

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Meryem Aylin AKYÜZ**

**ANTEPFİSTİĞİNDA SİİRT X BAĞYOLU F1 POPULASYONU  
KULLANILARAK SSR MARKÖRLERİ İLE GENETİK  
HARİTALAMA**

**BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

**ADANA, 2012**

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**ANTEPFISTIĞINDA SİİRT X BAĞYOLU F1 POPULASYONU  
KULLANILARAK SSR MARKÖRLERİ İLE GENETİK HARİTALAMA**

**Meryem Aylin AKYÜZ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

Bu tez 2012 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından Oybirliği ile Kabul Edilmiştir.

.....  
Prof. Dr. Salih KAFKAS  
DANIŞMAN

.....  
Prof.Dr.Hakan ÖZKAN  
ÜYE

.....  
Doç. Dr.Kadir Uğurtan YILMAZ  
ÜYE

Bu Tez Enstitümüz Biyoteknoloji Anabilim Dalında Hazırlanmıştır.

**Kod No:**

**Prof. Dr. Selahattin SERİN  
Enstitü Müdürü**

**Bu çalışma Ç.Ü. Araştırma Projeleri Birimi (Proje No: ZF2012YL9) tarafından desteklenmiştir.**

**Not:** Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı ve sanat eserleri kanunundaki hükümlere tabidir.

## ÖZ

### YÜKSEK LİSANS TEZİ

#### ANTEPFISTIĞINDA SİİRT X BAĞYOLU F1 POPULASYONU KULLANILARAK SSR MARKÖRLERİ İLE GENETİK HARİTALAMA

Meryem Aylin AKYÜZ

#### ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Danışman : Prof. Dr. Salih KAFKAS

Yıl : 2012, Sayfa :75

Jüri : Prof. Dr. Salih KAFKAS

: Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

: Doç. Dr. Kadir Uğurtan YILMAZ

Bu çalışmada SSR markör tekniği kullanılarak antepfistiğinin genetik bağlantı haritasının oluşturulması amaçlanmıştır. ‘Siirt’ x ‘Bağyolu’ çeşitleri arasındaki melezlemeye ait 89 F1 bitkisi ile ‘double pseudo-testcross’ haritalama metodu uygulanarak iki ayrı genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Bu araştırmada açılım gösteren 105 SSR primer çiftinden 129 markör haritalanmıştır. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritası 70 SSR markörü içermiş ve her bir bağlantı grubu başına düşen ortalama markör sayısı 4.6 adet olmuştur. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritası toplamda 85 SSR markörü içermiş ve her bir bağlantı grubu başına düşen ortalama markör sayısı 5.6 adet olmuştur. ‘Siirt’ genetik haritası toplamda 15 bağlantı grubunda 671 cM uzunluğa ve 9.5 cM ortalama markör yoğunluğuna sahip olurken, ‘Bağyolu’ genetik haritası ise toplamda 761.2 cM uzunluğa ve 8.9 cM ortalama markör yoğunluğuna sahip olmuştur. Sonuç olarak, bu çalışmada antepfistiğinin SSR markörleri ile yapılan ilk genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Bundan sonra yapılacak olan antepfistiği genetik haritalama çalışmalarında daha fazla genom içeriğine sahip daha yüksek yoğunluklu doymuş genetik haritalar elde etmek için daha fazla sayıda açılım gösteren dominant ve kodominant markörler kullanılmalıdır.

**Anahtar Kelimeler:** Antepfistiği, SSR, Genetik haritalama, Mikrosatellit

## ABSTRACT

### MSc THESIS

# GENETIC MAPPING IN PISTACHIO USING SİİRT X BAĞYOLU POPULATION BY SSR MARKERS

Meryem Aylin AKYÜZ

CUKUROVA UNIVERSITY  
INSTITUTE OF BASIC AND APPLIED SCIENCES  
DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY

Supervisor : Prof. Dr. Salih KAFKAS

Year: 2012, Pages: 75

Jury : Prof. Dr. Salih KAFKAS

: Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

: Assoc. Prof. Dr. Kadir Uğurtan YILMAZ

This study aimed to construct genetic linkage map of pistachio using SSR molecular marker technique. Two separate genetic linkage maps were constructed by applying the strategy of 'double pseudo-testcross' having 89 F1 progenies derived from a cross between 'Siirt' cultivar and 'Bağyolu' genotype. In this research, 129 SSR markers were mapped from 105 segregated SSR primer pairs. In 'Siirt' genetic map, a total of 70 SSR markers were mapped, and average marker number per linkage group was 4.6. A total of 85 markers were mapped in the genetic map of 'Bağyolu' genotype, and average marker number per linkage group was 5.6. 'Siirt' genetic map had 15 linkage groups spanning 671 cM length with a mean marker density of 9.5 cM, whereas 'Bağyolu' genetic map had 761.2 cM length with a mean marker density of 8.9 cM. As a result, the first of genetic linkage map of pistachio by SSR markers was constructed in this study. In the future mapping studies in pistachio, more dominant and co-dominant markers should be used to obtain better genome coverage with highly dense and saturated maps.

**Keywords:** Pistachio, SSR, Genetic mapping, Microsatellite

## **TEŐEKKÜR**

Yüksek lisans tez konunun belirlenmesinde, yürütülmesinde bana çalışma olanađı sunan, bilgi ve desteđini esirgemeyen Sayın Hocam Prof. Dr. Salih KAFKAS'a sonsuz saygılarımı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tezim süresince yardımlarını esirgemeyen sevgili arkadaşlarım; Yüksek Ziraat Mühendisi Nergiz Aslan, Ziraat Mühendisi Elmira Ziya Motallebipour, Ziraat Mühendisi Mortaza Khodeiaminjan, Biyolog Hayat Topçu ve Biyolog Murat Güney'e teşekkürlerimi sunarım.

Son olarak hayatım boyunca her zaman sevgi ve anlayış ile yanımda olan, maddi ve manevi yardımlarını hiçbir zaman esirgemeyen sevgili annem, babam ve abime en içten sonsuz sevgilerimi ve şükranlarımı sunmaktan büyük bir mutluluk duyarım.

## İÇİNDEKİLER

## SAYFA

ÖZ.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER.....	IV
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	VI
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	X
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	XII
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	7
2.1. Antepfıstığı SSR Primer Geliştirme Üzerine Yapılan Çalışmalar.....	7
2.2. Antepfıstığı Genetik Haritalama Üzerine Yapılan Çalışmalar.....	8
2.3. Antepfıstığında Yapılan Diğer Moleküler Çalışmalar.....	9
3. MATERYAL VE METOD.....	13
3.1. Materyal.....	13
3.2. Metod.....	13
3.2.1. Yaprak Örneklerinin Alınması ve DNA İzolasyonu.....	13
3.2.2. SSR Primer Çiftlerinin Bant Üretme ve DNA'ya Yapışma Sıcaklıklarının Belirlenmesi.....	14
3.2.3. SSR Primer Çiftlerinin Açılım Gösterme Bakımından Taranması.....	16
3.2.4. Moleküler Markörlerin Değerlendirilmesi ve Bağlantı Gruplarının Oluşturulması.....	18
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	21
4.1. 'Siirt' Çeşidi ve 'Bağyolu' Genotipinin SSR Analizleri.....	21
4.2. Antepfıstığı Genetik Haritası İçin Oluşturulan Bağlantı Grupları.....	22
4.2.1. 'Siirt' Çeşidi ve 'Bağyolu' Genotipinin 1. Bağlantı Grubu Bulguları..	23
4.2.2. 'Siirt' Çeşidi ve 'Bağyolu' Genotipinin 2. Bağlantı Grubu Bulguları ..	25
4.2.3. 'Siirt' Çeşidi ve 'Bağyolu' Genotipinin 3. Bağlantı Grubu Bulguları ..	28
4.2.4. 'Siirt' Çeşidi ve 'Bağyolu' Genotipinin 4. Bağlantı Grubu Bulguları ..	30
4.2.5. 'Siirt' Çeşidi ve 'Bağyolu' Genotipinin 5. Bağlantı Grubu Bulguları ..	33

4.2.6. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 6. Bağlantı Grubu Bulguları .	35
4.2.7. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 7. Bağlantı Grubu Bulguları .	38
4.2.8. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 8. Bağlantı Grubu Bulguları.	40
4.2.9. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 9. Bağlantı Grubu Bulguları .	42
4.2.10. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 10. Bağlantı Grubu Bulguları .....	45
4.2.11. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 11. Bağlantı Grubu Bulguları .....	47
4.2.12. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 12. Bağlantı Grubu Bulguları .....	49
4.2.13. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 13. Bağlantı Grubu Bulguları .....	52
4.2.14. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 14. Bağlantı Grubu Bulguları .....	54
4.2.15. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 15. Bağlantı Grubu Bulguları .....	56
4.3. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipi Genetik Haritalarının Genel Değerlendirilmesi .....	58
4.4. Bağlantı Gruplarında Haritalanan ve Açılım Gösteren SSR Markör Bulguları .....	63
5. SONUÇ VE ÖNERİLER .....	67
KAYNAKLAR.....	69
ÖZGEÇMİŞ .....	75

## ÇİZELGELER DİZİNİ

## SAYFA

Çizelge 3.1. Genetik haritalama çalışmasında yararlanılan kaynaklar ve kullanılan SSR primerlerinin sayıları .....	13
Çizelge 3.2. Antepfıstığında gradient-PCR reaksiyonunda kullanılan kimyasallar ile konsantrasyonları.....	15
Çizelge 3.3. Antepfıstığında gradient PCR sıcaklık değerleri ve döngü koşulları...	15
Çizelge 3.4. Antepfıstığında SSR-PCR reaksiyonunda kullanılan kimyasallar ile konsantrasyonları .....	16
Çizelge 3.5. Antepfıstığında SSR analiz yönteminde uygulanan PCR sıcaklık ve döngü koşulları .....	17
Çizelge 3.6. Antepfıstığı melez populasyonunda beklenen kodominant açılımlar ..	18
Çizelge 3.7. Antepfıstığı melez populasyonunda beklenen dominant açılımlar .....	18
Çizelge 4.1. Antepfıstığında ‘Siirt’ X ‘Bağyolu’ F1 populasyonu kullanılarak oluşturulan genetik haritada SSR markör analizleri sonucunda elde edilen genel bulgular .....	22
Çizelge 4.2. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 1. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık.....	23
Çizelge 4.3. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 1. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	25
Çizelge 4.4. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 2. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık.....	26
Çizelge 4.5. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 2. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	27
Çizelge 4.6. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 3. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık.....	28



Çizelge 4.7. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 3. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	30
Çizelge 4.8. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 4. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	31
Çizelge 4.9. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 4. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	32
Çizelge 4.10. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 5. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	33
Çizelge 4.11. ‘Bağyolu’ genotipigenetik haritasının 5. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	35
Çizelge 4.12. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 6. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	36
Çizelge 4.13. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 6. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	37
Çizelge 4.14. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 7. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerler, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	38
Çizelge 4.15. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 7. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	40
Çizelge 4.16. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 8. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	41

Çizelge 4.17. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 8. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	42
Çizelge 4.18. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 9. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	43
Çizelge 4.19. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 9. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	45
Çizelge 4.20. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 10. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	45
Çizelge 4.21. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 10. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	47
Çizelge 4.22. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 11. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	47
Çizelge 4.23. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 11. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	49
Çizelge 4.24. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 12. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	50
Çizelge 4.25. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 12. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	51
Çizelge 4.26. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 13. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	52

Çizelge 4.27. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 13. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	54
Çizelge 4.28. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 14. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	54
Çizelge 4.29. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 14. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	56
Çizelge 4.30. ‘Siirt’çeşidi genetik haritasının 15. bağlantı grubuna ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık .....	56
Çizelge 4.31. ‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipine ait bağlantı gruplarının bulguları .....	59
Çizelge 4.32. ‘Siirt’ x ‘Bağyolu’ genetik haritalarına ait genel bulgular .....	61
Çizelge 4.33. Genetik bağlantı haritalarında yer alan ve SSR analizlerinde açılım gösteren kodominant SSR markörlerine ait bulgular .....	64
Çizelge 4.34. Genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasında kullanılan SSR markörlerinin açılım tipi özelliklerine göre dağılımları.....	66

- Şekil 4.1. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda). 1. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 24
- Şekil 4.2. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 2. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 27
- Şekil 4.3. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 3. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 29
- Şekil 4.4. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 4. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 32
- Şekil 4.5. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 5. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 34
- Şekil 4.6. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 6. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 36
- Şekil 4.7. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 7. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 39
- Şekil 4.8. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 8. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 41
- Şekil 4.9. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 9. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 44

- Şekil 4.10. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 10. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 46
- Şekil 4.11. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 11. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir .. 48
- Şekil 4.12. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 12. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir .. 51
- Şekil 4.13. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 13. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir .. 53
- Şekil 4.14. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 14. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir .. 55
- Şekil 4.15. ‘Siirt’ çeşidinin (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipinin (sağda) 15. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir ... 57

## SİMGELER VE KISALTMALAR

cM	: centiMorgan
CTAB	: Cetyl Trimethyl Amonyum Bromide
dk	: Dakika
d/dk	: Devir/ dakika
dNTP	: Deoksi- Nükleozid Trifosfat
dATP	: Deoksi Adenozin Trifosfat
dCTP	: Deoksi Sitidin Trifosfat
dGTP	: Deoksi Guanozin Trifosfat
dTTP	: Deoksi Timidin Trifosfat
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
g	: Gram
HCl	: Hidroklorik Asit
LOD	: Logaritmik Odd Density
M	: Molar
MgCl <sub>2</sub>	: Magnezyum Klorür
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
NaCl	: Sodyum klorür
Na <sub>2</sub> S <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	: Sodyum Metabisülfid
ng	: Nanogram
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
pH	: Hidrojen İyonlarının (-) Logaritması
rpm	: Revolutions per minute (Dakikadaki döngü sayısı)
SSR	: Simple Sequence Repeat (Basit Dizi Tekrarları)
sn	: Saniye
Taq	: <i>Thermus aquaticus</i>
TBE	: Tris/Borik asit/EDTA Tampon çözeltisi

$\mu\text{M}$  : Mikromolar

$\mu\text{l}$  : Mikrolitre

## 1.GİRİŞ

*Pistacia* cinsi Anacardiaceae familyasının bir üyesi olup içerisinde on birden fazla tür bulunmaktadır (Kafkas, 2006a). Antepfıstığının (*Pistacia vera* L.) ilk olarak Etiler döneminde Güney Anadolu'da kültüre alınıp yetiştirildiği ve kral sofralarına girecek kadar kaliteli kültür çeşitlerinin üretildiği bilinmektedir (Anonim, 2001).

Antepfıstığının iki gen merkezi vardır. Birisi; Anadolu, Kafkasya, İran ve Türkmenistan'ın yüksek kısımlarını içine alan Yakın Doğu gen merkezi, diğeri ise Orta Asya gen merkezidir. Antepfıstığının kültür formlarının gen merkezinin ise Anadolu, İran, Suriye ve Afganistan olduğu bildirilmektedir. Antepfıstığı günümüzde 30-45 güney-kuzey paralelleri arasında ve genellikle kuzey yarım kürede, iklim olarak ifade edilebilen alanlarda yetiştirilmektedir (Tunalıoğlu, 2003).

Türkiye'de yaklaşık 66 milyon yabancı *Pistacia* ağacı bulunmaktadır (Kuru ve Özşabuncuoğlu, 1990). Türkiye'de en fazla rastlanılan başlıca yabancı *Pistacia* türleri; *P. terebinthus*, *P. eurycarpa*, *P. khinjuk*, *P. palaestina*, *P. atlantica* ve *P. lentiscus*'dur (Kafkas, 2006b).

Ülkemizde 56 ilimizde antepfıstığı yetiştiriciliği yapılmaktadır. Gaziantep, Şanlıurfa, Adıyaman, Siirt, Kahramanmaraş, Mardin ve Diyarbakır illerinde ekonomik olarak yetiştirilmektedir. Üretimimizin %94'ünü Güneydoğu Anadolu bölgesi karşılamaktadır (Tunalıoğlu, 2003).

FAO'nun verilerine göre İran'ın üretim miktarı 2009 yılında 255.000 ton iken 2010 yılında 446.647 tona, ABD'nin üretim miktarı 175.088 ton iken, 2010 yılında 236.775 tona, Türkiye'nin üretimi 81.795 ton iken, 2010 yılında 128.000 tona yükselmiştir. Suriye'nin üretim miktarı 2010 yılında 57.500 ton olup Çin'in ise 48.700 tondur. Dünya'da en önemli üretici ülkeler sırasıyla İran (%47), ABD (%25), Türkiye (%13), Suriye (%6) ve Çin'dir (%5). Dünyada antepfıstığı üretim miktarı 2009 yılında 572.946 ton iken, 2010 yılında %60 oranında artarak 944.347 tona yükselmiştir (FAO, 2010).

Türkiye'de yaygın olarak 'Siirt', 'Kırmızı', 'Uzun', 'Halebi' ve 'Ohadi' çeşitlerinin yetiştiriciliği yapılmaktadır. Bunlardan 'Uzun', 'Kırmızı' ve 'Halebi' çeşitleri uzun daneli, iç renginin koyu yeşil olması ve olağanüstü tat ve aromasından



dolayı özellikle tatlı ve pasta yapımı ile çikolata ve şekerleme sanayisinde tercih edilmektedir. Diğer ‘Siirt’ ve ‘Ohadi’ çeşitlerinin ise, çıtlaklık oranları yüksek, yuvarlak daneli ve iri olması nedeniyle özellikle çerezlik olarak tercih edilmesine neden olmaktadır (Anonim, 2001).

*Pistacia* cinsine giren türler dioik olup dişi ve erkek çiçekler farklı ağaçlar üzerinde bulunmaktadır. Tozlanma rüzgarlarla gerçekleşir (Crane ve Iwakiri, 1981). *Pistacia* türlerinde monoik *Pistacia* genotiplerine de rastlanmıştır (Özbek ve Ayfer, 1958; Crane, 1974; Kafkas ve ark., 2000). Antepfıstığının dioik bir meyve olması tozlanma ve dölleme bazı problemlere neden olabilmektedir. Öteki sert kabuklu meyvelerde olduğu gibi antepfıstığında da meyvenin yenilen kısmı tohumu olduğundan, meyve eldesi için tozlanma ve dölleme zorunludur. Döllemeyen çiçekler dökülür veya bunlardan içi boş (fis) meyveler meydana gelir.

Antepfıstığı lezzetli ve besin elementlerince oldukça zengin bir meyvedir. 100 gram antepfıstığı 594 kalori, 20.8 g protein, 51.6 g yağ 16.4 g karbonhidrat ve 0 kolesterol içermektedir. Ayrıca 100 gramında, 500 mg fosfor, 1020 mg potasyum, 136 mg kalsiyum, 158 mg magnezyum, 7.3 mg demir, 5.2 mg vitamin E, 7 mg vitamin C, 0.62 mg vitamin B1, 0.20 mg B2 ve 1.45 mg nikotinamid bulunmaktadır (Tunalıoğlu, 2003).

Bitki ıslahında temel prensip ekonomik öneme sahip olan genotipi tespit edebilmektir. Bitki ıslahında kullanılan, bilinen ilk ve en eski yöntem seleksiyondur. Bitkilerde eşey durumunun fark edilmesi ve Mendel genetiğiyle beraber melezleme de bitki ıslahında kullanılmaya başlanmıştır. İlerleyen zamanlarda ise bitkiler arasındaki genetik varyasyonların belirlenmesinde ve bunların sınıflandırılmasında öncelikle morfolojik, fizyolojik ve sitolojik özellikler kullanılmış, daha sonra ise biyokimyasal markörler geliştirilmiştir. Son zamanlarda ise moleküler seviyede çalışmalar yapılmaktadır (Scarano ve ark., 2002). Moleküler markörler, kaynağını kendilerinin üretildiği bitkilerin hücrelerinde bulunan DNA’lardan alır. Canlıların yapısını belirleyen şifrede DNA zincirlerinde olduğundan moleküler markörler, bitki popülasyonundaki çeşitlilik veya o popülasyon içindeki bitki genotipleri arasındaki ilişkilerin tespitinde %100’e yakın güvenirlilikle değerlendirilirler. Bugün moleküler markörler bitki sistematığında, ıslahında ve gen kaynaklarının değerlendirilmesinde

etkin olarak kullanılmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005). Farklı mutasyon sınıflarının bir sonucu olarak ortaya çıkan moleküler markörler, hibridizasyona ve PCR'a (Polymerase Chain Reaction) dayalı olmak üzere ikiye ayrılır.

Hibridizasyona dayalı olan moleküler markör RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), PCR'a dayalı moleküler markörler arasında ise RAPD (Randomly Amplified Polimorphic DNA), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) ve SSR (Simple Sequence Repeat) gibi markörler bulunmaktadır (Kafkas, 2006c).

Bitkilerde genetik ilişkileri ortaya çıkarmak için kullanılan ilk teknik RFLP tekniğidir (Tanksley ve ark., 1989). Bu teknik çeşitlerin tanımlanmasında ve genetik haritaların çıkartılmasında kullanılmıştır. RFLP kodominant moleküler markör tekniği olmasına rağmen, birçok dezavantajı vardır. Analizlerinin pahalı, uzun zaman ve çok işçilik istemesi, radyoaktif madde kullanımı gerektirmesi PCR'a dayalı moleküler markörlerin gelişmesine neden olmuştur (Kafkas, 2006c).

PCR tekniğine dayalı moleküler markörlerden ilk olarak RAPD yöntemi geliştirilmiştir. Williams ve ark. (1990) tarafından geliştirilen RAPD tekniği, basit ve kısa oligonükleotid primerler kullanılarak genomik DNA'nın rastgele bölgelerinin çoğaltılmasıdır. RAPD tekniğinde az miktarda DNA istemesine, kolay uygulanabilir ve maliyeti düşük olmasına rağmen, dominant özellik göstermesi ve tekrarlanabilirlik özelliğinin az olması yöntemin kullanılmasında sınırlayıcı faktör olmuştur (Williams ve ark., 1990; 1993).

ISSR tekniği PCR'a dayalı diğer bir yöntemdir. Zietkiewicz ve ark. (1994) tarafından geliştirilen bu teknikde 2'li 3'lü 4'lü ve 5'li tekrarlanan bazlara sahip primerler kullanılmakta ve PCR ürünleri elektroforez ile büyüklüklerine göre ayrıldıktan sonra çoğunlukla etidyum bromid boyaması ile jel üzerindeki DNA bantlarının görüntüsü tespit edilmektedir. Her bir primerin DNA'ya yapışma sıcaklığının belirleme zorunluluğu sınırlı sayıda primer varlığı ISSR'in dominant bir markör olması bu yöntemin dezavantajlarından. ISSR tekniği genetik kaynakların karakterizasyonu, genetik varyasyonun belirlenmesi, genotipler arasında genetik ilişkilerin saptanması, çeşit tanımlamaları ve genetik haritalama çalışmalarında

kullanılabilir (Kafkas, 2006c). Antepfıstığında da Kafkas ve ark. (2006) tarafından genetik kaynakların karakterizasyonunda kullanılmıştır.

SRAP tekniği Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilmiş PCR tekniğine dayalı bir markördür. SRAP tekniği oldukça polimorfik bir yöntem olup dominant bir markör sistemidir. SRAP tekniği doğrudan gen bölgelerini amplifiye etmektedir. Elde edilen bantların büyüklüğü 100-1000 bp arasında değişebilmektedir. Primerler 17 veya 18 nükleotitten oluşmakta ve sırasıyla forward (ileri) ve reverse (geri) primerler olarak adlandırılır. İleri primerler 13 nükleotid uzunluğunda ve 5' ucuna eklenmiş CCGG dizininden oluşur. Geri primerler ise 14 nükleotid uzunlukta ve bu dizine eklenmiş AATT dizini içerir. İleri ve geri primerler 3' ucunda üç adet seçici bazlar içerirler (Li ve Quiros, 2001). Kolay uygulanabilen güvenilir ve etkin olan bu yöntem genetik haritaların oluşturulmasında, genomik DNA ve cDNA parmak izinin çıkarılması, gen etiketlenmesi ve haritaya dayalı klonlama gibi birçok alanda kullanılmaktadır (Li ve Quiros, 2001). Antepfıstığında da Türkeli ve Kafkas (2012) tarafından yapılan antepfıstığında türlerarası genetik haritalama çalışmasında kullanılmıştır.

AFLP tekniği PCR esaslı olup polimorfizm oranı çok yüksektir. AFLP tekniği, toplam DNA'nın kesim enzimleriyle kesildikten sonra DNA parçalarının seçici primerler ile çoğaltılması esasına dayanır. Tek bir reaksiyonda çok sayıda bant (60-500 bp) vermesi ve çalışma için çok az miktarda DNA'ya ihtiyaç olması en büyük avantajdır. Yüksek orandaki tekrarlanabilir özelliği ve polimorfik bant sayısının çokluğu AFLP tekniğini ön plana çıkarsa da, tekniğin uygulanmasının pahalı olması ve amplifike olmuş bantların görüntülenmesinde radyoaktif madde veya floresan boyama istemesi bu yöntemin uygulanmasını sınırlamaktadır (Vos ve ark., 1995).

SSR tekniğinde polimorfizm seviyesi yüksektir ve analiz edilen genomdaki tekrarlanan baz dizilerinin belirlenmesi, bunların primer olarak kullanılması ön bir çalışmayı gerektirdiğinden dolayı maliyeti oldukça yüksektir (Powell ve ark., 1996). SSR markörleri, heterozigot ve homozigot genotipleri birbirinden ayırabilecek kodominant markörlerdir (Schlotterer ve Tautz, 1993; Altinkut, 2001). SSR tekniğinde genomda tekrarlanan baz dizilerinin bulunduğu bölgeler çoğaltılır.

SSR'lar basit tekrar dizileri olup 1-6 ardışık tekrarlı nükleotitleri ifade etmektedir (Tautz, 1989; Akkaya ve ark., 1992). Tekrarlanan DNA'ların sağındaki ve solundaki zincirler o dizine özgüdür, yani spesifiktir ve SSR primerlerini dizayn etmek için kullanılır. Tekrar sayılarına göre polimorfizm oluşur ve farklı sayıdaki tekrarları temsil eden her bant, farklı bir alleli gösterir. Tekrar sayılarındaki farklılıkların kaynağı ise DNA replikasyonu sırasındaki kaymalardır. İki primerin yapıştığı noktalar arasındaki uzaklıkların farklı olmasından dolayı da polimorfizm oluşmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Moleküler bitki ıslahında DNA markör yönteminin seçimi; araştırmanın amacına, populasyonun yapısına, çalışılan türün genomik çeşitliliğine, polimorfizm ve tekrarlanabilirlik durumuna, analiz için gerekli zamana, yatırım ve uygulama maliyetine göre değişir. Buna göre markörlerin kullanım potansiyelini değerlendirmek çok önemlidir. Bununla birlikte genetik markörler, yüksek polimorfizm göstermesi, kodominant olması, kolayca analiz edilmesi, güvenilirlik, birçok bilgi içermesi, ekonomik olması, transfer edilebilme ve otomasyona uygun olma gibi ideal özelliklere sahip olmalıdır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Genetik bağlantı haritası, genlerin kromozomlar üzerindeki yerlerinin (lokus) tespit edilmesinde kullanılır. Bu gen haritası ile bitkilerin genomu ortaya çıkarılır. Harita oluşturulurken moleküler markörler kullanılmaktadır. Birçok genin ve moleküler markörlerin birbirlerine göre kromozom boyunca diziliş sırasının haritalanması ile bir kromozomun veya tüm genomun haritasını çıkarmak mümkündür (Anonim, 2009).

Genetik bağlantı analizi, genel anlamı ile bir karakterin tanımlanabilmesi için kromozomlar üzerinde aranan bir gen ile kromozomlar üzerinde yerleri bilinen bir genetik belirleyiciler (markör) arasındaki uzaklığın ve bağlantı derecesinin test edilmesi esasına dayanmaktadır. Mayoz bölünme aşamasında kromozomlar karşı karşıya gelerek parça değişimine uğrarlar (crossing-over) ve bu parça değişimleri sırasında birbirine yakın genler çoğunlukla birbiriyle bağlantılı olup birlikte ayrılırlar. Ancak birbirine uzak genler ise rastgele olarak bir arada ayrım gösterirler. Böylece yavru bireylerde ebeveynlerde olmayan yeni yapılanmalar ortaya çıkar. Bu olaya 'rekombinasyon' olayı, ortaya çıkan ürünlere de 'rekombinant' ürünler

denilmektedir. Rekombinasyon, genetik bağlantı haritasının esasını oluşturur. Bunun temel hipotezi ‘eğer aranılan gen kromozom bölgesi bilinen marköre çok yakınsa mayozda birbirlerinden ayrılamayacak ve bireyler arasında daima markör gen alleli ile birlikte kalıtılacaktır’ şeklinde özetlenebilir (Mutlu, 2006).

Genlerin kromozomlar üzerindeki diziliminde ya ‘iki dominant allel bir kromozom üzerinde, resesif alleller diğer kromozom üzerinde (AB//ab)’ bulunur yada ‘bir dominant ve bir resesif allel aynı kromozom üzerinde (Ab//aB)’ yer alırlar. Bu durumda, bağlantı haritası oluştururken kullanılan dominant allel (AA) markörleri heterozigot grup homozigot gruptan ayırt edilemediği için sadece birinci durumda tespit edilebilir. Ancak kodominant markörler, homozigot ve heterozigot her iki allelin (AA, Aa, aa) tanımlanmasına yardımcı olur (Haley ve ark., 1994; Mutlu, 2006).

Haritalama populasyonlarının seçiminde çoğunlukla F2, F3, geri melez, double haploid gibi populasyonlar kullanılmakta olup, F1 populasyonları ise çok yıllık bitkilerde normal yaşam döngülerinin çok uzun zaman almasından dolayı yaygın olarak kullanılmaktadır. Çok yıllık bitkilerde F1 populasyonları ile yapılan genetik haritalama çalışmalarında Grattapaglia ve Sederoff (1994)’un geliştirdiği ‘double pseudo testcross’ yöntemi kullanılmakta olup bu yöntemde her bir ebeveyn için ayrı ayrı genetik harita oluşturulmaktadır. Farklı moleküler markör teknikleri ile bir türün haploit kromozom sayısı kadar bağlantı grubu olması ve bağlantı grubundaki markörler arasında 20 cM’den daha fazla boşluğun olmaması istenir (Vienne, 2003). Antepfıstığının haploid kromozom sayısı  $n=15$ ’dir. O yüzden oluşturulacak genetik haritanın 15 bağlantı grubuna sahip olması beklenir.

Bu çalışma kapsamında, ‘Siirt’ çeşidi ile ‘Bağyolu’ genotipi arasında tür içi melezleme sonucu oluşturulan F1 populasyonu kullanılarak, SSR markörleri ile antepfıstığının ilk defa genetik haritasının ortaya çıkartılması amaçlanmıştır.

## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

### 2.1. Antepfıstığında SSR Primer Geliştirme Üzerine Yapılan Çalışmalar

Ahmad ve ark. (2003), antepfıstığında SSR primeri geliştirmek için 'Kerman' çeşidinin DNA'sını kullanarak genomik kütüphane oluşturmuşlar ve CA, CT ve CTT tekrarlarını kullanarak sekanslamaya hazır klonlar elde etmişlerdir. CT motifi ile zenginleştirilmiş kütüphaneden 89 klonun sekansı yapılmış ve %64'ü tekrarlanan sıralardan oluştuğunu bildirmişlerdir. CA motifi ile zenginleştirilmiş kütüphaneden ise 62 klonun sekansı yapılmış ve %59'u tekrarlanan dizilim içermiştir. Araştırmacılar toplam 151 dinükleotit klondan %44'ünde primer dizaynı yapabilmişlerdir. CTT ile zenginleştirilmiş kütüphaneden 33 klonun sekansı yapılmış ve %24'ünde primer dizaynı gerçekleştirilmiştir. Ortaya çıkan primer çiftlerinden 25 tanesinin sentezi yaptırılmış ve primerler değişik orijinli antepfıstığı çeşitlerinde Li-Cor sekanslama ünitesi kullanılarak test edilmiştir. Bu 25 primer çiftinden 14 tanesi (%56) PCR sonucunda değerlendirilebilir bant üretmiştir. 14 primer çiftinin toplam 46 allel ürettiği ve primer çifti başına düşen allel sayısının 2 ile 5 arasında değiştiği ve bant büyüklüklerinin ise 120 ile 342 bp arasında değiştiği bildirilmiştir.

Albaladejo ve ark. (2008), Akdeniz ikliminde yetişen *Pistacia lentiscus* için 8 polimorfik mikrosatellit markör geliştirmişlerdir. Çalışmada İspanya'nın güneyinde bulunan iki popülasyondan 42 birey üzerinde 8 lokusun karakterizasyonu yapılmıştır. Araştırmacılar, her bir lokus için 3-13 arasında değişen toplam allel sayısını 59 olarak belirlemişlerdir. Her bir lokus ve popülasyon için beklenen heterozigotluğun 0.139 ile 0.895 arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir.

Zaloğlu (2008), 'Siirt' çeşidi DNA'sı kullanılarak 'CA', 'GA', 'AAC' ve 'AAG' motifleri ile zenginleştirilmiş genomik kütüphaneler oluşturmuştur. Her bir kütüphaneden 57 klon olmak üzere toplam 228 klonun sekansı yapılmıştır. Sekansı yapılan 228 klondan 68 adedinin duplike klonlar olduğu, geriye kalan 160 klondan da 94 adedinin tekrar dizisi içerdiği, bunlardan 5 adedinin ise 2 tekrar dizisi içerdiğini saptanmıştır. Böylece 99 tekrar dizisinin bulunduğu bölgeler için primer dizaynı yapmaya çalışılmış ve sonuçta 84 çift primer dizayn edilmiştir. Sonuç olarak,

sekansı yapılan 228 klonun %36.8'inin primere dönüştüğü tespit edilmiştir. Bant üretme bakımından test edilen 84 primerden de 59 adet primer çiftinin (%70.2) bant verdiğini saptanmıştır. Geliştirilen 59 primer arasından 13 primer çifti 12 *Pistacia* türüne ait olan 46 genotipin karakterizasyonunda kullanılmıştır. Toplam 169 adet allel elde edilmiş ve bunların 165 adedi polimorfik bulunmuştur. Primer başına düşen toplam allel sayısı ortalaması 13.0, primer başına düşen polimorfik allel sayısı ortalaması ise 12.7 olarak bulunmuştur.

Arabnezhad ve ark. (2011), *Pistacia khinjuk* DNA'sını AG ve ATG motifleriyle zenginleştirerek SSR primeri geliştirmişlerdir. Araştırmacılar, sekansı yapılan 44 klondan 27 primer çifti dizayn etmişlerdir. *P. khinjuk* türünden geliştirilen SSR primerlerinin *Pistacia* cinsi içerisindeki türlerde de amplifiye oldukları belirlenmiştir.

Kafkas ve ark (2012) 'Siirt' çeşidi DNA'sını kullanarak genomik kütüphane oluşturmuşlardır. Araştırmacılar yapılan sekanslamadan sonra 135 adet SSR primer çifti dizayn etmişlerdir. Yapılan gradient PCR sonucunda 109 adet primer çiftinin bant verdiğini belirlemişlerdir.

## 2.2. Antepfıstığında Genetik Haritalama Üzerine Yapılan Çalışmalar

Türkeli ve Kafkas (2012) tarafından ISSR, SRAP ve AFLP teknikleri kullanılarak antepfıstığının ilk genetik bağlantı haritası yapılmıştır. 'Siirt' (*Pistacia vera* L.) çeşidi ile monoik 'PA-18' genotipi (*Pistacia atlantica* Desf.) arasındaki melezlemeye ait 92 F1 bitkisi ile 'double pseudo-testcross' haritalama metodu uygulanarak iki ayrı genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. 16 ISSR primerinden açılım gösteren 19 markörün 9'u 'Siirt' çeşidinde, 10'u ise 'PA-18' genotipinde tespit edilmiştir. Ayrıca uygulanan 27 SRAP primer kombinasyonundan 96 markör açılım göstermiş olup bunların 49 adedi 'Siirt' çeşidinde, 47 adedi 'PA-18' genotipinde belirlenmiştir. Bununla birlikte, 27 AFLP primer kombinasyonuna ait açılım gösteren 206 markörden 'Siirt' çeşidinde ve 'PA-18' genotipinde sırasıyla 107 ve 99 markör olarak tespit edilmiştir. Çalışmada, 'Siirt' çeşidinin haritasına ait toplam 165 markörün (9 ISSR, 49 SRAP, 107 AFLP) %87'si '1:1' ve %13'ü ise

'3:1' açılım oranlarına sahip olmuş ve ortalama markör yoğunluğu ise 9.70 olarak belirlenmiştir. Diğer taraftan 'PA-18' genotipinin haritasını oluşturan toplam 156 markörden (10 ISSR, 47 SRAP, 99 AFLP) %86'sı ve %14'ü sırasıyla '1:1' ve '3:1' açılım göstermiş olup bunlara ait markör yoğunluğu 8.21 olarak tespit edilmiştir. Bunlarla birlikte, 17 bağlantı grubuna sahip 'Siirt' haritası toplam 1237.3 cM uzunluğunda olup iki markör arasındaki ortalama uzaklık ise 7.50 cM olarak hesaplanmıştır. 'PA-18' genotipinin haritasını oluşturan 19 bağlantı grubunun toplam uzunluğu ise 1337.5 cM ve markörler arası ortalama uzaklık ise 8.57 cM olarak saptanmıştır.

### 2.3. Antepfıstığında Yapılan Diğer Moleküler Çalışmalar

Parfitt ve Badenes (1997), kloroplasttan izole ettikleri DNA ile, RFLP tekniğini kullanarak 10 *Pistacia* türü arasında filogenetik sınıflandırma yapmışlardır. Çalışma sonunda elde ettikleri sonuçlara göre, *P. vera* ile *P. khinjuk* ve *P. mexicana* ile *P. texana* türleri arasında farklılık bulunmadığını, bunların aynı tür olabileceğini bildirmişlerdir.

Kafkas ve Perl-Treves (2001), *P. eurycarpa*, *P. vera*, *P. atlantica* ve *P. terebinthus* türlerini morfolojik ve moleküler seviyede tanımlamışlardır. Morfolojik çalışma sonucunda oluşturulan soyağacı analizinde *P. khinjuk* olarak toplanan örneklerin *P. vera*'ya, *P. atlantica* türünden daha yakın olduğunu görmüşlerdir. Moleküler çalışmada ise RAPD tekniğini kullanan araştırmacılar, 40 yabancı *Pistacia* genotipi ve iki *P.vera* çeşidinin analizini yapmışlar ve analizde, 10 polimorfik RAPD primeri ile türler arasında ve türler içinde 128'i polimorfik olan toplam 138 skorlanabilir bant elde etmişlerdir. Primer başına düşen toplam bant sayısını 13.8 ve primer başına düşen polimorfik bant sayısını 12.8 olarak belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda ise 4 *Pistacia* türü birbirinden kesin olarak ayrılmıştır. Bunun yanında moleküler veriler ışığında oluşturdukları soyağacının, morfolojik düzeyde oluşturdukları soyağacından farklı sonuçlar verdiğini bildirmişlerdir. *P. khinjuk* olarak toplanan örneklerin *P. atlantica* türüne, *P. vera*'dan daha yakın olduğunu görmüşler ve araştırmacılar incelenen 4 türe özgü RAPD markörleri bulmuşlardır.



Kafkas ve Perl-Treves (2002), 9 *Pistacia* türünde RAPD tekniğini ile türler arası akrabalıkları incelemişlerdir. Analiz sonucunda 20 RAPD primeri kullanarak 228'i türler arası seviyede polimorfik olan toplam 242 fragment elde etmişlerdir. Primer başına düşen toplam bant sayısını 12.1 ve polimorfik bant sayısını ise 11.4 olarak bulmuşlardır. Değerlendirme sonucunda *Pistacia* cinsini çalı formunda (*P. terebinthus*, *P. palaestina*, *P. mexicana* ve *P. lentiscus*) ve büyük ağaç formundaki türler (*P. vera*, *P. khinjuk*, *P. eurycarpa*, *P. atlantica*) olarak iki gruba ayırmışlardır. *P. terebinthus* ile *P. palaestina* türlerinin ise birbirlerine çok yakın akraba olduklarını bildirmişlerdir. Ayrıca *P. integerrima*'yı her iki grubun da dışında tutmuşlardır.

Ahmad ve ark. (2005), SSR ve SRAP yöntemleri ile *P. atlantica*, *P. integerrima* ve bu türlerin melezi Pioneer Gold II ve UCB-1 bitkilerinde çalışmışlardır. Araştırmacılar SSR yönteminde 12 primer çifti kullanmış olup, 35 skorlanabilir allel elde etmişlerdir. Primer başına düşen allel sayısının 2-5 arasında değiştiğini ve primer başına düşen ortalama allel sayısının 2.9 olduğunu belirlemişlerdir. SRAP yönteminde ise 8 primer kombinasyonu kullanmışlar ve 104'ü (%51) polimorfik olan 202 allel elde etmişlerdir. Primer başına düşen bant sayısının 11-38 arasında değişiklik gösterdiğini, primer başına düşen ortalama bant sayısının 25.2 olduğunu bildirmişlerdir. Her iki yöntemin de antepfıstığında DNA parmak izi analizleri için kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Kafkas (2006a), 10 *Pistacia* türüne ait 31 yabani ve 4 kültür çeşidi olmak üzere toplam da 35 genotipte AFLP tekniğini ile filogenetik analiz yapmıştır. 6 AFLP primer kombinasyonu kullanarak 254'ü polimorfik olan (%92.4) toplam 275 bant elde etmiş, primer başına düşen toplam bant sayısını 45.8 ve primer başına düşen polimorfik bant sayısını 41.5 olarak belirlemiştir. Polimorfizm oranını %90.5 olarak saptamıştır. Ayırma gücü değerleri 30.7 ( $E_{AGG}/M_{ATC}$ ) ile 54.0 ( $E_{AGC}/M_{ATC}$ ) aralığında değişmiş olup, ortalama ayırma gücü 40.43 olarak ve toplam ayırma gücü (AG) 242.6 olarak hesaplanmıştır. Polimorfizm bilgi içeriği ortalamasının 0.668 olduğu bildirilmiştir.

Basha ve ark (2007), Suriye'deki 37 bahçeden topladıkları 114 antepfıstığına morfolojik ve moleküler düzeyde analiz yapmışlardır. Moleküler analizde 7 primer kombinasyonu ile AFLP yöntemini uygulamışlar ve primer başına düşen ortalama polimorfik bant sayısının 24 olduğunu saptamışlardır. Çalışma sonucunda, 25 dişi antepfıstığı çeşidi tespit etmişler ve bunlardan bazılarının ilk kez tespit edilen çeşitler olduğunu açıklamışlardır. Genetik çeşitliliği belirlemede AFLP yönteminin başarılı bir yöntem olduğunu ve morfolojik karakterlerle moleküler analiz sonuçlarının tutarlı olduğunu bildirmişlerdir.

Karimi ve ark. (2009), AFLP markörleri ile farklı *Pistacia* türleri arasındaki genetik ilişkileri belirlemişlerdir. Çalışmalarında *P. vera*, *P. eurycarpa*, *P. khinjuk* türlerine ait toplam 44 genotip, *P. atlantica*'nın alt türleri (*atlantica*, *mutica*, *kurdica*, *cabulica*) ile üç melez bitkinin (*P. eurycarpa* x *P. atlantica*, subsp. *mutica* ve *cabulica*) materyallerini kullanmışlardır. Araştırmacılar, 6 adet AFLP primer kombinasyonundan elde ettikleri toplam 475 bantın 340'nın polimorfik ve primer çifti başına düşen ortalama bant sayısını ise 71.33 olarak belirlemişlerdir. Araştırmacılar yapılan istatistik analiz sonucunda *P. vera*'ya en yakın türün *P. eurycarpa* ve bunu *P. atlantica* ve *P. mutica* türlerinin izlediğini bildirmişlerdir. Ayrıca *P. atlantica*'nın iki alt türü olan *P. atlantica* subsp. *mutica* ve *cabulica*'nın birbirlerine en yakın genotipler olmasına rağmen, bunların *P. atlantica*'dan ayrı olduğunu belirtmişlerdir. Bunun yanında, araştırmacılar çalışmalarında *P. Atlantica* subsp. *mutica*'nın, *P. mutica*'dan ayrı bir tür olduğunu, *P. mutica* subsp. *cabulica*'nın ise *P. mutica*'nın bir alt türü olduğunu ortaya çıkarmışlardır. Araştırmacılar, elde ettikleri sonuçları değerlendirip *P. eurycarpa*'nın, *P. atlantica*'dan farklı olarak, *P. atlantica* subsp. *kurdica*'nın sinonimi olduğu kanısına varmışlardır.

Pazouki ve ark. (2009), 22 yabancı *P. vera* çeşidi ile birlikte 282 yerel *Pistacia* genotiplerini 10 SSR markörü kullanarak *Pistacia* türleri ve çeşitleri arasındaki genetik ilişkileri saptamışlardır. Araştırmacılar elde ettikleri sonuçlarda *P. atlantica* subsp. *kurdica* içindeki genetik çeşitliliğin *P. vera* ve *P. khinjuk*'dan daha düşük olduğunu bildirmişler ve araştırmacılar yaptıkları istatistik analizine (ANOVA) göre türler arasında, farklı populasyonlar arasında ve populasyonlar içindeki varyasyonun, toplam varyasyonun sırasıyla %41'i, %9'u ve %50'si olduğunu

bildirmişlerdir. Araştırmacılar çalışma sonuçlarına göre, SSR markörleri ile *Pistacia* türleri ve çeşitleri arasındaki genetik ilişkilerin ve çeşitliliğin belirlenmesinin antepfıstığı genetik kaynaklarının korunması ve toplanması için önemli bilgiler sağladığını açıklamışlardır.

### 3. MATERYAL VE METOD

#### 3.1. Materyal

Bu çalışmada TÜBİTAK-TOGTAĞ 2721 Nolu proje kapsamında oluşturulan ‘Siirt’ x ‘Bağyolu’ melez kombinasyonuna ait 89 adet F1 bitkisi ile ebeveynler materyal olarak kullanılmıştır. Söz konusu melezlemeler 2002 ve 2003 yıllarında yapılmış olup 2004 yılı ilkbaharında ise Gaziantep Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü’nde bahçe kurulmuştur.

Çalışma kapsamında kullanılan SSR primer çiftlerinin yararlanıldığı kaynaklar ve primer çifti sayıları Çizelge 3.1’de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Genetik haritalama çalışmasında yararlanılan kaynaklar ve kullanılan SSR primerlerinin sayıları

No	Araştırmacılar	Kısaltmalar	Test Edilen SSR Primer Çifti Sayısı
1	Ahmad ve ark. (2003)	PVSSR	14
2	Zaloğlu (2008)	CUPVSSR	59
3	Albaladejo ve ark. (2008)	Pislen	8
4	Arabnezhad ve ark. (2011)	PKAT	27
5	Kafkas ve ark.(2012)	CUPVSSR	109
<b>TOPLAM</b>			<b>217</b>

#### 3. 2. Metod

##### 3.2.1. Yaprak Örneklerinin Alınması ve DNA İzolasyonu

DNA ekstraksiyonu için antepfıstığında uygulanmakta olan Doyle ve Doyle (1987)’nin geliştirdiği ve Kafkas ve ark. (2006) tarafından modifiye edilen CTAB yöntemi kullanılmıştır. Bu yöntemde liyofilize edilerek kurutulmuş her bir antepfıstığı yaprak örneği 0.8 g tartılarak 2 ml’lik tüplere eşit miktarda konulmuş ve 3 mm çapındaki bilye yardımı ile öğütücü makinesinde (Tissue Lyser) ezilmiştir. İyice ezilmiş yaprak örneklerinin bulunduğu 2 ml’lik tüplere 0.9 ml CTAB (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, %0.1 Na<sub>2</sub>S<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) tampon çözeltisi ilave edilerek sıcaklığı 65<sup>0</sup>C’de olan su banyosunda örnekler 1 saat

bekletilmiştir. İçerisinde ezilmiş yaprak örnekleri bulunan 2 ml'lik tüpler her 10-15 dk'da bir hafifçe çalkalanmıştır. Örnekler su banyosundan çıkarıldıktan sonra oda koşullarında 10-15 dakika bekletilerek ısısının düşmesi sağlandıktan sonra, ekstraksiyon tampon çözeltisi ile eşit miktarda (0.9 ml) kloroform:izoamil alkol (24:1) ilave edilmiştir. Tüpler oda koşullarında çalkalayıcı yardımıyla 15 dakika boyunca hafifçe çalkalanmıştır. İçinde yaprak örneği ve CTAB, kloroform: isoamilalkol bulunan tüpler daha sonra, 14.000 d/dk'da 15 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra örneklerin üst fazları yeni 1.5 ml'lik tüplere aktarılmıştır. Aktarılan üst fazların üzerine soğuk (önceden  $-20^{\circ}\text{C}$ 'de bekletilmiş) izopropanol ilave edilmiştir. Bu aşamada tüpler hafifçe çalkalanarak DNA'nın çökmesi işlemi sağlanmıştır. DNA'nın daha iyi çökmesini sağlamak için 1 saat  $-80^{\circ}\text{C}$ 'de veya 1 gece  $-20^{\circ}\text{C}$ 'de bekletilmiştir. Soğuk ortamdan çıkarılan tüpler 2.000 d/dk'da 1 dakika santrifüj edilerek DNA'nın tüpün dibine çökmesi ve izopropanolün kolayca boşaltılması sağlanmıştır. İzopropanolü boşaltılan tüpün içerisine, içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan %76'lık etil alkolden 1 ml ilave edilerek 15 dakika hafifçe çalkalanmış ve DNA'nın yıkanması sağlanmıştır. Daha sonra 2.000 d/dk'da 2 dakika santrifüj ettikten sonra üst faz tüpten uzaklaştırılıp, DNA'lar oda koşullarında 1 gece bekletilerek veya vakumlu kurutma cihazı kullanılarak kurutulmuştur. Kurutulan DNA'lar ultra saf suda çözdürülüp DNA miktarı Qubit Fluorometre (Invitrogen) cihazı ve kiti kullanılarak saptanmıştır. İzolasyon sonucu elde edilen DNA'lar SSR analizleri için 5 ng/ $\mu\text{l}$  konsantrasyonuna ayarlanmıştır. Bu şekilde tüm DNA örnekleri PCR'a hazır hale getirilmiştir.

### **3.2.2. SSR Primer Çiftlerinin Bant Üretme ve DNA'ya Yapışma Sıcaklıklarının Belirlenmesi**

SSR primerler çiftlerinin yapışma sıcaklıklarının saptanması ve amplifikasyon durumunun belirlenmesi için gradient PCR uygulaması yapılmıştır. SSR primer çiftlerinin DNA'ya yapışma sıcaklıklarının belirlenmesinde,  $50.5^{\circ}\text{C}$ ,  $53.5^{\circ}\text{C}$ ,  $55.5^{\circ}\text{C}$ ,  $57.5^{\circ}\text{C}$ ,  $59.5^{\circ}\text{C}$  ve  $61.5^{\circ}\text{C}$  sıcaklıkları kullanılmıştır.

Primer çiftinin DNA'ya bağlanma sıcaklığı en iyi amplifikasyonun gözlemlendiği sıcaklık olup, gradient PCR reaksiyonu 12.5 µl olarak hazırlanmıştır. Döngü koşulları Çizelge 3.3'de verildiği gibi uygulanmıştır.

Çizelge 3.2. Antepfıstığında gradient-PCR reaksiyonunda kullanılan kimyasallar ile konsantrasyonları

No	PCR Bileşenleri	Konsantrasyon
1.	Tris-HCl, pH:8.8	75 mM
2.	dNTP	200 mM
3.	(NH <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	20 mM
4.	MgCl <sub>2</sub>	2.0 mM
5.	Tween 20	%0.01
6.	İleri primer	10 nM
7.	Geri primer	200 nM
8.	FAM, VIC, NED, PET ile işaretlenmiş M13 üniversal primer	200 nM
9.	Hot-Start Taq DNA Polimeraz	0.6 ünite
10.	DNA	10 ng

Çizelge 3.3. Antepfıstığında gradient PCR sıcaklık değerleri ve döngü koşulları

PCR Aşamaları	Sıcaklık (°C)	Süre (sn)	PCR Döngü sayısı
Ön denatürasyon	94	180	
Denatürasyon	94	30	30
Primerin DNA'ya yapışma safhası	*	45	
Uzama safhası	72	60	
Denatürasyon	94	30	10
Primerin DNA'ya yapışma safhası	52	45	
Uzama safhası	72	60	
Son uzama safhası	72	300	1
Bekleme	4	Sonsuz	1

\* Primerlerin DNA ya optimum yapışma sıcaklık değerleri

### 3.2.3. SSR Primer Çiftlerinin Açılım Gösterme Bakımından Taranması

Gradient PCR sonucunda DNA'ya yapışma sıcaklığı tespit edilen primerler ilk olarak ebeveynler ile 12 F1 bireyde açılım gösterme bakımından taranmış daha sonra açılım gösteren primerler 89 bireyden oluşan melez popülasyonunda belirlenip, PCR ürünlerinin elektroforezi ABI 3130xl otomatik baz dizileme ünitesinde (kapiler elektroforez) yapılmıştır. SSR analizlerinin düşük maliyetle kapiler elektroforezde yapılabilmesi için primerlerin 5' uçlarına M13 üniversal (5'-TGTAACGACGGCCAGT-3') baz dizisi eklenmiş (Schuelke, 2000) ve SSR analizlerinde M13 primerinin 5' ucu 4 farklı (6-FAM, VIC, NED, PET) boya ile etiketlenip kullanılmıştır. SSR PCR reaksiyonu 12.5 µl hacimde hazırlanmıştır. SSR PCR reaksiyonu koşulları Çizelge 3.4'de verilmiştir.

SSR PCR reaksiyonu;

Çizelge 3.4. Antepfıstığında SSR-PCR reaksiyonunda kullanılan kimyasallar ile konsantrasyonları

PCR bileşenleri	Konsantrasyon
Tris-HCl, pH:8.8	75 mM
(NH <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	20 mM
MgCl <sub>2</sub>	2.0 mM
Tween 20	%0.01
dNTP	200 uM
ileri primer	10 nM
geri primer	200 nM
6-FAM, VIC, NED, PET ile işaretlenmiş M13 üniversal primer	200 nM
Hot-StartTaq DNA Polimeraz	0.6 ünite
DNA	10 ng

PCR döngü koşulları Çizelge 3.5’de verildiği gibi uygulanmıştır (Schuelke, 2000).

Çizelge 3.5. Antepfıstığında SSR analiz yönteminde uygulanan PCR döngü koşulları

PCR Aşamaları	Sıcaklık (°C)	Süre (sn)	PCR Döngü sayısı
Ön denatürasyon	94	180	
Denatürasyon	94	30	30
Primerin DNA’ya yapışma safhası	*	45	
Uzama safhası	72	60	
Denatürasyon	94	30	10
Primerin DNA’ya yapışma safhası	52	45	
Uzama safhası	72	60	
Son uzama safhası	72	300	1
Bekleme	4	Sonsuz	1

\*Gradient PCR’da belirlenen sıcaklık değeri

DNA bantları pikler halinde değerlendirilip, primerlerin allelleri ile allel büyüklüklerinin saptanması için GeneMapper 4.0 (Applied Biosystem) paket programı kullanılmıştır.



### 3.2.4. Moleküler Markörlerin Değerlendirilmesi ve Bağlantı Gruplarının Oluşturulması

Genetik bağlantı gruplarının oluşturulmasında Joinmap 4.1 (Van Ooijen, 2011) bilgisayar paket programı kullanılmıştır. Analizlerde her bir ebeveyn için ayrı genetik bağlantı gruplarının oluşturulmasında kullanılan kodominant markörler 4 gruba (Çizelge 3.6) dominant markörler ise 3 gruba (Çizelge 3.7) ayrılmıştır.

Çizelge 3.6. Antepfıstığı F1 melez populasyonunda beklenen kodominant açılımlar

Bilgiler	Açılımlar	Açılım Oranları	Toplam Allel
Ebeveynlerin herikisi heterozigot (farklı allellere sahip)	<abxcd>	ac,ad,bc,bd (1:1:1:1)	Dört
Ebeveynlerin herikisi heterozigot (Bir allel ortak)	<efxeg>	ee,ef,eg,fg (1:1:1:1)	Üç
Ebeveynlerin herikisi heterozigot (Her iki allel de ortak)	<hcxhk>	hh,hk,kk (1:2:1)	İki
Ebeveynlerden biri heterozigot (Bir allel ortak)	<lmxll>	lm,ll (1:1)	İki
Ebeveynlerden biri heterozigot (Bir allel ortak)	<nnxnp>	nn,np (1:1)	İki

Çizelge 3.7. Antepfıstığı F1 melez populasyonunda beklenen dominant açılımlar

Bilgiler	Açılımlar	Açılım Oranları	Toplam Allel
Sadece anne ebeveynde açılım	<lmxll>	lm,ll (1:1)	
Sadece baba ebeveynde açılım	<nnxnp>	nn,np (1:1)	
Her iki ebeveynde açılım	<hcxhk>	h-,kk (3:1)	

SSR markörleri kullanılarak ‘double pseudo-testcross’ haritalama metodu (Grattapaglia ve Sederoff, 1994; Weeden ve ark., 1994) ile her bir ebeveyn için ayrı bir genetik bağlantı haritası olmak üzere 2 genetik harita oluşturulmuştur. Bağlantı gruplarının uzunlukları ve rekombinasyon birimi centiMorgan (cM) olarak Kosambi (1944)’ye göre hesaplanmıştır.

Antepfıstığı genetik bağlantı gruplarının oluşturulmasında melez bireylere ait markörlerde, beklenen ‘1:1:1:1’, ‘1:2:1’ ve ‘1:1’ açılım oranlarına uygunluğunu

test etmek amacıyla, Joinmap 4.1 programında 'Lokus genotip frekans' fonksiyon komutu ile ilk olarak her bir markör için ki-kare ( $X^2$ ) değerleri saptanıp, ki-kare ( $X^2$ ) analizi ile beklenen Mendel oranlarından sapma gösteren markörler kaydedilmiştir. En az sapma gösteren markörlerin, bağlantı gruplarına yerleştirilip, markörlerin gruplar üzerinde optimum dağılımını sağlamak için, 'Ortalama ki-kare katkısı' fonksiyon komutu ile bağlantı grubunun değerlerinin ortalaması 1 civarında olacak biçimde hesaplaması yaptırılmıştır. Bağlantı gruplarının (linkage) oluşturulması Kosambi haritalama fonksiyonu (Kosambi, 1944) kullanılarak 'LOD gruplaması' ile gerçekleştirilmiştir. Ebeveyn haritaları için bağlantı grupları en düşük LOD 5.0 değeri kullanılarak oluşturulmuştur. Her bir bağlantı grubundaki markör sırasını belirleyebilmek için hesaplamalarda standart Joinmap parametre ayarları kullanılmış olup, en iyi markör sıralaması için de paket programa 3 döngü halinde hesaplama işlemleri yapılmıştır. Son olarak da MapChart 2.2 (Voorrips, 2002) bilgisayar programı kullanılarak bağlantı gruplarının şekil düzenlenmesi ve sayfa üzerine yerleştirme işlemi yapılmıştır.



#### 4. BULGULAR VE TARTIŞMA

##### 4.1. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin SSR Analizleri

‘Siirt’ ve ‘Bağyolu’ çeşitlerinin melezlenmesi sonucu elde edilen 89 F1 bitkisinde çeşitli araştırmacılar tarafından geliştirilmiş toplam 217 SSR primer çifti ile çalışılmıştır. SSR markörleri kullanılarak ‘double pseudo-testcross’ haritalama metodu ile (Grattapaglia ve Sederoff, 1994; Weeden ve ark., 1994) ebeveynlere ait iki ayrı bağlantı haritası oluşturulmuştur. Çalışma sonucunda elde edilen markör verileri Joinmap 4.1 (Van Ooijen, 2011) bilgisayar programı ile analiz edilmiştir.

SSR analizlerinde taranan toplam primer çifti sayısı, kullanılan primer çifti sayısı, elde edilen toplam markör sayıları ve markörlerin açılım oranlarına göre dağılımı Çizelge 4.1’de sunulmuştur.

Antepfıstığı genetik bağlantı haritası oluşturmak için yapılan analizler de toplam 217 SSR primer çifti kullanılmış olup, çalışma sonucunda 192 primer çifti amplifiye olmuştur. Bu primerlerden 87 adedi monomorfik olarak sonuç vermiştir. Polimorfik olan ve açılım gösteren 105 primer çiftinden 85’i kodominant (%80.9) açılım göstermiş olup, primerlerden 4 adedi hem kodominant hem de dominant açılım gösterirken, toplam olarak 129 markör elde edilmiştir. Çalışma sonucunda açılım gösteren primer çifti oranı %48.3 olarak belirlenmiştir. Haritaya yerleştirilen kodominant markör sayısı 91 olup oranı ise %97.8 olarak hesaplanmıştır. Dominant açılım gösteren 20 primer çiftinden %80’i haritaya yerleştirilmiştir.

Çizelge 4.1. Antepfıstığında ‘Siirt’ X ‘Bağyolu’ F1 populasyonu kullanılarak oluşturulan genetik haritada SSR markör analizleri sonucunda elde edilen genel bulgular

<b>SSR ANALİZLERİNİN GENEL BULGULARI</b>	
<b>ÖZELLİKLER</b>	<b>ANALİZ SONUÇLARI</b>
Test edilen toplam primer çifti sayısı	217
Allelleri belirlenen primer çifti sayısı	192
Gradient PCR'da sonuç vermeyen primer çifti sayısı	25
Monomorfik primer çifti sayısı	87
Toplam açılım gösteren primer çifti sayısı	105
Toplam açılım gösteren markör sayısı	129
Kodominant açılım gösteren primer çifti sayısı	85
Kodominant açılım gösteren markör sayısı	93
Dominant açılım gösteren primer çifti sayısı	16
Dominant açılım gösteren markör sayısı	36
Hem kodominant hem dominant açılım gösteren primer çifti sayısı	4
<b>GENETİK BAĞLANTI HARİTASI GENEL BULGULARI</b>	
<b>ÖZELLİKLER</b>	<b>ANALİZ SONUÇLARI</b>
Haritalanan toplam markör sayısı	121
Haritalanan primer çifti sayısı	102
Haritalanan kodominant markör sayısı	91
Haritalanan dominant markör sayısı	30
Haritadan çıkan kodominant markör sayısı	2
Haritadan çıkan dominant markör sayısı	6

#### 4.2. Antepfıstığı Genetik Haritası İçin Oluşturulan Bağlantı Grupları

‘Siirt’ çeşidi genetik haritası için saptanan 70 markör ve ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritası için saptanan 84 markör ile 15 bağlantı grubu oluşturulmuştur. Oluşturulan 15 bağlantı grubuna ait bilgiler Çizelge 4.2’den Çizelge 4.31’e kadar olan Çizelgelerde ve ‘Siirt’ ve ‘Bağyolu’ genetik haritalarının 15 bağlantı grubu Şekil 4.1’den Şekil 4.15’e kadar olan şekillerde sunulmuştur.

#### 4.2.1. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 1. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 1. genetik bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.2’de sunulmuştur.

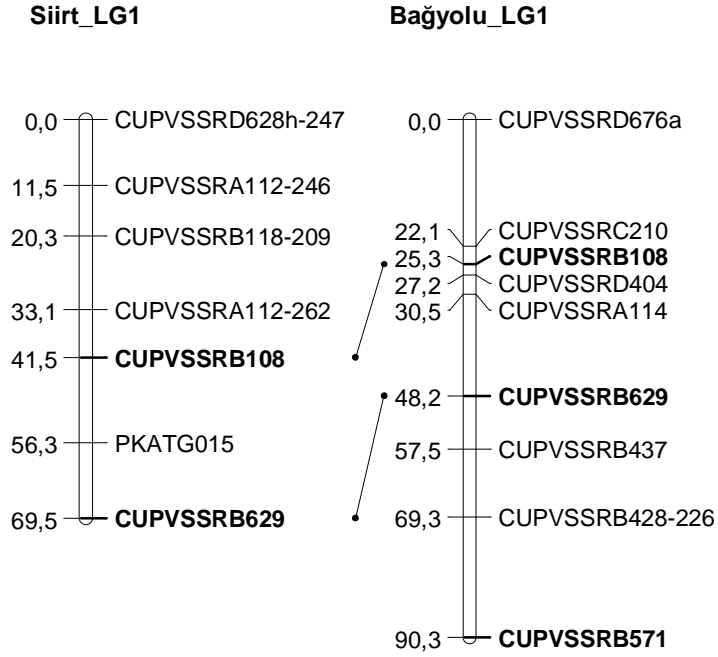
‘Siirt’ çeşidi birinci bağlantı grubunun toplam uzunluğu 69.5 cM olup 7 adet SSR markörü yer almıştır. Markörler arası ortalama uzaklık ise 9.9 cM olarak hesaplanmıştır. Bu grupta yer alan markörlerden 1 adedi ‘abxcd’, 1 adedi ‘efxeg’, diğerleri ise ‘lmxll’ açılımı göstermiştir. Markörler içerisinde farklı önem seviyelerinde sapma gösteren markör sayısı ise 2 olarak belirlenmiş olup, markörlere ait ki-kare değerleri 0.10 ile 6.93 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.2. ‘Siirt’ çeşidi 1. genetik bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD628-247	0.0	lmxll	1:1	0.10	-
2	CUPVSSRA112-246	11.5	lmxll	1:1	4.15	**
3	CUPVSSRB118-209	20.3	lmxll	1:1	0.11	-
4	CUPVSSRA112-262	33.1	lmxll	1:1	2.59	-
5	CUPVSSRB108	41.5	abxcd	1:1:1:1	6.93	*
6	PKATG015	56.3	lmxll	1:1	1.71	-
7	CUPVSSRB629	69.5	efxeg	1:1:1:1	3.68	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>9.9</b>				

(\*) p<0.05, (\*\*) p<0.01

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 1. bağlantı grupları Şekil 4.1’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidinin 1. bağlantı haritasında markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmamış olup en geniş boşluk ‘CUPVSSRB108’ ile ‘PKATG015’ markörleri arasında (14.8 cM) bulunmuştur. ‘CUPVSSRB571’ (‘efxeg’) markörü ‘Bağyolu’ genotipi 1. bağlantı grubunda bulunmasına rağmen, ‘Siirt’ çeşidinin 1. bağlantı grubundan, ortalama ki-kare katkı değerinin yüksek olması nedeniyle çıkartılmıştır.



Şekil 4.1. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipinin (sağda) 1. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

'Bağyolu' genotipi 1. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.3'de sunulmuştur.

'Bağyolu' genotipi genetik haritasının birinci bağlantı grubunda toplam 9 adet SSR markörü bulunmakta olup toplam uzunluğu 90.3 cM ve markörler arası ortalama uzaklık 10 cM olarak saptanmıştır. Bu markörlerden 3 adet '1:1:1:1' açılımı gösteren markörlerden 1 adedi ve 6 adet '1:1' açılım gösteren markörlerden 4 adedi toplamda 5 markör olmak üzere farklı önem seviyelerinde sapma göstermiştir. Markörlerin ki-kare değerleri 1.90 ile 9.45 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. ‘Bağyolu’ genotipi 1. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD676a	0.0	nnxnp	1:1	1.90	-
2	CUPVSSRC210	22.1	nnxnp	1:1	9.45	****
3	CUPVSSRB108	25.3	abxcd	1:1:1:1	6.93	*
4	CUPVSSRD404	27.2	nnxnp	1:1	7.02	***
5	CUPVSSRA114	30.5	nnxnp	1:1	5.94	**
6	CUPVSSRB629	48.2	efxeg	1:1:1:1	3.68	-
7	CUPVSSRB437	57.5	nnxnp	1:1	2.33	-
8	CUPVSSRB428-226	69.3	nnxnp	1:1	8.19	****
9	CUPVSSRB571	90.3	efxeg	1:1:1:1	3.58	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>10</b>				

(\*) p<0.05, (\*\*) p<0.01, (\*\*\*) p<0.005(\*\*\*\*) p<0.001

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 1. bağlantı grubunda markörler arasında 20 cM’den daha büyük iki boşluk bulunmakta olup, en geniş boşluk ‘CUPVSSRD676a’ ile ‘CUPVSSRC210’ markörleri arasında (22.1 cM) hesaplanmıştır.

#### 4.2.2. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 2. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi haritasının 2. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.4’de sunulmuştur.

‘Siirt’ çeşidi haritasının ikinci bağlantı grubunda toplam 5 adet SSR markörü yer almakta olup, toplam uzunluğu 55.7 cM’dir. Bağlantı grubunda 1 adet ‘efxeg’ ve 4 adet ‘lmxll’ açılım gösteren markör bulunmakta olup, 2 adet ‘lmxll’ açılım gösteren markör farklı önem seviyelerinde sapma göstermiştir. Markörlerin ki-kare değerleri 0.98 ile 5.31 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.4).



Çizelge 4.4. ‘Siirt’ çeşidi 2. bağlantı grubunda bulunan markörler, markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRA105	0.0	lmxll	1:1	5.31	**
2	CUPVSSRA111	18.1	lmxll	1:1	3.40	*
3	CUPVSSRB306	22.9	efxeg	1:1:1:1	1.82	-
4	CUPVSSRD581	26.6	lmxll	1:1	0.98	-
5	CUPVSSRD567-285	55.7	lmxll	1:1	1.80	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>11.1</b>				

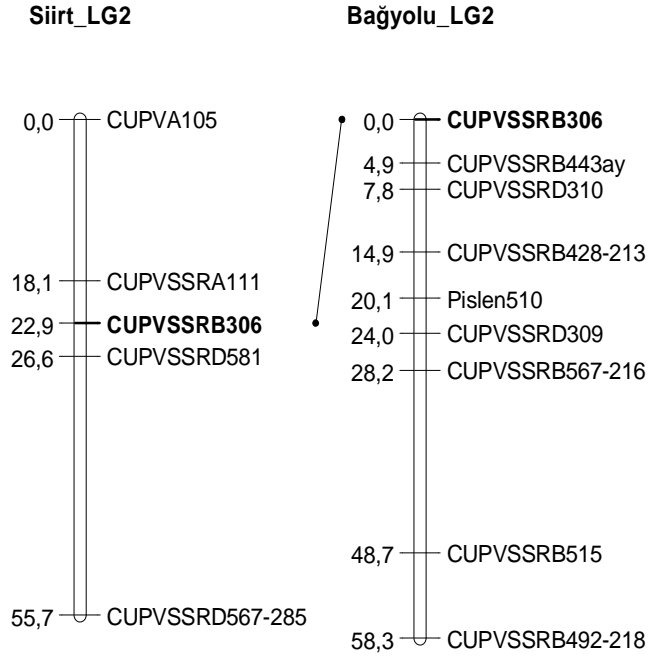
(\*) p<0.05, (\*\*) p<0.01

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 2. bağlantı grupları Şekil 4.2’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 2. bağlantı grubunda markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmış olup, en geniş boşluk ‘CUPVSSRD581’ ile ‘CUPVSSRD567-285’ markörleri arasında (29.1 cM) bulunmuştur. CUPVSSRB567-214 (‘lmxll’) markörü ortalama ki-kare katkı değerinin yüksek olması nedeniyle bu bağlantı grubundan çıkartılmıştır.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 2. bağlantı grubunda yer alan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.5’de sunulmuştur.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının ikinci bağlantı grubuna ait markörlerden 8 adedi ‘1:1’ ve 1 adedi ise ‘1:1:1:1’ açılım göstermiş olup bu markörlere ait ki-kare değerleri 0.00 ile 1.82 arasında değişiklik göstermektedir. Bu grupta sapma gösteren markör bulunmamaktadır (Çizelge 4.5).

Toplam uzunluğu 58.3 cM olan ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 2. bağlantı grubunda dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 6.4 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.5). Markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmış olup en geniş boşluk ‘CUPVSSRB567-216’ ile ‘CUPVSSRB515’ markörleri arasında (20.5 cM) bulunmuştur.



Şekil 4.2. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 2. bağlantı grubu. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

Çizelge 4.5. 'Bağyolu' genotipi 2. bağlantı grubunda bulunan markörler, markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB306	0.0	efxeg	1:1:1:1	1.82	-
2	CUPVSSRB443ay	4.9	nnxnp	1:1	0.10	-
3	CUPVSSRD310	7.8	nnxnp	1:1	0.05	-
4	CUPVSSRB428-213	14.9	nnxnp	1:1	0.55	-
5	Pislen510	20.1	nnxnp	1:1	1.16	-
6	CUPVSSRD309	24.0	nnxnp	1:1	0.00	-
7	CUPVSSRB567-216	28.2	nnxnp	1:1	0.55	-
8	CUPVSSRB515	48.7	nnxnp	1:1	1.64	-
9	CUPVSSRB492-230	58.3	nnxnp	1:1	0.43	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>6.4</b>				

#### 4.2.3. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 3. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 3. bağlantı grubunda yer alan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.6’da sunulmuştur.

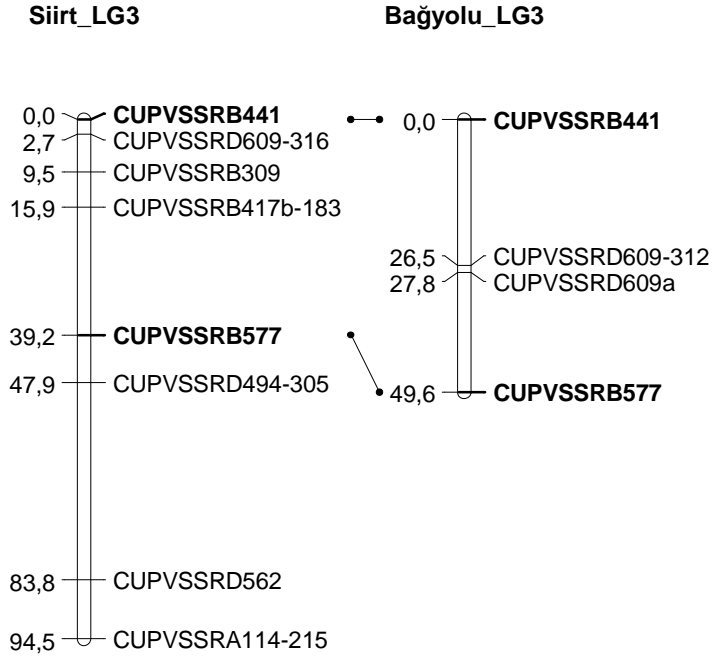
‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının üçüncü bağlantı grubunun uzunluğu 94.5 cM olup, markörler arası ortalama uzaklık ise 11.8 cM olarak saptanmıştır. Bağlantı grubunda bulunan toplam 8 SSR markörden 2 adedi ‘1:1:1:1’, 1 adedi ‘1:2:1’, 1 adedi ‘3:1’ ve kalan 4 markör ‘1:1’ açılımı göstermiş olup, 1 adet ‘1:1:1:1’, 1 adet ‘1:1’ ve 1 adet ‘1:2:1’ açılım gösteren markörler farklı önem seviyelerinde sapma göstermiştir. Markörlerin ki-kare değerleri ise 0.41 ile 35.05 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. ‘Siirt’ çeşidi 3. bağlantı grubunda bulunan markörler markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB441	0.0	hkxhk	1:2:1	35.05	*****
2	CUPVSSRD609-316	2.7	hkxhk	3:1	1.52	-
3	CUPVSSRB309	9.5	lmxll	1:1	0.41	-
4	CUPVSSRB417b-183	15.9	lmxll	1:1	0.78	-
5	CUPVSSRB577	39.2	abxcd	1:1:1:1	1.45	-
6	CUPVSSRD494-305	47.9	lmxll	1:1	1.19	-
7	CUPVSSRD562	83.8	efxeg	1:1:1:1	7.75	*
8	CUPVSSRA114-215	94.5	lmxll	1:1	3.25	*
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>11.8</b>				

(\*) p<0.05, (\*\*\*\*\*) p<0.00005

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 3. bağlantı grupları Şekil 4.3’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi 3. bağlantı grubunda markörler arası 20 cM’den daha büyük 2 boşluk saptanmıştır. En geniş boşluk ‘CUPVSSRD494-305’ ile ‘CUPVSSRD562’ markörleri arasında (35.9 cM) bulunmuş olup, diğer boşluk ise ‘CUPVSSRB417b-183’ ile ‘CUPVSSRB577’ markörleri arasında (23.3 cM) belirlenmiştir. ‘CUPVSSRA318’ (‘efxeg’) markörü de ortalama ki-kare sapma değerinin yüksek olması nedeniyle bu bağlantı grubundan çıkartılmıştır.



Şekil 4.3. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 3. bağlantı grubu. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Bağyolu’ genotipi 3. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.7’de sunulmuştur.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının üçüncü bağlantı grubundaki toplam 4 SSR marköründen 1 adedi ‘abxcd’, 2 adedi ‘nrxnp’ 1 adedi ‘hxxhk’ şeklinde açılım göstermiş olup, markörlerin ki-kare değerleri 0.05 ile 35.05 arasında değişmiştir. Bu bağlantı grubunda sadece ‘CUPVSSRB441’ markörü sapma göstermiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. ‘Bağyolu’ genotipi 3. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB441	0.0	hkxhk	1:2:1	35.05	*****
2	CUPVSSRD609-312	26.5	nnxnp	1:1	0.05	-
3	CUPVSSRD609a	27.8	nnxnp	1:1	0.05	-
4	CUPVSSRB577	49.6	abxcd	1:1:1:1	1.45	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>12.4</b>				

(\*\*\*\*\*) p<0.00005

Toplam uzunluğu 49.6 cM olan ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 3. bağlantı gruplarında dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 12.4 cM olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.7). Markörler arasında 20 cM’den daha büyük 2 boşluk saptanmıştır. En geniş boşluk ‘CUPVSSRD609-312’ ve ‘CUPVSSRB441’ markörleri arasında (26.5 cM) olup, diğer boşluk ise ‘CUPVSSRB577’ ve ‘CUPVSSRD609a’ markörleri arasında (21.8 cM) belirlenmiştir. Ayrıca ‘CUPVSSRD609-316’ (‘hkxhk’) ve ‘CUPVSSRD562’ (‘efxeg’) markörü ortalama ki-kare sapma değerinin yüksek olması nedeniyle ‘Siirt’ bağlantı grubunda bulunmasına rağmen, bu bağlantı grubundan çıkartılmıştır. Buna ilaveten ‘Siirt’ bağlantı grubundaki gibi ‘CUPVSSRA318’ (‘efxeg’) markörü de ortalama ki-kare sapma değerinin yüksek olması nedeniyle ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasından çıkartılmıştır.

#### 4.2.4. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 4. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 4. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.8’de sunulmuştur.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının dördüncü bağlantı grubu toplam uzunluğu 28.8cM olup, 5 adet SSR markörü yer almıştır. Markörler arası ortalama uzaklık ise 5.7 cM olarak hesaplanmıştır. Markörlerden 3 adedi ‘lmxll’ ve 2 adeti ‘efxeg’ açılımı

göstermiştir. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.01 ile 3.18 arasında değişim göstermekte olup bu grupta farklı önem seviyelerinde sapma gösteren markör bulunmamaktadır (Çizelge 4.8).

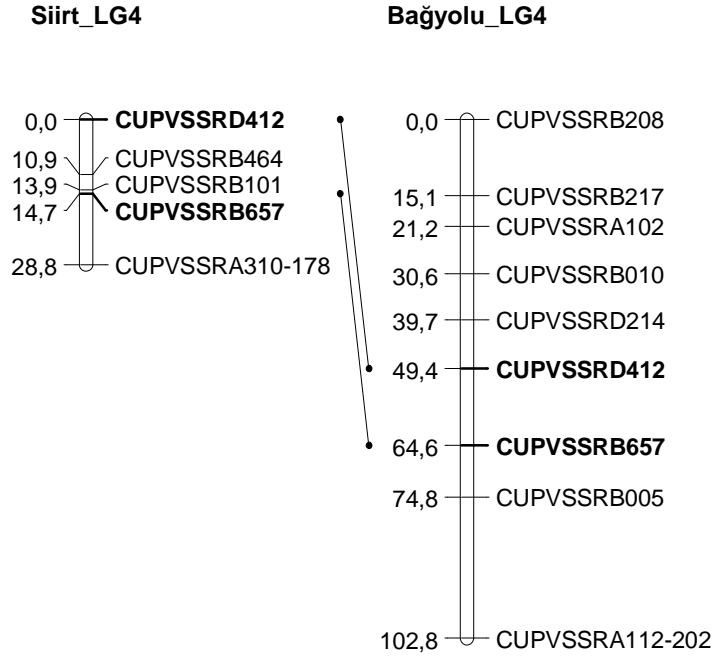
Çizelge 4.8. ‘Siirt’ çeşidi 4. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD412	0.0	efxeg	1:1:1:1	3.18	-
2	CUPVSSRB464	10.9	lmxll	1:1	0.10	-
3	CUPVSSRB101	13.9	lmxll	1:1	0.01	-
4	CUPVSSRB657	14.7	efxeg	1:1:1:1	0.86	-
5	CUPVSSRA310-178	28.8	lmxll	1:1	0.01	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>5.7</b>				

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipi 4. bağlantı grupları Şekil 4.4’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi haritasında markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk bulunmamaktadır. En büyük boşluk ise ‘CUPVSSRB657’ ve ‘CUPVSSRA310-178’ markörleri arasında (14.1 cM) olarak hesaplanmıştır.

‘Bağyolu’ genotipi 4. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.9’de sunulmuştur.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının dördüncü bağlantı grubunda toplam 9 adet SSR markörü yer almıştır. Bağlantı grubunun toplam uzunluğu 102.8 cM olarak hesaplanmış olup, markörler arası ortalama uzaklık 11.4 cM olarak saptanmıştır. Bu gruba ait markörlerden, 2 adedi ‘1:1:1:1’ ve diğer markörler ise ‘1:1’ açılım göstermişlerdir. Dağılım gösteren markörler içerisinde 3 adet ‘1:1:1:1’ açılım oranına sahip 3 markör farklı önem seviyelerinde sapma göstermiştir. Toplam 9 adet SSR markörlerine ait ki-kare değerleri 0.28 ile 7.18 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.9).



Şekil 4.4. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 4. bağlantı grubu. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

Çizelge 4.9. 'Bağyolu' genotipi 4. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB208	0.0	nnxnp	1:1	4.65	**
2	CUPVSSRB217	15.1	nnxnp	1:1	0.93	-
3	CUPVSSRA102	21.2	nnxnp	1:1	3.25	*
4	CUPVSSRB010	30.6	nnxnp	1:1	0.76	-
5	CUPVSSRD214	39.7	nnxnp	1:1	0.28	-
6	CUPVSSRD412	49.4	efxeg	1:1:1:1	3.18	-
7	CUPVSSRB657	64.6	efxeg	1:1:1:1	0.86	-
8	CUPVSSRB005	74.8	nnxnp	1:1	2.28	-
9	CUPVSSRA112-202	102.8	nnxnp	1:1	7.18	***
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>11.4</b>				

(\*) p<0.05, (\*\*) p<0.01, (\*\*\*) p<0.005

Markörler arasında 20 cM'dan daha büyük 2 boşluk saptanmamış olup en geniş boşluk 'CUPVSSRB005' ile 'CUPVSSRA112-202' markörleri arasında (28.0 cM) hesaplanmıştır.

#### 4.2.5. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 5. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 5. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.10’de sunulmuştur.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının beşinci bağlantı grubunda 3 adedi ‘1:1:1:1’ ve 2 adedi ‘1:2:1’ açılım gösteren toplam 5 adet SSR markörü bulunmaktadır. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.55 ile 5.09 arasında değişim göstermiş olup, markörlerden sadece ‘1:2:1’ açılım gösteren ‘PKATG012’ markörü %5 önem seviyesinde sapma göstermiştir (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.10. ‘Siirt’ çeşidi 5. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	PKATG012	0.0	hkxhk	1:2:1	5.09	*
2	CUPVSSRD201	23.2	hkxhk	1:2:1	0.55	-
3	CUPVSSRB595	31.7	abxcd	1:1:1:1	2.28	-
4	CUPVSSRB463	43.2	efxeg	1:1:1:1	2.46	-
5	CUPVSSRB440	50.1	abxcd	1:1:1:1	4.09	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	10.02				

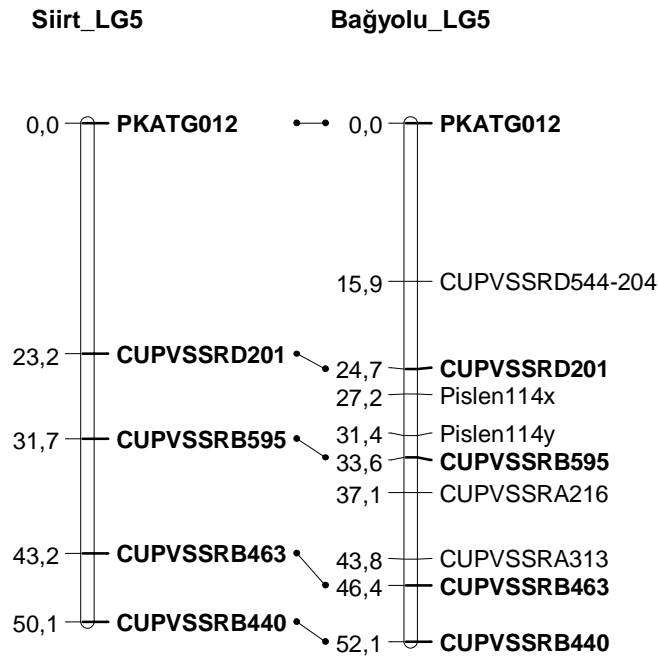
(\*) p<0.05

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 5. bağlantı grupları Şekil 4.5’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 5. bağlantı gruplarının toplam uzunluğu 50.1 cM olarak belirlenmiştir. Markörler arası ortalama uzaklık ise 10.0 cM olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.10). 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmış olup en geniş boşluk ‘PKATG012’ ile ‘CUPVSSRD201’ markörleri arasında (23.2 cM) bulunmuştur. Bununla birlikte ‘PVSSR33-216’ (‘hkxhk’) markörleri yüksek ortalama ki-kare katkı değerleri nedeniyle bu bağlantı grubundan çıkarılmıştır.

‘Bağyolu’ genotipi 5. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.11’de sunulmuştur.



'Bağyolu' genotipi genetik haritasının beşinci bağlantı grubunda bulunan 5 adet SSR marköründen 2 adedi 'hkxhk', 1 adedi 'efxeg', 2 adedi 'abxcd' ve 5 adedi 'nnxnp' şeklinde açılım göstermiştir. Toplam uzunluğu 52.1 cM olan bağlantı grubu üzerinde dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 5.2 cM olarak hesaplanmıştır. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.00 ile 5.09 arasında değişiklik göstermiş olup bu bağlantı grubunda da 'Siirt' bağlantı grubunda olduğu gibi sadece 'PKATG012' markörü %5 önem seviyesinde sapma göstermiştir (Çizelge 4.11).



Şekil 4.5. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 5. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

Markörler arasında 20 cM'den daha büyük boşluk tespit edilmemiştir. Ayrıca 'PKATG012-266' ('nnxnp') ve 'PVSSR33-216' ('hkxhk') markörleri yüksek ortalama ki-kare katkı değerleri nedeniyle bu bağlantı grubundan çıkarılmıştır.

Çizelge 4.11. ‘Bağyolu’ genotipi 5. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	PKATG012	0.0	hkxhk	1:2:1	5.09	*
2	CUPVSSRD544-204	15.9	nnxnp	1:1	0.29	-
3	CUPVSSRD201	24.7	hkxhk	1:2:1	0.55	-
4	Pislen114x	27.2	nnxnp	1:1	0.42	-
5	Pislen114y	31.4	nnxnp	1:1	0.00	-
6	CUPVSSRB595	33.6	abxcd	1:1:1:1	2.28	-
7	CUPVSSRA216	37.1	nnxnp	1:1	0.18	-
8	CUPVSSRA313	43.8	nnxnp	1:1	0.58	-
9	CUPVSSRB463	46.4	efxeg	1:1:1:1	2.46	-
10	CUPVSSRB440	52.1	abxcd	1:1:1:1	4.09	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>5.2</b>				

(\*) p<0.05

#### 4.2.6. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 6. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 6. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.12’de sunulmuştur.

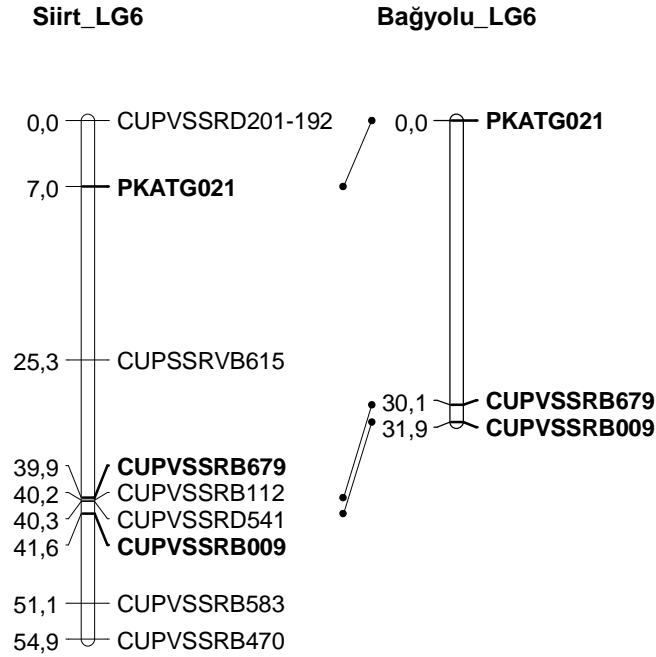
Toplam uzunluğu 54.9 cM ve markörler arası ortalama uzaklık ise 6.1 cM olarak saptanan ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının altıncı bağlantı grubunda 2 adedi ‘abxcd’, 1 adedi ‘efxeg’ ve 6 adedi ‘lmxll’ açılım gösteren toplam 9 adet SSR markörü yer almıştır. Dağılım gösteren markörlerden ‘PKATG021’ markörü %1 önem seviyesinde sapma göstermiştir. Bağlantı grubunda bulunan 9 adet SSR markörlerine ait ki-kare değerleri 0.01 ile 8.84 arasında değişiklik göstermiştir (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.12. ‘Siirt’ çeşidi 6. bağlantı gruplarına ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD201-192	0.0	lmxll	1:1	0.05	-
2	PKATG021	7.0	abxcd	1:1:1:1	8.84	**
3	CUPSSRVB615	25.3	lmxll	1:1	0.05	-
4	CUPVSSRB679	39.9	abxcd	1:1:1:1	0.32	-
5	CUPVSSRB112	40.2	lmxll	1:1	0.01	-
6	CUPVSSRD541	40.3	lmxll	1:1	0.01	-
7	CUPVSSRB009	41.6	efxeg	1:1:1:1	0.68	-
8	CUPVSSRB583	51.1	lmxll	1:1	0.91	-
9	CUPVSSRB470	54.9	lmxll	1:1	2.59	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>6.1</b>				

(\*\*) p<0.01

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 6. bağlantı grupları **Şekil 4.6’**de sunulmuştur.



Şekil 4.6. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 6. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Siirt’ çeşidinin 6. bağlantı grubunda markörler arası 20 cM’den daha büyük boşluk yer almamakla birlikte en geniş boşluk ‘PKATG021’ ile ‘CUPSSRVB615’ markörleri arasında 18.3 cM olarak hesaplanmıştır.

‘Bağyolu’ genotipi 6. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.13’de sunulmuştur.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının altıncı bağlantı grubunda toplam 3 adet SSR markörü dağılım göstermiş olup, bu gruba ait markörlerden 1 adet ‘efxeg’, 2 adet ‘abxcd’ açılım göstermişlerdir. Bunlardan ‘abxcd’ açılım gösteren markörlerden biri % 1 önem seviyesinde sapma göstermiştir. Markörlerin ki-kare değerleri 0.2 ile 17.3 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. ‘Bağyolu’ genotipi 6. bağlantı gruplarına ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	PKATG021	0.0	efxeg	1:1:1:1	8.84	**
2	CUPVSSRB679	30.1	abxcd	1:1:1:1	0.32	-
3	CUPVSSRB009	31.9	abxcd	1:1:1:1	0.68	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>10.6</b>				

(\*\*) p<0.01

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 6. bağlantı gruplarının toplam uzunluğu 31.9 cM olarak hesaplanmış olup, dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 10.6 cM olarak saptanmıştır (Çizelge 4.13). Bu grupta 20 cM’den daha büyük ‘CUPVSSRB679’ ile ‘PKATG021’ markörleri arasında (30.1 cM) genişliğinde 1 boşluk saptanmıştır.

#### 4.2.7. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 7. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 7. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.14’de sunulmuştur.

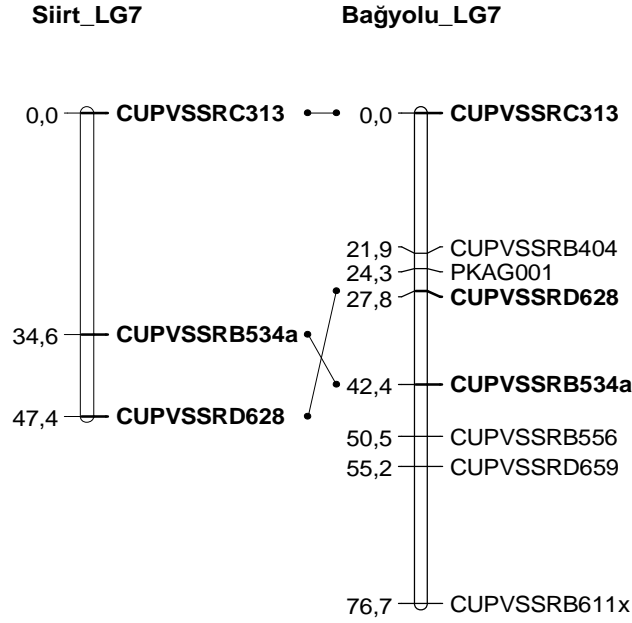
Çizelge 4.14. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 7. bağlantı gruplarına ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRC313	0.0	hkxhk	1:2:1	6.12	**
2	CUPVSSRB534a	34.6	efxeg	1:1:1:1	3.27	-
3	CUPVSSRD628	47.4	hkxhk	1:2:1	16.09	*****
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>15.8</b>				

(\*\*) p<0.01, (\*\*\*\*\*) p<0.0001

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 7. bağlantı grubunun toplam uzunluğu 47.4 cM, markörler arası ortalama uzaklık ise 15.8 cM olarak hesaplanmıştır. Toplamda 3 adet SSR markörü bulunan bu bağlantı grubundaki markörlere ait ki-kare değerleri 3.27 ile 16.09 arasında değişmiştir. Bağlantı grubuna ait markörlerden 1 adedi ‘efxeg’ ve 2 adedi ise ‘hkxhk’ açılım göstermişlerdir. Markörlerden ‘1:2:1’ açılım gösteren ‘CUPVSSRD628’ ve ‘CUPVSSRC313’ markörleri farklı önem seviyelerinde sapma göstermişlerdir (Çizelge 4.14).

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 7. bağlantı grupları Şekil 4.7’de sunulmuştur. Markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmış olup, en geniş boşluk ‘CUPVSSRB534a’ ile ‘CUPVSSRC313’ markörleri arasında (34.6 cM) olarak saptanmıştır.



Şekil 4.7. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 7. bağlantı grubu. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

'Bağyolu' genotipi 7. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.15'de sunulmuştur.

'Bağyolu' genotipi genetik haritasının yedinci bağlantı grubunda dağılım gösteren toplam 8 adet SSR markörü yer almıştır. Bu gruba ait markörlerden 1 adedi '1:1:1:1', 2 adedi '1:2:1' ve diğer markörler ise '1:1' açılım göstermiş olup, 3 adedi '1:1' ve 2 adedi '1:2:1' açılım gösteren 'CUPVSSRB611x', 'CUPVSSRB404', 'PKAG001' ve 'CUPVSSRD628', 'CUPVSSRC313' markörleri farklı önem seviyelerinde sapma göstermişlerdir. Markörlerin ki-kare değerleri 0.91 ile 16.09 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.15).

'Bağyolu' genotipi genetik haritasının 7. bağlantı grubunun toplam uzunluğu 76.7 cM olarak hesaplanmış olup, dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 9.5 cM olarak saptanmıştır (Çizelge 4.15). Markörler arasında 20 cM'dan daha büyük 2 boşluk saptanmıştır. Markörler arası en geniş boşluk 'CUPVSSRB404' ile 'CUPVSSRC313' markörleri arasında (21.9 cM) olup, diğeri 'CUPVSSRB611x' ile 'CUPVSSRD659' markörleri arasında (21.5 cM) boşluk belirlenmiştir.

Çizelge 4.15. ‘Bağyolu’ genotipi 7. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRC313	0.0	hkxhk	1:2:1	6.17	**
2	PKAG001	21.9	nnxnp	1:1	6.70	***
3	CUPVSSRB404	24.3	nnxnp	1:1	8.19	****_
4	CUPVSSRD628	27.8	hkxhk	1:2:1	16.09	*****
5	CUPVSSRB534a	42.4	efxeg	1:1:1:1	3.27	-
6	CUPVSSRB556	50.5	nnxnp	1:1	0.91	-
7	CUPVSSRD659	55.2	nnxnp	1:1	2.53	-
8	CUPVSSRB611x	76.7	nnxnp	1:1	3.05	*
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>9.5</b>				

(\*) p<0.05, (\*\*) p<0.01, (\*\*\*) p<0.005, (\*\*\*\*) p<0.001, (\*\*\*\*\*) p<0.0005

#### 4.2.8. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 8. Bağlantı Grubu Bulguları

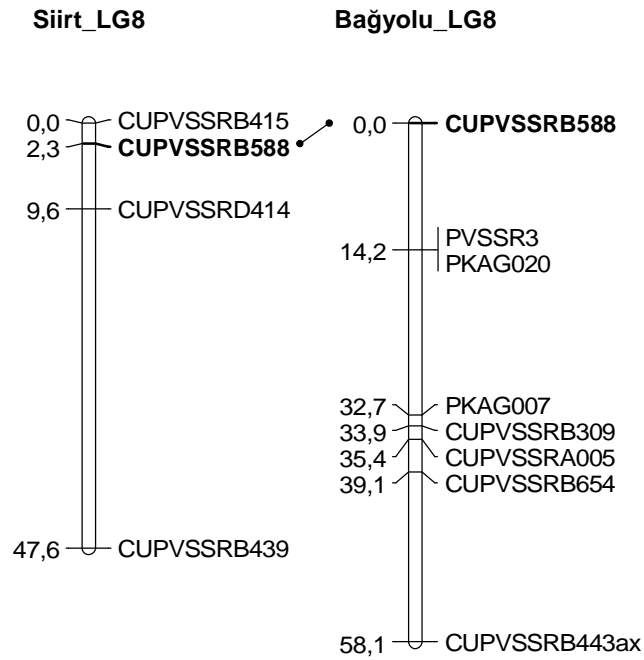
‘Siirt’ çeşidi 8. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.16’de sunulmuştur.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 8. bağlantı gruplarının toplam uzunluğu 47.6 cM olup, markörler arası ortalama uzaklık ise 11.9 cM olarak hesaplanmıştır. 1 adet ‘efxeg’ ve 3 adet ‘lmxll’ açılım gösteren 4 SSR markörü bulunan ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının, markörlere ait ki-kare değerleri 0.11 ile 5.09 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.16).

20 cM’den daha büyük boşluk tespit edilmiş olup, markörler arası en geniş boşluk (38.0 cM) olarak ‘CUPVSSRB439’ ile ‘CUPVSSRD414’ markörleri arasında saptanmıştır. ‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 8. bağlantı grupları Şekil 4.8’de sunulmuştur.

Çizelge 4.16. ‘Siirt’ çeşidi 8. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB415	0.0	lmxll	1:1	1.99	-
2	CUPVSSRB588	2.3	efxeg	1:1:1:1	5.09	-
3	CUPVSSRD414-230	9.6	lmxll	1:1	0.60	-
4	CUPVSSRB439	47.6	lmxll	1:1	0.11	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>11.9</b>				



Şekil 4.8. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 8. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Bağyolu’ genotipi 8. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.17’de sunulmuştur.

Toplam 8 adet SSR markörü belirlenen ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının sekizinci bağlantı grubunun uzunluğu 58.1 cM olup, grupta 1 adet ‘abxcd’



ve 7 adet ‘nrxnp’ açılımı gösteren markörler bulunmaktadır. Dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 7.2 cM olarak saptanmıştır. Markörlerin ki-kare değerleri 0.01 ile 9.67 arasında değişiklik göstermiş olup, bu gruba ait markörlerden ‘CUPVSSRB443ax’ markörü farklı önem seviyesinde sapma göstermiştir (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.17. ‘Bağyolu’ genotipi 8. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB588	0.0	efxeg	1:1:1:1	5.09	-
2	PVSSR3	14.2	nrxnp	1:1	0.01	-
3	PKAG020	14.2	nrxnp	1:1	0.01	-
4	CUPVSSRB654	32.7	nrxnp	1:1	0.60	-
5	CUPVSSRB309	33.9	nrxnp	1:1	0.18	-
6	CUPVSSRA005	35.4	nrxnp	1:1	0.28	-
7	PKAG007	39.1	nrxnp	1:1	0.41	-
8	CUPVSSRB443ax	58.1	nrxnp	1:1	9.67	****
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>7.2</b>				

(\*\*\*\*) p<0.001

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 8. bağlantı grubunda 20 cM’den daha büyük boşluk tespit edilmemiş olup markörler arası en geniş boşluk (19 cM) olarak ‘PKAG007’ ile ‘CUPVSSRB443ax’ markörleri arasında saptanmıştır. Markörler arasından ‘PVSSR3’ ile ‘PKAG020’ markörleri 8. bağlantı grubunda aynı lokusta bağlantı yapmışlardır.

#### 4.2.9. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 9. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi haritasının 9. bağlantı gruplarında bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.18’de sunulmuştur.

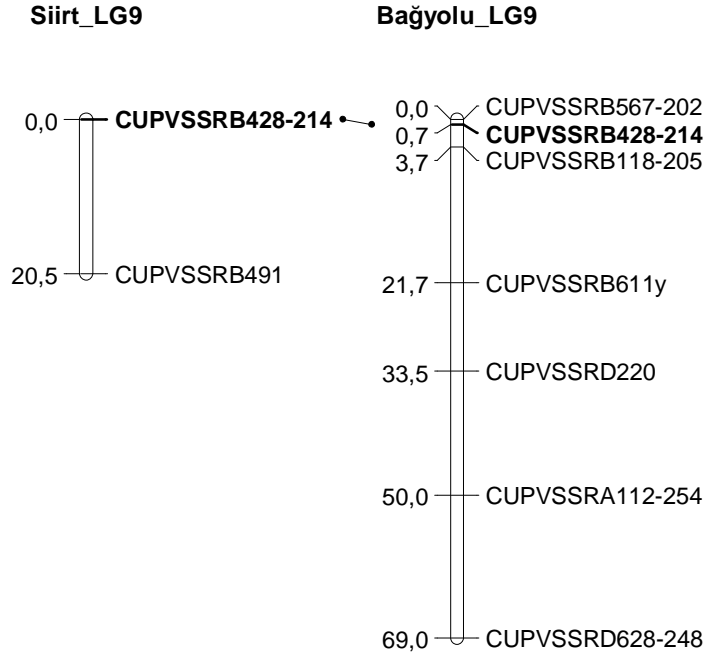
Çizelge 4.18. ‘Siirt’ çeşidi 9. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB428-214	0.0	hkxhk	3:1	0.09	-
2	CUPVSSRB491	20.5	lmxll	1:1	1.36	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>10.2</b>				

Uzunluğu 20.5 cM olan ve üzerinde 2 SSR markörü yer alan ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının dokuzuncu bağlantı grubu, 1 adet ‘3:1’ ve 1 adet ‘1:1’ açılım göstermiştir. Beklenen açılım oranlarında sapma gösteren markör ise saptanmamıştır. Markörlerin ki-kare değerleri 0.09 ile 1.36 arasında değişim göstermekle beraber markörler arası ortalama uzaklık ise 10.2 cM olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.18).

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 9. bağlantı grupları Şekil 4.9’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi haritasının bağlantı grubunda dağılım gösteren markörler arasında en geniş boşluk ‘CUPVSSRB428’ ile ‘CUPVSSRB491’ markörleri arasında (20.5 cM) kaydedilmiştir.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasından ‘CUPVSSRB445-282’ (‘lmxll’), ‘CUPVSSRB445-299’ (‘lmxll’) ve ‘CUPVSSRB571’ (‘lmxll’) markörleri yüksek ortalama ki-kare katkı değerleri nedeniyle çıkartılmıştır.



Şekil 4.9. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 9. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

'Bağyolu' genotipi 9. bağlantı gruplarında bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.19'de sunulmuştur.

'Bağyolu' genotipi genetik haritasının dokuzuncu bağlantı grubunun toplam uzunluğu 69.0 cM olup, dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 9.8 cM olarak hesaplanmıştır. Toplam 7 adet SSR markörlerine ait ki-kare değerleri 0.09 ile 34.77 arasında değişiklik göstermiş olup üç adet 'nnxnp' açılım gösteren markörler farklı önem seviyelerinde sapma göstermişlerdir (Çizelge 4.19).

Markörler arasında 20 cM'dan daha büyük boşluk saptanmamıştır. Markörler arası en geniş boşluk 'CUPVSSRA112' ile 'CUPVSSRD628' markörleri arasında (19.0 cM) bulunmuştur.

Çizelge 4.19. ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 9. bağlantı gruplarına ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB567-202	0.0	nnxnp	1:1	2.53	-
2	CUPVSSRB428-214	0.7	hkxhk	3:1	0.09	-
3	CUPVSSRB118-205	3.7	nnxnp	1:1	16.11	*****
4	CUPVSSRB611y	21.7	nnxnp	1:1	2.04	-
5	CUPVSSRD220	33.5	nnxnp	1:1	0.58	-
6	CUPVSSRA112-254	50.0	nnxnp	1:1	4.15	**
7	CUPVSSRD628	69.0	nnxnp	1:1	34.77	*****
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>9.8</b>				

(\*) p<0.05, (\*\*) p<0.01, (\*\*\*) p<0.005, (\*\*\*\*) p<0.0005

#### 4.2.10. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 10. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 10. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.20’de sunulmuştur.

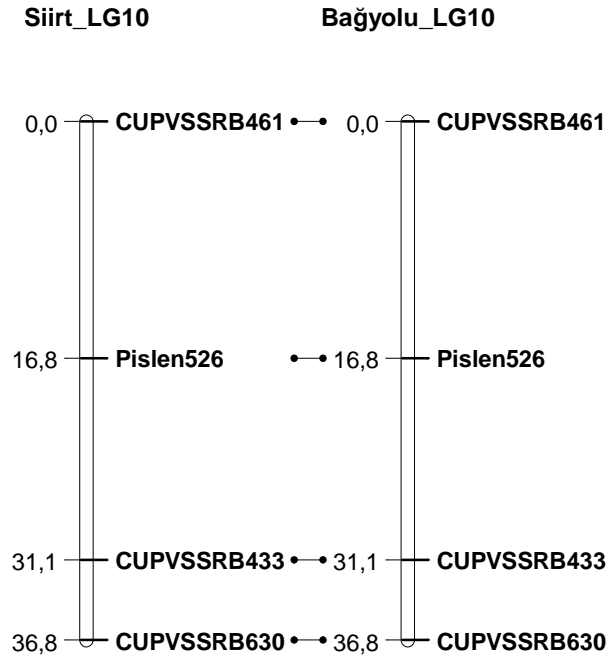
Çizelge 4.20. ‘Siirt’ çeşidi 10. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB461	0.0	hkxhk	1:2:1	1.94	-
2	Pislen526	16.8	efxeg	1:1:1:1	0.82	-
3	CUPVSSRB433	31.1	abxcd	1:1:1:1	0.98	-
4	CUPVSSRB630	36.8	abxcd	1:1:1:1	3.34	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>9.2</b>				

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin onuncu bağlantı grubunda toplam 4 adet SSR markörü yer almış olup, dağılım gösteren markörlerden 1 adedi ‘1:2:1’ ve 3 adedi ise ‘1:1:1:1’ açılım göstermişlerdir. Bu bağlantı grubundaki markörler sapma göstermemiştir. ‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin toplam uzunluğu 36.8 cM

olup, markörler arası ortalama uzaklık ise 9.2 cM olarak hesaplanmıştır. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.82 ile 3.34 arasında değişmiştir (Çizelge 4.20 ; Çizelge 4.21).

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 10. bağlantı grupları Şekil 4.10’da sunulmuştur.



Şekil 4.10. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 10. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Bağyolu’ genotipi 10. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.21’de sunulmuştur.

Çizelge 4.21. ‘Bağyolu’ genotipi 10. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB461	0.0	hkxhk	1:2:1	1.94	-
2	Pislen526	16.8	efxeg	1:1:1:1	0.82	-
3	CUPVSSRB433	31.1	abxcd	1:1:1:1	0.98	-
4	CUPVSSRB630	36.8	abxcd	1:1:1:1	3.34	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>9.2</b>				

Markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmamış olup, en geniş boşluk ise ‘CUPVSSRB461’ ile ‘Pislen526’ markörleri arasında (16.8 cM) kaydedilmiştir.

#### 4.2.11. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 11. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 11. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.22’de sunulmuştur.

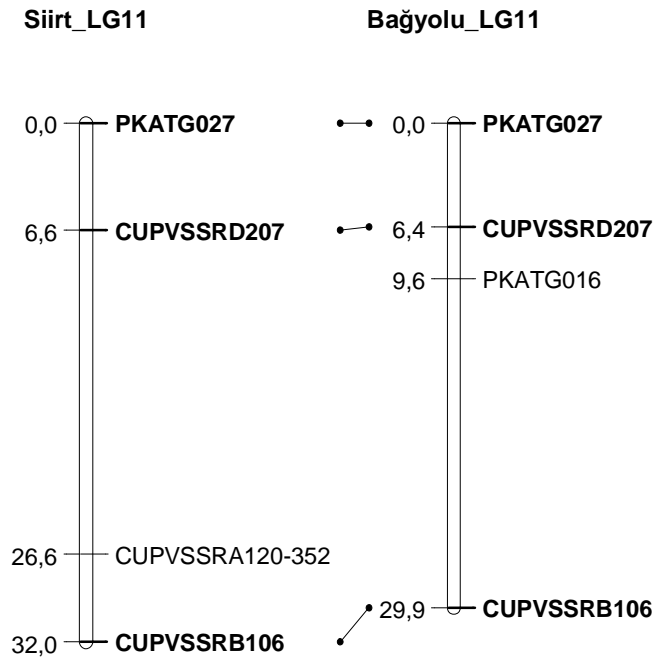
Çizelge 4.22. ‘Siirt’ çeşidi 11. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	PKATG027	0.0	efxeg	1:1:1:1	4.08	-
2	CUPVSSRD207	6.6	efxeg	1:1:1:1	4.27	-
3	CUPVSSRA120-352	26.6	lmxll	1:1	0.10	-
4	CUPVSSRB106	32.0	abxcd	1:1:1:1	27.90	*****
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>8.0</b>				

(\*\*\*\*\*) p<0.00005

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının onbirinci bağlantı grubunun toplam uzunluğu 32.0 cM olup, toplam 4 SSR markörü yer almıştır. Yer alan markörler arası ortalama uzaklık ise 8 cM olarak hesaplanmıştır. Dağılım gösteren markörlerden 1 adedi ‘abxcd’, 2 adedi ‘efxeg’ ve 1 adedi ‘lmxll’ açılım göstermiş olup markörlerin ki-kare değerleri 0.10 ile 27.90 arasında değişmiştir (Çizelge 4.22).

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 11. bağlantı grupları Şekil 4.11’de sunulmuştur.



Şekil 4.11. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 11. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Bağyolu’ genotipi onbirinci bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.23’de sunulmuştur.

Çizelge 4.23. ‘Bağyolu’ genotipi 11. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	PKATG027	0.0	efxeg	1:1:1:1	4.08	-
2	CUPVSSRD207	6.4	efxeg	1:1:1:1	4.27	-
3	PKATG016	9.6	nnxnp	1:1	4.96	-
4	CUPVSSRB106	29.9	abxcd	1:1:1:1	27.90	*****
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>7.4</b>				

(\*\*\*\*\*) p<0.00005

Bir adet ‘abxcd’, 2 adet ‘efxeg’ ve 1 adet ‘nnxnp’ şeklinde açılım gösteren markörlere sahip ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 11. bağlantı grubundaki toplam uzunluğu 29.9 cM olup, dağılım gösteren 4 adet SSR markörlerine ait ki-kare değerleri 4.08 ile 27.90 arasında değişiklik göstermiştir. Bu gruba ait farklı önem seviyesinde sapma gösteren ‘CUPVSSRB106’ markörü ‘abxcd’ açılımı göstermiştir. Markörler arası ortalama uzaklık ise 7.4 cM olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.23).

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 11. bağlantı grubunda markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk saptanmış olup markörler arası en geniş boşluk ‘PKATG016’ ile ‘CUPVSSRB106’ markörleri arasında (20.3 cM) bulunmuştur. Ayrıca ‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasından ‘CUPVSSRB696’ (‘abxcd’) markörü yüksek ortalama ki-kare katkı değeri nedeniyle çıkartılmıştır.

#### 4.2.12. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 12. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 12. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.24’de sunulmuştur.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının onikinci bağlantı grubunda toplam 5 adet SSR markörü dağılım göstermiş olup, grubun toplam uzunluğu 24.9 cM, markörler arası ortalama uzaklık ise 4.9 cM olarak saptanmıştır. Gruptaki markörlerden 1 adedi ‘efxeg’ ve diğer markörler ise ‘lmxll’ açılımı göstermişlerdir. Markörlere ait ki-kare

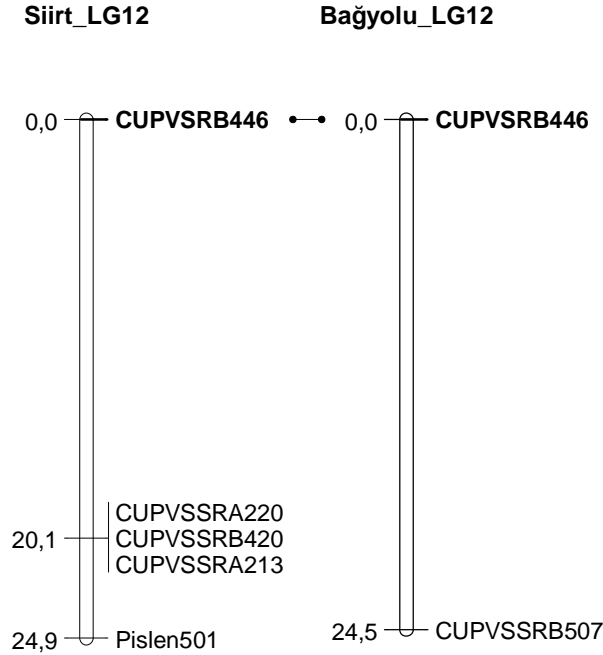


değerleri 0.05 ile 1.29 arasında değişim göstermiş olup markörlerde herhangi bir sapma belirlenmemiştir (Çizelge 4.24).

Çizelge 4.24. ‘Siirt’ çeşidi 12. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSRB446	0.0	efxeg	1:1:1:1	1.29	-
2	CUPVSSRA220	20.1	lmxll	1:1	0.05	-
3	CUPVSSRB420	20.1	lmxll	1:1	0.10	-
4	CUPVSSRA213	20.1	lmxll	1:1	0.10	-
5	Pislen501	24.9	lmxll	1:1	0.43	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>4.9</b>				

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 12. bağlantı grupları Şekil 4.12’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 12. bağlantı grubunda bulunan markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk yer almakta olup en geniş boşluk ‘CUPVSRB446’ ile ‘CUPVSSRA220’, ‘CUPVSSRB420’, ‘CUPVSSRA213’ markörleri arasında (20.1 cM) saptanmıştır. Bu bağlantı grubu üzerindeki ‘CUPVSSRA220’, ‘CUPVSSRB420’ ve ‘CUPVSSRA213’ markörleri aynı lokusta bağlantı yapmışlardır.



Şekil 4.12. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 12. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Bağyolu’ genotipi 12. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.25’de sunulmuştur.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 12. bağlantı gruplarında toplam 2 adet SSR markörü bulunmaktadır. Markörlerden biri ‘1:1:1:1’ açılımı göstermiş olup, diğer markör ise ‘1:1’ açılım göstermiştir. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.00 ile 1.29 arasında değişim göstermiştir. Beklenen açılım oranlarından sapma gösteren markörler ise bu bağlantı grubunda saptanmamıştır (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.25. ‘Bağyolu’ genotipi 12. bağlantı gruplarına ait markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSRB446	0.0	efxeg	1:1:1:1	1.29	-
2	CUPVSSRB507	24.5	nnxnp	1:1	0.00	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>12.2</b>				

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 12. bağlantı gruplarının toplam uzunluğu 24.5 cM olarak saptanmış olup, dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 12.2 cM olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.25). Markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluk ‘CUPVSRB446’ ile ‘CUPVSSRB507’ markörleri arasında 24.5 cM olarak belirlenmiştir.

#### 4.2.13. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 13. Bağlantı Grubu Bulguları

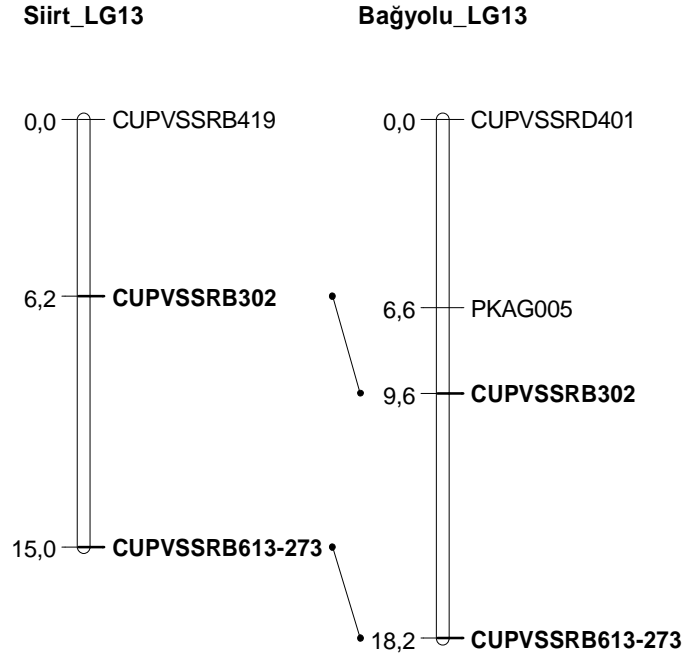
‘Siirt’ çeşidi 13. bağlantı gruplarında bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.26’da sunulmuştur.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının onüçüncü bağlantı grubunda, toplam 3 SSR markörü dağılım göstermiş olup 1 adedi ‘1:1:1:1’, 1 adedi ‘3:1’ ve 1 adedi ‘1:1’ açılım göstermiştir. Grupta yer alan markörlerden hiçbiri sapma göstermemiştir. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.03 ile 2.28 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.26. ‘Siirt’ çeşidi 13. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB419	0.0	lmxll	1:1	1.19	-
2	CUPVSSRB302	6.2	efxeg	1:1:1:1	2.28	-
3	CUPVSSRB613-273	15.0	hkxhk	3:1	0.03	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>5.0</b>				

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 13. bağlantı grupları Şekil 4.13’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 13. bağlantı grubunun toplam uzunluğu 15.0 cM, markörler arası ortalama uzaklık ise 5 cM olarak saptanmıştır (Çizelge 4.26). Bağlantı grubunda 20 cM’den daha büyük boşluk tespit edilmemiştir. Bununla birlikte markörler arası en geniş boşluk 8.8 cM olarak ‘CUPVSSRB613-273’ ile ‘CUPVSSRB302’ markörleri arasında hesaplanmıştır.



Şekil 4.13. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 13. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

'Bağyolu' genotipi 13. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.27'de sunulmuştur.

Uzunluğu 18.2 cM olan 'Bağyolu' genotipi genetik haritasının onüçüncü bağlantı grubunda bulunan markörler 1 adet 'efxeg', 1 adet 'hxxhk' ve 2 adet 'nnxnp' şeklinde açılım göstermiştir. Toplam 4 adet SSR markörlerine ait ki-kare değerleri 0.03 ile 2.28 arasında değişiklik göstermiş olup, dağılım gösteren markörlerden hiçbiri sapma göstermemiştir. Markörler arası ortalama uzaklık 4.5 cM olarak saptanmıştır (Çizelge 4.27).

Markörler arasında 20 cM'dan daha büyük boşluk saptanmamış olup markörler arası en geniş boşluk 'CUPVSSRB302' ile 'CUPVSSRB613-273' markörleri arasında (8.6 cM) bulunmuştur.

Çizelge 4.27. ‘Bağyolu’ genotipi 13. bağlantı gruplarında bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD401	0.0	nnxnp	1:1	0.74	-
2	PKAG005	6.6	nnxnp	1:1	0.05	-
3	CUPVSSRB302	9.6	efxeg	1:1:1:1	2.28	-
4	CUPVSSRB613-273	18.02	hkxhk	3:1	0.03	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>4.5</b>				

#### 4.2.14. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 14. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 14. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.28’de sunulmuştur.

Çizelge 4.28. ‘Siirt’ çeşidi 14. bağlantı gruplarında markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

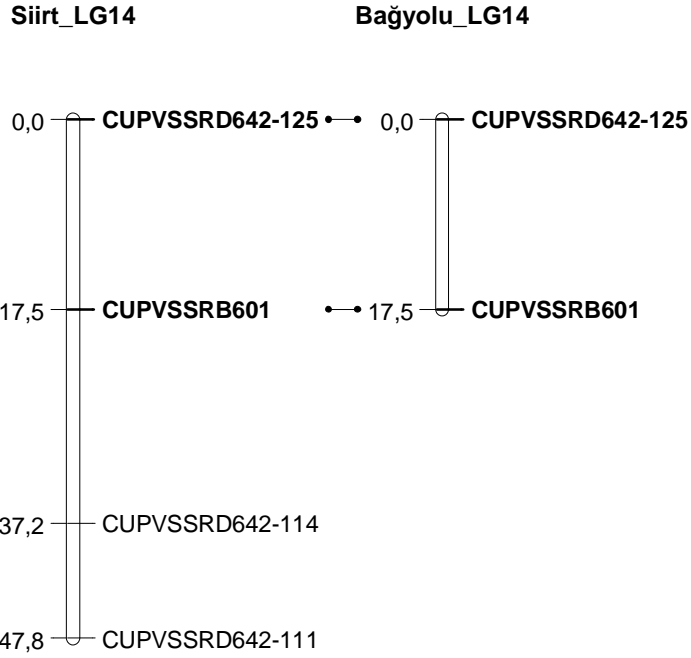
No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD642-125	0.0	hkxhk	3:1	0.45	-
2	CUPVSSRB601	17.5	abxcd	1:1:1:1	0.42	-
3	CUPVSSRD642-114	37.2	lmxll	1:1	7.02	***
4	CUPVSSRD642-111	47.8	lmxll	1:1	7.02	***
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>11.9</b>				

(\*\*\*) p<0.005

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 14. bağlantı grubundaki markörlerden 1 adedi ‘3:1’, 1 adedi ‘1:1:1:1’ ve geriye kalanlar ise ‘1:1’ açılım göstermişlerdir. Toplam 4 adet SSR markörü bulunan grupta markörlere ait ki-kare değerleri 0.42 ile 7.02 arasında değişmiştir. Dağılım gösteren markörlerden ‘1:1’ açılım gösteren markörler farklı önem seviyelerinde sapma göstermiştir (Çizelge 4.28).

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 14. bağlantı grupları Şekil 4.14’de sunulmuştur. ‘Siirt’ çeşidi genetik haritasının 14. bağlantı grubunun toplam uzunluğu

47.8 cM olup markörler arası ortalama uzaklık ise 11.9 cM olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.28). Markörler arasında 20 cM'dan daha büyük boşluk saptanmamış olup en geniş boşluk 'CUPVSSRB601' ile 'CUPVSSRD642-114' markörleri arasında (19.7 cM) hesaplanmıştır.



Şekil 4.14. 'Siirt' çeşidi (solda) ve 'Bağyolu' genotipi (sağda) 14. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

'Bağyolu' genotipi 14. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.29'de sunulmuştur.

'Bağyolu' genotipi genetik haritasının ondördüncü bağlantı grubunda toplam 2 adet SSR markörü yer almıştır. Bu gruba ait markörlerden biri '3:1' diğer markör ise '1:1:1:1' açılımı göstermişlerdir. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.42 ile 0.45 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.29).

Çizelge 4.29. ‘Bağyolu’ genotipi 14. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRD642-125	0.0	hkxhk	3:1	0.45	-
2	CUPVSSRB601	17.5	abxcd	1:1:1:1	0.42	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>					

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasının 14. bağlantı grubunun toplam uzunluğu 17.5 cM olarak hesaplanmış olup grupta dağılım gösteren markörler arası ortalama uzaklık 8.7cM olarak saptanmıştır (Çizelge 4.29). Ayrıca ‘CUPVSSRD642-121’ (‘nnxnp’) markörü ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasından çıkartılmıştır.

#### 4.2.15. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin 15. Bağlantı Grubu Bulguları

‘Siirt’ çeşidi 15. bağlantı grubunda bulunan markörler ile markör uzaklıkları, açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık Çizelge 4.30’de sunulmuştur.

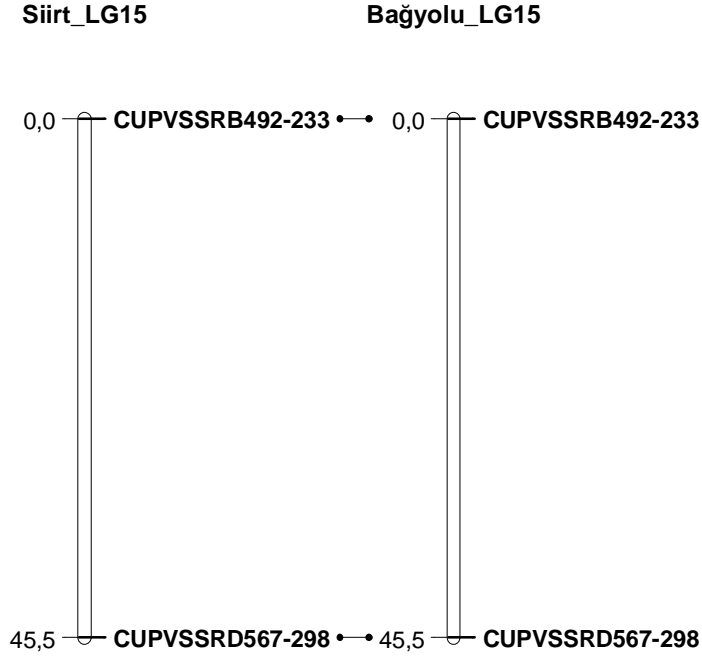
‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipi genetik haritalarının 15. bağlantı grubunun toplam uzunluğu 45.5 cM, markörler arası ortalama uzaklık ise 22.7 cM olarak hesaplanmış olup, grupta toplam 2 SSR markörü bulunmaktadır. Grupta yer alan 2 markör ‘3:1’ açılımı göstermiştir. Markörler içerisinde 1 adet ‘3:1’ açılım gösteren markör sapma göstermiştir. Markörlere ait ki-kare değerleri 0.27 ile 42.92 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4.30).

Çizelge 4.30. ‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 15. bağlantı grubunda bulunan markörler ve markör uzaklıkları (cM), açılım oranları, ki-kare değerleri, önem seviyeleri ve markörler arası ortalama uzaklık

No	Markörler	Markör uzaklıkları (cM)	Açılım	Açılım oranları	Ki-kare değerleri	Önem seviyesi (p)
1	CUPVSSRB492-233	0.0	hkxhk	3:1	42.92	*****
2	CUPVSSRD567-298	45.5	hkxhk	3:1	0.27	-
	<b>Ortalama Uzaklık</b>	<b>22.7</b>				

(\*\*\*\*\*) p<0.00005

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin 15. bağlantı grupları Şekil 4.15’de sunulmuştur. Markörler arasında 20 cM’den daha büyük boşluklar ‘CUPVSSRB492-233’ ile ‘CUPVSSRD567-298’ markörleri arasında tespit edilmiştir.



Şekil 4.15. ‘Siirt’ çeşidi (solda) ve ‘Bağyolu’ genotipi (sağda) 15. bağlantı grupları. Şekilde soldaki rakamlar cM olarak markörler arasındaki mesafeyi ifade etmektedir. Koyu renkli markörler ortak markörlerdir.

‘Siirt’ çeşidi ile ‘Bağyolu’ genotipinin 15. bağlantı grubunun küçük uzunluğa sahip olması bu bağlantı grubunun büyük grupların alt veya üst kısmının bir parçası olabileceği gibi bir bağlantı grubunun farklı kısımlarına da ait olabileceğini gösterebilir. Böyle bir durum bir bağlantı grubundaki son markör ile diğer bağlantı grubundaki ilk markör arasındaki cM olarak mesafenin haritalamada belirlenen sınır değerinden daha büyük olması durumunda ortaya çıkabilmektedir. Bu gibi durumlarda markör sayısının artırılmasıyla bu küçük bağlantı grubunun diğer büyük gruplarla birleşebileceği söylenebilir.



### 4.3. ‘Siirt’ Çeşidi ve ‘Bağyolu’ Genotipinin Genetik Haritalarının Genel Değerlendirilmesi

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipine ait bağlantı gruplarının bulguları Çizelge 4.31’de verilmiştir.

‘Siirt’ çeşidi haritasında toplam 70 markör ve ‘Bağyolu’ genotipi haritasında ise 85 markör yer almıştır. ‘Siirt’ çeşidi bağlantı gruplarında en az markör 9. ve 15. bağlantı grubunda (2 adet) yer alırken, en fazla markör (9 adet) ise 6. bağlantı grubunda belirlenmiştir. Ortalama markör sayısı ‘Siirt’ çeşidi haritası için 4.6 adet ve ‘Bağyolu’ genotipi haritasında ise 5.7 adet olarak belirlenmiştir. Sonuç olarak ‘Bağyolu’ haritasının ortalama markör yoğunluğunun daha fazla olmasından dolayı ‘Siirt’ haritasına göre daha iyi bir harita elde edilmiştir.

Türkeli ve Kafkas (2012) tarafından ISSR, SRAP ve AFLP teknikleri kullanılarak oluşturulan antepfıstığının ilk genetik bağlantı haritalarında ‘Siirt’ çeşidinde toplam 165 markör ve ‘PA-18’atlantik sakızı genotipi haritasında ise 156 markör dağılım göstermiş olup ortama markör yoğunluğu sırası ile 9.70 ve 8.21 olarak belirlemiştir. Bağlantı grupları ortalama markör yoğunluğunun fazla olması daha doymuş bir harita olduğunu ve markörlerin bağlantı grubunda daha yoğun bir dağılıma sahip olduğunu göstermektedir.

‘Siirt’ çeşidi genetik haritasındaki markörlerden ‘abxcd’ açılımı gösteren 10 markörün %30’u (3 markör), ‘efxeg’ açılımı gösteren 14 markörün %7.1’i (1 markör), ‘hxxhk’ açılımı gösteren 6 markörün %66.6’i (4 markör) ve ‘lmxll’ açılımı gösteren 34 markörün %17.6’sı (6 markör) beklenen açılım oranlarından sapma göstermiştir. Toplam haritalanan 70 markörün 15 adedi (%21.4) beklenen açılım oranlarından sapma göstermiştir.

‘Bağyolu’ genotipi genetik haritasındaki markörlerden ‘abxcd’ açılımı gösteren 10 markörün %30’u (3 markör), ‘nxxnp’ açılımı gösteren 50 markörün %28’i (14 markör) beklenen açılım oranlarından sapma göstermiştir. Toplamda haritalanan 85 markörün 22 adedi (%26.2) beklenen açılım oranlarından sapma göstermiş olup ‘efxeg’ açılımı gösteren 13 markörün ise hiçbiri sapma göstermemiştir.

Çizelge 4.3.1. 'Siirt' çeşidi ve 'Bağyolu' genotipine ait bağlantı gruplarının bulguları

Bağlantı Grupları	SIİRT				BAĞYOLU			
	Uzunluk (cM)	Markör sayısı	Markörler Arası Ortalama uzaklık	Bağlantı Grupları	Uzunluk (cM)	Markör sayısı	Markörler Arası Ortalama uzaklık	
1	69.5	7	9.9	1	90.3	9	10.0	
2	55.7	5	11.1	2	58.3	9	6.4	
3	94.5	8	11.8	3	49.6	4	12.4	
4	28.8	5	5.7	4	102.8	9	11.4	
5	50.1	5	10.0	5	52.1	10	5.2	
6	54.9	9	6.1	6	31.9	3	10.6	
7	47.4	3	15.8	7	76.7	8	9.5	
8	47.6	4	11.9	8	58.1	8	7.2	
9	20.5	2	10.2	9	69.0	7	9.8	
10	36.8	4	9.2	10	36.8	4	9.2	
11	32.0	4	8.0	11	29.9	4	7.4	
12	24.9	5	8.3	12	24.5	2	12.2	
13	15.0	3	5.0	13	18.2	4	4.5	
14	47.8	4	11.9	14	17.5	2	8.7	
15	45.5	2	22.7	15	45.5	2	22.7	
<b>TOPLAM</b>	<b>671</b>	<b>70</b>	<b>9.5</b>	<b>TOPLAM</b>	<b>761.2</b>	<b>85</b>	<b>8.9</b>	<b>8.9</b>
SIİRT Açılım Oranları	abxcd	efxeg	hxxhk	lmxll	noxxp	<b>Toplam</b>	<b>Ortalama</b>	
	10	14	12	34	--	<b>70</b>	<b>4.6</b>	
BAĞYOLU Açılım Oranları	10	14	11	--	50	<b>85</b>	<b>5.6</b>	
SIİRT Sapma oranları	3	1	5	6	--	<b>15</b>	<b>21.4</b>	
BAĞYOLU Sapma oranları	3	0	5	--	14	<b>22</b>	<b>26.1</b>	

Bu çalışmadaki bağlantı gruplarının toplam uzunluğu incelendiğinde, 'Siirt' çeşidinin 671 cM ve 'Bağyolu' genotipi ise 761.2 cM uzunluğa sahip olduğu belirlenmiştir. 'Siirt' çeşidi bağlantı gruplarının en kısa olanı 13. bağlantı grubu (15.0 cM) iken, 3. bağlantı grubu (94.5 cM) en uzun bağlantı grubunu oluşturmuştur. 'Bağyolu' genotipi haritasında 14. bağlantı grubu en kısa olup en uzununu ise 4. bağlantı grubu olmuştur. 14. bağlantı grubunun uzunluğu 17.5 cM iken 4. bağlantı grubunun uzunluğu ise 102.8 cM olarak hesaplanmıştır.

Türkeli ve Kafkas (2012) ISSR, SRAP ve AFLP tekniklerini kullanılarak yaptığı antepfıstığının genetik bağlantı haritasında ise 'Siirt' çeşidi haritasının toplam harita uzunluğunu 1237.3 cM, 'PA-18' genotipi haritasının bağlantı gruplarının toplam uzunluğunu da 1337.5 cM olarak saptamıştır.

Genetik haritalama çalışmaları sonucunda daha kısa harita uzunlukları elde edilmesi, kullanılan F1 bitki sayısından ve bitki materyalinin genetik yapısındaki farklılığa bağlı olarak elde edilen markör içeriğinden kaynaklanabilmektedir. F1 popülasyonunun melez bireylerindeki heterozigotluk seviyesiyle ilgili olarak homolog kromozomlardaki heterozigot lokus sayısı arttıkça açılım gösteren markör sayısı ve bununla birlikte genetik harita uzunluğu artacaktır. Bunların yanı sıra çalışmalarda farklı yöntemlerin denenmesi ve daha fazla primer kullanılarak genetik materyalden elde edilecek markör sayısının arttırılması harita uzunluğunu da artırabilir.

Teorikde her haploid kromozomu temsil eden bağlantı grubunun uzunluğu 100 cM olarak kabul edilir (Vienne, 2003). Türün sahip olduğu 15 haploid kromozom için toplam genom uzunluğunun her bir ebeveyn için 1500 cM (15 x100 cM) olması gerekmektedir. Fakat rekombinasyon oranının beklenen orandan az veya fazla olması durumunda, oluşan harita uzunlukları beklenenden daha uzun veya kısa olabilir. Bu çalışmada 'Siirt' çeşidi için 671 cM ve 'Bağyolu' genotipi için 761.2 cM uzunluğunda harita uzunluğu elde edilmiştir. Genetik bağlantı haritasının beklenen uzunluğa ulaşmasını sağlayabilmek için farklı markör teknikleri kullanılarak markör sayısının arttırılması yoluna gidilebilir.

‘Siirt’ x ‘Bağyolu’ genetik haritasına ait genel bulguları Çizelge 4.32’de verilmiştir. ‘Siirt’ çeşidi genetik bağlantı haritası için yapılan analizler de toplam 70 SSR primer çifti açılım göstermiş olup, bu primer çiftlerinden toplam 77 markör elde edilmiştir. Elde edilen 77 markörden 54 adedi kodominant 23 adedi ise dominant açılım göstermiştir. ‘Bağyolu’ genotipi genetik bağlantı haritası için ise 80 primer çifti açılım göstermiş olup, 92 markör elde edilmiştir. Markörlerden 72 adedi kodominant açılım göstermiş olup 20 adedi ise dominant açılım göstermiştir. ‘Siirt’ çeşidinde toplam 70 markör haritalanmış olup 51 adedi kodominant markör 19 adedi ise dominant markördür. ‘Bağyolu’ genotipinde ise toplam 85 markör haritalanmıştır. Haritalanan 85 markörden 69 markör kodominant 16 markör ise dominant markördür (Çizelge 4.32).

Çizelge 4.32. ‘Siirt’ x ‘Bağyolu’ genetik haritalarına ait genel bulgular

<b>Ebeveynler</b>	<b>‘Siirt’</b>	<b>‘Bağyolu’</b>
Toplam açılım gösteren primer sayısı	70	80
Kodominant açılım gösteren primer sayısı	52	66
Dominant açılım gösteren primer sayısı	16	11
Hem kodominant hem dominant açılım gösteren primer sayısı	2	3
Toplam açılım gösteren markör sayısı	77	92
Kodominant açılım gösteren markör sayısı	54	72
Dominant açılım gösteren markör sayısı	23	20
Haritalanan toplam markör sayısı	70	85
Haritalanan kodominant markör sayısı	51	69
Haritalanan dominant markör sayısı	19	16
Bağlantı grupları toplam uzunluk	671	761.2
Bağlantı grupları ortalama uzunluk	44.7	50.7
Markörler arası ortalama uzaklık	9.5	8.9
Markörler arasındaki en geniş uzaklık (cM)	45.5(S15)	45.5(B15)
Boşluk sayısı (>20 cM)	10	12

Bu çalışma da 671 cM uzunluğa sahip ‘Siirt’ çeşidi bağlantı gruplarının ortalama uzunluğu 44.7 cM olarak ve 761.2 cM uzunluğa sahip ‘Bağyolu’ genotipi haritasının bağlantı gruplarının ortalama uzunluğu ise 50.7 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.32). Bağlantı gruplarının ortalama uzunluklarının birbirlerinden farklı olmasının sebebi, haritalama analizlerinde belirlenen markörlerin dağılımı ve markör yoğunluğu ile ilgili olabilir. Bununla birlikte, bağlantı gruplarının büyüklüğündeki farklılıklar, genetik bağlantı haritalarını oluşturabilmek için kullanılan markör sayılarıyla bağlantılı olabileceği gibi, her bir grupta bulunan markörler arasındaki mesafenin genişliğinden de kaynaklı olabilir.

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin genetik bağlantı haritasında 20 cM’den büyük boşluk sayısı sırasıyla 10 ve 12 adet olarak belirlenmiş olup her iki haritada da en geniş boşluk 45.5 cM olarak 15. bağlantı grubunda tespit edilmiştir (Çizelge 4.32).

Türkeli ve Kafkas (2012) antepfıstığının bağlantı grupları üzerinde en geniş boşlukları ‘Siirt’ çeşidi haritasında 41.4 cM olarak 5. bağlantı grubu üzerinde, ‘PA-18’ genotipi haritasında ise 40.4 cM olarak 11. bağlantı grubu üzerinde belirlemiştir. Bu çalışmada ‘Siirt’ çeşidi haritasında ‘Bağyolu’ genotipi haritasına göre daha az sayıda boşluğun yer almasının sebebi, ‘Siirt’ çeşidinin genetik yapısındaki heterozigotluk seviyesinin daha yüksek olmasından kaynaklı olabilir.

Bu çalışmada ‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipi haritalarının bağlantı gruplarının sayısı, antepfıstığı genomunun haploid kromozom ( $n=15$ ) sayısı kadardır. ‘Siirt’ çeşidi ile ‘Bağyolu’ genotipinin bağlantı grupları üzerinde tanımlanamamış çok büyük boşlukların saptanması bağlantı gruplarında parçalı yapıya neden olduğu düşünülmektedir. Buna ek olarak, küçük uzunluklara sahip bazı bağlantı grupları büyük grupların alt veya üst kısmının bir parçası olabileceği gibi bir bağlantı grubunun farklı kısımlarına da ait olmuş olabilir. Diğer bir açıklama olarak, bu küçük bağlantı grupları gerçekte tek bir bağlantı grubunun parçaları olabilir. Bu gibi durumlar bir bağlantı grubundaki son markör ile diğer bağlantı grubundaki ilk markör arasındaki cM olarak mesafenin haritalamada belirlenen sınır değerinden daha büyük olması durumunda ortaya çıkabilmektedir. Bu gibi durumlarda markör

sayısının arttırılmasıyla bu küçük bağlantı gruplarının diğer büyük gruplarla birleşebileceği söylenebilir.

#### **4.4. Bağlantı Gruplarında Haritalanan ve Açılım Gösteren SSR Markör Bulguları**

‘Siirt’ çeşidi ve ‘Bağyolu’ genotipinin bağlantı grupları için yapılan SSR analizlerinde test edilen toplam primer sayısı, açılım gösteren primer sayısı, elde edilen toplam kodominant markör sayıları ve yüzde dağılım oranları Çizelge 4.33’de sunulmuştur. SSR analizleri sonucunda 217 primer çiftinden 85 adedi kodominant açılım göstermiş olup toplam 93 markörden 91 adedi haritaya yerleştirilmiştir ve toplam %96.7 başarı sağlanmıştır.

Ahmad ve ark.’nın (2003) geliştirmiş olduğu 14 primer çiftinden sadece 2 adedi açılım göstermiş olup bu markörlerden 1 tanesi kodominant olarak haritalanmıştır.

Zaloğlu (2008) tarafından geliştirilmiş ‘CUPV’ ön isimli primer çiftlerinden 59 adedi test edilmiş olup 34 adedi açılım göstermiştir. Toplam 30 primer çiftinde 31 markör elde edilmiş olup 30 adedi haritaya yerleştirilmiştir. Haritaya yerleşen kodominant markör oranı da %96.7 olarak kaydedilmiştir.

Albaladojo ve ark. (2008) çalışmalarında ‘Pislen’ ön isimli SSR primerlerini geliştirmişlerdir. Geliştirdikleri 8 primerden 4 adedi açılım göstermiş olup, toplam 4 primer çiftinde 5 markör elde edilmiştir ve hepside haritaya yerleştirilmiştir.

Çizelge 4.33. Genetik bağlantı haritalarında yer alan ve SSR analizlerinde açılım gösteren kodominant SSR markörlerine ait bulgular

No	Kaynak	Test Edilen Toplam Primer Sayısı	Açılım Gösteren Primer Sayısı	Kodominant Açılım Gösteren Primer Sayısı	Kodominant Markör Sayısı	Haritalanan Kodominant Markör Oranı (%)
1	Ahmad ve ark. (2003)	14	2	1	1 <sup>a</sup> /1 <sup>b</sup>	100
2	Zaloğlu (2008)	59	34	30	31 <sup>a</sup> /30 <sup>b</sup>	96.7
3	Albaladejo ve ark. (2008)	8	4	4	5 <sup>a</sup> /5 <sup>b</sup>	100
4	Arabnezhadve ark. (2011)	27	9	9	9 <sup>a</sup> /9 <sup>b</sup>	100
5	Kafkas ve ark. (2012)	109	56	45	47 <sup>a</sup> /46 <sup>b</sup>	97.8
<b>TOPLAM</b>		<b>217</b>	<b>105</b>	<b>89</b>	<b>93<sup>a</sup>/91<sup>b</sup></b>	<b>97.8</b>

<sup>a</sup>Kodominant açılım gösteren markör sayısı

<sup>b</sup>Haritalanan markör sayısı

Arabnezhad ve ark. (2011), 'PKAT' önisimli 27adet primer geliştirmiş olup bu çalışmada 9 primer çifti açılım göstermiştir. Bu primer çiftlerinden hepside kodomonant açılım göstermiş olup 9 markör haritaya yerleşmiştir.

Kafkas ve ark. tarafından 2012 yılında geliştirilmiş olan 'CUPV' ön isimli 109 primer çiftinden açılım gösteren primer çifti sayısı ise 56'dır. Toplam 45 primer çiftinden elde edilen 47 markörden 46 adedi haritaya yerleştirilmiş olup haritaya yerleşen markör oranı %97.8 olarak saptanmıştır.

'Siirt' çeşidi ve 'Bağyolu' genotipinin genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasında kullanılan SSR markörlerinin açılım tipi özelliklerine göre dağılımları Çizelge 4.34'de sunulmuştur.

Ahmad ve ark.'nın 2003 yılında geliştirdikleri primerlerdede sadece 1 markör elde edilmiş olup 'nrxnp' şeklinde açılım gösteren markörler haritalanmıştır.

Zaloğlu'nun 2008 yılında geliştirdiği primer çiftlerinden 31 markör elde edilmiş olup, bunlar içerisinde 2 adedi 'abxcd', 4 adedi 'efxeg', 2 adedi 'hxxhk' , 7 adedi 'lmxll' ve 15 adedi de 'nrxnp' olmak üzere toplam 30 adet kodominant markör haritalanmıştır. Dominant açılım gösteren 10 markörün hepsi haritaya yerleşmiştir.

Albaladejo ve ark. (2008), 'Pislen' önekli primerlerden toplam 5 markör elde edilmiş olup 1 tanesi '1:1:1:1' ve 4 tanesi '1:1' açılım gösteren 5 marköründe tamamı haritalanmıştır. Bu primerlerden dominant markör elde edilmemiştir.

Arabnezhad ve ark. (2011) tarafından geliştirilmiş 'PKAT' önisimli primer çiftlerinden 9 markör elde edilmiş olup hepsi haritalanmıştır. Haritalanan markörlerden 2 adedi '1:1:1:1', 1 adedi '1:2:1' ve 6 adedi '1:1' açılım göstermiştir. Dominant markörlerden hiçbiri haritaya yerleşmemiştir.

Kafkas ve ark. tarafından 2012'de geliştirilen (CUPV) primer çiftinden 47 markör elde edilmiştir ve bu primerlerden 8 adedi 'abxcd', 9 adedi 'efxeg', 3 adedi 'hcxhk', 12 adedi 'lmxll' ve 15 adedi de 'nrxnp' kodominant açılımlarını gösterirken 24 markör dominant olarak skorlanabilmiştir.

Genetik bağlantı gruplarındaki dominant markör sayısı 36 olup, 16 adedi 'lmxll', 13 adedi 'nrxnp' ve 7 adedi 'hcxhk' açılımı göstermiştir. 'Siirt' haritasına 23 markörden 18 markör yerleşirken (%81.8), 'Bağyolu' haritasına ise 20 markörden 17 markör (%85) yerleştirilmiştir. Sonuç olarak, toplam 35 markörden 30 adedi (%85.7) haritaya yerleştirilmiştir.



Çizelge 4.34. Genetik bağlantı gruplarının oluşturulmasında kullanılan SSR markörlerinin açılım tipi özelliklerine göre dağılımları

No	KAYNAK	Açılım gösteren ve haritalanan toplam markör sayısı	abxcd (%)	efxeg (%)	hkxhk (%)	lmxll (%)	nmxnp (%)	lmxll (%)	nmxnp (%)	hkxhk (%)
1	Ahmad ve ark. (2003)	2/1	0/0 (0)	0/0 (0)	0/0 (0)	0/0 (0)	1/1 (100)	0/0 (0)	0/0 (0)	1/0 (0)
2	Zaloğlu. (2008)	41/40	2/2 (100)	5/4 (80)	2/2 (100)	7/7 (100)	15/15 (100)	7/7 (100)	3/3 (100)	0/0 (0)
3	Albaladejo ve ark. (2008)	5/5	0/0 (0)	1/1 (100)	0/0 (0)	1/1 (100)	3/3 (100)	0/0 (0)	0/0 (0)	0/0 (0)
4	Arabnezhad ve ark. (2011)	10/9	1/1 (100)	1/1 (100)	1/1 (100)	1/1 (100)	5/5 (100)	0/0 (0)	1/0 (0)	0/0 (0)
5	Kafkas ve ark. (2012)	71/66	8 <sup>a</sup> /7 <sup>b</sup> (75)	9 <sup>a</sup> /9 <sup>b</sup> (100)	3 <sup>a</sup> /3 <sup>b</sup> (100)	12 <sup>a</sup> /12 <sup>b</sup> (100)	15 <sup>a</sup> /15 <sup>b</sup> (100)	9 <sup>c</sup> /6 <sup>d</sup> (66.6)	9 <sup>c</sup> /8 <sup>d</sup> (88.8)	6 <sup>c</sup> /6 <sup>d</sup> (100)
<b>Toplam</b>		<b>129/121</b>	<b>11/10 (91)</b>	<b>16/15(93.7)</b>	<b>6/6 (100)</b>	<b>21/21(100)</b>	<b>39/39 (100)</b>	<b>16/1 (86.6)</b>	<b>13/11 (84.6)</b>	<b>7/6 (85.7)</b>

<sup>a</sup>Kodominant açılım gösteren markör sayısı<sup>b</sup>Haritalanan markör sayısı<sup>c</sup>Dominant açılım gösteren markör sayısı<sup>d</sup>Haritalanan dominant markör sayısı

## 5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Bu çalışma kapsamında, antepfıstığına SSR markörleri ile ilk kez genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Genetik bağlantı haritaları belirli amaç için yapılan melezleme çalışmaları sonucunda elde edilen populasyonlarda rekombinasyon sıklığına göre önemli özelliklerin kontrolünü sağlayan gen lokuslarının kromozomlar üzerindeki yerlerini ve sırasını belirler. Ayrıca, ekonomik öneme sahip özelliklerin (verim, meyve iriliği, çıtlama oranı, çiçek yapısı gibi) tanımlanmasını sağlayan moleküler markörler, kısa dönemde ıslah çalışmalarında, bu önemli bitkisel özelliklerin markörler yardımıyla seçimini kolaylaştıracaktır. Özellikle çok yıllık bitkilerde çok uzun ıslah süresi nedeniyle ıslah programlarının etkisinin artırılması ve istenmeyen bitkilerin erken dönemde seçilip uzaklaştırılmasını mümkün kılacaktır. Böylece maliyeti yüksek arazi çalışmalarına ve arazi denemeleri için süre azalacak, deneme alanı ve daha az iş gücü kullanımı ile iş gücünden kazanç sağlanacaktır.

'Siirt' x 'Bağyolu' F1 melez popülasyonu kullanılarak antepfıstığının SSR markörleri ile ilk genetik bağlantı haritasının oluşturulması amacıyla yapılan bu çalışma kapsamında, 89 F1 bitkisi ve 217 adet SSR primer çifti kullanılmıştır. Bunlardan açılım gösteren 105 primer çiftinden 129 markör elde edilmiş olup, içerisinde 121 markör haritalanmıştır. Haritalanan primerlerden 91 adedi kodominant olup, 30 adedi de dominant açılım göstermiştir. Çalışma da 87 primer çifti de monomorfik sonuç vermiştir.

'Siirt' çeşidinde haritalanan 70 markör bağlantı gruplarında dağılım göstermiştir. Toplam harita uzunluğu 671 cM olarak belirlenip, bağlantı gruplarının ortalama uzunluğu 44.7 cM olup, 20 cM'dan büyük 10 boşluk tespit edilmiştir. Ortalama markör sayısı 4.6 olup, ortalama markörler arası uzaklık 9.5 cM olarak kaydedilmiştir.

'Bağyolu' çeşidi genetik bağlantı haritasında 85 markör haritalanmış olup toplam harita uzunluğu 761.2 cM olarak belirlenmiştir. 'Bağyolu' genetik bağlantı gruplarının uzunluğu 17.5 cM ile 102.8 cM arasında değişim göstermiştir. Bağlantı gruplarının ortalama uzunluğu 50.7 cM olarak saptanmıştır. Bağlantı gruplarının ortalama markör sayısı 5.7 olarak belirlenmiş olup, markörler arası ortalama uzaklık

8.9 cM olarak belirlenmiştir. 20 cM'dan büyük 12 boşluk tespit edilmiş ve en geniş boşluk 15 bağlantı grubunda 45.5 cM olarak hesaplanmıştır.

İyi bir genetik haritanın genomun her kromozomuna karşılık gelen bir bağlantı grubu içermesi gerekir. Bu çalışmada da hem anne de hem de baba ebeveynlerde, haploid kromozom sayısı kadar bağlantı grubu oluşturulmuştur. Tüm genomu kapsayan kodominant markörlerce doymuş bir harita eldesi amaçlanmış, ancak bazı bağlantı gruplarında amaçlanan hedefe ulaşılamamıştır. Bu haritalama sonuçları, yeni haritaların genom içeriğini artırmak ve doymuş harita elde etmek için antepfıstığında referans harita olarak kullanılabilir.

İleride yapılacak haritalama çalışmalarında AFLP ve SRAP gibi dominant markör tekniklerinden ve özellikle SSR ve SNP gibi kodominant markörlerden faydalanılarak daha yüksek yoğunluklu genetik haritalar elde edilmelidir. Bununla birlikte, daha fazla sayıda markör kullanılarak elde edilen veriler zenginleştirilip daha doymuş bir harita oluşturulmalı ve bu çalışma QTL (Quantitative Trait Loci) analizleri ile desteklenmelidir.

## KAYNAKLAR

- AHMAD, R., FERGUSON, L. and SOUTHWICK, S.M., 2003. Identification of Pistachio (*Pistacia vera* L.) nuts with microsatellite markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, 128 (6): 898-903.
- AHMAD, R., FERGUSON, L. and SOUTHWICK, S.M., 2005. Analyses of Pistachio Rootstocks by SSR and SRAP Molecular Markers. Journal of Horticultural Science and Biotechnology, 80 (3): 382-386.
- AKKAYA, M. S., BHAGWAT, A.A. and CREAGAN, P.B., 1992. Length polymorphism of simple sequence repeat DNA in soybean. Genetics, 132: 1131-1139.
- ALBALADEJO, R.G., SEBASTIANI, F., APARICIO, A., BUONAMICI, A., GONZALEZ-MARTINEZ, S.C., and VENDRAMINS, G.G., 2008. Development and characterization of eight polymorphic microsatellite loci from *Pistacia lentiscus* L. (Anacardiaceae). Molecular Ecology Resources, 8:904-906.
- ALTINKUT, A., 2001. Bitki biyogüvenlik arařtırmaları eđitim programı. Moleküler Biyolojiye Giriř, Cilt 1. Gen Mühendisliđi ve Biyoteknoloji Arařtırma Enstitüsü, 100 s.
- ANONİM, 2001. Antepfıstıđı Yetiřtiriciliđi. Antepfıstıđı Arařtırma Enstitüsü Yayınları, 13: 1-132, Gaziantep.
- ANONİM, 2009. [www.genetikbilimi.com](http://www.genetikbilimi.com)
- ARABNEZHAD, H., BAHAR, M., POUR, A.T., 2011. Evaluation of genetic relationship among Iranian pistachios using microsatellite markers developed from *Pistacia khinjuk* Stocks. Scientia Horticulturae, 128: 249.
- BASHA, A. I., PADULOSI, S., CHABANE, K., HADJ-HASSAN, A., DULLO, E., PAGNOTTA, M. A. and PORCEDDU, E., 2007. Genetic Diversity of Syrian Pistachio (*Pistacia vera* L.) Varieties Evaluated by AFLP Markers. Genet. Resour. Crop Evol. 54: 1807- 1816.
- CRANE, J.C., 1974. Hermaphroditism in *Pistacia*. California Agriculture, 28(2): 3-4.

- CRANE, J.C. and IWAKIRI, B.T., 1981. Morphology and reproduction of *Pistachio*. Horticultural Reviews, 3: 376-393.
- DOYLE, J.J. and DOYLE, J.L., 1987. A rapid isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin, 19: 11-15.
- FAOSTAT, 2009. FAO web page (<http://www.fao.org>).
- FAOSTAT, 2010. FAO web page (<http://www.fao.org>).
- GRATTAPAGLIA, D. and SEDEROFF, R., 1994. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: mapping strategy and RAPD markers. Genetics, 137: 1121-1137.
- GÜLSEN, O. ve MUTLU, N., 2005. Bitki biliminde kullanılan genetik markırlar ve kullanım alanları. Alatarım, 4 (2): 27-37.
- HALEY, S. D., FANADOR, L. K. and KELLY, J.D., 1994. Selection for monogenic resistance traits with coupling and repulsion phase RAPD markers. Crop Science, 34: 1061-1066.
- KAFKAS, S., KAŞKA, N. and PERL-TREVES, R., 2000. Unusual *Pistacia atlantica* Desf. (Anacardiaceae) monoecious sex types in the Yunt Mountains of the Manisa province of Turkey. Israel Journal of Plant Sciences 48 (4): 277-280.
- KAFKAS, S. and PERL-TREVES, R., 2001. Morphological and Molecular Phylogeny of *Pistacia* Species in Turkey. Theor. Appl. Genet. 102 (6-7): 908-915.
- KAFKAS, S. and PERL-TREVES, R., 2002. Interspecific Relationships in *Pistacia* Based on RAPD Fingerprinting. HortScience, 37 (1): 168-171.
- KAFKAS, S., ÖZKAN, H., AK, B.E. AÇAR, İ., ATLI, H.S. and KOYUNCU, S., 2006. Detecting DNA Polymorfism and Genetic Diversity in a Wide *Pistachio* Germplasm: Comparison of AFLP, ISSR and RAPD Markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, 131(4): 522-529.
- KAFKAS, S., 2006a. Phylogenetic analysis of the genus *Pistacia* by AFLP markers. Plant Systems and Evolution, 262 (1-2): 113-124.

- KAFKAS, S., 2006b. Phylogeny, evolution and biodiversity in the Genus *Pistacia* (Anacardiaceae). (A.K. SHARMA and A. SHARMA, Editör). Plant genome, biodiversity and evolution. Volume 1, part C, Phanerogams (Angiosperm Dicotyledons), Science Publishers, Enfield(NH), Jersey, Plymouth, USA, pp526-557.
- KAFKAS, S., 2006c. DNA markörleri ve bitki ıslahında kullanımı kursu, 19-20 Ocak 2006. Kurs notu (Yayınlanmamış).
- KAFKAS, S., ASLAN N., ve AKYÜZ M.A., 2012. Antepfıstığında yeni SSR primerlerinin geliştirilmesi, ( Yayınlanmamış).
- KARIMI, H. R., KAFKAS, S., ZAMANI, Z., EBADI, A. and MOGHADAM, M. R.F., 2009. Genetic Relationship Among Species and Cultivars of *Pistacia* using AFLP Markesr. Plant Syst. Evol. 279: 21-28.
- KOSAMBI, D.D., 1944. The estimation of map distances from recombination values. Annals of Eugenics, 12: 172-175.
- KURU, C. ve ÖZSABUNCUOĞLU I.H., 1990. Yabani *Pistacia* türlerinin aşılmasında sorunlar ve çözüm yolları. Türkiye 1. In: Kuru C., Can A., Öcal M., Yalcin M., Basut M (eds) Antepfıstığı Sempozyumu. *Pistachio* Research Institute, Gaziantep, Turkey, pp 51-57.
- LI, G. and QUIROS, C.F., 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. Theoretical and Applied Genetics, 103: 455-461.
- MUTLU, N., 2006. Bitkilerde genetik haritalama. DNA Markörleri ve Bitki Islahında Kullanım Kursu, Kurs notu, 16 s (Yayınlanmamış).
- ÖZBEK, S. ve AYFER, M., 1958. A hermaphrodite *Pistacia* found in the vicinity of Gaziantep, Turkey. Proceedings of the American Society for Horticultural Science, 72: 240-241.
- PARFITT, D.E. and BADENES, M.L., 1997. Phylogeny of the Genus *Pistacia* as Determined from analysis of the Chloroplast Genome. Proc. Natl. Acad. Sci., 94: 7987-7992.

- PAZOUKI, L., SALEHI SHANJANI, P., HAGIDIMITRIOU, M., PIRSEYEDI, S. M., NAGHAVI, M. R., AVANZATO, D., QUARTA, R., KAFKAS, S., GHAREYAZIE, B., GHAFFARI, M. R., KHAYAM NEKOUI, S. M. and MARDI, M., 2009. Genetic Diversity and Relationship Among Pistacia Species and Cultivars. *Conserv. Genet.* DOI 10.1007/s10592-009-9812-5.
- POWELL, W., MORGANTE, M., ANDRE, C., HANAFEY, M., VOGEL, J., TINGEY, S. and RAFALSKI, A., 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*, 2: 225-38.
- SCARANO, M.T., ABBATE, L., FERRANTE, S., LUCRETTI, S. and TUSA, N., 2002. ISSR-PCR technique: A useful method for characterizing new allotetraploid somatic hybrids of mandarin. *Plant Cell Reports*, 20: 1162-1166.
- SCHEULKE, M., 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology*, 18: 233-234.
- SCHLOTTERER, C. and TAUTZ, D., 1993. Slippage synthesis of simple sequence DNA . *Nucleic Acid Research*, 20: 211-215.
- TANKSLEY, S.D., YOUNG, N.D., PATERSON, A.H. and BONIERBALE, M.W., 1989. RFLP mapping in plant breeding, *New Tools for an Old Science. Biotechnology*, 7: 257-264.
- TAUTZ, D., 1989. Hypervariability of simple sequences as general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acid Research*, 17: 463-471.
- TUNALIOĞLU, R., TAŞKAYA, B., 2003. Antepfıstığı Tarımsal Ekonomi Araştırma Enstitüsü T.E.A.E Bakış. 5 (2): 1-4.
- TURKELI, Y., KAFKAS, S., 2012. First genetic linkage map in pistachio constructed using an interspecific cross between *Pistacia vera* L. and monoecious *Pistacia atlantica* Desf. *Scientia Horticulturae (Baskıda)*.
- VAN OOIJEN, 2011. JoinMap ® 4, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma B.V., Wageningen, Netherlands.

- VIENNE, D., 2003. Construction of genetic linkage maps. In: Molecular markers in Plant Genetics and Biotechnology D. Vienne (ed.) Science Publishers Inc. pp. 47-79.
- VOS, P., HOGERS, L., BLEEKER, M., VAN DE LEE, T., HORNES, M., FRIJTERS, A., POT, J., PELEMAN, J., KUIPER, M. and ZABEAU, M., 1995. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23: 4407-4414.
- WEEDEN, N.F., HEMMAT, M., LAWSON, D.M., LOGHI, M., MANGANARIS, A.G., REISH, B.I., BROWN, S.K. and YE, G.N., 1994. Development and Application of Molecular Marker Linkage Maps in Woody Fruit Crops. *Euphytica*, 77: 71-75.
- WILLIAMS, J.G.K., KUBELIK, A.R., LIVAK, K.J., RAFALSKI, J.A. and TINGEY, S.V., 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acid Research*, 18 (22): 6531-6535.
- WILLIAMS, J.G.K., HANAFEY, M.K., RAFALSKI, J.A. and TINGEY, S.V., 1993. Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. *Methods in Enzymology*, 218: 704-740.
- VOORRIPS, R.E., 2002. MapChart: Software for the Graphical Presentation of Linkage Maps and QTLs. *The Journal of Heredity*, 93: 77-78.
- ZALOĞLU, S.N., 2008. Antepfıstığında mikrosatellit primerin geliştirilmesi ve diğer *Pistacia* türlerinde kullanıma durumlarının belirlenmesi, 68 s (Yayınlanmamış).
- ZIETKIEWICZ, E., RAFALSKI, A. and DAMIAN, L., 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20(2): 176-183.





## **ÖZGEÇMİŞ**

21 Temmuz 1987 tarihinde Silifke’de doğdu. İlk, Orta, Lise öğrenimini Silifke’de tamamladı. 2005 yılında başladığı Ç.Ü. Fen Edebiyat Bölümünden 2009 yılında mezun oldu. 2010 yılında Ç.Ü. Biyoteknoloji Anabilim Dalında yüksek lisans öğrenimine başladı.