



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**YABANCI KÖKENLİ BAZI BAKLA (*Vicia faba* L.)
POPULASYONLARINDAKİ GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU**

HİDAYET TUFAN

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**HATAY
OCAK-2015**



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YABANCI KÖKENLİ BAZI BAKLA (*Vicia faba* L.)
POPULASYONLARINDAKİ GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU

HİDAYET TUFAN

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HATAY
OCAK-2015

T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YABANCI KÖKENLİ BAZI BAKLA (*Vicia faba* L.)
POPULASYONLARINDAKİ GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU

HİDAYET TUFAN

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Yrd. Doç. Dr. Cahit ERDOĞAN danışmanlığında hazırlanan bu tez **22/01/2015** tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından **OYBİRLİĞİ** ile kabul edilmiştir.

Yrd. Doç. Dr. Cahit ERDOĞAN
Başkan

Doç. Dr. Okan ŞENER
Üye

Yrd. Doç. Dr. Emre İLHAN
Üye

Kod No:

Prof. Dr. İsmail Hakkı KARAHAN
Enstitü Müdürü

Bu çalışma MKÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu tarafından desteklenmiştir.
Proje No: 8341

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

22/01/2015

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını ve tez üzerinde Yükseköğretim Kurulu tarafından hiçbir değişiklik yapılamayacağı için tezin bilgisayar ekranında görüntülendiğinde asıl nüsha ile aynı olması sorumluluğunun tarafıma ait olduğunu beyan ederim.

HİDAYET TUFAN

ÖZET

YABANCI KÖKENLİ BAZI BAKLA (*Vicia faba* L.) POPULASYONLARINDAKİ GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Bitki ıslahı programlarında öncelikle genetik varyasyonun ortaya çıkarılması gerekmektedir. Bu varyasyonu belirlemek için bir moleküler DNA işaretleyici tekniği olan SSR (Simple Sequence Repeats) yaygın olarak genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanılmaktadır. Bu araştırmada ICARDA'dan (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) temin edilen 17 adet bakla hattı ve 1 adet bakla çeşidi, ülkemizde tescil edilmiş Eresen-87 ve Kıtık-2003 çeşitleri ve Antakya ve Yayladağı yerel populasyonları olmak üzere toplam 22 adet bakla genotipi, SSR markörleri ile değerlendirildi. Çalışmada kullanılan 41 adet SSR primerinden 25 adeti bant üretti. SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucunda; polimorfik bant sayısı 25 adet, monomorfik bant sayısı 14 adet olmak üzere toplam bant sayısı 39 adet olarak belirlenmiştir. Ortalama gen çeşitliliği ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri sırasıyla 0,27 ve 0,24 olmuştur. Hem gen çeşitliliği değeri hem de shanon indeksi bakımından ülkemizde tarımı yapılan bakla genotipleri ICARDA kökenli genotiplere göre daha fazla genetik çeşitlilik göstermiştir. Jaccard benzerlik katsayısı kullanılarak elde edilen UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) soyağacına göre ICARDA kökenli FLIP10- ve FLIP03- ile başlayan bakla hatları başarı ile ayırt edilebilmiştir. Bu bulgular gerçekleştirilen faktör analizi tarafından da büyük ölçüde desteklenmiştir. Elde edilen bu sonuçlar, çalışmada kullanılan bakla genotipleri arasında (özellikle de ülkemizde tarımı yapılanlar) gen çeşitliliğinin yeterince yüksek olduğunu ve bu bilgilerin ıslah çalışmalarında kullanılabileceğini göstermiştir.

2015, 49 sayfa

Anahtar Kelimeler: Bakla, *Vicia faba*, SSR, Genetik Çeşitlilik

ABSTRACT

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF GENETIC DIVERSITY IN SOME FABA BEAN (*Vicia faba* L.) POPULATIONS

It is essential that the genetic variation be emerged initially in a plant breeding programme. SSR (Simple Sequence Repeats), a molecular DNA marker, have been commonly used in the studies including genetic characterization to determine the variation. In this study, a total of 22 faba bean genotypes, 18 of which were originated from ICARDA (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) and 4 of which were cultivated in Turkey (namely the varieties Eresen-87, Kıtık-2003 and the populations Antakya and Yayladağı), were evaluated by using SSR markers. Of 41 SSR markers used, 25 produced bands. As a result of SSR amplification, a total of 39 bands, 25 of which were polymorphic and 14 of which were monomorphic, were achieved. The mean gene diversity and polymorphism information content (PIC) values were 0.27 and 0.24 respectively. The faba bean genotypes, cultivated in Turkey, showed greater diversity than those originated from ICARDA. The faba bean genotypes the names of which begin FLIP10- and FLIP03- were successfully separated, using the UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) dendrogram constructed via Jaccard similarity coefficients. These results were further supported by factor analysis substantially. The results indicated that there is a sufficient gene diversity among the faba bean genotypes used (especially cultivated in Turkey) and will facilitate faba bean breeding programs in future.

2015, 49 pages

Key Words: Faba Bean, *Vicia faba*, SSR, Genetic Diversity

TEŐEKKÜR

Bana bu konu üzerinde alıŐma fikrini veren, laboratuvar olanaklarından faydalanmamı sađlayan ve alıŐmamın her aŐamasında, bilgi deneyim ve önerileriyle yardımcı olan danıŐmanım Sayın Yrd.Do.Dr. Cahit ERDOĐAN 'na, Yrd.Do.Dr. Emre İLHAN ve Do.Dr. Okan ŐENER'e teŐekkürlerimi bir bor bilirim. Ayrıca, alıŐmamın yürütölmesi sırasında yardımlarını benden esirgemeyen İngilizce Öğretmeni Ebru Dünyagüzelin'e, Ziraat Müh. Burhan KALE, Serbest Denetim Uzmanı Birol DURU'a, Uđur ARI ve Melike USLU 'ya teŐekkür ederim. Eğitim ve öğretimimin her aŐamasında benden desteklerini esirgemeyen ve akademik kariyerim konusunda bana sürekli ufuklar açan maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen Annem, Babam ve KardeŐlerime teŐekkürü bir bor bilirim.

İÇİNDEKİLER	SAYFA
ÖZET.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER.....	IV
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	V
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	VII
1.GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	3
2.1 Tarımsal Özelliklerle ilgili Çalışmalar.....	3
2.2. Moleküler Markörler ile İlgili Çalışmalar.....	4
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	9
3.1. Materyal:.....	9
3.2. Yöntem:.....	9
3.3. Yapılan ölçümler ve izlenen parametreler:.....	10
3.3.1. Tarımsal Özellikler.....	10
3.3.2. Laboratuvar Analizleri.....	10
3.3.3. DNA İzolasyonu ve DNA'nın Elde Edilmesi.....	10
3.3.4. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi.....	11
3.3.4. Çalışmada Kullanılan Primerler.....	11
3.3.6. PCR Analizi.....	13
3.3.7. Elektroforez İşlemi.....	13
3.4. Verilerin değerlendirilmesi:.....	13
4.ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA.....	15
4.1. Tarımsal özellikler.....	15
4.1.1. Bitki boyu (cm).....	15
4.1.2. İlk Bakla Yüksekliği (cm).....	16
4.1.3. Bakla Sayısı (adet/bitki).....	18
4.1.4. Tane Sayısı (adet/bitki).....	20
4.1.4. Tane Ağırlığı (g/bitki).....	21
4.2. Korelasyon Katsayıları.....	23
4.3. SSR Analizi.....	23
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	34
KAYNAKLAR.....	36
ÖZGEÇMİŞ.....	39

ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 3.1. Araştırmada Kullanılan Bakla Genotiplerinin Pedigrileri ve Kökenleri	9
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan SSR primerleri	12
Çizelge 4.1. Çizelge Farklı Bakla Genotiplerinin Bitki Boyu değerleri (cm) İle ilgili Varyans Analiz Sonuçları	15
Çizelge 4.2. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitki Boyuna İlişkin Ortalamaları (cm)	16
Çizelge 4.3. Farklı Bakla Genotiplerinin İlk Bakla Yüksekliğine (cm) İlişkin Varyans Analiz Sonuçları	17
Çizelge 4.4. Farklı Bakla Genotiplerinin İlk Bakla Yüksekliğine (cm) İlişkin Ortalamaları	17
Çizelge 4.5. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Bakla Sayısına İlişkin Varyans Analiz Sonuçları.....	18
Çizelge 4.6. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Bakla Sayısına(adet) İlişkin Ortalamaları	19
Çizelge 4.7. Farklı Bakla Genotiplerinin Tane sayısına İlişkin Varyans Analiz Sonuçları	20
Çizelge 4.8. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Tane Sayısına İlişkin Ortalamaları...	20
Çizelge 4.9. Farklı Bakla Genotiplerinin Tane Ağırlığına İlişkin Varyans Analiz Sonuçları	21
Çizelge 4.10. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Tane Ağırlığına (g) İlişkin Ortalamaları	22
Çizelge 4.11. Bakla Bitkisinde Bazı Verim Öğeleri Arasındaki Korelasyon Katsayıları.....	23
Çizelge 4.12. SSR Primerlerinin Amplifikasyonu Sonucu Elde Edilen Allel Sayısı, Gen Çeşitliliği, PIC değeri, Polimorfik Bant Sayısı, Monomorfik Bant Sayısı, Toplam Bant Sayısı ve Polimorfizm Yüzdesi Değerler.....	25
Çizelge 4.13. Bakla Genotiplerinin Amplifikasyonuna Göre Elde Edilen Allel Sayısı, Etkili Allel Sayısı, Gen Çeşitliliği ve Shanon İndeksi Değerleri.....	27
Çizelge 4.14. Bakla genotipleri arasında SSR verilerine göre hesaplanan Jaccard genetik benzerlik katsayısı.....	30
Çizelge 4.15. Faktör analizi sonucu oluşan faktörlerin Özdeğerleri, Toplam Varyansları (%), Yığmal Özdeğerleri ve Yığmal Varyansları	32

Çizelge 4.16. Faktör analizi sonucu oluşan faktörler ve bakla genotiplerinin bu faktörler üzerindeki yük değerleri.....	33
-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----

ŞEKİLLER DİZİNİ

SAYFA

- Şekil 4.1. DMA045, M16, DMA042 ve DMA044 SSR primerleri kullanılarak 22 bakla genotipinden elde edilen bant görüntüleri.....29
- Şekil 4.2. SSR analizi sonucu 22 bakla genotipinden 25 primer kullanılarak elde edilen Jaccard benzerlik katsayısı ve UPGMA'ya göre çizilen soyağacı.31

1.GİRİŞ

Bakla (*Vicia faba* L.), yakın doğu'da kültüre alınan en eski bitkilerden olup, hem taze baklaları hem de kuru tohumlarından faydalanılmak amacıyla yetiştirilmektedir. Tohumlarında bulunan yüksek protein içeriği (ortalama 25%) baklayı hayvan ve insan beslenmesinde değerli bir besin haline getirmektedir (Musallam *et al*, 2004). Dünyada başlıca bakla üretimi yapan ülkeler Çin, Etiyopya, Fransa ve Mısır'dır (FAO, 2012). Bakla Türkiye'de nohut, mercimek ve fasulyeden sonra en fazla ekimi ve üretimi yapılan bir yemeklik baklagil bitkisidir (TÜİK, 2010). Ekolojik istekleri bakımından ülkemizde önemli bir üretim potansiyeline sahip olmasına rağmen, tüketim alışkanlığının yetersizliğinden dolayı yemeklik baklagiller içerisinde ön sıralarda yer bulamamıştır. Buna bağlı olarak bakla ıslah çalışmaları ve dolayısıyla tescilli çeşit sayısı oldukça sınırlı kalmıştır (Anonim, 2012). Hâlbuki ülkemiz bakla bitkisinin köken merkezlerinden birisi olması (Duc, 1997) nedeniyle bakla ıslahı açısından büyük bir genetik varyasyona sahiptir. Hastalık ve zararlılara dayanıklılık, soğuk, sıcak, kuraklık ve tuzluluk gibi çevresel streslere toleranslı, ve yüksek dane verimli bakla çeşitlerinin ıslah edilmesi, böyle bir varyasyon kullanılarak gerçekleştirilebilir.

Dünya Sağlık Örgütü, uygun bir beslenme için günde 80 g yemeklik baklagillerin diyet içerisinde yer almasını tavsiye etmektedir. Fakat ülkemizde yemeklik baklagillerin tüketim miktarı tavsiye edilen miktardan düşüktür. Bu açığı kapatmanın alternatif yollarından birisi, yemeklik baklagiller üretimi içerisinde dördüncü sırada yer alan bakla bitkisinin üretiminin artırılmasıdır. Bunu gerçekleştirmek için uygun tarımsal yöntemlerin kullanılması tek başına yeterli olmamakta, ayrıca verim potansiyeli yüksek çeşitlerin ıslah edilerek üreticilere dağıtılması gerekmektedir.

Bitki ıslahında yeni bir çeşidin geliştirilmesi için geçerli olan iki temel kuraldan birincisi genetik varyasyonun oluşturulması ya da var olan genetik varyasyondan faydalanma, diğeri ise uygun bitkilerin seleksiyonudur. Bakla üretimine yönelik biyotik ve abiyotik sınırlamaların üstesinden gelebilmenin en etkin yolu, bakla tarımının yapıldığı ekolojiye uygun çeşitlerin geliştirilmesidir. Kuşku yok ki, gerek hastalık ve zararlılara dayanıklı gerekse düşük veya yüksek sıcaklık gibi çevre koşullarına uygun genotiplerin seçilebilmesi için öncelikle introduksiyon, melezleme ya da mutasyon yöntemlerinden birisiyle oluşturulan genetik çeşitliliğin ortaya konması gerekmektedir.

Bitkiler arasındaki genetik varyasyonu ortaya çıkarmak için morfolojik özelliklerin incelenmesi ve biyokimyasal yöntemlerin yetersiz kalması nedeniyle RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), SSR (Simple Sequence Repeats) ve ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) gibi farklı moleküler DNA işaretleyici teknikleri ortaya çıkmıştır. Moleküler markörler hızlı sonuç verirler, çevre şartlarından etkilenmez ve tarımsal açıdan önemli karakterlerin seçiminde güvenilirlerdir. Bu özellikleri nedeniyle son yıllarda bakla ıslahında genetik varyasyonun ya da benzerliğin tespit edilmesi için kullanılmaya başlanmıştır (Gresta ve ark., 2009; Zong ve ark., 2009; Terzopoulos ve Bebeli, 2008).

DNA işaretleyici tekniklerinden biri olan SSR markörleri (mikrosatellit olarak ta bilinirler), yüksek derecede polimorfik ve PCR tabanlı olmaları, ve bir tür içerisinde kolaylıkla transfer edilebilmeleri nedeniyle birçok kültür bitkisinde kullanılabilir (Lichtenzweig ve ark., 2005). Bu markör bakla bitkisinde gen haritasının çıkarılmasında (Pozarkova ve ark., 2002), *Orobanche crenata*'ya (canavar otu) dayanıklılık ve genetik çeşitlilik çalışmalarında (Zeid ve ark., 2009; Gong ve ark., 2011) ve vicia türleri ve çeşitleri arasındaki genetik yakınlığın belirlenmesi ve filogenetik analizinde başarıyla kullanılmaktadır (Akash ve Myers, 2012).

Bakla bitkisi ülkemizde önemli bir üretim potansiyeline sahip olmakta fakat tescil edilen çeşit sayısı bakımından oldukça gerilerde kalmaktadır. Bu çalışma, gerek ICARDA'dan (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) sağlanan gerekse ülkemizde tarımı yapılan bazı çeşit ve yerel bakla populasyonlarına ait genetik çeşitliliğin SSR markörleri kullanılarak ortaya çıkarılması ve bu bilgilerin bakla ıslahında çalışan araştırmacıların hizmetine sunulmasını amaçlamaktadır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1 Tarımsal Özelliklerle ilgili Çalışmalar

Ricciardi (1985), Güney İtalya'da 11 bakla populasyonunda, 12 karakter üzerinde çalışmış ve tohum veriminin, bitkide dal, bitkide bakla, salkımda bakla, bitki boyu, bitkide tohum sayısı, 100 tane ağırlığı ve bakla sayısı ile kesin ilişkili olduğunu tespit etmiştir.

Tosun ve ark. (1988)'nin Ondokuz Mayıs Üniversitesi Kuru Pelit Kampüsünde ICARDA'dan temin edilen bakla hatları arasında seçilen 20 hat üzerinde verim ve verim unsurlarını tespit etmek ve yöreye uygun bir çeşidin yetiştiriciliğinin yaygınlaştırılması amacı ile kıraç koşullarda yaptıkları çalışmada, genelde üstün verim sağlayan hatlar içerisinde ILB/1933, ILB/1270, ILB/22, ILB/1815, ve ILB/X77Sd 13 nolu hatlarının ümit verici olduğunu bildirmişlerdir. Yaptıkları araştırmada, çeşitler arasındaki bitki boyu, dal sayısı, 100 tane ağırlığı, sap x tane ağırlığı interaksyonu, tane verimi ve bakla sayısı, çeşitler arasında istatistiki olarak önemli farklılıklar bulmuşlardır.

Lang li (1988), seçilmiş 5 bakla çeşidinde ortalama bitki boyunu 108,4 cm, bitkideki bakla sayısını 24,4 g olarak tespit etmiştir.

Akmaz (1993), bakla ile yaptıkları denemelerde bitkide bakla sayısını 6,1-11,5, bitkide tane sayısını 11,5-16,3 olarak bulmuşlardır.

Beşer (2000), baklada bitkide bakla sayısının 2,83-4,15 adet/bitki, hasat indeksinin %45,49-57,46, tanede protein oranının %26,35 – 29,98 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Toker (2004), bakla bitkisinde yapmış olduğu çalışmada, bitkide bakla sayısı, biyolojik verim, tane verimi ve bitkide dal sayısının çevresel koşullardan en fazla etkilenen özellikler olduğunu ifade etmiştir.

Köseoğlu (2006), Çukurova koşullarında bakla çeşidinde yapmış olduğu araştırmada, Eresen-87, Lara ve Seher çeşitlerinde ekim sıklığı azaldıkça, bakla sayılarının artmasına bağlı olarak bitkide tane sayısı değerleri de artış gösterdiğini bildirmiştir.

2.2. Moleküler Markörler ile İlgili Çalışmalar

Link ve ark. (1995), 13 Avrupa kökenli küçük tohumlu bakla hattı, 6 Avrupa kökenli büyük tohumlu bakla hattı ve 9 Akdeniz tipi bakla hatları arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için 59 RAPD primeri kullanmışlar, bu primerlerden 35 adetinin 289 polimorfik bant üreterek bilgilendirici olduğunu belirtmişler ve kümeleme analizi sonucunda Avrupa kökenli küçük tohumlu bakla hatlarının ayrı bir kümede, Avrupa kökenli büyük tohumlu bakla hatları ve Akdeniz tipi bakla hatlarının birlikte aynı kümede yer aldığını bildirmişlerdir.

Ratnaparkhe ve ark. (1998), ISSR DNA markörü kullanarak nohut ve yabani akraba türlerde genetik çeşitliliğin belirlenmesi için yapılmış olan bu araştırmada, (TG)n tekrarına sahip ISSR primerlerinin, (GA)n tekrarına sahip primerlerden daha yüksek oranda polimorfizm gösterdiğini bildirmişlerdir.

Huttel ve ark. (1999), Nohut'un genomik DNA'sını kullanarak SSR geliştirmeye çalıştıkları bu araştırma, 39 klon'un (TAA)₅, 26 klonun (GA)₈, 18 klonun (GT)₈, 27 klonun (AT) tekrarlamaları bakımından zengin olduğunu, bununla birlikte farklı trinükleotid tekrarlarında klonlandığını, DNA dizilimi belirlenen 43 klonun mikrosatellit taşıdığını bildirmişlerdir. Bu bilgilerden hareketle, yazarlar toplam 28 SSR primeri geliştirmişler ve bunların PCR ile ürün verme yeteneklerini bir *C. reticulatum* ve dört *C. arietinum* genotipinde araştırmışlardır. Araştırmada kullanılan 28 SSR primerinin ortalama 2-4 allele sahip olduğunu bildirerek, en polimorfik SSR primerlerinin CaSTMS10 ve CaSTMS15 primer çiftleri olduğunu bildirerek, geliştirilen SSR primerlerinin nohutta genetik çeşitlilik çalışmasında başarıyla kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Liu ve ark. (2000), SSR DNA markörleri ile genetik stok çeşitleri (convert race stocks) arasındaki varyasyonu incelemişler ve bir *G. hirsutum* L. çeşidiyle diğer genetik stok çeşitleri arasındaki genetik uzaklığı belirlemişlerdir. Genetik stok çeşitlerinin çoğunun, *G. hirsutum* L. türünün standart çeşidi olan TM1 çeşidinden genetik uzaklığını 0,25'den az bulmuşlardır.

Chowdhury ve ark. (2002), 19 nohut çeşit ve hattında genetik ilişkileri saptamak amacıyla 22 RAPD ve 22 ISSR markörü kullanmışlar ve 6 genotipi genotipe özel markörler ile tanımlamışlardır. ISSR primerleri RAPD primerlerine göre daha az markör oluşturmuştur. Buna karşılık ISSR primerleri RAPD primerlerine göre daha

yüksek polimorfizm oluşturmuştur. İncelenen nohut çeşitlerinde homojenliğin yüksek olduğu, benzer genetik tabana sahip genotiplerin daha yakın genetik ilişkiye sahip olduğu, benzer tohum tipindeki genotiplerin benzer grup içerisinde yer aldığı saptanmıştır.

Guo ve ark. (2003), A ve D genomuna ait diploid ve allotetraploid pamuk türlerindeki genetik farklılığı SSR markörleri ile analiz etmişlerdir. A ve D genomuna ait 10 diploid pamuk türünde yüksek polimorfizm bulmuşlar ve daha önceden Fryxell tarafından yapılan sınıflandırma ile tutarlı bulmuşlardır. D genomuna ait *G. Gossypioide* ile diğer diploid D genomuna ait çeşitlerle karşılaştırdıklarında düşük genetik benzerlik bulmuşlardır.

Agrama ve Tuinstra (2003), iki DNA moleküler işaretleyicisi kullanarak, SSR ve RAPD yöntemleriyle, sorgum gen kaynaklarında genetik çeşitliliği inceledikleri çalışmada, morfolojik olarak birbirlerinden farklı 22 sorgum genotipini, 32 RAPD ve 28 SSR primeri ile analiz yaptıklarını, primer başına 4,5 polimorfizm oranı ile SSR DNA işaretleyicisinin yüksek polimorfizme sahip olduğunu, RAPD DNA işaretleyicisinin polimorfik oranının düşük olduğunu, SSR verilerine göre hesaplanan genetik uzaklık değerlerinin sorgum genotiplerinin coğrafik orijini ve taksonomik sınıflandırması ile ilişkili olduğunu bildirerek, SSR DNA işaretleyicisinin sorgum genotiplerinde genetik benzerliği saptamada başarıyla kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Galvan ve ark. (2003), 23 ISSR primeri kullanılarak, Fransa orjinli 3 ve Arjantin orjinli 10 kültür fasulyesi arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi için yapılan bu çalışmada, kullanılan primerlerden 9 adedinin polimorfik olduğunu ve bu polimorfik primerlerin 75 polimorfik bant oluşturduğunu, bant büyüklüklerinin 300- 2400 baz çifti arasında bulunduğunu, ISSR verilerine göre elde edilen dendrograma göre 13 fasulye çeşidinin iki ana gruba ayrıldığını, bu gruplarında Andean ve Mesoamerican gen kaynaklarını temsil ettiğini saptayarak, kullanılan bu primerlerin fasulye çeşitlerinin genetik çeşitliliklerinin incelenmesinde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Zeid ve ark. (2003), AFLP primerleri ile Asya, Avrupa ve Kuzey Afrika kökenli elit bakla genotiplerinin genetik çeşitliliğini araştırdıkları çalışmalarında; jaccard benzerlik katsayısı ve temel koorninat analizine göre sadece Asya kökenli bakla hatlarının ayrı bir grup oluşturduklarını tespit etmişlerdir.

Hamza ve ark. (2004), 17 SSR primeri kullanarak Tunus'ta yetiştirilen 26 arpa çeşit ve hattında genetik çeşitliliği araştırdıkları bu çalışmada, 17 SSR primerinden 15'nin polimorfik olduğunu, ortalama primer başına 3,6 polimorfik band düştüğünü, ortalama polimorfizm bilgi indeksinin 0,45 olduğunu, morfolojik ve SSR verilerine göre yapılan kümeleme analizi sonucunda arpa çeşit ve hatlarının kolaylıkla köy çeşidi, tescilli çeşit veya kullanım alanına göre yemlik veya biralık arpa olarak ayrılabilirdiğini, genetik çeşitliliği saptamakta kullanılan metodların birbirleriyle ilişki içinde olduğunu, SSR ve morfolojik verilere göre ayrı ayrı oluşturulan kümeleme gruplarının birbirleriyle nispeten uyumlu olduğunu ve Tunus arpa çeşitlerindeki geniş genetik çeşitliliğin bulunduğunu bildirmişlerdir.

Sudapak (2004), nohutta tür içi ve türler arası varyasyonu ortaya çıkarmak için ISSR DNA moleküler markörünün potansiyelini araştırdığı bu çalışmada, *Cicer* türlerinin ISSR primerleri ile kolaylıkla tanımlanabildiğini, fakat tür içindeki varyasyonu belirlemede yetersiz kaldığını bildirmiştir

Balaid ve ark. (2006), *Lathyrus* cinsindeki genetik çeşitliliği değerlendirmek amacıyla ISSR tekniği ile *Lathyrus* seksuyonuna giren *L. sativus* ve *L. cicera* türleri ile *Clymenum* seksuyonuna giren *L. ochrus* türleri üzerinde yaptıkları çalışmada, 5 ISSR primeri kullanarak 60 polimorfik DNA bandı saptadıklarını, bir ISSR primerinde elde edilen 500 bp uzunluğundaki bandın *Clymenum* seksuyonunda bulunmadığının ortaya çıktığını bildirmektedirler. Araştırmacılar, elde ettikleri bulguların mürdümükte tür içi ve türler arası yüksek bir moleküler polimorfizm bulunduğunu gösterdiğini bildirmektedirler.

Terzopoulos ve Bebeli (2008), Yunanistan'da 20 yerel, beş adet minör tip ve 15 adet Akdeniz tipi bakla genotiplerindeki genetik çeşitliliği araştırmak amacıyla dört ISSR primeri kullanmışlar, çizdikleri soyağacında minör tiplerinin ile Akdeniz tiplerinin ayrı kümelerde olduğunu tespit ederek, Akdeniz tipi baklalarının en az iki gen havuzundan oluşabileceğini bildirmişlerdir.

Rehman (2009), ILC 588 x ILC 3279 nohut hatlarının melezlemesinden elde ettiği kendilenmiş hatlar üzerinde 52 SSR markörü ile yaptığı çalışmasında; toplam 13 genom bölgesinin kurağa dayanıklılık ile ilişkili olduğunu bildirmiştir.

Babayeva ve ark. (2009), beş adet yüksek derecede polimorfik SSR markörleriyle Orta Asya ve Kafkasya kökenli 39 kültürü yapılan mercimek genotipinde

yaptıkları çalışmalarında; toplam 33 allel belirlemişler, beklenen gen çeşitliliği değerini 0,66 olarak bulmuşlardır. Sonuç olarak aynı kökene sahip mercimek genotiplerinin çoğunluğu ayırt edilebilmiştir.

Gresta ve ark. (2009), altı adet AFLP markörü ile Sicilya yerel bakla populasyonunun genetik çeşitliliğini araştırdığı çalışmada; sözkonusu populasyonda kayda değer derecede varyasyonun olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca ortalama polimorfizm oranını % 61,9 ve Pic değerini 0,5 olarak tespit etmişlerdir.

Zong ve ark. (2009), Çin’de yerel ve yabancı kökenli bakla populasyonları arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 10 AFLP primeri kullanarak 266 polimorfik bant elde etmişler, temel bileşenler analizi ve kümeleme analizi ile Çin kökenli baklaları diğerlerinden ayırt edebilmişlerdir.

Jomova ve ark. (2009), Slovakya’da gen bankasından temin ettikleri 49 nohut genotipi içerisindeki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla beş SSR primeri kullanmışlar, bu primerlerden dört adeti polimorfik bant üretmiş, lokus başına 11 adet allel tespit etmişlerdir. Aynı çalışmada polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerini 0,972-0,991 arasında bulmuşlardır.

Zeid ve ark. (2009), canavarotuna (*Orobanche crenata*) dayanıklı “Giza 402” bakla çeşidinde bant üreten 73 SSR primerinden 54 adetinin 10 adet Mısır ve İspanya kökenli bakla genotiplerinde polimorfik bant ürettiğini tespit etmişler, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerini 0,16-0,72 arasında bulmuşlar, oluşturdukları UPGMA soyağacında tüm dayanıklı genotiplerin aynı grupta yer aldıklarını bildirmişlerdir.

Xu ve ark. (2010), börülce bitkisinde “unguiculata” alt türünde kullanılan SSR markörlerin “sesquipedialis” alt türünde kullanılabilmesine yönelik yaptıkları araştırmada; toplam 410 adet EST (Expressed Sequence Tag) kökenli ve 600 adet normal SSR markörlerini kullanarak 14 adet polimorfik SSR belirlemişler ve gerçekleştirdikleri kümeleme analizi sonucunda unguiculata ve sesquipedialis alt türünün farklı kümelerde yer aldığını bildirmişlerdir.

Alghamdi ve ark. (2011), yerel ve ekzotik 34 bakla genotipindeki moleküler çeşitliliği tespit etmek amacıyla 12 ISSR (inter-simple sequence repeat) primeri kullandıkları çalışmalarında, 0,52 genetik uzaklık katsayısı ile genotiplerin altı ana grup altında yer aldıklarını ve tespit edilen yüksek genetik varyasyonun bakla ıslahında kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Abu-Amer ve ark. (2011), baklada genotipik ve fenotipik varyasyonu belirlemek için 11 adet Ürdün yerel bakla popülasyonu ve 5 adet dışarıdan getirilen bakla çeşitleri ile gerçekleştirdikleri çalışmada; bitkide bakla sayısı, baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı ve bitki boyu değerlerinin istatistiksel olarak önemli derecede değiştiğini bildirmişlerdir. Kullandıkları 11 SSR markörü sonucunda 31 lokus tespit etmişler ve ortalama polimorfizm oranını %84 olarak bulmuşlardır.

Gong ve ark. (2011), Çin ve Avrupa kökenli bakla genotiplerinin genetik çeşitliliğini araştırdıkları çalışmalarında, 11 EST-SSR markörü kullanmışlar ve polimorfizm bilgi içeriği değerini 0,0644-0,4278 aralığında bulmuşlardır. Ayrıca Çin kökenli baklaların genetik çeşitliliğinin az olduğunu genetik çeşitliliği artırmak için ilave genotiplerin getirilmesi gerektiğini bildirmişlerdir.

Badiane ve ark. (2012), Senegal’de topladıkları 22 börülce çeşit ve kendilenmiş hattı içerisindeki genetik çeşitliliği ve filogenetik ilişkileri tespit etmek amacıyla 49 SSR primeri kullanmışlardır. Bu primerlerden 44 adeti bant üretmiş, allel sayısı 1-16 arasında değişmiş, allel frekansları ise ortamala 0,79 olmuştur.

Wang ve ark. (2012), Çinin değişik coğrafik bölgelerinden ve yurt dışından topladıkları toplam 802 bakla popülasyonunun genetik çeşitlilik ve ilişkilerini ortaya çıkarmak için yaptıkları çalışmada 11 ISSR primeri kullanmışlar, orta Çin bölgesi genotiplerinin çok düşük bir genetik çeşitlilik göstermesine karşın kuzey Çin bölgesi genotiplerinin yüksek genetik çeşitlilik gösterdiklerini bildirmişlerdir.

Binici (2013), SDS-PAGE yöntemini kullanarak 10 bakla genotipi arasındaki genetik benzerliği belirlemek için için yaptığı çalışmada; jaccard benzerlik katsayısının 0,53 ile 0,93 arasında değiştiğini ve bu sonuçların bakla ıslah çalışmalarında kullanılabileceğini bildirmiştir.

Kaur ve ark. (2014), farklı ülkelerden topladıkları 45 bakla genotipinin genetik çeşitliliğini 768 SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markörü ile belirlemeye çalışmışlar; gen çeşitliliği ve polimorfizm bilgi içeriği değerlerinin sırasıyla 0,022-0,500 ve 0,023-1,00 aralığında, ve popülasyon içerisinde yüksek heterozigotluğun olduğunu bildirmişlerdir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal:

Araştırmada ICARDA'dan temin edilen 17 adet bakla hattı ve 1 adet bakla çeşidi; ülkemizde tescil edilmiş Eresen-87 ve Kıtık-2003 çeşitleri ve Antakya ve Yayladağı yerel populasyonları olmak üzere toplam 22 adet bakla genotipi kullanıldı. Denemede kullanılacak olan bakla hatlarına ilişkin bilgiler çizelge 3.1'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Araştırmada Kullanılan Bakla Genotiplerinin Pedigrileri ve Kökenleri

Bakla Genotipi	Pedigre	Köken
FLIP03-35FB	F6 / 1444 / 03/HBP/bot x bot/Fam 665-3	ICARDA*
FLIP03-38FB	F6 / 1462 / 03/HBP/bot x bot/Fam 676-7	ICARDA
FLIP03-39FB	F6 / 1551 / 03/HBP/bot x bot/Fam 712-2	ICARDA
FLIP03-41FB	F6 / 1589 / 03/HBP/bot x Ascot/Fam 734-9	ICARDA
FLIP03-43FB	F6 / 1591 / 03/HBP/bot x Ascot/Fam 734-3	ICARDA
FLIP03-45FB	F6 / 1594 / 03/HBP/bot x Ascot/Fam 735-1	ICARDA
FLIP03-47FB	F6 / 1597 / 03 - 2/HBP/bot x Ascot/Fam 735-2	ICARDA
FLIP03-48FB	F6 / 1598 / 03/HBP/bot x Ascot/Fam 735-3	ICARDA
FLIP03-49FB	F6 / 1605 / 03 - 1/HBP/bot x Ascot/Fam 736-8	ICARDA
FLIP03-50FB	F6 / 1605 / 03 - 2/HBP/bot x Ascot/Fam 736-8	ICARDA
FLIP03-62FB	F6 / 1796 / 03 /HBP/C.spotXAscotXOro/784-1	ICARDA
FLIP10-51FB	F6/HBP / S0C / 2005 (Cold x Bot.) /159 - 2	ICARDA
FLIP10-52FB	F6/HBP / S0C / 2005 (Cold x Bot.) /159 - 3	ICARDA
FLIP10-56FB	F6/HBP / S0C / 2005 (Cold x Bot.) /175 - 2	ICARDA
FLIP10-57FB	F6/HBP / S0C / 2005 (Cold x Bot.) /181 - 3	ICARDA
FLIP10-58FB	F6/HBP / S0C / 2005 (Cold x Bot.) /181 - 4	ICARDA
FLIP10-59FB	F6/HBP / S0C / 2005 (Cold x Bot.) /181 - 1	ICARDA
Rebaya-40	ILB 365	Mısır
Kıtık-2003	-	Türkiye
Eresen-87	-	Türkiye
Antakya	-	Türkiye
Yayladağı	-	Türkiye

* International Center for Agricultural Research in the Dry Areas

3.2. Yöntem:

3.2.1. Ekim ve Kültürel Uygulamalar

Bakla hatları, MKÜ Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünün Telkaiş-Reyhanlı'daki araştırma alanına tesadüf blokları deneme deseni tertibinde Kasım ayında ekildi. Ekim işlemi elle açılan ve uzunluğu 2 m derinliği ise yaklaşık olarak 5 cm olan

çizilere elle yapıldı. Sıra arası mesafesi 40 cm, sıra üzeri mesafesi ise 15 cm olarak ayarlandı.

3.3. Yapılan ölçümler ve izlenen parametreler:

3.3.1. Tarımsal Özellikler

Bitki Boyu (cm) : Her parselde belirlenen hasat alanından şansa bağlı olarak seçilen 10 bitkinin, toprak yüzeyinden gövde ucuna kadar olan boylarını ölçüp, ortalama bitki boyu hesaplanmış ve cm. olarak ifade edilmiştir.

İlk bakla yüksekliği (cm) : Kuru olgunluk devresinde sansa bağlı olarak seçilen 10 bitkide, toprak seviyesinden itibaren ilk baklanın olduğu yükseklik ölçülüp, ortalaması alınarak cm. olarak ifade edilmiştir.

Bakla sayısı (adet/bitki) : Parsellerin her birinden tesadüfi olarak alınan 10 bitkide baklalar sayılmış, ortalamaları alınıp bitki başına bakla sayısı adet olarak belirlenmiştir.

Tane sayısı (adet/ bitki) : Bakla sayısı için seçilen örneklerdeki taneler sayılmış, ortalamaları alınarak bitkide adet olarak tane sayısı bulunmuştur.

Tane ağırlığı (gr/bitki) : Parsellerin her birinden tesadüfi olarak alınan alınan 10 bitkinin tohumları ayrı ayrı 0,01 hassasiyetli terazide tartılmış ve ortalamaları alınarak gr/bitki olarak ifade edilmiştir.

3.3.2. Laboratuvar Analizleri

Ekilen bakla hatları yaklaşık olarak 15 cm bitki boyuna ulaştıktan sonra 3-4 genç yaprak alınarak buz içerisinde muhafaza edildi ve -80°C' de tutularak DNA analizleri başlayıncaya kadar saklandı.

3.3.3. DNA İzolasyonu ve DNA'nın Elde Edilmesi

DNA izolasyon'u Dellaporta ve ark. (1983) ve Doyle and Doyle, (1990)'a göre CTAB protokolündeki bazı değişikliklerle aşağıda belirtilen aşamalar halinde takip edildi. İzolasyon tamponu 50 mL hazırlandı ve 65°C ye kadar su banyosunda ısıtılarak içerisine 100 µL β-Mercaptoethanol [Merck ®] eklendi. Sıvı azot kullanılarak havan yardımıyla örnekler ezilerek öğütüldü. Öğütülmüş örneklerden 0,05 g tartılarak 2,0 mL'lik eppendorfa bırakıldı ve her bir tüpe 600µl izolasyon tampon çözeltisi eklenerek su banyosuna bırakıldı. Yaklaşık 60-80 dakika inkübasyona tabi tutulan örnekler, her 15

dakika da bir alt üst edilerek karıştırıldı. Daha sonra örneklerin üzerine 600 µL kloroform: izoamilalkol (24:1) eklenip hafifçe alt üst edilerek karıştırıldı. Karışımı yapılan örnekler 10 dakika 5700 RPM’de santrifüj edildi. Oluşan üç katmanın en üstteki katmanı (süpernatant) pipet yardımıyla alınarak yeni bir eppendorf tüpüne bırakıldı. Süpernatanta 600 µL isopropanol (20 °C) ilave edilip hafifçe alt üst edilerek DNA peletinin oluşumu gözlenildi. 10 dakika 5700 RPM’de santrifüj edildi. Süpernatant uzaklaştırılıp kâğıt havlu üzerinde kurumaya bırakıldı. Kuruyan örnekler 500 µL %70 EtOH eklendi. Sekiz dakika 5700 RPM’de santrifüj edilip temizlenen DNA çöktüldü. Etanolün (EtOH) tüplerden DNA’dan tamamen uzaklaştırılması için tüpler temiz bir kâğıt havlu üzerine ters döndürülerek, 20 dakika süre bekletildi. Sonra 300 µL TE tamponu eklenerek +4 °C’ de 1 gece bekletildi. Beş dakika 5700 RPM’de santrifüj edildi. Kirli olan DNA’ yı temizlemek için her tüpe 200 µL 5M NaCl ve toplam hacim kadar %100 saf Etanol eklenip, tampon çözeltisi alt üst edildi. Beş dakika 6000 RPM’ de santrifüj edilip süpernatant uzaklaştırılarak hava kurutması yapıldı. 200 µL steril saf su bırakılıp +4 °C’ de 1 gün bekletildi. Peletler saf su içerisinde tamamen eridikten sonra 20 °C’ de depolandı.

3.3.4. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi

DNA konsantrasyonu nanodrop cihazı yardımıyla belirlenerek jel üzerinde kontrolünün yapılabilmesi amacıyla 5 µL stok DNA, 3 µL DNA boyası (Fermantas ®) ve 2 µL ddH₂O bir tüpe koyularak vorteks yapıldı. Hazırlanan karışımdan 5 µL çekilerek %1’lik agaroz jele yüklendi. Hazırlanan örnekler %1’lik agarozda 90 voltta 1 saat yürütüldü. Daha sonra PCR analizinde kullanılmak üzere DNA konsantrasyon’ları 10 ng/ug olacak şekilde hazırlanıp kullanma aşamasına kadar -20°C’de muhafaza edildi.

3.3.4. Çalışmada Kullanılan Primerler

Çalışmada bakla (*Vicia faba* L.) bitkisine ait 41 adet SSR primeri kullanıldı. Yapılan ön çalışmada bant üreten 25 adet primer tespit edildi ve bunlar üzerinden çalışmaya devam edildi. Çalışmada kullanılan ve bant üreten SSR primerleri ve sekansları hakkında bilgiler Çizelge 3.2.’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan SSR primerleri

Sıra	Primer Adı	Forward Primer (İleri)	Reverse Primer (Geri)
1	DMA011	TGAACTCTGAACCAAACCGTA	TATGCTCGAAGTGTGTTGTCCT
2*	DMA014	TTGATATTAGGCTTCGGCTCTC	TATCTTTGTGTGGGTGTCTTGC
3	DMA017	GGATTTACATCAGGGAAGAAC	GCTCTTTAGAGGGTGAAGACCA
4	DMA020	TCTCTGTGTAAGTGAAGGAGTGAA	AACAGTAGCCATGGAAATGGTC
5	DMA025	AGTTGGATCTGAGAAGGCTCAA	AAACCAAACACCAGAGTTCACA
6*	DMA030	TCTAAAACCTCTCCGGTAACCA	CCTCATCCATTAGAGCCAGTA
7	DMA038	GCAAACAGATAGAGAGAGAAAAGTCA G	TAAAGTTTCCTCCTGCTTCTG
8*	DMA042	TGGTACTGGAGGATGTACTGGA	CATTATTATTACACCCGCCTCAT
9*	DMA043	GAAGGCTTCTTCGATGAATTTG	GCAAAGCTTCTTCTTGAGCTT
10*	DMA044	CATGAAGTTGAATCCGTTATGC	AGCAAATCTCGATGAGGTGATT
11*	DMA045	AAGCAGCTGAAAAGCCTCTAAA	GGTTCTTGTGTCAGGGTGAAGAAG
12	DMA048	ATTGCAAGAAACATGCACAATC	CATCACACCACATAGATCAAGC
13	DMA050	GGCGTCTTCTCATAACTCAG	TGCTGTGTCTATCATTGGGATT
14*	DMA051	TATTCTCTCCCTCTTCTCCAC	GTTGTTGTTGTCAAACCTCCA
15	DMA052	CGATTCACTCAGGTAGACACCA	TGTTGTCGCTATTTTCGTTGTC
16	DMA056	GCTCGCTCTTATTGCTTTTCTT	TTGCTTGCCAATGAAACATATC
17*	DMA065	TGGAACATTTTCTTCGTGTGTC	TCTAGAGCAGCATTTTGTGGA
18*	DMA067	TGGTGAGCAGATAGACCTTGAA	ATCCACTCTCATCTCGTCTTCC
19*	DMA070	TCATCGTTTCGAGGGAGATAAT	GTACCTCCTCGTTTGTCTCAC
20	DMA074	CCTTCCGTTTCTACAGTTCAC	TCGTGAGGTTTGTAGGAGGAT
21	DMA077	CAAATGTCTCCCTTAACCTTGC	TCATCCTCAACAACAACGATTC
22*	DMA089	GGCCTCCTATTTGATGCTTATC	TCTCTCTCAATCTGGAATGCAA
23*	DMA093	ACTTCAAAGGACGGTGTGTTGTT	ATGCCACAAAAGAGGTCAGAT
24*	DMA099	TTTTTCTCTCCTTCGTGAAAGC	CCCATCAACAACAATTACCAGA
25*	DMA101	CTGCTGGTGCCTAGAACTGT	AATTCAAAACGACGCAGTACAA
26*	DMA102	GGACTCACGGTCTCTCTCTCTC	ATTTTATAGTTCCGGGCCATTC
27*	DMA103	ATACCCTTTGATCCCAAACCT	GTTGGTGGTGTGAACTTCTGA
28*	DMA107	CAACTTCAAACCTCTCTCTTCC	AGCACCCATGATTCTTCTGTTT
29*	DMA110	GAAGAAGAACACCGACATGGAT	GGTTCGGGAGAGTAACTCAATG
30*	DMA112	CACCGGGTAAAGTAACCTCATC	CGGAAGGTGTGGTTACAGAAAG
31	DMA116	CCTTTGTTGGTAGGGTGAAAAA	AGAGAGACGAGCAGTCCAAGAG
32*	M9	AATCACAAGCGACGACGAC	GCGGAATATGCAGACCAAAT
33*	M10	CCATGGTTACTGCAGTCGAA	GCCGTGATTGATTTCGTATT
34*	M14	ACCCGCACTCGTATGTTTTC	TTCCTTTACCTGAAGGCGTTT
35	M16	AACCTCTCCGGTAACCAACC	AACCTCGCGCCTAGATAACA
36*	M17	CTCCAACGAAGGCAGAGAAG	CATGATTCCCATAGCCTTGC
37*	M46	GGATGGATTGATTCTCCAACA	GCATAACTAACACATTATGCAGG A

Çizelge 3.2. (Devam)

Sıra No	Primer Adı	Forward Primer (İleri)	Reverse Primer (Geri)
38	M49	GCGTTATTAGGCCGCTGTAA	AAAACCGTGGCTCGAATATTTA
39	M57	TGCAGAGAAGCTAAGCACCA	TCGCATGGTACAGTAGCAAAA
40	M58	ACATCAGGGAAGAACGCATC	GAGGGTGAAGACCAGCTTTG
41*	M20	CTTGTTTGAGTCTGTCTGCTG	TTCCCTCCCAATGTCTGTA

* Bant üreten SSR primerleri

3.3.6. PCR Analizi

Bu çalışmada Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) Röder ve ark. (1998) baz alınarak yapıldı. Her PCR karışımı 200 ul'lik steril PCR tüpü içinde yapıldı, 1 unite Taq polimeraz enzimi, 200 mM dNTP bazları, 1-2.5 mM MgCl₂, 1X PCR tamponu (100mM Tris HCl (pH 8.0), 500mM KCl, 1% Triton X-100) ve 30-50 ng genomik DNA kullanıldı. Toplam olarak 20 µL PCR karışımı hazırlandı. PCR reaksiyon şartları tipik olarak 5 dk. 94 °C de 1 döngü , daha sonra 35 döngüde; ayrışma (denaturasyon) için 94 °C de 1 dk, eşleşme (annealing) için 50-55 °C de 30 sn dk, uzama (extention) için 72 °C de 1 dk ve 35 döngü bitiminde son olarak 72 °C de 5 dk inkubasyon periyoduna tabi tutuldu. PCR reaksiyonları thermal cycler (Multigene) ile yapıldı.

3.3.7. Elektroforez İşlemi

Elde edilen PCR ürünlerinden 20 µL alınarak 3 µL DNA boyası (Fermantas ®) ve 7 µL seyreltilmiş DNA ladder (Fermantas ®) jel üzerine eklendi. % 3'lük agaroz jel (Sigma ®) üzerinde 130 voltta 1,5-2 saat süreyle 1X TBE tampon çözeltisi içerisinde ve daha sonra jel 15 dakika 0,2 ng L-1 etidyum bromid çözeltisinde boyandıktan sonra jel görüntülemesi yapıldı. Jel görüntüleme cihazı ile bilgisayar kayıtları alındı.

3.4. Verilerin değerlendirilmesi:

SAS v9.1 istatistik programı kullanılarak tarımsal özelliklerin varyans analizi tesadüf blokları deneme desenine göre analiz edildi. Genotiplerin karşılaştırılması için Duncan çoklu karşılaştırma testi ve tarımsal özellikler arası korelasyon katsayılarının belirlenmesi yine aynı programla yapıldı.

SSR analizinde jelde görüntülenen bantlar polimorfik olup olmamasına göre 1 (var) veya (0) yok olarak sınıflandırılıp matris oluşturularak Jaccard benzerlik katsayısı (Jaccard, 1908), $J=a/(a+b+c)$ formülüne göre hesaplandı. Bu formülde J iki genotip arasındaki benzerlik katsayısı; a her iki genotipde var olan bant sayısı; b birinci

genotipde olup da ikinci genotipde olmayan bant sayısı; c birinci genotipde olmayıp da ikinci genotipde olan bant sayısını göstermektedir. Soyağacı (dendogram) çizimi UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) ya göre yapıldı (Sneath ve Sokal, 1973). Benzerlik matrisinin oluşturulması ve soyağacı çizimi için NTSYS-PC v2.1 paket programı (Rohlf, 1998) kullanıldı.

Her bir primer (lokus) için Polimormizm Bilgi İçeriği (PIC) değeri,

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^n p_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

formülüne göre hesaplandı (Botstein ve ark., 1980). Bu formülde pi ve pj, sırasıyla i. ve j. allellerin frekanslarını göstermektedir. Primerlerin hem PIC hem de gen çeşitliliği (Nei, 1973) değerleri ile genotiplerin gen çeşitliliği değerleri Powermarker v3.25 programı (Liu and Muse, 2005) ile hesaplandı. Her bakla genotipi için allel sayısı, etkili allel sayısı ve shanon indeksi (Lewontin, 1972) değerlerinin hesaplanması için Popgen v1.32 (Yeh ve Boyle, 1997) programı kullanıldı.

Statistica v10 istatistik programı yardımıyla SSR verileri faktör analizine tabi tutuldu. Faktörleri çıkarmak için temel aksis metodu (principal axis method) kullanıldı ve daha sonra sadece özdeğerleri birden büyük olan faktörler varimax rotasyonu için kullanıldı.

4.ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1. Tarımsal özellikler

4.1.1. Bitki boyu (cm)

İncelenen bakla genotiplerinde saptanan bitki boyu değerlerine uygulanan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.1 'de verilmiştir.

Çizelge 4.1. Çizelge Farklı Bakla Genotiplerinin Bitki Boyu değerleri (cm) İle ilgili Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Tekerrür	2	96,15	48,07	0,87
Genotip	21	2294,28	109,25	1,98*
Hata	42	2311,65	55,03	1,98
Değişim Katsayısı (%)	11,79			

* 0,05 düzeyinde önemli ** 0,01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.1'de izlendiği gibi, incelenen genotipler bitki boyu açısından istatistiksel olarak önemli derecede farklılık göstermiştir. İncelenen bakla genotiplerinde saptanan bitki boyu ortalamaları Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.2'de izlendiği gibi, incelenen bakla genotiplerinde ortalama bitki boyu 52,80 cm ile 77,40 cm arasında değişmiştir. Yayladağı yerel çeşidi bitki boyu ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek bitki boyu ortalamasını gösteren genotip (77,40 cm) olmuştur. FLIP03-43FB hattı ise bitki boyu ortalaması ile istatistiksel olarak en düşük bitki boyu ortalamasını gösteren genotip (52,80 cm) olmuştur. Duncan çoklu karşılaştırma testi sonuçlarına göre, FLIP03-35FB, FLIP03-38FB, FLIP03-39FB, FLIP03-45FB, FLIP03-47FB, FLIP03-49FB ve FLIP03-62FB hatları arasında bitki boyu açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Ayrıca FLIP03-48FB, FLIP10-52FB, FLIP10-56FB, FLIP10-57FB ve FLIP10-59FB hatlarında da bitki boyu açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Fakat Rebaya-40, Antakya (yerel çeşidi), Eresen-87 ve Kıtık-2003 çeşitlerinde ise bitki boyu açısından istatistiksel olarak önemli farklılığın olduğu

gözlenmiştir. Tosun ve ark.(1988)'de baklada yapmış olduğu araştırmada, çeşitler arasında bitki boyu açısından istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulmuşlardır. Çeşitler arasında bitki boyu açısından farklılık olması genetik bir özellik olup, çevre faktörlerindeki değişimlerden de etkilenmektedir. Bu duruma neden olarak, hatların incelendiği koşullar arasındaki ekolojik farklılıklar gösterilebilmektedir.

Çizelge 4.2. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitki Boyuna İlişkin Ortalamaları (cm)

Genotip	Bitki Boyu (cm)
FLIP03-35FB	59,93 bcde
FLIP03-38FB	58,80 bcde
FLIP03-39FB	57,86 bcde
FLIP03-41FB	68,20 abcd
FLIP03-43FB	52,80 e
FLIP03-45FB	60,13 bcde
FLIP03-47FB	58,93 bcde
FLIP03-48FB	65,20 abcde
FLIP03-49FB	60,40 bcde
FLIP03-50FB	56,50 de
FLIP03-62FB	58,13 bcde
FLIP10-51FB	57,00 cde
FLIP10-52FB	65,00 abcde
FLIP10-56FB	64,53 abcde
FLIP10-57FB	64,73 abcde
FLIP10-58FB	68,20 abcd
FLIP10-59FB	64,60 abcde
Rebaya-40	57,00 cde
Kıtık-2003	64,66 abcde
Eresen-87	71,46 abc
Antakya	72,26 ab
Yayladağı	77,40 a
Ortalama	62,90

* Aynı sütundaki aynı harfe sahip ortalamalar arasında istatistiki olarak fark yoktur.

4.1.2. İlk Bakla Yüksekliği (cm)

İncelenen bakla genotiplerinde saptanan ilk bakla yüksekliği değerlerine uygulanan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.3.'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Farklı Bakla Genotiplerinin İlk Bakla Yüksekliğine (cm) İlişkin Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Tekerrür	2	178,86	89,43	2,82
Genotip	21	1475,54	70,26	1,98*
Hata	42	1329,79	31,66	1,98
Değişim Katsayısı (%)	31,13			

* 0,05 düzeyinde önemli ** 0,01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.3’de izlendiği gibi, incelenen genotiplerde ilk bakla yüksekliği açısından istatistiksel olarak önemli derecede farklılık göstermiştir. İncelenen bakla genotiplerinde saptanan ilk bakla yüksekliği ortalamaları Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4.4. Farklı Bakla Genotiplerinin İlk Bakla Yüksekliğine (cm) İlişkin Ortalamaları

Genotip	İlk Bakla Yüksekliği (cm)
FLIP03-35FB	14,06 c
FLIP03-38FB	14,33 c
FLIP03-39FB	14,00 c
FLIP03-41FB	15,26 c
FLIP03-43FB	30,90 a
FLIP03-45FB	13,93 c
FLIP03-47FB	17,20 c
FLIP03-48FB	15,40 c
FLIP03-49FB	16,80 c
FLIP03-50FB	13,93 c
FLIP03-62FB	13,93 c
FLIP10-51FB	21,46 c
FLIP10-52FB	18,33 c
FLIP10-56FB	15,66 c
FLIP10-57FB	16,66 c
FLIP10-58FB	19,13 c
FLIP10-59FB	16,33 c
Rebaya-40	57,00 c
Kıtık-2003	13,93 c
Eresen-87	22,46 c
Antakya	29,40 ab
Yayladağı	23,80 abc
Ortalama	18,07

* Aynı sütundaki aynı harfe sahip ortalamalar arasında istatistiki olarak fark yoktur.

Çizelge 4.4’de izlendiği gibi, incelenen bakla genotiplerinde ortalama ilk bakla yüksekliği 13,93 cm ile 57,00 cm arasında değişmiştir. Rebaya-40 çeşidi ilk bakla

yüksekliği ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek ilk bakla yüksekliği ortalamasını (57,00 cm) göstermiştir. FLIP03-45FB, FLIP03-50FB ve FLIP03-62FB hatları ile Kıtık-2003 çeşidi ise ilk bakla yüksekliği ortalaması ile en düşük ilk bakla yüksekliği ortalamasını gösteren genotip (13,93 cm) olmuştur. Duncan çoklu karşılaştırma testi sonuçlarına göre, Yayladağı ve Antakya yerel çeşidi ile FLIP03-43FB hattı dışında kalan tüm genotipler arasında ilk bakla yüksekliği açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Tamaki ve ark.(1973) 'de yapmış olduğu araştırmada, daha sık ekilen parsellerde baklada bitki boyunun arttığını bildirmişlerdir. Ekim sıklığının azalışıyla, bir başka değişle sıra üzeri mesafenin artışıyla ilk bakla yüksekliği de azalmıştır. Bu duruma neden olarak, hatların incelendiği koşullar arasındaki ekolojik farklılıklar gösterilebileceği gibi, bazı araştırmalarda bakla ekim sıklığının ilk bakla yüksekliğine doğrudan etkisi olduğu gözlenmiştir

4.1.3. Bakla Sayısı (adet/bitki)

İncelenen bakla genotiplerinde saptanan bakla sayısı değerlerine uygulanan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.5.'de verilmiştir.

Çizelge 4.5. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Bakla Sayısına İlişkin Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Tekerrür	2	8.45	4.22	0.95
Genotip	21	242.53	11.54	1.98**
Hata	42	186.92	4.45	1,98
Değişim Katsayısı (%)	15,75			

* 0,05 düzeyinde önemli ** 0,01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.5'de izlendiği gibi, incelenen genotipler bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli derecede farklılık göstermiştir. İncelenen bakla genotiplerinde saptanan bakla sayısı ortalamaları Çizelge 4.6'de verilmiştir.

Çizelge 4.6'de izlendiği gibi, incelenen genotiplerde ortalama bakla sayısı 10,30 ile 17,66 adet arasında değişmiştir. Rebaya-40 çeşidi bakla sayısı ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek bakla sayısı ortalamasını (17,66 adet) göstermiştir. FLIP03-62FB hattı ise bakla sayısı ortalaması ile en düşük bakla sayısı ortalamasını gösteren genotip (10,30 adet) olmuştur. Duncan çoklu karşılaştırma testi sonuçlarına göre, FLIP03-38FB, FLIP03-39FB, FLIP03-41FB ve FLIP03-48FB hatları ile

Yayladağı yerel çeşidinde bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Ayrıca FLIP03-35FB, FLIP03-43FB, FLIP03-50FB, FLIP10-57FB hatları ile Eresen-87 çeşidi arasında da bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Fakat FLIP10-51FB, FLIP10-58FB, FLIP03-62FB, Rebaya-40 ve Kıtık genotipleri arasında ise bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olduğu ortaya çıkmıştır. Grof ve Rowland (1987)'de baklada yapmış olduğu araştırmada, değişen bitki sıklığının her boğuma bağlanan bakla sayısını önemli oranda değiştirdiğini belirlemişlerdir. Ayrıca her boğumda taşınan bakla sayısı, verimin ve verim stabilitesinin en önemli belirleyicisi olarak tespit edilmiştir.

Çizelge 4.6. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Bakla Sayısına(adet) İlişkin Ortalamaları

Genotip	Bitkide Bakla Sayısı (adet)
FLIP03-35FB	13,20 bcd
FLIP03-38FB	12,60 bcde
FLIP03-39FB	12,70 bcde
FLIP03-41FB	12,66 bcde
FLIP03-43FB	13,20 bcd
FLIP03-45FB	12,06 cde
FLIP03-47FB	15,33 abc
FLIP03-48FB	12,70 bcde
FLIP03-49FB	13,70 abcd
FLIP03-50FB	13,46 bcd
FLIP03-62FB	10,30 de
FLIP10-51FB	13,83 abcd
FLIP10-52FB	15,60 abc
FLIP10-56FB	12,20 cde
FLIP10-57FB	13,50 bcd
FLIP10-58FB	16,73 ab
FLIP10-59FB	15,66 abc
Rebaya-40	17,66 a
Kıtık-2003	8,86 e
Eresen-87	13,53 bcd
Antakya	12,13 cde
Yayladağı	12,86 bcde
Ortalama	13,38

* Aynı sütundaki aynı harfe sahip ortalamalar arasında istatistiki olarak fark yoktur.

4.1.4. Tane Sayısı (adet/bitki)

İncelenen bakla genotiplerinde saptanan tane sayısı değerlerine uygulanan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.7.'de verilmiştir.

Çizelge 4.7. Farklı Bakla Genotiplerinin Tane sayısına İlişkin Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Tekerrür	2	7.86	3.93	0.15
Genotip	21	10233.19	487.29	1,98**
Hata	42	1134.39	27.03	1,98
Değişim Katsayısı (%)	16.88			

* 0,05 düzeyinde önemli ** 0,01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.7'de izlendiği gibi, incelenen genotipler tane sayısı açısından istatistiksel olarak önemli derecede farklılık göstermiştir. İncelenen bakla genotiplerinde saptanan tane sayısı ortalamaları Çizelge 4.8'de verilmiştir.

Çizelge 4.8. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Tane Sayısına İlişkin Ortalamaları

Genotip	Bitkide Tane Sayısı (adet)
FLIP03-35FB	27,72 efg
FLIP03-38FB	15,70 ı
FLIP03-39FB	16,80 hı
FLIP03-41FB	16,86 hı
FLIP03-43FB	17,50 hı
FLIP03-45FB	16,76 hı
FLIP03-47FB	20,33 ghı
FLIP03-48FB	29,21 defg
FLIP03-49FB	31,51 cdef
FLIP03-50FB	40,40 bc
FLIP03-62FB	42,23 b
FLIP10-51FB	42,88 b
FLIP10-52FB	63,96 a
FLIP10-56FB	36,60 bcde
FLIP10-57FB	36,58 bcde
FLIP10-58FB	45,34 b
FLIP10-59FB	45,59 b
Rebaya-40	37,98 bcd
Kıtık-2003	25,80 fgh
Eresen-87	17,66 hı
Antakya	22,30 fghı
Yayladağı	27,66 efg
Ortalama	30,79

* Aynı sütundaki aynı harfe sahip ortalamalar arasında istatistiki olarak fark yoktur.

Çizelge 4.8’de izlendiği gibi, incelenen genotiplerde ortalama tane sayısı 15,70 ile 63,96 adet arasında değişmiştir. FLIP10-52FB hattı, tane sayısı ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek tane sayısı ortalamasını (63,96 adet) göstermiştir. FLIP03-38FB hattı ise tane sayısı ortalaması ile en düşük tane sayısı ortalamasını gösteren genotip (15,70 adet) olmuştur. Duncan çoklu karşılaştırma testi sonuçlarına göre, FLIP03-39FB, FLIP03-41FB ve FLIP03-43FB ve FLIP03-45FB hatları arasında bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Ayrıca FLIP03-62FB, FLIP10-51FB, FLIP10-58FB, FLIP10-59FB hatları arasında da bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılık olmadığı ortaya çıkmıştır. Fakat FLIP03-38FB, FLIP03-47FB, FLIP03-48FB, Eresen-87, Yayladağı ve Rebaya-40 genotipleri arasında bakla sayısı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olduğu ortaya çıkmıştır. Köseoğlu (2006) ‘da Çukurova koşullarında yapmış olduğu çalışmada, bakla çeşitlerinden; eresin-87, lara ve seher çeşitlerinde ekim sıklığı azaldıkça, bakla sayılarının artmasına bağlı olarak bitkide tane sayısı değerleride artış gösterdiğini bildirmiştir.

4.1.4. Tane Ağırlığı (g/bitki)

İncelenen bakla genotiplerinde saptanan bitkide tane ağırlığı değerlerine uygulanan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.9.’de verilmiştir.

Çizelge 4.9. Farklı Bakla Genotiplerinin Tane Ağırlığına İlişkin Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Tekerrür	2	0.03	0.01	0.00
Genotip	21	1007.18	47.96	1,98**
Hata	42	348.80	8.30	1,98
Değişim Katsayısı (%)	14.38			

* 0,05 düzeyinde önemli ** 0,01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.9’da izlendiği gibi, incelenen genotipler tane ağırlığı açısından istatistiksel olarak önemli derecede farklılık göstermiştir. İncelenen bakla genotiplerinde saptanan tane ağırlığı ortalamaları Çizelge 4.10’de verilmiştir.

Çizelge 4.10. Farklı Bakla Genotiplerinin Bitkide Tane Ağırlığına (g) İlişkin Ortalamaları

Genotip	Bitkide Tane Ağırlığı (adet)
FLIP03-35FB	16,63 def
FLIP03-38FB	12,56 fg
FLIP03-39FB	13,44 efg
FLIP03-41FB	15,18 defg
FLIP03-43FB	15,75 defg
FLIP03-45FB	15,09 defg
FLIP03-47FB	18,30 de
FLIP03-48FB	17,52 def
FLIP03-49FB	18,90 cde
FLIP03-50FB	19,79 abcd
FLIP03-62FB	19,00 bcde
FLIP10-51FB	19,29 abcd
FLIP10-52FB	19,82 abcd
FLIP10-56FB	19,76 abcd
FLIP10-57FB	19,75 abcd
FLIP10-58FB	24,48 ab
FLIP10-59FB	24,61 a
Rebaya-40	24,30 abc
Kıtık-2003	24,25 abc
Eresen-87	24,73 a
Antakya	11,15 g
Yayladağı	17,70 def
Ortalama	18.73

* Aynı sütündeki aynı harfe sahip ortalamalar arasında istatistiki olarak fark yoktur.

Çizelge 4.10'da izlendiği gibi, incelenen genotiplerde ortalama tane ağırlığı 11,15 ile 24,61 g arasında değişmiştir. FLIP10-59FB hattı tane ağırlığı ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek tane ağırlığı ortalaması (24,61 g) göstermiştir. Antakya yerel çeşidi ise tane ağırlığı ortalaması ile en düşük tane ağırlığı ortalamasını gösteren genotip (11,15 g) olmuştur. Duncan çoklu karşılaştırma testi sonuçlarına göre, FLIP03-51FB, FLIP03-52FB, FLIP03-56FB ve FLIP03-57FB hatlarında tane ağırlığı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Ayrıca FLIP03-41FB, FLIP03-43FB ve FLIP03-45FB hatları arasında da tane ağırlığı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı ortaya çıkmıştır. Fakat FLIP03-47FB, FLIP03-49FB, FLIP03-62FB, FLIP10-58FB, FLIP10-59FB hatları ile Antakya yerel çeşidi arasında ise tane ağırlığı açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olduğu ortaya çıkmıştır. Akdemir (1978) 'de bakla çeşidinde yapmış olduğu çalışmada;

bakla çeşidinde artan sıra arası mesafelerine paralel olarak tane ağırlığının da arttığını bildirmiştir. Bu da her bitkiye düşen yaşam alanının artması sonucunda tane iriliklerinin artmasıyla açıklanabilmektedir. Arslan ve Anlarsal (1996), baklada yapılan çalışmada ise, düşük tohumluk miktarlarında daha yüksek 1000 tane ağırlığı elde edildiğini bildirmişlerdir. Ancak El Saeed (1968)'de bakla bitkisinde yaptığı çalışmada, dane veriminin sıklıkla değişmediğini belirtmiştir.

4.2. Korelasyon Katsayıları

İncelenen bakla genotiplerinde bazı verim öğeleri arasındaki korelasyon katsayıları Çizelge 4.11.'de verilmiştir.

Çizelge 4.11. Bakla Bitkisinde Bazı Verim Öğeleri Arasındaki Korelasyon Katsayıları

	Bitki Boyu	İlk Bakla Yüksekliği	Bitkide Bakla Sayısı	BitkideTane Sayısı	Bitkide Tane Ağırlığı
Bitki Boyu	1,00				
İlk Bakla Yüksekliği	0,32*	1,00			
Bitkide Bakla Sayısı	-0,05	-0,03	1,00		
BitkideTane Sayısı	0,00	-0,06	0,47*	1,00	
Bitkide Tane Ağırlığı	0,07	0,00	0,52*	0,58*	1,00

* $p < 0,05$ düzeyinde önemlidir.

Bitkide ilk bakla yüksekliği ile bitki boyu arasında olumlu ve önemli ilişkiler (0,32*) saptanmıştır. Bitkide tane sayısı ile bitkide bakla sayısı arasında olumlu ve önemli ilişkiler (0,47*) saptanmıştır. Bitkide tane ağırlığı ile bitkide bakla sayısı arasında olumlu ve önemli ilişkiler (0,52*) saptanmıştır. Bitkide tane ağırlığı ile bitkide tane sayısı arasında olumlu ve önemli ilişkiler (0,58*) saptanmıştır.

4.3. SSR Analizi

Son yıllarda DNA teknolojisindeki gelişmeler farklı DNA moleküler tekniklerinin geliştirilmesine neden olmuştur. Özellikle bu gelişen farklı DNA moleküler markör teknikleri kültür bitkilerinde genetik çeşitliliğin saptanmasında ve çeşitlere özgü parmak izi analizinde yoğun olarak kullanılmaktadır. Parmak izi

analizleri ile genetik çeşitliliği belirleme çalışmalarında RAPD, AFLP, SSR, RFLP, SCAR ve ISSR DNA moleküler markör teknikleri yoğun olarak kullanılmaktadır. Powel ve ark.(1996) ile Tanyolaç (2003)' de Bakla bitkisinde yapmış oldukları çalışmalar sonucunda RAPD ve ISSR tekniklerinin polimorfizm bakımından, RFLP, SSR, AFLP ve ISSR DNA moleküler markör tekniklerinin ise tekrarlanabilirlik bakımından avantajlı olduğu bildirilmiştir.

İncelenen bakla genotiplerinde SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen allel sayısı, gen çeşitliliği, PIC değeri, polimorfik bant sayısı, monomorfik bant sayısı, toplam bant Sayısı ve polimorfizm yüzdesi değerleri Çizelge 4.12.'de verilmiştir.

Çizelge 4.12'da izlendiği gibi, incelenen SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucunda; polimorfik bant sayısı 25 adet, monomorfik bant sayısı 14 adet olmak üzere toplam bant sayısı 39 adet olduğu saptanmıştır. Toplam bant sayısı bakımından SSR primerleri karşılaştırıldığında; DMA070 ve DMA030 SSR primerinden en yüksek bant sayısı (3) elde edilmiştir. Fakat DMA102, DMA093, M46, DMA042, DMA101, DMA107, M10, DMA099, M17, DMA112, DMA089, DMA043 ve M14 SSR primerlerinden ise en düşük bant sayısı (1) elde edilmiştir. Polimorfizm oranları bakımından SSR primerleri incelendiğinde, polimorfizm oranları % 0 ile % 100 arasında değişmiştir.M14, DMA043, M17, DMA099, DMA107, M10, DMA101, DMA042 ve M46 SSR primerlerinden en düşük polimorfizm oranı (%0) elde edilmiştir. Ancak M20, M9, DMA089, DMA112, DMA103, DMA044, DMA045, DMA051, DMA065, DMA070 ve DMA102 SSR primerlerinden ise en yüksek polimorfizm oranı (%100) olduğu gözlenmiştir.

SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucunda, allel sayısı 1 ile 3 adet arasında değişmiştir. Toplam bant sayısı bakımından SSR primerleri karşılaştırıldığında, DMA070 ve DMA030 SSR primerlerinden en yüksek allel sayısı (3) elde edilmiştir. Fakat M14, DMA089, DMA089, DMA112, M17, DMA099, M10, DMA107, DMA042, M46, DMA093 ve DMA102 SSR primerlerinden ise en düşük allel sayısı (1) elde edilmiştir.

SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucunda, gen çeşitliliği 0,00 ile 0,70 adet arasında değişmiştir. M14, DMA043, M17, DMA099, M10, DMA107, DMA101, DMA042, M46 ve DMA093 SSR primerlerinden en düşük gen çeşitliliği (0,00) elde

edilmiştir. Ancak DMA030 SSR primerinden ise en yüksek gen çeşitliliği (0,70) elde edilmiştir.

Çizelge 4.12. SSR Primerlerinin Amplifikasyonu Sonucu Elde Edilen Allel Sayısı, Gen Çeşitliliği, PIC değeri, Polimorfik Bant Sayısı, Monomorfik Bant Sayısı, Toplam Bant Sayısı ve Polimorfizm Yüzdesi Değerler

Primer	Allel Sayısı	Gen Çeşitliliği	PIC	Polimorfik bant sayısı	Monomorfik bant sayısı	Toplam bant sayısı	Polimorfizm Yüzdesi (%)
DMA102	1	0,30	0,25	1	0	1	100
DMA110	2	0,17	0,15	1	1	2	50
DMA070	3	0,66	0,61	3	0	3	100
DMA065	2	0,35	0,29	2	0	2	100
DMA030	3	0,70	0,64	2	1	3	67
DMA067	2	0,46	0,36	1	1	2	50
DMA051	2	0,46	0,39	2	0	2	100
DMA093	1	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA045	2	0,43	0,39	2	0	2	100
M46	1	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA042	1	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA044	2	0,55	0,51	2	0	2	100
DMA101	2	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA103	2	0,43	0,39	2	0	2	100
DMA107	1	0,00	0,00	0	1	1	0
M10	1	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA099	1	0,00	0,00	0	1	1	0
M17	1	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA112	1	0,17	0,15	1	0	1	100
DMA089	1	0,24	0,21	1	0	1	100
M9	2	0,46	0,39	2	0	2	100
DMA043	1	0,00	0,00	0	1	1	0
M14	1	0,00	0,00	0	1	1	0
DMA014	2	0,35	0,29	1	1	2	50
M20	2	0,57	0,51	2	0	2	100
Ortalama	1,6	0,27	0,24	1	0,56	1,56	52,7
Toplam				25	14	39	

Primerlerin (lokus) bilgi verme derecesini ölçmek amacıyla her bir primer için PIC değeri hesaplanmıştır. PIC değeri sadece ifade edilen allel sayısını değil aynı zamanda bu allelelerin nisbi frekanslarını da dikkate alarak, bir lokusun ayırt etme

gücünü tahmin eder (Selvaraj ve ark., 2010; Talukder ve ark., 2010). SSR Primerlerinin PIC değeri 0,00 ile 0,64 adet arasında değişmiştir.

Botstein ve ark. (1980), lokusların pic değerlerini yüksek derecede bilgilendirici ($PIC > 0,5$), orta derecede bilgilendirici ($0,5 > PIC > 0,25$) ve az derecede bilgilendirici ($PIC < 0,25$) olmak üzere kategorilere ayırmışlardır. Buna göre SSR primerlerinin amplifikasyonu sonucunda en fazla bilgilendirici primerler sırasıyla 0,64 PIC değeri ile DMA030 ve 0,61 PIC değeri ile DMA070 olmuştur. Ayrıca M20 ve DMA044 primerleri de yüksek derecede bilgilendirici olmuştur. DMA102, DMA065, DMA067, DMA051, DMA103, M9 ve DMA014 primerleri orta derecede bilgilendirici; DMA110, DMA112 ve DMA089 primerleri ise az derecede bilgilendirici olmuştur. Bununla birlikte M14, DMA043, M17, DMA099, M10, DMA107, DMA101, DMA042, M46 ve DMA093 SSR primerleri 0,00 PIC değeri ile bilgilendirici olmamıştır. Çünkü bu primerler tüm bakla genotiplerinde monomorfik bant üretmişlerdir.

İncelenen bakla genotiplerinde SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen allel sayısı, etkili allel sayısı, gen çeşitliliği ve shanon indeksi değerleri Çizelge 4.13.'de verilmiştir.

Çizelge 4.13'da izlendiği gibi, incelenen bakla genotiplerinde ortalama etkili allel sayısı 1,67 adet, ortalama gen çeşitliliği 0,40 adet ve ortalama shanon indeksi değeri 0,59 adet olduğu saptanmıştır. Bakla genotipleri etkili allel sayısı bakımından incelendiğinde, etkili allel sayıları 1,54 ile 1,72 adet arasında değişmiştir. Eresen-87 ve FLIP03-38FB genotiplerinden en yüksek allel sayısı (1,88) elde edilmiştir. Fakat FLIP10-57FB, FLIP10-58FB, FLIP03-62FB ve FLIP10-56FB genotiplerinden ise en düşük allel sayısı (1,54) elde edilmiştir.

Bakla genotiplerinin gösterdiği çeşitlilik, shanon indeksi ve gen çeşitliliği (Nei 1973) değeri kullanılarak değerlendirilmiştir. Çizelge 4.13'den de açıkça görülebildiği gibi hem gen çeşitliliği değeri hem de shanon indeksi bakımından ülkemizde tarımı yapılan Yayladagi, Antakya, Eresen-87 ve Kıtık-2003 genotipleri ICARDA kökenli genotiplere göre daha fazla genetik çeşitlilik göstermiştir. Bu bulgular, Wang ve ark. (2012) nın orta Çin bölgesi bakla genotiplerinin çok düşük bir genetik çeşitliliğe sahip olmasına karşın kuzey Çin bölgesi bakla genotiplerinin yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu bildiren çalışması ile benzerlik göstermektedir. Gong ve ark. (2011) da EST-SSR markörü

kullanarak Çin’de yaptıkları arařtırmada bakla genotipleri arasındaki genetik çeřitliliđin çok az olduđunu ve ıslah alıřmaları iin dıřarıdan kaynak getirilmesi gerektiđini bildirmiřlerdir.

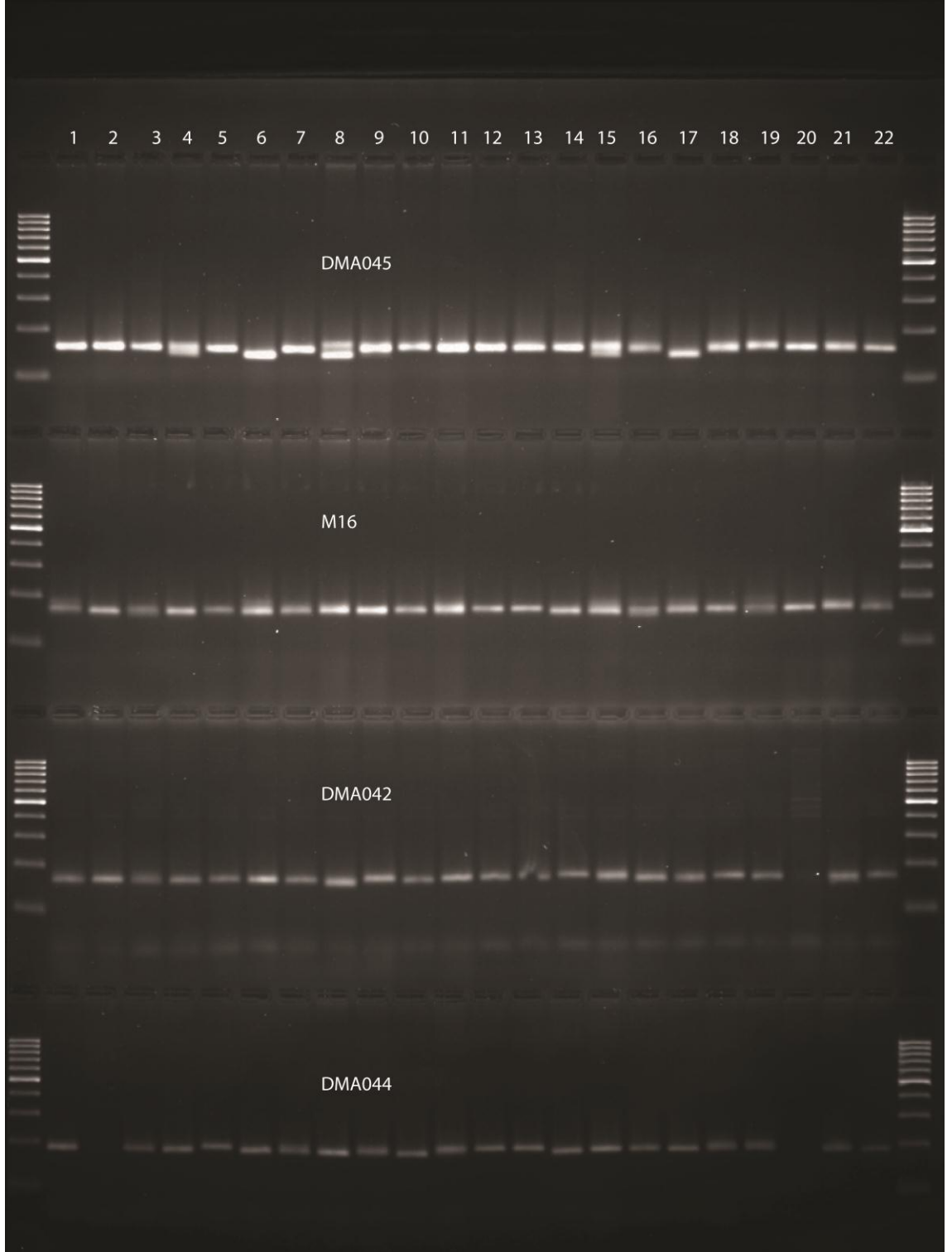
izelge 4.13. Bakla Genotiplerinin Amplifikasyonuna Gre Elde Edilen Allel Sayısı, Etkili Allel Sayısı, Gen eřitliliđi ve Shanon İndeksi Deđerleri.

Genotip	Allel Sayısı	Etkili Allel Sayısı	Gen eřitliliđi	Shanon İndeksi
FLIP03-35FB	2	1,66	0,40	0,59
FLIP03-38FB	2	1,88	0,47	0,66
FLIP03-39FB	2	1,72	0,42	0,61
FLIP03-41FB	2	1,72	0,42	0,61
FLIP03-43FB	2	1,66	0,40	0,59
FLIP03-45FB	2	1,66	0,40	0,59
FLIP03-47FB	2	1,78	0,44	0,63
FLIP03-48FB	2	1,60	0,38	0,56
FLIP03-49FB	2	1,60	0,38	0,56
FLIP03-50FB	2	1,60	0,38	0,56
FLIP03-62FB	2	1,54	0,35	0,53
Ortalama	2	1,67	0,41	0,59
FLIP10-51FB	2	1,78	0,44	0,63
FLIP10-52FB	2	1,60	0,38	0,56
FLIP10-56FB	2	1,54	0,35	0,53
FLIP10-57FB	2	1,54	0,35	0,53
FLIP10-58FB	2	1,54	0,35	0,53
FLIP10-59FB	2	1,60	0,38	0,56
Ortalama	2	1,60	0,37	0,55
Rebaya-40	2	1,60	0,38	0,56
Ortalama	2	1,60	0,38	0,56
Yayladagi	2	1,83	0,46	0,65
Antakya	2	1,72	0,42	0,61
Eresen-87	2	1,88	0,47	0,66
Kıtık-2003	2	1,78	0,44	0,63
Ortalama	2	1,80	0,44	0,63
Genel Ortalama	2	1,67	0,4	0,59

Shanon indeksi deđerı bakımından incelendiđinde, shanon indeksi deđerleri 0,53 ile 0,66 adet arasında deđiřmiřtir. FLIP10-57FB, FLIP10-58FB, FLIP03-62FB ve FLIP10-56FB genotiplerinden en dıřuk shanon indeksi deđerı (0,53) elde edilmiřtir. Fakat Eresen-87 genotipinden ise, en yksek shanon indeksi deđerı (0,66) elde edilmiřtir. Bakla genotipleri gen eřitliliđi bakımından incelendiđinde, gen eřitliliđi deđerleri 0,35 ile 0,47 adet arasında deđiřmiřtir. Eresen-87 ve FLIP03-38FB genotiplerinden en yksek gen eřitliliđi deđerı (0,47) elde edilmiřtir. Fakat FLIP10-

56FB, FLIP03-62FB, FLIP10-58FB ve FLIP10-57FB genotiplerinden ise en düşük gen çeşitliliği değeri (0,53) elde edilmiştir. DMA045, M16, DMA042 ve DMA044 SSR primerleri kullanılarak 22 bakla genotipinden elde edilen bant görüntüleri Şekil 4.1’de verilmiştir.

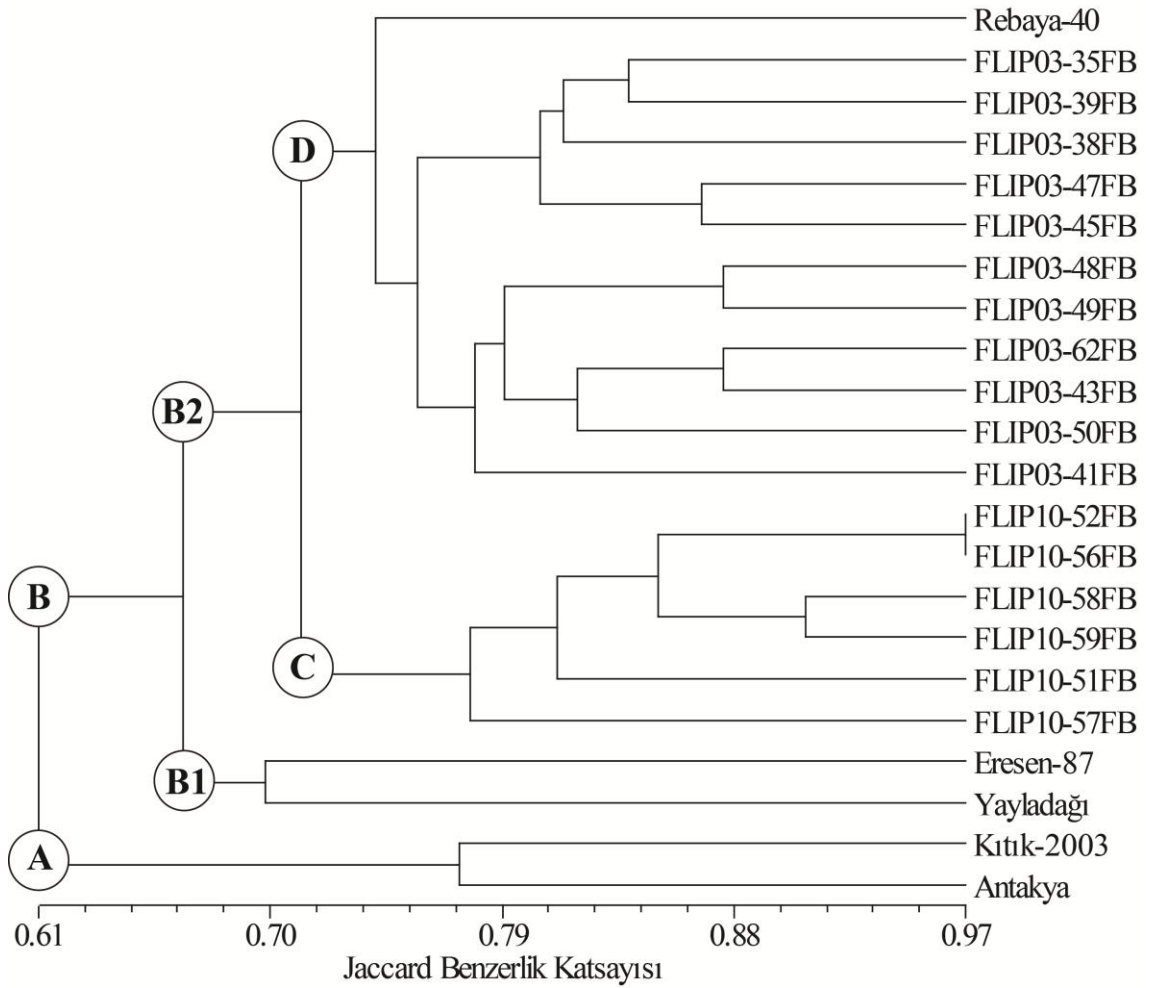
Bakla genotiplerinden SSR verileri kullanılarak hesaplanan Jaccard benzerlik katsayıları ise Çizelge 4.14.’de verilmiştir.



Şekil 4.1. DMA045, M16, DMA042 ve DMA044 SSR primerleri kullanılarak 22 bakla genotipinden elde edilen bant görüntüleri. Numara ile gösterilen bakla genotiplerinin isimleri sırasıyla Rebaya-40, FLIP03-35FB, FLIP03-39FB, FLIP10-52FB, FLIP03-48FB, FLIP10-57FB, FLIP03-49FB, FLIP10-58FB, FLIP03-62FB, FLIP10-51FB, FLIP03-43FB, FLIP03-47FB, FLIP03-45FB, FLIP03-38FB, FLIP10-56FB, FLIP03-41FB, FLIP10-59FB, FLIP03-50FB, Kıtık-2003, Eresen-87, Antakya ve Yayladağı

Çizelge 4.14.' de izlendiği gibi, Bakla genotipinde Jaccard benzerlik katsayısı değeri 0,53 ile 0,97 adet arasında değiştiği saptanmıştır. FLIP10-56FB ile FLIP10-52FB, FLIP10-59FB ile FLIP10-58FB bakla genotipleri Jaccard benzerlik katsayısı değeri 0,97 adet ile birbirine genetik en yakın genotip olarak saptanmıştır. Kıtık-2003 ile FLIP10-57FB, Antakya ile FLIP10-47FB bakla genotipleri Jaccard benzerlik katsayısı değeri 0,53 adet ile birbirine genetik en uzak genotip olarak belirlenmiştir.

SSR verileri kullanılarak Jaccard genetik benzerlik değerine göre yapılan soyağacı şekil. 4.2 'de verilmiştir.



Şekil 4.2. SSR analizi sonucu 22 bakla genotipinden 25 primer kullanılarak elde edilen Jaccard benzerlik katsayısı ve UPGMA'ya göre çizilen soyağacı.

Şekil 4.2.' de elde edilen soyağacına göre, bakla genotipine ait 22 bitki önce A ve B olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır. Soyağacında A ana grubu içinde Kıtık-2003 ve Antakya çeşitleri yer almıştır. Soyağacında B ana grubu ise kendi içerisinde B1 ve

B2 olmak üzere iki alt gruba ayrılmıştır. B1 alt grubunda Eresen-87 ve Yayladağı çeşitleri yer almıştır. B2 alt grubu ise kendi içerisinde C ve D olmak üzere iki alt gruba daha ayrılmıştır. C alt grubunda FLIP10- ile başlayan hatlar birbirleri arasında kümelenerek yer alırken, D alt grubu ise kendi içerisinde iki alt gruba ayrılmıştır. FLIP03- ile başlayan hatlar kendi içerisinde kümelenerek yer alırken, Rebaya-40 çeşidi ise diğer grupta yer almıştır. Çizelge 4.1.'de araştırmada kullanılan bakla genotiplerinin pedigrileri ve kökenlerine bakıldığında, melezleme programında kullanılan FLIP10- ile başlayan hatlar C grubu içerisinde yer alırken; FLIP03- ile başlayan hatların ise D grubu içerisinde yer aldığı gözlenmiştir.

Bakla genotipleri arasındaki varyansın büyük bir kısmından sorumlu değişkenleri elde etmek amacıyla SSR verileri faktör analizine tabi tutuldu. Faktör analizi sonucunda özdeğerleri birden büyük olan dört faktör çıkarılmıştır. Çıkarılan bu ilk dört faktör toplam varyasyonun % 67,44'nü oluşturmuştur (Çizelge 4.15). Çizelge 4.16 'ya dikkat edildiğinde, her bir faktör için faktör yükleri 0,45'ten büyük olan genotipler Şekil 4.1'deki soyağacında da benzer kümelerde yer almışlardır. Fakat Eresen-87 çeşidi Çizelge 4.15'te FLIP03- ile başlayan bakla genotipleri ile birlikte yer alırken, Şekil 4.1'deki soyağacında Yayladağı genotipi ile aynı kümede yer almıştır. Eresen-87 çeşidinin Çizelge 4.16'daki faktör yüklerine yakından bakıldığında, bu çeşidin sadece faktör1 de değil, FLIP10- hatlarının yer aldığı faktör2 ve ülkemizde tarımı yapılan Kıtık-2003, Yayladağı ve Antakya genotiplerinin yer aldığı faktör3'te de kayda değer bir faktör yüküne sahip olduğu görülmektedir. Zong ve ark. (2009) da Çin'de AFLP primerleri ile yaptıkları, değişik kökenli bakla genotiplerindeki genetik çeşitliliği belirleme çalışmasında, oluşturulan soyağacı ile temel koordinat analizi arasında az miktarda farklılığın olduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.15. Faktör analizi sonucu oluşan faktörlerin Özdeğerleri, Toplam Varyansları (%), Yıgmal Özdeğerleri ve Yıgmal Varyansları

Faktör	Özdeğer	Toplam Varyans (%)	Yıgmal Özdeğer	Yıgmal Varyans (%)
1	9,64	43,86	9,64	43,86
2	2,30	10,45	11,94	54,31
3	1,65	7,53	13,60	61,85
4	1,22	5,58	14,83	67,43

Çizelge 4.16. Faktör analizi sonucu oluşan faktörler ve bakla genotiplerinin bu faktörler üzerindeki yük değerleri

Bakla Genotipi	Faktör1	Faktör2	Faktör3	Faktör4
Rebaya-40	0,41	-0,09	0,24	0,67
FLIP03-35FB	0,70*	0,15	0,14	0,12
FLIP03-39FB	0,77	0,31	0,14	0,15
FLIP10-52FB	0,39	0,75	0,14	0,06
FLIP03-48FB	0,60	0,41	0,17	0,25
FLIP10-57FB	-0,03	0,54	-0,08	0,65
FLIP03-49FB	0,30	0,34	0,33	0,53
FLIP10-58FB	0,20	0,77	-0,03	0,00
FLIP03-62FB	0,53	0,10	0,07	0,66
FLIP10-51FB	0,14	0,73	0,26	0,15
FLIP03-43FB	0,61	0,28	0,16	0,33
FLIP03-47FB	0,78	0,18	0,08	0,19
FLIP03-45FB	0,81	0,27	-0,00	0,29
FLIP03-38FB	0,78	0,13	-0,03	0,05
FLIP10-56FB	0,43	0,76	-0,00	0,13
FLIP03-41FB	0,65	0,33	0,40	-0,05
FLIP10-59FB	0,18	0,90	-0,06	0,17
FLIP03-50FB	0,53	0,36	0,30	0,23
Kıtık	0,18	-0,04	0,80	-0,05
Eresen	0,46	0,41	0,43	0,05
Antakya	-0,15	0,15	0,77	0,29
Yayladağı	0,44	-0,05	0,55	0,15

* 0,45 den büyük olan yük değerleri koyu yazılmıştır.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Hatay koşullarında bazı yabancı kökenli bakla (*Vicia faba* L.) genotiplerinin incelenmesi amacıyla tarımsal özelliklerden; bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, bakla sayısı, tane sayısı ve tane ağırlığı olmak üzere beş özelliği incelenmiştir.

Bitki boyu açısından değerlendirildiğinde; Yayladağı yerel çeşidi bitki boyu ortalaması ile en yüksek bitki boyu ortalamasını (77,40 cm) gösteren genotip olmuştur. Fakat FLIP03-43FB hattı ise bitki boyu ortalaması ile en düşük bitki boyu ortalamasını (52,80 cm) gösteren genotip olmuştur.

İlk bakla yüksekliği açısından değerlendirildiğinde; Rebaya-40 çeşidi ilk bakla yüksekliği ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek ilk bakla yüksekliği ortalamasını (57,00 cm) göstermiştir. Fakat FLIP03-45FB, FLIP03-50FB ve FLIP03-62FB hatları ile Kıtık-2003 çeşidi ise ilk bakla yüksekliği ortalaması ile en düşük ilk bakla yüksekliği ortalamasını (13,93 cm) gösteren genotip olmuştur. Duncan çoklu karşılaştırma testi sonuçlarına göre, Yayladağı ve Antakya yerel çeşidi ile FLIP03-43FB hattı dışında kalan tüm genotipler arasında ilk bakla yüksekliği açısından istatistiksel olarak önemli bir farklılığın olmadığı saptanmıştır.

Bakla sayısı açısından değerlendirildiğinde; Rebaya-40 çeşidi bakla sayısı ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek bakla sayısı ortalamasını (17,66 adet) göstermiştir. Fakat FLIP03-62FB hattı ise bakla sayısı ortalaması ile en düşük bakla sayısı ortalamasını gösteren genotip (10,30 adet) olmuştur.

Tane sayısı açısından değerlendirildiğinde; FLIP10-52FB hattı istatistiksel olarak en yüksek tane sayısı ortalamasını (63,96 adet) göstermiştir. Fakat FLIP03-38FB hattı ise en düşük tane sayısı ortalamasını gösteren genotip (15,70 adet) olmuştur.

Tane ağırlığı açısından değerlendirildiğinde; FLIP10-59FB hattı tane ağırlığı ortalaması ile istatistiksel olarak en yüksek tane ağırlığı ortalaması (24,61 g) göstermiştir. Antakya yerel çeşidi ise tane ağırlığı ortalaması ile en düşük tane ağırlığı ortalamasını gösteren genotip (11,15 g) olmuştur.

Bakla genotiplerinde bazı verim öğeleri arasındaki korelasyon katsayıları incelendiğinde; Bitkide ilk bakla yüksekliği ile bitki boyu arasında olumlu ve önemli ilişkiler ($r=0,32$) saptanmıştır. Bitkide tane sayısı ile bitkide bakla sayısı arasında olumlu ve önemli ilişkiler ($r=0,47$) saptanmıştır. Bitkide tane ağırlığı ile bitkide bakla

sayısı arasında olumlu ve önemli ilişkiler ($r=0,52$) saptanmıştır. Bitkide tane ağırlığı ile bitkide tane sayısı arasında olumlu ve önemli ilişkiler ($r=0,58$) saptanmıştır.

SSR Primerlerinin amplifikasyonu sonucunda; polimorfik bant sayısı 25 adet, monomorfik bant sayısı 14 adet olmak üzere toplam bant sayısı 39 adet olduğu saptanmıştır. Toplam bant sayısı bakımından SSR primerleri karşılaştırıldığında; DMA070 ve DMA030 SSR primerinden en yüksek bant sayısı (3 adet) elde edilmiştir.

Polimorfizm oranları bakımından SSR primerleri incelendiğinde, M14, DMA043, M17, DMA099, DMA107, M10, DMA101, DMA042 ve M46 SSR primerlerinden en düşük polimorfizm oranı (%0) elde edilmiştir. Ancak M20, M9, DMA089, DMA112, DMA103, DMA044, DMA045, DMA051, DMA065, DMA070 ve DMA102 SSR primerlerinden ise en yüksek polimorfizm oranı (%100) olduğu gözlenmiştir. Toplam bant sayısı bakımından SSR primerleri karşılaştırıldığında, DMA070 ve DMA030 SSR primerlerinden en yüksek allel sayısı (3 adet) elde edilmiştir. Fakat M14, DMA089, DMA089, DMA112, M17, DMA099, M10, DMA107, DMA042, M46, DMA093 ve DMA102 SSR primerlerinden ise en düşük allel sayısı (1 adet) elde edilmiştir.

Gen çeşitliliği değeri ve shanon indeksi bakımından ülkemizde tarımı yapılan Yayladağı, Antakya, Eresen-87 ve Kıtık-2003 genotiplerinin ICARDA kökenli genotiplere göre daha fazla genetik çeşitlilik gösterdikleri belirlenmiştir.

Bakla genotipinde Jaccard benzerlik katsayısı değerlendirildiğinde; FLIP10-56FB ile FLIP10-52FB, FLIP10-59FB ile FLIP10-58FB bakla genotipleri Jaccard benzerlik katsayısı değeri (0,97 adet) birbirine genetik en yakın genotip olarak saptanmıştır. Fakat Kıtık-2003 ile FLIP10-57FB, Antakya ile FLIP10-47FB bakla genotipleri Jaccard benzerlik katsayısı değeri (0,53 adet) birbirine genetik en uzak genotip olarak belirlenmiştir.

SSR analizleri sonucunda elde edilen UPGMA soyağacına göre; 22 bakla genotipi iki ana gruba ayrılmıştır. Soyağacında Kıtık-2003 ve Antakya çeşitleri ile Eresen-87 ve Yayladağı çeşitleri aynı grupta yer almıştır. Kullanılan SSR primerleri ayrıca FLIP10- ve FLIP03- ile başlayan bakla hatlarını ayırt ederek ayrı gruplarda yer almasını sağlamıştır. Elde edilen bu sonuçlar, çalışmada kullanılan bakla genotipleri arasında (özellikle de ülkemizde tarımı yapılanlar) gen çeşitliliğinin yeterince yüksek olduğunu ve bu bilgilerin ıslah çalışmalarında kullanılabileceğini göstermiştir.

KAYNAKLAR

- Abu-Amer, J.H., Saoub, H.M., Akash, M.W., Al-Abdallat, A.M. 2011. Genetic and Phenotypic Variation Among Faba Bean. **International Journal of Vegetable Science**, 17:45–59. Landraces and Cultivars
- Agrama, H.A., Tunstra, M.R., 2003. Phylogenetic diversity and relationships among sorghum accessions using SSR and RAPD. **African journal of Biotechnology** Vol.2(10): 334-340
- Alghamdi, S.S., Al-Faifi, S.A., Migdadi, H.M., Ammar, M.H., Siddique, K.H.M. 2011. Inter-simple sequence repeat (ISSR)-based diversity assessment among faba bean genotypes. **Crop and Pasture Science** 62:755–760.
- Akash, M.W., Myers, G.O.2012. The development of faba bean expressed sequence tag–simple sequence repeats (EST-SSRs) and their validity in diversity analysis. **Plant Breeding**, 131: 522-530.
- Akdemir ,A.,1978, Baklada (*Vicia faba* L.) bitki sıklığının verime etkisi üzerine arařtırmalar, **Ege Zira Arařtırma Enstitüsü Yayını**.
- Akmaz, D., 1993.Çoklu Yetiřtirme Sisteminde (mısır-fasulye-bakla) bitki sıklığının verim ve verim komponentlerine etkisi, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bil. Ens., **Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı**, 76 s.
- Anonim, 2012. <http://www.ttsm.gov.tr/TR/belge/1-248/tescilli-cesitler-listesi.html> (Eriřim tarihi:Ekim 2012).
- Babayeva, S., Akparov, Z., Abbasov, M., Mammadov, A., Zaifzadeh, M., Street, K.2009. Diversity analysis of Central Asia and Caucasian lentil (*Lens culinaris* Medik.) germplasm using SSR fingerprinting. **Genet Resource and Crop Evolution**, 56:293–298.
- Badiane, F.A., Gowda, B.S., Cissé, N., Diouf, D., Sadio, O., Timko, M.P. 2012. Genetic relationship of cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties from Senegal based on SSR markers. **Genet. Mol. Res.** 11 (1): 292-304.
- Beřer, E., 2000. Bakla (*Vicia Faba* L.)’da deęiřik miktar ve zamanlarında verilen Cycocel’in verim ve verim öğelerine etkileri, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bi. Ens., Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, 47s.
- Balaid, Y., Chtourou-Ghorbel, N., Marrakchi M. a n d Trififarah, N., 2006. Genetic diversity wich and between populations of Lathysind Sies genus (Fabein Cea) Reviched b Eal SSR markers. **Genetic Reso Siesind ces and CRoP EVolutlon** 53:1413-1418.
- Baydemir 2008.Kahramanmaraş kosullarında bazı bakla (*Vicia faba* L.) çeřitlerinde farklı ekim zamanlarının verim ve verim unsurlarına etkisi üzerine bir arařtırma. Kahramanmaraş üniversitesi FenBilimleri Enstitüsü, **Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı**, Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş.
- Bınderova, A. 1984. The Relation of Plant Height to same Meteorolojical Factors. **Faba Bean Abstract June 1987**, 7, (2): 33
- Binici, B. 2013. Bakla (*Vicia faba* L.) Çeřit ve Hatlarında Tohum Depo Proteinlerine Göre Genetik Analizler Ve Kalite İliřkileri. Yüksek Lisans Tezi, MKÜ Fen Bilimleri Enstitüsü, **Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı**, Hatay
- Bertini, C. H. C. De, M., Schuster, I., Sedyama, T., De Barros, E. G., Moreira, M. A. 2004. Analysis of Cotton Genetic Diversity by Microsatellites and Pedigree. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 5 (4):369-378.

- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, 32:314–331.
- Cömertpay 2008.Yerel mısır populasyonlarının morfolojik ve DNA Moleküler ııaretleyicilerinin SSR Tekniđi ile karakterizasyonu. Cukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, **Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı**, Doktora Tezi, ADANA
- Chowdhury, M.A., Vandenberg, B. and Warkentin, T., 2002. Cultivar identification and genetic relationship among selected breeding lines and cultivars in chickpea (*Cicer arietinum* L.) **Euphytica** 127 : 317-324.
- Dellaporta, S., J. Wood, and J. Hicks. 1983. A plant DNA mini-preparation: Version II. *Plant Molecular Biology Reporter* 1:19–21
- Doyle, J. J., and J. L. Doyle. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus (San Francisco, Calif.)** 12: 13–14.
- Duc, G.1997. Faba bean(*Vicia faba* L.). *Field Crops Research*, 53:99-109.
- El saeed E.Ak.,1968, Agronomic Aspects of Broad Beans (*Vicia faba* L.) Grown in the Sudan, **Expl. Agric.** 4: 151-59.
- Fao, 2012. Faostat. <http://faostat3.fao.org/> (Eriřim 19 Eylül 2012). **Fao**, Rome
- Guo, W.Z., Wang, K., Zhang, T.Z. 2003. A and D Genome Evolution in *Gossypium* Revealed Using SSR Molecular Markers. **Yi Chuan Xue Bao**, 30(2):183-8.
- Galvan, M.Z., Bornet, B., Balatti, P.A. and Branchard, M., 2003. Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as a Tool for the assessment of both genetic diversity and gene pool origin in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica** 132: 297- 301.
- Gresta, F., Avola, G., Albertini, E., Raggi, L. Abbate, V.2009.A study of variability in the Sicilian faba bean landrace ‘Larga di Leonforte’. **Genet Resour Crop Evol**, DOI 10.1007/s10722-009-9490-7
- Huttel, B., Winter, P., Weising, K.,Choumane, W., Weigand, F. and Kahl, G., 1999. Sequence – Tagged microsatellite site markers for chickpea (*Cicer arietinum* l.) genome 42(2): 210-217
- Hamza, S., Hamida, B.W., Rebal,A., Harrabi, M. 2004. SSR –based genetic diversity assesment among Tunisian winter barley and relationship with morphological Traits. **Euphytica** 135:107-118
- Jomova, K., Benkova, M., Kraic, J.2009. Enrichment of Chickpea Genetic Resources Collection Monitored by Microsatellites. *Czech J. Genet.* **Plant Breed.**,45:11–17.
- Kaur, S., Cogan, N.O.I., Forster, J.W., Paull, J.G. 2014.Assessment of Genetic Diversity in Faba Bean Based on Single Nucleotide Polymorphism. *Diversity*, 6:88-101.
- Köseođlu 2006.Cukurova kosullarında farklı ekim sıklıklarında bakla çeřitlerinin tane verimi ve verimle ilgili özelliklere etkisi üzerinde bir araştırma, Cukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, **Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı**, Yüksek Lisans Tezi, ADANA.
- Lang, Li. J., 1988.Asummary on Production of faba bean in china. **FABIS** 21, 3-6
- Link, W., Dixkens, C., Singh, M., Schwall, M., Melchinger, A.E. 1995. Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germplasm revealed by RAPD markers. **Theor Appl Genet.** 90:27-32.
- Liu , S., Cantrell, R.G., Mccarty, J.C. J.R., Stewart, J. MCD. 2000. Simple Sequence Repeat Based Assessment of Genetic Diversity in Cotton Race Stock Accessions. **CropSci.** 40:1459-1469.

- Ricciardi, L. 1985. Variability of Biological and Agronomic Characters in Accessions of *Vicia faba* L. **Annali della Facoltà di Agronomia Università di Beni** 1981-1982, Recd 1984. No:32, 119-114, Italy
- Ratnaparkhe, M.B., Tekeoğlu, M. and Muehlbauer, F.J., 1998. Inter simple sequence repeat (ISSR) Polymorphism are useful for finding markers associated with disease resistance gene clusters. **Theor appl genet** 97:515-519.
- Rehman, A.U.2009. Characterization and Molecular Mapping of Drought Tolerance in Kabuli Chickpea (*Cicer arietinum* L.). Doktora Tezi, **The Department of Plant Sciences University of Saskatchewan**, Saskatoon.
- Sudapak, M.A., 2004. Inter and Intra- species Inter simple sequence repeat (ISSR) variations in the Genus *Cicer*. **Euphytica**. 135:229-238.
- Terzopoulos, P.J., Bebeli, P.J.2008.Genetic diversity analysis of Mediterranean faba bean (*Vicia faba* L.) with ISSR markers. **Field Crops Research**, 108:39–44.
- Tosun, F., Gülümser, A., Zeytun, A.1988. Samsun Kıyı Kesiminde Yetiştirilebilecek Bazı Bakla Çeşitlerinin Tespiti Üzerine Bir Çalışma. **Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi**, 3, (2): 129-142.
- Toker, C., 2004. Estimates of broad-sense heritability for seed yield and yield criteria in faba bean (*Vicia faba* L.). **Hereditas**, 140: 222-224.
- TÜİK 2010.İstatistiklerle Türkiye. **Türkiye İstatistik Enstitüsü**, Ankara, TURKEY
- Wang, H., Zong, X., Guan, J., Yang, T., Sun, X., Ma, Y., Redden, R. 2012. Genetic diversity and relationship of global faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm revealed by ISSR markers. **Theor Appl Genet**, 124:789-797.
- Xu, P., Wu, X., Wang, B., Liu, Y., Qin, D., D. Ehlers, J., Close, T.J., Hu, T., Lu, Z., Li, G. 2010. Development and polymorphism of *Vigna unguiculata* ssp. *unguiculata* microsatellite markers used for phylogenetic analysis in asparagus bean (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedialis*(L.)Verdc.). **Molecular Breeding**, 25:675–684.
- Gong, Y., Xu, S., Mao, W., Li, Z., Hu, Q., Zhang, G., Ding, J. 2011. Genetic diversity analysis of faba bean (*Vicia faba* L.) based on EST-SSR markers. *Agric. Sci. China* 10: 838-844.
- Zeid M, Schon. C.C., Link, W. 2003. Genetic diversity in recent elite faba bean lines using AFLP markers. **Theor Appl Genet** 107:1304–1314.
- Zeid, M., Mitchell, S., Link, W., Carter, M., Nawar, A., Fulton, T., Kresovich, S.2009. Simple sequence repeats (SSRs) in faba bean: new loci from Orobanche-resistant cultivar 'Giza 402'. **Plant Breeding**, 128:149-155.
- Zong, X., Liu, X., Guan, J., Wang, S., Liu, Q., Paull, J.G., Redden, R.2009. Molecular variation among Chinese and global winter faba bean germplasm. **Theor Appl Genet**, 118:971–978.

ÖZGEÇMİŞ

1986 yılında Adana'nın Kozan ilçesinde doğdum. İlköğrenimimi Kozan Hacımırzalı ilkokulunda, orta öğrenimimi Kozan Lütfiye Ali Şadi Çelik ortaokulunda ve lise öğrenimimi Kozan Lisesinde tamamladım.2007 yılında Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri bölümünü kazandım. Ve 2011 'de mezun oldum. 2011 yılının Eylül ayında Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalında yüksek lisansa başladım.2011-2012 ' de İmamoğlu Ziraat Odası Toprak, Su ve Yaprak Analiz Laboratuvarında Ziraat MÜHENDİSİ olarak çalıştım. 2013-2014'de Kilis' de POL.-TAR. Tarımsal Yayım, Danışmanlık ve Mühendislik şirketinde; Tarım DANIŞMANI ve şirket YÖNETİCİSİ olarak çalıştım.