

**SCOT MARKÖRLERİ KULLANILARAK BÖRÜLCE BİTKİSİNİN GEN  
KAYNAKLARININ DNA PARMAK İZİ VE POPÜLASYON YAPISININ  
ARAŞTIRILMASI**

**Mehmet ÖZTEMÜR**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ  
TARIM BİLİMLERİ ANA BİLİM DALI**

**SİVAS BİLİM VE TEKNOLOJİ ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ**

**AĞUSTOS 2024**

## ETİK BEYAN

Sivas Bilim ve Teknoloji Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

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

.....  
Mehmet ÖZTEMÜR  
23/08/2024

SCOT MARKÖRLERİ KULLANILARAK BÖRÜLCE BİTKİSİNİN GEN  
KAYNAKLARININ DNA PARMAK İZİ VE POPÜLASYON YAPISININ  
ARAŞTIRILMASI

(YÜKSEK LİSANS TEZİ)

Mehmet ÖZTEMÜR

SİVAS BİLİM ve TEKNOLOJİ ÜNİVERSİTESİ

LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

Ağustos 2024

ÖZET

Genetik çeşitlilik değerlendirmesi, arzu edilen özelliklerin belirlenmesine ve çeşitli germplazmların seçilmesine yardımcı olarak ürün ıslah stratejilerinin geliştirilmesinde önemli bir rol oynamaktadır. Bu çalışmada, börülce germplazmı içindeki genetik çeşitliliği araştırmak için Başlangıç Kodon Hedefli Polimorfizm (SCoT) belirteçleri kullanılmıştır. Yüksek derecede polimorfik 14 SCoT markörü 287 tekrarlanabilir bant vermiştir. Polimorfik bantlar, primer başına 12 ila 24 arasında bir aralık sergilemiş ve ortalama polimorfizm oranı %86,74 olmuştur. Özellikle, etkili alel sayısı 1.351 ile 1.767 arasında değişirken, gen çeşitliliği 0.224 ile 0.419 arasında değişmiştir. Yapı analizi, düşük üyelik katsayıları nedeniyle sınıflandırılmamış ek bir popülasyonla birlikte, coğrafi kökene dayalı olarak aksiyonları iki ana popülasyona (A ve B) sınıflandırmıştır. Filogenetik ağaç yapı analizinin bulgularını desteklemiş ve germplazmı iki gruba (B1 ve B2) ayırmıştır. Daha da önemlisi, kümelenme modeli Batı Afrika, Hindistan alt kıtası ve Türkiye'de ki materyaller arasındaki genetik benzerlikleri ortaya çıkarmıştır. Batı Afrika ve Hindistan alt kıtasından gelen katılımların aynı popülasyon içinde gruplandırılması, daha önceki çalışmalarda bildirildiği gibi börülcenin bu bölgelerden geldiği fikrini desteklemektedir. Bu araştırma, börülce germplazmı içindeki önemli genetik değişkenliği vurgulayarak SCoT markör sisteminin faydasının ve etkinliğinin altını çizmiştir. Özellikle, Pakistan 1 x Türkiye 2 aksiyon çifti en büyük genetik mesafeyi göstermiş ve gelecekteki ıslah programları için değerli bir genetik kaynak olma potansiyelini ortaya koymuştur.

Bilim Kodu : 121206

Anahtar Kelimeler : Genetik çeşitlilik, börülce germplazmı, popülasyon yapısı, ıslah programları, coğrafi köken

Sayfa Adedi : 42

Danışman : Doç. Dr. Muhammad Azhar NADEEM

[INVESTIGATION OF DNA FINGERPRINTING AND POPULATION STRUCTURE  
OF COWPEA PLANT GENE RESOURCES BY USING SCOT MARKERS]

(M.Sc. THESIS)

Mehmet ÖZTEMÜR

SİVAS UNIVERSITY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY  
INSTITUTE OF GRADUATE STUDIES

August 2024

ABSTRACT

Genetic diversity assessment plays an important role in the development of crop breeding strategies by helping to identify desirable traits and select diverse germplasm. In this study, Start Codon Targeted Polymorphism (SCoT) markers were used to investigate genetic diversity within cowpea germplasm. The 14 highly polymorphic SCoT markers yielded 287 reproducible bands. Polymorphic bands exhibited a range of 12 to 24 per primer, with an average polymorphism rate of 86.74%. In particular, the number of effective alleles ranged from 1.351 to 1.767, while gene diversity ranged from 0.224 to 0.419. STRUCTURE analysis classified the accessions into two main populations (A and B) based on geographical origin, with an additional population not classified due to low membership coefficients. The Neighbour-Joining tree supported the findings of the STRUCTURE analysis and classified the germplasm into two groups (B1 and B2). More importantly, the clustering model revealed genetic similarities between material from West Africa, the Indian subcontinent and Turkey. The grouping of accessions from West Africa and the Indian subcontinent within the same population supports the idea that cowpea originated from these regions, as reported in previous studies. This research highlighted the significant genetic variability within cowpea germplasm, underlining the utility and effectiveness of the SCoT marker system. In particular, the Pakistan 1 x Turkey 2 accession pair exhibited the greatest genetic distance and demonstrated its potential as a valuable genetic resource for future breeding programmes.

Science Code : 121206

Key Words : Genetic diversity, cowpea germplasm, population structure, breeding programmes, geographical origin

Page Number : 42

Supervisor : [Assoc. Prof. Dr. Muhammad Azhar NADEEM]

## TEŞEKKÜR

Yüksek lisans eğitimine başladığım ilk günden bu güne kadar bilgi ve deneyimleriyle bana yol gösteren değerli hocam Doç. Dr. Muhammad Azhar NADEEM'e teşekkür ve saygılarımı sunarım.

Çalışmalarım süresince görüş ve önerilerinden yararlandığım ve çalışmamın her aşamasında yardımlarını esirgemeyen sevgili Amjad Ali ve Muhammad Tanveer Altaf'a teşekkürü bir borç bilirim.

Tezimin her safhasında manevi destekçim olan ve yardımlarını esirgemeyen değerli eşim Zir. Müh. Binnur ÖZTEMÜR'e ve canım kızım Emine Esila'ya sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bu tez çalışması Sivas Bilim ve Teknoloji Üniversitesi Rektörlüğü tarafından 2023-YLTB-TBT-006 projesi ile desteklenmiştir. Desteklerinden dolayı Sivas Bilim ve Teknoloji Üniversitesi BAP Birimine teşekkür ederim.

**İÇİNDEKİLER**

	<b>Sayfa</b>
ÖZET .....	v
ABSTRACT.....	vi
TEŞEKKÜR.....	vii
ÇİZELGELERİN LİSTESİ.....	ix
ŞEKİLLERİN LİSTESİ .....	x
RESİMLERİN LİSTESİ .....	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	xii
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI .....	4
3. MATERYAL ve YÖNTEM.....	15
3.1. Araştırma Yeri ve Bitki Materyalleri .....	15
3.2. DNA İzolasyonu.....	17
3.3. SCoT Primerleri Kullanılarak PCR Amplifikasyonu.....	18
3.4. İstatiksel Analiz.....	19
4. BULGULAR ve TARTIŞMA.....	21
4.1. BULGULAR .....	21
4.2. TARTIŞMA .....	26
5. SONUÇ VE ÖNERİLER .....	31
KAYNAKLAR .....	32

## ÇİZELGELERİN LİSTESİ

Çizelge	Sayfa
Çizelge 2.1. Türkiye’de Börülce Üretimi.....	7
Çizelge 3.1. Araştırmada Kullanılan Germplazmlarına Ait Bilgiler.....	17
Çizelge 3.2. Araştırmada Kullanılan SCoT Markörler.....	21
Çizelge 4.1. Genetik Çeşitlilik İndexleri.....	26
Çizelge 4.2. Genotiplerin Genetik Uzaklıkları.....	27



## ŞEKİLLERİN LİSTESİ

Şekil	Sayfa
Şekil 4.1. SCoT 7 Markörü Kullanılarak Jel Görüntüsü.....	23
Şekil 4.2. SCoT 13 Markörü Kullanılarak Jel Görüntüsü.....	24
Şekil 4.3. SCoT 14 Markörü Kullanılarak Jel Görüntüsü.....	25
Şekil 4.4. Börülce Genotiplerinin Popülasyon Yapısı.....	27
Şekil 4.5. Filogenetik Ağaç.....	28



## RESİMLERİN LİSTESİ

<b>Resim</b>	<b>Sayfa</b>
Resim 3.1. Börülce Bitkisinin Çimlenme Görünümü.....	19
Resim. 3.2. Laboratuvar Çalışmalarına Ait Görseller.....	20



## SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış simgeler ve kısaltmalar, açıklamaları ile birlikte aşağıda sunulmuştur.

### Simgeler

### Açıklamalar

$\mu$ l	Mikrolitre
$\mu$ M	Mikromolar
bp	Basepair(baz çifti)
da	Dekar
ml	Mililitre
mM	Milimolar
ng	Nano gram

### Kısaltmalar

### Açıklamalar

<b>ATG</b>	Adenin-Timin-Guanin
<b>CTAB</b>	Etil Three Metil Amonyum Bromid
<b>DNA</b>	Deoksiribonükleik Asit
<b>dNTP</b>	Deoksinükleotid Tri Fosfat
<b>EDTA</b>	Etilendiam in-Tetra Asetik Asit Di Sodyum Tuzu
<b>ISSR</b>	Basit Diziler Arası Tekrar(İnter Simple Sequence)
<b>MAS</b>	Moleküler Markör Destekli Seleksiyon
<b>PCR</b>	Polimeraz Zincir Peaksiyonu
<b>PIC</b>	Polimorfik Bilgi İçeriği
<b>RAPD</b>	Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
<b>SCoT</b>	Start Codon Targeted (Basit kodonu hedefli)
<b>SSR</b>	Basit Dizi Tekrarları (Simple Sequence Repeat)
<b>Taq</b>	Taq Polimeraz Enzimi
<b>TBE</b>	Tris/Borate/EDTA
<b>Tris</b>	Hidroksimetil aminometan

## 1. GİRİŞ

“Yaklaşık 18000 tür ile bitki aleminin en büyük üçüncü familyasını oluşturan baklagiller familyası, temel protein ve karbonhidrat kaynaklarından” [1]. “Dünya nüfusunun 2050 yılına kadar 9,2 milyara ulaşacağı ve buna bağlı beslenme açığının oluşmaması için diğer hayvansal ürünler ile birlikte 200 milyon ton sığır eti ihtiyaç olduğu düşünülmektedir” [2]. “Gıda üretiminin de %50 oranında artırılması gerektiği tahmin edilmektedir” [3]. İçerdikleri yüksek protein ve aminoasitler sayesinde özellikle gelişmemiş ülkeler için en önemli protein kaynaklarından birisidir. Börülce yüksek protein oranıyla soya fasulyesinin yerini alacak potansiyele sahip bir tarım ürünüdür [4]. “Besin içeriği olarak börülce tohumlarında %27,4 protein, %1,9 yağ, %4,48 lif ve %48,53 karbonhidrat bulunmaktadır” [5]. Ayrıca hayvan beslenmesinde de kullanılan börülce yem açığının giderilmesi amacıyla kaliteli kaba yem ve kesif yem olarak da kullanılmaktadır. İçerdikleri bakteriler ile toprağa azot sağlayarak hem girdi fiyatlarının azalmasını hem de fazla gübreleme yapılmasının önüne geçilmektedir. Börülce (*Vigna unguiculata* L. Walp) Türkiye'nin Ege ve Akdeniz bölgelerinde yaygın olarak yetiştirilmektedir. Bitki daha çok taze baklaları için yetiştirilmekte, taze ve kuru tohumları insan beslenmesi amacıyla kullanılmaktadır [6].

Ülkemizde börülce ekilen alanlardan düşük verim alınması, köylünün daha çok gelir getireceğini düşündüğü bitkiler yetiştirmesi, hastalık ve zararlılara karşı yüksek verim veren ve daha dayanıklı çeşitler üzerinde ıslah çalışmalarının yapılmamış olması ve yurtiçi talebin düşük olması gibi nedenlerden dolayı çok farklı coğrafyalarda yetiştiriciliği yapılan börülce üretimi henüz ülkemizde yaygın bir hale getirilememiştir. Bu nedenle börülce bitkisinin üretim deseninde yer alması için ıslah metodları kullanılarak biyotik ve abiyotik faktörlere dayanıklı ve verimli çeşitler geliştirilmesi gerekmektedir [7, 8]. “Kuraklık, aşırı yağış gibi olumsuz koşullar altında çiftçilerin ürün kaybını en aza indirmek ve daha fazla ürün almak için geliştirilecek tohumların üretimi konusunda gerekli araştırmalar yapılmaktadır” [9].

“Gen kaynaklarının çeşitliliği, karakterizasyonu ve sınıflandırılması hem koruma stratejilerinin geliştirilmesinde ve genetik kaynaklarının tanımlanmasında hem de bitki ıslahı açısından çok önemlidir” [10]. “Bitki gen kaynaklarının zenginliği biyotik ve abiyotik stres koşullarına dayanıklı ve verimli bir çeşit elde etme açısından bitki ıslahının

temel kaynaklarını oluşturmaktadır” [11]. Börülce genotipleri arasındaki genetik çeşitliliğin ve ilişkilerin değerlendirilmesi, gen havuzunun agromorfolojik özelliklerinin belirlenmesi, koruma stratejilerinin geliştirilmesi ve bitki genetik kaynaklarının tanımlanması açısından büyük önem taşımaktadır. Börülcenin ekonomik önemi ve çeşitliliği Türkiye dahil birçok ülkede artmış olsa da şu ana kadar çok sınırlı sayıda çeşitler mevcuttur. Bu nedenle, çeşitlerin geliştirilmesinde kullanılacak varyasyonları araştırmak için gen kaynaklarının DNA parmak izini ve popülasyon yapısını araştırmaya ihtiyaç vardır [6].

Geleneksel yollarla yapılan bitki ıslahı uzun zaman almakta ve çevresel etmenlerden etkilenmektedir. Dayanıklı ve verimli çeşitlerin ıslah edilmesi çok uzun yıllar alabildiği gibi çeşidin piyasada kendine yer bulması da kesin değildir. Bu nedenle çeşit ıslahı yapılırken ıslah süresini azaltabilecek yöntemlerin uygulanması sağlanmıştır. Bitki ıslahında seleksiyon yapılırken moleküler markörlerin avantajları kendine geniş uygulama alanları bulmasını sağlamıştır [12].

Bitkilerin genetik kaynaklarının karakterizasyonu sahip olunan gen havuzu hakkında bilgi vermektedir. Çevresel etmenlerden etkilenmeyen, gözlemlenebilir, kalıtımı yüksek karakterler incelenerek morfolojik karakterizasyon çalışmalarında fenotipler arasındaki değişiklikler gözlemlenebilmektedir. Yeni çeşitlerin tescil edilmesi için toplanan bitki materyalleri arasında aynı popülasyondan gelen gen kaynaklarının elenmesi, çalışılacak gen havuzunun ortaya konulması bitki ıslahına başlamak için önem arz etmektedir [114].

“Bitki ıslahında moleküler markörlerden genotiplerin popülasyonlarının belirlenmesinde, genetik uzaklığın belirlenerek genetik haritalama çalışmalarında, seleksiyonda ve kantitatif-kalitatif özelliklerin ıslahında, çeşitlerin tanımlanmasında faydalanılmaktadır” [14]. Moleküler markörler, genotip içerisinde bulunan gen bölgesi ile bağlantılı DNA kısmıdır. DNA markörleri, DNA dizilişin farklılıklarına göre genotipleri birbirinden ayıran markörlerdir. Moleküler markörler nükleik asit temeline dayanmaktadır ve genomların incelenmesi için bitki ıslahçıları tarafından yaygın olarak kullanılmaktadır. Morfolojik karakterizasyon olarak birbirine çok yakın olan çeşitler moleküler markörler ile birbirinden ayrılması ve tanımlanması sağlanmaktadır [12].

Başlangıç kodonu hedefli (SCoT) polimorfizm markörü, ATG translasyon başlangıç kodonunun kısa korunmuş bölgelere dayalı gen hedefli bir DNA markör tekniğidir. Bu teknik, daha fazla genomik sekans bilgisi bilmeden ATG başlangıç kodonunu çevreleyen kısa korunmuş bölgeden tekli primerlerin tasarlanmasını içermektedir. Teknik olarak basit olan SCoT, tekrarlanabilir yüksek polimorfizm üreten daha uzun primerler (18-mer) kullanırlar [13]. “SCoT primerler aracılığıyla hedef bölgelerin PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)’a dayalı çoğaltımı ve standart agaroz jel elektroforezinde PCR sonucunda elde edilen fragmentlerin görüntülenmesi esasına dayanmaktadır” [115]. “SCoT markör tekniği hem dominant hem de kodominant markörlerin varlığını tespit etmektedir” [15]. “Kullanımı kolay ve daha ucuzdur, bu da temel donanıma sahip birçok laboratuvarında geniş uygulamalara neden olmaktadır” [16]. SCoT markörü, RAPD’lerin kullanımıyla ilgili zorlukları iyileştirmek ve üstesinden gelmek için geliştirilmiştir. SCoT önceden dizi bilgisi gerektirmez ve polimorfizm, fonksiyonel genler ve bunlara karşılık gelen özelliklerle ilişkilidir. SCoT markörü ve gen/özellik arasındaki rekombinasyon seviyeleri, RAPD’ler, ISSR’ler veya SSR’ler gibi rastgele markörlerle karşılaştırıldığında genellikle daha düşüktür ve bu nedenle doğrudan markör destekli ıslah programlarında kullanılabilir [13]. “Sonuç olarak, RAPD markörlerine kıyasla yüksek oranda tekrarlanabilmektedirler” [16]. “SCoT markörleri ayrıca kopyalanmış bölgelerden de geliştirilebilmekte ve bu nedenle ortaya çıkan markörler gen fonksiyonuna bağlanabilmektedir” [17]. Amplifiye edilmiş ürünler, gen hedefli bir markör sistemine dönüştürülebilmektedir. Bu nedenle SCoT markörü gen hedefli, ISSR ve RAPD’e kıyasla düşük rekombinasyon seviyelerine sahip olduğundan genetik çeşitlilik analizinde etkili bir tekniktir. Ayrıca, diğer markörlerle karşılaştırıldığında, SCoT, polimorfizmleri tespit etme potansiyeli yüksek olan üstün çözüme yeteneklerine sahiptir [16, 18].

Bu araştırmadaki amaç; bürülcenin ekonomik önemi ve çeşitliliği birçok ülkede artmış olsa da şu ana kadar çok sınırlı sayıda çeşitler mevcuttur. Bürülce bitkisinin üretim deseninde yer alması için biyotik ve abiyotik faktörlere dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, geliştirilen çeşitlerden verimli ve kaliteli ürün alınması gerekmektedir. Materyallerde yapılacak moleküler karakterizasyon, sonradan yapılacak olan bitki ıslah çalışmalarında hakkında yardımcı olacaktır.

## 2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Fabaceae familyasına ait bitkilerin tohumları veya meyveleri baklagil olarak adlandırılmaktadır. Baklagil, kabuklu baklanın hasat edilmesiyle elde edilen tohum demektir ve Latince "Legumen" kelimesinden türetilmiştir. Dünya genelinde beslenmek amacıyla yaygın olarak kullanılan baklagiller arasında fasulye (*Phaseolus vulgaris*), nohut (*Cicer arietinum*), bezelye (*Pisum sativum*), mercimek (*Lens culinaris*), soya fasulyesi (*Glycine max*), yer fıstığı (*Arachis hypogaea*), börülce (*Vigna unguiculata* L.), barbunya (*Mullus barbatus*), bakla (*Vicia faba* L.), acı bakla (*Lupinus albus* L., *Lupinus mutabilis* Sweet) ve maş fasulyesi (*Vigna radiata* Walp.) sayılabilir. FAO (Food and Agriculture Organization) tarafından baklagiller insanlar ve hayvanlar tarafından yenilebilen kuru, düşük yağ içerikli besin maddeleri olarak tanımlanmıştır [19].

"Antik" besin olarak bilinen baklagiller et ve pirinç gibi temel besin maddelerinin gelmesi ile birlikte bu düşünce değişikliğe uğramıştır. Amerika Birleşik Devletleri ve zengin Avrupa ülkelerinde baklagillerin tüketimi artarken gelişmekte olan ülkelerde baklagillerin tüketiminin azalmaya başladığı görülmüştür. Baklagillerin besleyici besin özelliklerinin ortaya çıkması bu durumun başlamasını sağlamıştır [20].

Özellikle protein miktarının fazla ve kaliteli olması ile birlikte yemeklik tane baklagilleri başka bitki besin gruplarından ayırmıştır. A, C ve E vitaminleri bakımından yeterli olmayan yemeklik tane baklagiller B vitamini bakımından oldukça zengindir. Ayrıca demir, fosfor ve potasyum mineralleri bakımından da oldukça zengindirler [21]. Protein kalitesinin önemli kriterlerinden olan vücut tarafından hazmolma kabiliyetleri (%78) olan yemeklik tane baklagillerin kuru taneleri %18.0-36.6 oranında değişen protein ihtiva etmektedir. Yine protein kalitesinin bir diğer ölçütü olan esansiyel aminoasitler bakımından hayvansal proteinlere yakındır ve isoleucine, leucine, methionine, lycine, valin, threonine ve tryptophane gibi aminoasitler içermektedir [8].

Baklagillerde, antinütrisyonel bileşikler olarak bilinen çeşitli enzimler, proteaz inhibitörleri ve lektinler gibi farklı proteinler bulunmakta, bu proteinlerin çoğu suda çözünür albümin sınıfındadır [22]. Dünya'daki yetersiz ve dengesiz beslenmeyi önlemek için öncelikle bitki besin verimlerinin artırılarak üretim miktarının artırılması ve protein oranı yüksek olan

hayvansal ve bitkisel besin maddelerinin üretimlerinin artırılması ile birlikte bu besinlerin dengeli bir şekilde kullanılması gerekmektedir [23].

Baklagiller protein miktarlarının fazla olmasıyla birlikte insan beslenmesinde oldukça önemli bir yere sahiptir. Kuru tane olarak tahıllar ile karşılaştırıldığında protein oranlarının 2-2,5 kat daha fazla olduğu görülmüştür. Düşük protein ve yüksek enerjili besinlerin eksikliklerini gidermek amacıyla gelişmekte olan ülkelerde yemeklik tane baklagillerin ekim alanı daha geniştir [24]. “İnsanların beslenmesinin yanı sıra hayvan yemi olarak da kullanılan börülce bitkisi önemli bir baklagildir” [25]. “Börülce bitkisinin orjini Afrika, Güney Asya ve Hindistan olarak bilinmektedir” [26]. “Daha çok Afrika’nın yarı kurak alanlarında yetiştirilen börülce bitkisinin üretim alanı oldukça fazladır” [27].

Silajlık, yeşil ve kuru ot olarak hayvan beslenmesinde kullanılan börülce bitkisinin taneleri de bu amaçla değerlendirilmektedir [26]. “Börülcenin yeşil otu %14-21 oranında kuru taneleri ise %18-26 oranında ham protein içermekte olup besleme değeri yüksektir” [28]. “C vitamini miktarı oldukça zengin (35 mg/100 g) olan taze börülcenin tanesinde %24,8 oranında da protein içermektedir” [29].

“Kültüre alınmış börülce *unguiculata* alt türüne ait olup, *unguiculata*, *textilis*, *sesquipedalis*, *biflora* ve *melanophthalmus* olmak üzere beş gruba ayrılmıştır” [30, 31]. “Yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan börülce kültür grubu *unguiculata*'ya aittir. Börülce,  $2n = 22$  ile diploiddir ve genom boyutu yaklaşık olarak 620 milyon baz çiftidir” [32, 33].

Bu düşük verimlilik, bir dizi abiyotik (kuraklık, sıcaklık, düşük toprak verimliliği vb.) ve biyotik (böcekler, hastalıklar, parazitik yabancı otlar vb.) gibi çok çeşitli faktörlere bağlanabilir. Dünya genelinde Nijerya en fazla börülce üretiminin yapıldığı yerdir ve onu Nijer, Burkina Faso, Kamerun ve Mali izlemektedir [32]. “Afrika'da yetiştiriciliği yapılan börülce verimi Asya ve Amerika Birleşik Devletleri'ne göre oldukça düşüktür” [32, 34].

Üretiminin fazla olduğu ülkeler olmasına rağmen ülkemizde börülce üretim alanı fazla değildir. Börülce fiyatının ucuz olması, talebin fazla olmayışı, yüksek verimli olmaması nedeniyle üreticinin daha karlı bitki türlerini ekmesine neden olmuştur (Akçin, 1988). Verimi yüksek, hastalık ve zararlılara karşı dayanıklı çeşitlerin ıslah edilememiş olması da bu nedenler arasında gösterilebilir [7, 8].

Ülkemizde en fazla Ege, Akdeniz ve Marmara bölgelerinde yetişen börülcenin farklı kullanım şekilleri bulunmaktadır. Ülkemizde son 15 yılda üretimi yapılan taze börülce ve tane börülceye ait bilgiler Çizelge 2.1.'de gösterilmektedir. Çizelgeye bakıldığında, taze börülcenin ekim alanının ortalama 20711 da ve ortalama veriminin 833 kg/da olduğu, tane amaçlı yetiştirilen börülcenin ise ekim alanının ortalama 17285 da ve ortalama veriminin 104 kg/da olduğu görülmektedir [35].

Çizelge 2.1. Türkiye’de börülce üretimi

Yıllar	Taze Börülce Ekim Alanı (da)	Üretim (Ton)	Taze Börülce Verim (kg/da)	Tane Börülce Ekim Alanı (da)	Üretim (Ton)	Tane Börülce Verim (kg/da)
2009	19315	15955	826	29 349	3 017	103
2010	20100	16591	825	22 020	2 290	104
2011	23674	19967	843	20 323	2 149	106
2012	24934	20566	824	24 221	2 111	87
2013	25591	21336	833	20 624	2 112	102
2014	22907	19353	844	19 408	2 006	103
2015	22028	18043	819	16 000	1 609	101
2016	21612	18108	837	18 079	1 860	103
2017	20618	17414	699	14 129	1 511	107
2018	20327	17657	868	13 553	1 443	106
2019	20407	18420	902	13 084	1 392	106
2020	18168	16781	923	13 227	1 324	100
2021	17582	14491	824	12 445	1 281	103
2022	17609	14644	831	11 521	1 161	101
2023	15798	12635	799	11 293	1 432	127
<b>Ortalama</b>	<b>20711</b>	<b>17464</b>	<b>833</b>	<b>17285</b>	<b>1780</b>	<b>104</b>

Kaynak: TÜİK, 2024

Börülce bitkisinin tohumlarının çimlenmesi için toprak sıcaklığının 8-10 °C ve hava sıcaklığının ise 10-15 °C olması gerekmektedir ve bitki genel olarak sıcaklığı seven bir bitkidir. Düşük sıcaklıklar börülce bitkisini olumsuz etkilemekte ve don olayında özellikle genç dallar ve yapraklar zarar görmektedir. Optimum yetişme sıcaklığı 20-30 °C olan

börülce genel olarak sıcaklığı sevmektedir. Bitkilerin gelişimi açısından gece-gündüz arası sıcaklık farkının 5-10 °C olması gerekmektedir [36].

“Börülce bitkisinin nemli bölgelerde ve drenajı iyi yapılmamış topraklarda yetiştirilmesinin uygun olmadığı araştırmacılar tarafından belirlenmiştir” [37]. “Börülce bitkisi yüksek asitli topraklarda yetişebildiği gibi nötr topraklarda da yetişebilmektedir. Optimum toprak pH’sı 5.5-6.5 aralığında, drenaj problemi olmayan kumlu-tınlı topraklarda en iyi gelişimini sağlamaktadır” [38].

Birim alandan en yüksek verimi elde etmek için o bölgeye uygun börülce çeşitlerinin ve uygun yetiştirme yöntemlerinin kullanılması esastır. Tüm bitki çeşitlerinde en yüksek verimin alınması ve o bölgenin çevre şartlarına uygun çeşitlerin belirlenmesi için adaptasyon denemeleri yapılmaktadır [39].

Yeni çeşitlerin geliştirilmesi için kültürü yapılan çeşitler ve yabani olarak yetişen bitki türleri genetik materyal olarak kullanılmaktadır. Çeşitlerin özelliklerinin iyileştirilmesi ve yeni çeşitlerin ortaya konması için bu genetik materyallere ihtiyaç vardır. Bu nedenle gen havuzunu oluşturan genetik materyallerin korunması gerekmektedir. Yetiştirilecekleri bölgenin şartlarına uyum sağlamış olan bitki materyalleri, bitki ıslahı ile gelecekte geliştirilecek çeşitler için çok önemlidir. Türkiye’de yetişen 12.000 bitki türünün üçte birinin endemik olması bitkisel gen kaynaklarının korunmasının önemini daha da artırmaktadır. Endemik türlerin fazla oluşu Dünya’da sorun haline gelen gen kaynaklarının korunmasında çok önemli bir bölge olduğunu göstermektedir. Bu nedenle sürdürülebilir tarım ve yeni çeşitlerin geliştirilmesi için ülkemiz gen kaynaklarının korunması gerekmektedir [40, 41].

“Biyoteknolojinin gelişmesi ile birlikte; bitki genetik kaynaklarının korunması, yenilenmesi, üretimi, karakterizasyon çalışmalarının yapılması ve bitki ıslahı ile birlikte yeni çeşitlerin ortaya konulması konularında çok büyük öneme sahip olduğu görülmektedir” [42]. “Karakterizasyon çalışmalarında daha önce kullanılan biyokimyasal ve morfolojik markörler yerini artık DNA moleküler markörlere bırakmıştır. Moleküler markörler, genelde genom üzerinde bulunan bir gen veya bu genle ilişkili olan DNA parçası olarak ifade edilmektedir” [43]. “Genetik kaynakların korunmasının yanı sıra hangi genotiplerden yararlanılacağı ve korunması gerektiğinin belirlenmesi gerekmektedir. Genetik

varyasyonların belirlenmesi ve bitki özelliklerini ortaya koyan genlerin belirlenmesinde moleküler teknolojiler yeni imkanlar sunmaktadır” [44].

Moleküler markörler genellikle Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ile kullanılan markörlerdir. PCR yöntemleri kullanım amaçlarına bağlı olarak farklılık göstermektedir. Polimorfizm tespiti için PCR’ın kullanılması ile birlikte teknolojik gelişmeler sağlanmıştır. SSR markörleri basit dizi tekrarları olarak bilinir ve kodominant markörlerdir. SSR markörleri homozigot ve heterozigot genotiplerin ayrımı hakkında bilgi vermektedir. SSR ile genomda bulunan tekrar eden baz dizileri çoğaltılır. Bu tekrarlar 1-6 tekrarlı nükleotidlerden oluşmaktadır. Tekrar eden DNA’daki zincirler o diziye özgüdür. Tekrarları gösteren her bant farklı bir alleli temsil eder ve polimorfizm oluşturmaktadır. Çalışılan bitki türünün genetik çeşitliliğine, amacına, polimorfizm durumuna, popülasyon yapısına, maliyetine ve uygulama zamanına göre DNA markör yöntemlerinin seçimi değişiklik göstermektedir [45].

Moleküler markörler gen ile birlikte kalıtımın sağlandığı DNA parçalarıdır. Moleküler markörler bir gendir, ancak genom içerisinde bulunan bir bölgeyi gösterdiği için markör olarak adlandırılmıştır. DNA tüm canlıların genetik materyallerini taşıyan molekül olduğundan, moleküler markörler popülasyon içinde bulunan genotipler arasındaki farklılıkların bulunmasından %100’e yakın oranda güvenilir olduğu kabul edilmektedir [46].

Moleküler markörler, farklı fonksiyonel sınıfları temsil eden belirli DNA segmentleri olarak bitki ıslahının tüm yönlerinde önemli bir rol oynar ve genetik varyasyonu tahmin etmek için yaygın olarak kullanılmaktadır. Geleneksel fenotipleme yöntemleriyle karşılaştırıldığında, moleküler markörler, çevresel etkilerden bağımsız olarak bitki dokularında kolaylıkla saptanabilir ve stabil olduklarından çok sayıda avantaja sahiptirler [47]. Moleküler markörler, ıslahçıların ekonomik özellikleri seçmelerine ve dolayısıyla ürün verimliliğini artırmalarına yardımcı olan mükemmel çeşitlilik kaynakları sağlamaktadır. Genetik ilişkiler ve çeşitlilik ile ilgili markör verilerinin, umut verici çeşitlerin seçilmesi amacıyla herhangi bir ıslah programı için çok önemli olduğu gösterilmiştir [16]. “SCoT ve SSR gibi DNA markörleri, bitkilerin genetik çeşitliliğini incelemek için verimli bir şekilde kullanılmaktadır” [13, 48].

Moleküler markörlerde bulunması gereken özellikleri maddeler halinde şu şekilde sıralanabilir;

- Yüksek derecede polimorfik olmalıdır.
- Bütün dokularda gözlemlenebilmelidir.
- Kodominant kalıtım göstermeli ve heterozigot bireyleri, homozigot dominant bireylerden ayırt edilebilmelidir.
- Genomda sıkça bulunmalıdır.
- Genomda düzgün dağılım göstermelidir.
- Seçici, nötr davranış göstermelidir.
- Kolay ulaşım sağlanmalı ve uygulama maliyeti düşük olmalıdır.
- Yüksek oranda tekrarlanabilirlik göstermelidir.
- Otomasyona uygun kolay ve hızlı değerlendirme sağlamalıdır.
- Aynı genetik materyal üzerinde yapılan bir markör analizi her zaman aynı sonuçları vermelidir [12].

Moleküler markörlerin avantajları şu şekilde sıralanabilir;

- Çevre faktörlerinden etkilenmezler.
- Genetik değişiklikleri daha fazla yansıttıkları için daha az pleiotroftir.
- Her bir ebeveynden gelen farklı karakterler tespit edilebildiği için bitkilerin genetik orijini tespit edilebilir.
- Sonsuz sayıda moleküler markör elde edilebilir [49].

Markör Destekli Seleksiyon çalışmalarının avantajları şu şekildedir;

- Fenotipik taramaya göre daha kolay bir metottur. Özellikle tanımlanması zahmetli özelliklerde zaman ve kaynak israfını engeller.
- Çimlenme aşamasında seleksiyon sağlayarak tane kalitesi gibi özelliklerin tanısını kolaylaştırır.
- Çevresel faktörlerden etkilenmediği için güvenilirliği yüksektir. Homozigot ve heterozigot genotipleri ayırarak tek bitkinin seçimine imkân tanır.

-Genetik kaynakların tam kimlik tespitlerinin yapılmasını ve bu yolla genetik rezervin korunmasını sağlar.

-Herhangi bir çeşit karışıklığı durumunda ayırımı ve bu yolla çeşitlerin ticari haklarının korunmasına yardımcı olur.

-Spesifik özellikteki genotiplerin daha titiz ve doğru bir şekilde ayırımını sağlar [12].

Monomorfik markörler, genotipler arasında farklılık göstermeyen markörlerdir. Polimorfik markörler ise genotipler arasında değişiklik gösteren markörlerdir. Polimorfik markörler genotipler arasında farklılığı gösterdiği için bitki ıslahı açısından daha yararlıdır. Son yıllarda moleküler biyolojide görülen hızlı ilerleme, bitki genetiği çalışmalarında, genetik çeşitliliğin korunmasında, üretim ve ıslah gibi hedefler doğrultusunda çok büyük ve önemli katkılar sağlamıştır. Zaman içerisinde MAS uygulanan bitki ıslahı çalışmaları, klasik çalışmalardaki seleksiyon hızını ve etkinliğini artırma yönünde daha çok önemli katkılar sağlayacaktır [12].

Börülce, Afrika kökenli, fabaceae familyasına aittir ve dünya çapında subtropikal ve tropikal bölgelerde yetiştirilmektedir. Börülce tohumları yüksek besin içeriği ve birçok ülkede hayvan ve insan beslenmesi açısından hayati bir rol oynamaktadır. 6 ülkeden toplanan börülce germplazmı arasındaki genetik varyasyonları iPBS-retrotranspozon markör sistemi kullanarak kontrol etmek amacıyla yapılan çalışmada; PCR amplifikasyonu için on iki yüksek polimorfik iPBS-retrotranspozon primeri kullanılmıştır. Bu primerler 188'i yüksek derecede polimorfik olmak üzere toplam 200 bant oluşturmuş ve %94,30 polimorfizm gözlenmiştir. Genetik çeşitlilik indekslerinin ortalama değerleri, yani Shannon bilgi indeksi ( $I = 0.452$ ), etkin allel sayısı ( $ne = 1.501$ ), genel gen çeşitliliği ( $ht = 0.236$ ), gen çeşitliliği ( $h = 0.298$ ), polimorfizm bilgi içeriği ( $PIC = 0.308$ ) ve ortalama genetik mesafe 0.61, incelenen germplazmda büyük düzeyde genetik varyasyon olduğunu doğrulamıştır. Moleküler varyans analizi popülasyon içinde %96 varyasyon olduğunu ortaya koymuştur. STRUCTURE analizi, germplazmı coğrafi olarak 2 popülasyona ayırmıştır. Komşu-birleştirme ağacı ve Temel koordinat analizi (PCoA) germplazmı 3 gruba ayırmış ve gruplama çoğunlukla STRUCTURE tabanlı kümeleme ile uyumlu olmuştur. Çalışma sonucunda, börülce germplazmında yüksek genetik değişkenliği ortaya konulmuş ve çeşitlilik indekslerinin yüksek değerleri iPBS-retrotranspozon markör sisteminin faydasını ve etkinliğini göstermiştir. PCoA, Komşu-birleştirme ağacı ve

STRUCTURE analizi aksesyionları coğrafi olarak ayırmıştır. Moleküler varyans analizi, bir popülasyon içinde %94 genetik varyasyon olduğunu ve Gana 1 ve Türkiye 4 genotiplerinin en büyük genetik mesafeye sahip olduğunu ve ıslah faaliyetleri için önerilebileceği ortaya konulmuştur [50].

Gana'nın dokuz coğrafi bölgesinden toplanan 141 börölce (*Vigna unguiculata* L. Walp.) genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik ve filogenetik ilişkileri araştırmak amacıyla yapılan çalışmada, SSR moleküler markörleri kullanılmıştır. Çalışmada seçilen 25 markör denenmiş ve bunlardan 20 tanesi börölce genotipleri %97,2'si arasında tekrarlanabilir polimorfizmler verirken, geri kalan varyetelerin genetik olarak aynı olduğu bulunmuştur. 20 lokusta toplam 74 allel ortaya çıkarmış ve lokus başına ortalama 3,8 allel tespit edilmiştir [51].

Islah programlarında güvenilir bir çeşit seçimi için yardımcı bir araç olarak, normal sulama ve kuraklık stresi koşulları altında ayrı ayrı moleküler ve morfolojik belirteçlerde karakterizasyon için toplam 32 börölce genotipi seçilerek yapılan çalışmada, 17 morfolojik karakter ve çok değişkenli istatistiksel yöntemler incelenmiş ve ardından moleküler karakterizasyonlar için 22 SSR markörü kullanılmıştır. Morfolojik özellikler için yapılan varyans analizi, ölçülen tüm özellikler için aksesyionlar arasında önemli farklılıklar olduğunu ortaya koymuştur. Moleküler (SSR) analizde, her lokus için ortalama 2 allel ile toplam 186 allel tespit edilmiş ve genotipler arasındaki genetik mesafe 0.0066 olarak tahmin edilmiştir. Genotipler arasında Nei indeksine dayalı ortalama genetik mesafe 0.116 olarak belirlenmiş ve SSR lokusları için polimorfizm bilgi içeriği değeri ortalaması 0.445 olmuştur. Tüm genotipler arasında gözlenen ortalama genetik benzerlik oranının %75,8 olduğu görülmüştür [52].

Sudan'ın altı coğrafi bölgesinde toplanan 252 börölce (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) genotipi arasındaki genetik çeşitlilik ve filogenetik ilişkilerin SSR moleküler markörleri ile belirlendiği araştırmada, 18 markörden 16'sı tekrarlanabilir sonuç vermiştir. Lokus başına ortalama 8.1 allel ile 16 lokustan toplam 129 allel tespit edilmiştir. Heterozigotluk değeri 0.01 ile 0.13 arasında değişmekte olup ortalama 0.05 olarak gerçekleşirken, gen çeşitliliği 0.34 ile 0.85 arasında değişmekte olup ortalama 0.60 olarak gerçekleşmiştir. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.33 ile 0.83 arasında değişmekte olup ortalaması 0.56'dır. Sudan Börölce germplazmı, Uluslararası Tropikal Tarım Enstitüsü'nden (IITA) elde edilen

kontrol germplazmı ile üç ana grupta kümelenmiş ve iki grup boyunca dağılım göstermiştir. Çalışma sonucuna göre, börülcenin Sudan'a ilk olarak Batı Afrika ülkelerinden Batı Sudan (Kordofan ve Darfur) bölgelerine getirildiği yönündeki önceki iddiaları doğrulamaktadır [53].

Börülce (*Vigna unguiculata*) bitkisi Brezilya'nın kuzeydoğusu gibi yarı kurak bölgelerde yaygın olarak yetiştirilmektedir. Bu bölgedeki düşük ürün verimi nedeniyle, bu iklim koşullarına adapte olmuş çeşitlerin geliştirilmesi faydalı olacaktır. Brezilya'nın Ceará eyaletinin dört bir yanından çoğunlukla küçük üreticilerden toplanan 52 börülce bitkisinin genetik çeşitliliğini ISSR moleküler markörleri kullanılarak yapılan araştırmada, genotiplerin DNA'sı çıkarılmış ve 25 primer kullanılarak analiz edilmiştir. On dört markörde, 61'i polimorfik olmak üzere 80 bandı çoğaltarak %76'lık bir polimorfizm oranı oluşturmuştur. Seçilen markörler, değerlendirme altındaki çeşitler arasındaki genetik değişkenliği belirlemede etkili olmuş ve büyük miktarda bilgi sağlamıştır. Polimorfik bilgi içeriği 0.13 ile 0.66 arasında ve bant frekansı 0.01 ile 1.00 arasında değişmiştir [54].

Börülce (*Vigna unguiculata* L. Walp.) tropikal ve subtropikal alanlarda yetiştirilen önemli bir baklagildir. Yetiştirmek için maliyeti uygundur ve yüksek besin değerine sahiptir. Bu nedenle börülce ekim alanlarının genişletilmesi önem arz etmektedir. Güney Meksika'da Maya çiftçileri yüzyıllardır börülce yetiştiriciliği yapmışlardır. Ancak genetik çeşitlilik analizleri, koruma durumları ve börülcenin potansiyel kullanımları hakkındaki bilgileri düşük düzeydedir. Bu türün sürdürülebilir kullanımı, yönetimi ve korunmasına yönelik bilgi edinmek için 10 adet ISSR moleküler markörü kullanarak güneydoğu Meksika'dan toplanan 20 börülce genotipinin genetik çeşitliliği ve yapısı araştırılmıştır. ISSR moleküler markörleri kullanılarak yapılan çalışmada, %67,7 polimorfizm oranı ve 0,36 ortalama polimorfik bilgi içeriği ile 68 lokus oluşturmuştur. Yapılan analizler sonucunda, Meksika'nın güneydoğusunda genetik kökenleriyle tanımlanan iki ana popülasyon grubunun oluştuğunu göstermektedir. Seçilen markörler Meksika börülcesi genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği değerlendirmede etkili olmuş ve yerel koruma ve katılımcı ıslah programlarında kullanılacak değerli bilgiler sağlamıştır [55].

SCOT markörleri gen hedefli markörlerdir. Basit ve güvenilir olan bu markörler bitkilerin biyolojik özellikleri ve evrensellik ile ilgili birçok bilgi vermektedir. SCOT markörler kolay kullanılan, güvenilir, verimli ve tekrarlanabilir olduğundan tercih edilmektedir [56].

“Başlangıç kodonu hedefli polimorfizm (Start Codon Target Polymorphism: SCoT) markörü, bitkilerde bir genin ATG transkripsiyon başlangıç bölgesinin kısa korunmuş bölgesine dayanan çok hassas ve tekrarlanabilir bir primer tekniğidir” [57, 58]. “Bu genleri çevreleyen fonksiyonel genler veya bölgeler, bunlara karşılık gelen özellikler ile bağlantılıdır ve dizi bilgisi gerektirmemektedir” [57-59]. Ayrıca, SCoT markörleri yüksek çözme gücüne (RP) sahiptir ve bu nedenle RAPD gibi diğer yaygın markörlere kıyasla daha yüksek polimorfizmler göstermektedir. SCoT markör yöntemi, basitliği, gen dizilerini hedefleyebilme kabiliyeti ve dominant bir markör sistemi olduğu için tercih edilmektedir [60].

“SCoT markör tekniğinin kullanımı için ilk doğrulama çeltikte (*Oryza sativa*) yapılmıştır” [13]. “Bu çalışmanın ardından, çeşitli çalışmalarda SCoT markörleri uygulanmıştır, örneğin, sırasıyla hurma, hindistan cevizi ve buğdayda genetik çeşitlilik analizi için SCoT markörlerini kullanmışlardır” [61, 62, 48]. “SCoT ayrıca popülasyon yapısı analizinde ve soy belirlemede ve şeker kamışında polimorfizm analizinde kullanılmıştır” [63, 17]. “Ayrıca, yer fıstığı ve mango türlerinde genetik çeşitlilik ve çeşit ilişki analizi için kullanılmıştır” [115]. “Bununla birlikte, fasulye bitkisinde SCoT markörü, direnç karakterizasyon analizi için kullanılmıştır” [64].

Baklagiller (Fabaceae) familyasına ait besin ve tıp alanında çok önemli olan 9 bitki türünün börülce (*Vigna unguiculata*), fasulye (*Phaseollus vulgaris*), çemen (*Trigonella foenum graecum*), nohut (*Cicer arietinum*), mercimek (*Lens culinaris*), soya fasulyesi (*Glycine max*), acı bakla (*Lupines termis*), bakla (*Vicia faba*), bezelye (*Pisum sativum*) SCoT markör sistemi kullanılarak analizinin yapıldığı çalışmada, 10 SCoT markörü kullanılmıştır ve 183 bant elde edilmiş ve %93,99 polimorfizm oluşmuştur. Yapılan analizde 9 tür arasında genetik varyasyon olduğu görülmüştür. Araştırma, 9 farklı baklagil türünün genetik çeşitlerinin ortaya konulmasında SCoT markör sisteminin etkili bir moleküler markör tekniği olduğunu göstermiştir. Araştırma sonuçlarına göre, SCoT markör sisteminin evrimsel çalışmalarda, koruma ve bitki ıslahında kullanımını artırmaktadır [65].

Börülce (*V. unguiculata*) bitkisinde hem ISSR hem de SCoT markörleri kullanarak genetik çeşitlilik analizlerinin yapıldığı çalışmada, ISSR ve SCoT ile sırasıyla 32 ve 52 allel elde edilmiştir. ISSR ile tespit edilen allel sayısı, gen çeşitliliği ve polimorfik bilgi içeriği

sırasıyla 9,4000, 0,7358 ve 0,7192 iken, SCoT ile 11,1667, 0,8158 ve 0,8009 olarak bulunmuştur. Polimorfik lokuslar ISSR ve SCoT'de sırasıyla 70 ve 80 olup, her iki markör de yüksek polimorfizm (%94,44-100) üretmiştir. Çalışmada 10 SCoT polimorfik markörü kullanılmış ve kullanılan 10 primerden sadece 5'i analizde kullanılabilir skorlanabilir bantlar üretmiştir [66].

Börülce bitkisinde 17 SCoT markörünün kullanıldığı çalışmada, kullanılan SCoT markörlerinden toplam 153 çoğaltılmış bant (4 ila 14 bant arasında değişmektedir) elde edildiği, ortalama polimorfizm oranının %69,93, en düşük polimorfizm oranının SCoT-12 için %33,33 ve en yüksek polimorfizm oranının ise SCoT-2 marköründe %91,67 olduğu tespit edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) SCoT 2 marköründe 0,34 ile en yüksek, SCoT-12 marköründe ise 0,12 olup, ortalama PIC değeri 0,25 olduğu tespit edilmiştir [67].

Araştırmamızda Dünya'nın 6 farklı ülkesinde yetişen yetmiş üç börülce gen kaynağı kullanılmıştır. SCoT markör kullanılarak yapılan araştırmada börülce gen kaynakları hakkında genetik çeşitlilik ve popülasyonu hakkında bilgiler sağlanmıştır. Gen kaynaklarının farklı ülkelerden elde edilesi ve fazla oluşu genetik çeşitlilik hakkında daha iyi bilgi vermektedir.

### 3. MATERYAL ve YÖNTEM

#### 3.1. Araştırma Yeri ve Bitki Materyalleri

Bu araştırmada, 6 farklı ülkeden (Türkiye, Nijerya, Pakistan, Togo, Hindistan ve Gana) toplanan yetmiş üç bürülce germplazmı bitki materyali olarak kullanılmıştır (Çizelge 3.1.). Sırma ve Amazon, Türkiye'nin çeşitli bölgelerinde yetiştirilen ticari çeşitlerdir.

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan bürülce germplazmlarına ait bilgiler

Sıra No	Genotip	İsim	Orjin
1	PI 170861	TVu 1528	Turkey 1
2	PI 173164	TVu 1532	Turkey 2
3	PI 173827	TVu 1534	Turkey 3
4	PI 174411	TVu 1535	Turkey 4
5	PI 582533	VITA 4	Nigeria 1
6	PI 177101	TVu 1538	Turkey 5
7	PI 182316	TVu 1545	Turkey 6
8	PI 632771	TVu 13743	Togo 1
9	PI 632770	TVu 13742	Togo 2
10	PI 177579	TVu 1540	Turkey 7
11	PI 582534	UCR 125	India 1
12	PI 612525	TVu 13730	Togo 3
13	PI 610652	UCR 5272	Ghana 1
14	PI 354506	P 684	India 2
15	PI 182317	TVu 2327	Turkey 8
16	PI 189375	TVu 1738	Nigeria 2
17	PI 354477	TVu 1278	India 3
18	PI 353207	TVu 3046	India 4
19	PI 354493	P 671	India 5
20	PI 353050	TVu 2896	India 6
21	PI 582537	UCR 231	Nigeria 3
22	PI 634484	TVu 13718	Togo 4
23	PI 560505	TU86-39-06	Turkey 9
24	PI 606718	RAWAN/LOBIA	Pakistan 1
25	PI 177578	TVu 1539	Turkey 10
26	PI 639261	'Asontem'	Nigeria 4
27	PI 170844	TVu 1527	Turkey 11
28	PI 447722	TVu 4049	Nigeria 5
29	PI 447721	TVu 4048	Nigeria 6
30	PI 447720	TVu 4047	Nigeria 7
31	PI 179553	TVu 1541	Turkey 12
32	PI 632767	TVu 13738	Togo 5
33	PI 176796	TVu 1537	Turkey 13
34	PI 175963	6097	Turkey 14
35	PI 175962	TVu 2312	Turkey 15

36	PI 175959	TVu 1536	Turkey 16
37	PI 582374	UCR 201	India 7
38	PI 581000	TVu 11850	Nigeria 8
39	PI 580703	TVu 8114	Nigeria 9
40	PI 632764	TVu 13734	Togo 6
41	PI 612527	TVu 13740	Togo 7
42	PI 632766	TVu 13737	Togo 8
43	PI 632765	TVu 13735	Togo 9
44	PI 583257	VITA 3	Nigeria 10
45	PI 610657	UCR 5279	Ghana 2
46	PI 352905	UCR 1340	India 8
47	PI 447719	TVu 4046	Nigeria 11
48	PI 582377	UCR 207	India 9
49	PI 582388	UCR 221	Nigeria 12
50	PI 639263	'Ayiyi'	Nigeria 13
51	PI 179125	KARNIKARA	Turkey 17
52	PI 178963	9517	Turkey 18
53	PI 179126	TVu 2319	Turkey 19
54	PI 582531	SUMBRISOGLA	Ghana 3
55	PI 205241	TVu 1414	Turkey 20
56	PI 632763	TVu 13731	Togo 10
57	PI 447714	TVu 4041	Nigeria 14
58	PI 447716	TVu 4043	Nigeria 15
59	PI 447717	TVu 4044	Nigeria 16
60	PI 256342	UCR 17	Pakistan 2
61	PI 204647	UCR 151	Turkey 21
62	PI 447718	TVu 4045	Nigeria 17
63	PI 427080	Lobia	Pakistan 3
64	PI 582392	UCR 230	Nigeria 18
65	PI 582530	SAMBRIZIE	Ghana 4
66	PI 582564	UCR 421	Nigeria 19
67	PI 582566	PUSA DOFASLI	India 10
68	PI 582940	UCR 228	Nigeria 20
69	PI 352926	TVu 11577	India 11
70	PI 427084	-	Pakistan 4
71	PI 642160	-	Nigeria 21
72	Ticari Çeşit	-	AMAZON*
73	Ticari Çeşit	-	SIRMA*

Genomik DNA elde etmek için, her bir genotipin tohumları Sivas Bilim ve Teknoloji Üniversitesi'ne ait laboratuvarında viyollerde yetiştirilmiş ve DNA izolasyonu için her bir genotipten genç, taze ve bozulmamış yapraklar alınmıştır (Resim 3.1.).

Çizelge 3.2. Araştırmada kullanılan SCoT markörler

Primer Adı	Primer Dizisi	Bağlanma Sıcaklığı (°C)
SCoT-2	CAACAATGGCTACCACCC	50
SCoT-3	CAACAATGGCTACCACCG	50
SCoT-4	CAACAATGGCTACCACCT	50
SCoT-7	CAACAATGGCTACCACGG	50
SCoT-8	CAACAATGGCTACCACGT	50
SCoT-9	CAACAATGGCTACCAGCA	50
SCoT-12	ACGACATGGCGACCAACG	50
SCoT-13	ACGACATGGCGACCATCG	50
SCoT-14	ACGACATGGCGACCACGC	50
SCoT-25	ACCATGGCTACCACCGGG	50
SCoT-29	CCATGGCTACCACCGGCC	50
SCoT-30	CCATGGCTACCACCGGCG	50
SCoT-33	CCATGGCTACCACCGCAG	50
SCoT-35	CATGGCTACCACCGGCC	50

### 3.4. İstatiksel Analiz

Jel puanlaması, bantların varlığı 1 ve bantların yokluğu 0 ile gösterilerek ikili bir sistemle yapılmıştır. Toplam gen çeşitliliği (Ht), etkin allel sayısı (Ne), genetik çeşitlilik (h), ikili genetik mesafe (GD) ve Shannon'un bilgi indeksi (I) gibi genetik çeşitlilik indeksleri PopGen yazılımı versiyon 1.32 kullanılarak hesaplanmıştır [69]. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC), Roldán-Ruiz ve diğerleri tarafından verilen  $PIC = 2f_i(1-f_i)$  ile ölçülmüştür [70]. Bu formülde  $f_i$ , bir primerin mevcut bandının frekansını,  $1-f_i$  ise mevcut olmayan bandın frekansını ifade etmektedir. GeneALEx sürüm 6.5 yazılımı temel koordinat analizi (PCoA) ve moleküler varyans analizi (AMOVA) için gerçekleştirilmiştir. R istatistik yazılımı (ver.3.4.1) kullanılarak bir Filogenetik Ağaç (Komşu birleştirme ağacı) oluşturulmuştur [71].

Börülce germlazmasının genetik yapısının özlü bir detayını elde etmek için STRUCTURE yazılımında Bayesian kümeleme modeli kullanılmıştır. Birincil yanma süresi, bireylerin kökeni hakkında önceden bilgi sahibi olmadan 100.000 MCMC (Markov zinciri Monte Carlo) iterasyonu (yenileme, tekrar) ile birlikte 50.000'e ayarlanmıştır. Popülasyon yapısını

değerlendirmek için, her bir elverişli popülasyon ve her bir çalışma için 10 bağımsız çalışma parametre olarak ayarlanmıştır. STRUCTURE analizinde uygun küme sayısını (K sayısı; alt popülasyon sayısı) belirlemek için Evanno diğerleri tarafından önerilen kriterler takip edilmiştir [72]. En büyük K değeri ilkesine göre, en iyi K sayısı STRUCTURE Harvesteronline <http://taylor0.biology.ucala.edu/structureHarvester/> kullanılarak seçilmiştir. En uygun  $\Delta K$ 'yı renklendirmek ve görselleştirmek için pophelper bir R paketi kullanılmıştır [73].



çalışmalarında SCoT primerlerinin PIC değerinin yüksek olması tercih edilmektedir. Bu nedenle börülce genetik çalışmalarında SCoT-13, SCoT-8 ve SCoT-9 gibi markörlerin PIC değerlerinin yüksek olması nedeniyle tercih edilebilir. Etkin allel sayısının en yüksek SCoT 13 ve 17, en düşük etkin allel gen sayısının SCoT-7 ve SCoT-2 olduğu, Shannon bilgi indeksi (I) değerinin 0,358 ile 0,605 arasında ve ortalama değerinin 0,513 olduğu, Gen çeşitliliğinin (h) 0,224 ile 0,419 arasında ve ortalama değerinin 0,343 olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.1. Genetik çeşitlilik indexleri

Primer Adı	TB	PB	Polimorfizm Oranı %	PIC	ne*	h*	I*
SCoT 2	23	19	83	0.182	1.454	0.286	0.447
SCoT 3	19	18	95	0.233	1.652	0.368	0.542
SCoT 4	21	21	100	0.176	1.459	0.284	0.445
SCoT 7	22	15	68	0.123	1.351	0.224	0.358
SCoT 8	12	12	100	0.284	1.692	0.400	0.587
SCoT 9	17	16	94	0.265	1.618	0.363	0.542
SCoT 12	25	18	72	0.222	1.659	0.380	0.558
SCoT 13	19	18	95	0.298	1.767	0.419	0.605
SCoT 14	24	23	96	0.251	1.721	0.402	0.585
SCoT 25	17	17	100	0.189	1.569	0.340	0.512
SCoT 29	20	17	85	0.219	1.533	0.326	0.495
SCoT 30	21	20	95	0.172	1.625	0.363	0.540
SCoT 33	23	15	65	0.173	1.504	0.304	0.464
SCoT 35	24	16	67	0.183	1.597	0.339	0.503
Toplam	287	245					
Ortalama	20.5	17.5	86.738	0.212	1.586	0.343	0.513

TB: Toplam Bant, PB: Polimorfik Bant, PIC: Polimorfik Bilgi İçeriği, ne: Etkin Allel Sayısı, h: Gen Çeşitliliği, I: Shannon Bilgi indeksi

Genetik uzaklık hesaplanarak en yüksek genetik uzaklık 0,8473 ile Pakistan 1 ve Türkiye 2 arasında bulunurken, en düşük genetik uzaklık 0,076 ile Türkiye 21 ve Nijerya 18 genotipleri arasında olduğu görülmüştür. Ortalama genetik uzaklığın ise 0,3673 olduğu gözlemlenmiştir (Çizelge 4.2.).

markörlerinin etkinliğini ve tekrarlanabilirliğini vurgulamakta ve gelecekteki ıslah hedefleri için içgörüler sunmaktadır.

Bu çalışmada, polimorfik bantlar primer başına 12 ila 24 arasında değişmekte olup, ortalama 20,5'tir ve bu da Senegal'den 671 bürölce çeşidini SSR belirteçleri kullanarak inceleyen Sarr ve diğerlerinin bulgularını desteklemektedir [88]. Ali ve diğerleri Sudan bürölce germplazmının taranmasında on altı SSR markörü ile lokus başına 2 ila 17 allel tanımlamıştır [53]. Baloch ve diğerleri tarafından iPBS-retrotranspozon markörleri kullanılarak yapılan önceki çalışmamızda, primer başına ortalama %16,67'lik bir bant kaydedilmiştir [50]. Mevcut araştırmamızda kullanılan SCoT belirteçleri, daha önce bahsedilen çalışmalardaki bant sayılarını aşan bant sayıları ile sağlamlık ve yüksek tekrarlanabilirlik göstermiştir. Mevcut çalışmamızda, bürölce germplazmı arasındaki genetik değişkenliği değerlendirmek için SSR markörleri kullanan daha önceki araştırmalarda bildirilen oranları aşan %86,74'lük daha yüksek bir polimorfizm oranı gözlemlenmiştir [52, 89, 90-92]. Bürölce germplazmı arasındaki genetik değişkenliği değerlendirmek için ISSR markörlerini analiz eden Araujo ve diğerleri, mevcut çalışmamızda gözlemlenenlerden daha düşük polimorfizm seviyeleri bildirmişlerdir [54]. Ayrıca, çalışmamızda tespit edilen polimorfizm, farklı bürölce germplazmları arasındaki genetik varyasyonu değerlendirmek için çeşitli belirteçler kullanan önceki çalışmalarda bildirilen polimorfizm ile uyumlu veya daha düşüktür. Mevcut araştırmamızda tespit edilen yüksek polimorfizm, SCoT markörlerinin faydası ve verimliliğinin yanı sıra kullanılan germplazmdaki farklılıklara da bağlanabilir [50, 93-97].

Bu araştırmada belirlenen genetik çeşitlilik indeksleri ( $N_e$ ,  $h$ ,  $I$  ve  $h_t$ ) bürölce germplazmı içinde daha yüksek düzeyde bir genetik çeşitliliğe işaret etmektedir. Mevcut çalışmada gözlemlenen etkin allel sayısı, önceki çalışmalarda Baloch ve diğerleri, Gumde ve diğerlerinin çalışmalarında bildirilenlerden daha yüksektir [50, 89]. SSR markörleri kullanarak 2,92 değerini belgeleyen Dagnon ve diğerleri tarafından bildirilen sonuçların altında kalmaktadır [98]. Çalışmamızda kaydedilen gen çeşitliliği ( $h$ ) 0,34 olup, önceki araştırmalarda bildirilen değerleri aşmaktadır [89, 99]. Ali ve diğerlerinin SSR markörlerini kullanarak bizim çalışmamıza kıyasla oldukça yüksek bir gen çeşitliliği değeri (0,60) bildirmişlerdir [53]. Özellikle, Baloch ve diğerleri tarafından iPBS-retrotranspozon belirteçleri kullanılarak yapılan önceki çalışmada, mevcut çalışmanın bulgularıyla yakından uyumlu olan 0,37'lik bir gen çeşitliliği değeri gözlemlenmiştir.

Ayrıca, mevcut çalışmamızda kaydedilen Shannon bilgi endeksi, bu çalışmada kullanılan aynı germplazm arasındaki genetik çeşitliliği değerlendirmek için iPBS-retrotranspozon belirteçlerini kullanan Baloch ve diğerleri tarafından yürütülen önceki börülce araştırmasının sonuçlarıyla uyumludur [50].

"PIC değeri" terimi, bir markörün bir popülasyondaki polimorfizmleri tanımlama kapasitesini ifade eder ve keşfedilen allellerin sayısı ve bunların ilgili frekansları ile belirlenir. Bu nedenle, markörün farklılaştırma yeteneğinin değerlendirilmesini sağlamaktadır [100-102]. Botstein ve diğerleri tarafından geliştirilen ölçekle ölçülen polimorfik bilgi içeriği (PIC) değerinin bilgi düzeyi, 0,5'ten büyük veya eşit bir ortalama PIC değerinin oldukça bilgilendirici, 0,2 ile 0,5 arasındaki bir değer makul derecede bilgilendirici ve 0,25'ten küçük bir değer hafif bilgilendirici olarak kabul edildiğini göstermektedir. Yüksek sayıda alele ve 1'e yakın PIC değerine sahip lokuslar (belirteçler) en çok arzu edilenler olarak kabul edilmektedir [103]. Bu çalışmada elde edilen tahmini ortalama PIC değeri (0,21), Sodeji ve diğerleri tarafından bildirilen değerle yakından uyumludur [104]. Ayrıca, burada gözlemlenen PIC değeri, börülce germplazmı arasındaki genetik varyasyonu değerlendirmek için farklı moleküler belirteçler kullanılan börülce üzerine yapılan önceki çalışmalara kıyasla daha düşüktür [50, 53, 54, 89, 98, 99]. Tüm 73 aksesyonun ortalama genetik uzaklığı 0,367 olarak tespit edilmiştir. En yüksek genetik mesafe (0,847) Pakistan 1 x Türkiye 2 arasında, en düşük genetik mesafe (0,076) ise Türkiye 21 x Nijerya 18 arasında bulunmuştur. Burada gözlemlenen GD, Baloch ve diğerleri tarafından yapılan önceki çalışmadan daha düşüktür [50]. Guizado ve diğerleri daha büyük bir genetik farklılık sergileyen germplazmın korunması ve daha ileri ıslah çalışmalarında kullanılması gerektiğini öne sürmektedirler [105]. Sonuç olarak, gelecekteki börülce ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere Pakistan 1 x Türkiye 2 genotiplerinin dikkate alınması önerilmektedir.

Altı farklı ülkeden toplanan börülce germplazmı arasındaki ilişkiyi analiz etmek için kullanılan kümeleme yöntemleri STRUCTURE analizi, filogenetik ağaç ve temel koordinat analizidir. Model tabanlı bir yapı uygulamasının kullanılması, önceki araştırmalarda daha sağlamlık göstermiş ve daha kapsamlı bilgiler sağlamıştır [50, 106, 107, 108]. Bu nedenle, Structure bu çalışmada kümeleme algoritmaları için bir ölçüt olarak gerçekleştirilmiştir.

STRUCTURE analizi, tüm brlce germplamını  $Q \geq 75$  yelik katsayısına gre A ve B olarak adlandırılan iki ana poplasyona ayırmıř (řekil 4.4) ve Trkiye 4, Trkiye 2, Trkiye 14, Hindistan 9, Trkiye 1, Nijerya ve Trkiye 21 olarak adlandırılan 7 aksesyon, daha dřk yelik katsayısı  $Q \leq \%75$  ile sınıflandırılmamıř bir poplasyona kategorize edilmiřtir. A poplasyonu 41 aksesyon ierirken, B poplasyonu 25 aksesyondan oluřmuř ve A ve B poplasyonları arasında bulunan 7 aksesyon sınıflandırılmamıřtır (řekil 4.4). Daha nce Baloch ve diđerleri tarafından yapılan alıřmada da aynı brlce germplazmı A ve B olmak zere iki poplasyona ayrılmıř ve sınıflandırılmamıř bir poplasyona blnmřtir. Senegal'den 671 brlce genotipinin genetik yapısını ve bařlangıta Dnya apında eřitli blgelerden toplanan USDA GRIN brlce koleksiyonundan 768 brlce genotipinin poplasyon yapısını incelemiřlerdir. Bulgular  farklı poplasyonun varlıđını ortaya koymuřtur [88, 109].

Mevcut alıřmada STRUCTURE analizi germplazmı cođrafi blgelere gre ayırmıřtır. A poplasyonunda Batı Afrika (Nijerya, Gana ve Togo) ve Hindistan alt kıtasından (Hindistan ve Pakistan) ve Trkiye'den bazı aksesyonlar bulunmaktadır. nceki alıřmalar Batı Afrika ve Hint Yarımadası'nı brlcenin muhtemel kkenleri olarak tanımlamıřtır [110, 111]. Bu alıřmada, bu blgelerden (Batı Afrika ve Hint Alt Kıtası) gelen aksesyonlar STRUCTURE'ın poplasyon analizinde birlikte gruplandırılmıř ve yelik katsayısında yansıtıldıđı gibi genetik benzerliklerini gstermiřtir. Poplasyon B, tamamı Pakistan ve Hindistan gibi Asya lkelerinin yanı sıra Nijerya, Gana ve Togo gibi Batı Afrika lkelerinden gelen 25 katılımdan oluřmuřtur. Daha nceki arařtırmacılar, brlce iin  eřitlilik merkezi nermiřlerdir: Birincisi (Dođu ve Gney Afrika), ikincisi (Orta Afrika) ve ncs (Asya). Bu nedenle, Asya lkelerinden gelen katılımlar da Batı Afrika lkelerinden gelenlerle kmelenmiřtir [33, 112, 113]. te yandan, Trkiye'den gelen katılımlar da Batı Afrika ve Hint Alt Kıtası lkelerinden gelen katılımlarla gruplandırılmıřtır. Trkiye'den katılımların kmelenmesi, brlce tohumlarının veya bitki materyallerinin ticaret, kltrel deđiřim veya tarımsal uygulamalar yoluyla blgeler arasında deđiř tokuř edildiđi tarihsel germplazm akıřı ile de aıklanabilir. Avrupa, Asya ve Afrika'nın keřiřme noktasında yer alan Trkiye, tarihsel olarak ticaret ve kltrel alıřveriř iin bir merkez olmuř ve kıtalar arasında rnlerin ve germplazmın hareketini kolaylařtırmıřtır. Bu nedenle Trkiye, tarihsel ticaret bađlantıları nedeniyle Batı Afrika ve Hint alt kıtasından gelenlerle genetik benzerlikler paylařabilir.

Börülce germplazmının gruplandırılmasını ve ilişkisini kontrol etmek için Filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Filogenetik ağaç tüm germplazmı 2 gruba ayırmış ve birkaç istisna dışında STRUCTURE tabanlı kümelemede olduğu gibi aynı model görünürken, Structure coğrafi olarak net bir şekilde bölünmüştür. Bu nedenle structure algoritması kümeleme ölçütü olarak kullanılmıştır. Batı Afrika (Nijerya, Gana ve Togo) ve Hint alt kıtasından (Hindistan ve Pakistan) gelen katılımlar birlikte kümelenmiş ve birbirlerine benzerliklerini göstererek Batı Afrika ve Hint alt kıtasının börülcenin kökenleri olduğunu kanıtlamıştır. Filogenetik ağacında, en düşük genetik mesafeye sahip Türkiye 21 × Nijerya 18 aksesyonu genetik benzerliği yansıtacak şekilde birlikte kümelenirken, en yüksek genetik mesafeyi sergileyen Pakistan 1 × Türkiye 2 aksesyonu ayrı kümelere dağılarak daha fazla genetik çeşitliliğe sahip olduklarını vurgulamaktadır. Bu kümeleme modeli, STRUCTURE analizi ile desteklenmekte ve bu farklı erişimlerin gelecekteki ıslah programlarında potansiyel olarak kullanılmasını önermektedir.

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Tarım sektöründe en önemli etken; sıcaklık, kuraklık gibi olumsuz çevre etmenlerine dayanıklı, verimli, ürünü kaliteli ve bitkinin yetiştirildiği yöreye adaptasyonu iyi uygun çeşitlerin geliştirilmesi gerekmektedir. Yaptığımız çalışmada 6 farklı ülkeden 73 bürölce genotipinin SCoT markörler kullanılarak popülasyon yapıları araştırılmış ve akrabalık ilişkileri belirlenmiştir. Ülkemiz ve Dünya'nın farklı bölgelerinden elde edilen bürölce genotiplerinin karakterizasyonu gen kaynağı olarak kullanılması ve ebeveyn hatların oluşturulması daha sonra yapılacak biyotik ve abiyotik stres koşullarına dayanıklı bürölce çeşit ıslahı çalışmalarında kullanılabilir. Dayanıklı ve verimli çeşitlerin geliştirilmesi hem üreticilerin hem de ülke ekonomisine katkı sağlayacaktır. Pakistan 1 - Türkiye 2 gen kaynaklarının genotip uzaklıkları en fazla (0.8473) olduğu için gelecekte yapılacak ıslah programlarında kullanılabilir.

## KAYNAKLAR

1. Lewis, G., Schrire, B., Mackinder, B., Lock, M. (2005). Legumes of the World. Royal Botanic Gardens
2. Ugo, P.C., Baker, D., Morgan, N., Ly, C., Nouala, S. (2013). Investing in African Livestock. Business Opportunities 2030-2050
3. Valdes, A. (2012). Net food-importing developing countries: who they are, and policy options for global price volatility. Net Food-Importing Developing Countries
4. Budhi, G.S., Aminah, M. (2010). Swasembadakedelai: Antaraharapan dan kenyataan. Forum Peneliti Agro Ekonomi. 28(1):55-68
5. Avanza, M., Acevedo, B., Chaves, M., Añón, M. (2013). Nutritional and anti-nutritional components of four cowpea varieties under thermal treatments: principal component analysis. LWT-Food Science and Technology. 51(1), 148-157
6. Tan, Z. A. M., Ayan, İ., Uğur, Ö. Ö. A. H. M. U., Başaran, E., Can, M., & Kaymak, G. (2020). Türkiye’de Yem Bitkileri Tarımının Durumu Ve Geliştirme Olanakları. Türkiye Ziraat Mühendisliği IX. Teknik Kongresi Bildiriler Kitabı-1, 529.
7. Akova, Y. (2009). İGEME Bakliyat Raporu. T.C. Başbakanlık Dış Ticaret Müsteşarlığı İhracatı Geliştirme Etüd Merkezi, Ankara
8. Çiftçi, C. Y., 2004. Dünyada ve Türkiye’de Yemlik Tane Baklagiller Tarımı. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Teknik Yayınlar Dizisi No: 5, 197 s., Ankara
9. Duygu, E., & Cısdık, İ. (2011). Biyokütle Enerjisi İçin Yetiştiriciliğin Etkileri Konusunda Araştırmalar II. Bilgi Birikimi Işığında Türkiye'deki Sosyo-ekonomik Etki Potansiyeli. Ankara Üniversitesi Çevre Bilimleri Dergisi, 3(1), 9-24.
10. Demirkol, G. (2017). Yerel bezelye populasyonlarının karakterizasyonu ve genetik çeşitliliklerinin belirlenmesi (Master's thesis, Ordu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü).
11. Tuğay, M. E. (2012). Türk tarımında bitkisel üretimi artırma yolları. *Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi*, (1), 1-8.
12. Yorgancılar, M., Yakışır, E., & Erkoyuncu, M. T. (2015). Moleküler Markörlerin Bitki İslahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2), 1-12.
13. Collard, B. C. ve Mackill, D. J. 2009. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, 27(1), 86.
14. Bilgin, O., Korkut, K.Z., (2005) Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşit ve Hatlarının Genetik Uzaklıklarının Belirlenmesi. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi* 2005 2(3).

15. Nair, A. G., Vidya, P., ve Mohan, C. 2016. Analysis of genetic variability in sweet potato accessions using Start Codon Targeted (SCoT) polymorphism. *International Journal of Biotechnology and Biochemistry*, 12(2), 111-121
16. Zhang, J., Xie, W., Wang, Y., Zhao, X. 2015. Potential of start codon targeted (SCoT) markers to estimate genetic diversity and relationships among Chinese *Elymus sibiricus* accessions. *Molecules*, 20(4), 5987-6001.
17. Que, Y., Pan, Y., Lu, Y., Yang, C., Yang, Y., Huang, N., ve Xu, L. 2014. Genetic analysis of diversity within a Chinese local sugar cane germplasm based on start codon targeted polymorphism. *BioMed Research International*.
18. Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Noori, A., Ahmadi-Rad, A., Shooshtari, L., Mahdavian, Z., Yousefi-azar-Khanian, M. 2018. Genetic relationships and diversity among wild *Salvia* accessions revealed by ISSR and SCoT markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 32(3), 610-617.
19. Kadam, S. S., Deshpande, S. S., & Jambhale, N. D. (1989). Seed structure and composition. *Handbook of World Food Legumes: Nutritional Chemistry, Processing Technology, and Utilitation*. Vol. I. Salunkhe, DK, Kadam, SS.
20. Devos P (1988). Nutritional value of lentils and chickpeas and changes during processing. In: *Proceedings of Lentils for Everyone Symposium*, 29-30 September 1988; Marmaris, Muğla, Turkey, pp. 174-196.
21. Pekşen, E., and Artık, C., 2005. Antinutritional Factors and Nutritive Values of Food Grain Legumes. *The Journal of Agricultural Faculty of Ondokuz Mayıs University*, 20(2):111-121.
22. Roy, F., Boye, J. I., & Simpson, B. K. (2010). Bioactive proteins and peptides in pulse crops: Pea, chickpea and lentil. *Food research international*, 43(2), 432-442.
23. Tanrıverdi, M. Ö. 1996. Nohutta bakteri aşılması ve ekim zamanının verim ve verim öğeleri üzerine etkileri. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı Yüksek Lisans Tezi, 43 s
24. Şehirli S. (1988). Yemeklik Dane Baklagiller A.Ü Ziraat Fakültesi Yayınları: 1089, Ders kitabı: 314. 435s
25. Dey, J. K., Debnath, A., Das, P., & Sarkar, S. Energy Budgeting and Economic Analysis of Cowpea Varieties under Rainfed Condition. *Legume Research-An International Journal*, 1, 7.
26. Ünlü, H., & Padem, H. (2004). Börülce (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) çeşitlerinde farklı ekim zamanlarının sulu ve kurak koşullarda verim ve kalite özelliklerine etkisi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 9(3).
27. Afiukwa, C. A., Ubi, B. E., Kunert, K. J., Titus, E. J., & Akusu, J. O. (2013). Seed protein content variation in cowpea genotypes.

28. Ali, Y., Aslam, Z., Hussain, F., & Shakur, A. (2004). Genotype and environmental interaction in cowpea (*Vigna Unguiculata-L*) for yield and disease resistance. *International Journal of Environmental Science & Technology*, 1, 119-123.
29. Şalk, A., Arın, L., Deveci, M. Ve Polat, S., 2008. Özel Sebzeçilik, Namık Kemal Üniversitesi, Bahçe Bitkileri Bölümü.
30. Pasquet, R.S. (1998). Morphological study of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. importance of ovule number and definition of Cv Gr *Melanophthalmus*. *Agronomie* 18, 61–70.
31. Pasquet, R.S. (2000). Allozyme diversity of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. *Theoretical and Applied Genetics*. 101, 211–219
32. Fatokun, C., Girma, G., Abberton, M., Gedil, M., Unachukwu, N., Oyatomi, O., Yusuf, M. Rabbi, I., Boukar, O. (2018). Genetic diversity and population structure of a mini-core subset from the world cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) germplasm collection. *Scientific Reports*. 8, 16035
33. Timko MP, Singh BB (2008) Cowpea, a multifunctional legume. In: Moore PH (ed) *Genomics of tropical crop plants*. Springer, Berlin, pp 227–258
34. Horn, L.N., Shimelis, H. (2020). Production constraints and breeding approaches for cowpea improvement for drought-prone agro-ecologies in sub-Saharan Africa. *Agricultural Science* 65, 83–91
35. TÜİK. 2024. Türkiye İstatistik Kurumu, <http://tuik.gov.tr>. Erişim Tarihi: 03.03.2024.
36. Günay, A., 1992. Özel Sebze Yetiştiriciliği Cilt: 4. Çağ Matbaası, Ankara.
37. Quinn, J. 1999. *Alternative crop guide 'Cowpea'*. Jefferson Institute. Columbia. MO. Indiana edition, 2.
38. Duke, J., 1981. *Handbook of Legumes of World Economic Importance* Plenum Press New York 49- 61.
39. Ceylan, A. ve Sepetoglu, H., 1984. Börülce kültürü üzerinde araştırmalar. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, Cilt, 21, 5-19, No: 2.
40. Özgen, M., Adak, M. S., Karagöz, A., Ulukan, H. 2000. Bitkisel gen kaynaklarının korunma ve kullanımında yeni yaklaşımlar. V. Türkiye Ziraat Mühendisliği Teknik Kongresi. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası, Ankara. 1. Cilt. 259-284.
41. Karayel, R. 2006. Yerel bezelye genotiplerinin tanımlanması ve bazı agronomik özelliklerinin tespiti. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Samsun.
42. Acunalp, S. 2012. Ekonomik öneme sahip yerli kiraz (*Prunus avium* L.) genotiplerinin SSRs (Simple Sequence Repeats)'a dayalı genetik karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Biyoteknoloji Enstitüsü, Ankara.

43. Toro, M.A., Fernandez, J., Caballero, A. 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science*, 120: 174-195.
44. Mercan, L. 2010. Yerli tavuk genotiplerinin ticari genotipler ile olan genetik farklılığının SSR (Simple Sequence Repeats- Basit Dizi Tekrarları) yöntemi ile analizi. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Zootekni Anabilim Dalı, Samsun.
45. Yıldırım, B. 2016. Bursa ilinde yetiştiriciliği yapılan "Bursa siyahı" incir çeşidinin SSR moleküler markırları kullanılarak tanımlanması. Yüksek Lisans Tezi, Uludağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Bursa.
46. Gülsen, O. ve Mutlu, M., 2005. Bitki biliminde kullanılan genetik markerlar ve kullanım alanları. *Alatarım*, 4(2), 27-37.
47. Singh, A., Negi, M. S., Rajagopal, J., Bhatia, S., Tomar, U. K., Srivastava, P. S., Lakshmikumaran, M. 1999. Assessment of genetic diversity in *Azadirachta indica* using AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 99(1-2), 272-279
48. Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Ahmadi-Rad, A., Noori, A., Mahdavian, Z., Moradi, Z. 2016. Applicability of start codon targeted (SCoT) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers for genetic diversity analysis in durum wheat genotypes. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 30(6), 1075-1081.
49. Kabaoğlu, A. 2007. Türkiye’de bulunan *Hypogymnia* (Nyl.) Nyl. türlerinde rDNA ITS bölgesi dizi analizi ile çeşitliliğin tanımlanması. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Ana Bilim Dalı, 85, Ankara
50. Baloch, F. S., Altaf, M. T., Bedir, M., Nadeem, M. A., Tatar, M., Karaköy, T., & Aasim, M. (2023). iPBS-retrotransposons variations: DNA fingerprinting and the evaluation of genetic diversity and population structure in international cowpea germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(6), 1867-1877.
51. Asare, A. T., Gowda, B. S., Galyon, I. K., Aboagye, L. L., Takrama, J. F., & Timko, M. P. (2010). Assessment of the genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) germplasm from Ghana using simple sequence repeat markers. *Plant Genetic Resources*, 8(2), 142-150.
52. Mafakheri, K., Bihanta, M. R., & Abbasi, A. R. (2017). Assessment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L.) germplasm using morphological and molecular characterisation. *Cogent Food & Agriculture*, 3(1), 1327092.
53. Ali BZ, Yao K, Odeny D, Kyalo M, Skilton R, Eltahir I (2015) Assessing the genetic diversity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] accessions from Sudan using simple sequence repeat (SSR) markers. *Afric J Plant Sci* 9(7):293-304
54. Araújo LB, Fiege LB, Silva AB, Bertini CH (2019) Genetic diversity in cowpea landraces analyzed by ISSR markers. *Genet Mol Res* 18(1):gmr18082

55. Dos Santos, L. F. C., Ferrer, M. M., Ruenes-Morales, M. R., Montañez-Escalante, P. I., Andueza-Noh, R. H., & Jiménez-Osornio, J. (2020). Genetic diversity and structure analysis of *Vigna unguiculata* L.(Walp.) landraces from southeastern Mexico using ISSR markers. *Plant Genetic Resources*, 18(4), 201-210.
56. Yilmaz, A., & Ciftci, V. (2021). Genetic relationships and diversity analysis in Turkish laurel (*Laurus nobilis* L.) germplasm using ISSR and SCoT markers. *Molecular Biology Reports*, 48(5), 4537-4547.
57. Pakseresht, F., Talebi, R., Karami, E. 2013. Comparative assessment of ISSR, DAMD and SCoT markers for evaluation of genetic diversity and conservation of landrace chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes collected from north-west of Iran. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 19(4), 563-574.
58. Mahjbi, A., Baraket, G., Oueslati, A., ve Salhi-Hannachi, A. 2015. Start Codon Targeted (SCoT) markers provide new insights into the genetic diversity analysis and characterization of Tunisian citrus species. *Biochemical Systematics and Ecology*, 61, 390-398.
59. Collard, B. C. ve Mackill, D. J. 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philosophical Transactions of the Royal Society B. Biological Sciences*, 363(1491), 557-572
60. Xia, P., Guo, H., Zhang, Y., Deyholos, M. K., Peng, L., Jia, Y., Yan, X., Liu, Y., Liang, Z. 2016. Wild *Panax vietnamensis* and *Panax stipuleanatus* markedly increase the genetic diversity of *Panax notoginseng* (Araliaceae) revealed by start codon targeted (SCoT) markers and ITS DNA barcode. *Biochemical Systematics and Ecology*, 66, 37-42
61. Al-Qurainy, F., Khan, S., Nadeem, M. ve Tarroum, M. 2015. SCoT marker for the assessment of genetic diversity in Saudi Arabian date palm cultivars. *Pakistan Journal of Botany*, 47(2), 637-643.
62. Rajesh, M. K., Sabana, A. A., Rachana, K. E., Rahman, S., Jerard, B. A., ve Karun, A. 2015. Genetic relationship and diversity among coconut (*Cocos nucifera* L.) accessions revealed through SCoT analysis. *Biotech*, 5(6), 999-1006
63. Satya, P., Karan, M., Jana, S., Mitra, S., Sharma, A., Karmakar, P. G., & Ray, D. P. (2015). Start codon targeted (SCoT) polymorphism reveals genetic diversity in wild and domesticated populations of ramie (*Boehmeria nivea* L. Gaudich.), a premium textile fiber producing species. *Meta gene*, 3, 62-70.
64. Makunja, R. N. 2020. Characterization of Kenyan common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions for resistance to common bacterial blight using Start Codon Targeted (SCoT) polymorphism markers. PhD Thesis, University of Nairobi, 99, Kenya
65. Nosair, H. (2016). SCoT polymorphism reveals genetic diversity in some important Fabaceae species. *Curr. Sci. Int*, 5, 592-598.

66. Igwe, D. O., Afiukwa, C. A., Ubi, B. E., Ogbu, K. I., Ojuederie, O. B., & Ude, G. N. (2017). Assessment of genetic diversity in *Vigna unguiculata* L.(Walp) accessions using inter-simple sequence repeat (ISSR) and start codon targeted (SCoT) polymorphic markers. *BMC genetics*, 18, 1-13.
67. Mahdy, E., El-Shaer, H. F., Sayed, A. E. H. I., & El-Halwagi, A. (2021). Genetic Diversity of Local Cowpea (*Vigna spp.*(L.) Walp.) Accessions Cultivated in Some Regions of Egypt. *Jordan Journal of Biological Sciences*, 14(4).
68. Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull* 19:11–15
69. Yeh FC, Yang RC, Boyle TBJ (1997) POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. *Mol Biol Biotechnol Cent Univ Alta Can* 10:295–301
70. Roldán-Ruiz I, Dendauw J, Van Bockstaele E et al (2000) AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium spp.*). *Mol Breed* 6:125–134.
71. Peakall ROD, Smouse PE (2006) GENALEX6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes* 6:288–295
72. Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* 14:2611–2620
73. Francis RM (2017) Pophelper: an R package and web app to analyse and visualize population structure. *Mol Ecol Resour* 2017:27–32
74. Baloch, F. S., Guizado, S. J. V., Altaf, M. T., Yüce, I., Çilesiz, Y., Bedir, M., ... & Gómez, J. C. C. (2022). Applicability of inter-primer binding site iPBS-retrotransposon marker system for the assessment of genetic diversity and population structure of Peruvian rosewood (*Aniba rosaeodora* Ducke) germplasm. *Molecular Biology Reports*, 1-12.
75. de Oliveira, G. L., de Souza, A. P., de Oliveira, F. A., Zucchi, M. I., de Souza, L. M., & Moura, M. F. (2020). Genetic structure and molecular diversity of Brazilian grapevine germplasm: Management and use in breeding programs. *PLoS One*, 15(10), e0240665.
76. Yalinkiliç, N. A., Başbağ, S., Altaf, M. T., Ali, A., Nadeem, M. A., & Baloch, F. S. (2024). Applicability of SCoT markers in unraveling genetic variation and population structure among sugar beet (*Beta vulgaris* L.) germplasm. *Molecular Biology Reports*, 51(1), 584.
77. Sharma, S., Chhabra, M., Singh, S. K., Parmar, R., & Kapila, R. K. (2022). Genetic diversity and population structure of critically endangered *Dactylorhiza hatagirea* (D. Don) Soo from North-Western Himalayas and implications for conservation. *Scientific Reports*, 12(1), 11699.

78. Baran, N., Shimira, F., Nadeem, M. A., Altaf, M. T., Andirman, M., Baloch, F. S., & Gültekin Temiz, M. (2023). Exploring the genetic diversity and population structure of upland cotton germplasm by iPBS-retrotransposons markers. *Molecular Biology Reports*, 50(6), 4799-4811.
79. Tajibayev, D., Mukin, K., Babkenov, A., Chudinov, V., Dababat, A. A., Jiyenbayeva, K., ... & Baloch, F. S. (2023). Exploring the agronomic performance and molecular characterization of diverse spring durum wheat germplasm in Kazakhstan. *Agronomy*, 13(7), 1955.
80. Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Shahid, M. Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., ... & Baloch, F. S. (2018). DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(2), 261-285.
81. Ali, A., Altaf, M. T., Nadeem, M. A., Karaköy, T., Shah, A. N., Azeem, H., ... & Chung, Y. S. (2022). Recent advancement in OMICS approaches to enhance abiotic stress tolerance in legumes. *Frontiers in Plant Science*, 13, 952759. Ali, Y., Aslam, Z., Hussain, F. & Shakur, A. (2004).
82. Dhaliwal, S. K., Talukdar, A., Gautam, A., Sharma, P., Sharma, V., & Kaushik, P. (2020). Developments and prospects in imperative underexploited vegetable legumes breeding: a review. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(24), 9615.
83. Ketema, S., Tesfaye, B., Keneni, G., Amsalu Fenta, B., Assefa, E., Greliche, N., ... & Yao, N. (2020). DArTSeq SNP-based markers revealed high genetic diversity and structured population in Ethiopian cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] germplasms. *PloS one*, 15(10), e0239122.
84. Otwe EP, Agyirifo DS, Galyuon IK, Heslop-Harrison JS (2017) Molecular diversity in some ghanaiian cowpea [*Vigna unguiculata* L.(Walp)] accessions. *Trop Plant Biol* 10(2):57–67
85. Gupta SK, Gopalakrishna T (2010) Development of unigene-derived SSR markers in cowpea (*Vigna unguiculata*) and their transferability to other *Vigna* species. *Genome* 53:508–523.
86. Coulibaly S, Pasquet RS, Papa R, Gepts P (2002) AFLP analysis of the phenetic organization and genetic diversity of *Vigna unguiculata* L. Walp. Reveals extensive gene flow between wild and domesticated types. *Theor Appl Genet* 104:358–366.
87. Fotso M, Azanza JL, Pasquet R, Raymond J (1994) Molecular heterogeneity of cowpea (*Vigna unguiculata* Fabaceae) seed storage proteins. *Plant Syst Evol* 191:39–56.
88. Sarr A, Bodian A, Gbedevi KM, Ndir KN, Ajewole OO, Gueye B, Foncéka D, Diop EA, Diop BM, Cissé N, Diouf D (2021) Genetic diversity and population structure analyses of wild relatives and cultivated cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) from Senegal using simple sequence repeat markers. *Plant Mol Biol Rep* 39(1):112–124

89. Gumedde, M. T., Gerrano, A. S., Amelework, A. B., & Modi, A. T. (2022). Analysis of genetic diversity and population structure of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) genotypes using single nucleotide polymorphism markers. *Plants*, 11(24), 3480.
90. Dias FT, Bertini CH, Silva AP, Cavalcanti JJ (2015) Genetic variability in early-cycle erect cowpea analysed with RAPD and ISSR markers. *Rev CiénciaAgron* 46(3):563–572
91. Ulukapı, K., & Onus, A. N. (2013). Selekte edilmiş bazı yerel taze fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) genotiplerinin moleküler karakterizasyonu. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 18(2012), 277-286.
92. Li C-D, Fatokun CA, Ubi B, Singh BB, Scoles GJ (2001) Determining genetic similarities and relationships among cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. *Crop Sci* 41:189–197.
93. HÜNDÜREL, B. Ş., POYRAZ, İ., & ATMACA, E. (2023). Türkiye’de yetiştirilen farklı fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) genotipleriningenetikçeşitlilikanalizi. *BiyolojikÇeşitlilikveKoruma*, 16(1), 23-30.
94. Özkan, G., Haliloğlu, K., Türkoğlu, A., Öztürk, H. I., Elkoca, E., & Poczai, P. (2022). Determining genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from Türkiye using SSR markers. *Genes*, 13(8), 1410.
95. Şahin Hündürel, B. (2019). DNA tabanlı moleküler yöntemler kullanılarak Türkiye’de yetiştirilen farklı fasulye (*Phaseolus vulgaris*) genotiplerinin genetik çeşitlilik analizi (Master's thesis, Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü).
96. Razvi, S. M., Khan, M. N., Bhat, M. A., Ahmad, M., Khan, M. H., Ganie, S. A., & Paddar, B. A. (2013). Genetic diversity studies in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using molecular markers. *African Journal of Biotechnology*, 12(51), 7031-7037.
97. Persegui, J. M. K. C., Chioratto, A. F., Zucchi, M. I., Colombo, C. A., Carbonell, S. A. M., Mondego, J. M. C., ... & Rubiano, L. B. (2011). Genetic diversity in cultivated carioca common beans based on molecular marker analysis. *Genetics and molecular biology*, 34, 88-102.
98. Dagnon YD, Palanga KK, Bammite D, Akabassi GC, Tozo K (2021) Genetic diversity and population structure of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] Accessions from Togo using SSR markers. *bioRxiv*.
99. Seo, E., Kim, K., Jun, T. H., Choi, J., Kim, S. H., Muñoz-Amatriaín, M., ... & Ha, B. K. (2020). Population structure and genetic diversity in Korean cowpea germplasm based on SNP markers. *Plants*, 9(9), 1190.
100. Iqbal, J., Altaf, M. T., Jan, M. F., Raza, W., Liaqat, W., Haq, I., ... & Mehmood, A. (2023). Exploring genetic diversity in cotton genotypes using EST-SSR and ISSR markers: A comparative study. *Sarhad Journal of Agriculture*, 39(4), 800-814.

101. Jamil, A., Razzaq, K., Rajwana, I. A., Naz, A., Akhtar, G., Ullah, S., ...& Ansari, M. J. (2022). Characterization of indigenous phalsa (*Grewiasubinequalis*) genotypes using morphological traits and ISSR markers. *Journal of King Saud University-Science*, 34(7), 102237.
102. Nagy, S., Poczai, P., Cerna'k, I., Gorji, A.M., Hegedus, G. & Taller J., 2012, PICcalc: An Online Program to Calculate Polymorphic Information Content for Molecular Genetic Studies, *Biochemical Genetics* 50, 670–672.
103. Botstein D, White RL, Skolnick M & Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32:314-331.
104. Sodedji FAK, Agbahoungba S, Nguetta SPA, Agoyi EE, Ayenan MAT, Sossou SH et al (2020) Resistance to legume pod borer (*Marucavitrata Fabricius*) in cowpea: genetic advances, challenges, and future prospects. *J Crop Improv* 34:238–267.
105. Guizado SJ, Nadeem MA, Ali F, Barut M, Habyarimana E, Gómez TP, Santillan JA, Canales ET, Gómez JC, Chung G, Baloch FS (2020) Genetic diversity and population structure of endangered rosewood from the peruvian Amazon using ISSR markers. *Acta Amazon* 50:204–212
106. Yildiz, M., Altaf, M. T., Baloch, F. S., Koçak, M., Sadık, G., Kuzğun, C., ... & Tunçtürk, M. (2022). Assessment of genetic diversity among 131 safflower (*Carthamus tinctorius L.*) accessions using peroxidase gene polymorphism (POGP) markers. *Molecular Biology Reports*, 49(7), 6531-6539.
107. Nowell B, Steelman T, Velez AL, Yang Z (2018) The structure of effective governance of disaster response networks: insights from the field. *Am Rev Public Adm* 48(7):699–715
108. Bouchet S, Pot D, Deu M, Rami JF, Billot C, Perrier X, Rivallan R, Gardes L, Xia L, Wenzl P, Kilian A (2012) Genetic structure, linkage disequilibrium and signature of selection in sorghum: lessons from physically anchored DArT markers. *PloS one* 7(3)
109. Xiong H, Shi A, Mou B, Qin J, Motes D, Lu W, Ma J, Weng Y, Yang W, Wu D (2016) Genetic diversity and population structure of cowpea (*Vignaunguiculata L. Walp.*). *PLoSONE* 10(8):e0160941
110. Smartt J (1985) Evolution of grain legumes. II. Old and new world pulses of lesser economic importance. *ExpAgric* 21(1):1–8
111. Pant K, Chandel K, Joshi B (1982) Analysis of diversity in indian cowpea genetic resources. *SABRAO J* 14:103–111
112. Lal T, Vashisht VK (2008) Cowpea. In: Rana MK (ed) *Scientific cultivation of vegetables*. Kalyani publishers, New Delhi, pp 25–47

113. Rana MK (2011) Classification of vegetables. In: Rana MK (ed) Fundamentals of Vegetable Production. New India Publishing Agency, New Delhi, pp 114–134
114. Gülbandılar, A., Okur, M., & Dönmez, M. (2017). *Fonksiyonel gıda olarak kullanılan probiyotikler ve özellikleri. Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 10(1), 44-47
115. Luo, C., He, X. H., Chen, H., Ou, S. J., Gao, M. P. 2010. Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 38(6), 1176-1184



## ÖZGEÇMİŞ

### Kişisel Bilgiler

Soyadı, adı

Uyruğu

Doğum tarihi ve yeri

Medeni hali

Telefon

Faks

e-mail



### Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet Tarihi
Yüksek lisans	SBTÜ/ Tarım Teknolojileri	2024
Lisans	OMÜ / Ziraat Mühendisliği	2012
Lise	Cumhuriyet Anadolu Lisesi	2007

### İş Deneyimi

Yıl	Yer	Görev
2020-Halen	Zara Tarım ve Orman Müdürlüğü	Ziraat Mühendisi
2013-2020	Ulaş Tarım ve Orman Müdürlüğü	Ziraat Mühendisi

### Yabancı Dil

İngilizce

### Yayınlar

DNA FINGERPRINTING AND POPULATION STRUCTURE INVESTIGATION OF COWPEA GERMPLASM USING SCOT MARKERS. 2. BİLSEL INTERNATIONAL KORYKOS SCIENTIFIC RESEARCHES AND INNOVATION CONGRESS, 10-11 MAY, 2024. 194-195. ISBN: 978-625-6501-79-9