

EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

(DOKTORA TEZİ)

**İNCİR GENOTİPLERİNİN KARAKTERİZASYONU İLE
CİNSİYET VE BAZI MEYVE ÖZELLİKLERİ İÇİN
İLİŞKİLENDİRME HARİTALAMASI YÖNTEMİ İLE
MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLERİN BELİRLENMESİ**

Hatice İKTEN

Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

Bilim Dalı Kodu:501.01.01

Sunuş Tarihi:20.11.2007

Tez Danışmanları:

Prof. Dr. Uygun AKSOY

Dr. Nedim MUTLU

Bornova-İZMİR

Hatice İkten tarafından Doktora tezi olarak sunulan “İncir Genotiplerinin Karakterizasyonu ile Cinsiyet ve Bazı Meyve Özellikleri İçin İlişkilendirme Haritalaması Yöntemi İle Moleküler İşaretleyicilerin Belirlenmesi” başlıklı bu çalışma E.Ü. Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi’nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 20/11/2007 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

-

Jüri Üyeleri:

İmza

Jüri Başkanı :Prof. Dr. Uygun AKSOY

Raportör Üye:Yard. Doç. Dr. Hakkı Zafer CAN

Üye :Prof. Dr. Adalet MISIRLI

Üye :Yard. Doç. Dr. Osman GÜLŞEN

Üye :Yard. Doç. Dr. Zeynel DALKILIÇ

ÖZET**İNCİR GENOTİPLERİNİN KARAKTERİZASYONU İLE
CİNSİYET VE BAZI MEYVE ÖZELLİKLERİ İÇİN
İLİŞKİLENDİRME HARİTALAMASI YÖNTEMİ İLE
MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLERİN BELİRLENMESİ**

İKTEN, Hatice

Doktora Tezi, Bahe Bitkileri Bölümü

Tez Yöneticisi: Prof. Dr. Uygun AKSOY

Kasım 2007, 98 sayfa

Gen kaynaklarının tanımlanarak sınıflandırılması ve önemli fenotipik özellikler için moleküler işaretleyicilerin geliştirilmesi, ıslah çalışmalarının hızlandırılması açısından önemlidir. RAPD, SSR, ISSR ve SRAP primerleri kullanılarak yürütölen alıřmada toplam 192 genotip arasındaki filogenetik iliřkiler ortaya konulmuřtur. Ayrıca, iliřkilendirme haritalaması yöntemi kullanılarak bazı önemli meyve karakterleri için işaretleyiciler geliştirilmiřtir. Sonuç olarak, beř işaretleyicinin erkek/diři fenotipini %77, üç işaretleyicinin partenokarpi (yellop oluřturma) özelliğini %25, beř işaretleyicinin kabuk renginin %39, üç işaretleyicinin meyve apının %41, iki işaretleyicinin meyve boyunu %21, beř işaretleyicinin meyve ağırlığının % 46 oranında açıkladığı tesbit edilmiřtir.

Anahtar sözcükler: İncir, moleküler işaretleyiciler, iliřkilendirme haritalaması, filogenetik iliřkiler

ABSTRACT

**CHARACTERIZATION OF FIG GENOTYPES AND
DEVELOPMENT OF MOLECULAR MARKERS FOR
SEX DETERMINATION AND SOME IMPORTANT FRUIT
FEATURES USING ASSOCIATION MAPPING**

İKTEN, Hatice

Ph D, Department of Horticulture

Supervisor: Prof. Dr. Uygun AKSOY

November 2007, 98 pages

Description and classification of the genetic resources and determination of molecular markers for important phenotypic features facilitate breeding programs to progress in a considerable pace. In this study, phylogenetic relationships among 192 fig genotypes was studied by using RAPD, ISSR, SSR and SRAP primers. Furthermore, some fruit characters were subjected to association mapping to reveal molecular markers involved. Five molecular markers explained 77% divergence between male and female character whereas another three markers were useful to describe 25% of variation for partenocarpy (breba fruit formation). Five markers were useful to describe 39% of variation for fruit skin color, whereas only two markers explained 21% of variation in fruit length. Furthermore, five markers were involved in describing 46% of variation in fruit weight.

Keywords: Ficus, molecular markers, association mapping, phylogenetic

TEŞEKKÜR

Projenin her aşamasında bulunduğu önemli katkılarla çalışmamı yönlendiren, bilgi ve tecrübelerini paylaşmaya hazır ve pozitif yaklaşımı ile çalışma verimimi ve motivasyonumu arttıran, en zor durumlarda bile bir alternatif bularak çalışmanın aksamadan ilerlemesini sağlayan tez danışmanım Prof. Dr. Uygun AKSOY'a her şey için teşekkür ederim. Projenin her aşamasındaki katkıları, istatistik analizlerdeki yardımları ve büyük bir sabırla bana öğrettiği yeni teknik, metod ve analizler için ikinci tez danışmanım Dr. Nedim MUTLU'ya, istatistik analizlerdeki yardımları için Yard. Doç. Dr. Osman GÜLŞEN'e, fenotipik gözlemlerdeki yardımları için Hilmi KOCATAŞ'a, dizin tabloları oluştururken bulunduğu katkılardan dolayı Dr. Mehmet KEÇECİ'ye teşekkür ederim. Laboratuvar alanı kullanımında bana verdikleri öncelikten dolayı laboratuvar arkadaşlarıma, doktora eğitimi konusundaki teşvikleri için eşim Cengiz İKTEN'e ve çocuklarım Ahmet Turhan, Muzaffer Safa ve Sıla Rana'ya teşekkür ederim. Finansal desteği için TÜBİTAK'a, laboratuvar imkanları için Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'ne, çalışma materyali sağlayan Erbeyli İncir Araştırma Enstitüsüne, eğitimim süresince ders aldığım ve tez izleme komiteme katılan Hocalarıma ve bana eğitim imkanı veren Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü'ne teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖZET	V
ABSTRACT	VII
TEŞEKKÜR.....	IXI
İÇİNDEKİLER	XI
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	XIII
ÇİZELGELER DİZİNİ	XV
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	XVII
1.GİRİŞ	1
2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	3
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	17
3.1 Materyal	17
3.2 Yöntem.....	26
3.2.1 Fenotipik ve pomolojik gözlemler	26
3.2.2 DNA izolasyonu.....	28
3.2.3. PCR Optimizasyonu.....	29
3.2.4 Bulkların oluşturulması ve primerlerin taranması.....	30
3.2.5 Bireylerin polimorfik bulunan primerler ile taranması	30
3.2.6 Moleküler işaretleyicilerin oluşturulması	31
3.2.7 Filogenetik ilişki analizi.....	31
3.2.8 Popülasyon yapısının belirlenmesi.....	32
3.2.9 İşaretleyici-karakter ilişkisi analizi	33
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	34
4.1 Filogenetik İlişki Analizleri	34
4.1.1 Erkek-dişi genotiplerin filogenetik analizi.....	34
4.1.2 Meyve özellikleri popülasyonu için filogenetik analiz	44
4.2 İlişkilendirme Haritalaması Sonuçları.....	51

XII

4.2.1 Erkek –diři karakteri için ilişkilendirme haritalaması	54
4.2.2 Meyve özellikleri için ilişkilendirme haritalaması	62
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	82
KAYNAKLAR DİZİNİ.....	87
ÖZGEÇMİŞ	98

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil

Sayfa

4. 1 47 erkek 49 dişi incir genotipi arasında 150 adet moleküler işaretleyicinin kullanımıyla NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin seviyesi. 36
4. 2 Kırk yedi erkek ve kırkdokuz dişi birey arasındaki Temel Bileşenler Analizinden (PCA) elde edilen iki boyutlu düzlem üzerinde genotiplerin dağılımı. 37
4. 3 Kırkyedi erkek incir genotipinin NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin in seviyesi. 39
4. 4 Erkek-dişi popülasyonunu oluşturan 47 erkek birey arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren temel bileşenler analizi (PCA). 40
4. 5 49 dişi incir genotipinin NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin seviyesi. 42
4. 6 Erkek-dişi popülasyonunu oluşturan 49 dişi birey arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren temel bileşenler analizi (PCA). 43
4. 7 Doksanaltı adet dişi incir genotipi arasında 157 adet moleküler işaretleyicinin kullanımıyla NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin seviyesi. 45
4. 8 Meyve rengi popülasyonunda ölçülen fenotipik değerlerin kullanılmasıyla korelasyon matrisine dayalı olarak elde edilen UPGMA dendrogram. 47
4. 9 Doksanaltı adet dişi incir genotipi arasında 157 adet moleküler işaretleyici ve 12 fenotipik karakterin kullanımıyla NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerinin seviyesi. 50

XIV

4. 10 Meyve rengi popülasyonunu oluşturan 96 adet dişi birey arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren temel bileşenler analizi.	51
4. 11 RAPD Bulklar sırasıyla; 1-Siyah-dişi, 2-beyaz- dişi, 3-erkek, 4-partenokarp.	53
4. 12 SRAP Bulklar sırasıyla; 1-Siyah-dişi, 2-beyaz- dişi, 3-erkek, 4-partenokarp.	53
4. 13 MS2FE10 primerinin 47 erkek 49 dişi genotip ile yapılan PCR sonucu.	61
4. 14 M6E5 SRAP primerinin 96 dişi genotip ile yapılan PCR sonucu. 72	

ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
3. 1 Erkek/Dişi genotiplerin listesi.....	18
3. 2 Meyve özellikleri için kullanılan dişi genotiplerin listesi.....	20
3. 3 DNA Ekstraksiyon Çözeltisi.....	28
3. 4 PCR koşulları.....	29
3. 5 Primerler için PCR Programları.....	29
3. 6 Bulkları oluşturan genotipler.....	30
4. 1 İncir genotipleri (bulk) arasındaki polimorfizm veren primerler ve polimorfik işaretleyici sayısı.....	52
4. 2 Erkek-dişi popülasyonu için birbiriyle korelasyon göstermeyen 122 işaretleyici kullanılarak STRUCTURE programında hesaplanan Q-matrix.....	54
4. 3 Erkek-dişi karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonuçları p-değerleri.....	58
4. 4 Erkek-dişi karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması kümülatif R^2 değerleri.....	59
4. 5 Bölgeler (Bl), Erkencilik (Er), partenokarpi (Pn), Renk (Rn), meyve kabuk (OKL, OKA, OKB) ve iç rengi (OML, OMA, OMB) eni (OEN), boyu (OBY), ağırlığı (OAG) karakterleri açısından ölçülen fenotipik değerler.....	63
4. 6 Meyve rengi popülasyonu için birbiriyle korelasyon göstermeyen 137 işaretleyici kullanılarak STRUCTURE programında hesaplanan Q-matrix.....	67
4. 7 Meyve özelliklerini belirleyen genlerin İH sonuçları p-değerleri....	71
4. 8 Meyve kabuk rengi (görsel) karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.....	72

4. 9 Meyve kabuk rengi Chroma L* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	73
4. 10 Meyve kabuk rengi Chroma a* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	74
4. 11 Meyve kabuk rengi Chroma b* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	75
4. 12 Meyve iç rengi Chroma L* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	76
4. 13 Meyve iç rengi Chroma a* ve b* değerlerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	77
4. 14 Partenokarpi karakterini belirleyen genin ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	79
4. 15 Meyve çapını belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	79
4. 16 Meyve boyunu belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.	80
4. 17 Meyve ağırlığını belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterlerle olan ilişki oranları.	81

SİMGELER VE KISALTMALAR

Kısaltmalar

AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
BC	Backcross
cM	Centi Morgan
DH	Double Haploid
GLM	General Linear Modeli
IH	İlişkilendirme Haritalaması
ISSR	Inter Simple Sequence Repeat
LD	Linkage Disequilibrium
PCA	Temel Bileşenler Analizi
PCR	Polymerase Chain Reaction
RIL	Recombinant Inbreed Line
QTL	Quantative Trait Loci
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
SRAP	Sequence Related Amplified Polymorfism
SSR	Simple Sequence Repeat

1. GİRİŞ

Genetik bilimi ve arkeolojideki yeni gelişmeler bitki ve hayvan türlerinin 10 000- 5000 yıl öncesinde kültüre alındıklarına dair bilgileri desteklemeye devam etmektedirler (Erickson et al., 2005). Son yıllara kadar incirin 6500 yıl önce kültüre alındığı kabul ediliyor ise de, Ürdün’de bulunan incir meyvelerinin 11 400–11 200 yıl öncesine ait oldukları rapor edilmiştir. Meyvelerin partenokarp ağaçlardan toplandığını ve bu ağaçların tohumla değil sadece çelikle üretilbildikleri dikkate alınarak bu makalede incirin kültüre alınışının tahıllardan ve baklagillerden daha önce olduğu ve ilk kültüre alınan bitkinin incir olduğu belirtilmektedir (Kislev et al., 2006).

Dünyanın tropik ve subtropik bölgelerinde yaklaşık 750 *Ficus* türü mevcuttur. *Ficus*’lar ya monoik (yaklaşık 400 tür) veya ginodioik fonksiyonel olarak dioik (yaklaşık 350 tür) yapıdadır (Berg, 1989). Erkek ve dişi ağaçlar genetik olarak birbirinden çok farklı değildir, çünkü erkek ağaçların büyük çoğunluğu erkek X dişi melezlemesinden elde edilen bitkilerdir (Storey 1975; Valdeyron and Lloyd, 1979). Kültürü yapılan *Ficus carica Caprificus* (erkek) ve *Ficus carica Domestica* (dişi) formlarının incirin önemli bir yabani formu olan *Ficus carica Erinose* alttüründen doğduğu tahmin edilmektedir (Ülkümen vd., 1948). Erkek ve dişi incirler yılda üç defa ürün verirler. Meyve doğuş zamanlarına göre ürünler erkek incirlerde, ilek (ilkbahar), ebe (yaz) ve boğa (sonbahar), dişi incirlerde ise yellop (ilkbahar), iyilop (sonbahar) ve sonlop (kış) olarak isimlendirilir. İncirde dölleme “ilek sineği” olarak adlandırılan *Blastophaga psenes* L. ile olmaktadır. Dişi incirler dölleme

biyolojilerine göre üç gruba ayrılmıştır. İlkbahar ürünü için döllenmeye ihtiyaç duymadıkları halde, yaz ürününü olgunlaştırmak için mutlaka döllenme isteyen San Pedro tipi incirler, her iki ürünü olgunlaştırabilmek için döllenmeye ihtiyaç duyan Smyrna (İzmir) tipi incirler ve her iki ürünü döllenme olmadan olgunlaştırabilen Adi tip (Common) incirlerdir. İncir meyvesinin vegetatif bir organ olduğu dikkate alınarak ileklemeye ihtiyaç duymadan ağaçta olgunlaşan meyveler kalıcı (persistent/partenokarp), olgunlaşmak için mutlak döllenme (ilekleme) ihtiyacı duyan meyveler ise dökülücü (cauducous/partenokarp olmayan) olarak adlandırılır (Storey, 1975).

İncir ıslah programlarında bitkinin cinsiyetinin ve ağacın partenokarp olup olmadığının henüz çimlenme aşamasında belirlenememesi programın çok uzun sürmesine ve aynı zamanda masrafların artmasına neden olmaktadır (Doyle and Ferguson, 1998). Bu çalışmada ıslah çalışmalarında önemli olduğu bilinen bitki cinsiyetinin önceden belirlenmesi yanında bazı meyve kriterleri (meyve kabuk ve iç rengi, meyve ağırlığı ve iriliği), bitkinin partenokarpik meyve (yellop) oluşturma, erkencilik/ geçcilik gibi özellikleri için moleküler işaretleyicilerin belirlenmesi hedeflenmiştir.

2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

İncir, ülkemizin dış ticaretinde önemli yeri olan tarım ürünleri arasındadır. FAO (2005) üretim verilerine göre Türkiye, 280 bin ton yaş incir üretimi ile dünyada ilk sırada yer almakta ve ülkemizi Mısır (170 bin ton), İran (90 bin ton), Yunanistan (80 bin ton) takip etmektedir. Son yıllarda sofralık incir ihracatında önemli bir artış sağlansa da dünya ticaretinde kuru incir ihracatı açısından Türkiye'nin payı (%60-70) çok yüksektir (Aksoy vd., 2001). Özellikle Ege Bölgesi'nin iklim koşullarının sağladığı avantaj ve Sarılop çeşidinin üstün kalitesi dünya kuru incir ihracatında Türkiye'ye ayrıcalık sağlamaktadır. Günümüzde Sarılop çeşidinin kalitesi tartışmasız kabul edilmekte ve incir üreticileri ve sanayisi Sarılop'un bütün özelliklerini taşıyan ancak ileklemeye ihtiyaç duymayan yeni çeşitlere ihtiyaç duymaktadır. İslah çalışmalarında genel olarak hedef altın sarı kabuk rengi, beyaz meyve eti, amber çekirdek, keskin fark edilebilir aroma, iri meyve, taşınmaya dayanıklı kabuk ve partenokarp özelliklerini taşıyan çeşitler elde etmektir (Storey, 1975). Ancak diğer tarım ürünleri ile kıyasladığımız zaman incirde yapılan ıslah çalışmalarının sayısı çok sınırlıdır. Günümüzde dünyada üretimi yapılan bütün incir çeşitleri 'Conadria' hariç Asya ve Avrupa'da yapılan seleksiyon çalışmaları sonucunda elde edilen genotiplerden oluşmaktadır. Storey (1975)'in bildirdiğine göre ıslah yoluyla yeni çeşitler geliştirmek amacıyla yapılan ilk girişimler Swingle (1908, 1912), Hunt (1911,1912), Burbank (1914), Rixford (1918, 1926) ve Noble (1922) tarafından başlatılmıştır. Smith tarafından 1922 Kalifornia Üniversitesi'nde bir incir ıslah projesi başlatılmış ve bu proje 1928'de The Citrus Research

Center and Agricultural Experiment Station'a taşınmış ve Ira J. Condit, Storey ve Warner tarafından yürütülen bu proje sonucunda 'Conadria' çeşiti elde edilmiştir. 1956 yılında ticari üretime sunulan bu çeşit planlı bir ıslah programı dahilinde elde edilen tek incir çeşidi olmuştur (Storey, 1975).

Islah çalışmalarına hizmet eden iki önemli araç genetik kaynakların moleküler yöntemlerle tanımlanması ve moleküler işaretleyicilerdir. Islah çalışmalarında gen kaynaklarının zenginliği ve bu kaynakların tanımlanması elde edilecek yeni çeşitlere kazandırılacak özelliklerin belirlenmesi açısından çok önemlidir. Islah materyalleri arasındaki genetik akrabalık bilgileri yeni çeşit geliştirme çalışmalarında sonuca daha kısa sürede ulaşmamızı sağlar (Mohammadi and Prasanna, 2003).

Genetik çeşitlilik ve gen havuzlarındaki akrabalık dereceleri bir çok metot kullanılarak farklı açılardan değerlendirilmektedir. Elde edilen çıktılar gen kaynaklarının sınıflandırılması, gen kaynaklarının idaresi, genetik kaynakların zarar görme ve risk değerlendirmelerinin yapılması, ürün çeşitlerinin kayıt altına alınması gibi çalışmalara yön verir. Bu bilgilerin çoğu, eskiden beri bitkinin fenotipine, coğrafik orijinine, sosyal tarihine, ana ve babasından taşıdığı benzerliğe dayanırdı. Bu yöntemler genetik kaynakların değerlendirilmesinde hala kullanılan ve çok etkili yöntemler olsa da daha sonra geliştirilen moleküler yöntemler ile daha hızlı, kapsamlı ve tekrar edilebilir bilgilere ulaşmak mümkün olmaktadır (Lee, 1998). Her türün gelişim tarihinin bilinmesi, genetik çeşitliliğin seviyesini ve dağılımının tespitinde önemli rol oynar (Hamrick, 1992).

Genetik kaynakların tanımlanması, ıslah materyallerinin sınıflandırılması ve aralarındaki akrabalık derecelerinin belirlenmesi amacıyla değişik meyve türlerinde pek çok moleküler çalışma yapılmıştır. Papayada (*Carica papaya*) AFLP primerleri kullanılarak yapılan çalışmada *Carica papaya* türleri, ıslah hatları, genetik kaynakları ve akraba türler arasındaki genetik ilişkiler ortaya konmuştur (Kim et al., 2002). Vegetatif yolla üretilen ‘Cabernet Sauvignon’ üzüm çeşidinin farklı ülkelerde yetiştirilen (Fransa, Şili,İspanya, Avustralya, Macaristan, ABD ve İtalya) klonları 84 microsatellite işaretleyici ile analiz edilmiş ve klonlar arasındaki benzerlik ve farklılıklar tespit edilmiştir (Moncada et.al., 2006). Yerfıstığında 21 RAPD ve 29 SSR primeri ile yapılan çalışmada ise *Arachismanticoa* ($2n=4x=40$) ve *A. hypogaea*’nın yakın akraba oldukları belirlenmiştir (Raina et al., 2001). Üzümde Fransız x American hibritlerinin genetik geçmişlerini araştırmak amacıyla yapılan çalışmada SSR ve RAPD primerleri kullanılmıştır (Pollefeys and Bousquet , 2003). Çin ve Akdeniz Bölgesi’nden 36 badem (*P. communis Fritsch.*) çeşidi ve *Prunus* cinsine air 8 farklı tür SSR primerleri ile analiz edilmiş ve Akdeniz ve Çin bademleri ayrı ayrı grup oluşturmuşlardır (Xu et al., 2004). Farklı coğrafyadan seçilen (Avrupa, Kuzey Amerika, Kuzey Afrika, Türkiye, İran ve Çin) çeşitler ile kayısıda (*Prunus armeniaca* $2n=16$) genetik farklılıklar, AFLP primerleri kullanılarak analiz edilmiştir (Hagen et al., 2002). Farklı coğrafik orijinlerden gelen genotipler arasındaki genetik akrabalık ilişkilerini anlamak amacıyla kayısıda yapılan bir başka çalışmada SSR primerleri kullanılmış ve SSR’ların DNA parmakizi çalışmalarında etkili bir araç olduğu vurgulanmıştır (Romeoro et al., 2003). Elmada yapılan genetik farklılığın

belirlenmesi çalışmasında ise SSR ve AFLP primerleri kullanılmıştır (Coart et al., 2003).

Yenidünyada yapılan genetik çeşitliliğin belirlenmesi çalışmasında ise farklı coğrafik orijinlerden alınan 40 yenidoğya çeşidi (*Eriobotrya japonica* (Thunb) Lindl) microsatellite primerleri ile taranarak farklı coğrafyadan gelen genotiplerin orijinlerine göre gruplara ayrıldığı tesbit edilmiştir (Soriano et al., 2005).

İncirler arasındaki akrabalık derecelerini belirlemek amacıyla dünyada bazı çalışmalar yapılmıştır. İtalya’da yapılan bir çalışmada 39 incir genotipi RAPD primerleri ile genetik benzerlikleri açısından analiz edilmiş ve kurutmalık incirlerin ayrı bir grup oluşturdukları belirtilmiştir (De Masi et al., 2005). Tunus’ta yapılan bir başka çalışmada incir genotipleri arasındaki benzerlik ve farklılıkların belirlenmesi amacıyla 8 tane SSR primeri geliştirilmiştir (Khadari et al., 2001) ve daha sonra bu SSR primerleri ve bunlara ilaveten ISSR primeleri de kullanarak 75 incir genotipinin benzerlik ve farklılıkları analiz edilmişler (Khadari et. al., 2004). Tunus’ta yapılan çalışmada genotipler arasındaki benzerlik ve farklılıkları tesbit etmek amacıyla ISSR primerleri kullanılmıştır (Salhi-Hannachi et al., 2002). 72 incir genotipini analiz etmek için microsatellite primerleri kullanarak özellikle içsel seviyede yüksek derecede genetik farklılık elde edilmiştir (Saddoud et al., 2007). Tunus’ta yapılan bir başka çalışmada ise genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla RAPD primerleri kullanılmış ve aynı coğrafik orijinden gelen 35 incir çeşidi 44 RAPD primerleri ile iki gruba ayrılmıştır (Salhi-Hannachi., 2006). Farklı coğrafik orijinden gelen genotiplerin akrabalık durumlarını genetik

seviyede belirleyebilmek için 64 incir genotipi RAPD primerleri ile taranmıştır (Papadopoulou, 2002).

İncir genetik kaynakları bakımından ülkemiz oldukça zengindir. Anadolu incirin anavatanı sayılan topraklar içinde yer aldığı için değişik bölgelerde çok farklı incir genotipleri mevcuttur (Aksoy, 1998). Bu genetik zenginliğin tanımlanması ve sınıflandırılması için ülkenin değişik bölgelerinde birçok survey çalışmaları yapılmıştır. 1948 yılında Ülkümen ve arkadaşlarının başlattığı seleksiyon çalışmaları (Özbek, 1949; Dokuzoğuz, 1964; Eroğlu, 1982) devam etmiş ve 272 incir genotipi belirlenerek Erbeyli İncir Araştırma Enstitüsü'nde bu genotipler toplanmıştır. "İncir Seleksiyonu" projesi kapsamında ayrıca Ege Bölgesi'nden 86 Sarılop klonu seçilerek yine Erbeyli İncir Araştırma Enstitüsü'nde Sarılop klon seleksiyon bahçesi kurulmuştur. Koleksiyon değerlendirme çalışmaları devam etmektedir (Eroğlu, 1982; Aksoy vd., 1992; Kutlu ve Aksoy, 1997; Nalbant vd., 1998).

Küden ve Tanrıver'in (1998) Doğu Akdeniz ve Güneydoğu Anadolu'da yaptıkları genetik kaynaklar ve seleksiyon çalışmasında Güneydoğu Anadolu'da 38, Doğu Akdeniz'de ise 32 ticari incir çeşidi belirlemişlerdir. Güneydoğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nin sofralık incir açısından en önemli gen merkezi olduğunu belirtmişlerdir.

Özeker ve İsfendiyaroğlu (1998) Çeşme yöresinde yaptıkları çalışmada önemli sofralık çeşitleri değerlendirmişler ve meyve kalitesi açısından analizlerini yapmışlardır. Şahin (1998) Bodrum, Fethiye ve Dalaman'da yaptıkları adaptasyon denemesinde Bursa Siyahı, Darpak, Beyaz Orak, Yeşilgüz, Morgüz, ve Patlıcan çeşitlerini sofralık çeşitler

olarak yüksek performanslı bulmuşlardır. Pomolojik karakterler için Giresun yöresinde yapılan çalışmalarda da beş lokal çeşit sofralık olarak öne çıkmıştır (Bostan vd., 1998). Hilvan, Urfa’da yetiştirilen 9 lokal sofralık incir çeşidinin meyve özellikleri incelenmiştir (Koyuncu, 1998). Ordu’ da 6 lokal sofralık incir çeşidinin fiziksel ve kimyasal özellikleri incelenmiştir (Koyuncu vd., 1998). Erbeyli’de yapılan bir çalışmada ise 220, 250, 501, 535 ve 1013 tipleri yüksek kaliteli breba ürünler veren genotipler olarak belirlenmiştir (Şahin ve Balcı, 1998).

Selekte edilen tipler morfolojik ve pomolojik özellikleri yanında moleküler açıdan da incelenmiştir. Ancak bu konudaki çalışmalar daha az sayıdadır. Çukurova Üniversitesi incir koleksiyon bahçesinden seçilen 30 çeşit 12 RAPD primeri ile karakterize edilmiştir (Aka- Kaçar vd., 2003). Sarılop klonları ile yapılan çalışmada ise isoenzim, RAPD ve AFLP teknikleri kullanılarak klonlar arasındaki farklılıklar ortaya konulmaya çalışılmış ve en iyi sonuç AFLP primerleri ile elde edilmiştir (Cabrita et al., 2001).

Morfolojik ve moleküler çalışmalar ile genotiplerin tanımlanması ve sınıflandırılması yanında önemli özellikler için işaretleyicilerin belirlenmesi ıslah çalışmalarında zaman kazanmak açısından çok büyük önem taşımaktadır. Moleküler işaretleyiciler temelde farklı uzunluktaki DNA fragmentleridir ve birbirine bağlı iki lokusun ne kadar yakınlıkta oldukları moleküler işaretleyicilerin kalıtımlarının gözlenmesiyle ölçülebilir (Skot, 2003).

İşaretleyici Destekli Seleksiyon (Marker Assisted Selection), ıslah çalışmalarında her sorunun çözümü olmasa da büyük katkı

sağlamaktadır. 1990'lı yılların başlarından beri DNA teknolojisi klasik ıslah programlarında kullanılmaktadır. Domateste birçok dayanıklılık geni (*cf-2*, *cf-4*, *cf-5*, *cf-9*, *sw-5*) tesbit edilmiştir. Bu konuda sebze ve tahıllarda çok sayıda çalışma yapılmıştır. Domateste meyve ağırlığı için F2 haritalama popülasyonu kullanılarak QTL *fw2.2* domatesin 2. kromozomunun bir bölgesinde tespit edilmiştir (Alpert and Tanksley, 1996). Kavunda *Fusarium oxysporum f. sp. Melonis*'e dayanıklılık geni olan Fom-1'E ve Papaya Ring Spot virüsüne dayanıklılık genine bağlı işaretleyiciler elde edilmiştir (Brotman et al., 2005).

Meyve türlerinde moleküler işaretleyiciler geliştirmekle ilgili çalışmalar kısmen sınırlı kalmıştır. Çok yıllık odunsu bitkilerin gençlik kısırılığı ve çok geniş bitki habitatları nedeniyle generasyonlar arası periyotlarının uzun olması bu bitkilerin klasik genetik çalışmalarında daha az kullanılmalarına neden olmaktadır. Bunun yanında meyve ağaçlarının uzun ömürlü olmaları, vejetatif yöntemlerle üretilibilmeleri, türlerarası melezlemeler yapılabilmesi ve genomlarının küçük olması (şeftali $n= 290$ Mbp, çilek $n=164$ Mbp) gibi avantajları vardır. Meyvelerde yapılan çalışmalarda fenotipik karakterin kalıtımıyla ilgili sınırlı sayıda çalışma yapılmıştır. Şeftalide 31 major gen , bademde 3 gen açıklanabilmiştir (Dirlewanger, 2004). Elmada yapılan bir genetik haritalama çalışmasında yapraklara ve meyve etine (göbeğine) kırmızı rengi veren tek bir lokus olduğu (*Rni*) tespit edilmiştir (Chagné et al., 2007).

Üzümde yapılan bir çalışmada gen haritasının bir bölümü tamamlanmış ve cinsiyet oluşumunu kontrol eden ve bir microsatellite işaretleyicisine yakın tek bir lokus tespit edilmiştir. Elde edilen bu

haritanın QTL haritalaması için yeterince kapsamlı olduđu ve üzümde gen klonlaması çalışmaları için bir başlangıç olduđu belirtilmektedir (Dalbó et al., 2000).

Erkek ve dişi çiçekleri farklı ağaçlarda olan bitkilerde cinsiyeti moleküler işaretleyicilerle önceden belirleyebilmek amacıyla bazı çalışmalar yapılmıştır. Güney Asya sahil bölgesinde yetişen *Pandanus fascicularis* L .bitkisinde erkek ve dişi bireyleri ayırt etmek için ISSR primerleri kullanılarak yapılan çalışmada erkeklere özel işaretleyici elde edilmiş ve bu işaretleyici dişi ve erkek bitkileri ayırt etmek amacıyla kullanılabileceği belirtilmiştir (Vinod et al., 2007). Papayada (*Carica papaya* L.) RAPD primerleri kullanılarak yapılan çalışmada erkek ve hermofrodit spesifik işaretleyiciler elde edilmiştir (Urasaki et al., 2002). Papaya (*Carica papaya* L.) ile yapılan bir başka çalışmada bitkinin cinsiyetini belirleyen gene bağlı bir moleküler işaretleyici geliştirilmiştir. Geliştirilen SCAR T12 işaretleyicisi ile popülasyondaki hermofrodit bitkiler % 99.2 oranında doğrulukla tespit edilmiştir (Deputy et al., 2004). Pistacia (*Pistacia vera* L.) ile yapılan çalışmada bitkiler henüz fidan aşamasında iken cinsiyetini ayırabilmek için dişilere özel bir işaretleyici geliştirilmiştir (Yakubov et al., 2005).

İncirde de cinsiyet tespitini önceden yapabilmek ıslah çalışmalarında hem zaman hem de maliyet açısından önemli bir kazanç sağlar. Doyle ve Ferguson (1991) incir ıslah programı ile elde ettikleri fidanların cinsiyet tayinini henüz ilk yıllarda yapamadıkları için yıllarca fidanlıkta bakım işlemlerini yapmışlar ve 6-7 yıl sonra elde ettikleri fidanların yaklaşık %50'sini erkek oldukları için elimine etmişlerdir (Doyle and Ferguson, 1998).

İncirde erkek ve dişi bitkilerin erken yaşta ayırt edilebilmesi için bazı morfolojik çalışmalar yapılmıştır. Stoma sayılarına göre erkek ve dişi bireyleri ayırt etmek için yapılan bir çalışmada sonuçların yıllara göre farklılık gösterdiği belirtilmiştir (Mısırlı vd., 1998a). Fenolik bileşikler açısından yapılan çalışmada ise erkek incirlerde fenolik bileşiklerin daha fazla olduğu ancak daha detaylı çalışmalara gerek olduğu belirtilmiştir (Mısırlı vd., 1998b).

İncirin de dahil olduğu *Ficus* türlerinde erkek ve dişi bitkilerin ayırt edilmesi ile ilgili *Ficus fulva*'da yapılan çalışmada erkek spesifik AFLP işaretleyicileri tesbit edilmiştir. Ancak erkek spesifik AFLP işaretleyicisi sekans edilip SCAR işaretleyicisine çevrildikten sonra erkek ve dişi bireylerde aynı bandı vermiştir (Parrish et al., 2004).

Ayrıca dişi ve erkek incir genotiplerinde RAPD primerleri kullanarak yapılan çalışma da önemli bazı erkek incirleri ayırt edilmiştir (Hepaksoy vd., 2004).

Erkek incirlerle yapılan bir çalışmada ise 49 adet primerin erkek incirler arasındaki farklılığı belirleme oranı %21.3 bulunmuş, ayrıca bazı çeşitlere özgü belirteçler tespit edilmiştir (Dalkılıç vd., 2006).

Meyvecilikte yapılan genetik farklılığın belirlenmesi ya da DNA parmakizi çalışmalarında daha çok RAPD (Random amplified polymorphic DNA), ISSR, SSR, AFLP primerleri kullanılmıştır. RAPD PCR'a dayalı çalışan ve dominant işaretleyicilerdir ve primerleri genomda rastgele fragmentler çoğaltır (Williams et al., 1990). SSR (Simple Sequence Repeat) primerleri, genomda tekrarlanan bölgelere özgü primer sentezlenmesi ile oluşturulurlar ve PCR'a dayalı çalışırlar.

ISSR primerleri genomda tekrarlanan bölümlerin arasında kalan kısımları çoğaltırlar, uygulaması kolaydır ve PCR'a dayalı çalışırlar. SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilmiş bir moleküler işaretleyici sistemidir. PCR temelli bir sistem olan SRAP, iki primer kombinasyonu (forward ve reverse) şeklinde çalışır. Primerler 17-18 nükleotitden meydana gelmekte ve bunlardan bir tanesi forward diğeri ise reverse olarak adlandırılmaktadır. Bu primerlerde 13-14 nükleotitden oluşan bir çekirdek sekans kısmı ve bunu takip eden 3 seçici nükleotitden oluşan bölüm bulunmaktadır. SRAP primerleri genomun fonksiyonel kısımlarını hedef aldığından teorik olarak RAPD ve AFLP gibi sistemlerden daha üstündür (Li and Quiros, 2001). Kabaklarda genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan SRAP primerleri AFLP primerlerinden daha etkili bulunmuştur (Ferriol et al., 2003). Buffalograss (Manda Otu, sıcak iklim çim bitkisi) için yapılan çalışmada farklı bölgelerden seçilen buffalograss popülasyonları arasındaki farklılık, SRAP primerleri kullanılarak tesbit edilmiştir (Budak vd., 2004).

Moleküler işaretleyiciler, fenotipik bir özelliğin genetik analizi ve genomun moleküler haritasını oluşturmak için kullanılır. Meyve rengi, meyve ağırlığı, verim gibi fenotipik özelliklerin altında yatan genetik varyasyonlar birçok kantitatif özelliğin açılımı (segregasyonu) sonucu oluşur. Her biri toplam varyasyonun bir bölümünü açıklayan QTL'lerin ifadesi, diğer genlerle ilişkileri ve çevre etkisiyle olur (Paran and Zamir, 2003). Genetik haritalamanın amacı da kantitatif özelliklerin altında yatan gene fiziksel olarak yakın, genle birlikte hareket eden ve kalıtımı basit olan işaretleyicileri tespit etmektir. Herhangi bir özelliğin

oluşmasında rol oynayan geni ya da ona yakın işaretleyicinin tespit edilmesi ve klonlanmasında QTL haritalaması çok kullanılan bir yöntemdir (Ross- Ibarra et al., 2007). QTL haritalaması ile birçok başarılı çalışma yapılmıştır. Bu çalışmalar, haritalama popülasyonlarında yapılan linkage (bağlantı) analizlerine bağlıdır ve birçok bitkide yapılan genetik analiz çalışmalarına sınırlama getirmektedir (Gupta et al., 2005). İslah çalışmalarında haritalama popülasyonları, fenotipik özelliği kontrol eden genlerin belirlenmesinde kullanılan araçlardır. F2 popülasyonları ve recombinant inbreed line (RIL), F1 popülasyonları, geriye melezleme popülasyonları ve çift (double) haploid hatlar haritalama çalışmalarında kullanılan popülasyonlardır (Meksem and Kahl, 2005). Bitkilerde 10-30 cM bölgesindeki QTL'lerin haritalanmasında saf hatlar başarıyla kullanılmaktadır (Albert and Tanksley, 1996).

Özellikle gençlik kısırlığı süresi uzun olan çok yıllık bitkilerde, kendine döllen bitkilerde ve sadece vegetatif üretim metoduyla üretilen bitkilerde haritalama popülasyonu oluşturmanın zorlukları nedeniyle QTL haritalamasının uygulanmasında zorluklarla karşılaşmaktadır. QTL analiz yönteminin bazı sınırlamalarını aşabilmek için alternatif yaklaşımlar sunulmaktadır. Bunlardan bir tanesi de fenotipten sorumlu olan genetik bölgenin tesbitinde linkage disequilibrium (LD) kullanma temeline dayalı ilişkilendirme (Association) analizleridir (Gupta et al, 2005). Bir ürünün gen havuzunu herhangi bir melezleme yapmadan doğrudan QTL haritalamasında kullanabilmenin tek yolu İlişkilendirme Haritalaması (Association Mapping)'dir (Iwata et al., 2007).

Herhangi bir fenotipik özelliğin haritalanmasında, haritalama popülasyonları (geriye melezleme popülasyonları, F1 popülasyonları,

double haploid popülasyonlar) yerine doğal popülasyonların kullanılması temeline dayanan İlişkilendirme Haritalaması (Association Mapping), daha önceki yıllarda insanlarda Alzheimer ve kistik fibrosis hastalıklarının haritalanmasında (Goldstein et al., 2003) uygulanmıştır. “Association Genetics”, “Association Studies”ve “Linkage Disequilibrium Mapping” olarak ta adlandırılan ilişkilendirme haritalaması (Association Mapping), moleküler işaretleyiciler polimorfizmleriyle karakter farklılıklarının korelasyonunu popülasyon bazında değerlendirir (Oraguzie et.al., 2007).

Son yıllarda ilişkilendirme haritalaması bazı bitkilerde de uygulanmaya başlanmıştır. Mısırdaki yapılan çalışmada *dwarf8* geni ile çiçeklenme zamanı ve bitki boyu arasında bir ilişki olup olmadığını belirlemek amacıyla SSR primerleri ile 92 mısır hattı analiz edilmiş ve sonuçta *dwarf8* geni ile çiçeklenme zamanı arasında bir ilişki olduğu ancak bitki boyu ile *dwarf8* geni polimorfizmi arasında bir ilişki olmadığı belirtilmiştir (Thornsberry et al, 2001). Buğdayda ise tane iriliği ve un kalitesi ile ilgili yapılan çalışmada 149 çeşit kışlık buğday, SSR primerleri ile analiz edilmiş ve tane iriliği ile SSR primerleri arasında önemli bir ilişkinin olduğu tespit edilmiştir (Brescaglio and Sorrells, 2006). Yüzkırkaltı arpa çeşidi ve 236 primer ile yapılan çalışmada 18-20 işaretleyicinin arpada verim ile ilişkili olduğu tespit edilmiştir (Kraakman et al., 2004). Arpada yapılan başka bir ilişkilendirme haritalaması çalışmasında ise su stresi ve külemeye dayanıklılık ile işaretleyiciler arasında ilişki bulunmuştur (Ivancic et al., 2002). Arpada RFLP işaretleyicisi ile yapılan LD haritalamasında başaklanma zamanı ile RFLP işaretleyicisi arasında da önemli bir ilişki bulunmuştur (Igartua et

al., 1999). Patateste yapılan çalışmada ilişkilendirme haritalaması yöntemi ile *Verticillium* solgunluğuna (*Verticillium dahliae*) dayanıklılık ile işaretleyici arasında önemli ilişki bulunmuştur (Simko et al., 2004).

Association çalışmalarında test edilen örnekteki çözünürlük (resolution) bütün genomdaki LD'nin (Linkage Disequilibrium) yapısına bağlıdır. LD, farklı lokuslardaki allellerin rastgele olmayan ilişkileridir (Rostocks et al., 2006). LD durumunda farklı lokuslarda bulunan alleller birbirlerine bağlı olarak dölden dölle geçmektedir. LE (Linkage Equilibrium) durumunda ise farklı lokuslardaki allellerin birbirinden bağımsız olarak kalıtlımları söz konusudur (Oraguzie et al., 2007). LD haritalamasının en önemli avantajı doğal popülasyonun kullanılması, herhangi bir melezlemeye ve geniş popülasyonlar oluşturmaya gerek duyulmamasıdır. Hem linkage analizlerinde hem de ilişkilendirme çalışmalarında generasyonlar boyunca alleller arasındaki bağı elimine eden tek güç rekombinasyonlardır (Skot, 2003). LD haritalamasında kullanılan popülasyon, tarih boyunca daha fazla mayoza tabi olacağı için QTL popülasyonlarından daha fazla rekombinasyon oluşmuş ve teorik olarak fenotipi etkileyen genle işaretleyicinin arasındaki mesafenin daha kısa olabileceği ve daha başarılı bir haritalama yapılacağı düşünülmektedir. Bu muz, hurma gibi çok yıllık bitkiler için büyük bir avantajdır (Ross- Ibarra et al., 2007). Rekombinasyon oranı kendine döllen türlerde düşüktür ve LD'nin fiziksel olarak uzun bir mesafede kaldığı tahmin edilmektedir. Örneğin Arabidopsis'te LD uzunluğu 1cM (250kb) olarak tespit edilmiştir (Nordborg et al., 2002). LD genellikle yabancı döllen türlerde kendine döllenlerden daha hızlı bir şekilde azalır (mısır ıslah hatlarında 1 kb) (Nordborg, 2000). Çoğunlukla kendine

döllenen Arabidopsis ve soya fasulyesinde LD 10–100 kilobaselerde uzun yıllar kalabilir oysa insan ve mısır gibi yabancı döllenene türlerde daha hızlı bir şekilde azaldığı görülmektedir (Dvornyk et al, 2002).

LD'nin uzunluğu işaretleyici çözünürlüğü ve ilişkilendirme haritalamasının başarısını belirler. LD uzunluğu, türün döllenme durumundan başka popülasyonda meydana gelen bazı olaylardan (dışarıdan popülasyona genotip girmesi, popülasyonda geçmişte yapılan bir seleksiyon, doğal afetler vb.) etkilenmektedir.

İncirde LD'nin uzunluğu ve genomdaki yapısı hakkında henüz bilgi yoktur. İncir popülasyonlarının oluşumu uzun zaman gerektirdiği ve yabancı döllenene bir tür olduğu için incirde LD'nin düşük olması beklenir. Bunların ışığında incir ilişkilendirme haritalaması için uygun bir örnektir. Çalışma materyali olarak kullanılan incir genotipleri ülkemizin farklı bölgelerinden seçilmiştir. Genotipler, kendi bölgelerinde yıllar boyunca rekombinasyona uğramışlardır. İncir yabancı döllendiği için bir fenotipik özelliğe neden olan gene bağlı olan polimorfik işaretleyiciler sözü geçen gene yüksek bir korelasyon sayısı ile bağlı olması beklenmektedir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

Çalışma materyali olarak kullanılan incir çeşitlerine ait örnekler Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Erbeyli İncir Araştırma Enstitüsü koleksiyon bahçesinden temin edilmiştir. Ayrıca 5 çeşit, Alata Bahçe Kùltürleri Araştırma Enstitüsü, 3 çeşit Ege Üniversitesi Ziraat Fakùltesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nden, 2 çeşit National Clonal Germplasm Repository (Davis, California, ABD) ve 1 çeşit Volcani Center (Rehovot, İsrail)'den temin edilmiştir. Çalışmada erkek/dişi karakterler arasındaki işaretleyici çalışmaları için ayrı, meyve kriterleri (meyve kabuk rengi, meyve iç rengi, meyve en/boyu, meyve ağırlığı, erkencilik, partenokarpi (yellop oluşturma)) için ayrı bir popölasyon oluşturulmuştur. Erkek ve dişi karakter için oluşturulan popölasyon 47 erkek, 49 dişi bireyden oluşmuş ve genotiplerin mümkün olduğu kadar orijinlerinin farklı bölgeler olmasına dikkat edilmiştir.

Çizelge 3. 1 Erkek/Dişi genotiplerin listesi.

Erkek Genotipler			Dişi Genotipler		
1	Kara ilek	Ege	48	244 Kavak Patlıca	Marmara
2	Şeytan-2	Ege	49	323 Fahli	Akdeniz
3	Çaçaron-2	Ege	50	1104 Patlıcan	Ege Bölgesi
4	Derviş Ali	Ege	51	528 Kara incir	Karadeniz
5	Kızılay-1	Ege	52	712 Siyah incir	İç Anadolu
6	Büyük Konkur	Ege	53	305 Mor incir	Akdeniz
7	Kaba ilek	Ege	54	202 Siyah	Marmara
8	Hamza ilek	Ege	55	1045 Morgüz	Ege
9	Frenk	Ege	56	523 Dilaver	Karadeniz
10	Yanako-2	Ege	57	701 Mor	İç Anadolu
11	Kaba ilek	Ege	58	709 Kızıl mor	İç Anadolu
12	Küçük Konkur	Ege	59	304 Ak incir	Akdeniz
13	Taşlık	Ege	60	232 Koca yemiş	Marmara
14	Körpe İlek	Ege	61	1035 Sarı çiçek	Ege
15	Hacı Yusuf	Ege	62	513 Filestos	Karadeniz
16	Armut ilek	Ege	63	708 Darpak	İç Anadolu
17	Bostancı	Ege	64	407 Halebi	Güneydoğu
18	Sarı ilek	Ege	65	1103 Beyaz incir	Ege
19	Gabalı	Ege	66	241 Gök bardak	Marmara
20	Damarlı	Ege	67	503 Ağ inciri	Karadeniz
21	Hacı Abdullah	Ege	68	404 Kış Hayri	Güneydoğu
22	Afyoncu	Ege	69	403 Sultani	Güneydoğu
23	Şeytan-1	Ege	70	235 Yediveren	Marmara
24	Elma ilek	Ege	71	1032 Devetabanı	Ege
25	Kara erkek-2	Ege	72	542 Siyah Bökele	Karadeniz
26	Mor demirtaş	Ege	73	710 Ekşi incir	İç Anadolu
27	Mor ilek	Ege	74	310 Armut sapı	Akdeniz
28	Ayar dolduran	Ege	75	308 Beyaz	Akdeniz
29	Kavun ilek	Ege	76	1036 Lop	Ege
30	Yanako-1	Ege	77	508 Baldırcın	Karadeniz
31	Ak erkek-1	Ege	78	402 Halebi	Güneydoğu
32	Çakın-2	Ege	79	245 Sarı Yemiş	Marmara
33	Ak ilek	Ege	80	242 Sarı bardak	Marmara
34	Karabulut	Ege	81	705	İç Anadolu
35	Kara erkek	Ege	82	1013 Beyaz orak	Ege
36	Kızılay-2	Ege	83	1012 Siyah orak	Ege
37	Kıbrıslı	Ege	84	1019 Karabakunya	Ege
38	008	ABD	85	506 Beyaz sultani	Karadeniz
39	188	ABD	86	1066 Yediveren	Ege
40	A1	Akdeniz	87	1071 Karabakunya	Ege
41	A2	Akdeniz	88	401 Mor özer	Güneydoğu
42	A3	Akdeniz	89	1001 Göklop	Ege
43	A4	Akdeniz	90	237 Bursa siyahı	Marmara
44	A5	Akdeniz	91	321 Mor Seyhan	Akdeniz
45	Yanako-2	Ege	92	313 Kırmızı incir	Akdeniz
46	Kuyucak	Ege	93	1090 Esmer bal	Ege
47	Adalı	Ege	94	1093	Ege
	-	-	95	1065 Arap inciri	Ege
	-	-	96	Kalazi	Güneydoğu

Meyve kriterleri için oluşturulan ikinci popülasyon 96 dişi bireyden oluşmuştur. Genotipleri seçerken orijinlerinin farklı bölgelerden olması yanında en koyu (siyah-mor) kabuk renginden en açık (sarı) renge sahip genotipler yanında yeşil, sarı-yeşil, kahverengimsi mor gibi farklı kabuk renklerine sahip genotipler seçilmiştir. Seçilen genotiplerin kabuk rengi için 1 ile 11 arasında değişen skala (Siyah-1, Mor-2, Koyu mor-3, Yeşil mor-4, Kahve mor-5, Sarı yeşil-6, Açık mor-7, Sarı-8, Sarı-yeşil-9, Açık yeşil-10, Yeşil-11) oluşturulmuş, ayrıca meyve boyutları ve meyve ağırlığı için koleksiyon bahçesinde en iri ve en küçük meyveye sahip genotipler öncelikle seçilmiştir. Seçilen genotiplerin olgunlaşma dönemleri de dikkate alınarak erkenci ve geçici genotiplerden örnekler alınmıştır. Çizelge 3.2’de kullanılan genotiplerin listesi verilmiştir.

Çizelge 3. 2 Meyve özellikleri için kullanılan dişi genotiplerin listesi.

Siyah kabuk renkli genotipler			Beyaz kabuk renkli genotipler		
1	244 Kavak patlıcan	Marmara B	49	402 Halebi	Güneydoğu
2	243 Susak	Marmara B	50	308 Beyaz	Akdeniz
3	226 Kasım inciri	Marmara B	51	306 Bodrum inciri	Akdeniz
4	224 Beyaz incir	Marmara B	52	213 Kara yemiş	Marmara
5	220 Dumanlıkara	Marmara	53	326 Tarak	Akdeniz
6	218 Siyah	Marmara	54	1081 Sarılop kimera	Ege
7	215 Midilli	Marmara	55	522 Turnaboyu	Karadeniz
8	216 Siyah incir	Marmara	56	534 Sarı incir	Karadeniz
9	208 Siyah incir	Marmara	57	245 Sarı yemiş	Marmara
10	237 Bursa Siyahı	Marmara	58	404	Güneydoğu
11	323 Fahli	Ege	59	401 Modrözer	Güneydoğu
12	255 Siyah	Marmara	60	235 Yediveren	Marmara
13	1104 Patlıcan	Ege	61	207	Marmara
14	1026 Siyah incir	Ege	62	201 İstanbul	Marmara
15	1012 Siyah Orak	Ege	63	1044 Bağcılar	Ege
16	1088 Siyah kış	Ege	64	1001 Göklop	Ege
17	1071 Karabakunya	Ege	65	1041 Sarı dizilik	Ege
18	1068 Siyah	Ege	66	205 Sarı dizilik	Marmara
19	1065 Arap inciri	Ege	67	1023 Kuş inciri	Ege
20	1019 Karabakunya	Ege	68	1013 Beyaz orak	Ege
21	1054 Siyah	Ege	69	1048 Aksarı lop	Ege
22	528 Kara incir	Karadeniz	70	1032 Deve tabanı	Ege
23	712 Siyah incir	İç Anadolu	71	1018 Yediveren	Ege
24	250 Yediveren	Marmara	72	1034 Sakız	Ege
25	316 Yayladağ	Akdeniz	73	1079 Yörük inciri	Ege
26	301 Sarı incir	Akdeniz	74	1100	Ege
27	231 Tüylü incir	Marmara	75	1058 Yeşil Midilli	Ege
28	209 Mor incir	Marmara	76	542 Siyah Bökele	Karadeniz
29	1112 Siyah	Ege	77	519 Şeker inciri	Karadeniz
30	1033 Midilli	Ege	78	711 Beyaz incir	İç Anadolu
31	1046 Mor	Ege	79	538 Kabak inciri	Karadeniz
32	1024 Şarmpol	Ege	80	515 Tabak inciri	Karadeniz
33	1090 Esmer Bal	Ege	81	540 Kilis inciri	Karadeniz
34	1086 Mor Lop	Ege	82	531 Değirmen inciri	Karadeniz
35	1060 Sarıca	Ege	83	507 Baldızdın	Karadeniz
36	523 Dilaver	Karadeniz	84	541 Sarı kilis	Karadeniz
37	701 Mor	İç Anadolu	85	529 Kömüş inciri	Karadeniz
38	249 Kavak	Marmara	86	511 Şalgam inciri	Karadeniz
39	535 Horasan	Karadeniz	87	506 Beyaz Sultani	Karadeniz
40	312 Kızıl mor	Akdeniz	88	508 Baldırın	Karadeniz
41	1117 Datça 5	Ege	89	708 Darpak	İç Anadolu
42	1036 Siyah	Ege	90	1080 İzmir Bardakçı	Ege
43	1099	Ege	91	513 Filestos	Karadeniz
44	704	İç Anadolu	92	503 Ağ inciri	Karadeniz
45	221	Marmara	93	253 Sultan Selim	Marmara
46	Siyah çiçek	Ege	94	Beyaz Çiçek	Ege
47	Noire de Cromb	Fransa	95	Yediveren	Ege
48	Nazareth	İsrail	96	Banana	Fransa

Çalışmanın 208 SRAP primer kombinasyonu, 100 adet ISSR, 62 adet RAPD, 8 adet SSR primeri, 2 set erkek özel (male specific) primer ile yapılması planlanmıştır.

SRAP:13 Adet Em (reverse) x 16 adet Me (forward) SRAP primerleri, toplam 208 kombinasyon.

Me1: 5'-TGA GTC CAA ACC GGA TA-3'
 Me2: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA GC-3'
 Me3: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AT-3'
 Me4: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA CC-3'
 Me5: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AG-3'
 Me6: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA CA-3'
 Me7: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA CG-3'
 Me8: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA CT-3'
 Me9: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA GG-3'
 Me10: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AA-3'
 Me11: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AC-3'
 Me12: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA GA-3'
 Me13: 5'- TGA GTC CAA ACC GGA AG-3'
 Em1: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT AAT-3'
 Em2: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT TGC-3'
 Em3: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAC-3'
 Em4: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT TGA-3'
 Em5: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT AAC-3'
 Em6: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GCA-3'
 Em7: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAA-3'
 Em8: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAC-3'
 Em9: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAG-3'
 Em10: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CAT-3'
 Em11: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTA-3'
 Em12: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTC-3'
 Em13: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTG-3'
 Em14: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT CTT-3'
 Em15: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GAT-3'
 Em16: 5'- GAC TGC GTA CGA ATT GTC-3'

SSR: SSR primerleri: MFC1 MFC2 MFC3 MFC4 MFC4 MFC5 MFC6 MFC7 MFC8 (Khadari et al., 2001).

MFC1 F: 5'-ACTAGACTGAAAAAACATTGC-3'
 R: 5'-TGAGATTGAAAGGAAACGAG-3'
 MFC2 F: 5'-GCTTCCGATGCTGCTCTTA-3'
 R: 5'-TCGGAGACTTTTGTTCAT-3'
 MFC3 F: 5'-GATATTTTCATGTTTAGTTTG-3'
 R: 5'-GAGGATAGACCAACAACAAC-3'
 MFC4 F: 5'-CCAAACTTTTAGATACAACCTT-3'
 R: 5'-TTTCTCAACATATTAACAGG-3'
 MFC5 F: 5'-ACCAATCCAAATAATAATCC-3'
 R: 5'-ACACGCTTACTAGAATTACC-3'
 MFC6 F: 5'-AGGCTACTTCAGTGCTACA-3'
 R: 5'-GCCATAAGTAATAAAAACC-3'
 MFC7 F: 5'-CACAATCAAAATAGTTACCG-3'
 R: 5'-AGCGAAGACAGTTACAAAGC-3'
 MFC8 F: 5'-GTGGCGTCGTCTCTAATAAT-3'
 R: 5'-TATTCTATGCTGTCTTATGTCA-3'

RAPD: OPA 01, OPA 02, OPA 04, OPA 09, OPA 19, OPA 20, OPK 04,
 OPK12, OPK15, OPK16, OPK20, OPL05, OPL07, OPL08, OPL10,
 OPL12, OPL14, OPL16, OPL19, OPM 01, OPM02, OPM06, OPM07,
 OPM12, OPM13, OPM 17, OPM20, OPN05, OPN09, OPN10, OPN16
 (Cabrita et al., 2001).

OPA01: 5'-CAGGCCCTTC-3'
 OPA02 : 5'-TGCCGAGCTG-3'
 OPA04 : 5'-AATCGGGCTG-3'
 OPA09 : 5'-GGGTAACGCC-3'
 OPA19 : 5'-CAAACGTCGG-3'
 OPA20 : 5'-GTTGCGATCC-3'
 OPK04 : 5'-CCGCCCAAAC-3'
 OPK12 : 5'-TGGCCCTCAC-3'
 OPK15 : 5'-CTCCTGCCAA-3'
 OPK16 : 5'-GAGCGTCGAA-3'
 OPK17 : 5'-CCCAGCTGTG-3'
 OPK20 : 5'-GTGTCGCGAG-3'
 OPL05 : 5'-ACGCAGGCAC-3'
 OPL07 : 5'-AGGCGGGAAC-3'
 OPL08 : 5'-AGCAGGTGGA-3'
 OPL10 : 5'-TGGGAGATGG-3'
 OPL12 : 5'-GGGCGGTACT-3'
 OPL14 : 5'-GTGACAGGCT-3'
 OPL16 : 5'-AGGTTGCAGG-3'
 OPL19 : 5'-GAGTGGTGAC-3'
 OPM01 : 5'-GTTGGTGGCT-3'
 OPM02 : 5'-ACAACGCCTC-3'

OPM05 : 5'-GGGAACGTGT-3'
 OPM06: 5'-CTGGGCAACT-3'
 OPM07 : 5'-CCGTGACTCA-3'
 OPM12 : 5'-GGGACGTTGG-3'
 OPM13 : 5'-GGTGGTCAAG-3'
 OPM17 : 5'-TCAGTCCGGG-3'
 OPM20 : 5'-AGGTCTTGGG-3'
 OPN05 : 5'-ACTGAACGCC-3'
 OPN09 : 5'-TGCCGGCTTG-3'
 OPN10 : 5'-ACAACTGGGG-3'
 OPN16 : 5'-AAGCGACCTG-3'
 OPH18: 5'-GAATCGGCCA-3'

RAPD primerleri: OPA11 OPA16 OPA18 OPH11 OPK17 OPX5 OPX9
 OPX11 OPY4 OPY11 OPY14 OPZ12 (Khadari et al., 2001).

OPA11 : 5'-CAATCGCCGT-3'
 OPA16 : 5'-AGCCAGCGAA-3'
 OPA18 : 5'-AGGTGACCGT-3'
 OPH11 : 5'-CTTCCGCAGT-3'
 OPK17 : 5'-CCCAGCTGTG-3'
 OPX05 : 5'-CCTTTCCCTC-3'
 OPX09 : 5'-GGTCTGGTTG-3'
 OPX11 : 5'-GGAGCCTCAG-3'
 OPY04 : 5'-GGCTGCAATG-3'
 OPY11 : 5'-AGACGATGGG-3'
 OPY14 : 5'-GGTCGATCTG-3'

RAPD Primerleri:

OPAA08: 5'-GTGACGTAGG-3'
 OPAA09 : 5'- GGGTAACGCC-3'
 OPAA11 : 5'-CAATCGCCGT-3'
 OPAA13 : 5'-CAGCACCCAC-3'
 OPAA15 : 5'-TTCCGAACCC-3'
 OPAB05 : 5'-TGCGCCCTTC-3'
 OPAB06 : 5'-TGCTCTGCCC-3'
 OPAB07 : 5'-GGTGACGCAG-3'
 OPAB12 : 5'-CCTTGACGCA-3'
 OPAB13 : 5'-TTCCCCCGCT-3'
 OPAC05 : 5'-GATGACCGCC-3'
 OPAC08 : 5'-TGGACCGGTG-3'
 OPAC12 : 5'-TGTCATCCCC-3'
 OPAC13 : 5'-AAGCCTCGTC-3'
 OPAD01 : 5'-ACCGCGAAGG-3'
 OPAD02 : 5'-GGACCCAACC-3'

OPAD03 : 5'-GTCGCCGTCA-3'

F. fulva male specific primer : 5'TAA CAT CAT ACT TG 3' (Forward)
5'CAG GAA TTA GCA TAA CCG 3' (Reverse) (Parrish et al., 2004).

Male specific primer design:

Set1:

MS1F 5'- TAA CAT CAT ACT TG -3'F1 (FORWARD)

MS1R 5'-CAG GAA TTA GCA TAA CCG- 3'R1 (REVERSE)

Set2:

MS2F 5'-CTC ATT CTT ATC ATG TG- 3'F2 (FORWARD)

MS2R 5'-GCA TAA CCG ATA AC- 3' R2 (REVERSE)

801 : 5'-ATATATATATATATATT-3'

802 : 5'-ATATATATATATATATG-3'

803 : 5'-ATATATATATATATATC -3'

804 : 5'-TATATATATATATATAA-3'

805 : 5'-TATATATATATATATAC-3'

806 : 5'-TATATATATATATATAG-3'

807 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGT-3'

808 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGC-3'

809 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGG-3'

810 : 5'-GAGAGAGAGAGAGAGAT-3'

811 : 5'-GAGAGAGAGAGAGAGAC-3'

812 : 5'-GAGAGAGAGAGAGAGAA-3'

813 : 5'-CTCTCTCTCTCTCTT-3'

814 : 5'-CTCTCTCTCTCTCTA-3'

815 : 5'-CTCTCTCTCTCTCTG-3'

816 : 5'-CACACACACACACACAT-3'

817 : 5'-CACACACACACACACAA-3'

818 : 5'-CACACACACACACACAG -3'

819 : 5'-GTGTGTGTGTGTGTGTA-3'

823 : 5'-TCTCTCTCTCTCTCC-3'

825 : 5'-ACACACACACACACACT-3'

826 : 5'-ACACACACACACACACC -3'

827 : 5'-ACACACACACACACACG-3'

830 : 5'-TGTGTGTGTGTGTGG-3'

831 : 5'-ATATATATATATATATYA-3'

832 : 5'-ATATATATATATATATYC-3'

833 : 5'-ATATATATATATATATYG-3'

834 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGYT-3'

835 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGYC-3'

837:5'-TATATATATATATATART-3'

838:5'-TATATATATATATATARC-3'

839:5'-TATATATATATATATARG-3'

841:5'-GAGAGAGAGAGAGAGAYC-3'
 842:5'-GAGAGAGAGAGAGAGAYG-3'
 843:5'-CTCTCTCTCTCTCTCTRA-3'
 844:5'-CTCTCTCTCTCTCTCTRC-3'
 845:5'-CTCTCTCTCTCTCTCTRG-3'
 846:5'-CACACACACACACACART-3'
 847:5'-CACACACACACACACARC-3'
 848:5'-CACACACACACACACARG-3'
 849:5'-GTGTGTGTGTGTGTGTYA-3'
 850:5'-GTGTGTGTGTGTGTGTYC-3'
 851:5'-GTGTGTGTGTGTGTGTYG-3'
 852:5'-TCTCTCTCTCTCTCTCRA-3'
 853:5'-TCTCTCTCTCTCTCTCRT-3'
 854:5'-TCTCTCTCTCTCTCTCRG-3'
 855:5'-ACACACACACACACACYT-3'
 856:5'-ACACACACACACACACYA-3'
 857:5'-ACACACACACACACACYG-3'
 858:5'-TGTGTGTGTGTGTGTGRT-3'
 859:5'-TGTGTGTGTGTGTGTGRC-3'
 860:5'-TGTGTGTGTGTGTGTGRA-3'
 861:5'-ACCACCACCACCACCACC-3'
 862:5'-AGCAGCAGCAGCAGCAGC-3'
 863:5'-AGTAGTAGTAGTAGTAGT-3'
 864:5'-ATGATGATGATGATGATG-3'
 865:5'-CCGCCGCCGCCGCCGCCG-3'
 866:5'-CTCCTCCTCCTCCTCCTC-3'
 867:5'-GGCGGCGGCGGCGGCGGC-3'
 868:5'-GAAGAAGAAGAAGAAGAA-3'
 869:5'-GTTGTTGTTGTTGTTGTT-3'
 870:5'-TGCTGCTGCTGCTGCTGC-3'
 872:5'-GATAGATAGATAGATA-3'
 873:5'-GACAGACAGACAGACA-3'
 874:5'-CCCTCCCTCCCTCCCT-3'
 875:5'-CTAGCTAGCTAGCTAG-3'
 876:5'-GATAGATAGACAGACA-3'
 877:5'-TGCATGCATGCATGCA-3'
 878:5'-GGATGGATGGATGGAT-3'
 879:5'-CTTCACTTCACTTCA-3'
 880:5'-GGAGAGGAGAGGAGA-3'
 881:5'-GGGTGGGGTGGGGTG-3'
 882:5'-VBVATATATATATATAT-3'
 883:5'-BVBATATATATATATATA-3'
 884:5'-HBHAGAGAGAGAGAGAG-3'
 885:5'-BHBGAGAGAGAGAGAGA-3'
 886:5'-VDVCTCTCTCTCTCTCT-3'
 887:5'-DVDCTCTCTCTCTCTCTC-3'
 888:5'-BDBCACACACACACACA-3'

889:5'-DBDACACACACACACAC-3'
 890:5'-VHVGTGTGTGTGTGTGT-3'
 891:5'-HVHTGTGTGTGTGTGTG-3'
 892:5'-TAGATCTGATATCTGAATTCCC-3'
 894:5'-TGGTAGCTCTTGATCANNNNN-3'
 895:5'-AGAGTTGGTAGCTCTTGATC-3'
 896:5'-AGGTCGCGGCCGCNNNNNNATG-3'
 897:5'-CCGACTCGAGNNNNNNATGTGG-3'
 898:5'-GATCAAGCTTNNNNNNATGTGG-3'
 899:5'-CATGGTGTGGTCATTGTTCCA-3'
 900:5'-ACTTCCCCACAGGTTAACACA-3'

ISSR primerleri:(P01(AG) G P02(AG)T P03(AG)C P04 (CT)A P05(CT)G
 P06(CT)T P07(AGG)55 P08(TGGA)55 P09(CTG)45 P10 (GACA)45
 P11(GACAC)55.) P12(TC)A P13(TC)G (Salhi-Hannachi et al., 2002)

P01: 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGAGAGG-3'
 P02 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGAGAGT-3'
 P03 : 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGAGAGC-3'
 P04 : 5'-CTCTCTCTCTCTCTCTCTA-3'
 P05 : 5'-CTCTCTCTCTCTCTCTCTG-3'
 P06 : 5'-CTCTCTCTCTCTCTCTCTT-3'
 P07 : 5'-AGGAGGAGGAGGAGGAGG-3'
 P08 : 5'-TGGATGGATGGATGGATGGAC-3'
 P09 : 5'-ACTGACTGACTGACTGCC-3'
 P10 : 5'-GACAGACAGACAGACAT-3'
 P11 : 5'-GACACGACACGACACGACAC-3'
 P12 : 5'-TC TC TC TC TC TC TC TC TCA-3'
 P13 : 5'-TC TC TC TC TC TC TC TC TCG-3'

3.2 Yöntem

3.2.1 Fenotipik ve pomolojik gözlemler

Genotiplere ait özellikleri (erkek/dişi, kabuk rengi, iç rengi, meyve ağırlıkları, meyve çapı/boyu, partenokarpi durumu (yellop oluşturma)) belirlemek amacıyla 2005-2006 yıllarında Erbeyli İncir Araştırma Enstitüsünde 10-20 Ağustos tarihleri arasında fenotipik ve pomolojik gözlemler ile ölçümler yapılmıştır.

Erkek ve dişi bireylerin incelenmesinden sonra meyvelerin olgunlaşma döneminde kabuk rengi için gözlem yapılarak koyu ve açık renkli meyvelere (siyah, mor, yeşil, sarı, yeşil, açık yeşil) sahip genotiplerden her çeşitten, ağacın tamamını temsil edecek renge sahip 5 meyve seçilmiştir. Meyve kabuk renkleri gözle saptandıktan sonra meyve kabuğu rengi ve meyve eti rengi Konica Minolta Chroma Meter CR-400 kullanılarak ölçülmüştür. Meyve kabuğu ve meyve eti rengi için L, a ve b değerleri ölçülmüştür. L* en fazla 100 değerini almakta ve beyaz renge karşılık gelmekte, en az 0 değeri almakta ve siyah renge karşılık gelmektedir. Pozitif a* kırmızı rengi, negatif a* ise yeşil rengi temsil etmektedir. Benzer şekilde, pozitif b* sarı rengi, negatif b* ise mavi renge karşılık gelir. Ayrıca meyve ağırlığı için, ağacın tümünü temsil edecek irilikte meyvelerden her çeşitten 5 meyve seçilerek ağırlıkları tartılarak gram (g) cinsinden belirlenmiştir. Meyve eni ve boyu için yine 5 meyvenin eni ve boyu kompas yardımı ile ölçülmüş, meyve boyu için boynun başlangıç yeri dikkate alınarak boy ölçümleri (cm) yapılmıştır. Çalışma popülasyonları belirlenirken cinsiyet özelliği için belirlenen popülasyonda genotiplerin orijinleri dikkate alınmış (farklı bölgelerden), meyve kriterleri için oluşturulan popülasyonda ise orijinleri yanında yapılan gözlemlere göre her rengi temsil eden (mor, sarı, yeşil), farklı irilikteki (çok iri ve çok küçük) meyvelere sahip, erkenci, geçici ve partenokarpi (yellop oluşturma) durumları dikkate alınmıştır.

3.2.2 DNA izolasyonu

Gözlemler sonucu belirlenen 192 genotipin (96 genotip erkek/dişi popülasyonu, 96 genotip meyve kriterleri popülasyonu) henüz sürmemiş tomurcukları içerisindeki yaprakları ya da yeni sürmüş en taze yaprakları DNA izolasyonunda kullanılmıştır. Modifiye edilmiş CTAB protokolüne (Doyle and Doyle 1990) göre DNA izolasyonu yapılmıştır. Tomurcukların dış kısmındaki kabuklar temizlenerek içteki henüz sürmemiş yapraklar hem taze olması hem de temiz olması nedeniyle DNA izolasyonu için tercih edilmiştir. Taze yapraklar (0.2 gram) 0.6 ml ekstraksiyon çözeltisi (Çizelge 3.3) içerisinde ezilmiş ve 65°C'de 30 dakika inkübe edilmiştir. Kloroform isoamyl alkol (24:1) eklenerek tüp alt üst edilerek karıştırılmış ve 2/3 hacim isopropanol eklenerek -20 °C de 2 saat bekletilmiştir. Santrifüjden (10 dakika 3000 rpm) sonra elde edilen pellet yıkama sıvısı (% 76 etanol ve 10 mM NH₄Ac (amonyum asetat)) ile yıkanmıştır. DNA'lar steril distile suda çözülerek -20 °C de muhafaza edilmiştir. Bütün DNA örnekleri %1'lik agaroz jelde kontrol DNA ile yürütülerek konsantrasyonları belirlenmiştir.

Çizelge 3. 3 DNA Extraksiyon Çözeltisi.

CTAB	% 2
EDTA	20mM
Tris-Cl	100mM
NaCl	1.4M
Mercaptoethanol	%0.2

3.2.3. PCR Optimizasyonu

SRAP, RAPD, ISSR ve SSR primerleri için PCR koşulları optimize edilmiştir. Çizelge 3.4’de her primer için optimize edilmiş DNA, Buffer, MgCl₂, dNTP, primer ve taq miktarları verilmiştir.

Çizelge 3. 4 PCR koşulları.

	DNA 20 ng/μl	Buffer 10x	MgCl ₂ 25mM	dNTP 100m M	Primer 3- 10μM	Primer2 3-10μM	Taq 0,5 U	Su μL	TLμ L
SRAP	1 μL	1.5 μL	1.5 μL	1 μL	2 μL	2 μL	0.2 μL	5.8	15
RAPD	1 μL	1.5 μL	1.5 μL	1 μL	2 μL	-	0.2 μL	7.8	15
SSR	2 μL	1.5 μL	1.5 μL	1 μL	2 μL	2 μL	0.2 μL	4.8	15
ISSR	1 μL	1.5 μL	2 μL	1 μL	2 μL	-	0.2 μL	7.3	15

Çizelge 3. 5 Primerler için PCR Programları.

SRAP	RAPD	ISSR	SSR
1-94 °C 5:00	1-94 °C 3:00	1-94 °C 2:30	1-94 °C 3:00
2-94 °C 1:00	2-94 °C 1:00	2-94 °C 0:40	2-94 °C 0:30
3-35 °C 1:00	3-38 °C 0:45	3-48 °C 0:45	3-53 °C 0:30
4-72 °C 1:00	4- 72 °C 2:00	4- 72 °C 1:30	4-72 °C 1:00
5-GO TO 2, 5 TIMES	5-GO TO 2, 35 TIMES	5-GO TO 2, 35 TIMES	5-GO TO 2, 35 TIMES
6-94 °C 1:00	6-72 °C 10 TIMES	6-72 °C 10 TIMES	6-72 °C 5
7-50 °C 1:00	7-END	7-END	TIMES
8-GO TO 6, 35 TIMES			7-END
9-72 °C 5 TIMES			
10-END			

3.2.4 Bulkların oluřturulması ve primerlerin taranması

Erkek, diři (siyah kabuk renkli), diři (beyaz kabuk renkli) ve partenokarp çeřitlerden farklı coğrafyadan gelen genotipler seřilerek bulk DNA oluřturulmuřtur. Her bulk 7 farklı genotipten oluřturulmuř, bulklar oluřturulurken her genotipin DNA'sından eřit miktarda alınarak (10 µl) bir eppendorf tüpte karıřtırılarak PCR için, karıřım DNA kullanılmıřtır. Yukarıda listesi verilen primerlerin tamamı, bulk DNA ile taranarak polimorfik band veren primerler bireylerin taranması için seřilmiřtir.

Çizelge 3. 6 Bulkları oluřturan genotipler.

Siyah kabuk renkli genotipler	Beyaz kabuk renkli genotipler	Partenokarp genotipler	Erkek genotipler
Kavak patlıcan (Marmara)	Halebi (Güneydođu)	Siyah Orak (Ege)	Armut ilek
Fahli (Akdeniz)	Kocayemiř (Marmara)	Beyaz Orak (Ege)	Hamza
Patlıcan (Ege)	Sarılop (Ege)	Karabakunya (Ege)	Kıbrıřlı
Kara incir (Karadeniz)	Turnaboyu (Karadeniz)	Beyaz Sultani (Karadeniz)	Bostancı
Siyah incir (İç Anadolu)	Beyaz (Akdeniz)	Yediveren (Ege)	Sarı İlek
Siyah(iç anadolu)	Baldırcın(Karadeniz)	Siyah Çiçek (Ege)	Çakın-2
Siyah incir (İç Anadolu)	Sarı İncir (Karadeniz)	Beyaz Çiçek (Ege)	Ak İlek

3.2.5 Bireylerin polimorfik bulunan primerler ile taranması

Bulklar arasında (erkek/diři, siyah kabuk rengi/ sarı kabuk rengi, partenokarp/ partenokarp olmayan) polimorfizm veren primerler tespit

edilmiştir. Erkek ve dişi bulk DNA'sı arasında polimorfizm veren 88 primer ile (Çizelge 3.7) erkek ve dişi popülasyonundaki 96 bireyin DNA'sı kullanılarak PCR kurulmuştur. Meyve kabuk renginde polimorfizm veren 121 adet primer ile meyve kriterleri için seçilmiş popülasyonun bireylerinden izole edilen DNA'lar ile PCR kurulmuştur. Elde edilen jel fotoğrafları skor edilerek 150 adet polimorfik band elde edilmiştir. Bu veriler ilişkilendirme haritalama analizinde kullanılmıştır.

3.2.6 Moleküler işaretleyicilerin oluşturulması

Jel görüntüleme sistemi kullanılarak elde edilen görüntüler, bant varlığı durumunda (1), yokluğu durumunda (0) değerleri verilerek Excel dosyasına girilmiştir.

3.2.7 Filogenetik ilişki analizi

UPGMA dendrogramlarının benzerlik ve korelasyon matrixlerini güvenilir bir şekilde temsil edip etmediğini saptamak için NTSYS programında yer alan MXCOMP modülü kullanılarak Mantel testi ile korelasyon katsayıları tesbit edilmiştir. Bu test ile 0.70 ve üzerinde bulunan korelasyon katsayısı dendrogramların güvenilir bir şekilde kullanılmasını sağlayabilecektir.

Erkek/dişi popülasyonu ve meyve kriterleri popülasyonu için oluşturulan işaretleme verileri, NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System, NTSYS-pc version 2.2 Exeter Software,

Setauket, N.Y., USA, Rohlf, 1993) bilgisayar paket programında analiz edilmiştir. Benzerlik indeksleri DICE (1945)'e göre hesaplanmıştır. Ayrıca iki boyutlu grafik üzerinde genotipler arasındaki mesafeleri gösteren Temel Bileşenler Analizi (Principle Komponent Analizi=PCA) aynı program kullanılarak yapılmıştır.

3.2.8 Popülasyon yapısının belirlenmesi

Moleküler işaretleyici aradığımız fenotipik özelliklerin (erkek/dişi genotip, meyve kabuğu rengi, meyve iç rengi, meyve ağırlığı, meyve eni-boyu, erkencilik/geçcılık, partenokarpi) TASSEL programını kullanarak ilişkilendirme analizini yapabilmek için önce popülasyon yapısının analiz edilmesi gerekmektedir. Bunun için SAS 8.2 programı kullanılarak toplam 307 işaretleyici korelasyon analizine tabi tutulmuştur. Korelasyon analizi sonucunda birbiriyle korelasyon göstermeyen 259 işaretleyici Q matrix oluşturmak için Structure Programına (Pritchard et al., 2000) tabi tutulmuştur.

Structure programı popülasyonun yapısını analiz ederek popülasyon oluşturan bireyleri alt popülasyonlara ayırarak Q matrix oluşturur. Structure programı ile yapılan analiz sonucunda 4 alt popülasyon oluşturulmuş ve bu popülasyon modelleri TASSEL programında kullanılmıştır.

3.2.9 İşaretleyici-karakter ilişkisi analizi

Erkek/dişi, partenokarpi, erkencilik/geçcılık ve meyve özelliklerinin bulduğumuz polimorfik bandlarla ilişkisini hesaplamak için Structure programında oluşturulan Q matrix kullanılarak TASSEL programındaki “Fixed Effect General Linear Model” modeli kullanılmıştır. İşaretleyici karakter ilişkisinin kabul edilebilir olabilmesi için $p < 0.05$ olması gerekir. Her işaretleyici ile karakter arasında üç farklı p değeri hesaplanmıştır.

P İşaretleyici:İşaretleyici: karakter korelasyonu (Single Factor Anova)

P Perm İşaretleyici :3000 Permutasyon için hesaplanan P değeri.

P Adj İşaretleyici: Popülasyon yapısını (Q matrix) dikkate alarak bulunan P değeri .

Analize tabi tutulan işaretleyicilerin karakterler ile bir ilişkisinin olduğunu kabul etmek için üç p-değerinin de önemli bulunması ($p < 0,05$) gerekmektedir.

Kümülatif R^2 değerini hesaplamak için TASSEL GLM-Q analizinde önemli bulunan işaretleyiciler SAS programında forward ve backward (ileri-geri) Stepwise Regresyon analizine tabi tutulmuştur.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1 Filogenetik İlişki Analizleri

Erkek/dişi genotiplerden ve sadece dişi genotiplerden (meyve özellikleri için) oluşturulan iki popülasyonun bireyleri kendi aralarında filogenetik ilişki analizine tabi tutularak birbirlerine olan yakınlıkları tesbit edilmiştir.

4.1.1 Erkek-dişi genotiplerin filogenetik analizi

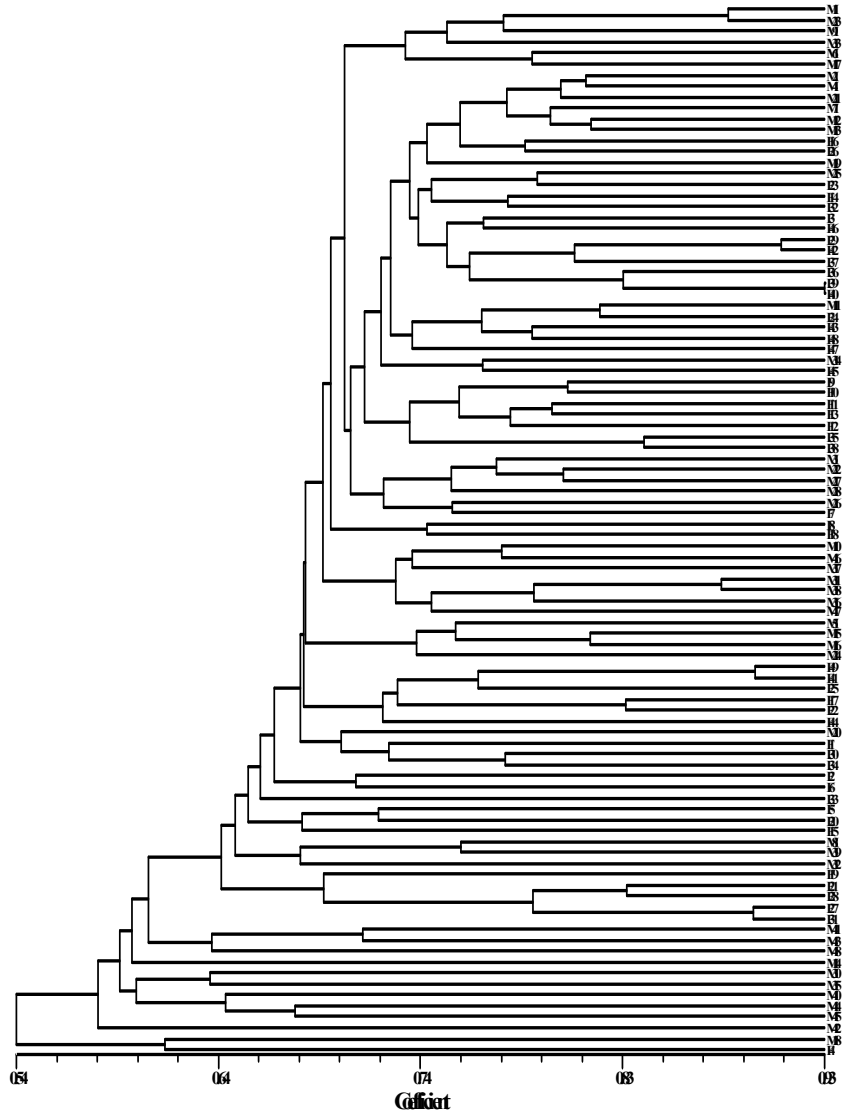
Erkek ve dişi bireyler için işaretleyici geliştirmek amacıyla oluşturulan popülasyonda 96 genotip (47 erkek+49 dişi) kullanılarak daha önce bulk DNA’larda polimorfizm veren 88 primer ile yapılan PCR’lar sonucu 150 polimorfik band elde edilmiştir.

Oluşturulan dendrogramda (Şekil 4.1) Mantel test sonucu benzerlik matrisi ve dendrogramın transformasyonu ile 100 permutasyon ile elde edilen ultra metrik mesafeleri arasındaki korelasyon katsayısı 0.76 bulunmuştur. Bu sonuç, elde edilen dendrogramın DICE metoduna göre elde edilen benzerlik matrisini kabul edilebilir ölçüde temsil ettiğini göstermektedir. Erkek ve dişi genotiplerin oluşturduğu 96 bireyin birbirine benzerliği 0.54 ile 0.93 arasında değişmiş ve ortalama benzerlik 0.74 bulunmuştur. Çoğunluğunu SRAP primerlerin oluşturduğu bu çalışmada erkek ve dişi bireyler arasında kesin bir ayırım gözlenmemiştir. Tunus’ta yapılan benzer bir çalışmada erkek genotiplerin dişilerden tam

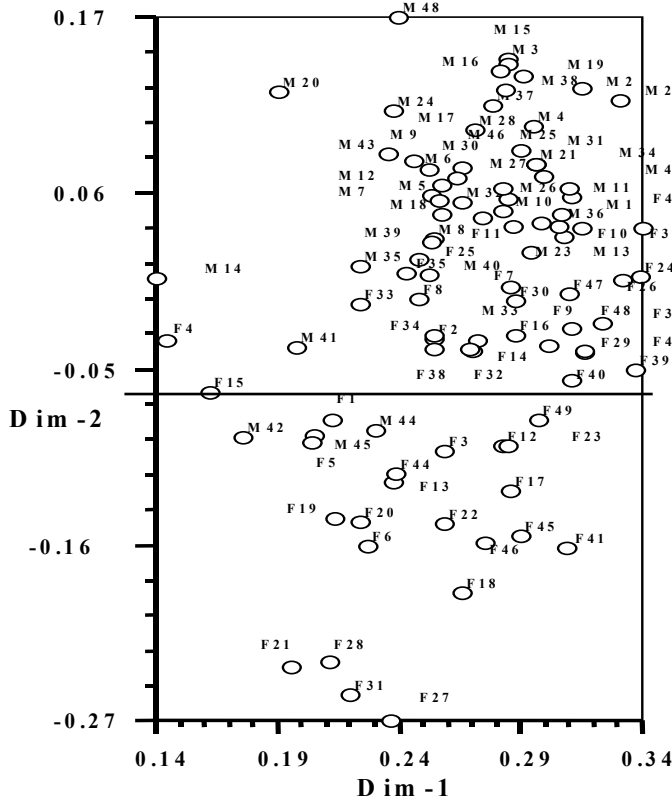
olarak ayrı durmadığı ve erkeklerle dişiler arasında genetik farklılığın çok fazla olmadığı belirtilmiştir (Salhi-Hannachi et al., 2006).

Dendrogramın alt, orta ve üst kısmında erkek bireylerin küçük gruplar halinde yoğunlaştığı gözlenmekle beraber erkek ve dişi bireyler arasında kesin bir gruplaşma olmamıştır. İncirin yabancı döllendiği ve her döllenmede erkek ve dişi bireylerin melezlendiği göz önüne alınınca erkek ve dişi genotiplerin birbirleri ile iç içe olmaları beklenen bir sonuç olmaktadır.

Erkek dişi popülasyonunda elde edilen 150 moleküler işaretleyici verisi kullanılarak yapılan Temel Bileşenler Analizinde (PCA) (Şekil 4.2) ilk üç eigen değeri varyasyonun %37'sini açıklamıştır. Bu değer PCA metodunun sonuçlarının güvenilir olduğunu göstermektedir. Grafikte erkek bireyler grafiğin üst bölümünde dişi bireyler alt bölümde yer almıştır. UPGMA analizi erkek ve dişi bireyleri ayıramamışken TBA ile elde edilen 2 boyutlu grafik erkek ve dişi bireyleri ayırabilmiştir. Bunun sebebi iki metod tarafından kullanılan hesaplama yöntemlerinin farklı olmasından kaynaklanabilir. UPGMA benzerlik katsayısını hesaplamak için DICE metodunu kullanırken TBA kovaryans matrisini kullanmaktadır.



Şekil 4. 1 47 erkek 49 dişi incir genotipi arasında 150 adet moleküler işaretleyicinin kullanımıyla NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin seviyesi.

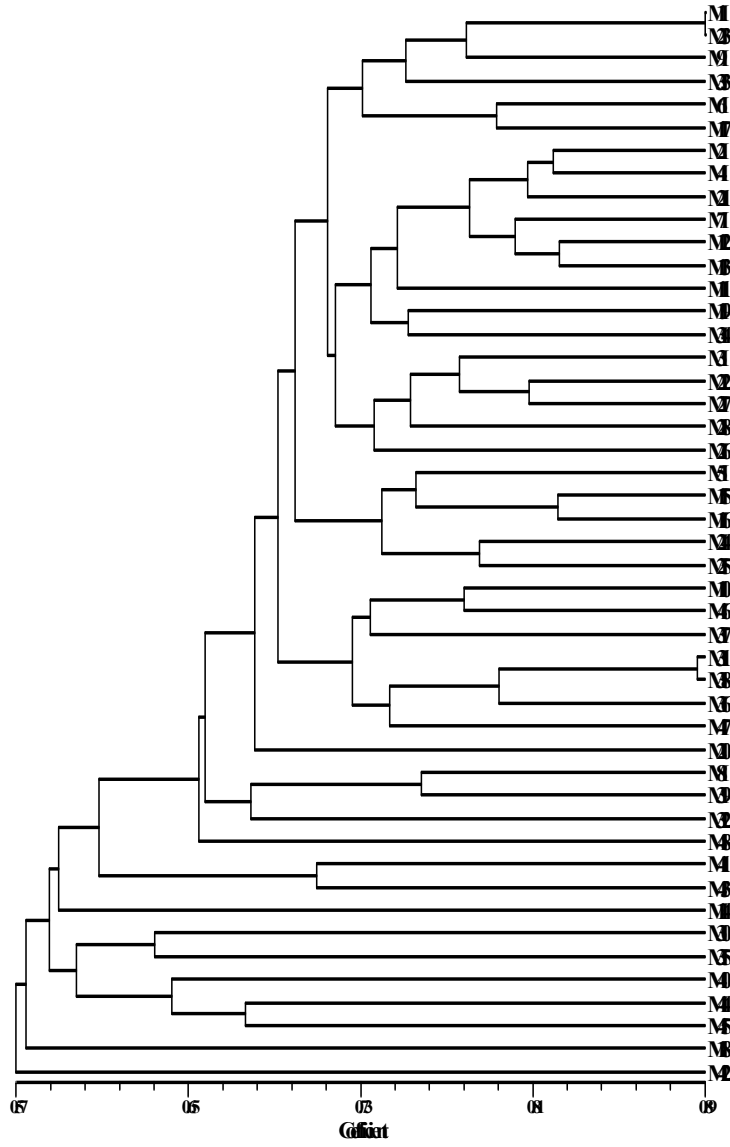


Şekil 4. 2 Kırk yedi erkek ve kırkdokuz dişi birey arasındaki Temel Bileşenler Analizinden (PCA) elde edilen iki boyutlu düzlem üzerinde genotiplerin dağılımı.

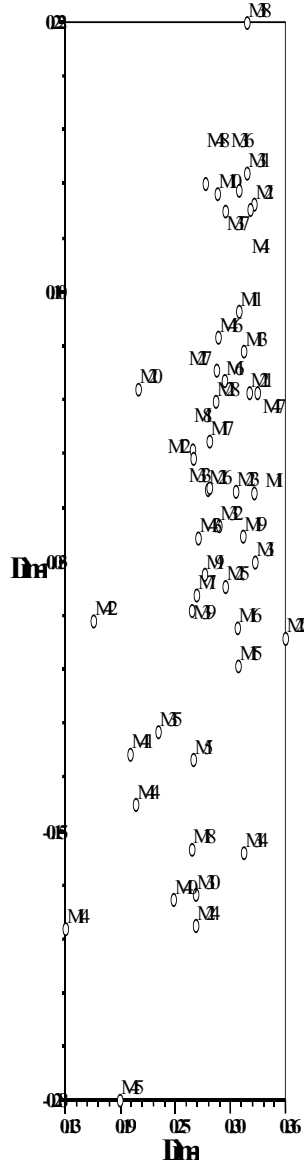
Erkek genotiplerin 150 adet işaretleyici ile oluşturulan dendrogramında (Şekil 4.3) erkek genotipler kendi aralarında 5 grup oluşturmuşlardır. Benzerlik oranı erkekler arasında 0.57 ile 0.89 (ortalama 0.73) arasında bulunmuştur. Dendrogramın üst bölümünde oluşan grupta Kara ilek, Şeytan-1, Frenk, Çakın-2, Büyük Konkur, Bostancı genotipleri yer almıştır. Bu çeşitlerin tek ortak özelliği meyvelerinin erkenci ve orta erkenci olmalarıdır. Diğer grup Şeytan-2,

Derviş Ali, Hacı Abdullah, Kaba İlek, küçük Konkur ve Taşlık genotiplerinden oluşmuş ve bu gruptaki genotipler hem erkenci hem de geçici meyvelere sahiptir. Akdeniz Bölgesi Mersin ilinden gelen 5 genotip dendrogramda aynı grupta yer almıştır. Amerika Birleşik Devletleri'nden temin edilen 2 genotip ise yine aynı grupta yer almışlar ve ABD'de temin edilen genotiplerden (008), Ak erkek-1 ile genetik olarak çok yakın görülmektedirler. Bu sonuçlar bize moleküler işaretleyicilerin akraba grupları daha doğru belirlemede başarılı olarak kullanabileceğini göstermektedir.

Erkek bireyler arasındaki Temel Bileşenler Analizinde (Şekil 4.4) Kızılay-2, Ak erkek-1, Yanako-2, Şeytan-2 ve Kıbrıslı üstte ayrı bir grup oluştururken, Kara erkek, Kızılay-1, Sarı ilek, Karabulut, Yanako-1, Elma ilek ve Mersin ilinden temin edilen genotiplerden 4 tanesi (A2, A5, A1, A3) altta bir grup oluşturmuşlardır. Genotiplerin çoğunluğu grafiğin orta kısmında bir grup oluştururken Körpe ilek ve Yanako-2 bütün genotiplerden ayrılmışlardır. Temel Bileşenler Analizi sonucu erkek bireyler arasında oluşturulan 2D plot (Şekil 4.4) ilk üç temel bileşen varyasyonunun % 42'sini açıklamaktadır.



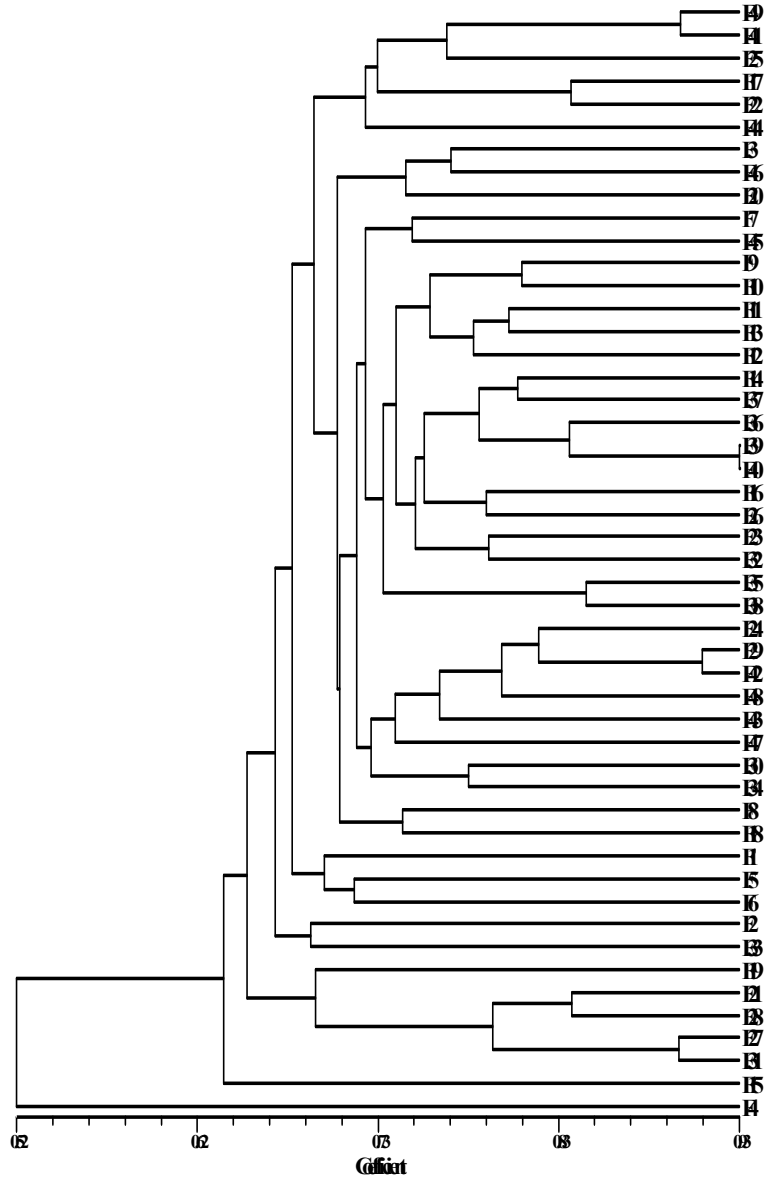
Şekil 4. 3 Kırkyedi erkek incir genotipinin NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin in seviyesi.



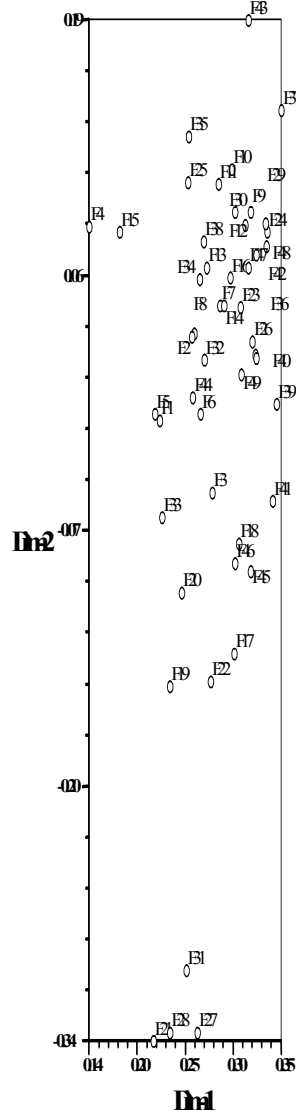
Şekil 4. 4 Erkek-dişi popülasyonunu oluşturan 47 erkek birey arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren temel bileşenler analizi (PCA).

Diři genotipler birbirine geęmiř biręok alt grup oluřtururken Kara İncir ve Filestos genetik akrabalık bakımından dięerlerinden farklı bir durum sergilemiřtir. Bu iki genotipin ortak özellięi ise Karadeniz orijinli olmaları ve ikisinin de küçük meyve (10-18 gram) oluřturmalarıdır. Bu iki genotip haricinde dięer diřiler arasındaki genetik benzerlik erkekler arasındaki benzerlikten daha fazladır. Benzerlik oranı diři genotipler arasında ise 0.52 ile 0.93 (ortalama 0.73) arasında deęiřtięi görölmüřtür. Popölasyon genelinde genetik olarak Kalazi ve Morgüz, Lop inciri ve Göklop, Armut sapı ve Halebi birbirlerine yakın görölmüřlerdir. Armut sapı ile Halebi genotiplerini morfolojik özellikler açısından inceledięimizde her ikisi de orta irilikte meyve oluřturmakta ve meyve kabuk renkleri sarı-yeřildir. Lop inciri ve Göklop ise sarı meyve kabuęu rengine sahip ve iri meyveli çeřitler ve ikisinde Ege Bölgesi orijinlidir.

Temel Bileřenler Analizi (PCA) diři bireyler arasında oluřturulan iki boyutlu (2d) plot (řekil 4.6) ilk üç temel bileřen varyasyonun %43'ünü açıklamaktadır. UPGMA gruplandırılmasıyla elde edilen grafikte (řekil 4.5) olduęu gibi PCA analizinde de (řekil 4.6) F4 ve F15 genotipleri popölasyonun genelinden ayrı durmaktadır. 402-Halebi, 308-Beyaz, 310-Armut Sapı, ve 404-Kıř Hayri de grafięin en altında popölasyonun çoęunluęundan ayrı bir yerde durmaktadırlar. 308 ve 310 Akdeniz bölgesi orijinli genotipler iken 402 ve 404 Güneydoęu bölgesi orijinli genotiplerdir.



Şekil 4. 5 49 dişi incir genotipinin NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerin seviyesi.

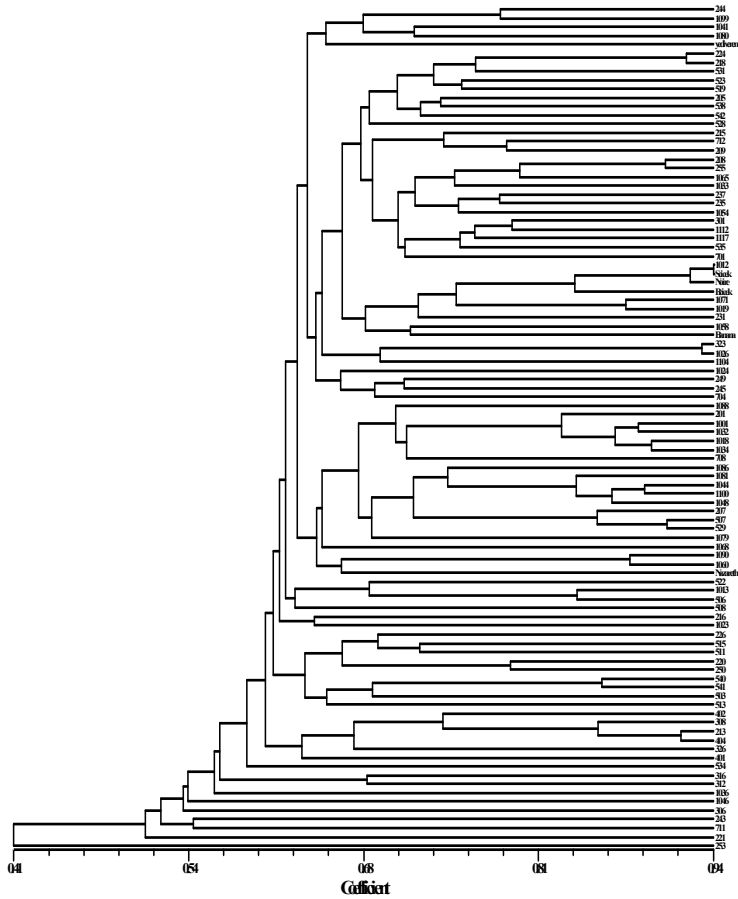


Şekil 4. 6 Erkek-dişi popülasyonunu oluşturan 49 dişi birey arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren temel bileşenler analizi (PCA).

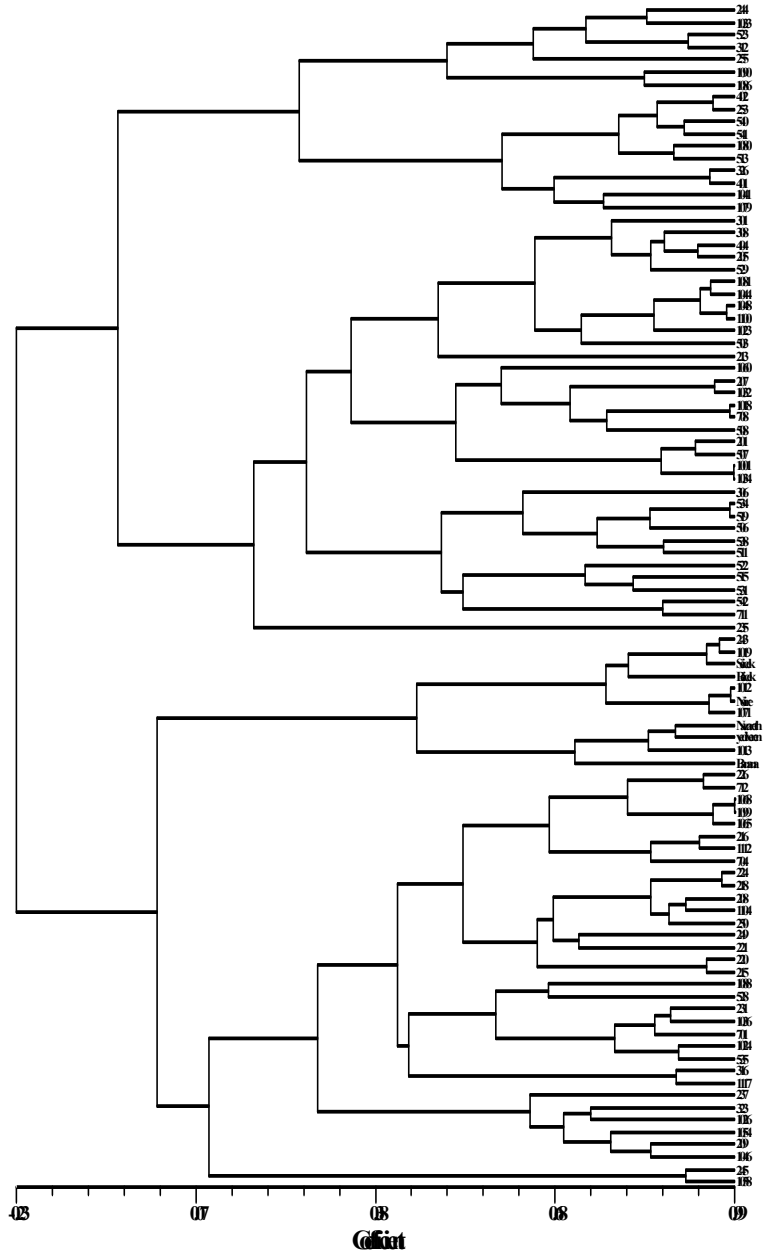
4.1.2 Meyve özellikleri popülasyonu için filogenetik analiz

Meyve rengini oluşturan 96 adet dişi incir genotipi kullanılarak SRAP, ISSR, SSR, RAPD primerlerinden 157 moleküler işaretleyici oluşturulmuştur. Dendrogramdan (Şekil 4.7) elde edilen ultrametrik uzaklık matrisi ile DICE metoduna göre elde edilen matris korelasyon katsayısı kabul edilebilir sınırlar içerisinde yer almaktadır (0,77). Meyve kriterleri (kabuk rengi, meyve ağırlığı, meyve eni/boyu) analizi için oluşturulan ve 96 dişi genotipten oluşan popülasyonun 121 primer ile (bulkta polimorfizm veren) yapılan analizi sonucu oluşturulan dendrogram dişi bireylerin birbirine olan genetik akrabalıklarını ortaya koymaktadır. Grafiğin üst bölümünde Karadeniz orijinli genotipler çoğunlukta olsa da (531, 523, 519, 538, 542, 528) aralarında Marmara orijinli genotiplerde yer almıştır (224, 218, 205, 215, 209). Bu grupta İç Anadolu Bölgesi'nden bir genotip yer almıştır (712). Dendrogramın bazı bölümlerinde Ege Bölgesi orijinli genotipler büyük gruplar oluşturmuş, Marmara Bölgesi orijinli (224 ile 218) yine Marmara Bölgesi orijinli (208 ile 255) Ege Bölgesi orijinli 1012 ile S. Çiçek ve Fransa orijinli Noire de Cromb, Akdeniz Bölgesi orijinli 323 Ege Bölgesi orijinli 1026 ve Marmara bölgesi orijinli 213 ile Güneydoğu Anadolu orijinli 213 ile Güneydoğu Anadolu orijinli 404 birbirlerine genetik olarak çok yakın görülmektedir. Marmara Bölgesi orijinli 253 ise diğer dişi genotiplere genetik olarak en uzak görülmektedir. Genel olarak bakıldığında orijinleri farklı bölgelere ait olan genotipler grafiğin geneline dağılmış ve coğrafik orijinlere göre kesin gruplara ayrılmamıştır. Bu sonuç genetik çeşitliliğin gruplar arasında önemli oranda homojenize olduğunu göstermektedir. Tunus'ta yapılan benzer bir çalışmada da buna paralel

sonuç elde edilmiş, 47 genotip ISSR işaretleyicileri ile genetik farklılık yönünden analiz edilmiş ve çeşitler 4 gruba ayrılmıştır. Ancak grupların coğrafik orijin ile bir ilgisinin olmadığı belirtilmiştir (Guasmi et al., 2006).



Dendrogramdan (Şekil 4.8) elde edilen ultra metrik uzaklık matrisi ile DICE metoduna göre elde edilen matris korelasyon katsayısı 0.7 bulunmuştur ve bu değer kabul edilebilir sınırlar içindedir. Siyah, sarı, yeşil, mor meyve kabuğu rengine sahip genotipler meyve iriliği de dikkate alınarak gruplara ayrılmıştır. Partenokarp meyve veren genotiplerde ayrı bir grup oluşturmuştur. Meyveleri siyah kabuk renkli ve meyve ağırlıkları 20-30 gram arasında değişenler (244, 1033, 523, 312, 255, 1090, 1086) dendrogramda bir grup oluştururken onların hemen altında meyve ağırlıkları 30-40 gram arasında değişen sarı-yeşil renkli (402, 253, 540, 541, 1080, 543, 326, 401, 1041, 1079) ayrı bir grup oluşturmuşlardır. Sarı meyve kabuğu rengine sahip iri meyvelere sahip genotipler aynı grupta toplanırken yine sarı meyve kabuğu rengine sahip ancak küçük meyveli (15-20 gram) genotipler aynı grupta yer almıştır. (306-235 arası). Partenokarp genotipler 243, 1019, S.Çiçek, B.Çiçek, 1012, Noire de Cromb, 1071, Nazareth, Yediveren, 1013, Banana ayrı grup oluşturmuşlardır. Fenotipik (Şekil 4. 8) ve DNA verilerinden elde edilen matrisler (Şekil 4. 7) arasındaki korelasyon katsayısı 0.13 olarak tespit edilmiştir. Bu sonuç, moleküler ve fenotipik verilere dayalı sonuçların birbirinin yerini tutamayacağını göstermektedir.



100 permutasyon yapılması sonucu elde edilen Mantel test sonucu benzerlik matrisi ve dendrogramın transformasyonu ile elde edilen ultrametric mesafeler arasındaki korelasyon katsayısı 0.69 bulunmuştur. Bu sonuç elde edilen dendrogramın DICE metoduna göre elde edilen benzerlik matrisini kabul edilebilir ölçünün hemen altında temsil ettiğini göstermektedir. Şekil 4.9 daki dendrogram genotiplerin coğrafik orijinlerine göre incelendiğinde bazı gruplar her bölgeden genotip içerirken bazıları çoğunlukla bir ya da iki bölgenin genotiplerini içermektedir. Dendrogram genotipleri orijinlerine göre kısmen ayırmıştır. Dendrogramın üst kısmında bulunan ilk grupta çoğunluğu Ege ve Marmara Bölgesi'ne ait genotipler oluştururken 218 ile 1012'nin arasında oluşan grupta sadece Karadeniz Bölgesi orijinli genotipler yer almıştır. Bu grupta farklı olarak İsrail'den alınan Nazareth çeşiti yer almıştır. Dendrogramın aşağılarına doğru 255 ile 207 arasında 12 genotipten oluşan grubunda hepsi Ege Bölgesi orijinlidir. Bazı gruplar ise her bölgeden genotip içermektedir ki bu durum genotiplerin bir bölgeden diğerinde taşınmış olabileceğini göstermektedir.

Dendrogram genotiplerin meyve kabuğu renklerine göre incelendiğinde üstten 244 ile başlayıp 312'ye kadar devam eden grubun tamamı 245 hariç siyah meyve kabuğu rengine sahip genotiplerden oluşmuştur. Bu gruptaki genotiplerin meyve ağırlıkları dikkate alındığında 25 genotipin 17'sinin meyve ağırlığı 25 gramın altında (10-25 gram) ölçülmüştür. Bu grubun hemen altında oluşan 531 ile başlayıp 542 ile biten grup ise 8 adet sarı kabuk renkli genotip içerirken (531, 515, 511, 519, 534, Nazareth , 538, 542) sadece 2 adet siyah kabuk renkli genotip içermiştir. Bu gruptaki genotiplerin ortak özelliği Karadeniz

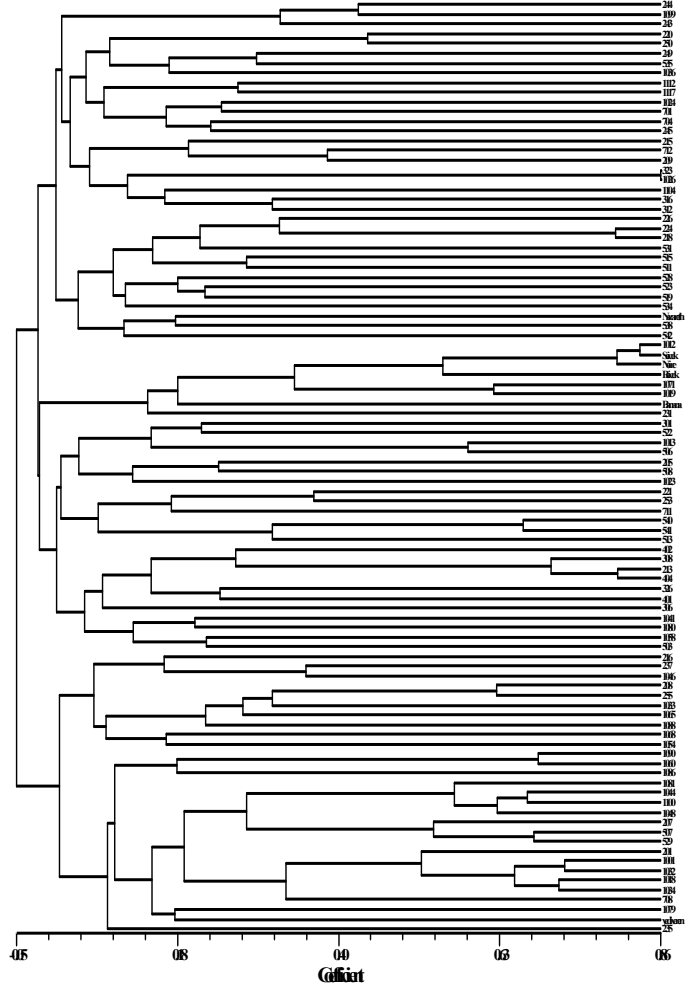
Bölgesi orijinli olması ve hepsinin meyve ağırlıklarının 10-25 gram arasında ölçülmüş olmalarıdır.

1012 ile başlayıp 231 ile biten küçük bir grup ise hem Ege Bölgesi hem de Marmara Bölgesi orijinli genotipleri hem sarı kabuk renkli hemde siyah kabuk renkli genotipleri içermekte ama bu gruptaki genotiplerin ortak özellikleride hepsinin partenokarp olmalarıdır. 301 ile 503 arasında oluşan grupta 1058, 221 ve 301 hariç 21 adet genotipin hepsinin sarı-yeşil meyve kabuğu rengine sahip oldukları dikkat çekmektedir. Yine bu grubu takip eden 216-1054 arasındaki grupta tamamen siyah kabuk renkli genotiplerden oluşmuştur. Dendrogramın en altında 1081 ile başlayıp 235'e kadar devam eden grup ise tamamen sarı-yeşil kabuk renkli ve meyve ağırlıkları 30 gramın üzerinde (30-50 gram) olan genotipler yer almıştır.

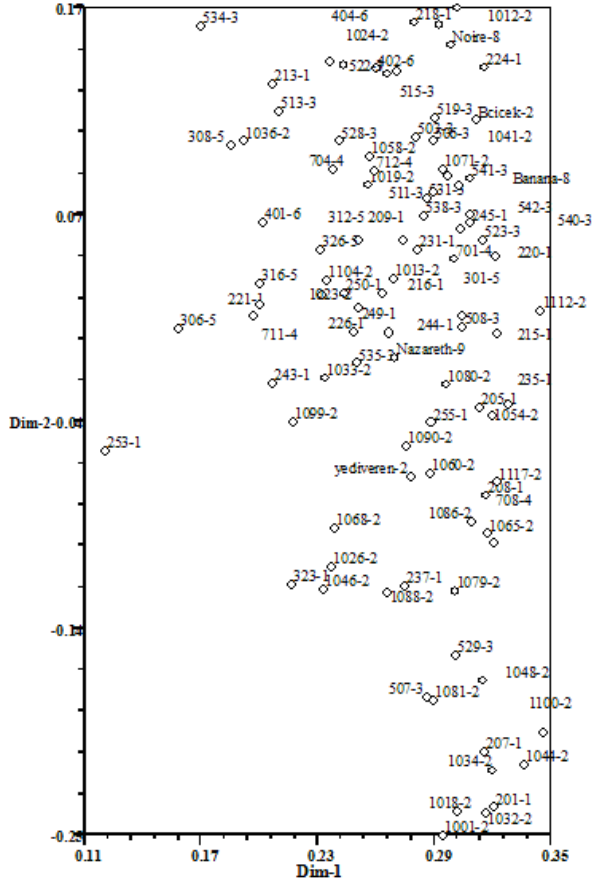
Meyve rengi popülasyonunu oluşturan 96 dişî incir genotipinin PCA analizinde ilk üç eigen değeri 38'dir (Şekil 4.10). İlk üç aks varyasyonun %38'ini açıklamaktadır. Kabul edilebilir sınır olan %25'in üzerinde olmasına rağmen bölgelere göre kesin bir gruplaşma görülmemektedir. Bölgeler arasında genotip alış verişi olması coğrafik açıdan birbirine girmiş genotipleri açıklamaktadır.

PCA analizinde grafiğin en alt bölümünde birbirlerine yakın olup popülasyonun genelinden ayrılan 529, 507, 1081, 1048, 1100, 207, 1034, 1044, 1018, 1001, 1032 nolu genotiplerin hepside sarı-yeşil meyve kabuğu rengine sahip ve iri meyveler (40-50 gram) oluşturan genotiplerdir. Grafikte 253 popülasyondaki diğer bireylerden ayrı bir

verde durmaktadır. Partenokarpik çeşitler ise grafikte dağınık olarak yer almışlardır.



Şekil 4. 9 Doksanaltı adet dişi incir genotipi arasında 157 adet moleküler işaretleyici ve 12 fenotipik karakterin kullanımıyla NTSYSpc (ver 2.2) programında DICE (1945) metoduna göre elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA gruplandırmasıyla elde edilen genetik ilişkilerinin seviyesi.



Şekil 4. 10 Meyve rengi popülasyonunu oluşturan 96 adet dişi birey arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren temel bileşenler analizi.

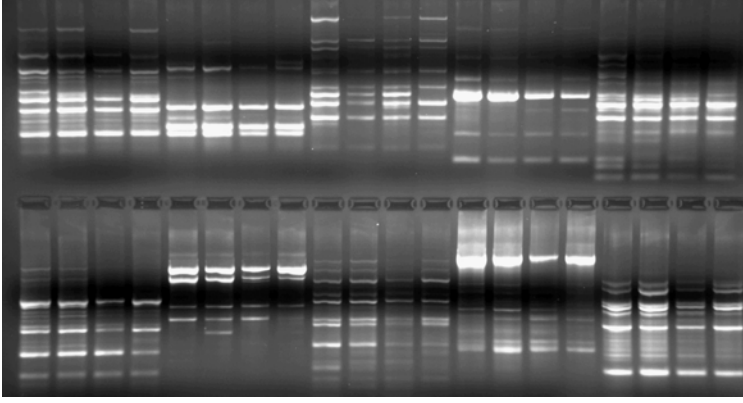
4.2 İlişkilendirme Haritalaması Sonuçları

Koyu meyve kabuk rengi (dişi), açık meyve kabuk rengi (dişi), erkek ve partenokarp bireyler için oluşturulan bulk DNA'lar ile toplam 449 primer kullanılarak kurulan PCR'lar sonucunda erkek ve dişi

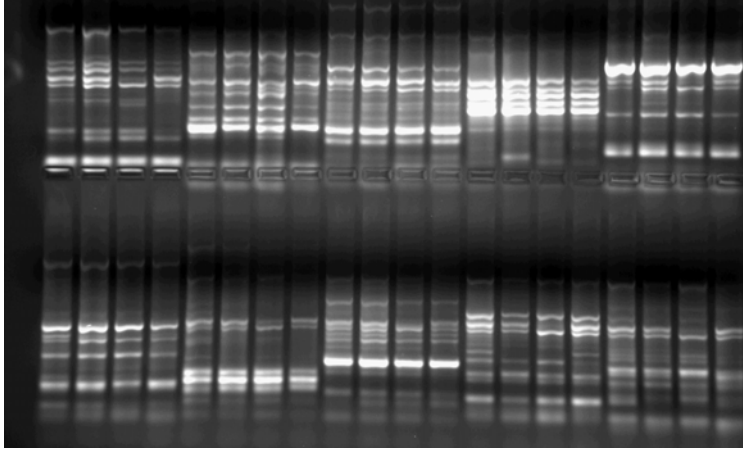
karakterler için 88, kabuk rengi için ise 121 primer polimorfik band elde edilmiştir (Çizelge 4.1). Bu primerler genotipleri taramak için kullanılmıştır. Bulk DNA'lar ile bazı RAPD primerleri kullanılarak kurulan PCR sonucu elde edilen resimde birinci kuyucukta bulunan siyah (dişi) bulk ile ikinci kuyucukta bulunan beyaz (dişi) bulk arasında polimorfizm gözlenerek bu primer bireyleri taramak üzere seçilmiştir (Şekil 4.11). Aynı şekilde SRAP primerleri ile kurulan PCR sonucu elde edilen resimde birinci primerde dişi ve partenokarp bulklar ile erkek bulklar arasında polimorfizm tesbit edilerek bireylerde kullanılmak üzere seçilmiştir (Şekil 4.12).

Çizelge 4. 1 İncir genotipleri (bulk) arasındaki polimorfizm veren primerler ve polimorfik işaretleyici sayısı.

İşaretleyici sistemi	Kullanılan toplam tprimer (kombinasyon) sayısı	Polimorfik işaretleyici sayısı	
		Erkek / Dişi	Siyah / Beyaz
RAPD	62	12	22
SRAP	208	39	87
SSR	8	1	2
ISSR	113	11	10
MSXSRAP	58	25	
Toplam	449	88	121



Şekil 4. 11 RAPD Bulklar sırasıyla; 1-Siyah-dişi, 2-beyaz- dişi, 3-erkek, 4- partenokarp.



Şekil 4. 12 SRAP Bulklar sırasıyla; 1-Siyah-dişi, 2-beyaz- dişi, 3-erkek, 4-partenokarp.

4.2.1 Erkek –dişi karakteri için ilişkilendirme haritalaması

Erkek-dişi popülasyonunda 88 primerle kurulan PCR'lar sonucunda 150 moleküler işaretleyici oluşturulmuştur.

Structure programında en yüksek likelihood (olasılık) erkek-dişi popülasyonu için $K = 4$ ile elde edilmiştir ($p < 0.0001$). Böylece Q matrix beş bağımsız hesaplamının ortalaması alınarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.2). Erkek-dişi ve meyve rengi popülasyonları için dört alt popülasyon modeli ilişkilendirme haritalaması (IH) (association mapping) amacıyla TASSEL (www.maizegenetics.net/bioinformatics/inde.htm) programı kullanılmıştır.

Çizelge 4. 2 Erkek-dişi popülasyonu için birbiriyle korelasyon göstermeyen 122 işaretleyici kullanılarak STRUCTURE programında hesaplanan Q-matrix.

Genotip adı	Orijin					
	Cinsiyeti	i	Q1	Q2	Q3	Q4
Kara ilek	Erkek1	Ege	0.21	0.40	0.36	0.04
Şeytan-2	Erkek2	Ege	0.00	0.67	0.33	0.00
Çaçaron-2	Erkek3	Ege	0.20	0.40	0.40	0.00
Derviş Ali	Erkek4	Ege	0.00	0.67	0.33	0.00
Kızılay-1	Erkek5	Ege	0.38	0.02	0.41	0.19
Büyük Konkur	Erkek6	Ege	0.00	0.67	0.33	0.00
Kaba ilek	Erkek7	Ege	0.29	0.21	0.41	0.10
Hamza ilek	Erkek8	Ege	0.01	0.65	0.33	0.01
Frenk	Erkek9	Ege	0.03	0.56	0.40	0.01
Yanako-2	Erkek10	Ege	0.03	0.52	0.33	0.12
Kaba ilek	Erkek11	Ege	0.21	0.31	0.40	0.08
Küçük Konkur	Erkek12	Ege	0.00	0.66	0.33	0.00
Taşlık	Erkek13	Ege	0.11	0.49	0.39	0.01

Çizelge 4 2 (devam)

Körpe İlek	Erkek14	Ege	0.07	0.26	0.33	0.33
Hacı Yusuf	Erkek15	Ege	0.38	0.03	0.41	0.19
Armut ilek	Erkek16	Ege	0.29	0.05	0.35	0.31
Bostancı	Erkek17	Ege	0.19	0.41	0.40	0.00
Sarı ilek	Erkek18	Ege	0.33	0.00	0.33	0.33
Gabalı	Erkek19	Ege	0.34	0.13	0.36	0.17
Damarlı	Erkek20	Ege	0.02	0.54	0.35	0.09
Hacı Abdullah	Erkek21	Ege	0.19	0.48	0.33	0.00
Afyoncu	Erkek22	Ege	0.11	0.44	0.34	0.11
Şeytan-1	Erkek23	Ege	0.20	0.40	0.39	0.01
Elma ilek	Erkek24	Ege	0.33	0.00	0.33	0.33
Kara erkek-2	Erkek25	Ege	0.38	0.02	0.39	0.20
Mor demirtaş	Erkek26	Ege	0.00	0.66	0.33	0.00
Mor ilek	Erkek27	Ege	0.17	0.53	0.22	0.07
Ayar dolduran	Erkek28	Ege	0.00	0.66	0.34	0.00
Kavun ilek	Erkek30	Ege	0.33	0.00	0.33	0.33
Yanako-1	Erkek31	Ege	0.01	0.58	0.4	0.00
Ak erkek-1	Erkek32	Ege	0.33	0.00	0.33	0.33
Çakın-2	Erkek33	Ege	0.35	0.10	0.40	0.15
Ak ilek	Erkek34	Ege	0.33	0.01	0.33	0.33
Karabulut	Erkek35	Ege	0.20	0.20	0.40	0.20
Kara erkek	Erkek36	Ege	0.00	0.67	0.33	0.00
Kızılay-2	Erkek37	Ege	0.11	0.41	0.40	0.08
Kıbrıslı	Erkek38	Ege	0.00	0.67	0.33	0.00
008	Erkek39	ABD	0.32	0.18	0.36	0.14
188	Erkek40	ABD	0.33	0.00	0.33	0.33
A1	Erkek41	Ege	0.29	0.23	0.39	0.08
A2	Erkek42	Akdz	0.05	0.54	0.32	0.09
A3	Erkek43	Akdz	0.30	0.13	0.40	0.16
A4	Erkek44	Akdz	0.07	0.26	0.34	0.33
A5	Erkek45	Akdz	0.40	0.00	0.40	0.20
Yanako-2	Erkek46	Akdz	0.05	0.45	0.33	0.18
Kuyucak	Erkek47	Ege	0.15	0.27	0.41	0.17
Adalı	Erkek48	Ege	0.21	0.23	0.35	0.22
244 Kavak P.	Dişi1	Mar	0.06	0.36	0.38	0.20
323 Fahli	Dişi2	Akdz	0.07	0.27	0.33	0.33
1104 Patlıcan	Dişi3	Ege	0.20	0.20	0.40	0.20
528 Kara incir	Dişi4	Krdz	0.33	0.00	0.33	0.33

Çizelge 4 2 (devam)

712 Siyah incir	Dişi5	İç A.	0.20	0.38	0.34	0.09
305 Mor incir	Dişi6	Akdeniz	0.00	0.33	0.33	0.33
202 Siyah	Dişi7	Marmara	0.21	0.19	0.40	0.20
1045 Morgüz	Dişi8	Ege	0.03	0.31	0.33	0.34
523 Dilaver	Dişi9	Karadeniz	0.11	0.33	0.21	0.35
701 Mor	Dişi10	İç A.	0.00	0.55	0.33	0.13
709 Kızılmor	Dişi11	İç A.	0.00	0.53	0.40	0.06
304 Ak incir	Dişi12	Akdeniz	0.00	0.33	0.33	0.33
232 Koca yemiş	Dişi13	Marmara	0.20	0.20	0.40	0.20
1035 Sarı çiçek	Dişi14	Ege	0.00	0.35	0.34	0.32
513 Filestos	Dişi15	Karadeniz	0.00	0.40	0.40	0.20
708 Darpak	Dişi16	İç A.	0.00	0.33	0.33	0.33
407 Halebi	Dişi17	Güneyd	0.45	0.16	0.19	0.20
1103 Beyaz incir	Dişi18	Ege	0.26	0.22	0.20	0.32
241 Gökbardak	Dişi19	Marmara	0.40	0.20	0.20	0.20
503 Ağ inciri	Dişi20	Karadeniz	0.00	0.41	0.34	0.25
404 Kış Hayri	Dişi21	Güneydoğu	0.40	0.20	0.20	0.20
403 Sultani	Dişi22	Güneydoğu	0.67	0.00	0.00	0.33
235 Yediveren	Dişi23	Marmara	0.20	0.20	0.40	0.20
1032 Devetabanı	Dişi24	Ege	0.00	0.34	0.33	0.33
542 Siyah Bökele	Dişi25	Karadeniz	0.12	0.28	0.39	0.20
710 Ekşi incir	Dişi26	İç Anadolu	0.01	0.33	0.33	0.33
310 Armut sapı	Dişi27	Akdeniz	0.60	0.00	0.20	0.20
308 Beyaz	Dişi28	Akdeniz	0.67	0.00	0.00	0.33
1036 Lop	Dişi29	Ege	0.07	0.34	0.39	0.20
508 Baldırcın	Dişi30	Karadeniz	0.00	0.33	0.33	0.33
402 Halebi	Dişi31	Güneydoğu	0.40	0.20	0.20	0.20
245 Sarı Yemiş	Dişi32	Marmara	0.00	0.34	0.33	0.32
242 Sarı bardak	Dişi33	Marmara	0.14	0.30	0.40	0.17
705	Dişi34	İç Anadolu	0.03	0.30	0.33	0.34
1013 Beyaz orak	Dişi35	Ege	0.18	0.25	0.37	0.20
1012 Siyah orak	Dişi36	Ege	0.00	0.54	0.32	0.14
1019Karabakunya	Dişi37	Ege	0.03	0.37	0.40	0.20
506Beyaz sultani	Dişi38	Karadeniz	0.00	0.33	0.33	0.33
1066Yediveren	Dişi39	Ege	0.17	0.48	0.22	0.13
1071Karabakunya	Dişi40	Ege	0.00	0.35	0.33	0.32
401Mor özer	Dişi41	Güneydoğu	0.40	0.20	0.20	0.20

Çizelge 4 2 (devam)

1001Göklop	Dişi42	Ege	0.00	0.33	0.33	0.33
237Bursa siyahı	Dişi43	Marmara	0.18	0.30	0.32	0.20
321 Mor Seyhan	Dişi44	Akdeniz	0.00	0.40	0.33	0.27
313 Kırmızı incir	Dişi45	Akdeniz	0.03	0.37	0.40	0.20
1090 Esmer bal	Dişi46	Ege	0.00	0.33	0.33	0.33
1093	Dişi47	Ege	0.06	0.50	0.39	0.05
1065Arap inciri	Dişi48	Ege	0.00	0.33	0.33	0.33
Kalazi	Dişi49	Ege	0.17	0.31	0.33	0.19

Erkek-dişi karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonuçları p-değerleri (p_İşaretleyici, p-perm_İşaretleyici, ve p-adj_İşaretleyici) her işaretleyicinin karakterle olan ilişki oranları (Rsq_İşaretleyici ve Rsq_Model) TASSEL programında GLM (General Linear Model) analizi ile yapılmıştır. Analiz için moleküler veriler, fenotipik veriler ve Structure programında oluşturulan Q-matrix kullanılmıştır.

TASSEL GLM-Q analizi sonucu 15 işaretleyicinin üç P değeride önemli bulunarak SAS programında analize tabi tutulmuştur.

Çizelge 4. 3 Erkek-dişi karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonuçları p-değerleri.

İşaretleyici	Locus	p İşrt	#perm İşr	P- perm İşrt	p-adj İart	Rsq Mode	Rsq İşrt
SRAPMe3Em14	M18	5.07E-01	3000	6.66E+00	0,002	0,4269	0,0829
SRAPM2E4.2	M26	8.07E+00	3000	0,0013	0,007	0,4383	0,0751
SRAPM3E1	M28	0,0032	3000	0,0033	0,0387	0,4049	0,0608
ISSR808	M47	0,0011	3000	1.00E+01	0,0073	0,4234	0,0724
ISSR810.530	M49	0,0089	3000	0,0097	0,1513	0,4021	0,0475
SRAPMe10 Em11.500	M53	0,0024	3000	0,0027	0,0283	0,4459	0,0649
SRAPMe10 Em11.400	M56	3.69E+00	3000	6.66E+00	0,0017	0,4682	0,0872
SRAPMe5 Em10.80	M71	0,0014	3000	1.00E+01	0,011	0,4191	0,0706
SSR.MFC4	M76	2.91E+00	3000	0,0013	3.33E+00	0,438	0,0921
MS1REm5.700	M85	0,005	3000	0,0047	0,0686	0,4049	0,063
MS1REm5.230	M88	8.54E+00	3000	6.66E+00	0,0043	0,4334	0,0862
MS1RMe3.270	M97	0,0016	3000	0,0027	0,015	0,4123	0,0832
MS2FEm5.550	M128	0,004	3000	0,0043	0,051	0,436	0,0646
MS2FEm10.300	M130	1.42E-07	3000	3.33E+00	3.33E+00	0,6138	0,2723
MS1RMe12.500	M138	1.96E+00	3000	6.66E+00	3.33E+00	0,4442	0,0955

Erkek-dişi karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri (p_İşaretleyici, p-perm_İşaretleyici, ve p-adj_İşaretleyici) önemli bulunan işaretleyiciler karakterle olan ilişki oranları (Rsq_İşaretleyici ve Rsq_Model), istatistiki analiz sonuçları ve kümülatif R^2 değerleri SAS istatistik programında forward/backward stepwise regresyon analizi kullanılarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.4).

Çizelge 4. 4 Erkek-dişi karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması kümülatif R^2 değerleri.

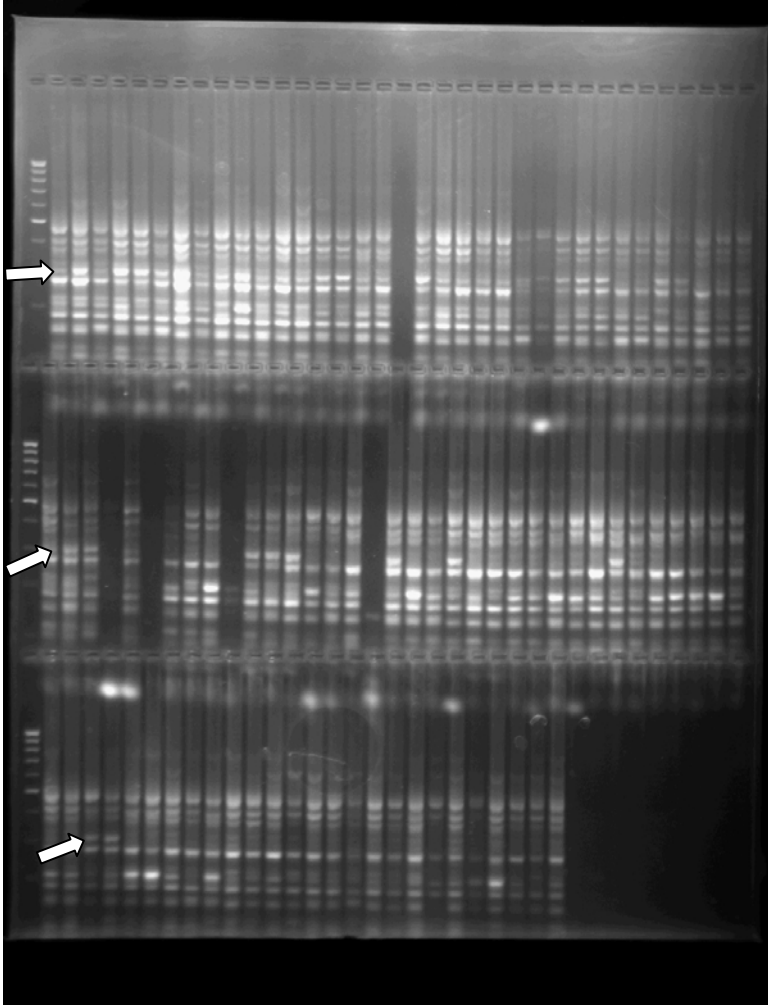
Değişken	Tahmin	Hata	Type II SS	F Value	Pr > F	Stepwise Reg Kümülatif R^2
Intercept	15.11910	26.73944	195.58692	0.32		0.5740
M130	60.49707	7.64336	38326	62.65	<.0001	66
M138	-22.74143	6.80664	6829.08953	11.16	0.0015	72
M56	14.04546	7.17848	2342.06703	3.83	0.0552	75
M18	-14.25983	8.19635	1851.74141	3.03	0.0872	76
M71	-11.77361	6.71883	1878.56021	3.07	0.0850	77

SAS programı sonunda 15 işaretleyiciden 5 tanesinin (MS2FEM10, MS1RM12, M10E11, M3E14, M5E10) R^2 değerleri hesaplanmıştır. M130 (MS2FEM10) işaretleyicileri tek başına karakterin %66'sını, ve diğer işaretleyiciler ile birlikte %77'sini açıklamıştır. Erkek/dişi karakterinin %66'sını açıklayan MS2FEM10 daha önce *Ficus fulva* için geliştirilmiş olan (Parrish et al., 2004) AFLP işaretleyicisinin SRAP primerleri ile kombinasyonu ile edilmiştir. Erkek spesifik işaretleyicinin erkek bireylerin hepsinde band verdiği, dişi bireylerin hiçbirinde aynı bandı vermediği belirtilmiştir. Erkek spesifik AFLP işaretleyicisi SCAR işaretleyicisine çevrilmiş fakat erkek ve dişi bireyler arasındaki polimorfizm kaybolmuştur. Bizim çalışmamızda MS1F-MS1R ve MS2F-MS2R olarak SCAR primerine dönüştürülen işaretleyicinin her birisi SRAP primerlerinin tamamı ile kombinasyon yapılarak PCR kurulmuştur. Sonuçta M130 (MS2F.Em10.300) moleküler işaretleyicisinin erkek ve dişi bireyler arasında verdiği polimorfizm

önemli bulunmuştur. M130 işaretleyicisi erkek/dişi varyasyonunun %66'sını açıklamıştır (Şekil 4.13). Resimde 300 bp büyüklüğündeki band erkek genotiplerin çoğunluğunda gözlenirken (ilk 47 birey), dişi genotiplerin çok azında bu band görülmektedir. Sözü edilen çalışmada bütün erkeklerde band oluştururken, bizim çalışmamızda SRAP primeri ile birlikte PCR'da kullanıldığı zaman erkek/dişi karakterinin %66'sını açıklaması *F. fulva*'nın tarih boyunca *Ficus carica* kadar bölünme geçirmediği için LD segmentlerinin kısmen büyük kaldığı, *F. carica*'nın geçirmiş olduğu rekombinasyonlar nedeniyle LD bloklarının daha küçük olduğu şeklinde yorumlanabilir.

Storey (1975)'in bildirdiğine göre *Ficus carica*'da ağaç cinsiyetini aynı kromozom üzerinde iki farklı gen kontrol etmektedir. G=Dominant allel kısa dişik borulu dişi çiçek, g= Resesif allel uzun dişik borulu dişi çiçek, A= erkek çiçek üretimi için dominant alleli, a= erkek çiçek oluşumunu engelleyen (baskı altına alan) resesif alleli temsil etmektedir. G ve A bir kromozom üzerinde beraber hareket etmekte (linked) g ve a ise homolog kromozomlarında birlikte hareket etmektedirler. Hipoteze göre erkek incirlerin genotipi homozigot GA/GA ve heterozigot GA/ga şeklinde olabilir. Dişi incirlerin genotipi ise teorik olarak sadece ga/ga şeklinde olmaktadır. Tüm erkek incir genotipleri en az bir dominant G alleli taşımaktadır. Çalışmamızda 47 erkek ve 49 dişi genotiple yürütülen araştırmada ilişkilendirme analizi yöntemi ile G alleli haritalanmış olabilir. Ayrıca sonuçlarımız Storey (1975)'in hipotezini desteklemektedir. Çalışma sonucunda birbiriyle korelasyon gösteren 5 işaretleyicinin cinsiyetin % 77'sini açıklayabilmesi, cinsiyetin bir

dominant gen veya birbirine yakın gen grupları tarafından kontrol edildiđi fikrini desteklemektedir.



Şekil 4. 13 MS2FE10 primerinin 47 erkek 49 dişi genotip ile yapılan PCR sonucu.

4.2.2 Meyve özellikleri için ilişkilendirme haritalaması

Meyve özellikleri için 96 genotipin bölgelere göre erkencilik/geçcilik, partenokarpi, görsel kabuk rengi, meyve çapı, boyu, ağırlığı için elde edilen sonuçlar ve Konica Minolta Chroma meter CR-400 kullanılarak ölçülen renk değerleri Çizelge 4.5’de verilmiştir. Çizelge 4.5’de belirtilen 96 adet dişi incir genotipinin farklı bölgelerden seçilmiş, farklı kabuk rengine sahip (siyah, mor, sarı,yeşil), farklı irilikte olmasına dikkat edilmiş ve bu genotiplerden 14 adeti erkenci, 62 adeti orta erkenci, 13 adeti geçci, 7 adeti çok geçci, 11 adeti partenokarpik olarak belirlenmiştir. Tabloda verilen fenolojik özelliklerden erkencilik 4 skalada (1-erkenci, 2-orta erkenci, 3-geçci, 4- çok geçci), yellop oluşturan genotipler (partenokarp) iki skalada (1 ve 0), kabuk rengi açısından ise siyahtan yeşile kadar 11 skalada değerlendirilmiştir. Meyve çapı (orten), meyve boyu (ortboy), meyve ağırlığı (ortma) değerleri için ortalamalar verilmiştir. Konica Minolta Chroma metre ile ölçülen koyu kabuk renkli (244-402 arasındaki genotipler) genotiplerin L değerleri ortalaması 35.6 iken, açık kabuk renkli (402-Banana arasındaki genotipler) genotiplerin L değerleri ortalaması 66.3 bulunmuştur. Bu sonuçlar, L*’nin 100 değerini aldığı beyaz renk ile en az 0 değerini aldığı siyah renk arasındaki değişimi dikkate alındığında incir kabuk renklerinin skalanın orta noktasının yaklaşık 15 birim yukarı ve aşağısı arasında değiştiğini göstermektedir (Çizelge 4.5). Chroma metre ile ölçülen a* değerleri ise yine “pozitif a* kırmızı rengi, negatif a* ise yeşil rengi temsil etmektedir” bilgisi ile paralellik göstermektedir. Mor kabuk renkli genotipler pozitif değer alırken, yeşil-sarı kabuk renkli genotipler

negatif değer almışlardır. Benzer şekilde ölçülen b^* değeride “pozitif sarı rengi, negatif b^* ise mavi renge karşılık gelir” bilgisiyle paralellik göstermekte ve ölçülen b^* değerleri mor kabuk renkli bireylerde negatif, sarı kabuk renkli bireylerde pozitif değer almıştır. Bu sonuç görsel renk verilerinin Chroma ile ölçülen değerler ile örtüştüğünü göstermektedir.

Çizelge 4. 5 Bölgeler (Bl),Erkencilik (Er), partenokarpi (Pn), Renk (Rn), meyve kabuk (OKL, OKA, OKB) ve iç rengi (OML, OMA, OMB) eni (OEN), boyu (OBY), ağırlığı (OAG) karakterleri açısından ölçülen fenotipik değerler.

Gntp	Bl	Bl	Er	Pr	R n	OEN	OBY	OAG	OKL	OKA	OKB	OML	OMA	OMB
244	2	2	2	0	1	40,1	35,9	34,8	31,9	1,2	-2,6	32,3	17,1	12,3
243	2	2	1	1	1	35,5	41,0	28,0	29,6	3,0	-2,1	41,5	19,0	18,4
226	2	2	2	0	1	38,9	35,9	24,8	28,2	6,1	-1,0	36,9	25,6	17,1
224	2	2	2	0	2	39,3	39,5	34,8	32,7	17,0	6,9	39,0	17,0	15,7
220	2	2	1	0	1	42,7	36,9	35,6	32,1	3,6	-2,0	39,5	18,6	15,8
218	2	2	2	0	3	40,8	38,1	33,2	32,4	13,1	7,6	40,6	16,7	16,9
215	2	2	1	0	1	47,5	38,2	44,8	28,8	6,7	-1,4	40,2	23,4	14,4
216	2	2	2	0	1	37,0	39,2	27,6	31,4	2,7	-3,6	47,9	21,5	19,6
208	2	2	2	0	2	45,8	47,4	48,8	33,8	16,4	10,2	41,4	21,7	17,7
237	2	2	4	0	1	59,2	52,9	90,0	26,8	4,9	-2,0	42,2	20,1	14,9
323	3	4	2	0	2	50,5	32,8	52,0	35,5	7,0	0,7	43,4	16,9	19,5
255	2	2	2	0	1	43,7	47,6	49,2	30,2	11,0	1,6	40,7	16,3	15,8
1104	1	1	2	0	2	43,1	45,9	42,0	30,0	12,6	4,0	41,1	16,8	15,8
1026	1	1	2	0	1	53,3	43,0	62,4	29,5	6,1	-2,6	42,4	23,6	21,8
1012	1	1	1	1	1	33,1	46,7	27,2	29,3	1,5	-3,4	42,0	21,4	18,0
1088	1	1	4	0	2	42,6	36,5	37,2	33,6	11,7	7,6	35,6	17,5	12,8
1071	1	1	1	1	1	39,6	43,7	35,8	30,6	4,6	-0,7	43,1	17,9	18,2
1068	1	1	3	0	1	45,2	41,0	46,0	28,7	2,3	-2,0	42,6	25,1	18,1
1065	1	1	3	0	2	48,8	39,9	47,6	31,1	11,5	0,9	42,5	29,1	20,0
1019	1	1	1	1	1	42,8	42,9	40,8	33,5	5,7	-0,1	44,4	20,7	19,2
1054	1	1	2	0	2	50,9	44,3	58,4	31,8	9,0	5,3	35,7	18,1	16,1
528	5	3	3	0	1	34,6	26,3	14,8	29,4	1,9	-3,6	38,5	16,9	18,8
712	7	2	2	0	1	42,2	36,0	30,4	27,6	3,1	-0,7	37,4	21,3	18,2
250	2	2	2	0	1	42,0	39,1	36,4	31,8	3,6	-2,1	38,0	18,2	14,7
316	3	4	2	0	1	36,5	32,3	24,4	28,7	4,9	-0,2	41,5	12,7	21,1

301	3	4	2	0	4	39,1	36,1	26,4	58,3	-5,1	34,0	46,8	16,8	20,9
231	2	2	2	0	2	32,1	27,7	16,4	33,2	13,2	2,1	39,1	19,3	17,1
209	2	2	2	0	5	55,6	42,6	66,8	46,4	12,1	17,0	45,2	20,1	17,3
1112	1	1	2	0	1	38,4	38,8	31,6	32,0	3,1	-3,3	44,3	22,8	20,4
1033	1	1	2	0	5	43,6	32,9	32,0	38,5	15,5	11,0	32,4	18,9	19,1
1046	1	1	2	0	5	57,7	43,0	74,4	51,8	6,1	32,6	41,4	21,9	20,2
1024	1	1	2	0	2	32,3	25,1	14,4	51,8	6,1	32,6	37,1	21,5	18,8
1090	1	1	3	0	2	51,7	39,2	59,6	51,3	6,8	26,2	40,6	16,6	16,8
1086	1	1	3	0	4	54,2	43,9	66,0	52,5	-3,9	34,9	43,0	17,5	19,8
1060	1	1	3	0	6	48,9	41,4	52,0	57,6	-2,1	37,9	45,8	21,3	24,2
523	5	3	2	0	7	37,2	27,6	22,8	43,3	5,1	13,2	41,1	15,7	19,0
701	7	2	2	0	2	32,5	30,6	18,0	39,3	21,1	14,9	29,7	20,8	14,8
249	2	2	2	0	4	41,0	45,8	36,0	46,7	10,4	24,0	35,9	22,1	13,2
535	5	3	2	0	5	36,3	34,2	25,2	49,9	7,0	25,9	38,8	18,1	18,1
312	3	4	2	0	2	40,2	29,6	28,0	34,9	10,1	2,2	37,8	13,4	19,5
1117	1	1	2	0	2	42,6	32,7	30,4	28,7	6,7	-2,7	43,7	14,1	20,5
1036	1	1	3	0	2	37,4	28,8	20,8	34,3	16,6	9,3	36,1	18,5	16,3
1099	1	1	3	0	1	47,1	41,2	48,8	27,7	3,2	-2,5	42,4	24,8	17,7
704	7	2	2	0	1	32,0	29,2	17,2	26,3	2,9	-1,7	42,8	25,6	23,2
221	2	2	2	0	2	46,0	35,7	40,0	40,4	19,3	11,1	33,5	23,3	18,0
Scicek	1	1	1	1	1	41,7	51,5	44,2	29,6	3,0	-1,9	44,4	23,2	19,3
N d.C	8	4	1	1	1	36,6	47,7	32,4	28,0	3,1	-2,5	44,4	24,1	20,3
Nazaret	9	4	1	1	6	43,2	44,4	42,2	60,7	-12,7	52,6	37,2	16,3	16,6
402	4	4	2	0	8	49,7	45,8	54,0	70,8	-5,7	54,6	39,7	16,2	19,1
308	3	4	2	0	9	39,1	34,2	28,4	66,1	-9,8	55,1	47,3	7,5	23,5
306	3	4	2	0	10	37,8	31,8	27,2	62,2	-7,4	53,2	44,4	17,5	14,2
213	2	2	3	0	9	26,1	24,6	9,2	71,4	-13,2	55,4	37,2	8,0	32,7
326	3	4	3	0	9	52,7	54,5	68,0	69,0	-9,6	53,1	47,2	14,0	21,3
1081	1	1	2	0	10	49,1	40,7	47,2	65,5	-11,7	54,2	46,4	12,4	25,4
522	5	3	2	0	9	36,1	41,5	28,2	65,6	-13,0	56,3	44,4	17,2	22,3
534	5	3	2	0	9	42,3	36,3	36,0	69,5	-9,5	61,5	37,2	16,6	14,7
245	2	2	2	0	8	38,3	40,3	13,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0
404	4	4	2	0	10	42,3	38,3	36,8	70,3	-7,5	60,4	50,8	15,0	26,4
401	4	4	3	0	10	53,5	57,5	68,8	66,2	-15,3	53,3	50,7	15,2	24,5
235	2	2	1	0	10	52,1	62,1	63,2	67,5	-11,4	51,9	43,1	24,6	43,1
207	2	2	4	0	8	56,1	53,6	35,8	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0
201	2	2	2	0	9	54,8	46,5	63,6	66,8	-15,3	56,3	53,9	16,7	21,9
1044	1	1	2	0	9	52,0	36,4	52,0	72,1	-8,5	56,0	47,6	12,7	25,2
1001	1	1	3	0	10	55,9	47,5	72,0	64,2	-16,0	52,1	51,4	18,9	22,8
1041	1	1	2	0	8	48,5	36,3	46,4	69,6	-9,7	46,6	46,6	9,9	24,8
205	2	2	2	0	9	43,0	34,4	35,2	64,7	-11,0	46,6	52,8	14,4	21,8
1023	1	1	2	0	9	48,2	46,1	52,4	69,4	-10,2	49,5	47,6	10,3	19,2

Çizelge 4 5 (Devam)

1013	1	1	1	1	9	51,9	42,8	65,2	67,3	-6,6	51,1	34,7	11,9	15,5
1048	1	1	2	0	9	55,3	43,7	63,6	69,1	-11,3	54,9	51,7	12,0	25,3
1032	1	1	4	0	9	63,0	61,2	45,8	63,2	-999,0	55,1	40,5	12,9	17,9
1018	1	1	4	0	9	54,5	52,6	76,4	65,3	-15,1	50,8	48,2	18,0	21,8
1034	1	1	3	0	9	55,8	49,8	72,4	62,7	-999,0	53,3	51,7	20,0	22,8
1079	1	1	2	0	10	43,5	46,9	39,0	67,1	-15,4	51,9	51,2	16,3	23,4
1100	1	1	2	0	9	53,4	43,6	58,0	69,3	-7,5	55,5	48,5	12,8	23,8
1058	1	1	2	0	9	42,0	43,2	20,6	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0	-999,0
542	5	3	2	0	9	48,2	27,2	34,4	65,6	-10,3	48,0	43,9	20,9	23,1
519	5	3	2	0	9	42,1	34,2	32,0	65,9	-9,2	55,9	35,0	17,2	14,8
711	7	2	2	0	8	39,1	25,9	21,6	71,9	-5,6	57,4	43,9	24,2	24,9
538	5	3	2	0	10	43,5	36,5	30,8	67,0	-12,0	50,6	38,1	19,5	20,1
515	5	3	2	0	9	42,3	42,6	34,6	63,7	-17,4	49,8	47,3	24,1	21,8
540	5	3	2	0	11	45,5	41,1	45,2	56,9	-13,2	36,4	40,7	13,7	19,1
531	5	3	2	0	9	44,5	47,4	46,0	69,5	-14,2	51,5	44,0	20,4	20,4
507	5	3	2	0	10	57,0	48,1	79,2	66,1	-13,2	52,5	51,5	20,8	22,4
541	5	3	2	0	11	42,5	47,0	41,2	50,0	-14,0	27,7	38,2	14,8	18,8
529	5	3	2	0	11	43,4	37,2	30,0	66,6	-999,0	50,6	58,7	6,1	38,2
511	5	3	2	0	9	41,5	29,8	27,6	66,9	-10,6	57,4	35,7	22,7	15,6
506	5	3	2	0	9	46,5	36,1	44,0	67,2	-10,6	48,5	33,8	13,2	14,4
508	5	3	4	0	9	46,8	40,9	48,8	71,4	-6,7	56,4	46,1	18,7	18,5
708	7	2	4	0	10	55,1	48,7	65,2	63,4	-15,3	48,7	47,4	18,1	20,7
1080	1	1	2	0	9	50,1	56,0	59,6	67,6	-9,6	45,6	40,8	21,9	17,6
513	5	3	2	0	11	46,1	50,3	37,2	60,4	-13,6	49,1	35,5	19,1	14,3
503	5	3	2	0	9	46,6	31,8	38,8	61,9	-14,5	47,9	41,8	15,2	24,0
253	2	2	2	0	11	45,7	45,0	51,2	64,8	-13,2	46,2	37,2	16,4	15,8
Bcicek	1	1	1	1	4	36,0	38,8	26,4	49,5	4,9	27,0	44,8	16,5	19,1
Yediver	1	1	1	1	8	48,5	46,9	57,0	62,2	-14,1	49,5	45,2	16,0	21,8
Banana	8	4	1	1	6	47,5	63,2	60,8	53,4	-5,1	38,1	42,8	21,5	17,4

Bölgeler (orijin)-1-Ege, 2-Marmara,3-Akdeniz, 4-Güneydoğu, 5-Karadeniz, 7-İç Anadolu, 8-Fransa, 9- İsrail-

§ Erkençilik-Geççilik -1:erkenci, 2:orta erkenci, 3:geççi, 4:çok geççi

¶ Partonekarpi-1:Partenokarp, 0:partenokarp olmayan

\$ Renk (görsel):1:siyah, 2:Mor, 3:Koyu Mor, 4:Yeşil Mor, 5:Kahve Mor, 6:Sâri yeşil, 7:Acık Mor, 8:Sâri, 9:Sâri Yeşil, 10:Acık Yeşil,

11:Yeşil

* L, a ,b değerleri

Meyve özellikleri için belirlenen 96 adet dişi incir kullanılarak 121 adet primerle kurulan PCR'lar sonucu 157 adet moleküler işaretleyici oluşturulmuştur. Bunlardan 127 adeti SRAP, 23 adeti RAPD, ve 7 adeti SSR'dır. Ancak Structure programında Q-matrix hesaplamasında birbiriyle korelasyon göstermeyen işaretleyiciler analize dahil edilebildiği için 20 işaretleyici structure analizine alınmamış, analiz 137 işaretleyici ile yapılmıştır. Structure programı sonunda dört alt popülasyon oluşmuş ve her genotipin ait olduğu alt popülasyon ve ait olma yüzdesi belirlenmiştir (Çizelge 4.6). Bazı genotiplerin dört alt popülasyona da ait olma yüzdeleri birbirine yakın iken (243, 250, 541, 503...) bazı genotipler bazı alt popülasyonlara hiç dahil edilmemiştir (237, 308, 1060...).

Structure programında elde edilen Q-matrix verileri, fenotipik veriler ve moleküler işaretleyici verileri (TASSEL GLM-Q) kullanılarak ilişkilendirme analizi (İH) yapılmıştır. Ancak TASSEL programında kullanılabilmesi için işaretleyici allellerinin popülasyonun en az %10 ve üzerinde temsil ediliyor olması gerektiğinden, bu kriteri karşılamayan 22 işaretleyici İH analizine alınmamıştır. Çizelge 4.7'de verilen analiz sonuçları 135 işaretleyici kullanılarak elde edilmiştir. TASSEL'de yapılan ilişkilendirme analizi sonucu elde edilen p-değerleri (p_İşaretleyici, p-perm_İşaretleyici ve p-adj_İşaretleyici) her işaretleyicinin karakterle olan ilişki oranları (Rsq_İşaretleyici ve Rsq_Model) TASSEL programında 3000 permutasyon ile GLM (General Linear Model) analizi sonuçları Çizelge 4.7 de verilmiştir. İlişkilendirme analizinde (TASSEL) moleküler işaretleyici dataseti, fenotipik data ve Structure programında oluşturulan Q-matrix kullanılmıştır.

Çizelge 4. 6 Meyve rengi popülasyonu için birbiriyle korelasyon göstermeyen 137 işaretleyici kullanılarak STRUCTURE programında hesaplanan Q-matrix.

Alt popülasyon grupları				
Genotipler	Q1	Q2	Q3	Q4
244	0.06	0.42	0.26	0.26
243	0.25	0.25	0.25	0.25
226	0.40	0.20	0.21	0.19
224	0.01	0.24	0.50	0.25
220	0.40	0.20	0.20	0.20
218	0.01	0.24	0.50	0.25
215	0.09	0.43	0.29	0.18
216	0.25	0.25	0.25	0.25
208	0.60	0.20	0.20	0.00
237	0.50	0.25	0.25	0.00
323	0.41	0.39	0.20	0.00
255	0.50	0.25	0.25	0.00
1104	0.12	0.32	0.39	0.18
1026	0.50	0.25	0.25	0.00
1012	0.20	0.01	0.60	0.20
1088	0.45	0.21	0.03	0.30
1071	0.04	0.37	0.38	0.20
1068	0.60	0.23	0.14	0.04
1065	0.41	0.39	0.19	0.01
1019	0.25	0.25	0.27	0.23
1054	0.39	0.40	0.20	0.00
528	0.05	0.31	0.39	0.25
712	0.00	0.40	0.40	0.20
250	0.25	0.25	0.25	0.25
316	0.20	0.40	0.25	0.15
301	0.49	0.25	0.24	0.01
231	0.25	0.39	0.22	0.14
209	0.00	0.25	0.50	0.25
1112	0.40	0.20	0.40	0.00
1033	0.23	0.25	0.31	0.20
1046	0.20	0.22	0.20	0.38
1024	0.14	0.30	0.31	0.25
1090	0.24	0.41	0.00	0.35
1086	0.53	0.02	0.05	0.40

Çizelge 4 6 (devam)

1060	0.20	0.42	0.00	0.38
523	0.04	0.25	0.49	0.23
701	0.06	0.45	0.28	0.21
249	0.03	0.27	0.44	0.25
535	0.59	0.20	0.21	0.00
312	0.17	0.31	0.36	0.16
1117	0.60	0.20	0.00	0.20
1036	0.23	0.23	0.31	0.23
1099	0.07	0.43	0.28	0.22
704	0.01	0.25	0.49	0.25
221	0.20	0.40	0.20	0.20
Scicek	0.00	0.01	0.74	0.25
NoiredC	0.20	0.00	0.60	0.20
Nazaret	0.03	0.26	0.36	0.35
402	0.20	0.21	0.39	0.20
308	0.00	0.25	0.25	0.50
306	0.04	0.40	0.30	0.25
213	0.00	0.25	0.25	0.50
326	0.04	0.38	0.40	0.18
1081	0.27	0.00	0.24	0.49
522	0.20	0.40	0.20	0.20
534	0.00	0.25	0.50	0.25
245	0.15	0.40	0.32	0.12
404	0.00	0.25	0.25	0.50
401	0.00	0.40	0.40	0.20
235	0.18	0.25	0.40	0.17
207	0.80	0.00	0.00	0.20
201	0.25	0.50	0.00	0.25
1044	0.71	0.09	0.00	0.20
1001	0.25	0.50	0.00	0.25
1041	0.02	0.20	0.38	0.40
205	0.50	0.25	0.25	0.00
1023	0.18	0.23	0.21	0.39
1013	0.21	0.26	0.30	0.23
1048	0.22	0.00	0.19	0.59
1032	0.25	0.50	0.00	0.25
1018	0.20	0.60	0.00	0.20

Çizelge 4 6 (devam)

1034	0.25	0.50	0.00	0.25
1079	0.24	0.20	0.19	0.37
1100	0.75	0.00	0.00	0.25
1058	0.03	0.39	0.36	0.23
542	0.02	0.25	0.49	0.24
519	0.02	0.40	0.39	0.19
711	0.25	0.25	0.25	0.25
538	0.15	0.26	0.39	0.20
515	0.25	0.25	0.30	0.20
540	0.20	0.20	0.20	0.40
531	0.03	0.25	0.48	0.24
507	0.78	0.02	0.00	0.20
541	0.25	0.25	0.25	0.25
529	0.63	0.17	0.00	0.20
511	0.21	0.28	0.27	0.24
506	0.16	0.40	0.25	0.19
508	0.19	0.30	0.29	0.22
708	0.41	0.26	0.00	0.33
1080	0.05	0.25	0.39	0.31
513	0.20	0.20	0.40	0.20
503	0.25	0.25	0.25	0.25
253	0.20	0.20	0.40	0.20
B.Çiçek	0.05	0.06	0.64	0.25
Yediveren	0.20	0.39	0.18	0.23
Banana	0.00	0.25	0.49	0.26

Analiz sonucunda partenokarpi için 3 (M69, M77, M139, görsel kabuk rengi için 5 (M55, M109, M113, M119, M142), Konica Minolta L değeri için 4 (M55, M109, M113, M142), a değeri için 4 (M55, M109, M113, M137), b değeri için 5 (M20, M55, M109, M113, M142), meyve eti rengi L değeri için 3 (M137, M109, M9), a değeri için 1 (M6), b değeri için 1 (M103), meyve çapı için 4 (M3, M57, M124, M144), meyve boyu için 2 (M57, M133), meyve ağırlığı için 6 (M3, M57, M116, M124,

133, M144) moleküler işaretleyicinin üç p değeri de önemli bulunmuştur. Her fenotipik özellik için TASSEL GLM-Q programında önemli bulunan işaretleyici için SAS programında kümülatif R^2 değerleri bulunmuştur.

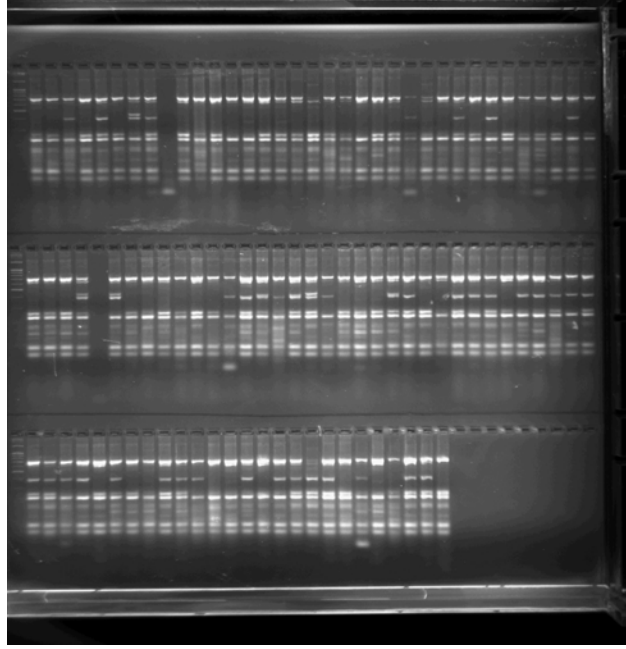
4.2.2.1 Meyve kabuk rengi (görsel)

Meyve kabuk rengi açısından genotipler onbir sınıfa ayrılmıştır. GLM-Q analizi sonucu SRAP işaretleyicileri M55 (M6E5.400), M109 (M12E2.700), M113 (M12E7.650), M119 (M12E5.600) ve RAPD işaretleyicisi M142 (OPL08.280) kabuk rengi ile önemli derecede ilişkili bulunmuştur. M55 (M6E5.400) SRAP işaretleyicisinin jel görüntüleri incelendiğinde, sarı, yeşil kabuk renkli bireylerin çoğunluğunda 400 bp'de band oluştururken, aynı band koyu kabuk renkli (mor,siyah) bireylerin ancak birkaç tanesinde görülmüştür (Şekil 4.14).

Bu veriler SAS forward/backward stepwise regresyon analizine tabi tutulduğunda toplam dört işaretleyici meyve rengini %39'unu, M55 (M6E5.400) SRAP işaretleyicisi tek başına varyasyonun %20'sini açıklamıştır (Çizelge 4.8). SAS korelasyon analizi, M55 ile M109 işaretleyicileri arasında önemli bir korelasyon göstermiştir. Bu durum, iki işaretleyicinin aynı renk lokusunu temsil ederken M113 ve m142 birbirleriyle ve diğer işaretleyicilerle herhangi bir korelasyon göstermemiştir. Bu sonuçta bu iki işaretleyicinin iki ayrı kabuk rengi lokusunu temsil ettiği şeklinde yorumlanabilir.

Çizelge 4. 7 Meyve özelliklerini belirleyen genlerin İH sonuçları p-değerleri.

Trait	İşaretleyici	Locus F	İşaretleyici p	İşaretleyici perm	P- M	p-adj	M Rsq	Model Rsq	M
Parteno	Me7Em14.550	M069 125,409	6.46E+00	3.33E+00	0,0013	0,1527	0,1236		
Parteno	Me8Em1.300	M077 98,293	0,0023	0,006	0,115	0,1558	0,0954		
Parteno	OPM06.370	M139 117,166	9.55E+00	1.00E+01	0,015	0,1738	0,1139		
Renk	Me6Em5.400	M055 110,131	0,0013	0,002	0,039	0,2412	0,0983		
Renk	Me12Em2.700	M109 178,092	6.21E-01	3.33E+00	3.33E+00	0,3038	0,1494		
Renk	Me12Em7.650	M113 16,043	1.33E-01	6.66E+00	3.33E+00	0,2891	0,1358		
Renk	Me12Em5.600	M119 101,446	0,002	0,0017	0,0546	0,2428	83		
Renk	OPL08.280	M142 106,678	0,0017	0,0017	0,0327	0,2673	0,1071		
Ortkr L*	Me6Em5.400	M055 97,753	0,0024	0,003	0,0816	0,2734	0,0866		
Ortkr L*	Me12Em2.700	M109 206,255	1.95E-01	3.33E+00	3.33E+00	0,3645	0,1639		
Ortkr L*	Me12Em7.650	M113 142,064	3.10E+00	6.66E+00	3.33E+00	0,3162	0,1199		
Ortkr L*	OPL08.280	M142 138,694	3.93E+00	0,0013	0,008	0,3237	0,134		
Ortkr a*	Me6Em5.400	M055 185,506	4.71E-01	6.66E+00	3.33E+00	0,2895	0,1668		
Ortkr a*	Me12Em2.700	M109 200,446	2.55E-01	3.33E+00	3.33E+00	0,3221	0,1742		
Ortkr a*	Me12Em7.650	M113 162,748	1.27E+00	3.33E+00	3.33E+00	0,2909	0,1479		
Ortkr a*	OPM06.300	M137 136,889	3.97E+00	6.66E+00	0,0063	0,2759	0,1255		
Ortkr b*	Me4Em6.400	M020 94,172	0,0029	0,004	0,0993	0,2743	0,0854		
Ortkr b*	Me6Em5.400	M055 99,522	0,0022	0,0027	0,0666	0,2846	0,0868		
Ortkr b*	Me12Em2.700	M109 226,626	8.46E-02	3.33E+00	3.33E+00	0,3803	0,1756		
Ortkr b*	Me12Em7.650	M113 159,678	1.41E+00	6.66E+00	3.33E+00	0,3363	0,1308		
Ortkr b*	OPL08.280	M142 15,068	2.32E+00	6.66E+00	3.33E+00	0,3324	0,1437		
Ortmer L*	OPM06.300	M137 143,956	2.82E+00	6.66E+00	3.33E+00	0,2899	0,1247		
OrtmerL	Me12Em2.700	M109 82,996	0,0051	0,006	0,2373	0,2492	0,0779		
OrtmerL	Me3Em7.150	M009 88,631	0,0038	0,0047	0,1433	0,252	0,0808		
Ortmer a*	Em2Em3.80	M006 91,469	0,0033	0,003	0,1063	0,2617	0,0804		
Ortmer.b	Me12e1.200	M103 81,524	0,0055	0,0047	0,2153	0,1958	0,0809		
orten	Mm2Em5.50	M003 105,498	0,0017	0,003	0,0467	0,279	0,0895		
orten	Me6Em5.100	M057 110,203	0,0013	0,0027	0,0323	0,2704	0,0946		
orten	Me12Em15.200	M124 101,847	0,002	0,002	0,0523	0,2639	0,0893		
orten	OPL07.290	M144 157,086	1.51E+00	3.33E+00	3.33E+00	0,3039	0,1257		
ortboy	Me6Em5.100	M057 146,694	2.44E+00	3.33E+00	3.33E+00	0,1555	0,1457		
ortboy	OPM06.600	M133 103,023	0,0019	0,002	0,0506	0,1197	0,1067		
ortma	Me2Em5.50	M003 136,651	3.86E+00	6.66E+00	0,006	0,2224	0,125		
ortma	Me6Em5.100	M057 14,43	2.72E+00	1.00E+01	3.33E+00	0,2274	0,1312		
ortma	Me12Em6.50	M116 10,347	0,0018	0,0017	0,0427	0,1879	0,0977		
ortma	Me12Em15.200	M124 119,778	8.49E+00	0,0017	0,0163	0,2107	0,1126		
ortma	OPM06.600	M133 103,327	0,0018	0,0017	0,044	0,2007	0,0972		
ortma	OPL07.290	M144 132,535	4.61E+00	6.66E+00	0,0067	0,2186	0,119		



Şekil 4. 14 M6E5 SRAP primerinin 96 dişi genotip ile yapılan PCR sonucu.

Çizelge 4. 8 Meyve kabuk rengi (görsel) karakterini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları

Intercept	7.31294	0.84287	663.65269	75.28	<.0001	Stepwise Reg
						Kümülatif R ² (%)
M55	2.46887	0.74934	95.70174	10.86	0.0016	20
M109	-2.00340	0.80621	54.44074	6.18	0.0154	28
M113	-1.97921	0.78078	56.65033	6.43	0.0135	34
M142	-1.62504	0.71940	44.98517	5.10	0.0271	39

4.2.2.2 Meyve kabuk rengi L değeri

TASSEL GLM-Q analizi sonucu M55 (M6E5.400), M 28 (M5E10), M113 (M12E7.650), M109 (M12E2.700) ve RAPD işaretleyicisi M142 (OPL08.280) işaretleyicileri meyve kabuk rengine ait L değeri ile olan ilişkisi önemli bulunmuştur (Çizelge 4.7). SAS stepwise regresyon analizi sonucunda M55 (M6E5.400) işaretleyicisi L* değerinin tek başına %20'sini, diğer dört işaretleyicinin de eklemesiyle toplam %44'ünü açıklayabilmiştir. SAS korelasyon analizi sonucunda M28, M55 ve M109 işaretleyicileri arasındaki korelasyon bulunmuş, M113 ve M142 ise bağımsız bulunmuştur. Görsel kabuk rengi sonuçlarının SAS programı sonuçlarında da M113 ve M142 bağımsız lokuslarla ilişkili bulunmuş, M55 ve M109 işaretleyicileri arasındaki önemli korelasyon nedeniyle aynı lokuslarla ilişkili oldukları belirtilmişti. Bu sonuçlar ışığında kabuk rengi L* değeri için üç ayrı lokusun tespit edildiği söylenebilir (Çizelge 4.9).

Çizelge 4. 9 Meyve kabuk rengi Chroma L* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

Intercept	57.07929	3.89871	38354	214.35	<.0001	Stepwise Reg Kümülatif R ² (%)
M109	-8.99456	3.66151	1079.76988	6.03	0.0168	7
M142	-5.93025	3.48623	517.75633	2.89	0.0938	12
M113	-9.96201	3.63089	1346.97946	7.53	0.0079	21
M28	9.40034	5.59502	505.09863	2.82	0.0978	24
M55	9.14332	3.61381	1145.43440	6.40	0.0139	44

4.2.2.3 Meyve kabuk rengi a değeri

Konica Minolta CR-400 ile ölçülen kabuk rengi a* değeri için M55 (M6E5.400) işaretleyicisi tek başına a* değerinin %23'ünü, M113 (M12E7.650), M109 (M12E2.700) işaretleyicileri ile birlikte bu değer %44'ünü açıklamıştır (Çizelge 4.10). SAS programı sonucunda M55 ve M109 işaretleyicileri arasındaki korelasyon önemli bulunmuş ve iki işaretleyicinin tek bir lokusu temsil ettiği ve M113 işaretleyicisinin farklı bir a* lokusuyla ilişkili olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 10 Meyve kabuk rengi Chroma a* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

						Stepwise Reg Kümülatif R ² (%)
Intercept	-5.14749	2.02705	364.58620	6.45	0.0131	
M109	6.79345	1.96057	678.82038	12.01	0.0009	9
M55	-7.12548	1.74130	946.70908	16.74	0.0001	32
M113	6.55715	1.86306	700.35231	12.39	0.0007	44

4.2.2.4 Meyve kabuk rengi b değeri

Konica Minolta ile ölçülen b* değeri için yapılan TASSEL (GLM-Q) analizi sonucu b değeri ile M20 (M4e6.400), M55 (M6E5.400), M113 (M12E7.650), M109 (M12E2.700) ve M142 (OPL08.280)

işaretleyicileri arasındaki ilişki önemli bulunmuştur. SAS programına alınan bu işaretleyicilerden M109 işaretleyicisi tek başına b^* değerinin %20'sini açıklamış, M142 tek başına %4, M113 % 12, M55 % 7 ve M20 % 5'ini açıklamıştır. İşaretleyicilerin hepsi b değerinin % 48'ini açıklamıştır. SAS analizi sonucunda M20 ile M142 ve M55 ile M109 işaretleyicileri arasındaki korelasyon önemli bulunduğu için bu işaretleyicilerin lokusları temsil ettiği, M113 işaretleyicisi b değeri açısından diğer işaretleyiciler ile korelasyon göstermemesi nedeni ile farklı bir lokusu temsil ettiği söylenebilir.

Çizelge 4. 11 Meyve kabuk rengi Chroma b^* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

						Stepwise Reg Kümülatif R^2 (%)
Intercept	45.00762	5.41982	22725	68.96	<.0001	
M109	-12.98169	5.22291	2035.84259	6.18	0.0157	20
M142	-9.20390	4.72006	1253.01270	3.80	0.0558	24
M113	-15.53756	5.10717	3050.09328	9.26	0.0035	36
M55	13.58585	4.74977	2696.10559	8.18	0.0058	43
M20	-9.85808	4.86592	1352.57954	4.10	0.0472	48

4.2.2.5 Meyve iç rengi L değeri

Meyve iç rengi açısından da $L^*a^*b^*$ değerleri alınarak TASSEL GLM-Q programında analiz edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda

M137 (OPM06.300), M109 (M12E2.700) ve M9 (M3E7.150) işaretleyicilerinin meyve içi L* değeriyle önemli ilişki gösterdiği tespit edilmiştir. M9 tek başına meyve iç rengi L değerinin % 16'sını açıklarken, üç işaretleyici toplam meyve içi L* değerinin %34'unu açıklamıştır (Çizelge 4.12). SAS analizleri sonucunda M109 ve M137 işaretleyicileri arasında önmeli korelasyon bulunmuş ve bu durum iki işaretleyicinin aynı lokusu temsil ettiği şeklinde yorumlanırken M9 işaretleyicisi diğer iki işaretleyici ile korelasyon göstermediği için farklı bir lokusu temsil ettiği düşünülmektedir.

Çizelge 4. 12 Meyve iç rengi Chroma L* değerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

Intercept	39.46935	1.43555	16253	755.93	Stepwise Reg
<.0001					Kümülatif R ² (%)
M137	3.57039	1.08858	231.29031	10.76	
0.0015					13
M9	4.48212	1.03579	402.60116	18.73	<.0001
M109	-2.73067	1.17699	115.72984	5.38	
0.0229					34

4.2.2.6 Meyve iç rengi a ve b değeri

Meyve içi rengi a* ve b* değerleri için TASSEL programında p değerleri önemli bulunan M6 ve M103 işaretleyicileri, SAS programına alınmış ve M6 (M2E3.80) a* değerinin %13'ünü, M103 (OPM06.300) işaretleyicisi b* değerinin %12'sini açıkladığı tespit edilmiştir. (Çizelge 4.13). Meyve iç rengi için önemli bulunan

işaretleyiciler (M2E3.80 ve OPM06.300) meyve kabuk rengi ile ilişki veren işaretleyicilerden farklıdır. Bu durum meyve kabuk rengi ile meyve iç rengini kontrol eden genlerin farklı olabileceği anlamına gelmektedir.

Çizelge 4. 13 Meyve iç rengi Chroma a* ve b* değerlerini belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

						Stepwise Reg Kümülatif R ² (%)
Intercept	15.27273	0.86233	5131.63636	313.68	<.0001	
M6	3.68361	0.98693	227.90064	13.93	0.0003	13
						Stepwise Reg Kümülatif R ² (%)
Intercept	18.63559	0.59054	20490	995.83	<.0001	
M103	3.46441	1.01715	238.69373	11.60	0.0010	12

4.2.2.7 Erkencilik/geççilik

Erkencilik-geççilik açısından TASSEL (GLM-Q) programında yapılan analizlerde p_İşaretleyici ve p_Permutation değerleri açısından p<0.05 den daha önemli çıkmasına rağmen, popülasyon yapısını dikkate alan p-adj_İşaretleyici değerleri bu işaretleyicilerin hepsinde p>0.1 den büyük çıkmıştır. TASSEL (GLM)-Q programında önemli bulunup SAS programına alınabilmesi için üç p değerinin de önemli bulunması gerekmektedir. Analiz sonucunda bu şart yerine getirilemediği için erkencilik-geççilik karakteri için ilişkilendirme analizinde erkencilik/geççilik fenotipi ile önemli ilişki gösteren işaretleyici tesbit edilememiştir.

4.2.2.8 Partenokarpi (yellop oluřturma zellięi)

Diři incirler dllenme biyolojisi aısından  gruba ayrılırlar. Meyve olgunlařtırmak iin mutlaka dllenmeye ihtiya duyan eřitler, yellop iin dllenmeye ihtiya duymadıkları halde iyiloplarını olgunlařtırmak iin dllenmeye ihtiya duyanlar ve hem yellop hem de iyilop rnlerini dllenme olmadan olgunlařtırabilenler (Storey, 1975). alıřmamıza dahil edilen partenokarp eřitler, ilkbahar rn (yellop) iin dllenmeye ihtiya duymaması nedeni ile ilk rn (yellop) meyvesi oluřturan eřitlerdir. Belirtilen partenokarpi zellięi iin 11 adet genotip tesbit edilmiřtir. İliřkilendirme Haritalaması Analizinde %10'un altında temsil edilen karakter tip II hata vermektedir. Partenokarp genotiplerin sayısı bu sınıra ok yakın olduęu iin sonuların istatistiki gc zayıftır. Bu durum gz nne alınarak yapılan TASSEL GLM-Q analizlerinde ve ele alınan 11 genotip iin  iřaretleyicinin (M69, M77 ve M139) p deęerleri nemli bulunarak SAS programında Stepwise analize tabi tutulmuřtur. Analiz sonunda, M77 (M8E1.300) iřaretleyicisi tek bařına partenokarpi zellięinin %17'sini, M139 (OPM06.370) iřaretleyicisiyle beraber varyasyonun %25'ini aıklamıřtır (izelge 4.14). Analiz sonunda M69 (M7E14.550) ve M139 iřaretleyicileri arasında nemli korelasyon bulunmuřtur. M77 iřaretleyicisi ile dięer iki iřaretleyici arasında korelasyon olmaması bu iřaretleyicinin dięerlerinden bağımsız olduęu řeklinde yorumlanabilir. Partenokarpi zellięi incir yetiřtiricilięi ve ıslahta nemli bir zellik olduęu iin ileride partenokarp birey sayısı arttırılarak daha etkili iřaretleyiciler bulunabilir.

Çizelge 4. 14 Partenokarpi karakterini belirleyen genin ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

Intercept	0.47193	0.07394	3.01841	40.74	Stepwise Reg
<.0001					Kümülatif R ² (%)
M77	-0.34687	0.07674	1.51363	20.43	
<.0001					17
M139	-0.17983	0.05742	0.72668	9.81	
0.0023					25

4.2.2.9 Meyve çapı (eni)

Yapılan ölçümlerde meyve çapı 25.9 mm ile 62.0 mm arasında değişen değerler almıştır. Meyve çapı ile ilişkisi önemli olduğu belirlenen üç işaretleyici tespit edilmiştir. Çizelge 4.15’de belirtilen M3 (M2E5.50), M57 (M6E5.100) ve M144 (OPL07.290) işaretleyicileri toplam varyasyonun % 41’ini açıklamıştır. RAPD işaretleyicisi olan M144 tek başına meyve çapının %24’ünü açıklamıştır.

Çizelge 4. 15 Meyve çapını belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları.

Intercept	53.09989	1.53938	39891	1189.85	Stepwise Reg
<.0001					Kümülatif R ² (%)
M144	-6.02680	1.26588	759.93101	22.67	
<.0001					24
M57	-4.54559	1.39316	356.91625	10.65	
0.0016					34
M3	-5.30793	1.68066	334.40631	9.97	
0.0022					41

4.2.2.10 Meyve boyu

Meyve boyunu belirleyen lokuslara bağlı iki işaretleyici, M57 (M6E5.100) ve M133 (OPM 06.600) tespit edilmiştir. Bu iki işaretleyici toplam varyasyonun %21'ini açıklamıştır ve M57 tek başına bu varyasyonun %17'sini açıklamıştır (Çizelge 4.16). M57 işaretleyicisi meyve eninin de %10'unu açıklamıştır.

Çizelge 4. 16 Meyve boyunu belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterle olan ilişki oranları

					Stepwise Reg Kümülatif R ² (%)
Intercept	43.75203	0.99650	109495	1927.70	
<.0001					
M57	-6.16778	1.90486	595.50403	10.48	
0.0017					17
M133	-3.82042	1.82390	249.21452	4.39	
0.0390					21

4.2.2.11 Meyve ağırlığı

Ortalama meyve ağırlığı, yapılan ölçümlerde 42.1 gram olarak belirlenmiştir. En düşük meyve ağırlığı 9.2 gram en yüksek ise 90 gram olarak tartılmıştır. Meyve ağırlığı için TASSEL (GLM)-Q analizinde önemli bulunan altı işaretleyici (M3, M57, M116, M124, 133, M144) SAS programında Stepwise analize tabi tutulmuş ve bu işaretleyicilerden beş tanesi meyve ağırlığının %46'sını açıklayabilmiştir. M124 (M12E15.200) tek başına meyve ağırlığının %18'ini, M57 (M6E5.100)

tek başına %12'sini açıklamıştır. M116 (M12E6.50) hariç diğer dört işaretleyici aynı zamanda meyve eni veya meyve boyu karakterleriyle de önemli ilişki göstermiştir. Bu durum, meyve eni, boyu ve ağırlığını belirleyen ortak genom bölgelerinin olduğunu göstermektedir. Sözü geçen beş işaretleyicinin kendi aralarındaki korelasyonuna bakıldığında (SAS) M57 ve M133 bir lokusu, M3, M116 ve M144'ünde bir başka genetik lokusu temsil ettiği görülmüştür. Bir başka ifade ile meyve ağırlığı için iki lokusa bağlı bulunan beş işaretleyici toplam varyasyonun %46'sini açıklarken meyve boyunu belirleyen tek bir lokusa iki işaretleyici bağlı bulunmuş ve toplam varyasyonun %21'ini açıklamıştır. Benzer şekilde, meyve enini belirleyen iki lokusa bağlı üç işaretleyici toplam varyasyonun %41'ini açıklayabilmistir (Çizelge 4.17).

Çizelge 4. 17 Meyve ağırlığını belirleyen gen(ler)in ilişkilendirme haritalaması sonucu p-değerleri önemli bulunan işaretleyicilerin karakterlerle olan ilişki oranları.

Intercept	67.40464	3.94610	51566	291.77	<.0001	Stepwise Reg Kümülatif R ² (%)
M57	-8.68088	3.47197	1104.82131	6.25	0.0145	12
M3	-12.06940	3.93082	1666.18075	9.43	0.0029	21
M124	-10.64354	2.95831	2287.71091	12.94	0.0006	39
M116	-7.27708	3.29901	859.93315	4.87	0.0303	42
M13	-8.77234	3.33425	1223.34906	6.92	0.0102	46

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Çalışmada 47 erkek ve 49 dişi genotipten oluşan erkek-dişi popülasyonu ve 96 dişi genotipten oluşan meyve özelliklerini incelediğimiz popülasyon olmak üzere iki incir popülasyonu oluşturulmuştur. Çalışma sonunda ülkemizin farklı bölgelerini temsil eden erkek ve dişi incir popülasyonları arasındaki ve popülasyonların kendi içerisindeki filogenetik ilişkiler, RAPD, ISSR, SSR ve SRAP primerleri kullanılarak ortaya konulmuştur. NTSYS programında erkek ve dişi popülasyonu için 150, meyve özelliklerinin incelendiği popülasyon için 157 moleküler işaretleyici analiz edilmiştir. Moleküler veriler kullanılarak yapılan filogenetik ilişki analizleri sonucunda genotipler erkek/dişi karakterlerine göre kesin gruplara ayrılmamıştır. Erkek ve dişi genotipler arasında çok belirgin bir genetik farklılık olmaması her erkeğin sonuçta bir dişiyle melezlenerek oluştuğu düşünülürse beklenen bir sonuçtur. NTSYS programında yapılan analizler sonucunda erkek ve dişi genotipler ayrılmazken Temel Bileşenler Analizi sonucunda oluşturulan grafikte erkek ve dişilerin ayrıldığı görülmüştür. Bunun sebebi de metodlarda kullanılan hesaplama yöntemlerinin farklılığı olabilir. UPGMA benzerlik katsayısını hesaplamak için DICE metodunu kullanırken Temel Bileşenler Analizi kovaryans matrisini kullanmaktadır. Filogenetik analizler sonucunda farklı bölgelerden alınan genotiplerin bazıları birbirine daha yakın dursa da genel olarak genotipler coğrafik orijinlerine göre belirgin gruplara ayrılmamıştır.

Ancak fenotipik veriler de eklenerek yapılan analizde genotiplerin bazı özelliklerine göre gruplara ayrıldığı görülmüştür. Bu sonuç, fenotipik veriler kullanılarak oluşturulan ve genotiplerin birbirlerine olan yakınlıklarını ortaya koyan dendrogramların moleküler veriler ile elde edilenlerin yerini alamayacağı göstermektedir.

Filogenetik analizler sonucunda elde edilen dendrogramlardan, ıslah programlarında kullanılmak istenen genotiplerin seçiminde ve genetik kaynakların muhafazasında yararlanılabilir. Genetik olarak birbirine çok yakın olan genotipler arasında tercih yapılarak bazıları elimine edilebilirken birbirinden çok farklı duran genotiplerin genetik kaynak olarak özellikle muhafaza edilmesi tercih edilebilir.

Genotiplerin gerçek orijinleriyle ilgili bilgilerin daha net ortaya konulması için ileride yapılacak çalışmalara kloroplast ve mitokondri DNA işaretleyicilerinin kullanılması önerilebilir.

Çalışmanın moleküler işaretleyicilerin belirlenmesi kısmında erkek/dişi karakterinin %77'sini açıklayan 5 moleküler işaretleyici belirlenmiştir. Bu beş işaretleyiciden bir tanesi (MS2FEM10) erkek/dişi karakterinin %66'sını tek başına açıklamaktadır. *F. fulva* ile yapılan çalışmada geliştirilen erkek spesifik AFLP işaretleyicisinin bütün erkek bireylerde band verdiği ancak dişi bireylerde band oluşturmadığı belirtilmiştir (Parrish et al., 2004). SCAR işaretleyicisine dönüştürülen erkek spesifik işaretleyiciler polimorfik özelliklerini kaybetmişlerdir. Bizim çalışmamızda tek başına erkek fenotipinin %66'sını açıklayabilen MS2FEM10 işaretleyicisi *F. fulva*'da erkek bireyler için geliştirilmiş

AFLP primeri ile SRAP primerinin kombinasyonu ile elde edilmiştir ve *F. fulva* için elde edilen sonucu desteklemektedir.

Erkencilik/geçcilik için önemli bir işaretleyici belirlenememiştir. Partenokarpi (yellop oluşturma) özelliğinin %25'ini açıklayan iki işaretleyici belirlenmiştir. Ancak TASSEL programında analize alınan allellerin popülasyonun en az %10'nunda temsil ediliyor olması gerektiği kuralına göre partenokarpik genotip sayısı sınırdaki olduğu için sonuçlarımızın istatistiksel gücü kısmen zayıftır.

Kabuk rengi için görsel değerler ve Chroma metre ile ölçülen L, a ve b değerleri için ayrı ayrı analiz yapılmış ve görsel veriler için 5 moleküler işaretleyicinin kabuk renginin % 39'unu açıkladığı belirlenmiştir. Chroma metre L değeri için 5, Chroma metre a değeri için 3, b değeri için 5 moleküler işaretleyici önemli bulunmuştur. Meyve iç renginin Chroma metre L değerinin % 34'ünü açıklayan 3 işaretleyici belirlenmiştir. Meyve et rengi Chroma a değerini %13 ve b değerini %12 açıklayan birer moleküler işaretleyici belirlenmiştir. Meyve kabuk rengi ve meyve iç rengi için farklı işaretleyicilerin belirlenmesi meyve kabuk rengi ile iç renginin farklı genler tarafından kontrol edildiği şeklinde yorumlanabilir.

Meyve çapının %41'ini açıklayan 3 işaretleyici, meyve boyunun % 21'ini açıklayan 2 işaretleyici ve meyve ağırlığının % 46'sını açıklayan 5 moleküler işaretleyici belirlenmiştir. Meyve çapı, meyve boyu ve meyve ağırlığı için belirlenen işaretleyicilerin ortak olması bu özellikleri kontrol eden genlerin aynı yada birbirine yakın lokuslarda olduğunu şeklinde yorumlanabilir.

Sonuç olarak çalışma, İlişkilendirme Haritalaması Yönteminin haritalama popülasyonu oluşturulmadan doğal popülasyonlar kullanılarak meyve ağaçlarında uygulanabileceğini göstermektedir. Haritalama popülasyonu oluşturmanın çok zaman aldığı ve ıslah çalışmalarının uzun yıllar sürdüğü meyve ağaçlarında doğal popülasyonların kullanılması temeline dayanan ilişkilendirme analizi yönteminin meyvecilikte moleküler işaretleyicilerin belirlenmesi çalışmalarına ivme kazandırması ve ıslah programlarının daha kısa sürede tamamlanmasına katkıda bulunması beklenmektedir. Bu anlamda erkek ve dişi karakterinini tek başına %66'sını açıklayan M130 moleküler işaretleyicisi SCAR işaretleyicisine dönüştürülerek ıslah çalışmalarında kullanılabilir.

Günümüzde incir ıslah çalışmalarında hedef sarı kabuk rengi, beyaz meyve eti, iri meyve, taşınmaya dayanıklı kabuk ve partenokarp özelliklerini taşıyan çeşitler elde etmek olduğu göz önüne alınırsa meyve özellikleri ile ilgili işaretleyicilerin ıslah çalışmaları için önemi daha iyi anlaşılabilir. İleride yapılacak çalışmalarda meyve özellikleri için daha güvenilir moleküler işaretleyiciler elde edilebilmesi için daha detaylı genom taramasına ihtiyaç duyulacaktır. Bunun için işaretleyici sayısını arttırarak (3 cM' da bir işaretleyici olacak şekilde) daha detaylı bir çalışma yapılabilir.

İncirde döllenme işleminin (ilekleme) zorlukları ve ileklemenin beraberinde getirdiği bazı olumsuzlukları elimine edebilmek için partenokarpi ıslah çalışmalarında yeni elde edilecek çeşitte bulunması istenen bir özelliktir. Partenokarpi için genotip sayısının sınırlı olması elde ettiğimiz sonuçları olumsuz etkilemiştir. Bu nedenle ileride yapılacak çalışmalarda partenokarp birey sayısı arttırılarak bu özellik

içinde ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere sunulabilecek moleküler işaretleyiciler elde edilebilir.

KAYNAKLAR DİZİNİ

- Aka-Kacar, Y., Kuden, A. B., Cetiner, M. S., 2003**, Identification of varietal polymorphism in *Ficus carica* L. by RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) Markers, *Acta Horticulturae* 598:167-172.
- Aksoy, U., Seferoğlu, G., Mısırlı, A., Kara, S., Şahin, N., Bülbül, S., and Düzbastılar, M., 1992**, Ege Bölgesi koşullarına uygun sofralık incir çeşit seleksiyonu, Türkiye 1. Bahçe Bitkileri Kongresi, İzmir 545-548.
- Aksoy, U., 1998**, Why Figs? An Old Taste and a New Perspective. *Acta Horticulturae*, 480: 25-26.
- Aksoy, U., Can, H.Z., Hepaksoy., S., Şahin, N., 2001**, İncir Yetiştiriciliği, TÜBİTAK, Türkiye Tarımsal Araştırma Projesi Yayınları.
- Alpert, K.B., Tanksley, S.D., 1996**, High-resolution mapping and isolation of a yeast artificial chromosome contig containing *fw2.2*: A major fruit weight quantitative trait locus in tomato, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, U S A, 24:15503–15507.
- Berg, C.C., 1989**, Classification and distribution of Ficus, *Cellular and Molecular Life Sciences*, 45: 605-611
- Bostan, S. Z., Islam, A. ve Aygun, A., 1998**, A Study on Pomological Characteristics of Local Fig Cultivars in Northern Turkey. *Acta Horticulturae*, 480 : 71-73.
- Breseghello, M., Sorrells, E., 2006**, Association Mapping of Kernel size and Milling Quality in Wheat (*Triticum aestivum* L.) Cultivars, *Genetics*, 172, 1165-1177.

KAYNAKLAR (devam)

- Brotman, Y., Kovalski, I., Dogimont, C., Pitrat, M., Portnoy, V., Katzir, N., Perl-Treves, R., 2005**, Molecular markers linked to papaya ring spot virus resistance and *Fusarium race 2* resistance in melon, *Theoretical and Applied Genetics*, 110:337-45.
- Budak, H., R.C. Shearman, I. Parmasksiz, R.E. Gaussoin, T.P. Riordan, and I. Dweikat. 2004**, Molecular characterization of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers, *Theoretical and Applied Genetics*, 108:328-334.
- Burbank, L. 1914**, Luther Burbank, Burbank Pres, 4:297, New York.
- Cabrita, F. L., Aksoy, U., Hepaksoy, S., Leita, M. J., 2001**, Suitability of isoenzyme, RAPD and AFLP markers to assess genetic differences and relatedness among fig (*Ficus carica* L.) clones, *Scientia Horticulturae*, 261-273.
- Chagné, D., Carlisle, C. M.,¹ Blond, C., Volz, R. K., Claire J Whitworth, C. J., Nnadozie C Oraguzie, N. C., Crowhurst, R. N., Allan, A. C., Espley, R. V., Hellens, R. P., and Gardiner, S.E., 2007**, Mapping a candidate gene (MdMYB10) for red flesh and foliage colour in apple, BMC, *Genomics*, 8: 212.
- Coart, E., Vekemans, X., Smulders, M. J., Wagner, I., Van Huylenbroeck, J., Van Bockstaele, E., Roldán-Ruiz, I., 2003**, Genetic variation in the endangered wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in Belgium as revealed by amplified fragment length polymorphism and microsatellite markers, *Molecular Ecology*, 2:845-57.
- Dalkılıç, Z., Mestav, O., Günver-Dalkılıç, G., Kocataş, H., 2006**, Aydın Yöresi Erkek İncir çeşitlerinin RAPD Belirteçleri İle Akrabalık Derecelerinin Belirlenmesi, TUBİTAK Projesi, (TOGTAG-3381).

KAYNAKLAR (devam)

- De Masi, L., Castaldo, D., Galano, G., Minasi, P., 2005**, Genotyping of fig (*Ficus carica* L.) via RAPD markers, *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 85: 2235-2242.
- Dirlewanger,* E., Graziano, E., Joobeur, T., Garriga-Calderé, F., Cosson, P., Howad, W., and Arús, P., 2004**, Comparative mapping and marker-assisted selection in Rosaceae fruit crops, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, U S A, 29: 9891–9896.
- Dokuzoğuz, M., 1964**, Bahçe Bitkilerinin Islahında klon seleksiyonu, E.Ü. Z. F. Yay. No: 87.
- Dalbo, M. A., Ye, G.N., Weeden, N. F., Steinkellner, H., Sefc, K. M., and Reisch, B. I., 2000**, A gene controlling sex in grapevines placed on a molecular marker-based genetic map, *Genome*, 43: 333-340.
- Deputy, J., Ming, R., Ma, H., Liu, Z., Fitch, M., Wang, M., Manshardt, R., Stiles, J., 2002**, Molecular markers for sex determination in papaya (*Carica papaya* L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 106: 107-111.
- Doyle, J.J., Doyle, J.L., 1990**, Isolation of Plant DNA from fresh tissue, *Focus*, 12: 13-15.
- Doyle, J., Ferguson. L., 1998**, Breeding persistent figs with Calimyrna quality, *Acta Horticulturae*, 480:259-261.
- Dvornyk, V., Sirviö, A., Mikkonen, M., Savolainen, O., 2002**, Low nucleotide diversity at the *paII* locus in the widely distributed *Pinus sylvestris*, *Molecular Biology and Evolution*, 19:179-188.
- Erickson, D.L., Smith, B.D., Clarke, A.C., Sandweiss, D.H., and Tuross, N., 2005**, An Asian origin for a 10,000-year-old domesticated plant in the Americas, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102: 18315–18320.

KAYNAKLAR (devam)

- Eroğlu, A. Ş., 1982,** İncir Araştırmaları Projesi (ıslah) incir seleksiyonu, Erbeyli Ziraî Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Aydın.
- Ferriol, M., Pico, B. Nuez, F., 2003,** Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers, *Theoretical and Applied Genetics*, 107: 271-282.
- Goldstein, D.B., Cavalleri, G.L., Ahmadi, K.R., 2003,** The genetics of common diseases: 10 million times as hard, Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology, 68:395-401.
- Guasmi, F., Ferchichi, A., Fares, K., Touil, L., 2006,** Identification and differentiation of *Ficus carica* L. cultivars using inter simple sequence repeat markers, *African Journal of Biotechnology*, 5: 1370-1374.
- Gupta, P.K., Rustgi, S., Kulwal, P.L., 2005,** Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: present status and future prospects, *Plant Molecular Biology*, 57:461-85
- Hagen, S., Khadari, B., Lambert, P., Audergon, J.M., 2002,** Genetic diversity in apricot revealed by AFLP markers: Species and cultivar comparisons, *Theoretical and Applied Genetics*, 105:298-305.
- Hamrick, J.L., Godt, M. J W. and Sherman-Broyles, S. L., 1992,** Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species, *New Forests*, 6: 95-124.
- Hepaksoy, S., Aksoy, U., Şahin, N., 2004** Bazı İncir Çeşitlerinin Morfolojik ve Moleküler Yöntemlerle Tanımlanması, TÜBİTAK-TARP 2574-3.
- Hunt, W. B. 1911,** Fig breeding, University of Georgia, USA, 11: 146-148.
- Hunt, W. B. 1912,** Fig breeding, University of Georgia, USA, 12:107-110.

KAYNAKLAR (devam)

- Igartua, E., Casas, A.M., Ciudad, F., Montoya, J.L., Romagosa, I., 1999,** RFLP markers associated with major genes controlling heading date evaluated in a barley germplasm pool, *Heredity* 83:551-559.
- Ivandic, V., Hackett, C.A., Nevo, E., Keith, R., Thomas, W. T. B., 2002,** Analysis of simple sequence repeats (SSRs) in wild barley from the fertile crescent: associations with ecology, geography and flowering time, *Plant Molecular Biology*, 48: 511–527.
- Iwata, H., Uga, Y., Yoshioka, Y., Ebana, K., Hayaskhi, T., 2007,** Bayesian association mapping of multiple quantitative trait loci and its application to the analysis of genetic variation among *Oryza sativa* L. germplasms, *Theoretical and Applied Genetics*, 114:1437-49.
- Khadari, B., Hochu, I., Santoni, S., and Kjellberg, F., 2001,** Identification and characterisation of microsatellite loci in the common fig (*Ficus carica* L.) and representative species of genus *Ficus*, *Molecular Ecology*, 1:191-193.
- Khadari, B., Oukabli, A., Ater, M., Mamouni, A., Roger, J.P., Kjellberg, F., 2004,** Molecular characterization of moroccan fig germplasm using intersimple sequence repeat işaretleyicis to establish a reference collection, *Hortscience*, 40:29-32.
- Kim, M. S., Moore, P.H., Zee, F., Fitch, M.M., Steiger, D.L., Manshardt, R. M., Paull, R. E, Drew., R. A., Sekioka, T., Ming, R., 2002,** Genetic diversity of *Carica papaya* as revealed by AFLP markers, *Genome*,. 45:503-12.
- Kislev, E.M., Hartman, A., Bar-Yosef, O., 2006,** Early domesticated fig in the Jordan Valley, *Science*, 32:1372-1374.
- Koyuncu, M. A., 1998,** A study on some fruit characteristics in local fig cultuvars grown in Hilvan (Urfa, Southern Turkey), *Acta Horticulturae*, 480:83-85.

KAYNAKLAR (devam)

- Koyuncu, M. A., Bostan, S. Z., İslam, A. ve Koyuncu, F., 1998,** Investigation on some physical and chemical characteristics in fig cultivars grown in Ordu, *Acta Horticulturae*, 480: 87-89.
- Kraakman, A., Niks, R.E., Van den Berg, M.M., Stam,P., Van Eeuwijk, F.A., 2004,** Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars, *Genetics*, 68: 435–446.
- Kutlu, E., ve Aksoy, U., 1997,** Further evaluation of selected Sarılop (Calimyrna) clones, *Acta Horticulturae*, 480: 265-269
- Küden, A. B., ve Tanrıver, E., 1998,** Plant Genetic Resources and Selection Studies on Gigs in the East Mediterranean and South East Anatolia Regions, *Acta Horticulturae* ,480: 49-54.
- Lee, M., 1998,** Genome projects and gene pools: New germplasm for plant breeding? *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95:2001-2004
- Li, G., Quiros, C.F., 2001,** Sequence related amplified polymorphism (SRAP), a new işaretleyici system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica, *Theoretical and Applied Genetics*, 103: 455-461.
- Meksem, K., Kahl, G., 2005,** The Handbook of Plant Genome Mapping: Genetic and Physical Mapping, Part I, (Katharina Schneider), 380 p, CPL Scientific Publishing Services, UK.
- Mısırlı, A., R. Gülcan, F. Topuz.1998a,** Determination of phenolic compounds in male and female figs, *Acta Horticulturae*, 480: 253-258.
- Mısırlı, A., Topuz, F., Zeybekoğlu, N., 1998b,** Research on variation of female and male figs in terms of leaf properties and stomatal distribution, *Acta Horticulturae*, 480: 129-132.

KAYNAKLAR (devam)

- Moncada, X., Pelsy, F., Merdinoglu, D., Hinrichsen, P., 2006**, Genetic diversity and geographical dispersal in grapevine clones revealed by microsatellite markers, *Genome* 49:1459-72.
- Mohammadi, S. A., and Prasanna, B. M., 2003**, Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations, *Crop Science*, 43:1235-1248.
- Nalbant, M., Şahin, N., Aydın, Ş., 1998**, Fig genetic resources at the Fig Research Institute (Aydın/Turkey), *Acta Horticulturae*, 480: 43
- Noble, E. G., 1922**, The work of the Yuma Reclamation Project Experiment Farm in 1919 and 1920. USDA. Cir. 221:3-37.
- Nordborg, M., 2000**, Linkage disequilibrium, gene trees, and selfing: an ancestral recombination graph with partial self-fertilization. *Genetics*, 154: 923-929.
- Nordborg, M., Borevitz, J.O., Bergelson, J., Berry, C.C., Chory, J., Hagenblad, J., Kreitman, M., Maloof, J.N., Noyes, T.P., Oefner, J., Stahl, E.A., Weigel, D., 2002**, The extent of linkage disequilibrium in *Arabidopsis thaliana*, *Nature Genetics*, 30:190-193.
- Oraguzie, N. C., Wilcox, P. L., Rikkerink, E. H. A., Nihal de Silva, H., 2007**, Association Mapping in Plants, Springer Science+Business Media, New York, 277p.
- Özbek, S., 1949**, Ege İncir Çeşitleri Üzerinde Bir Araştırma, *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, Ankara, 98:1-15.
- Ozeker, E., Isfendiyyaroglu, M., 1998**, Evaluation of Table fig . Evaluation of Table fig Cultivars in Cesme Peninsula, *Acta Horticulturae*, 480: 55-60.

KAYNAKLAR (devam)

- Paran, I., Zamir, D., 2003**, Quantitative traits in plants: beyond the QTL, *Trends in Genetics*, 19: 303-306
- Parrish, L.T., Koelewijn, H.P., Peter, J., 2004**, Identification of a male-specific AFLP markers in a functionally dioecious fig, *Ficus fulva* Reinw. ex Bl. (Moraceae), *Sexual Plant Reproduction*, 17-22.
- Papadopoulou, K., Ehalotis, C., Tournia M, Kastanis, P., Karydis, I., Zervakis, G., 2002**, Genetic relatedness among dioecious *Ficus carica* L. cultivars by random amplified polymorphic DNA analysis, and evaluation of agronomic and morphological characters, *Genetica*. 114:183-94.
- Pritchard, K. J., Stephens, M., Donnelly, P., 2000**, Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155:945-959.
- Pollefeys, P., Bousquet, J., 2003**, Molecular genetic diversity of the French-American grapevine hybrids cultivated in North America, *Genome*, 46: 1037-48.
- Raina, S.N., Rani, V., Kojima, T., Ogihara, Y., Singh, K.P., Devarumath, R.M., 2001**, RAPD and ISSR fingerprints as useful genetic markers for analysis of genetic diversity, varietal identification, and phylogenetic relationships in peanut (*Arachis hypogaea*) cultivars and wild species, *Genome*, 44:763-72.
- Rixford, G. P. 1918**, Smyrna fig culture, U.S. Department of Agriculture Bulletin, Washington, D. C., USA, 732:1-43
- Rixford, G. P. 1926**, Work with seedling figs. Calif. Ann. Fig Inst. Proc, 10:6-9.
- Romeoro, C., Pedryc, A., Muñoz, V., Llácer, G., Badenes, M.L., 2003**, Genetic diversity of different apricot geographical groups determined by SSR markers, *Genome*, 46:244-52.

KAYNAKLAR (devam)

- Ross-Ibarra, J., Morrell, P. L., Gaut, B. S., 2007**, Plant domestication, a unique opportunity to identify the genetic basis of adaption, *PNAS* 104: 8641-8648.
- Rostocks, N., Ramsay, L., Mckenzie, K., Cardle, L., Bhat, P. R., Roose, M.L., Svensson, J.T., Stein, N., Varshney, R. K., Marshall, D.F., Graner, A., Close, T.J., and Waugh, R., 2006**, Recent history of artifical outcrossing facilitates whole-genome association mapping in elite inbred crop varieties, *PNAS*,103: 18656-18661.
- Salhi-Hannachi, A.,Trifi,M., Zehdi,S., Hedfi,J., Mars,M., Rhouma,A., Marrakchi,M., 2004**, Inter-simple sequence repeat fingerprints to assess genetic diversity in Tunisian fig (*Ficus carica* L.) germplasm, *Genetic Resources and Crop Evolution*,. 51: 269-275.
- Salhi-Hannachi, A., Chatti, K., Saddoud, O., Mars, M., Rhouma, A., Marrakchi,M., Trifi, M., 2006**, Genetic diversity of different Tunisian fig (*Ficus carica* L.) collections revealed by RAPD fingerprint, *Hereditas*.;143 ;15-22
- Saleeb, W.F., 1965**, Genetics and cytology of syconium persistence in *Ficus carica*. Ph. Diss., University Of California, Davis.
- Saddoud, O., Chatti, K., Salhi, H. A., Mars, M., Rhouma, A., Marrakchi, M., Trifi, M., 2007**, Genetic diversity of Tunisian figs (*Ficus carica* L.) as revealed by nuclear microsatellites, *Hereditas*. 144:149-57.
- Simko, I.S., Costanzo, K.G., Haynes, B.J., Christ and RW. Jones., 2004**, Linkage disequilibrium mapping of a *Verticillium dahliae* resistance quantitative trait locus in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*) through a candidate gene approach, *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 217–224.

KAYNAKLAR (devam)

- Skot, L., 2003**, Gene Mapping in Natural Plant Populations-Guilt by Association, Iger Innovations, 12-15
- Soriano, J.M., Romero, C., Vilanova, S., Llácer, G., Badenes, M.L., 2005**, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Valencia, Spain. Genetic diversity of loquat germplasm (*Eriobotrya japonica* (Thunb) Lindl) assessed by SSR markers, *Genome*, 48:108-114.
- Storey, W.B., 1975**, Figs, In: J. Janick and J.N. Moore (eds.), Advances in Fruit Breeding, Purdue Univ. Press, West Lafayette, IN, 568-589.
- Swingle, W. T., 1908**, Some points in the history of caprification and its bearing on the Smyrna fig industry in the country, California. Fruit Growers Conv. Proc, 34:178-187.
- Swingle, W. T., 1912**, Cooperative distribution of new varieties of Smyrna figs and caprifigs, United States Department of Agriculture, Plant Ind. Bul, 537, (Second rew. of Bul. 438. 1909).
- Şahin, N., 1998**, Fig Adaptation Studies in Western Turkey, *Acta Horticulturae*, 480:61-70.
- Şahin, B. ve Balcı, B., 1998**, Studies on phenological and pomological properties of breba fruit producing fig varieties, *Acta Horticulturae*, 480:91-95.
- Thornsberry, J.M., Goodman, M. M., Doebley, J., Kresovich, S., Nielsen, D., 2001**, *Dwarf8* polymorphisms associate with variation in flowering time, *Nature Genetics*, 28: 286–289.
- Urasaki, N., Tokumoto, M., Tarora, K., Ban, Y., Kayano, T, Tanaka H., Oku, H., Chinen, I, Terauchi, R., 2002**, A male and hermaphrodite specific RAPD markers for papaya (*Carica papaya* L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 104:281-285.

KAYNAKLAR (devam)

- Ülkümen, L., Özbek, S., İleri, M., 1948,** İncir ve Hastalıkları, Yüksek Ziraat Enstitüsü Basımevi, Ankara.
- Valdeyron, G., and Lloyd, D.G., 1979,** Sex Differences and Flowering Phenology in the Common Fig, *Ficus carica* L. *Evolution*, 33: 673-685.
- Vinod, M. S., Raghavan, P.S., George, S., Parida, A., 2007,** Identification of a sex-specific SCAR markers in dioecious *Pandanus fascicularis* L. (Pandanaceae), *Genome*, 50:834-9
- Yakubov, B., Barazani, O., and Golan-Goldhirsh, A., 2005,** Combination of SCAR primers and Touchdown-PCR for sex identification in *Pistacia vera* L. *Scientia Horticulturae*, 103: 473-478.
- Xu, Y., Ma, R.C., Xie, H., Liu, J.T., Cao, M.Q., 2004,** Development of SSR markers for the phylogenetic analysis of almond trees from China and the Mediterranean region, *Genome* 47:1091-104.
- Willams, 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 Acids Res.*, 18: 6531-6535.

ÖZGEÇMİŞ

Antalya’da 1968 yılında dünyaya geldi. Antalya Lisesini bitirerek, aynı yıl Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü’ne girdi. 1989 yılında mezun oldu. Bir yıl sonra Tarım ve Köyişleri Bakanlığı’nın açmış olduğu sınavı kazanarak Van Meyvecilik Üretim İstasyonu’nda ziraat mühendisi olarak göreve başladı. Aynı yıl Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı’nda Yüksek Lisans eğitime başladı ve 1992 yılında mezun oldu. 1995 -2002 yıllarında Nebraska Üniversitesinde (A.B.D) çeşitli projelerde çalışarak Biolistic ve Agrobacterium aracılığıyla gen transformasyonu konusunda deneyim kazandı. Ayrıca 1998-2000 döneminde aynı üniversitede “The Effect of Growth Regulators on In Vitro Regeneration of Grapevine (*Vitis spp*) Cultivars and Optimization of Factors Affecting a Biolistic Transformation Gene Delivery System for Grapevine Leaf Disks” konusunda ikinci yüksek lisans eğitimini tamamladı. Halen Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü’nde ziraat mühendisi olarak görev yapmaktadır.