

T.C.
BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



**TÜRK FASULYE GENETİK KAYNAKLARINDA BAZI
AGRONOMİK ÖZELLİKLER İÇİN GENOMİK BÖLGELERİN
GENOM ÇAPI İLİŞKİLİ ÇALIŞMALAR (GWAS) İLE
TANIMLANMASI**

DOKTORA TEZİ

MUHAMMAD AZHAR NADEEM

BOLU, AĞUSTOS - 2019

T.C.
BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI



TÜRK FASULYE GENETİK KAYNAKLARINDA BAZI
AGRONOMİK ÖZELLİKLER İÇİN GENOMİK BÖLGELERİN
GENOM ÇAPI İLİŞKİLİ ÇALIŞMALAR (GWAS) İLE
TANIMLANMASI

DOKTORA TEZİ

MUHAMMAD AZHAR NADEEM

BOLU, AĞUSTOS - 2019

KABUL VE ONAY SAYFASI

Muhammad Azhar Nadeem tarafından hazırlanan “**TÜRK FASULYE GENETİK KAYNAKLARINDA BAZI AGRONOMİK ÖZELLİKLER İÇİN GENOMİK BÖLGELERİN GENOM ÇAPI İLİŞKİLİ ÇALIŞMALAR (GWAS) İLE TANIMLANMASI**” adlı tez çalışması Tarla Bitkileri Anabilim Dalı'nda 27.08.2019 tarihinde savunularak **Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü** Doktora Tezi olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

Danışman

Doç. Dr. Faheem Shahzad BALOCH
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

İmza



Üye

Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi



Üye

Prof. Dr. Nusret ZENCİRCİ
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi



Üye

Prof.Dr. Rüştü HATİPOĞLU
Çukurova Üniversitesi



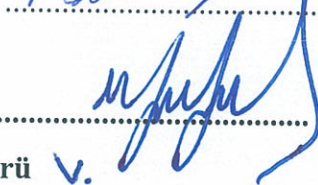
Üye

Doç.Dr. Tolga KARAKÖY
Cumhuriyet Üniversitesi



Prof. Dr. Ömer ÖZYURT

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü v.



Hayatımın özü olduđu ve hayatıma sayısız neře getirdiđi için bu tezi
eřim UMMARA AZHAR'a ithaf ediyorum.



ETİK BEYAN

Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

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

Muhammad Azhar NADEEM

ÖZET

TÜRK FASULYE GENETİK KAYNAKLARINDA BAZI AGRONOMİK ÖZELLİKLER İÇİN GENOMİK BÖLGELERİN GENOM ÇAPI İLİŞKİLİ ÇALIŞMALAR (GWAS) İLE TANIMLANMASI

DOKTORA TEZİ

MUHAMMAD AZHAR NADEEM

BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

(TEZ DANIŞMANI: DOÇ. DR. FAHEEM SHAHZAD BALOCH)

BOLU, AĞUSTOS - 2019

Genom çapı ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), arzu edilen birçok özelliğin markörler ile olan ilişkisini belirlemek için kullanılan güçlü bir araçtır. Bu çalışmada, Türkiye'nin 19 ilinden toplanan yerel fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) koleksiyonunda agronomik özellikler bakımından varyasyonlar ortaya konulmuştur. Çalışmada, DArTseq ve SNP markör tekniği kullanılarak GWAS analizi yapılmıştır. Markör ve fenotip ilişkisini ortaya koyabilmek için, Doğrusal Karma Model (weighting Method for a Linear Mixed Model (WMLM) yaklaşımında ağırlıklama metodu kullanılmıştır. Çalışılan 16 özellik içerisinde, SNP markör tekniğinde 14 özellik için ilişki tespit edilirken, DArTseq markör tekniğinde ise 11 özellik ile ilişki tespit edilmiştir. Bu çalışmanın, fasulyede bazı agronomik özellikler ile markörler arasında ilişkinin saptandığı ilk çalışma olduğu iddia edilebilir. Bazı SNP markörlerinin pleiotropik etki nedeniyle aynı anda farklı özellikler ile ilişki gösterdiği tespit edilmiş olup bu markörler fasulye ıslahında etkili bir biçimde kullanılabilir. Beş çevrede üstün performans gösteren toplam 12 fasulye genotipi belirlenmiştir. Bu iki markör fasulye tanesinde besinsel değeri arttırmak için kullanılarak insanlığın yetersiz beslenme sorununun ortadan kaldırılmasına katkı sağlayabilir. Bu tanımlanan markörlerin doğruluğu, çok lokasyonlu yada çok yıllık denemeler yoluyla belirlenebilir. Doğrulukları test edildikten sonra daha güvenilir ve daha verimli bir şekilde fasulye ıslahı için bu markörler KASP sistemine dönüştürülebilir.

ANAHTAR KELİMELER: Fasulye, Bağlantı Eşitsizliği, Markör-Özellik İlişkisi, WMLM

ABSTRACT

**IDENTIFICATION OF GENOMIC REGIONS FOR VARIOUS
AGRONOMIC TRAITS IN TURKISH COMMON BEAN GERMPLASM
WITH GENOME WIDE ASSOCIATION STUDIES (GWAS)
PHD THESIS
MUHAMMAD AZHAR NADEEM
BOLU ABANT IZZET BAYSAL UNIVERSITY GRADUATE SCHOOL OF
NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF FIELD CROPS
(SUPERVISOR: ASSOC.PROF.DR. FAHEEM SHAHZAD BALOCH)**

BOLU, AUGUST 2019

Genome-wide association study (GWAS) is a powerful tool for the identification of markers associated with various desirable traits. In this study, we uncovered the genetic basis underlying the variations for agronomic traits present in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) collected from 19 provinces of Turkey. GWAS analysis was performed by using DArTseq and SNP markers systems. Weighting Method for a Linear Mixed Model (WMLM) approach was employed to investigate the marker- trait association. Among the 16 studied traits, SNP markers reflected marker-trait association for 14 traits, while DArTseq markers resulted for 11 traits. This is very first study claiming the marker traits association for various agronomic traits. Some SNP markers showed multi traits associations due to pleiotropic effect and these markers can be effectively utilized for the common bean breeding perspectives. A total of 12 landraces has been selected on the basis of their superior performance in five different environments. Identified linked markers must be validated under multi-location/year experiments and after their validation, these markers could be converted into KASP assay in the near future for the more precise and productive common bean breeding activities.

KEYWORDS: Common bean, Linkage disequilibrium, Marker trait association, WMLM.

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET.....	v
ABSTRACT.....	vii
İÇİNDEKİLER	vii
ŞEKİL LİSTESİ.....	ix
ÇİZELGE LİSTESİ.....	xii
KISALTMA VE SEMBOLLER LİSTESİ.....	xiv
TEŞEKKÜR	xv
1. GİRİŞ.....	1
2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI	4
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	22
3.1. Bitki materyalleri	22
3.2. Denemenin Yürütüldüğü Lokasyonlar ve Lokasyonların İklim ve Toprak Koşulları.....	31
3.3. Tarla Denemesi ve Deneme Deseni	32
3.4. Agronomik Özelliklerin İncelenmesi	33
3.5. Moleküler analizler	34
3.5.1. DNA Ekstraksiyonu	34
3.5.2. DNA Konsantrasyonu	36
3.5.3. DArTseq ve SNP Analizleri.....	41
3.6. İstatistik Analiz	41
3.6.1. Agronomik Özelliklerin Analizi	41
3.6.2. Moleküler markörler (SNP ve DArTseq) Analizi	42
3.6.3. Genetik Çeşitlilik Popülasyon Yapı Analizleri	42
3.6.4. GWAS analizi	43
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	45
4.1. Fenotipik Özelliklerle İlgili Çeşitlilik	45
4.2. Farklı Tarımsal Özellikler Arasındaki Korelasyon Katsayıları ve Değişkenlik Analizi.....	64

4.3. Türk Fasulye Genotiplerinde Dartseq ve SNP Markörleri Kullanılarak Genetik Çeşitlilik ve Popülasyon Yapısının Belirlenmesi.....	69
4.3.1. Andean-Mesoamerikan Gen Havuzları Arasında Hibridizasyon.....	71
4.4. DArTseq Markörleri Kullanılarak Fenotip İlişkili Haritalama ve Bağlantı (Linkage) Dengesizliği.....	77
4.5. DArTseq Markörleri Kullanılarak Agronomik Özellikler İçin GWAS	79
4.6. Bağlantı Eşitsizliği ve SNP Markörü Kullanılarak İlişkili Haritalama	94
4.7. SNP Markörleri Kullanılarak Agronomik Özellikler İçin GWAS	97
4.8. Islah Amaçları İçin Üstün Genotiplerin Seleksiyonu.....	114
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	116
6. KAYNAKLAR	118
7. ÖZGEÇMİŞ.....	136

ŞEKİL LİSTESİ

Sayfa

Şekil 3.1. Proje kapsamında kullanılan fasulye yerel popülasyonlarının toplandığı yerler	22
Şekil 3.2. Tarla deneme alanından görünüm (Bolu lokasyonu).....	33
Şekil 3.3. Tarla deneme alanından görünüm (Sivas lokasyonu).....	34
Şekil 4.1. Çıkış süresi için frekans dağılımı.....	58
Şekil 4.2. Çiçeklenme gün sayısı için frekans dağılımı.....	59
Şekil 4.3. İlk bakla yüksekliği için frekans dağılımı.....	59
Şekil 4.4. Ana dal sayısı için frekans dağılımı.....	60
Şekil 4.5. Yan dal sayısı için frekans dağılımı.....	60
Şekil 4.6. Olgunlaşma süresi için frekans dağılımı.....	60
Şekil 4.7. Bitki boyu için frekans dağılımı	61
Şekil 4.8. Bakla uzunluğu için frekans dağılımı	61
Şekil 4.9. Bitkide bakla sayısı için frekans dağılımı.....	61
Şekil 4.10. Baklada tane sayısı için frekans dağılımı.....	62
Şekil 4.11. Tohum boyu için frekans dağılımı.....	62
Şekil 4.12. Tohum eni için frekans dağılımı.....	62
Şekil 4.13. Tohum yüksekliği için frekans dağılımı.....	63
Şekil 4.14. Tane verimi için frekans dağılımı.....	63
Şekil 4.15. 100 tane ağırlığı için frekans dağılımı.....	63
Şekil 4.16. Agronomik özellikler bakımından biplot analizi.....	68
Şekil 4.17. DArTseq markör sistemi kullanarak elde edilen UPGMA soyağacına göre Türk fasulye gen kaynaklarının genetik çeşitliliği	73
Şekil 4.18 . SNP markör sistemi kullanarak elde edilen UPGMA soyağacı göre Türk fasulye gen kaynaklarının genetik çeşitliliği	74
Şekil 4.19. DArTseq Markör sistemine göre temel birleşen analizi (PCoA)	75
Şekil 4.20. SNP Markör sistemine göre temel birleşen analizi (PCoA).....	75

Şekil 4.21. DArTseq markörleri kullanılarak oluşturulan fasulye gen kaynaklarındaki popülasyon yapısı	76
Şekil 4.22. SNP markörleri kullanılarak oluşturulan fasulye gen kaynaklarındaki popülasyon yapısı.....	76
Şekil 4.23. Türk fasulye gen kaynaklarında DArTseq markör kullanarak LD (bağlantı eşitsizliği) gösteren heat map.....	78
Şekil 4.24. Türk fasulye gen kaynaklarında genom çapında ortalama LD (bağlantı eşitsizliği).....	78
Şekil 4.25. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak çıkış gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	81
Şekil 4.26. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak çiçeklenme gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	82
Şekil 4.27. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ilk bakla bağlanma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	83
Şekil 4.28. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ilk bakla yüksekliği için oluşturulan Manhattan grafiği.....	84
Şekil 4.29. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ana dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	85
Şekil 4.30. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ikincil dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	86
Şekil 4.31. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak bitki boyu için oluşturulan Manhattan grafiği.....	87
Şekil 4.32. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak olgunlaşma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	88
Şekil 4.33. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak bakla uzunluğu için oluşturulan Manhattan grafiği.....	89
Şekil 4.34. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak tohum genişliği için oluşturulan Manhattan grafiği.....	90
Şekil 4.35. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak tohum boyu için oluşturulan Manhattan grafiği.....	91
Şekil 4.36. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak bitki verimi için oluşturulan Manhattan grafiği.....	92
Şekil 4.37. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak 100 tohum ağırlığı için oluşturulan Manhattan grafiği.....	93

Şekil 4.38. Türk fasulye gen kaynaklarında SNP markör kullanarak LD (bağlantı eşitsizliği) gösteren heat map	95
Şekil 4.39. Türk fasulye gen kaynaklarında SNP markörleri kullanarak genom çapında ortalama LD (bağlantı eşitsizliği)	96
Şekil 4.40. Fasulyede SNP markörü kullanarak çiçeklenme gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	99
Şekil 4.41. Fasulyede SNP markörü kullanarak bakla bağlanma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	100
Şekil 4.42. Fasulyede SNP markörü kullanarak ilk bakla yüksekliği için oluşturulan Manhattan grafiği	101
Şekil 4.43. Fasulyede SNP markörü kullanarak ana dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	102
Şekil 4.44. Fasulyede SNP markörü kullanarak yan dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	103
Şekil 4.45. Fasulyede SNP markörü kullanarak bitki boyu için oluşturulan Manhattan grafiği	104
Şekil 4.46. Fasulyede SNP markörü kullanarak olgunlaşma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	106
Şekil 4.47. Fasulyede SNP markörü kullanarak bitkide bakla sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	107
Şekil 4.48. Fasulyede SNP markörü kullanarak bakla uzunluğu için oluşturulan Manhattan grafiği	108
Şekil 4.49. Fasulyede SNP markörü kullanarak baklada tane sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği	109
Şekil 4.50. Fasulyede SNP markörü kullanarak tohum uzunluğu için oluşturulan Manhattan grafiği	110
Şekil 4.51. Fasulyede SNP markörü kullanarak tohum genişliği için oluşturulan Manhattan grafiği	111
Şekil 4.52. Fasulyede SNP markörü kullanarak tohum kalınlığı için oluşturulan Manhattan grafiği	112
Şekil 4.53. Fasulyede SNP markörü kullanarak 100 tane ağırlığı için oluşturulan Manhattan grafiği	113

ÇİZELGE LİSTESİ

Sayfa

Çizelge 2.1. Dünya çapında çeşitli gen bankalarındaki fasulye genetik kaynakları.....	9
Çizelge 2.2. Fasulyede farklı tarımsal özellikler bakımından tanımlanmış QTL bölgeleri.....	15
Çizelge 3.1. Proje kapsamında kullanılan fasulye yerel populasyonlarına ait pasaport bilgileri.....	23
Çizelge 3.2. Denemenin yürütüldüğü yıllara ait Bolu ve Sivas lokasyonu iklim verileri	32
Çizelge 3.3. Nanodropla hesaplanmış DNA'nın kalitesi ve konsantrasyonu.....	36
Çizelge 4.1. Türk fasulye genotiplerinin farklı özellikleri için varyans analizi sonuçları	46
Çizelge 4.2. Türk fasulye gen kaynaklarında kalıtım derecesi analizi.....	47
Çizelge 4.3. Beş çevrede yetiştirilen, Türk fasulye gen kaynaklarının bazı tarımsal özellikler bakımından ortalama değerleri.....	50
Çizelge 4.4. Türk fasulye gen kaynaklarının bazı tarımsal özelliklere ait maksimum, minimum ve standart sapma değerleri	58
Çizelge 4.5. Türk fasulye gen kaynaklarının morfolojik özellikler arası ilişkileri	67
Çizelge 4.6. Türk fasulye gen kaynaklarının tarımsal özellikleri için temel bileşen analiz sonuçları.....	68
Çizelge 4.7. Fasulyenin farklı koromozomlarında DArTseq markörlerinin dağılımı	69
Çizelge 4.8. Fasulyenin farklı kromozomlarında SNP markörlerinin dağılımı	70
Çizelge 4.9. Türk Andean ve Mesoamerikan gen havuzundaki genetik çeşitlilikle ilgili parametreleri	72
Çizelge 4.10. Fasulyenin farklı kromozomlarında DArTseq markör kullanarak elde edilen bağlantı 1 dekey ve LD (%).....	79

Çizelge 4.11. Türk fasulye gen kaynaklarında bazı tarımsal özellikleri için istatistiki açıdan önemli düzeyde ilişkili DArTseq markörleri	80
Çizelge 4.12. SNP markörleri kullanarak bağlantı eşitsizliği ve bağlantı dike (decay).....	96
Çizelge 4.13. Türk fasulye gen kaynaklarının içerik özellikleri için istatistik olarak önemli derecede ilişki markörler.....	97
Çizelge 4.14. En iyi performans gösteren 12 fasulye genotipinin agro-morfolojik özellikleri.....	115



KISALTMA VE SEMBOLLER LİSTESİ

AM	: İlişkilendirme haritalaması
VA	: Varyans analizi
CIAT	: Centro Internacional de Agricultura Tropical
DAP	: Di-Amonyum Fosfat
DArT	: Diversity Array Technology
EU-CPVO	: European Union Community Plant Variety Office
GBS	: Sekanslama ile genotipleme
GWAS	: Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları
IPGRI	: The International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI)
LD	: Bağlantı eşitsizliği
MAS	: Markör Destekli Seleksiyon
PCA	: Temel bileşen analizi
PCoA	: Temel koordinat analizi
PIC	: Polimorfizm bilgisi içeriği
QTL	: Kantitatif özellik lokusu
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmleri
UPGMA	: Unweighted pair group method with arithmetic mean
WMLM	: Ağırlaştırılmış karma doğrusal model

TEŞEKKÜR

Danışman hocam, sayın Doç. Dr. Faheem Shahzad BALOCH'a bana göstermiş olduğu rehberlik, sabır, destek, misafirperverlik, olumlu teşvik ve çalışma boyunca sergilemiş olduğu anlayıştan dolayı içtenlikle teşekkür ederim. Benim için büyük bir memnuniyet ve onur kaynağı olan danışmanımın rehberliğinde bu çalışma başarı ile sonuçlandırılmıştır. Onun rehberliği olmasaydı, bu başarı imkânsız olurdu. Çalışmalarım boyunca laboratuvar kaynaklarını, finansal desteğini ve bilimsel rehberliği için teşekkürü bir borç bilirim. Bu süreçte yalnızca akademik açıdan değil, aynı zamanda kişilik açısından da ondan çok şey öğrenmiş bulunmaktayım. Bu çalışmanın yürütülmesi sırasında edindiğim deneyimin, gelecekteki kariyerimde kesinlikle çok faydalı olacağı düşüncesindeyim.

Çalışmada Sivas lokasyonundaki tarla denemelerinin kurularak yürütülmesinde ve çeşitli analizlerin yapılmasında bana laboratuvarımı açarak çalışma imkanı sunduğu Doç. Dr. Tolga KARAKÖY'e şükranlarımı sunarım. Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ, Doç. Dr. Gülsüm YALDIZ ve Dr. Öğr. Üy. Ferit SÖNMEZ'e, çalışmamın tüm döneminde bana göstermiş oldukları sevgi ve desteklerinden dolayı çok teşekkür ederim. Tezimin yürütülmesinde ve yazımında yorumlarıyla bana yardımcı olan ve yol gösteren komite üyelerim Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ, Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU ve Prof. Dr. Nusret ZENCİRCİ hocalarıma ve biyoinformatik yöntemlerini öğrendiğim Dr. Gönül CÖMERTPAY, Dr. Epherem HABYARIMAN ve Dr. Elena BİTOCCHI'ye ayrıca teşekkür etmek isterim. Denemenin yürütülmesinde, verilerin düzenlenip çeşitli analizlerin yapılmasında ve tez yazımında bana çok yardımcı olan sevgili arkadaşım Arş. Gör. Mehmet Zahit YEKEN'e içtenlikle teşekkür ediyorum. Saha çalışmamda bana yardımlarını esirgemeyen sevgili arkadaşlarım Arş. Gör. Mahmut ÇAMLICA, Fawad ALİ' ve laboratuvar çalışmalarında bana destek veren Arş. Gör. Abdurrahim YILMAZ ve Yeter ÇİLESİZ'e teşekkür ederim.

Bugüne kadar her zaman yanımda olan, desteklerini ve dualarını benden esirgemeyen sevgili aile üyelerim, babam Abdul Malik, annem Tasleem Bibi ve dedem Rasool Baksh'a en derin duygularla teşekkür etmek isterim. Eşim Ummara

Azhar'a tez süresince göstermiş olduđu müthiş sabrı ve paha biçilmez desteđi için özellikle teşekkür ederim Bu tezi onun sürekli desteđi olmadan yazmak mümkün olmayacaktı. Bu süre zarfında beni sevip destekledikleri için kardeşlerime özellikle Mazhar ve Answer'a da ayrıca teşekkür ederim.

Bu çalışmanın yürütülmesinde ve hayalimin gerçekleşmesinde sağladıkları katkılardan dolayı TÜBİTAK'a teşekkürlerimi sunarım. "Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu" nun (TÜBİTAK) destekleri olmadan bu çalışmanın gerçekleşmesi hiç bir zaman mümkün olmayacaktı. Bu çalışmanın yürütülmesinde sağladığı doktora bursu için TÜBİTAK'a müteşekkirim.

Bu çalışma, 2150630 nolu proje kapsamında TÜBİTAK tarafından desteklenmiştir.

1. GİRİŞ

Dünya nüfusunun hızla artması nedeniyle, artan nüfusa yetecek miktarda gıda ve besin üretimine ihtiyaç duyulmaktadır (Long vd., 2015). Dünyada, 2000 yılında kişi başına düşen ortalama günlük kalori miktarı 2789 kcal iken, 2050'li yıllarda bu miktarın 3130 kcal olması öngörülmektedir (FAO, 2012). Gıda talebindeki bu istikrarlı artış, dünya nüfusunun büyümesine paralel olacaktır. Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), dünya genelinde gelişmekte olan toplumlar için hem protein, karbonhidrat, vitamin ve mineral kaynağı hem de linoleik ve oleik asitler gibi doymamış yağ asitleri bakımından zengin bir besin kaynağıdır. (Celmeli vd., 2018). Son yirmi yılda artan dünya nüfusuna paralel olarak fasulye üretiminde önemli artışlar gözlenmiştir. Dünya nüfusu 2000 yılında 6 milyar iken fasulye üretimi 17.8 milyon ton (FAO, 2016), 2016 yılında dünya nüfusu 7.4 milyara ulaştığında fasulye üretimi 26.8 milyon tona ulaşmıştır (FAO, 2016). Ancak 2050 yılında dünya nüfusunun 10 milyardan fazla olması beklenmektedir. Bu nedenle, 2050 yılında artan nüfusun gıda ihtiyacına cevap verebilmenin yanında, kronik bir şekilde yeterli beslenemeyen 870 milyon insanın da beslenme ihtiyacını karşılayabilmek için dünya bitkisel üretiminin %60-110 oranında artırılmasına ihtiyaç duyulmaktadır. Bu soruna çözüm üretebilmek için, 2005 ve 2050 yılları arasında, % 100-110 oranında daha fazla gıda üretmek gerektiği bildirilmektedir (Tilman vd., 2011). Çok sayıda bilim insanı, üretim artışının ancak verim artışı ile mümkün olacağı görüşündedir (Godfray vd., 2010).

Gıda kıtlığı problemini azaltmak için, 1980'li yıllarda moleküler markör teknolojilerinin gelişmesi ve ıslah faaliyetlerine odaklanma, bitki ıslahının kaderini değiştirmiştir. Farklı moleküler markörlerin geliştirilmesi ve sekans teknolojilerindeki ilerlemeler, genetik haritalama ve markör destekli seleksiyon yöntemiyle bitki ıslahını mümkün kılmıştır (Nadeem vd., 2018a; Collard vd., 2005). İki ebeveynli (bi-parental) populasyonlarda haritalama ve genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), istenilen özelliklerle ilişkili markörlerin tanımlanmasında kullanılan genetik haritalamalardır. Markör destekli seleksiyonun ön koşulu, ilişkili markörlerin belirlenmesi olarak kabul edilir. Yakın geçmişte, bağlantılı (linkage) haritalama yoluyla farklı bitki türlerinde istenilen birçok özellik ile ilişkili markör tespit çalışmaları bulunmaktadır (Chalmers vd., 2001; Takeuchi vd., 2003; McConnell vd., 2010). İki

ebeveynli (bi-parental) haritalama veya bağlantılı (linkage) haritalama yöntemleri, daha az sayıda rekombinasyon ve daha az segregasyon içermesi gibi dezavantajları sebebiyle düşük çözünürlüklü haritalama yöntemleri olarak bilinmektedir (Nadeem vd., 2018a; Collard vd., 2005). Bu da tanımlanmış QTL'lerin etkili bir şekilde marköre dayalı seleksiyonda kullanım olasılığını azaltmaktadır (Stich ve Melchinger, 2010). Bi-parental haritalama ve klasik ıslah uygulamalarının sahip olduğu dezavantajların üstesinden gelebilmek için ilişkili haritalama yöntemleri geliştirilmiştir (Nadeem vd., 2018a; Stich vd., 2013). İlişkili haritalama, iki ebeveynli haritalamaların aksine hem daha büyük germplazm koleksiyonlarına, hem de yüksek rekombinasyona sahiptir ve bu yolla çok daha iyi ilişkili bir ayrıştırma sunmaktadır (Ersoz vd., 2007). Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS) üç önemli unsur barındırması gerekir: 1) Araştırma ile ilgili genetik bilgiyi etkili bir şekilde sağlayacak yeterli büyüklükte popülasyon örnekleri, 2) Bütün genomu kaplayacak şekilde polimorfik allelerin etkili genotiplemesi, ve 3) Genetik ilişkileri tarafsız bir biçimde ortaya koyan güçlü istatistiksel metotlar (Cantor vd., 2009).

Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.; $2n=2x=22$) kendine döllen, 587 Mbs büyüklüğünde genoma sahip, küçük genomlu (Schmutz vd., 2014) Latin Amerika'nın en eski bitkisidir (Bitocchi vd., 2012). *Phaseolus* cinsi 70'den fazla tür içerir ve bunlardan özellikle beş tanesi (*P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. acutifolius*, *P. coccineus* L. ve *P. dumosus*) en fazla yetiştirilenlerdir (Spataro vd., 2011). Ateş fasulyesi olarak bilinen *P. coccineus*, fasulyenin bilinen en yakın akrabasıdır (Delgado-Salinas vd., 1999). *P. coccineus*, fasulye ve *P. lunatus* 'tan sonra ekonomik açıdan en önemli üçüncü fasulye türüdür (Santalla vd., 2004). Fasulye 300 milyondan fazla insanın gıda kaynağı olarak tüketilmektedir (Petry vd., 2015). Yüksek beslenme değeri nedeniyle bu bitkiye olan ilgi artmış ve fasulye veriminde önemli bir artış gözlenmiştir. Günümüzde kişi başına fasulye tüketimi 19.3 kg olup, bu miktar insan beslenmesinde kullanılan baklagil proteinin %71'ini, ihtiyaç duyulan toplam proteinin %16.9'nu ve kalorisinin ise % 7.3'ünü karşılamaktadır (Binagwa vd., 2018).

Türkiye, dünya biyoçeşitliliğinin en önemli bölgelerinden ve birçok bitkinin orijin merkezlerinden biri olarak kabul edilmektedir (Baloch vd., 2017). Fasulyenin,

Avrupa'dan Türkiye'ye giriři Asyalı t ccarlar tarafından olmuřtur. O zamandan beri T rkiye, farklı coęrafi b lgelerde ve ekolojilerde y zlerce yerel fasulye genotiplerine ev sahiplięi yapmaktadır (řehirali, 1988). Fasulye artık T rk tarımı ve mutfaęında eřsiz bir yer edinmiřtir. T rkiye'de son yirmi yılda fasulye veriminde b y k bir artıř g zlenmiřtir. 2010 yılında, D nya fasulye  retimi 23 milyon ton iken, T rkiye'nin fasulye  retimi yaklaşık 213 bin ton olarak gerekleřmiřtir (FAO, 2010). 2016 yılına gelindięinde D nya  retimi yaklaşık 27 milyon ton olurken, T rkiye  retimi 651 bin tona y kselmiř yani son 6 yılda  c katına ıkmıřtır (FAO, 2016). Bug ne kadar, toplamda 39 kuru fasulye eřidi ticari olarak tescil ettirilmiřtir (TUIK, 2019).  zt rk vd. (2009)  lkemizde kuru fasulye veriminin kademeli olarak arttıęını bildirmiř ve bunun evresel adaptasyonu iyi yeni eřitlerin girmesi yoluyla olduęunu rapor etmiřlerdir. T rkiye'de kuru fasulye  retiminde erkencilik  zellikleri nedeniyle bodur tiplerin  retimi tercih edilmektedir. Ancak tırmanıcı sırik fasulye tiplerinin  zellikle taze sebze olarak t ketildięi yerler de mevcuttur (Bozoęlu ve S zen, 2007).

Bu alıřma, T rkiye'nin 19 farklı ilinden toplanmıř 180 yerel fasulye ekirdek koleksiyonunda, altı ticari eřitlerle birlikte;

- 1) Fenotipik ve genotipik eřitlilięi kapsamlı bir Őekilde arařtırmak,
- 2) Populasyon yapısını ortaya koymak,
- 3) Birok agronomik, kalite ve piřirme  zellikleri ile ilgili molek ler mark rleri belirlemek amalarıyla y r t lm řt r

Bu hedefleri bařarılı bir Őekilde gerekleřtirebilmek iin, beř farklı evrede elde edilen fenotipik verilerin sekanslama ile genotipleme (GBS) y ntemine dayalı ok sayıda DArTseq ve SNP mark rleri kullanılmıřtır.

2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI

Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), diploid, tek yıllık ve ağırlıklı olarak kendine döllen bir bitki olmasına rağmen, yabani ve kültür formlarında yabancı döllenme ya da doğal melezlenmelerin de gerçekleştiği birçok araştırmacı tarafından bildirilmiştir. Ibarra-Perez vd. (1997), fasulye bitkisinde yabancı döllenme oranlarının %0-85 arasında olduğunu bildirmişlerdir. Fasulye, büyüme şekli, tohum özelliklerine (büyüklük, şekil ve renk) ve olgunlaşma sürelerine göre büyük varyasyon göstermektedir. Fasulye bitkisinin belirli/belirsiz bodur formda olabileceği gibi yarı sarılıcı ve sarılıcı özelliklere sahip formları da bulunmaktadır (Freytag ve Debouck, 2002). Fasulye tohumlarının beyaz, kırmızı, kestane rengi, pembe, krem, lacivert, siyah, kahverengi ve daha birçok rengi içeren çok geniş bir renk aralığına sahip olduğu gözlemlenmiştir (Nadeem vd., 2018b). Bu varyasyonlar sayesinde fasulyenin, Amerika, Afrika, Orta Doğu, Çin ve Avrupa gibi çok çeşitli ekolojik koşullarda ve yetiştirme sistemlerinde üretimi mümkün olmaktadır (Blair vd., 2010).

Fasulye taze tüketimi için yetiştirilmesinin yanı sıra, genellikle kuru tohumları tüketilmektedir (De Ron vd., 2015). Fasulye, 18-24 °C sıcaklık aralığında optimum gelişme gösteren tek yıllık sıcak iklim bitkisidir. Çiçeklenme sırasındaki maksimum sıcaklığın 30 °C'yi geçmesi durumunda çiçek dökme meydana gelebilmekte, bunun sonucu olarak bakla bağlama oranının azalması ile verim kaybı yaşanmaktadır. Gün içerisindeki sıcaklığın 20 °C'nin altına düşmesi, boş bakla oluşumuna ve olgunlaşma süresinin uzamasına neden olmaktadır. Yıllık toplam 600-650 mm yağışın fasulye yetiştiriciliği için ideal olduğu, yağışlı koşullarda ise minimum 400-500 mm suyun yeterli olduğu düşünülmektedir. Kumlu-tınlı, kumlu-killi-tınlı ya da killi-tınlı bünyeli topraklarda kil içeriğinin % 15-35 olması fasulye üretimi için uygun ortamları oluşturmaktadır (Liebenberg, 2002).

2.1. Fasulyenin Filogeni ve Orijini

Orta Amerika, *Phaseolus* cinsinin 4-6 milyon yıl önce ortaya çıktığı, *Phaseolus* türlerinin en fazla dağılım gösterdiği coğrafi bölge olarak bildirilmiştir (Freytag ve Debouck, 2002; Delgado-Salinas vd., 2006). Bu varsayım, *Phaseolus* cinsinin kökeninin geç Miyosen'den (jeolojik devirlerden üçüncü (Senozoik) zamanın Neojen

dönemine ait bir bölümdür ve günümüzden 23.03 ila 5.33 milyon yıl öncesine karşılık gelir) sonra meydana geldiğini göstermektedir (yaklaşık 7 Milyon yıl önce) (Coates vd., 2004). Bu varsayımı güçlendirmek için, Delgado-Salinas vd. (2006) Phaseolus cinsinin sekiz temel soyunu araştırmışlar ve vulgaris türünün bu gruplar arasında en eski olduğunu ve 4 milyon yıl önce ortaya çıktığını belirlemişlerdir. Phaseolus cinsinin dört temel türünün (*P. vulgaris*, *P. dumosus*, *P. coccineus*, *P. acutifolius*) bu grupta olduğu belirtilmiştir. Orta Amerika'ya özgü olan *P. dumosus* ve *P. coccineus* türlerinin *P. vulgaris*' e çok yakın olduğu ve bunların kısmen türler arası melezlenebileceği belirtilmiştir. Diğer taraftan, *P. lunatus* ve *P. acutifolius* türlerinin *P. vulgaris* türüne oldukça uzak olduğu varsayılmaktadır. α -amilaz (gen inhibitörü) sekans verileri bu varsayımı güçlendirmekte ve *P. vulgaris*'in *P. coccineus* ve *P. dumosus*'tan ayrılmasının 2 milyon yıl önce gerçekleştiğini göstermektedir (Gepts vd., 1999).

Fasulye, Amerika'da, şimdiki adıyla Meksika olarak adlandırılan Orta Amerika Bölgesi'nde ortaya çıkmış ve yabani formları çoğunlukla kuzeybatı Arjantin'den kuzey Meksika'ya doğru dağılarak iki ana gen havuzuna (Orta Amerika ve Güney Amerika) ayrılmıştır. Bununla birlikte, Peru-Ekvador arasında ilk olarak 1980'de keşfedilen ve üçüncü gen havuzu olarak adlandırılan, çoğunlukla Andes batı yamaçlarında çok küçük bir alanda yetişen yabani popülasyonların varlığı da belirlenmiştir (Debouck vd., 1993). Peru-Ekvador gen havuzu temelde Güney ve Orta Amerika gen havuzunda bulunmayan Phaseolin tip-1 adlı tohum proteini ile karakterize edilmişlerdir (Kami vd., 1995). Kami vd. (1995), Phaseolin kodlamasından sorumlu genin bir bölümünü sekanslamışlar ve Phaseolin tip-1'in sadece Peru-Ekvator fasulye popülasyonlarında mevcut olduğu, diğer iki gen havuzunda bulunmadığını bunun da üçüncü bir yeni gen havuzunu oluşturduğunu bildirmişlerdir.

Kami vd. (1995), Peru-Ekvador'un Phaseolin tip-1'inde tandem direkt tekrarların bulunmadığını ve bu tandem direkt tekrarların sadece Orta Amerika ve Güney Amerika gen havuzunda bulunduğunu tespit etmişlerdir. Bu çalışmanın temelinde, fasulyenin başlangıçta Kuzey Peru ve Ekvador yabani popülasyonlarından köken aldığını ve nihayetinde Güney Peru'dan Arjantin'e (güney yönünde) ve kuzeye; Kolombiya'dan kuzey Meksika'ya yayıldığını bildirmişlerdir. Diğer taraftan, Bitocchi vd. (2012) yabani fasulye tiplerinin yer aldığı geniş bir koleksiyon kullanıp

beş farklı gen fragmentinde nükler çeşitliliği tanımlayarak fasulye orjininin açıkça Orta Amerika olduğunu belirten yeni bir hipotez sunmuşlardır. Bu fasulye tipleri coğrafik dağılımın temelini net bir şekilde açıklamaktadır.

2.2. Fasulyenin Kültüre Alınması

Kültüre alma işlemi, yabancı bitki türlerinin modifikasyonunda önemli rol oynayan ve faydalı bir ürün haline getiren oldukça karmaşık bir süreçtir (Di Vittori vd., 2017). Kültüre alınmış fasulye formları; büyüme şekli, tohum dormansisi, fotoperiyot duyarlılığı, tohum rengi, şekli ve büyüklüğü gibi önemli parametreler bakımından yabancı formlardan farklılık göstermektedir. Bütün modifikasyonlar yabancı formlardan kültür bitkilerini genetik olarak farklı kılmakta ve farklı iklim koşullarında daha iyi performans göstermelerine yardımcı olmaktadır (Gepts ve Papa, 2002). Kültüre alma süreci, yetiştiriciliğe uygun bitki türlerinde azalmış genetik çeşitliliğin sonucu olmuş ve genetik çeşitliliğin azalmasında temel rol oynamıştır (Glémin ve Bataillon, 2009).

Phaseolus türlerinin yabancı ve ıslah edilmiş formları, tohum ve bakla büyüklüklerine, büyüme şekillerine, tohum dormansisine, fotoperiyot duyarlılığına ve hasat edilen kısımları ile bitkinin rengine göre ayırt edilebilir (Di Vittori vd., 2017). Orta Amerika ve Güney Amerika, fasulyenin bağımsız olarak kültüre alındığı ana bölgelerdir.

Yürütülen çeşitli araştırmalar fasulyenin tek bir merkezde kültüre alındığını savunurken (Papa ve Gepts, 2003; Kwak ve Gepts, 2009; Rossi vd., 2009), bazı bilim insanları ise fasulyenin iki gen havuzundan oluştuğunu ve bunun sonucu olarak iki merkezde kültüre alındığını savunmaktadırlar (Papa vd., 2006; Acosta-Gallegos vd., 2007). Yürütülen farklı çalışmalar, kültüre alınmış Orta Amerika gen havuzunun genetik çeşitliliğinin azaldığını açıkça göstermiştir (Rossi vd., 2009, Nanni vd., 2011). Benzer olarak yapılan çalışmalar, Orta Amerika gen havuzundaki genetik çeşitliliğin, Güney Amerika gen havuzuna kıyasla üç kat daha fazla azaldığını doğrulamıştır. Orta Amerika gen havuzunda genetik çeşitliliğin ciddi oranda azalmasının kültüre alma işlemlerinin Güney Amerika gen havuzunda tıkanıklığın oluşması sebebiyle gerçekleştiği bildirilmektedir (Bitocchi vd., 2013).

Son zamanlarda yeni nesil teknolojiler (NGS) transkriptome seviyesindeki nükleotidi tespit etmek ve Orta Amerika gen havuzunda meydana gelen kültüre alma sürecini arařtırmak için kullanılmıřtır. Bellucci vd. (2014b) yürüttükleri arařtırmada, Orta Amerika gen havuzundaki kültüre almadan dolayı gen ifadesinin ve çeřitliliğinin ciddi řekilde azaldığını ortaya koymuřlardır. Birinci ve ikinci kültüre alma durumlarının dıřında, çeřitli arařtırmalar fasulyenin farklı yerlerde de kültüre alındığını göstermektedir (Singh vd., 1991b; Pickersgill ve Debouck, 2005). Bitocchi vd. (2013)'nın sonuçları, fasulyenin iki merkezde kültüre alındığını desteklemiřtir. Bu iki alanda fasulyenin kültüre alınmasından sonra, Orta Amerika gen havuzu dört gruba (Durango, Jalisco, Mesoamerica, Guatemala) ayrılırken, Güney Amerika gen havuzu ise üç gruba (Nueva Granada, Peru ve řili) ayrılmıřtır (Beebe vd., 2000, 2001).

Kültüre alma tarihleri ve onların coğrafi merkezleri halen tartıřılmakta olan diğeri önemli konular olup, Orta Amerika gen havuzu iki coğrafi bölgede (Oaxaca Vadisi ve Batı-Orta Meksika'daki Rio Lerma-Rio Grande de Santiago havzası) kültüre alınmıřtır (Kwak ve Gepts, 2009; Bitocchi vd., 2013). Bu hipotezin yanı sıra, Güney Peru merkezini kültüre almanın bařlangıç noktası olarak bildiren bazı diğeri bilim insanlarına karřılık Beebe vd. (2001) ve Bitocchi vd. (2013) Bolivya ve Kuzey Arjantin'in kültüre almanın bařlangıç noktası olduğunu savunmuřlardır. Mamidi vd. (2013) kültüre almanın muhtemel bařlangıç tarihlerini arařtırmak için 13 lokusun sekans verilerini kullanmıřlar ve Güney Amerika'da 7000 yıl, Orta Amerika'da ise 8000 yıl önce kültüre alındığını bildirmiřlerdir. Bellucci vd. (2014b) yürüttükleri arařtırmanın sonucunda bağımsız kültüre alma durumlarının iki farklı gen havuzundan meydana geldiğini ve kültüre alma sürecine dahil olan genleri keřfetmek için QTL tanımlamasının ayırt edici olduğunu bildirmiřlerdir.

2.3. Fasulye Genetik Kaynakları

Kültüre alınmıř fasulye türleri (*P. vulgaris*; *P. coccineus*; *P. dumosus*; *P. acutifolius* ve *P. lunatus*) ile *Phaseolus* türlerinin çeřitli yabani formları farklı merkezlerde bulunmaktadır. Dünya çapında 117.000 fasulye çeřidi mevcuttur ve *P. vulgaris* bu çeřitlerin % 86'sını oluřturmaktadır. Koruma altındaki çeřitlerin % 65'i

yerel türler, % 15'i modern yetiştiricilikte kullanılan ıslah edilmiş çeşitler ve % 3'ü yabancı fasulye türlerinden oluşmaktadır. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) Cali, Kolombiya, dünyanın en büyük ve en çeşitli fasulye koleksiyonuna ev sahipliği yapmaktadır. CIAT yaklaşık 40.000 fasulye genotipine sahiptir. Bu fasulye genotipleri koruma altındaki fasulye gen kaynaklarının % 71.6'sını kapsamaktadır. CIAT, 105 ülkede dağılmış olan 441.225 numuneden oluşan ve 37.390 fasulye (Çizelge 2.1) genotipine ev sahipliği yapmaktadır (<http://ciat.cgiar.org/what-we-do/crop-conservation-and-use/bean-diversity/>).

Buna karşılık fasulye gen kaynaklarını koruyan diğer bazı istasyonlardan olan, Almanya'daki Institut für Pflanzengenetik ve Kulturpflanzenforschung (IPK: <http://www.ipk-gatersleben.de>) ve Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnología'da (Brezilya'da CENARGEN/EMBRAPA ile) enstitüleri fasulye genotiplerinin 1800'den fazlasını bünyelerinde bulundurmaktadırlar (<https://www.embrapa.br/en/recursos-geneticos-e-biotecnologia>). Belçika Ulusal Botanik Bahçesi, yabancı Phaseoleae - Phaseolinae türlerinin koleksiyonunu içermektedir. Hali hazırda bu *Phaseolus* türünün 2074 çeşidine ev sahipliği yapmaktadır. Aynı zamanda *Phaseolus* cinsinin 41 türüne ait 720 üyesi ile *Vigna* cinsine ait 1158 üyesine de ev sahipliği yapmaktadır. (<http://www.plantentuinmeise.be/RESEARCH/COLLECTIONS/LIVING/PHASEOLUS/index.html>). Diğer taraftan, Western Regional Plant Introduction Station (WRPIS), 20.000'den fazla *Phaseolus* örneğine ve 17.000 *P. vulgaris* formunu içermesi ile en fazla sayıda fasulye örneğine sahip yerdir (<https://www.ars.usda.gov/research/publications/publication/?seqNo115=319341>).

Çizelge 2.1. Dünya çapında çeşitli gen bankalarındaki fasulye genetik kaynakları

Gen bankası	Aksesyonları (%)	Yerel populasyolar (%)	Yabancı türler (%)
CIAT, Colombia*	35,891 (14)	30,507 (85)	2153 (6)
USDA, USA	14,674 (6)	9832 (67)	880 (6)
Embrapa, Brazil	14,460 (6)	5784 (40)	-
INIFAP, Mexico	12,752 (5)	7014 (55)	2168 (17)
IPK, Germany	8680 (3)	5729 (66)	87 (1)
NBPGR, India	-	1887	-
BAIBU, Turkey	-	250	-

*CIAT (The International Center for Tropical Agriculture), USDA (United States Department of Agriculture), (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agricolasy Pecuarias, Mexico), IPK (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research), NBPGR (National Bureau of Plant Genetic Resources), BAIBU (Bolu Abant İzzet Baysal University)

Türkiye'nin farklı coğrafi bölgelerinden, yaklaşık 250'ye yakın fasulye yerel popülasyonları mini(temel) koleksiyon olarak toplanmış ve Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi'nde muhafaza edilerek Türk fasulye gen kaynaklarına ilgi duyan bilim insanları için hazır bir kaynak olarak bulundurulmaktadır.

2.4. Fasulye'de İslah Çalışmaları

2.4.1. Klasik İslah

Klasik ıslah metotları kullanılarak, fasulyenin başarılı bir şekilde ıslah edilmesinde ve geniş kapsamlı hedeflere ulaşılmasında farklı metotlar kullanılmaktadır. Başlıca ıslah faaliyetleri olarak, çeşitli biyotik ve abiyotik stres faktörleri için çeşitlerin genetik olarak güçlendirilmesi ve bitkilerin adaptasyon

yeteneklerinin arttırılması gibi çalışmalar yapılmıştır (Beaver ve Osorno, 2009). Fasulye düşük yabancı dölllenme oranına sahip (Brunner ve Beaver, 1989) ve genel olarak çevresel faktörlerden etkilenen bir bitkidir (Ibarra-Pérez vd., 1997).

Pedigree metodu, F2-F4 generasyonunda kalitatif özelliklerin seçimini kolaylaştırırken, F5-F7 generasyonlarında verimi arttırmak gibi kompleks özelliklerin seçimine de imkan sunan en çok kullanılan ıslah metodudur (Kelly ve Cichy, 2012). Tek tohum veya tek bakla seçimi, pedigrî yönteminden çok daha hızlı sonuç veren ve sera ortamında kullanılabilen başka bir yöntemdir. Bu yöntem, fasulyede çeşitli genetik çalışmalar için RIL popülasyonlarının geliştirilmesinde çeşitli ıslahçılar tarafından yaygın olarak kullanılırken, QTL çalışmalarında kullanılan RIL popülasyonlarını geliştirmede herhangi bir seleksiyon uygulanmamaktadır (Vallejo ve Kelly, 2005).

Tekrarlamalı seleksiyon, tarlada bol miktarda kaliteli polenin olduğu ve yabancı döllenen bitkilerin ıslahında sıklıkla kullanılan diğer bir ıslah yöntemidir. Seleksiyonun sonraki aşamaları için yeterli üretimin olmadığı yüksek oranda kendine döllenen bitkilerde (fasulye) iki farklı ebeveynin birbiri ile çok sayıda melezlenmesi zor olmaktadır (Kelly ve Cichy, 2012). Bu yöntem, bitki ıslahında Tip-II Mesoamerican siyah fasulye ırkından, büyük tohumlu yatık Tip-III Durango ırkı pinto fasulyesi geliştirilmesi için başarıyla uygulanmıştır (Kelly ve Adams, 1987). Bu yöntemle Sierra pinto çeşidi, dik tip-II kısa büyüme şekline sahip büyük boy pinto fasulyesi tohumları özelliklerine sahip geliştirilen ilk çeşittir (Kelly vd., 1990). Sierra pinto çeşidinin gelişimi, diğer orta tohumlu Durango ve Jalisco ırkı çeşitlerinin gelişimi için de genetik köprü görevi görmüştür. Fasulye yetiştiricileri Sedona pembe fasulyesi (Kelly vd., 2006), Merlot küçük kırmızı çeşidi (Hosfield vd., 2004) ve Matterhorn Great Northern (Kelly vd., 1999) gibi diğer tohum çeşitlerini geliştirmişlerdir.

Bir popülasyondaki çoklu özelliklerin seçimi gamet seleksiyonu kullanılarak farklı ebeveynlerin melezlenmesi ile yapılabilmektedir (Singh, 1994). Gamet seleksiyonunun hastalığa dayanıklı hatlarının geliştirilmesinde başarılı bir ıslah yöntemi olduğu görülmüştür (Terán vd., 2009). Bu yöntemle fasulyede mozaik nekroz virüsüne karşı (BCMNV) direnci sağlayan bc-3 allel geni ve altın sarısı mozaik

virüsüne (BGYMV) direnci sağlayan bgm genleri belirlenmiştir (Velez vd., 1998).

Geri melezleme, bazı genlerin eksik olduğu varyeterlerde bir ya da daha fazla genin aktarılmasında kullanılan çok etkili bir ıslah yöntemidir (Kelly ve Cichy, 2012). Bu yöntem, farklı gen havuzlarındaki fasulyelerin entegrasyonu ile yabancı ve yerel populasyonlardan arzu edilen genetik varyasyonların ortaya çıkarılmasında başarıyla uygulanmıştır (Román-Avilés ve Kelly, 2005; Blair vd., 2006). Birbirine uyuşmayan Phaseolus türleri arasındaki tozlanma, geri melezleme yönteminin kullanılmasıyla arttırılabilir (Haghighi ve Ascher, 1988). Geri melezleme yöntemi, tepary fasulyesi ile kültür fasulyesinin melezlenmesinden fazla sayıda rekombinant hattın geliştirilmesi için kullanılmış ve bu hatların dölleri, her iki türden gelen genleri içermektedir (Mejía-Jiménez vd., 1994; Urrea ve Singh, 1994).

2.4.2. Fasulye Genomik Kaynakları

Fasulye $2n = 22$ kromozom sahip olan diploid bir türdür ve genom boyutu 588 (Bennett ve Leitch, 2005) ile 637 Mbp (Arumuganathan ve Earle, 1991) arasında değişmektedir. Soya fasulyesi gibi büyük genom büyüklüğüne sahip bitkilerin genom çalışmalarında, oldukça faydalı bir örnek bitki olmaktadır (McConnell vd., 2010). Fasulye genetik haritası, 1990'dan beri farklı tip moleküler markörler, yani RFLP markörleri (Nodari vd., 1993) ve RAPD markörleri (Adam-Blondon vd., 1994) kullanılarak elde edilmiştir.

Fasulye genomunun sekanslanması, Schmutz vd. (2014) tarafından G19833 fasulye genotipinde tüm genom shotgun sekanslama tekniğinin uygulanmasıyla başarılı şekilde elde edilmiştir. Elde edilen sekanslar 11 kromozom üzerinde toplanmış ve 587-Mb fasulye genomunun yaklaşık %80'ini ifade etmiştir. Birleştirilmiş genom dizileri, transkriptome verileriyle ab initio yaklaşımlarının uygulanması yoluyla açıklanmıştır. 27197 gen modeli ile 4441 dönüşümlü olarak kaymış transkript tarafından toplam 31632 protein kodlama dizisi tanımlanmıştır. Ayrıca, genomda büyük miktarda mevcut olan transpozon elementlerini araştırmışlardır. Nitekim, transpozonların genomun % 45'ini oluşturduğu, ayrıca fasulyenin yaklaşık % 40'ının da retrotranspozonlardan oluştuğu bildirilmektedir. Vlasova vd. (2016) tarafından BAT93 fasulye hattının genomu PhasIbeAm konsorsiyumunun desteği ile

sekanslanmıştır. Genetik içeriğe bağlı olarak, fasulye genomu bazı sürprizleri içermekte ve transpozon eklemenin yüksek seviyesi ile 27000 geni kodlamaktadır.

Fasulye genlerinin % 91'i soya fasulyesinin aynı gen sırasında olan bloklar içerisinde bulunmaktadır. Bir diğer deyişle fasulyedeki genom replikasyonu soya fasulyesi ile karşılaştırıldığında, soyada meydana gelen bütün genom replikasyonlarından daha azdır (Schmutz vd., 2014). Son zamanlarda, fasulyenin genom haritalaması ve markör geliştirilmesine çok yararlı olacak ilk kromozom ölçeği, versiyonu Enerji Bölümü ([http:// www. Phytozome.net/common bean](http://www.Phytozome.net/common%20bean)) tarafından geliştirilmiştir. 521 Mb, tekrarlanan DNA'nın %41'i ile fasulye kromozomu ölçekli düzeneğidir (Schmutz vd., 2014). Ibero-amerikalı araştırmacılar 2016 yılında BAT93 (Orta Amerika kökenli) genotipinin genom dizilimini yayınlamışlardır. BAT93, Orta Amerika fasulye formları referans genomu haline gelmiş ve bu genomun Güney Amerika kökenli fasulye formlarına karşılık olarak kullanılmasının ilginç olacağı bildirilmiştir (Vlasova vd., 2016).

Güney Amerika referans genomuyla çalışılırken, temel nokta soya fasulyesi ile karşılaştırılması olmuştur. Ancak, Orta Amerika referans genomunun baklagil ve baklagil olmayan bitkiler ile karşılaştırılması ve fasulye genlerinin evrimsel yörüngelerinde ilk küresel anlayışa öncülük etmiştir.

2.4.3. İleri İslah Yöntemleri

2.4.3.1. Fasulye'de Bağlantı Haritaları ve QTL Analizi

Son yirmi yılda fenotipik ve DNA markör analizlerinde kaydedilen ilerleme, hem genetik araştırmalar hem de bitki ıslahı için bir dizi faydalı tekniklerin geliştirilmesine imkan sağlamıştır. Ayrıca, bitki türlerinin çoğu için özellikle de fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) gibi baklagil türlerinde önemli özellikleri kontrol eden genler genetik bağlantı haritaları tekniği kullanılarak haritalanmıştır. (González vd., 2009). Fasulyenin ilk DNA-tabanlı genetik haritaları temel olarak RFLP markörlerine dayanmaktadır (Vallejos vd., 1992; Nodari vd., 1993). Fenotipik varyasyonun yanı sıra nükleotid seviyesinde polimorfizmi en üst düzeye çıkarmak için farklı

ebeveynler seçilerek haritalama popülasyonları geliştirmiştir. Vallejos vd. (1992) tarafından kullanılan haritalama popülasyonu "XR-235-1-1" (Orta Amerika) X "Calima" (Güney Amerika) melezinin bir geri melez soyundan oluşmuştur. Nodari vd. (1993) tarafından kullanılan haritalama popülasyonu ise "BAT 93" (Orta Amerika) X "Jalo EEP558" (Orta Amerika) melezlemesinden türetilen bir F2 popülasyonundan oluşmuştur.

Son birkaç yılda, fasulye genomu ve EST dizilim programları, fonksiyonel markörlerin tanımlanmasında hızlanmaya neden olan sekans verisinin büyük çoğunluğunu üretmiştir. Günümüzde GenBank nükleotit veri tabanında (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>; Temmuz 2016) yaklaşık 168.500 fasulye sekansı bulunmakta ve bunların büyük çoğunluğu EST sekanslarından (129.000) oluşmaktadır. Ramírez vd. (2005) tarafından Orta Amerika ('Negro Jamapa') ve Güney Amerika ('G19833') gen havuzlarındaki farklı cDNA kaynaklarından elde edilmiş 21.000'in üzerinde EST dizisini inceleyen büyük ölçekli bir sekans analizi yürütülmüştür. Bu analiz, çakışan dizilerin 214 kb'de 529 SNP'nin tanımlanmasına izin vermiş ve her 387 bp'de bir SNP vermiştir. Zou vd. (2014), yeni nesil dizileme (NGS) için DNA kütüphanelerini oluşturmak üzere 36 fasulye genotipi kullanmışlardır.

Illumina'nın HiSeq 2000 Sequencing System tarafından 76 milyon sekans okuması analiz edilerek üretilmiştir. Varsayılan 43.698 SNP ve 1267 InDel'in hepsi tanımlanmış ve 24.907 SNP'nin 8835 gende ve 692 InDel'in ise 637 gende bulunduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, Wu vd. (2014), kuraklığa duyarlı genlerin keşfedilmesi için bir RNA-seq yaklaşımı kullanarak, 'Long 22-0579' (Orta Amerika) ve 'Naihua' (Güney Amerika) fasulye çeşitlerinin transkriptlerinde toplam 10.482 SSR ve 4099 SNP lokusu tanımlamışlardır. Agronomik özellikler için QTL'lerin belirlenmesinde çok sayıda çalışma yapılmış olup, söz konusu çalışmalar Çizelge 2.2'de özetlenmiştir.

2.4.3.2. Tek Nükleotid Polimorfik (SNP) Markörleri

Fasulyede genetik çalışmalar için etkili moleküler araçlara her zaman ihtiyaç duyulmaktadır. Homolog DNA fragmentleri ve küçük nükleotidler arasında tek DNA baz farklılıkları, eklemeler ve silmelerin (indels) hepsi tek nükleotid polimorfizmleri

(SNP) olarak adlandırılır. SNP'ler çok arzu edilen moleküler markörlerdir, çünkü bunlar yakından ilişkili genotipler arasında bile derinlemesine genetik analiz için kullanılabilirler (Hyten vd., 2010). SNP'ler, genler ve kantitatif özellik lokusu (QTL) keşfi, genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi, ilişki analizleri ve markör destekli seleksiyon dahil olmak üzere bitki ıslahında çeşitli görevler için bialelik ve ko-dominant DNA markörleri olarak kullanılabilir. SNP markörleri diğer markörlere göre iki temel avantaja sahiptir: (1) Genomlar içindeki en bol genetik çeşitliliğe sahip olmaları (Zhu vd., 2003) ve (2) yüksek verimli SNP analizleri için geniş bir teknoloji yelpazesi geliştirilmiş olmasıdır (Fan vd., 2006). Ek olarak, SNP'ler, düşük mutasyon oranlarından dolayı, basit dizi tekrarlı (SSR) markörlerinden daha kararlıdır. Bu nedenle, SNP'ler popülasyon genetiği ve filogeni çalışmaları için yararlıdır (Jin vd., 2003). SNP markörlerinin bir başka özelliği de, yakın ilişkili türler arasında transfer edilip mikrosenten analizi için kullanılabilir olmasıdır. SNP markörleri fasulyede genetik çeşitlilik için (Hyten vd., 2010; Cortés vd., 2011), QTL haritalama ve bağlantı haritası yapımında (Song vd., 2015; Sandhu vd., 2018) ve genom çapı ilişkilendirme çalışmalarında (GWAS) (Kamfwa vd., 2015; Moghaddam vd., 2016) başarıyla uygulanmıştır.

Çizelge 2.2. Fasulyede farklı tarımsal özellikler bakımından tanımlanmış QTL bölgeleri

Locus/QTL/gen adı	Özellikler	kromozom	Haritalama popülasyonu	Kaynaklar
DO	Çimlenme	Pv02, Pv03,Pv04,	Bağlantı haritası—Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Koinange vd. (1996)
DF (fin), DF		Pv01, Pv08, Pv09		Koinange vd. (1996), Tar'anvd. (2002)
df1.1, df2.1, df6.1, df9.1, df9.2, df11.1 ss715646578, ss715646088	Çiçeklenme gün sayısı (erkencilik)	Pv01, Pv02, Pv06, Pv09, Pv11	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Blair vd. (2006)
		Pv01, Pv08		Kamfwa vd. (2015)
Ref_259_comp19102_c0		Pv05	GWAS—kültüre alınmış	Bellucci vd. (2014a, b)
	Vernalizasyon ve çiçeklenme zamanı			
Phvul.003G033400, Phvul.002G000500		Pv03, Pv02	Aday gen yaklaşımı	Schmutz vd. (2014)
DM, DM (fin)		Pv01	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Koinange vd. (1996)
DM	Olgunlaşma süresi (erkencilik)	Pv09, Pv10	Bağlantı haritası —F2:4 popülasyonu	Tar'an vd. (2002)
DM1, Dm5.1, Dm7.1,		Pv01, Pv05, Pv07	Bağlantı haritası —Geri melez popülasyonu Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Blair vd. (2006)
DM6.1, DM6.2		Pv06		Peréz-Vega vd. (2010)

St	tohum dökme	Pv02	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Koinange vd. (1996)
PvSHP1	Tohum dökme	Pv06	Aday gen yaklaşımı/ Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Nanni vd. (2011)
fin	Sarılganlık	Pv01	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar (RILs)	Koinange vd. (1996)
Cab1-1, Cab1-2, Cab2-1	Tırmanıcılık	Pv04	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Checa and Blair (2008)
NM (fin), NM	Ana sapta boğum sayısı	Pv01	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Koinange vd. (1996)
TB, Brn1		Pv04	Bağlantı haritası — F2:4 popülasyonu Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Tar'an vd. (2002), Checa and Blair (2008)
NP (fin)	Bakla sayısı	Pv01	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Koinange vd. (1996)
NP	Bakla sayısı	Pv08	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Koinange vd. (1996)
NP, PPP	Bakla sayısı	Pv04	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs, Bağlantı haritası F2:4 popülasyonu	Koinange vd. (1996), Tar'an vd. (2002)
Pp7.2,		Pv07		
Pp9.2	Bakla sayısı	Pv09	Bağlantı haritası — Geri melez popülasyonu	Blair vd. (2006)
Pp11.3		Pv11		
PH	Bitki boyu	Pv03	Bağlantı haritası — F2:4 popülasyonu	Tar'an vd. (2002)
PH		Pv07		Blair vd. (2006)

Plh1-1		Pv03		
Plh1-3,Plh2-1		Pv04		
Plh1-4	Bakla uzunluğu	Pv08	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Checa and Blair (2008)
Plh2-3		Pv11		
PL	Bakla uzunluğu	Pv02,Pv07	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Koinange vd. (1996)
ss715639408, ss715649359,ss715647392	Bakla ağırlığı	Pv08	kültüre alınmış	Kamfwa vd.(2015)
SW	100 tohum ağırlığı	Pv01, Pv07, Pv11	bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Koinange vd. (1996)
SW	100 tohum ağırlığı	Pv04, Pv11	Bağlantı haritası —F2:4 popülasyonu	Tar'an vdl. (2002)
Sw2.1, Sw2.2, Sw3.1, Sw6.1, Sw7.1,Sw8.1, Sw9.1, Sw10.1, Sw11.1	100 tohum ağırlığı	Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv05, Pv06, Pv07, Pv08, Pv09,Pv10,Pv11	Bağlantı haritası—geri melez popülasyonu	Blair vd. (2006)
Ref_259_comp6493, Ref_220_comp2070, Ref_25_comp3527, Ref_259_comp4515	Meyve büyüklüğü	Pv03	Aday gen yaklaşımı	Bellucci vd. (2014a, b)
SL2		Pv02		
SL3		Pv03		

SL6	Tohum uzunluğu	Pv06	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Peréz-Vega vd.(2010)
SL8		Pv08		
SL10		Pv10		
SL1.1, SL1.2, SL2.1, SL6	Tohum uzunluğu	Pv01, Pv02, Pv06	Bağlantı haritası pping— Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Yuste-Lisbona vd. (2014)
WI3		Pv03		Peréz-Vega vd. (2010)
WI6	Tohum uzunluğu	Pv06	Bağlantı haritası ping— Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	
WI7		Pv07		
SH6	Tohum genişliği	Pv06	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Peréz-Vega vd. (2010)
SH8		Pv08		
SWI2, SWI7, SWI9	Tohum genişliği	Pv02, Pv07, Pv09	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Yuste-Lisbona vd. (2014)
ST2, ST9	Tohum kalınlığı	Pv02, Pv09	Bağlantı haritası — Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Yuste-Lisbona vd. (2014)
PSC3, PSC4	Birinci tohum rengir	Pv03, Pv04,	bağlantı haritası Rekombine edilmiş kendilenmiş hatlar RILs	Yuste-Lisbona vd. (2014)
Y	Tohum verimi	Pv05, Pv09, Pv10	kültüre alınmış	
ss715648538, ss715646178	Tohum verimi	Pv03, Pv09	GWAS—kültüre alınmış	Kamfwa vdl. (2015)
BMD17	Yaprak uzunluğugth	Pv04	Bağlantı haritası	Souza vd. 2017
BM143	100 tohum ağırlığı	Pv04	bağlantı haritası	Souza vd. 2017
X57211, PVBR118	Bakla uzunluğu	Pv08	bağlantı haritası	Souza vd. 2017

2.4.3.3. DArTseq Markörleri

15 yıldan daha uzun bir süre önce önerilen mikro dizi tabanlı DArTseq teknolojisi, daha yüksek genomik kapsama alanını destekleyen, veri noktası başına düşük bir maliyetle çok sayıda polimorfik markör geliştirmeyi teklif etmiştir (Jaccoud vd., 2001). DArTseq adı verilen yeni bir değişken, genom karmaşıklığını azaltmak için enzim bozunumunu kısıtlamayı kullanarak DNA polimorfizmlerini tanımlamada yeni nesil sekanslama olarak geliştirilmiştir (Kilian vd., 2003). Bu teknoloji sınırlı sayıdaki markörler ile belirli zorlukların üstesinden gelmeye yardımcı olmuştur. Yüksek verimlilik kabiliyeti, her bir markörden elde edilen sekansı sağlamasının yanı sıra hızlı karakterizasyona, sekans veri bağımsızlığına, tek baz değişimlerinin ve indekslerin tespiti ve bütün genomu kapsamaya izin vermiştir (Jones vd., 2009). Bu teknoloji, DArTseq markör uygulamalarını genetik popülasyon değişkenliğinde, yüksek yoğunluklu genetik haritalamada ve genomik montaj desteği analizlerinde kullanımına imkan sağlamıştır. DArTseq markörleri ilk olarak genetik çeşitliliğin tanımlanmasında, popülasyon yapısı (Nadeem vd., 2018b) ve fasulye için ilişkili haritalama analizlerinde uygulanmıştır (Ates vd., 2018; Valdisser vd., 2017).

2.4.3.4. Fasulyede Genom Çapında İlişkilendirme Çalışmaları (GWAS)

İlişkilendirme haritası (AM), tarihsel rekombinasyon olaylarından yararlanır ve sekans düzeyinde kompleks özellik varyasyonunun diseksiyonu için bağlantı haritalamasına güçlü bir alternatif haline gelmiştir (Zhu vd. 2008). İki tür ilişkili haritalama yaklaşımı vardır: (i) belirli özellikler için fenotipik varyasyonu kontrol etmede varsayılan rolleri olan seçilmiş aday genlerdeki polimorfizmleri ilişkilendiren aday gen (CG) ilişki haritası (candidate gene association mapping) ve (ii) genom çapı ilişkili haritalama (GWAS). GWAS, genom taraması olarak adlandırılan çeşitli kompleks özelliklerle ilişkileri bulmak için tüm genomdaki genetik çeşitliliği inceleyen haritalama (Risch ve Merikangas, 1996) uygulamasıdır.

Fasulye genomunun seklanlaması (Schmutz vd., 2014) yüksek verimli ve etkin genotipleme (Hyten vd., 2010; Gujaria-Verma vd., 2016) gibi gelişmeler, GWAS'ı fasulyenin çeşitli kompleks özelliklerini genetik tabanlı belirleyebilme fırsatı sağlamıştır. Buna ek olarak, fasulye sahip olduğu bu geniş genetik çeşitlilik nedeniyle GWAS için değerli bir materyal olarak tanımlanmaktadır (Blair vd., 2009). Ek olarak, ilişkili haritalamada konvansiyonel QTL haritalamasından farklı olarak, bireyler arasında popülasyon yapısını ve akrabalıklarını dikkate almak önemlidir, çünkü popülasyonun saf olmamasından dolayı yanlış ilişkiler tespit edilebilmektedir (Oraguzie vd., 2007). Bu teknik, tarımsal özellikleri kontrol eden yeni genlerin tanımlanmasını mümkün kılacaktır (Korte ve Farlow, 2013).

2.4.3.5. Fasulyede Agronomik Özellikler İçin GWAS

Agarwal (2014), GWAS'ı 6k SNP çipi kullanarak çeşitli agronomik özelliklerle bağlantılı markörleri belirlemek için test etmiştir. Toplam altı genin tohum verimi ve olgunlaşma süresiyle ilişkili olduğu ve iki aday genin de olgunlukla ilişkili olduğunu saptamıştır. Tohum verimi ve olgunlaşma süresi ile ilişkili yedinci kromozom üzerindeki sc00853ln138233_81612_G_A_292173871 olarak adlandırılan önemli bir SNP markörü bulunmuştur. Kamfwa vd. (2015), GWAS'ı 237 fasulye genotip çeşidinde ve 5398 SNP markörü kullanarak çeşitli agronomik özellikleri belirlemek için test etmişler ve *Phvul.001G221100* markörünün çiçeklenme ve olgunlaşma günleri ile olan ilişkiyi yansıttığını bildirmişlerdir. Moghaddam vd. (2016), 150.000 SNP işaretleyicisini kullanarak tarımsal özellikler için GWAS analizi yapmış ve çiçeklenme günü, olgunlaşma süresi, büyüme şekli ve tohum ağırlığını kontrol eden aday genler bulmayı amaçlamışlardır.

Çok yakın bir zamanda, Ates vd. (2018), 20,766 SNP markörü kullanarak Türk fasulye genetik kaynaklarında çiçeklenme günü ile bağlantılı markörleri tanımlamak için GWAS analiz yapmışlar ve DF için bağlanmış SNP'lere homolojiyi temsil eden sekanslardan olduğu tahmin edilen 11 aday gen bulmuşlardır. Nascimento vd. (2018), çiçeklenme ile ilgili genomik bölgeleri tanımlamak için GWAS'ı test etmişler ve çeşitli çiçeklenme özellikleri için fasulyenin farklı kromozomlarındaki üç gen (*Phvul.007G229300* ve

Phvul.010G142900.1) tanımlamışlardır. Ayrıca çok yakın bir zamanda Resende vd. (2018) GWAS'ı fasulye içindeki bitki mimarisi, yatma ve üretkenlik ile bağlantılı markörleri tanımlamak için test etmişler ve bu 3 özellik için toplam 8 markör belirlemişlerdir. Galeano vd. (2012), BM143 ve BSn244_2 markörlerinin çeşitli agronomik özelliklerle ilişkili olduğunu saptamışlardır.



3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Bitki Materyali

Bu çalışmada, Türkiye'nin farklı coğrafi bölgelerindeki çiftçi tarlalarından toplanmış 5 adet çalı fasulye populasyonu ve 177 adet yerel fasulye populasyonu ile 6 ticari fasulye çeşidi materyal olarak kullanılmıştır. Proje kapsamında kullanılan fasulye popülasyonlarının toplandığı il, ilçe, köy, yükselti ve koordinat bilgileri Çizelge 3.1 ve Şekil 3.1'de verilmiştir. Toplanan fasulye genotipleri ile Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi'nde mini bir fasulye gen havuzu oluşturulmuş ve denemeler yürütülmüştür.



Şekil 3.1. Proje kapsamında kullanılan fasulye yerel popülasyonlarının toplandığı yerler

Çizelge 3.1. Proje kapsamında kullanılan fasulye yerel populasyonlarına ait pasaport bilgileri

Sıra No	Populasyon Adı	İl	İlçe	Köy	Yükseklik (m)	Koordinatlar
1	BN-1	Bingöl	Genç	Selvi Beldesi	964	38° 34319/40° 18917
2	BN-6	Bingöl	Ilıcalar	Merkez	1161	38° 58893/40° 40699
3	BN-7	Bingöl	Merkez	Alatepe	1154	39° 03502/40° 45401
4	BN-11	Bingöl	Merkez	Çobantaşı	1542	39° 04033/40° 48557
5	BN-16	Bingöl	Adaklı	Gökçeli	1335	39° 12738/40° 25142
6	BN-18	Bingöl	Kığı	Güneyağıl	1489	39° 17427/40° 20136
7	BN-25	Bingöl	Solhan	Kavaklıdere	1176	38° 55287/40° 56822
8	BN-33	Bingöl	Yedisu	Şen Mezrası	-	-
9	BN-36	Bingöl	Yedisu	Muz	-	-
10	BN-44	Bingöl	Yedisu	Kürdan	-	-
11	BN-45	Bingöl	Yedisu	Kürdan	-	-
12	BN-52	Bingöl	Yedisu	Eski Balta	-	-
13	BN-53	Bingöl	Yedisu	Eski Balta	-	-
14	BN-58	Bingöl	Yedisu	Kara Polat	-	-
15	BN-60	Bingöl	Yedisu	Döşengi	-	-
16	BN-61	Bingöl	Yedisu	Kara Polat	-	-
17	BN-63	Bingöl	Yedisu	Güzgülü	-	-
18	BN-65	Bingöl	Karlıova	Üçevler	-	-
19	HK-7	Hakkari	Merkez	Otluca	2054	37° 36246/43° 42370
20	HK-11	Hakkari	Merkez	Üzümcü	2097	37° 36332/43° 42526
21	HK-12	Hakkari	Merkez	Üzümcü	2097	37° 36332/43° 42526

22	HK-13	Hakkari	Merkez	Ağaçdibi	2097	37° 29370/43° 38184
23	HK-16	Hakkari	Merkez	Çimenli	1137	37° 29096/43° 37693
24	HK-20	Hakkari	Merkez	Üzümcü	1135	37° 29773/43° 34389
25	HK-23	Hakkari	Merkez	Taşbaşı	970	37° 23929/43° 29723
26	HK-28	Hakkari	Çukurca	Narlı	875	37° 16013/43° 35195
27	HK-31	Hakkari	Merkez	Bay	1832	37° 32687/43° 43333
28	HK-37	Hakkari	Merkez	Merzan	1993	37° 34095/43° 42308
29	HK-38	Hakkari	Merkez	Merzan	1993	37° 34095/43° 42308
30	HK-39	Hakkari	Merkez	Merzan	1993	37° 34095/43° 42308
31	HK-43	Hakkari	Merkez	Durankaya	1764	37° 33418/43° 37329
32	HK-44	Hakkari	Merkez	Durankaya	1764	37° 33418/43° 37329
33	HK-51	Hakkari	Merkez	Rezan	1601	37° 42104/43° 56276
34	HK-55	Hakkari	Yüksekova	Bağışlı	1811	37° 43279/44° 02206
35	HK-59*	Hakkari	Yüksekova	Armutdüzü	2090	37° 40771/43° 57535
36	HK-63	Hakkari	Yüksekova	Su Üstü	1955	37° 35208/43° 04488
37	HK-65	Hakkari	Yüksekova	Büyük Çiftlik	1955	37° 35208/43° 04488
38	HK-69	Hakkari	Yüksekova	Merkez	1915	37° 32928/44° 08427
39	HK-71	Hakkari	Şemdinli	Güzelkonak	1724	37° 25223/44° 29056
40	HK-76	Hakkari	Merkez	Üzümcü	1135	37° 29773/43° 34389
41	TK-83	Tokat	-	-	-	-
42	MAS-92	Kahramanmaraş	-	-	-	-
43	BT-5	Bitlis	Hizan	Merkez	1629	38° 13424/42° 21614
44	BT-14	Bitlis	Hizan	Akbıyık	1522	38° 11967/42° 20644
45	BT-16	Bitlis	Hizan	Yemişli	1638	38° 12806/42° 21679
46	BT-22	Bitlis	Hizan	Bahçelievler	1521	38° 12806/42° 21679

47	BT-25	Bitlis	Hizan	Kalkanlı	2004	38° 07704/42° 37670
48	BT-35	Bitlis	Hizan	Soğuksu	1365	38° 06783/42° 33292
49	BT-40	Bitlis	Hizan	Gayda	1271	38° 10051/42° 22985
50	BT-46	Bitlis	Tatvan	Yolalan	1645	38° 16080/42° 18559
51	BT-48	Bitlis	Merkez	Çınarbaşı	1710	38° 15861/42° 17972
52	BT-53	Bitlis	Merkez	Kuşlu	1615	38° 19739/42° 14841
53	BT-66	Bitlis	Mutki	Yumrumeşe	1459	38° 26765/41° 51660
54	BT-69	Bitlis	Mutki	Kavakbaşı	1303	38° 28884/41° 48924
55	BT-71	Bitlis	Mutki	Yenidoğan	1197	38° 29116/41° 47168
56	BT-79	Bitlis	Mutki	Eller	1423	38° 28878/41° 43845
57	BT-81	Bitlis	Güroymak	Yazlıkönak	1810	38° 30257/42° 07150
58	BT-90	Bitlis	Güroymak	Aşağıkolbaşı	1655	38° 32695/42° 06804
59	BT-94	Bitlis	Güroymak	Arpacık	1700	38° 30930/42° 05787
60	BT-97	Bitlis	Güroymak	Kuştaşı	2002	38° 29645/42° 04575
61	BT-103	Bitlis	Tatvan	Taşdemir	1828	38° 27451/42° 23777
62	BT-105	Bitlis	Tatvan	Çamaltı	1728	38° 27483/42° 26602
63	BT-111	Bitlis	Tatvan	Reşadiye	1689	38° 29404/42° 32232
64	BT-114	Bitlis	Merkez	Çınarbaşı	1459	38° 26765/42° 51660
65	BT-115	Bitlis	Mutki	Yumrumeşe	2002	38° 29645/42° 04575
66	BT-117	Bitlis	Merkez	Kuşlu	1615	38° 19739/42° 14841
67	BT-118	Bitlis	Tatvan	Kırkbulak	1752	38° 24726/42° 16166
68	BT-119	Bitlis	Hizan	Yemişli	1638	38° 12806/42° 21679
69	BT-120	Bitlis	Merkez	Yolalan	1543	38° 17889/42° 15891
70	BT-121	Bitlis	Mutki	Yumrumeşe	1459	38° 26765/41° 51660
71	BT-124	Bitlis	Güroymak	Yazlıkönak	1615	38° 19739/42° 14841

72	ML-3	Malatya	Doğanşehir	Erkenek Bel.	1388	37° 55785/37° 56501
73	ML-13	Malatya	Doğanşehir	Kurucaova Bel	1369	37° 59707/38° 01503
74	ML-14	Malatya	Doğanşehir	Savaklı	1364	38° 02576/37° 54593
75	ML-18	Malatya	Doğanşehir	Elmalı	1410	38° 03339/37° 44688
76	ML-25	Malatya	Doğanşehir	Çığlık	1235	38° 06477/37° 55440
77	ML-28	Malatya	Doğanşehir	Güroba	1459	38° 05052/37° 57494
78	ML-32	Malatya	Doğanşehir	Çömlekoba	1370	38° 05372/37° 56691
79	ML-33	Malatya	Doğanşehir	Polat Bel.	1270	38° 09447/37° 51215
80	ML-45	Malatya	Akçadağ	Ören	1158	38° 14905/37° 55605
81	ML-50	Malatya	Hekimhan	Çayevleri Mah.	1457	38° 48854/37° 54964
82	ML-51	Malatya	Yeşilyurt	Aşağıköy	1456	38° 09010/38° 18332
83	ML-52	Malatya	Doğanşehir	Merkez	1280	38° 06477/37° 55440
84	ML-59	Malatya	Doğanşehir	Kurucaova	1369	37° 59707/38° 01503
85	ML-71	Malatya	Doğanşehir	Güroba	1465	38° 05052/37° 57494
86	TN-1	Tunceli	Mazgirt	Merkez	1122	39° 00014/39° 34766
87	TN-5	Tunceli	Ovacık	Yeşilova	1289	39° 20037/39° 05286
88	TN-11	Tunceli	Pertek	Beydamı	-	-
89	VN-1	Van	Gürpınar	Merkez	1748	38° 19126/43° 22555
90	VN-11	Van	Çatak	Elmacı	1807	38° 04867/43° 04475
91	VN-13	Van	Çatak	Bilgi	1702	38° 05736/43° 15575
92	VN-17	Van	Çatak	Bilgi	1702	38° 05736/43° 15575
93	VN-19	Van	Çatak	Alacayar	1629	38° 01890/43° 08884
94	VN-25	Van	Çatak	Merkez	1502	38° 00451/43° 03619
95	VN-27	Van	Çatak	Merkez	1783	38° 00721/43° 04473
96	VN-29*	Van	Başkale	Albayrak	2072	38° 08452/44° 12332

97	VN-33	Van	Başkale	Çaldıran	2005	37° 47409/44° 07448
98	VN-36	Van	Başkale	Belliyurt	1876	37° 49064/44° 06905
99	VN-42	Van	Erciş	Merkez	1704	39° 01746/43° 21668
100	VN-47	Van	Erciş	Merkez	1689	39° 00036/43° 21362
101	VN-51	Van	Başkale	Barış	2244	38° 01147/43° 39146
102	VN-59	Van	Bahçesaray	Ünlüce	1702	38° 31128/42° 19587
103	VN-64	Van	Bahçesaray	Ünlüce	1702	38° 31128/42° 19587
104	VN-65	Van	Bahçesaray	Elmayaka	1705	38° 30546/42° 19126
105	VN-68	Van	Çatak	Elmacı	1807	38° 04867/43° 04475
106	EL-2	Elazig	Palu	Seydilli	877	38° 41578/39° 53162
107	EL-7	Elazig	Palu	Gömeçbağlar	956	38° 37887/39° 51625
108	EL-9	Elazig	Palu	Keklikdere	870	38° 36885/39° 49865
109	EL-10	Elazig	Palu	Baltaşı	919	38° 35361/39° 47344
110	EL-14	Elazig	Maden	Gezin	919	38° 35361/39° 47344
111	EL-16	Elazig	Maden	Kızıltepe	1291	38° 28865/39° 31155
112	EL-25	Elazig	Maden	Yıldızhan	1313	38° 21174/39° 22660
113	EL-27	Elazig	Sivrice	Başkaynak	1390	38° 22855/39° 22217
114	EL-29	Elazig	Sivrice	Elmasuyu	1364	38° 24728/39° 23341
115	EL-30	Elazig	Maden	Gezin	1350	38° 30760/39° 33182
116	EL-34	Elazig	Maden	Yeşilova	1503	38° 32905/39° 33695
117	EL-36	Elazig	Maden	Küçükova	1410	38° 32551/39° 32526
118	EL-39	Elazig	Maden	Gezin	1350	38° 30760/39° 33182
119	MŞ-1	MusMus	Malazgirt	Gülkuru	1607	39° 05869/42° 38738
120	MŞ-2	Mus	Bulanık	Güllüova	1550	39° 03619/42° 19105
121	MŞ-7	Mus	Bulanık	Güllüova	1550	39° 03619/42° 19105

122	MŞ-10	Mus	Bulanık	Balotu	1489	39° 06752/42° 08046
123	MŞ-15	Mus	Bulanık	Değirmensuyu	1514	39° 10268/42° 05099
124	MŞ-18	Mus	Korkut	Sazlıkbaşı	1293	39° 40424/41° 58975
125	MŞ-22	Mus	Hasköy	Merkez	1315	38° 38175/41° 46056
126	MŞ-27	Mus	Hasköy	Azıklı	1369	38° 38595/41° 44016
127	MŞ-28	Mus	Hasköy	Kültür	1278	38° 40889/41° 41773
128	MŞ-34	Mus	Merkez	Akpınar	1400	39° 10591/41° 30486
129	MŞ-39	Mus	Varto	Tepeköy	1280	39° 05383/41° 30168
130	MŞ-41	Mus	Varto	Tepeköy	1280	39° 05383/41° 30168
131	MŞ-42	Mus	Varto	Özenç	1468	39° 06895/41° 30281
132	MŞ-43	Mus	Varto	Taşçı	1577	39° 12636/41° 23917
133	MŞ-46	Mus	Bulanık	Güllüova	1550	39° 03619/42° 19105
134	MŞ-48	Mus	Bulanık	Güllüova	1550	39° 03619/42° 19105
135	MŞ-49	Mus	Bulanık	Güllüova	1550	39° 03619/42° 19105
136	MŞ-50	Mus	Bulanık	Balotu	1489	39° 06752/42° 08046
137	MŞ-51	Mus	Bulanık	Adıvar	1463	38° 13447/42° 10513
138	MŞ-52	Mus	Hasköy	Merkez	1350	38° 13447/42° 10513
139	MŞ-53	Mus	Hasköy	Azıklı	1369	38° 38595/41° 44016
140	SV-3	Sivas	Suşehri	Arpacı	1050	40° 957/38° 539
141	SV-4	Sivas	Suşehri	Günlüce	1050	40° 957/38° 539
142	SV-7	Sivas	Suşehri	Akşar	1050	40° 957/38° 539
143	SV-12	Sivas	Hafik	Yakaboyu	1350	39° 510/37° 230
144	SV-13	Sivas	Kangal	Akpınar	1540	39° 130/37° 240
145	SV-16	Sivas	Divriği	Arıkbaşı	1250	39° 240/38° 70
146	SV-17	Sivas	İmranlı	Başlıca	1650	39° 5248/38° 758

147	SV-18	Sivas	İmranlı	Gökdere	1650	39° 52'48"/38° 7'58"
148	SV-44	-	-	-	-	-
149	SV-62	-	-	-	-	-
150	SV-68	-	-	-	-	-
151	SV-69	Sivas	-	-	-	-
152	SV-70	Sivas	-	-	-	-
153	BLACK-1	Bilecik	Pazaryeri	Dereköy	786	39° 59'38"/29° 54'41"
154	BLACK-2	Bilecik	Pazaryeri	Günyurdu	805	40° 0'5.9"/29° 54'9"
155	BLACK-6	Bilecik	Pazaryeri	Dereköy	876	39° 59'38"/29° 54'41"
156	BLACK-7	Bilecik	Pazaryeri	Dereköy	876	39° 59'38"/29° 54'41"
157	BLACK-8*	Bilecik	Pazaryeri	Dereköy	876	39° 59'38"/29° 54'41"
158	BLACK-10	Bilecik	Pazaryeri	Dereköy	876	39° 59'38"/29° 54'41"
159	BLE-3	Balikesir	Manyas	Salur Mah.	29	40° 05'51"/27° 56'11"
160	BLE-4	Balikesir	Manyas	Akçaova Mah.	30	40° 07'16"/27° 51'18"
161	BLE-5	Balikesir	İvrindi	Ayaklı Köyü	404	39.516°/27.364°
162	BLE-6	Balikesir	İvrindi	Ayaklı Köyü	403	39.516°/27.364°
163	BLE-17	Balikesir	Sındırgı	Kürendere	1051	39.313°/28.571°
164	BLE-18	Balikesir	Sındırgı	Kürendere	1051	39.313°/28.571°
165	BLE-19	Balikesir	Sındırgı	Kürendere	1051	39.313°/28.571°
166	BLE-20	Balikesir	Sındırgı	Kürendere	1051	39.313°/28.571°
167	DZC-1	Duzce	Merkez	Derdin	859	40.711°/31.228°
168	DZC-9	Duzce	Merkez	Darıca Mah.	163	40° 49'18"/31° 10'26"
169	YLV-13	Yalova	Çiftlikköy	Kabaklı	125	40° 39'30"/29° 24'36"
170	YLV-20	Yalova	Çınarcık	Ortaburun	689	40° 37'04"/29° 09'00"
171	YLV-21	Yalova	Çınarcık	Ortaburun	688	40° 37'04"/29° 09'00"

172	ER-1	Erzincan	Refahiye	Merkez	1589	39° 544/38° 467
173	ER-3	Erzincan	Kemah	Gökkaya	1130	39° 3610/39° 28
174	ER-4	Erzincan	Kemaliye	Merkez	950	39° 1539/38° 2948
175	ER-5	Erzincan	Kemaliye	Akçalı	950	39° 1539/38° 2948
176	Bursa-1	Bursa	Yenişehir	Fethiye	335	40.289°/29.445°
177	Bursa-22	Bursa	Kestel	Aksu	360	40.169°/29.317°
178	Dermasyon	Nigde	-	-	-	-
179	Derinkiyu	Nigde	-	-	-	-
180	Civril-bolu	Bolu	Merkez	Doğancı Mah.	842	40° 40'45"/31° 33'30"
181	Bolu-Goynuik*	Bolu	Merkez	Doğancı Mah.	842	40° 40'45"/31° 33'30"
182	Moralaca*	Bolu	Merkez	Doğancı Mah.	842	40° 40'45"/31° 33'30"
183	Akman ^x					
184	Goynuik ^x					
185	Ksracesehir ^x					
186	Onceler ^x					
187	Goksun ^x					
188	Akdag ^x					

× Ticari çeşit, * sırtık fasulye yerel çeşiti - bilinmiyor

3.2. Denemenin Yürütüldüğü Lokasyonlar ve Lokasyonların İklim ve Toprak Koşulları

Proje kapsamında tarla çalışmaları iki farklı lokasyonda yürütülmüştür. Birinci deneme alanı, Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesine ait araştırma ve deneme alanı olup, deniz seviyesinden yaklaşık 754 m yükseklikte ve 31 ° 37 'enlem ve 40 ° 44' boylamda yer almaktadır. Deneme alanı toprağının tuzsuz (1.516 dS m⁻¹), pH'sı hafif alkali (7.59), kireç içeriği oldukça düşük (%0.63), tınlı bünyeli, organik madde içeriğinin az (%1.86) ve yarayışlı fosfor içeriğinin yüksek olduğu Sönmez vd. (2018) tarafından bildirilmiştir.

Bolu 2016 Temmuz ayı yağış miktarının 0.1 kg/m², ortalama temmuz ayı sıcaklığının ise 20.3 olduğu Çizelge .. 'da verilmiştir. 2017 yılı yağış miktarı son on altı yıllık ortalamaya göre nispeten daha yüksek olmakla beraber, 2017 Temmuz'unun yağış miktarının (1.6 kg/m²) bu ayın uzun yıllar ortalamasına göre (30.4 kg/m²) daha kurak geçtiğini göstermektedir. Ancak, 2018 yılına bakıldığında Temmuz ayındaki yağış miktarının 37.1 kg/m² olduğu ve bu ayın uzun yıllar ortalamasına göre daha yarayışlı olduğu görülmektedir (Çizelge 3.2).

İkinci deneme alanı, Sivas Cumhuriyet Üniversitesine bağlı Sivas Meslek Yüksekokulu Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü Araştırma ve Uygulama alanının (39° 42'31.39'lik K, 37° 01'13.15'lik) deniz seviyesinden yüksekliği 1271 m'dir. Bu uygulama alanının toprak özellikleri, pH'sı hafif alkali, organik madde içeriği yüksek, Siltli-killi-tın bünyeye sahip, kireç içeriği düşük (% 19.6), tuzluluk sorunu olmayan (% 0.03), toplam azot içeriği yeterli (% 0.089) ve yarayışlı fosfor içeriğinin düşük (34.0 kg/ha) olduğu belirlenmiştir. Sivas ekolojik koşulları 2017 ve 2018 yılları Temmuz ayı yağış miktarı göz önüne alındığında, yağış miktarının sırasıyla 26.4 mm ve 0.0 mm olduğu görülmektedir (Çizelge 3.2). Dolayısıyla, Sivas ekolojik koşulları için 2018 yılının 2017 yılına göre daha kurak geçtiğini söyleyebiliriz.

Çizelge 3.2. Denemenin yürütüldüğü yıllara ait Bolu ve Sivas lokasyonu iklim verileri

Lokasyon	Özellikler	Yıl	Nisan	Mayıs	Haziran	Temmuz	Agustos	Eylül	Ekim	
Sivas	Ortalama Sıcaklık	°C	2016	11,9	13,1	18,4	20,3	23	15,3	11,3
		2017	9,5	13,3	17,9	22,2	23,4	20,2	10,6	
		2018	12,0	15,0	19,0	22,1	21,8	19,5	12,4	
Bolu	Ortalama Sıcaklık	°C	2016	12,6	14,0	19,9	20,5	20,0	15,4	10,3
		2017	8,2	12,8	17,4	20,6	20,0	17,5	9,7	
		2018	12,4	15,5	18,2	19,8	20,5	16,2	12,3	
Sivas	Toplam Yağış	mm	2016	23,7	154,8	35,1	26,4	0,1	12,3	5,8
		2017	52,7	90,0	23,3	0,0	3,2	2,3	27,6	
		2018	2,6	79,7	35,6	4,0	0,0	9,8	17,5	
Bolu	Toplam Yağış	kg/m ²	2016	54,1	96,2	50,4	0,1	24,2	37,9	11,4
		2017	63,7	74,1	64,8	1,6	39,6	4,4	104,3	
		2018	18,7	99,8	111,2	37,1	26,3	29,0	47,3	
Sivas	Ortalama Nisbi Nem	%	2016	48,8	66	58,9	53,0	48,7	53,2	52,5
		2017	52,3	60,4	55,1	43,8	46,1	36,6	56,2	
		2018	44,9	62,5	56,6	48,9	50,8	45,7	54,6	
Bolu	Ortalama Nisbi Nem	%	2016	64,0	75,9	68,7	63,9	68,0	69,7	77,0
		2017	66,1	74,7	73,3	65,8	70,1	65,3	76,4	
		2018	63,3	76,4	73,1	71,2	68,7	74,4	80,4	

3.3. Tarla Denemesi ve Deneme Deseni

Proje başlangıcından önceki yetiştirme sezonunda (2015 yılı), tüm fasulye populasyonları tarla denemesine tabi tutulmuştur. Denemede tek bitki seleksiyonu ve kendileme yapılmıştır. Seçilen ve kendilenen tek bitkiler projenin ilk yılında (24 Nisan 2016) tohumların çoğaltması için Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesine ait araştırma ve deneme alanında yetiştirilmiştir. Tarla denemesi geniş gen kaynağı bulunduğu için Augmented deneme desenine göre dizayn edilmiş, her bir sıra 3 m uzunluğunda ve sıralar arası boşluk 70 cm olacak şekilde 8 blokta yürütülmüştür. Araştırmada, 6 ticari çeşit kontrol amaçlı olarak kullanılmıştır. Her bir sırada 25 tohum olacak

şekilde ekim yapılmıştır. Çıktılar gerçekleştiikten sonra, her bir sırada 15 bitki kalacak şekilde tekleme işlemi yapılmıştır. Hasat zamanı 10 bitki seçilerek bu bitkilerde agronomik ve tarımsal özellikler belirlenmiştir. Ayrıca bu bitkilerden elde edilen fasulye tanelerinde projede bahsedilen pişirme, kalite özellikleri ve besin elementi analizleri yapılmıştır. Projenin ikinci ve üçüncü yılında, fasulye tohumları Bolu’da 27 Nisan 2017 ve 15 Nisan 2018 tarihlerinde, Sivas’ta ise 15 Mayıs 2017 ve 16 Mayıs 2018 tarihlerinde ekilmiştir. Temel gübreleme olarak, ekim işleminin gerçekleştirildiği zaman tabana, 4 kg/da azot (%21’lik Amonyum Sülfat gübresi) ve 6 kg/da fosfor (%46’lık Diamonyum Fosfat-DAP) olacak şekilde, her bir parsel için tartım yapılarak ve elle serpilip tırmık yardımıyla toprağa karıştırılmak suretiyle gübreleme işlemi gerçekleştirilmiştir. Deneme süresince bölgeye özgü tarımsal işlemler standart olarak uygulanmıştır. Bolu ve Sivas lokasyonlarındaki denemelerle ilgili resimler Şekil 3.2 ve Şekil 3.3’de verilmiştir.



Şekil 3.2. Tarla deneme alanından görünüm (Bolu lokasyonu).

3.4. Agronomik Özelliklerin İncelenmesi

Fasulye yerel çeşitlerinin morfolojik ve agronomik özellikleri IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute) ve EU-CPVO (European Union Community Plant Variety Office) tarafından geliştirilen çeşit değerlendirme kriterlerine göre yapılmıştır. Çıkış süresi(gün), % 50 çıkış süresi(gün), ilk

çiçeklenme tarihi, % 50 çiçeklenme tarihi, ilk bakla oluşum tarihi, ilk bakla yüksekliği (cm), ana dal sayısı (adet), yan dal sayısı (adet), bitki boyu (cm), olgunlaşma süresi(gün), bitki ağırlığı (g), kök uzunluğu (cm), bitkide bakla sayısı (adet), bakla uzunluğu (cm), bakla genişliği (mm), tek bakla ağırlığı (g), bakladaki tohum sayısı (adet), tohum genişliği (mm), tohum uzunluğu (mm), tek tohum ağırlığı (g), bitki başına tohum sayısı (adet), toplam tohum ağırlığı (g) ve 100 tohum ağırlığı (g) gibi agronomik özellikler 2 lokasyon × 2 yıl (4 çevre) + Bolu beş farklı çevrede her hat için tesadüfen seçilen 10 bitkide yapılmıştır.



Şekil 3. 3. Tarla deneme alanından görünüm (Sivas lokasyonu)

3.5. Moleküler analizler

3.5.1. DNA Ekstraksiyonu

Denemeye konu olan fasulye populasyonlarından seçilmiş tek bitkilerde (2 haftalık dönemde) Genomik DNA analizi Baloch vd. (2016) tarafından modifiye edilmiş Doyle ve Doyle'nin (1990) CTAB protokolüne göre yapılmıştır.

DNA ekstraksiyonu aşağıdaki gibi gerçekleştirilmiştir;

- 100 mg taze ve genç yapraklar 2Ml eppendorf tüpe alınmıştır.
- Bitki dokularını sertleştirmek için sıvı azot ve öğütme için doku lizörü kullanılmıştır.
- Her numuneye 1 ml taze tampon ilave edilmiş ve 1 saat boyunca 65 °C'de inkübe edilmiştir.
- 1 saat bekletilen numuneler 5 dakika boyunca buz kalıbında soğutulmuş ve üzerine isoamil-Alcholo (24:1) eklenmiştir.
- Numuneler 30 dakika boyunca çalkalayıcıda yavaşça çalkalanmıştır.
- Çalkalayıcıdan alınan örnekler 10000 devir dk-1'de 30 dakika boyunca santrifüj edilmiştir.
- Bu işlem sonucunda Eppendorf tüpünde oluşan iki fazdan, üst fazdaki şeffaf beyaz renkli ekstrakt DNA içermekte iken aşağı fazdaki yaprak dokusunu içermektedir. Üst şeffaf faz dikkatlice alınarak 1.5 ml'lik yeni bir tüpe aktarılmıştır.
- Alınan üst faza aynı hacimde ve buzla soğutulmuş izopropanol ilave edilerek, tüpler 10 kez çok dikkatlice ters-düz işlemi yapılmıştır.
- Örnekler tekrar 20 dakika boyunca 10000 X G'de santrifüj edilmiştir.
- İkinci kez santrifüjlenen örneklerde DNA peletleri görünür hale gelmiş ve bunlar tüpün dibinde biriktiği görülmüştür. Bu DNA topaklarının tüplerde kalması için yoğun bir şekilde dikkatlice sıvı damlatılmıştır.
- Sadece DNA topakları içeren tüplere 1 ml % 70 etanol ilave edilerek, çok dikkatli bir şekilde 5 dakika boyunca el ile çalkalamış ve bu işlem DNA'yı diğer kimyasallardan temizlemek için 2 kez daha tekrarlanmıştır.
- Üsteki sıvı faz dikkatlice uzaklaştırılarak DNA topaklarının tüpün dibinde çökmesi sağlanmış ve örneklerin içindeki geri kalan etanolün buharlaşması için oda sıcaklığında numuneler bekletilmiştir.

3.5.2. DNA Konsantrasyonu

DNA konsantrasyonları % 0,8 agaroz jeli kullanılarak ölçülmüş ve NanoDrop (DeNovix DS-11 FX, ABD) ile ayrıca doğrulanmıştır. Çizelge 3.3’de çalışılan germplazma için stok DNA konsantrasyonu gösterilmektedir. Yüksek kaliteli DNA, 50 ng µl-1’lik bir nihai konsantrasyona kadar seyreltilmiştir. DNA örnekleri, sekansa bağlı genotipleme platformu kullanılarak DArTseq ve SNP analizleri için Avustralya’da Diversity Array Technology Pty, Ltd, (<http://www.diversityarrays.com/>) şirketine gönderilmiştir. Analiz sonucunda 14298 SNP ve 15616 DArTseq markör üretilmiştir.

Çizelge 3.3. Nanodropla hesaplanmış DNA’nın kalitesi ve konsantrasyonu

Sıra no	Genotip	DNA konsantrasyonu	260/280
1	BN-1	1157	1.83
2	BN-6	1085	1.85
3	BN-7	923	1.86
4	BN-11	6964	1.86
5	BN-16	1781	1.91
6	BN-18	1007	1.84
7	BN-25	1173	1.88
8	BN-33	804	1.79
9	BN-36	1854	1.85
10	BN-44	413	1.86
11	BN-45	522	1.83
12	BN-52	1776	1.82
13	BN-53	523	1.82
14	BN-58	1566	1.98
15	BN-60	1401	1.84
16	BN-61	1209	1.74
17	BN-63	209	1.79
18	BN-65	297	1.79
19	HK-7	992	1.64
20	HK-11	1565	1.9
21	HK-12	1534	1.9
22	HK-13	2013	1.79
23	HK-16	1711	1.89

24	HK-20	1280	1.9
25	HK-23	2595	1.85
26	HK-28	3128	1.87
27	HK-31	3634	1.91
28	HK-37	3956	1.8
29	HK-38	2170	1.87
30	HK-39	2039	1.83
31	HK-43	3447	1.81
32	HK-44	2103	1.84
33	HK-51	2713	1.89
34	HK-55	3342	1.85
35	HK-59*	1121	1.96
36	HK-63	2320	1.89
37	HK-65	3289	1.9
38	HK-69	3912	1.88
39	HK-71	3516	1.92
40	HK-76	1045	1.78
41	TK-83	2473	1.87
42	MAS-92	2126	1.88
43	BT-5	1773	1.85
44	BT-14	1777	1.82
45	BT-16	1506	1.76
46	BT-22	2773	1.89
47	BT-25	3261	1.83
48	BT-35	437	2
49	BT-40	4587	1.84
50	BT-46	4453	1.78
51	BT-48	1813	1.81
52	BT-53	3021	1.8
53	BT-66	2155	1.82
54	BT-69	150	2.05
55	BT-71	4715	1.7
56	BT-79	5298	1.72
57	BT-81	2615	1.77
58	BT-90	2130	1.86
59	BT-94	4128	1.76
60	BT-97	5323	1.72
61	BT-103	9395	1.63
62	BT-105	4808	1.7

63	BT-111	2668	1.85
64	BT-114	4980	1.72
65	BT-115	5412	1.74
66	BT-117	4672	1.87
67	BT-118	3531	1.75
68	BT-119	6312	1.74
69	BT-120	6389	1.74
70	BT-121	6810	1.68
71	BT-124	2864	1.88
72	ML-3	2249	2.19
73	ML-13	2008	1.93
74	ML-14	856	1.96
75	ML-18	2616	1.93
76	ML-25	1288	1.74
77	ML-28	1541	1.97
78	ML-32	1399	1.94
79	ML-33	689	1.93
80	ML-45	2099	1.97
81	ML-50	1627	1.97
82	ML-51	3823	1.89
83	ML-52	1478	1.91
84	ML-59	3111	1.87
85	ML-71	3012	1.86
86	TN-1	1893	1.89
87	TN-5	3263	1.62
88	TN-11	563	1.17
89	VN-1	6826	1.47
90	VN-11	2622	1.67
91	VN-13	304	1.68
92	VN-17	322	1.85
93	VN-19	9015	1.28
94	VN-25	264	1.79
95	VN-27	490	1.79
96	VN-29*	2817	1.96
97	VN-33	812	1.83
98	VN-36	8741	1.9
99	VN-42	8148	1.92
100	VN-47	1982	1.68
101	VN-51	4897	1.82

102	VN-59	4374	1.76
103	VN-64	1377	1.91
104	VN-65	2019	1.89
105	VN-68	6939	1.73
106	EL-2	2784	1.88
107	EL-7	1438	1.88
108	EL-9	2827	1.93
109	EL-10	6529	1.72
110	EL-14	2028	1.98
111	EL-16	2112	1.88
112	EL-25	3144	1.61
113	EL-27	1507	1.88
114	EL-29	169	2.12
115	EL-30	1139	1.91
116	EL-34	8504	1.93
117	EL-36	4281	1.86
118	EL-39	1290	1.92
119	MŞ-1	1844	1.93
120	MŞ-2	6952	1.85
121	MŞ-7	2056	1.99
122	MŞ-10	679	1.97
123	MŞ-15	758	1.94
124	MŞ-18	1086	1.9
125	MŞ-22	759	1.99
126	MŞ-27	3617	1.82
127	MŞ-28	2053	1.87
128	MŞ-34	2201	2
129	MŞ-39	2054	1.92
130	MŞ-41	918	1.94
131	MŞ-42	2917	1.94
132	MŞ-43	2709	1.45
133	MŞ-46	100	1.81
134	MŞ-48	146	1.95
135	MŞ-49	198	1.57
136	MŞ-50	2170	1.96
137	MŞ-51	414	1.85
138	MŞ-52	1930	1.92
139	MŞ-53	3854	1.9
140	SV-3	401	2.05

141	SV-4	405	1.76
142	SV-7	9532	1.92
143	SV-12	1747	1.93
144	SV-13	193	1.84
145	SV-16	191	1.61
146	SV-17	262	1.77
147	SV-18	199	1.72
148	SV-44	1006	1.83
149	SV-62	272	1.87
150	SV-68	1024	1.86
151	SV-69	103	1.68
152	SV-70	386	1.85
153	BLACK-1	531	1.79
154	BLACK-2	1187	1.85
155	BLACK-6	507	1.9
156	BLACK-7	458	1.83
157	BLACK-8*	1416	1.79
158	BLACK-10	194	1.78
159	BLE-3	275	1.86
160	BLE-4	852	2.29
161	BLE-5	1140	1.86
162	BLE-6	1603	1.88
163	BLE-17	1277	1.8
164	BLE-18	892	1.74
165	BLE-19	409	1.85
166	BLE-20	1585	1.88
167	DZC-1	320	1.92
168	DZC-9	456	1.98
169	YLV-13	1093	1.84
170	YLV-20	736	1.99
171	YLV-21	904	1.94
172	ER-1	1065	1.89
173	ER-3	1064	1.85
174	ER-4	1291	1.87
175	ER-5	304	1.9
176	Bursa-1	225	1.82
177	Bursa-22	589	1.87
178	Derstasyon	790	1.9
179	Derinkyu	459	1.97

180	Civril-bolu	406	1.97
181	Bolu-Goynuik*	321	1.89
182	Moralaca*	222	1.77
183	Akman×	1585	1.76
184	Goynuk×	876	1.73
185	Ksracesehir×	1548	1.78
186	Onceler×	787	1.8
187	Goksun×	1819	1.9
188	Akdag×	776	1.9

× Ticari çeşit, * sıvık fasulye yerel çeşiti - bilinmiyor

3.5.3. DArTseq ve SNP Analizleri

DArTseq, yeni nesil sekanslama platformlarında ortaya çıkan verilerin sıralanmasının birleşimini temsil eder (Elshire vd., 2011; Kilian vd., 2012) ve çeşitli aktif genlere (bitkilerde ilgilenilen çeşitlili özellikler ile ilişkili genler) karşılık gelen genom fraksiyonlarının seçimini kolaylaştırmaktadır (Li vd., 2015). Bu teknolojinin fasulye için optimizasyonu, seçilen genomun fraksiyonları ve verilerin büyüklüğü dikkate alınarak gerçekleştirilmiştir.

3.6. İstatistik Analiz

3.6.1. Agronomik Özelliklerin Analizi

İki farklı lokasyonla ilgili beş farklı çevreden (2016, 2017 ve 2018 Bolu, 2017 ve 2018 Sivas) elde edilen agronomik veriler analiz için öncelikle standart çeşitler ile kontrol edilmiştir. Bu çalışmada Augmented deneme desenine göre (Federer, 1956) dizayn edilmiş ve istatistiksel analizler Rathore vd.(2004) tarafından geliştirilen augmented blok dizayn çevrimiçi yazılım programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Analizler, iki adımda gerçekleştirilmiştir. İlk adımda, çevre içinde varyans analizi hesaplanmış ve düzeltilmiş veriler elde edilmiştir. Elde edilen veriler, hem çeşit düzeyinde hem de genotip × çevre etkileşimlerini ortaya çıkaracak şekilde analize tabi tutulmuştur. Varyans analizi yapılmadan önce, Fligner-Killeen testi ilk verilerin homojenliği kontrol edilmiştir. Fligner-Killeen testi, deneme hatalarından kaynaklanan standarttan

sapan verilerin standardizasyonunun yapılabilmesi için uygun bir yöntemdir. Karışık model denkleminde çevresel etkiler rasgele, genotipik etkiler ise Gomez ve Gomez (1984) 'in de önerdiği gibi sabit olarak kabul edilmiştir. Kalıtım analizi Habyarimana, (2016) tarafından önerilen varyans bileşenleri kullanılarak, genotip etkisi sabitlenip çevrenin rastgele etkisi ile hesaplanmıştır. R yazılımı bu analizleri yapmak için kullanılmıştır (R Core Team, 2013). Kantitatif özellikler, istatistiksel yazılım programı XLSTAT (www.xlstat.com) kullanılarak; korelasyonlar, biplot ve temel bileşen analizi (PCA) gibi farklı parametreler analiz edilmiştir.

3.6.2. Moleküler Markör (SNP ve DArTseq) Analizi

DArTseq ve SNP platformlarındaki tüm görüntüleri analiz etmek için DArTsoft v.7.4.7 (DArT P / L, Canberra, Avustralya) kullanılmıştır. DArTseq markörleri, Baloch vd. (2017) ve Brinez vd. (2012) tarafından tarif edilen her bir örneğin genomik sunumunda bir markörün varlığını veya yokluğunu gösteren ikili veri (1/0) olarak puanlanmıştır. DArTseq markörleri, Baloch vd. (2017) ve Brinez vd. (2012) tarafından tarif edilen her bir örneğin genomik sunumunda bir markörün varlığını veya yokluğunu gösteren ikili veri (1/0) olarak puanlanmıştır. Bilgilendirici markörleri değerlendirmek için, arama hızı, polimorfizm bilgisi içeriği (PIC) ve tekrarlanabilirlik gibi çeşitli parametreler, tarama amacıyla kullanılmıştır. PIC değerinin 0.3, tekrarlanabilirlik değerinin 1, arama hızı değerlerinin ise 0.9'dan düşük olduğu markörler yanlış çıkarımlardan kaçınmak amacıyla dikkate alınmadan analiz edilmiştir.

3.6.3. Genetik Çeşitlilik Popülasyon Yapı Analizleri

Fasulye popülasyonları ve ticari çeşitler arasındaki genetik mesafe, Euclidean genetik mesafe katsayıları kullanılarak belirlenen DArTseq ve SNP markörlerinden elde edilen paylaşılan alellerin oranına göre hesaplanmıştır. Bunun yanında, beklenen heterozigotluk (Hs), genel gen çeşitliliği (Ht) ve akrabalık katsayısı (Fis) gibi çeşitli indeksler, Goudet vd. (1996) ve Yang (1998)'in algoritmalarını takip eden hierfstat R paketi (R Core Team, 2013)

kullanılarak hesaplanmıştır. VanRaden (2008)'de açıklanan ilk yöntem izlenerek, çift taraflı akrabalık katsayıları genomik ilişki matrisinden (pairwise kinship coefficients) elde edilmiştir. Türk fasulye germplazmının genetik yapısını anlamak için, temel koordinat analizi (PCoA), UPGMA ve model tabanlı Bayesian kümeleme algoritmaları yapılmıştır. Ana koordinat analizi (PCoA), R yazılım programında gerçekleştirilmiştir. UPGMA dendogramları, fasulye populasyonları ve modern ticari çeşitler arasında çift yönlü genetik mesafeler kullanılarak oluşturulmuş ve elde edilen dendogram iTOL'de görselleştirilip düzenlenmiştir (<http://itol.embl.de/>; Letunic ve Bork, 2016). Seçilen fasulye populasyonlarının genetik yapısı, STRUCTURE yazılımında uygulanan Bayesian model tabanlı kümeleme kullanılarak analiz edilmiştir (Evanno vd., 2005). 1 ila 10 arasında değişen küme sayısı (K), karışım ve paylaşılan alel frekansları kullanılarak belirlenmiştir. Her K değeri için on bağımsız çalışma ayarlanmış ve her çalışma için, ilk yanma süresi, bireylerin kökeni hakkında önceden bir bilgi içermeyen 500.000 MCMC (Markov zinciri Monte Carlo) yinelemeleriyle 500 olarak belirlenmiştir. K'nin gerçek değeri, Structure Harvester (<http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>; Evanno vd., 2005) adresindeki çevrimiçi web sitesinde uygulanan ΔK değerine dayanarak en iyi K'yı (alt populasyonların sayısını) bulmak için oluşturulan geçici bir miktar ile ölçülmüştür.

3.6.4. GWAS analizi

İlişkilendirme haritalaması (AM) analizi, populasyonu ve aile yapısını düzeltmek için Kinship matrisi kullanılarak ağırlaştırılmış karma doğrusal model (Weighted Mixed Linear Model, WMLM) yaklaşımları kullanılmıştır. Akrabalık (kinship) matrisi, TASSEL 5.0.5'te uygulanan iniş yöntemiyle ölçeklendirilmiş kimlik kullanılarak tespit edilmiştir (Bradbury vd., 2007). Fenotipik verilerin mantıklı olup olmadığını kontrol etmek için Quantile-Quantile plot (q-q plot) çizilmiştir. Her bir özellik için ayrı ayrı kromozomlarla bağlantılı markörlerin dağılımını kontrol etmek için Manhattan grafikleri ayrı ayrı oluşturulmuştur. İlişkilendirme analiz sonuçlarında, p değeri (markör), bir işaretleyicinin özellik ile ilişkili olup olmadığını ve R^2 'nin (markör) anlamlı bir markör tarafından

hesaplanan fenotipik varyasyon oranını tanımladığını göstermiştir (Jin vd., 2011). LD, allel frekanslarına bağılı olarak D, r^2 veya ki-kare ile tüm DArTseq ve SNP belirteçleri için tahmin edilmiştir (Hill ve Robertson, 1968). Polimorfik bölgelerin çift LD değerleri, hem X hem de Y ekseninde çizilmiştir. Her hücre, önemli LD oluşumunu gösteren renk kodlarıyla iki markör bölgesi grubunun değerlendirmesini karakterize etmiştir. LD azalmasını hesaplamak için, önemli LD'de ($p < 0.001$) bağlantılı markörler arasındaki çift yönlü korelasyonlar kullanılmıştır. LD bozunumunun eşiği $r^2 = 0.1$ 'in altında kabul edilmiştir. Özellik belirleyici ilişkisi, TASSEL yazılımı (Bradbury vd., 2007) yardımı ile ağırlaştırılmış karma doğrusal model (WMLM) (Zhang vd., 2010) kullanılarak tahmin edilmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Fenotipik Özelliklerle İlgili Çeşitlilik

Türk fasulye gen kaynaklarının fenotipik varyasyonlarını belirlemek için beş farklı çevrede, iki farklı lokasyonda (Bolu ve Sivas) tarla denemeleri yürütülmüştür. Beş farklı çevrede yetiştirilen fasulye genotiplerinden elde edilen verilerin ortalamaları alınarak, ileride yapılacak çeşitli analizlerde kullanılmak üzere kayıt altına alınmıştır. Bu çalışmada, fasulye yerel genotipleri ve ticari çeşitleri ile Augmented deneme desenine uygun olarak yürütülen denemelerde, çıkış süresi (gün), çiçeklenme gün sayısı (gün), bakla bağlama gün sayısı (gün), ilk bakla yüksekliği (cm), ana dal sayısı (adet), yan dal sayısı (adet), olgunlaşma gün sayısı (gün), bitki boyu (cm), bakla uzunluğu (cm), bitkide bakla sayısı (adet), baklada tohum sayısı (adet), tohum boyu (mm), tohum eni (mm), tohum yüksekliği (mm), tane verimi (kg/da), 100 tane ağırlığı (g) gibi agromorfolojik özellikler incelenmiştir.

Çalışmada çıkış süresi dışındaki tüm özellikler ıslah amaçları için önemli düzeyde faydalı genotipik etkiler yansıtmıştır (Çizelge 4.1). $G \times E$ interaksiyonu, çıkış süresi, çiçeklenme gün sayısı, bitki başına bakla sayısı, ana dal sayısı ve 100 tane ağırlığı için $G \times E$ interaksiyonunun istatistiksel olarak önemli olmadığı saptanmıştır. Bu sonuç, bir çevrede yapılan seçimlerin diğer çevrelerde de yararlı biçimde kullanılabileceğini, çeşit geliştirme sürecini hızlandırabileceğini ve bu faaliyetle ilgili maliyetleri de azaltabileceğini göstermektedir. Bu çalışmadaki genotipik varyasyonlar ve $G \times E$ etkilerinin önceki çalışmalarla uyumlu olduğu belirlenmiştir. Örneğin, Pereira vd. (2017)'nin Brezilya'da fasulye üzerinde farklı çevrelerde yürüttükleri araştırmada, çeşitli verim parametreleri için $G \times E$ interaksiyonlarının istatistiksel olarak önemli olduğunu bulmuşlardır. Barili vd. (2015), Brezilya'da 40 yıl önce tescil edilmiş fasulye çeşitlerini kullanarak yapmış oldukları araştırmada, verim özelliği bakımında önemli farklılıklar bulmuşlar ve $G \times E$ etkileşimlerinin iyi anlaşılmasından sonra, yeni geliştirilen fasulye çeşitlerinin, eski ortamlara kıyasla çeşitli çevrelere daha fazla adapte olduğunu belirtmişlerdir. Bulgularımız daha önce yürütülen çeşitli araştırmalar ile benzerlik göstermektedir (Oliveira vd., 2006, Rocha vd., 2013; Okii vd., 2018).

Ali vd. (2006)'na göre kalıtım derecesi, belirli karakterler için seçim değerinin bir ölçüsü ve bunların aktarılabilirliğinin bir göstergesidir. Kalıtım derecesi analizi yapılmış olup bitki boyu (0.958) için yüksek kalıtım derecesi, bitki çıkış günü (0.052) için ise düşük kalıtım derecesi ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.2). Bitki boyu, tohum çapı, olgunlaşma süresi ve ilk bakla yüksekliği gibi özellikler diğerlerine göre oldukça kalıtsal bulunmuştur. Çok yıllık lokasyonlarda yüksek kalıtsal özellikler gösteren; olgunlaşma süresi, baklada tahum sayısı, bitki başı tohum sayısı ve 100 tane ağırlığı parametreleri çevre faktörlerinden az etkilenmiş olup Wondimu ve Bogale (2017)'in çalışması ile uyumlu bulunmuştur. Bulgular daha önceki çalışmalarla da desteklenmiştir (Scully vd., 1991, Okii vd., 2018).

Çizelge 4.1. Türk fasulye genotiplerinin farklı özellikleri için varyans analizi sonuçları

Özellikler	Varyasyon Kaynağı	F değerleri
Çıkış süresi	Genotipler	0,39
	G×E	0,26
Çiçeklenme gün sayısı	Genotipler	3,07 **
	G×E	1,34
İlk bakla yüksekliği	Genotipler	12,99 ****
	G×E	1,89 *
Ana dal sayısı	Genotipler	3,82 ***
	G×E	1,54
Yan dal sayısı	Genotipler	2,51 **
	G×E	2,47 **
Bitki boyu	Genotipler	10,07 ****
	G×E	0,90
Olgunlaşma süresi	Genotipler	17,63 ***
	G×E	189,9 ***
Bitkide bakla sayısı	Genotipler	3,79 ***
	G×E	1,71
Bakla uzunluğu	Genotipler	8,48 ****
	G×E	7,31 ****
Baklada tane sayısı	Genotipler	3,68 ***
	G×E	1,75 *
Tohum boyu	Genotipler	13,72 ****
	G×E	5,63 ****
Tohum eni	Genotipler	6,79 ****
	G×E	3,75 ***
Tohum yüksekliği	Genotipler	13,61 ****
	G×E	3,41 ***
Tane verimi	Genotipler	9,76 ****
	G×E	3,55 **
100 tane ağırlığı	Genotipler	8,42****

	G×E	0,93
--	-----	------

* P < 0.05 hata sınırları içinde önemli, **P < 0.01 hata sınırları içinde önemli ; *** P < 0.001 hata sınırları içinde önemli **** P < 0.0001 hata sınırları içinde önemli.

Çizelge 4.2. Türk fasulye gen kaynaklarında kalıtım derecesi analizi

Özellikler	varÇ	varG	h2
Çıkış süresi	0,678	0,012	0,052
Çiçeklenme gün sayısı	0,354	0,450	0,792
İlk bakla yüksekliği	0,207	0,751	0,916
Ana dal sayısı	0,525	0,426	0,709
Yan dal sayısı	0,801	0,154	0,365
Bitki boyu	0,105	0,808	0,959
Olgunlaşma süresi	0,102	0,849	0,943
Bitkide bakla sayısı	0,505	0,454	0,729
Bakla uzunluğu	0,165	0,451	0,891
Baklada tane sayısı	0,436	0,428	0,747
Tohum boyu	0,199	0,609	0,902
Tohum eni	0,105	0,554	0,940
Tohum yüksekliği	0,293	0,659	0,871
Tane verimi	0,373	0,559	0,818
100 tane ağırlığı	0,278	0,723	0,886

varÇ: çevresel varyasyon , varG: genotip varyasyon, h2: kalıtım derecesi

Araştırma kapsamında beş çevrede yetiştirilen Türk fasulye gen kaynaklarının bazı tarımsal özellikler bakımından elde edilen ortalama değerleri Çizelge 4.3'de, maksimum, minimum, ortalama değerleri ve standart sapma değerleri Çizelge 4.4'de gösterilmiştir. Çıkış gün sayısı değerleri incelendiğinde, 9,6 (VN-36) ile 14,7 gün (BN-36) arasında değişim gösterdiği, ortalama çıkış gün sayısının 12,53 gün olduğu belirlenmiştir. Çiçeklenme gün sayısı bakımından elde edilen veriler değerlendirildiğinde, ortalama çiçeklenme gün sayısı 60,76 gün iken, minimum ve maksimum çiçeklenme gün sayılarının MŞ-46 (51,2 gün) ve HK-51 (75,18 gün) genotiplerinden elde edildiği saptanmıştır. Çalışmada, bakla bağlama gün sayısı 62,00 (EL-30) – 95,33 (BN-118) gün arasında değişim gösterirken, ortalama bakla bağlama gün sayısı 76,84 gün olarak belirlenmiştir. Araştırmada, ilk bakla yüksekliği 6,3 (SV-

12) ile 94,7 cm (Moralaca) arasında deęiřim göstermiř ve ortalama ilk bakla ykseklięi 23,85 cm olarak bulunmuřtur. Ana dal sayısı bakımından veriler deęerlendirildięinde, en fazla ana dal sayısı HK-59 yerel eřidinden (8,19 adet), en dřk ise Mř-8 yerel eřidinden (1,58 adet) elde edilirken; ortalama ana dal sayısının ise 3,54 adet olduęu tespit edilmiřtir. Yan dal sayısı bakımından, BN-61 yerel eřidinin 0,68 adet, BN-63 yerel eřidinin ise 5,44 adet yan dal sayısına sahip olduęu, ortalama yan dal sayısının 2,87 adet olduęu belirlenmiřtir. alıřmada bitki boyu bakımında genotipler arasında nemli dzeyde farklılıkların olduęu, ortalama bitki boyu deęerinin 100,77 cm olduęu, en dřk ve en ysek bitki boyu deęerinin sırasıyla BN-58 (21,00 cm) ve VN-13 (168,75 cm) yerel fasulye genotiplerinden elde edildięi belirlenmiřtir. alıřmada olgunlařma sresi bakımından; Moralaca ve ML-25 genotipleri, sırasıyla 165,66 ve 98,66 gn ile en ge ve en erken olgunlařan yerel genotipler olarak belirlenmiřtir. Arařtırmadaki genotiplerin ortalama olgunlařma sresi ise 133,39 gn olarak saptanmıřtır. Genotiplerin bakla uzunluęu, 8,28 (EL-39) – 19,68 cm (HK-37) arasında geniř bir varyasyon göstermiř; genel ortalama ise 11,44 cm olarak llmřtir. Bitki bařına bakla sayısı ortalama deęeri 19,44 adet olup, 7,01 adet (HK-31) ve 42,69 adet (BT-120) arasında deęiřim göstermiřtir. Baklada tohum sayısı en dřk Van-29 genotipinde (1,74 adet) belirlenirken, en ysek BT-76 (8,24 adet) genotipinde tespit edilmiř ve ortalama baklada tohum sayısı 3,86 adet olarak saptanmıřtır. alıřmada ortalama tohum boyu 12,64 mm iken, en dřk tohum boyuna Karacařehir (7,41 mm) eřidinin, en ysek tohum boyuna ise Moralaca (22,93 mm) genotipinin sahip olduęu belirlenmiřtir. Karacařehir ve HK-59 yerel eřitlerinde llen maksimum ve minimum tohum eni sırasıyla 5,32 mm ve 14,03 mm olarak saptanmıřtır. alıřmada, ortalama tohum eni 7,21 mm olarak llmřtir. Ortalama tohum ykseklięinin 5,79 mm olduęu, en dřk (4,02 mm) ve en ysek (10,87 mm) tohum ykseklięi deęerlerinin sırasıyla VN-68 ve SV-13 yerel genotiplerinden elde edildięi belirlenmiřtir. Arařtırmada bitki bařına tane verim 5,88 (BT-69) -59,24 g (BT-76) arasında deęiřim göstermiř ve ortalama verim 22,15 g olarak belirlenmiřtir.

Moralaca ve ML-13 yerel fasulye genotiplerinde 100 tohum aęırlıęının (g) sırasıyla 158,36 g ve 24,97 g arasında deęiřim gösterdięi belirlenmiř ve genel ortalamanın ise 44,60 g olduęu saptanmıřtır. Arařtırmada incelenen yerel fasulye genotipleri arasında bazı bitkisel karakterler ynnden yksek oranda varyasyonlar

saptanmıştır. Bu çalışmadan elde edilen veriler daha önce yürütülen çeşitli araştırmalar ile paralellik göstermektedir (Rana vd., 2015, De La Fuente vd., 2013). Araştırmada kullanılan fasulye genotiplerinin ortalama 100 tohum ağırlığı (44,60 g) daha önce yürütülen araştırmalarda saptanan değerlerden yüksek bulunmuştur (Bozoğlu and Sozen, 2011, Yeken vd., 2018 a). Bu çalışmada 100 tane ağırlığının yüksek olması, daha önceki çalışmalara kıyasla çok fazla sayıda yerel fasulye genotipinin incelenmesinden ve daha yüksek tohum büyüklüğüne sahip yerel genotiplerin çalışmada yer almasından kaynaklandığı şeklinde yorumlanabilir. Çalışmada, fasulye genotiplerinin % 57,37'sinin tohum ağırlığı 40 g'ın üzerinde, % 42,62'si ise 25 g'ın altında veya 25-40 g arasında yer almıştır. Singh vd. (1991) tarafından yürütülen çalışmalarda belirtildiği üzere, 100 tohum ağırlıklarına göre incelenen fasulye genotiplerinin büyük oranda Orta Amerika ve Güney Amerika gen havuzuna ait oldukları fikri oluşmaktadır. Beş çevrede de 16 özelliğin tamamının frekans dağılımı hesaplanmıştır. Çıkış süresi (Şekil 4.1), çiçeklenme gün sayısı (Şekil 4.2), olgunlaşma süresi (Şekil 4.6), bakla uzunluğu (Şekil 4.8), bitkide bakla sayısı (Şekil 4.9), baklada tane sayısı (Şekil 4.10), tohum boyu (Şekil 4.11), tohum eni (Şekil 4.2), tohum yüksekliği (Şekil 4.13) ve tane verimi (Şekil 4.14) özellikleri olarak beş çevrede de normal frekans dağılımı görülmüştür. Birincil ve ikincil dallar için tüm çevrelerde normal frekans dağılımı görülmüştür. Bakla çıkış süresi olarak Bolu-2017 haricinde tüm çevrelerde normal frekans dağılımı görülmüştür. 100 tohum ağırlığı (Şekil 4.15) ise bu çevrelerde normal olmayan frekans dağılımı göstermiştir.

Çizelge 4.3. Beş çevrede yetiştirilen, Türk fasulye gen kaynaklarının bazı tarımsal özellikler bakımından ortalama değerleri

Genotip	ÇG	ÇGS	İBY	BGS	ADS	YDS	BB	OS	BBS	BU	BTS	TB	TE	TY	TV	100TA
BN-1	14,26	55,66	81,67	8,79	5,27	3,04	111,00	27,74	11,43	13,04	3,44	11,59	5,64	4,88	16,28	35,3
BN-6	11,49	60,33	85,33	13,48	4,28	2,14	126,67	80,07	8,81	22,41	2,58	10,18	6,95	4,15	8,32	40,74
BN-7	11,04	57	81,33	13,8	4,57	1,94	128,00	95,39	9,34	16,53	4,17	11,88	6,82	5,73	16,21	33,3
BN-11	11,26	58,66	82,00	14,44	3,71	1,68	136,00	71,5	10,16	16,5	4,14	12,02	6,58	4,76	22,2	34,39
BN-16	11,82	58,66	81,67	20,66	3,48	1,01	139,33	127,32	12,05	24,21	3,94	13,55	7,4	4,64	24,4	51,01
BN-18	11,04	64,33	95,33	38,73	2,91	1,91	137,00	139,22	10,74	16,38	5,91	10,58	8,34	6,58	36,41	56,93
BN-25	12,6	63,33	88,00	33,2	2,11	1,01	136,67	130,1	8,77	21,21	4,81	8,65	7,76	6,14	28,65	54,72
BN-33	10,71	56,66	83,67	11,23	4,37	2,81	124,33	35,47	10,67	9,38	2,96	15,33	6,64	5,9	13,78	66,33
BN-36	9,6	59	82,33	15,32	3,55	0,74	134,33	124,3	10,1	30,85	4,13	12,22	6,68	5,38	33,2	38,69
BN-44	13,71	56	79,67	10,58	3,96	1,94	118,33	31,9	10,49	15,85	2,99	14,65	6,69	5,57	20,97	61,05
BN-45	12,71	60,66	87,33	25,5	3,91	1,18	132,33	136,53	10,93	33,91	4,73	12,09	6,91	5,82	40,75	40,09
BN-52	12,38	59	82,33	14,37	4,08	1,81	126,67	104	8,46	41,85	4,42	8,48	5,53	5,34	30,98	50,17
BN-53	13,04	57	78,67	11,64	4,95	5,04	113,00	25,2	10,58	18,58	3,02	15,35	6,34	5,97	17,71	67,14
BN-58	12,15	57,33	76,67	9,79	4,51	4,91	113,33	21	9,98	15,45	2,85	14	6,59	5,57	12,82	43,93
BN-60	11,71	57	78,67	13,56	3,98	1,91	120,67	102,63	11,77	25,41	4,55	11,78	6,32	5,44	30,22	42,28
BN-61	11,71	59	79,33	11,87	3,13	0,68	115,33	105,2	9,25	22,75	4,86	10,22	6,09	5,22	20,84	28,91
BN-63	11,6	55	74,00	10,03	4,42	5,44	115,00	31,3	10,06	15,55	4,01	13,56	7,3	5,94	13,25	42,19
BN-65	11,82	55,66	75,00	11,84	4,28	4,21	111,00	41,2	10,66	15,21	2,64	14,49	6,5	5,58	17,5	57,59
HK-7	11,82	62,66	92,00	31,62	4,61	2,08	150,67	116	13,79	9,38	2,96	13,16	7,2	5,52	17,07	54,8
HK-11	11,71	63,66	88,33	31,7	2,8	1,48	151,33	122,43	12,74	34,28	4,83	10,85	5,51	4,73	41,99	29,78
HK-12	11,04	62,33	89,00	28,62	2,75	2,28	147,67	129,87	10,93	19,15	4,81	10,5	6,81	6,74	45,63	40,65

HK-13	10,71	67,33	86,33	33,97	3,38	1,74	152,33	123,6	12,56	38,75	3,27	14,07	7,21	7,09	36,72	38,92
HK-16	11,38	63,66	91,33	18,47	4,75	3,24	140,67	116,57	10,27	26,55	4,91	11,11	5,78	4,64	28,41	28,07
HK-20	13,65	62,18	87,00	25,12	3,08	2,44	138,33	101,95	9,02	18,84	3,19	11,99	7,15	6,29	14,37	38,76
HK-23	13,99	63,85	81,67	21,56	2,84	1,77	135,33	120,49	9,24	18,81	2,74	9,92	5,98	4,81	10,87	26,19
HK-28	13,32	63,52	83,00	43,92	1,98	2,27	156,00	121,78	9,94	13,54	4,64	14	8,05	6,38	17,25	61,6
HK-31	12,32	62,85	76,00	46,3	2,58	1,91	146,33	160,92	18,28	7,01	2,81	13,81	6,71	6,21	13,75	45,07
HK-37	13,32	67,52	76,33	24,58	2,65	1,81	127,00	127,19	19,68	12,68	6,61	13,5	6,59	5,11	28,76	37,45
HK-38	13,99	71,52	90,00	43,59	2,32	2,31	156,67	153,15	16,15	7,74	2,92	12,29	7,22	5,75	16,58	41,04
HK-39	13,32	58,52	82,33	18,19	3,82	1,84	120,33	91,39	12,24	14,51	2,71	16,16	8,77	4,94	22,09	54,46
HK-43	13,32	58,18	84,33	13,79	4,59	2,71	131,67	92,49	13,49	12,04	4,65	13,39	7,51	5,37	24,94	48,12
HK-44	12,99	59,18	82,33	14,23	4,52	2,91	135,33	103,02	10,94	15,99	4,26	11,04	7,13	5,72	22,07	37,17
HK-51	12,99	75,18	89,67	29,75	3,39	2,53	149,00	145,42	14,11	11,76	2,79	13,45	6,92	5,61	17,4	37,86
HK-55	13,32	64,18	93,33	35,65	4,29	3,07	153,00	131,42	11,51	22,04	4,95	12,15	7,29	4,71	12,54	30,59
HK-59	13,32	56,85	82,67	44,12	8,19	3,41	155,00	155,02	12,21	11,94	2	18,93	14,03	8,7	29,55	137,33
HK-63	12,99	62,18	94,00	18,28	3,71	2,24	137,67	117,65	11,71	18,34	3,65	10,72	5,83	4,24	10,18	34,92
HK-65	12,99	58,52	84,33	15,96	3,75	1,97	137,67	107,95	11,08	19,68	3,47	12,31	7,15	5,02	21,59	32,62
HK-69	12,99	59,18	85,00	22,63	3,39	2,19	138,00	137,65	10,33	25,44	4,51	11,73	7,17	4,9	27,89	30,92
HK-71	13,21	64,18	89,67	35,12	2,92	2,11	145,00	138,99	12,28	19,28	5,9	11,52	8,76	6,41	36,28	44,01
HK-76	13,21	62,85	88,00	33,36	3,99	2,87	145,33	111,09	10,65	17,21	4,88	11,83	7,21	5,73	24,05	38,62
TK-83	13,54	61,85	82,33	14,09	4,32	3,44	126,33	44,42	14,79	9,18	3,07	15,73	8,44	7,9	17,32	51,78
MAS-92	13,21	55,85	78,00	10,83	3,89	4,81	101,33	36,75	9,17	12,81	3,5	12,71	7,09	5,87	9,83	48,21
BT-5	13,76	64,85	87,67	34,95	2,09	2,64	145,33	134,55	12,2	15,58	5,87	12,12	9,49	6,53	41,06	46,57
BT-14	12,76	61,18	84,33	16,12	4	2,87	136,00	134,65	10,03	29,98	5	12,94	7,43	5,27	19,62	42,13
BT-16	13,1	58,52	78,00	12,86	4,48	5,34	110,33	34,85	11,49	7,74	3,27	15,25	6,98	5,83	8,58	47,98
BT-22	13,43	61,85	85,67	26,52	3,1	1,91	139,33	127,72	12,47	17,44	4,58	11,97	7,83	6,28	39,78	55,96

BT-25	13,1	56,52	82,67	14,57	3,82	2,91	131,33	143,65	10,68	18,48	4,37	11,88	6,93	4,83	20,21	33,75
BT-35	12,4	70,35	92,33	36,95	2,61	2,48	143,67	129,82	10,83	17,24	3,26	8,21	5,88	5,44	9,3	26,38
BT-40	11,74	63,02	85,00	23,96	2,78	2,04	142,00	130,75	10,5	23,49	4,45	11,07	7,27	6,3	34,7	43,74
BT-46	12,07	59,02	79,33	15,4	3,19	1,74	119,00	51,98	10,06	23,29	3,8	12,99	6,33	5,17	21,3	36,81
BT-48	11,74	55,69	77,67	10,33	4,01	4,18	118,00	38,15	9,48	11,95	1,77	15,96	6,28	5,87	10,61	44,21
BT-53	11,74	57,02	81,00	16,04	4,3	4,58	127,00	38,82	10,07	14,89	2,84	14,43	6,58	5,48	14,29	54,44
BT-66	13,07	57,69	78,33	25,65	2,16	1,38	134,67	137,88	9,66	23,89	3,5	10,86	8,44	6,36	24,24	38,45
BT-69	12,07	56,69	77,33	12,26	3,6	3,54	127,67	48,38	9,92	18,34	3,31	11,7	6,76	4,6	5,88	51,46
BT-71	11,29	60,69	81,33	13	3,41	2,21	126,00	128,22	11,78	24,86	3,87	12,64	6,46	4,39	26,34	46,24
BT-79	11,96	54,69	80,67	11	3,16	1,88	116,67	105,42	9,98	16,63	3,43	12,66	6,71	5,38	14,72	32,92
BT-81	12,29	64,02	93,00	34,57	2,63	2,28	125,33	150,68	14,35	29,59	4,84	16,08	6,96	6,03	35,5	42
BT-90	11,29	63,02	83,67	24,53	3,26	2,94	121,00	116,92	9,72	37,52	4,61	10,05	6,44	4,56	16,47	33,68
BT-94	11,29	61,02	81,67	12,56	3,53	1,34	114,00	117,18	8,63	13,39	3,97	12,07	7,39	5,78	12,59	39,96
BT-97	11,29	61,69	80,33	20,33	3,76	2,38	135,33	124,08	13,63	19,29	3,07	12,87	6,87	4,9	26,64	43,09
BT-103	11,62	69,35	91,67	42,41	3,26	2,78	135,67	141,88	13,93	16,63	4,29	11,73	5,41	5,58	16,69	33,57
BT-105	12,29	60,35	83,33	28,92	2,63	1,84	135,33	134,68	9,49	20,83	4,31	10,73	7,48	6,34	20,77	41,87
BT-111	12,62	61,69	85,00	26,46	1,94	1,94	139,33	126,68	10,7	20,23	4,21	10,62	7,81	6,19	31,73	41,18
BT-114	11,29	64,35	83,67	24,36	2,81	2,34	149,33	130,22	10,78	30,63	4,55	11,02	6,15	5,9	23,45	45,58
BT-115	11,29	61,69	81,67	12,3	4,3	3,48	136,33	99,35	9,61	28,89	4,97	11,37	6,59	5,19	30,6	34,28
BT-117	11,62	63,35	84,00	27,87	2,88	3,11	134,67	115,28	10,44	30,56	4,41	12,21	7,08	6,2	30,54	37,49
BT-118	11,51	62,35	82,33	9,12	4,13	2,54	144,33	114,98	8,85	24,83	3,97	12,19	6,48	5,53	28,81	33,79
BT-119	11,18	63,35	82,67	27,49	3,7	1,94	151,67	139,22	12,95	24,43	4,74	12,63	5,88	4,1	34,38	39,03
BT-120	11,18	60,35	80,33	19,96	4,26	2,54	144,33	104,65	9,97	42,69	5,01	10,17	5,86	4,42	37,4	31,86
BT-121	12,18	64,02	76,00	36,99	3,31	2,28	149,67	133,75	10,94	23,86	4,44	12,46	7,49	6,26	28,28	46,09
BT-124	12,18	60,92	73,33	38,86	1,84	2,47	150,00	125,28	10,68	17,13	5,17	12,32	8,72	6,42	28,26	39,14

ML-3	12,18	68,92	79,00	22,9	2,9	3	148,67	144,38	17,72	14,06	4,07	12,97	6,96	5,75	18,04	51,72
ML-13	10,85	61,92	74,33	17,22	3,83	2,54	149,00	127,38	9,2	21,59	3,67	10,62	5,75	5,2	14,78	24,97
ML-14	10,83	58,26	74,67	19,89	3,27	2,67	144,33	140,12	10,91	17,36	4,1	12,01	6,89	5,22	14,23	34,98
ML-18	10,75	67,59	86,33	62,13	2,87	2,8	153,67	153,55	11,55	19,07	4,82	11,59	9,73	9,68	43,64	44,81
ML-25	11,74	54,26	72,33	11	4,34	5,14	98,67	31,65	12,71	11,73	4,04	14,49	5,66	5,05	7,5	32,13
ML-28	11,4	64,92	74,67	50,15	2	2,6	130,00	152,45	14,96	14,63	4,82	12,62	8,72	7,02	24,1	38,12
ML-32	11,29	70,26	81,00	35,86	2,14	3,1	154,00	157,48	8,48	14,83	4,08	12,42	7,06	5,8	28,29	38,53
ML-33	10,63	60,26	68,00	11,39	4,27	3,97	150,67	108,42	9,61	32,46	4,44	9,71	6,16	5,47	35,4	38,63
ML-45	10,96	67,92	79,00	32,76	2,99	2,17	141,00	138,42	17,78	15,83	5,67	13,96	6,18	5,19	23,53	35,56
ML-50	11,51	64,92	78,33	28,1	3,97	2,84	143,67	140,15	13,78	20,83	5,94	13,64	7,7	5,85	20,49	42,55
ML-51	11,51	65,26	81,33	50,88	3,57	3,57	146,00	134,72	11,91	24,73	3,44	12,92	7,25	5,84	23,73	37,36
ML-52	11,85	59,92	72,67	45,86	3,2	2,5	152,00	139,68	11,58	18,26	4,6	12,22	8,41	6,57	27,25	45,98
ML-59	10,18	55,59	65,00	10,26	4,47	5,04	124,67	38,88	12,85	15,66	4,04	11,23	5,43	4,17	10,08	33,33
ML-71	10,85	62,26	74,00	39,79	2,83	3	156,33	151,08	11,27	22,79	4,27	11,57	8,24	6,63	28,2	39,32
TN-1	11,51	67,26	77,00	51,33	2,42	3,52	160,67	150,84	9,9	15,41	4,5	11,93	8,04	6,44	26,81	42,56
TN-5	10,85	61,59	82,67	23,12	2,77	2,05	147,00	126,98	12,17	20,36	3,74	14,48	8,65	6,86	26,39	46,04
TN-11	10,85	63,92	72,00	21,96	3,12	2,24	136,67	155,62	11,42	18,33	3,97	12,42	7,56	7,11	22,42	44,25
VN-1	11,51	66,26	75,00	24,93	2,32	1,59	143,67	156,18	17,45	17,23	6,37	12,16	5,92	4,74	29,87	31,65
VN-11	11,18	68,26	79,00	52,28	3	3,1	146,00	123,62	16,53	14,53	5,09	14,03	7,07	5,51	18,53	49,4
VN-13	10,51	71,26	82,00	61,09	3,1	2,74	141,33	168,75	15,72	21,96	5,86	12,22	6,21	4,72	32,63	29,63
VN-17	11,51	67,92	78,00	41,36	3,28	2,9	155,00	150,98	11,25	25,16	5,27	11,25	8,87	6,28	46,41	41,45
VN-19	11,51	68,59	77,00	32,62	3,4	2,47	144,00	145,65	14,09	23,46	3,77	10,94	7,09	6,2	17,63	37,24
VN-25	10,63	62,92	70,67	12,39	4,44	5,2	136,00	109,02	14,35	19,76	3,59	14,96	8,03	5,73	33,45	57,44
VN-27	11,37	61,91	81,00	15,18	4,34	3,19	146,67	94,34	12,27	15,74	2,24	14,14	7,74	4,98	22,31	51,24
VN-29	11,26	57,24	69,33	37,35	1,83	1,56	155,67	121,5	11,98	37,44	1,74	17,21	12,66	7,21	38,38	101,23

VN-33	11,59	68,91	79,33	37,3	1,96	1,93	144,33	116,44	12,68	16,74	4,47	12,76	6,11	4,6	26,44	38,82
VN-36	14,7	64,24	72,67	19,74	4,1	3,03	151,00	114,47	12,85	22,04	2,42	14,71	8,04	4,55	30,65	52,36
VN-42	14,15	64,91	76,67	24,14	4,93	3,33	116,00	130,9	13,25	28,71	3,43	15,26	7,98	5,17	45,66	47,47
VN-47	14,37	55,24	66,67	12,89	4	4,43	109,33	48,87	10,22	14,68	3,34	13,43	6,14	5,49	13,88	43,65
VN-51	13,7	67,24	77,33	32,8	4,58	3,19	119,33	122,94	12,82	27,64	4,17	12,15	6,29	4,76	29,39	28,91
VN-59	14,37	62,24	72,67	41,14	2,14	2,66	155,33	134,6	10,6	19,44	3,42	11,19	8,02	6,63	26,2	53,85
VN-64	14,15	57,58	67,67	13,48	4,11	4,73	111,33	30,27	11,31	12,18	2,53	14,59	6,64	5,95	15,63	54,92
VN-65	13,7	63,24	72,67	28,17	3,55	2,53	134,67	127,2	12,86	18,01	2	16,36	8,74	5,29	19,06	59,16
VN-68	13,37	66,24	83,33	35,18	3,04	3,13	136,67	136,57	14,96	24,01	3,04	11,76	6,32	4,02	20,76	36,01
EL-2	13,37	64,58	74,67	16,38	3,7	2,69	143,00	112,84	13,64	25,61	3,21	13,13	6,97	5,02	38,26	44,75
EL-7	13,7	56,24	76,00	8,44	4,53	4,29	110,67	31,4	11,22	14,54	2,9	12	5,82	4,9	17,35	30,46
EL-9	12,7	54,91	73,00	8,11	4,13	3,89	112,67	30,1	11,49	13,78	3,4	12,01	5,36	5,06	12,22	33,71
EL-10	13,81	54,91	64,00	9,54	4,03	2,99	108,33	27,8	11,53	12,08	2,5	14,16	6,14	5,27	10,62	41,79
EL-14	14,48	66,91	79,00	35,85	3,27	3,06	151,00	118,7	12,75	19,44	3,07	11,84	7,7	6,51	31,15	44,54
EL-16	12,7	54,91	62,67	9,13	4,57	2,73	119,00	24,1	12,18	14,28	3,64	12,3	5,99	5,06	13,7	37,41
EL-25	13,03	60,24	70,33	15,74	3,87	3,16	124,33	126,67	11,27	41,58	4,2	10,11	5,7	4,76	42,68	30,2
EL-27	12,7	57,58	67,33	8,31	4,18	3,03	116,33	30,3	11,82	13,21	4	11,76	5,61	4,83	10,16	32,94
EL-29	13,26	60,91	70,67	11,24	4,27	2,59	122,67	117	10,42	19,01	4,48	10,63	5,57	4,94	21,77	31,23
EL-30	13,15	56,91	62,00	10,02	4,71	4,46	119,67	36,5	11,34	16,81	3,37	13,65	6,28	5,5	17,1	40,7
EL-34	12,81	55,91	78,33	7,17	4,53	4,23	111,00	29,07	11,19	14,28	3,2	12,25	5,97	4,89	12,98	37,96
EL-36	12,7	67,58	78,33	27,34	3,52	2,53	148,67	134,37	11,57	23,44	3,24	11,01	7,42	6,87	25,91	43,59
EL-39	12,99	62,2	86,67	19,18	3,58	2,93	153,00	105,55	8,28	26,98	4,21	11,63	6,64	4,45	22,22	32,06
MŞ-1	13,66	61,87	74,33	19,48	3,92	3,06	133,67	114,75	12,54	27,52	5,32	11,57	7,58	4,93	29,96	33,16
MŞ-2	13,66	61,2	70,33	21,39	3,46	2,43	123,00	116,39	10,86	20,92	2,78	16,3	7,81	6,56	19,42	57,59
MŞ-7	11,77	59,2	69,33	11,9	3,56	3,2	122,33	116,22	10,42	21,72	4,01	12,91	7,03	4,93	22,39	36,38

MŞ-10	13,77	60,87	69,67	12,01	3,72	2,26	126,67	96,55	11,3	21,38	3,28	12,42	7,47	5,52	18,55	40,38
MŞ-15	12,66	54,54	64,67	8,12	3,14	2,5	129,00	95,79	11,49	20,55	3,78	10,79	7,56	6,46	19,14	36,34
MŞ-18	13,33	61,2	71,67	33,74	1,58	2,13	139,33	131,35	11,72	19,58	4,85	11,22	8,73	5,93	34,32	45,55
MŞ-22	13,99	64,87	76,33	46,05	2,39	2,76	150,00	147,82	11,91	18,15	2,95	13,9	8,5	6,48	26,13	53,23
MŞ-27	13,99	62,54	71,67	23,62	1,82	1,7	154,00	140,65	10,19	21,32	4,25	11,92	8,32	6,72	25,58	43,23
MŞ-28	14,33	62,54	71,33	10,61	4,39	5,43	133,33	43,05	9,36	17,12	3,01	10,48	7,07	6,14	12,81	33,99
MŞ-34	13,66	60,2	72,00	68,85	3,55	2,66	152,33	158,29	13,12	20,55	4,51	11,19	7,48	6,72	25,68	37,36
MŞ-39	13,66	60,87	70,67	22,88	3,05	2,3	136,67	139,22	9,78	31,43	4,71	10,83	6,54	5,16	28,65	30,22
MŞ-41	13,22	60,87	69,33	28,26	4,09	3,46	140,33	128,15	12,34	18,12	2,51	15,9	7,89	5,36	17,43	53,59
MŞ-42	13,55	56,54	66,33	31,27	3,55	2,6	150,00	154,79	13,15	14,05	2,85	12,14	6,88	5,5	19,75	40,75
MŞ-43	13,55	58,87	70,67	31,51	2,6	2,33	137,33	132,85	12,74	25,92	4,24	12,77	6,79	5,41	28,85	38,9
MŞ-46	12,88	51,2	67,00	23,88	3,15	2,9	131,00	136,69	9,64	27,22	3,77	12,34	9,02	6,5	20,15	40,85
MŞ-48	13,44	63,2	70,00	30,61	2,8	2,66	130,00	117,45	12,63	19,18	4,88	11,81	7,49	5,84	30,58	36,05
MŞ-49	13,44	52,54	67,00	31,46	3,89	2,8	118,33	112,72	8,81	17,95	4,35	10,69	6,55	5,29	14,51	30,13
MŞ-50	12,77	56,2	68,33	12,67	3,33	2,26	122,00	112,15	8,44	20,82	5,17	11,4	6,88	5,11	20,19	29,3
MŞ-51	13,77	58,54	67,33	12,21	4,69	4,3	106,00	100,82	14,75	12,38	3,96	15,86	5,8	5,67	12,55	34,96
MŞ-52	13,66	62,54	74,00	30,85	3,59	2,96	145,33	140,02	9,88	21,18	4,15	11,16	7,57	6,76	26,03	44,8
MŞ-53	13,33	53,87	71,67	19,7	2,16	1,9	143,67	139,62	9,85	15,32	3,61	12,55	8,73	6,85	19,94	45,82
SV-3	13,66	56,87	64,67	9,01	4,59	5,23	113,33	32,79	10,86	16,08	3,95	13,5	7,97	6,68	9,81	43,33
SV-4	14,66	58,87	69,00	15,15	4,55	4,16	108,67	31,59	11,64	14,85	3,25	11,85	6,81	6,33	12,15	41,48
SV-7	14,17	56,18	68,33	10,79	4,95	3,31	124,00	22,76	9,44	9,91	3,09	13,71	7,65	6,74	10,71	44,95
SV-12	12,84	59,51	76,33	6,36	4,61	4,07	130,67	37,33	9,37	21,54	2,96	10,6	7,28	5,82	13,41	30,92
SV-13	12,84	61,18	69,67	10,33	3,7	3,61	120,67	40,86	9,15	12,07	3,16	10,57	6,69	10,87	11,78	38,47
SV-16	12,84	56,84	69,33	9,94	4,14	2,83	118,33	36,19	11,21	14,9	3,09	10,84	5,84	6,26	7,59	35,26
SV-17	13,17	55,51	66,33	9,14	4,33	2,22	113,33	30,76	12,73	14	2,88	15,42	7,28	6,17	13,27	49,3

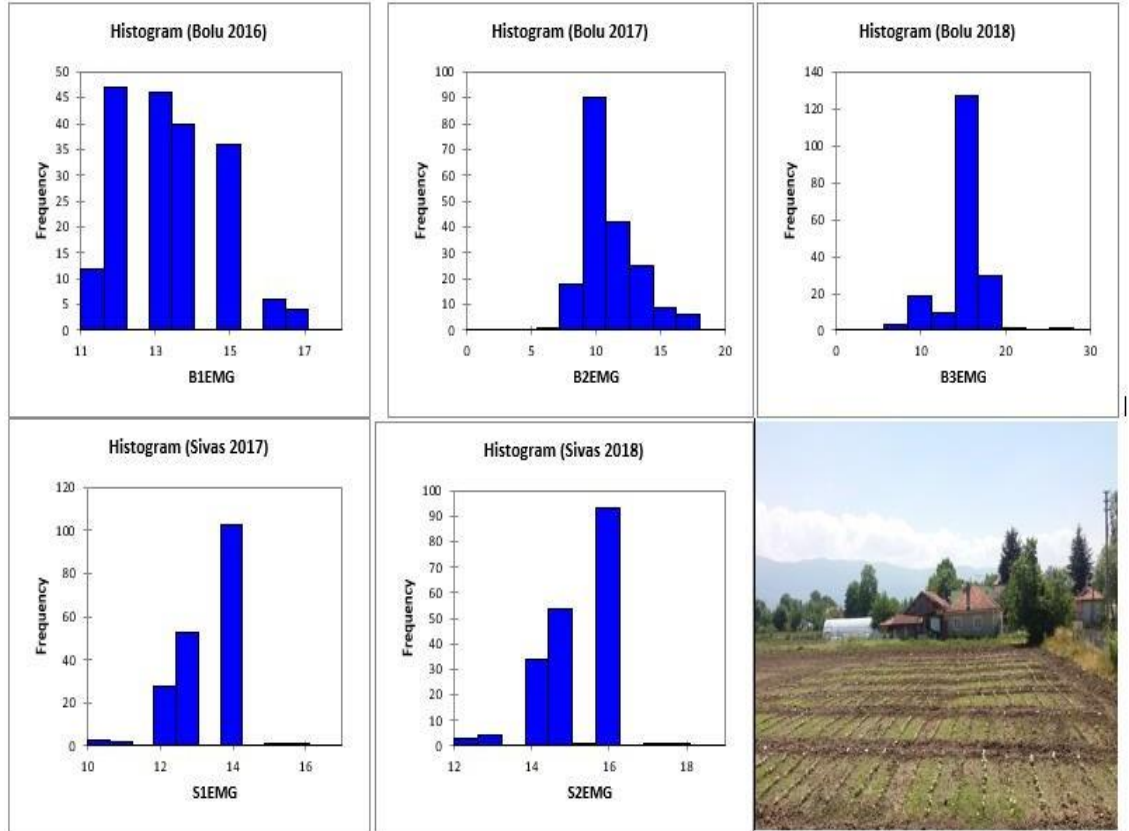
SV-18	13,17	59,18	69,33	13,69	2,71	2,14	129,67	52,1	12,94	16,04	2,33	15,73	8,16	6,46	20,17	59,09
SV-44	13,17	55,84	66,67	9,3	4,75	3,87	141,00	37,6	9,95	16,74	2,46	12,55	7,9	7,43	14,23	38,66
SV-62	12,5	55,84	69,33	8,03	5,08	2,71	107,67	33,53	11,46	13,77	1,89	14,17	7,27	6,52	12,17	51,98
SV-68	13,5	55,84	67,00	16,47	3,31	1,44	107,67	27,53	10,47	12,21	3,89	9,35	5,66	6,12	9,56	31,66
SV-69	12,84	55,51	68,67	10,05	4,11	2,21	107,67	29,1	11,61	9,87	2,76	13,93	7,29	6,43	12,54	49,1
SV-70	12,84	54,51	64,00	8,69	4,81	3,34	134,00	37,7	8,53	19,11	3,13	11,28	7,12	6,66	10,87	42,17
BLACK-1	13,5	66,84	73,33	62,7	2,8	2,04	132,67	118,66	9,5	20,54	5,03	8,71	7,39	6,25	28,6	30,39
BLACK-2	12,84	59,51	71,33	12,83	3,41	2,17	130,67	120,56	10,81	25,34	3,39	12,82	6,06	5,24	22,92	30,84
BLACK-6	13,5	60,84	73,33	46,27	2,33	2,14	125,00	125,5	9,87	34,67	5,29	10,68	7,95	6,87	38,47	40,57
BLACK-7	13,17	55,84	65,67	15,3	3,71	2,14	121,67	111,5	10,11	18,37	2,79	14,61	6,63	5,94	12,62	49,16
BLACK-8	13,17	57,18	69,67	26,33	1,98	1,07	150,67	123,6	11,6	22,87	1,76	17,88	11,92	8,64	40,56	115,86
BLACK-10	13,84	63,84	75,67	68,43	3,2	2,17	154,67	128,93	11,62	25,21	4,83	11,43	8,88	6,47	52,67	44,56
BLE-3	12,84	55,18	67,00	13,85	4,08	3,97	107,33	29,43	9,49	11,74	3,89	11,38	7,15	5,94	7,64	33,53
BLE-4	12,17	56,18	66,33	9,63	4,38	4,07	111,67	21,36	11,15	12,97	3,46	13,84	6,36	5,67	13,66	43,54
BLE-5	13,17	58,51	72,33	16,73	2,4	1,47	125,33	98,8	13,1	15,01	3,26	14,96	8,45	6,74	12,58	50,53
BLE-6	13,5	57,84	68,00	15,63	4,25	4,31	105,00	25,36	11,51	12,54	3,23	14,73	5,93	5,94	10,62	47,49
BLE-17	12,5	55,84	67,33	9,22	3,91	3,84	125,67	110,58	9,07	37,67	3,55	11,1	6,6	5,53	34,13	31,8
BLE-18	13,84	55,84	66,67	11,03	4,58	2,44	109,00	38,63	10,45	15,81	3,09	14,95	6,61	5,73	10,07	48,15
BLE-19	13,72	62,51	75,33	38,27	3,28	1,87	149,00	127,06	10,35	16,91	5,33	9,35	7,39	6,14	20,72	43,81
BLE-20	12,08	56,92	80,00	33,06	1,91	3,46	152,67	128,29	11,53	14,62	3,38	12,38	7,5	5,95	15,29	49,31
DZC-1	12,3	72,92	85,00	55,6	1,79	2,73	156,33	124,52	14,78	12,55	5,16	13,24	7,26	5,57	13,85	48,11
DZC-9	11,97	63,92	74,00	24,17	4,12	3,16	143,67	128,09	11,2	17,05	5,58	11,38	8,04	6,24	23,2	46,57
YLV-13	12,64	56,59	68,33	14,17	3,96	4,26	121,33	43,06	10,64	19,95	3,34	15,66	7,37	6,22	11,8	56,21
YLV-20	12,3	67,92	80,33	49,68	1,7	3,06	138,33	135,32	11,72	22,02	5,17	10,05	7,13	6,79	21,93	38,42
YLV-21	12,97	62,59	72,33	33,1	2,64	3,23	143,00	132,86	13,55	20,05	4,97	12,28	7,41	6,26	30,51	45,41

ER-1	12,97	58,59	68,67	10,17	4,46	5,1	115,67	37,42	11	18,05	3,17	14,06	6,47	5,82	12,48	43,18
ER-3	12,3	59,25	67,67	15,54	4,76	5,13	119,33	45,16	11,37	14,92	3,63	12,93	6,75	5,34	16,15	55,63
ER-4	12,64	54,92	65,33	11,5	4,5	3,7	116,33	31,02	11,67	11,09	3,84	14,78	6,5	5,48	9,25	49,92
ER-5	12,3	54,92	65,00	10,11	3,63	4,36	110,67	40,39	10,8	16,52	3,24	12,91	6,04	5,03	12,83	44,3
Bursa-1	13,64	55,59	66,67	13,74	3,96	4,16	116,33	39,69	11,2	15,32	3,91	14,42	6,61	5,53	15,52	49,38
Bursa-22	11,3	57,25	68,33	10,5	4,25	3,53	125,67	42,12	10,81	14,79	3,34	13,46	6,55	5,55	12,2	46,52
Dermasyon	11,3	62,59	73,33	15,07	2,96	3,4	144,33	87,26	11,24	16,35	3,82	11,99	7,15	4,88	14,35	42,25
Derinkiyu	12,64	62,25	72,00	15,24	3,77	3,13	141,00	80,82	12,08	24,89	2,97	16,27	8,68	5,24	29,69	67,13
Civril-bolu	12,64	63,59	73,00	25,92	2,86	3,23	136,67	128,86	11,07	14,99	4,04	10,08	7,32	7	17,77	59,9
Bolu-Goynuik	11,97	56,59	76,67	82,49	2,86	4,13	164,33	168,56	11,42	7,53	2,17	21,43	13,39	7,52	13,43	148,25
Moralaca	12,97	57,25	77,67	94,74	2,09	3,96	165,67	158,86	11,82	9,54	2,22	22,93	13,32	8,4	13,58	158,36
Akman	10,81	63,58	72,21	13,53	4,29	3,86	125,04	50,97	8,94	19,39	3,88	9,57	6,62	4,82	13,34	34,97
Goynuk	10,96	58,38	67,29	13,45	4,65	4,25	131,50	43,34	10,55	17,01	2,72	13,63	6,4	5,78	14,24	44,96
Ksracesehir	9,89	60,5	72,00	12,77	4,05	3,36	123,33	68,68	10,32	23,18	4,76	7,41	5,32	4,91	19,32	36,22
Onceler	9,26	61,2	68,23	12,45	4,68	3,12	119,21	39,23	11,25	16,78	2,89	12,56	6,7	5,59	14,29	48,29
Goksun	10,85	63,6	71,65	13,86	3,89	2,89	126,58	101,69	14,29	21,65	4,57	10,02	5,11	4,77	18,74	26,89
Akdag	10,26	62,3	67,29	12,76	4,56	4,23	122,65	42,98	9,89	18,26	2,43	9,32	6,26	6,01	12,69	52,07

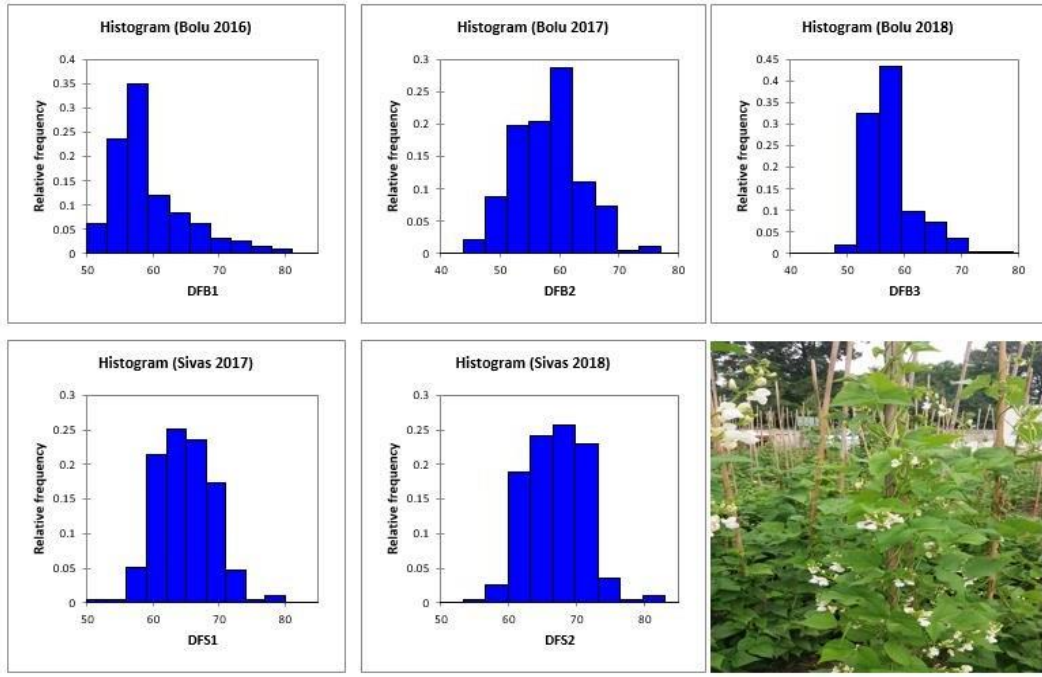
ÇG: Çıkış gün, ÇGS: Çiçeklenme gün sayısı, BGS: Bakla bağlama gün sayısı, İBY: İlk bakla yüksekliği, ADS: Ana dal sayısı, YDS: Yan dal sayısı, OS: Olgunlaşma süresi, BB: Bitki boyu, BU: Bakla uzunluğu, BBS: Bitkide bakla sayısı, BTS: Baklada tohum sayısı, TB: Tohum boyu, TE: Tohum eni, TY: Tohum yüksekliği, TV: Tane verimi, 100TA: 100 tane ağırlığı; g

Çizelge 4.4. Türk fasulye gen kaynaklarının bazı tarımsal özelliklerine ait maksimum, minimum ve standart sapma değerleri

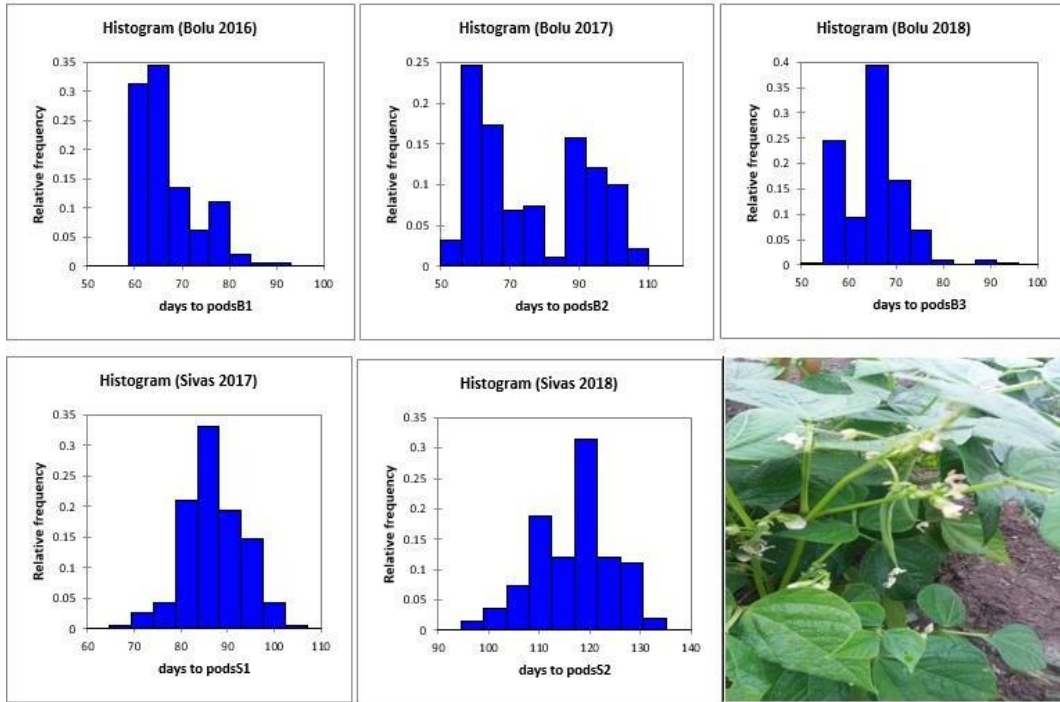
Özellikler	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std, sapma
Çıkış gün sayısı	9,600	14,700	12,523	1,079
Çiçeklenme gün sayısı	51,200	75,180	60,766	4,378
Bakla bağlama gün sayısı	62,000	95,333	76,595	7,529
İlk bakla yüksekliği	6,360	94,740	23,853	15,083
Ana dal sayısı	1,580	8,190	3,547	0,920
Yan dal sayısı	0,680	5,440	2,879	1,012
Olgunlaşma süresi	98,667	165,667	133,398	15,044
Bitki boyu	21,000	168,750	100,774	43,814
Bakla yüksekliği	8,280	19,680	11,448	1,946
Bitkide bakla sayısı	7,010	42,690	19,443	6,867
Baklada tohum sayısı	1,740	8,240	3,868	1,021
Tohum boyu	7,410	22,930	12,646	2,142
Tohum eni	5,320	14,030	7,215	1,327
Tohum yüksekliği	4,020	10,870	5,797	0,956
Tane verimi	5,880	59,240	22,155	9,946
100 tane ağırlığı	24,970	158,360	44,604	17,382



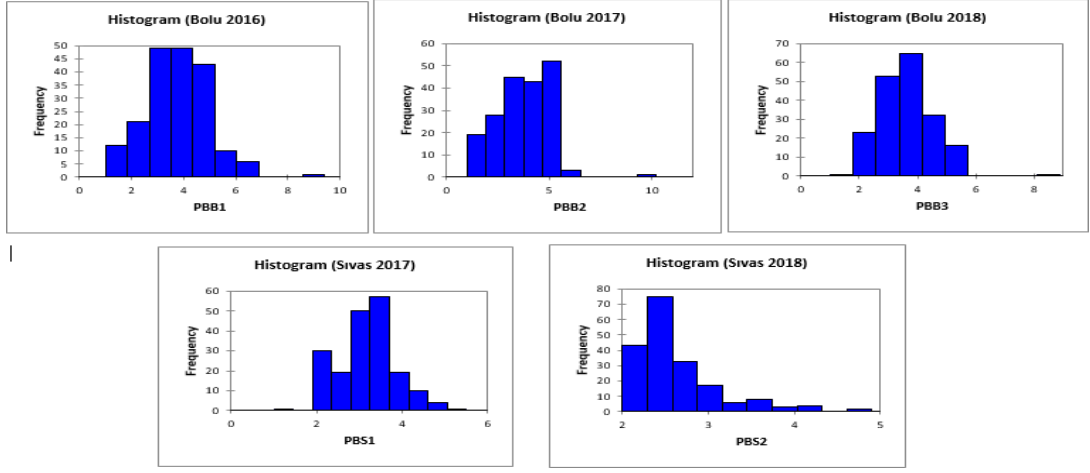
Şekil 4.1. Çıkış süresi için frekans dağılımı



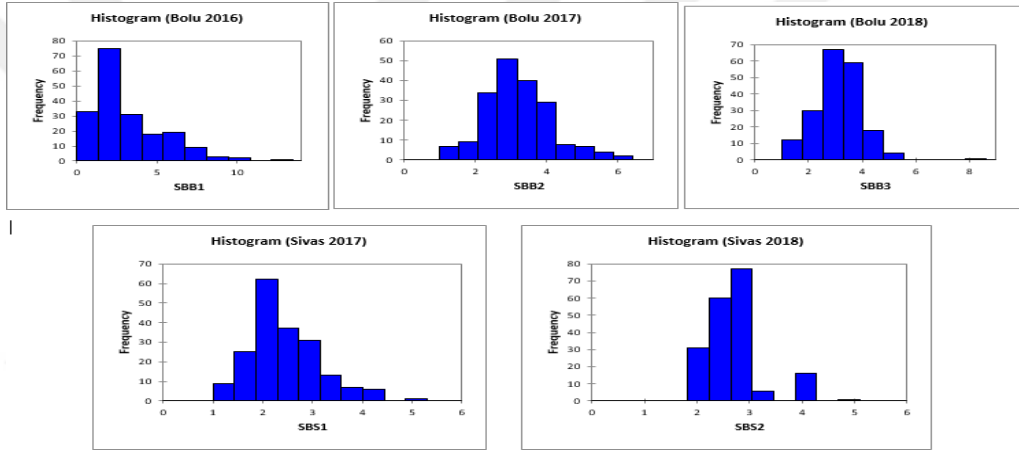
Şekil 4.2. Çiçeklenme gün sayısı için frekans dağılımı



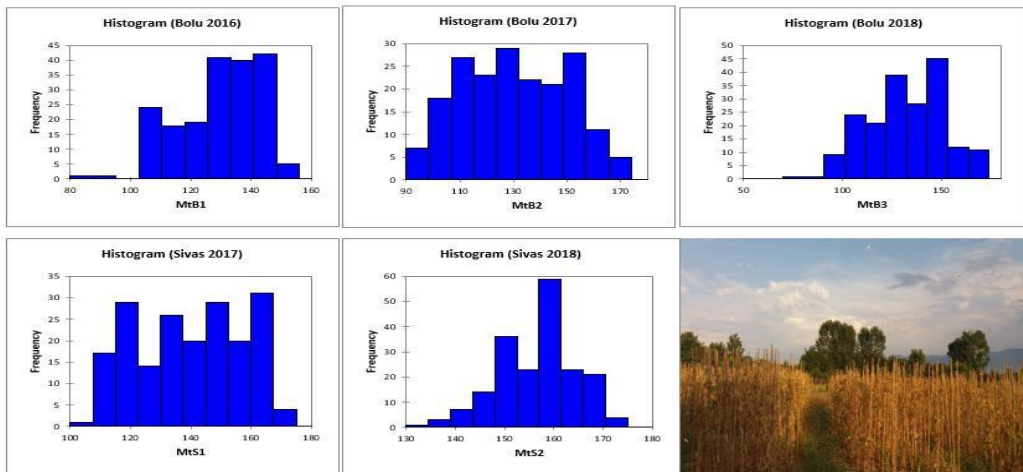
Şekil 4.3. İlk bakla yüksekliği için frekans dağılımı



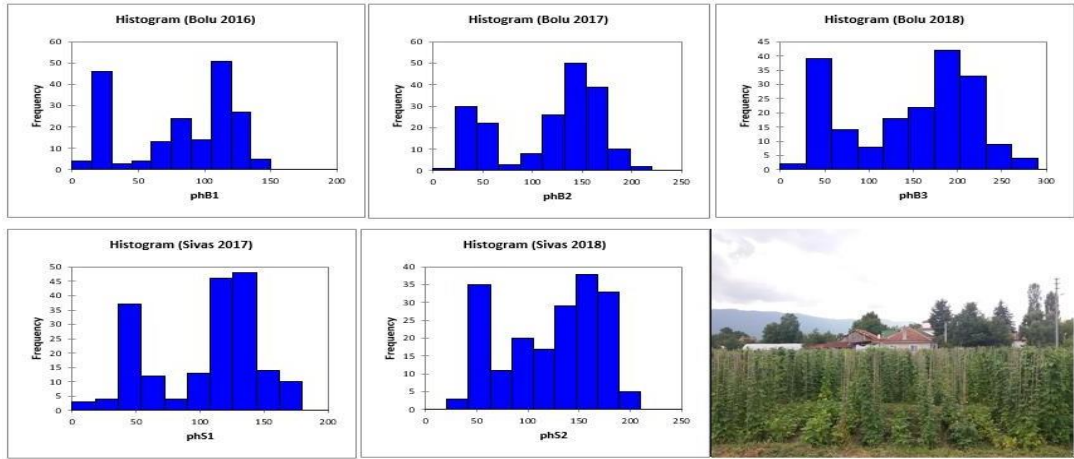
Şekil 4.4. Ana dal sayısı için frekans dağılımı



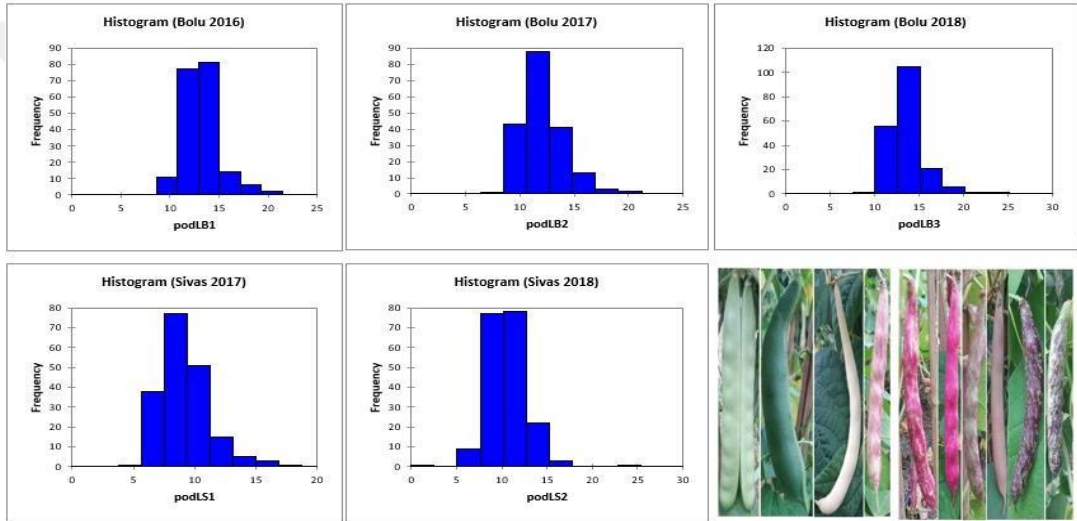
Şekil 4.5. Yan dal sayısı için frekans dağılımı



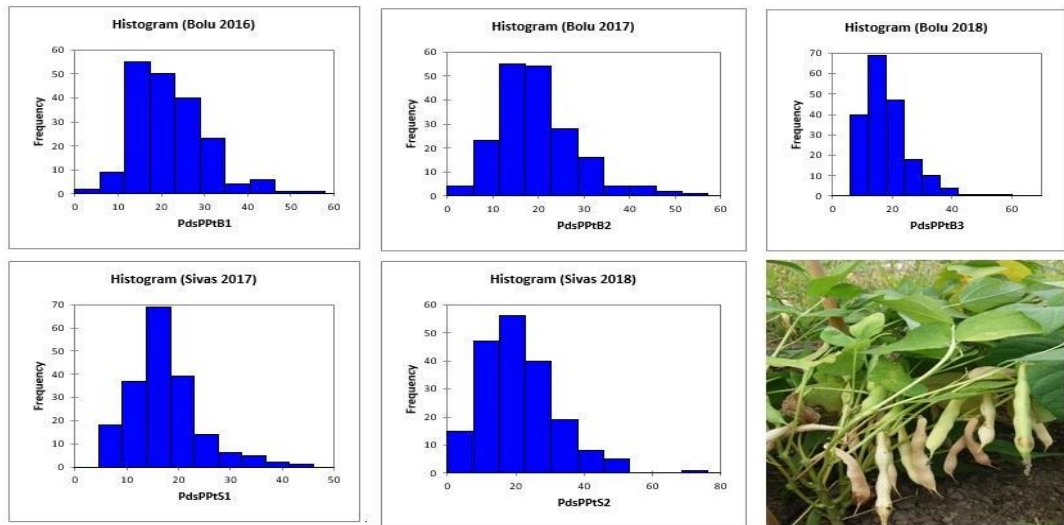
Şekil 4.6. Olgunlaşma süresi için frekans dağılımı



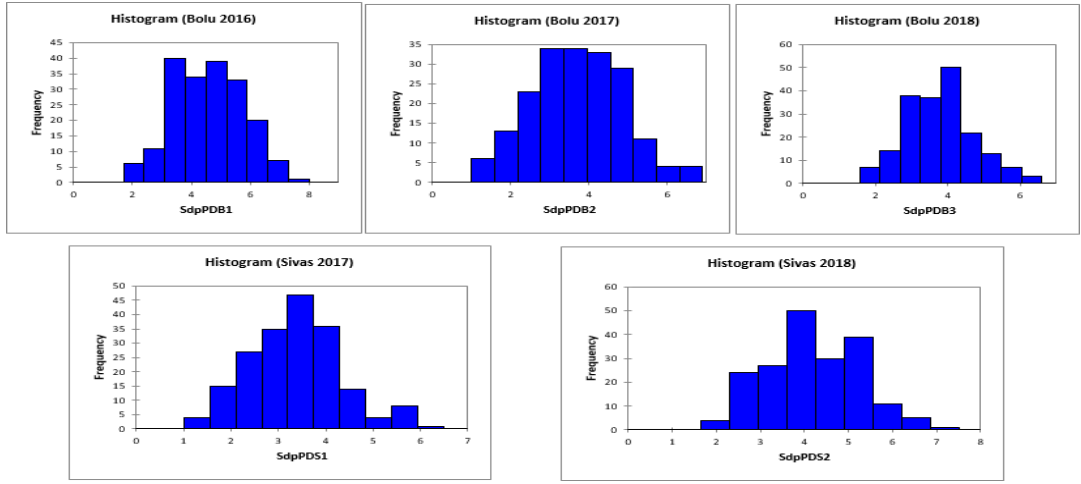
Şekil 4.7. Bitki boyu için frekans dağılımı



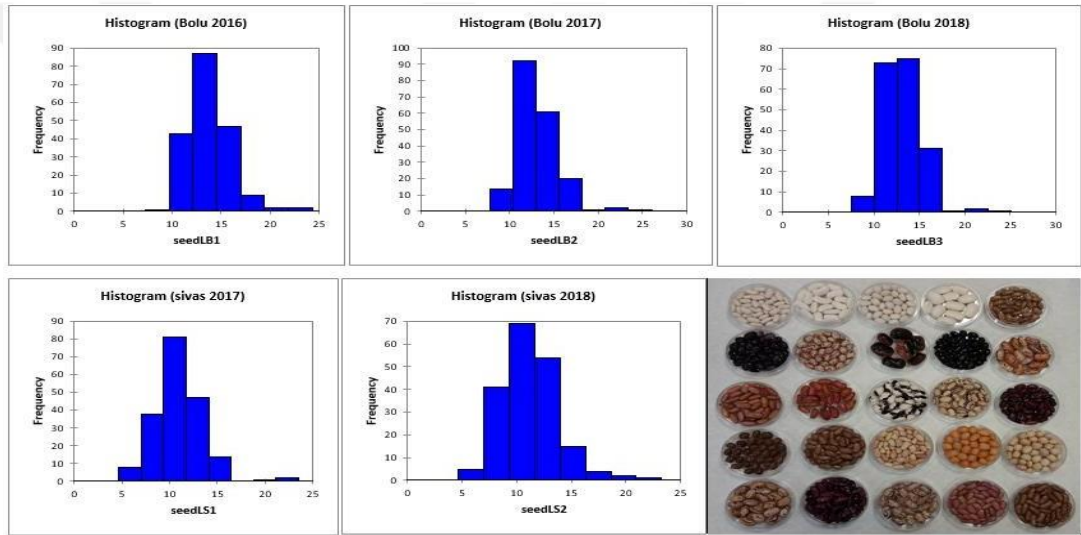
Şekil 4.8. Bakla uzunluğu için frekans dağılımı



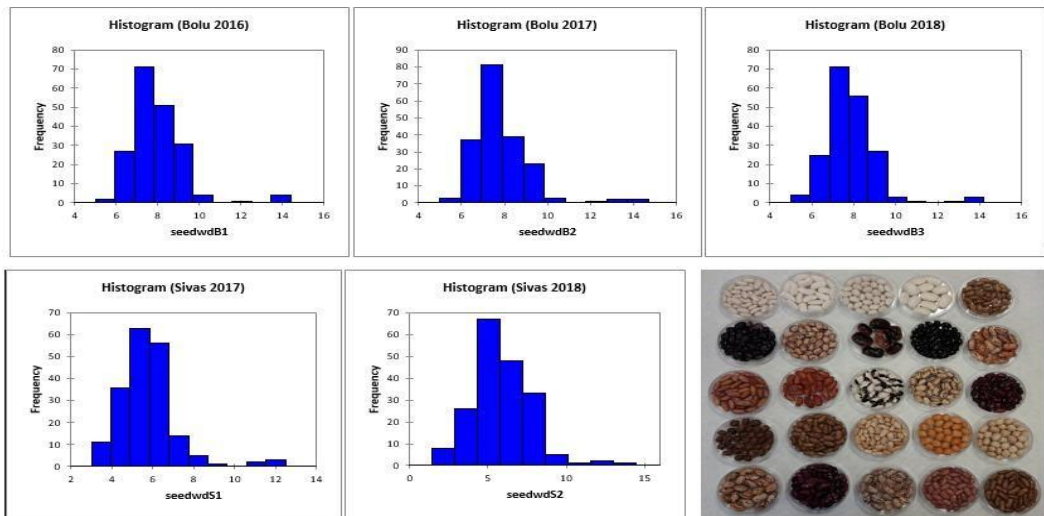
Şekil 4.9. Bitkide bakla sayısı için frekans dağılımı



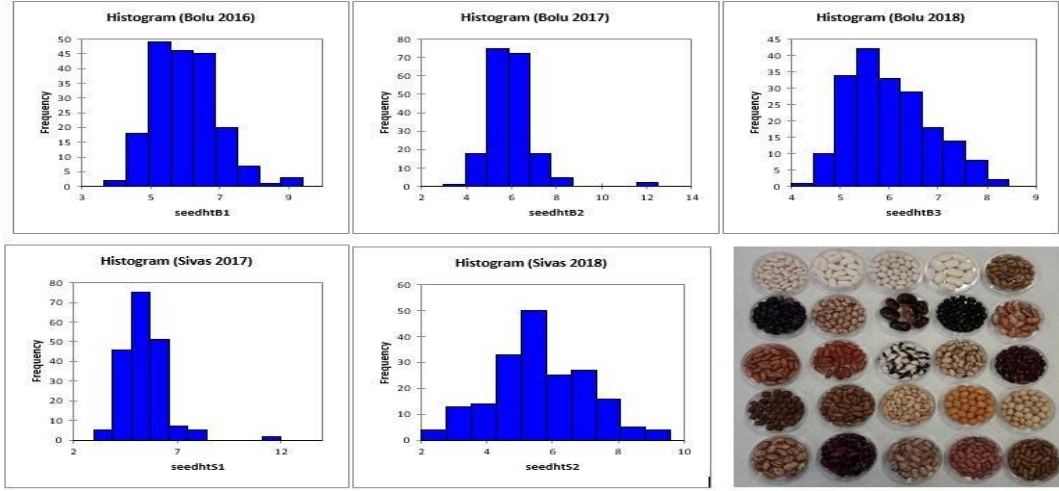
Şekil 4.10. Bakkada tane sayısı için frekans dağılımı



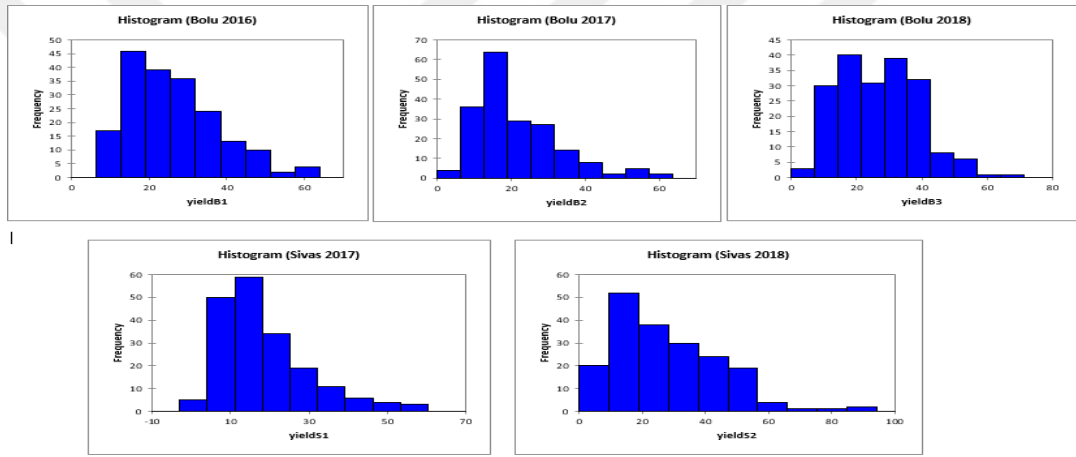
Şekil 4.11. Tohum boyu için frekans dağılımı



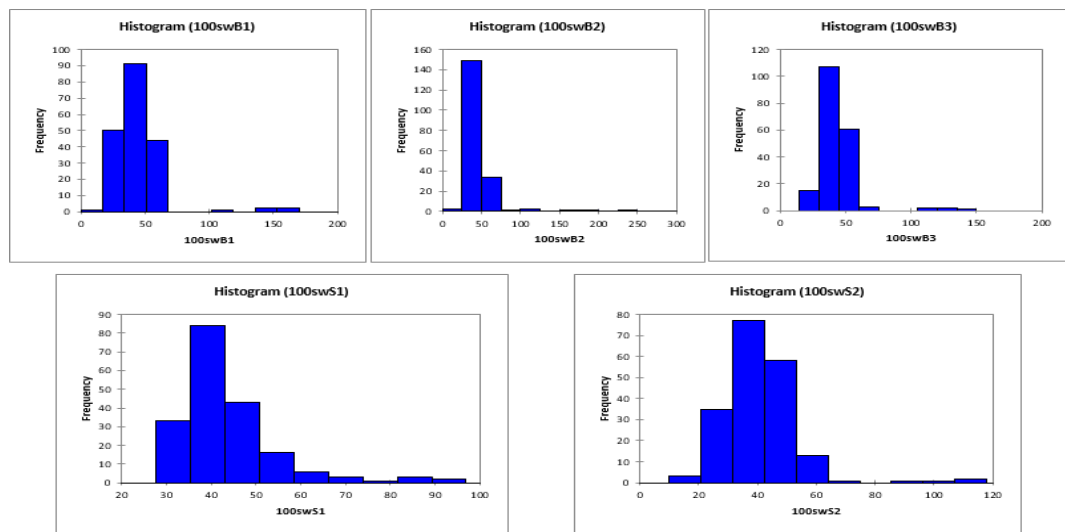
Şekil 4.12. Tohum eni için frekans dağılımı



Şekil 4.13. Tohum yüksekliği için frekans dağılımı



Şekil 4.14. Tane verimi için frekans dağılımı



Şekil 4.15. 100 tane ağırlığı için frekans dağılımı

4.2.Farklı TarımsalÖzellikler Arasındaki Korelasyon Katsayıları ve Değişkenlik Analizi

Korelasyon katsayıları için oluşturulan matris incelendiğinde, çiçeklenme gün sayısı ile bakla bağlama gün sayısı, ilk bakla yüksekliği, bitki boyu, olgunlaşma süresi, bakla uzunluğu, baklada tohum sayısı ve bitki başına tane verimi arasında anlamlı ve pozitif korelasyon olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.5). Çiçeklenme gün sayısı ile çıkış gün sayısı, ana dal sayısı, yan dal sayısı, tohum uzunluğu ve 100 tane ağırlığı arasında negatif bir korelasyonu belirlenmiştir. Olgunlaşma gün sayısı, çiçeklenme gün sayısı, bakla bağlama gün sayısı, ilk bakla yüksekliği, bitki boyu, bitkide bakla sayısı, tohum eni, tohum yüksekliği, tane verimi ve 100 tane ağırlığı ile anlamlı ve pozitif bir ilişki saptanırken, çıkış gün sayısı, ana dal sayısı ve tohum uzunluğu arasında negatif bir ilişki saptanmıştır. 100 tane ağırlığı, tohum yüksekliği ve tohum eni ile oldukça anlamlı ve pozitif bir korelasyonu göstermiştir. Bitkinin olgunlaşma süresi ile bitki boyu arasında son derece anlamlı ve pozitif bir ilişki olduğu, bitki boyu arttıkça, olgunlaşma için daha fazla zamana ihtiyaç olacağı ve Hakkari, Malatya, Tunceli ve Van illerine ait yerel genotiplerde bu durumun açıkça görüldüğü ortaya çıkmıştır. Tohum ağırlığı ile farklı özellikler arasında pozitif ilişkiler gözlenmiş olup, elde edilen bulgular, fasulye ile ilgili yürütülen önceki çalışmalarla uyumlu olduğunu göstermektedir (Krasteva vd., 2008; Blair vd., 2006). Blair vd. (2009), tohum ağırlığının fasulye için önemli ticari değer taşıdığını, bu karakter bakımından çok küçük tane yapısına sahip olan çeşitlerin hem satıcı hem de tüketici toplulukları tarafından kabul görmeyeceğini ileri sürmüştür.

İncelenen tüm özellikler arasındaki varyasyonun seviyesini hesaplamak için elde edilen verilere temel bileşen analizi (PCA) uygulanmıştır. Korelasyon matrisine dayanan PCA kullanarak, özdeğerler, bileşenlerin yüzdesi ve ilk beş bileşen tarafından açıklanan kümülatif varyasyonlar hesaplanmıştır (Çizelge 4.6). İlk beş ana bileşenin toplam varyasyonun % 73,80'ini oluşturduğu saptanmıştır. PC1 toplam varyasyonun % 30,88'ini oluşturmuş; bitki boyu, olgunlaşma süresi ve ilk bakla yüksekliği en yüksek pozitif özdeğerleri yansıtmıştır. PC2, % 20,71 varyasyon göstermiş ve çoğunlukla 100 tane ağırlığı, tohum eni ve tohum yüksekliği ile karakterize edilmiştir. Diğer taraftan, % 9,22'lik varyasyon PC3 ile açıklanmış ve bakla uzunluğu bu faktörü en çok karakterize eden özellik olmuştur. PC4 ve PC5 değişimin toplamda sırasıyla

%7,08 ve %5,89'unu oluşturmuştur. PCA genel olarak evrimsel eğilimleri ve çeşitli bileşenlerin göreceli katılımını anlamak amacıyla çeşitli popülasyonlar arasındaki ayrışma derecesini ve desenini ölçmek için kullanılmaktadır (Sharma vd., 2009). İlk 3 temel bileşenden (PC'ler) elde edilen analitik sonuçlar, bitki boyu, bitki ağırlığı, 100 tane ağırlığı ve bakla uzunluğunun, bu çalışmada değerlendirilen fasulye popülasyonlarını karakterize etmek için en etkili şekilde kullanılan ana özellikler olduğunu göstermektedir. Bu nedenle, fasulye genotiplerinin karakterizasyonu ve seleksiyonu için, bu özelliklerin üzerinde daha fazla durulması oldukça önem taşımaktadır. Fasulye çeşitliliği üzerine katkı sağlayan en önemli özelliklerin başında bitki boyu, olgunlaşma süresi, bitki başına tane verimi, 100 tane ağırlığı ve bakla uzunluğu olduğunu gösteren bu bulguların, daha önceki çalışmalarla uyumlu olduğu görülmektedir (Ceolin vd., 2007; Mishra vd., 2010).

İlk iki PC kullanılarak yapılan, genotiplerin ve özelliklerin ilişkisini gösteren biplot analizi (GT Biplot) toplam varyasyonunun % 51,59'unu açıklamıştır (Şekil 4.16). Biplot analizi, fasulye genotiplerini çalı fasulyesi (scarlet runner bean) ve fasulye (common bean) olarak ikiye ayırmıştır. Bitki boyu, verim, büyüme şekli ve olgunlaşma gün sayısı, fasulye genotiplerinin karakterizasyonunda önemli rol oynamıştır. GT Biplot, özellikleri ile ilgilenilen popülasyonlardaki çeşitliliği daha iyi karakterize etmek için, kullanılabilir özellikler arasındaki genetik ilişkilerin araştırılmasına yardımcı olmakta ve çeşitli ıslah çalışmalarına destek sağlamaktadır. (Oliveira vd., 2018). Bu çalışmada, GT biplot analizi, çalı fasulyeleri tiplerini tüm genotipler arasından net olarak ayırt etmiştir (Şekil 4.1). Biplot analizi, çalışılan tüm materyalleri bitki boyu, büyüme şekli ve 100 tane ağırlığına göre; A: Fasulye (common bean), B: Çalı fasulyesi (scarlet runner bean) olarak iki gruba ayırmıştır (Şekil 4.3). Fasulye genotipleri A1 ve A2 olmak üzere iki alt gruba ayrılmıştır. A1 grubu, çıkış gün sayısını, ana dal sayısını ve yan dal sayısını kapsarken, diğer özellikleri A2 grubu kapsamaktadır. A2 grubunun oluşmasında 100 tane ağırlığı ve bitki boyu özellikleri belirleyici olmuş, yerel genotiplerin çeşitli özellikler ile pozitif bir ilişki içerisinde olduğu tespit edilmiştir. Çalışmada kontrol olarak kullanılan ticari çeşitler, büyüme şekilleri ve küçük tohum şekilleri ile A1 grubunda kümelenmiştir. Çalı fasulyesi, bitki boylarının çok yüksek olması ve tohum ağırlıklarının fasulyeden (common bean) neredeyse 2-3 katı büyük olmasından dolayı yerel genotiplerden ayrı olarak gruplandırılmıştır. Nadeem vd. (2018b)'nin yaptıkları çalışmada çalı fasulyesinin,

fasulyeden daha yüksek bitki boyuna ve 2-3 katı daha fazla 100 tane ağırlığına sahip olduğunu bildirmişlerdir. Bu sonuçlar daha önceki sonuçları destekler niteliktedir.



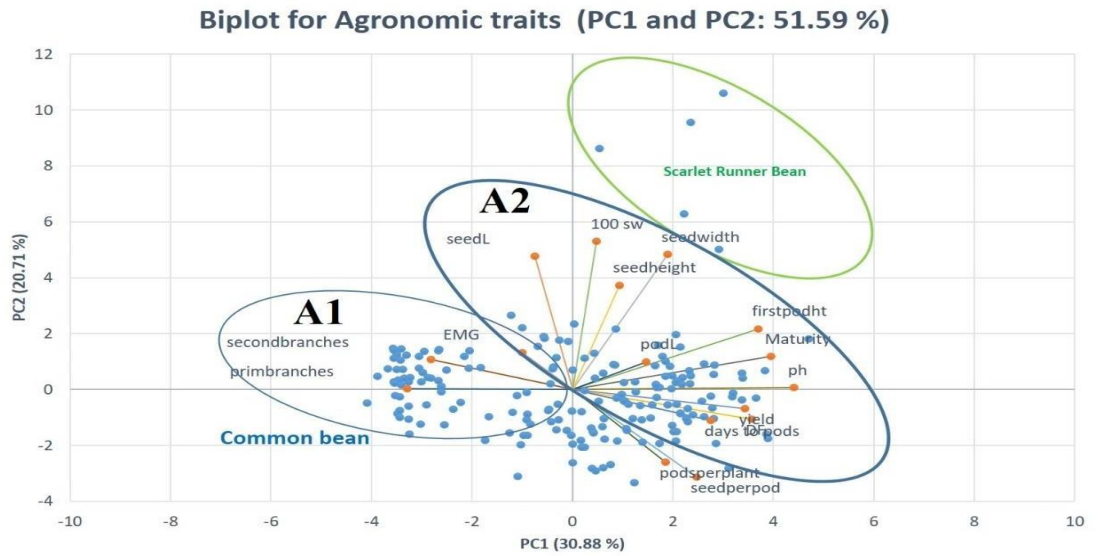
Çizelge 4.5. Türk fasulye gen kaynaklarının morfolojik özellikler arası ilişkileri

Özellikler	ÇG	ÇGS	İBY	BGS	ADS	YDS	BB	OS	BBS	BU	BTS	TB	TE	TY	TV	100TA
ÇG	1	-0,151	-0,234**	-0,027	0,050	0,064	-0,183	-0,146	-0,010	-0,184	-0,205**	0,098	0,115	0,109	-0,106	0,048
ÇGS		1	0,525**	0,536**	-0,423**	-0,257**	0,575**	0,610**	0,432**	0,166	0,388**	-0,221**	0,018	0,002	0,400**	-0,156
BGS			1	0,319**	-0,206**	-0,364**	0,404**	0,450**	0,098	0,157	0,284**	-0,147	0,035	-0,102	0,311**	-0,029
İBY				1	-0,524**	-0,224**	0,661**	0,680**	0,299**	0,030	0,256**	0,109	0,521**	0,354**	0,367**	0,354**
ADS					1	0,491**	-0,473**	-0,569**	-0,147	-0,137	-0,337**	0,159	0,221**	-0,183	-0,325**	0,007
YDS						1	-0,358**	-0,535**	-0,075	-0,285**	-0,241**	0,220**	-0,106	0,000	-0,389**	0,079
OS							1	0,752**	0,188**	0,203**	0,182	-0,025	0,462**	0,207**	0,463**	0,244**
BB								1	0,276**	0,354**	0,409**	-0,113	0,362**	0,103	0,581**	0,081
BU									1	-0,219**	0,123	0,309**	0,050	-0,057	0,138	0,090
BBS										1	0,308**	-0,340**	-0,076	-0,188**	0,610**	0,221**
BTS											1	-0,494**	-0,168	-0,129	0,476**	0,398**
TB												1	0,517**	0,233**	-0,132	0,730**
TE													1	0,625**	0,275**	0,776**
TY														1	0,111	0,466**
TV															1	0,034
100TA																1

ÇG: Çıkış gün, ÇGS: Çiçeklenme gün sayısı, BGS: Bakla bağlama gün sayısı, İBY: İlk bakla yüksekliği, ADS: Ana dal sayısı, YDS: Yan dal sayısı, OS: Olgunlaşma süresi, BB: Bitki boyu, BU: Bakla uzunluğu, BBS: Bitkide bakla sayısı, BTS: Baklada tohum sayısı, TB: Tohum boyu, TE: Tohum eni, TY: Tohum yüksekliği, TV: Tane verimi, 100TA: 100 tane ağırlığı; g

Çizelge 4.6. Türk fasulye gene kaynaklarının tarımsal özellikleri için temel bileşen analiz sonuçları

Özellikler	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Çıkış gün sayısı	-0,206	0,223	-0,051	-0,660	0,449
Çiçeklenme gün sayısı	0,731	-0,178	0,426	-0,023	-0,037
Bakla bağlama gün sayısı	0,564	-0,184	0,192	0,309	-0,283
İlk bakla yüksekliği	0,758	0,365	0,134	-0,142	-0,092
Ana dal sayısı	-0,674	0,004	0,021	0,421	0,145
Yan dal sayısı	-0,577	0,179	0,184	0,140	0,000
Olgunlaşma süresi	0,810	0,200	0,002	0,086	-0,156
Bitki boyu	0,905	0,011	-0,001	0,000	0,051
Bakla yüksekliği	0,302	0,167	0,752	0,024	0,426
Bitkide bakla sayısı	0,380	-0,438	-0,558	0,303	0,337
Baklada tohum sayısı	0,507	-0,525	0,021	-0,125	0,082
Tohum boyu	-0,152	0,801	0,192	0,300	0,248
Tohum eni	0,388	0,811	-0,278	0,017	0,013
Tohum yüksekliği	0,191	0,627	-0,294	-0,296	-0,234
Tane verimi	0,705	-0,115	-0,332	0,172	0,430
100 tane ağırlığı	0,100	0,890	-0,113	0,249	0,012
Özdeğer	4,941	3,314	1,476	1,134	0,944
Değişkenlik(%)	30,883	20,710	9,224	7,086	5,898
Kümülatif %	30,883	51,593	60,817	67,903	73,80



Şekil 4. 16. Agronomik özellikler bakımından biplot analizi

4.3. Türk Fasulye Genotiplerinde Dartseq ve SNP Markörleri Kullanılarak Genetik Çeşitlilik ve Popülasyon Yapısının Belirlenmesi

Türk fasulye gen kaynaklarının tüm genom DArTseq profili 15,608 DArTseq markörü kullanılarak belirlenmiştir. Sekans şirketi, referans genoma göre 11 fasulye kromozomu üzerinde 11,839 DArTseq markörünün pozisyonlarını belirlemiştir. Bu 11,839 DArTseq markörü, fasulyenin tüm kromozomlarında dağılımını göstermektedir (Çizelge 4.7). Kromozom başına ortalama 1,076,27 markör saptanmış; maksimum markör sayısı kromozom 2'de 1.354 olarak bulunmuştur. Bu sonuçlar, önceki çalışmalar tarafından desteklenmektedir (Nemli vd. 2017; Valdisser vd. 2017; Valdisser vd. 2016). Mukeshimana vd. (2014) fasulyede kromozom 2'de daha fazla, kromozom 6'da ise daha az DArTseq markörü bulunduğunu bildirmiştir.

Çizelge 4.7. Fasulyenin farklı kromozomlarında DArTseq markörlerinin dağılımı

Kromozom	Kromozom büyüklüğü (Kbp)*	Kromozom başında DArTseq markör sayısı	DArTseq marker/Mbp
1	52183,50	1021	19,56
2	49033,70	1354	27,61
3	52218,60	1284	24,58
4	45793,20	920	20,09
5	40237,50	988	24,55
6	31973,20	854	26,70
7	51698,40	1023	19,78
8	59634,60	1314	22,03
9	37399,60	949	25,37
10	43213,20	948	21,93
11	50203,60	1184	23,58
Scaffolds	-	74	-
Toplam	513589,10	11913	23,25

*Schumutz vd. (2014) tarafından yayınlanan referans genoma göre kromozom büyüklüğü

188 fasulye genotipinin popülasyon yapısı ve genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi için üretilen 14,290 SNP markörü kullanılmıştır. 14,290 SNP marköründen 12,950 SNP markörü fasulyenin 11 kromozomunda dağılmış ve kromozom başına ortalama 1170,09 SNP markörü yer almıştır (Çizelge 4.8). Tüm kromozomlar üzerinde SNP markörlerinin / Mbp'nin ortalama dağılımı 25,41,

kromozom 6'da maksimum (34,12) ve kromozom 4'te ise minimum (20,54) bulunmuştur. Çalışmamızda elde edilen bulgular önceki çalışmalarda elde edilen bulgularla kıyaslandığında bazı farklılıklar göstermektedir. Song vd. (2015) maksimum SNP markörünün kromozom 11'de mevcut olduğunu ve Schroder vd. (2016) ise kromozom 8 üzerinde maksimum SNP markörünün bulunduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.8. Fasulye'nin farklı kromozomlarında SNP markörlerinin dağılımı

Kromozom	Kromozom büyüklüğü (Kbp)*	Kromozom bazında SNP markör sayısı	SNP marker/Mbp
1	52183,50	1171	22,44
2	49033,70	1521	31,01
3	52218,60	1355	25,94
4	45793,20	941	20,54
5	40237,50	1017	25,27
6	31973,20	1091	34,12
7	51698,40	1142	22,08
8	59634,60	1375	23,05
9	37399,60	1053	28,15
10	43213,20	947	21,91
11	50203,60	1258	25,05
Scaffolds	-	79	-
Ortalama	513589,10	1170,09	25,41

*Schumutz vd. (2014) tarafından yayınlanan referans genomu göre kromozom büyüklüğü

Hem DArTseq hem de SNP markör verileri kullanarak Euclidean genetik uzaklık değerleri R istatistik programı kullanılarak hesaplanmıştır. Fasulyede “Andean ve Mesoamerikan” olmak üzere iki gen havuzu bulunmaktadır. Türkiye'deki fasulye gen kaynaklarının hangi orijine ait olduğunu anlamak için hem DArTseq hem de SNP markör kullanarak hesaplanan Euclidean genetik uzaklık değerlerine göre UPGMA soyağaçları oluşturulmuştur. DArTseq ve SNP markör sistemleri kullanarak oluşturulan soyağaçları sırasıyla Şekil 4.17 ve Şekil 4.18 verilmiştir. Her iki markör sistemi fasulye gen havuzunu iki ana grubuna (A ve B) ayırmıştır. Andean gen havuzuna ait fasulye genotipleri bir araya gelirken (Grup A), Mesoamerikan gen havuzuna ait genotipler grup B altında toplanmıştır. Her iki markör sistemi Türk fasulye gen kaynaklarını 100 tane ağırlığı, büyüme şekline ve toplandığı bölgeye

göre başarılı bir şekilde gruplandırmıştır. Singh vd. (1991), 100 tane ağırlığı 40g' dan fazla olan fasulye genotiplerin Andean gen havuzuna girdiğini, 100 tane ağırlığı 40g' dan az olan fasulye genotiplerinin ise Mesoamerican gen havuzuna girdiğini belirlemişlerdir. DArTseq ve SNP markörleri fasulye genotiplerini hem gen havuzuna göre, hem büyüme şekline göre hem de bölgelere göre yüksek başarıyla gruplandırma yapmışlardır. DArTseq markör sistemi, incelenen genotiplerin %56,91'inin Andean gen havuzuna ve %29,78'inin ise mesoamerikan gen havuzuna ait olduğunu belirlemiştir. SNP markör sistemi ise, incelenen genotiplerin %53,19'unun Andean ve %28,72'inin Mezoamerikan gen havuzunda yer aldığını göstermiştir. Her iki markör sistemi aşağı yukarı benzer sonuçları ortaya koymuştur. Durumun daha iyi anlaşılabilmesi için temel bileşen analizi de (PCoA) yapılmıştır. İlk iki temel bileşen toplam varyasyonun DArTseq markör sistemine göre %83 PCoA ve SNP markör sistemine göre % 81 sağladığını göstermiştir. PCoA analizinde gruplandırma, UPGMA ağacındaki gruplandırmayı yansıtmıştır (Şekil 4.19 ve Şekil 4.20). Structure analizi DArTseq markörlerini kullanarak gen kaynaklarını; A, B ve sınıflandırılmamış populasyon şeklinde adlandırarak 3 populasyona ayırmıştır (Şekil 4.21). Bitki boyu ve 100 tohum ağırlığı özelliklerinde A populasyonu Andean gen havuzuna, B populasyonu ise Mezoamerikan gen havuzuna aittir. Çalı fasulyesi ise her iki gen havuzundan da bulunmayıp kendi kümesini oluşturmaktadır. Structure analizi SNP markörlerini kullanarak gen kaynaklarını bitki boyu ve 100 tohum ağırlığı özelliklerinde A ve B olmak üzere 2 populasyona ayırmıştır. SNP markörlerinde A populasyonu (kırmızı) Meso-Amerikan gen havuzuna, B populasyonu (yeşil) ise Andean havuzuna (Şekil 4.22) aittir.

4.3.1. Andean-Mesoamerikan Gen Havuzları Arasında Hibridizasyon

Her iki markör sisteminde Andean gen havuzuna ait bazı genotipler, mesoamerikan gen havuzunda yer alırken, bazı mesoamerikan genotipleri de Andean gen havuzunda yer almışlardır. DArTseq markör sistemine göre gruplandırmaya bakıldığında %14.36 oranında gen havuzları arasında hibridizasyonu ortaya çıkmıştır. Örnek olarak MŞ-46, HK-7, HK-43, BT-97, HK-44, VN-36, HK-39, BN-36, VN-68, BLACK-4, Niğde-Derinkuyu, Niğde dermasonu, VN-42, VN-65, VN-25 gibi bazı genotiplerin 100 tane ağırlıklarının 40g'dan fazla olması nedeniyle Andean grubunda yer alması gerekirken, Mezoamerikan grubunda yer almışlardır. Diğer taraftan, 100

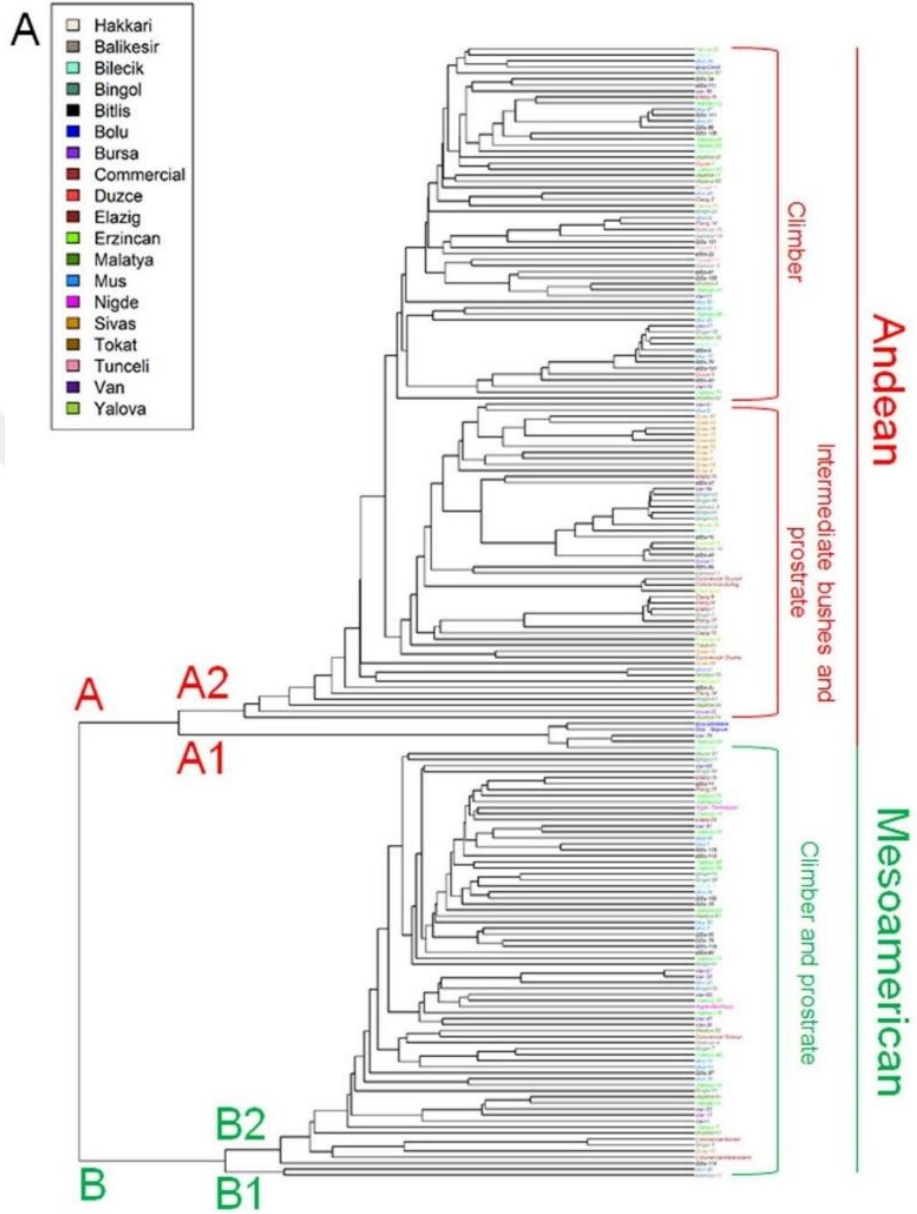
tane ağırlığı 40g'dan az olan ML-14, ML,59, ML-18, HK-38, VN-11, ML-3, BT-103,MŞ-48,TN-1, BT-105, BT-117 ve BLACK-1 genotipleri Mezoamerikan grubu yerine Andean gen havuzunda yer almışlardır. Bu durum iki gen havuzu arasında gen akışı olduğunun göstergesidir.SNP markör sistemine göre gruplandırmaya bakıldığında ise gen havuzları arasındaki gen akışı miktarının (%18.08) DArTseq markör sisteme göre biraz daha yüksek saptandığı görülmektedir. “ML-14, ML-13, BLE-17, EL-34, ML-59,BT-35,BT-105, EL-27, BN-1, EL-7, EL-9, BLE-3, MŞ-18, HK-38, MŞ-48, HK-51, MŞ-34 gibi bazı Mezoamerikan genotipler” Andean grubunda yer alırken, MŞ-46, HK-43, MŞ-7, MŞ-28, Göksun, BLE-4, HK-44, MŞ-15, VN-68, BN- 36, Niğde-Dermason, BT-97,VN-36, VN-42, BN-16, VN-25, VN-27, VN-65” gibi bazı Andean genotipler Mezoamerikan grubunda yer almışlardır. Bu sonuçlar, Türkiye'deki fasulye gen kaynaklarının her iki gen havuzu arasında hibridizasyona uğradığını göstermektedir. Türkiye'de fasulye gen havuzları arasındaki gen akışının diğer Avrupa ülkelerindekine göre daha az olduğu saptanmış olup, bu durum Türkiye fasulye gen kaynaklarının orijinal formunda olduğunu ortaya koymaktadır.

DArTseq markör sistemi ile yapılan genetik çeşitlik analizi sonuçları, Mesoamerikan gen havuzunda genetik çeşitliliğin Andean gen havuzuna göre daha yüksek olduğunu gösterirken, SNP markör sistemi sonuçları durumun tersini yansıtmıştır. Proje kapsamında incelenen Türkiye'deki fasulye gen kaynakları ile ilgili genetik çeşitlik parametreleri aşağıdaki Çizelge 4.9'de verilmiştir.

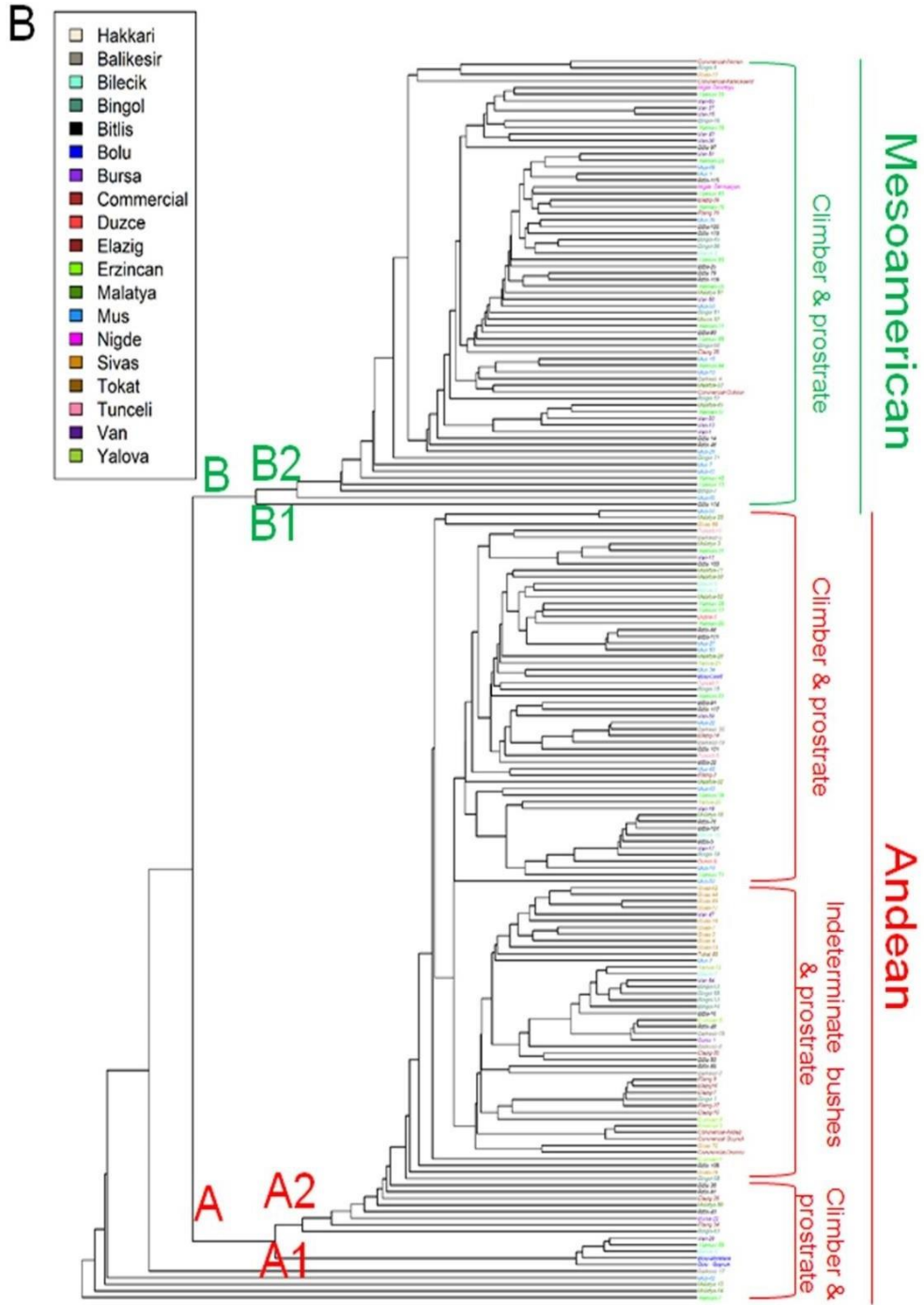
Çizelge 4.9. Türk Andean ve Mesoamerikan gen havuzundaki genetik çeşitlilikle ilgili parametreleri

Populasyon	Hs	Ht	Fst	Ortalama genetik mesafe	Maksimum ve minimum genetik mesafe
DArTseq_Meso	0,22	0,24	0,05	51,40	16,97 - 82,32
SNP Meso	0,17	0,18	0,07	54,33	31,37 - 104,89
DArTseq_Andean	0,17	0,19	0,11	44,62	7,01 - 88,09
SNP_Andean	0,19	0,21	0,09	58,24	12,65 - 138,60
DArTseq tüm populasyonları	0,18	0,19	0,06	72,59	10,63-106,035
SNP tüm	0,31	0,37	0,09	79,58	12,25 - 145,40

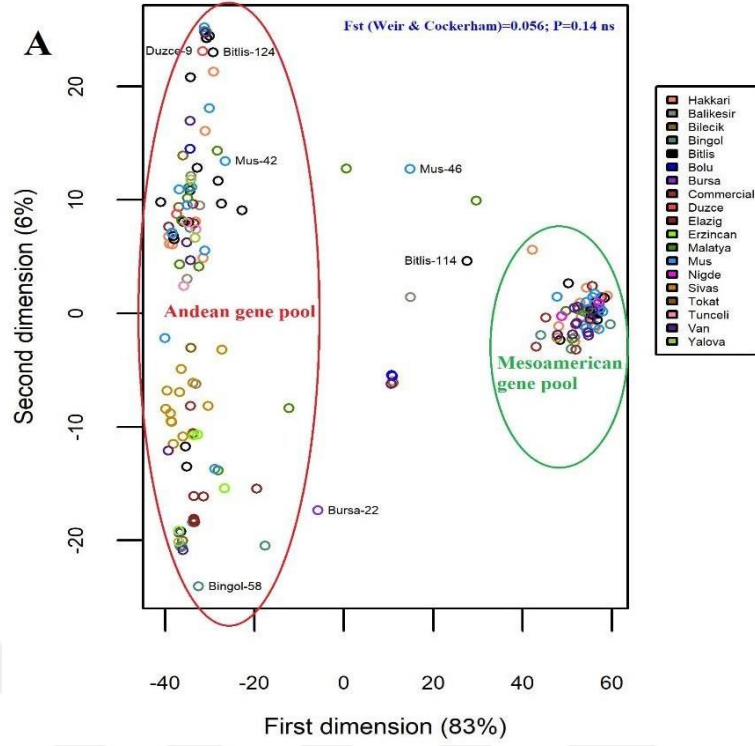
* Hs: Beklenen heterozigotluk (popülasyon için genetik çeşitlilik), Ht: Toplam genetik çeşitlilik, Fst genetik farklılığın ölçüsü.



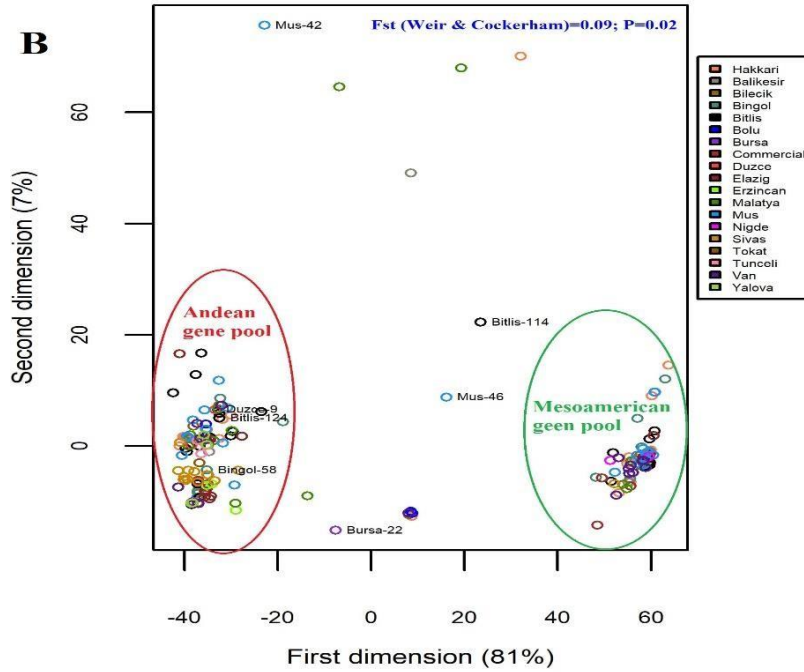
Şekil 4.17. DArTseq markör sistemi kullanarak elde edilen UPGMA soyağacına göre Türk fasulye gen kaynaklarının genetik çeşitliliği



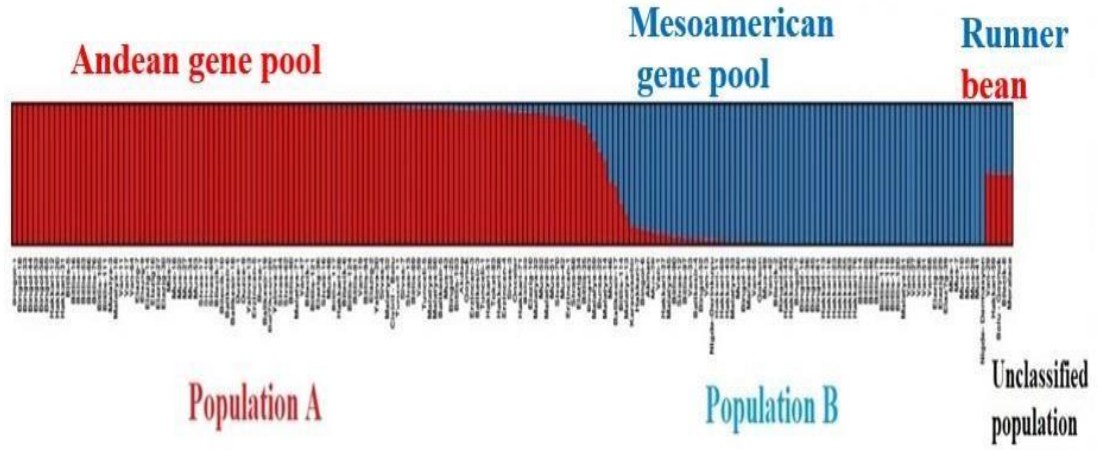
Şekil 4.18. SNP markör sistemi kullanarak elde edilen UPGMA soyağacı göre Türk fasulye gen kaynaklarının genetik çeşitliliği



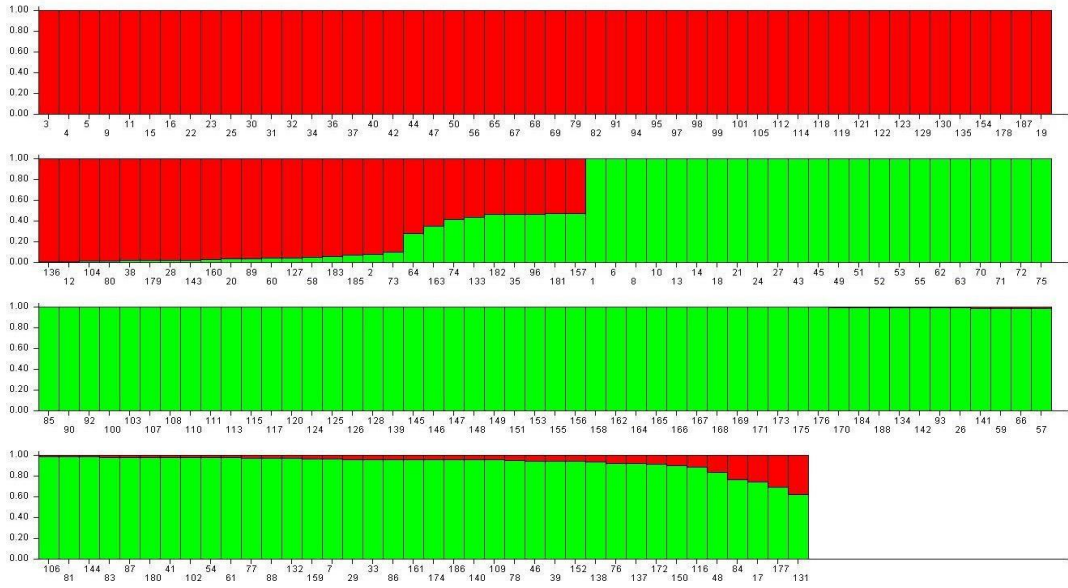
Şekil 4.19. DArTseq Markör sistemine göre temel birleşen analizi (PCoA)



Şekil 4.20. SNP Markör sistemine göre temel birleşen analizi (PCoA)



Şekil 4.21. DArTseq markörleri kullanılarak oluşturulan fasulye gen kaynaklarındaki popülasyon yapısı

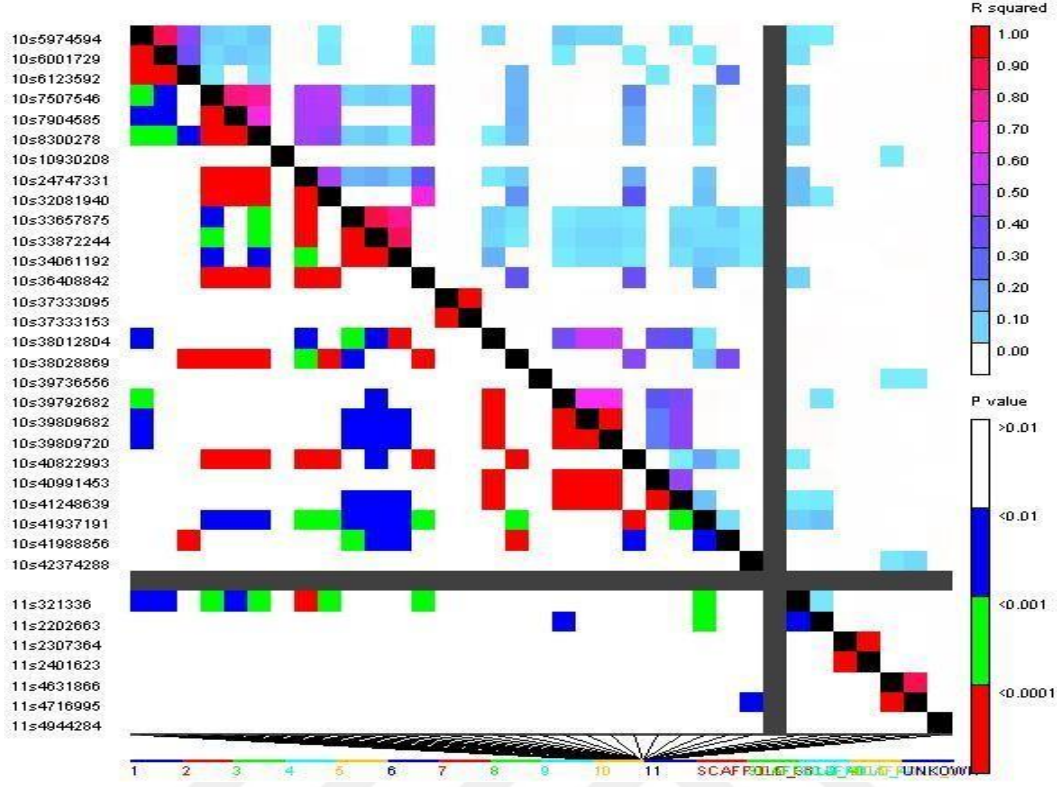


Şekil 4.22. SNP markörleri kullanılarak oluşturulan fasulye gen kaynaklarındaki popülasyon yapısı

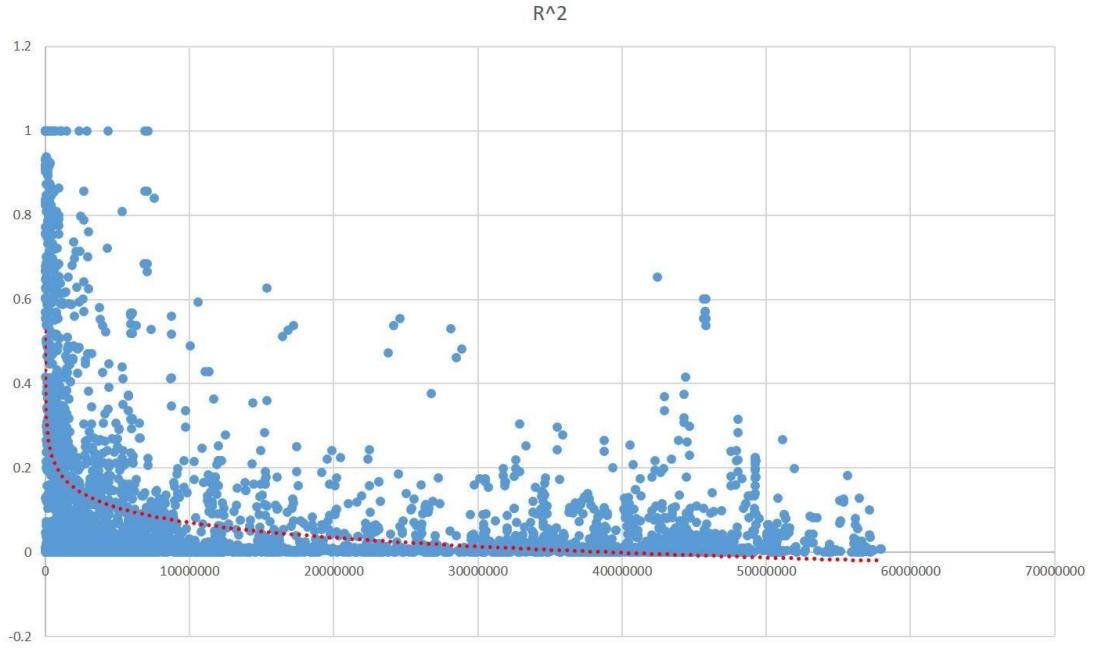
4.4. DArTseq Markörleri Kullanılarak Fenotip İlişkili Haritalama ve Bağlantı (Linkage) Dengesizliği

Çalışmada fenotip ile ilişkili markörleri belirleyebilmek için, DArTseq dizileme markörleri kullanılmıştır. Fenotip ilişkisini ortaya koyabilmek için ağırlaştırılmış karma doğrusal model (Weighted Mixed Linear Model, WMLM) yaklaşımında ağırlıklama metodu kullanılmıştır. Modelde popülasyonun aile yapısını doğrulamak için popülasyona aidiyet katsayısı olan Q ve akrabalık katsayısı K değeri birlikte (yani Q+K modeli) uygulanmış ve analizler Tassel v 5.2.50. istatistik programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Özellik-markör ilişkisini değerlendirebilmek için hesaplanan düzeltilmiş ortalamalara ait veriler beş ayrı çevrede 2 yıl boyunca yürütülen denemelerden elde edilmiştir. Düzeltilmiş ortalamalar fenotipik veri olarak değerlendirilmiştir. Fenotip ile ilişkili markörleri belirlemede kullanmak için, toplamda 10865 DArTseq dizileme markörü seçilmiştir. Her özelliğe ait ve önemli olduğu belirlenen markörün hangi kromozom üzerinde lokalize olduğu Manhatan grafiği kullanılarak gösterilmiştir. Her grafik Tassel programında p değerinin $-\log_{10}$ 'nu kullanılarak kromozom üzerindeki lokalizasyonu oluşturulmuştur. Bağlantı dengesizliği (Linkage disequilibrium, LD) hesaplanarak heat map haritaları geliştirilmiştir (Şekil 4.23).

Çalışmada, toplam markörün %72.71 (7900)'si fasulye genomu üzerinde haritalanmış ve %27.28 (2965)'i yeni markör olarak bulunmuştur. Her kromozomda haritalanmış markör sayısı 931 (kromozom 2) ile 591 arasında (kromozom 6) değişim göstermiştir (Çizelge 4.9. Tüm nükleer genom içerisinde markörler arasındaki uzaklık 13,15 Mbp (kromozom 7) ile 18,99 Mbp (kromozom 3) arasında değişim gösterirken, ortalama uzaklık 15,54 Mbp olmuştur. Ortalama r^2 0,06 olarak bulunmuş ve önemli derecede LD %87,66 olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.10). Tüm genomda LD değeri kromozom 7 de 1.1 Mbs ile kromozom 3 ve 9 da 2,3 Mbs arasında ve ortalama LD değeri 1,61 Mbs olarak saptanmıştır. LD ve r^2 değerlerinde doğrusal olmayan bir eğilim gözlemlenmiş ve fiziksel haritada uzaklık azalmış (decayed) ve neredeyse 2,3 Mbs ve r^2 0.2 olarak bulunmuştur (Şekil 4.24).



Şekil 4.23. Türk fasulye gen kaynaklarında DArTseq markör kullanarak LD (bağlantı eşitsizliği) gösteren heat map



Şekil 4.24. Türk fasulye gen kaynaklarında genom çapında ortalama LD (bağlantı eşitsizliği)

Çizelge 4.10. Fasulyenin farklı kromozomlarında DArTseq markör kullanarak elde edilen bağlantı l dekey ve LD (%)

Kromozom	Markör sayısı	Ortalama mesafe (Mbs)	r^2	LD (%)	LD Dekay (Mb)
1	658	12,61	0,112	80,79	1,7
2	931	18,99	0,066	88,30	2,2
3	863	16,53	0,075	83,35	2,3
4	632	13,80	0,044	90,73	1,15
5	659	16,38	0,056	87,12	1,2
6	591	18,48	0,063	81,06	1,25
7	680	13,15	0,037	92,41	1,1
8	863	14,47	0,049	86,77	2,1
9	637	17,03	0,047	86,76	2,3
10	599	13,86	0,043	90,79	1,25
11	787	15,68	0,062	96,21	1,2
Scaffold	53	-	-	-	-
Bilinmeyen	2912	-	-	-	-
Ortalama		15,45	0,06	87,66	1,61

4.5. DArTseq Markörleri Kullanılarak Agronomik Özellikler İçin GWAS

Fasulye bitkisinde, toplamda 16 özellik üzerinde, markör ve fenotip arasındaki ilişki belirlenmeye çalışılmıştır. Bu çalışmada incelenen özelliklerden, bitkideki bakla sayısı, bakladaki tane sayısı ve tane uzunluğu ile ilişkili önemli markör bulunamamış, diğer tüm özelliklerde ilişkili önemli markörler bulunmuştur (Çizelge 4.11).

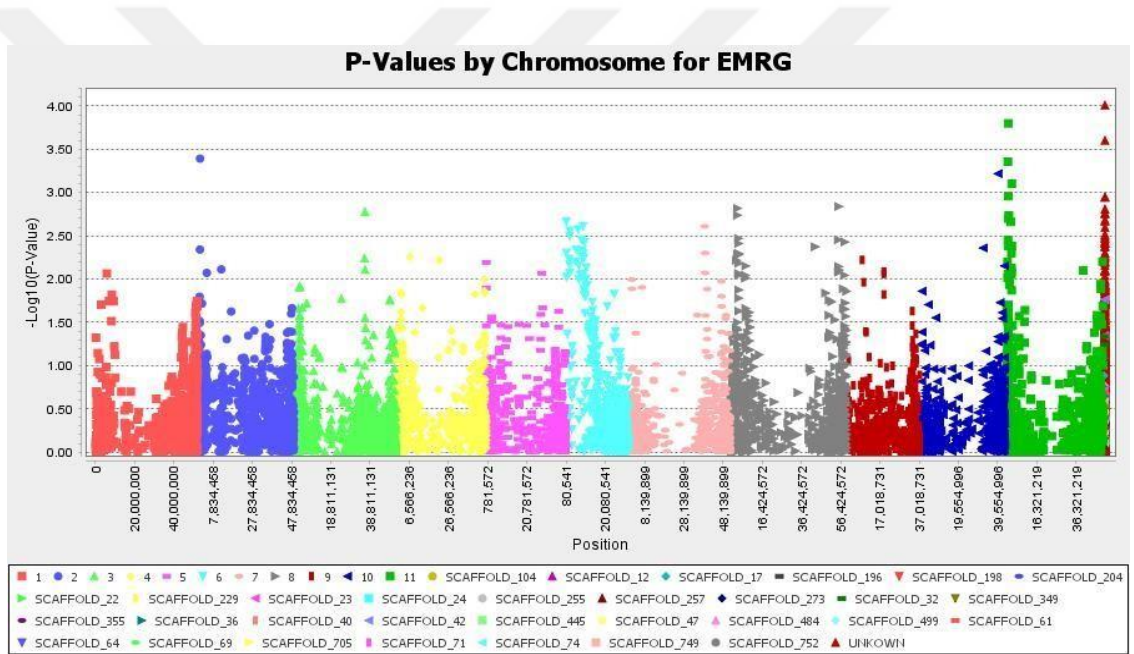
Çizelge 4.11. Türk fasulye gen kaynaklarında bazı tarımsal, kalite, pişme ve antioksidan özellikleri için istatistiki açıdan önemli düzeyde ilişkili DArTseq markörleri

Özellik	Markör	Kromozom	Genomdaki pozisyonu	<i>p</i> -değeri	<i>r</i> ²
Çıkış süresi	8179065	*	*	9,77E-05	0,087
İlk çiçeklenme süresi	8178418	8	52379898	6,35E-05	0,094
	8210539	1	17687046	1,05E-04	0,093
İlk bakla bağlana süresi	3373857	*	*	8,01E-05	0,101
	8214418	11	46685857	3,98E-05	0,101
İlk bakla yüksekliği	3368546	*	*	5,49E-05	0,095
Ana dal sayısı	8213452	1	4158924	6,68E-04	0,067
	3373387	1	5863585	7,84E-04	0,071
	3368511	4	43381002	9,64E-05	0,091
	3370619	*	*	5,65E-08	0,19
	3375564	11	46581607	9,10E-07	0,149
	3368749	*	*	5,23E-06	0,126
Yan dal sayısı	3376207	11	42973740	1,99E-05	0,112
	3365486	11	42973688	3,26E-05	0,104
	8201614	7	45813102	8,25E-05	0,098
	3370911	2	30380002	1,12E-04	0,089
Bitki Boyu	3371415	1	32260357	1,39E-06	0,143
	3369025	1	32260428	1,75E-06	0,154
	8180418	11	47442978	4,89E-06	0,122
	3368505	11	49215288	6,11E-06	0,126
	3371485	4	44955889	7,96E-06	0,117
	3374958	10	14474672	3,39E-05	0,098
	3374404	8	45467819	1,11E-04	0,087
	3369395	*	*	2,66E-05	0,103
	3366451	*	*	2,91E-05	0,105
	Olgunlaşma süresi	8666233	*	*	4,24E-06
8205245		8	12851720	2,46E-05	0,108
3374455		*	1185	5,21E-05	0,095
3372230		8	13218341	5,33E-05	0,099
Bakla uzunluğu	8213241	6	16390430	5,87E-05	0,107
Tohum genişliği	3373385	8	54980534	3,26E-04	0,082
Tohum kalınlığı	3370577	*	*	1,15E-04	0,088
	8175818	*	*	1,66E-04	0,085
Bitki verimi	8215545	8	56563358	1,21E-04	0,088
	3372052	9	20132762	1,29E-05	0,113
100 tohum ağırlığı	3367130	3	52018089	4,15E-05	0,103
	8214418	11	46685857	5,40E-05	0,1
	3375893	1	3824172	8,67E-05	0,093

*Bulunduğu kromozom saptanamadı

4.5.1. Çıkış Gün Sayısı

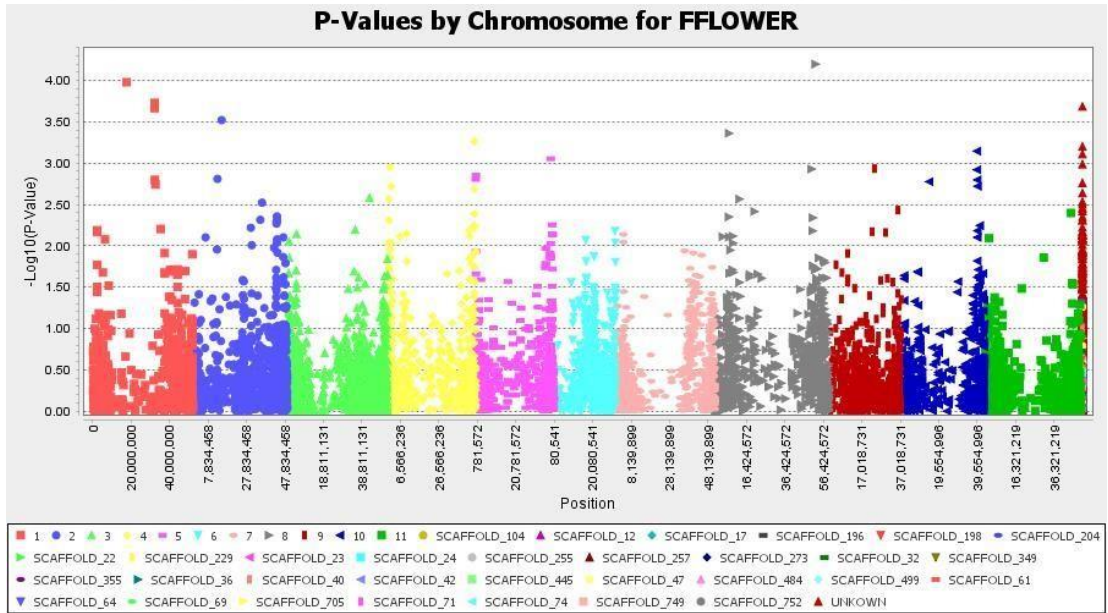
Çıkış gün sayısı ile ilişkili olarak DArtseq markörleri içerisinde 8179065 adlı markörle (p- değeri 9.77E-05) önemli ilişki tespit edilmiştir. Bu markör fasulye genomu içerisinde herhangi bir kromozom üzerinde dağılım göstermemiştir (Çizelge 11; Şekil 4.25). Ayrıca bu markör çıkış gün sayısı özelliğine ait oluşan varyasyonunun % 8.7'sini açıklamaktadır. Bugüne kadar fasulyede çıkış gün sayısı ile ilişkili ne bir markör ne de QTL bölgesi tanımlanamamıştır. Yapılan çalışma ile tanımlanan markörün doğruluğu çok yıllık veya çok lokasyonlu denemeler ile belirlendikten sonra marköre dayalı ıslahta kullanılması daha doğru olacaktır.



Şekil 4.25. Fasulyede DArtseq markörleri kullanarak çıkış gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.2. Çiçeklenme Gün Sayısı

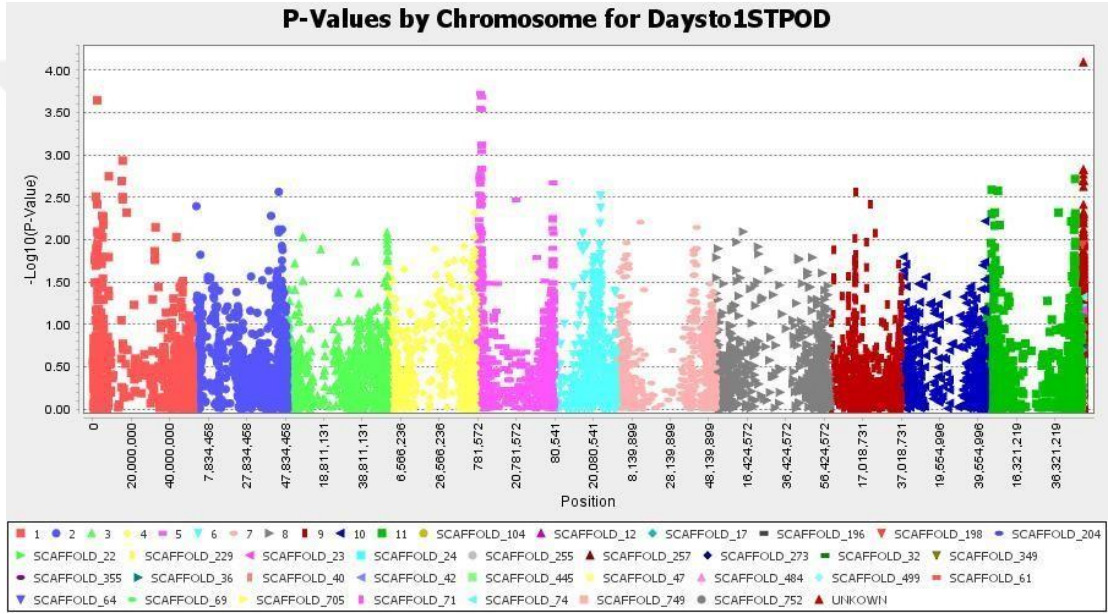
Fasulyede çiçeklenme gün sayısı ile ilişkili iki ayrı DArTseq markörü belirlenmiştir. Bunlar 8178418 ve 8210539 numaralı markörlerdir. Bu iki markörün çiçeklenme gün sayısı ile önemli düzeyde ilişkisinin olduğu saptanmıştır. 8178418 adlı markör çiçeklenme gün sayısına ait varyasyonun %9.4'ünü ifade etmekte olup, 8 nolu kromozom üzerinde ve 52379898 pozisyonda yer almaktadır (Çizelge 4.11; Şekil 4.26). Bununla birlikte, ikinci markör olan 8210539 adlı markör 1. kromozomda 17687046 pozisyonunda yer almakta ve bu özelliğe ait varyasyonun % 9.3'nü açıklamaktadır. Fasulyede vejetasyon süresini başarılı bir şekilde tamamlamanın anahtarı olan çiçeklenme gün sayısının verim üzerinde çok önemli bir etkisi bulunmaktadır (Cockram vd. 2011). Son zamanlarda yapılan çalışmalardan birinde, Ates vd. (2018) 1. ve 8. kromozomda ilişkili önemli markörler bulmuşlardır. Kamfwa vd. (2015) çiçeklenme gün sayısı ile ilişkili markörlerin yine kromozom 1 ve 8 üzerinde bulunduğunu bildirmişlerdir. Belirtilen bulgular bu çalışmada elde ettiğimiz sonuçları destekler niteliktedir



Şekil 4.26. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak çiçeklenme gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.3. Bakla Bağlama Gün Sayısı

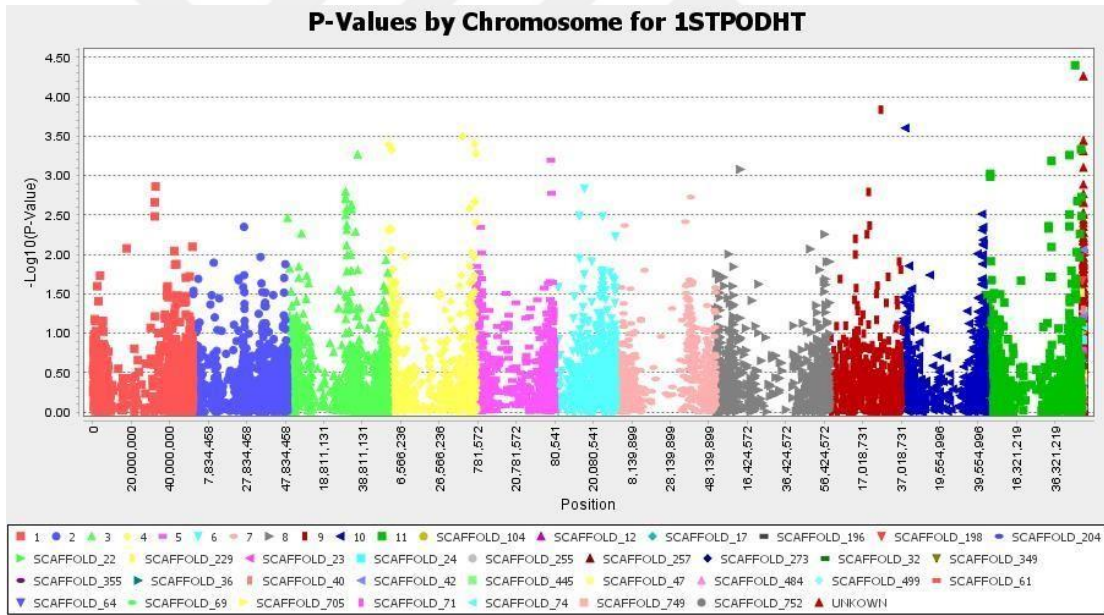
Çalışmada elde edilen veriler, bakla bağlama gün sayısı ile ilgili sadece bir markörün (3373857) önemli bir ilişki içinde olduğunu ($8.01E-05$) göstermiştir. 3373857 markörünün yeni bir markör olduğu bulunmuş ve herhangi bir kromozomdaki pozisyonu henüz bilinmemektedir. Bu özelliğe ait varyasyonun % 10.1'ini açıklamaktadır (Çizelge 4.10; Şekil 4.27). Bugüne kadar, bakla bağlama gün sayısı ile alakalı herhangi bir çalışma yapılmamıştır. Bu çalışmada ilişkili olduğu belirlenen 3373857 markörü fasulye ıslahında kullanılabilir.



Şekil 4.27. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ilk bakla bağlanma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.4. İlk Bakla Yüksekliği

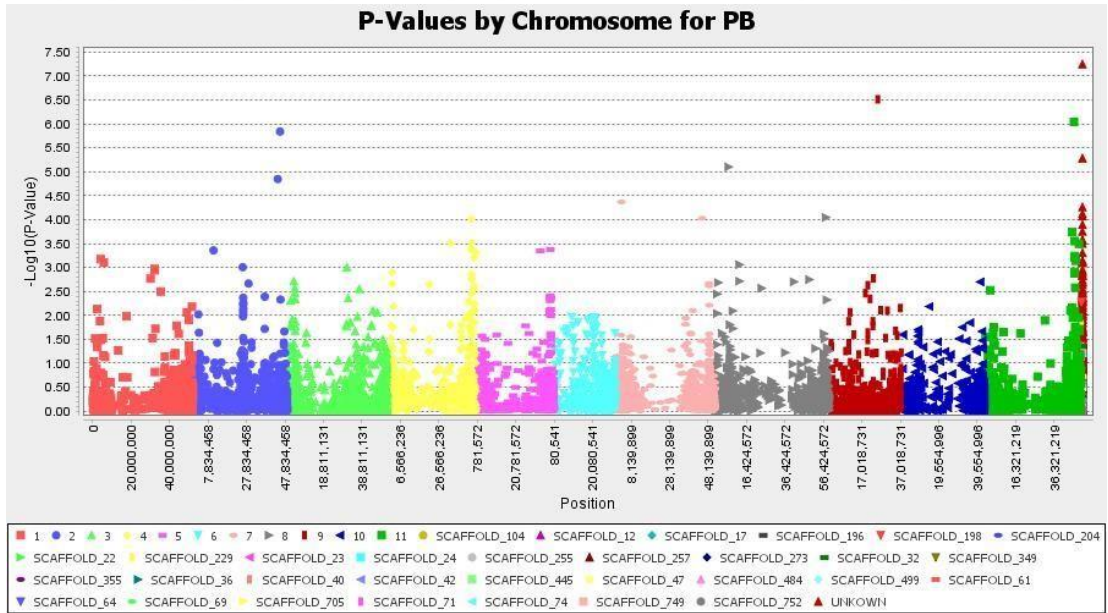
İlk bakla yüksekliği fasulyede hasadın mekanize olabilmesi ile alakalı önemli bir parametredir. Yürütülen çalışma sonucunda, bu özellik bakımından ilişkili iki markör saptanmıştır. 8214418 ve 3368546 numaralı iki markörün ilk bakla yüksekliği ile önemli derecede ilişkili olduğu tespit edilmiştir. (Çizelge 4.11, Şekil 4.28). 8214418 markörünün ($p= 3.98E-05$) en önemli ilişkiyi gösterdiği ve varyasyonun yaklaşık %10.1'ini açıkladığı, 8. kromozom üzerinde yer aldığı belirlenmiştir. Bununla birlikte 3368546 markörünün herhangi bir kromozom üzerindeki pozisyonu bilinmemektedir. Şimdiye kadar ilk bakla yüksekliğini irdeleyen ve ilişkili markör bulmaya yönelik herhangi bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Bu iki markör de (8214418 ve 3368546) doğruluğu saptandıktan sonra mekanizasyonlu hasada uygun fasulye ıslahında kullanılabilir.



Şekil 4.28. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ilk bakla yüksekliği için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.5. Ana Dal Sayısı

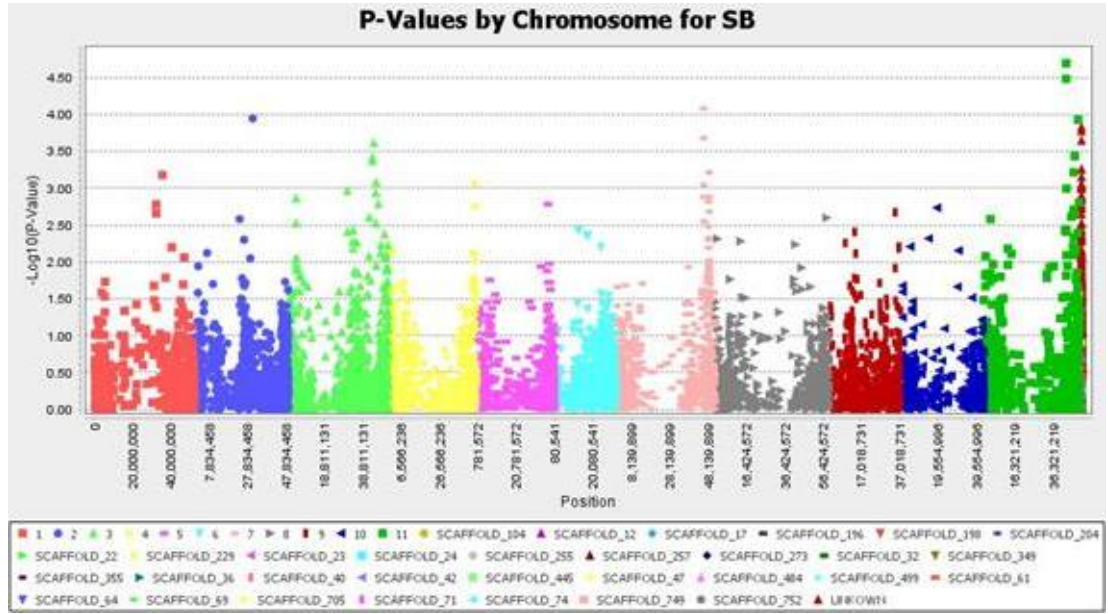
Ana dal sayısı ile ilişkili olarak 6 adet DArtseq markörünün önemli ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Bu markörlerden 4 adedinin fasulye genomu içerisinde 4 ve 11 nolu kromozomlarda yer aldığı saptanmış, iki adedinin ise kromozom lokasyonu belirlenememiştir (Çizelge 4.11; Şekil 4.29). 8213452 ve 3373387 nolu markörler 1. kromozom üzerinde sırasıyla 4158924 ve 5863585 pozisyonunda yer almaktadır. Bununla birlikte, 3368511 adlı markör 4. kromozomda 43381002 pozisyonunda yer almıştır. 11. kromozomda birincil dal sayısı ile önemli ilişki tespit edilmiştir. 3375564 adlı markör 46581607 pozisyonunda bu kromozom üzerinde yer almıştır. Bununla birlikte 3370619 ve 3368749 markörleri herhangi bir kromozom üzerinde pozisyonu bilinmeyen ancak birincil dal sayısı ile önemli ilişki tespit edilen yeni markörlerdir. Markörler içerisinde en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 5.65E-08$) 3370619 nolu markör göstermiştir. DArtseq markörü bu özelliğe ait varyasyonun % 19'unu açıklamaktadır. Bu çalışma, birincil dal sayısını irdeleyen ve ilişkili markör bulmaya yönelik ilk çalışma olması nedeniyle ayrı bir öneme sahip olup, belirlenen markörler, marköre dayalı fasulye ıslahında kullanılabilir.



Şekil 4.29. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ana dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.6. Yan Dal Sayısı

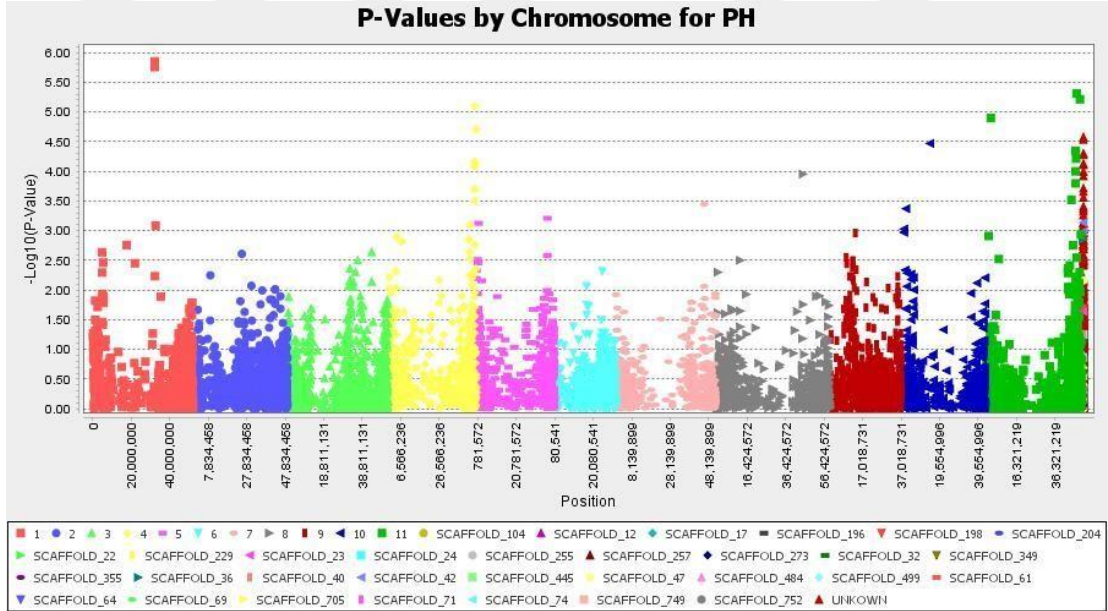
Yan dal sayısı ile toplamda dört markörün önemli ilişki içinde olduğu tespit edilmiştir. Belirlenen markörler 3370911, 8201614, 3376207 ve 3365486 adlı markörler olup, sırasıyla 2, 7 ve 11 nolu kromozomlarda bulunmaktadır (Çizelge 4.11; Şekil 4.30). 3376207 markörü 11. kromozoda 42973740 nolu pozisyonda yer alırken, 3365486 markörü yine aynı kromozomda 42973688 pozisyonda yer aldığı belirlenmiştir. 3370911 markörü kromozom 2’de yayılmış olup, 8201614 markörü ise kromozom 7 üzerinde yer almıştır. Markörler içerisinde 3376207 markörü en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 1.99E-05$) göstermiştir. DArTseq markörü ikincil dal sayısına ait varyasyonun % 11.2’ni açıklamaktadır. Birincil dal sayısına benzer olarak, daha önceleri ikincil dal sayısı ile ilgili markörlerle ilişkili her hangi bir çalışma rastlanmamıştır. Toplam dal sayısı ile alakalı olarak, Tar’an vd. (2002)’nin yapmış oldukları QTL çalışmada 2. kromozomla ilgili bağlantı bulunmuştur. Bu markörü fasulye ıslah aktiviteleri içerisinde almadan öncelikli olarak, 3370911 markörünün de aynı kromozom üzerinde yer alması nedeniyle bu markörün ikincil dal sayısı ile ilişkisinin doğrulanması önem göstermektedir.



Şekil 4.30. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak ikincil dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.7. Bitki Boyu

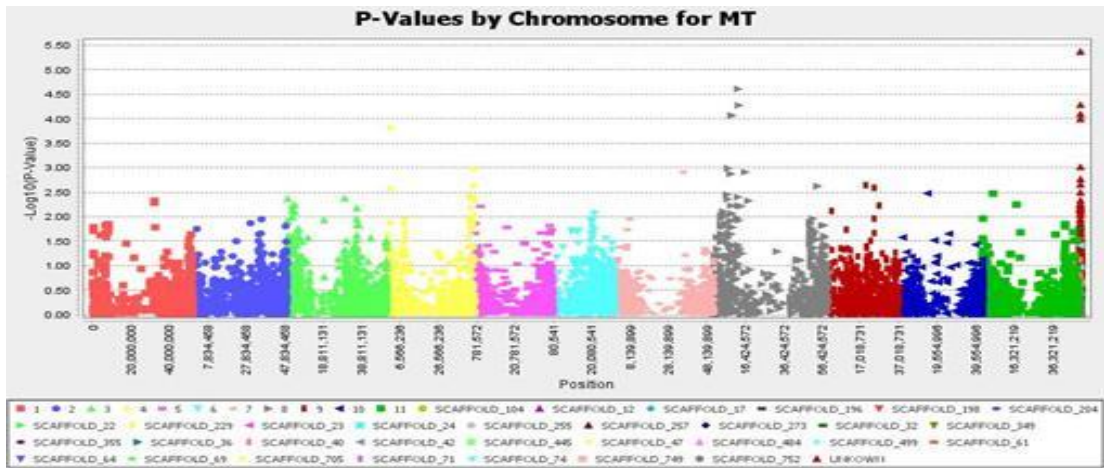
Toplamda 9 adet DARTseq markörü ile bitki boyu arasında önemli ilişki tespit edilmiştir. Bu markörler fasulye genomu içerisinde 1, 4, 10 ve 11 nolu kromozomlar üzerinde ve kromozomu bilinmeyen, bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11; Şekil 4.31). 3371415 ve 3369025 markörleri kromozom 1 üzerinde dağılım göstermiş ve sırasıyla 32260357, 32260428 pozisyonunda yer almıştır. 3371485 ve 3374404 markörleri sırasıyla kromozom 4 ve 8 üzerinde dağılım göstermiştir. 8180418 ve 3368505 markörleri kromozom 11 üzerinde dağılım göstermiştir. 3369395 ve 3366451 markörlerinin ise kromozom lokasyonları saptanamamıştır. Kromozom 1 üzerinde yer alan 3369025 markörü en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 1.75E-06$) göstermiştir. DARTseq markörleri bitki boyuna ait varyasyonun %15.4'nü açıklamaktadır. Agrawal, (2014) bitki boyu ile ilişkili markörlerin yine kromozom 8 ve 11 üzerinde bulunduğunu bildirerek bizim bu çalışmada elde ettiğimiz sonuçları desteklemektedir. Bu markörlerin doğruluğunun belirlenmesinden sonra fasulye ıslahında kullanılması mümkün olacaktır.



Şekil 4.31. Fasulyede DARTseq markörleri kullanarak bitki boyu için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.8. Olgunlaşma Gün Sayısı

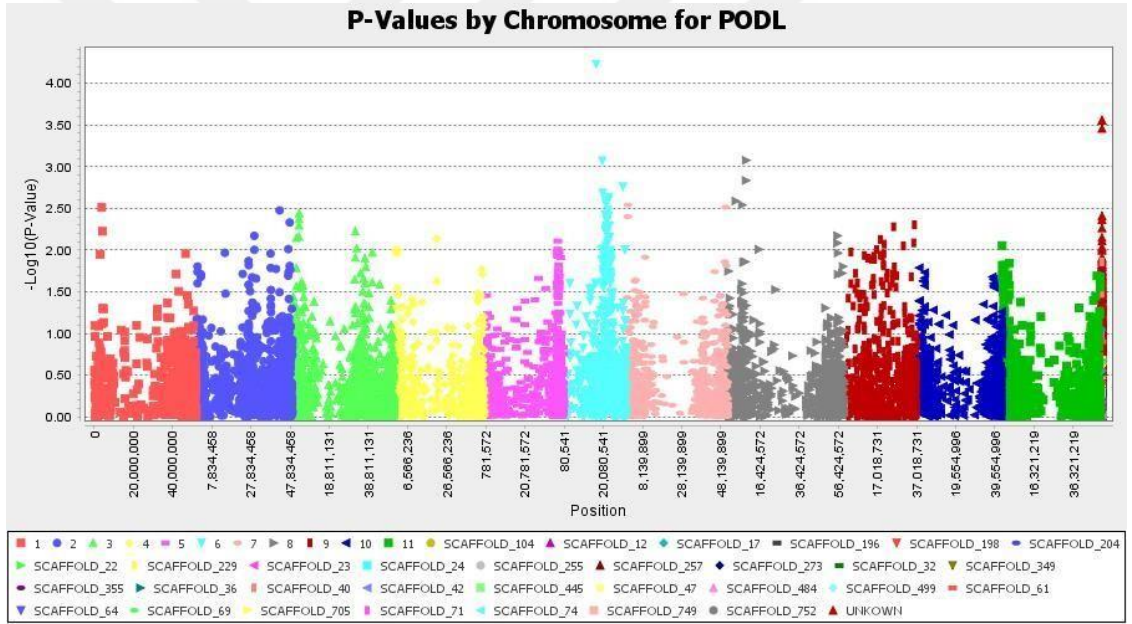
Olgunlaşma gün sayısı ile ilişkili 4 adet önemli DARTseq markörü tespit edilmiş ve bu markörlerden iki adedinin fasulye genomu içerisinde 8 nolu kromozom üzerinde olduğu belirlenmiş olup, diğerlerinin kromozom lokasyonu saptanamamıştır (Çizelge 4.11; Şekil 4.32). 8666233 markörü en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 4.24E-06$) göstermiş ve bu markör olgunlaşma gün sayısı için varyasyonun %13'nü açıklamaktadır. 8205245 ve 3372230 markörleri 8. kromozoda ve sırasıyla 12851720 ve 13218341 nolu pozisyonlarda yer almıştır. Elde ettiğimiz bulgular, Galeano vd. (2012)'nin bulguları ile uyumlu olup, olgunlaşma gün sayısı ile ilişkili markörün 8. kromozom üzerinde yer bulunduğunu bildirmişlerdir. Bununla birlikte, 8666233 ve 3374455 adlı markörlerin ne kromozomları ne de kromozom pozisyonları saptanabilmiştir. Kamfwa vd. (2015)'in yapmış oldukları çalışmada elde ettikleri bulgular bizim bulgularımızdan farklılık göstermektedir. Kamfwa vd. (2015) olgunlaşma gün sayısı ile ilişkili markörün kromozom 1 üzerinde yer aldığını bildirmişlerdir. Benzer olarak, Agrawal (2014)'ün yapmış olduğu çalışma bizim sonuçlarımızdan farklı olarak bu özellikle ilişkili markörlerin 7. ve 9. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiş olduğunu bildirmiştir. Olgunlaşma gün sayısı, farklı coğrafik bölgelere adaptasyonun kritik anahtarıdır (Kamfwa vd. 2015). Bu nedenle, gelecek ıslah çalışmaları için farklı araştırmacılar tarafından bulunan ilişkili markörler ile yapmış olduğumuz bu çalışmada tanımlanan yeni markörlerin doğrulanmasına ihtiyaç duyulmaktadır.



Şekil 4.32. Fasulyede DARTseq markörleri kullanarak olgunlaşma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.9. Bakla Uzunluęu

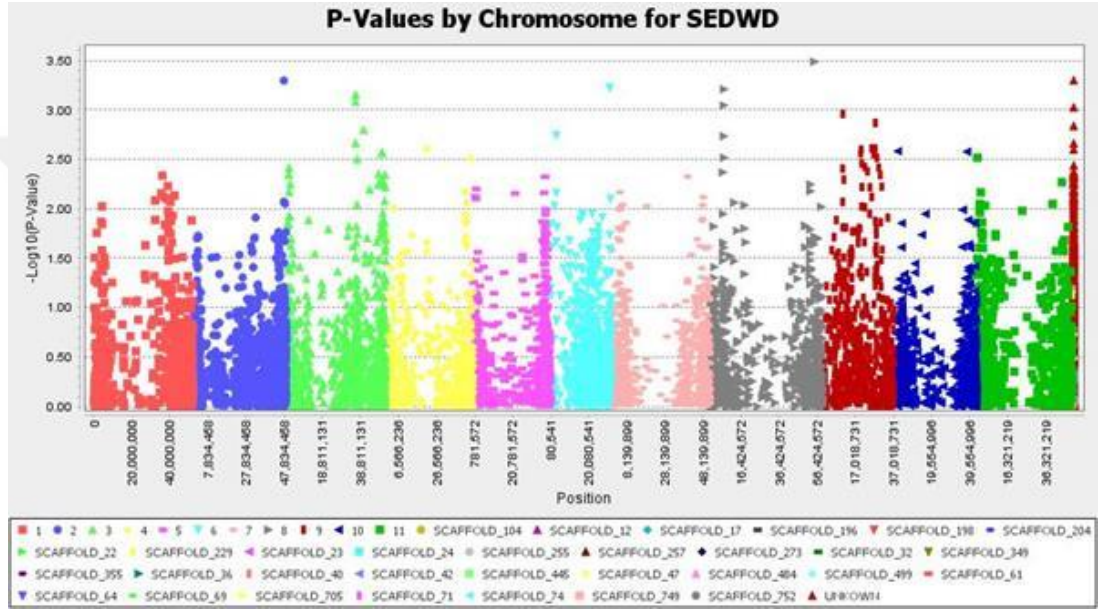
Bu alıřmada, bakla uzunluęu ile nemli ($8.01E-05$) iliřki gsteren sadece bir markr (8213241) saptanmıřtır. 8213241 markr 6. kromozom zerinde daęılım gstermiřtir. Bu markr bu zellikle nemli derecede iliřki ($P = 5.87E-05$) gstermiřtir. Bu zellięe ait varyasyonun % 10.7'sini aklamaktadır (izelge 4.11; Őekil 4.33). Galeano vd. (2012)'nin yapmıř olduęu alıřmada iliřkili markrn 3. kromozomda, Souza vd. (2017) yapmıř oldukları QTL alıřmasında ise zellięin 8. kromozomla baęlantılı olduęunu vurgulanmıřlardır. Bu sonular bizim sonularımızdan farklılık gstermektedir. Bu nedenle, gelecek ıřlah alıřmaları iin Galelano vd. (2012) tarafından bulunan iliřkili markrler ile bu alıřmada tanımlanan yeni markrlerin doęrulanmasına ihtiya vardır.



Őekil 4.33. Fasulyede DArTseq markrleri kullanarak bakla uzunluęu iin oluřturulan Manhattan grafięi

4.5.10. Tohum Geniřlięi

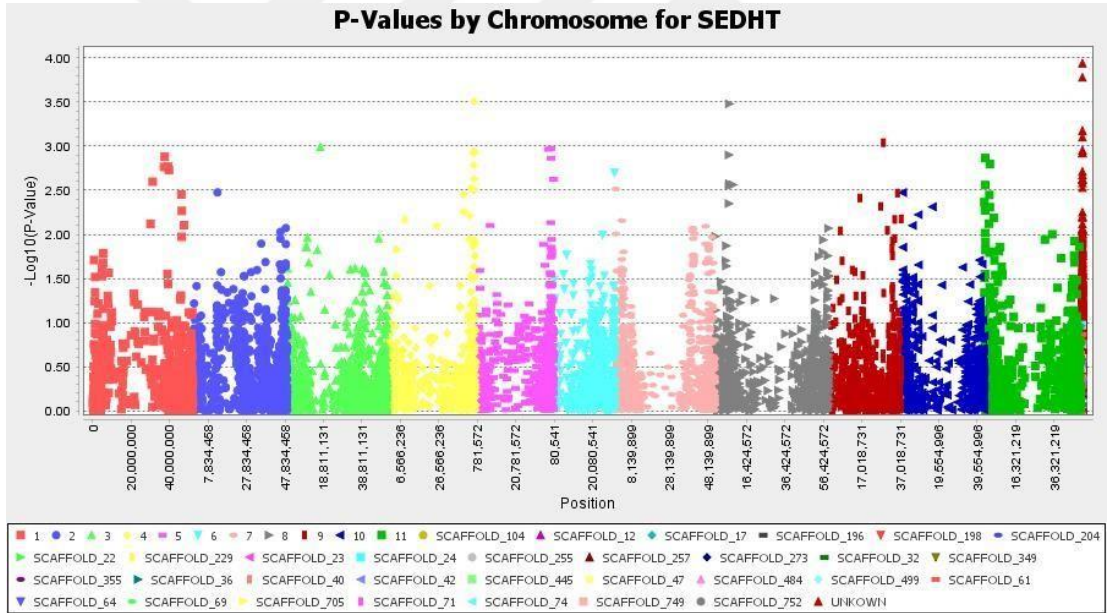
Tohum geniřlięi ile iliřkili sadece bir markör (3373385) önemli ($P=3.26E-04$) bulunmuřtur. Bu markör 8. kromozom üzerinde 54980534 nolu pozisyonda (Çizelge 4.11; Şekil 4.34) dağılım göstermiřtir. Markör bu özellięe ait varyasyonun % 8.2'sini açıklamaktadır. Elde edilen bu bulgular Perez Vega vd. (2010)'nın bulgularından farklılık göstermektedir. Arařtırıcılar, tohum geniřlięi ile ilgili QTL çalıřmasında baęlı markörlerin 3, 6 ve 7. kromozomlarda lokalize olduęunu saptamıřlardır.



Şekil 4.34. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak tohum geniřlięi için oluřturulan Manhattan grafięi

4.5.11. Tohum Boyu

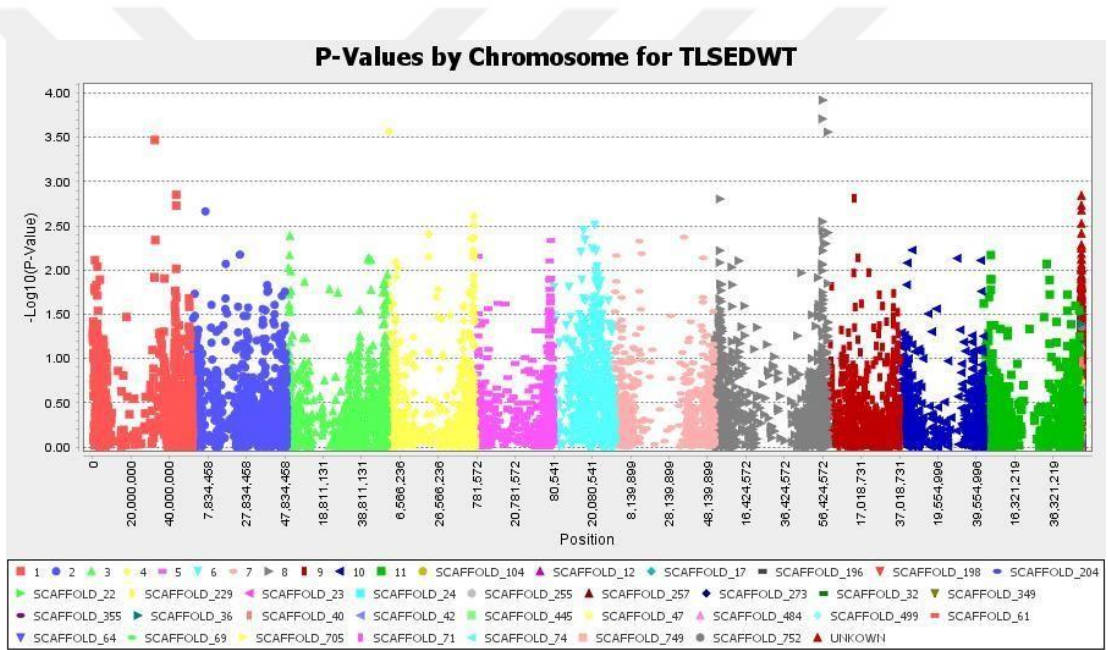
3370577 ve 8175818 adlı DARTseq markörleri ile tohum boyu arasında önemli ilişki tespit edilmiştir (Çizelge 4.11; Şekil 4.35). Bu markörlerin ne kromozomları ne de kromozom pozisyonları saptanabilmiştir. 3370577 markörü en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 1.15E-04$) göstermiş olup, bitki boyu için varyasyonun % 8.8'ni açıklamaktadır. Pérez-Vega vd. (2010)'nın fasülyeyle yürüttükleri QTL çalışmasında bu özelliğin 6 ve 8. kromozomla bağlantılı olduğunu bildirilmişlerdir. Ancak bu çalışmada belirlenen markörlerin kromozom pozisyonları hakkında bilgi mevcut değildir. Bu nedenle çalışılan markörlerin geçerliliğinin sınanması sonrasında kromozom ve pozisyonlarının belirlenerek onaylanması, ıslah çalışmalarında kullanılabilmesi için önem taşımaktadır.



Şekil 4.35. Fasülyede DARTseq markörleri kullanarak tohum boyu için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.12. Bitki Başına Verim

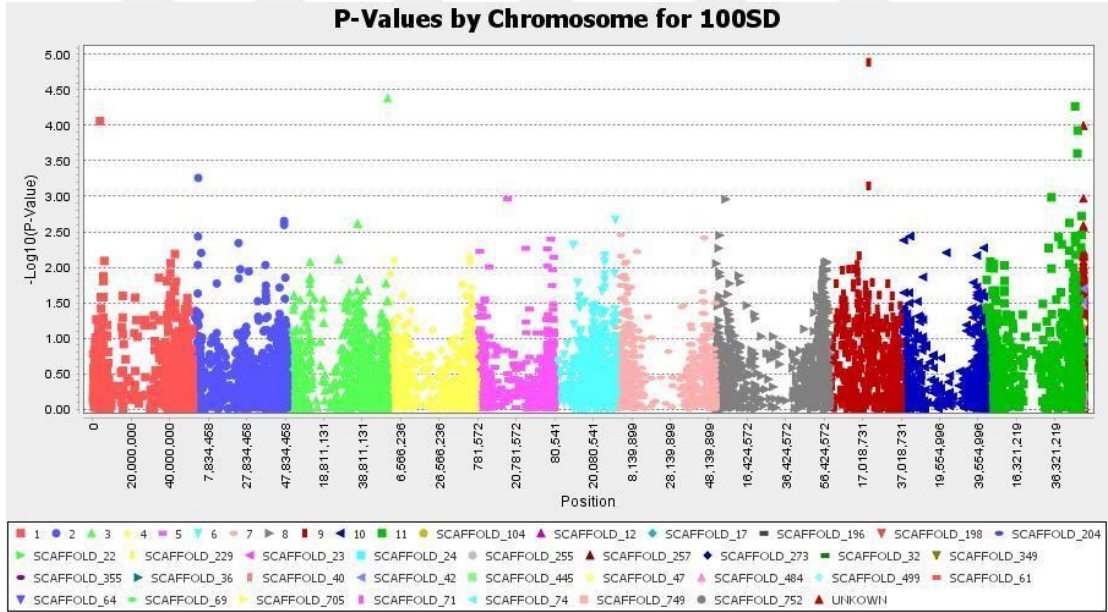
DARTseq markörleri içerisinde verim ile ilişkili 8. kromozom üzerinde dağılım gösteren 8215545 nolu sadece bir markör önemli bulunmuştur (Çizelge 4.11; Şekil 4.36). Bu markörün verimle ilişkisi çok önemli ($P=1.21E-04$) bulunmuştur. 8. kromozm üzerinde bulunan bu markör, bitki verimi için varyasyonun % 8.8'ini açıklamaktadır. Bulgularımıza benzer olarak Galeano vd. (2012)'nin yapmış oldukları çalışmada da verimle ilişkili markörün 8. kromozomda dağılım gösterdiğini bildirmişlerdir. Kamfwa vd. (2015) yapmış oldukları bir diğer çalışmada da verim ile ilişkili markörün 8. kromozomda olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 4.36. Fasulyede DARTseq markörleri kullanarak bitki başına verim için oluşturulan Manhattan grafiği

4.5.13. 100 Tohum Ağırlığı

Toplamda 4 adet DArTseq markörü ile 100 tohum ağırlığı arasında önemli ilişki tespit edilmiştir. Bu markörler fasulye genomu içerisinde 2, 3, 9 ve 11 kromozomları üzerinde dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11; Şekil 4.37). 3375893 markörü kromozom 2 üzerinde dağılım göstermiş 3824172 pozisyonunda yer almıştır. 3367130, 3372052 ve 8214418 markörleri sırasıyla 3., 9. ve 11. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir. Bu markörler içerisinde 3372052 markörü en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 1.29E-05$) göstermiş ve bu markör 100 tane ağırlığı için varyasyonun % 11.3'ünü açıklamaktadır. Kamfwa vd. (2015) tohum ağırlığı ile ilişkili markörler üzerinde yaptıkları çalışmada bizim bulgularımıza benzer olarak ilişkili markörlerin 3. ve 9. kromozom üzerinde dağılım gösterdiklerini bildirmişlerdir. Agarwal (2014), 100 tohum ağırlığı ile ilgili yaptığı çalışmada 9. Kromozom üzerinde yer alan 3372052 numaralı markörün maksimum varyasyonu gösterdiği ve bu özellikle önemli seviyede ilişkili olduğunu bildirmiştir. Bu çalışmada elde edilen bulgular bizim bulgularımızı destekler niteliktedir.

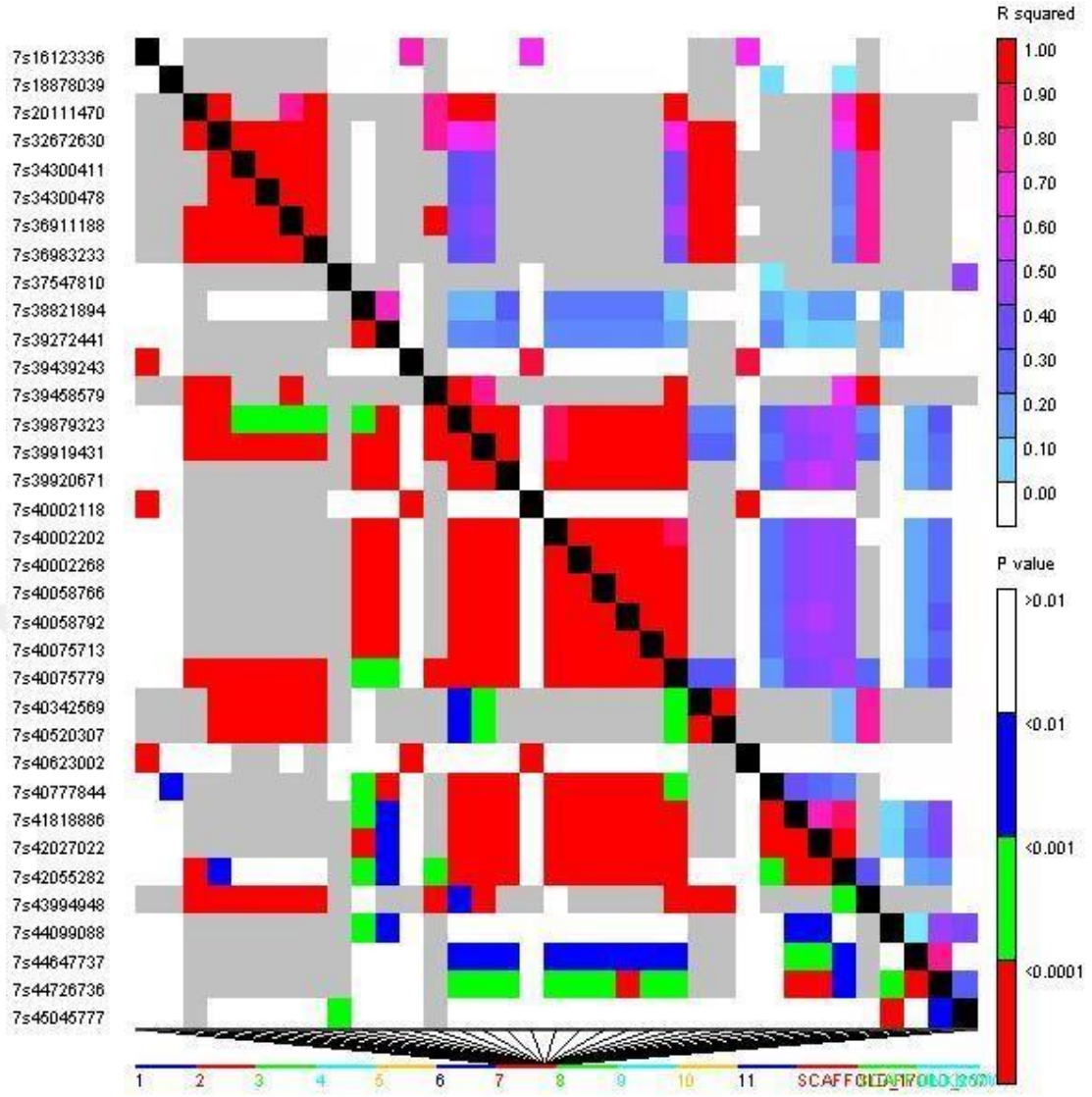


Şekil 4.37. Fasulyede DArTseq markörleri kullanarak 100 tohum ağırlığı için oluşturulan Manhattan grafiği

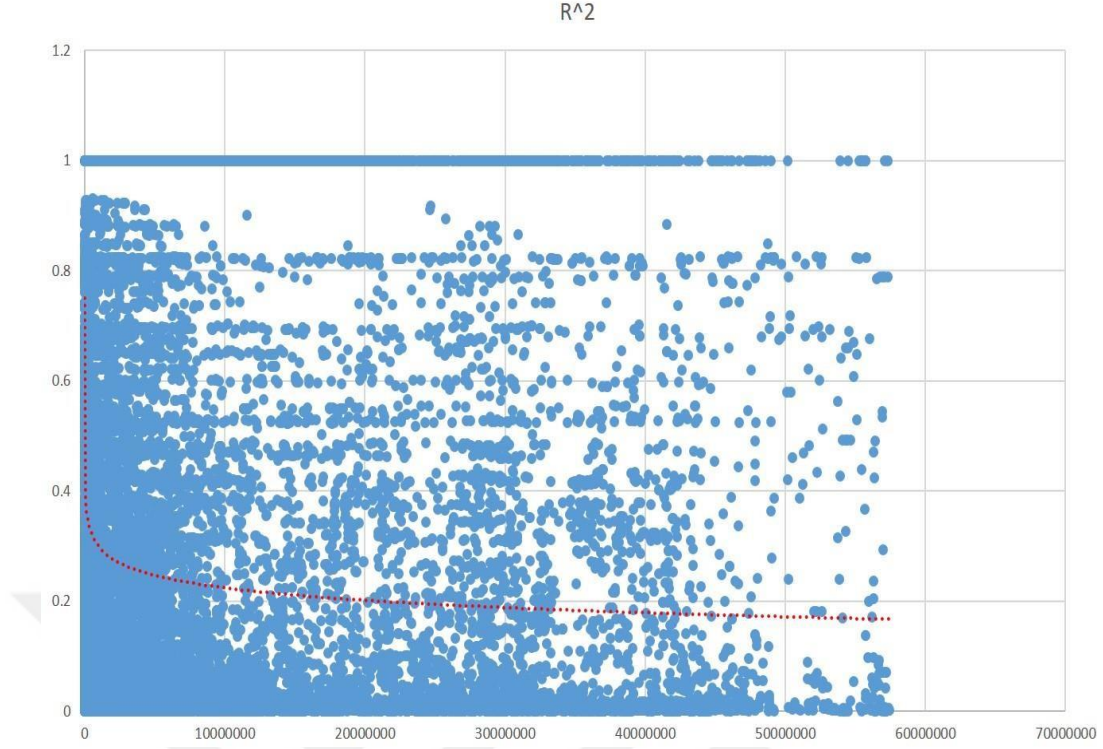
4.6. Bağlantı Eşitsizliği ve SNP Markörü Kullanılarak İlişkili Haritalama

Çalışmada özelliklerle ilgili ilişkili markörleri belirleyebilmek için SNP markörleri kullanılmıştır. Fenotiple olan ilişkisini ortaya koyabilmek için Doğrusal Karma Model (weighting Method for a Linear Mixed Model (WMLM)) yaklaşımında ağırlıklama metodu kullanılmıştır. Modelde populasyonun aile yapısını doğrulamak için popülasyona aidiyet katsayısı olan Q ve akrabalık katsayısı K değeri birlikte (yani Q+K modeli) uygulanmış ve analizler Tassel v 5.2.50. istatistik programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Özellik ve markör ilişkisini değerlendirebilmek için hesaplanan düzeltilmiş ortalamalara ait veriler 2 yıl boyunca yürütülen denemelerden elde edilmiştir. Düzeltilmiş ortalamalar fenotipik data olarak değerlendirilmiştir. Fenotip ile ilişkili markörleri belirlemede kullanmak için toplamda 10874 SNP markörü seçilmiştir. Her özelliğe ait ve önemli olduğu belirlenen markörün hangi kromozom üzerinde lokalize olduğu Manhatan grafiği kullanılarak gösterilmiştir. Her grafik Tassel programında p değerinin $-\log_{10}$ 'nu kullanılarak kromozom üzerindeki lokalizasyonu oluşturulmuştur. Bağlantı eşitsizliği (Linkage disequilibrium) hesaplanarak heat map haritaları geliştirilmiştir (Şekil 4.38).

Bu çalışma da toplam markörün % 87.43 (9508)'ü fasulye genomu üzerinde haritalanmış ve %12.56 (1366) yeni markör bulunmuştur. Kromozom başına haritalanmış markör sayısı 654 (kromozom 4) ile 1162 (kromozom 2) arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.12). Tüm nükleer genom içerisinde markörler arasındaki uzaklık 14.28 Mbp (kromozom 4) ile 24.86 Mbp (kromozom 6) arasında değişim gösterirken ortalama uzaklık 18.79 Mbp olmuştur. Ortalama r^2 0.252 olarak bulunmuş ve önemli derecede LD %73.44 olmuştur (Çizelge 4.12). SNP markörleri DArtseq markörlerine oranla daha yüksek ortalama r^2 değerine sahip olmuştur. Tüm genomda LD değeri kromozom 7 de 2.2 Mbs ile kromozom 7 ve 8 de 1.1 Mbs arasında değişmiş ve ortalama LD değeri DArtseq markörüne kıyasla daha düşük saptanmıştır. LD ve r^2 değerlerinde doğrusal olmayan bir eğilim gözlemlenmiş ve fiziksel haritada uzaklık azalmış ve neredeyse 2.2 Mbs ve r^2 0.35 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.39).



Şekil 4.38. Türk fasulye gen kaynaklarında SNP markör kullanarak LD (bağlantı eşitsizliği) gösteren heat map



Şekil 4.39. Türk fasulye gen kaynaklarında SNP markörleri kullanarak genom çapında ortalama LD (bağlantı eşitsizliği)

Çizelge 4.12. SNP markörleri kullanarak bağlantı eşitsizliği ve bağlantı dikey (decay)

Kromozom	Kromozom bazında markör sayısı	Ortalama mesafe (Mbs)	r^2	LD (%)	LD Decay (Mb)
1	915	17,53	0,201	76,93	1,22
2	1162	23,70	0,233	75,25	1,15
3	1003	19,21	0,179	82,07	1,2
4	654	14,28	0,305	65,74	1,1
5	761	18,91	0,271	73,04	1,35
6	795	24,86	0,212	78,95	1,25
7	858	16,60	0,272	72,13	1,3
8	1005	16,85	0,310	63,51	2,2
9	833	22,27	0,302	70,07	1,2
10	679	15,71	0,230	75,88	1,25
11	843	16,79	0,255	74,03	2,1
Scaffold	36	-	-	-	-
Unknown	1330	-	-	-	-
Mean		18,79	0,252	73,42	1,39

4.7. SNP Markörleri Kullanılarak Agronomik Özellikler İçin GWAS

Fasulye bitkisinde toplam 16 özellik üzerinde, markör ve fenotip arasındaki ilişki belirlenmeye çalışılmıştır. 14 özelliikle ile SNP markörleri arasında ilişki belirlenmesi sebebiyle, SNP markörlerinin DArtseq markörlerine oranla daha bilgi verici olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmada incelenen özelliklerden bitki verimi ve çıkış gün sayısı ile ilişkili önemli markör bulunamamış diğer tüm özelliklerde ilişkili önemli markörler bulunmuştur (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. Türk fasulye gen kaynağı için özellikleri için istatistik olarak önemli derecede ilişki markörleri

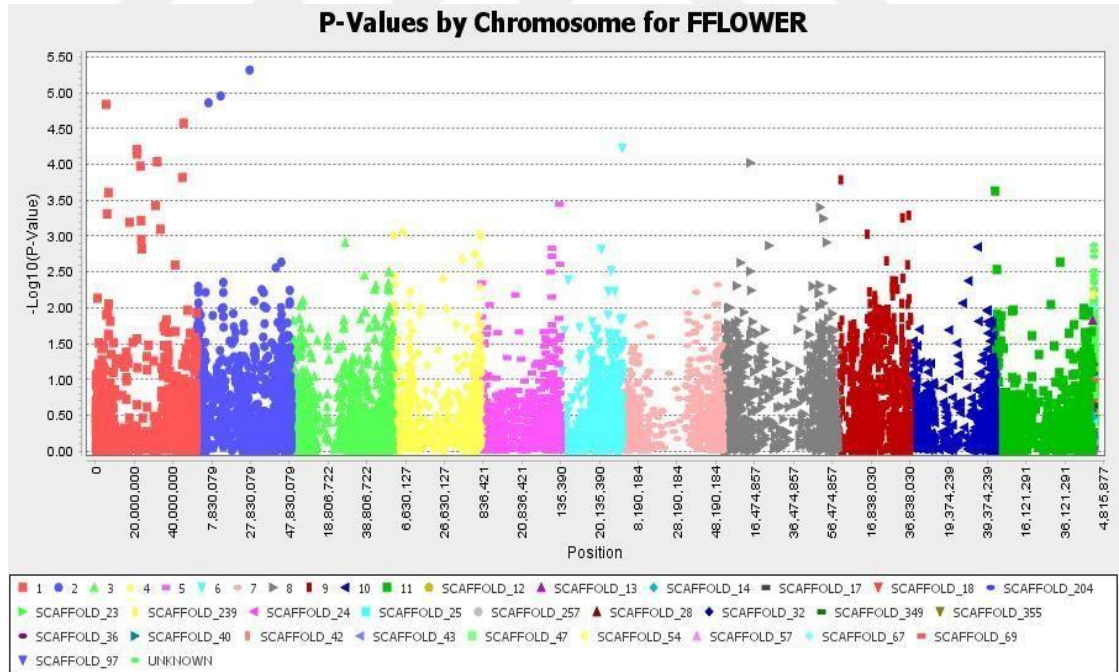
Özellikler	Markör	Kromzom	Genomdaki pozisyonu	P-değeri	r^2
İlk çiçeklenme süresi	SNP-3370894	2	27378707	4,81E-06	0,188
	SNP-3381206	2	12360331	1,10E-05	0,172
	SNP-3377249	2	6117407	1,38E-05	0,132
	SNP-8215208	1	5543193	1,45E-05	0,13
	SNP-8206455	1	45481267	2,66E-05	0,124
	SNP-3382273	6	31929801	5,95E-05	0,126
	SNP-3384591	8	14407830	9,46E-05	0,112
İlk bakla bağlanma süresi	SNP-3383199	5	2968069	9,87E-05	0,12
	SNP-3382217	5	2678209	1,35E-04	0,1
İlk bakla yüksekliği	SNP-1312231	*	Unknown	7,86E-07	0,37
	SNP-8205001	6	18211372	9,32E-07	0,23
	SNP-8203018	8	2076767	1,77E-06	0,16
	SNP-2234414	8	1734686	3,54E-05	0,12
	SNP-1832269	2	43027283	3,60E-05	0,13
	SNP-8669658	11	47972220	4,25E-05	0,1
	SNP-3370006	10	4094400	7,39E-05	0,11
Ana dal sayısı	SNP-3382473	8	20064548	7,63E-08	0,22
	SNP-3368199	3	407903	6,62E-06	0,14
	SNP-8211946	10	35345414	4,07E-05	0,12
	SNP-3381653	7	3116335	4,95E-05	0,12
	SNP-3378114	1	212648	5,60E-05	0,11
	SNP-8214582	4	21508899	2,59E-04	0,1
Yan dal sayısı	SNP-3382693	11	47729649	3,53E-04	0,103
Bitki boyu	SNP-1312148	4	44997878	3,32E-06	0,27
	SNP-3375955	1	44813993	3,74E-06	0,19
	SNP-3370374	10	827956	9,98E-06	0,22
	SNP-8200098	1	6009837	1,29E-05	0,14
	SNP-3368364	11	3007252	1,32E-05	0,18

Olgunlaşma süresi	SNP-3371107	8	48004795	1,70E-04	0,1023
	SNP-3384591	8	14407830	2,29E-04	0,1017
	SNP-1312148	4	44997878	2,70E-04	0,1426
	SNP-8204710	*	Unknown	2,84E-04	0,0978
Bitkide bakla sayısı	SNP-8203670	4	43500659	2,66E-06	0,152
	SNP-3376516	2	36558773	1,34E-04	0,103
	SNP-3381950	6	21077460	1,35E-04	0,104
Bakla uzunluğu	SNP-3381510	6	13274311	1,14E-04	0,105
	SNP-3366498	*	Unknown	1,28E-04	0,166
	SNP-3374942	5	15961142	1,31E-04	0,172
	SNP-8201096	2	28769976	1,40E-04	0,164
	SNP-3368865	10	42401540	1,51E-04	0,158
	SNP-8206406	4	39768916	1,60E-04	0,167
	Baklada tohum sayısı	SNP-3374492	5	16837439	6,67E-05
SNP-3381021		10	39954100	1,21E-04	0,1
Tohum uzunluğu	SNP-3377622	7	9059811	2,11E-05	0,152
	SNP-8205001	6	18211372	2,72E-05	0,174
	SNP-3382960	*	Unknown	3,82E-05	0,188
	SNP-3380023	7	9029942	5,47E-05	0,138
	SNP-2234654	10	4897253	1,10E-04	0,173
Tohum genişliği	SNP-3377188	1	35090083	4,24E-08	0,205
	SNP-3372983	*	Unknown	5,05E-08	0,348
	SNP-8208087	3	41610080	5,35E-08	0,336
	SNP-8197489	4	42818493	6,52E-08	0,355
	SNP-1664690	2	30010180	7,22E-08	0,34
	SNP-3368865	10	42401540	7,28E-08	0,329
Tohum kalınlığı	SNP-3382594	6	22642069	1,55E-06	0,197
	SNP-3377215	9	37315649	1,75E-06	0,167
	SNP-3380531	4	44446487	1,98E-06	0,165
	SNP-8199906	7	48227353	2,56E-06	0,184
	SNP-3383809	8	54971157	1,37E-05	0,136
	SNP-3382937	10	41588678	1,74E-05	0,132
100 tohum ağırlığı	SNP-3381021	10	39954100	1,71E-06	0,16
	SNP-3382031	10	37966614	1,87E-06	0,16
	SNP-3379372	10	39957065	2,50E-06	0,15
	SNP-8198017	10	37893194	2,97E-06	0,17
	SNP-3377213	10	40319134	3,34E-06	0,15
	SNP-8669652	7	45045843	5,67E-06	0,17
	SNP-3377812	10	40168107	6,15E-06	0,14
	SNP-3384303	7	45045777	7,27E-06	0,16
SNP-8669755	*	Unknown	7,71E-06	0,14	

*Bulunduğu kromozom saptanamadı

4.7.1. Çiçeklenme Gün Sayısı

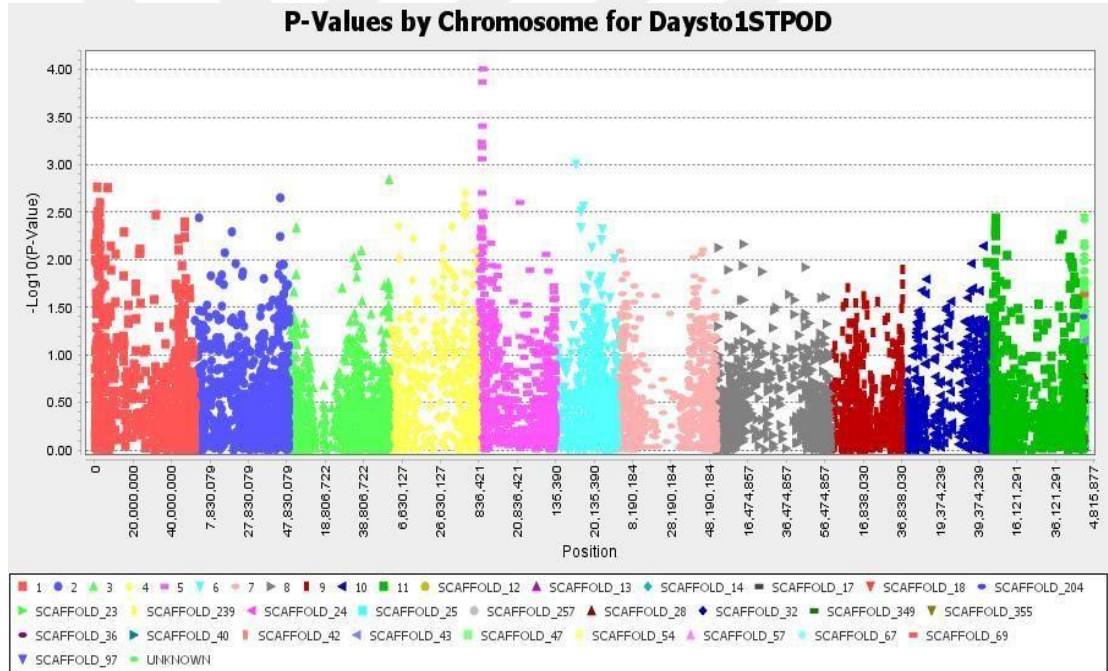
SNP markörleri içerisinde toplamda çiçeklenme gün sayısı ile 7 markör arasında önemli ilişki tespit edilmiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.40). Önemli ilişki gösteren markörlerden SNP-8215208 ve SNP-8206455 1. kromozom üzerinde, SNP-3370894, SNP-3381206 ve SNP-3377249 markörleri 2. kromozom üzerinde, SNP-3382273 ve SNP-3384591 markörleri sırasıyla 6. ve 8. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir. Bu özellik ile önemli ilişki gösteren 7 markör arasından SNP-3370894 markörü istatistiki ($P = 4.81E-06$) olarak önemli ve en yüksek ilişkiyi göstermiştir. Ayrıca bu markör çiçeklenme gün sayısı varyasyonunun % 18.8'ini açıklamaktadır. Fasulye tane verimi üzerine önemli etkide bulunan çiçeklenme gün sayısı (Cockram vd. 2011) üzerine yapılan son çalışmalardan bir tanesinde, Nemli vd. (2018), 1. ve 2. kromozomda ilişkili önemli markörler saptamışlardır. Kamfwa vd. (2015) çiçeklenme gün sayısı ile ilişkili markörlerin yine 1. ve 8. kromozom üzerinde bulunduğunu saptamışlardır. Belirtilen sonuçlar bizim bulgularımızı destekler niteliktedir.



Şekil 4.40. Fasulyede SNP markör kullanarak çiçeklenme gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.2. Bakla Bağlama Gün Sayısı

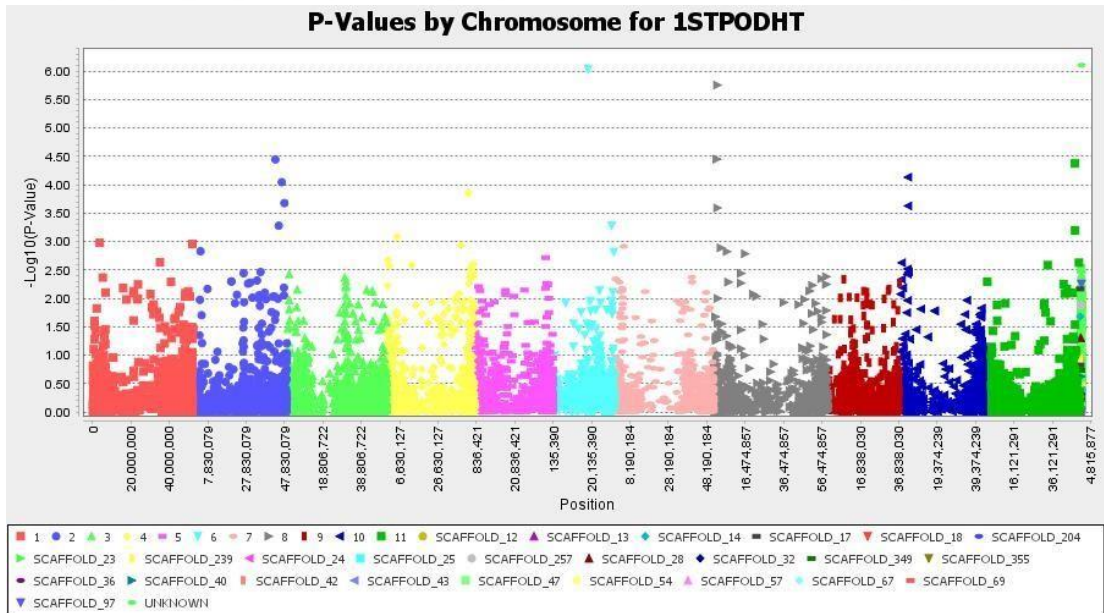
Bakla bağlama gün sayısı bakımından elde edilen sonuçlar incelendiğinde, 5. kromozomda dağılım gösteren SNP-3383199 ve SNP-3382217 adlı iki markör ile bakla bağlama gün sayısı arasında önemli bir ilişki olduğu saptanmıştır. SNP-3383199 markörü istatistiki ($P = 9.87E-05$) olarak önemli ve en yüksek ilişkiyi göstermiştir. Ayrıca bu markör çiçeklenme gün sayısı varyasyonunun % 12'sini açıklamaktadır (Çizelge 4.13; Şekil 4.41). Bugüne kadar, bakla bağlama gün sayısı ve ilişkili markör belirlenmesi ile ilgili herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu nedenle, ilişkili olduğu tespit edilen bu iki markörün doğrulanması sonrasında marköre dayalı fasulye ıslahında kullanılması daha doğru sonuçlara ulaşılabilmesi bakımından önem taşımaktadır.



Şekil 4.41. Fasulyede SNP markör kullanarak bakla bağlanma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.3. İlk Bakla Yüksekliği

İlk bakla yüksekliği özellikle makineli hasat açısından önemli bir role sahiptir. Çalışma sonucunda bu özellik ile ilişkili toplamda 7 markör bulunmuştur (Çizelge 4.13, Şekil 4.42). 1832269 markörü 2. kromozomda SNP-8205001 markörü ise 6.kromozomda dağılım göstermiş ve ilk bakla yüksekliği ile ilişkili bulunmuştur. SNP-8203018 ve 2234414 markörleri 8. kromozom üzerinde dağılım göstermiş ve ilişkili bulunmuş diğer markörlerdir. Yine bu özellekle ilişkili olduğu tespit edilen SNP-3370006 ve SNP-8669658 markörleri sırasıyla 10 ve 1. kromozomlarda dağılım göstermişlerdir. Önemli ilişki tespit edilen yedi bağlantılı markör içerisinde SNP-1312231 markörü ($p=7.86E-07$) en önemli ilişkiyi gösterdiği ve varyasyonun yaklaşık %37'sini açıkladığı belirlenmiştir. Bununla birlikte SNP-1312231 markörü herhangi bir kromozom üzerindeki pozisyonu bilinmeyen yeni bir markördür. Şimdiye kadar ilk bakla yüksekliği ile ilişkili markör bulmaya yönelik herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu yedi markör bu özellik ile ilişkilerinin doğrulanması sonrası fasulye ıslahında makineli hasat açısından marköre dayalı seleksiyon için kullanılabilir.

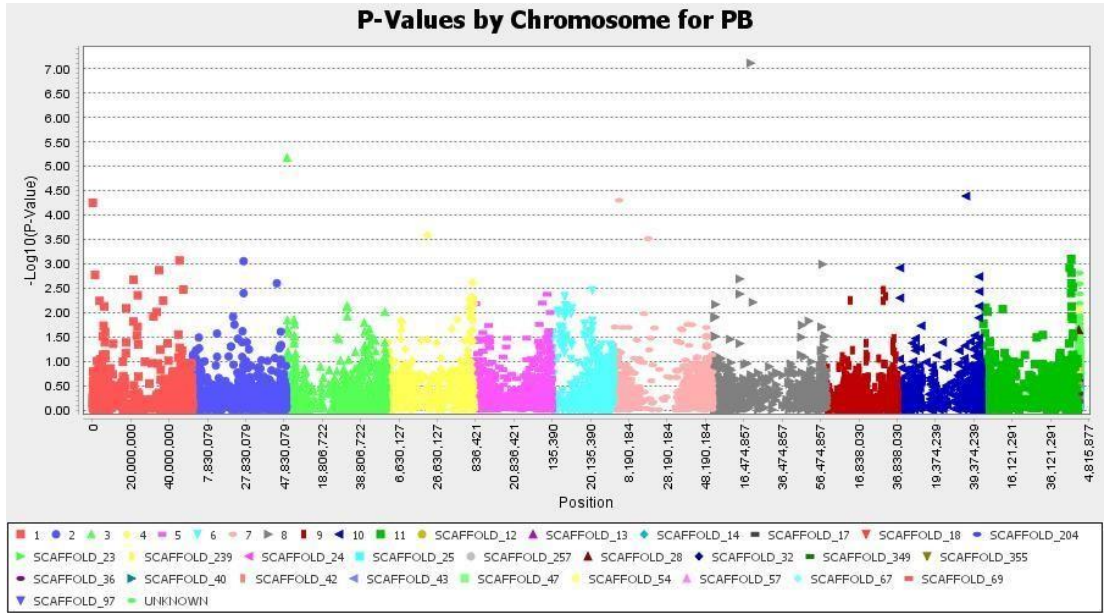


Şekil 4.42. Fasulye SNP markör kullanrak ilk bakla yüksekliği için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.4. Ana Dal Sayısı

Ana dal sayısı ile ilişkili olarak toplamda 6 adet SNP markörü arasında önemli ilişki tespit edilmiştir. Bu markörler fasulye genomu içerisinde 1, 3, 4, 7, 8 ve 10. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.43). Ana dal sayısı ile ilişkili SNP-3378114, SNP-3368199 ve SNP-8214582 markörleri sırasıyla 1., 3. ve 4. kromozomlar üzerinde SNP-3381653, SNP-3382473 ve SNP-8211946 markörleri ise 7., 8. ve 10. kromozomlar üzerinde yer almaktadır. Ana dal sayısı ile bağlantılı olduğu tespit edilen bu 6 SNP markörü içerisinde en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 7.63E-$

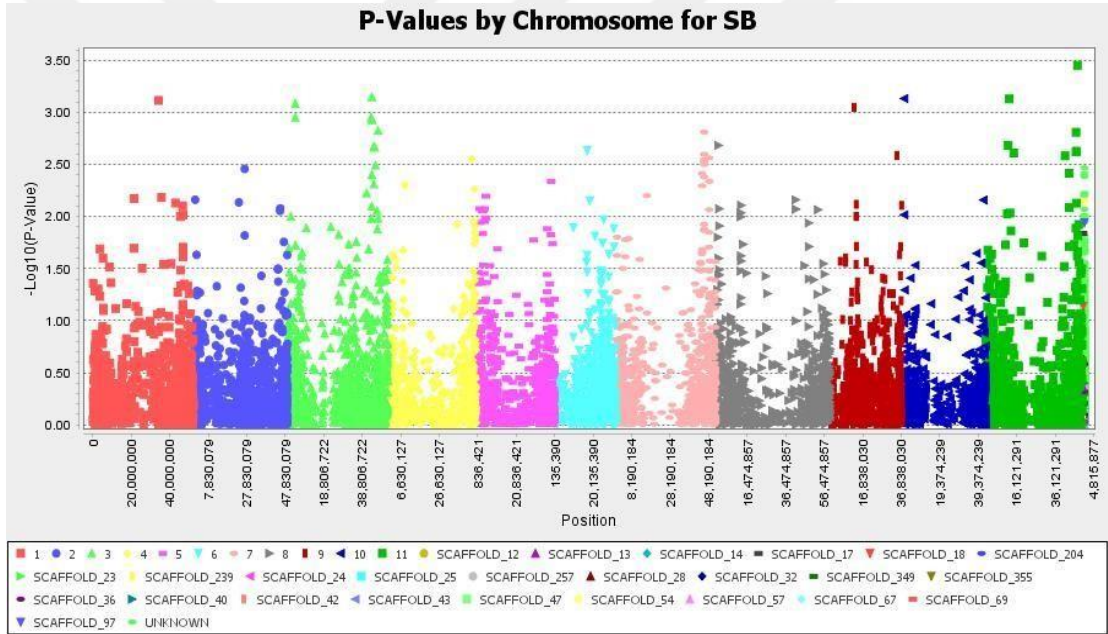
08) 8. kromozom üzerinde yer alan SNP-3382473 nolu markör göstermiştir. Bu markör bu özelliğe ait varyasyonun % 22'sini açıklamaktadır. Tar'an vd. (2002) yapmış oldukları QTL çalışmalarında bu özelliğin 2. kromozomla ile bağlantılı olduğunu belirtmişleridir. Ancak ana dal sayısı ile yapılan bu ilişki analizinde sonuçlar tamamen farklı bulunmuştur. Bu çalışma, ana dal sayısı ile ilişkili markör bulmaya çalışan ilk çalışma olması nedeniyle önem taşımakta olup, belirlenen markörler fasulye ıslahında, marköre dayalı seleksiyonda kullanılabilir.



Şekil 4.43. Fasulyede SNP markör kullanrak ana dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.5. Yan Dal Sayısı

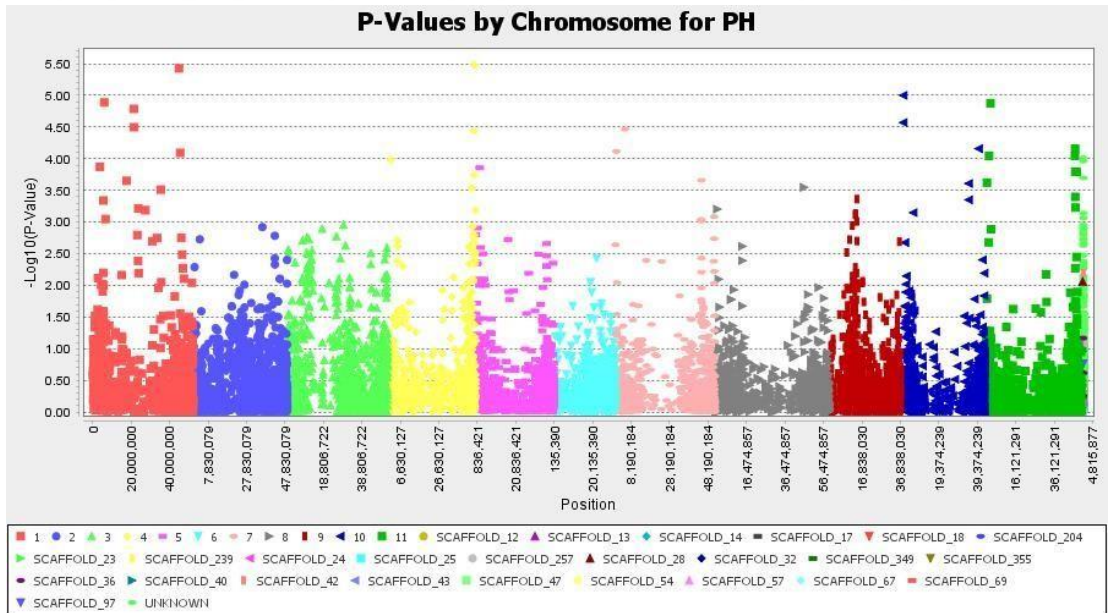
Yan dal sayısı ile bir markör (SNP-3382693) arasında önemli ilişki tespit edilmiş ve bu markörün 11. kromozom üzerinde dağılım gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.44). Önemli bulunan bu SNP markörü yan dal sayısına ait varyasyonun % 10.3'ünü açıklamaktadır. Ana dal sayısına benzer olarak, ikincil dal sayısı ile herhangi bir ilişkili markör çalışması bulunmamaktadır. Toplam dal sayısı ile alakalı olarak Tar'an vd. (2002) yapmış oldukları QTL çalışmasında 2. kromozom ile bağlantı bulmuşlardır. Ancak elde ettiğimiz sonuçlar Tar'an vd. (2002) yaptıkları çalışmalara göre farklılık göstermektedir. Bu nedenle bu markörün doğruluğunun belirlenmesi gerekmektedir.



Şekil 4.44. Fasulyede SNP markör kullanarak yan dal sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.6. Bitki Boyu

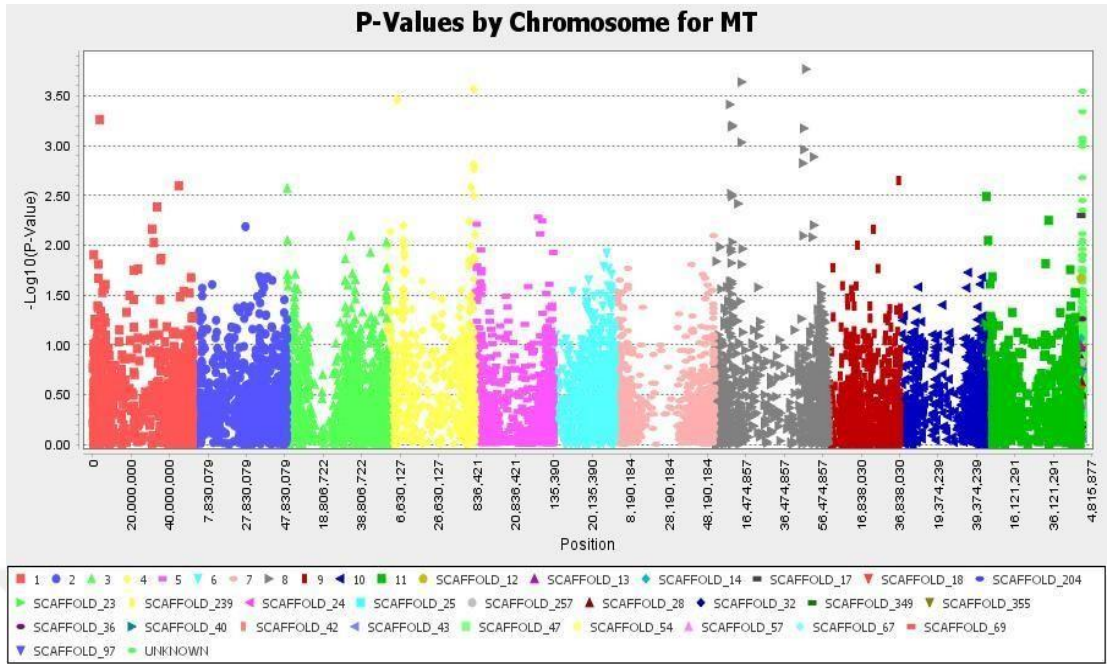
Toplamda 5 adet SNP markörü ile bitki boyu arasında önemli ilişki tespit edilmiş ve bu markörler fasulye genomu içerisinde 1, 4, 10 ve 11 kromozomları üzerinde dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.45). SNP-3375955 ve SNP-8200098 markörleri kromozom 1 üzerinde dağılım gösterirken, SNP-1312148 markörü 4. kromozomda üzerinde dağılım göstermiştir. SNP-3370374 ve SNP-3368364 markörleri sırasıyla 10. ve 11. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir. Önemli ilişki tespit edilen 5 markör arasından 4. kromozom üzerinde dağılım gösteren SNP-1312148 markörü en yüksek önemli ilişkiyi ($P = 3.32E-06$) göstererek, bitki boyuna ait varyasyonun %27'sini açıklamaktadır. Bu özellik için varyasyonun %27'sini açıklayan SNP markörü fasulye ıslahında markörlere dayalı seleksiyonda kullanılabilir. Agrawal, (2014) bitki boyu ile ilişkili markörlerin 8. ve 11. kromozom üzerinde bulunduğunu bildirerek bizim çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçları desteklemektedir. Bu çalışmada belirlenen ve 11. kromozom üzerinde yer alan SNP-3368364 markörü bu özellikle ilişkili bulunmuştur. Bu markörlerin doğruluğunun belirlenmesiyle, bitki boyu için yapılacak ıslah programlarında kullanılacaklardır.



Şekil 4.45. Fasulyede SNP markör kullanrak bitki boyu için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.7. Olgunlaşma Gün Sayısı

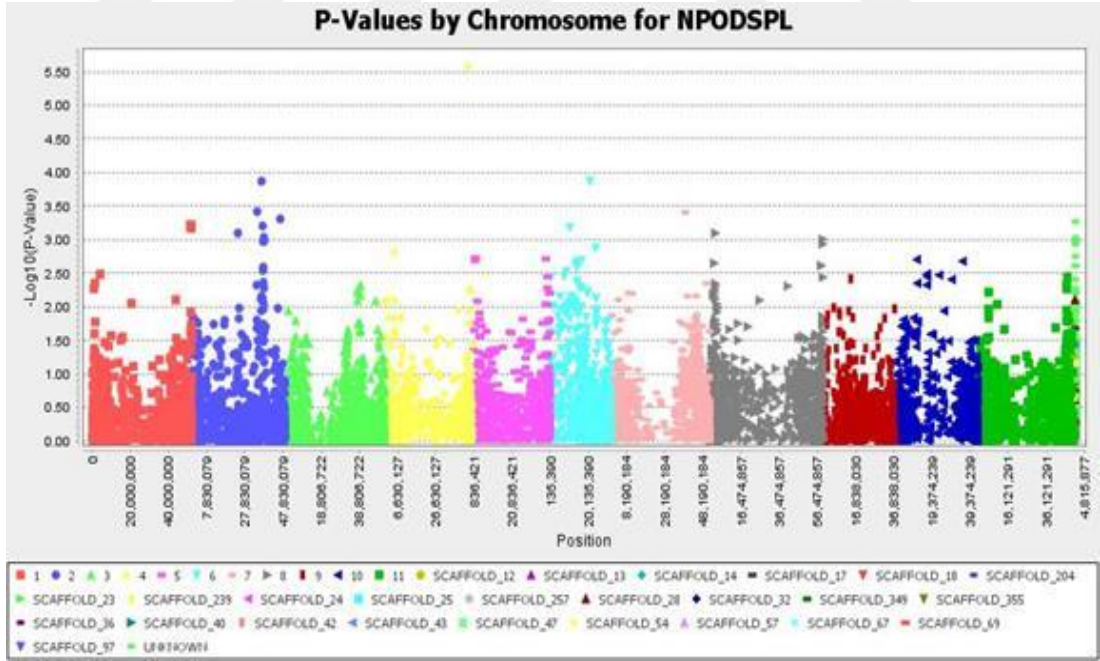
Olgunlaşma gün sayısı ile önemli ilişkili olarak toplamda 4 adet SNP markörü tespit edilmiş ve bu markörlerden üç adedinin fasulye genomu içerisinde 4, 8 nolu kromozom üzerinde yer aldığı saptanmış ve bir markörün ise kromozom lokasyonu belirlenememiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.46). SNP-1312148 markörü 4. kromozom üzerinde ve 44997878 pozisyonunda yer almıştır. SNP-3371107 ve SNP-3384591 adlı markörler 8. kromozomda dağılım göstermiştir. Kromozomu ve pozisyonu bilinmeyen 8204710 adlı markör de fasulyede olgunlaşma gün sayısı ile ilişkili bulunmuş yeni bir markördür. İlişkili olduğu tespit edilen 4 markör arasından en yüksek önemli ilişkiyi SNP-1312148 markörü ($P = 2.70E-04$) göstermiş ve bu markör olgunlaşma gün sayısı için varyasyonun %14.26'nı açıklamaktadır. SNP-1312148 markörünün pleiotropik etki nedeniyle aynı anda farklı özelliklerle (olgunlaşma gün sayısı ve bitki boyu) istatistiki olarak önemli ilişki gösterdiği tespit edilmiş ve bu markörün fasulye ıslahında kullanılması önerilmiştir. Bu çalışmanın sonuçları Galeano vd. (2012)'nin bulguları ile paralellik göstermekte olup, çalışmalarında olgunlaşma gün sayısı ile ilişkili markörün 8. kromozom üzerinde olduğunu bildirmişlerdir. Kamfwa vd. (2015) olgunlaşma gün sayısı ile ilişkili markörün 1. kromozom üzerinde yer aldığını bildirmişlerdir. Benzer olarak, Agrawal (2014)'ün yapmış oldukları çalışmada bizim sonuçlarımızdan farklı olarak bu özellikle ilişkili markörlerin 7. ve 9. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiş olduğunu bildirmişlerdir. Olgunlaşma gün sayısı, farklı coğrafi bölgelere adaptasyon için önemli bir kriterdir. (Kamfwa vd. 2015). Bu nedenle, gelecek ıslah çalışmaları için farklı araştırmacılar tarafından bulunan ilişkili markörler ile yapmış olduğumuz bu çalışmada tanımlanan yeni markörlerin doğruluğunun test edilmesine ihtiyaç duyulmaktadır.



Şekil 4.46. Fasulyede SNP markör kullanarak olgunlaşma gün sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.8. Bitkideki Bakla Sayısı

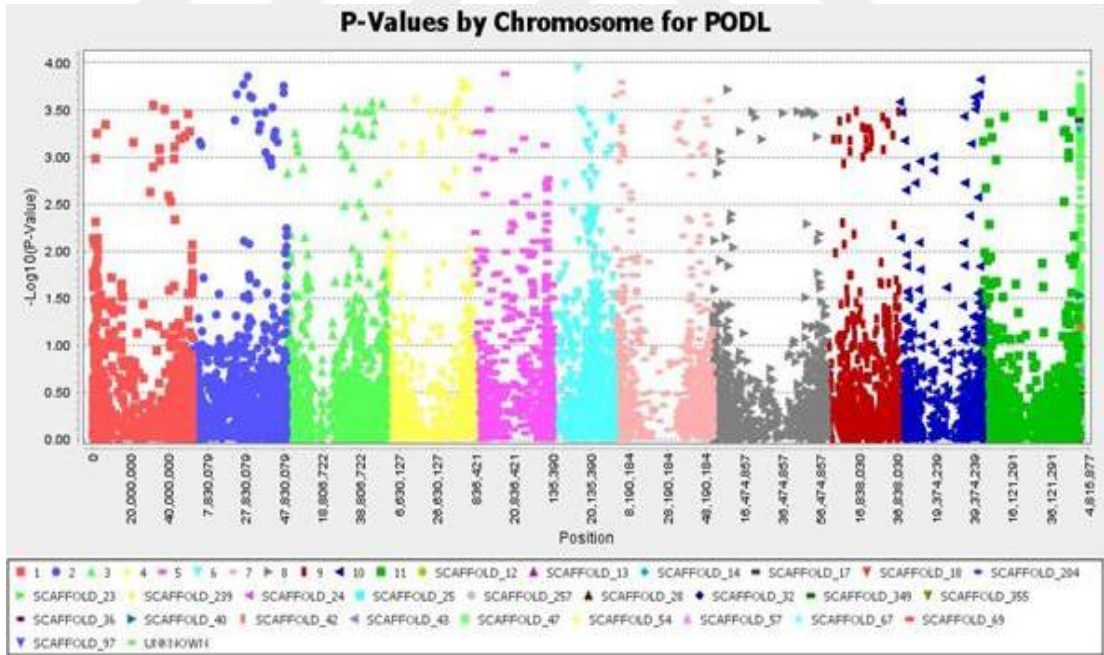
Bitkideki bakla sayısı ile önemli ilişkili toplamda 3 adet SNP markörü tespit edilmiş ve bu markörler fasulye genomu içerisinde 2, 4 ve 8 nolu kromozomlar üzerinde bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.47). SNP-3376516, SNP-8203670 ve SNP-3381950 adlı markörler sırasıyla 2, 4 ve 6. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir. İlişkisi tespit edilen 3 markör arasından en yüksek önemli ilişkiyi SNP-8203670 markörü ($P = 2.66E-06$) göstermiş ve bu markör bitkideki bakla sayısı için varyasyonun %15.2'sini açıklamaktadır. Bu çalışmanın sonuçları, Galeano vd. (2012)'nin yapmış olduğu çalışmanın bulgularıyla örtüşmektedir. Araştırmacılar çalışmalarında bitkideki bakla sayısı ile ilişkili markörlerin 2. ve 9. kromozomlar üzerinde olduğunu bildirmişlerdir. Ancak, Kamfwa vd. (2015)'in yaptıkları çalışma ise ilişkili markörlerin fasulyenin 5. ve 7. kromozomlar üzerinde yer aldığını göstermiştir. Bu nedenle Galeano vd. (2012) ve Kamfwa vd. (2015)'nin tanımladıkları markörler ve bu projeye tanımlanan markörlerin mutlak olarak doğruluklarının test edilmesi gerekmektedir.



Şekil 4.47. Fasulyede SNP markör kullanarak bitkide bakla sayısı için oluşturulan Manhatten grafiği

4.7.9. Bakla Uzunluęu

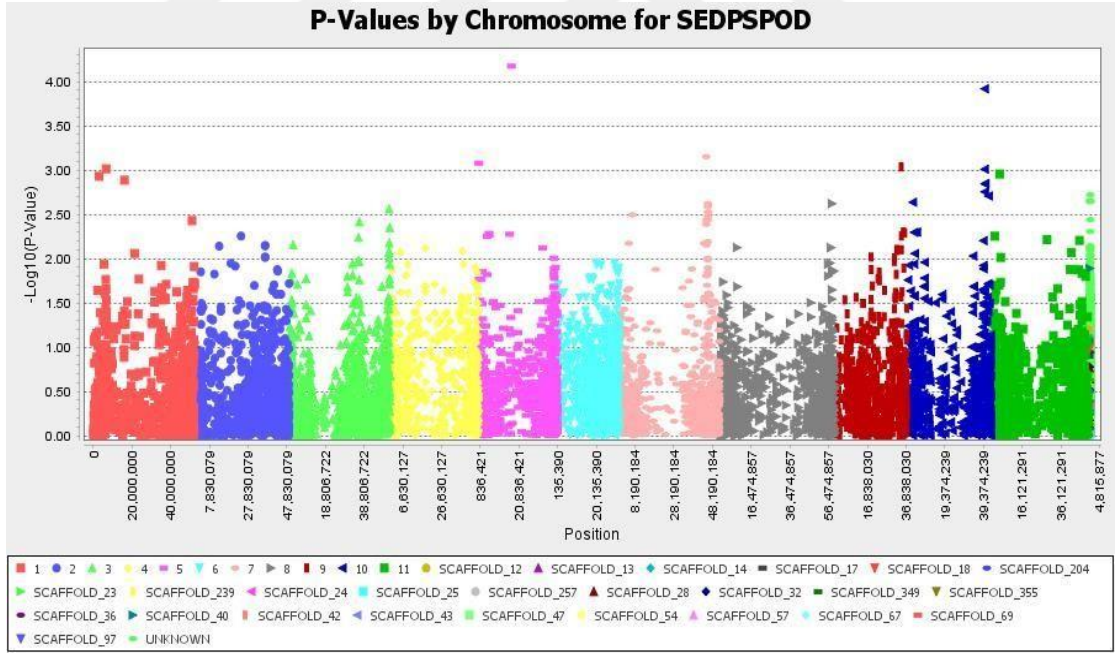
Bakla uzunluęu ile önemli iliřkili, 2, 4, 5, 6, 10 ve kromozomu bilinmeyen olarak toplamda 6 adet SNP markörü tespit edilmiřtir (Çizelge 4.13; Őekil 4.48). SNP-8201096, SNP-8206406 ve SNP-3374942 markörleri sırasıyla 2, 4 ve 5. kromozomları üzerinde daęılım göstermiřtir. SNP-3366498 markörü kromozomu bilinmeyen yeni bir markör olarak belirlenmiřtir. İliřkili olduęu tespit edilen 6 markör içerisinde en yüksek önemli iliřkiyi SNP-3374942 markörü ($P = 1.31E-04$) göstermiřtir. Bu özellięe ait varyasyonun % 17.2'sini açıklamaktadır. Bu çalıřmanın sonuçları, Galeano vd. (2012)'nin yapmıř olduęu çalıřmanın sonuçlarına göre farklılık göstermektedir. Galeano vd. (2012)'nin yapmıř oldukları çalıřmada iliřkili markörün 3. kromozomda, Souza vd. (2017) yapmıř oldukları QTL çalıřmasında ise özellięin 8. kromozomla baęlantılı olduęunu vurgulamıřlardır. Bu sonuçlar bizim sonuçlarımıza göre farklılık göstermektedir. Bu nedenle, gelecek ıřlah çalıřmaları için Galeano vd. (2012) tarafından bulunan iliřkili markörler ile bu çalıřmada tanımlanan yeni markörlerin doęruluklarının test edilmesi önem tařımaktadır.



Őekil 4.48. Fasulyede SNP markör kullanarak bakla uzunluęu için oluřturulan Manhattan grafięi

4.7.10. Bakladaki Tane Sayısı

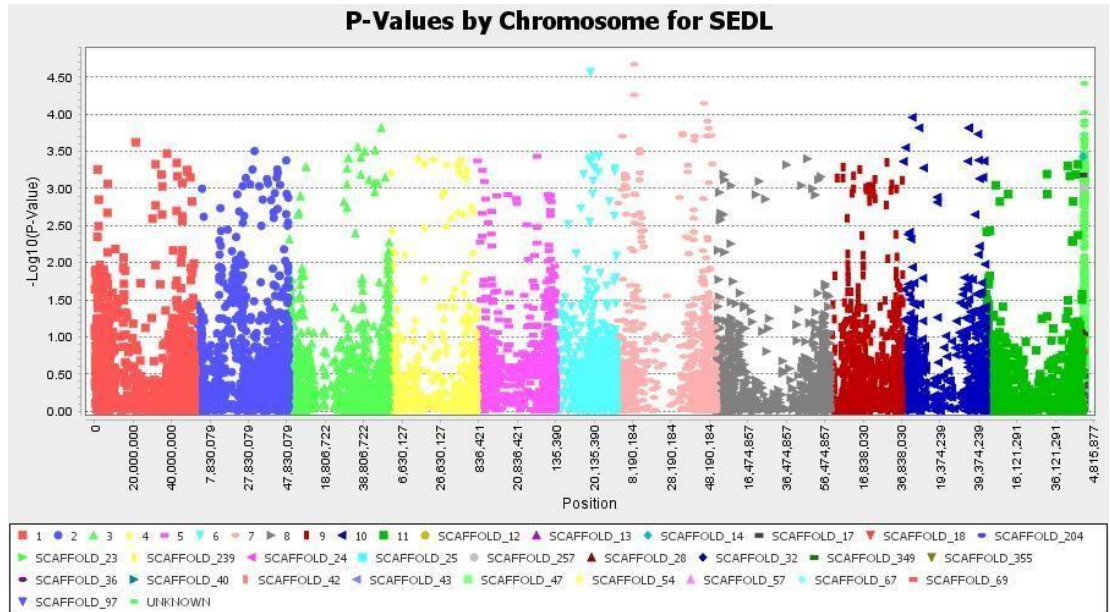
Bakladaki tane sayısı ile önemli ilişkili toplamda 2 adet SNP markörü tespit edilmiş ve bu markörler fasulye genomu içerisinde 5 ve 10 nolu kromozomlar üzerinde bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.49). SNP-3374492 adlı markör 5. kromozom üzerinde ve 16837439 pozisyonunda , SNP-3381021 markörü ise 10. kromozom üzerinde ve 39954100 pozisyonunda yer almıştır. İlişkisi tespit edilen 2 markör arasından en yüksek önemli ilişkiyi 5. kromozom üzerindeki SNP-3374492 markörü ($P = 6.67E-05$) göstermiş ve bu markör baklada tane sayısı için varyasyonun %22'sini açıklamaktadır. Bu çalışmanın sonuçları, Galeano vd. (2012)'nin yapmış olduğu çalışmanın sonuçlarına göre farklılık göstermektedir. Galeano vd. (2012)'nin yapmış oldukları çalışmada ilişkili markörün 8. kromozomda olduğunu bildirmişlerdir. Bu nedenle Galeano vd. (2012)'nin tanımladıkları markör ile bu projeye tanımlanan markörlerin mutlak olarak doğruluklarının test edilmesi gereklidir.



Şekil 4.49. Fasulyede SNP markör kullanarak baklada tane sayısı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.11. Tohum Uzunluğu

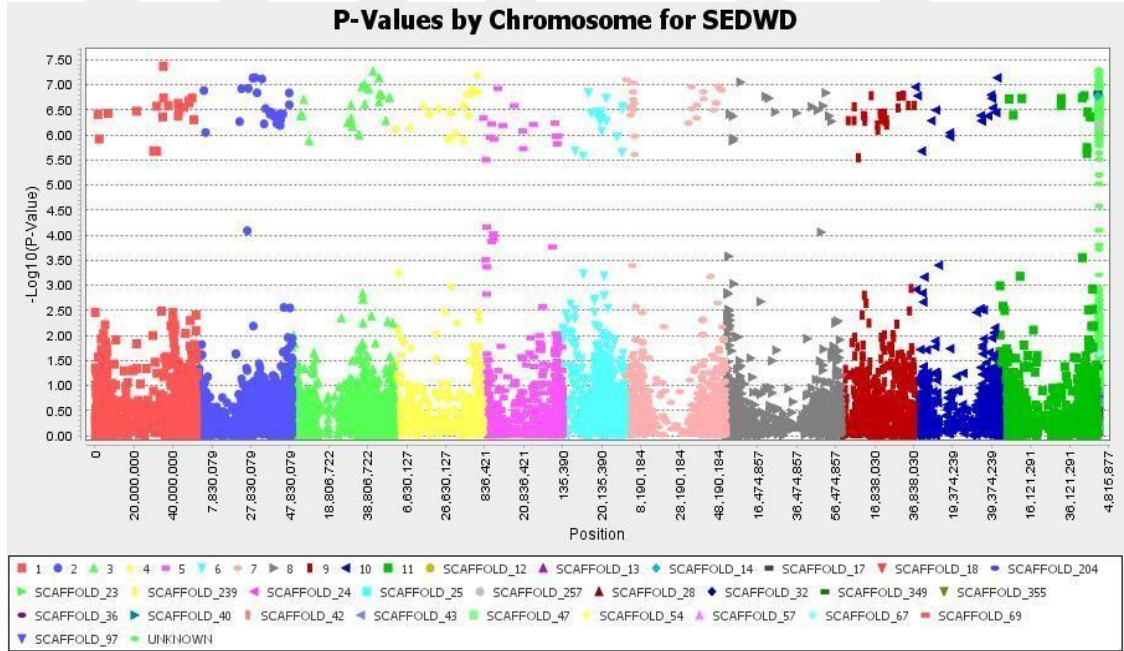
Tohum uzunluğu ile önemli ilişkili toplamda 5 adet SNP markörü tespit edilmiş ve bu markörler fasulye genomu içerisinde 6, 7, 10 kromozomları üzerinde ve kromozomu bilinmeyenler şeklinde bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.50). SNP-8205001 markörü 6. kromozom üzerinde, SNP-3377622 ve SNP-3380023 adlı markörler 7. kromozomda dağılım göstermiştir. SNP-2234654 markörü da 10. kromozom üzerinde dağılım göstermiştir. SNP-3382960 markörü ise kromozomu ve pozisyonu bilinmeyen ve fasulyede tohum uzunluğu ile ilişkili bulunmuş yeni bir markördür. SNP-8205001 markörünün pleitropik etki nedeniyle aynı anda farklı özelliklerle (tohum uzunluğu ve ilk bakla yüksekliği) istatistiki olarak önemli ilişki gösterdiği tespit edilmiş ve bu markörün fasulye ıslahında kullanılması şiddetle önerilmektedir. İlişkisi tespit edilen 5 markör arasından en yüksek önemli ilişkiyi SNP-3382960 markörü ($P = 3.82E-05$) göstermiş ve bu markör tohum uzunluğu için varyasyonun %18.8'ini açıklamaktadır. SNP-8205001 markörünün 6. kromozom üzerinde bulunduğu şeklindeki bulgu Pérez-Vega vd. (2010) yapmış oldukları çalışmada da saptanmıştır. Bu nedenle, gelecek ıslah çalışmaları için Pérez-Vega vd. (2010) tarafından bulunan ilişkili markörler ile yapmış olduğumuz bu çalışmada tanımlanan yeni markörlerin doğruluğunun test edilmesine ihtiyaç vardır.



Şekil 4.50. Fasulyede SNP markör kullanrak tohum uzunluğu için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.12. Tohum Genişliği

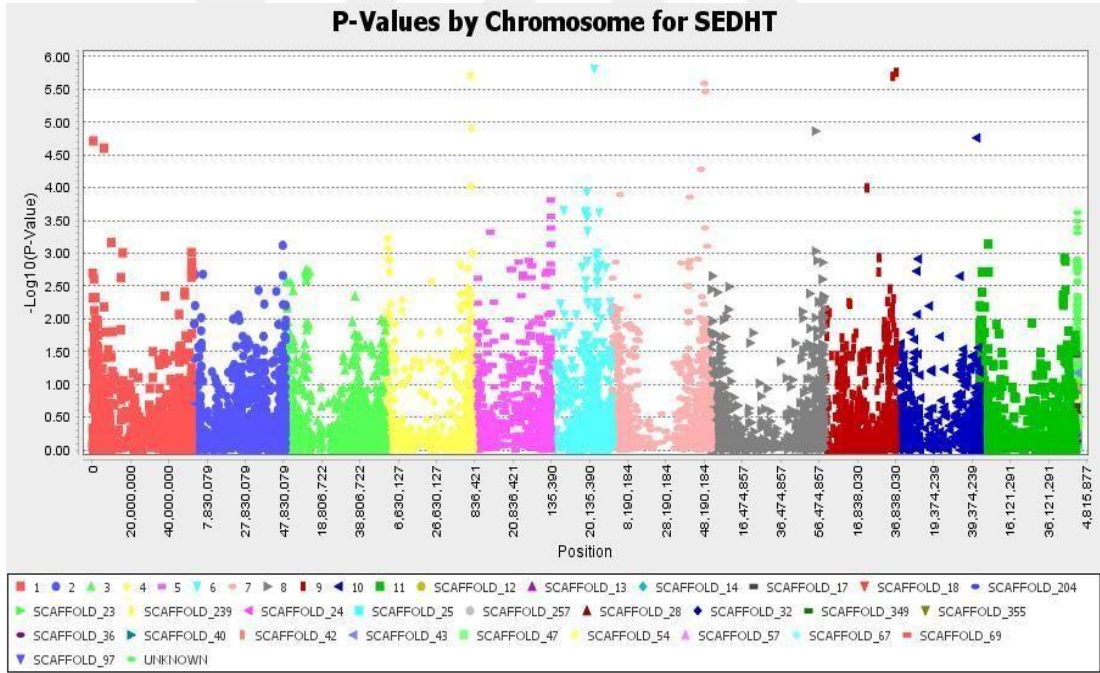
Tohum genişliği ile önemli ilişkili toplamda 6 markör tespit edilmiş ve bu markörler 1, 2, 3, 4, 10 kromozomlar üzerinde ve kromozomu bilinmeyenler şeklinde bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.51). SNP-3377188, SNP-1664690 ve SNP-82080873380023 adlı markörler sırasıyla 1, 2 ve 3. kromozom üzerinde olduğu belirlenmiştir. SNP-8197489 ve SNP-3368865 markörleri 4 ve 10. kromozom üzerinde, SNP-3372983 markörü ise kromozomu ve pozisyonu bilinmeyen ve tohum genişliği ile ilişkili bulunmuş yeni bir markördür. İlişkili 6 markör içinde SNP-3368865 markörü en yüksek önemli ($P=6.52E-08$) ilişkiyi göstermiş ve aynı zamanda pleiotropik etki göstermiş bir markördür. Bu markör hem bakla uzunluğu hem de tohum genişliği ile ilişkili bulunmuştur. Tohum genişliğine ait varyasyonun % 35.5'ini açıklamaktadır. Perez Vega vd. (2010)'nın yaptığı çalışmada tohum genişliği ile ilgili QTL çalışmasında bağlı markörlerin 3, 6 ve 7. kromozomlarda lokalize olduğunu saptamışlardır. Bu çalışmada, SNP-8208087 markörü Perez Vega ve ark (2010)'na benzer olarak 3. kromozomda olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.51. Fasulyede SNP markör kullanarak tohum genişliği için oluşturulan Manhattan grafiği

4.7.13. Tohum Kalınlığı

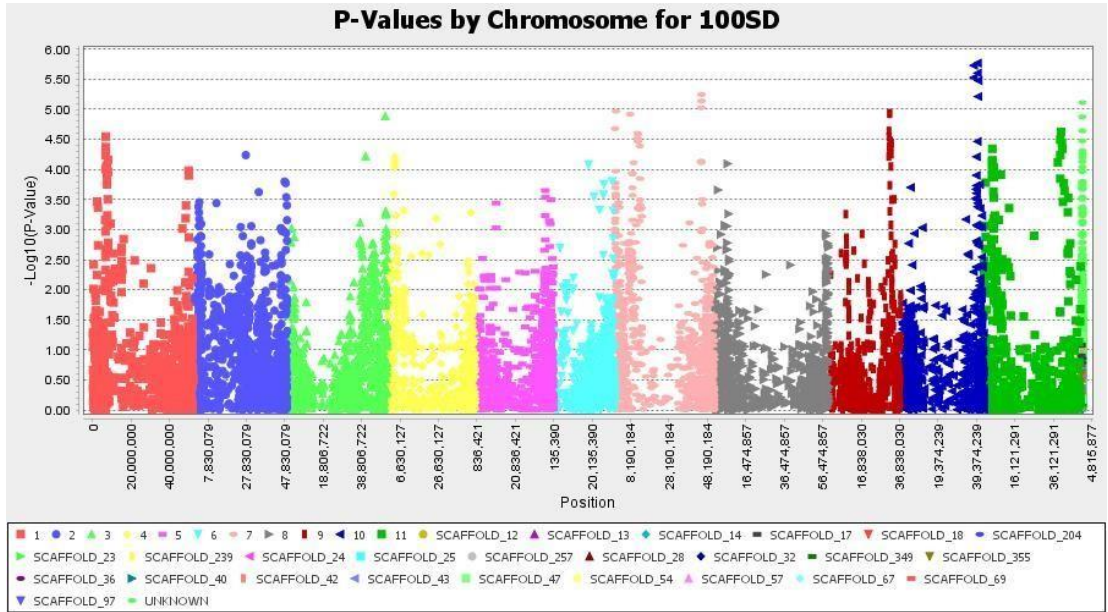
Toplamda 6 SNP markörü ile tohum kalınlığı arasında önemli ilişki tespit edilmiş ve bu markörlerin 4, 6, 7, 8, 9 ve 10 . kromozomlara dağıldığı belirlenmiştir. (Çizelge 4.13; Şekil 4.52). SNP-3380531, SNP-3382594 ve SNP-8199906 markörleri sırasıyla 4, 6 ve 7. kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir. SNP-3383809, SNP-3377215 ve SNP-3382937 markörleri ise 8, 9 ve 10. kromozomlarda lokalize olmuşlardır. İlişkisi tespit edilen 6 markör arasından en yüksek önemli ilişkiyi SNP-3382594 markörü ($P = 1.55E-06$) göstermiş ve bu markör tohum kalınlığı için varyasyonun %19.7'sini açıklamaktadır. Pérez-Vega vd. (2010) tarafından ilişkili bulunan markörlerden SNP-3382594 markörünün 6. kromozom üzerinde, SNP-3383809 markörünün 8. kromozom üzerinde bulunduğu şeklindeki sonuçlar ile araştırmamız sonucunda tanımlanan yeni markörlerin doğruluğunun test edilmesi gerekmektedir.



Şekil 4.52. Fasulyede SNP markör kullanarak tohum kalınlığı için oluşturulan Manhatten grafiği

4.7.14. 100 Tane Ağırlığı

100 tane ağırlığı ile önemli ilişkili toplamda 9 adet SNP markörü tespit edilmiş ve bu markörler fasulye genomu içerisinde 7 ve 10. kromozomlar üzerinde ve kromozomu bilinmeyenler şeklinde bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.13; Şekil 4.53). SNP-3381021, SNP-3382031, SNP-3379372, SNP-8198017, SNP-3377213 ve SNP-3377812 toplamda 6 markör 10. kromozom üzerinde dağılım göstermiştir. SNP-8669652 ve SNP-3384303 adlı markörler 7. kromozomda dağılım göstermiştir. SNP-8669755 markörü ise kromozomu ve pozisyonu bilinmeyen ve fasulyede 100 tane ağırlığı ile ilişkili bulunmuş yeni bir markördür. 100 tane ağırlığı ile ilişkisi tespit edilen 9 markör arasından en yüksek önemli ilişkiyi SNP-8669652 markörü ($P = 5.67E-06$) göstermiş ve bu markör SNP-8669652 için varyasyonun %17'sini açıklamaktadır. İlişkisi tespit edilen 9 markör arasından SNP-3381021 markörü 100 tane ağırlığı ile ilişkili olmanın dışında bakıldaki tane sayısı ile de ilişkili bulunmuştur. Bu çalışmanın sonuçları, Kamfwa vd. (2015) ve Agrawal (2014)'ün yapmış olduğu çalışmalardan elde edilen bulgulara göre farklılık göstermektedir. Kamfwa vd. (2015) ve Agrawal (2014) 100 tane ağırlığı ile ilişkili markörün bizim bulgularımızdan farklı olarak 3. ve 9. kromozom üzerinde dağılım gösterdiğini bildirmişlerdir. Daha önce yapılan çalışmalarda tanımlanan markörler ile bu projeye tanımlanan markörlerin mutlak olarak doğruluklarının test edilmesi gerekmektedir.



Şekil 4.53. Fasulyede SNP markör kullanarak 100 tane ağırlığı için oluşturulan Manhattan grafiği

4.8. Islah Amaçları İçin Üstün Genotiplerin Seleksiyonu

Farklı çevre/yıl altında en iyi performans gösteren ve stabil genotiplerin seçimi, bu çalışmanın amaçları arasında yer almaktadır. Genotipleri değerlendirmek için daha önce farklı algoritmalar ve istatistiksel araçlar kullanılmıştır. Korelasyon katsayısı analizi, özellikler arasındaki ilişki seviyesini ölçmek için basit ama sağlam yaklaşımlardan biridir. Bu nedenle, üstün genotiplerin seçimi için korelasyon analizini kullanılmış ve hem çiftçi hem de tüketici açısından büyük önem arz eden ve diğer özellikler ile önemli ilişki içerisinde olan 5 temel özellik seçilmiştir. İlk bakla yüksekliği, olgunlaşma süresi, bitki boyu, tohum boyu ve 100 tane ağırlığı en iyi performans gösteren fasulye genotiplerinin değerlendirilmesinde seçim kriteri olarak kabul edilmiştir. Bu çalışmada, ilk bakla yüksekliğinin; bakla uzunluğu, baklada tane sayısı, tohum boyu, tohum eni, tane verimi ve 100 tane ağırlığı gibi çeşitli verim özellikleri ile olumlu ve pozitif yönde korelasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Korelasyon analizi, ilk bakla yüksekliği için herhangi bir genotip seçiminin, bağlı genler veya farklı genlerin birbirleri arasındaki epistatik etkileri nedeniyle, diğer ilişkili özellikleri de otomatik olarak seçeceğini açıkça açıklamaktadır. Tohum boyu, fasulye veriminde büyük rol oynayan önemli bir faktördür ve insanların ticari çeşit için tercihlerini doğrudan yansıtmaktadır.

Bu nedenle, fasulye genotipleri arasından daha uzun tohum boyuna, 100 tohum ağırlığına, erkenci ve bodur gelişme özelliği gösteren 12 fasulye genotipi ümitvar olarak seçilmiştir (Çizelge 4.13). Bu genotipler farklı çevre koşullarında çok iyi performans gösterdiğinden dolayı çeşitli fasulye ıslah çalışmaları için aday ebeveynler olarak önerilebilir.

Çizelge 4.14. En iyi performans gösteren 12 fasulye genotipinin agro-morfolojik özellikleri.

Genotip									Özellik							
	ÇG	ÇGS	İBY	BGS	ADS	YDS	BB	OS	BBS	BU	BTS	TB	TE	TY	TV	100TA
BN-53	13	57	11.64	53	4.95	5.04	25.2	113	18.58	10.58	3.02	15.35	6.34	5.97	17.71	67.14
BN-65	12	56	11.84	57	4.28	4.21	41.2	111	15.21	10.66	2.64	14.49	6.5	5.58	17.5	57.59
BT-53	12	57	16.04	67	4.3	4.58	38.82	127	14.89	10.07	2.84	14.43	6.58	5.48	14.29	54.44
VN-47	14	54	12.89	58	4	4.43	48.87	109	14.68	10.22	3.34	13.43	6.14	5.49	13.88	43.65
EL-30	13	57	10.02	59	4.71	4.46	36.5	119	16.81	11.34	3.37	13.65	6.28	5.5	17.1	40.7
SV-18	13	59	13.69	74	2.71	2.14	52.1	129	16.04	12.94	2.33	15.73	8.16	6.46	20.17	59.09
SV-62	12	54	8.03	57	5.08	2.71	33.53	107	13.77	11.46	1.89	14.17	7.27	6.52	12.17	51.98
SV-69	13	53	10.05	56	4.11	2.21	29.1	107	9.87	11.61	2.76	13.93	7.29	6.43	12.54	49.1
BLE-18	14	55	11.03	58	4.58	2.44	38.63	109	15.81	10.45	3.09	14.95	6.61	5.73	10.07	48.15
ER-3	12	54	15.54	58	4.76	5.13	45.16	119	14.92	11.37	3.63	12.93	6.75	5.34	16.15	55.63
ER-5	12	55	10.11	69	3.63	4.36	40.39	110	16.52	10.8	3.24	12.91	6.04	5.03	12.83	44.3
Bursa-1	14	56	13.74	67	3.96	4.16	39.69	116	15.32	11.2	3.91	14.42	6.61	5.53	15.52	49.38

ÇG: Çıkış gün, ÇGS: Çiçeklenme gün sayısı, BGS: Bakla bağlama gün sayısı, İBY: İlk bakla yüksekliği, ADS: Ana dal sayısı, YDS: Yan dal sayısı, OS: Olgunlaşma süresi, BB: Bitki boyu, BU: Bakla uzunluğu, BBS: Bitkide bakla sayısı, BTS: Baklada tohum sayısı, TB: Tohum boyu, TE: Tohum eni, TY: Tohum yüksekliği, TV: Tane verimi, 100TA: 100 tane ağırlığı; g

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

- Türk yerel fasulye genotipleri arasında, incelenen özellikler bakımından çok yüksek düzeyde hem fenotipik hem de genotipik çeşitlilik gözlemlenmiştir.
- Çiçeklenme gün sayısı, bakla oluşturma gün sayısı, bitki boyu, olgunlaşma gün sayısı, bitkideki bakla sayısı ve 100 tane ağırlığı gibi özellikler Türk yerel fasulye genotiplerinde var olan fenotipik çeşitlilik üzerinde önemli rol oynamışlardır.
- Çalışmada, bitki boyu ve olgunlaşma süresi oldukça yüksek kalıtım düzeyinde bulunmuştur.
- Beş farklı çevrede yürütülen arazi çalışmalarında 12 fasulye genotipi ümitvar olarak tespit edilmiş ve çeşit adayı olarak belirlenmiştir.
- Fasulye genomunda, 11 kromozom boyunca dağılım gösteren toplamda 15.608 DArTseq marköründen en iyi olan 11.839 DArTseq markörü kullanılmış ve bunlardan %24.14'ünün yeni markör olduğu belirlenmiştir.
- Fasulye genomunda, 11 kromozom boyunca dağılım gösteren toplamda
- 14.290 SNP marköründen 12.871 SNP markörü kullanılmış ve bu markörlerden %9.93'ünün yeni markör olduğu belirlenmiştir.
- Germplasmın tamamı her iki markör sistemi kullanılarak bir kümeleme algoritması olan UPGMA ve temel bileşen analizleri (PCoA) ile gruplandırılmıştır.
- DArTseq marköründe elde edilen ortalama r^2 0.06 ve ortalama önemli LD değeri de % 87.66 olarak belirlenmiştir.
- SNP marköründe elde edilen ortalama r^2 değerinin 0.252 ve ortalama önemli LD değerinin ise % 73.44 olduğu saptanmıştır.
- SNP markörünün DArTseq ile kıyaslandığında daha bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

- Bazı SNP markırları (SNP-3384591, SNP-8205001, SNP-1312148, SNP-3368865, SNP-3381021, SNP-3382392, ve SNP-8205132) pleitropik etki görülmüştür yani aynı zamanda farklı birkaç özelliikte önemli ilişki tespit edilmiştir. Bunların fasulye ıslahında etkin bir şekilde kullanılması tavsiye edilmektedir.
- DArTseq markırlarından 8214418 nolu markır hem 100 dane ağırlığı ile hem de ilk bakla yüksekliği ile önemli ilişki tespit edilmiş bu nedenle fasulye ıslahında kullanılması önerilmektedir.
- Tanımlanan bağlantılı markırlar çok lokasyonlu denemeler veya çok yıllık denemeler yoluyla doğruluğunun test edilmesi gereklidir. Doğruluğu kesinleşmiş markırların KASP sistemine dönüştürülerek fasulye ıslahında kullanılmalıdır.

6. KAYNAKLAR

- Acosta-Gallegos JA, Kelly JD and Gepts P (2007) “Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm”, *Crop Sci*, 47: 44-59.
- Adam-Blondon AF, Seignac M, Dron M and Bannerot H (1994) “A genetic map of common bean to localize specific resistance genes against anthracnose”, *Genome*, 37: 915-24.
- Agarwal C (2014) “Association mapping of agronomic traits of dry beans using breeding populations”, Doctoral dissertation, North Dakota State University.
- Ali K, Gemechu K, Ahmed S, Malhotra R, Beniwal S, Makkouk K and Halila MH (2006) “Food and forage legumes of Ethiopia: Progress and Prospects. Proceedings of The Workshop On Food and Forage Legumes” 22-26 September 2003, Addis Ababa, Ethiopia. Sponsors: EIAR and ICARDA. International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), Aleppo, Syria. p: 351”, Addis Ababa, Ethiopia.
- Arumuganathan K and Earle ED (1991) “Nuclear DNA content of some important plant species”. *Plant molecular biology reporter*”, 9: 208-18.
- Ates D, Ascioğul, TK, Nemli, S, Erdogmus, S, Esiyok, D and Tanyolac MB (2018) “Association mapping of days to flowering in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) revealed by DArT markers”, *Mol Breed*, 38: 113. doi: 10.1007/s11032018-0868-0
- Baloch FS, Alsaleh A, Andeden EE, Hatipoğlu R, Nachit M and Özkan H (2016) “High levels of segregation distortion in the molecular linkage map of bread wheat representing the West Asia and North Africa region”. *Turk J Agric For*, 40: 352–364.
- Baloch FS, Alsaleh A, Shahid MQ, Çiftçi V, de Miera LE, Aasim M, Nadeem MA, Aktaş H, Özkan H and Hatipoğlu R (2017) “A whole genome DArTseq and

SNP analysis for genetic diversity assessment in durum wheat from central fertile crescent”. *PLoS one*, 12: e0167821.

Barili LD, Vale NM, Prado AL, Carneiro JE, Silva FF and Nascimento M (2015) “Genotype-environment interaction in common bean cultivars with carioca grain, recommended for cultivation in Brazil in the last 40 years”. *CBAB*, 15: 244-50.

Beaver JS and Osorno JM (2009) “Achievements and limitations of contemporary common bean breeding using conventional and molecular approaches”, *Euphytica*. 168: 145-75.

Beebe DJ, Moore JS, Bauer JM, Yu Q, Liu RH, Devadoss C and Jo BH (2000) “Functional hydrogel structures for autonomous flow control inside microfluidic channels”, *Nature*. 404: 588-590.

Beebe S, Rengifo J, Gaitan E, Duque MC and Tohme J (2001) “Diversity and origin of Andean landraces of common bean”, *Crop Sci*, 41: 854-862.

Bellucci E, Bitocchi E, Ferrarini A, Benazzo A, Biagetti E, Klie S, Minio A, Rau D, Rodriguez M, Panziera A and Venturini L (2014a) “Decreased nucleotide and expression diversity and modified coexpression patterns characterize domestication in the common bean”, *The Plant Cell*, 1: 1901-1912.

Bellucci E, Bitocchi E, Rau D, Rodriguez M, Biagetti E, Giardini A, Attene G., Nanni L, Papa R (2014b) “Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*”, *Genomics of Plant Genetic Resources*, 483–507.

Bennett MD, Leitch IJ (2005) “Genome size evolution in plants”. In: Gregory TR. ed. *The evolution of the genome*. Amsterdam: Elsevier Academic Press, 89–162.

Binagwa PH, Magdalena W, Michael K, Zakayo E, Mbiu J, Msaky J, Mdachi M, Kasubiri F, Kisamo A, Nestory SM and Rubyogo JC (2018) “Selian Agricultural Research Institute (SARI) Released Seven (7) Improved Common Bean Varieties”. Fact Sheet 1.

- Bitocchi E, Bellucci E, Giardini A, Rau D, Rodriguez M, Biagetti E, Santilocchi R, Zeuli PS, Gioia T, Logozzo G, Attene G (2013) “Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes”, *New Phytologist*, 197: 300-13.
- Bitocchi E, Nanni L, Bellucci E, Rossi M, Giardini A, Zeuli PS, Logozzo G, Stougaard J, McClean P, Attene G and Papa R (2012) “Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data”. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109: E788-796.
- Blair MW, Astudillo C, Grusak MA, Graham R and Beebe SE (2009) “Inheritance of seed iron and zinc concentrations in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Mol Breeding*, 23: 197-207.
- Blair MW, Giraldo MC, Buendia HF, Tovar E, Duque MC and Beebe SE (2006) “Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”. *Theor Appl Genet*, 113: 100-109.
- Blair MW, González LF, Kimani PM and Butare L (2010) “Genetic diversity, inter-gene pool introgression and nutritional quality of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Central Africa”. *Theor Appl Genet*, 121: 237-248.
- Bozoğlu H and Ö. Sözen (2007) “Some agronomic properties of the local population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Artvin province”, *Turk J Agric For*, 31: 327-34.
- Bozoğlu H and Sozen OA (2011) “Sample for biodiversity in Turkey: Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from Artvin”, *Afr J Biotechnol*, 10: 13789-13796.
- Bradbury PJ, Zhang Z, Kroon DE, Casstevens TM, Ramdoss Y and Buckler ES (2007) “TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples”. *Bioinformatics*. 23: 2633-2645.

- Brinez B, Blair MW, Kilian A, Carbonell SA, Chiorato AF and Rubiano LB (2012) “A whole genome DArT assay to assess germplasm collection diversity in common beans”. *Molecular Breeding*. 30(1): 181-93.
- Brunner BR and Beaver JS (1989) “Estimation of outcrossing of the common bean in Puerto Rico”, *Hortscience* 24: 669–671.
- Cantor JM, Kabani N, Christensen BK, Zipursky RB, Barbaree HE, Dickey R, Klassen PE, Mikulis DJ, Kuban ME, Blak T and Richards BA (2008) “Cerebral white matter deficiencies in pedophilic men”. *J Psychiatr Res*, 42: 167-183.
- Celmeli T, Sari H, Canci H, Sari D, Adak A, Eker T and Toker C (2018) “The nutritional content of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in comparison to modern varieties”. *Agronomy*, 8: 166-175.
- Ceolin CG, Celeste Gonçalves-Vidigal MA., Soares Vidigal Filho PE, Vinícius Kvitschal MA, Gonela A and Alberto Scapim CA (2007) “Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis”, *Hereditas*, 144, 1-9.
- Chalmers KJ, Campbell AW, Kretschmer J, Karakousis A, Henschke PH, Pierens S, Harker N, Pallotta M, Cornish GB, Shariflou MR and Rampling LR (2001) “Construction of three linkage maps in bread wheat, *Triticum aestivum*”, *Aust J Agric*, 52: 1089-119.
- Checa OE and Blair MW (2008) “Mapping QTL for climbing ability and component traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Mol Breeding*, 22: 201-215.
- Coates AG, Collins LS, Aubry MP and Berggren WA (2004) “The geology of the Darien, Panama, and the late Miocene-Pliocene collision of the Panama arc with northwestern South America”. *Geol Soc Am Bull*, 116: 1327-44.
- Cockram J, Hones H and O'Sullivan DM (2011) “Genetic variation at flowering time loci in wild and cultivated barley”, *Plant Genet Resour*, 9: 264-267.

- Cortés AJ, Chavarro MC and Blair MW (2011) “SNP marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Theor Appl Genet*, 123: 827-845.
- De La Fuente M, González AM, De Ron AM and Santalla M (2013) Patterns of genetic diversity in the Andean gene pool of common bean reveal a candidate domestication gene. *Mol breeding*. 31: 501-516.
- De Ron AM, Papa R, Bitocchi E, González A.M, Debouck DG, Brick MA, Fourie D, Marsolais F, Beaver J, Geffroy V and McClean P (2015) “Common bean. In *Grain Legumes*”, New York, 10: 1-36.
- Debouck DG, Toro O, Paredes OM, Johnson WC and Gepts P (1993) Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in northwestern South America. *Economic botany*, 47: 408-423.
- Delgado-Salinas A, Bibler R and Lavin M (2006) “Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape”, *System Botany*, 31: 779-791.
- Delgado-Salinas A, Turley T, Richman A and Lavin M (1999) “Phylogenetic analysis of the cultivated and wild species of *Phaseolus* (Fabaceae)”, *Syst Botany*, 1: 438-60.
- Di Vittori V, Bellucci E, Bitocchi E, Rau D, Rodriguez M, Murgia ML, Nanni L, Attene G, Papa R (2017) “Domestication and Crop History”, In: *The Common Bean Genome*, 21-55.
- Doyle JJ and Doyle JL (1990) “Isolation of plant DNA from fresh tissue”, *Focus*, 12: 13–15.
- Elshire RJ, Glaubitz JC, Sun Q, Poland JA, Kawamoto K, Buckler ES and Mitchell SE (2011) “A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species”. *PloS one*, 6: e19379.

- Ersoz ES, Yu J and Buckler ES (2007) “Applications of linkage disequilibrium and association mapping in crop plants”, In: Genomics-assisted Crop Improvement, 97-119.
- Evanno G, Regnaut S and Goudet J (2005) “Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study”, *Mol Ecol*, 14: 2611-2620.
- Fan JB, Chee MS and Gunderson KL (2006) “Highly parallel genomic assays”, *Nat Rev Genet*, 7: 632-644
- FAO (2018) “Food and Agriculture Organization of the United Nations”. Available online: <http://www.fao.org/news/archive/news-by-date/2010/en/?page=5&ipp=10> (accessed on 5 September 2018).
- Federer WT (1956) “Augmented (or hoonuiaku) designs”, *Hawaii Plant Record*, 55, 191–208.
- Freytag GF and Debouck DG (2002) “Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionodeae) in North America, Mexico and Central America”, Botanical Research Institute of Texas, Forth Worth.
- Galeano CH, Cortés AJ, Fernández AC, Soler Á, Franco-Herrera N, Makunde G, Vanderleyden J and Blair MW (2012), “Gene-based single nucleotide polymorphism markers for genetic and association mapping in common bean”. *BMC Genet*, 13: 48-10.1186/1471-2156-13-48.
- Gepts P and Papa R (2002) “Evolution during domestication”, *Encyclopedia of life sciences*. London: Macmillan Publishers, Nature Publishing Group, 1–7.
- Gepts P, Papa R, Coulibaly S, Mejía AG and Pasquet, R (1999) “Wild legume diversity and domestication - insights from molecular methods,” in *Wild Legumes Proceedings 7th MAFF International Workshop on Genetic Resources*, ed. D. Vaughan (Tsukuba: National Institute of Agrobiological Resources), 19–31.

- Glémin S and Bataillon T (2009) “A comparative view of the evolution of grasses under domestication”, *New Phytol*, 183: 273-90.
- Godfray HC, Beddington JR, Crute IR, Haddad L, Lawrence D, Muir JF, Pretty J, Robinson S, Thomas SM and Toulmin C (2010) Food security: the challenge of feeding 9 billion people. *science*. 327: 812-818.
- Gomez KA and Gomez AA (1984) “Statistical Procedures for Agricultural Research”, Second Edition, John Wiley & Sons., New York.
- González AM, Rodiño AP, Santalla M and De Ron AM (2009) “Genetics of intra-gene pool and inter-gene pool hybridization for seed traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm from Europe”, *Field Crops Res*, 112: 66-76.
- Goudet J, Raymond M, De Meeus T and Rousset F (1996) “Testing differentiation in diploid populations”, *Genetics*, 44: 1933-1940.
- Gujaria-Verma N, Ramsay L, Sharpe AG, Sanderson LA, Debouck DG, Tar'an B and Bett KE (2016) “Gene-based SNP discovery in tepary bean (*Phaseolus acutifolius*) and common bean (*P. vulgaris*) for diversity analysis and comparative mapping”, *BMC genomics*, 17: 239. doi: 10.1186/s12864-016-2499-3.
- Haghighi KR and Ascher PD (1988) “Fertile, intermediate hybrids between *Phaseolus vulgaris* and *P. acutifolius* from congruity backcrossing”, *Sex Plant Reprod*, 1: 51-58.
- Hill WG and Robertson A (1968) “Linkage disequilibrium in finite populations”, *Theor Appl Genet*, 38: 226-31.
- Hosfield GL, Varner GV, Uebersax MA and Kelly JD (2004) “Registration of 'Merlot' small red bean”, *Crop sci*, 44: 351.353.

- Hyten DL, Song Q, Fickus EW, Quigley CV, Lim JS, Choi IY, Hwang EY, Pastor-Corrales M, Cregan PB (2010) "High-throughput SNP discovery and assay development in common bean", *BMC genomics*. 11: 475. doi.org/10.1186/1471-2164-11-38
- Ibarra-Perez FJ, Ehdaie B and Waines JG (1997) "Estimation of outcrossing rate in common bean", *Crop Sci*, 37, 60-65.
- Jaccoud D, Peng K, Feinstein D and Kilian A (2001) "Diversity arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping", *Nucl Acids Res*, 29: E25.
- Jin F, Xiong WJ, Jing JC, Feng Z, Qu LS and Shen XZ (2011) "Evaluation of the association studies of single nucleotide polymorphisms and hepatocellular carcinoma: a systematic review", *J Cancer Res Clin*, 137: 1095-1104.
- Jin HJ, Kwak KD, Hammer MF, Nakahori Y, Shinka T, Lee JW, Jin F, Jia X, Tyler-Smith C and Kim W. Y (2003) "chromosomal DNA haplogroups and their implications for the dual origins of the Koreans. *Human genet*", 114: 27-35.
- Jones N, Ougham H and Thomas H (2009) "Pasakinskiene I. Markers and mapping revisited: Finding your gene", *New Phytol*, 183: 935-966.
- Kamfwa K, Cichy KA and Kelly JD (2015) "Genome-wide association study of agronomic traits in common bean", *Plant Genome*, 8: 10.3835/plantgenome2014.09.0059.
- Kami J, Velásquez VB, Debouck DG and Gepts P (1995) "Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*". *PNAS*. 92: 1101-1104.
- Kelly JD and Adams MW (1987) "Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans", *Euphytica*, 36: 69-80.
- Kelly JD, Adams MW, Saettler AW, Hosfield GL, Varner GV, Uebersax MA and

- Taylor J (1990) Registration of 'Sierra' pinto bean. *Crop Sci*, 30: 745-756.
- Kelly JD and Cichy KA (2012) "Dry bean breeding and production technologies", *Dry beans and pulses production, processing and nutrition*, 5: 23-54.
- Kelly JD, Hosfield GL, Varner GV, Uebersax MA and Taylor J (1999) "Registration of 'Matterhorn' great northern bean". *Crop sci*, 39: 589-90.
- Kelly JD, Varner GV, Hosfield GL, Uebersax MA, Taylor J (2006) "Registration of 'Sedona' pink bean", *Crop science*, 46(6): 2707-8.
- Kilian A, Huttner E, Wenzl PE, Jaccoud D, Carling J, Caig V, Evers M, Heller-Uszynska KA, Cayla C, Patarapuwadol S and Xia L (2003) "The fast and the cheap: SNP and DArT-based whole genome profiling for crop improvement". In *Proceedings of the international congress in the wake of the double helix: from the green revolution to the gene revolution*. 443-461.
- Kilian A, Wenzl P, Huttner E, Carling J, Xia L, Blois H, Caig V, Heller-Uszynska K, Jaccoud D, Hopper C and Aschenbrenner-Kilian M (2012) "Diversity arrays technology: a generic genome profiling technology on open platforms". In *Data production and analysis in population genomics*. Humana Press, 67-89.
- Koinange EM, Singh SP and Gepts P (1996) "Genetic control of the domestication syndrome in common bean". *Crop Sci*, 36, 1037-1045.
- Korte A and Farlow A (2013) "The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review", *Plant Methods*, 9, 29. doi.org/10.1186/1746-4811-9-29.
- Krasteva L, Apostolova E, Dimova D and Svetleva D (2008) "Correlation dependences between twenty-one traits of some Bulgarian common bean genotypes", In *IV Balkan Symposium on Vegetables and Potatoes*, 191-198.
- Kwak M and Gepts P (2009) "Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae)", *Theor Appl*

Genet, 118: 979-92.

Letunic I and Bork P (2016) “Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees”, *Nucleic Acids Res*, 44: 242–245.

Li H, Vikram P, Singh RP, Kilian A, Carling J, Song J, Burgueno-Ferreira JA, Bhavani S, Huerta-Espino J, Payne T and Sehgal D (2015) “A high density GBS map of bread wheat and its application for dissecting complex disease resistance traits”. *BMC genomics*, 16: 216. doi.org/10.1186/s12864-015-1424-5.

Liebenberg AJ (2002) “Dry bean Production”. Printed and published by Department of Agriculture, Resource Centre, Directorate Agricultural Information Services, South Africa, <http://www.nda.agric.za/docs/drybeans2.pdf>.

Long SP, Marshall-Colon A and Zhu XG (2015) “Meeting the global food demand of the future by engineering crop photosynthesis and yield potential”, *Cell*, 161: 56-66.

Mamidi S, Rossi M, Moghaddam SM, Annam D, Lee R, Papa R and McClean PE (2013) “Demographic factors shaped diversity in the two gene pools of wild common bean *Phaseolus vulgaris* L”, *Heredity*, 110:267-276

McConnell M, Mamidi S, Lee R, Chikara S, Rossi M, Papa R and McClean P (2010) “Syntenic relationships among legumes revealed using a gene-based genetic linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Theor Appl Genet*, 121: 1103-16.

Mejía-Jiménez A, Muñoz C, Jacobsen HJ, Roca WM and Singh SP (1994) “Interspecific hybridization between common and tepary beans: increased hybrid embryo growth, fertility, and efficiency of hybridization through recurrent and congruity backcrossing”, *Theor Appl Genet*, 88, 324-31.

Mishra S, Sharma MK, Singh M and Yadav SK (2010) “Genetic diversity of French

bean (Bush type) genotypes in North-West Himalayas”, *IJPGR*, 23: 285-297.

Moghaddam SM, Mamidi S, Osorno JM, Lee R, Brick M, Kelly J, Miklas P, Urrea C, Song Q, Cregan P and Grimwood J (2016) “Genome-wide association study identifies candidate loci underlying agronomic traits in a Middle American diversity panel of common bean”, *Plant genome*, 9: 1–21.

Mukeshimana G, Butare L, Cregan PB, Blair MW and Kelly JD (2014) “Quantitative trait loci associated with drought tolerance in common bean”, *Crop Sci*, 54: 923–938.

Nadeem MA, Nawaz MA, Shahid MQ, Doğan Y, Comertpay G, Yıldız M, Hatipoğlu R, Ahmad F, Alsaleh A, Labhane N, Özkan H, Chung G and Baloch FS (2018a) “DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing”. *Biotechnol Biotech Eq*, 32: 261-85.

Nadeem MA, Habyarimana E, Çiftçi V, Nawaz MA, Karaköy T, Comertpay G, Shahid MQ, Hatipoğlu R, Yeken MZ, Ali F, Ercişli S, Chung G and Baloch FS (2018b) “Characterization of genetic diversity in Turkish common bean gene pool using phenotypic and whole- genome DArTseq-generated silicoDArT marker information”, *PloS one*, 13: e0205363.

Nanni L, Bitocchi E, Bellucci E, Rossi M, Rau D, Attene G, Gepts P and Papa R (2011) “Nucleotide diversity of a genomic sequence similar to SHATTERPROOF (PvSHP1) in domesticated and wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Theor Appl Genet*, 123: 1341-1357.

Nascimento M, Nascimento AC, e Silva FF, Barili LD, do Vale NM, Carneiro JE, Cruz CD, Carneiro PC and Serão NV (2018) “Quantile regression for genome-wide association study of flowering time-related traits in common bean”, *PloS one*, 13: e0190303.

Nemli S, Aşcıoğul TK, Ateş D, Eşiyok D and Tanyolac MB (2017) “Diversity and genetic analysis through DArTseq in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)

germplasm from Turkey”, *Turk J Agric Fores*, 41: 389–404.

Nodari RO, Tsai SM, Guzman P, Gilbertson RL and Gepts P (1993) “Toward an integrated linkage map of common bean. III. Mapping genetic factors controlling host- bacteria interactions”, *Genetics*, 134: 341-350.

Okii D, Mukankusi C, Sebuliba S, Tukamuhabwa P, Tusiime G, Talwana H, Odong T, Namayanja A, Paparu P, Nkalubo S and Otim M (2018) “Genetic variation, Heritability estimates and GXE effects on yield traits of Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L) germplasm in Uganda”, *Plant Genet Resour*, 16: 237- 248.

Oliveira GV, Carneiro PC, de Souza Carneiro JE and Cruz CD (2006) “Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais”. *Pesqui Agropecu Bras*, 41: 257-265.

Oliveira TR, Gravina GD, Oliveira GH, Araújo KC, Araújo LC and Daher RF (2018) “The GT biplot analysis of green bean traits”, *Ciência Rural*, 48. doi.org/10.1590/0103-8478cr20170757.

Oraguzie NC, Gardiner SE, Rikkerink EH and Silva HN (2007) “Association mapping in plants”, Springer, Berlin, Germany.

Ozturk, I, Kara, M, Yildiz, C and Ercisli, S (2009) “Physico-mechanical seed properties of the common Turkish bean (*Phaseolus vulgaris*) cultivars ‘Hinis’ and ‘Ispir’”, *New Zeal J Crop Hort*, 37: 41-50.

Papa R and Gepts P (2003) “Asymmetry of gene flow and differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mesoamerica”, *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 239-250.

Papa R, Nanni L, Sicard D, Rau D and Attene G (2006) “The evolution of genetic diversity in *Phaseolus vulgaris* L. New approaches to the origins, evolution and conservation of crops. Darwin’s harvest”, Columbia University Press,

USA.

Pereira HS, Alvares RC, de Cássia Silva F, de Faria LC and Melo LC (2017) “Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality”. *Semina: Ciências Agrárias*, 38: 1241-50.

Pérez-Vega E, Pañeda A, Rodríguez-Suárez C, Campa A, Giraldez R and Ferreira JJ (2010) “Mapping of QTLs for morpho-agronomic and seed quality traits in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Theor Appl Genet*, 120: 1367-80.

Petry N, Boy E, Wirth J and Hurrell R (2015) “The potential of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) as a vehicle for iron biofortification”, *Nutrients*, 7: 1144-1173.

Pickersgill B and Debouck DG (2005) “Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and the origin of the Mesoamerican and Andean cultivated races”, *Theor Appl Genet*, 110, 432-444.

R Core Team (2013) “R: A Language and Environment for Statistical Computing” R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3- 900051-07-0, Available at: <http://www.R-project.org/>.

Ramírez M, Graham MA, Blanco-López L, Silvente S, Medrano-Soto A, Blair, MW, Hernández G, Vance CP and Lara M (2005) “Sequencing and analysis of common bean ESTs. Building a foundation for functional genomics”, *Plant Physio*, 137: 1211-27.

Rana JC, Sharma TR, Tyagi RK, Chahota RK, Gautam NK, Singh M, Sharma PN and Ojha SN (2015) “Characterisation of 4274 accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm conserved in the Indian gene bank for phenological, morphological and agricultural traits”, *Euphytica*, 205: 441-457.

- Rathore A, Parsad R and Gupta VK (2004) “Computer aided construction and analysis of augmented designs”. *JISAS*, 57: 320–344.
- Resende RT, de Resende MD, Azevedo CF, e Silva FF, Melo LC, Pereira HS, Souza TL, Valdisser PA, Brondani C and Vianello RP (2018) “Genome-wide association and regional heritability mapping of plant architecture, lodging and productivity in *Phaseolus vulgaris*”, *G3-Genes Genom Genet*, 8: 2841-54.
- Risch N and Merikangas K (1996) “The future of genetic studies of complex human diseases”, *Science*, 273: 1516-1527.
- Rocha GS, Carneiro JE, Rezende Júnior LD, Menezes Júnior JÂ, Carneiro PC, Cecon PR (2013) “Effect of environments on the estimated genetic potential of segregating common bean populations”, *CBAB*, 13: 241-248.
- Román-Avilés B and Kelly JD (2005) “Identification of quantitative trait loci conditioning resistance to *Fusarium* root rot in common bean”, *Crop sci*, 45: 1881-1890.
- Rossi M, Bitocchi E, Bellucci E, Nanni L, Rau D, Attene G and Papa R (2009) “Linkage disequilibrium and population structure in wild and domesticated populations of *Phaseolus vulgaris* L”, *Evol Appl*, 4: 504-22.
- Sandhu KS, You FM, Conner RL, Balasubramanian PM and Hou A (2018) “Genetic analysis and QTL mapping of the seed hardness trait in a black common bean (*Phaseolus vulgaris*) recombinant inbred line (RIL) population”, *Mol breeding*, 38: 34. DOI. <http://sci-hub.tw/10.1007/s11032-018-0789-y>.
- Santalla M, Menéndez-Sevillano MC, Monteagudo AB and De Ron AM (2004) “Genetic diversity of Argentinean common bean and its evolution during domestication”, *Euphytica*, 135: 75-87.
- Schmutz J, McClean PE, Mamidi S, Wu GA, Cannon SB, Grimwood J, Jenkins J, Shu S, Song Q, Chavarro C, Torres-Torres M (2014) “A reference genome

- for common bean and genome-wide analysis of dual domestications”, *Nature genet*, 46:707-713.
- Schröder S, Mamidi S, Lee R, McKain MR, McClean PE and Osorno JM (2016) “Optimization of genotyping by sequencing (GBS) data in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”, *Mol Breeding*, 36: 1-9
- Scully BT, Wallace DH and Viands DR (1991) “Heritability and correlation of biomass, growth rates, harvest index, and phenology to the yield of common beans”, *J Am Soc Hortic Sci*, 116: 127-130.
- Sharma MK, Mishra S and Rana NS (2009) “Genetic divergence in French bean (*Phaseolus vulgaris* L.) pole type cultivars”, *Legume Res*, 32: 220-223.
- Singh SP (1994) “Gamete selection for simultaneous improvement of multiple traits in common bean”, *Crop sci*, 34: 352-355.
- Singh SP, Gepts P and Debouck DG (1991) “Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae)”, *Econ Bot*, 45: 379-396.
- Song Q, Jia G, Hyten DL, Jenkins J, Hwang EY, Schroeder SG, Osorno JM, Schmutz J, Jackson SA, McClean PE and Cregan PB (2015) “SNP assay development for linkage map construction, anchoring whole-genome sequence, and other genetic and genomic applications in common bean”, *G3: Genes, Genom, Genet*, 5: 2285- 2290.
- Souza DA, Balestre M, Pamplona AK, Pinheiro LR, Alves FC, Pereira DR and Santos JB (2017) “QTLs of morpho-agronomic traits in the Jalo x Small White common bean population”, *Genet Mol Res*, 16: DOI <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039686>.
- Sönmez F, Gülser F, Karaca S and Gökkaya T (2018) “Determination of some physical and chemical properties of research area soils of Bolu Abant İzzet Baysal University IJAWS, 4: 68-78.

- Spataro G, Tiranti B, Arcaleni P, Bellucci E, Attene G, Papa R, Zeuli PS and Negri V (2011) “Genetic diversity and structure of a worldwide collection of *Phaseolus coccineus* L”. *Theor Appl Genet.* 122: 1281-1291.
- Stich B and Melchinger AE (2010) “An introduction to association mapping in plants”. *CAB Reviews*, 5: 1-9.
- Stich B, Urbany C, Hoffmann P and Gebhardt C (2013) “Population structure and linkage disequilibrium in diploid and tetraploid potato revealed by genome-wide high- density genotyping using the SolCAP SNP array”, *Plant Breed*, 132: 718-24.
- Şehirali S (1988) “Yemeklik Dane Baklagiller”, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Class Book, No: 1089.
- Takeuchi Y, Lin SY, Sasaki T and Yano M (2003) “Fine linkage mapping enables dissection of closely linked quantitative trait loci for seed dormancy and heading in rice”, *Theor Appl Genet*, 107: 1174-1180.
- Tar'an B, Michaels TE and Pauls KP (2002) “Genetic mapping of agronomic traits in common bean”, *Crop Sci*, 42: 544-556.
- Terán H, Lema M, Webster D and Singh SP (2009) “75 years of breeding pinto bean for resistance to diseases in the United States”, *Euphytica*, 167: 341-351.
- Tilman D, Balzer C, Hill J and Befort BL (2011) “Global food demand and the sustainable intensification of agriculture”, *PNAS*, 108: 20260-20274.
- TUIK (2017) “Turkish Statistical Institute (TurkStat)”. Supply Balance Sheets for Crops Products. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=104&locale=en>.
- Urrea CA and Singh SP (1994) “Comparison of mass, F2-derived family, and single-seed-descent selection methods in an interracial population of common bean”, *Can J Plant Sci*, 74: 461-464.

- Valdisser PA, Pappas GJ, de Menezes IP, Müller BS, Pereira WJ, Narciso MG, Brondani C, Souza TL, Borba TC and Vianello RP (2016) “SNP discovery in common bean by restriction-associated DNA (RAD) sequencing for genetic diversity and population structure analysis”, *Mol Genet Genomics*, 291: 1277-1291.
- Valdisser PA, Pereira WJ, Almeida Filho JE, Müller BS, Coelho GR, de Menezes IP, Vianna JP, Zucchi MI, Lanna AC, Coelho AS and de Oliveira JP (2017) “In-depth genome characterization of a Brazilian common bean core collection using DArTseq high-density SNP genotyping”, *BMC genomics*, 18: 423, DOI, <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3805-4>.
- Vallejo V and Kelly JD (2005) “Unexpected resistance genes for anthracnose uncovered”, *Annual Report-Bean Improvement Cooperative*, 48: 74-81.
- Vallejos EC, Sakiyama NS AND Chase CD (1992) “A molecular marker-based linkage map of *Phaseolus vulgaris* L.”, *Genetics*, 131: 733-740.
- VanRaden PM (2008) “Efficient methods to compute genomic predictions”, *J Dairy Sci*, 91: 4414–4423.
- Velez JJ, Bassett MJ, Beaver JS AND Molina A (1998) “Inheritance of resistance to bean golden mosaic virus in common bean”, *J AM SOC HORTIC SCI*, 123: 628-31.
- Vlasova A, Capella-Gutiérrez S, Rendon-Anaya M, Hernández-Oñate M, Minoche AE, Erb I, Câmara F, Prieto-Barja P, Corvelo A, Sanseverino W and Westergaard G (2016) “Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes”. *Genome biolo.* 17: 32, <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0883-6>.
- Wondimu W and Bogale A (2017) “Genetic Variability, Heritability and Genetic Advance of Some Haricot Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Varieties at Bench-Maji Zone”, *Southwest Ethiopia. Asian J Crop Sci*, 9: 133-40.

- Wu J, Wang L, Li L and Wang S (2014) “De novo assembly of the common bean transcriptome using short reads for the discovery of drought-responsive genes”, *PLoS One*, 9: e109262.
- Yang RC (1998) “Estimating hierarchical f-statistics”, *Evolution*, 52: 950-956.
- Yeken MZ, Kantar F, Çancı H, Özer G and Çiftçi V (2018) “Breeding of Dry Bean Cultivars Using *Phaseolus vulgaris* Landraces in Turkey”, *IJAWS*, 4: 45-54.
- Yuste-Lisbona FJ, González AM, Capel C, García-Alcázar M, Capel J, De Ron AM, Santalla M and Lozano R (2014) “Genetic variation underlying pod size and color traits of common bean depends on quantitative trait loci with epistatic effects”, *Mol breeding*, 33: 939-52.
- Zhang Z, Ersoz E, Lai CQ, Todhunter RJ, Tiwari HK, Gore MA, Bradbury PJ, Yu J, Arnett DK, Ordovas JM and Buckler ES (2010). Mixed linear model approach adapted for genome-wide association studies. *Nature genet.* 42: 355-360.
- Zhu C, Gore M, Buckler ES and Yu J (2008) “Status and prospects of association mapping in plants”, *Plant Genome*, 1: 5-20.
- Zhu YL, Song QJ, Hyten DL, Van Tassell CP, Matukumalli LK, Grimm DR, Hyatt SM, Fickus EW, Young ND and Cregan PB (2003) “Single-nucleotide polymorphisms in soybean”, *Genetics*, 163: 1123-34.
- Zou X, Shi C, Austin RS, Merico D, Munholland S, Marsolais F, Navabi A, Crosby WL, Pauls KP, Yu K and Cui Y (2014) “Genome-wide single nucleotide polymorphism and Insertion-Deletion discovery through next-generation sequencing of reduced representation libraries in common bean”, *Mol Breeding*. 33: 769-778.

7. ÖZGEÇMİŞ



Adı Soyadı : Muhammad Azhar Nadeem

Doğum Yeri ve Tarihi : Multan, Pakistan, 25/11/1989

Lisans Üniversite : Bahauddin Zakariya University

Y. Lisans Üniversite (varsa): Bahauddin Zakariya University

Elektronik posta : azharjoiya22@gmail.com

İletişim Adresi :Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, Bolu

Yayın Listesi : 12 Makale

: 3 kitap bölümü

Ödüller

:Abant İzzet Baysal Üniversitesi tarafından Avrupa Birliği işbirliğiyle Marche Polytechnic Üniversitesi, Ancona İtalya'da Erasmus stajını başarıyla tamamladı.

:Baklagiller eğitimine katılmak üzere, Uluslararası İleri Akdeniz Agronomik Araştırmalar Merkezi'nden (CIHEAM IAM) Zaragoza, İspanya'dan burs kazandı.