göstermektedir. 2004 yılında 43 bin ha olan susam ekim alanları günümüzde 28 bin ha kadar gerileme göstermiştir. Ekim alanlarındaki azalışın başlıca sebepleri; kapsüllerin çatlaması sebebiyle hasatta meydana gelen büyük verim kayıpları, susam bitkisi hasadının el ile yapılması, tüm bitkilerde aynı anda hasada gelmeme sorunu ve yüksek verimli çeşitlerin azlığı gösterilebilir. Ayrıca ülkemizde kullanılan genotiplerin birçok hastalık etmenine karşı dayanıklılığının yetersiz olması ve özellikle son yıllarda susam üretiminin keskin bir şekilde azalmasına sebebiyet veren phyllody hastalığının

yaygınlaşması düşük verimin en önemli nedenlerinden biri olarak gözükmektedir (Yol 2011). Ancak bu olumsuz sonuçlar susam bitkisinin genetik verimliliğinin düşük olduğu anlamına gelmemektedir. Susam bitkisindeki olumsuzlukları ortadan kaldırabilmek için yüksek verimli ve önemli hastalıklara dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi ise başlıca çözüm yolu olarak gözükmektedir. Üretimin artırılması adına izlenecek önemli yollardan biri ise geniş koleksiyonların karakterize edilmesi ve yeni hatların seçilerek ıslah programlarına kazandırılmasıdır. Bu kapsamda dünya susam koleksiyonu Yol ve Uzun (2012) tarafından karakterize edilmiş ve bir kor koleksiyon oluşturulmuştur. İçerisinde yüksek verimli, yüksek yağ oranına sahip ve erkenci birçok tipi barındıran bu koleksiyon henüz moleküler olarak karakterize edilmemiştir. Bu noktadan yola çıkarak yapılan bu çalışma ile Akdeniz Susam Kor Koleksiyonunun yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak SNP temelli karakterize edilmesi ve genetik çeşitliliğin belirlenmesi amaçlanmıştır. Böylece yeni ebeveynlerin ıslah programlarına kazandırılması hedeflenmiştir.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Susamda Yapılan Genetik Çeşitlilik Çalışmaları

Laurentin ve Karlovsky (2006) ele aldıkları çalışmada beş farklı bölgeden köken alan (Hindistan, Afrika, Çin-Kore-Japonya, Orta Asya ve Batı Asya) genotiplerin yer aldığı susam koleksiyonunu AFLP marker kullanarak karakterize etmişlerdir. Araştırmacılar yürüttükleri moleküler çalışmada koleksiyonu karakterize etmede kullandıkları AFLP markerlerin % 93'ünün polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Jaccard benzerlik katsayısı aksesyonlar arasında 0.38 ile 0.85 arasında değişmiştir. UPGMA dendrogramı 32 genotipten 25'inin iki güçlü kümede toplandığı ancak genotip ile coğrafi köken arasında bir ilişki olmadığı ifade edilmiştir. Temel bileşen analizinde elde edilen sonuçlar ise filogeni çalışması ile benzerlik göstermiştir. Coğrafi kökene göre beş gruba göz önünde bulunduran genetik çeşitlilik çalışmaları, toplam çeşitliliğin sadece %20'sinin Nei'nin popülasyon farklılaşma katsayısını kullanan gruplar arasındaki çeşitliliğe bağlı olduğunu tespit edilmiştir. Benzer şekilde, toplam çeşitliliğin sadece %5'i moleküler varyans analizi (AMOVA) ile gruplar arasındaki farklılıklara bağlı bulunmuştur. Bu küçük ama önemli fark, Orta Asya grubunda yer alan genotiplerin diğer gen merkezlerine kıyasla daha düşük bir genetik çeşitlilik göstermesi ile açıklanmıştır.

Laurentin ve Karlovsky (2007) tarafından yapılan araştırmada AFLP markerü 20 susam genotipini (*Sesamum indicum* L.) ayırt etmek ve bu genotipler arasındaki genetik ilişkiyi belirlemek için kullanılmıştır. Yapılan çalışmada 8 primer kombinasyonu kullanılarak toplam 339 marker elde edilmiştir. Bantların %91'i polimorfik olarak tespit edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PIC), çözme gücü (Rp) ve her bir primer kombinasyonunun marker indeksi (MI), çözülen genotip sayısı ile karşılaştırıldığında anlamlı bir ilişki bulunamamıştır. Jaccard'ın benzerlik katsayıları 0.31 ile 0.78 arasında değişmiştir. On beş çeşit 0.70'ten büyük bootstrap değerleri ile desteklenen dört UPGMA kümesi ile gruplandırılmıştır. Gruplandırma paterni, temel koordinat analizi ile oluşturulan gruplamaya benzemiştir. Sonuçlar, AFLP bazlı parmak izlerinin, çeşitlerin tanımlanmasında ve üreme stoklarının genetik değişkenliğinin değerlendirilmesinde ihtiyaç duyulan net olmayan susam genotiplerini tanımlamak için kullanılabilirliğini göstermiştir. PIC, Rp ve MI yerine primer kombinasyonu ile tanımlanan çeşitlerin kullanılmasını tavsiye edilmiştir.

Sharma vd. (2009)'da 16 susam genotipinin karakterizasyonu için RAPD ve ISSR markerleri kullanmışlardır. Net ve tekrarlanabilir bantlama desenleri üreten 26 RAPD ve 17 ISSR primerleri ile sırasıyla 16 susam genotipi arasında 194 ve 163 bant elde edilmiştir. Hem RAPD hem de ISSR primerleri maksimum ayırma gücü göstermiş ve tüm susam genotiplerinin tanımlanması için ayrı ayrı kullanılabilen bantlar üretilmiştir. Bununla birlikte, genotiplerin ayırt edilmesinde sadece AG ve CA bazlı ISSR primerleri etkili bulunmuştur. RAPD ve ISSR primerleri tarafından üretilen matrisler arasında genomun farklı bölgelerinin dizilimi nedeniyle olabilecek zayıf bir korelasyon gözlenmiştir. Ayrıca susam genotipleri (RAPD için 0,78 ve ISSR için 0,71) arasında daha fazla benzerlik olsa da, gözlenen genetik çeşitlilik (RAPD için 0,22 ve ISSR için 0,29), susam genotiplerinin karakterizasyonu için etkili bulunmuştur. RAPD ve ISSR markerlerinin sağlam çeşitlilik gösteren spesifik markerler geliştirmek için SCAR / STS markerlerine özgü kodominant tipe dönüştürülebileceği önerilmiştir.

Cho vd. (2010) tarafından yapılan arařtımda 16 polimorfik mikrosatellit (SSR) markerü 22 ÷lkeden toplanan 150 susam arasında genetik çeřitlilięi, filogenetik iliřkileri ve pop÷lasyon yapısını deęerlendirmek için kullanılmıřtır. Susam bitkileri arasında toplam 121 alel tespit edilmiřtir. alel sayısı, lokus bařına ortalama 7.6 alel olarak elde edilirken en y÷ksek ve d÷řük olarak 2-18 deęerleri sırasıyla elde edilmiřtir. Polimorfizm bilgi ierięi deęerleri, ortalama 0.42 ile 0.03 ile 0.79 arasında deęiřmiřtir. Bu deęerler, 16 lokustaki fazla heterozigot bireyleri ve üç lokustadaki fazla homozigot bireyleri g÷stermiřtir. 32 genotip-spesifik alel, 16 polimorfik SSR markerünün 11'inde tanımlanmıřtır. KSSR'lerin ortaya koyduęu genetik benzerlikteki geniř çeřitlilik, DNA d÷zeyinde y÷ksek bir polimorfizm seviyesini yansıtmıřtır. Model tabanlı yapı analizi, genetik mesafeye dayalı kümeleme sonularıyla temelde tutarlı olan üç grubun varlıęını ortaya koymuřtur. Yapılan alıřma sonucu olarak elde edilen molek÷ler bulgular susam ıřlahında bu verilerin ıřlah etkinlięini arttırmak için kullanılabilceęini g÷stermiřtir.

Pham vd. (2010) tarafından ele alınan alıřmada susamda (*Sesamum indicum* L.) genetik çeřitlilięinin agro-morfolojik ve molek÷ler markerler kullanarak karřılařtırılmal olarak analiz edilmesi hedeflenmiřtir. alıřmada Kamboya ve Vietnam'daki üç bölgeden toplanan on iki susam pop÷lasyonu kullanılmıřtır. 12 susam pop÷lasyonu agro-morfolojik ve RAPD markerler ile y÷ksek bir genetik varyasyon g÷stermiřtir. Pop÷lasyonlar arasında agro-morfolojik özellik esaslı ortalama taksonomik mesafe (0.02-0.47), RAPD bazlı genetik uzaklıktan (0.06-0.27) daha geniř olduęu tespit edilmiřtir. Agro morfolojik belirteleri (0.23) ve RAPD belirteleri (0.22) ile ortaya ıkan ortalama mesafe benzer bulunmuřtur. YYEP'e dayalı analiz, Güney Vietnam'daki pop÷lasyonlarda dięer iki bölgeye göre nispeten daha y÷ksek bir genetik çeřitlilik ortaya ıkmıřtır. Pop÷lasyonlar arasındaki genetik mesafenin tahmininde agro morfolojik ve RAPD belirteleri arasında anlamlı derecede pozitif bir korelasyon bulunmuřtur. Her iki yöntemde, hem Vietnam hem de Kamboya kökenli pop÷lasyonlarda önemli miktarda genetik çeřitlilięin varlıęını ortaya koymuřtur.

Surapaneni vd. (2013) Hint susam çeřitlerinin ve ilgili yabani türlerin genetik karakterizasyonunu SSR markerleri kullanarak analiz etmiřlerdir. SSR primerinin kullanıldıęı üç ilgili yabani türün karakterizasyonu 170 alelin saptanmasıyla sonulanmıřtır. Alellerin sayısı, lokus bařına ortalama 2.5 alel olarak elde edilirken minimum-maksimum sayılar 2 ile 4 arasında deęiřmiřtir. UPGMA kümeleme analizi, tüm çeřitleri 0.40 ile 0.91 arasında deęiřen genetik bir benzerlięe sahip iki ana kümede gruplandırmıřtır. Orta ile y÷ksek düzeyde bir genetik deęiřkenlik gözlenmiřtir. alıřmada kullanılan üç yabani aksesyon ayrı bölümler oluřturmuř ve çeřitler ile yabani türler arasında uzak genetik iliřkiler gözlemlenmiřtir. Yapılan arařtımda coęrafi bölgelere göre genotiplerin farklılařması gözlenmemiřtir. Molek÷ler varyans analizi (AMOVA), pop÷lasyonlarda (% 87.1) y÷ksek bir varyasyon yüzdesinin olduęunu g÷stermiřtir. alıřmada elde edilen sonuların gen haritalama ve gelecekteki ıřlah programlarında ebeveyn seęimi kullanılabilceęi ayrıca ifade edilmiřtir.

Park vd. (2013) tarafından yapılan alıřmanın amacı dört kıtada yer alan 15 ÷lkeden toplanan 277 susam genotipinde genetik çeřitlilięi, filogenetik iliřkileri ve pop÷lasyon yapısını deęerlendirmektir. Yürüt÷len analizler sonrası susam genotipleri arasında toplam 158 alel tespit edilmiř olup, lokus bařına alel sayısı 3 ile 25 arasında deęiřiklik g÷stermiřtir. Polimorfik bilgi ierięi deęerleri ise 0.34 ile 0.84 arasında deęiřmekte birlikte deęer 0.568 olarak elde edilmiřtir. alıřmada ayrıca ekirdek

koleksiyon oluşturulmuş ve tüm koleksiyonun yapılan analizler sonrası UPGMA dendrogramında dört güçlü küme oluşturulmuş ancak coğrafi olarak açık bir gruplanma gözlenmemiştir. Model tabanlı yürütülen çalışmada ise coğrafi olarak birbirinden uzak olan bazı aksesyonlar aynı kümede gruplandırılmıştır.

Singh vd. (2015) Hindistan'ın farklı bölgelerinden toplanmış ticari olarak yetiştirilen 44 susam genotipi arasındaki genetik varyasyonu incelemek adına üç tip moleküler marker (RAPD, ISSR ve SSR) kullanmışlardır. Bu çalışmada hem RAPD hem de ISSR belirteçlerinde yüksek düzeyde polimorfizm tespit edilmiştir. PIC değerleri sırasıyla 0.130 ve 0.675 olarak bulunmuştur. RAPD analizlerinde 279 banttan 120'si (% 43.01), ISSR analizlerinde 183 banttan 164'ü (% 89.61) polimorfik olarak belirlenirken ve 12 SSR primerinde 41 farklı bant üretilmiştir. Her iki genetik benzerlik veri kümesi arasında zayıf bir korelasyon ($r = 0.107$) bulunmuştur. 44 susam genotipinin tamamının RAPD, ISSR ve SSR belirteçleri ile ayırt edilebileceği çalışmada ortaya konmuştur. Çalışma sonucunda ticari olarak yetiştirilen 44 susam aksesyonu arasında genetik değişkenliğin varlığı ve nitel ve nicel özelliklerin, Hindistan'daki susam ıslah programlarının yürütülmesine katkı yapacağı ifade edilmiştir.

Pandey vd. (2015) gerçekleştirdikleri araştırmada 60 susam genotipinin hem kantitatif hem de kalitatif özelliklerini tanımlamışlardır. Çeşitleri farklı gruplara ayırmak için çok değişkenli analiz hesaplamaları yapılmıştır. Genomik ve Est-SSR markerleri içeren 36 mikrosatellit işaretleyicisi başlangıçta seçilmiş olmasına rağmen, genotipler 8 polimorfik primer tarafından genotiplendirilmiştir. Toplamda 60 genotip arasında lokus başına ortalama 3.37 alel tespit edilirken toplam alel sayısı ise 27'dir Minimum ve maksimum alel sayısı 2-6 alel olarak kaydedilmiştir. Mikrosatellit işaretleyicilerinin verilerinden Jaccard'ın katsayısı yöntemini kullanarak genotipler arasındaki farklılık katsayıları hesaplanmıştır. Susam genotipleri morfolojik ve moleküler markere dayalı küme analizi olarak iki ana grupta sınıflandırılmıştır. Mantel testi fenotipik ve moleküler marker bilgisi arasında önemsiz bir korelasyon göstermiştir. Aynı coğrafi bölgeye ait genotipler her zaman aynı kümede yer almıştır. Sonuçlar, hem genotipik hem de fenotipik çeşitliliğin kombine bir şekilde, herhangi bir ıslah programında farklı susam çeşitlerinde bulunan varyasyonu etkin bir şekilde değerlendirebileceğini doğrulamıştır.

Al-Somain vd. (2017) yaptıkları SRAP markerlerini kullanarak farklı coğrafi bölgeleri temsil eden 52 susam genotipini genetik çeşitliliği değerlendirmek amacıyla kullanmışlardır. 17 primerin %100 polimorfizmi olan çok sayıda alel (365) üretmiştir. PIC ve DP sırasıyla 0.88 ve 5.88 olarak kaydedilmiştir. Jaccard katsayılarına dayanan genetik benzerlik değerleri 0.12 ile 0.49 arasında değişmekte olup, ortalama olarak 0.30 olarak bulunmuştur. Bu da hem yüksek genetik mesafeyi hem de araştırılan genetik kaynakların geniş bir genetik varyasyona sahip olduğunu göstermektedir. UPGMA dendrogramı 52 susam bitkisinin 48'ini yedi ana kümeye ayırmış, ancak beş genotip ayrı gruplandırılmıştır. Ancak alt küme genotipleri ayırmış birbirleriyle ve coğrafi kökenleri dikkate alınarak gruplar arasında belirgin bir çeşitlilik oluşmuştur. SRAP ile analiz sonucunda incelenen susam genotiplerinde yüksek derecede genetik polimorfizm olduğu elde edilmiştir.

Dossa vd. (2016) tarafından yürütülen çalışmada coğrafi bölgelerle ilgili genetik çeşitliliği belirlemek için, Afrika ve Asya'da altı coğrafi bölgeye dağılmış 22 ülkeden

toplanan 96 susam aksasyonu 33 polimorfik SSR markeri kullanarak genotipleme yapılmıştır. Asya'dan getirilen genotipler, Afrika'dan getirilen genotiplerden daha fazla çeşitlilik gösterdiği belirlenmiştir. Güney Asya, Doğu Asya ve Batı Afrika'dan toplanan genotipler fazlaca çeşitlilik gösterirken, Batı Asya, Kuzey Afrika ve Güneydoğu Afrika'dan gelenler en düşük çeşitliliğe sahip olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Moleküler varyans analizi, genetik varyansın % 44'ünden fazlasının coğrafi bölgeler arasındaki çeşitlilikten kaynaklandığını göstermiştir. Asya'da üç, Afrika'da iki olmak üzere beş alt popülasyon filogenetik, PCA ve YAPI analizleri ile tanımlanmıştır. Çoğu genotip coğrafi kökenlerine göre aynı popülasyonda toplanmıştır. Çalışma sonuçları ıslah programlarında susam genetik kaynaklarının etkin kullanımına ve bu bölgelerden susam germplazmasının daha fazla toplanmasına fayda sağlayacağı bildirilmiştir.

Dar vd. (2017)'da yaptıkları çalışma susam bitkisinin genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi ile ilişkilidir. Hindistan'ın farklı tarımsal bölgelerinde yetişen 47 farklı susam aksasyonunun analizi için 22 RAPD ve 18 SSR primer kullanılmıştır. 191'in polimorfik olduğu RAPD primerleri ile toplam 256 bant elde edilmiştir. SSR primerleri, tümü polimorfik olan 64 DNA bandı vermiştir. Jaccard ve RAPD, SSR ve havuzlanmış RAPD ve SSR verilerinin benzerlik katsayısı sırasıyla 0.510 ile 0.885, 0.167 ile 0.867 ve 0.505 ile 0.853 arasında değişmiştir. RAPR'lere (0.186) kıyasla SSR'ler (0.194) ile maksimum polimorfik bilgi içeriği rapor edilmiştir. RAPD'lerde (1.426), SSR'lere (0.621) göre daha yüksek marker indeksi gözlenmiştir. Benzer şekilde, RAPD (4.012) primerlerinde SSR'lerden (0.884) daha fazla çözme gücü bulunmuştur. Yapılan bu çalışmada, *Sesamum indicum* L.'de RAPD ve SSR markerleri kullanarak daha fazla değişkenlik gösterildiği tespit edilmiştir ve bunlar DNA germplazmanın korunmasında ve mahsulün iyileştirilmesinde yardımcı olabileceği belirtilmiştir.

2.2. Yeni Nesil Dizileme Tekniklerinden Elde Edilen SNP Verisi Kullanılarak Yürütülen Genetik Çeşitlilik Çalışmaları

Günümüz genomik teknolojilerinin geleneksel ıslah programlarına dâhil edilmesi hem daha hızlı ve hem de daha güvenilir sonuçlar elde edebilmek adına oldukça önemlidir. Özellikle verim komponentlerine ve stres faktörlerine etki eden genlerin belirlenebilmesi ve bu genlerin seleksiyonu için moleküler marker teknolojilerinin kullanılması ıslah çalışmalarının etkin bir şekilde yürütülmesinde büyük rol oynamaktadır. AFLP markerler ile başlayan moleküler destekli seleksiyon çalışmaları günümüzde SSR ve SNP marker teknolojileri ile oldukça efektif hale gelmiştir. Özellikle genomda her yerde ve bol miktarda bulunan tek nükleotid değişikliklerinin (SNP) ortaya konulması ile karakterlerin haritalanması ve marker destekli seleksiyon çalışmalarında daha güvenilir sonuçlar elde edilmiştir (Scheben vd. 2017). Yeni nesil dizileme teknolojileri günümüzde SNP'leri en doğru ve en hızlı şekilde belirleyebilen biyoteknolojik sistemlerdir. Bu teknolojiler ile SNP ve insertion-deletion (InDel) bölgeleri yüksek güvenilirlikle genom seviyesinde ortaya konmakta ve elde edilen veriler marker destekli seleksiyon başta olmak üzere çeşitlilik ve ilişki çalışmalarında kullanılmaktadır (Varshney vd. 2014). Genomdaki bu varyantları belirleyebilme adına Roche 454 FLX Titanium (Thudi vd. 2012), Illumina MiSeq ve Hi Seq 2500 (Bentley vd. 2008) ve Ion Torrent PGM (Rothberg vd. 2011) gibi birçok yeni nesil dizileme platformu geliştirilmiştir. Tüm bu teknolojilerde temel protokol kütüphane hazırlığı olarak da bilinen DNA'nın fraksiyona uğratılması ve rastgele

parçalara ayrılmış DNA fragmentlerine evrensel adaptörlerin bağlanması işlemlerini kapsamaktadır. Modifiye edilmiş olan bu DNA molekülleri ise bahsi geçen platformlarda dizilemeye tabi tutularak her bir fragmentteki bazıları belirlenmektedir. Tüm bu platformlarda ise ana hedef en az maliyet ile en doğru diziyi belirleyebilmektir. Genotyping-by-Sequencing (GBS) ve double digest RAD-Seq (ddRAD) dizileme öncesi kütüphanenin en az maliyetle hazırlanmasını içeren bir sistemlerdir. Geliştirilen bu sistemlerde genom kompleksitesini düşürmek amacıyla kütüphaneler oluşturulmakta ve ardından kütüphane Illumina platformunda dizilemeye tutulmaktadır. Genomda küçültmenin (genome reduction) sebebi ise tüm genomu dizilemenin günümüzde bile hala çok maliyetli olması ve çoğu uygulama ile istenen tam dizi bilgisine ulaşamamasıdır (Hamblin ve Rabbi 2015). GBS ve ddRAD-Seq analizi sonrasında genotipleme ve genetik analizlerde kullanılmak üzere çok sayıda SNP belirlenebilmektedir. Böylelikle kolay, hızlı, oldukça spesifik ve diğer dizileme teknikleri ile ulaşılamayan önemli genom bölgelerine ulaşılabilir. ddRAD-Seq yönteminin GBS sistemine göre avantajı ise genom kompleksitesini düşürmede iki enzimin kullanılması ve daha az miktarda kayıp veri oluşturmasıdır. Bu durum özellikle analizler sırasında referans genom ile eşleşmede büyük fayda sağlamaktadır.

Uncu vd. (2016) ele aldıkları çalışmada susam ıslahında kullanılmak üzere yeni SNP markerleri geliştirmeyi hedeflemişlerdir. Araştırmacılar genetik kaynak olarak sahip oldukları RIL popülasyonunu kullanırken genotiplemede GBS yöntemini tercih etmişlerdir. Toplamda 15521 SNP belirlenirken bunların yaklaşık %95'inin genomda pseudo kromozomlarda yer aldığı ifade edilmiştir. Daha önceki çalışmalarında geliştirilen SSR markerleri dahil edilerek, yaklaşık % 99 oranında genom coverage edilmiştir. Geliştirilen bu markerler susam genetikçilerinin polimorfizm yakalamasında önemli bir kaynak oluşturacağı da ifade edilmiştir. Yapılan filtrelemeler sonrası elde edilen 770 SNP ve 50 SSR linkage haritası oluşturmada kullanılmış ve 914 santimorgan uzunluğunda 13 linkage grubunun yer aldığı bir harita oluşturulmuştur.

Cui vd. (2017) yürüttükleri çalışmada, 89.924 tek nükleotid polimorfizmi (SNP) kullanarak 366 susam aksesyonunda genotipleme yapmışlardır. Popülasyonun ortalama nükleotid çeşitliliği, tanımlanan üç alt grup için sırasıyla ortalama 1.0×10^{-4} , 2.7×10^{-4} ve 3.6×10^{-4} olan 1.1×10^{-3} olarak elde edilmiştir. Tüm genotipler; Pop 1, Pop 2 ve Karışık olarak gruplara bölünmüştür. Genetik yapı analizi, bu susam koleksiyona ait genotiplerin öncelikle coğrafi temelde yapılandırıldığını ve popülasyonda geniş ölçüde karışım meydana geldiği sonucuna varılmıştır. Ortalama LD'nin ~99 kb'ye kadar uzadığı çalışmada ayrıca belirtilmiştir. Bu çalışmada ortaya çıkan genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısı, ıslah çalışmalarının gelecekteki tasarımına ve susam popülasyonlarının karakterize eden genetik varyasyonun sistematik kullanımına rehberlik edeceği amaçlanmıştır.

Jaiswal vd. (2019) hintdarısından sonra en büyük ikinci ekilişe sahip darı mahsulü olan, küresel olarak gıda ve yem için kullanılan tilki kuyruğu darısını (*Setaria italica*) çalışmışlardır. Yürütülen bu çalışmada, ddRAD yaklaşımıyla geliştirilen 10 K SNP kullanılarak 142 tilki kuyruğu darı popülasyonu eko-coğrafi olarak çeşitli genotiplerde 10 önemli agronomik karakter bakımından genom temelli ilişkilendirme analizi (GWAS) yürütülmüştür. Kromozomlardaki SNP'lerin sayısı 844 (kromozom 5) ile 2153 (kromozom 8) arasında değişmiş ve ortalama SNP frekansı Mb başına 25.9 olarak bulunmuştur. GWAS ile genomdaki 10 özellik için 81 marker tanımlanmıştır.

FLW (bayrak yaprak genişliği), GY (tane verimi) ve TGW (bin tane ağırlığı) dahil olmak üzere üç önemli agronomik özellik için yüksek güvenilirlikli markerler bu çalışma sonundan belirlenmiştir.

Roy vd. (2017) tarafından yapılan çalışmada dört orkide türünde genetik çeşitliliği, NGS tabanlı ddRAD sıralama verileri kullanılarak değerlendirilmiştir. Birleştirilen nükleotit sekansları (fastq), NCBI Veritabanının SRA arşivinden (*Dendrobium* için SRP063543, *Geodorum* için SRP065790, *Cymbidium* için SRP072201 ve *Cymbidium* için SRP072378) kodları ile elde edilmiştir. Toplam okuma sayısı, *Dendrobium sp.* için 1.1 Mbp, *Geodorum sp.* için 553.3 Kbp, *Cymbidium* için 1.6 Gbp ve *Rhynchostylis* için 1.4 Gbp olarak bulunmuştur. Ortalama GC% *Geodorum*'da %43.9, *Dendrobium*'da %43.7, *Cymbidium*'da %41.2 ve *Rhynchostylis*'te %42.3 olarak hesaplanmıştır. DnaSP5 programında nükleotid çeşitliliği ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için dört gen dizisi kullanılmıştır (*Dendrobium*'un Ycf2 geni, *Geodorum*'un matK geni, *Cymbidium*'un psbD geni ve *Rhynchostylis*'in Ycf2 genleri). Nükleotid çeşitlilik *Dendrobium*'da 0.10560, *Geodorum*'da 0.03586, *Cymbidium*'da 0.01364 ve *Rhynchostylis*'te 0.011344 olarak hesaplanmıştır. Tajima'nın D değeri *Dendrobium*'da -2.17959, *Geodorum*'da -2.01655, *Rhynchostylis*'de -2.12362 ve *Cymbidium*'da -1.54222 olarak hesaplanmıştır. Analiz sonucu bu dört türün nötr olarak evrimleşmedikleri ortaya konmuştur ancak bu dört orkide grubundaki seçimin, bu genlerin evriminde rol oynayabileceğini göstermiştir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Genetik materyal

Çalışmada genetik materyal olarak Yol ve Uzun (2012) tarafından kullanılan 345 susam (*Sesamum indicum* L.) genotipinden istatistikî analizler sonucunda seçilen ve 103 genotipten oluşan Akdeniz Susam Kor Koleksiyonu kullanılmıştır (Çizelge 3.1) ABD'den 10, Afganistan'dan 7, Angola'dan 2, Arjantin'den 1, Çin'den 9, Güney Kore'den 4, Hindistan'dan 4, Irak'dan 1, İran'dan 12, İsrail'den 3, Japonya'dan 1, Mısır'dan 3, Myanmar'dan 1, Pakistan'dan 10, Rusya'dan 11, Sri Lanka'dan 1, Suriye'den 1, Teksas'dan 2, Türkiye'den 16, Venezüella'dan 3 ve Yunanistan'dan 2 olmak üzere toplamda 21 farklı ülkeden toplanan tohumların yer aldığı koleksiyon Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Seralarında yaprak örneklerinin alınması amacıyla viyollerde yetiştirilmiştir (Şekil 3.1).

Çizelge 3.1. Çalışma kapsamında kullanılan genotipler ve orijinleri

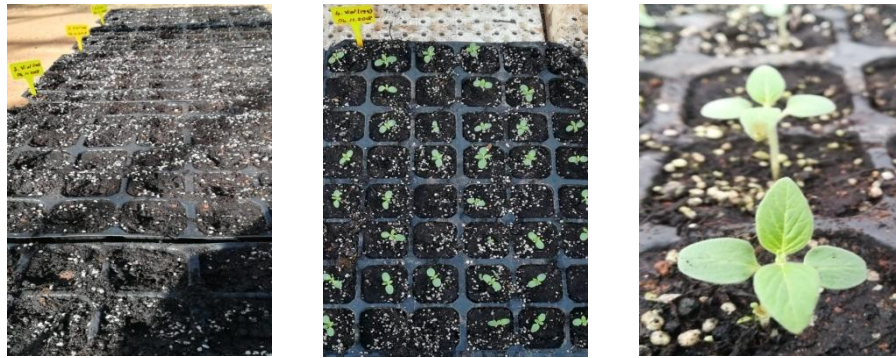
Sıra	Genotip	Orijin
1	ACS8	Afganistan
2	ACS10	Afganistan
3	ACS12	Afganistan
4	ACS13	Afganistan
5	ACS15	Afganistan
6	ACS18	Afganistan
7	ACS19	Afganistan
8	ACS20	Angola
9	ACS21	Angola
10	ACS22	Angola
11	ACS24	Çin
12	ACS26	Çin
13	ACS28	Çin
14	ACS29	Çin
15	ACS32	Çin
16	ACS34	Çin
17	ACS36	Çin
18	ACS38	Çin
19	ACS40	Çin
20	ACS43	Mısır
21	ACS44	Mısır
22	ACS46	Mısır
23	ACS49	Yunanistan
24	ACS51	Yunanistan
25	ACS60	Hindistan
26	ACS64	Hindistan
27	ACS65	Hindistan
28	ACS68	Hindistan

Çizelge 3.1'in Devamı

Sıra	Genotip	Orijin
29	ACS70	İran
30	ACS71	İran
31	ACS72	İran
32	ACS73	İran
33	ACS74	İran
34	ACS76	İran
35	ACS80	İran
36	ACS81	İran
37	ACS86	İran
38	ACS87	İran
39	ACS88	İran
40	ACS91	İran
41	ACS99	İsrail
42	ACS108	İsrail
43	ACS109	İsrail
44	ACS122	Japonya
45	ACS134	Güney Kore
46	ACS137	Güney Kore
47	ACS139	Güney Kore
48	ACS141	Güney Kore
49	ACS145	Myanmar
50	ACS152	Pakistan
51	ACS153	Pakistan
52	ACS155	Pakistan
53	ACS157	Pakistan
54	ACS158	Pakistan
55	ACS159	Pakistan
56	ACS163	Pakistan
57	ACS164	Pakistan
58	ACS166	Pakistan
59	ACS168	Pakistan
60	ACS170	Rusya
61	ACS174	Rusya
62	ACS179	Rusya
63	ACS181	Rusya
64	ACS182	Rusya
65	ACS183	Rusya
66	ACS185	Rusya
67	ACS186	Rusya
68	ACS187	Rusya
69	ACS189	Rusya
70	ACS191	Teksas
71	ACS193	Teksas
72	ACS194	Sri Lanka
73	ACS195	Suriye

Çizelge 3.1'in Devamı

Sıra	Genotip	Orijin
74	ACS197	Türkiye
75	ACS204	Türkiye
76	ACS215	Türkiye
77	ACS216	Türkiye
78	ACS218	Türkiye
79	ACS220	Türkiye
80	ACS234	Türkiye
81	ACS241	Türkiye
82	ACS242	Türkiye
83	ACS246	Türkiye
84	ACS253	Türkiye
85	ACS278	Türkiye
86	ACS285	Türkiye
87	ACS304	Türkiye
88	ACS325	ABD
89	ACS326	ABD
90	ACS329	ABD
91	ACS330	ABD
92	ACS331	ABD
93	ACS335	ABD
94	ACS337	ABD
95	ACS344	ABD
96	ACS348	ABD
97	ACS353	ABD
98	ACS356	Venezüella
99	ACS358	Venezüella
100	ACS359	Venezüella
101	Özberk	Türkiye
102	Gölmarmara	Türkiye
103	Muganlı	Türkiye



Şekil 3.1. Tez çalışması kapsamında viyollerde yetiştirilen susam bitkisi resimleri

3.2. Metot

3.2.1. DNA izolasyonu

Tez çalışması kapsamında viyollerde yetiştirilen bitkiler yeterli büyüklüğe eriştikten sonra her genotipe ait 2 bitkiden örnek alınmış ve bulk edilerek ileri çalışmalarda kullanmak adına -80°C saklanmıştır. DNA izolasyonu Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Moleküler Bitki Islahı Laboratuvarında Doyle ve Doyle (1990) tarafından geliştirilen CTAB yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

DNA izolasyon protokolü (Doyle ve Doyle 1990);

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

Ekleme sonrası tüp içerisindeki DNA'nın sıvıya geçebilmesi için örnekler +4 °C'de bir gece bekletilmiştir. Bir gece +4 °C bekletilen örnekler bozulmaması için -20 °C'de muhafaza edilmiştir. DNA izolasyon işlemi yapılan yaprak örneklerinin DNA kalitelerini değerlendirmek için bitkilerden elde edilen 7 µl hacminde DNA, 2 µl yükleme boyası ile karıştırılarak önceden hazırlanmış %1'lik agaroz jelle yüklenerek elektroforez cihazında 65 voltta 25 dakika koşturulmuştur. Kosturma sonrası DNA örnekleri yüklü olan agaroz jel ultraviyole ışık altında görüntülenmiştir.

3.2.2. Yeni nesil dizileme

Akdeniz susam kor koleksiyonunda yer alan sekiz genotip (ACS13, ACS44, ACS64, ACS99, ACS166, ACS170, ACS187, Göl marmara) çimlenmede yaşanan sorunlar nedeniyle çalışmanın ileri aşamalarında kullanılmamıştır. Tez kapsamında Peterson vd. (2012) tarafından geliştirilen ddRAD yöntemi temel alınarak oluşturulan kütüphaneler dizileme işlemine tabi tutulmuş ve analizlerde kullanılmak üzere SNP'ler elde edilmiştir. Bu işlemler ve biyoinformatik analizler hizmet alımı şeklinde geliştirilmiştir. Temel olarak kütüphane hazırlık aşamasında genomik DNA'lar iki farklı kesim enzimi (*VspI* ve *MspI*) ile kesilmiş ve ayrı ayrı barkodlandırılmıştır. Tüm susam genotipleri Illumina HiSeq 4000 cihazında dizilemeye tabi tutulmuş ve 150 bp uzunluğunda okumalar yapılmıştır. Elde edilen ham data barkodlarından çıkarılarak her genotipin ham FASTQ dosyasına ulaşılmıştır. Bu veriler fastp programı ile temizlenerek analizlere hazır hale getirilmiştir. Her bir genotipe ait veri dosyası daha sonra varsayılan parametrelerle Bowtie2 yazılımı kullanılarak susam referans genomu 'Zhongzhi13' (Wang vd. 2016) ile eşleştirilmiştir. Elde edilen SAM dosyaları ikili dizi hizalama dosyası formatına (BAM) dönüştürülmüş ve bu dosyalar SAMtools programına ait (Galaxy Version 2.1.1) mpileup seçeneği kullanılarak SNP'ler belirlenmiştir. Üretilen SNP'ler TASSEL programında Minor Allel Frekansı (MAF) (0.05) ve her lokusta kayıp veri %3'ün altında olacak şekilde filtrelenmiş ve toplam 5292 SNP analizlerde kullanılmıştır.

Elde edilen ham ve işlenmiş (filtrelenmiş) okuma değerleri Çizelge 3.2'de verilmiştir. Elde edilen veriler incelendiğinde filtre sonrası 6.32 M okuma değeri ile en yüksek okuma ACS15 genotipinde gözlenmiştir. En düşük okuma değeri ise 1.54 M okuma değeri ile ACS87 genotipinde elde edilmiştir. Koleksiyonda toplam okuma değeri yaklaşık 372 milyon baz iken filtreleme sonrası yaklaşık 356 milyon bazdır.

Çizelge 3.2. Yeni nesil dizileme verileri; filtre öncesi-filtre sonrası okuma değerleri

	Genotip	Filtre Öncesi Ham Okuma Değerleri		Filtre Sonrası Ham Okuma Değerleri	
		Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)	Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)
1	ACS8	4.43	38.6%	4.25	37.9%
2	ACS10	6.01	39.0%	5.81	37.9%
3	ACS12	3.26	38.2%	3.10	37.7%
4	ACS15	6.54	39.0%	6.32	38.1%
5	ACS18	3.46	39.7%	3.32	38.8%
6	ACS19	2.94	38.0%	2.80	37.4%

Çizelge 3.2'nin Devamı

	Genotip	Filtre Öncesi Ham Okuma Değerleri		Filtre Sonrası Ham Okuma Değerleri	
		Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)	Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)
7	ACS20	6.10	38.7%	5.87	37.9%
8	ACS21	2.92	39.1%	2.75	38.0%
9	ACS22	4.12	38.5%	3.95	37.9%
10	ACS24	3.41	38.6%	3.21	37.6%
11	ACS26	3.84	37.8%	3.63	37.2%
12	ACS28	4.99	38.7%	4.77	38.0%
13	ACS29	3.60	37.9%	3.43	37.4%
14	ACS32	5.30	38.6%	5.08	37.8%
15	ACS34	4.16	38.8%	3.99	38.0%
16	ACS36	3.78	38.7%	3.62	38.0%
17	ACS38	1.87	40.9%	1.73	40.6%
18	ACS40	5.28	38.8%	5.11	37.9%
19	ACS43	3.04	38.2%	2.89	37.7%
20	ACS46	3.76	38.2%	3.58	37.6%
21	ACS49	3.64	37.9%	3.47	37.4%
22	ACS51	3.19	37.9%	3.05	37.4%
23	ACS60	3.59	38.7%	3.43	37.9%
24	ACS65	3.74	37.9%	3.55	37.3%
25	ACS68	3.82	39.0%	3.53	37.7%
26	ACS70	3.89	37.9%	3.70	37.4%
27	ACS71	2.93	42.2%	2.89	41.2%
28	ACS72	5.07	38.7%	4.86	37.9%
29	ACS73	4.46	38.5%	4.23	37.6%
30	ACS74	4.64	38.3%	4.44	37.6%
31	ACS76	4.32	38.9%	4.16	38.0%
32	ACS80	4.27	38.6%	4.12	37.8%
33	ACS81	4.32	38.7%	4.15	37.9%
34	ACS86	4.08	38.1%	3.88	37.5%
35	ACS87	1.64	37.8%	1.54	37.4%
36	ACS88	3.31	38.0%	3.16	37.4%
37	ACS91	3.77	38.0%	3.61	37.5%
38	ACS108	1.77	39.1%	1.70	38.0%
39	ACS109	3.65	39.8%	3.56	38.7%
40	ACS122	3.83	38.4%	3.64	37.6%
41	ACS134	2.98	38.5%	2.83	37.8%
42	ACS137	3.34	38.1%	3.17	37.6%

Çizelge 3.2'nin Devamı

	Genotip	Filtre Öncesi Ham Okuma Değerleri		Filtre Sonrası Ham Okuma Değerleri	
		Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)	Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)
43	ACS139	3.30	38.1%	3.15	37.5%
44	ACS141	3.99	39.1%	3.86	38.2%
45	ACS145	2.04	37.6%	1.90	37.2%
46	ACS152	3.55	39.4%	3.34	38.0%
47	ACS153	3.49	38.3%	3.31	37.5%
48	ACS155	3.20	38.5%	3.13	37.8%
49	ACS157	3.59	38.4%	3.41	37.8%
50	ACS158	4.05	39.3%	3.89	38.4%
51	ACS159	4.13	37.8%	3.91	37.3%
52	ACS163	3.04	38.1%	2.88	37.6%
53	ACS164	4.61	39.0%	4.45	38.2%
54	ACS168	3.28	38.6%	3.10	37.7%
55	ACS174	4.02	37.9%	3.83	37.3%
56	ACS179	4.29	38.9%	4.06	37.8%
57	ACS181	3.19	38.1%	3.02	37.4%
58	ACS182	3.19	41.5%	3.11	40.5%
59	ACS183	5.23	39.6%	5.10	38.8%
60	ACS185	5.02	38.8%	4.84	37.9%
61	ACS186	4.43	39.8%	4.34	38.6%
62	ACS189	4.55	38.4%	4.38	37.6%
63	ACS191	3.73	38.2%	3.56	37.6%
64	ACS193	3.86	38.4%	3.69	37.7%
65	ACS194	4.60	43.3%	4.41	42.4%
66	ACS195	4.55	38.0%	4.33	37.4%
67	ACS197	4.06	38.3%	3.86	37.7%
68	ACS204	4.80	40.1%	4.66	38.8%
69	ACS215	3.28	38.5%	3.14	37.7%
70	ACS216	4.15	38.1%	3.96	37.6%
71	ACS218	4.30	38.5%	4.13	37.8%
72	ACS220	3.31	38.2%	3.16	37.6%
73	ACS234	3.18	38.6%	3.05	37.9%
74	ACS241	3.40	38.2%	3.26	37.7%
73	ACS234	3.18	38.6%	3.05	37.9%
74	ACS241	3.42	38.2%	3.26	37.7%
75	ACS242	3.75	38.1%	3.57	37.5%
76	ACS246	4.19	38.3%	4.01	37.7%

Çizelge 3.2'nin Devamı

	Genotip	Filtre Öncesi Ham Okuma Değerleri		Filtre Sonrası Ham Okuma Değerleri	
		Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)	Okuma Değeri (milyon baz)	İçerik (%)
77	ACS253	3.49	38.0%	3.32	37.5%
78	ACS278	2.87	38.4%	2.74	37.8%
79	ACS285	3.82	38.1%	3.65	37.5%
80	ACS304	3.37	38.4%	3.21	37.7%
81	ACS325	4.16	39.0%	3.97	38.0%
82	ACS326	4.60	42.9%	4.48	42.1%
83	ACS329	3.59	39.2%	3.44	38.2%
84	ACS330	4.72	39.7%	4.61	38.5%
85	ACS331	3.04	38.6%	2.90	37.9%
86	ACS335	2.90	38.1%	2.76	37.5%
87	ACS337	4.28	39.0%	4.11	38.1%
88	ACS344	2.81	37.8%	2.61	37.4%
89	ACS348	3.76	38.4%	3.60	37.7%
90	ACS353	4.27	38.5%	4.10	37.8%
91	ACS356	4.45	38.7%	4.28	37.9%
92	ACS358	3.19	37.6%	3.02	37.2%
93	ACS359	4.42	39.0%	4.25	38.2%
94	Muganlı	3.97	38.4%	3.84	37.7%
95	Özberk	2.98	37.6%	2.83	37.2%
Toplam		372.223.772		356.179.540	

3.2.3. Popülasyon yapısı belirleme ve veri analizleri

Popülasyon yapısı belirlemek için STRUCTURE V2.3.4 (Pritchard vd. 2000) programı kullanılmıştır. 95 genotip içinde mevcut olan optimum popülasyon sayısını ve en iyi K değeri (alt popülasyonların sayısı) Harvester (Earl ve vonHoldt 2012) online yazılımı üzerinden *ad-hoc* istatistiği ΔK (Evanno vd. 2005) kullanılarak hesaplanmıştır.

En uygun K değerini belirlemek için 2-5 arasında değişen gruplar arasında her biri için 20 tekrarlı hesaplama yapılmıştır. ≥ 50 üyelerin olasılığı ile genotipler diğer bir grupta yer almışlardır (Li vd. 2003). PAST software V3.23 ile temel bileşen analizi yapılmıştır. TASSEL V5.2.52 (Glaubitz vd. 2014) programında neighbor joining temelli filogenetik ağaç çizilmiş ve daha sonra FigTree 1.4.4. programında ağaç üzerinde şekilsel modifikasyonlar yapılmıştır.

Arlequin V3.5 (Excoffier ve Lischer 2010) yazılımı alt popülasyonlar için ikili genetik mesafeyi (F_{ST}) belirlemek ve moleküler varyans analizi (AMOVA) ile popülasyonlar ve coğrafi gruplar arasındaki ve içindeki genetik varyasyonu hesaplamak

için kullanılmıŐtır. F_{ST} deęeri 0, alt popülasyonlar içinde genetik bir farklılık olmadığı, F_{ST} deęeri 1 tamamında aşırı bölünme gösterdiği anlamına gelmektedir. Ortalama 0.05 olan deęerlerde genetik farklılaşma önemsiz olarak kabul edilmiştir, 0,25 ile 1 arasında güçlü bölünme olduğu, 0.05 ile 0.15 ve 0.15 ile 0.25, sırasıyla az ve orta farklılaşma olduğunu göstermektedir (Hartl, 1980; Mohammadi ve Prasanna, 2003).

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. İkişerli F_{ST} Değerleri

Çalışmada orijinleri dikkate alınarak dört ayrı popülasyon oluşturulmuştur. Bu popülasyonlar ikişerli F_{ST} değerleri bakımından kıyaslandığında en düşük ikişerli F_{ST} değeri (0.042) Asya ve Amerika gruplarında elde edilmiştir. Bu sonuç aynı zamanda diğer popülasyonlar arası farklılıklara kıyasla en az değer olarak bulunmuştur. Elde edilen değer iki grup arasında genetik farklılaşmanın önemsiz olduğunu ortaya koymuştur. En yüksek ikişerli F_{ST} değeri (0.152) Amerika ve Avrupa grubu popülasyonlarına aittir. Bu popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma diğer gruplara göre en fazla olup farklılaşma orta düzey olarak kabul edilmiştir İkinci en yüksek ikişerli F_{ST} değeri ise (0.104) Afrika ve Amerika grupları arasındadır. 0.05'lik önem düzeyinde Asya ve Amerika grubu ikişerli F_{ST} değeri dışında diğer gruplar arası ikişerli F_{ST} değerleri istatistiki açıdan önemli bulunmuştur. Çalışılan tüm popülasyonlarda %5 (0.05) oranında farklılaşma görülmektedir. Yürüttüğümüz çalışmadan elde edilen sonuçlara benzer şekilde F_{ST} değerleri bakımından farklı genetik kaynaklar arasında önemli düzeyde değişkenlik göstermiştir. Cui vd. (2017) 329 susam genotipinin yer aldığı çalışmalarında popülasyonlar arasında minimum – maksimum 0.07 ile 0.26'lık farklılıklar elde etmişlerdir. Surapaneni vd. (2014) 102 SSR markeri kullanarak 68 Hindistan kökenli susam koleksiyonunda genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla yürüttüğü çalışmada ortalama genetik mesafe (F_{ST}) değerini 0.11 (%11) olarak hesaplamıştır. Wu vd. (2014) ise SSR markeri ile 130 susam genotipinin yer aldığı koleksiyonda popülasyonlar arası genetik mesafe değerlerini 0.15 ile 0.16 arasında bildirmişlerdir. Gen çeşitliliğinin (0.28) ortalama değeri, Zhang vd. (2010), Cho vd. (2011) ve Cui vd. (2017) tarafından farklı marker türleriyle yapılan çalışmalardan daha yüksek değerde bulmuşlardır. Buna karşılık, burada gözlemlediğimiz genetik çeşitlilik düzeyi, SSR markerleri kullanılarak karakterize edilen koleksiyonlardan daha düşüktür (Wei vd. 2014; Dossa vd. 2016). Koleksiyonlar arasındaki gen çeşitliliği farklılığı genetik kaynak, marker sayısı ve tipi farklılıklarından kaynaklanıyor olabilir (Dossa vd. 2016).

Çizelge 4.1. Popülasyonlar arasında tahmin edilen ikişerli F_{ST} değerleri

Popülasyon	Asya	Afrika	Avrupa	Amerika
Asya	-	0.05	0.08*	0.04
Afrika	0.05*	-	0.10	0.07*
Avrupa	0.08*	0.10*	-	0.15*
Amerika	0.04	0.07*	0.15*	-

*p<0.05

4.2. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

Çalışmada kullanılan susam popülasyonları ve coğrafi gruplar arasındaki ve içindeki genetik varyasyon dağılımı Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) kullanılarak hesaplanmıştır. Genetik varyasyon dağılımı Çizelge 4.2’de gösterilmiştir. Varyans analizi sonuçlarına göre toplam genetik çeşitliliğinin % 5.53 popülasyonlar arasındaki, % 66.28’inin popülasyonlar içi bireyler arasından ve % 28.18’inin de bireyler içi farklılıklardan meydana geldiği sonucuna ulaşılmaktadır (Çizelge 4.2). En fazla genetik varyasyon popülasyon içi bireyler arasında, en az genetik varyasyon ise popülasyonlar arasında meydana gelmiştir. Moleküler varyans analizi sonuçlarına göre tüm popülasyonlar arasında farklılıklar önemli bulunmuştur ($p < 0.05$). Ulaşılan sonuçlara göre çalışılan popülasyonların tümünün birbirinden önemli düzeyde farklılaştığı görülmektedir. Analiz sonuçları ayrıca bölgeler arasındaki yüksek oranda gen akışı teorisini desteklemektedir. Diğer moleküler markerler kullanılarak yürütülen çalışmalarda da benzer değerler elde edilmiştir. Laurentin vd. (2006) Venezüella germplazm koleksiyonuna ait 32 susam genotipi arasında AFLP markerleri kullanarak genetik çeşitliliği belirlemeyi hedeflediği çalışmalarında AMOVA analizi yürütmüşler ve moleküler varyasyonun %5’inin coğrafi alanlar arasında gerçekleştiğini ifade etmişlerdir. Wu vd. (2014) SSR markeri ile 130 Çin kökenli susam genotipinden oluşan koleksiyonlarında genetik çeşitlilik, filogenetik ilişkiler, popülasyon yapısının yanı sıra varyans analizi çalışmasını da ele almışlardır. Araştırmacılar toplam moleküler varyasyonun % 10.23’ünün popülasyonlar arası, % 20.23’ünün popülasyonlar içi bireyler arasında, % 69.54’ünün bireyler içindeki farklılıktan kaynaklandığını ortaya koymuşlardır. Dossa vd. (2016) 96 susam genotipinde yürüttükleri çalışmada toplam moleküler varyasyonun % 44.66’sının coğrafi gruplar arasında, % 55.34’ünün coğrafi gruplar içindeki bireyler arasında genetik varyasyonu karşıladığını belirtmiştir.

Çizelge 4.2. Susam genotiplerinin moleküler varyans analizi (AMOVA)

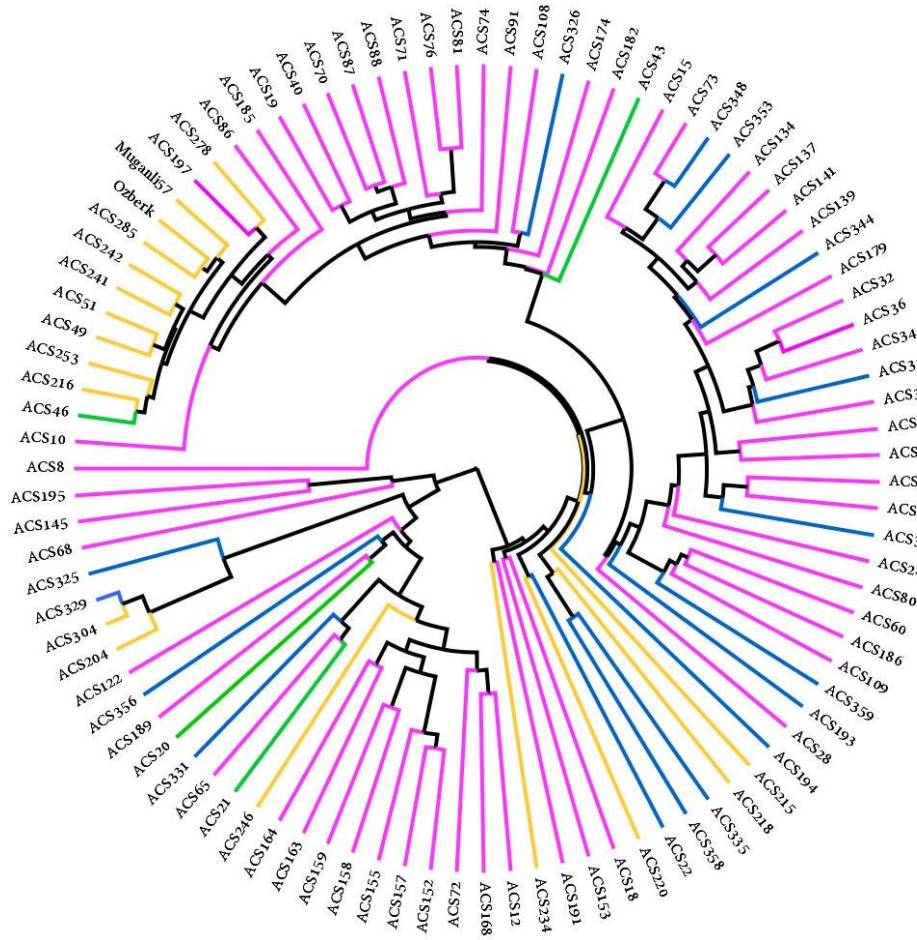
Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi (SD)	Kareler Toplamı (KT)	Varyans (%)
Popülasyonlar Arası	3	8867.77	5.53*
Popülasyonlar İçi Bireyler Arası	91	120512.05	66.28*
Bireyler İçi	95	22058.50	28.18*
Genel	189	151438.32	100

* $p < 0.05$

4.3. Popülasyon Yapısı Belirlenmesi

Susam genotipleri arasındaki ilişkiyi TASSEL 5.2.52 programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Filogenetik ağaç dört farklı kıtayı köken alan genotipleri farklı renklerde toplamıştır. Ağaçta yoğun olarak görülen mor renkler Asya, sarı renkler Avrupa, mavi renkler Amerika, yeşil renkler Afrika kıtası genotiplerini temsil etmektedir (Şekil 4.1). Türkiye’den köken alan genotiplerin çoğu bir arada ve Yunanistan kökenli genotipler Türkiye’nin yanında yer aldığı, İran, Afganistan, Pakistan, Rusya gibi Asya ülkeleri genel olarak yan yana ya da yakın yerlerde dağılım

gösterirken Amerika ve Afrika ülkeleri kökenli genotipler karışık dağılım gösterdiği sonucuna ulaşılmıştır. Park vd. (2013) 15 ülkeden toplanan 277 susam kor koleksiyonunda genetik çeşitlilik filogenetik bağlantı ve popülasyon yapısını belirlemek için yaptıkları çalışmada popülasyonlar arasındaki filogenetik 4 grup elde ettiklerini ancak bu grupların coğrafi konumlarına göre net bir ayrımı oluşmadığını bildirmişlerdir. Cui vd. (2017) 336 susam genotipinde yaptıkları çalışmada genotipler arası ilişkiyi göstermek için yaptıkları filogenetik ağaç 3 farklı grupta toplanmış, 2 grubun köken aldığı ülkelerde toplandığı karışık grubun tüm ağaca yayıldığını belirtmişlerdir. Diğer bitki türlerinin yer aldığı genetik çeşitlilik çalışmalarında benzer sonuçlar elde edilmiştir. Sorgum (Smith vd. 2000), buğday (Holton vd. 2002) ve arpada (Thiel vd. 2003) filogenetik ağaç ile bitkilerin orijinleri arasında bir uyum gözlenmemiştir. Kumar vd. (2016) iki temel faktörün bunun nedeni olabileceğini ifade etmiştir. Bunlardan ilki çalışılan popülasyonun ya da bitki türünün çok geniş bir varyasyona sahip olması olup diğer faktör ise çalışılan bitki türünün tek bir gen merkezinden dağılması ve dolayısıyla dünya çapında yayılsalar dahi genotiplerin benzer genetik altyapıya sahip olması olarak açıklanmıştır. Ayrıca Amerika kökenli genotiplerin ağaç içerisinde farklı gruplarda yer alması bu susam genotiplerinin bu kıtaya farklı ülkelerden taşındığının bir göstergesi olabilir.



Şekil 4.1. Susam genotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren filogenetik ağaç

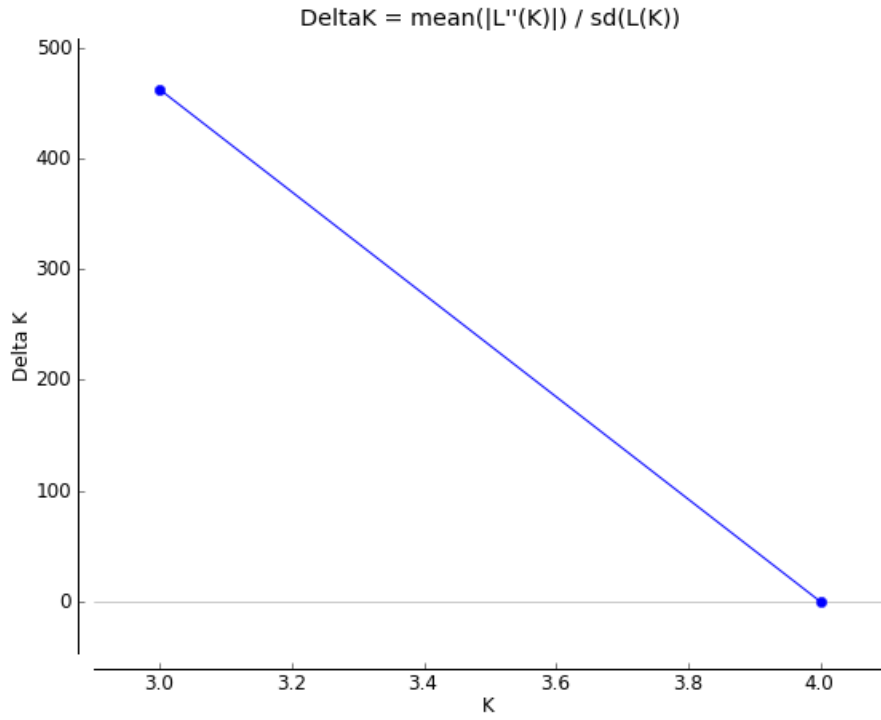
Popülasyon yapısını belirlemek için STRUCTURE V2.3.4 (Pritchard vd. 2000) yazılımı kullanılmıştır. 95 susam genotipinde ddRAD yöntemi kullanılarak elde edilen 5292 SNP markeri ile popülasyon yapısı belirlenmesi sağlanmıştır. Popülasyon sayısı K değeri ile gösterilmiştir. Her K değeri için yüksek olasılık gösteren değer ΔK değeri olarak adlandırılmış ve ΔK 3 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.2). Susam genotiplerinin hesaplanan ΔK değerine göre dağılımı Şekil 4.3'te gösterilmiştir. ΔK değerine göre 95 susam genotipleri kendi aralarında 3 gruba ayrılmıştır. Şekil 4.3'te susam genotiplerinin grup dağılımları verilmiştir.

1.Grup çoğunluğu Asya ülkelerine ait genotiplerden oluşmaktadır (ACS15, ACS22, ACS24, ACS26, ACS28, ACS29, ACS32, ACS34, ACS36, ACS38, ACS60, ACS73, ACS80, ACS109, ACS134, ACS137, ACS139, ACS141, ACS179, ACS181, ACS183, ACS186, ACS193, ACS326, ACS330, ACS335, ACS337, ACS344, ACS348, ACS353, ACS358, ACS359). Toplamda 32 genotip içeren bu grupta Asya kıtası ülkelerinden; Afganistan (1), Çin (8), Güney Kore (4), Hindistan (1), İran (1), İsrail (1), Rusya (4) genotiplerini ve ABD Teksas (7), Arjantin (1), Venezüella (2) gibi diğer ülke genotiplerini içerir.

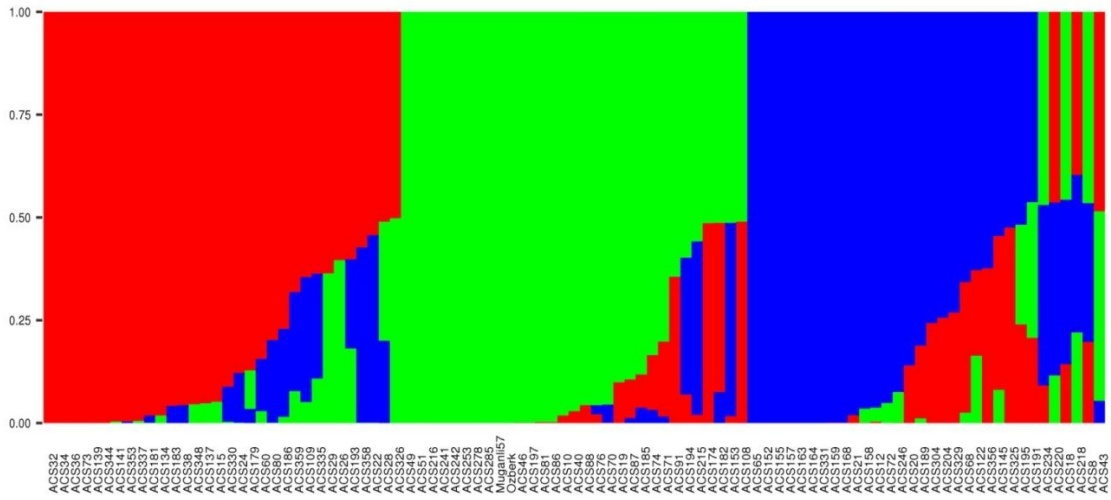
2.grup Türkiye ve yakın çevresindeki ülkelerden toplanan genotipleri içermektedir (ACS10, ACS19, ACS40, ACS46, ACS49, ACS51, ACS70, ACS71, ACS74, ACS76, ACS81, ACS86, ACS87, ACS88, ACS91, ACS108, ACS153, ACS174, ACS182, ACS185, ACS194, ACS197, ACS215, ACS216, ACS241, ACS242, ACS253, ACS278, ACS285, Muganlı 57, Özberk). Toplamda 31 genotipe sahip bu grupta; Afganistan (2), Çin (1), Güney Amerika (1), Irak(1), İran (8), İsrail (1), Mısır (1), Pakistan (1), Rusya (3), Suriye (1), Türkiye (9), Yunanistan (2) gen merkezli genotipleri içermektedir.

3.grupta Asya ülkeleri çoğunlukta bulunan ülkeler ve diğer ülkelerin genotipleri bulunmaktadır (ACS12, ACS20, ACS21, ACS65, ACS68, ACS72, ACS122, ACS145, ACS152, ACS155, ACS157, ACS158, ACS159, ACS163, ACS164, ACS168, ACS189, ACS195, ACS204, ACS246, ACS304, ACS325, ACS329, ACS356). Toplamda 32 genotip içeren bu grupta; ABD Teksas (3), Afganistan (1), Angola (2), Hindistan (2), İran (1), Japonya (1), Myanmar (1), Pakistan (8), Rusya (1), Sri Lanka (1), Türkiye (3), Venezüella (1) orijinli genotipler bulunmaktadır.

Genotipleri gruba ayırmada üst olasılık değeri 0.5 olarak tanımlanmış ve yedi genotip ACS 8, ACS 18, ACS 43, ACS 191, ACS 218, ACS 220 ve ACS 234 karışık grup olarak değerlendirilmiştir.



Şekil 4.2. En iyi K değeri belirlenmesi için kullanılan ad hoc istatistiği sonucu



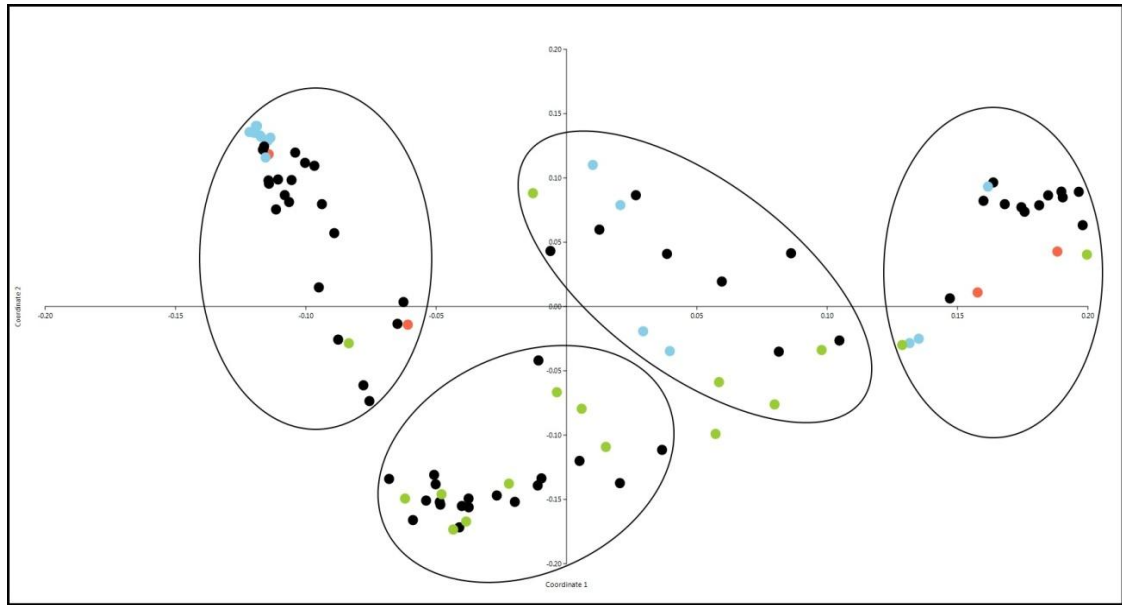
Şekil 4.3. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen verilere sonuçları dağılımları (1.grup; kırmızı, 2.grup; yeşil, 3.grup; mavi renk ile temsil edilmiştir)

4.4. Temel Koordinat Analizi (PCoA)

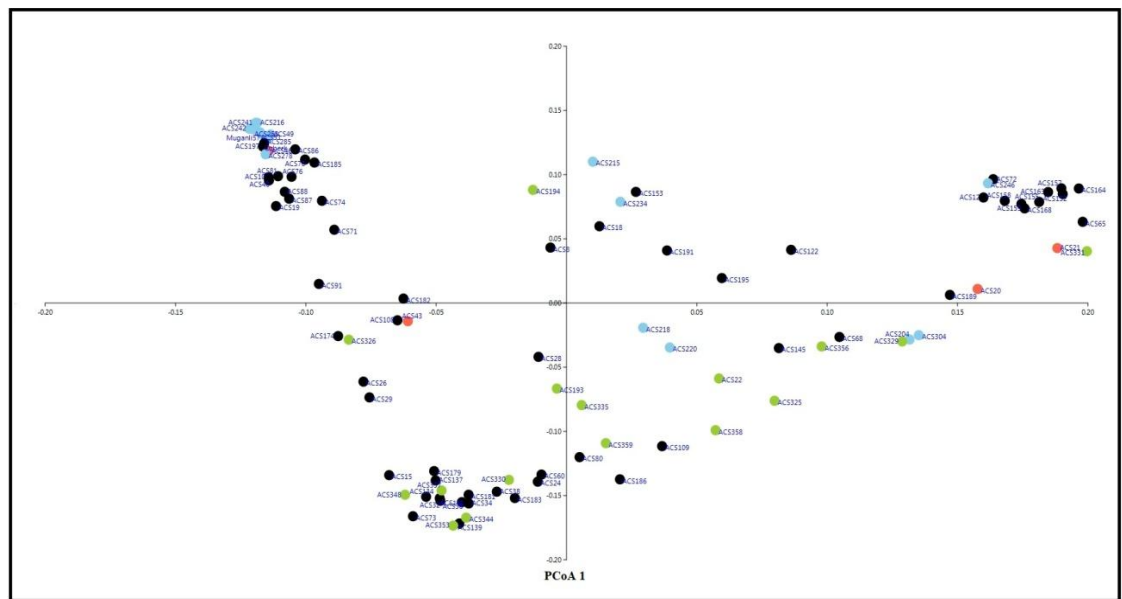
Popülasyonların yapısını göstermek amacıyla 95 susam genotipi için temel koordinat analizi (PCoA) yapılmıştır. Analiz sonucu filogenetik ağaç ile benzer sonuçlar gösterirken; popülasyon yapısını belirlemek üzere kullanılan STRUCTURE analizine paralel bir sonuç göstermemiştir. Genellikle coğrafi konumları yakın ülkelerden toplanan genotipler şemanın benzer (birbirine yakın) bölgelerinde kümelenmiştir (Şekil 4.4). Her kıtayı temsil eden genotipler farklı renklere boyanmıştır (Şekil 4.5). Renk dağılımları incelendiğinde; kırmızı renkler Afrika, siyah renkler Asya, mavi renkler Avrupa, yeşil renkler ise Amerika ülkelerinden köken alan genotipleri temsil etmektedir. Koleksiyonun % 27 PC1 tarafından, %11 PC2 tarafından açıklanmıştır (Çizelge 4.3). Amerika'dan toplanan genotipler farklı gruplara ve kümelere ayrılmıştır. Bununla birlikte bu çalışmada analiz edilen bu genotipler, çoğunlukla Çin kökenli genotipler ile kümelenmiştir. Asya ve Amerika kıtalarının arasında coğrafi bir bağlantı olmamasından dolayı bu bölgelere ait genotiplerin benzer gruplarda kümelenmesi tohumların taşındığı fikrini ortaya koymaktadır. Dossa vd. (2016), Afrika ve Asya'da altı coğrafi bölgeye dağılmış 22 ülkeden toplam 96 susam genotipini 33 polimorfik SSR marker ile genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısını belirlemek için kullandıkları çalışmada elde ettikleri sonuçlardan farklı olarak çoğu genotipin coğrafi kökenlerine göre aynı grupta toplandığını belirtmişlerdir. Cui vd. (2017) 329'u Çin'in kuzey ve güney bölgelerinden, 37'si 11 farklı ülkeden toplanan toplamda 366 susam genotipinde SNP markerleri ile genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısını belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmada Çin'in kuzey ve güney bölgelerinin ve diğer 11 ülke genotiplerinin coğrafi konumlarına göre kümelendiği sonucuna ulaştıklarını belirtmişlerdir.

Çizelge 4.3. PC koordinatı yüzdesel değerleri

Koordinat	Yüzdesel Değer
PC1	27.36
PC2	11.11



Şekil 4.4. Temel koordinat analizi (PCoA) sonucu genotiplerin birbirinden ayrılması



Şekil 4.5. Temel koordinat analizi (PCoA) genotip isimlerine göre dağılış şeması

5. SONUÇLAR

Yürütülen bu yüksek lisans tez çalışması ile daha önceden agro-morfolojik (Yol ve Uzun 2012) ve yağ karakterleri (Yol vd. 2015) bakımından karakterize edilmiş olan Akdeniz susam kor koleksiyonu yeni nesil dizileme yöntemi ile elde edilen 5292 SNP marker ile popülasyon bazında karakterize edilmiştir. Yürütülen analizler sonrasında popülasyon yapısı, alt popülasyonlar arasındaki farklılıklar ve filogenetik ilişkiler ortaya konulmuştur. STRUCTURE ile yapılan analiz ile de toplamda dört kıtadan köken alan genotiplerin 3 ayrı grupta yer aldığı belirlenirken yedi genotipinde karışık grupta yer aldığı belirtilmiştir. Filogenetik ağaç üzerinde orijin temelli sınıflandırma yapıldığında ise net bir ayrışmanın olmadığı gözlenmiştir. Ülkeler arasında genetik materyallerin taşınması, özellikle Türkiye, İran, Afganistan, İsrail gibi ülkelerin birbirlerine çok yakın olması ve bu ülkeler arasında genetik materyal taşınmasının oldukça kolay olması ülkesel bazda farklılıkların ortaya çıkmasını engellemiş olabilir. Filogenetik ağaçta Yunanistan kökenli genotiplerin Türkiye kökenli genotiplerle bir arada olması bu teoriyi kuvvetli şekilde desteklemektedir. Amerika kökenli genotiplerin özellikle Asya kökenli genotipler ile yakınlık göstermesi Asya'dan Amerika'ya uzun yıllar önce genotiplerin taşındığı fikrini ortaya çıkarmaktadır. Ülkesel ve kıtasal bazda net çizgilerin ortaya konulamamasının diğer nedenleri ise susam üzerine bir araştırma kuruluşunun olmaması ve bireysel taşınmaların takip edilememesi olarak gösterilebilir. Genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısının belirlenmesi genetik kaynak seçimine yardımcı olabilir ve melezleme çalışmaları için istenen genotip seçiminde yetiştiricilere destek sağlayabilir (Upadhyaya vd. 2015). Akdeniz susam kor koleksiyonu, yüksek verim (Yol ve Uzun 2012), yüksek yağ içeriği (Yol vd. 2015) ve phyllody dayanıklılığı (Üstün vd. 2017) gibi faydalı özelliklere sahip bir çok genotipi bünyesinde bulundurmaktadır. Çekirdek koleksiyonundaki yürüttüğümüz bu çalışma ebeveyn seçiminde değerli olabilecek olan genotipler arasındaki genetik ilişkileri ortaya koymuştur. Elde edilen tüm bu sonuçlar susamda yeni ilişki analizlerinin yürütülmesi ve sistematik çalışmalarına katkı yapabilecek seviyededir. Ayrıca SNP temelinde birbirinden uzak genotipler yeni melezleme kombinasyonlarının oluşturulmasına fırsat vermektedir.

6. KAYNAKLAR

- Agrama, H. A., and Tuinstra, M. R. 2003. Phylogenetic Diversity and Relationships Among Sorghum Accessions Using Ssrs and Rapds. *Afr. J. Biotechnol*, 2, 334–340. doi: 10.5897/AJB2003.000-1069.
- Al, B. H. A., Migdadi, H. M., Al- Faifi, S. A., Alghamdi, S. S., Muharram, A. A., Mohammed, N. A., Refay, Y. A. 2017. Assessment of Genetic Diversity of Sesame Accessions Collected from Different Ecological Regions Using Sequence-Related Amplified Polymorphism Markers. *3 Biotech*, 7(1): 82.
- Al- Somain, B. H. A., Migdadi, H. M., Al-Faifi, S. A., Alghamdi, S. S., Muharram, A. A., Mohammed, N. A., Refay, Y. A. 2017 Assessment of Genetic Diversity of Sesame Accessions Collected from Different Ecological Regions Using Sequence-Related Amplified Polymorphism Markers. *3 Biotech*, 7:82 doi: 10.1007/s13205-017-0680-2.
- Ashri, A. 2007. Sesame (*Sesamum indicum* L.). In: R.J. Singh (Editor). Genetics Resources, Chromosome Engineering and Crop Improvement. Vol.4, Oilseed Crops, CRC Press. Florida, pp. 231-289.
- Ashri, A. 1989. Oil Crops of The World: Their Breeding and Utilization. In: G. Göbbelen. R.K. Downey. A. Ashri (Editors). Mc Graw-Hill Pub. Company. USA, pp. 522.
- Atakişi İ. K. 1999 Yağ Bitkileri Yetiştirme ve Islahı. Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Yayınları: 148, Ders Kitabı, Tekirdağ, 177 s.
- Baydar, H. 2005. Susamda (*Sesamum indicum* L.) Verim, Yağ, Oleik ve Linoleik Tipi Hatların Tarımsal ve Teknolojik Özellikleri. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 18(2): 267-272.
- Baydar, H., Turgut, İ. 2000. Susam (*Sesamum indicum* L.) Genetiği ve Islahı Üzerinde Araştırmalar, I. Bitki Tipini Belirleyen Özelliklerin Kalıtımı. *Turkish Journal of Biology*, 24:3:503-512.
- Baydar, H., Turgut, I. and Turgut, K. 1999. Variation of Certain Characters and Line Selection for Yield, Oil, Oleic and Linoleic Acids in The Turkish Sesame 67 (*Sesamum indicum* L.) Populations. *Turkish Journal of Agriculture Forestry*, 23: 431-441.
- Bedigian, D. 2003. Evolution of Sesame Revisited, Domestication, Diversity and Prospects. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50: 779-787.
- Bedigian, D., Seigler, D. S. and Harlan, J. R. 1985. Sesamin, Sesamol and The Origin of Sesame. *Biochemical Systematics Ecology*, 13: 133-139.
- Chen, P. R., Chien, K. L., Su, T. C., Chang, C. J., Liu, T. L., Cheng, H. and Tsai, C. 2005. Dietary Sesame Reduces Serum Cholesterol and Enhances Antioxidant Capacity in Hypercholesterolemia. *Nutrition Research*, 25: 559-567.
- Cho, Y., Park, J. H., Lee, C. W., Ra, W. H., Chung, J. W., Lee J. R., Ma, K. H., Lee, S. Y., Lee, K. S., Lee, M. C., Park, Y. J. 2010. Evaluation of The Genetic Diversity and Population Structure of Sesame (*Sesamum indicum* L.) Using Microsatellite Markers. *Genes & Genomics*, 33: 187-195.

- Costa, F. T., Neto, S. M., Bloch, J. R. and Franco, O. L. 2007. Susceptibility of Human Pathogenic Bacteria to Antimicrobial Peptides from Sesame Kernels. *Current Microbiology*, 55: 162-166.
- Cui, C., Mei, H., Liu, Y., Zhang, H. and Zheng Y. 2017. Genetic Diversity, Population Structure, and Linkage Disequilibrium of an Association-Mapping Panel Revealed by Genome-Wide SNP Markers in Sesame. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1189.
- Dar, A. A., Mudigunda, S., Mittal, P. K. and Arumuga, N. 2017. Comparative Assessment of Genetic Diversity in *Sesamum indicum* L. Using RAPD and SSR Markers. *3 Biotech*, 7:10. doi: 10.1007/s13205-016-0578-4.
- Dossa, K., Wei, X., Yanxin Zhang, Y., Fonceka, D., Yang, W., Diouf, D., Lia, B., Cissé, N. and Zhang X. 2016. Analysis of Genetic Diversity and Population Structure of Sesame Accessions from Africa and Asia as Major Centers of Its Cultivation. *Genes*, 7:14. doi: 10.3390/genes7040014.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1990. A Rapid Total DNA Preparation Procedure for Fresh Plant Tissue. *Focus*, 12, 13–15.
- Earl, D. A. and vonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: A Website and Program For Visualizing STRUCTURE Output and Implementing The Evanno Method. *Conserv Genet Resour*, 4:359–361.
- Ercan, A. G., Taşkın, M., Turgut, K. 2004. Analysis of Genetic Diversity in Turkish Sesame (*Sesamum indicum* L.) Populations Using RAPD Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51 (6): 599-607.
- Evanno, G., Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting The Number of Clusters of Individuals Using The Software STRUCTURE: A Simulation Study. *Mol Ecol Resources*, 14:2611–2620.
- Excoffier, L. and Lischer, H. 2010. Arlequin Suite Ver 3.5: A New Series of Programs To Perform Population Genetics Analyses Under Linux and Windows. *Mol Ecol Resources*, 10: 564–567.
- FAO (Food and Agriculture Organization) 2017. FAOSTAT. [2019-02-13]. <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>
- Frank, J. 2005. Beyond Vitamin E Supplementation: An Alternative. Strategy to Improve Vitamin E Status. *Journal of Plant Physiology*, 162: 834-843.
- Fu, Y. B., Cheng, B., Peterson, W. G. 2014. Genetic Diversity Analysis of Yellow Mustard (*Sinapis alba* L.) Germplasm Based On Genotyping By Sequencing. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 61: 579-594.
- Glaubitz, J. C., Casstevens, T. M., Lu, F., Harriman, J., Elshire, R. J., Sun, Q. and Buckler, E. S. 2014. TASSEL-GBS: A High Capacity Genotyping By Sequencing Analysis Pipeline. *Plos One*, doi: 10.1371/s0090346.
- Gupta, P. K., Rustgi, S., Sharma, S., Singh, R., Kumar, N., and Balyan H. S. 2003. Transferable EST-SSR Markers For The Study of Polymorphism and Genetic

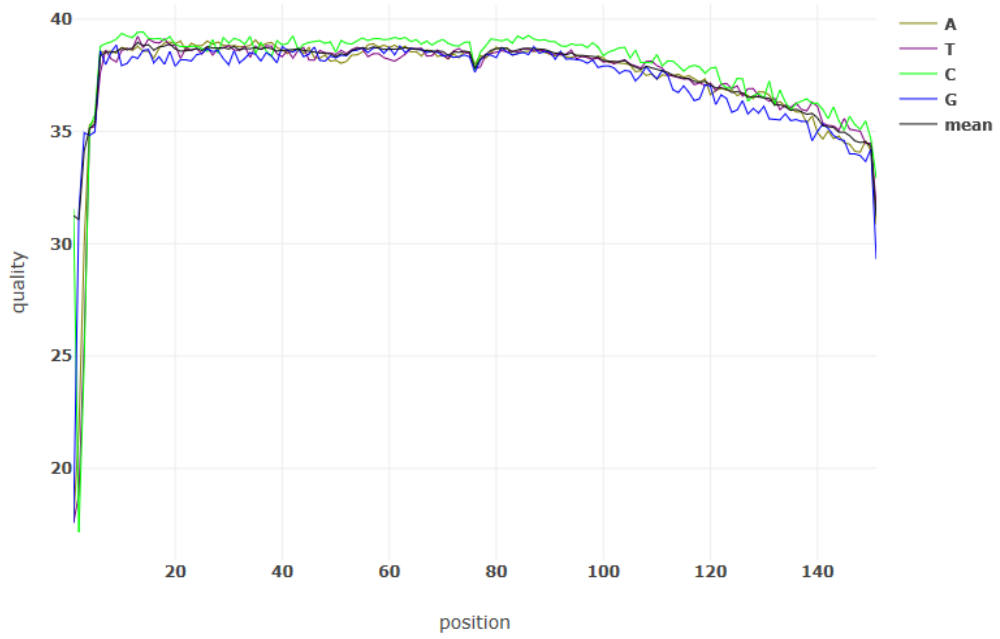
- Diversity In Bread Wheat. *Mol. Genet. Genomic*, doi: 10.1007/s00438-003-0921-4.
- Hernan, E. and Laurentin, T. 2007. Genetic Diversity in Sesame (*Sesamum indicum* L.): Molecular Markers, Metabolic Profiles and Effect of Plant Extracts on Soil-Borne Pathogenic Fungi. Ph.D. Thesis, Georg-August-University, Göttingen, 107 p.
- Hess, D.E. and Dodo, H. 2004. Potential for Sesame to Contribute to Integrated Control of Striga Hermonthica in The West African Sahel. *Crop Protection*, 23: 515-522.
- Holton, T.A., J. T. Christopher, L. McClure, N. Harker, and R.J. Henry. 2002. Identification and Mapping of Polymorphic SSR Markers from Expressed Gene Sequences of Barley and Wheat. *Mol. Breeding*, doi: 10.1023/A:1026785207878.
- Jaiswal, V., Gupta, S., Gahlaut, V., Muthamilarasan, M., Bandyopadhyay, T., Ramchiary, N. and Prasad M. 2019. Genome-Wide Association Study of Major Agronomic Traits in Foxtail Millet (*Setaria italica* L.) Using ddRAD Sequencing. *Scientific Reports*, doi: 10.1038/s41598-019-41602-6.
- Johnson, L.A., Suleiman, T.M. and Lusas, E.W. 1979. Sesame Protein: A Review and Prospectus. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 56: 463-468.
- Kapadia, G.J., Azuine, M.A., Tokuda, H., Takasaki, M., Mukainaka, T., Konoshima, T. and Nishino, H. 2002. Chemopreventive Effect of Resveratrol, Sesamol, Sesame Oil and Sunflower Oil in The Epstein-Barr Virus Early Antigen Activation Assay and The Mouse Skin Two-Stage Carcinogenesis. *Pharmacological Research*, 45: 500-505.
- Kaur, I.P. and Saini, A. 2000. Sesamol Exhibits Antimutagenic Activity Against Oxygen Species Mediated Mutagenicity. *Mutation Research*, 470: 71-76.
- Kobayashi, F. 2016. Characterization of A Mini Core Collection of Japanese Wheat Varieties Using Single-Nucleotide Polymorphisms Generated by Genotyping-by-Sequencing. *Breeding Science*, 66:213-225.
- Kobayashi, T. 1981. The Type Classification of Cultivated Sesame Based on Genetic Characters. *FAO Plant Production and Protection Paper*, 29: 86-89.
- Kumar, A., Sharma, D., Tiwari, A., Jaiswal, J.P., Singh, N.K. and Sood, S. 2016. Genotyping-by-Sequencing Analysis for Determining Population Structure of Finger Millet Germplasm of Diverse Origins. *Plant Genome*, doi: 10.3835/plantgenome2015.07.0058.
- Langmead, B., and Salzberg, S. L. 2012. Fast Gapped-Read Alignment With Bowtie 2. *Nature Methods*, doi: 10.1038/nmeth.1923.
- Laurentin, H. and Karlovsky, P. 2007. AFLP Fingerprinting of Sesame (*Sesamum indicum* L.) Cultivars: Identification, Genetic Relationship and Comparison of AFLP Informativeness Parameters. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54:1437-1446.
- Laurentin, H. and Karlovsky, P. 2006. Genetic Relationship and Diversity in A Sesame (*Sesamum indicum* L.) Germplasm Collection Using Amplified

- Fragment Length Polymorphism (AFLP). *BMC Genetics*, doi: 10.1186/1471-2156-7-10.
- Marrano, A., Birolo, G., Prazzoli, M.L., Lorenzi, S., Valle, G., Grando, M.S. 2017. SNP-Discovery by RAD-Sequencing in A Germplasm Collection of Wild and Cultivated Grapevines (*V. vinifera* L.). *Plos One*, 12: e0170655.
- Mohammadi, S. A., and Prasanna, B. M. 2003. Analysis of genetic diversity incrop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, doi: 10.2135/cropsci2003.1235.
- Pandey, S. K., Das, A., Rai, P. and Dasgupta, T. 2015. Morphological and Genetic Diversity Assessment of Sesame (*Sesamum indicum* L.) Accessions Differing in Origin. *Physiol Mol Biol Plants*, doi: 10.1007/s12298-015-0322-2.
- Park, J. H., Suresh, S., Cho, G. T., Choi, N. G., Baek, H. J., Lee, C. W. and Chung, J. W. 2013. Assessment of Molecular Genetic Diversity and Population Structure of Sesame (*Sesamum indicum* L.) Core Collection Accessions Using Simple Sequence Repeat Markers. *Plant Genetic Resources* doi: 10.21475/ajcs.19.13.01.p1157.
- Pham, T. D., Bui, T. M., Werlemark, G., Bui, T. C., Merker, A. and Carlsson, A. S. 2009. A Study of Genetic Diversity of Sesame (*Sesamum indicum* L.) in Vietnam and Cambodia Estimated by RAPD Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, doi: 10.1007/s10722-008-9393-z.
- Prabarakan, A. J. 1996. Genetic Diversity of Wild Sesame from Southern India. *Plant Genetic Resource Newsletter*, 106: 44-46.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. Inference of Population Genetic Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155:945–959.
- Roy, S. C., Moitra, K. and De Sarker. D. 2017. Assessment of Genetic Diversity Among Four Orchids Based on ddRAD Sequencing Data for Conservation Purposes. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 23(1):169–183.
- Ryu, S.N., Kim, K.S. and Kang, S.S. 2003. Growth Inhibitory Effects of Sesamolin from Sesame Seeds on Human Leukemia HL-60 Cells. *Korean Journal of Pharmacognosy*, 34: 237-241.
- Singh, K. M., Kumar, D. B., Dey Surjendu Kumar, D. S. and Manorama. 2015. Assessment of Genetic Diversity Among Indian Sesame (*Sesamum indicum* L.) Accessions using RAPD, ISSR and SSR Markers. *Research Journal of Biotechnology*, Vol. 10 (8).
- Sharma, S.N., Kumar V. and Mathur S., 2009. Comparative Analysis of RAPD and ISSR Markers for Characterization of Sesame (*Sesamum indicum* L) Genotypes. *J. Plant Biochemistry & Biotechnology*, 18(1):37–43.
- Smith, J.S.C., S. Kresovich, M.S. Hopkins, S.E. Mitchell, R.E. Dean, W.L. Woodman, M. Lee, and K. Porter. 2000. Genetic Diversity Among Elite Sorghum Inbred Lines Assessed With Simple Sequence Repeats. *Crop Scientific*, doi: 10.2135/cropsci2000.401226.

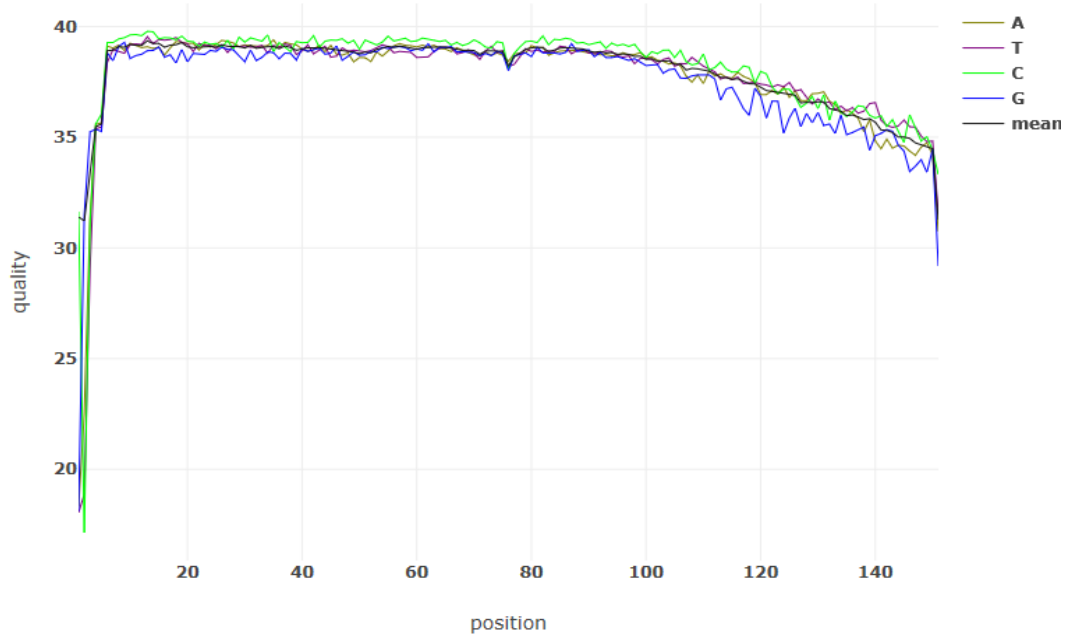
- Soorni, A., Fatahi, R., Haak, D.C., Salami, S.A. and Bombarely, A. 2017. Assesment of Genetik Diversity and Population Structure in Iranian Cannabis Germplasm. *Scientific Reports*, doi: 10.1038/s41598-017-15816-5.
- Surapaneni, M., Yepuri V., Vemireddy, L. R., Ghanta, A. and Siddiq E. A. 2014. Development and Characterization of Microsatellite Markers in Indian Sesame (*Sesamum indicum* L.). *Mol Breeding*, 34:1185–1200.
- Şahin, G. 2014. Türkiye’de Üretimi Azalan Önemli Bir Yağ Bitkisi Susam. *İnsan ve Toplum Bilimleri Araştırmaları Dergisi* Cilt.3, Sayı: 2.
- Thiel, T., W. Michalek, R.K. Varshney, and A. Graner. 2003. Exploiting EST Database for The Development and Characterization of Gene Derived SSR Markers in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genetic*, 106:411–422.
- Uncu, A. O., Frary, A., Karlovsky, P. and Doganlar, S. 2016. High-Throughput Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Identification and Mapping in The Sesame (*Sesamum indicum* L.) Genome With Genotyping by Sequencing (GBS) Analysis. *Mol Breeding*, doi: 10.1007/s11032-016-0604-6.
- Upadhyaya, H. D., Vetriventhan, M., Deshpande, S. P., Sivasubramani, S., Wallace, J. G., Buckler, E. S., Hash, C. T., and Ramu, P. 2015. Population Genetics and Structure of A Global Foxtail Millet Germplasm Collection. *Plant Genome*, 8, 1–13.
- Ustun, R., Yol, E., Ikten, C., Catal, M., and Uzun, B. 2017. Screening, Selection and Real-Time Qpcr Validation For Phytoplasma Resistance In Sesame (*Sesamum indicum* L.). *Euphytica*, 213: 159.
- Uzun, B., Arslan, Ç., Karhan, M. and Toker, C. 2007. Fat and Fatty Acids of The White Lupin (*Lupinus albus* L.) in Comparison to Sesame (*Sesamum indicum* L.). *Food Chemistry*, 102: 45-49.
- Uzun, B., Arslan, Ç. and Furat, S. 2008. Variation in Fatty Acid Compositions. Oil Content and Oil Yield in A Germplasm Collection of Sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of the American Oil Chemist’s Society*, 85: 1135-1142.
- TUİK (Türkiye İstatistik Kurumu). 2018. [2019-03-25]. <http://tuik.gov.tr/Start.do>
- Yol, E., Toker, R., Golukcu, M., and Uzun, B. 2015. Oil Content and Fatty Acid Characteristics In Mediterranean Sesame Core Collection. *Crop Sci.* 55, 2177–2185.
- Yol, E., and Uzun, B. 2012. Geographical Patterns of Sesame (*Sesamum Indicum* L.) Accessions Grown Under Mediterranean Environmental Conditions, and Establishment of A Core Collection. *Crop Scientific*, doi: 10.2135/cropsci2011.07.0355.
- Yol, E., 2012. Dünya Susam Koleksiyonunun Agro-Morfolojik ve Kalite Özellikleri Bakımından Karakterizasyonu Ve Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi üzerine bir araştırma. Doktora tezi, Akdeniz Üniversitesi, Antalya, 89 s.
- Yoshida, H. and Takagi, S. 1997. Effects of Seed Roasting Temperature and Time on Quality Characteristics of Sesame (*Sesamum indicum* L.) Oil. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 75: 19-26.

- Zheng, Z., Sun, Z., Fang, Y., Qi, F., Liu, H., Miao, L., Du, P., Shi, L., Gao, W., Han, S., Dong, W., Tang, F., Cheng, F., Hu, H., Huang, B. and Zhang, X. 2018. Genetic Diversity, Population Structure and Botanical Variety of 320 Global Peanut Accessions Revealed Through Tunable Genotyping-by-Sequencing. *Scientific Reports*, 8:14500.
- Wang, L., Xia, Q., Zhang, Y., Zhu, X., Zhu, X., Li, D., Ni, X., Gao, Y., Xiang, H., Wei, X., Yu, J., Quan, Z. and Zhang, X. 2016. Updated Sesame Genome Assembly and Fine Mapping of Plant Height and Seed Coat Color Qtls Using A New High-Density Genetic Map. *BMC Genomics*, doi: 10.1186/s12864-015-2316-4.
- Wei, X., Wang, L., Zhang, Y., Qi, X., Wang, X., Ding, X., Zhang, J. and Zhang X. 2014. Development of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers of Sesame (*Sesamum indicum* L.) From A Genome Survey. *Molecules*, 19: 5150–5162.
- Wu, K., Yang, M., Liu, H., Tao, Y., Mei, J. and Zhao, Y. 2014. Genetic Analysis and Molecular Characterization of Chinese Sesame (*Sesamum indicum* L.) Cultivars Using Insertion-Deletion (InDel) and Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. *BMC Genetics*, 15(1):35.
- Wu, W.H., Kang, Y.P., Wang, N.H., Jou, H.J. and Wang, T.A. 2006. Sesame Ingestion Affects Sex Hormones, Antioxidant Status and Blood Lipids in Postmenopausal Women. *Journal of Nutrition*, 136: 1270-1275.

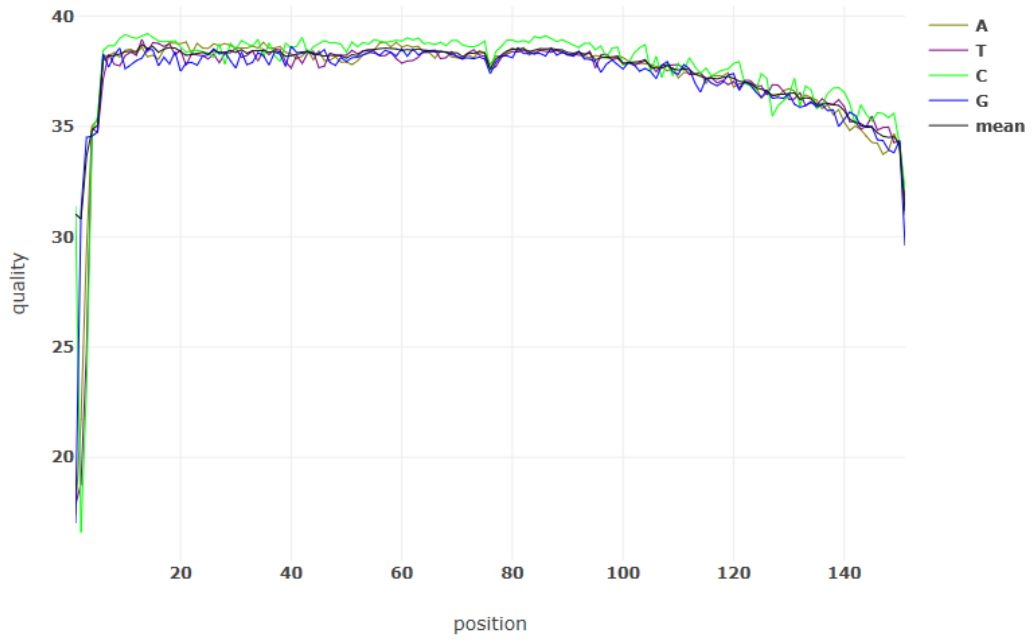
7. EKLER



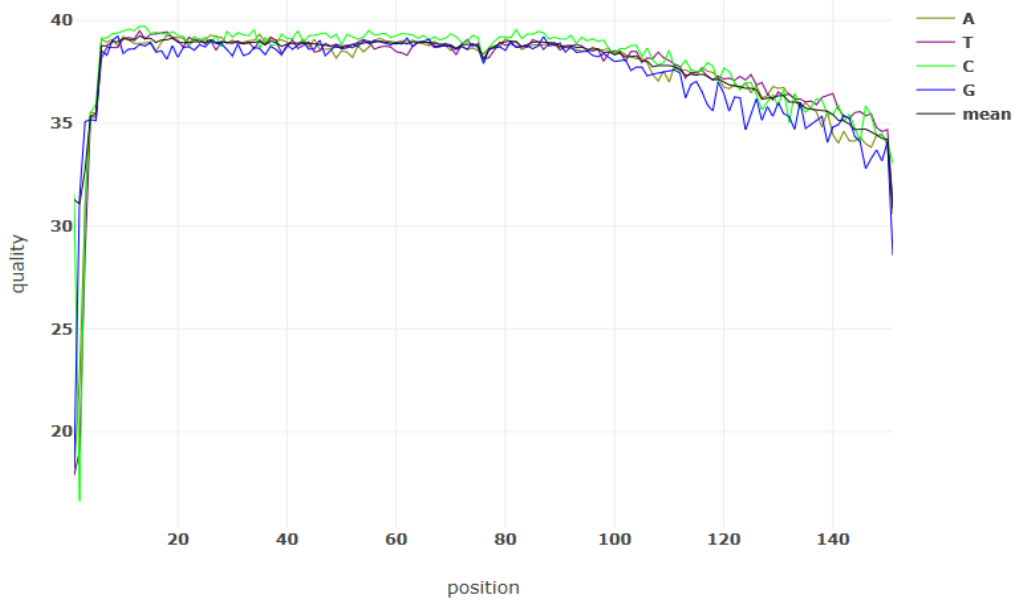
ACS 8



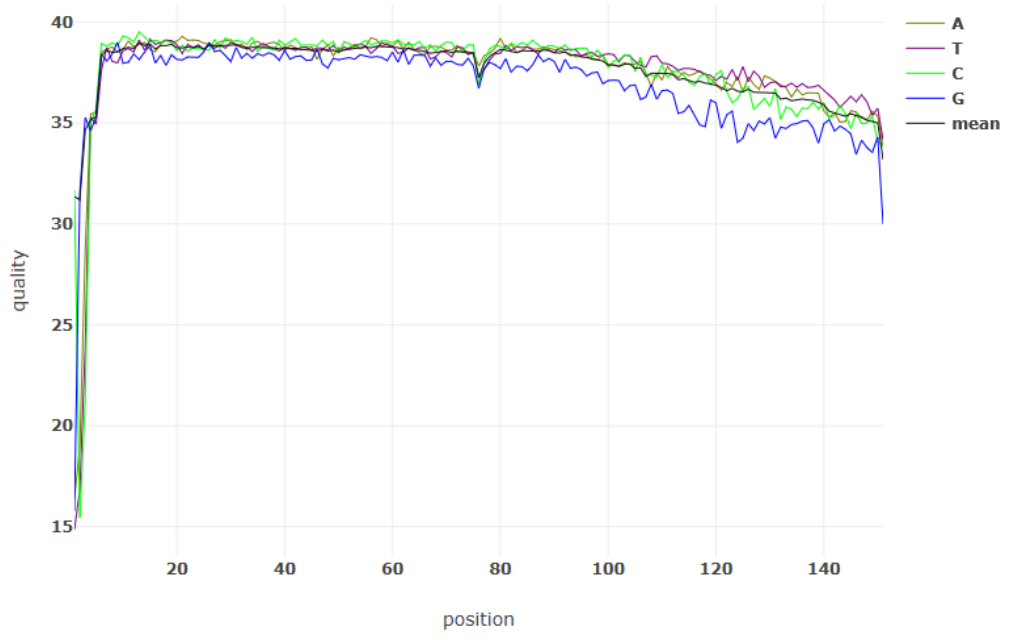
ACS 10



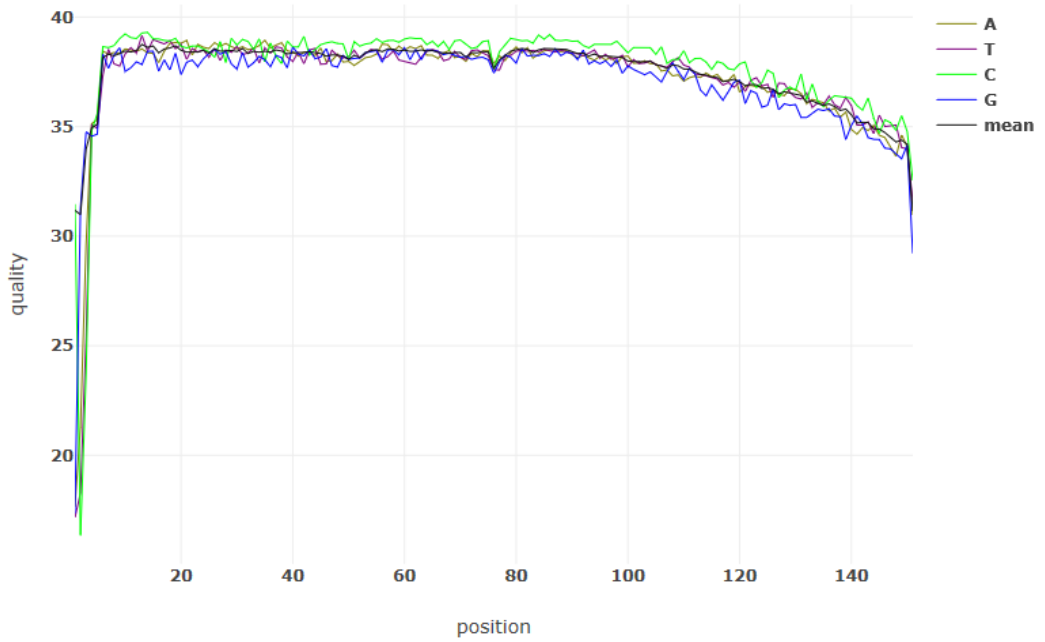
ACS 12



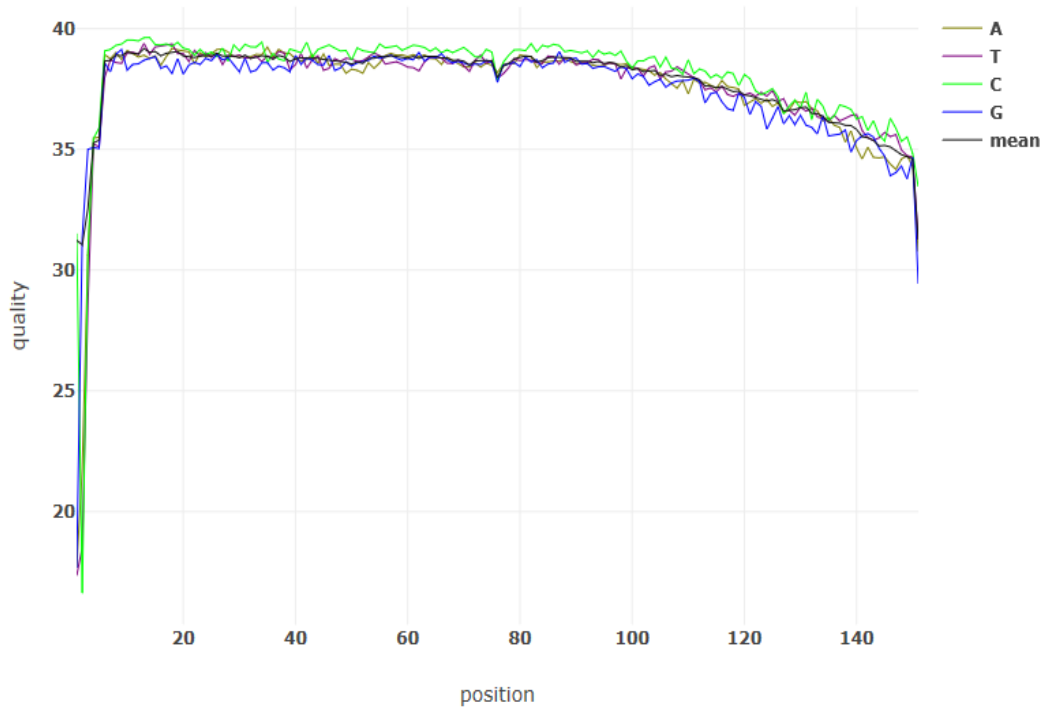
ACS 15



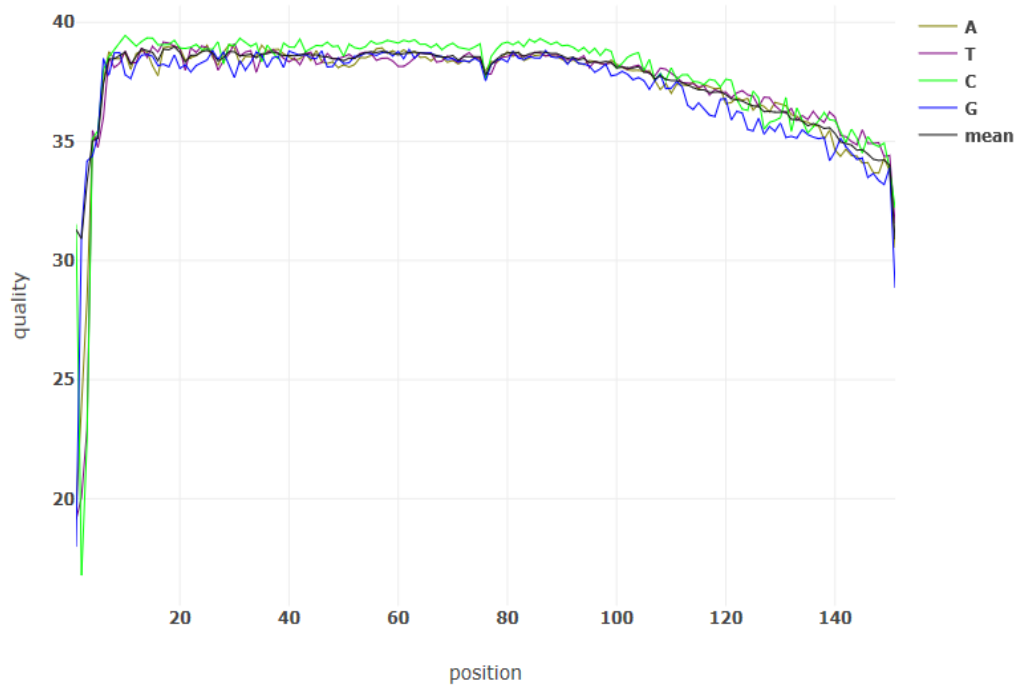
ACS 18



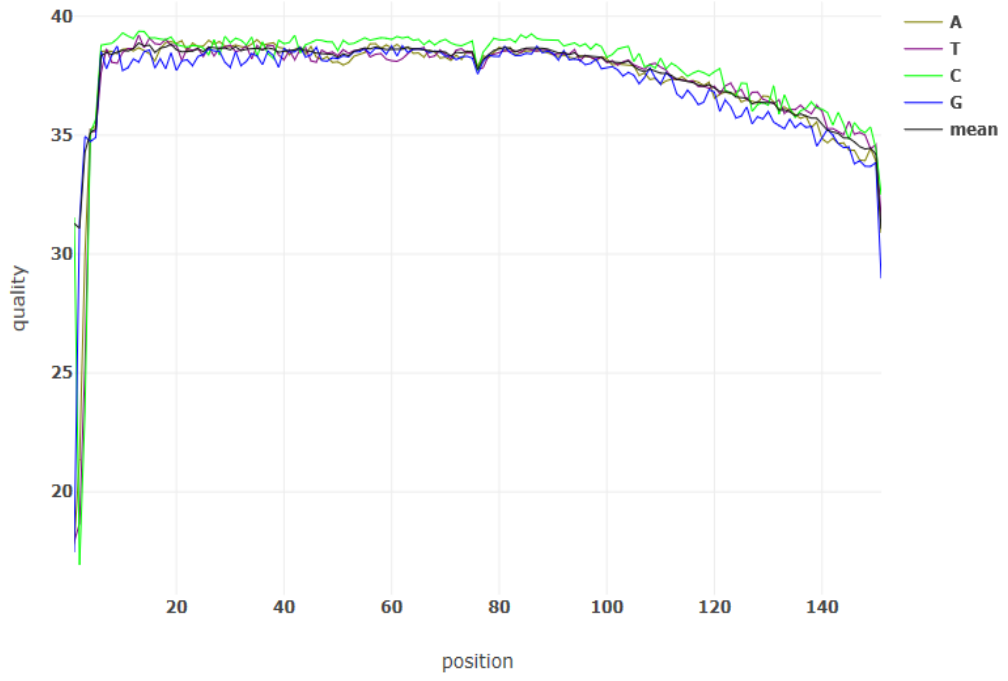
ACS 19



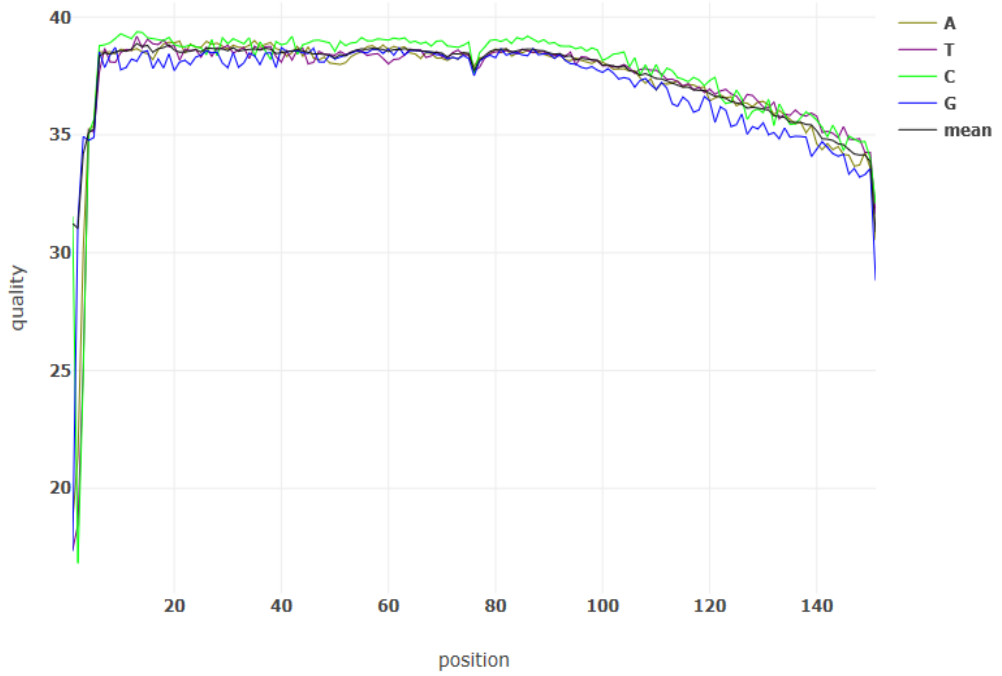
ACS 20



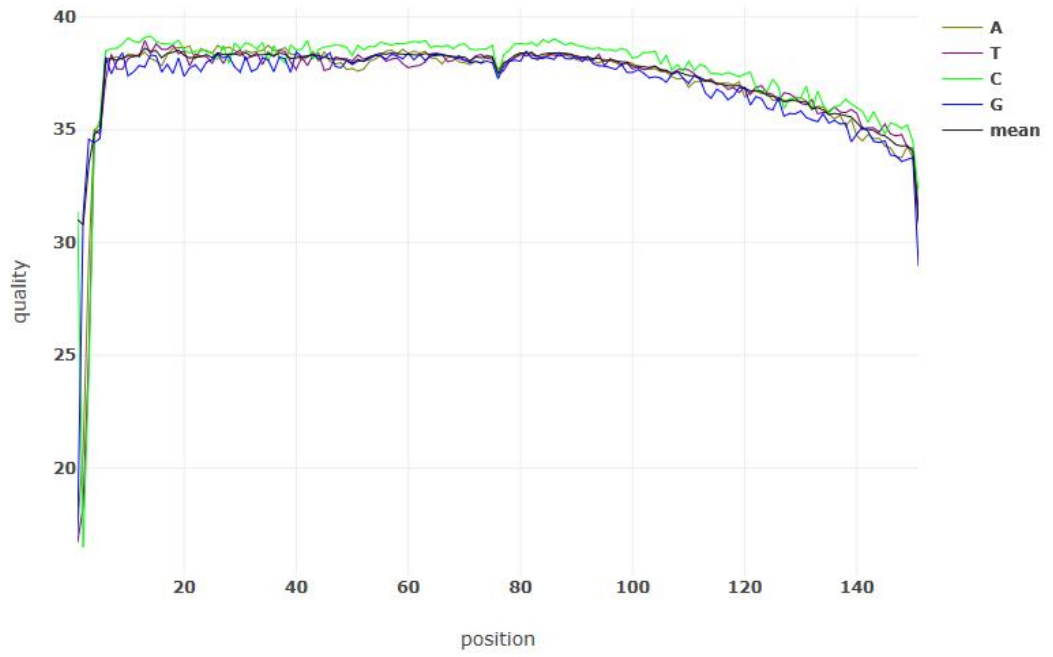
ACS 21



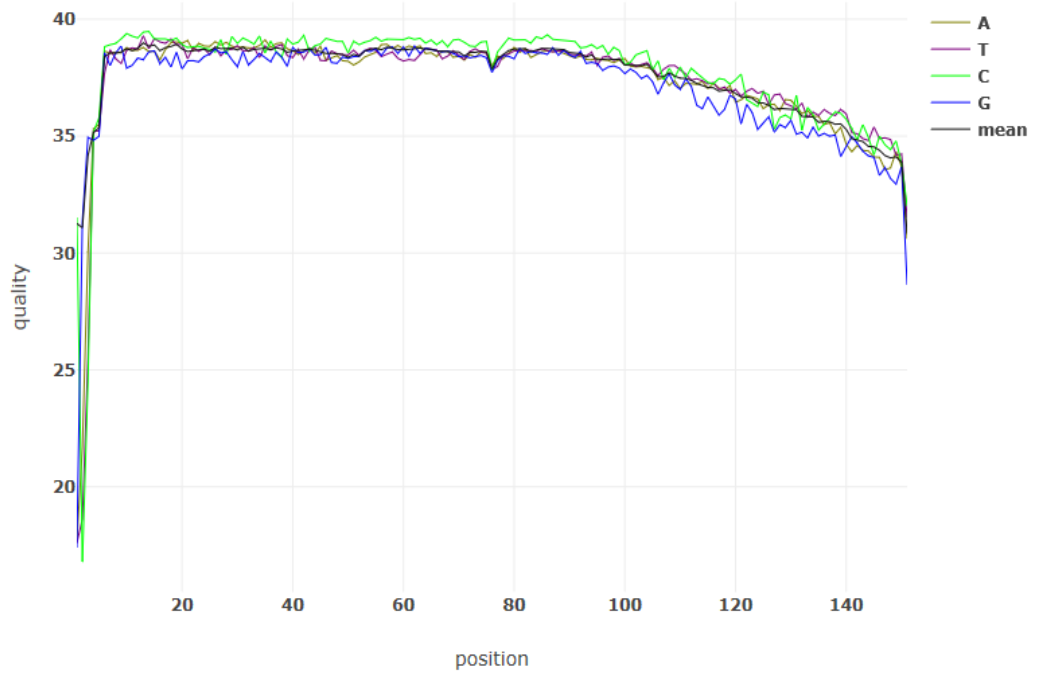
ACS 22



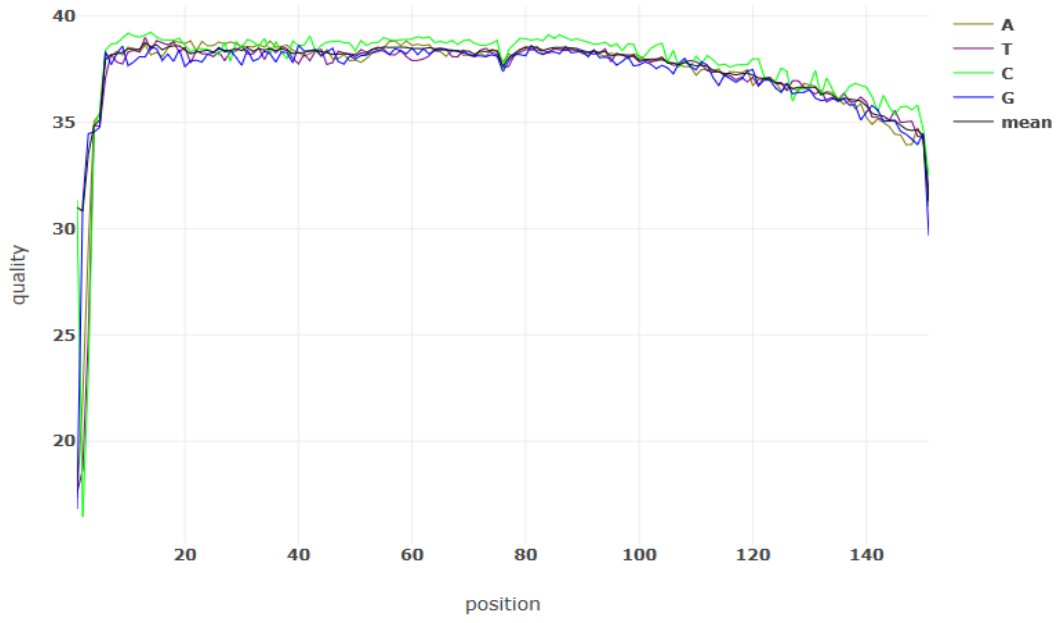
ACS 24



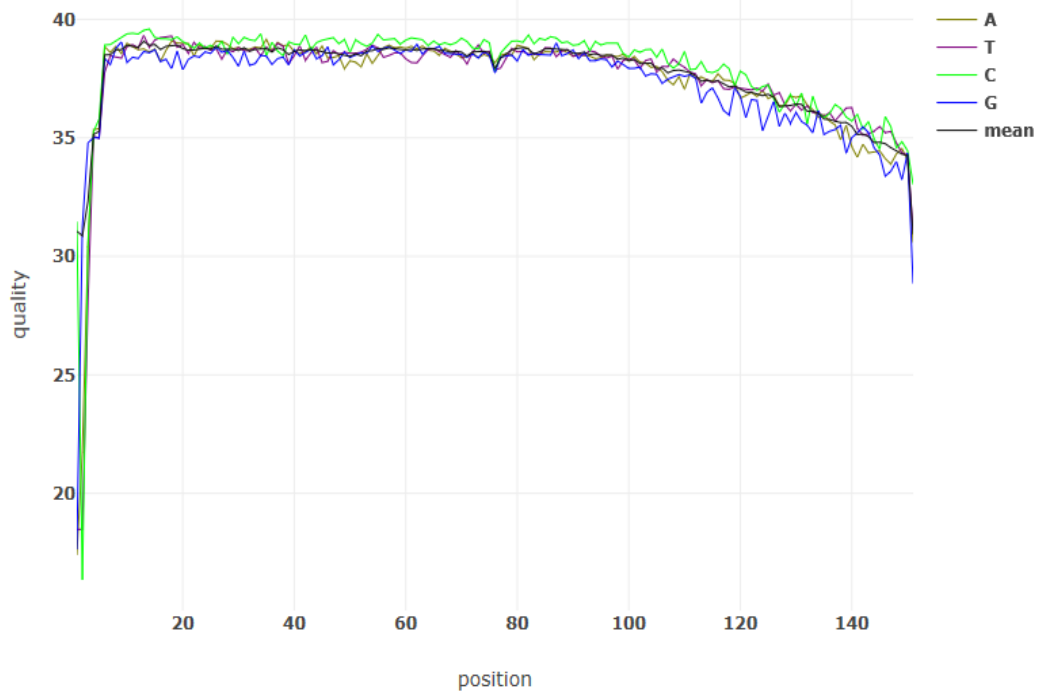
ACS 26



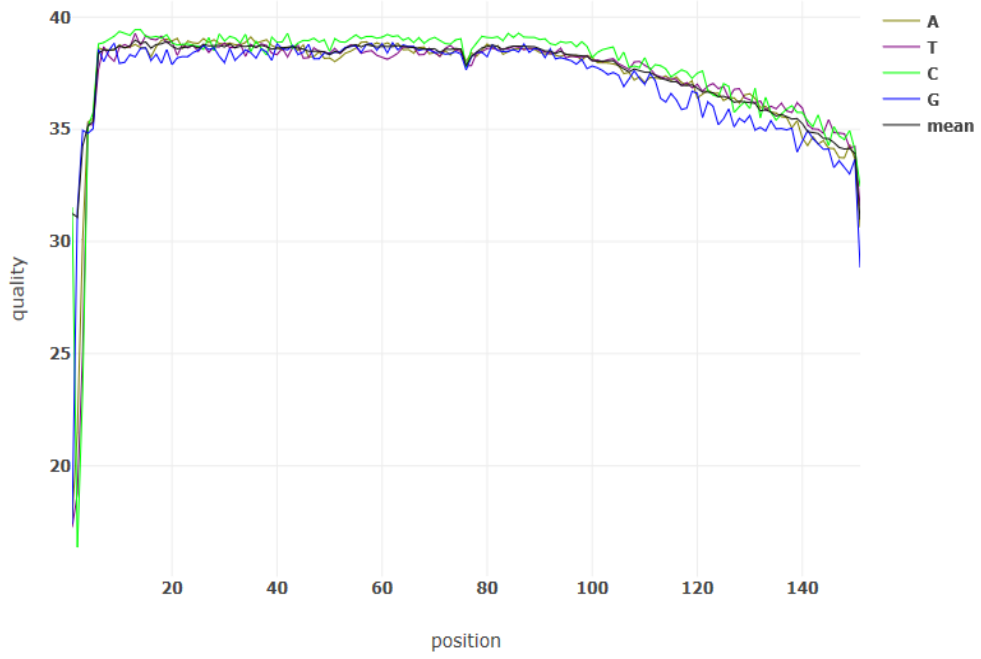
ACS 28



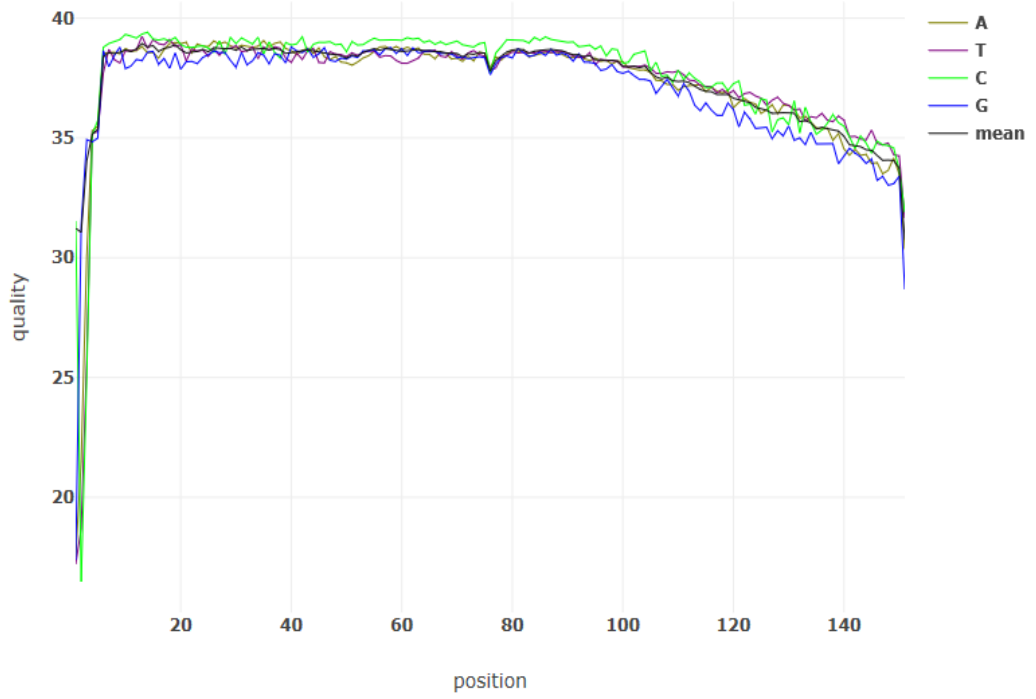
ACS 29



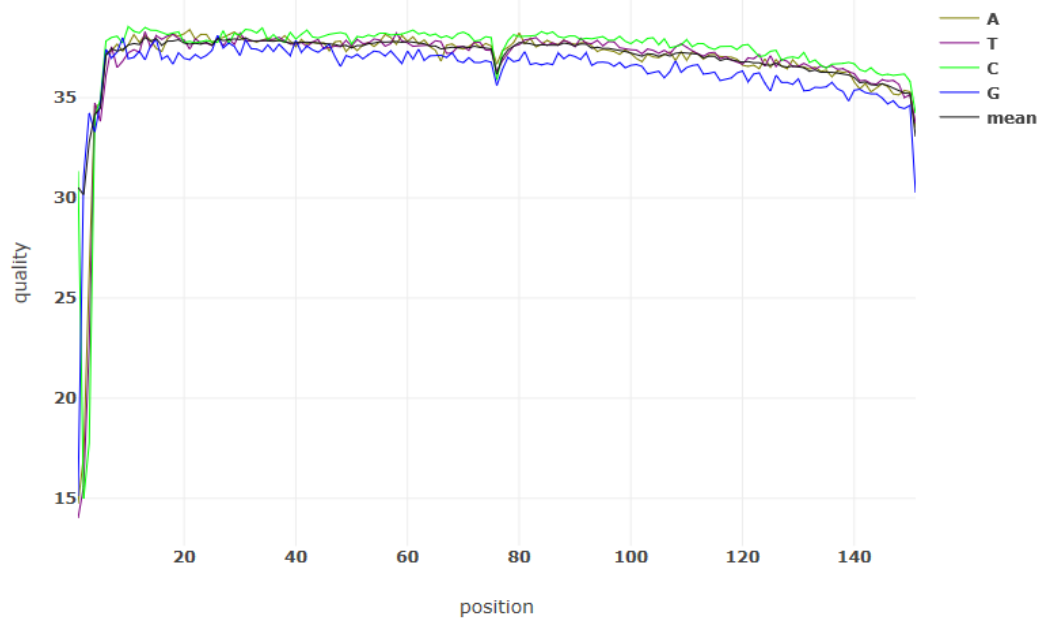
ACS 32



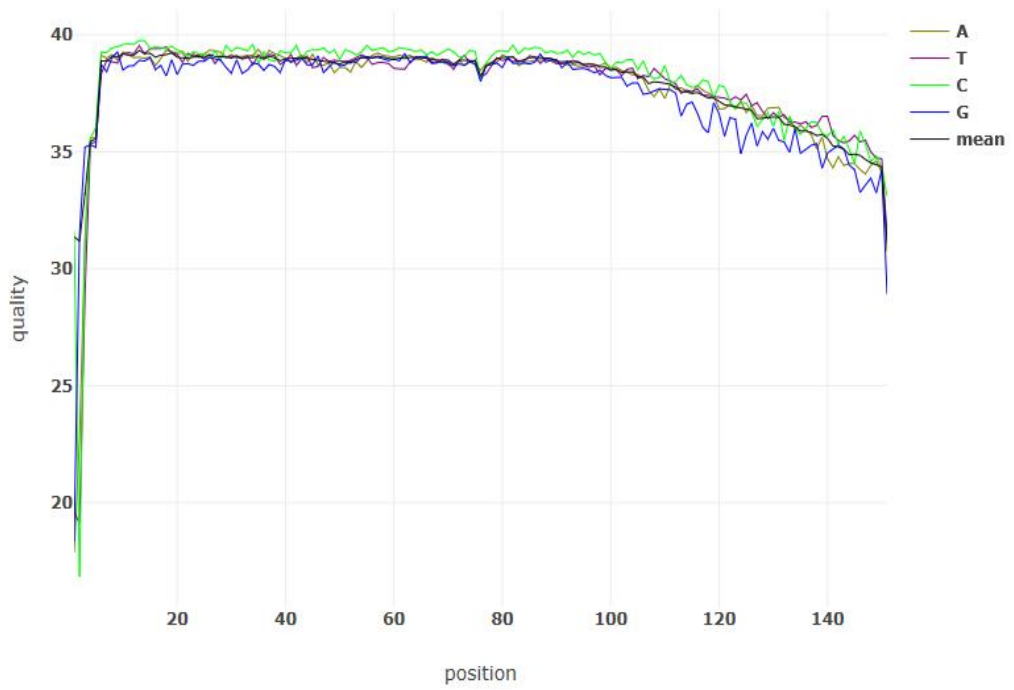
ACS 34



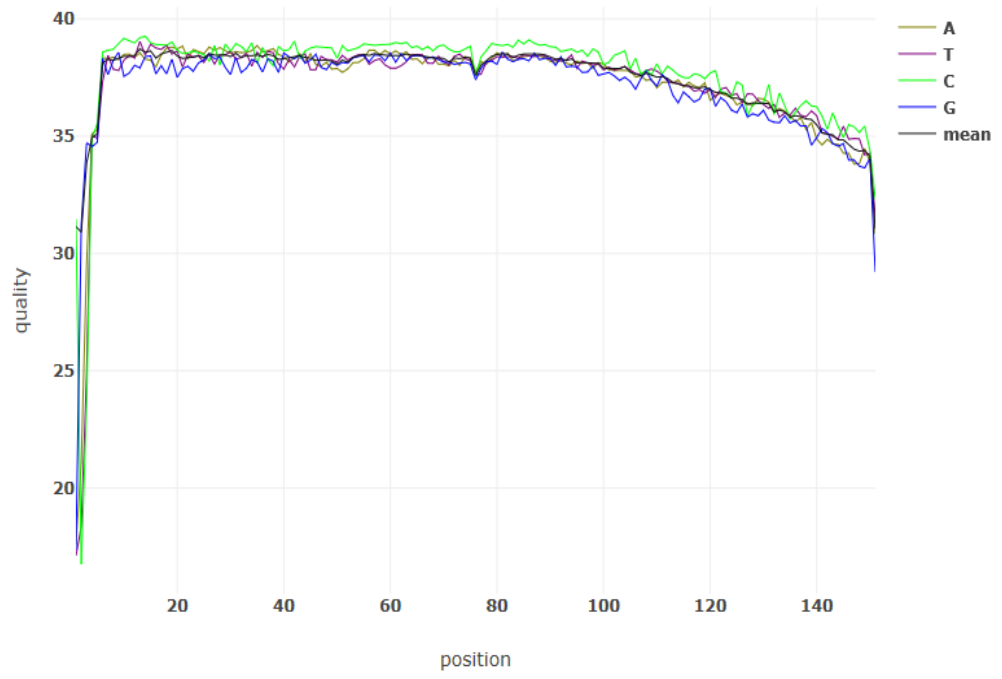
ACS 36



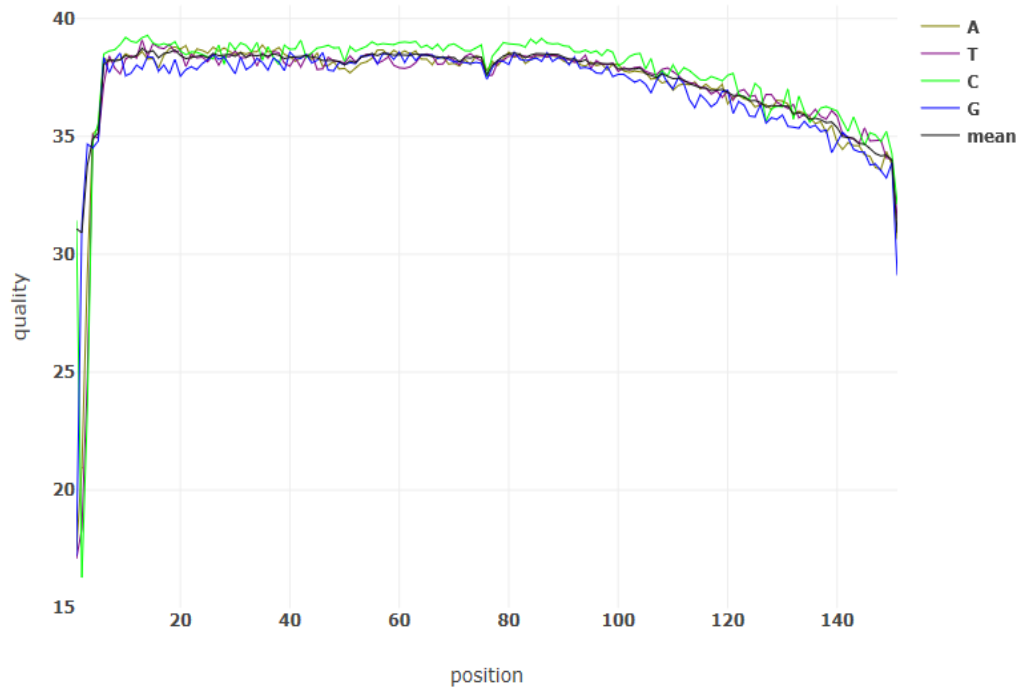
ACS 38



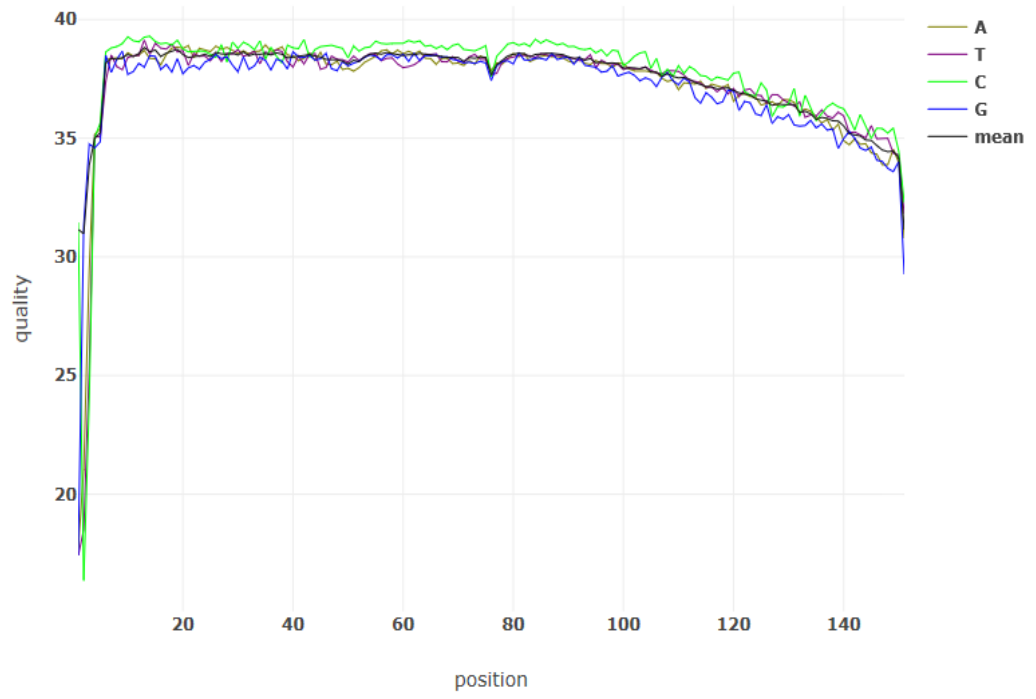
ACS 40



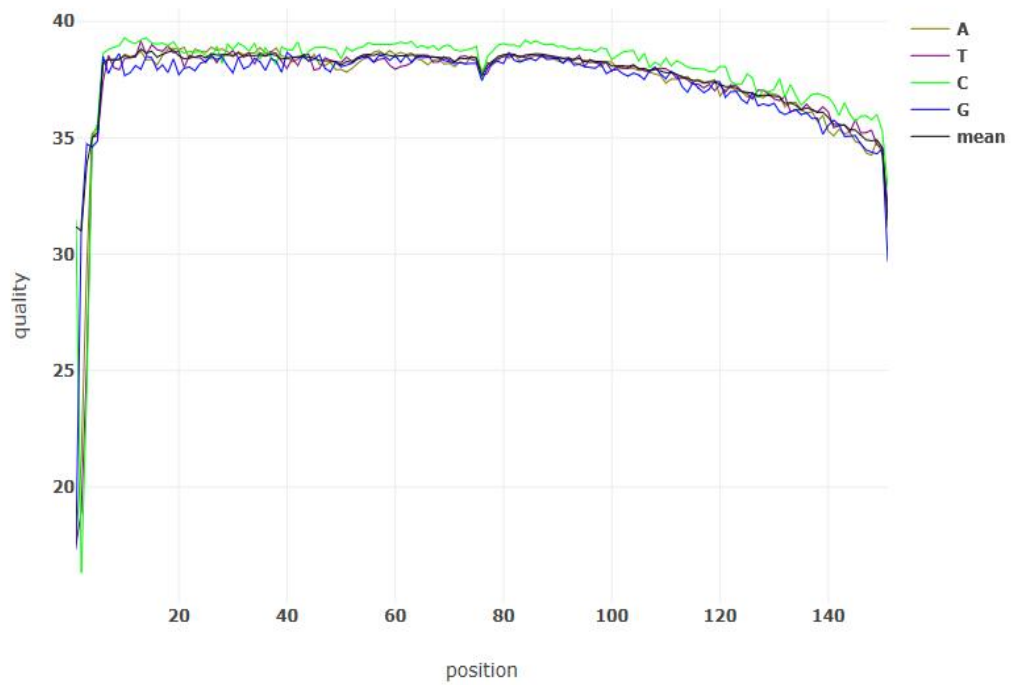
ACS 43



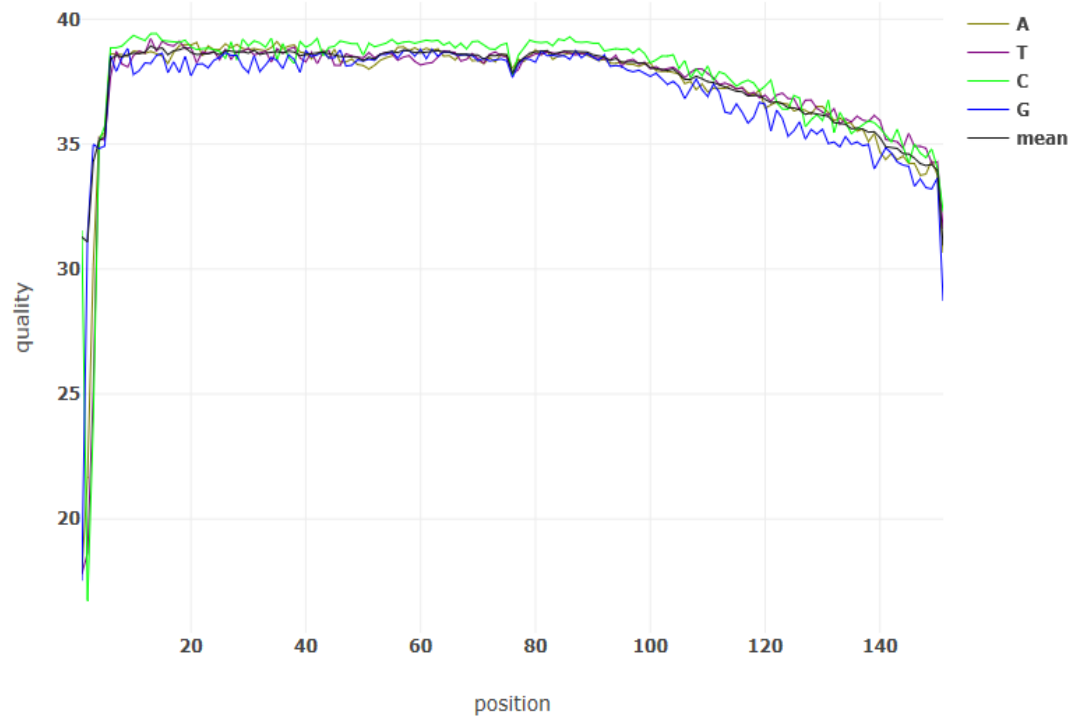
ACS 46



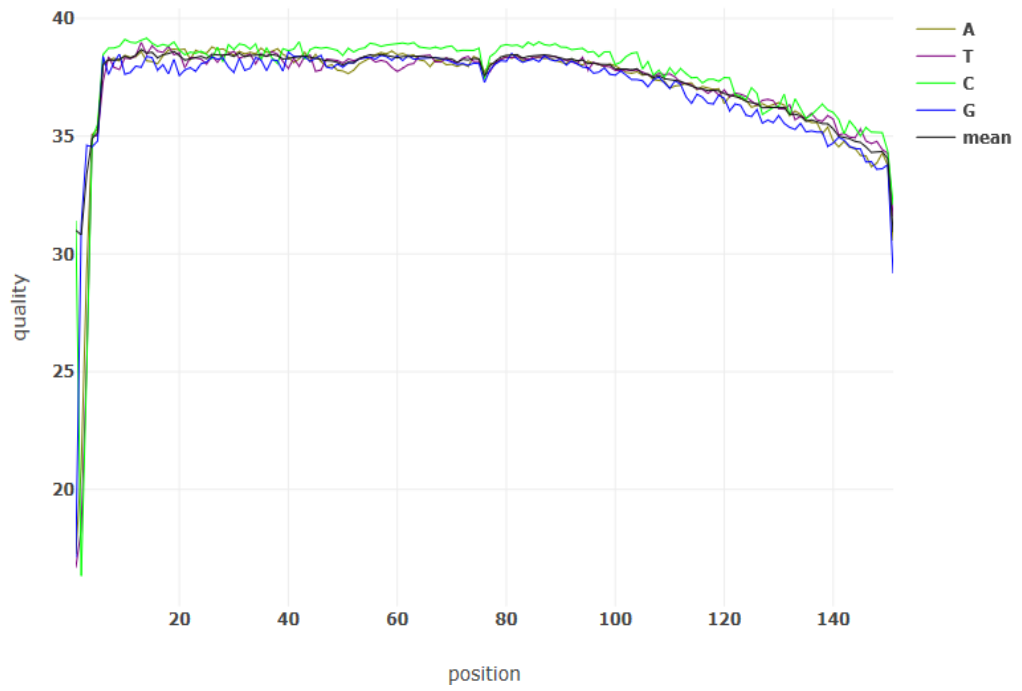
ACS 49



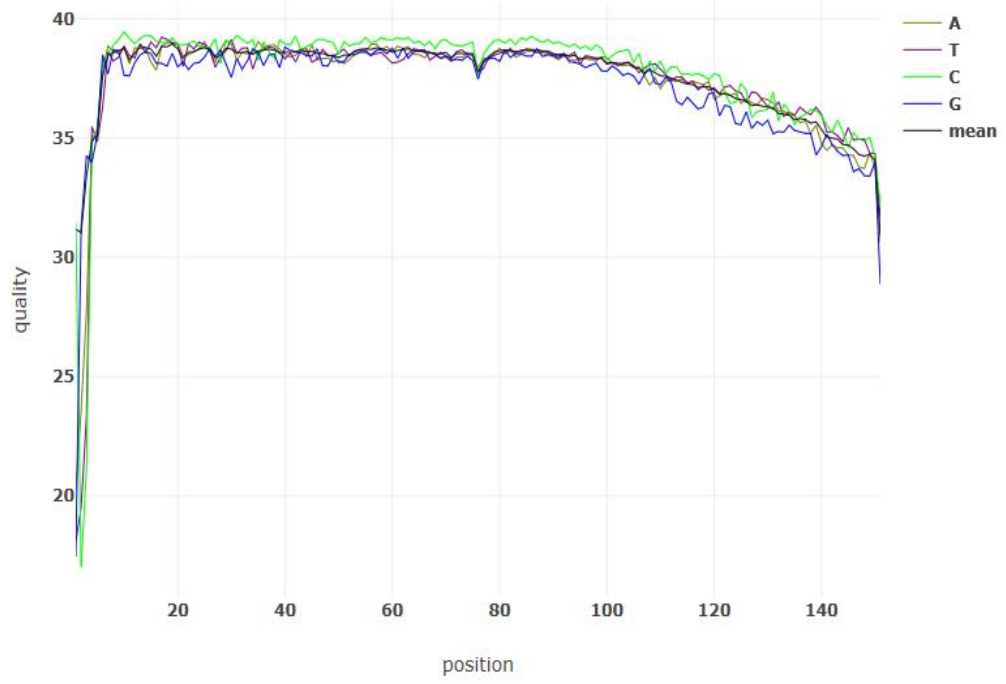
ACS 51



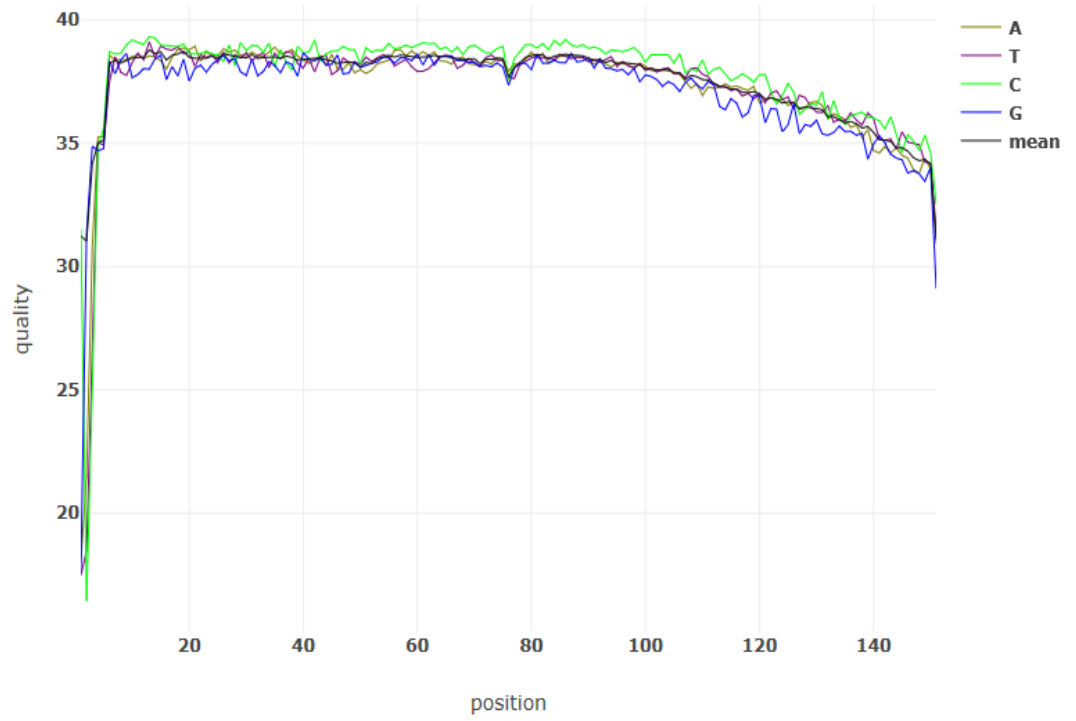
ACS 60



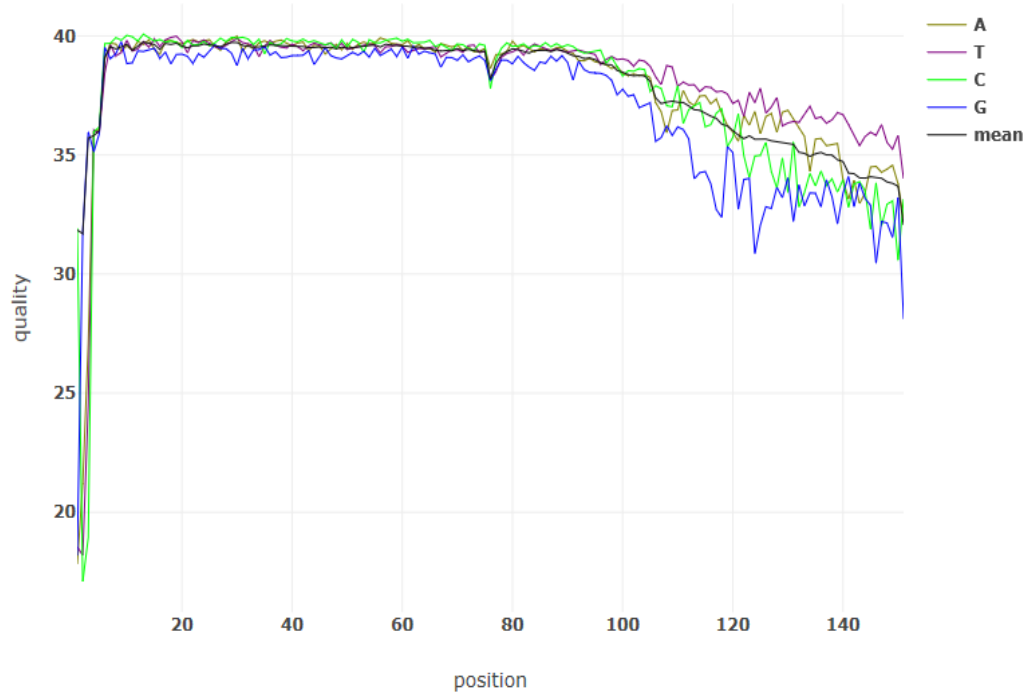
ACS 65



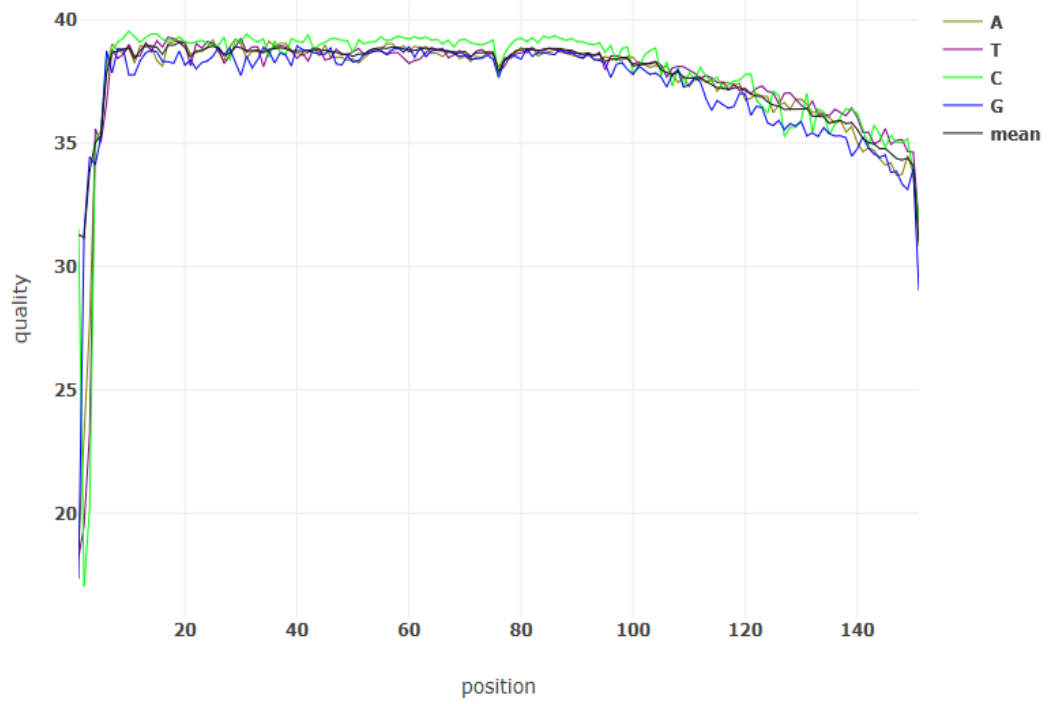
ACS 68



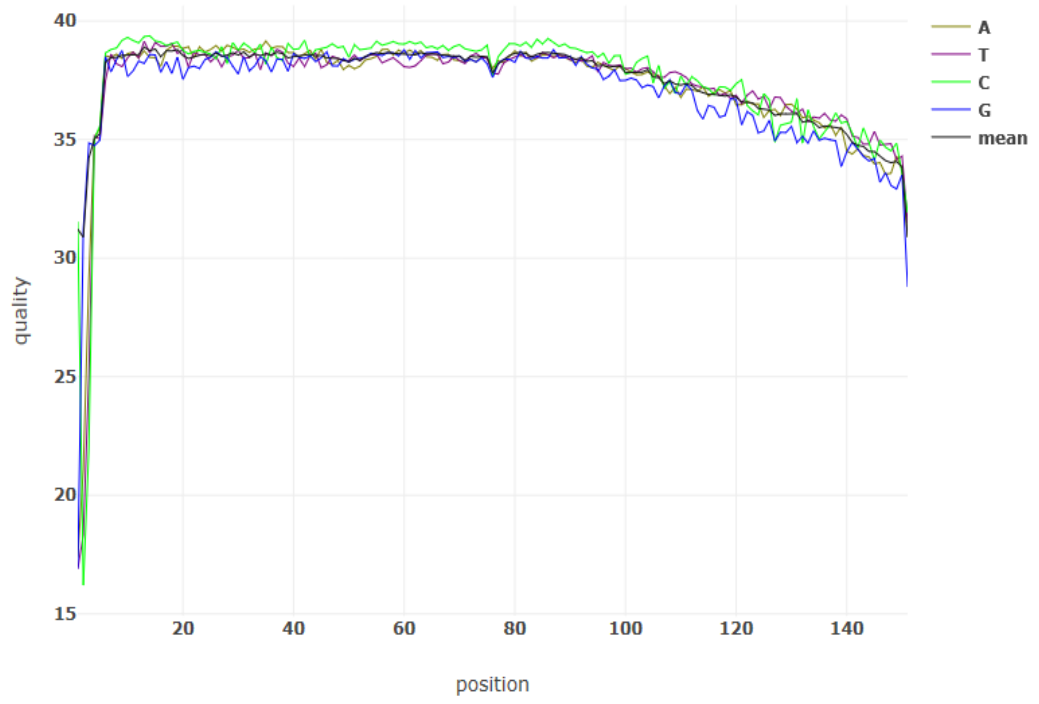
ACS 70



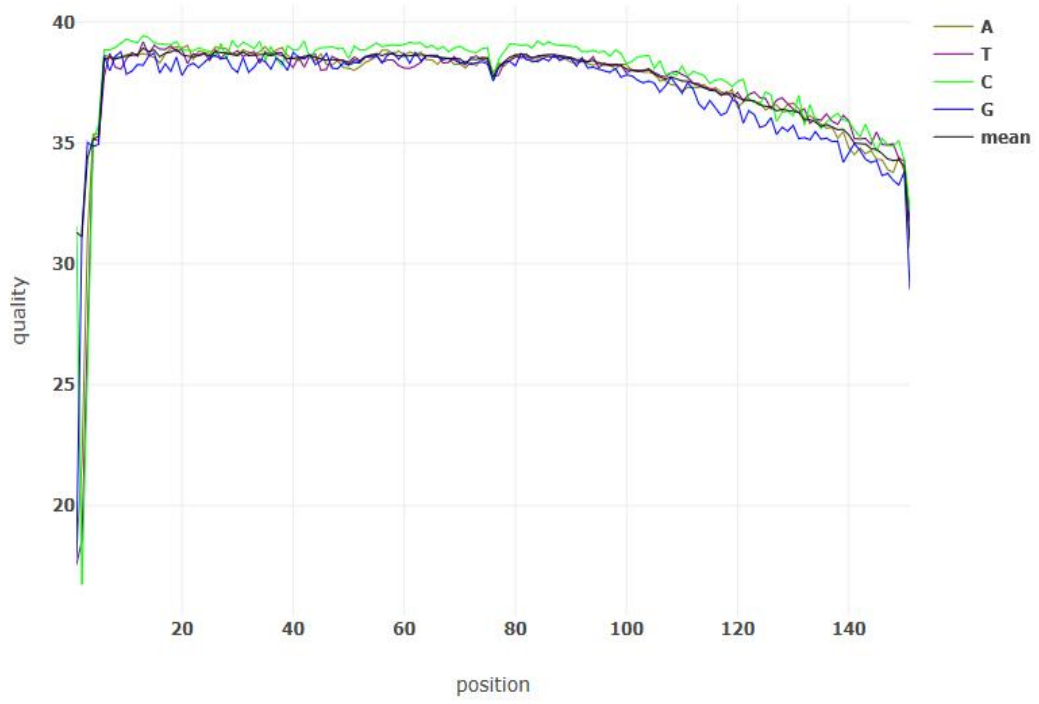
ACS 71



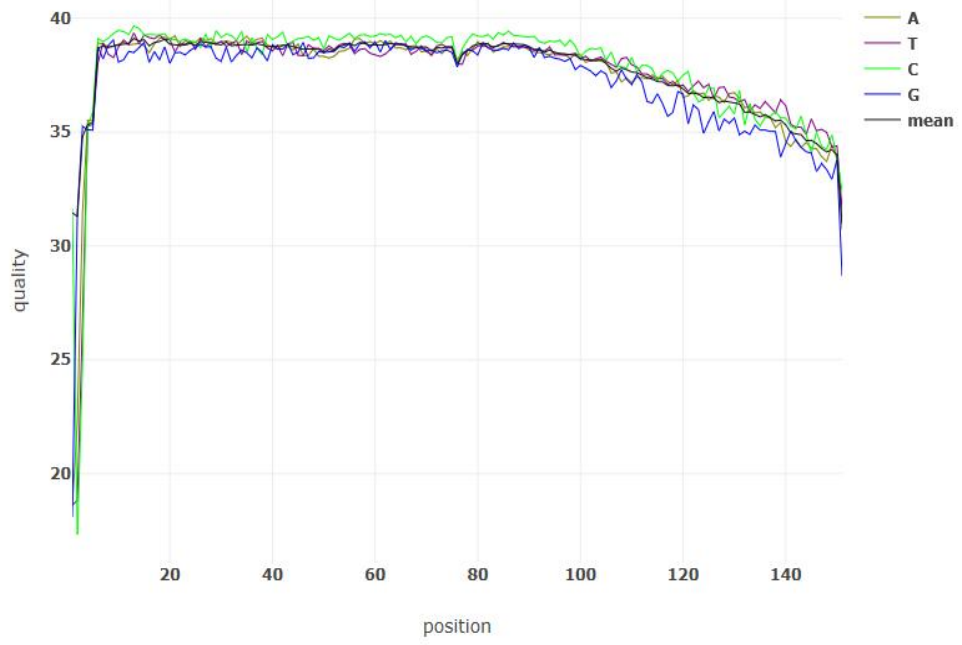
ACS 72



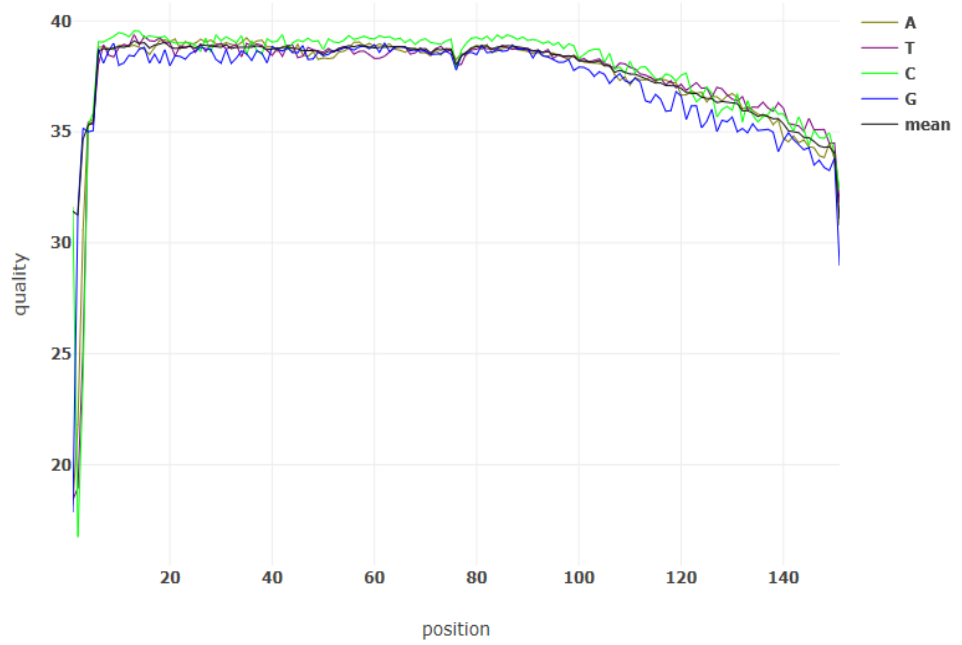
ACS 73



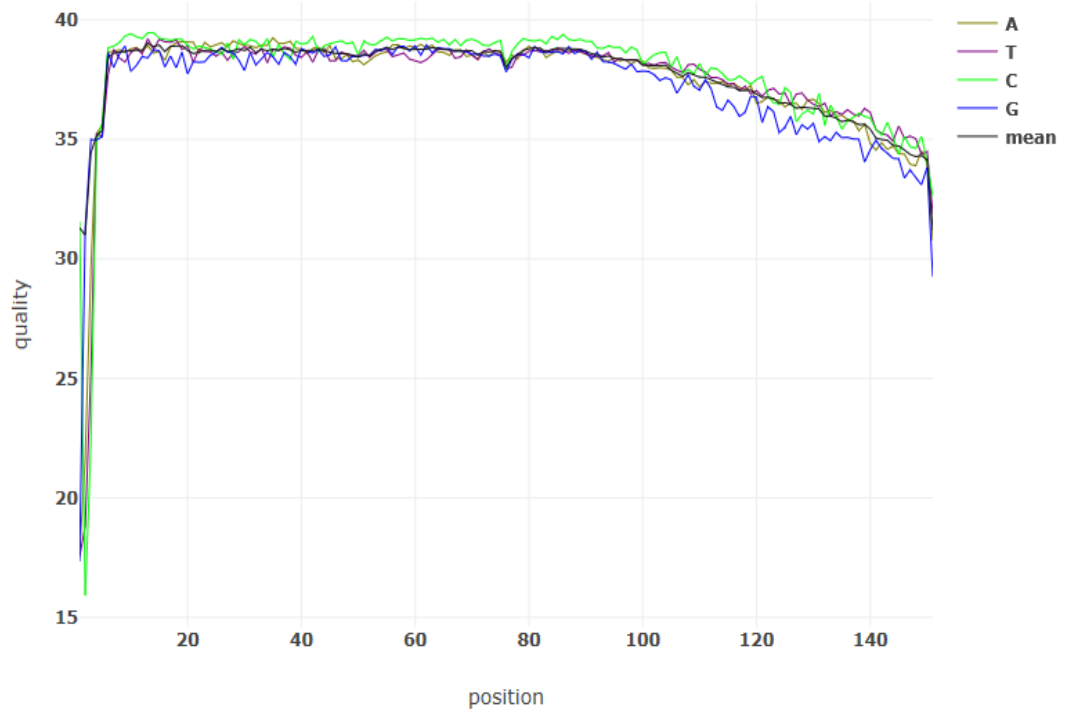
ACS 74



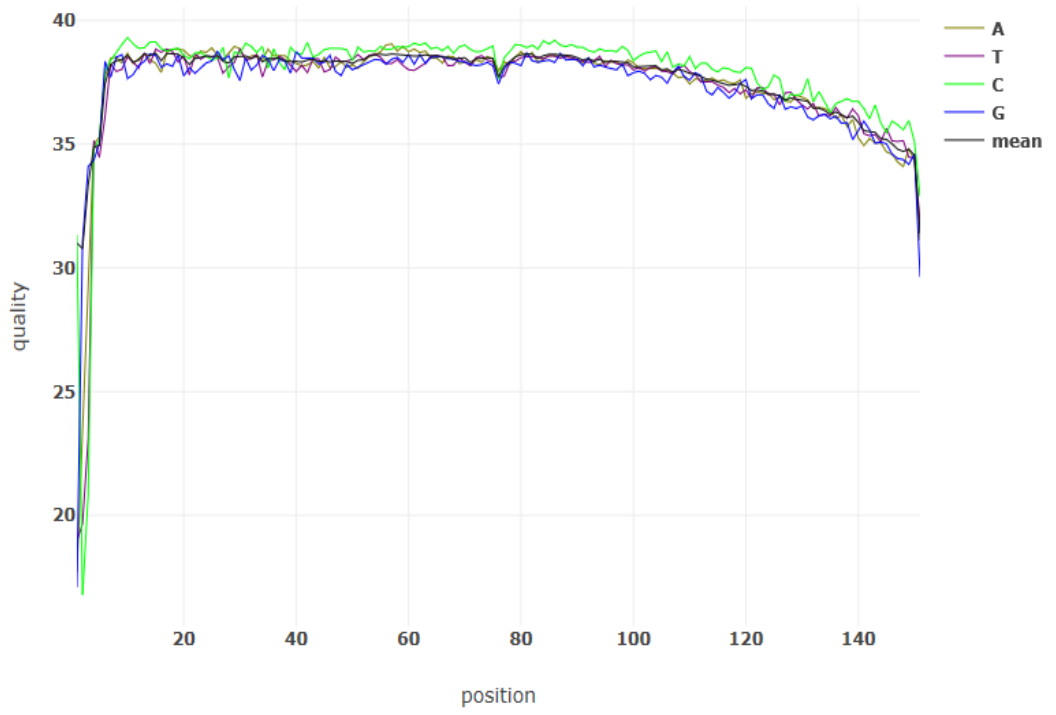
ACS 76



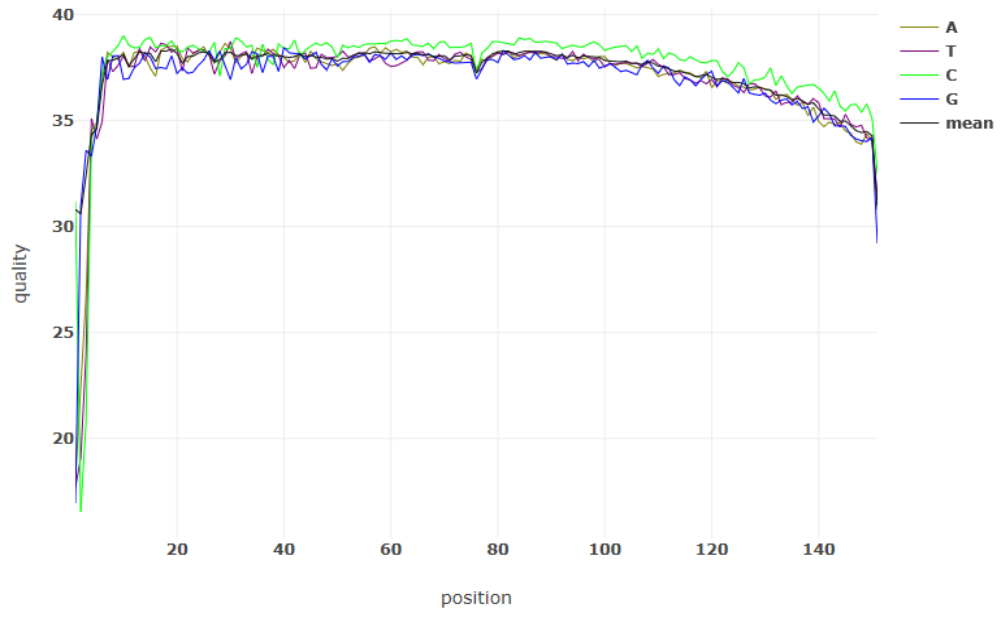
ACS 80



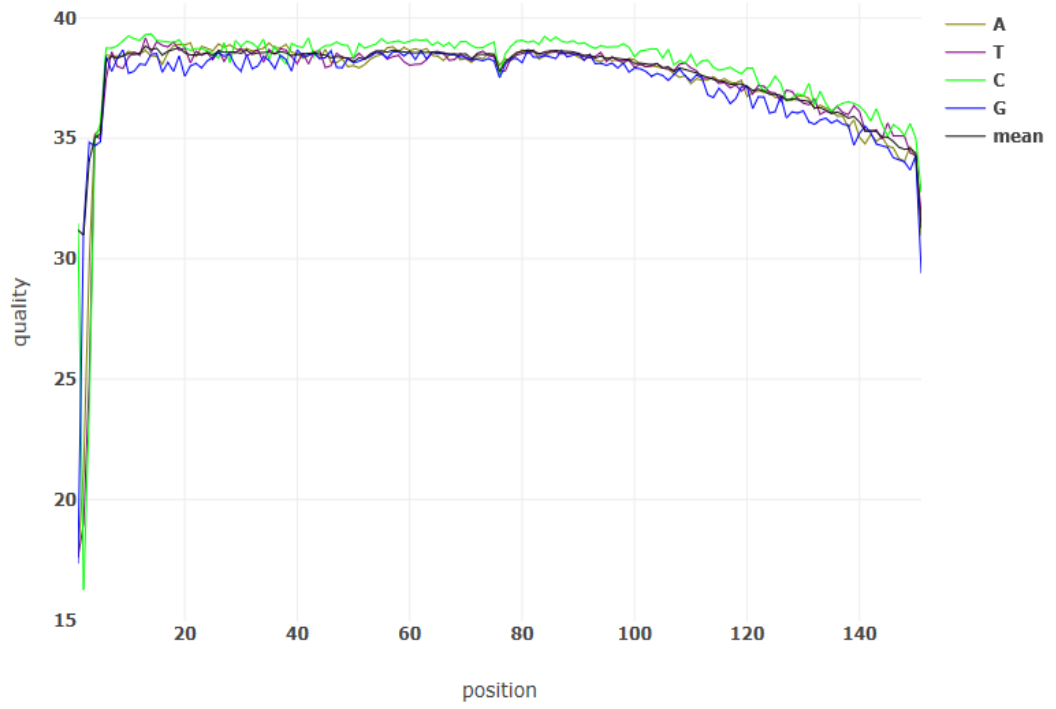
ACS 81



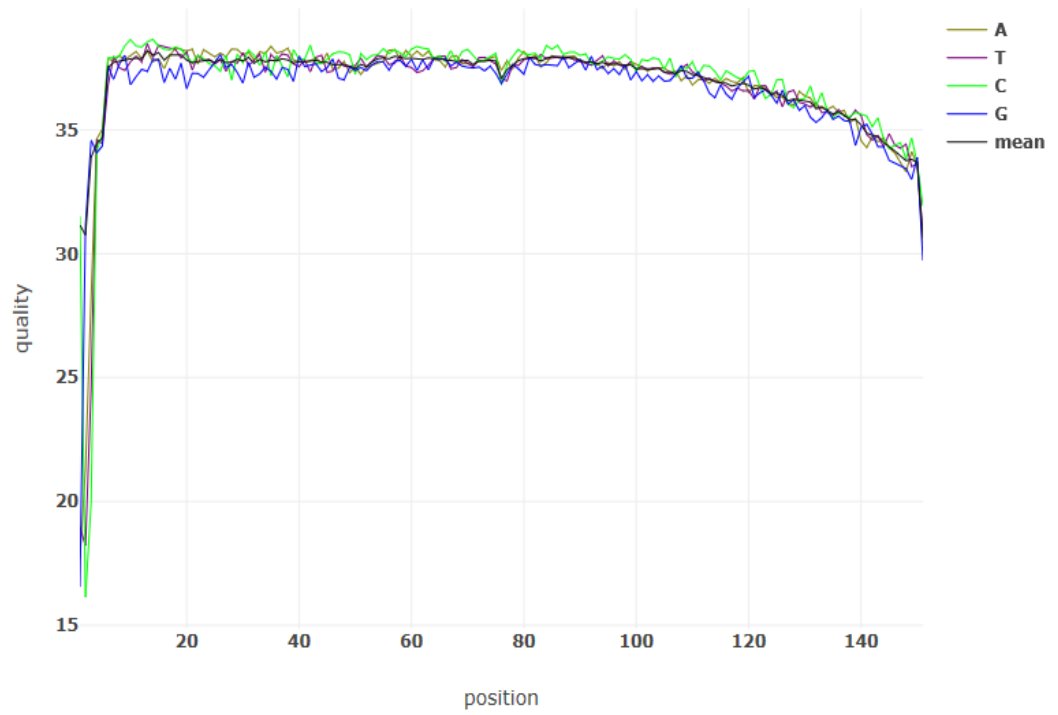
ACS 86



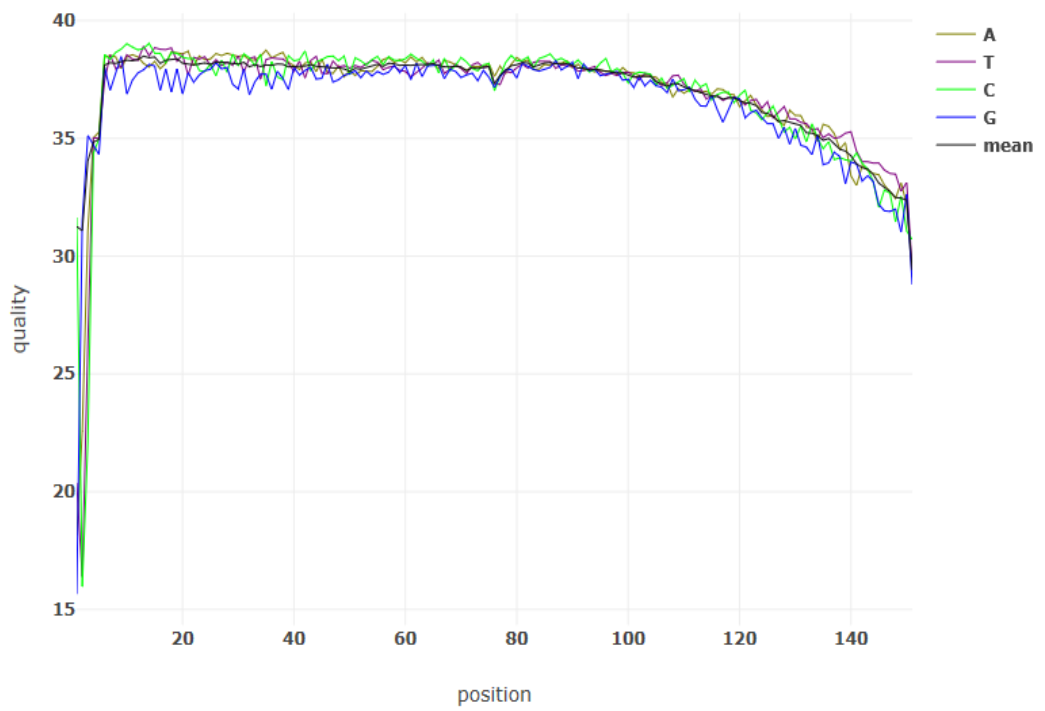
ACS 87



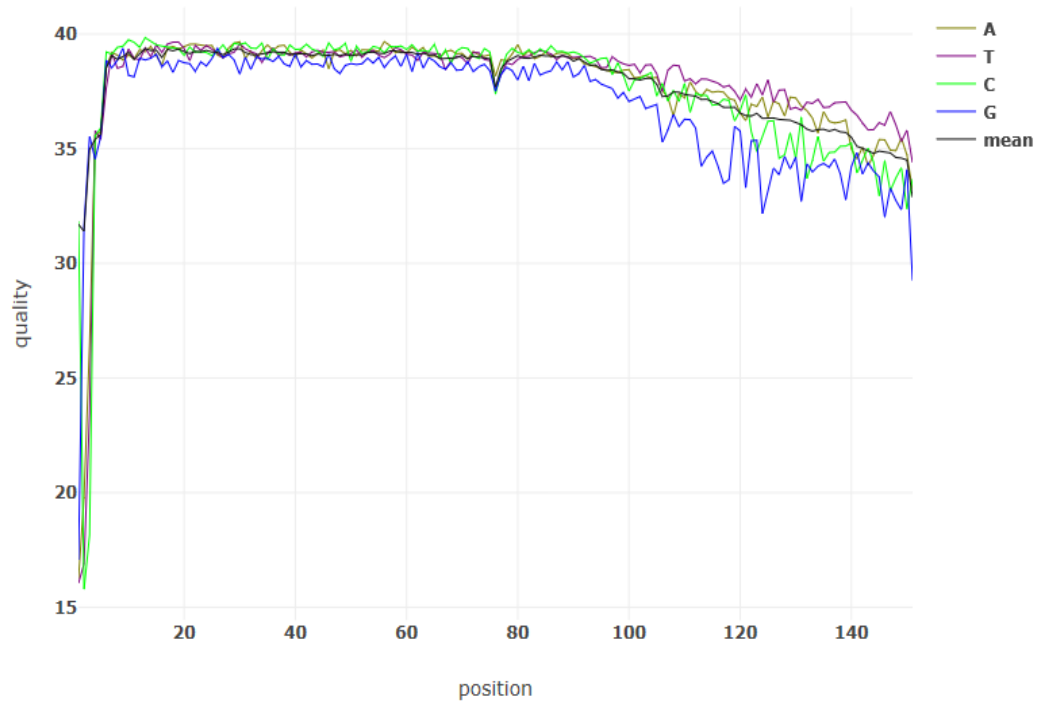
ACS 88



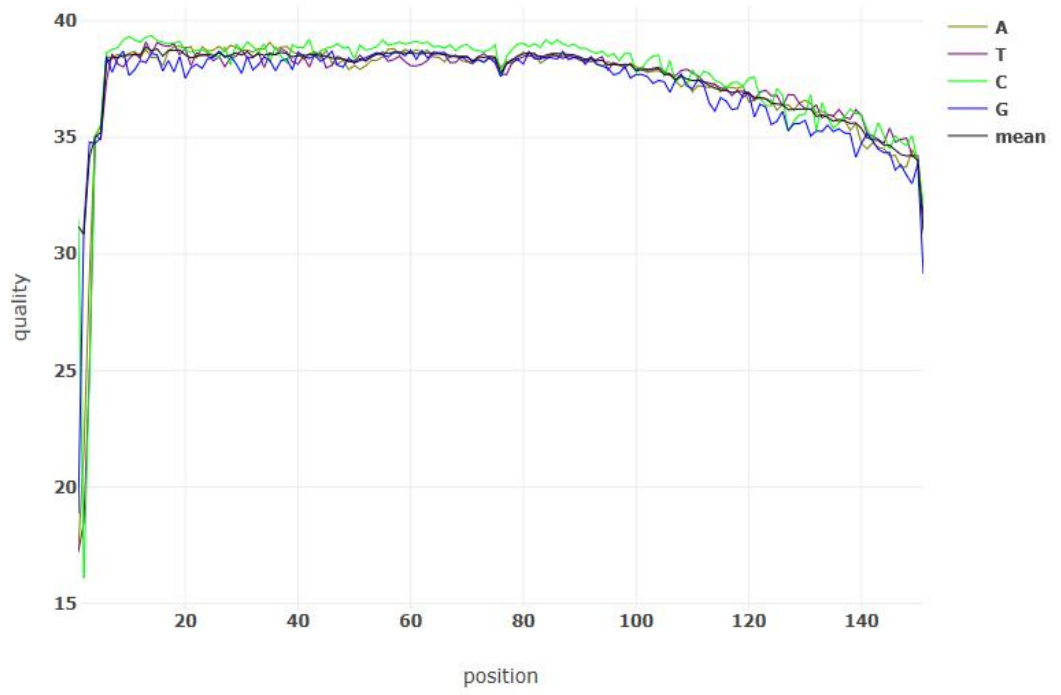
ACS 91



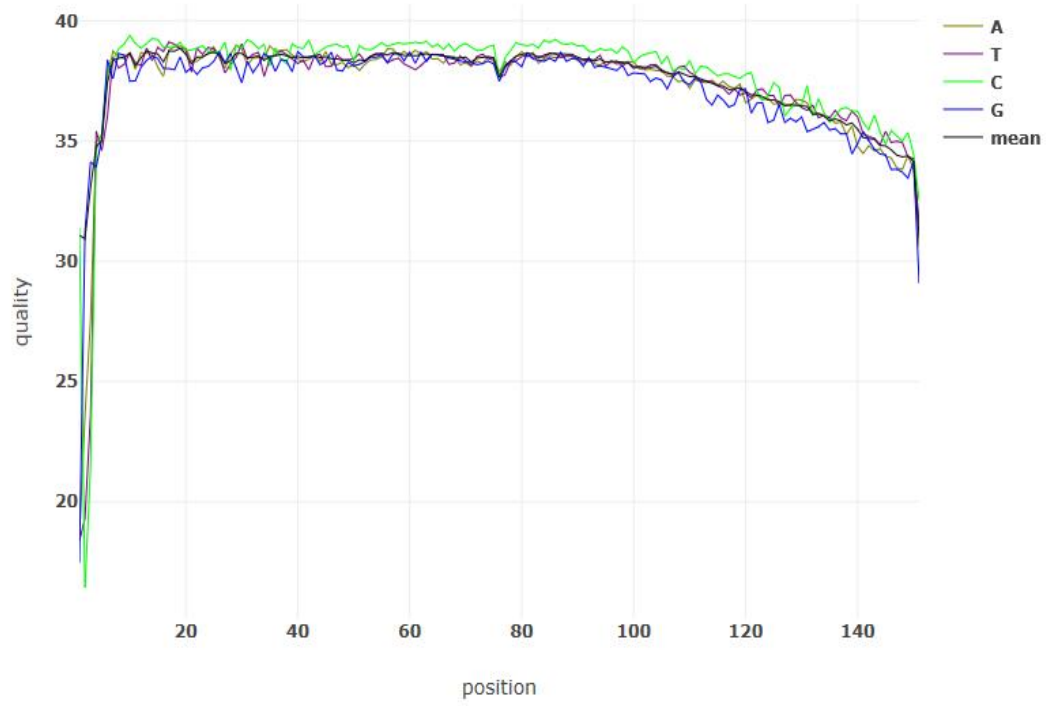
ACS 108



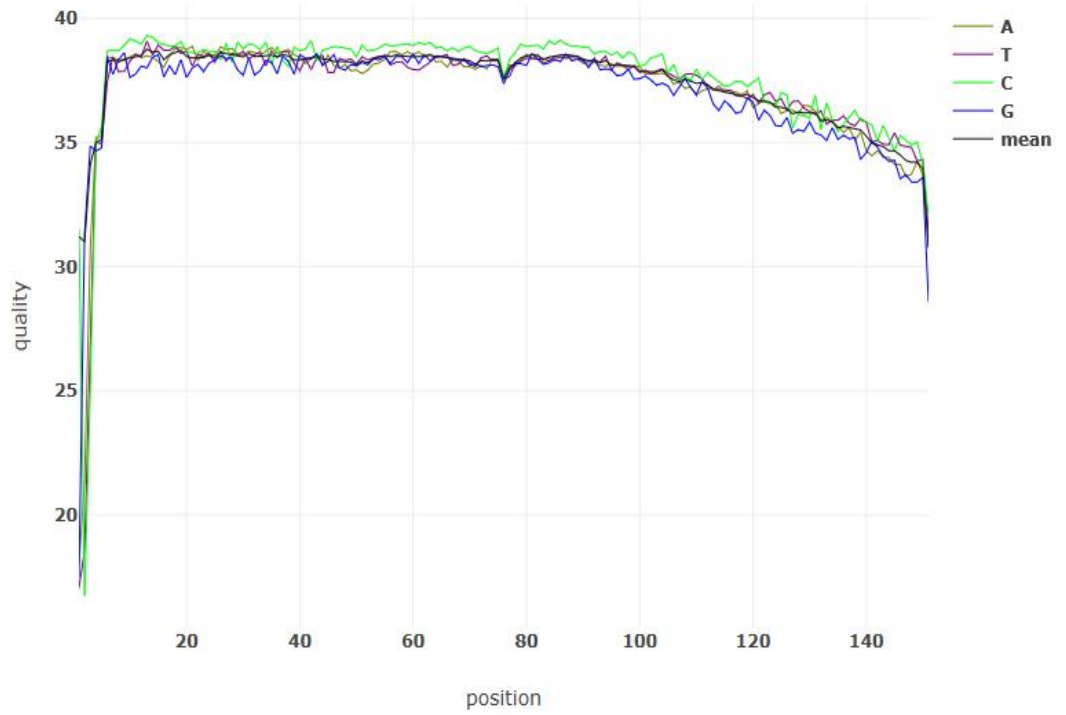
ACS 109



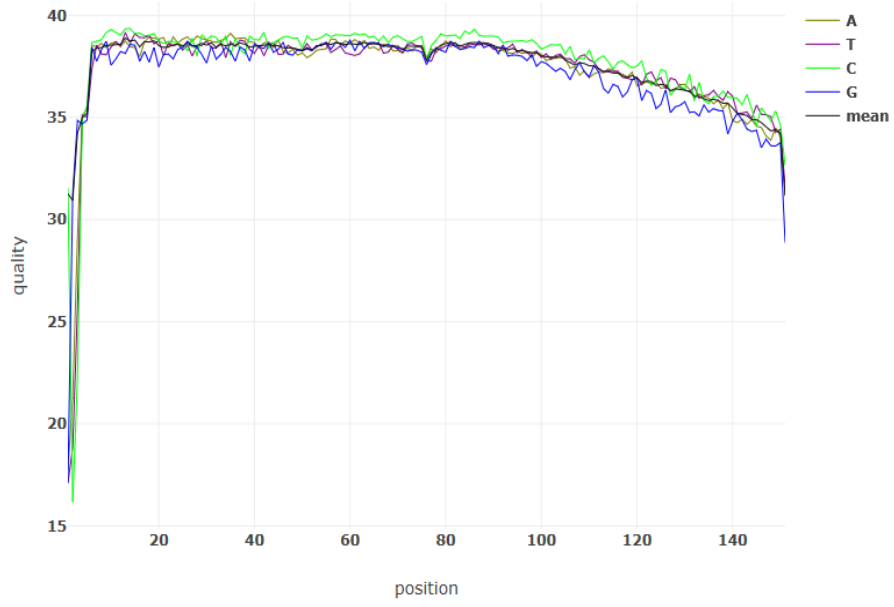
ACS 122



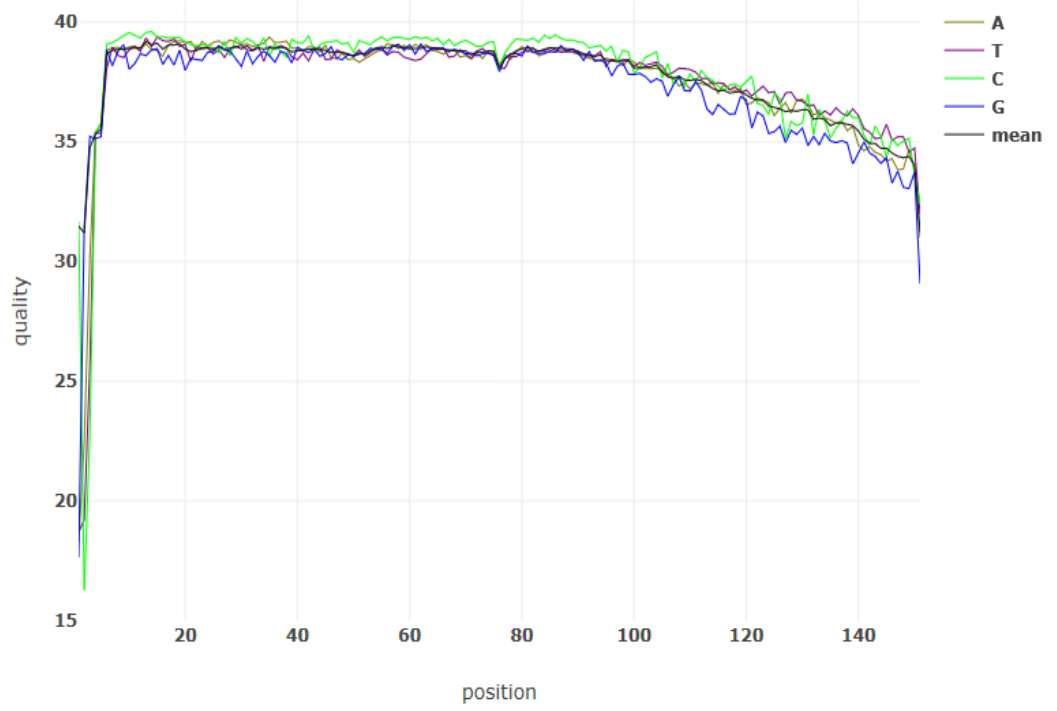
ACS 134



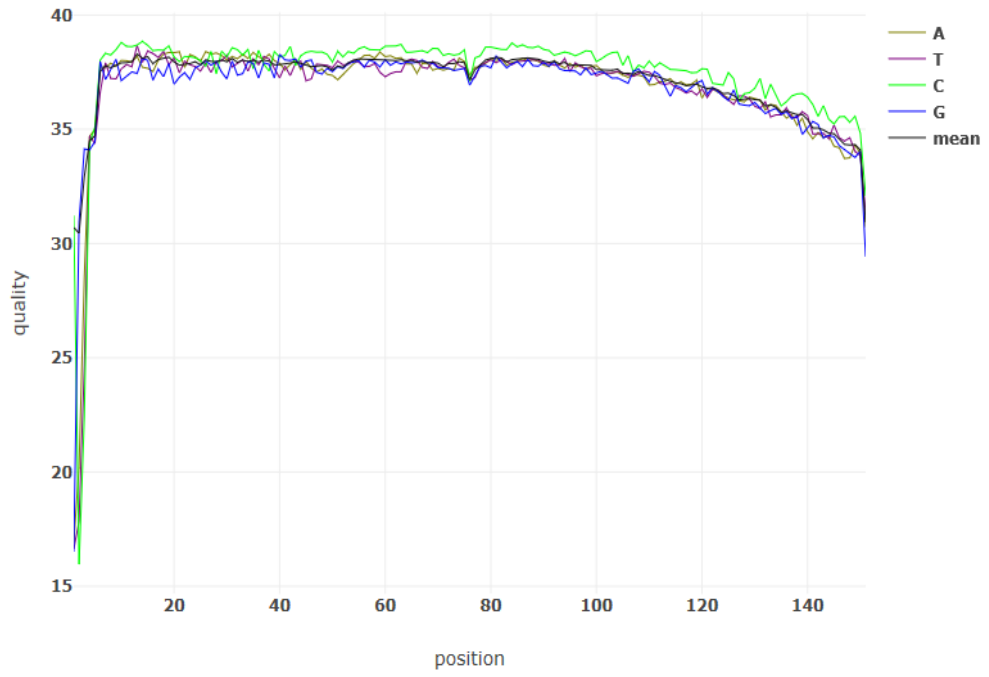
ACS 137



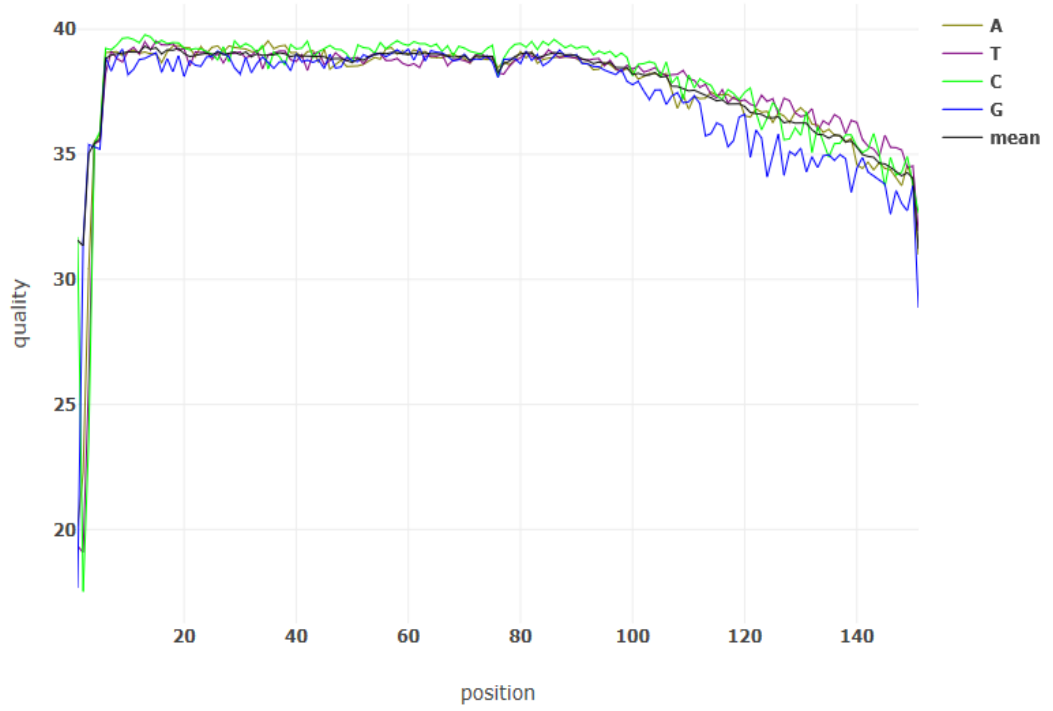
ACS 139



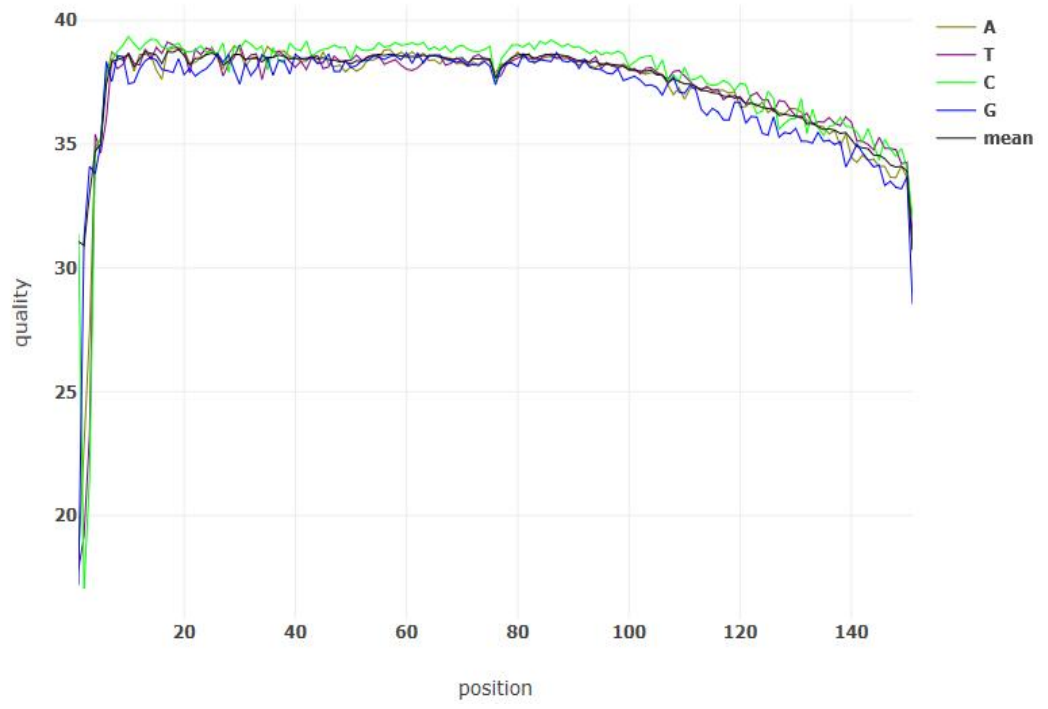
ACS 141



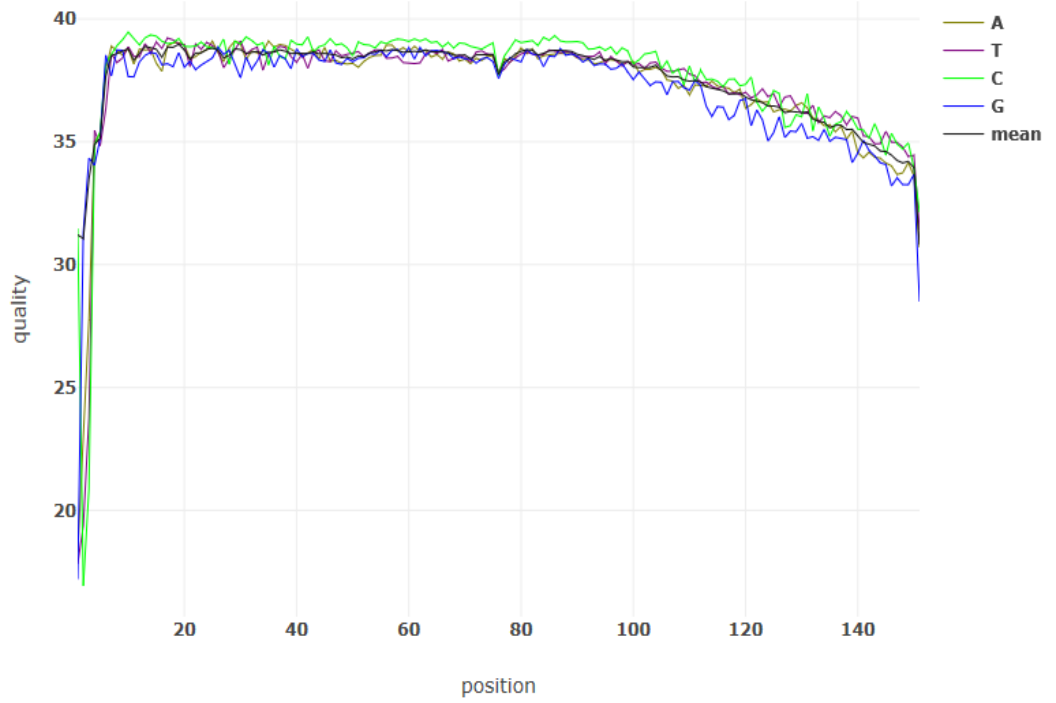
ACS 145



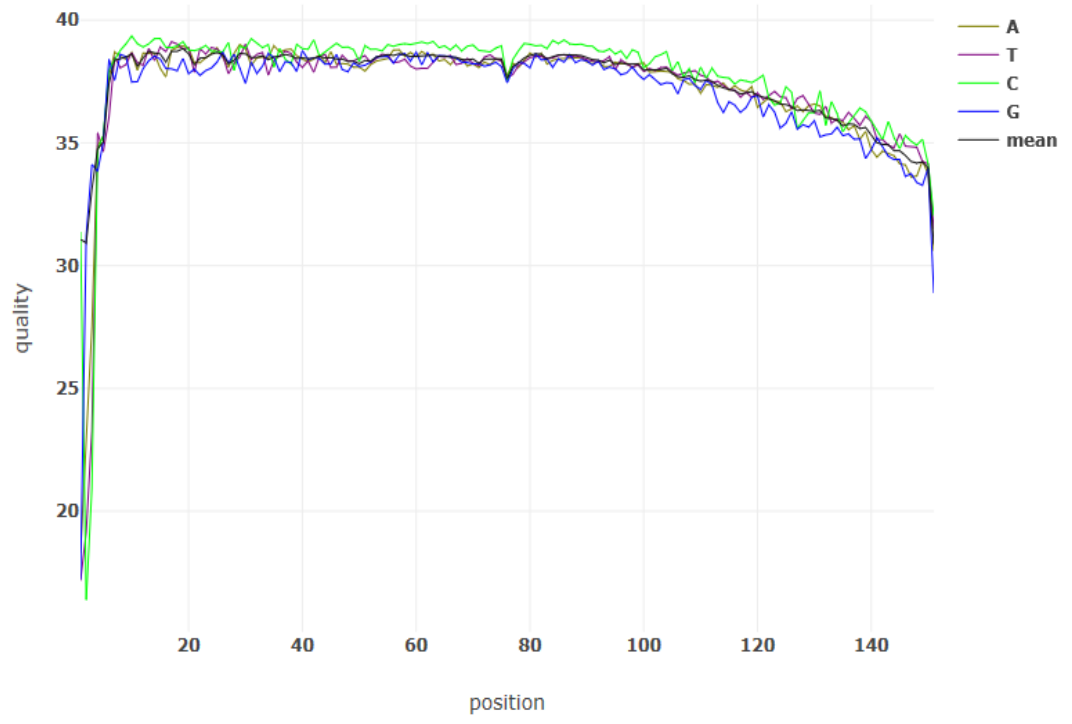
ACS 152



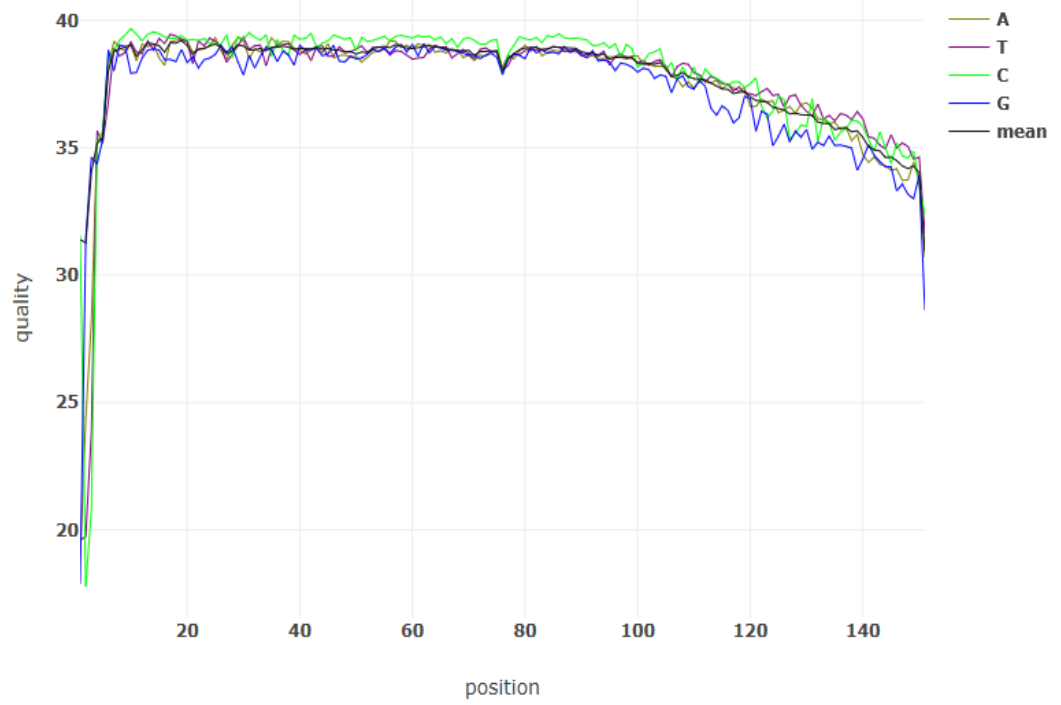
ACS 153



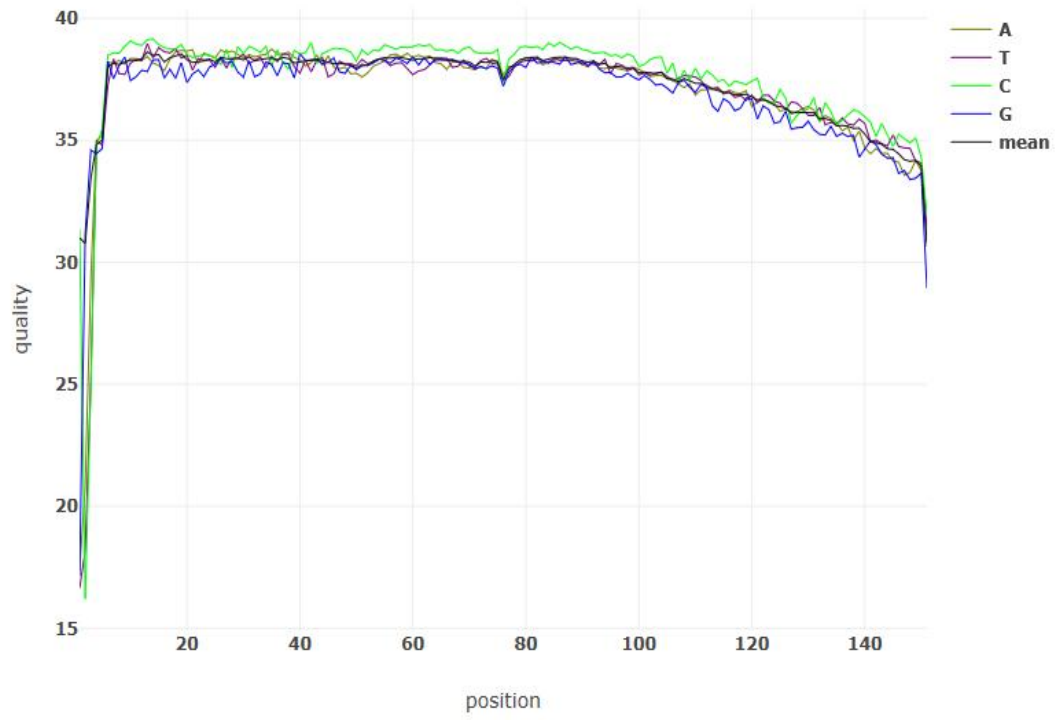
ACS 155



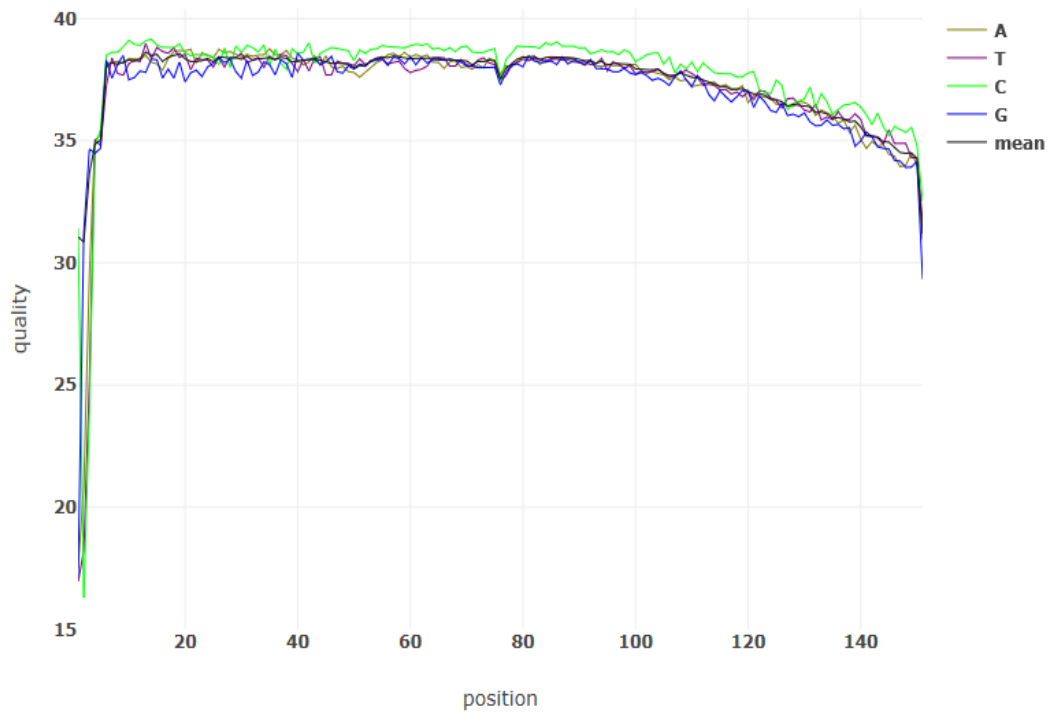
ACS 157



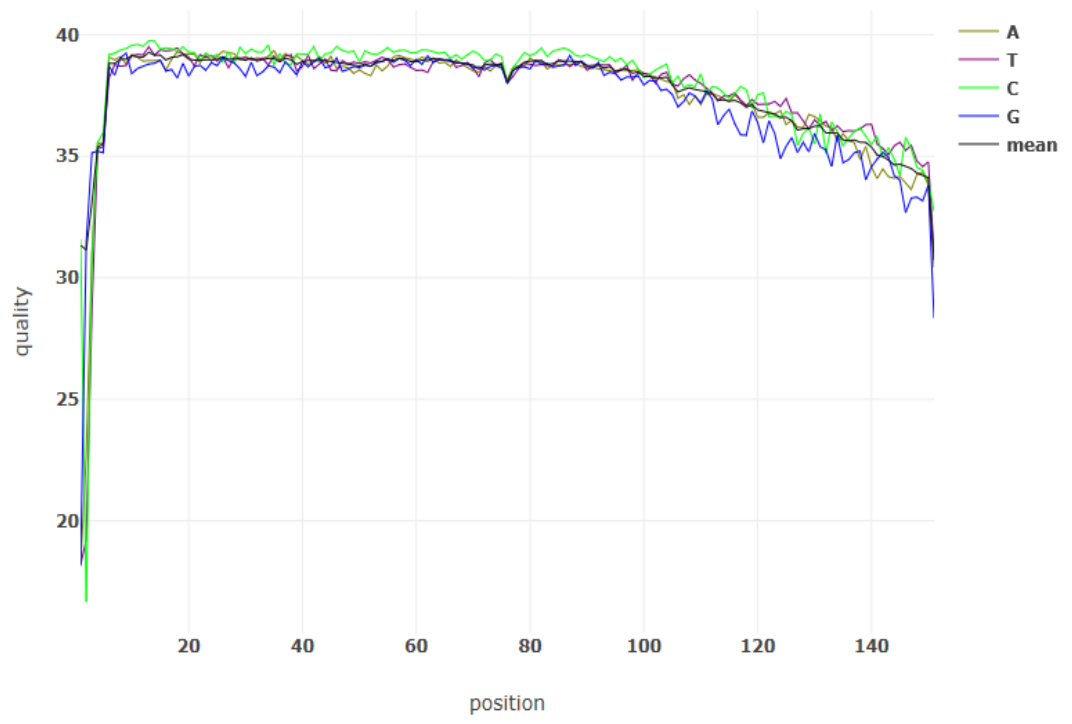
ACS 158



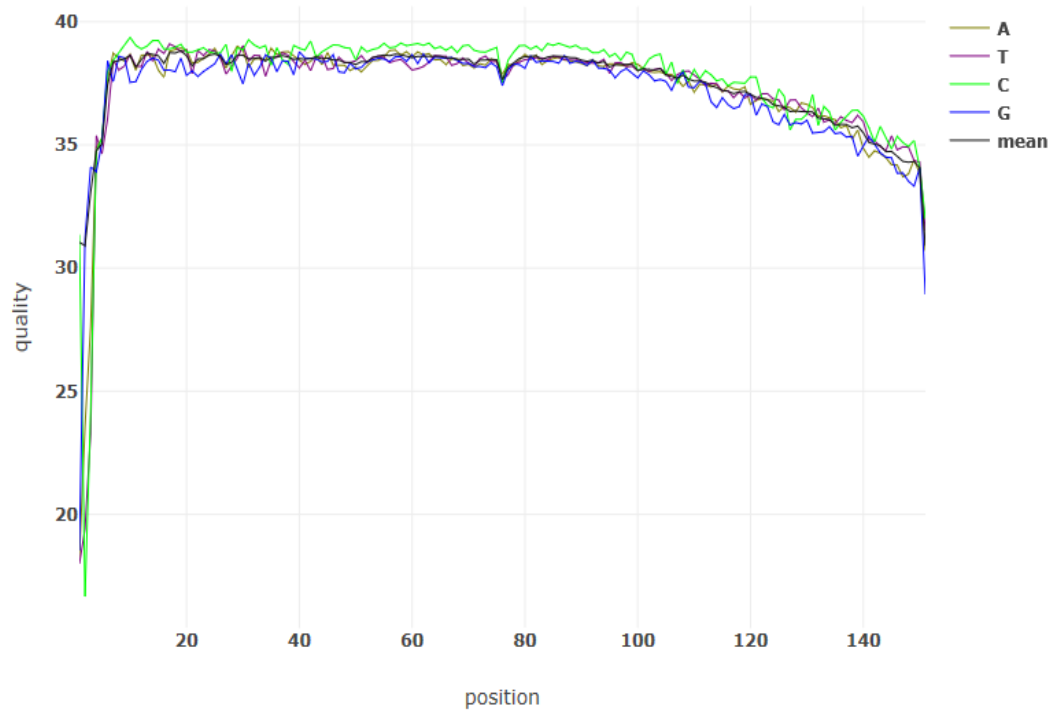
ACS 159



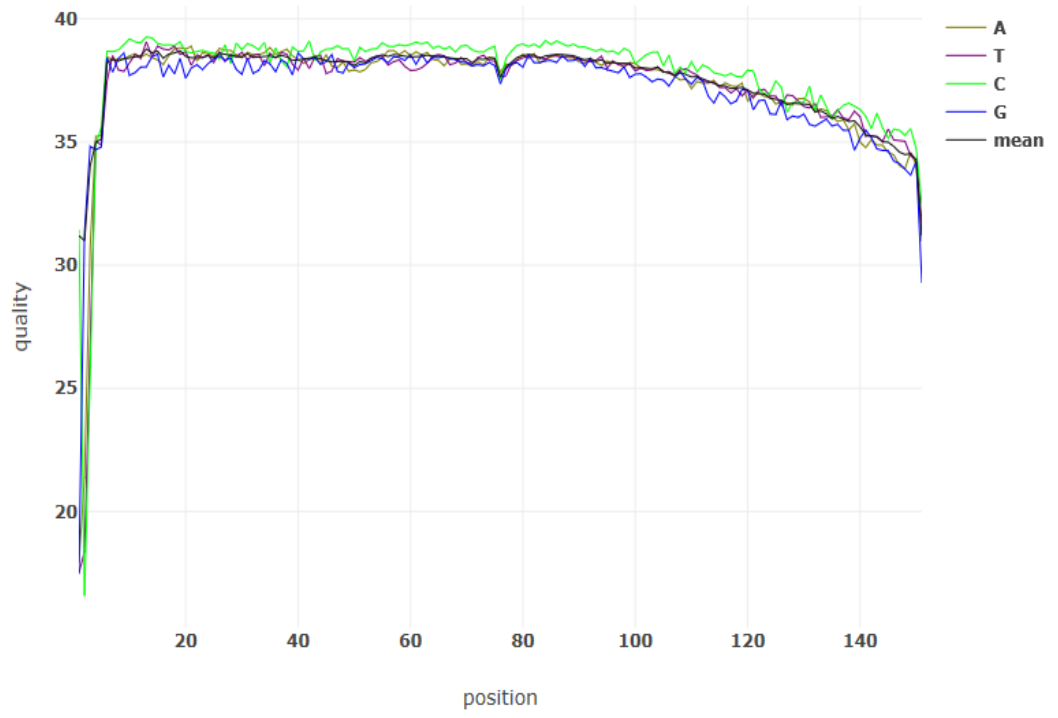
ACS 163



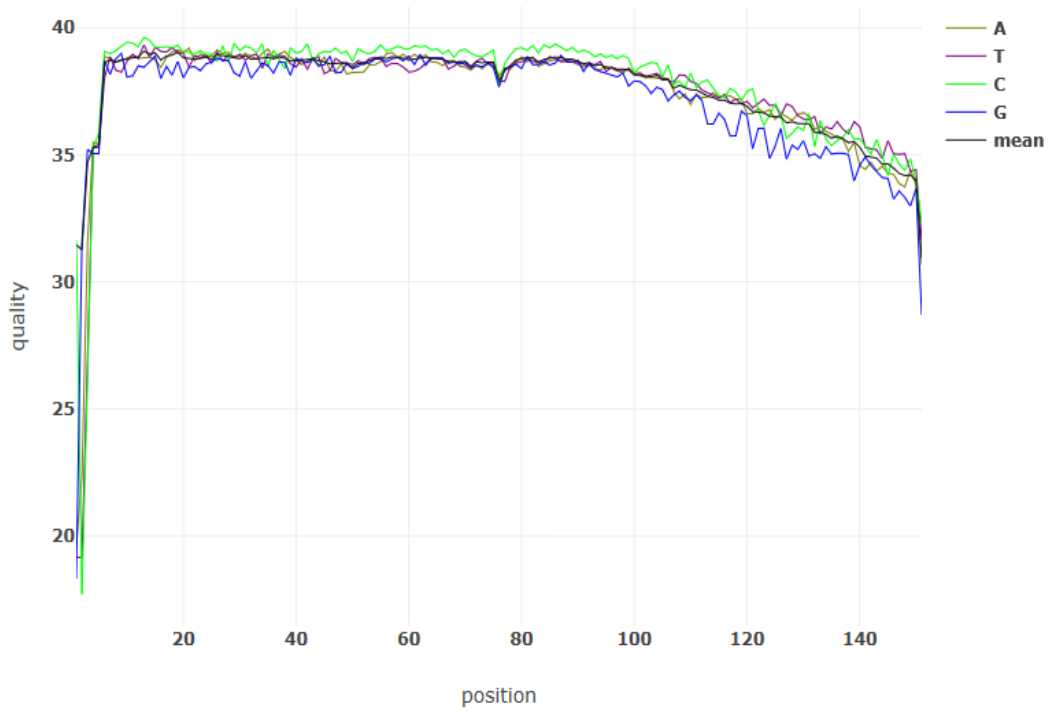
ACS 164



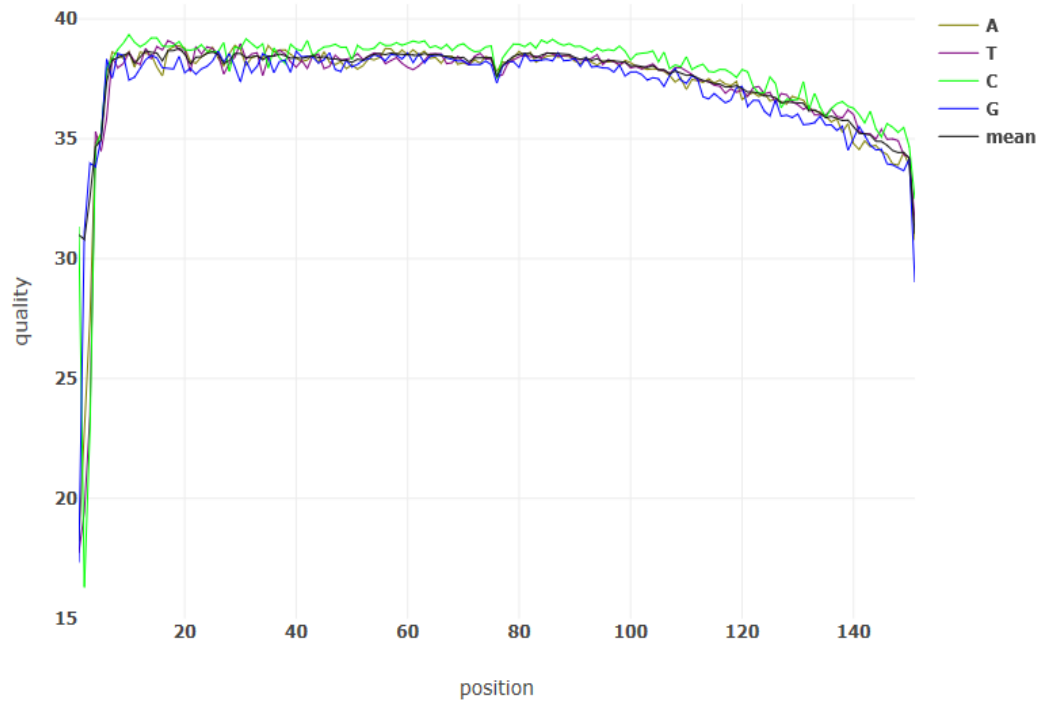
ACS 168



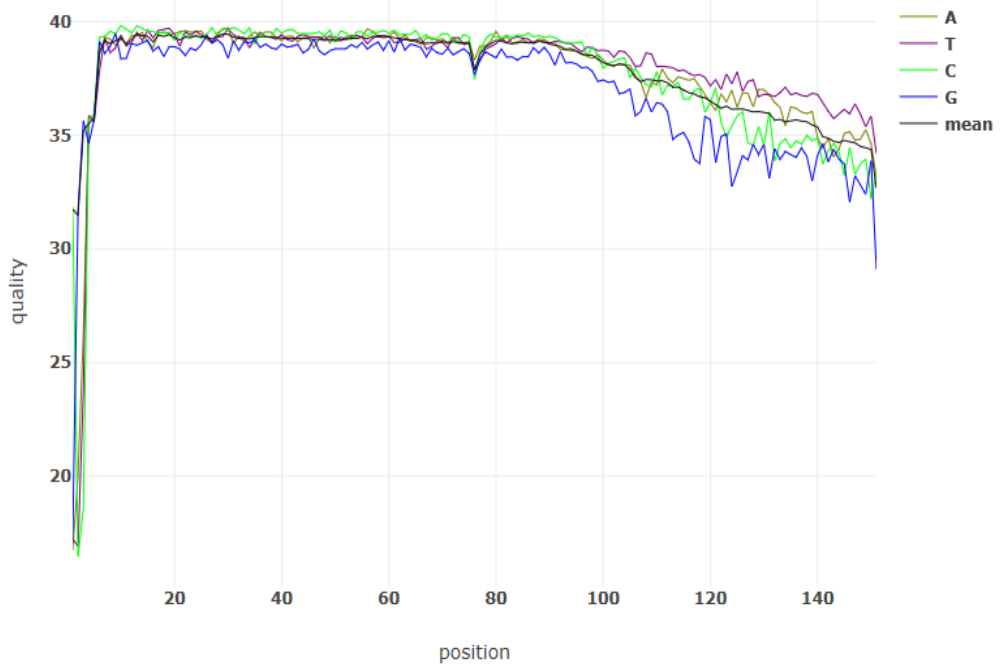
ACS 174



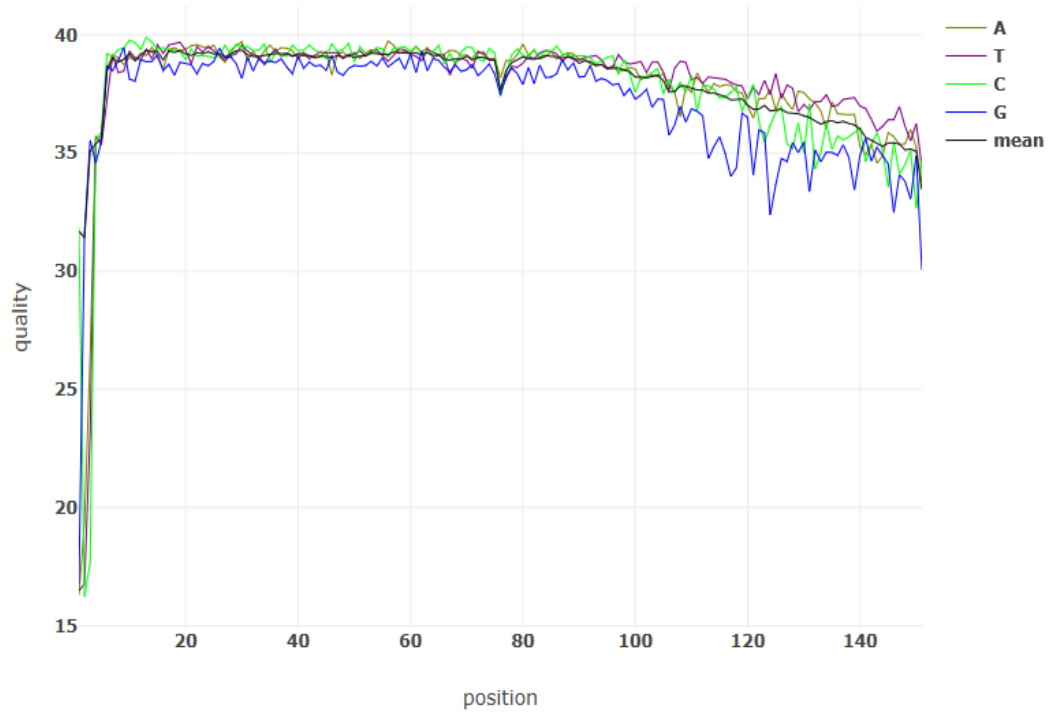
ACS 179



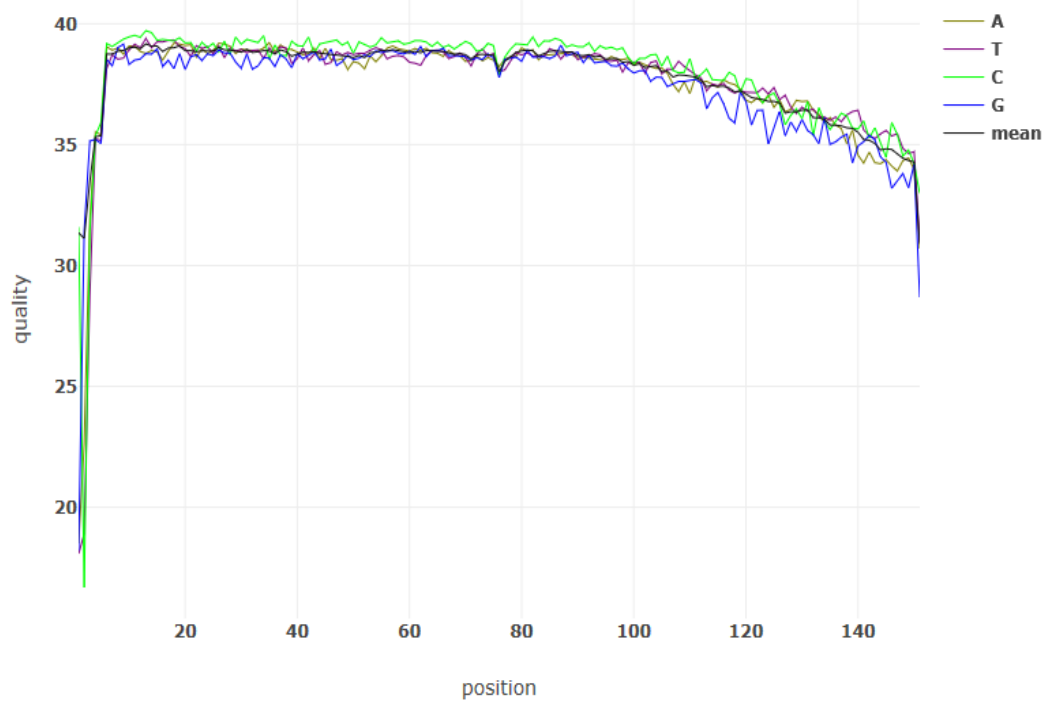
ACS 181



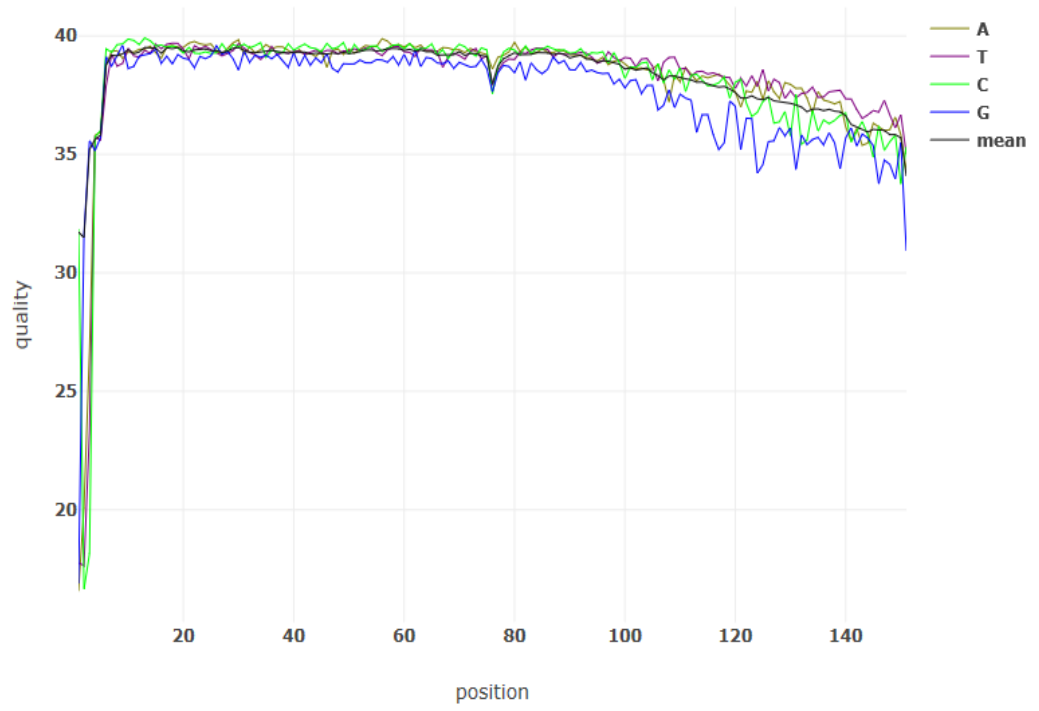
ACS 182



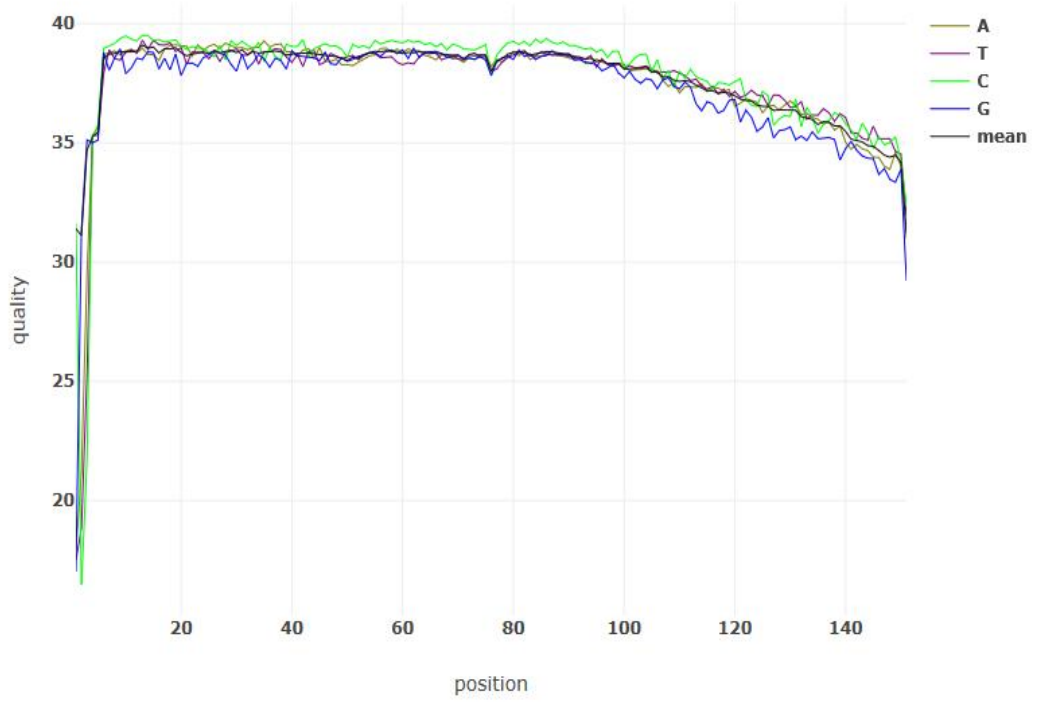
ACS 183



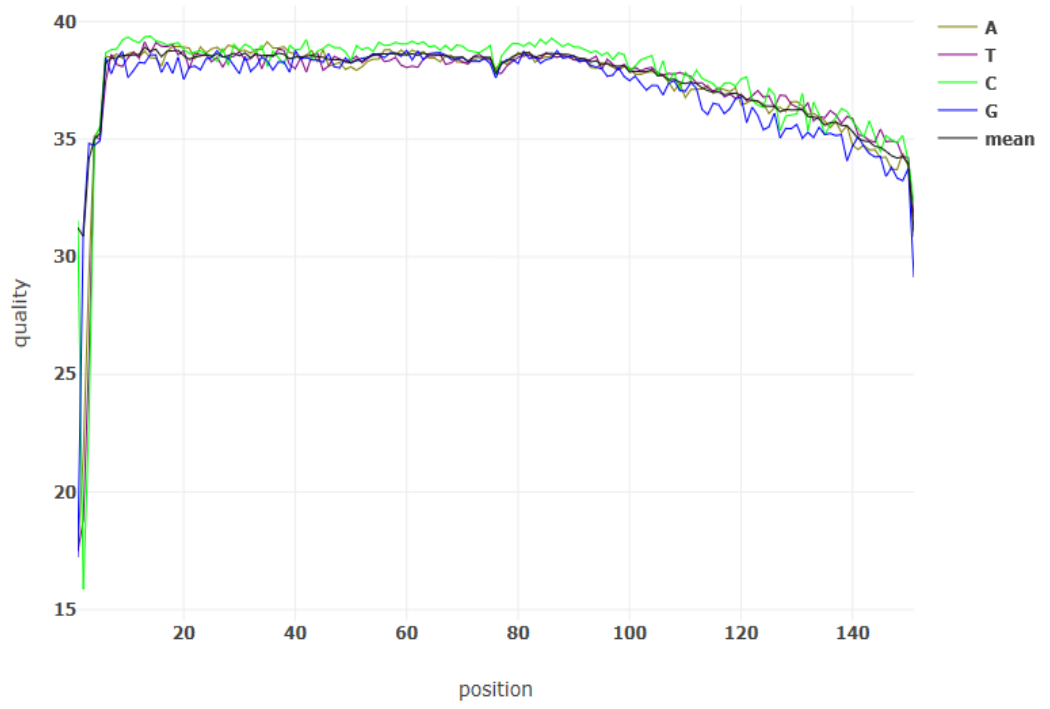
ACS 185



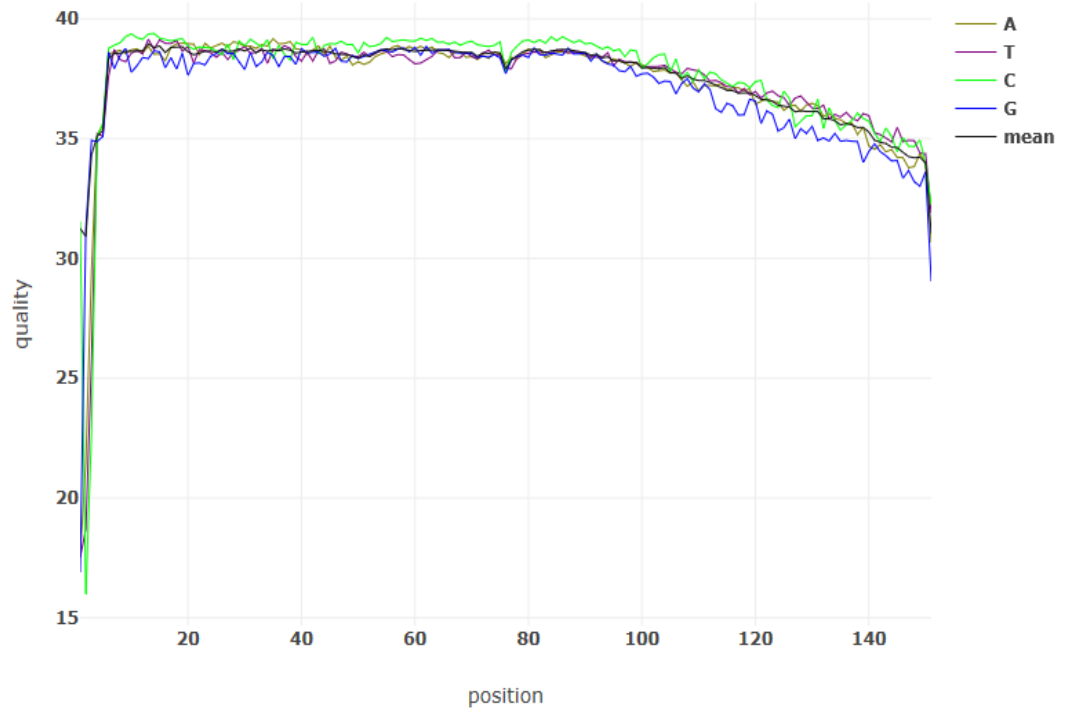
ACS 186



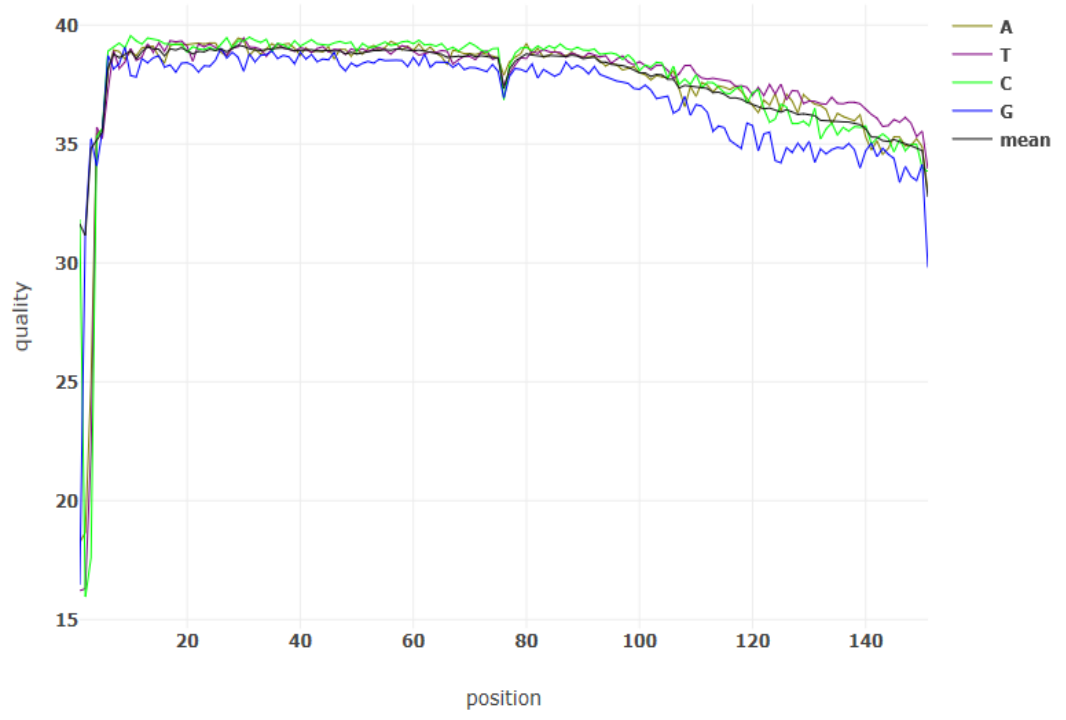
ACS 189



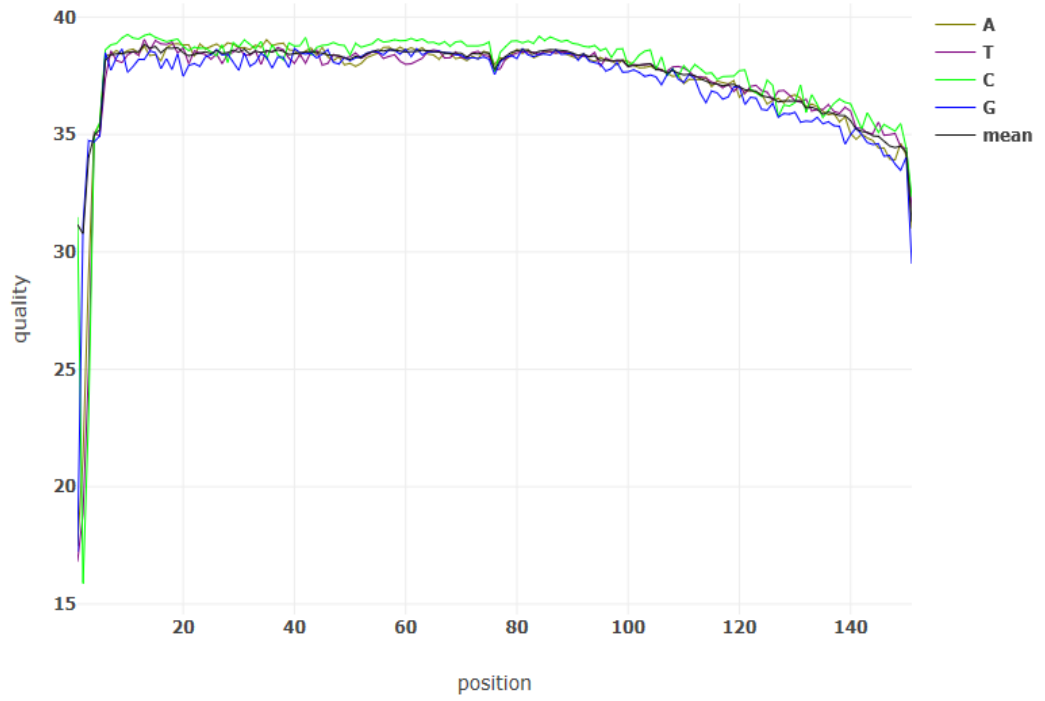
ACS 191



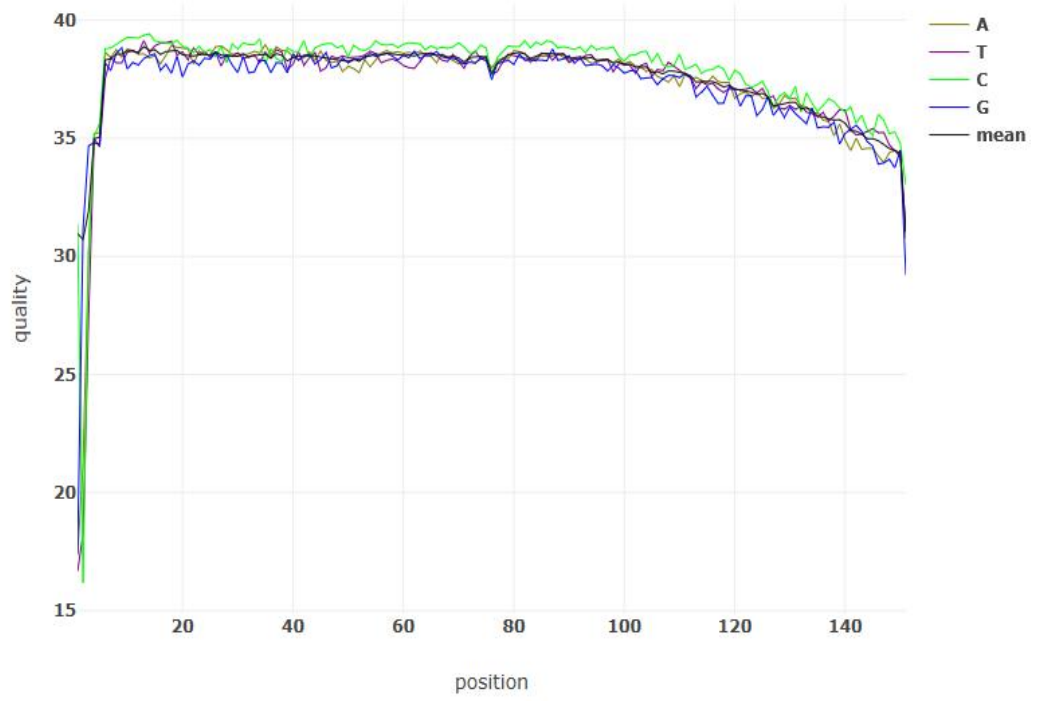
ACS 193



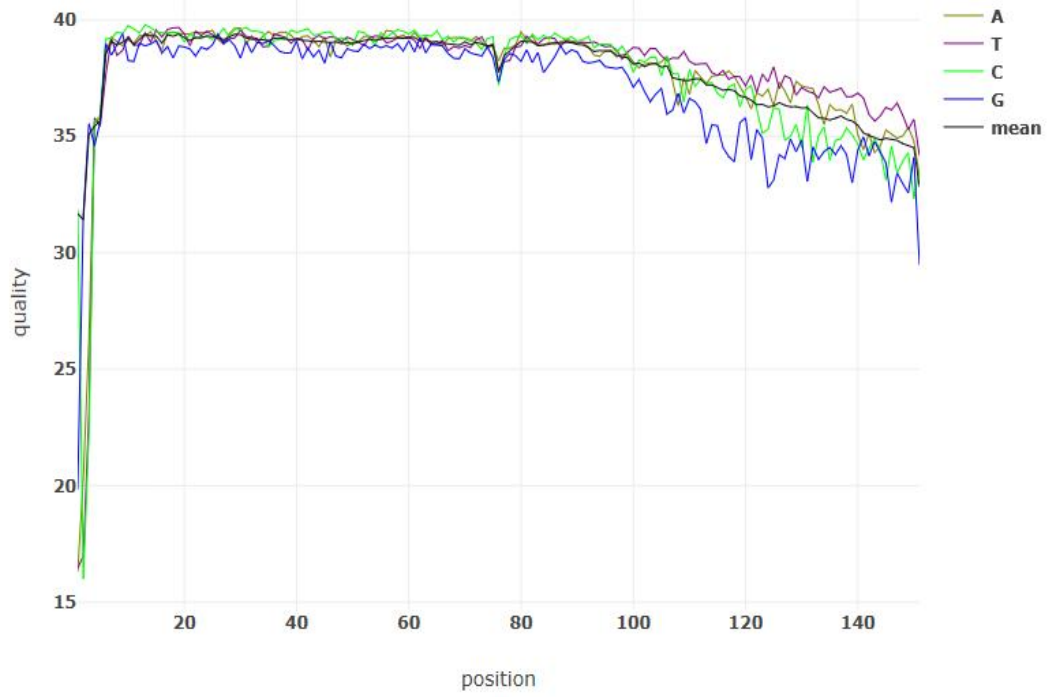
ACS 194/



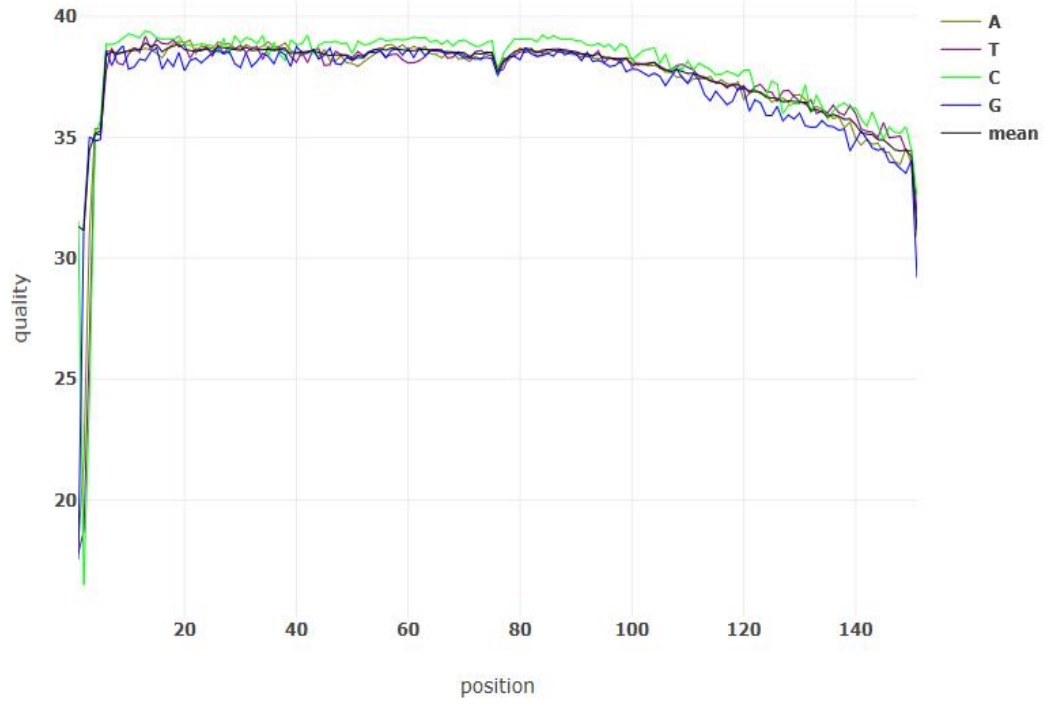
ACS 195



ACS 197

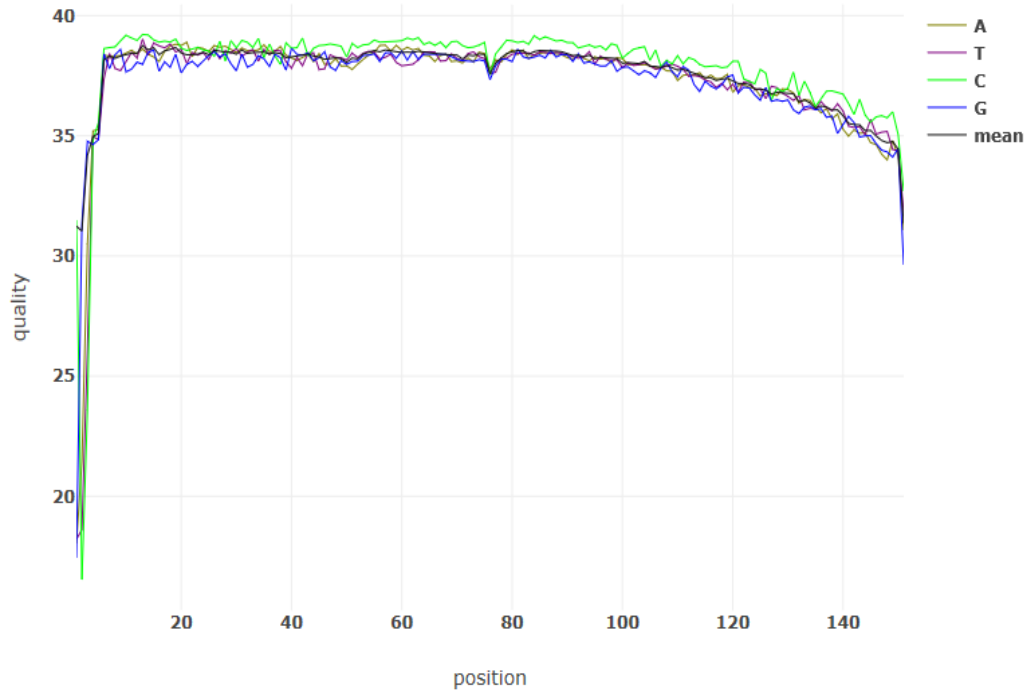


ACS 204

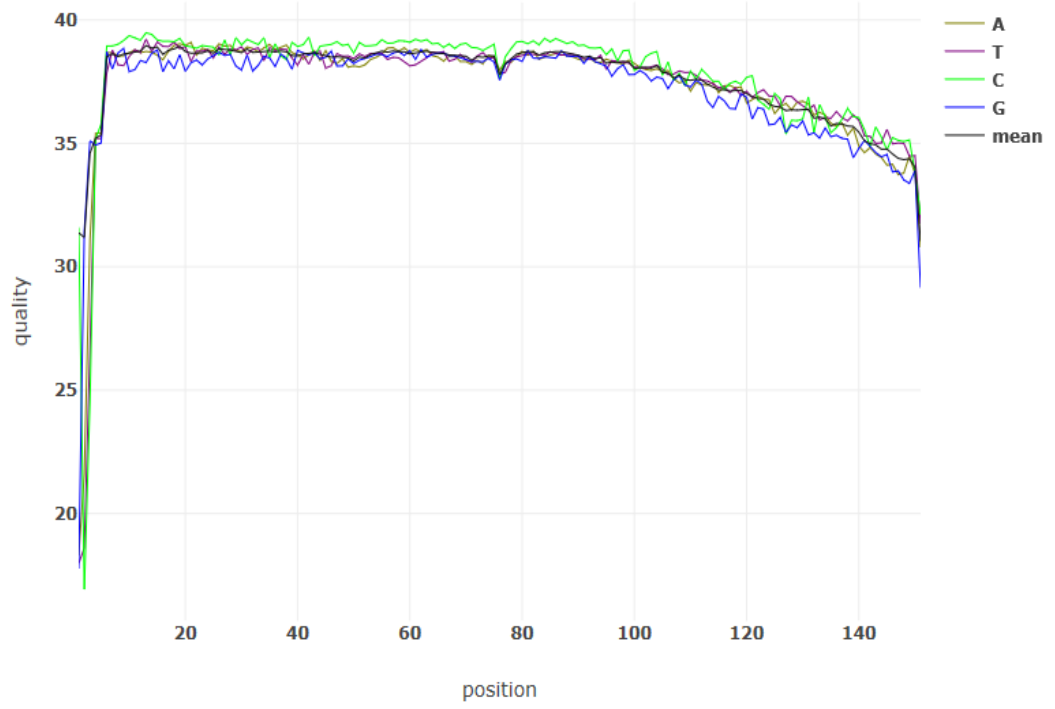


ACS 215

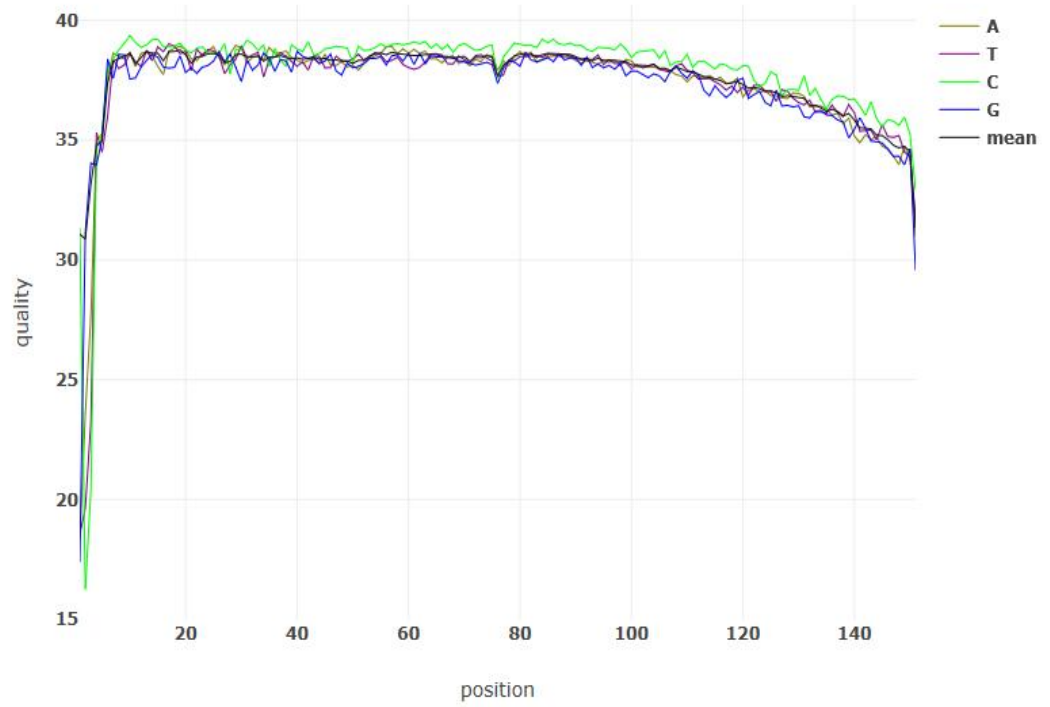
6



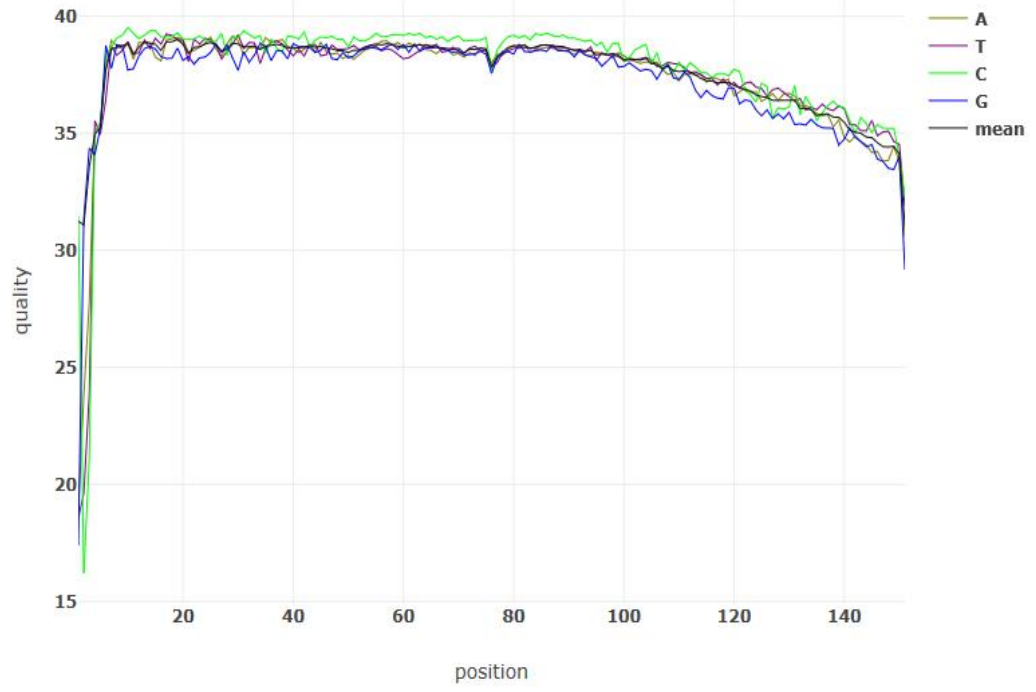
ACS 216



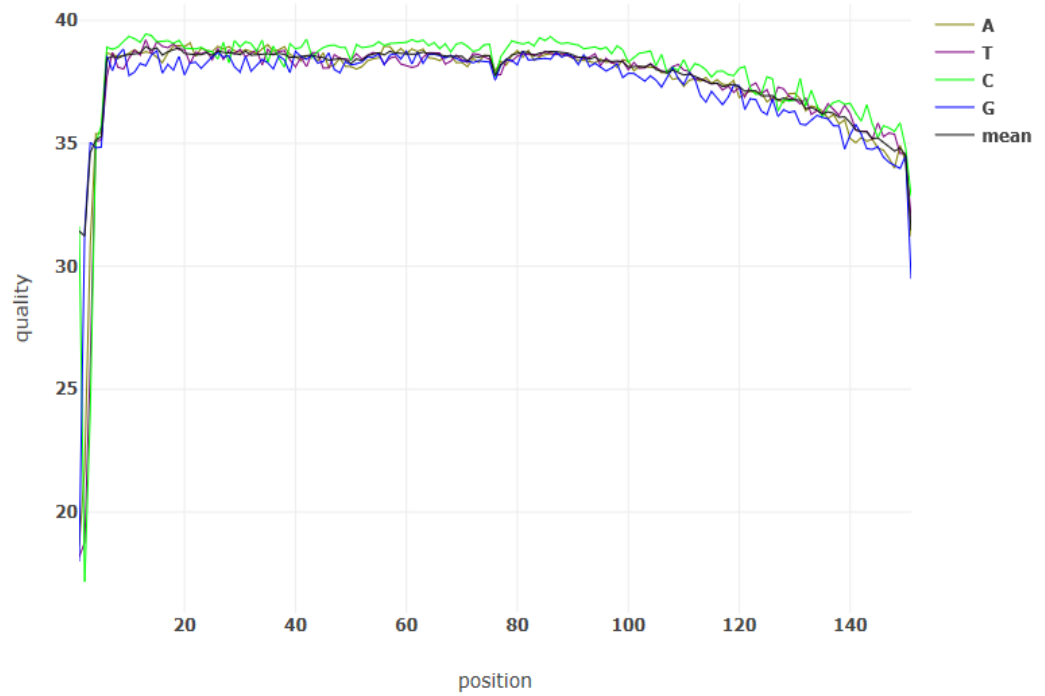
ACS 218



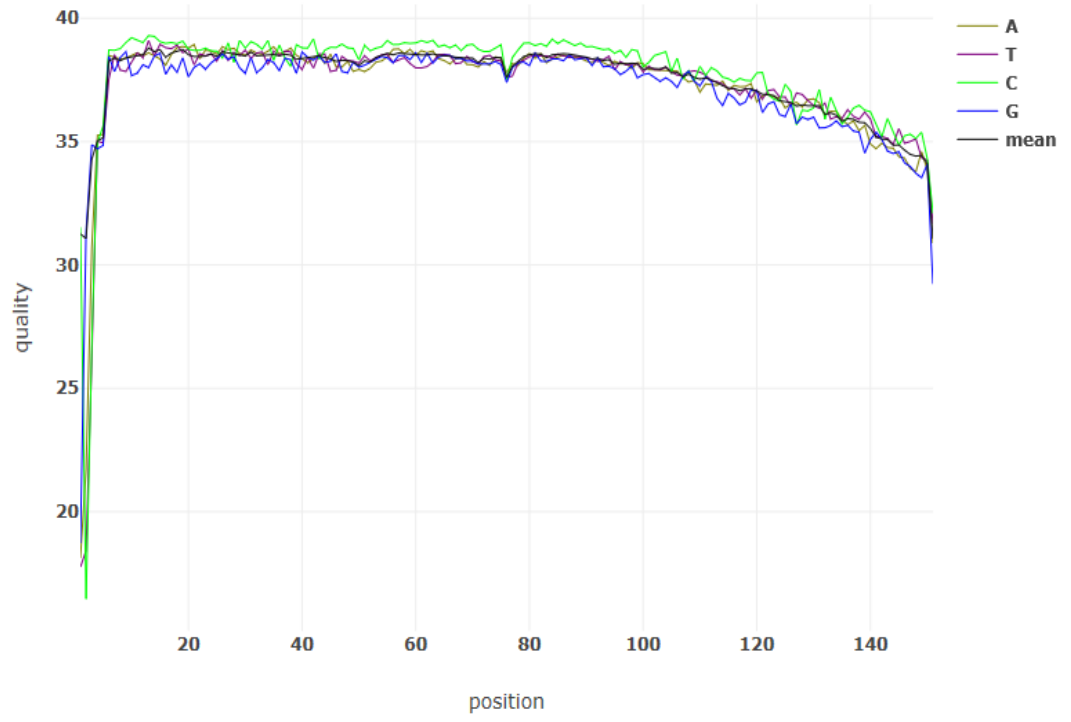
ACS 220



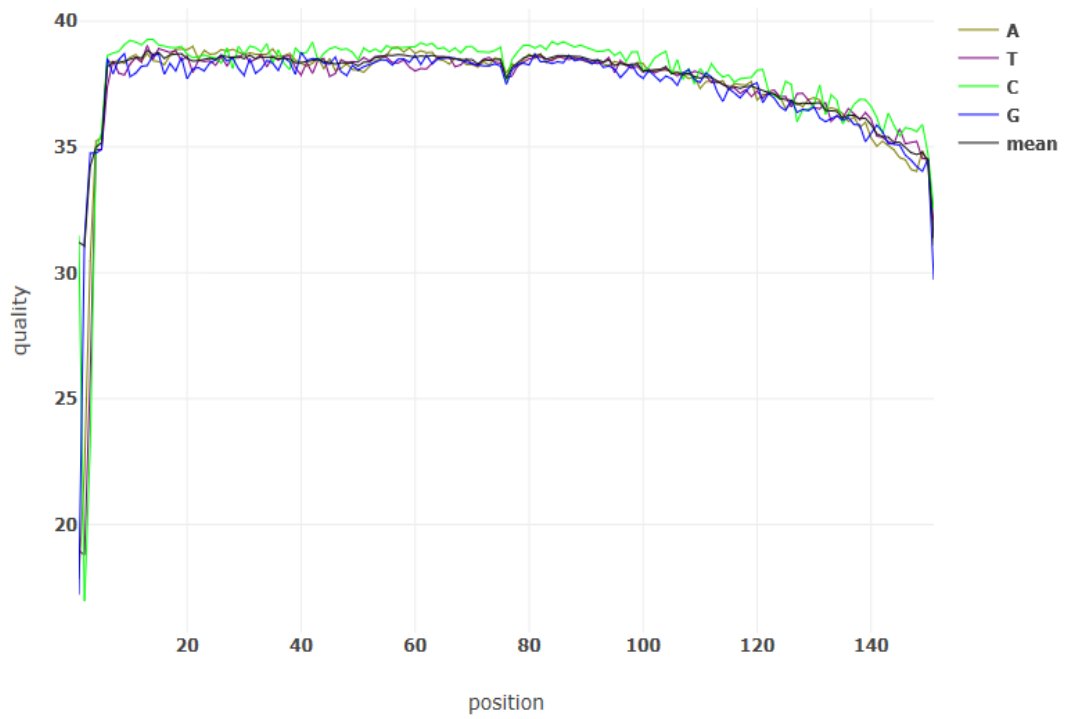
ACS 234



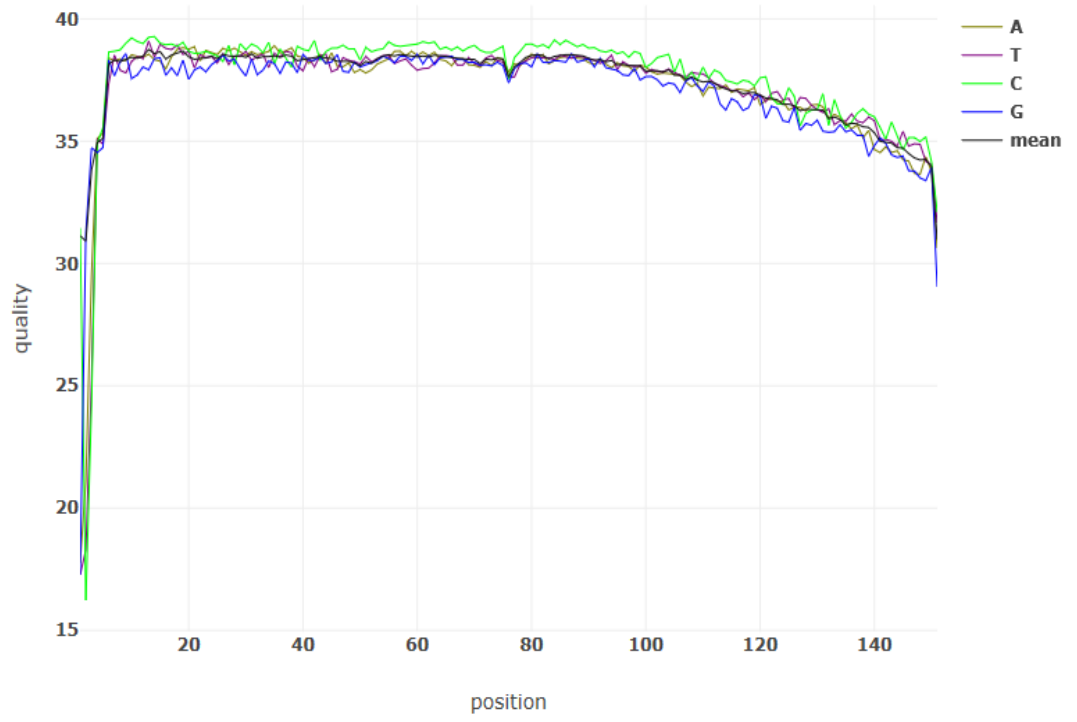
ACS 241



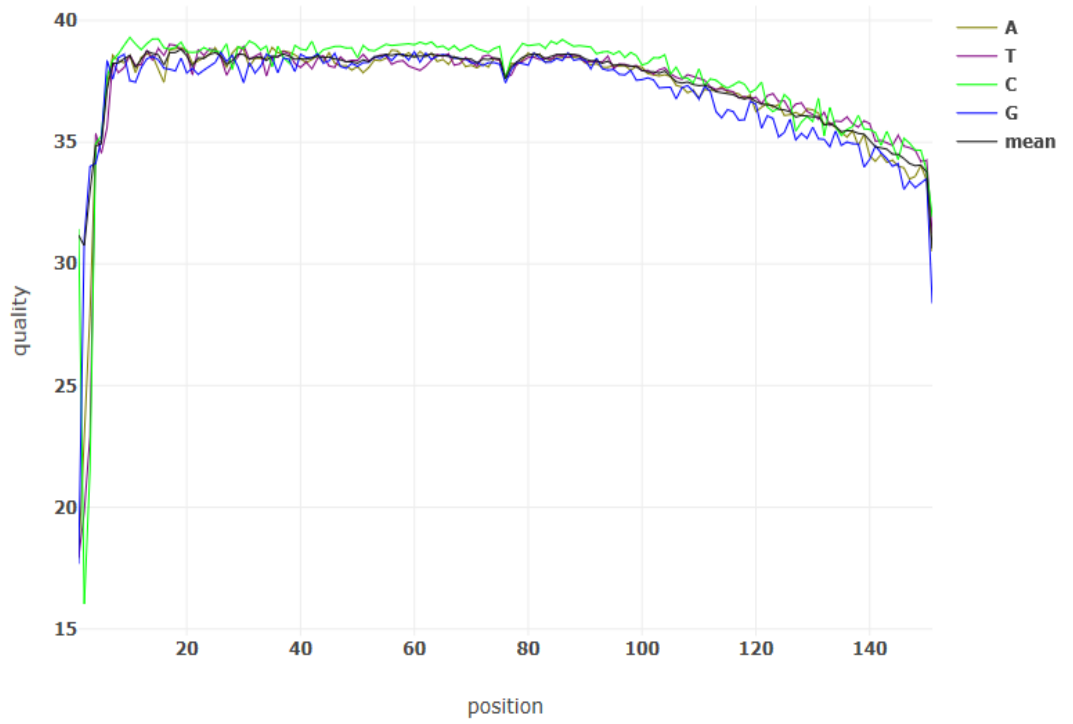
ACS 242



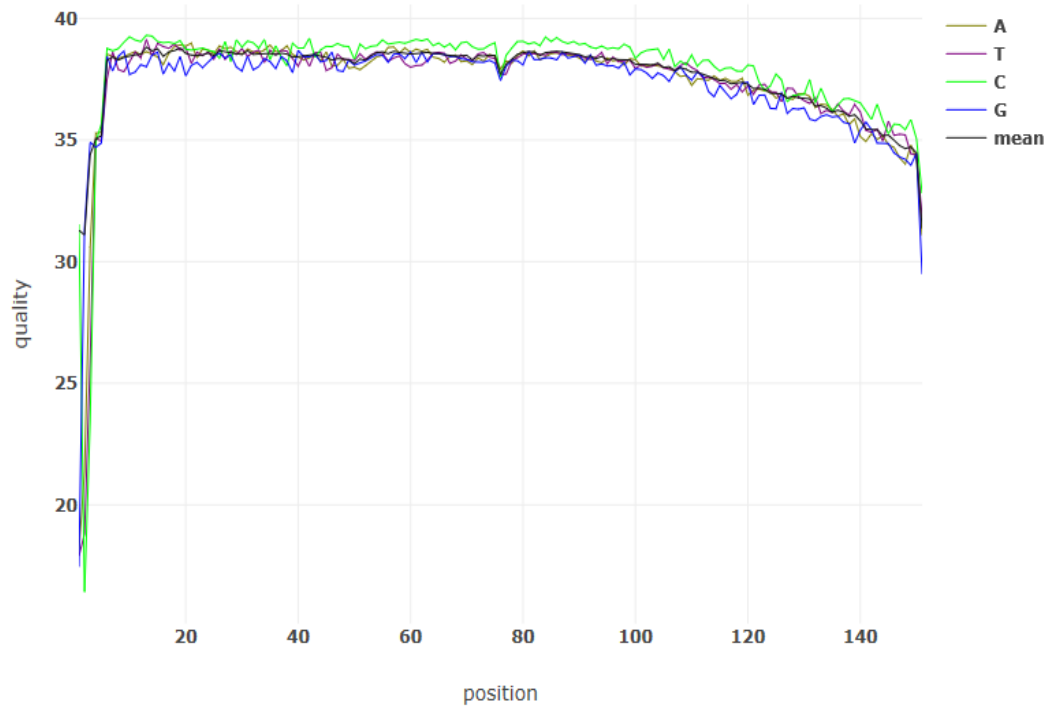
ACS 246



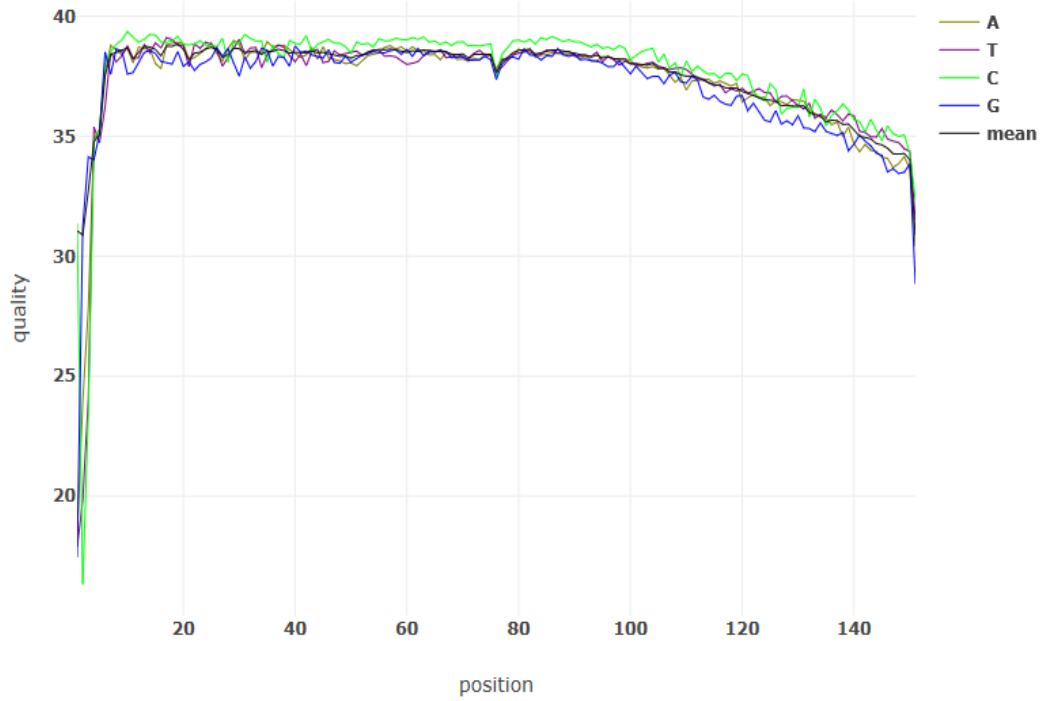
ACS 253



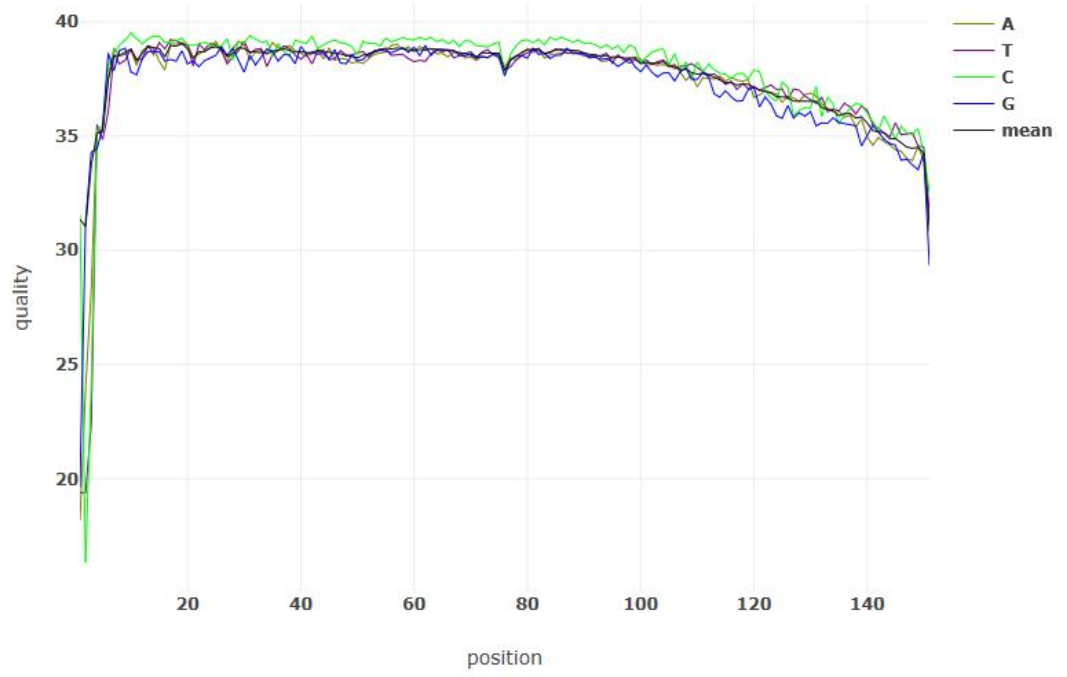
ACS 278



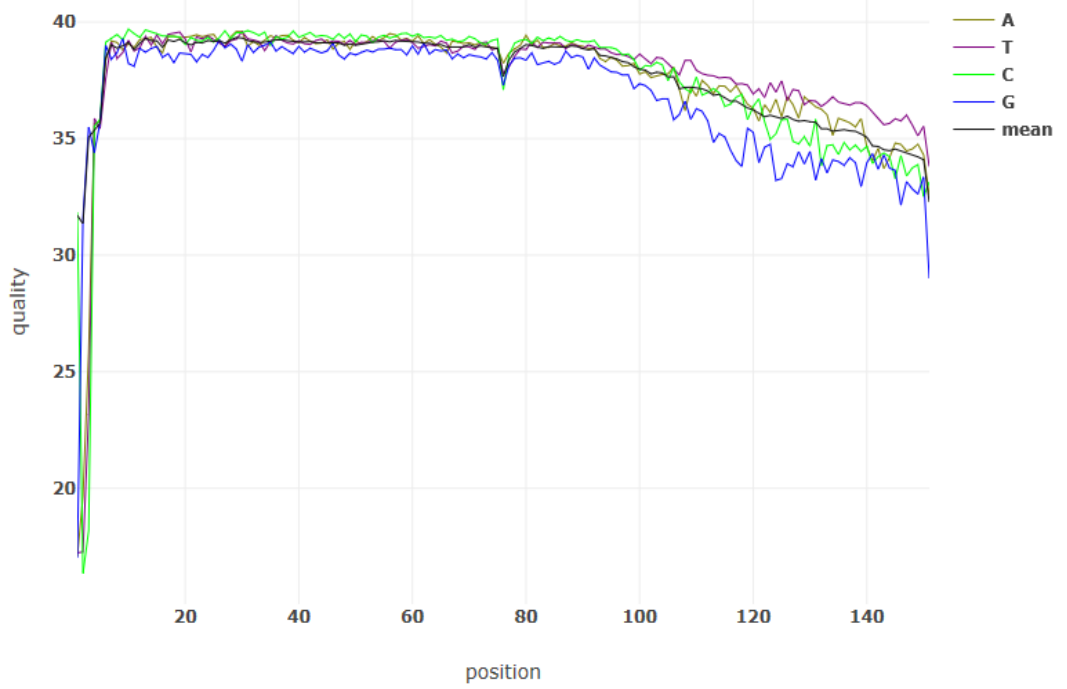
ACS 258



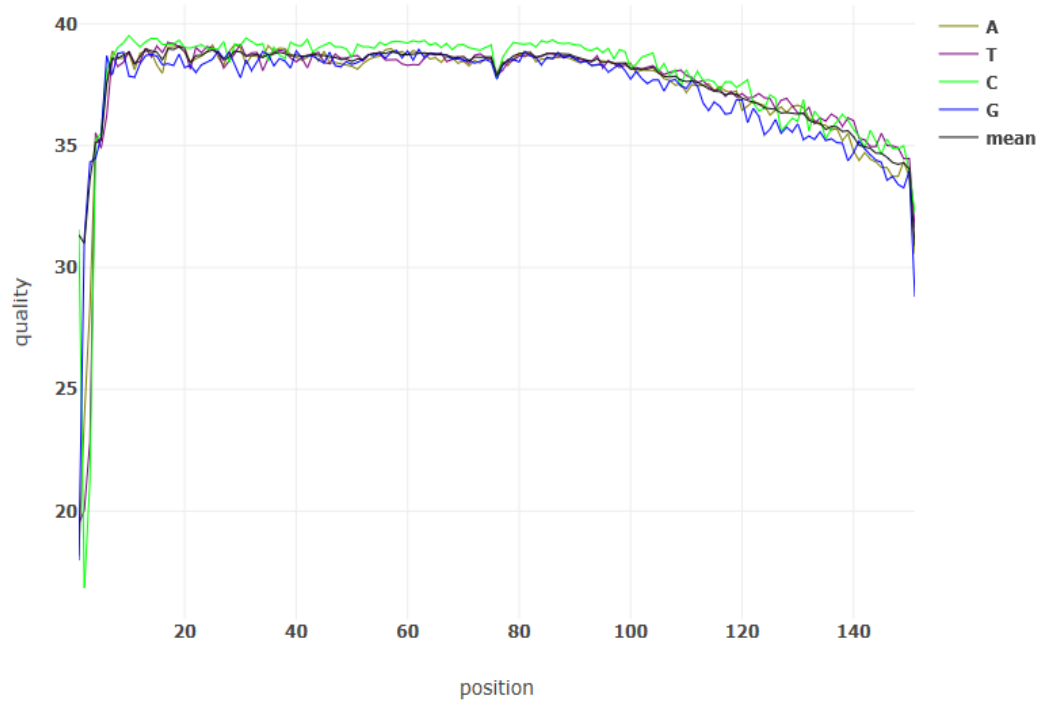
ACS 304



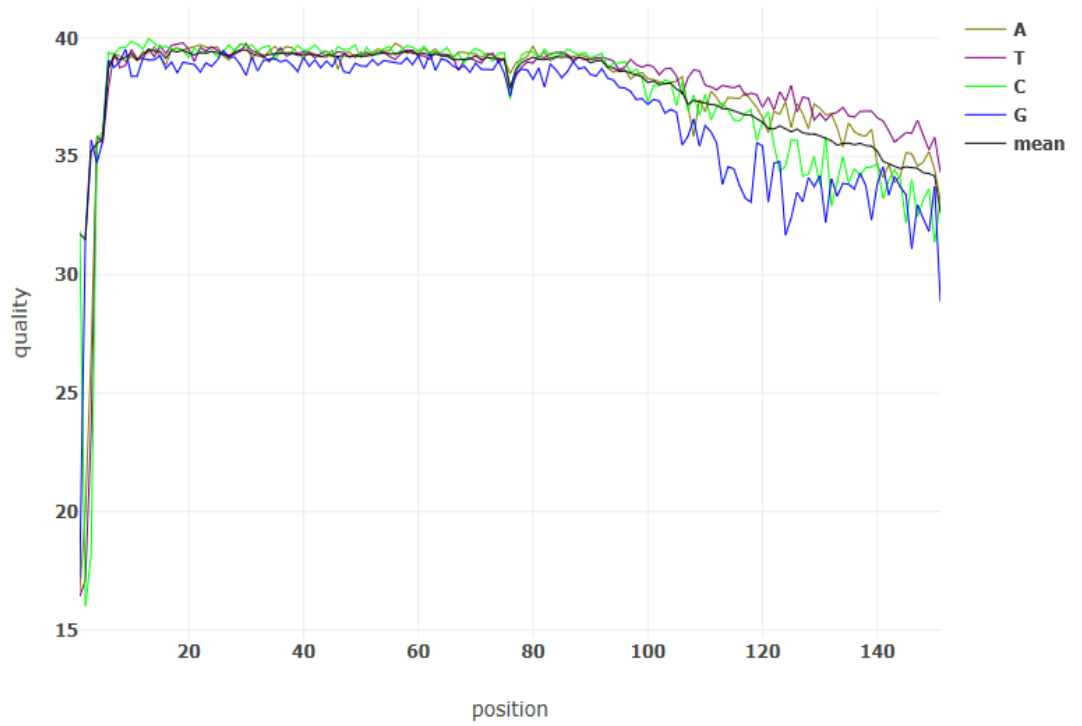
ACS 325



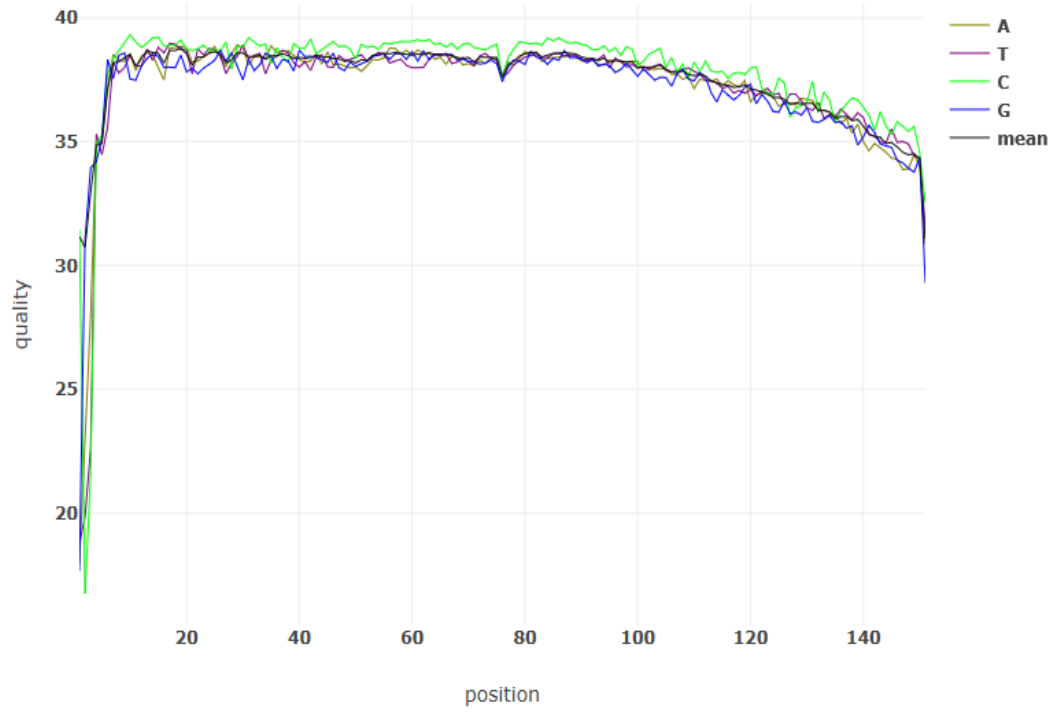
ACS 326



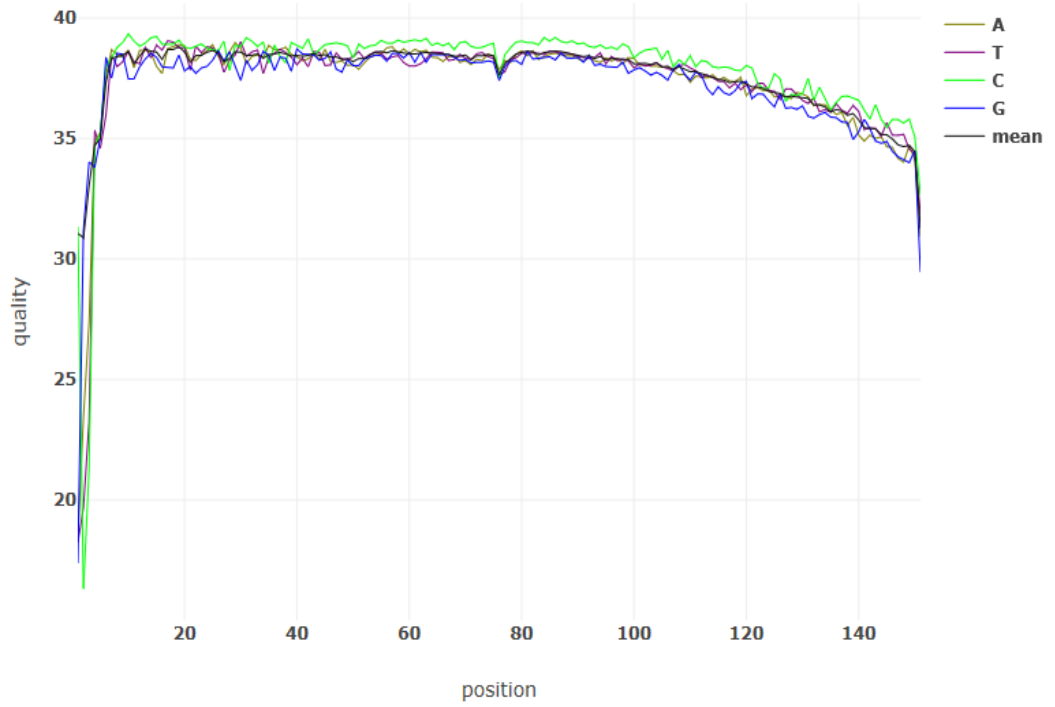
ACS 329



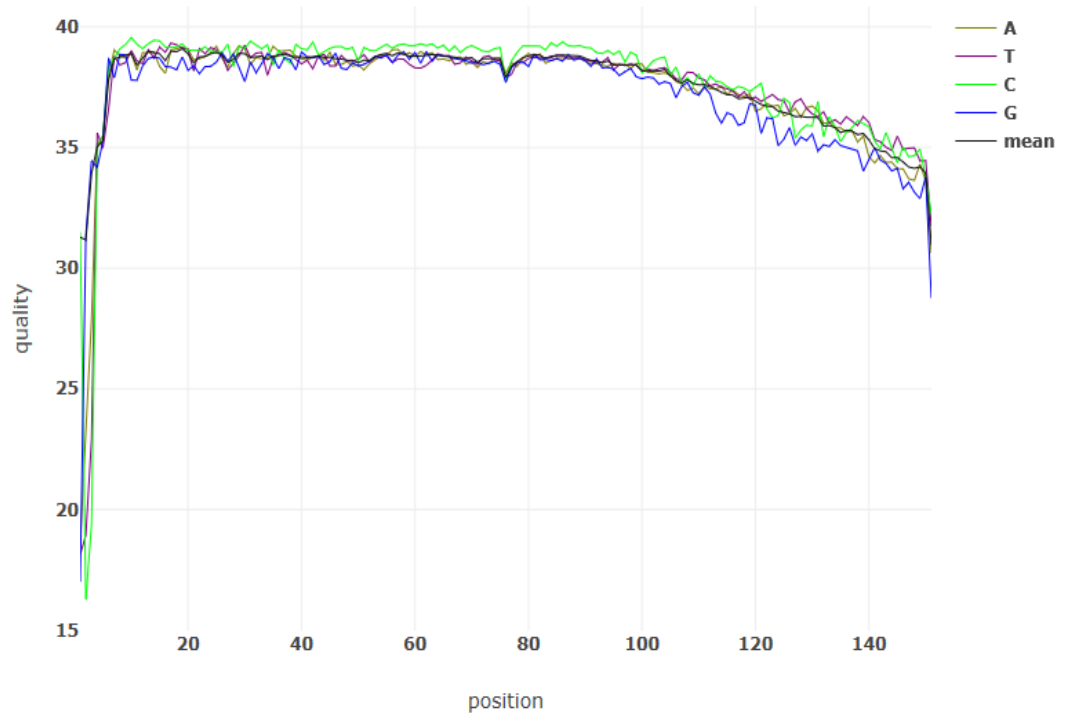
ACS 330



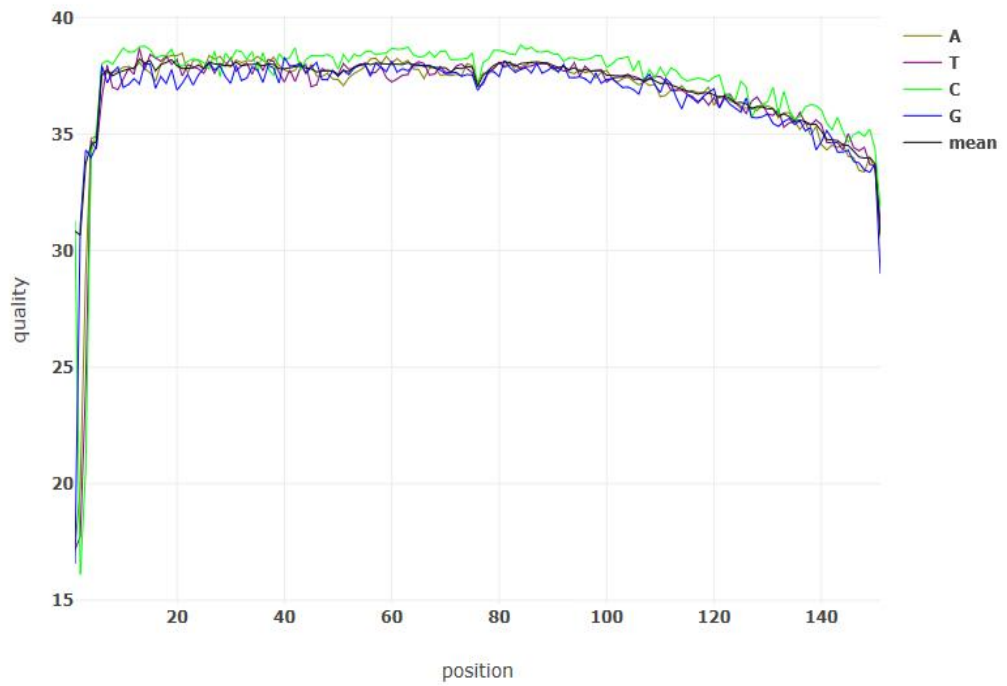
ACS 331



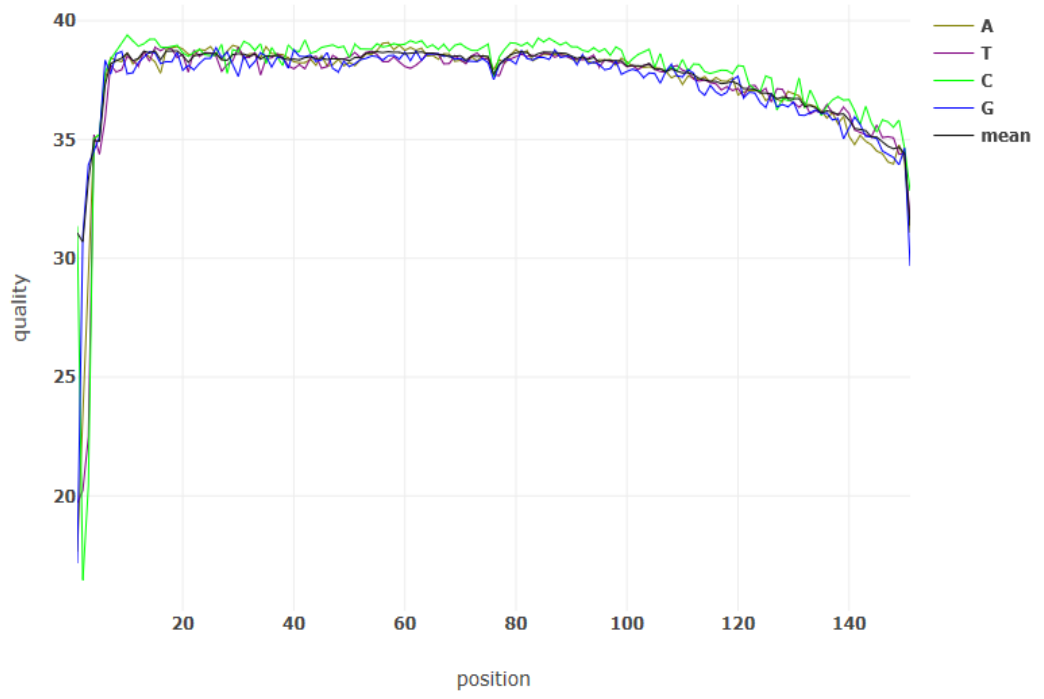
ACS 335



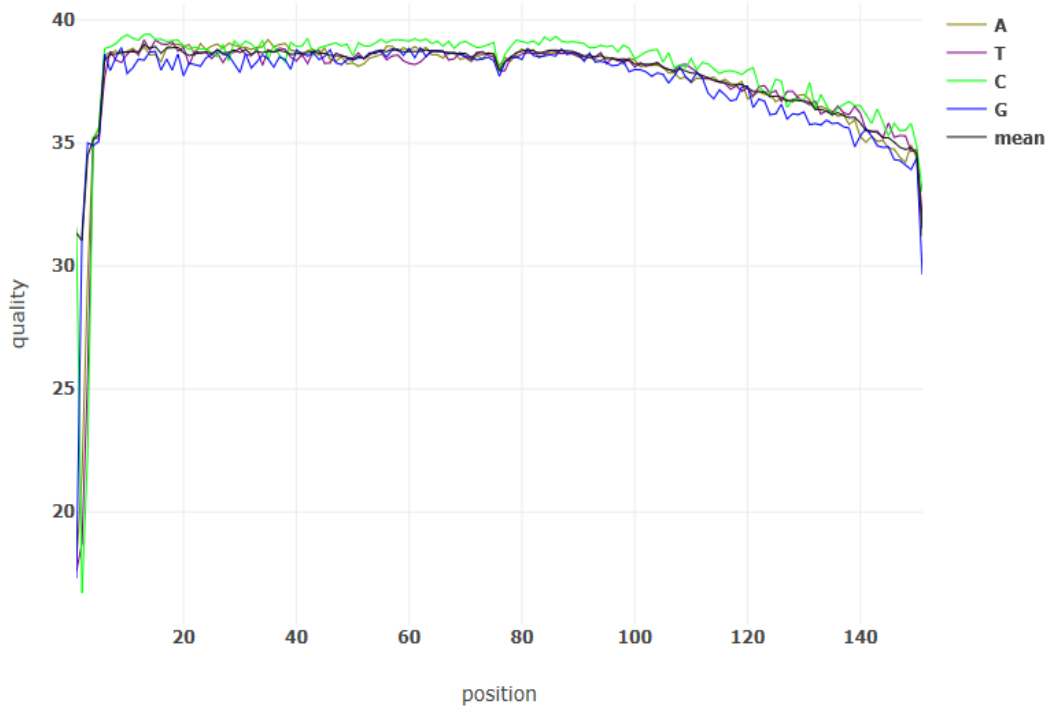
ACS 337



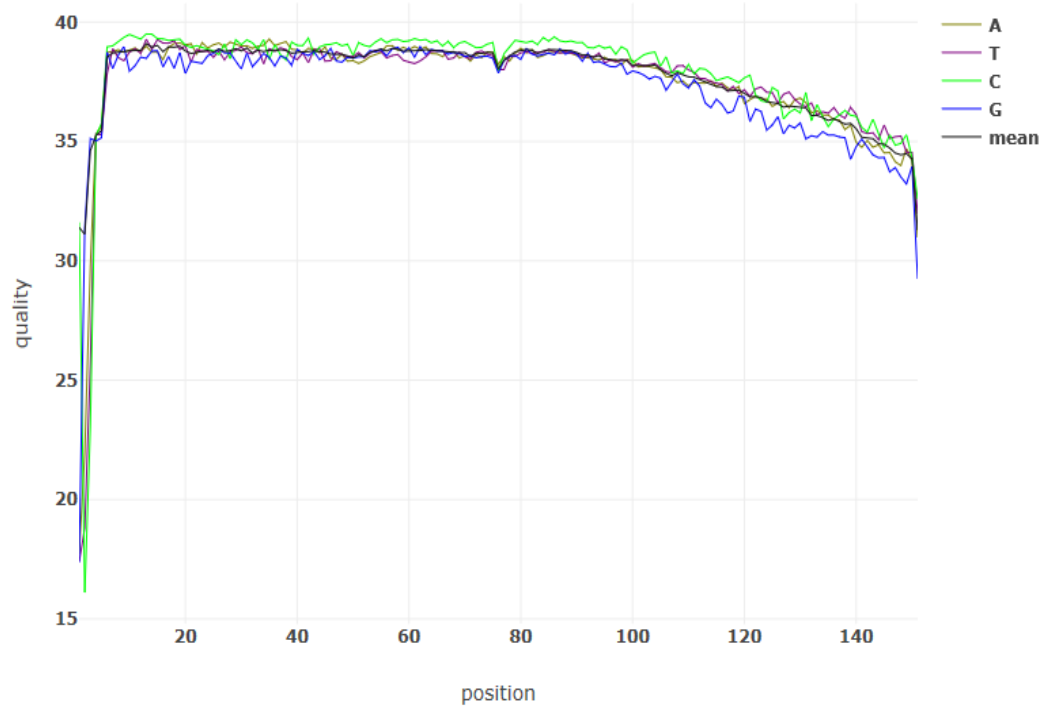
ACS 344



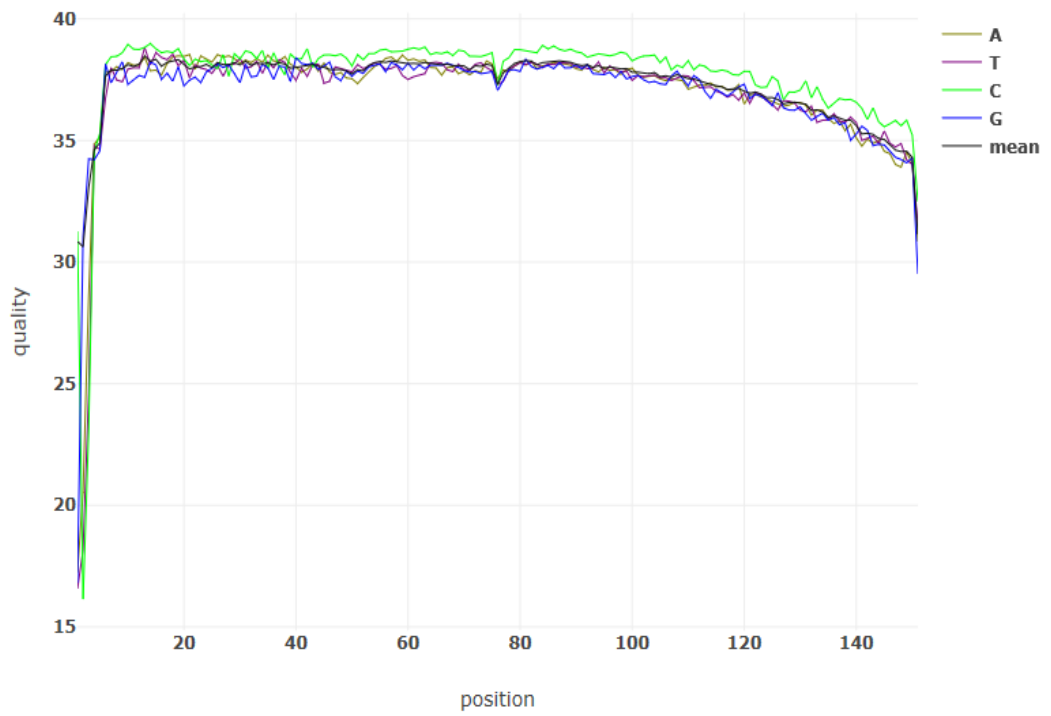
ACS 348



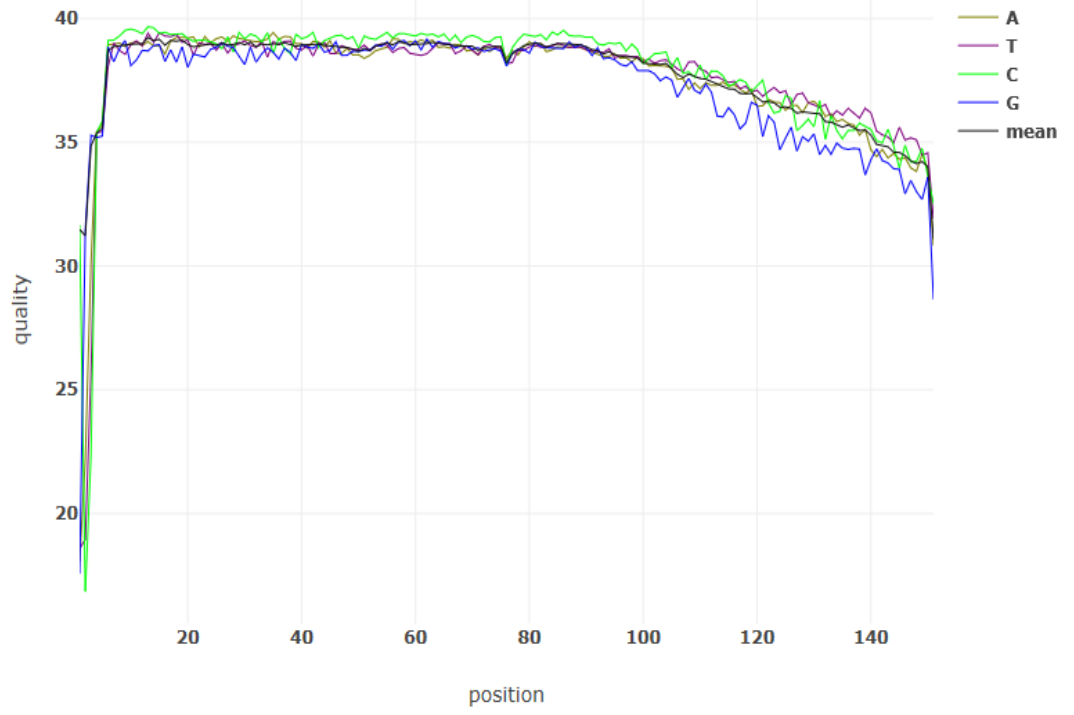
ACS 353



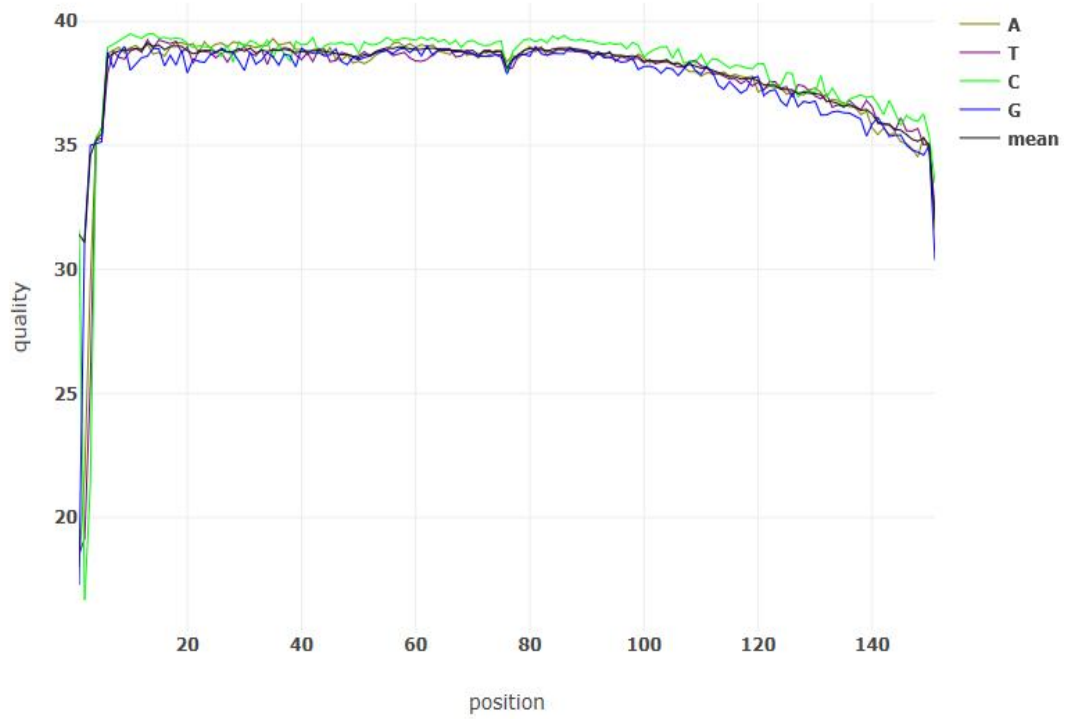
ACS 356



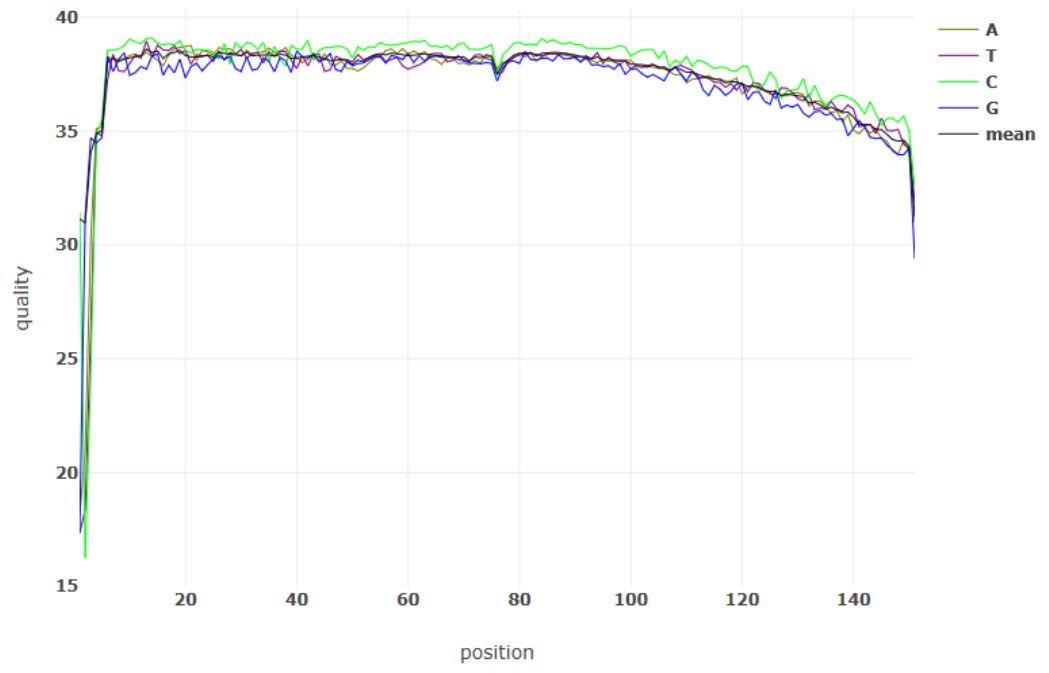
ACS 358



ACS 359



MUGANLI



ÖZBERK

ÖZGEÇMİŞ

MERVE BAŞAK

mervebasak983@outlook.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2016 - 2019	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Bölümü, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2012 - 2016	Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Antalya

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

1. Kizil S., Başak M., Güçlü V., Uzun B., Yol E., "The effects of colchicine treatments on germination rate of sesame seeds. 3rd International Plant Breeding Congress", 3rd International Plant Breeding Congress, Girne, KUZEY KIBRIS TÜRK CUM., 15-19 Ekim 2017, pp.77-77
2. Güçlü V., Çat A., Çatal M., Başak M., Kizil S., Uzun B., et al., "Detection of Fusarium spp. causing fusarium root rot on groundnut in Turkey", 3rd International Plant Breeding Congress, Girne, KUZEY KIBRIS TÜRK CUM., 15-19 Ekim 2017, pp.78-78