

**UKUROVA NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

Muharrem YILMAZ

**BAZI FINDIK EŞİT VE GENOTİPLERİNİN POMOLOJİK,
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

BAHE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

ADANA, 2009

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BAZI FINDIK ÇEŞİT VE GENOTİPLERİNİN
POMOLOJİK, MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU**

Muharrem YILMAZ

DOKTORA TEZİ

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

Bu tez 03/07/2009 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından Oybirliği İle Kabul edilmiştir.

İmza:.....

**Prof.Dr. Ahsen I. ÖZGÜVEN
Danışman**

İmza:.....

**Doç.Dr. Yıldız Aka KAÇAR
II. Danışman**

İmza:.....

**Prof.Dr. Saim Zeki BOSTAN
Üye**

İmza:.....

**Doç.Dr. Yeşim Y. MENDİ
Üye**

İmza:.....

**Doç.Dr. Ali İslam
Üye**

Bu tez Enstitümüz Bahçe Bitkileri Anabilim Dalında hazırlanmıştır.

Kod No :

**Prof. Dr. Aziz ERTUNÇ
Enstitü Müdürü
İmza ve Mühür**

Bu Çalışma Ç.Ü. Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi Tarafından Desteklenmiştir.

Proje No: Zf.2005.D.08

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

ÖZ
DOKTORA TEZİ

BAZI FINDIK ÇEŞİT VE GENOTİPLERİNİN POMOLOJİK, MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU
--

Muharrem YILMAZ

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

Danışman : Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN

2. Danışman: Doç. Dr. Yıldız Aka KAÇAR

Yıl : 2009, **Sayfa:**109

Jüri : Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN
Prof. Dr. Saim Zeki BOSTAN
Doç. Dr. Yeşim Yalçın MENDİ
Doç. Dr. Ali İSLAM
Doç. Dr. Yıldız Aka KAÇAR

Bu araştırmada 16 adet fındık çeşidi ile ülkemizin değişik bölgelerinden seçilen 64 adet fındık genotipinin pomolojik, morfolojik ve moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Pomolojik ve morfolojik çalışmalar kısmında genotipler 30 özellik kullanılarak 2 yıl süreyle incelenmiş ve elde edilen bulgular rakamsal bilgiye dönüştürülerek soyağaçları oluşturulmuştur.

Çalışmanın moleküler tanımlama kısmında RAPD ve SSR moleküler markör teknikleri kullanılmıştır. 100 adet RAPD primeri taranarak en uygun 31 primer seçilmiştir. SSR analizlerinde ise 24 primer taranmış ve bunlardan en uygun 18 tanesi seçilmiştir. Bu yöntemler içinde en yüksek polimorfizm oranına %98 ile SSR'da rastlanırken, bunu % 81 ile RAPD yöntemi izlemiştir. SSR tekniğinden elde edilen toplam 118 banttan 115'i, RAPD tekniğinden elde edilen toplam 213 banttan 171 tanesi polimorfik bulunmuştur. Genotipler arasındaki genetik benzerlik indeksi değerleri SSR tekniğinde 0.12 ile 0.98 arasında, RAPD tekniğinde 0.64 ile 0.97 arasında değişmiştir. Aynı bölgelerden seçilen genotiplerin, moleküler karakterizasyon sonucu elde edilen soyağaçlarında yakın gruplar oluşturduğu görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Fındık, karakterizasyon, RAPD, SSR

ABSTRACT
Ph.D. THESIS

**POMOLOGICAL, MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR
CHARACTERISATION OF SOME HAZELNUT VARIETIES AND
GENOTYPES**

Muharrem YILMAZ

**DEPARTMENT OF HORTICULTURE
INSTITUTE OF BASIC AND APPLIED SCIENCES
UNIVERSITY OF CUKUROVA**

Supervisor : Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN
Supervisor II : Assoc. Prof. Dr. Yıldız Aka KAÇAR
Year : 2009, **Pages**:109
Jury : Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN
Prof. Dr. Saim Zeki BOSTAN
Assoc. Prof. Dr. Yeşim Yalçın MENDİ
Assoc. Prof. Dr. Ali İSLAM
Assoc. Prof. Dr. Yıldız Aka KAÇAR

This study defines the pomological, morphological and genetic characterization of 16 hazelnut varieties and 64 genotypes. Pomological and morphological observations were carried out during two years using 30 descriptors. Obtained definitions were transformed to numerical data to perform dendrograms.

RAPD and SSR methods were used in molecular characterization studies. 31 RAPD primers were selected from the initial of 100 and 18 SSR primers from the initial of 24. Among these methods, the highest polymorphism (%98) with SSR and followed by RAPD (%81). In SSR method, 118 bands were obtained and 115 of them were polymorphic. In RAPD method 213 bands were obtained and 171 of them polymorphic. Similarity coefficient in overall genotypes were between 0.12 to 0.98 in SSR and 0.64 to 0.97 in RAPD. Clustering position of the genotypes throughout the dendrograms was basically related to the geographic origins.

Key Words: Hazelnut, characterization, RAPD, SSR

TEŞEKKÜR

Doktora tez konumun belirlenmesinde ve çalışma boyunca yardım ve desteğini esirgemeyen ve bana her türlü kolaylığı sağlayan danışman hocam Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN'e teşekkürlerimi ve saygılarımı sunarım.

Akademik çalışmalara başlamamı sağlayan ve çalışmalarım süresince yol gösterici bilgi ve tecrübelerinden yararlandığımı Sayın Hocam Prof. Dr. Saim Zeki BOSTAN'a şükran ve saygılarımı sunarım.

Tez çalışmalarımın özellikle moleküler çalışmalar kapsamında bana sağladığı laboratuvar imkanları ile değerli bilgi ve düşünceleriyle bana destek olan ikinci danışman hocam Doç. Dr. Yıldız AKA KAÇAR'a teşekkürlerimi sunarım.

Bu tez çalışmasının başlangıç aşamasından itibaren sağlıklı bir şekilde yürütülmesinde sağlamış olduğu değerli yardım ve katkıları nedeniyle Sayın Doç. Dr. Ali İSLAM'a teşekkür ve saygılarımı sunarım.

Çalışmamın sağlıklı bir şekilde yürütülmesinde sağlamış olduğu değerli katkılar nedeni ile Sayın Doç. Dr. Yeşim YALÇIN MENDİ'ye teşekkür ederim.

Çalışma süresi boyunca hep yardımını gördüğüm Dr. Ercan EKBIÇ'e ve laboratuvar çalışmalarında yardımını esirgemeyen Özhan ŞİMŞEK'e teşekkürlerimi sunarım.

Araştırmanın materyal toplama kısmındaki yardımlarından dolayı Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü yetkililerine ve değerli yardım ve desteklerinden dolayı Ziraat Yüksek Mühendisi Ali TURAN'a ayrıca teşekkürlerimi sunarım.

Her zaman maddi ve manevi desteklerini gördüğüm aileme sonsuz teşekkürlerimi sunarım...

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖZ.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER.....	IV
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	IX
SİMGELER VE KISALTMALAR	X
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	7
2.1. Fındığın Sistematığı ve Kültür Tarihi.....	7
2.2. Fındık Çeşitlerinde Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerin Belirlenmesi Üzerine Yapılan Çalışmalar.....	8
2.3. Çeşit Tanımlama Amacıyla Kullanılan Yöntemler.....	11
2.4. Moleküler Çalışmalar.....	13
2.5. Fındıkta Yapılan Moleküler Tanımlama Çalışmaları	17
3. MATERYAL ve METOT.....	22
3.1. Materyal.....	22
3.1.1. Araştırmada Kullanılan Fındıklı Çeşitlerinin Özellikleri.....	22
3.1.1.1. Tombul.....	22
3.1.1.2. Palaz.....	23
3.1.1.3. Foşa.....	23
3.1.1.4. Çakıldak.....	23
3.1.1.5. Mincane.....	23
3.1.1.6. Cavcava.....	24
3.1.1.7. Uzunmusa.....	24
3.1.1.8. Sivri.....	24
3.1.1.9. Yassı Badem.....	24

3.1.1.10. Yuvarlak Badem.....	25
3.1.1.11. Kargalak.....	25
3.1.1.12. Kalınkara.....	25
3.1.1.13. İncekara.....	25
3.1.1.14. Kuş.....	25
3.1.1.15. Acı.....	26
3.1.1.16. Kan.....	27
3.2. Metot.....	37
3.2.1. Pomolojik Özellikler.....	37
3.2.1.1. Meyve Uzunluğu (mm).....	37
3.2.1.2. Meyve Genişliği (mm).....	37
3.2.1.3. Meyve Kalınlığı (mm).....	37
3.2.1.4. Meyve İriliği (mm).....	37
3.2.1.5. Meyve Şekil İndeksi.....	38
3.2.1.6. Meyve Yassılık İndeksi.....	38
3.2.1.7. Meyve Ağırlığı (g).....	38
3.2.1.8. İç Uzunluğu (mm).....	38
3.2.1.9. İç Genişliği (mm).....	38
3.2.1.10. İç Kalınlığı (mm).....	38
3.2.1.11. İç İriliği (mm).....	39
3.2.1.12. İç Şekil İndeksi.....	39
3.2.1.13. İç Yassılık İndeksi.....	39
3.2.1.14. İç Ağırlığı (g).....	39
3.2.1.15. İç Oranı (%).....	39
3.2.1.16. Sağlam İç Oranı (%).....	40
3.2.1.17. Buruşuk İç Oranı (%).....	40
3.2.1.18. Boş Meyve Oranı (%).....	40
3.2.1.19. Çift İç Oranı (%).....	40
3.2.1.20. Çürük İç Oranı (%).....	40
3.2.1.21. Kabuk Kalınlığı (mm).....	41
3.2.2. Morfolojik Özellikler.....	41

3.2.2.1. Büyüme Biçimi.....	41
3.2.2.2. Büyüme Gücü.....	41
3.2.2.3. Kök ve Dip Sürgünü Oluşturma Eğilimi.....	41
3.2.2.4. Dal Sıklığı.....	41
3.2.2.5. Zuruf Uzunluğu (mm).....	41
3.2.2.6. Çotanaktaki Meyve Sayısı.....	42
3.2.2.7. Yaprak Uzunluğu (cm).....	42
3.2.2.8. Yaprak Genişliği (cm).....	42
3.2.2.9. Yaprak Büyüklüğü (cm).....	42
3.2.2.10. Yaprak Şekil İndeksi.....	42
3.2.2.11. Yaprak Sapı Uzunluğu (mm).....	42
3.2.2.12. Yaprak Sapı Tüylülüğü.....	43
3.2.3. Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerin İlişkilendirilmesi.....	43
3.2.4. RAPD ve SSR Analizleri.....	43
3.2.4.1.DNA İzolasyonu İçin Yaprak Örneklerinin Alınması.....	43
3.2.4.2. DNA İzolasyonu İçin Gerekli Solüsyonların Hazırlanması....	44
3.2.4.3. DNA İzolasyon Aşamaları.....	44
3.2.4.4. Elde Edilen DNA'ların Konsantrasyon ve Kalitesinin Belirlenmesi.....	46
3.2.5. RAPD Analizleri.....	47
3.2.5.1. RAPD Analizlerinde Kullanılan Primerler	48
3.2.5.2. RAPD Analizlerinde Elektroforez ve Sonuçların Değerlendirilmesi.....	48
3.2.2.6. Primerlerin Polimorfizm Oranlarının Saptanması.....	50
3.2.2.7. Primerlerin Polimorfizm Bilgi İçeriğinin (PBI) Saptanması.....	51
3.2.2.8. Primerlerin Ayırma Güçlerinin Saptanması.....	51
3.2.6. SSR (Microsatellit) Analizleri.....	51
3.2.6.1. SSR Analizlerinde Kullanılan Primerler.....	51
3.2.5.2. SSR Analizlerinde Elektroforez ve Sonuçların Değerlendirilmesi.	54
3.2.2.6. Primerlerin Polimorfizm Oranlarının Saptanması.....	55

3.2.2.7. Primerlerin Polimorfizm Bilgi İçeriğinin (PBI) Saptanması.....	56
3.2.2.8. Primerlerin Ayırma Güçlerinin Saptanması.....	56
3.2.2.9. Soyağacı Analizleri.....	56
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA.....	57
4.1. Morfolojik Bulgular.....	57
4.1.1. Bitkisel Özellikler.....	57
4.1.2. Yaprak Özellikleri.....	60
4.1.3. Meyve Özellikleri.....	63
4.1.4. Pomolojik ve Morfolojik Özelliklere Ait Temel Bileşen Analizi ..	74
4.1.5. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerine Göre Soyağacı Analizleri.....	75
4.2. Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları.....	77
4.2.1. RAPD Analizleri.....	77
4.2.1.1. Fındık Genotiplerinin RAPD Tekniği ile Karakterizasyonunda Polimorfizm ve Ayırma Gücü.....	80
4.2.1.2. RAPD Analizlerine Göre Fındık Genotipleri Arasındaki Moleküler Benzerlik İndeksi.....	84
4.2.1.3. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin RAPD Yöntemine Göre Soyağacı Analizleri.....	84
4.2.2. Mikrosatellit (SSR) Markör Analizleri.....	87
4.2.2.1. Fındık Genotiplerinin SSR Tekniği ile Karakterizasyonunda Polimorfizm ve Ayırma Gücü	87
4.2.2.2. SSR Analizlerine Göre Fındık Genotipleri Arasındaki Moleküler Benzerlik İndeksi.....	91
4.2.2.3. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin SSR Yöntemine Göre Soyağacı Analizleri.....	93
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER.....	96
KAYNAKLAR.....	100
ÖZGEÇMİŞ.....	107
EK 1- RAPD Benzerlik İndeksleri.....	108
EK 1- SSR Benzerlik İndeksleri.....	109

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge No	Sayfa No
Çizelge 3.1. DNA İzolasyonunda Kullanılan İzolasyon Çözeltisinin İçeriği.....	44
Çizelge 3.2. RAPD Analizleri İçin PCR İşleminde Kullanılan Kimyasallar	47
Çizelge 3.3. RAPD Analizlerinde PCR Döngü Koşulları.....	47
Çizelge 3.4. RAPD Analizlerinde Kullanılan Primerler ve Baz Dizinleri.....	48
Çizelge 3.5. SSR Analizleri İçin PCR İşleminde Kullanılan Kimyasallar..	51
Çizelge 3.6. SSR Analizlerinde PCR Döngü Koşulları.....	52
Çizelge 3.7. SSR Analizlerinde Kullanılan Primerler Ve Baz Dizinleri....	53
Çizelge 4.1. Zuruf Uzunluğu (ZU), Çotanaktaki Meyve Sayısı (ÇMS), Büyüme Gücü (BM), Büyüme Biçimi (BB), Dal Sıklığı (DS) ve Dip Sürgünü Oluşturma Eğilimi (DSOE) Bulguları.....	57
Çizelge 4.2. Fındık Çeşit ve Genotiplerinde Yaprak Uzunluğu (YU), Yaprak Genişliği (YG), Yaprak Büyüklüğü (YB), Yaprak Sapı Uzunluğu (YSU) ve Yaprak Sapı Tüylülüğü (YST) Özellikleri	61
Çizelge 4.3. Meyve boyutları (uzunluk, genişlik, kalınlık), meyve şekil indeksi, meyve yassılık indeksi ve meyve ağırlığı bulguları.....	64
Çizelge 4.4. İç uzunluğu, iç genişliği, iç kalınlığı, iç iriliği, iç şekil indeksi, iç yassılık indeksi ve iç ağırlığı bulguları.....	68
Çizelge 4.5. Kabuk kalınlığı, iç oranı, sağlam iç oranı, buruşuk iç oranı, boş meyve oranı, çift iç oranı, çürük iç oranı bulguları.....	71
Çizelge 4.6. Pomolojik ve morfolojik özelliklerin temel bileşen analizi sonucunda elde edilen Kümülatif Varyans, Varyans ve Eigen Değerleri.....	74
Çizelge 4.7. RAPD primerlerinden elde edilen toplam bant sayıları, polimorfik bant sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve ayırma gücü değerleri.....	81
Çizelge 4.8. SSR primerlerinden elde edilen toplam bant sayıları, polimorfik bant sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve ayırma gücü değerleri.	90

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil No		Sayfa No
Şekil 3.1.	Araştırmada Kullanılan Çeşitlere Ait Meyve Özellikleri.....	27
Şekil 3.2.	DNA izolasyon aşamaları.....	46
Şekil 3.3.	Agaroz jel aşamaları.....	49
Şekil 3.4.	% 1 Agaroz jel’de koşularak elde edilmiş 1kb büyüklüğünde DNA markörü.....	50
Şekil 3.5.	50-350 bp uzunluğundaki DNA marker (MWG Biotech AG, Ebersberg, Germany.....	55
Şekil 4.1.	Fındık Çeşit ve Genotiplerinin Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerine Göre Soyağacı.....	76
Şekil 4.2.	OPAA-17 numaralı RAPD primerine ait jel görüntüsü.....	78
Şekil 4.3.	OPAG-10 numaralı RAPD primerine ait jel görüntüsü....	79
Şekil 4.4.	Fındık genotiplerinin RAPD analizleri sonucuna göre elde edilen soyağacı.....	86
Şekil 4.5.	CAC- B 029b numaralı SSR primerine ait dikey elektroforez jel görüntüsü.....	88
Şekil 4.6.	CAC- B 109 numaralı SSR primerine ait dikey elektroforez jel görüntüsü.....	89
Şekil 4.7.	CAC- B 113 numaralı SSR primerine ait dikey elektroforez jel görüntüsü.....	89
Şekil 4.8.	Fındık genotiplerinin SSR analizleri sonucuna göre elde edilen soyağacı.....	95

SİMGELELER VE KISALTMALAR

AFLP : Amplified Fragment Length Polymorphism

bp : base pair

CTAP : cetyltrimethylammoniumbromide

dk : dakika

DNA : Deoxyribonucleic acid

kb : kilobaz

mg : miligram

ml : mililitre

mm : milimetre

ng : nanogram

PCR : Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)

QTL : Quantitative Trait Loci

RAPD : Randomly Amplified Polymorphic DNA

RFLP : Restriction Fragment Length Polymorphism

rpm : revolution per minute

SSR : Simple Sequence Repeat

Taq : *Thermus aquaticus*

TAE : Tris (asetat) EDTA (buffer)

TBE : Tris (borat) EDTA (buffer)

TBS : Ttoplam bant sayısı

TE : Tris EDTA (buffer)

UPGMA: Unweighted pair-group method analysis

UV : Ultraviolet

μM : mikromolar

μL : mikrolitre

1.GİRİŞ

Fındık, sistematikte *Fagales* takımının *Betulaceae* familyasının, *Coryleae* alt familyasının, *Corylus* cinsine dahil olup kuzey yarımkürenin ılıman bölgelerinde yetişmektedir. *Corylus* türleri diploiddir ve kromozom sayıları $2n = 2x = 22$ 'dir. Sporofitik uyumsuzluk gösterdikleri için yabancı tozlanırlar. Bu durum *Corylus* cinsleri içinde büyük bir morfolojik varyasyona neden olmuştur. *Corylus* türü içerisinde 25'ten fazla tür tanımlanmıştır. Bunlardan *C. avellana*, *C. americana* Marshall, *Corylus cornuta* Marshall, *C. heterophylla* Fitcher, *C. sieboldiana* Blume türleri çalı formunda; *C. colurna* L., *C. jacquemontii* Decne, *C. chinensis* Franch, ve *C. ferox* Wall türleri ise ağaç formundadır (Thompson ve ark., 1996).

Bu türler içinde *C. avellana*, *C. colurna* ve *C. maxima* Mill, ticari öneme sahiptir. Ayrıca değişik türlerin hibritleri de önemli olup bazı varyeteler ise süs bitkisi olarak yetiştirilmektedir (Özbek, 1978). Türk fındık çeşitleri ise *C. avellana* ve *C. maxima*'nın melezlerinden oluşmaktadır (Okay ve ark., 1986).

Orta Asya, Kafkasya ve Anadolu'nun fındığın anavatanı olduğu ve fındığın Anadolu'da ilk defa Doğu Karadeniz Bölgesi'nde kültüre alındığı bildirilmiştir (İslam, 2000).

Fındık bitkisi kışın yaprağını döken, rüzgarla tozlanan, monoik ağaç ya da çalı şeklindedir. Fındık yetiştiriciliği özel iklim isteklerinden dolayı dünyada çok sınırlı bölgelerde yapılmaktadır. Ülkemizin Karadeniz Bölgesi fındık yetiştiriciliği için çok uygun ekolojik koşullara sahiptir ve dünyanın en kaliteli fındığı da burada yetişmektedir.

Dünyada 567.000 hektar alanda 776.890 ton fındık üretilmektedir. Türkiye 400.000 hektarlık üretim alanı ile dünyada ilk sıradadır ve dünya üretim alanının % 70'ine sahiptir. Türkiye dışında, İtalya 68.288 hektar ile ikinci sırada, İspanya 20.000 hektar ile üçüncü sırada yer almaktadır. Diğer ülkeler arasında ise Azerbaycan ve Gürcistan'da son yıllarda fındık üretim alanı bakımından önemli artışların olduğu dikkati çekmektedir (Anonymous, 2008a).

2007 yılı istatistiklerine göre Türkiye’de 499.000 ton fındık üretimi yapılmakta olup, ülkemiz toplam 776.890 ton olan dünya fındık üretiminin yaklaşık % 70’ lik kısmını üretmektedir. Türkiye dışında, İtalya 130.743 ton üretimle ikinci sırada, ABD 32.660 ton ile üçüncü sırada yer almakta ve üretim bakımından bu ülkeleri Azerbaycan, İspanya, Çin ve Gürcistan takip etmektedir (**Anonymous, 2008a**).

Dünya fındık üretiminin çok büyük bir kısmını karşılayan Türkiye, dünya fındık ihracatında da % 71.36’lık payla ilk sırada yer almaktadır. 2007 yılı verilerine göre Türkiye, fındık ve mamülleri ihracatından 1 milyar 520 milyon ABD Doları döviz elde etmiştir. Fındık ve mamülleri sektörünün 2007 yılı Türkiye genel ihracatı içindeki payı % 1.4, toplam bitkisel ürün ihracatındaki payı ise % 17.6 olarak gerçekleşmiştir (**Anonymous, 2008b**).

Üretimi çok eskilere dayanan geleneksel ihraç ürünü olma niteliğini devam ettirmekte olan fındık, Ülkemiz ekonomisine oldukça büyük bir katkıda bulunmaktadır. Fındık Türkiye nüfusunun yaklaşık % 7’si ve 400 bin dolayındaki çiftçi ailesinin geçim kaynağı durumundadır (**Çetiner, 1990**).

Ülkemizin Karadeniz ve Marmara Bölgeleri’nin tamamı başta olmak üzere, Tokat, Adana ve Mersin illerinde ve Bitlis ilini de içine alan Vangölü Havzası’nda da fındıklıklar mevcuttur (**İslam ve Özgüven, 1997**).

Türkiye kültür fındığının en zengin gen kaynakları arasında yer almaktadır ve binlerce yıllık yetiştiricilik kültürünün sonucu olarak zengin bir genetik materyale sahiptir. Doğal melezlemeler sonucunda oluşan ve halen üretici bahçelerinde bulunan yabani fındıklar bu varyasyonu daha da arttırmaktadır. Türkiye, fındık yetiştiriciliği yapılan ülkeler arasında ıslah açısından çok önemli olan doğal popülasyonlara sahiptir.

Türkiye’de ‘Tombul’, ‘Palaz’, ‘Çakıldak’, ‘Foşa’, ‘Mincane’, ‘Uzunmusa’, ‘Cavcava’, ‘Kargalak’, ‘Kan’, ‘Kalınkara’, ‘İncekara’, ‘Sivri’, ‘Kuş’, ‘Acı’, ‘Karafındık’, ‘Yassı Badem’ ve ‘Yuvarlak Badem’ olmak üzere 17 adet standart fındık çeşidi tanımlanmıştır (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002**).

Bitki ıslahı ve çeşit geliştirilmesi çalışmalarında kullanılan genetik materyalin ismine doğru olması ve aralarındaki genetik ilişkilerin belirlenmesi büyük önem taşımaktadır. Çok uzun zaman ve masraf gerektiren çeşit ıslahı çalışmalarında

materyal seçimi oldukça önemlidir. Yeni çeşitlere patent hakkının alınabilmesi ve yasaların yaptırım gücünün olabilmesi için çeşitleri birbirinden kesin olarak ayırt edebilecek yöntemler kullanılmalıdır .

Çeşit tanımlama çalışmalarında başlangıçta morfolojik özelliklerden yararlanılmıştır. Ancak morfolojik özelliklerin çevre şartlarından etkilenmeleri ve subjektif verilere dayalı olması morfolojik markörlerin kullanımını sınırlandırmıştır. Yine çeşit tanımlaması amacıyla biyokimyasal yöntemlerden izoenzim ve flavanoid markörleri de kullanılmıştır. Biyokimyasal yöntemlerde kullanılabilen markör sayısının sınırlı olması ve biyokimyasal analizlerin ancak belli dokularda ve belli dönemlerde yapılabilmesi bu yöntemlerin kullanımını sınırlandırmaktadır (**Todorovic, 1989; Rovira ve ark., 1993**).

Ticari gen kaynaklarının sertifikasyonu için kültür çeşitlerinin tanımlanması, doğru kültürel uygulamalar ve bitki patent haklarının korunması bakımından DNA markörlerinin kullanımı büyük önem taşımaktadır (**Kaçar, 2001**).

Moleküler markörler konusundaki gelişmeler bu konuda oldukça kolaylık sağlamaktadır. Moleküler markörler kullanılarak fındık gen kaynaklarının araştırılması tür ve çeşit tanımlamasının yapılması aynı zamanda kalıtım markörleri üzerinde çalışılması tarımsal açıdan önemli olan karakterlerin ortaya çıkmasını sağlamaktadır.

Son yirmi yıl içerisinde hızla gelişen moleküler markör teknolojisi çeşitlerin birbiri arasındaki genetik farklılığın belirlenmesi, kromozom haritalamaları, gen kaynaklarının karakterize edilmesi çalışmalarında yeni yöntemler ortaya koymuştur. Klasik yöntemlere göre büyük avantajlar sağlayan bu yeni yöntemler zaman ve iş gücü gereksinimini azaltarak çalışmaların daha kısa sürede sonuçlanmasını sağlamaktadır.

Genotiplerin moleküler düzeyde incelenmesi amacıyla DNA parmak izlerinin çıkarılması gerekmektedir (**Williams ve ark., 1990**). İlk DNA markör sisteminin uygulanması RFLP (Resriction Fragment Lenght Polymorphism) analizleri ile olmuştur (Botstein ve ark., 1980). Polimeraz zincir reaksiyonunun (PCR) keşfinden sonra RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), SSR (Simple Sequence

Repeat), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), markör sistemleri ortaya konulmuştur.

DNA markörlerinin devreye girmesi birçok bitki türünde olduğu gibi meyve tür ve çeşitlerinin tanımlanmasında da bir dönüm noktası oluşturmuştur. Bu amaçla kullanılan DNA markörleri; hibridizasyona dayalı markörler (RFLP) ve PCR'a dayalı markörler (RAPD, SSR, AFLP vb.) şeklinde iki gruba ayrılırken günümüzde PCR'a dayalı markörlerin kullanımı ön plana çıkmıştır. RAPD tekniğinin tür ve çeşitlerin tanımlanmasında, SSR tekniğinin hibrit bitki tanısında, tür ve çeşitlerin ekolojik dağılım-genetik ilişkilerinin incelenmesinde, AFLP tekniğinin ise çok yakın bireylerin tanımlanmasında daha etkili sonuç verdiği saptanmıştır **(Ergül, 2000; Yıldırım ve Kandemir, 2001)**.

Moleküler markör tekniklerinden RFLP, güvenilir sonuçlar vermesine rağmen pahalı bir yöntemdir ve fazla zaman ve DNA gereksinimi nedeni ile kullanımı sınırlı kalmıştır. AFLP tekniği daha fazla bilgi sunmasına rağmen yüksek miktarda ve kaliteli DNA gerektirmektedir. RAPD'in hızlı ve kolay uygulanabilme özelliğine rağmen heterozigot özelliği ortaya koyamaması önemli bir dezavantajdır. Microsatellit (SSR) markör tekniği çoğunlukla yüksek polimorfizm özellikleri nedeni ile önerilmektedir **(Meredith, 2000)**.

RAPD markörleri 1990 yılında geliştirilmiş bir teknik olup gen kaynaklarının tanımlanmasında ve sınıflandırılmasında, genetik yakınlığın belirlenmesinde ve gen haritalarının çıkarılmasında kullanılmaktadır **(Williams ve ark., 1990; Bartalozzi ve ark., 1998; Stanford ve ark., 2000)**.

RAPD yönteminin esası, 8-12 nükleotide sahip primerler (sentetik başlatıcı DNA) ile genomik DNA'nın PCR amplifikasyonu ve amplifiye olan DNA ürünlerinin elektroforez yardımıyla ayırımına dayanmaktadır **(Williams ve ark., 1990; Rajapakse ve Ballard, 1997)**. Maliyetinin düşük olması ve uygulamasının nispeten kolay olması bu yöntemin tercih edilmesinin başlıca nedenidir.

SSR veya mikrosatellitler ökaryotik genomlar boyunca dağılmış bulunan ve ardışık olarak tekrarlanmakta olan 2-6 nükleotid gruplarından oluşmaktadır. Mikrosatellitleri çevreleyen DNA dizileri genellikle aynı türün bireyleri arasında korunmuş olduklarından, farklı genotiplerde çakışan SSR'ların PCR primerleri ile

çoğaltılarak seçimine izin vermektedir. Ardışık SSR tekrarların sayısındaki farklılık PCR sonucu farklı uzunlukta parça çoğaltımıyla sonuçlanır. Bu tekrarlar çok yakın tür ve çeşitler için dahi tekrarlanan ünitelerin sayısında değişikliğe yol açan mutasyonlar nedeni ile oldukça polimorfiktir. SSR'ları çevreleyen korunmuş DNA dizileri primer olarak kullanılarak PCR metodu vasıtasıyla bir lokustaki farklı alleller tespit edilebilir.

Mikrosatelitlerin en önemli dezavantajı yeni markör geliştirilmesinin güçlüğüdür. Bu aşama yoğun işgücü gereksinimi ve yüksek maliyet gerektiren bir işlemdir.

Ancak SSR' lar yüksek oranda polimorfik olduklarından bitkilerde oldukça fazla bilgi verici özellik gösterirler. Ayrıca eş baskın markör vermesi nedeni ve PCR kolaylığına sahip olması da kullanım oranını arttırmaktadır. SSR' lar bitki genomlarında oldukça bol olup üniform bir dağılıma sahiptirler. Bu avantajlarından dolayı da SSR tekniğinin bitkilerde genetik haritalama çalışmalarındaki kullanımı her geçen gün artmaktadır (**Özcan ve ark., 2001**).

Bu araştırmada, Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan fındık çeşitleri ve bazı önemli çeşitlerin klonları ile Vangölü havzasında yetiştirilen fındık tiplerinin bitkisel ve pomolojik özelliklerinin belirlenmesi ve moleküler karakterlerinin RAPD ve SSR markör yöntemleri ile tanımlanması amaçlanmıştır.

RAPD ve SSR markörleri ile ortaya koyulacak olan allellik çeşitliliğe ait bilgiler ileride yapılacak olan ıslah çalışmalarına basamak olacak, aynı allelere sahip bireylerin birbirleri ile değil de az bulunan allelleri taşıyan bireylerle kombine edilmesi genetik çeşitliliğin artırılmasını sağlayacaktır. Genetik uzaklıkların belirlenmesi ile birbirlerinden tamamen uzak bireylerin melezlenmesi melez bitkilerde varyasyonu dolayısıyla elde etmek istediğimiz özellikleri taşıyan birey sayısını arttıracaktır (**Kaçar, 2001**).

Kültür fındığının en zengin gen kaynakları arasında yer alan Karadeniz Bölgesinde pek çok tip ve klon bulunmaktadır. Ayrıca bu bölgemiz dışında kalan Vangölü havzasında bulunan fındık popülasyonu da barındırdığı muhtemel değerli özellikleri ile ıslah çalışmaları için önemli genetik kaynak olma özelliğindedir. Bu genetik materyalin değerlendirilerek ülke tarımına kazandırılması gerekmektedir. Bu

alışma ile RAPD ve SSR markörleri kullanılarak eşit ve tiplerin genetik tanımlanması yapılmıştır. Bitkisel özelliklerin incelenmesi ile elde edilecek bulgular ileride yapılacak olan ısılah alışmalarında kullanılabilecektir.

2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR**2.1. Fındığın Sistematığı ve Kültür Tarihi**

Fındık, sistematiğe *Fagales* takımının *Betulaceae* familyasının, *Coryleae* alt familyasının, *Corylus* cinsine dahil olup kuzey yarımkürenin ılıman bölgelerinde yetişmektedir. *Corylus* türü içerisinde 25'ten fazla tür tanımlanmıştır. Bunlardan *C. avellana*, *C. americana* Marshall, *Corylus cornuta* Marshall, *C. heterophylla* Fitcher, *C. sieboldiana* Blume türleri çalı formunda; *C. colurna* L., *C. jacquemontii* Decne, *C. chinensis* Franch, ve *C. ferox* Wall türleri ise ağaç formundadır (Ayfer ve ark., 1986; Thompson ve ark., 1996).

Fındıkta tozlanma rüzgarla olmaktadır ve erkek ve dişi çiçekler aynı bitki üzerinde ayrı ayrı yerlerde bulunmaktadır. Tozlanma Kasım ve Mart aylarında yani kışın gerçekleşmektedir. Polen kabul etme döneminde parlak kırmızı renkte olan dişi çiçekler, tozlanmadan sonra kahverengileşmeye başlamaktadır. Fındıkta yumurtalık diğer türlerden farklı olarak tozlanmadan sonra oluşmaya başlamaktadır (Arıkan, 1960; İslam, 2000).

Corylus cinsi kuzey yarımkürede Anadolu, Güney Asya, İran, Kafkasya, Avrupa ve Kuzey Amerika'da yayılım göstermektedir. Bu cins içinde yer alan *Corylus avellana* türü içerisinde geniş bir genetik çeşitlilik bulunmaktadır ve kültür çeşitlerinin büyük kısmı bu tür içerisinde yer almaktadır (Mehlenbacher, 1991; Erdoğan ve Mehlenbacher, 2000).

Ayfer ve ark. (1986), Türk fındık çeşitlerinin *C. avellana* ile *C. maxima*'nın melezleri olduğunu bildirmişlerdir.

Fındığın anavatanı ve kültür tarihinin başlangıç yeri olan Anadolu'da yaklaşık 2500 yıldan beri fındık yetiştirilmektedir. Uzun yıllardan beri yapılan yetiştiricilik sonucu ülkemizde önemli fındık çeşitleri ortaya çıkmıştır. Bugün yetiştirilen önemli fındık çeşitlerimizin Doğu Karadeniz Bölgesi'nde ortaya çıktığı sanılmaktadır (Ayfer ve ark., 1986; İslam ve Özgüven 1997).

Okay ve ark. (1986), Türkiye’de fındık yetiştirilen bölgeleri 3 kısma ayırmışlardır. Araştırmacılar Ordu, Giresun, Trabzon, Rize ve Artvin illerini kapsayan bölgeyi Birinci Standart Bölge; Samsun, Sinop, Kastamonu, Bolu, Sakarya, Kocaeli ve Zonguldak illerini kapsayan bölgeyi İkinci Standart Bölge; İstanbul, Yalova, Bursa, Bilecik, Tokat, Bitlis, Adana ve Mersin illerini içine alan bölgeleri ise Üçüncü Standart Bölge olarak ayırmışlardır. Bunlardan Birinci Standart Bölge “Eski Üretim Bölgesi”; İkinci Standart Bölge “Yeni Üretim Bölgesi”; Üçüncü Standart Bölge “Çerezlik Yöreler” olarak da isimlendirilmektedir.

2.2. Fındık Çeşitlerinde Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerin Belirlenmesi Konusunda Yapılan Çalışmalar

Özbek (1978), fındık meyvelerini irilik ve şekillerine göre “küçük meyveli adi fındıklar”, “iri yuvarlak fındıklar” ve “iri uzun fındıklar” olarak pomolojik yönden üç grupta sınıflandırmıştır. Araştırmacı morfolojik yönden ise kültür çeşitlerinin çoğunlukla 3-4 metreye kadar ulaşan çalı formunda olduğunu ve bazı türlerin ise tek gövdeli ağaçlar şeklinde büyüdüğünü; yaprakların iri, yuvarlak veya hafif uzunca ve kenarlarının testere dişli veya derin dişli olabileceğini, alt yüzünün hafif seyrek tüylü olduğunu bildirmiştir.

Ayfer ve ark. (1986), Türkiye’de var olan fındık çeşitlerini yuvarlak fındıklar, sivri fındıklar ve uzun fındıklar olmak üzere üç grup altında toplamışlardır. Araştırmacılar, Tombul, Palaz, Foşa, Mincane, Karafındık, Kalinkara, Çakıldak, Uzunmusa, Cavcava, Kan ve Kargalak çeşitlerini Yuvarlak; Sivri ve İncekara çeşitlerini Sivri; Yassı Badem ve Yuvarlak Badem çeşitlerini ise Uzun Fındıklar grubuna dahil etmişlerdir.

Thompson (1982) ve **Ayfer ve ark. (1986)**, Tombul çeşidinin dünyanın en kaliteli fındık çeşidi olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar Tombul çeşidinin yüksek bir iç (% 56) ve beyazlaşma oranına (% 97.7) sahip olduğunu, yağ ve protein içeriğinin yüksek olduğu bu çeşidin sanayide kullanıma çok elverişli olduğunu belirtmişlerdir.

Okay (1988), Tombul çeşidi kalitesinde ve iri meyveli, bol verimli, ince kabuklu, randımanı yüksek, kök ve dip sürgünü oluşturmeyen, ilkbahar geç donlarından zarar görmeyen, ağaç formunda kısa ve açık zurufllu tip veya tipler elde etmek amacıyla melezleme yoluyla fındık ıslah çalışmaları yapmıştır. Çalışma sonucunda Tombul, Kargalak, Çakıldak ve Allahverdi fındık çeşitleri ile *Corylus colurna* L. fındık türü arasında yürütülen melezleme çalışmaları sonucunda elde edilen yaklaşık 15.000 bireylik melez popülasyonu içerisinde seleksiyon yöntemi ile amaca uygun olarak belirlenen 8 tip ümitvar olarak seçilmiştir.

Mehlenbacher ve Miller (1989), Barcelona fındık çeşidinin dünyadaki ana fındık çeşitlerinden biri olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar bu çeşidin orta büyüklükte ağaçlar oluşturduğunu, dik ya da yayılcı bir habitüse sahip olduğunu, diğer çeşitlere göre daha erken çiçeklendiğini ve zuruf uzunluğunun kısa olduğunu bildirmişlerdir. Bu çeşidin olgunlaşan meyvelerinin zurufundan ayrılıp yere düştüğü ve mekanik olarak derildiği, yuvarlak şekilli olan meyvelerin ortalama 3.2 g ağırlığında olduğu bildirilmiştir.

Çalışkan ve Çetiner (1992), 1989-1992 yılları arasında Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü seleksiyon ve kolleksiyon parselinde bulunan 822 farklı tip ve çeşit tohumlarından elde edilen melez bireyler üzerinde yürüttükleri karakterizasyon çalışmasında 79 özelliği incelemişlerdir. Çalışma sonucunda verim ve kalite nitelikleri bakımından geniş bir varyasyon olduğu; püs açım zamanı yönünden 3 ay, karanfil açım zamanı yönünden 2 ay, yaprak açım zamanı yönünden 2 ay, çotanak oluşum zamanı yönünden 1.5 ay ve hasat zamanı yönünden de 1 ayı aşan bir dönem içinde dağılım olduğu belirlenmiştir.

Bostan (1995), Ordu ilinde yaptığı çalışmada Tombul ve Kalınkara fındık çeşitlerinde önemli meyve özellikleri ve bu özellikler arasındaki karşılıklı ilişkileri path analizi ile incelemişlerdir. Tombul ve Kalınkara fındık çeşitlerinde sırasıyla, meyve ağırlığının 1,874 g - 2.062 g, iç ağırlığının 1.035 g - 1.095 g, iç oranının % 55.32 - % 52.87, zuruf boyunun 3.925 cm - 4.313 cm, meyve boyunun 1.807 cm - 2.038 cm, meyve eninin 1.699 cm - 1.762 cm, meyve kalınlığının 1.595 cm - 1.571 cm, iç boyunun 1.383 cm - 1.548 cm, iç eninin 1.312 cm - 1.248 cm, iç kalınlığının 1.257 cm - 1.192 cm olduğu belirlenmiştir. Path analizi sonucunda Tombul ve

Kalınkara çeşitlerinde iç oranına, kabuk kalınlığının meyve ağırlığından dolayı olan negatif etkisi ve Kalınkara çeşidinde iç eninin meyve ağırlığı ve iç ağırlığı dolayısı ile olan pozitif etkisi çok önemli bulunmuştur.

Karadeniz ve ark. (1997), Vangölü çevresi ve Bitlis ili Hizan ilçesinde yetiştirilmekte olan fındık tiplerinde meyve özelliklerini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada 26 tipi değerlendirmişlerdir. Bu tiplerde meyve ağırlıklarının 1.97 - 3.23 g; iç ağırlıklarının 0.72 - 1,27 g; iç oranlarının % 30.92 - 49.35; kabuk kalınlığının 0.78 - 1.47 mm; meyve uzunluklarının 17.68 - 26.17 mm; meyve enlerinin 16.84 - 22.07 mm; şekil indekslerinin (uzunluk/en) 1.01 - 1.44 arasında değiştiğini tespit etmişlerdir.

Romero ve ark. (1997), İspanya’da yaygın olarak yetiştirilen Negret fındık çeşidinin ticari kalite özelliklerini belirlemek için yaptığı çalışmada meyve ağırlığının 1.84 g; iç ağırlığının 0.86 g, iç oranının % 46.2; beyazlanma oranının % 58; yağ içeriğinin % 63 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Bostan (1997), Tombul, Palaz ve Sivri Fındık çeşitleri ile yaptığı bir çalışmada Tombul fındık çeşidinin 3 - 4’lü, Palaz çeşidinin 2 - 3’lü, Sivri çeşidinin 3 - 4’lü çotanak oluşturduğunu belirtmiştir. Araştırmacı çotanaktaki meyve sayısı arttıkça iç boyu, meyve boyu ve küçük meyve oranının arttığını; çotanaktaki meyve sayısı azaldıkça meyve ağırlığı, iç eni ve iç ağırlığının arttığını bildirmiştir.

Balta ve ark. (1997), Çarşamba ve Terme’de yetiştirilen Tombul ve Palaz fındık çeşitlerinde 10 tipi ümitvar olarak belirlemişlerdir. Çalışmada Tombul fındık tiplerinde kabuklu meyve ağırlığı 2.05 - 2.32 g; iç ağırlığı 1.17 - 1,28 g; meyve kalınlığı 15.78-17.03 mm; meyve eni 17.18-18.74 mm; meyve boyu 17.88 - 19.29 mm; randıman % 53.86- 57.73 arasında belirlenmiştir.

Bostan ve İslam (1999), Ordu ilinde farklı 36 fındık bahçesinde yaptıkları çalışmada Palaz fındık çeşidinin bazı meyve özelliklerini incelemişlerdir. Araştırma sonucunda meyve ağırlığının 1.910 – 2.721 g; iç ağırlığının 0.988 – 1.431 g; iç oranının % 41.94 – 60.53 ve kabuk kalınlığının 0.610 – 0.970 mm arasında değiştiği belirlenmiştir.

İslam (2000), Ordu ili Merkez ilçe ve köylerinde yetiştirilen Tombul, Palaz, Kalınkara, ve Çakıldak fındık çeşitleri içerisinde üstün özelliklere sahip tiplerin

seçilmesi amacıyla klon seleksiyonu yapmıştır. Çalışma sonucunda Tombul çeşidinden 6, Palaz çeşidinden 5, Kalinkara ve Çakıldak çeşitlerinden 3'er tip ümitvar olarak seçilmiştir. Seçilen tiplerde, Tombul, Palaz, Kalinkara ve Çakıldak çeşitlerinde ortalama olarak, sırasıyla meyve ağırlığı 2.02 g, 2.40 g, 2.95 g ve 1.65 g; iç oranı % 56.65, % 55.25, % 53.74 ve % 53.48, meyve büyüklüğü 17.39 mm, 18.49 mm, 19.49 mm ve 17.81 mm; çotanadaki meyve sayısı 4.30, 3.82, 4.39 ve 3.50, kabuk kalınlığı 0.96 mm, 1.04 mm, 1.14 mm ve 0.88 mm olarak belirlenmiştir.

İslam (2003), 'Uzunmusa' fındık çeşidinde yüksek kaliteli tiplerin ortaya çıkarılması amacıyla yaptığı klon seleksiyonu çalışmasında 102 klonu incelemiş ve bunlardan 45 tanesini daha ileri araştırmalar için selekte etmiştir. Araştırmacı bu tiplerden iki tanesinin (seleksiyon no 397 ve 570) standart çeşide göre daha iyi özelliklere sahip olduğunu belirtmiştir.

Demir (2004), 18 farklı fındık çeşidi ile 'Tombul' çeşidinin 11, 'Palaz' çeşidinin 6, 'Çakıldak' çeşidinin 2, 'Kalinkara', 'Sivri' ve 'Acı' fındık çeşitlerinin de birer klonu olmak üzere toplam 40 fındık genotipinde 23 özelliği incelemiştir. Araştırmada incelenen çeşitlerde meyve uzunluğu 15.39 - 24.91 mm, meyve genişliği 14.60 - 24.75 mm, meyve kalınlığı 12.66 - 22.69 mm, meyve iriliği 15.97 - 22.45 mm, meyve şekil indeksi 0.85 - 1.73, meyve basıklık indeksi 1.01 - 1.28, meyve ağırlığı 1.23 - 3.63 g, iç uzunluğu 11.98 - 20.21, iç genişliği 7.76 - 18.38 mm, iç kalınlığı 7.46 - 16.84 mm, iç iriliği 10.18 - 16.18 mm, iç şekil indeksi 0.79 - 2.45, iç basıklık indeksi 0.96 - 1.30, iç ağırlığı 0.52 - 1.78 g, iç oranı % 34.91- 56.67, sağlam iç oranı % 63.50 - 98.17 arasında değişmiştir.

2.3. Çeşit Tanımlama Amacıyla Kullanılan Yöntemler

Kültür bitkilerinde tür, alt tür ve çeşit tanımlamalarına esas olan taksonomik çalışmaların Carl von Linné (1707 – 1778) ile başladığı kabul edilmektedir. Bundan sonra uzun yıllar boyu bitkiler aleminde mevcut varyasyonun, varyete düzeyinde dünya üzerindeki dağılımını inceleyen sayısız çalışma sürdürülmüştür (**Çetiner ve ark, 1992**). Morfolojik özelliklerin esas alındığı bu çalışmalardan sonra günümüzde biyokimyasal genetik ve sitogenetik özelliklerde dikkate alınmaktadır.

Çeşitleri tanımlama amacıyla kullanılan en eski yöntem morfolojik markörlerden faydalanarak oluşturulmuştur. Daha sonraları ise çeşit tanımlanması amacıyla biyokimyasal yöntemler kullanılmıştır (**Rovira ve ark. 1993; Solar ve ark., 1997**).

Staub ve ark. (1996), morfolojik özelliklerin tek gen ile kontrol edildiğini ve bunun genetik markör olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Örneğin şeftalilerde mildiyö hastalığına dayanıklılık geninin varlığı yaprak bezelerinin büyüklüğüne göre tahmin edilebilmektedir.

Özbek (1978), fındık türlerinin morfolojik olarak ayrılmasında en başta gelen özelliğin zuruf şekli ve yapısının olduğunu, bazen buna göbek bağının yönü ve yaprak morfolojisinin de yardımcı olduğunu bildirmiştir.

Türk fındık çeşitlerini diğer ülke çeşitlerinden ayıran en belirgin özelliğin zuruf uzunluğu olduğu ve zurufun meyveyi sıkıca sardığı; bu nedenle olgun meyvelerin kendiliğinden yere dökülmediği bildirilmiştir (**İslam, 2000**).

Morfolojik özelliklerin çevre şartlarından etkilenmeleri ve subjektif verilere dayalı olması morfolojik markörlerin kullanımını sınırlandırmış ve çeşit tanımlanması amacıyla biyokimyasal yöntemlerden izoenzim ve flavanoid markörlerinin de kullanılmasına neden olmuştur (**Rovira ve ark., 1993**).

Fındıkta biyokimyasal markörlerden ilk geliştirileni izoenzimler olmuştur. Elektroforez yöntemi ile birbirinden ayrıştırılan izoenzim bantları, protein seviyesindeki farklılıkları ortaya çıkarmaktadır (**Todorovic 1989, Solar ve ark., 1997**).

Solar ve ark. (1997), beş enzimatik sistemi (6-PGD, MDH, EST, GOT, PRX) 15 fındık çeşidinin tanımlanması amacıyla poliakrilamid jel elektroforez kullanarak test etmişlerdir. Araştırmacılar 6-PGD, MDH ve EST izoenzimlerinin fındık çeşitlerinin tanımlanmaları ve ayırt edilmelerinde iyi sonuç verdiklerini bildirmişlerdir.

Biyokimyasal analizlerin belli dokularda ve belli dönemlerde yapılabilir olması, izoenzimlerin çevre faktörlerinin etkisi altında kalması her zaman etkin kullanılmalarını mümkün kılmamaktadır. Bu durum biyokimyasal markörlerin kullanımını sınırlandırmıştır.

2.4. Moleküler Çalışmalar

Teknolojideki gelişmeler çeşit tanımlamalarında moleküler markörlerin kullanılmasına olanak sağlamış ve biyoteknoloji alanındaki gelişmelere paralel olarak DNA markörleri geliştirilmiştir. Nükleik asit temeline dayanılarak geliştirilen genetik markörler kullanılarak genetik varyasyon araştırılabilmekte, türlerin taksonomik tanımlanması yapılabilmektedir. Yakın olan kültür çeşitleri birbirinden ayrılabilen ve tanımlanabilmektedir. Böylece türlerin filogenetik akrabalıkları bulunabilir ve soyağacı analizleri yapılmaktadır (**Kaçar, 2001**).

Genotiplerin moleküler düzeyde incelenmesi amacıyla DNA parmak izlerinin çıkarılması gerekmektedir (**Williams ve ark. 1990**). İlk DNA markör sisteminin uygulanması RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) analizleri ile olmuştur (Botstein ve ark., 1980). Polimeraz zincir reaksiyonunun (PCR) keşfinden sonra RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), SSR (Simple Sequence Repeat), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), markör sistemleri ortaya konulmuştur.

DNA markör sisteminin kullanıldığı tanımlama çalışmalarında DNA parmak izlerinin elde edilmesinde başlıca beş aşama vardır. Bunlar;

- Bitkisel materyalin sağlanması,
- DNA izolasyonu,
- Değişik markör sistemleriyle (RAPD, SSR...) bireyler arasındaki farklılığın belirlenmesi amacıyla genetik materyalin çoğaltılması (PCR),
- Çoğaltılan DNA parçalarının görüntülenmesi (elektroforez),
- Uygun bir istatistik program yardımıyla DNA profillerinin analiz edilmesidir (**Kaçar, 2001**).

Bitkisel örneklerden DNA izolasyonunda çok sayıda yöntem geliştirilmiştir. Bunlardan CTAB (cetyltrimethylammonium bromide) yöntemi düşük enzim inhibisyonu gösterdiği için yoğun olarak kullanılan bir yöntemdir (**Kaçar, 2001**).

Elde edilen DNA'nın miktar, kalite ve kullanışlılığı önemlidir. DNA'ların miktarı ve kalitesi spektrofotometre'de 260 ve 280 nm'de okuma yapılarak

belirlenebildiği gibi elektroforez yardımıyla da belirlenebilmektedir (**Kaçar, 2001; Demir, 2004**).

Galderisi ve ark. (1999), içerdikleri yüksek tanenler, alkaloidler, flavanoidler ve polisakkaritler nedeni ile fındıklarda DNA ekstraksiyonunun her zaman başarılı olamadığını ve değişik ekstraksiyon tekniklerinin kullanılması gerektiğini bildirmişlerdir.

Bassil ve Azarenko. (2001), fındık yaprakları ile yaptıkları çalışmada DNA miktarının yaprak yaşı ve genotipe bağlı olarak farklılık gösterdiğini ve 0,5 - 0,7 g fındık yaprağından elde edilen DNA miktarının yaklaşık 150 ng ile 15 µg arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Demir (2004), 40 fındık genotipi ile yaptığı çalışmada elde ettiği DNA miktarlarının 7.3 - 64,5 µg.g⁻¹ yaprak arasında; DNA kalitelerinin ise, 1.6 - 2.0 arasında değiştiğini bildirmiştir.

Genetik haritalama faaliyetlerinin temelini oluşturan RFLP (Restriction Fragment Length polymorphism = kesilmiş parça uzunluğu farklılığı) tekniği insan genomunun ilk moleküler haritasının yapılmasında kullanılmıştır. Bitkilerde ise RFLP nispeten daha önemli bir teknik olarak kalmış ve birçok kültür bitkisinin detaylı genetik haritalarının temelini oluşturmuştur. Bu teknik izoenzimlere göre daha güvenilir olmasına rağmen çok fazla miktarda DNA istemesi, pahalı oluşu ve daha fazla zaman ve işgücü istemesi gibi dezavantajlara sahiptir. Ayrıca radyoaktif madde kullanımına gereksinim vardır (**Yıldırım ve Kandemir, 2001; Kaçar, 2001**).

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) 1982 yılında Saiki ve ark. tarafından geliştirilmiştir. Yüksek ortam sıcaklığına dayanıklı DNA polimeraz enzimlerinin geliştirilmesi sayesinde bazı DNA kısımlarının *in vitro* ortamlarda çoğaltılması sağlanmış ve bu gelişmeler moleküler markör çalışmalarının temelini oluşturmuştur. PCR tekniğinin daha ekonomik olması ve daha yüksek polimorfizm sağlaması PCR'a bağlı tekniklerin daha fazla kullanılmasına neden olmuştur (**Kaçar, 2001**).

PCR genetik materyalin ısıya dayanıklı Taq DNA polimeraz enzimi ile çoğaltılması esasına dayanmaktadır. PCR işleminde hazırlanan solüsyon karışımında çoğaltılmak istenilen DNA, primer (yapay olarak hazırlanmış başlatıcı DNA), Taq DNA polimeraz enzimi ve yeni DNA'nın yapı taşlarını oluşturacak dNTP (Adenin,

Guanin, Sitozin ve Timin nükleotidlerinden herbiri) bulunmalıdır. Ayrıca ortamın optimum pH ve tuz konsantrasyonunun sağlanması için tampon çözelti ve $MgCl_2$ de bulunmalıdır **(Kaçar, 2001; Demir. 2004)**.

PCR reaksiyonu, hedef DNA'nın denatürasyonu (92-95 °C); primerin hedef DNA'ya bağlanması (37-50 °C) ve DNA'nın polimerizasyonu (70-72°C) olmak üzere üç aşamada ve farklı sıcaklık derecelerinde gerçekleşmektedir. İlk aşama olan denatürasyon aşamasında 92-95 °C sıcaklıkta kalıp DNA'nın sarmal yapısı ayrılarak DNA tek iplikçik haline gelir. Sıcaklık ikinci aşamada 37-50 °C'ye düştüğünde primer tek iplikçik halindeki DNA'ya bağlanır. Üçüncü aşamada sıcaklık 70-72°C'ye yükseldiğinde primerin bağlanmış olduğu DNA kalıp olarak kullanılarak karşı DNA dizini üretilir ve kalıp DNA çift iplikçikli hale dönüşür. Böylece bir PCR döngüsü tamamlanmış olur. Döngü sayısı kullanılan yöntemlere göre değişmekle birlikte 25-55 kez tekrarlanarak DNA'nın çoğaltılması tamamlanmış olmaktadır ve her bir döngüde üretilen DNA sayısı iki katına çıkmaktadır **(Kaçar, 2001; Demir 2004)**.

Williams ve ark., (1990), kısa sürede sonuç vermeleri ve daha ucuz olmaları nedeniyle özellikle çeşit tanımlanmasında polimeraz zincir reaksiyonuna (PCR) bağlı RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA = rastgele çoğaltılmış DNA farklılığı) tekniğinin yaygın olarak kullanıldığını bildirmişlerdir.

RAPD yöntemi 8-12 bazdan oluşan rastgele seçilmiş primerlerin kalıp DNA'ın iki iplikçığı üzerinde birbirine karşıt iki farklı noktada tamamlayıcı bölgelerini bularak bu ara bölgenin çoğalması sırasındaki nükleotid dizi farklılığını esas alan bir yöntemdir **(Williams ve ark., 1990; Weeden, 1993)**.

RAPD markörlerinin çeşit tanımlamaları için uygun markörler oldukları ve farklı genotiplerin belirlenmesi için kullanılabildiği belirtilmiştir **(Demir, 2001; Valentini ve ark. 2001)**. Ayrıca uygulanmasının diğer yöntemlere göre nispeten daha kolay olması ve maliyetinin de düşük olması nedeni ile RAPD sıkça kullanılan bir yöntem olmuştur. Bu yöntem birçok meyve türünde çeşit tanımlama ve genetik ilişkilerin ortaya çıkarılması amacıyla kullanılmıştır.

RAPD yönteminin sadece dominant karakterler yönünden sonuç vermesi yorumlama yönünden zorluklar çıkarmaktadır ve tekrarlanabilirliğinin düşük olması bu markör tekniğinin olumsuz yanlarından **(Kaçar, 2001; Demir 2004)**.

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) çoğaltılan parça uzunluğu farklılığını esas alan bir yöntem olup, RAPD yönteminin olumsuz yönlerini gidermek üzere Vos ve ark.(1995) tarafından geliştirilmiştir. Genomik DNA'nın endonükleaz enzimleriyle kesilerek kesim uçlarına adaptör eklenmesi, kesilen parçaların çoğaltılması ve bu parçaların elektroforezle görüntülenmesi aşamalarından oluşmaktadır (**Yıldırım ve Kandemir, 2001; Sabır, 2008**).

AFLP tekniğinin polimorfizm oranı çok yüksek olup çok sayıda lokusu aynı anda ve etkili bir şekilde taraması nedeni ile parmak izi analizine çok uygundur. AFLP analizleri ile heterozigot ve homozigot bireyler arasındaki farklılıklar saptanabilmektedir. Çoğunlukla dominant markörler vermesi ve farklı genetik haritalar arasında transferinin güç olması AFLP tekniğinin en önemli dezavantajlarından biridir (**Kaçar, 2001; Yıldırım ve Kandemir, 2001**).

SSR (Simple Sequence Repeat) "mikrosatellit" olarak adlandırılan 1-6 baz uzunluğunda kısa tekrar dizileri (A, AT, ATC, ATCG gibi) olup canlı genomu üzerinde rastgele dağılmıştır. Bu dizilerin kullanıldığı tekniklerden olan SSR, son yıllarda yaygın bir şekilde kullanılan markör tekniklerinden biri olmuştur.

Mikrosatellitleri çevreleyen DNA dizileri genellikle aynı türün bireyleri arasında korunmuş olduklarından farklı genotiplerde çakışan SSR bölgeleri PCR'da primerler ile çoğaltılarak seçilebilmektedir. Ardışık SSR tekrarlarının sayısındaki farklılık PCR sonucu farklı uzunlukta DNA parçalarının (bant) oluşmasına neden olmaktadır. Bu tekrarlar çok yakın tür ve çeşitler arasında yüksek polimorfizm göstermektedir. Bu markör sisteminde SSR'ları çevreleyen korunmuş DNA dizileri primer olarak kullanılarak PCR işlemi sonucunda bir lokustaki farklı alleller tespit edilebilmektedir (**Yıldırım ve Kandemir, 2001**).

SSR yöntemi güvenilir, polimorfizm oranı yüksek, eşbaskın (kodominant), nispeten kolay ve tekrarlanabilirliği çok yüksek bir markör yöntemidir. Bitkilerde oldukça fazla bilgi verme özelliğindedir. Ayrıca PCR'a dayalı olması nedeni ile çok az miktarda DNA'ya ihtiyaç duyması ve akraba bitki türlerinde geliştirilmiş olan SSR primerlerinin kullanımına olanak sağlaması en önemli avantajlarından biridir. Bu tekniğin en önemli dezavantajı ise yeni markör (primer) geliştirilmesinin zorluğudur (**Kaçar, 2001; Yıldırım ve Kandemir, 2001**).

2.5. Fındıkta Yapılan Moleküler Tanımlama Çalışmaları

Davis ve Mahlenbacher (1997), fındıklarda yapılan RAPD çalışmalarının genellikle birbirine yakın çeşit ve klonların ayırımı, çiçek tozu uyumsuzluğu ve hastalığa dayanım konuları üzerinde olduğunu bildirmişlerdir.

Radicati ve ark. (1997), farklı *Corylus* türlerinin RAPD tekniğiyle karakterizasyonu amacıyla yapmış oldukları çalışmada *C.avellana*, *C.colurna* ve bunların melezi olduğu düşünülen farklı genotipleri içeren 19 fındık genotipini incelemişlerdir. Araştırmacılar kullandıkları 12 RAPD primerinden elde ettikleri polimorfik bant büyüklüklerinin 360-2000 bp arasında değiştiğini bildirmişler ve soyağacı analizleri sonucunda genotipleri melezler, *C.colurna* tipleri ve *C.avellana* çeşitleri olmak üzere üç gruba ayırmışlardır.

Davis ve Mahlenbacher (1997), fındıklarda Eastern Filbert Blight hastalığına karşı dayanıklı markör geni bulmaya çalışmışlar ve RAPD tekniğini kullanmışlardır. Bu amaçla Willamette x VR 6-28 melezlemesinden elde edilen 100 F1 bitkisinde 500 primeri test etmişlerdir. Bu primerlerden OPH-17₁₂₀₀, OPH-19₆₀₀, UBC-152₈₀₀ ve UBC- 173₅₀₀'ün dayanıklılık geni ile bağlı olduğunu ortaya çıkarmışlardır.

Pomper ve ark. (1998), fındıkta uyumsuzluk allellerinin RAPD markörleri ile tanımlanması amacıyla yaptıkları çalışmada 250 primeri test etmişlerdir. Araştırmacılar OPJ-14₁₇₀₀ markörü ile S₁ alleli arasındaki rekombinasyon oranının % 7.6, OPI-07₇₅₀ markörü ile S₂ alleli arasındaki rekombinasyon oranının ise % 3.8 olduğunu belirlemişlerdir. Araştırmacılar hem S₁ hem de S₂ markörlerinin başarılı bir şekilde klonlandığını ve OPJ-14₁₇₀₀ 'den 18-bp, OPI-07₇₅₀ 'den ise 24-bp primer üretildiğini bildirmişlerdir.

Galderisi ve ark. (1999), İtalya'nın Campania bölgesinde yaptıkları çalışmada *C. avellana* türünün değişik çeşit ve tiplerinin tanımlanmasında RAPD tekniğini kullanmışlardır. Çalışmada 'Campanica', 'San Giovanni', 'Tonda di Gigfoni', 'Mortarella', 'Tonda di Romana' ve 'Riccia di Talanico' çeşitleri ile bu çeşitlerin klonları tanımlanmıştır. Araştırmacılar kullandıkları toplam 20 RAPD primerinden (kit-U) elde ettikleri bant sayılarının 1-9 arasında, bant büyüklüklerinin ise 200-1400 bp

arasında değiştiğini ve U2, U3, U4 ve U14'ün bu tiplerin DNA parmak izlerinin belirlenmesinde başarı ile kullanıldığını bildirmişlerdir.

Lunde ve ark. (2000), UBC-152₈₀₀ primerini kullanarak 90 fındık çeşidi ile türler arası bazı melezlerin fındık yanıklığı (*Anisogramma anomala*) hastalığına karşı dayanımlarını incelemişler ve bu primerin başarı ile kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar bu hastalık inokulasyonu sonucu hastalık simptomsu gözlenmeyen 'Closca Molla', 'Ratoli', 'Potomac', 'Yoder-5', 'Grand Traverse', ve 'Medium Long' gnotiplerinde UBC-152₈₀₀ RAPD markörünün bulunmadığını belirtmişlerdir.

Nassi ve ark. (2000), RAPD analizi ile 19 adet *Corylus avellana* ve 1 adet *C. maxima* çeşidinde çeşit tanımlaması yaparak ismine doğruluklarını ortaya çıkarmış ve genetik ilişkilerini belirlemişlerdir.

Valentini ve ark. (2001), 'Tonda di Gigfoni', 'Negret', ve 'Cosford' çeşitleri ile 'Tonda Gentile delle Langhe' çeşidine ait 23 klonun genetik profillerini çıkarmak ve çeşit içi farklılıkların olup olmadığını belirlemek amacı ile yaptıkları çalışmada 10 baz uzunluğundaki 20 adet RAPD primeri kullanmışlar ve elde ettikleri bantların 200-1700 bp arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar kullandıkları 16 primerin bu çeşitler arasındaki farklılığı ortaya çıkardığını ancak 'Tonda Gentile delle Langhe' klonları arasında polimorfizm belirlenemediğini bildirmişlerdir.

Bassil ve Azerenko (2001), fındıklarda kendine ve karşılıklı çiçek tozu uyumsuzluk geninin tespitine yönelik S₁, S₂, S₃ allellerine bağlı RAPD markörlerinin belirlenmesine çalışmışlardır. Araştırmacılar, S₁ alleli için OPJ14₁₇₀₀, S₂ alleli için OPI07₇₅₀ ve S₃ alleli için OPN20₁₃₀₀ primerlerinin markör olarak kullanılabileceklerini belirlemişlerdir.

Miaja ve ark. (2001), İtalya'da yetiştiriciliği yapılan 19 fındık çeşit ve genotipinin RAPD markörleri ile karakterizasyonu üzerine yaptıkları çalışmada 30 adet RAPD primerini kullanmışlardır. Araştırmacılar elde ettikleri polimorfik bant büyüklüklerinin 500-3000 bp arasında değiştiğini ve çalışma sonucunda oluşturulan dendogramda iki ana çeşit grubunun oluştuğunu, özellikle uzun zuruflu 'Tombul', 'Imperale Trebizonde', 'Fructo Rubro' ve 'Jean's' çeşitlerinin aynı grupta yer aldığını bildirmişlerdir.

Demir (2004), fındık çeşit ve klonlarının tanımlanması amacıyla 40 RAPD primeri kullanmış, kullanılan bu primerlerden 33 tanesinin amplifikasyon oluşturduğunu bildirmiştir. Araştırmacı, bu primerlerden elde edilen bant büyüklüklerinin 200-2800 bp arasında değiştiğini, amplifikasyon oluşturan primerlerden elde edilen bant sayılarının ise 1-15 arasında değiştiğini; incelenen primerlerden elde edilen ortalama bant sayısının 6.61 bant/primer olarak belirlemiştir. RAPD analizleri sonucu oluşturulan dendograma göre incelenen genotipler iki ana gruba ayrılmıştır. Çeşitlerin çoğunluğu birinci ana grupta yer alırken, ‘Kalınkara’ çeşidi (‘Kalınkara-01’ ve ‘Kalınkara-02’ klonları) ile ‘İncekara’ ve ‘Mincane’ çeşitleri ikinci ana grupta yer almıştır.

Nas ve ark (2004), uzun süre in vitro koşullarda çoğaltılan fındık klonlarında somaklonal varyasyonun meydana gelip gelmediğini kontrol etmek amacı ile fenotipik analizler ile birlikte RAPD tekniğini de kullanmışlardır. Araştırmacılar çalışma sonucunda in vitro koşullarda çoğaltılan bitkiler ile donör bitkiler arasında fenotipik yönden farklılık belirleyemediklerini ve RAPD analizleri sonucunda da donör bitkiler ile in vitro koşullarda çoğaltılan bitkiler arasında somaklonal bir varyasyonun olmadığını bildirmişlerdir.

Nahla ve ark. (2003), 19 fındık genotipi ile yaptıkları tanımlama çalışmasında 12 SSR primerini denemişlerdir. Araştırmacılar bu primerlerin dokuz türde tek allellerin tanımlanmasında başarılı olduklarını bildirmişlerdir. Çalışmada mikrosatellit lokusu başına allel sayısının 4 ile 7 arasında ve heterozigotluk oranının ise 0.58 ile 0.87 arasında değiştiği belirlenmiştir. Araştırmacılar çalışmada kullandıkları primerlerin klonal parmak izlerinin çıkartılmasında, çeşitlerin tanımlanmasında ve genom haritalamasında yararlı olacağını bildirmişlerdir.

Gökırmak ve ark. (2004), *C.avellana* türüne ait 274 genotipin genetik profillerini incelemek amacıyla 10 SSR primerini denemişlerdir. Araştırmacılar incelenen genotiplerden 84’ünün aynı klonlar olduğunu ve kullanılan primerlerin yüksek oranda polimorfik olduklarını belirlemişlerdir. Çalışmada allel büyüklüklerinin tespiti için ABI Genescan® and Genotyper® ; benzerlik indeksleri ve soyağacı oluşturulmasında ise MEGA2 bilgisayar programlarının kullanıldığı da bildirilmiştir.

Mehlenbacher ve ark. (2006), OSU 252.146 X OSU 414.062 melezlemesi sonucu elde edilmiş 144 çöğürü kullanarak *C.avellana* türünün genetik haritalaması üzerine yapmış oldukları bir çalışmada RAPD ve SSR markörlerini birlikte kullanmışlardır. Araştırmacılar herbir ebeveyn için 11 grubun tanımlandığını bildirmişlerdir. Çalışmada anneye ait haritanın 249 RAPD ve 20 SSR markörünü içerdiği ve bunların 661 cM (santimorgan) mesafede bulunduğu, babaya ait haritanın ise 271 RAPD ve 28 SSR markörü içerdiği ve bunların 812 cM (santimorgan) mesafede olduğu bildirilmiştir. Ayrıca araştırmacılar polen-stigma uyumsuzluğunu kontrol eden S-lokusunun 5S kromozomu üzerinde bulunduğunu ve buna 10 cM mesafedeki 6 markörün tanımlandığını; Eastern Filbert Blight (Bakteriyel Yanıklık) hastalığına dayanıklılık geninin 6R kromozomu üzerinde bulunduğunu ve bunun 2 dominant allel ile bağlantılı olduğunu belirlemişlerdir.

Boccacci ve ark. (2006), 78 fındık çeşidinde 16 SSR lokusu kullanarak çeşitlerin tanımlanması ve genetik ilişkilerinin incelemesi amacıyla yaptıkları çalışmada lokus başına düşen allel sayısının 9.4 olduğunu; % 78'e kadar çıkan yüksek allel frekansları ve ayırma gücünü % 91 olarak belirlemişlerdir. Ayrıca çalışmada kullanılan kuzey ve güney Avrupa kökenli çeşitler ile Türk çeşitleri arasında belirgin farklılıkların olduğu ortaya konulmuştur. Önemli fındık çeşitlerine ait SSR profillerini kapsayan verilerin fındık çeşitleri ve sinonimlerinin tanımlanmasında yararlı olacağı da bildirilmiştir.

Gökırmak ve ark. (2008), *C.avellana* türüne ait farklı coğrafik bölgelerde yayılım gösteren 270 adet klonun genetik profillerini incelemek amacıyla yaptıkları çalışmada 21 SSR primerini kullanmışlardır. Bu klonlardan 198 tanesi farklı genetik profil gösterirken 72 tanesinin benzer bulunduğu bildirilmiştir. Farklı genetik profil gösteren 198 klonda lokus başına ortalama allel sayısının 9.81, heterozigotluk oranının 0.67 olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar oluşan dendograma göre genotiplerin dört ana coğrafi bölge altında toplandığı, bu bölgelerin Orta Avrupa, Karadeniz, İngiltere ve İtalya-İspanya olduğunu bildirmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOD**3.1. Materyal**

Bu araştırma 2005-2008 yılları arasında yürütülmüştür. Araştırmada, Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü genetik kaynaklar parselinde bulunan standart fındık çeşitlerimizden Tombul, Palaz, Foşa, Çakıldak, Mincane, Cavcava, Uzunmusa, Sivri, Yassı Badem, Yuvarlak Badem, Kargalak, Kalınkara, İncekara, Kuş, Acı, Kan, çeşitleri ile yine aynı enstitüde bulunan ve daha önceki yıllarda yapılan seleksiyon çalışmaları ile belirlenmiş 45 adet fındık genotipi ve bunlara ek olarak Vangözü havzasından seçilen 17 genotip ile Çorum ilinden alınan 2 genotip kullanılmıştır. Ayrıca çalışmanın mikrosatellit (SSR) analizleri kısmında Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü'nde bulunan *Coryllus colurna* türüne ait 4 tipin DNA'ları da kullanılmıştır.

Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü genetik kaynaklar parselinden alınan genotiplere ait etiket numaraları, enstitü kayıtlarındaki numaralar esas alınarak aynen kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan çeşit ve genotiplere ait meyve görüntüleri **Şekil 3.1**'de verilmiştir.

3.1.1. Araştırmada Kullanılan Fındık Genotiplerinin Özellikleri

Bu çalışmada kullanılan 16 standart fındık çeşidinin, daha önceki çalışmalara göre belirlenmiş olan bazı özellikleri aşağıda verilmiştir.

3.1.1.1. Tombul

“Tombul” fındık çeşidi dünyanın en kaliteli çeşidi olarak bilinmektedir ve Türkiye’de en çok yetiştiriciliği yapılan en önemli çeşittir. Bazı bölgelerde ‘Giresun Yağlısı’, ‘Yağlı Fındık’, ya da ‘Mehmet Arif Fındığı’ olarak da adlandırılmaktadır. Meyveleri yuvarlak, beyazlaşma oranı çok yüksek ve verimli bir çeşittir. Yağ ve protein oranı yüksek, lezzetli bir çeşittir. Periyodisiteye eğilimi az ilkbahar geç donlarına oldukça hassastır (Ayfer ve ark., 1986; Bostan, 1995; Köksal, 2002; Demir, 2004).

3.1.1.2. Palaz

“Palaz” çeşidi Ordu ve Samsun illerinde yaygın olarak yetiştirilmektedir. “Tombul” çeşidinden sonra Türkiye’de en fazla yetiştirilen çeşittir. Erken yapraklanan bu çeşit, ilkbahar geç donlarına çok duyarlı, periyodisite eğilimi yüksektir. Meyveleri iri, basık - yuvarlak ve beyazlaşma oranı fazladır **(Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004).**

3.1.1.3. Foşa

‘Foşa’ çeşidi ‘Yomra’ ve ‘Boyhane’ isimleri ile de bilinmektedir. Trabzon ve Akçakoca yörelerinde yaygın olarak yetiştirilmektedir. Geç yapraklanan bu çeşit ilkbahar geç donlarından fazla etkilenmez, periyodisite eğilimi orta düzeydedir **(Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004).**

3.1.1.4. Çakıldak

Bazı bölgelerde ‘Gök Fındık’ veya ‘Delisava’ olarak da adlandırılan bu çeşidin periyodisiteye eğilimi azdır ve her yıl düzenli meyve vermektedir. Geç yapraklanan ve ilkbahar geç donlarına dayanıklı ve geç olgunlaşan bir çeşittir. Meyveleri diğer çeşitlere göre daha açık renkli ve tabla kısmı daha geniştir **(Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004).**

3.1.1.5. Mincane

Bazı yörelerde ‘Sarıyağlı’, ‘Sırafındık’ ve ‘Zango’ adıyla da bilinmekte olan “Mincane” çeşidi yaygın olarak Trabzon yöresinde yetiştirilmektedir. Erken olgunlaşan, periyodisiteye eğilimi az ve verimli bir çeşittir. Yağ ve protein oranı yüksek lezzetlidir. Beyazlanma oranı yüksektir **(Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004).**

3.1.1.6. Cavcava

Üretimi çok az olan bu çeşit ‘Kocakarı Fındığı’ adıyla da bilinmektedir ve daha çok Trabzon yöresinde yetiştirilmektedir. Periyodisite eğilimi orta-az olan bu çeşit kısa boylu zuruflara sahiptir (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.7. Uzunmusa

Bazı yörelerde ‘Oskara Yağlısı’, ‘Enişte Fındığı’, ve ‘İncekabuk’ adıyla da bilinen bu çeşit ince kabuklu ve iç oranı yüksek meyvelere sahiptir. “Uzunmusa” çeşidinin üretimi oldukça azdır ve erken olgunlaşan bir çeşittir. Periyodisiteye eğilimi yüksek ve ilkbahar geç donlarına duyarlıdır (**Ayfer ve ark.,1986; Köksal, 2002; İslam, 2003; Demir 2004**).

3.1.1.8. Sivri

Meyvelerinin sivri şekilli olması ile bilinen bir çeşittir. Periyodisiteye eğilimi az ve verimlidir. İşlemeye uygun olmadığı için üretimi az olan bu çeşit daha çok tozlayıcı olarak tercih edilmektedir. İlkbahar geç donlarına dayanıklı bir çeşittir (**Ayfer ve ark., 1986; Bostan ve İslam, 1999; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.9. Yassı Badem

Çoğunlukla Marmara Bölgesi’nde yetiştirilmekte olan “Yassı Badem” çeşidi ‘Değirmendere Fındığı’ adıyla da bilinmektedir. Taze olarak fazla tüketilen bir çeşittir. Periyodisiteye eğilimi yüksek, orta verimli ve ilkbahar geç donlarına hassas bir çeşittir. Buruşuk iç oranı yüksektir ve bu çeşitte olgunluk döneminde meyveler zuruflarından ayrılarak dökülür (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.10. Yuvarlak Badem

Çoğunlukla Marmara Bölgesi'nde taze tüketim amacıyla üretilmektedir. Periyodisiteye orta derecede eğilimli, ilkbahar geç donlarına duyarlı bir çeşittir. Bu çeşitte olgunluk döneminde meyveler zuruflarından ayrılarak dökülür (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.11. Kargalak

Çok iri meyveli, periyodisite eğilimi yüksek bir çeşittir. Üretimi çok az olan “Kargalak” çeşidinin meyveleri basık-yuvarlak şeklindedir ve iç oranı çok düşüktür (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.12. Kalınkara

Erkek çiçek (püs) üretme özelliği çok yüksek olduğu için daha çok tozlayıcı olarak kullanılan “Kalınkara”çeşidi ‘Giresun Karası’ adıyla da bilinmektedir. Bu çeşidin zurufları çok uzun, meyve kabuğu puslu ve çift iç oranı çok yüksektir (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.13. İncekara

“İncekara” çeşidinin meyveleri sivri şekilli olup meyvede çift iç oranı yüksektir. Zurufları uzun, çiçek tozu üretimi fazladır. Periyodisiteye eğilimi yüksek, ilkbahar geç donlarına dayanıklıdır (**Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.14. Kuş

Sivri şekilli meyvelere sahip olan “Kuş” çeşidinin üretimi çok azdır. Periyodisiteye eğilimi çok yüksek, verimi ise çok düşüktür (**Köksal, 2002; Demir, 2004**).

3.1.1.15. Acı

Diğer çeşitlere göre daha erken olgunlaşan “Acı” çeşidinde meyveler olgunlaştığında zuruftan ayrılarak dökülmektedir. Üretimi çok azdır ve çift iç oluşturma eğilimi oldukça yüksektir **(Köksal, 2002; Demir, 2004)**.

3.1.1.16. Kan

“Kan” çeşidinin tohum zarı, diğer çeşitlerden farklı olarak kırmızımsı-mor renktedir. Üretimi çok azdır ve peryodisiteye eğilimi ortadır **(Köksal, 2002; Demir, 2004)**.



Şekil 3.1. Araştırmada kullanılan fındık çeşit ve genotiplerinin meyve görüntüleri.



Şekil 3.1 devamı



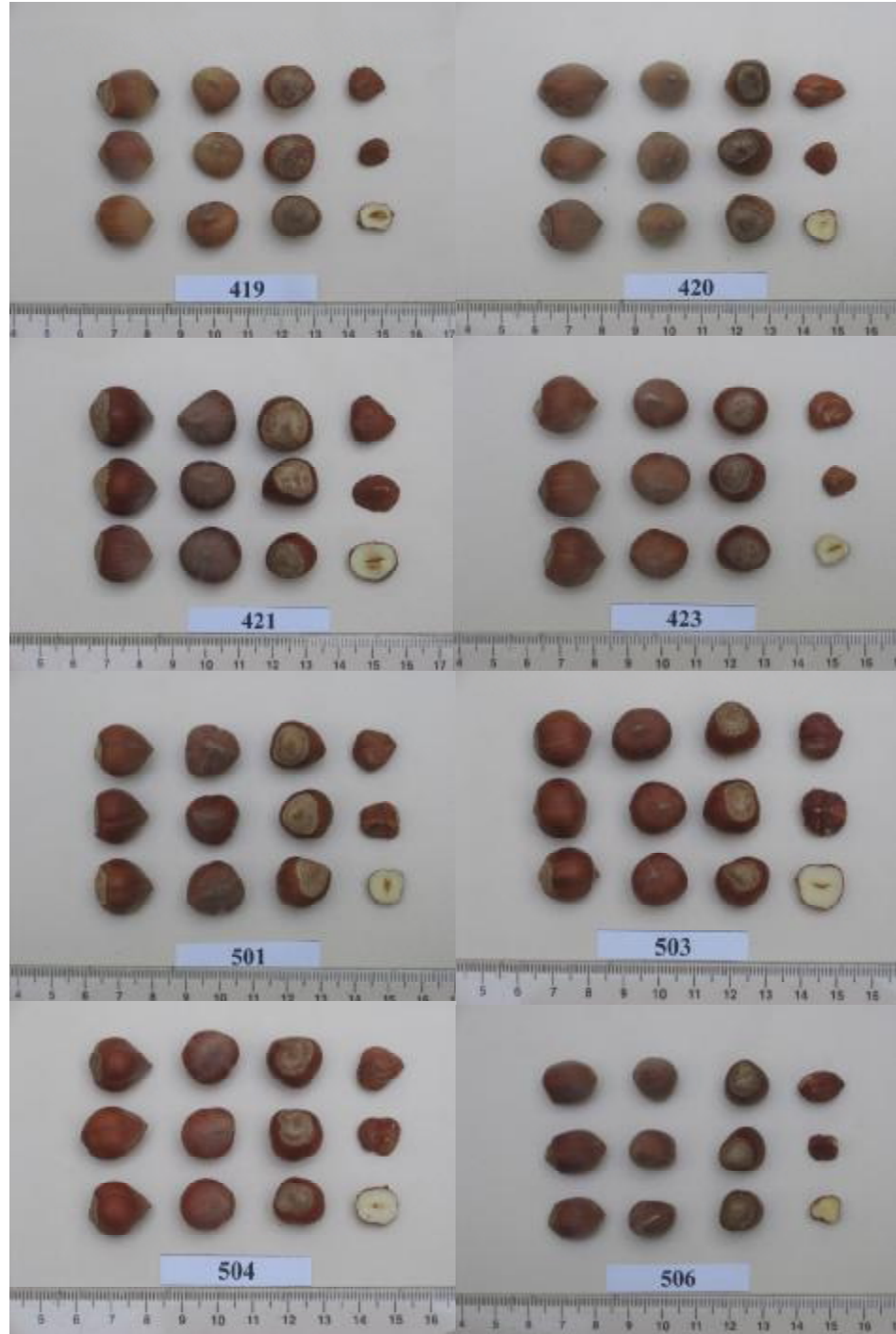
Şekil 3.1 devamı



Şekil 3.1 devamı



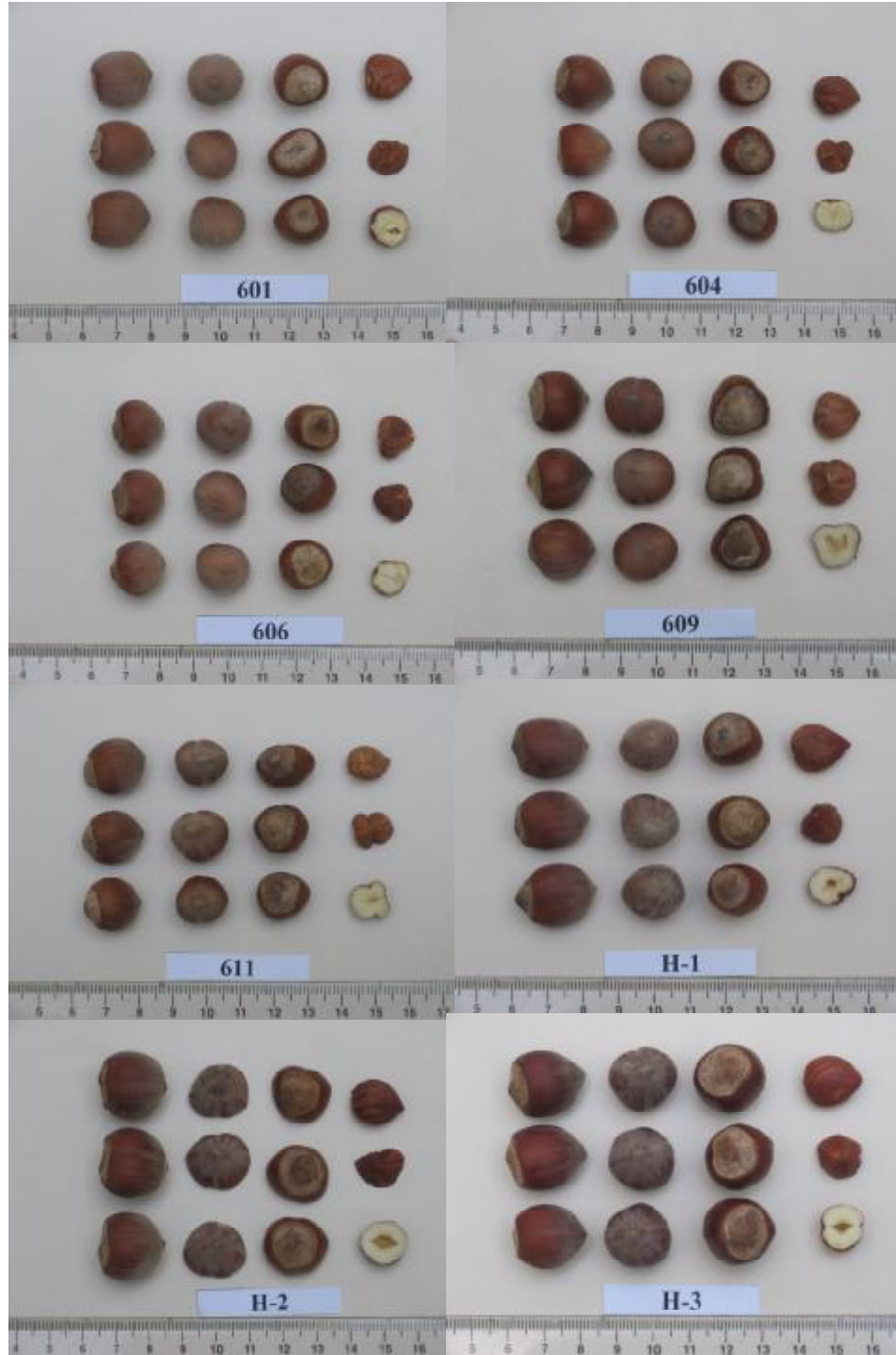
Şekil 3.1 devamı



Şekil 3.1 devamı



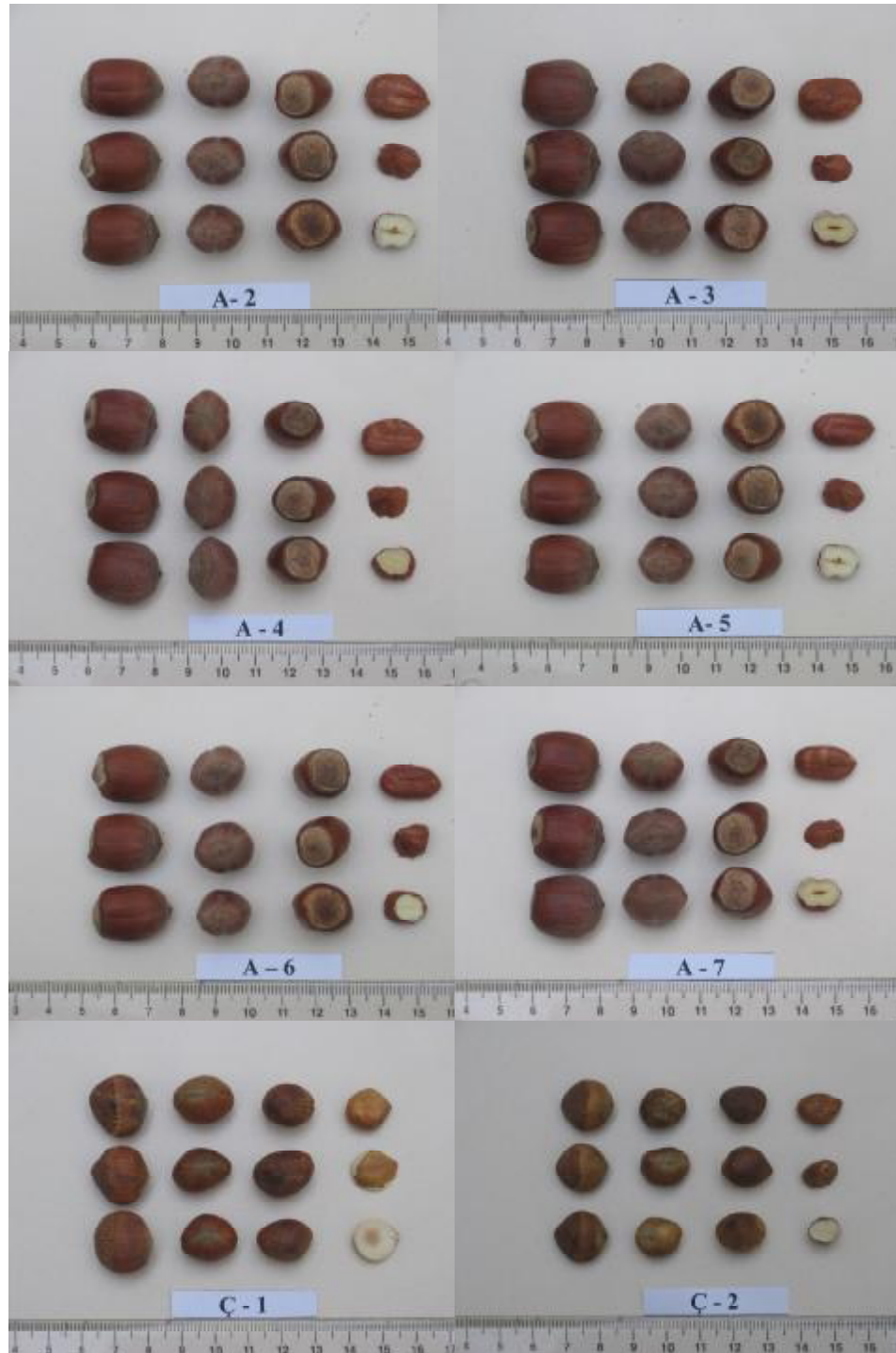
Şekil 3.1 devamı



Şekil 3.1 devamı



Şekil 3.1 devamı



Şekil 3.1 devamı

3.2. Metot

Araştırmada genetik kaynaklar içinden seçilen fındık çeşit ve tipleri 2005 ve 2006 yıllarında pomolojik ve morfolojik özellikler bakımından incelenmiş ve RAPD ve SSR (mikrosatellit) analizleri ile de moleküler düzeyde tanımlanmıştır. Pomolojik ve morfolojik değerlendirmede **Çalışkan ve Çetiner (1992)**'in UPOV (1979) ve IPGRI (1988)'den uyarladıkları “Hazelnut Descriptors” listelerinden çalışmanın amacına uygun olarak belirlenen özellikler kullanılmıştır. Ayrıca **İslam (2000)** ve **Demir (2004)**'in kullandıkları özelliklerden de yararlanılmıştır.

3.2.1.Pomolojik Özellikler:**3.2.1.1. Meyve Uzunluğu (mm):**

Her çeşide ait 50 adet kabuklu meyve uzunluğunun (tabla-uç arası) 0.01 mm duyarlı dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.1.2. Meyve Genişliği (mm):

Her çeşide ait 50 adet kabuklu meyve genişliğinin (kotiledon birleşme noktaları arası) dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.1.3. Meyve Kalınlığı (mm):

Her çeşide ait 50 adet kabuklu meyve kalınlığının (yanaklar arası) dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.1.4. Meyve İriliği (mm):

Meyve uzunluğu, meyve genişliği ve meyve kalınlığı değerlerinin eşdeğer çaplarının hesaplanmasıyla aşağıdaki formülle belirlenmiştir.

$$\text{Meyve İriliği (mm)} = \text{Meyve eşdeğer çapı} = \sqrt[3]{\text{MU} \cdot \text{MG} \cdot \text{MK}}$$

(MU: Meyve uzunluğu, MG: Meyve kalınlığı, MK: Meyve kalınlığı)

3.2.1.5. Meyve Şekil İndeksi:

Meyve uzunluğunun, meyve genişliği ile meyve kalınlığı ortalamasına oranlanmasıyla aşağıdaki formülle hesaplanmıştır.

$$\text{Meyve Şekil İndeksi} = \text{Meyve uzunluğu} / [(\text{Meyve genişliği} + \text{Meyve kalınlığı}) / 2]$$

3.2.1.6. Meyve Yassılık İndeksi:

Meyve genişliğinin meyve kalınlığına oranlanmasıyla aşağıdaki formülle hesaplanmıştır.

$$\text{Meyve Yassılık İndeksi} = \text{Meyve genişliği} / \text{Meyve kalınlığı}$$

3.2.1.7. Meyve Ağırlığı (g):

Her bir çeşitten rasgele alınan 50 adet meyvenin 0.0001 g'a duyarlı hassas terazide tek tek tartılmasıyla belirlenmiştir.

3.2.1.8. İç Uzunluğu (mm):

Her çeşide ait 50 adet iç fındık uzunluğunun dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.1.9. İç Genişliği (mm):

Her çeşide ait 50 adet iç fındık genişliğinin dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.1.10. İç Kalınlığı (mm):

Her çeşide ait 50 adet iç fındık kalınlığının dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.1.11. İç İriliği (mm):

İç uzunluğu, iç genişliği ve iç kalınlığı değerlerinin eşdeğer çaplarının hesaplanmasıyla aşağıdaki formülle belirlenmiştir.

$$\text{İç İriliği (mm)} = \text{İç eşdeğer çapı} = \sqrt[3]{\text{İU} \cdot \text{İK} \cdot \text{İG}}$$

(İU: İç uzunluğu, İK: İç kalınlığı, İG: İç genişliği)

3.2.1.12. İç Şekil İndeksi:

İç uzunluğunun, iç genişliği ile iç kalınlığı ortalamasına oranlanmasıyla aşağıdaki formülle hesaplanmıştır.

$$\text{İç Şekil İndeksi} = \text{İç uzunluğu} / [(\text{İç genişliği} + \text{İç kalınlığı}) / 2]$$

3.2.1.13. İç Yassılık İndeksi:

İç genişliğinin iç kalınlığına oranlanmasıyla aşağıdaki formülle hesaplanmıştır.

$$\text{İç Yassılık İndeksi} = \text{İç genişliği} / \text{İç kalınlığı}$$

3.2.1.14. İç Ağırlığı (g):

Her bir çeşitten rasgele alınan 50 adet meyveden çıkarılan iç fındığın 0.0001 g'a duyarlı hassas terazide tek tek tartılmasıyla belirlenmiştir.

3.2.1.15. İç Oranı (%):

Derim sırasında çotanaklı olarak alınan meyveler zuruflarından çıkarıldıktan sonra laboratuvar şartlarında kurutulmuş, kabuklu ve iç meyve ağırlıkları 0.01 g'a duyarlı hassas terazide tartılarak ve iç ağırlığının kabuklu meyve ağırlığına oranlanması ile aşağıdaki formülle tespit edilmiştir.

$$\text{İç Oranı (\%)} = (\text{İç ağırlığı} / \text{Meyve ağırlığı}) \times 100$$

3.2.1.16. Sağlam İç Oranı (%):

100 adet meyveden elde edilen sağlam iç sayısının toplam meyve sayısına oranlanması ile belirlenmiştir.

$$\text{Sağlam İç Oranı (\%)} = (\text{Sağlam iç sayısı} / \text{Toplam meyve sayısı}) \times 100$$

3.2.1.17. Buruşuk İç Oranı (%):

100 adet meyveden elde edilen buruşuk iç sayısının toplam meyve sayısına oranlanması ile belirlenmiştir.

$$\text{Buruşuk İç Oranı (\%)} = (\text{Buruşuk iç sayısı} / \text{Toplam meyve sayısı}) \times 100$$

3.2.1.18. Boş Meyve Oranı (%):

100 adet meyveden elde edilen boş meyve sayısının toplam meyve sayısına oranlanması ile belirlenmiştir.

$$\text{Boş Meyve Oranı (\%)} = (\text{Boş meyve sayısı} / \text{Toplam meyve sayısı}) \times 100$$

3.2.1.19. Çift İç Oranı (%):

100 adet meyveden elde edilen çift iç sayısının toplam meyve sayısına oranlanması ile belirlenmiştir.

$$\text{Çift İç Oranı (\%)} = (\text{Çift iç sayısı} / \text{Toplam meyve sayısı}) \times 100$$

3.2.1.20. Çürük İç Oranı (%):

100 adet meyveden elde edilen çürük iç sayısının toplam iç sayısına oranlanması ile belirlenmiştir.

$$\text{Çürük İç Oranı (\%)} = (\text{Çürük iç sayısı} / \text{Toplam meyve sayısı}) \times 100$$

3.2.1.21. Kabuk Kalınlığı (mm):

Her bir çeşitten rasgele alınan 50 adet meyve kabuğunun 0.01 mm duyarlı dijital kumpas ile yan tarafından ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.2. Morfolojik Özellikler:**3.2.2.1. Büyüme Biçimi:**

Seçilmiş olan ocakta yapılan gözlemle çok dik, dik, yuvarlak, yayvan, çok yayvan şeklinde sınıflandırılmıştır.

3.2.2.2. Büyüme Gücü:

Seçilmiş olan ocakta yapılan gözlemle çok zayıf, zayıf, orta kuvvette, kuvvetli, çok kuvvetli olarak değerlendirilmiştir.

3.2.2.3. Dip Sürgünü Oluşturma Eğilimi:

Vejetasyon dönemi sonunda her ocaktaki ana dal sayısı ile kök ve dip sürgünü sayısı belirlenip ana dal başına düşen kök ve dip sürgünü sayılarak, hiç yok, az, orta, çok ve pek çok şeklinde sınıflandırılmıştır.

3.2.2.4. Dal Sıklığı:

Seçilmiş olan ocakta yapılan gözlemle seyrek, orta sık, çok sık şeklinde değerlendirilmiştir.

3.2.2.5. Zuruf Uzunluğu (mm):

Her bir çeşitten rasgele alınan 50 adet zuruf uzunluğunun 0.01 mm duyarlı dijital kumpas ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.2.6. Çotanaktaki Meyve Sayısı:

Her çeşitten rasgele alınan en az 50 adet çotanaktaki normal meyvelerin sayılması ile belirlenmiştir.

3.2.2.7. Yaprak Uzunluğu (cm):

Her çeşide ait 10-30 adet tam gelişmiş yaprak uzunluğunun cetvel ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.2.8. Yaprak Genişliği (cm):

Her çeşide ait 10-30 adet yaprak genişliğinin cetvel ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.2.9. Yaprak Büyüklüğü (cm):

Yaprak uzunluğu ile yaprak genişliği toplamalarının ikiye bölünmesiyle hesaplanmıştır.

$$\text{Yaprak Büyüklüğü (cm)} = (\text{Yaprak uzunluğu} + \text{Yaprak genişliği}) / 2$$

3.2.2.10. Yaprak Şekil İndeksi:

Yaprak uzunluğunun yaprak genişliğine oranlanmasıyla aşağıdaki formülle hesaplanmıştır.

$$\text{Yaprak Şekil İndeksi} = (\text{Yaprak uzunluğu} / \text{Yaprak genişliği}) \times 100$$

3.2.2.11. Yaprak Sapı Uzunluğu (mm):

Her çeşide ait 10-30 adet yaprakta sap uzunluğunun cetvel ile ölçülmesiyle belirlenmiştir.

3.2.2.12. Yaprak Sapı Tüylülüğü:

Yaprak sapı tüylülüğü sık, orta-sık, orta-seyrek ve seyrek olarak gözlem yoluyla belirlenmiştir.

3.2.3. Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerin İlişkilendirilmesi

Genotiplerin pomolojik ve morfolojik özelliklerinin analizi sonucunda elde edilen tanımlayıcı sözcükler uluslararası tanımlama listelerinde belirtilen rakamsal bilgiye dönüştürülmüştür. 0 ile 9 arasında değişen rakamlardan oluşan bu bilgi NTYSYpc 2.11 V istatistik paket programında değerlendirilmiştir. Genotipler arasındaki genetik farklılıkların belirlenmesinde “Mean Character Differences” katsayısı kullanılmıştır. Bu katsayıya bağlı olarak elde edilen matrise göre UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) yöntemi ile soyağacı analizleri yapılmıştır.

3.2.4. RAPD ve SSR Analizleri

RAPD ve SSR analizleri, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Biyoteknoloji laboratuvarında yürütülmüştür. Bu analizler, DNA izolasyonu, PCR, elektroforez ve sonuçların değerlendirilmesi olarak dört aşamada gerçekleştirilmiştir.

3.2.4.1. DNA İzolasyonu İçin Yaprak Örneklerinin Alınması

DNA izolasyonu için çeşitlerin yeni açmakta olan genç yaprakları kullanılmıştır. Genç yaprakların hastalık ve zararlılardan ari olmasına özen gösterilmiştir. Bitkiden sürgünler ile birlikte alınan yapraklar, laboratuvara getirildikten sonra burada sürgünlerden ayrılmış ve yaprak örnekleri % 50’ lik alkolle yıkanarak kurutulduktan sonra sıvı azot (-196 °C) içerisine konulmuş daha sonra DNA izolasyonuna kadar - 80 °C’de muhafaza edilmiştir.

3.2.4.2. DNA İzolasyonu İçin Gerekli Solüsyonların Hazırlanması

Bu çalışmada **Doyle ve Doyle (1990)** yönteminden modifiye edilen “minipreparation” DNA izolasyon yöntemi kullanılmıştır. DNA izolasyonunda kullanılan tampon çözeltinin içeriği **Çizelge 3.1.**’de gösterilmiştir. İzolasyon sırasında tampon çözeltileri dışında kloroform : izoamilalkol (24:1 oranında), Tris-EDTA (Tris 1 M PH:8, EDTA: 0.5 M pH:8), RNase A (10 mg/ml) solüsyonu, izopropanol ve etil alkol (% 99) kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. DNA İzolasyonunda Kullanılan İzolasyon Çözeltisinin İçeriği

Solüsyon	Konsantrasyon
CTAB	% 2,0
NaCl (5 M)	1,4 M
EDTA (0,5 M) pH 8,0	0,2 M
TRIS-HCl (1 M) pH 8,0	0,1 M

3.2.4.3. DNA İzolasyon Aşamaları

DNA izolasyonu aşağıdaki şekilde yapılmış ve aşamaları **Şekil 3.1.** de verilmiştir.

1. İçerisinde sıvı azot bulunan havanda iyice ezilen yaprak örneğinden 2 ml’lik tüplere yaklaşık 200’er mg olacak şekilde koyulmuştur.
2. Her tüpe hazırlanan izolasyon solüsyonundan 396 µl ve 4 µl β-merkaptoetanol eklenmiştir.
3. Homojenizasyon sağlanana kadar pipet yardımıyla tüpler karıştırılmıştır.
4. Tüpler 65 °C’de 20 dakika bekletilmiştir. Bu sırada tüpler iki defa karıştırıcı yardımıyla karıştırılmıştır.
5. Her tüpe 400 µl kloroform:izoamilalkol eklenmiş, 15 dakika karıştırıcı yardımıyla karıştırılmıştır.
6. 5 dakika 13.000 devirde tüpler santrifüj edilmiştir. Bekleme sırasında her örnek için yeni temiz bir santrifüj tüpü hazırlanıp etiketlenmiştir ve her birinin içine 400 µl soğuk (-20 C) izopropanol eklenmiştir.

7. Santrifüj tamamlandığında tüplerin üst kısmındaki sıvı kısım steril pipet aracılığıyla 400 mikrolitre soğuk (-20) izopropanol içeren santrifüj tüplerine aktarılmıştır. Tüpler dikkatli bir şekilde karıştırılarak 1 saat süreyle -20 °C'de bekletilmiştir.

8. 5 dakika 13.000 devirde santrifüj edilmiştir.

9. Süpernatant dikkatli bir şekilde dökülmüştür. Pelletin kuruması için tüpler ters bırakılarak 10-15 dakika bekletilmiştir.

10. Kuruyan Pellet 100 µl TE (Tris-EDTA) içerisinde çözülmüştür. Her tüpe 4 µl RNAase A eklenmiştir ve 15 dakika oda sıcaklığında tüpler bekletilmiştir.

11. Her tüpe 500 µl soğuk etil alkol (%100; -20°C) eklenmiştir ve tüpler dikkatli bir şekilde karıştırılarak 1 saat süreyle -20 °C'de bekletilmiştir.

12. 5 dakika 13.000 devirde santrifüj edilmiştir.

13. Süpernatant dikkatli bir şekilde dökülmüştür ve pelletin kuruması için tüpler ters çevirilip yaklaşık 10 dakika bekletilmiştir.

14. Pellet 100 µl TE (Tris-EDTA) içerisinde çözdürülmüştür.

15. Örnekler -20 °C'de saklanmıştır.



Şekil 3.2. DNA izolasyon aşamaları

3.2.4.4. DNA'ların Konsantrasyon ve Kalitesinin Belirlenmesi

İzolasyonu gerçekleştirilen DNA'ların kalitesi ve miktarları spektrofotometre ile (NanoDrop ND 100) ölçümler yapılarak belirlenmiştir. Elde edilen spektrofotometre sonuçları değerlendirilip ilgili hesaplamalar yapılmıştır ve DNA konsantrasyonları önce 50 ng'a ve ardından 5 ng'a seyreltilmiştir.

3.2.5. RAPD Analizleri

RAPD analizleri **Kaçar (2005)** tarafından modifiye edilen yönteme göre yapılmıştır. PCR reaksiyonu toplam hacim herbir örnek için 15 µl olacak şekilde, 6,25 µl 2XPCR Master Mix (Fermantas), 1,25 µl Primer (30 ng), 0,5 µl MgCl₂ (25 mM), 0,05 µl Taq DNA Polimeraz, 1 µl ddH₂O , 5 µl genomik DNA (5ng) karışımından oluşmuştur (**Çizelge 3.2**).

Çizelge 3.2. RAPD Analizleri İçin PCR İşleminde Kullanılan Kimyasallar

Solüsyonlar	Tek Bir Örnek İçin Kullanılan Miktar
2X PCR Master Mix (Fermantas)	6,25 µl
Primer (30 ng)	1,25 µl
MgCl ₂ (25 mM)	0,5 µl
Taq DNA Polimeraz	0,05 µl
ddH ₂ O	1 µl
Genomik DNA	5 µl
Toplam	15 µl

RAPD analizlerinde PCR döngüleri, **Çizelge 3.3**'te verilen koşullara göre yürütülmüştür.

Çizelge 3.3. RAPD Analizlerinde PCR Döngü Koşulları

Program	İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre (d)	Döngü Sayısı
1.	Ön Denatürasyon	94°C	2	1
2.1.	Denatürasyon	94°C	2	} 45
2.2.	Primerin DNA'ya bağlanması	37°C	1	
2.3.	Uzama	72°C	2	
3.	Son uzama	72°C	10	1

3.2.5.1. RAPD Analizlerinde Kullanılan Primerler

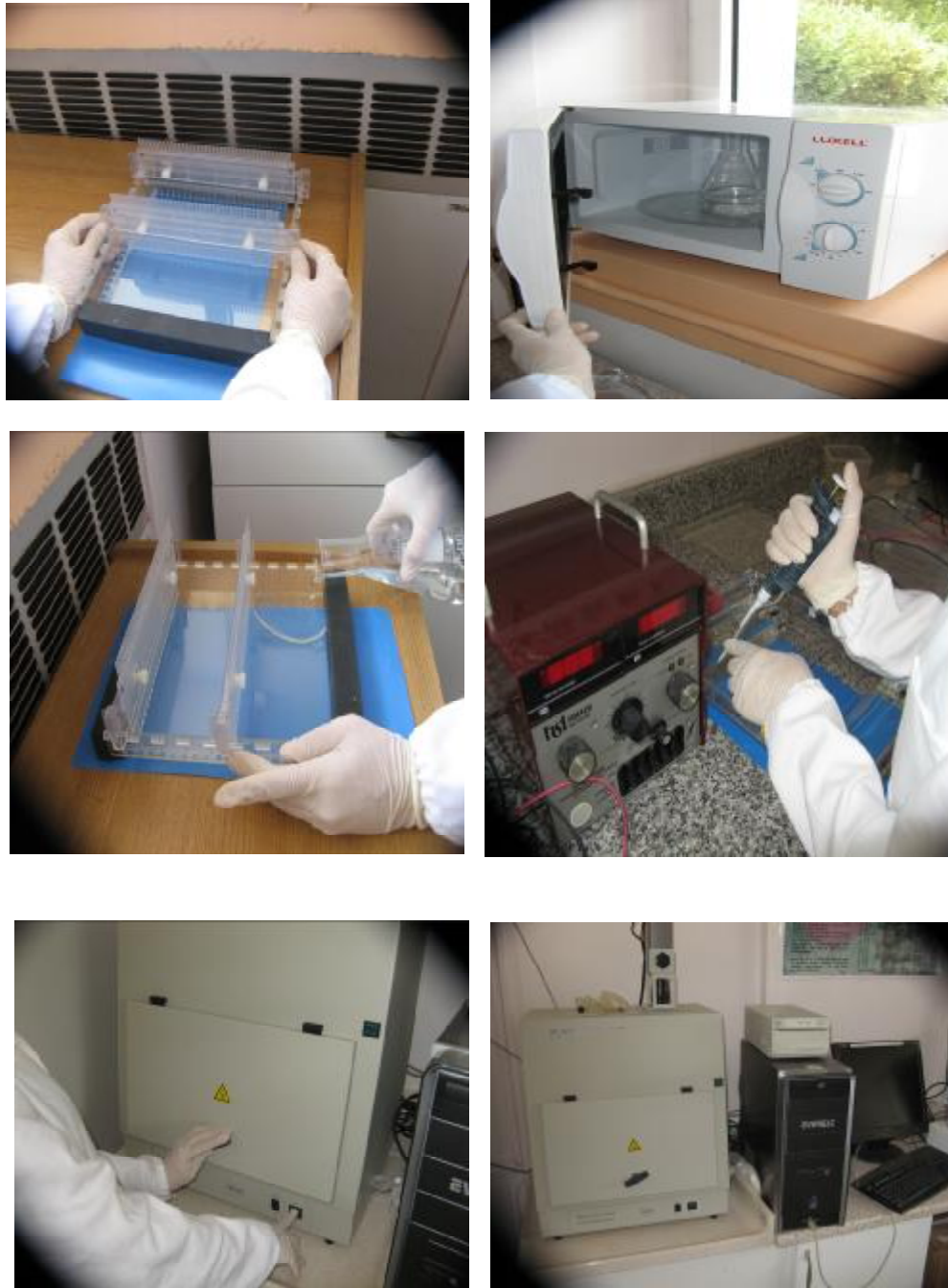
RAPD analizlerinde kullanılan primerler değişik çalışmalarda fındık için kullanılan ve bu çalışmalarda olumlu sonuç verenler dikkate alınarak seçilmiştir. Seçilen 100 RAPD primeri (Operon Technologies) araştırmada kullanılan genotipler arasından popülasyonu en iyi şekilde temsil edebileceği düşünülerek seçilen 7 genotipte uygulanarak tarama çalışması yapılmıştır. Tarama çalışması sonucunda bu primerler içerisinde polimorfizm seviyeleri bakımından en uygun olan 31 tanesi 80 fındık genotipinin RAPD tekniği ile genetik karakterizasyonu ve aralarındaki genetik ilişkinin araştırılması amacı ile kullanılmıştır. RAPD analizlerinde kullanılan primerler ve baz dizinleri **Çizelge 3.4**'te verilmiştir.

Çizelge 3.4. RAPD Analizlerinde Kullanılan Primerler ve Baz Dizinleri

Primer	Baz Dizini (5' - 3')	Primer	Baz Dizini (5' - 3')
OPAA - 02	GAGACCAGAC	OPAH - 10	GGGATGACCA
OPAA - 07	CTACGCTCAC	OPAH - 20	GGAAGGTGAG
OPAA - 08	TCCGCAGTAG	OPAI - 04	CTATCCTGCC
OPAA - 10	TGGTCGGGTG	OPAI - 12	GACGCGAACC
OPAA - 11	ACCCGACCTG	OPAI - 14	TGGTGCACTC
OPAA - 17	GAGCCCGACT	OPAJ - 01	ACGGGTCAGA
OPAA - 18	TGGTCCAGCC	OPAJ - 03	AGCACCTCGT
OPAA - 19	TGAGGCGTGT	OPAJ - 04	GAATGCGACC
OPAA - 20	TTGCCTTCGG	OPAJ - 19	ACAGTGGCCT
OPAG - 02	CTGAGGTCCT	OPI - 07	CAGCGACAAG
OPAG - 04	GGAGCGTACT	OPJ - 10	AAGCCCGAGG
OPAG - 07	CACAGACCTG	OPJ - 16	CTBCTTAGGG
OPAG - 10	ACTGCCCCGAC	OPJ - 20	AAGCGGCCTC
OPAG - 11	TTACGGTGCG	OPX - 19	TGGCAAGGCA
OPAG - 20	TGCGCTCCTC	OPZ - 04	AGGCTGTGCT
OPAH - 08	TTCCCGTGCC		

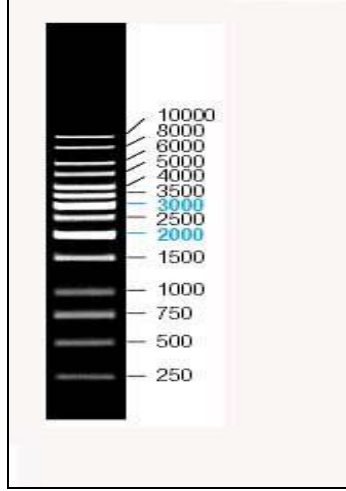
3.2.5.2. RAPD Analizlerinde Elektrophorez ve Sonuçların Değerlendirilmesi

PCR reaksiyonları sonucunda elde edilen PCR ürünleri %1.5'luk agaroz jelde ayrıştırılarak (elektrophorez), etidiyum bromit ile boyanmış ve UV altında jel fotoğrafları çekilmiştir (**Şekil 3.2**).



Şekil 3.2. Agaroz jel aşamaları

Elektroforez sonrası elde edilen DNA parçalarının (bant) büyüklüklerinin belirlenmesinde 1kb DNA markör kullanılmıştır (**Şekil 3.3**).



Şekil 3.4. % 1 Agaroz jel’de koşularak elde edilmiş 1kb büyüklüğünde DNA markörü

Elektroforez işleminden sonra görüntülenen bantlardan kuvvetli olanlar değerlendirmeye alınmıştır. Bant varlığında bir (1), yokluğunda sıfır (0) ve amplifikasyonun olmadığı durumlarda (9) olarak puanlandırılmış ve rakamsal matriks elde edilmiştir. Bu matris kullanılarak NTSYS (Numerical Taksonomy and Multivariarte Analysis System, Version 2.0) paket programında benzerlik indeksi oluşturulmuştur. Genotipler arasındaki ilişkilerin şematik olarak analiz edilmesi için UPGMA (Unweighted Pair Group of Arithmetic Average) yöntemi ile soy ağacı elde edilmiştir.

3.2.2.6. Primerlerin Polimorfizm Oranlarının Saptanması

Primerlerin polimorfizm oranları, polimorfik bant sayılarının toplam bant sayısına bölünüp 100 ile çarpılması sonucu bulunmuştur;

Polimorfizm oranı (%) = (Polimorfik bant sayısı / Toplam bant sayısı) X 100

3.2.2.7. Primerlerin Polimorfizm Bilgi İçeriğinin (PBİ) Saptanması

Kullanılan SSR primerlerinin polimorfizm bilgi içerikleri (PBİ) Smith ve ark. (1997)'na göre “ $PBİ = 1 - \sum P_i^2$ ” formülünden yararlanılarak saptanmıştır. Bu yöntemle göre polimorfik bantlarda toplam var (1) ve yok (0) olan bantların sayıları belirlenmiş ve bu bantların her biri için frekans değerleri hesaplanmıştır (P_i : i bandının frekansı).

3.2.2.8. Primerlerin Ayırma Güçlerinin Saptanması

Çalışmada kullanılan SSR primerlerinin ayırma güçleri Prevost ve Wilkinson (1999)'un geliştirdiği;

Ayırma gücü = $\sum I_b$ formülüne göre hesaplanmıştır.

(formülde, $I_b = 1 - (2 \times |0.5 - p|)$)

Formüldeki p, I bandının toplam genotipteki oranıdır.

3.2.6. SSR (Microsatellit) Analizleri

SSR analizleri **Kaçar ve ark. (2006)** tarafından modifiye edilen yöntemle göre yapılmıştır. Toplam hacim her bir örnek için 20 µl olacak şekilde, 8 µl 2XPCR Master Mix (Fermantas), 1 µl Primer (forward + reverse), 0,5 µl $MgCl_2$ (25 mM), 0,5 µl M13 primer, 0,05 µl Taq DNA Polimeraz, 5 µl ddH₂O , 5 µl genomik DNA (5ng) karışımından oluşmuştur (**Çizelge 3.5.**).

Çizelge 3.5. SSR Analizleri İçin PCR İşleminde Kullanılan Kimyasallar

Solüsyonlar	Tek Bir Örnek İçin Kullanılan Miktar
2X PCR Master Mix (Fermantas)	8 µl
Primer (forward + reverse)	1 µl
M13 primer	0.50 µl
$MgCl_2$ (25 mM)	0,5 µl
Taq DNA Polimeraz	0,05 µl
ddH ₂ O	1 µl
Genomik DNA	5 µl
Toplam	20 µl

SSR analizlerinde PCR döngüleri, **Çizelge 3.6.**'da verilen koşullara göre yürütülmüştür.

Çizelge 3.6. SSR Analizlerinde PCR Döngü Koşulları

Program	İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
1.	Ön Denatürasyon	94°C	5 d	1
2.1.	Denatürasyon	94°C	1 d	} 35
2.2.	Primerin DNA'ya bağlanması	55-60°C	30 sn	
2.3.	Uzama	72°C	1 d	
3.	Son uzama	72°C	4 d	1

3.2.6.1. SSR Analizlerinde Kullanılan Primerler

SSR analizlerinde kullanılan primerler, **Mehlenbacher ve ark. (2006)** tarafından değişik çalışmalarda fındık için kullanılan ve bu çalışmalarda olumlu sonuç veren primerler dikkate alınarak seçilmiştir. Seçilen 25 SSR primeri (Operon Technologies) Li-Cor görüntüleme sisteminde kullanılabilmeleri için flouresant etiket ile etiketlenmiştir. Araştırmada kullanılan genotipler arasından populasyonu en iyi şekilde temsil edebileceği düşünülerek seçilen 8 genotipte uygulanarak tarama çalışması yapılmıştır. Tarama çalışması sonucunda bu primerler içerisinde polimorfizm seviyeleri bakımından en uygun olan 18 tanesi 84 fındık genotipinin SSR tekniği ile genetik karakterizasyonu ve aralarındaki genetik ilişkinin araştırılması amacı ile kullanılmıştır. SSR analizlerinde kullanılan primerler ve baz dizinleri **Çizelge 3.7.**'de verilmiştir.

Çizelge 3.7. SSR Analizlerinde Kullanılan Primerler ve Baz Dizinleri

SSR Locus	Primer Yönü	Baz Dizinleri (5' – 3')
CAC-A014a	F	GGTTTGTTACAGAAATTCAGACG
	R	GCGTGTGGTTAATGTTTTCTTT
CAC-A014b	F	CCTGTTTGGTTTCCTCTATTTTC
	R	CCAGTCACTGAAGACACTCTCA
CAC-A024b	F	CACAACATGCAACGTCTATGTA
	R	AGGTACGTATTGACAGGCTTTT
CAC-A036	F	GTGAGATTCTTTCAATACCAACC
	R	GTGAACATGTTGTTGTAGTGCT
CAC-A102	F	AAACTGTGACGAACGAAAACAC
	R	TTGCACTTCCATAACTGTCAAA
CAC-A105	F	TCCATTTCTCTGTTTTCTCAGC
	R	AGGACTTCCAGAAGGTCACC
CAC-A108	F	CCCAGTTGATGATTAACCTTCA
	R	AGGCATGTGCCACTTAGG
CAC-B001	F	CCAAATCAAAACAACCAAAACC
	R	CCGCAGCCATCACATCTA
CAC-B010	F	AGCTTCCAAATCACACATTACC
	R	GAAGAGCATCCGTATGATTGAG
CAC-B020	F	GGGAAAATACTCCAAATCGCT
	R	TCACCGAGCCGTCATAATC
CAC-B028	F	ATGGACGAGGAATATTTTCAGC
	R	CCTGTTTCTCTTTGTTTTTCGAG
CAC-B029b	F	CAATTTACACCTCAGGGAAGAG
	R	AAGTTCACCCAAGAAATCCAC
CAC-B101	F	GCAGACCAGAGTCTGTTATTCA
	R	AGACAATTTCTGTGACTGGGTAT
CAC-B109	F	AATCCAAGCCTTTTCACTACC
	R	ACCCATCAAGTTCACCAATC
CAC-B110	F	GGTTGATGAAGGCTGGAG
	R	TATGGGACTTAGACGAACAATC
CAC-B111	F	GAAGGAGAAACAAGGGTAGTCA
	R	AGAAGCGTCGTTCATAGC
CAC-B113	F	TTGAGGAAGTCCAGGAAAAT
	R	GCCAGAGAGAGCAAGAGTTAG
CAC-B114	F	TTCCCTCTCAAAGCCAC
	R	GAAGGTTGAAGAAGAGCAACAG
CAC-C003	F	CCGCTAAGCTGGTAGGTAGT
	R	CGGTGCATCAAGTTGTACTT
CAC-C005	F	GCTCTGAAACTATCGCTAGACG
	R	GTCTGCCATTTGTGGTCTGT
CAC-C010	F	GGAGCCACCATGAAATTATACA
	R	CACCTATTGCGATTGGTTCA
CAC-C028	F	CTACCCCATCGCTTGACAC
	R	GGAGACTTGTGTTGCCACAGA
CAC-C111	F	ATTAGGCAACTGTCTCGTCAAC
	R	R-GGAATTTACAGTTGGAGCTGAT
CAC-C118	F	AGCAACAGAGGTTAGGTGTG
	R	GCCCCATTAGCCTTCTTA

F: Forward, R: Reverse

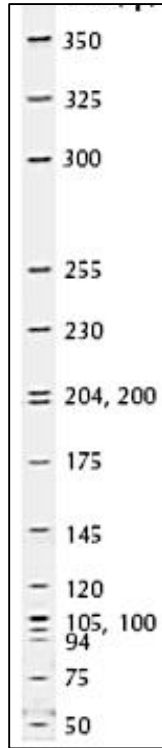
3.2.5.2. SSR Analizlerinde Elektroforez ve Sonuçların Değerlendirilmesi

Elde edilen PCR ürünleri Li-Cor görüntüleme sistemi kullanılarak poliakrilamid jelde elektroforez yapılmış ve bant görüntüleri elde edilmiştir. Bu amaçla % 6.5 poliakrilamid jel hazırlanmıştır. Poliakrilamid jel hazırlığında aşağıdaki kimyasal karışımları kullanılmıştır.

Üre	8.4 g
%50 Long Ranger Akrilamide	2.6 ml
10X TBE Buffer	2.0 ml
TEMED	15 µl
Amonyum Persulfat (APS-%10)	150 µl

Solusyonlar karıştırılıp elektroforez aparatına dökülmüştür, yaklaşık 2 saat polimerize olması beklenmiştir .

Jel polimerizasyonu tamamlandıktan sonra jel aparatı cihaza yerleştirilmiştir. 1000 V, 35 mA, 25 W 45⁰C’de yaklaşık 30 dk. ön ısıtma yapılarak ardından eşit miktarda formamide yükleme solüsyonu eklenmiştir ve 95⁰C de 2 dk denatüre edilen örneklerden 1 µl jele yüklenmiştir. 1500 V, 35 mA, 50 W 48⁰C’de elektroforez koşullarında 1.5 saat koşturulmuştur. Amplifiye edilmiş ürünler 50-350 bp uzunluğundaki DNA marker (MWG Biotech AG, Ebersberg, Germany) kullanılarak hesaplanmıştır (Şekil 2.4.)



Şekil 3.5. 50-350 bp uzunluğundaki DNA marker (MWG Biotech AG, Ebersberg, Germany)

3.2.2.6. Primerlerin Polimorfizm Oranlarının Saptanması

Primerlerin polimorfizm oranları, polimorfik bant sayılarının toplam bant sayısına bölünüp 100 ile çarpılması sonucu bulunmuştur;

$$\text{Polimorfizm oranı (\%)} = (\text{Polimorfik bant sayısı} / \text{Toplam bant sayısı}) \times 100$$

3.2.2.7. Primerlerin Polimorfizm Bilgi İçeriğinin (PBI) Saptanması

Kullanılan SSR primerlerinin polimorfizm bilgi içerikleri (PBI) **Smith ve ark. (1997)**'na göre $PBI = 1 - \sum P_i^2$ formülünden yararlanılarak saptanmıştır. Bu yöntemle göre polimorfik bantlarda toplam var (1) ve yok (0) olan bantların sayıları belirlenmiş ve bu bantların her biri için frekans değerleri hesaplanmıştır (P_i : i bandının frekansı).

3.2.2.8. Primerlerin Ayırma Güçlerinin Saptanması

Çalışmada kullanılan SSR primerlerinin ayırma güçleri **Prevost ve Wilkinson (1999)**'un geliştirdiği;

Ayırma gücü = $\sum I_b$ formülüne göre hesaplanmıştır.

(formülde, $I_b = 1 - (2 \times |0.5 - p|)$)

Formüldeki p, I bandının toplam genotipteki oranıdır.

3.2.2.9. Soyağacı Analizleri

PCR döngüleri sonucunda elde edilen amplifikasyon ürünleri agaroz jel elektroforezi ile ayrıştırılmıştır. Elektroforez sonrası jeller UV ışığı altında görüntülenmiş ve oluşan bantlar var (1) ya da yok (0) şeklinde değerlendirilmiştir. Elde edilen rakamsal bilgi NTSYSpc 2.0V (Numerical Taxonomy and Multivariation Analysis System, Version 2.0V) (Rohlf, 2004) bilgisayar programında analiz edilmiştir.

Genotipler arasındaki genetik benzerlik indeksi Jaccard katsayısına göre hesaplanmış ve soyağacı analizleri UPGMA yöntemine göre elde edilmiştir.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

Araştırmada elde edilen bulgular morfolojik, pomolojik ve moleküler bulgular olmak üzere üç ana başlık altında sunulmuştur.

4.1. Morfolojik Bulgular

4.1.1. Bitkisel Özellikler

Araştırma kapsamındaki fındık çeşit ve genotiplerinde belirlenen zuruf uzunluğu (ZU), çotanaktaki meyve sayısı (ÇMS), büyüme gücü (BG), dal sıklığı (DS), büyüme biçimi (BB) ve dip sürgünü oluşturma eğilimi (DSOE) gibi bitkisel özellikler incelenerek bulgular **Çizelge 4.2**'de sunulmuştur.

Çizelge 4.1. Zuruf Uzunluğu (ZU), Çotanaktaki Meyve Sayısı (ÇMS), Büyüme Gücü (BM), Büyüme Biçimi (BB), Dal Sıklığı (DS) ve Dip Sürgünü Oluşturma Eğilimi (DSOE) Bulguları

Tip	ZU	ÇMS	BG	BB	DS	DSOE
Tombul	39.06	4.16	Orta	Yarı Dik	Orta Sık	Çok
Palaz	38.58	3.26	Orta	Yayvan	Çok Sık	Çok
Çakıldak	39.02	3.86	Zayıf	Yayvan	Çok Sık	Çok
Foşa	39.25	5.42	Orta	Yarı Dik	Orta Sık	Çok
Mincane	42.10	5.01	Kuvvetli	Yarı Dik	Orta Sık	Orta
Uzunmusa	38.24	4.86	Orta	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
Cavcava	39.42	5.24	Kuvvetli	Yarı Dik	Çok Sık	Orta
Kargalak	38.26	3.42	Zayıf	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
Kan	38.65	4.84	Zayıf	Yayvan	Orta Sık	Çok
Kalınkara	48.36	5.14	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
İncekara	48.24	3.76	Zayıf	Yayvan	Orta Sık	Çok
Sivri	46.20	2.86	Orta	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
Kuş	38.54	3.92	Zayıf	Yarı Dik	Orta Sık	Çok
Acı	39.44	2.98	Zayıf	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
Yassı Badem	47.58	2.86	Kuvvetli	Yayvan	Çok Sık	Çok
Yuvarlak Badem	46.24	3.22	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
207	39.26	2.54	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
208	39.82	3.10	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
211	29.48	4.92	Zayıf	Yayvan	Çok Sık	Çok
212	52.31	2.47	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Çok
213	41.24	3.18	Kuvvetli	Yarı Dik	Çok Sık	Az
216	38.46	3.90	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Çok
221	38.42	4.19	Orta	Dik	Orta Sık	Çok
223	41.42	5.33	Zayıf	Yayvan	Seyrek	Çok
302	37.25	3.63	Orta	Yayvan	Seyrek	Çok
303	33.64	4.43	Kuvvetli	Yarı Dik	Orta Sık	Çok
304	38.20	3.54	Kuvvetli	Yayvan	Orta Sık	Çok
307	41.30	3.24	Orta	Yarı Dik	Orta Sık	Çok

Çizelge 4.1. devamı

Tip	ZU	ÇMS	BG	BB	DS	DSOE
308	29.64	3.88	Orta	Yayvan	Seyrek	Çok
314	40.26	2.26	Kuvvetli	Dik	Orta Sık	Çok
318	34.32	2.54	Kuvvetli	Yayvan	Çok Sık	Çok
320	36.40	3.84	Orta	Yayvan	Çok Sık	Çok
321	38.52	3.64	Kuvvetli	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
402	41.36	4.31	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
403	37.15	4.46	Kuvvetli	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
410	36.24	2.94	Kuvvetli	Yayvan	Orta Sık	Çok
412	44.82	3.78	Zayıf	Yayvan	Orta Sık	Çok
413	46.36	2.86	Zayıf	Yayvan	Seyrek	Çok
414	50.25	5.30	Kuvvetli	Yayvan	Orta Sık	Çok
417	44.12	3.88	Orta	Yayvan	Seyrek	Çok
419	38.74	5.42	Kuvvetli	Yayvan	Orta Sık	Çok
420	55.04	5.12	Kuvvetli	Yayvan	Orta Sık	Çok
421	38.50	3.87	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
423	33.52	4.44	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
501	39.52	3.56	Zayıf	Yayvan	Seyrek	Az
503	34.41	2.46	Kuvvetli	Dik	Çok Sık	Çok
504	38.74	3.42	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
506	36.30	3.74	Zayıf	Yarı Dik	Seyrek	Çok
507	32.52	3.44	Orta	Yayvan	Çok Sık	Çok
510	35.68	2.78	Kuvvetli	Yarı Dik	Orta Sık	Az
515	48.26	2.18	Orta	Dik	Seyrek	Pek Çok
517	42.68	4.87	Orta	Dik	Orta Sık	Çok
518	43.20	2.96	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
520	38.62	3.12	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Orta
521	42.68	2.86	Kuvvetli	Yarı Dik	Orta Sık	Orta
523	33.42	3.13	Orta	Yayvan	Orta Sık	Az
601	37.68	3.76	Orta	Yayvan	Orta Sık	Pek Çok
604	34.06	5.02	Orta	Yarı Dik	Orta Sık	Pek Çok
606	36.08	3.47	Kuvvetli	Yarı Dik	Çok Sık	Çok
609	46.22	4.75	Orta	Yayvan	Orta Sık	Çok
611	40.26	4.82	Zayıf	Yarı Dik	Orta Sık	Çok
H-1	43.46	2.88	Zayıf	Dik	Seyrek	Orta
H-2	34.48	2.81	Orta	Dik	Seyrek	Çok
H-3	34.12	3.41	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Orta
H-4	28.74	2.28	Kuvvetli	Yarı Dik	Seyrek	Çok
H-5	35.84	4.06	Zayıf	Yarı Dik	Seyrek	Orta
H-6	35.42	2.65	Orta	Dik	Seyrek	Orta
H-7	28.68	2.55	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Orta
H-8	26.34	4.20	Orta	Yarı Dik	Orta Sık	Çok
G-1	43.26	2.18	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Orta
G-2	34.24	2.40	Orta	Yarı Dik	Seyrek	Çok
A-1	46.06	2.20	Orta	Yayvan	Orta Sık	Az
A-2	43.21	2.34	Orta	Yayvan	Seyrek	Orta
A-3	42.32	2.48	Orta	Yayvan	Seyrek	Az
A-4	42.36	2.20	Orta	Yayvan	Seyrek	Orta
A-5	43.36	2.42	Orta	Yayvan	Seyrek	Orta
A-6	43.52	2.10	Orta	Yayvan	Seyrek	Orta
A-7	42.12	2.34	Orta	Yayvan	Seyrek	Orta
Ç-1	28.42	2.41	Kuvvetli	Dik	Seyrek	Az
Ç-2	29.12	2.84	Kuvvetli	Dik	Seyrek	Az

Fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yıllarında yapılan ölçümlerde ortalama zuruf uzunluğu 39.36 mm çıkmıştır. En düşük zuruf uzunluğu değeri 26.34 mm ile H-8 genotipinde gözlenirken, en yüksek değer 55.04 mm ile 420 nolu genotipde ölçülmüştür (Çizelge 4.1). **Yao ve Mehlenbacher (2000)**, 41 fındık genotipi ile yaptıkları çalışmada zuruf uzunluğunun 22.20 mm ile 50.90 mm arasında olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar ayrıca zuruf uzunluğu kalıtsallık oranının 0.82 olduğunu tespit etmişlerdir. **Demir (2004)**, Türk fındık çeşitlerinde yaptığı çalışmada zuruf uzunluğunun 32.59 mm ile 55.22 mm değiştiğini rapor etmiştir. **İslam (2000)**, Türk fındık çeşitlerini diğer ülke çeşitlerinden ayıran en belirgin özelliğin zuruf uzunluğu olduğu ve zurufun meyveyi sıkıca sardığını; bu nedenle olgun meyvelerin kendiliğinden yere dökülmediğini bildirmiştir. Bu çalışma kapsamında incelenen fındık çeşit ve genotiplerinin büyük kısmında zurufların uzun olduğu belirlenmiştir.

2005 ve 2006 yıllarında yapılan bu çalışmada fındık çeşit ve genotiplerinde yapılan ölçümlerde (Çizelge 4.1.) çotanaktaki ortalama meyve sayısı 3.54 çıkmıştır. En düşük meyve sayısı değerleri A-6 (2.10), 515 (2.18), G-1 (2.18), A1 (2.20) ve A2 (2.20 meyve/çotanak) genotiplerinde gözlenirken, Foşa çeşidi ve 419 genotipi ise 5.42 meyve/çotanak ile en yüksek değeri vermiştir. **Çalışkan ve Çetiner (1992)**, fındık çeşit ve genotipleri ile yapmış oldukları çalışmada inceledikleri populasyonda çotanaktaki meyve sayısının ortalama 1.42-6.40 arasında değiştiğini ve bu özellik bakımından genel eğilimin ‘Orta’ ve ‘Çok’ sınırları içinde yoğunlaştığını bildirmişlerdir. **Demir (2004)**, Türk fındık çeşitleri ile yapmış olduğu çalışmada çotanaktaki ortalama meyve sayısının 2.31-7.29 arasında değiştiğini bildirmiştir.

Araştırma kapsamında farklı bölgelerden seçilerek incelenen fındık çeşit ve genotipleri arasında bitkisel özellikler bakımından farklılıklar gözlenmiştir. Standart fındık çeşitlerinden Tombul ve Palaz orta düzeyde bitki gelişimi özelliği gösterirken; Çakıldak ve İncekara zayıf; Mincane ve Cavcava gibi çeşitlerin de kuvvetli bitki gelişimi özelliği gösterdiği saptanmıştır. Vangölü havzasında yetiştirilen fındık genotiplerinde yapılan gözlemler bu genotiplerin bitki gelişiminin genellikle orta düzeyde olduğunu göstermiştir (H, G ve A serisi). Bu genotipler içerisinde H-4 kuvvetli H-1 genotipinin ise zayıf bitki gelişimi gösterdiği tespit edilmiştir.

Çizelge 4.1.'de görüldüğü gibi incelenen fındık çeşit ve genotiplerinin %11'inin dik, %39'unun yarı dik ve %50'sinin de yayvan gelişim gösterdiği belirlenmiştir. Palaz ve Çakıldak çeşitlerinin yayvan gelişim gösterdiği belirlenirken diğer standart fındık çeşitlerinin ise yarı dik bitki büyüme biçimi gösterdiği saptanmıştır.

Fındık çeşit ve genotipleri dallanma sıklığı yönünden incelendiğinde standart çeşitlerin sıkı bir dallanma gösterdiği ve Van gölü havzası fındık genotiplerinin ise seyrek bir şekilde dallanma gösterdiği belirlenmiştir. Bunun yanında incelenen çeşit ve genotiplerin büyük çoğunluğunda dip sürgünü oluşturma eğiliminin yüksek olduğu görülmüştür (Çizelge 4.1.)

Önceki çalışmalarda Türk fındık çeşitlerinin gelişme gücü yönünden “orta-zayıf”, büyüme biçimi bakımından “yayvan -yarı dik”, kök ve dip sürgünü geliştirme eğilimi bakımından ise “kuvvetli” sınıfları içinde yer aldığı bildirilmiştir (**Çalışkan ve Çetiner, 1992**).

4.1.2. Yaprak Özellikleri

Araştırma kapsamındaki fındık çeşit ve genotiplerinde belirlenen yaprak uzunluğu (YU), yaprak genişliği (YG), yaprak büyüklüğü (YB), yaprak sapı uzunluğu (YSU) ve yaprak sapı tüylülüğü (YST) özellikleri ölçülmüş ve değerler Çizelge 4.2'de sunulmuştur.

Fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yılları ortalamasına göre yaprak uzunluğu 8.16 mm (Ç-1) ile 13.81 mm (H-5) arasında değişmiştir. Standart fındık çeşitlerinde en yüksek yaprak uzunluğu değeri ‘Palaz’ (12.52 mm) çeşidinde belirlenirken en düşük yaprak uzunluğu değeri ‘Foşa’ (9.02 mm) çeşidinde belirlenmiştir. Standart çeşitler dışında kalan tiplerde ise en yüksek yaprak uzunluğu değerleri ‘H-5’ (13.81 mm), ‘420’ (13.64 mm) ve ‘H-1’ (13.59 mm) genotiplerinde; en düşük yaprak uzunluğu değerleri ise ‘Ç-1’ (8.16 mm), ‘221’ (8.46 mm) ve ‘208’ (8.55 mm) genotiplerinde bulunmuştur (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.2. Fındık Çeşit ve Genotiplerinde Yaprak Uzunluğu (YU), Yaprak Genişliği (YG), Yaprak Büyüklüğü (YB), Yaprak Sapı Uzunluğu (YSU) ve Yaprak Sapı Tüylülüğü (YST) Özellikleri

Tip	YU (cm)	YG(cm)	YB(cm)	YSU(cm)	YST
Tombul	11.68	10.02	10.86	1.68	Sık
Palaz	12.52	13.46	13.26	1.76	Seyrek
Çakıldak	11.21	11.31	11.26	1.38	Sık
Foşa	9.02	8.26	9.4	1.42	Seyrek
Mincane	11.2	9.06	10.48	1.53	Seyrek
Uzunmusa	12.06	10.26	11.54	1.56	Seyrek
Cavcava	12.06	10.84	11.24	1.45	Sık
Kargalak	11.52	10.48	11.21	1.64	Sık
Kan	11.46	10.84	10.48	1.52	Sık
Kalınkara	10.25	9.21	10.26	2.36	Seyrek
İncekara	11.04	9.52	11.02	1.68	Orta
Sivri	9.64	8.86	9.76	1.42	Sık
Kuş	10.84	11.24	11.36	1.86	Sık
Acı	10.52	9.14	10.26	1.72	Sık
Yassı Badem	11.2	11.42	10.84	1.54	Orta
Yuvarlak Badem	10.58	9.86	10.22	1.88	Orta
207	9.56	9.68	9.62	2.48	Seyrek
208	9.43	10.51	9.97	1.86	Seyrek
211	8.55	6.08	7.32	1.08	Seyrek
212	11.06	9.45	10.26	1.86	Seyrek
213	10.42	9.68	10.05	1.92	Orta
216	11.23	9.26	10.25	1.52	Orta
221	8.46	7.96	8.21	1.38	Orta
223	10.46	10.48	10.47	1.42	Orta
302	11.44	10.68	11.06	1.86	Orta
303	11.22	8.10	9.66	1.41	Orta
304	11.36	10.42	10.89	1.68	Sık
307	11.32	11.28	11.30	1.76	Orta
308	11.26	10.45	10.86	1.75	Orta
314	12.41	10.61	11.51	1.36	Orta
318	12.14	10.32	11.23	1.82	Sık
320	11.58	11.83	11.71	1.62	Orta
321	12.36	9.76	11.06	1.98	Orta
402	12.21	11.20	11.71	1.86	Sık
403	11.86	9.65	10.76	1.58	Sık
410	11.46	9.72	10.59	1.56	Seyrek
412	12.85	11.61	12.23	1.14	Orta
413	9.89	7.41	8.65	1.25	Orta
414	11.52	10.68	11.10	1.42	Orta
417	12.21	10.54	11.38	1.82	Sık
419	9.86	9.64	9.75	2.02	Orta
420	13.64	10.06	11.85	1.34	Orta
421	9.46	8.63	9.05	1.58	Orta
423	9.23	8.82	9.03	1.46	Sık
501	10.68	9.58	10.13	1.76	Orta
503	9.56	7.38	8.47	0.96	Seyrek
504	10.03	8.26	9.15	1.46	Orta
506	8.56	7.89	8.23	1.63	Seyrek
507	9.16	7.86	8.51	2.08	Seyrek
510	10.61	7.86	9.24	1.16	Orta
515	9.53	9.12	9.33	1.24	Orta

Çizelge 4.2. devamı

Tip	YU (cm)	YG(cm)	YB(cm)	YSU(cm)	YST
517	11.48	10.32	10.90	1.86	Orta
518	10.23	9.24	9.74	1.86	Sık
520	9.56	9.84	9.12	1.24	Orta
521	9.86	9.56	9.71	1.74	Orta
523	9.68	7.84	8.76	1.48	Seyrek
601	9.86	8.24	9.05	1.38	Orta
604	11.56	8.52	10.04	1.28	Orta
606	10.53	8.74	9.64	1.68	Seyrek
609	11.26	9.68	10.47	1.92	Orta
611	11.36	8.42	9.89	1.86	Orta
H-1	13.59	11.76	12.68	1.72	Orta
H-2	12.33	10.57	11.45	1.68	Seyrek
H-3	12.50	9.65	11.08	2.21	Sık
H-4	11.79	10.01	10.90	1.97	Seyrek
H-5	13.81	10.37	12.09	2.12	Orta
H-6	13.40	10.02	11.71	1.88	Sık
H-7	13.15	11.73	12.44	2.17	Orta
H-8	9.07	8.15	8.61	1.12	Orta
G-1	11.20	8.67	9.94	1.64	Orta
G-2	11.36	7.78	9.57	1.23	Sık
A-1	12.19	10.29	11.24	1.82	Seyrek
A-2	11.36	12.32	11.84	1.68	Orta
A-3	12.22	11.06	11.64	2.22	Orta
A-4	13.22	9.83	11.53	1.55	Seyrek
A-5	11.27	9.33	10.30	1.13	Seyrek
A-6	11.07	9.20	10.14	1.79	Seyrek
A-7	11.46	9.08	10.04	1.22	Seyrek
Ç-1	8.16	8.46	8.32	1.34	Orta
Ç-2	9.12	8.76	9.52	1.46	Orta

YU: yaprak uzunluğu (cm). YG: yaprak genişliği (cm). YB: yaprak büyüklüğü (cm). YSU: yaprak sapı uzunluğu. YST: yaprak sapı tüylülüğü

2005 ve 2006 yılları ortalamasına göre yaprak genişliği 6.08 mm (211) ile 13.46 mm (Palaz) arasında çıkmıştır (Çizelge 4.2). Standart fındık çeşitlerinde en yüksek yaprak genişliği değeri ‘Palaz’ (13.46 mm) çeşidinde belirlenirken en düşük yaprak genişliği değeri ‘Foşa’ (8.26 mm) çeşidinde belirlenmiştir. Standart çeşitler dışında kalan tiplerde ise en yüksek yaprak genişliği değerleri ‘A-2’ (12.32 mm), ‘320’ (11.83 mm) ve ‘H-1’ (11.76 mm) genotiplerinde; en düşük yaprak genişliği değerleri ise ‘211’ (6.08), ‘503’ (7.38 mm) ve ‘413’ (7.41 mm) genotiplerinde bulunmuştur (Çizelge 4.2).

Çeşit ve genotipler arasındaki yaprak büyüklüğü değerleri 7.32 mm (211) ile 13.26 mm (Palaz) arasında değişmiştir (Çizelge 4.2). Önceki araştırmalara göre yaprak büyüklüğü değeri 9.00 mm’den düşük olan yapraklar ‘küçük’; 9.01 – 10.50

mm arasında olanlar ‘orta’; 10.51 mm’den yüksek olanlar ‘büyük’ olarak sınıflandırılmıştır (**Çalışkan ve Çetiner, 1992**). Yaprak büyüklüğü, bu çalışmada incelenen standart fındık çeşitlerinden 7 tanesinde orta, 9 tanesinde ise büyük; standart çeşitler dışında kalan tiplerin 8 tanesinde küçük, 28 tanesinde orta, 28 tanesinde büyük olarak saptanmıştır.

Araştırma kapsamında incelenen çeşit ve genotiplerde yaprak sapı uzunluğu 0.96 mm (503) ile 2.48 mm (207) arasında değişmiştir (Çizelge 4.2.). Önceki araştırmalara göre yaprak sapı uzunluğu kısa, orta ve büyük olarak sınıflandırılmıştır. Standart çeşitlerden Çakıldak kısa; Tombul orta; Foşa büyük grubunda yer almıştır (**Çalışkan ve Çetiner, 1992**). Yaprak sapı uzunluğu bu çalışmada incelenen çeşit ve genotiplerden 11 tanesinde kısa, 18 tanesinde orta, 51 tanesinde büyük olarak belirlenmiştir.

Yaprak sapı tüylülüğü, incelenen çeşit ve tiplerin 22 tanesinde seyrek, 40 tanesinde orta, 18 tanesinde ise sık olarak belirlenmiştir. Daha önce yapılan çalışmalarda Palaz çeşidi seyrek, Tombul çeşidi orta ve Çakıldak çeşidi ise sık grubuna referans olarak gösterilmiştir (**Çalışkan ve Çetiner, 1992**). Bu çalışma kapsamında standart çeşitler dışında incelenen genotiplerin % 50’si yaprak sapı tüylülüğü bakımından orta grubunda yer almıştır.

4.1.3. Meyve Özellikleri

Araştırma kapsamındaki genotiplerde 2005 ve 2006 yılı derim döneminde alınan meyvelerin pomolojik analizleri sonucu elde edilen meyve uzunluğu (MU), meyve genişliği (MG), meyve kalınlığı (MK), meyve şekil indeksi (MŞİ), meyve yassılık indeksi (MYİ) ve meyve ağırlığı (MA) bulguları Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Araştırma kapsamında 2005 ve 2006 yılları ortalamasına göre meyve uzunluğu 14.78 mm (504) ile 25.24 mm (H-5) arasında değişmiştir (Çizelge 4.3). Daha önceki çalışmalarda standart fındık çeşitlerimizden Yassı Badem (23.92-25.60 mm) ve Yuvarlak Badem (24.10-24.46 mm) çeşitlerinin diğer çeşit ve genotiplerden daha yüksek bir meyve uzunluğuna sahip oldukları ve Palaz (16.01-16.90 mm) çeşidinin ise daha düşük meyve uzunluğuna sahip olduğu bildirilmiştir (**Ayfer ve ark., 1986; İslam, 2000; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Bu çalışmada elde edilen

bulgulara göre H-5 tipi Yassı Badem çeşidinden daha yüksek bir meyve uzunluğu değerine sahip olmuştur. Ayrıca G-1 (23.20) ve H-3 (22.18 mm) tipleri de meyve uzunluğu bakımından yüksek değerlere sahip olmuşlardır.

Çizelge 4.3. Meyve boyutları (uzunluk, genişlik, kalınlık), meyve şekil indeksi, meyve yassılık indeksi ve meyve ağırlığı bulguları

Tip	MU(mm)	MG(mm)	MK(mm)	MŞİ	MYİ	MA (g)
Tombul	18.38	16.68	15.86	1.13	1.05	1.82
Palaz	16.22	18.72	16.48	0.92	1.14	1.89
Çakıldak	20.27	18.21	16.71	1.16	1.09	1.83
Foşa	18.72	17.82	16.27	1.10	1.10	1.92
Mincane	19.24	18.22	16.63	1.10	1.10	2.33
Uzunmusa	17.86	16.61	16.42	1.08	1.01	1.43
Cavcava	17.44	16.21	15.58	1.10	1.04	1.72
Kargalak	19.23	22.36	20.47	0.90	1.09	3.82
Kan	18.23	17.20	16.32	1.09	1.05	1.81
Kalınkara	19.72	17.23	15.36	1.21	1.12	1.73
İncekara	20.81	18.06	16.23	1.21	1.11	1.86
Sivri	20.13	15.20	14.29	1.37	1.06	1.65
Kuş	20.84	15.21	13.68	1.44	1.11	1.72
Acı	19.77	16.16	14.05	1.31	1.15	1.78
Yassı Badem	23.86	17.32	14.02	1.52	1.24	2.24
Yuvarlak Badem	22.96	15.82	14.21	1.53	1.11	1.52
207	18.04	16.21	14.23	1.19	1.14	1.84
208	17.12	16.84	14.36	1.22	1.24	1.74
211	17.03	15.43	13.08	1.19	1.18	1.36
212	17.50	17.11	14.04	1.12	1.22	2.63
213	17.35	16.25	15.50	1.09	1.05	1.77
216	18.24	15.48	16.10	1.16	0.96	1.84
221	16.52	16.26	15.11	1.05	1.08	1.38
223	17.08	17.34	16.48	1.01	1.05	2.56
302	15.81	17.47	14.53	0.98	1.2	1.77
303	16.47	17.30	15.21	1.01	1.14	1.94
304	18.09	16.03	14.10	1.20	1.14	1.62
307	17.84	17.67	15.74	1.07	1.12	1.94
308	18.67	16.24	13.67	1.25	1.19	1.90
314	16.52	16.45	14.10	1.08	1.17	2.04
318	18.55	20.11	17.32	0.99	1.16	2.84
320	17.84	17.67	15.74	1.06	1.12	2.17
321	18.08	18.61	15.01	1.08	1.24	1.93
402	17.40	14.94	14.81	1.17	1.01	2.24
403	16.24	15.06	13.11	1.15	1.15	1.64
410	18.70	17.37	16.14	1.12	1.08	1.88
412	19.21	14.28	13.84	1.37	1.03	1.74
413	18.48	15.34	14.74	1.23	1.04	2.34
414	20.21	17.32	15.28	1.24	1.13	2.11
417	15.11	17.40	13.94	0.96	1.25	2.36
419	16.24	17.18	14.28	1.03	1.20	2.41
420	21.14	18.23	15.22	1.26	1.20	2.36
421	17.53	17.47	15.16	1.07	1.15	1.94
423	15.54	16.28	14.24	1.02	1.14	1.88
501	16.27	17.70	15.93	0.97	1.11	1.47

Çizelge 4.3. devamı

Tip	MU(mm)	MG(mm)	MK(mm)	MŞİ	MYİ	MA (g)
503	17.28	18.02	14.22	1.07	1.27	1.82
504	14.78	17.12	14.86	0.92	1.15	1.83
506	18.20	16.27	16.20	1.12	1.00	1.93
507	20.78	18.92	14.94	1.23	1.27	2.34
510	16.32	18.21	13.42	1.03	1.36	2.48
515	19.47	19.76	18.02	1.03	1.10	2.83
517	21.02	19.17	16.28	1.19	1.18	1.68
518	18.42	18.10	15.26	1.10	1.19	1.73
520	18.08	18.61	15.01	1.07	1.23	1.88
521	16.73	16.24	12.67	1.16	1.28	1.64
523	20.18	17.81	14.38	1.25	1.24	2.24
601	19.38	16.78	16.21	1.17	1.04	2.64
604	17.41	16.92	14.32	1.11	1.18	1.82
606	15.62	16.84	13.98	1.01	1.20	1.77
609	17.82	17.32	15.64	1.08	1.11	1.81
611	19.32	16.77	15.22	1.21	1.10	1.94
H-1	20.84	16.20	15.14	1.33	1.07	2.20
H-2	18.94	17.80	15.50	1.14	1.15	2.26
H-3	22.18	19.54	18.22	1.17	1.07	2.84
H-4	17.46	17.28	15.30	1.07	1.13	2.20
H-5	25.24	18.10	14.51	1.55	1.25	2.83
H-6	22.30	18.40	17.24	1.25	1.07	3.21
H-7	17.26	18.63	14.48	1.04	1.29	2.58
H-8	20.58	16.74	13.31	1.37	1.26	1.76
G-1	23.20	21.08	16.52	1.23	1.28	3.04
G-2	19.26	17.62	16.24	1.14	1.08	1.86
A-1	23.30	17.82	13.28	1.50	1.34	2.84
A-2	18.20	16.27	16.20	1.12	1.00	1.94
A-3	17.32	16.54	14.84	1.16	1.15	1.92
A-4	19.86	16.88	15.76	1.22	1.07	2.48
A-5	15.81	17.47	14.53	0.98	1.20	1.77
A-6	22.30	17.24	14.20	1.42	1.21	2.52
A-7	20.21	17.3	14.30	1.27	1.20	2.33
Ç-1	16.37	17.9	12.05	1.47	1.32	1.79
Ç-2	15.62	15.71	12.76	1.39	1.56	1.42

MU:meyve uzunluğu (mm). MG:meyve genişliği (mm). MK:meyve kalınlığı (mm). MŞİ:meyve şekil indeksi $[MU/(MG+MK)/2]$. MYİ:meyve yassılık indeksi (MG/MK) . MA:meyve ağırlığı (g)

2005 ve 2006 yılları ortalamasına göre meyve genişliği 14.28 mm (412) ile 22.36 mm (Kargalak) arasında değişmiştir (Çizelge 4.3.). Önceki çalışmalarda meyve genişliği bakımından en yüksek değere Kargalak çeşidinin sahip olduğu bildirilmiştir (Ayfer ve ark., 1986; İslam, 2000; Köksal, 2002; Demir, 2004). Bu çalışmada elde edilen bulgulara göre de Kargalak çeşidi en yüksek meyve genişliği değerine sahip olmuştur. Ayrıca standart çeşitlerimiz dışında kalan tipler arasında G-1 (21.08 mm) tipi de meyve genişliği bakımından yüksek bir değere sahip olmuştur.

İki yıllık ortalamalara göre meyve kalınlığı 12.05 mm (Ç-1) ile 20.47 mm (Kargalak) arasında değişmiştir (Çizelge 4.3). Önceki çalışmalarda meyve kalınlığı bakımından en yüksek değere Kargalak (21.10-23.40 mm) çeşidinin sahip olduğu bildirilmiştir (**İslam, 2000; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Bu çalışma kapsamında incelenen standart fındık çeşitlerinden Kargalak meyve kalınlığı bakımından diğer çeşit ve genotiplere göre belirgin bir şekilde farklılık göstererek en yüksek meyve kalınlığı değerine sahip olmuştur. Kuş, Yassı Badem ve Yuvarlak Badem çeşitlerinin meyve kalınlıklarının diğer çeşitlere göre düşük olduğu tespit edilmiştir. Standart çeşitler dışındaki H-3 ve 514 genotiplerinde de meyve kalınlığının yüksek olduğu belirlenmiştir. Ç-1 ve Ç-2 genotiplerinde ise meyve kalınlıklarının oldukça düşük olduğu tespit edilmiştir.

Fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yıllarında yapılan ölçümlerde meyve şekil indeksinin, 0.90 (Kargalak) ile 1.55 (H-5) arasında olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Önceki çalışmalara göre meyve şekil indeksinin Yassı Badem çeşidinde 1.63-1.70, Yuvarlak Badem çeşidinde 1.60-1.79 arasında olduğu ve bu çeşitlerin diğer çeşitlerden daha uzun meyvelere sahip olduğu bildirilmiştir (**Köksal, 2002; İslam, 2000; Demir, 2004**). Bu çalışmada elde edilen sonuçlara göre Yuvarlak Badem (1.53) ve Yassı Badem (1.52) çeşitleri ile birlikte H-5 (1.55) ve A-1 (1.50) genotiplerinin yüksek meyve şekil indeksine sahip olduğu, buna karşın Kargalak (0.90) ve Palaz (0.92) çeşitleri ile 302 (0.98) ve A-3 (0.92) genotiplerinin meyve şekil indeksinin diğer çeşitlere göre oldukça düşük olduğu belirlenmiştir.

2005 ve 2006 yılları ortalamasına göre meyve yassılık indeksinin 0.96 (216) ile 1.56 (Ç-2) arasında değiştiği tespit edilmiştir. Önceki çalışmalara göre Türk fındık çeşitlerinde meyve yassılık indeksi 1.09 (Cavcava) ile 1.37 (Yassı Badem) arasında değiştiği bildirilmiştir (**Köksal, 2002**). **Demir (2004)**, incelediği tiplerde meyve yassılık indeksinin 1.01 ile 1.28 arasında değiştiğini ve en yassı meyvelerin Yassı Badem çeşidinde olduğunu bildirmiştir. Bu araştırmada incelenen Ç-2 (1.56) ve Ç-1 (1.32) genotiplerinin meyve yassılık indeksi incelenen diğer çeşit ve genotiplerden daha yüksek bulunmuştur.

Fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yıllarında yapılan ölçümlerde ortalama meyve ağırlığı 2.06 g çıkmıştır. En düşük meyve ağırlığı değeri 1.36 g ile

211 nolu genotipde gözlenirken en yüksek değer 3.82 g ile Kargalak çeşidinde ölçülmüştür (Çizelge 4.3). Önceki çalışmalarda meyve ağırlığının önemli fındık çeşitlerimizden Tombul'da 1.37-1.99 g, Palaz'da 1.54-2.02 g, Yassı Badem'de 1.61-2.50 g, Yuvarlak Badem'de 1.42-2.17 g, Kargalak'ta ise 2.70-3.80 g arasında değiştiği bildirilmiştir (**İslam, 2000; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Bu çalışma kapsamında incelenen standart fındık çeşitlerinden 11 tanesinde meyve ağırlığı bu çalışmada belirlenen ortalama meyve ağırlığı değerinden düşük bulunurken, 5 tanesinde ise yüksek bulunmuştur. Standart çeşitler dışındaki genotiplerin ise 28 tanesinde meyve ağırlığı ortalamanın üstünde bir değere sahip olmuştur. Bu genotiplerden 515, H-5, 318, H-3, A-1, G-1 ve H-6'da meyve ağırlığının 2.80 g ve üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Araştırma kapsamındaki genotiplerde 2005 ve 2006 yılı derim döneminde alınan meyvelerin pomolojik analizleri sonucu elde edilen iç uzunluğu (İU), iç genişliği (İG), iç kalınlığı (İK), iç şekil indeksi (İŞİ), iç yassılık indeksi (İYİ) ve iç ağırlığı (İA) bulguları Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Araştırma kapsamında incelenen fındık çeşit ve genotiplerinin iç uzunluğu 9.42 mm (606) ile 21.36 mm (H-5) arasında değişmiştir (Çizelge 4.4). Daha önceki çalışmalarda standart fındık çeşitlerimizden Yassı Badem (19.34-20.48 mm) ve Yuvarlak Badem (18.99-20.00 mm) çeşitlerinin diğer çeşit ve genotiplerden daha yüksek bir iç uzunluğuna sahip oldukları ve Palaz (11.41-15.20 mm) çeşidinin ise daha düşük meyve uzunluğuna sahip olduğu bildirilmiştir (**Ayfer ve ark., 1986; İslam, 2000; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Bu çalışmada elde edilen bulgulara göre H-5 tipi, Yassı Badem çeşidinden daha yüksek bir iç uzunluğu değerine sahip olmuştur. Ayrıca G-1 (18.02) ve H-1 (17.04 mm) tipleri de iç uzunluğu bakımından yüksek değerlere sahip olmuşlardır. Genel olarak meyve uzunluğu yüksek olan genotiplerin iç uzunluklarının da yüksek olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.4. İç uzunluğu, iç genişliği, iç kalınlığı, iç iriliği, iç şekil indeksi, iç yassılık indeksi ve iç ağırlığı bulguları

Tip	İU mm)	İG (mm)	İK (mm)	İŞİ	İYİ	İA (g)
Tombul	14.21	12.31	12.82	1.13	0.96	1.04
Palaz	12.86	14.25	13.81	0.92	1.03	1.12
Çakıldak	14.96	12.54	11.82	1.23	1.06	1.20
Foşa	14.86	12.62	12.36	1.19	1.02	1.08
Mincane	13.45	13.02	11.68	1.09	1.11	1.11
Uzunmusa	14.36	10.26	11.22	1.34	0.91	0.92
Cavcava	13.21	12.46	10.96	1.13	1.14	1.23
Kargalak	13.87	19.12	17.21	0.76	1.11	1.86
Kan	14.78	13.12	12.04	1.17	1.09	1.06
Kalınkara	15.02	12.84	11.32	1.24	1.13	0.84
İncekara	14.95	12.32	12.86	1.19	0.96	1.01
Sivri	15.58	11.36	11.02	1.39	1.03	0.94
Kuş	16.53	12.75	11.82	1.35	1.08	0.92
Acı	14.86	12.03	11.32	1.27	1.06	0.83
Yassı Badem	20.41	12.36	10.45	1.79	1.18	1.10
Yuvarlak Badem	18.32	8.21	8.35	2.21	0.98	0.72
207	12.26	12.78	11.42	1.01	1.12	0.84
208	12.86	11.84	10.68	1.02	1.13	0.86
211	13.43	10.37	10.24	1.30	1.01	0.63
212	14.26	13.07	9.98	1.24	1.31	0.86
213	12.53	12.67	12.53	0.99	1.01	0.98
216	12.21	11.34	10.82	1.10	1.05	0.90
221	13.48	12.56	12.24	1.09	1.03	0.83
223	14.82	12.30	12.28	1.21	1.00	0.80
302	12.23	13.41	12.52	0.94	1.17	0.92
303	12.86	14.74	11.36	0.99	1.30	0.94
304	14.33	12.06	10.91	1.25	1.11	0.79
307	13.63	11.99	10.16	1.23	1.18	0.71
308	13.44	10.26	10.82	1.28	0.95	1.01
314	12.86	13.02	12.68	1.00	1.03	0.83
318	15.06	13.28	13.04	1.14	1.02	1.21
320	13.63	11.99	10.16	1.23	1.18	0.71
321	13.19	14.13	11.82	1.02	1.20	1.05
402	13.64	11.32	12.82	1.13	0.88	0.96
403	12.46	11.84	9.22	1.18	1.28	0.64
410	14.62	13.36	12.60	1.13	1.06	1.12
412	15.22	10.37	10.11	1.49	1.03	0.81
413	13.64	11.26	10.94	1.23	1.03	1.02
414	15.20	13.90	11.28	1.21	1.23	1.32
417	12.74	15.21	12.86	0.91	1.18	1.02
419	13.70	11.58	10.93	1.22	1.06	0.76
420	14.82	10.67	12.04	1.31	0.89	1.04
421	12.66	13.58	10.93	1.03	1.24	0.9
423	13.78	14.36	11.83	1.05	1.21	0.87
501	12.44	11.28	10.76	1.13	1.05	0.98
503	11.50	9.87	10.24	1.14	0.96	0.78
504	10.56	13.29	11.72	0.84	1.13	0.79
506	13.08	13.11	13.55	0.98	0.97	1.07
507	16.14	12.21	10.78	1.40	1.13	0.97
510	12.64	14.76	12.84	0.92	1.15	0.90
515	15.06	14.28	10.90	1.20	1.31	1.12

Çizelge 4.4. devamı

Tip	İU (mm)	İG (mm)	İK (mm)	İŞİ	İYİ	İA (g)
517	15.64	10.28	11.52	1.43	0.89	1.08
518	14.24	11.52	9.93	1.33	1.16	0.82
520	13.87	10.23	10.08	1.36	1.01	0.67
521	12.92	9.63	9.21	1.37	1.05	0.72
523	14.28	11.37	11.27	1.26	1.01	0.92
601	15.04	12.42	10.38	1.32	1.20	0.90
604	13.24	12.28	11.67	1.11	1.05	1.04
606	9.42	12.57	10.28	0.82	1.22	0.58
609	13.28	14.12	12.83	0.99	1.10	1.10
611	12.69	14.26	13.38	0.92	1.07	1.20
H-1	17.04	12.20	10.24	1.52	1.19	1.08
H-2	14.48	13.28	12.62	1.12	1.05	1.16
H-3	15.28	13.10	12.14	1.21	1.08	0.98
H-4	15.10	11.36	10.12	1.41	1.12	0.92
H-5	21.36	12.04	10.24	1.92	1.18	1.36
H-6	16.27	12.82	11.48	1.34	1.12	1.14
H-7	14.28	11.54	10.76	1.28	1.07	0.83
H-8	16.57	10.11	9.02	1.73	1.12	0.58
G-1	18.02	10.21	10.84	1.71	0.94	1.16
G-2	14.72	13.86	14.27	1.05	0.97	0.98
A-1	16.93	12.38	9.36	1.56	1.32	0.96
A-2	14.04	14.12	11.53	1.09	1.22	1.05
A-3	10.56	13.29	11.72	0.84	1.13	0.89
A-4	14.94	10.82	9.28	1.49	1.17	0.84
A-5	12.23	13.41	12.52	0.94	1.07	0.92
A-6	16.28	12.14	10.04	1.47	1.21	1.07
A-7	17.01	11.41	8.41	1.91	1.35	0.92
Ç-1	12.68	12.02	8.13	1.65	1.32	0.71
Ç-2	12.54	11.05	7.9	1.54	1.38	0.54

İU: iç uzunluğu (mm). İG: iç genişliği (mm). İK: iç kalınlığı (mm). İŞİ: iç şekil indeksi $[İU/(İG+İK)/2]$. İYİ: iç yassılık indeksi $(İG/İK)$. İA: iç ağırlığı (g)

İncelenen genotipler arasındaki iç genişliği 8.21 mm (Yuvarlak Badem) ile 19.12 mm (Kargalak) arasında değişmiştir (Çizelge 4.4). Önceki çalışmalarda iç genişliği bakımından en yüksek değere Kargalak çeşidinin sahip olduğu bildirilmiştir (İslam, 2000; Demir, 2004). Bu çalışmada elde edilen bulgulara göre de Kargalak çeşidi en yüksek meyve genişliği değerine sahip olmuştur ayrıca standart çeşitlerimiz dışında kalan tipler arasında 417 (15.21 mm) ve A-2 (14.21) tipi de iç genişliği bakımından yüksek bir değere sahip olmuştur.

İki yıllık ortalamalara göre iç kalınlığı 7.19 mm (Ç-1) ile 17.21 mm (Kargalak) arasında değişmiştir (Çizelge 4.4). Yassı Badem ve Yuvarlak Badem çeşitlerinin iç kalınlıklarının diğer çeşitlere göre düşük olduğu tespit edilmiştir.

Standart çeşitler dışındaki G-2 ve 516 nolu genotiplerde de iç kalınlığının yüksek olduğu belirlenmiştir. Ç-1 ve Ç-2 genotiplerinde ise iç kalınlıklarının oldukça düşük olduğu tespit edilmiştir.

Fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yıllarında yapılan ölçümlerde iç şekil indeksinin, 0.76 (Kargalak) ile 2.21 (Yuvarlak Badem) arasında olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.4). Önceki çalışmalarda iç şekil indeksinin Yassı Badem çeşidinde 1.80-2.08, Yuvarlak Badem çeşidinde 1.89-2.06 arasında olduğu ve bu çeşitlerin diğer çeşitlerden daha uzun meyvelere sahip olduğu bildirilmiştir (**Köksal, 2002; İslam, 2000; Demir, 2004**). Bu çalışmada elde edilen sonuçlara göre A-7 (1.91) ve G-1 (1.71) genotiplerinin yüksek iç şekil indeksine sahip olduğu, buna karşın Kargalak (0.76) ve Palaz (0.92) çeşitleri ile A-3 (0.84) ve 504 (0.84) genotiplerinin meyve şekil indeksinin düşük olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada kullanılan çeşit ve genotiplerin iç yassılık indeksinin 0.88 (402) ile 1.38 (Ç-2) arasında değiştiği tespit edilmiştir. Önceki çalışmalara göre Türk fındık çeşitlerinde iç yassılık indeksi 0.97 (Cavcava) ile 1.36 (Yassı Badem) arasında değiştiği bildirilmiştir (**Köksal, 2002**). Bu araştırmada incelenen Ç-2 (1.38) ve Ç-1 (1.31) genotiplerinin iç yassılık indeksi incelenen diğer çeşit ve genotiplerden daha yüksek bulunmuştur. Genel olarak incelenen çeşit ve genotiplerin iç yassılık indeksi değerleri daha önce yapılan çalışmalarda elde edilen sonuçlar ile uyumlu bulunmuştur.

2005 ve 2006 yıllarında yapılan ölçümlerde ortalama iç ağırlığı 0,95 g çıkmıştır. En düşük iç ağırlığı değeri 0.54 g ile Ç-2 nolu genotipde, en yüksek iç ağırlığı değeri ise 1.86 g ile Kargalak çeşidinde ölçülmüştür (Çizelge 4.4). Önceki çalışmalarda iç ağırlığının önemli fındık çeşitlerimizden Tombul'da 0.90-1.04 g, Palaz'da 0.90-1.10 g, Yassı Badem'de 0.94-1.10 g, Yuvarlak Badem'de 0.80-1.00 g, Kargalak'ta ise 1.09-1.70 g arasında değiştiği bildirilmiştir (**İslam, 2000; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Bu çalışma kapsamında incelenen fındık genotiplerinden 34 tanesinde iç ağırlığı bu çalışmada belirlenen ortalama iç ağırlığı değerinden yüksek bulunmuştur.

Araştırma kapsamındaki fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yılı derim döneminde alınan meyvelerin pomolojik analizleri sonucu elde edilen kabuk

kalınlığı (KK), iç oranı (İO), sağlam iç oranı (SiO), buruşuk iç oranı (BiO), boş meyve oranı (BMO), çift iç oranı (ÇİO) ve çürük iç oranı (ÇÜİO) bulguları Çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5. Kabuk kalınlığı, iç oranı, sağlam iç oranı, buruşuk iç oranı, boş meyve oranı, çift iç oranı, çürük iç oranı bulguları

Tip	KK(mm)	iO%	SiO%	BiO%	BMO%	ÇİO%	ÇÜİO%
Tombul	0.91	57.14	95.67	2.67	1.67	0.84	0.00
Palaz	0.96	59.26	93.00	2.00	0.00	0.00	0.00
Çakıldak	0.88	62.57	89.00	2.00	7.00	0.00	2.00
Foşa	0.93	56.25	86.00	11.00	2.00	8.00	1.00
Mincane	1.08	47.64	92.00	4.00	3.00	8.00	1.00
Uzunmusa	0.94	64.34	84.00	8.00	6.00	4.00	2.00
Cavcava	0.83	63.51	88.00	3.00	7.00	6.00	2.00
Kargalak	1.26	48.69	94.00	2.00	4.00	0.00	0.00
Kan	0.92	58.56	95.00	5.00	0.00	4.00	0.00
Kalınkara	0.96	48.55	88.00	6.00	3.00	9.00	1.00
İncekara	1.12	54.30	93.00	3.00	4.00	0.00	0.00
Sivri	0.93	56.97	94.00	2.00	3.00	4.00	1.00
Kuş	1.23	53.49	94.00	6.00	0.00	2.00	0.00
Acı	1.08	46.63	92.00	4.00	4.00	8.00	0.00
Yassı Badem	1.42	49.11	85.00	5.00	4.00	2.00	6.00
Yuvarlak Badem	0.86	47.37	90.00	4.00	6.00	0.00	0.00
207	0.82	45.65	90.00	8.00	3.00	4.00	1.00
208	0.92	46.24	92.00	6.00	1.00	0.00	0.00
211	0.86	46.32	93.00	3.00	1.00	0.00	0.00
212	1.72	32.70	91.00	8.00	0.00	0.00	0.00
213	1.45	55.37	86.00	8.00	6.00	0.00	6.00
216	1.60	48.91	93.00	3.00	8.00	0.00	0.00
221	1.27	60.14	94.00	2.00	12.00	2.00	1.00
223	1.36	31.25	98.00	2.00	9.00	0.00	0.00
302	1.41	51.97	91.00	5.00	4.00	0.00	0.00
303	1.28	48.45	85.00	9.00	4.00	1.00	0.00
304	1.27	48.77	82.00	8.00	2.00	1.00	0.00
307	1.59	36.60	78.00	6.00	2.00	0.00	1.00
308	1.37	53.16	88.00	3.00	5.00	2.00	2.00
314	1.59	40.69	94.00	2.00	1.00	3.00	4.00
318	1.26	42.61	92.00	4.00	1.00	4.00	0.00
320	1.69	31.71	93.00	3.00	4.00	1.00	0.00
321	1.32	54.40	92.00	4.00	3.00	4.00	0.00
402	1.23	42.86	84.00	8.00	0.00	2.00	2.00
403	1.60	39.02	88.00	3.00	4.00	8.00	0.00
410	1.74	59.57	94.00	2.00	4.00	2.00	5.00
412	1.26	46.55	95.00	5.00	6.00	0.00	0.00
413	1.31	43.59	88.00	6.00	4.00	4.00	0.00
414	1.63	62.56	93.00	3.00	4.00	0.00	2.00
417	1.52	43.22	94.00	2.00	8.00	0.00	1.00
419	1.53	31.54	94.00	6.00	12.00	2.00	1.00
420	1.76	44.07	92.00	4.00	9.00	0.00	2.00
421	1.23	46.39	89.00	6.00	4.00	1.00	1.00
423	1.12	46.28	85.00	5.00	4.00	1.00	2.00
501	1.24	66.67	90.00	4.00	2.00	1.00	0.00

Çizelge 4.5. devamı

Tip	KK(mm)	iO%	SiO%	BiO%	BMO%	ÇiO%	ÇüiO%
503	1.82	42.86	89.00	6.00	2.00	0.00	0.00
504	1.81	43.17	94.00	3.00	5.00	2.00	1.00
506	1.34	55.44	86.00	4.00	1.00	3.00	0.00
507	1.24	41.45	90.00	6.00	1.00	4.00	0.00
510	1.38	36.29	93.00	6.00	4.00	0.00	2.00
515	1.15	39.58	94.00	2.00	1.00	1.00	4.00
517	1.37	64.29	81.00	11.00	4.00	0.00	0.00
518	1.52	47.40	95.00	5.00	6.00	2.00	0.00
520	1.23	35.63	93.00	6.00	4.00	1.00	0.00
521	1.34	43.90	86.00	5.00	0.00	0.00	2.00
523	1.28	41.07	92.00	2.00	4.00	0.00	0.00
601	1.51	34.09	89.00	2.00	0.00	0.00	5.00
604	1.10	57.14	86.00	11.00	7.00	0.00	0.00
606	1.31	32.77	88.00	6.00	2.00	8.00	0.00
609	1.26	60.77	93.00	3.00	3.00	8.00	0.00
611	1.02	61.86	94.00	2.00	6.00	4.00	2.00
H-1	1.84	49.09	94.00	6.00	7.00	6.00	0.00
H-2	1.93	51.33	92.00	4.00	4.00	0.00	5.00
H-3	1.62	34.51	85.00	5.00	7.00	0.00	0.00
H-4	1.52	41.82	90.00	4.00	2.00	5.00	2.00
H-5	1.92	48.06	89.00	6.00	3.00	8.00	1.00
H-6	1.81	35.51	88.00	8.00	6.00	4.00	1.00
H-7	2.18	32.17	90.00	8.00	7.00	6.00	2.00
H-8	1.64	32.95	93.00	3.00	4.00	0.00	2.00
G-1	2.06	38.16	91.00	8.00	0.00	4.00	0.00
G-2	1.46	52.69	86.00	8.00	3.00	5.00	0.00
A-1	1.91	33.80	94.00	2.00	7.00	6.00	0.00
A-2	1.86	54.12	92.00	2.00	0.00	2.00	1.00
A-3	1.91	48.63	85.00	9.00	4.00	8.00	3.00
A-4	2.21	33.87	82.00	8.00	4.00	2.00	0.00
A-5	1.88	51.98	78.00	6.00	6.00	0.00	0.00
A-6	1.92	42.46	88.00	3.00	4.00	4.00	2.00
A-7	1.89	39.48	86.00	6.00	6.00	1.00	2.00
Ç-1	2.20	39.66	82.00	10.00	11.00	1.00	2.00
Ç-2	1.08	38.03	78.00	12.00	13.00	1.00	1.00

İncelenen genotiplerin kabuk kalınlıkları 0.82 mm (207) ile 2.21 mm (A-4) arasında değişmiştir (Çizelge 4.5). Önceki çalışmalarda standart fındık çeşitlerimizin kabuk kalınlıklarının 0.91 mm (Tombul) ile 1.50 mm (Yassı Badem) arasında değiştiği bildirilmiştir (**Bostan ve İslam, 1999; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Genel olarak incelenen çeşit ve genotiplerin kabuk kalınlıkları daha önce yapılan çalışmalarda elde edilen sonuçlar ile uyumlu bulunmuştur. Diğer taraftan elde edilen bulgulara göre Vangölü Havzası'ndan alınan genotiplerde kabuk kalınlığının daha yüksek olduğu belirlenmiştir.

Fındık çeşit ve genotiplerinde 2005 ve 2006 yıllarında yapılan ölçümlerde ortalama iç oranı %31.25 (223) ile %64.34 (Uzunmusa) arasında değişmiştir. (Çizelge 4.5). Önceki çalışmalarda standart fındık çeşitlerimizde iç oranının %35.00 (Kargalak) ile %55.32 (Tombul) arasında değiştiği bildirilmiştir (**Çalışkan 1995; Köksal, 2002; Demir, 2004**). Bunun yanında **Bostan ve İslam (1999)** Palaz çeşidinin 36 klonunda iç oranının %41.94 ile %60.53 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. **İslam (2003)**, Uzunmusa çeşidi klonlarında iç oranının %54.43 ile %62.72 arasında değiştiğini ve ortalama iç oranının %59.22 olduğunu bildirmiştir. Bu çalışmadan elde edilen iç oranı bulguları ile daha önce yapılan çalışmalarda elde edilen iç oranı bulguları uyumlu bulunmuştur. Vangölü Havzası'ndan alınan genotiplerde iç oranının standart çeşitlerden daha düşük olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada kullanılan çeşit ve genotiplerde sağlam iç oranı %78 ile %96 arasında değişmiştir. En yüksek sağlam iç oranı değeri Tombul çeşidinde belirlenirken, bu değer en düşük 307 ve A-5 genotiplerinde belirlenmiştir. Bu araştırmada incelenen fındık çeşit ve genotiplerinde buruşuk iç oranı %2 ile %12 arasında değişmiştir. Buruşuk iç oranı değeri Ç-2, Ç-1, 604, 517 genotipleri ile Foşa çeşidinde yüksek olmuştur.

İki yıllık ortalama değerlere göre incelenen çeşit ve genotiplerde boş meyve oranı %0 ile %13 arasında değişmiştir. En yüksek boş meyve oranı değeri Ç-2 genotipinde belirlenmiştir. Standart fındık çeşitlerimizde boş meyve oranlarının %2-25.0 arasında değiştiği bildirilmiştir (**İslam 2003; Demir, 2004**).

Çift iç oranı bakımından incelenen genotipler arasında en yüksek değer (%9) Kalinkara çeşidinde belirlenmiştir. Çakıldak ve Mincane çeşitleri ile 403, 606, 609, H-5, ve A-3 genotiplerinde ise çift iç oranı %8 olarak belirlenmiştir. Çalışmada incelenen çeşit ve genotiplerde çürük iç oranının ise %0-5 arasında değiştiği belirlenmiştir.

Genel olarak incelenen çeşit ve genotiplerin boş meyve oranı, çift iç oranı ve çürük iç oranı değerleri daha önce yapılan çalışmalarda elde edilen sonuçlar ile benzer bulunmuştur. Ancak bu özellikler üzerine bitkinin beslenme durumunun, dölleme yetersizliğinin ve ekolojik faktörlerin önemli değiştirici etkilerinin olduğu da unutulmamalıdır.

4.1.4. Pomolojik ve Morfolojik Özelliklere Ait Temel Bileşen Analizi

Genotip tanımlama çalışmalarında kullanılan tanımlama özelliklerinin, üzerinde çalışılan genetik koleksiyonda bulunan bireylerin birbirinden ayrılabilmesi için yeterliliği hakkında bilgi sağlamak amacıyla temel bileşen analizi kullanılmaktadır (Warburton ve Crossa, 2000)

Pomolojik ve morfolojik karakterizasyonda kullanılan 25 özelliğin temel bileşen analizi sonucunda elde edilen eigen değeri, farklılık oranı (varyans) ve toplam farklılık oranı (kümülatif varyans) değerleri Çizelge 4.6.'da sunulmuştur. Temel bileşen analizlerine göre, ilk üç bileşenin üzerinde çalışılan fındık genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği açıklamada %85'lik bir orana sahip olduğu belirlenmiştir. Elde edilen kümülatif varyans değerlerine göre 19 özellik genetik çeşitliliğin açıklanmasında %99 oranında etkiye sahipken, toplam 25 özellikten 20'sinin çalışmada kullanılan bireylere ait genetik çeşitliliği açıklamada %100 oranında etkili olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlardan, çalışmada kullanılan tanımlama özelliklerinin kullanılan genotipler arasındaki farklılığı en iyi açıklayan özellikler olduğu anlaşılmaktadır.

Çizelge 4.6. Pomolojik ve morfolojik özelliklerin temel bileşen analizi sonucunda elde edilen Kümülatif Varyans, Varyans ve Eigen Değerleri

Özellik	Kümülatif Varyans (%)	Varyans(%)	Eigen Değeri
1	60.53	64.49	96.484
2	80.60	23.75	31.987
3	85.76	2.75	8.229
4	89.31	2.13	5.650
5	91.52	0.64	3.518
6	93.32	0.57	2.295
7	94.76	0.36	1.928
8	95.97	0.37	1.554
9	96.94	0.42	1.125
10	97.65	0.13	0.989
11	98.27	0.22	0.767
12	98.75	0.16	0.601
13	99.13	0.15	0.446
14	99.41	0.08	0.441
15	99.69	0.13	0.302
16	99.88	0.22	0.077
17	99.93	0.02	0.048
18	99.96	0.01	0.037
19	99.98	0.01	0.024
20	100.00	0.00	0.004
21	100.00	0.00	0.001
22	100.00	0.00	0.000
23	100.00	0.00	0.000
24	100.00	0.00	0.000
25	100.00	0.00	0.000

4.4.5. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerine Göre Soyağacı Analizleri

Fındık çeşit ve genotiplerine ait pomolojik ve morfolojik veriler kullanılarak elde edilen soyağacı **Şekil 4.1.**'de verilmiştir. Oluşturulan dendogramda tüm genotipler için benzerlik oranı 0.88 ile 0.10 arasında değişmektedir.

Analiz sonucunda elde edilen soyağacı üzerinde toplam 3 ana grup oluşmuştur. Bu ana gruplar içinde sadece birisinde alt gruplar olmazken diğerlerinde ise birçok alt gruplar oluşmuştur

Dendogram üzerindeki birinci ana grupta standart çeşitlerden hiçbiri yer almamıştır. Bu grup içerisinde daha ziyade küçük meyveli genotiplerin yer aldığı görülmektedir.

İkinci ana grup içerisinde sadece 420 nolu genotip yer almıştır. 420 yirmi nolu tipin özellikle zuruf uzunluğunun diğer genotiplerden oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. 420 nolu genotip 0.86 oranında öteki gruplardan farklı olmuştur.

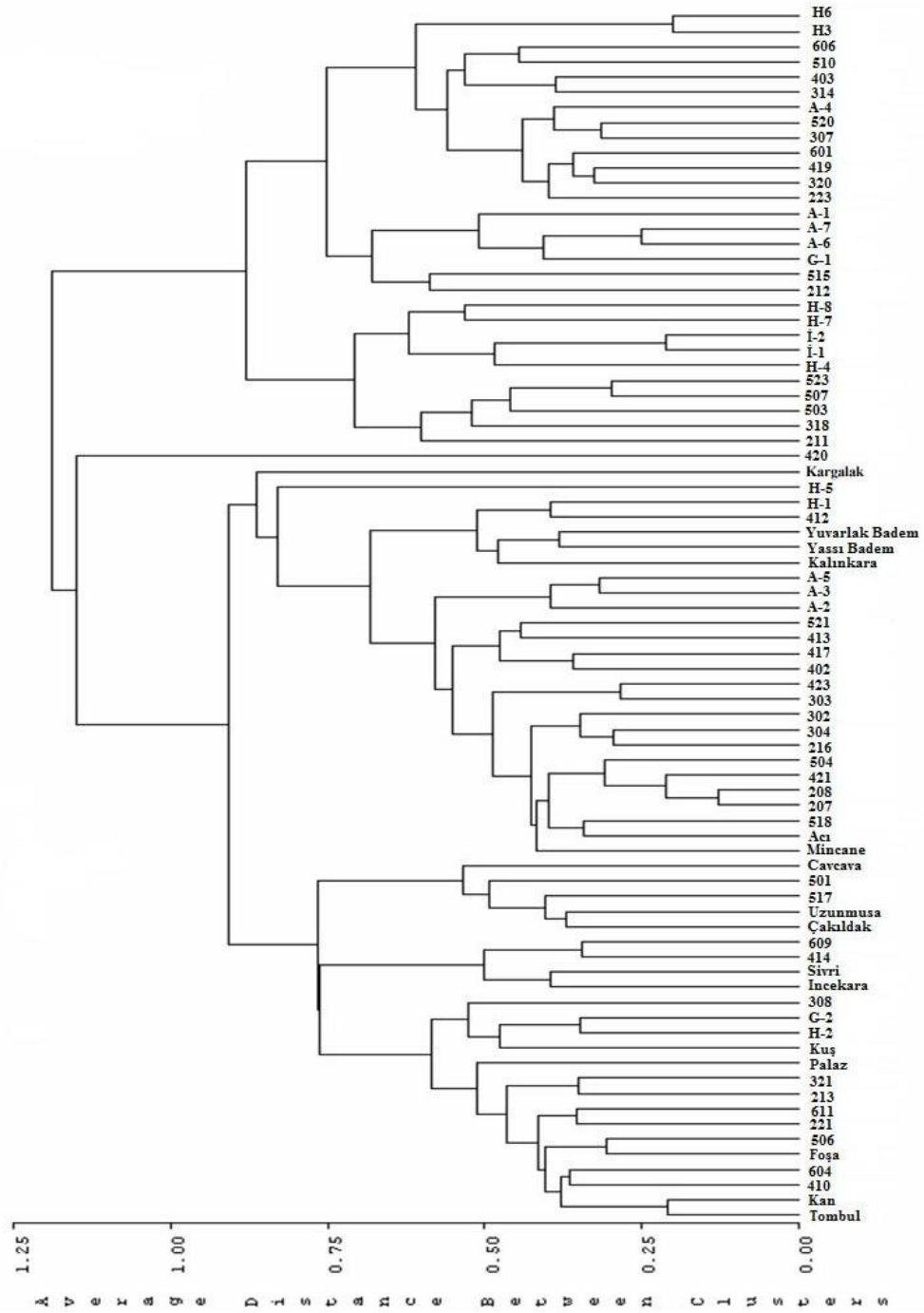
Üçüncü grubun birinci alt grubunda Kalınkara çeşidi tek bir kol oluştururken özellikle Yuvarlak Badem, Yassı Badem, Kalınkara, H-1 ve H-5 genotipleri gibi uzun meyveli genotipler ise diğer kolda yer almıştır. Yine bu ana grup içerisinde 207 ile 208 nolu genotipler birbirine en yakın genotipler olarak belirlenmiştir. Mincane ve Acı çeşitleri ile 421 ve 604 nolu genotipler de bu kol üzerinde toplanmıştır.

Üçüncü grubun ikinci alt grubu ise 3 kola ayrılmıştır.

Bu kollardan birincisinde Uzunmusa, Çakıldak ve Cavcava çeşitleri ile 501 ve 517 nolu genotipler yer almıştır.

İkinci kolda ise Sivri ve İncekara çeşitleri ile 609 ve 414 nolu genotipler yer almıştır. Bu kolda yer alan genotiplerin sivri şekilli meyvelere sahip oldukları dikkati çekmektedir.

Üçüncü kol içerisinde ise Tombul, Kan, Foşa, Palaz ve Kuş çeşitleri gibi yuvarlak çeşitlerin yer aldığı görülmektedir. Ayrıca Vangölü Havzası'ndan alınan G-2 ve H-2 genotipleri de bu kol üzerinde yer almıştır.



Şekil 4.1. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin Pomolojik ve Morfolojik Özelliklerine Göre Soy ağacı

Özbek (1978), fındık meyvelerini irilik ve şekillerine göre “küçük meyveli adi fındıklar”, “iri yuvarlak fındıklar” ve “iri uzun fındıklar” olarak pomolojik yönden üç grupta sınıflandırmıştır. Bu sınıflandırmayla uyumlu bir şekilde bu çalışmada pomolojik ve morfolojik verilere göre elde edilen soyağacı incelendiğinde de genel olarak küçük meyveli genotiplerin ayrı bir grup; uzun şekilli genotiplerin ayrı bir grup ve yuvarlak şekilli genotiplerin de ayrı bir grup altında toplandığı görülmektedir.

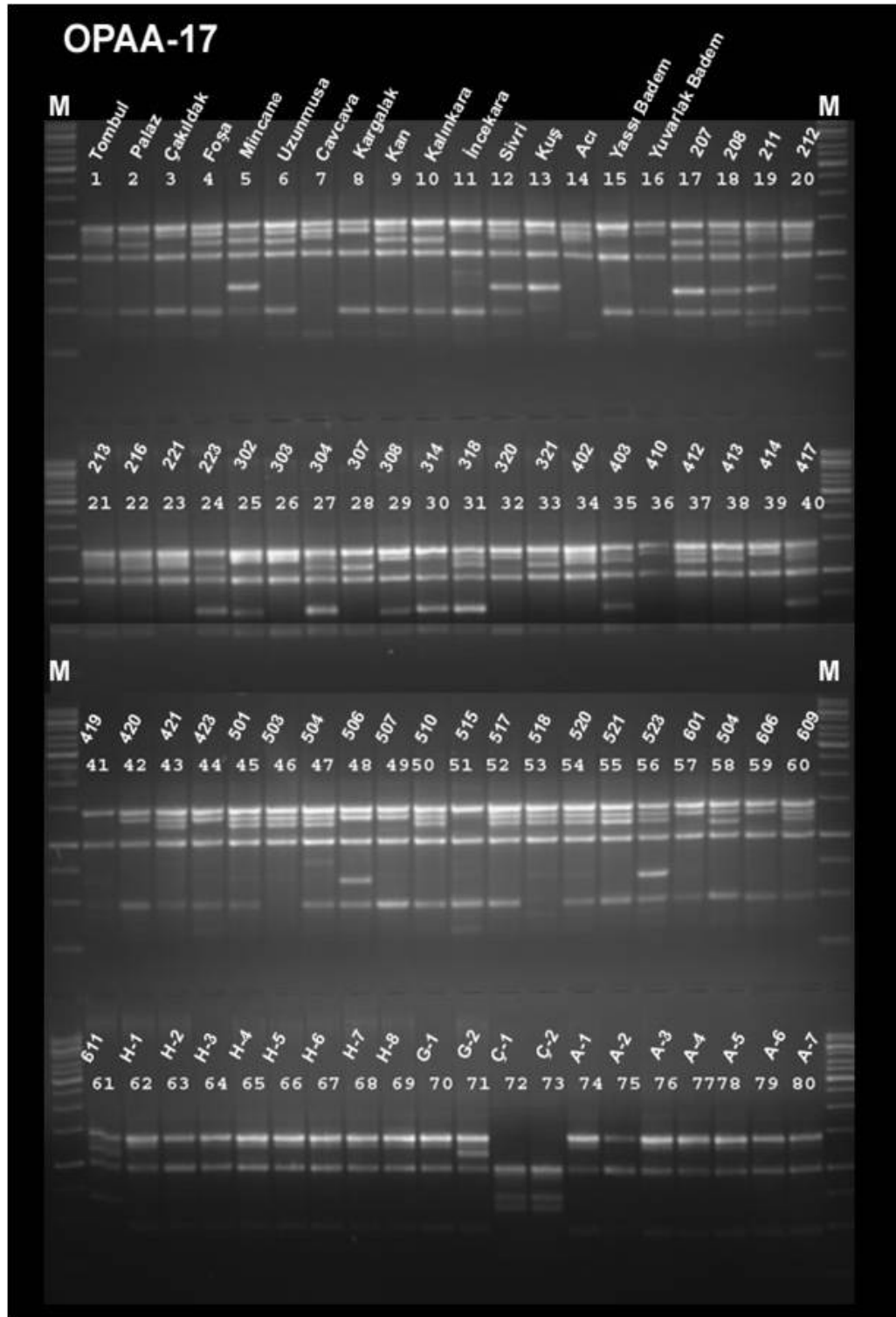
4.2.Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları

4.2.1. RAPD Analizleri

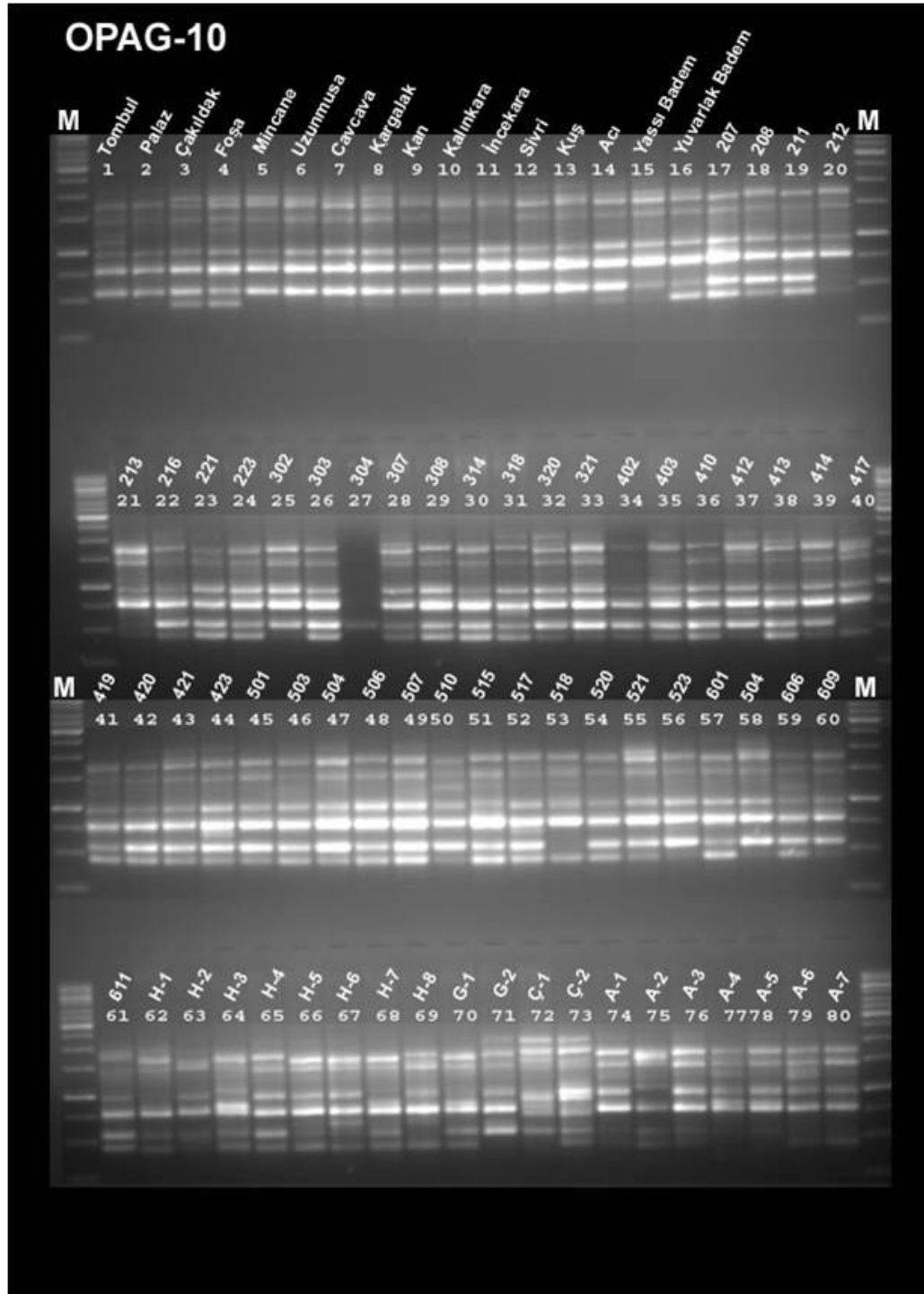
Bu çalışmada 80 fındık genotipi arasındaki genetik ilişkiyi ortaya çıkarmak ve benzerlik oranlarının tespiti amacıyla kullanılan tekniklerden biri RAPD tekniğidir. Bu tekniğin ilk aşamasında fındık genotipleri için en polimorfik RAPD primerlerini belirlemek amacı ile birbirlerinden tamamen farklı 8 fındık genotipinde toplam 100 adet RAPD primeri (Operon serisi) test edilerek ön tarama işlemi yapılmıştır.

Ön tarama işleminden sonra polimorfik bantlar oluşturduğu belirlenen 31 adet RAPD primeri PCR işleminde kullanılarak 80 adet fındık çeşit ve genotipinde test edilmiştir. PCR işleminden sonra çoğaltılan DNA parçacıklarından elde edilen bantlar dikkate alınarak var (1) ve yok (0) şeklinde rakamsal veriler elde edilmiştir. Seçilen primerler içinden OPAA-17 ve OPAG-10 primerlerine ait elektroforez jel görüntüleri **Şekil 4.1** ve **4.2**'de sunulmuştur.

Şekil 4.1'de görüldüğü gibi OPAA-17 RAPD primerinin 80 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resminde, oluşan 8 bandın tamamının polimorfik olduğu tespit edilmiştir. Polimorfik bantların büyüklükleri ise 500 - 1400 bp arasında değişim göstermiştir.



Şekil 4.2. OPAA-17 numaralı RAPD primerine ait jel görüntüsü.



Şekil 4.3. OPAG-10 numaralı RAPD primerine ait jel görüntüsü

OPAG-10 RAPD primerinin 80 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resmi **Şekil 4.2.**'de sunulmuştur. OPAG-10 RAPD primerinin 80 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resminde, oluşan 9 bandın 8'nin polimorfik olduğu tespit edilmiştir. Polimorfik bantların büyüklükleri ise 400 - 2000 bp arasında değişim göstermiştir.

4.2.1.1. Fındık Genotiplerinin RAPD Tekniği ile Karakterizasyonunda Polimorfizm ve Ayırma Gücü

RAPD analizlerinde PCR ve elektroforez uygulamaları sonucunda elde edilen toplam bant sayıları, polimorfik bant sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve ayırma gücü değerleri **Çizelge 4.7**'de verilmiştir.

Çalışmada kullanılan 31 RAPD primerine ait elektroforez görüntülerinde saptanan bant büyüklükleri 250 bp ile 2000 bp arasında değişmiştir. Elde edilen bu değerler önceki çalışmaların sonuçları ile benzerlik göstermektedir. **Radicati ve ark. (1997)**, *Corylus* türlerinin RAPD tekniğiyle karakterizasyonu amacıyla yapmış oldukları çalışmada kullandıkları 12 RAPD primerinden elde ettikleri polimorfik bant büyüklüklerinin 360-2000 bp arasında değiştiğini bildirmiştir. İtalya'da *C. avellana* türünün değişik çeşit ve tiplerinin tanımlanması çalışmasında kullanılan 20 RAPD primerinden elde edilen bant sayılarının 1-9 arasında, bant büyüklüklerinin ise 200 ile 1400 bp arasında olduğu bildirilmiştir (**Galderisi ve ark., 1999**). Türk fındık çeşitleri ve bunların bazı klonları arasındaki benzerliği RAPD tekniği ile analiz eden **Demir (2004)**, kullandığı primerlere ait bant büyüklüklerinin 200 ile 2800 bp arasında değiştiğini bildirmiştir. Farklı çalışmalardan elde edilen DNA parçası büyüklüklerinin benzer olduğu görülmektedir. Bu durumun, söz konusu çalışmalarda benzer PCR koşullarının kullanılması ve önceki çalışmalarda başarılı sonuçlar veren primerlere sonraki çalışmalarda da yer verilmesinden kaynaklanabileceği muhtemeldir.

Çizelge 4.7. RAPD primerlerinden elde edilen toplam bant sayıları, polimorfik bant sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve ayırma gücü değerleri

No	Primer	Toplam Bant Sayısı	Polimorfik Bant Sayısı	Polimorfizm Oranı (%)	Polimorfizm Bilgi İçeriği	Ayırma Gücü
1	OPAA – 02	6	4	67	0.542	0.914
2	OPAA – 07	7	6	86	0.624	0.927
3	OPAA – 08	8	8	100	0.662	1.015
4	OPAA – 10	7	6	86	0.684	0.854
5	OPAA – 11	5	4	80	0.731	0.761
6	OPAA – 17	8	8	100	0.779	1.225
7	OPAA – 18	7	7	100	0.664	1.325
8	OPAA – 19	6	5	83	0.635	0.742
9	OPAA – 20	5	5	100	0.561	1.021
10	OPAG – 02	4	4	100	0.488	1.134
11	OPAG- 04	7	6	86	0.628	0.843
12	OPAG – 07	5	4	80	0.585	1.304
13	OPAG – 10	9	8	89	0.856	0.822
14	OPAG – 11	7	7	100	0.584	1.451
15	OPAG – 20	5	4	80	0.753	1.262
16	OPAH – 08	4	3	75	0.652	0.746
17	OPAH – 10	9	5	55	0.772	0.813
18	OPAH – 20	7	5	71	0.432	0.774
19	OPAI – 04	7	6	86	0.672	0.825
20	OPAI – 12	8	6	75	0.485	0.932
21	OPAI – 14	8	6	75	0.558	0.938
22	OPAJ – 01	11	7	64	0.721	1.225
23	OPAJ – 03	8	6	75	0.353	0.836
24	OPAJ – 04	6	6	100	0.646	1.342
25	OPAJ – 19	4	2	50	0.567	0.717
26	OPI – 07	6	5	83	0.719	0.816
27	OPJ – 10	10	8	80	0.544	1.044
28	OPJ – 16	7	6	86	0.422	1.074
29	OPJ – 20	7	6	86	0.631	1.145
30	OPX – 19	8	5	63	0.486	0.814
31	OPZ -04	7	3	43	0.647	0.710
Toplam		213	171	--	--	15.56
Ortalama		6.9	5.51	80.77	0.615	

Bu çalışmada RAPD analizleri sonucunda elde edilen toplam 213 adet bandın 171 adedi polimorfik olarak belirlenmiştir. Primer başına düşen toplam bant sayısı 4-11 arasında değişirken primer başına ortalama toplam bant sayısı ise 6.9 olmuştur (**Çizelge 4.7**). OPAG-02, OPAH-08 ve OPAJ-19 nolu primerler en düşük (4 adet) bant sayısını üretmiş olup, en fazla bandı ise OPAJ-01 nolu primer (11 adet) üretmiştir. Primer başına düşen polimorfik bant sayısı ise 2 ile 8 (ortalama 5.5 bant/primer) arasında olmuştur. Polimorfik bant sayısı bakımından OPAJ-19 nolu

primerden en düşük (2 bant/primer) elde edilirken, OPAA-08, OPAA-17, OPAG-10 ve OPJ-10 nolu primerlerden ise en yüksek (8 adet) bant sayısı elde edilmiştir.

Primerlerin polimorfizm oranı %43 ile %100 arasında bir değişim gösterirken, ortalama polimorfizm oranı %80.77 olmuştur. OPZ-04 nolu primerden en düşük (% 43), OPAA-08, OPAA-17, OPAA-18, OPAA-20, OPAG-02, OPAG-11 ve OPAJ-04 nolu primerlerden en yüksek (% 100) polimorfizm oranı elde edilmiştir.

Bu çalışmada kullanılan RAPD primerlerin ortalama polimorfizm bilgi içeriği değeri 0.615 olarak bulunmuştur. En düşük (0.353) polimorfizm bilgi içeriği değeri OPAJ-03 nolu primerden, en yüksek (0.856) polimorfizm bilgi içeriği değeri OPAG-10 primerinden elde edilmiştir.

Primerlerin ayırma gücü değerleri incelendiğinde ise toplam ayırma gücü değeri 15.56 olarak belirlenmiştir. En düşük ayırma gücü değeri (0.813) OPAH – 10 nolu primerden elde edilirken, en yüksek ayırma gücü değeri (1.451) OPAG – 11 nolu primerden elde edilmiştir (**Çizelge 4.7**)

RAPD analizleri ile yapılan önceki çalışmalar incelendiğinde; **Radicati ve ark. (1997)**, 12 primer kullanarak yaptıkları çalışmada 26 adet polimorfik bant elde etmişler ve ortalama polimorfik bant sayısının 2.1 olduğunu bildirmişlerdir. **Miaja ve ark. (2001)**, 19 fındık çeşidi ile yaptıkları çalışmada 30 adet primer kullanarak 45 polimorfik bant elde etmişler ve ortalama polimorfik bant sayısının 1.5 olduğunu bildirmişlerdir.

Demir (2004), Türk fındık çeşitleri ve bunların klonlarını kullanarak yaptığı çalışmada toplam 218 bant elde etmiştir. Araştırmacı elde edilen bantların 153 tanesinin (%70.18) polimorfik olmasına rağmen bunlardan 96 tanesinin (%44.04) benzerlik indeksleri ve dendogram oluşturulmasında kullanıldığını bildirmiştir. Aynı çalışmada kullanılan primerlerden elde edilen ortalama bant sayısı 6.61 bant/primer; ortalama polimorfik bant sayısı ise 2.91 bant/primer olarak belirlenmiştir.

Bu çalışmada RAPD analizleri ile elde edilen ortalama bant sayısı (6.9) ve ortalama polimorfik bant sayısı (5.5), **Radicati ve ark. (1997)**, **Miaja ve ark. (2001)** ve **Demir (2004)**'in fındık çeşitleri için elde etmiş oldukları değerlerden daha yüksek olmuştur.

Bu çalışmada primerlerin toplam ayırma gücü değeri 15.56 olarak bulunmuştur. **Doğan (2006)**, bu değeri cevizlerde 28.90 bulurken, **Yılmaz (2009)**, bu değeri kayısılarda 24.20 olarak bildirmiştir. Bu çalışmada elde edilen primerlerin ayırma gücü değerleri ceviz ve kayısıda belirtilen çalışmalardan daha düşük bulunmuştur. Bu durum, fındık genetik kaynaklarındaki farklılığın ceviz ve kayısıya göre daha düşük olduğunun bir göstergesi olarak gösterilebilir.

4.2.1.2. RAPD Analizlerine Göre Fındık Genotipleri Arasındaki Moleküler Benzerlik İndeksi

Bu çalışmada kullanılan 31 RAPD primeri ile elde edilen DNA bantlarının rakamsal verileri NTSTSpC 2.0 bilgisayar paket programında analiz edilmiş ve genotiplere ait benzerlik indeksleri oluşturulmuştur. RAPD analizleri sonucu fındık çeşit ve genotipleri arasında belirlenen genetik benzerlik indeksleri **Ek 1**'de verilmiştir.

RAPD analizleri sonucunda genotipler arasındaki kombinasyonların benzerlik katsayıları 0.64 ile 0.97 arasında değişmiştir. Benzerlik katsayısının kombinasyonların %77.5'den fazlasında 0.84 ile 0.91 arasında değiştiği belirlenmiştir. Kombinasyonların %22'si 0.80'in altında bir benzerlik katsayısı göstermiştir.

Bu çalışmada RAPD analizlerine göre standart fındık çeşitleri arasında en yüksek benzerlik indeksi 0.960 ile Uzunmusa - Kan kombinasyonu arasında saptanırken, en düşük benzerlik indeksinin ise Sivri - Çakıldak (0.81) kombinasyonları arasında olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca standart çeşitler içerisinde yer alan Uzunmusa - Palaz (0.934) ve Acı - Cavcava (0.932) kombinasyonları arasında da yüksek benzerlik indeksi değerleri belirlenmiştir.

RAPD analizleri sonucuna göre en kaliteli ve önemli fındık çeşitlerimizden Tömbul çeşidi ile en yakın benzerlik indeksi gösteren çeşit 0.91 ile Palaz çeşidi olurken en düşük benzerlik indeksi ise 0.83 ile Çakıldak ve 0.84 ile Kargalak çeşidi arasında belirlenmiştir.

Tombul çeşidi ile çalışma kapsamında incelenen ve Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü genetik kaynaklar parselinde bulunan genotipler arasındaki en yakın benzerlik indeksi 0.94 ile 501 ve 504 nolu genotipler arasında belirlenmiştir. Bunlar dışında 520 ve 606 nolu genotipler ile Tombul çeşidi arasındaki benzerlik indeksi ise 0.91 olarak belirlenmiştir.

Çalışma kapsamında incelenen ve Vangölü Havzası'ndan seçilen genotipler arasındaki kombinasyonlarda RAPD analizleri sonuçlarına göre benzerlik indeksi değerleri en düşük 0.80 ve yüksek 0.98 olarak belirlenmiştir. Bu bölgeden seçilen genotipler arasında en yüksek benzerlik indeksi 0.98 ile A6 – A7 kombinasyonu arasında saptanırken, en düşük benzerlik indeksinin ise H1 – H8 (0.80) kombinasyonları arasında olduğu tespit edilmiştir. Genel olarak Vangölü'nün kuzeyinden alınan genotipler kendi arasında; güneyinden alınan genotipler de kendi aralarında yakın benzerlik indeksi değerleri göstermişlerdir.

Kendi aralarındaki benzerlik indeksi değeri 0.91 olan ve deneme kapsamında Çorum ilinden alınan Ç1 ve Ç2 genotipleri, RAPD analizlerinde incelenen öteki 78 genotipten ayrı bir grup oluşturmuştur. Bu iki genotip ile diğer genotipler arasındaki benzerlik indeksi değeri ise 0.68 olarak belirlenmiştir. Pomolojik ve morfoljik yönden de öteki genotiplerden farklı olduğu tespit edilen bu genotiplerin özellikle dip sürgünü oluşturmamaları bu genotiplerin *C. column* türüne dahil olabileceği ile bağdaştırılabilir.

RAPD analizleri genel olarak incelendiğinde birbirine yakın bölgelerden seçilen genotiplerin birbirlerine genetik olarak daha yakın özellik gösterdiği görülmektedir. Bu durum kullanılan RAPD markörlerinin çeşit x bölge farklılığını belirlemede de kullanılabileceğini göstermektedir.

4.2.1.3. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin RAPD Yöntemine Göre Soyağacı Analizleri

RAPD analizleri sonucunda oluşturulan dendogram **Şekil 4.4'** de görülmektedir. Oluşturulan dendogramda tüm genotipler için benzerlik oranı 0.69 ile 0.98 arasında değişmektedir. RAPD analizlerine dayanılarak elde edilen bu

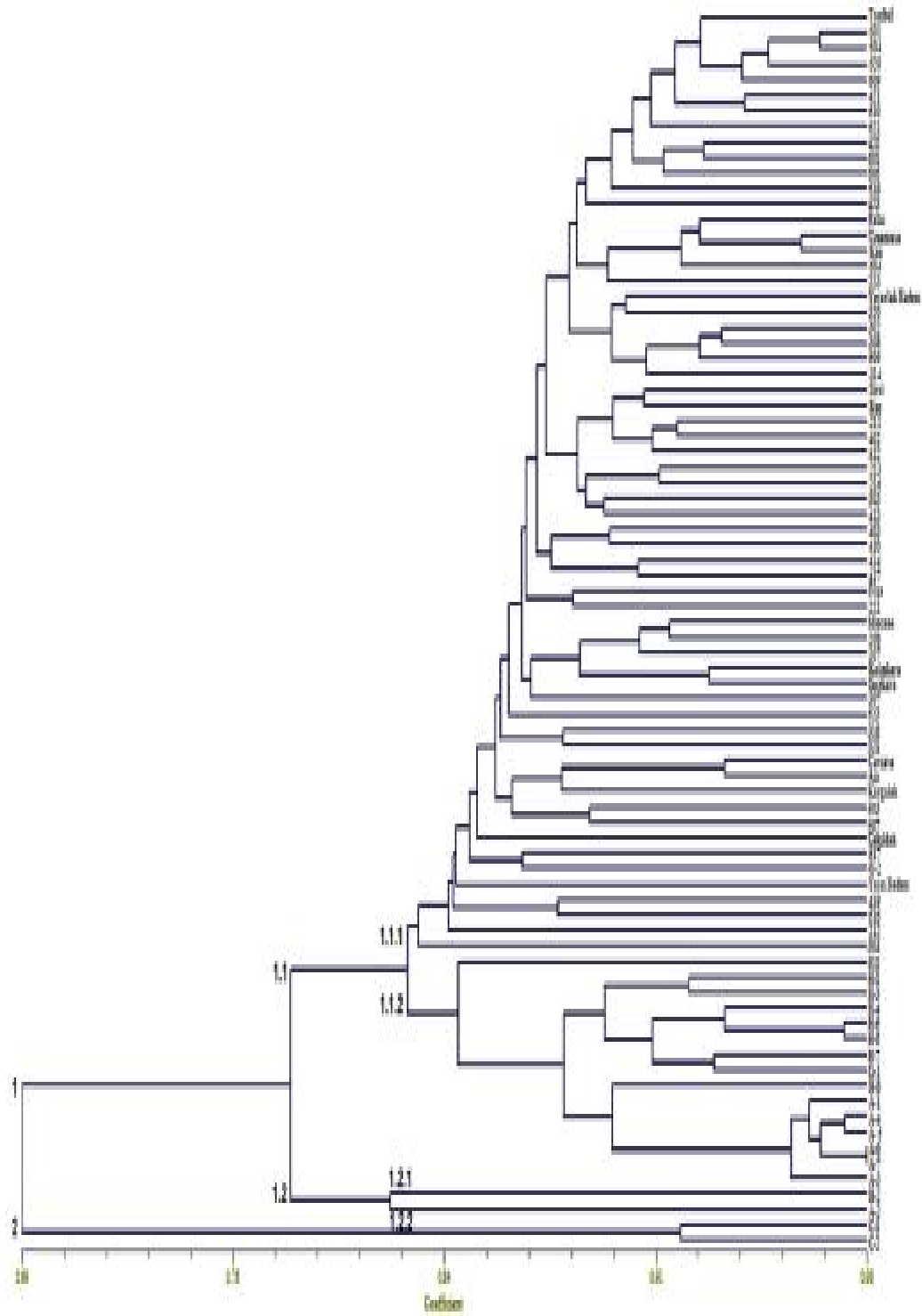
dendogram ilk olarak 1 ve 2 şeklinde numaralandırılmış iki ana kola ayrılmıştır. 2 numaralı ana kol içerisinde Ç1 ve Ç2 genotipleri yer almıştır. Bu iki genotip çalışma dahilinde kullanılan diğer tüm genotiplere %69 oranında yakın, yaklaşık olarak %30 oranında uzak bulunmuştur.

Dendogram üzerinde 1 şeklinde numaralandırılmış ana kol tekrar kendi içerisinde 2 alt gruba ayrılmıştır. Bu iki alt grup dendogram üzerinde 1.1 ve 1.2 şeklinde numaralandırılmıştır. Bu iki alt grup birbirine genetik olarak yaklaşık %79 oranında yakın bulunmuştur. 1.1 şeklinde numaralandırılmış alt grup içerisinde H2 ve A2 genotipleri yer almıştır. 1.2. şeklinde numaralandırılmış alt grup ise kendi içerisinde iki kola ayrılmıştır. Bu iki kol dendogram üzerinde 1.2.1 ve 1.2.2. şeklinde numaralandırılmış ve birbirlerine % 83 oranında yakın bulunmuştur.

1.2.1 kolu içinde yer alan genotiplerin tamamının Vangölü Havzası'ndan seçilen genotipler olduğu belirlenmiştir. 1.2.1 kolu tekrar kendi içerisinde iki gruba ayrılmıştır. Bu iki grup dendogram üzerinde 1.2.1.1 ve 1.2.1.2 şeklinde numaralandırılmıştır.

1.2.1.1 grubu da iki kola ayrılmıştır. Bu iki koldan ilkinde H1, H3, H4, H5, H6, H7 ve G1 genotipleri yer almıştır, diğer kolda ise H8, A1, A4, A5, A6, A7 ve A3 genotipleri yer almıştır. Bu iki kol arasında RAPD analizleri sonucunda yaklaşık olarak % 89 oranında yakınlık tespit edilmiştir. 1.2.2.2 kolu içerisinde ise yalnızca 611 genotipi yer almıştır. Bu genotip 1.2.2.1 grubunda yer alan tüm genotiplere % 85 oranında yakın bulunmuştur.

Dendogram üzerinde 1.2.2 şeklinde numaralandırılmış kol ise 2.2.2.1 ve 1.2.2.2 şeklinde numaralandırılmış iki gruba bölünmüştür. Bu iki grupta yer alan genotipler genetik olarak birbirlerine %83 oranında yakın bulunmuştur. 2.2.2.1 şeklinde numaralandırılmış grup içerisinde 304 genotipi yer almıştır. Bu genotip 2.2.2.2 şeklinde numaralandırılmış gruptaki tüm genotiplere genetik olarak yaklaşık % 83 oranında yakın bulunmuştur. Çalışma kapsamında incelenen 16 adet standart çeşit ve 42 adet genotip 2.2.2.2 şeklinde numaralandırılmış grup içerisinde kümelenmiştir.



Şekil.4.4. Fındık genotiplerinin RAPD analizleri sonucuna göre elde edilen soyağacı

Elde edilen bulgulara göre, incelenen fındık çeşit ve genotipleri RAPD analizleri ile belirlenen 31 primerle başarılı bir şekilde tanımlanmış ve akrabalık ilişkileri ortaya konmuştur. Elde edilen bulgular fındık üzerinde daha önce yapılmış çalışmaların (**Galderisi ve ark., 1999; Miaja ve ark., 2001; Demir, 2004**) sonuçları ile uyumlu olmuştur.

RAPD markörlerinin çeşit tanımlamaları için uygun markörler oldukları ve farklı genotiplerin belirlenmesi için kullanılabildiği belirtilmiştir (**Valentini ve ark., 2001; Demir, 2001**). Ayrıca uygulanmasının diğer yöntemlere göre nispeten daha kolay olması ve maliyetinin de düşük olması nedeni ile RAPD sıkça kullanılan bir yöntem olmuştur. Bu yöntem birçok meyve türünde çeşit tanımlama ve genetik ilişkilerin ortaya çıkarılması amacıyla kullanılmıştır.

RAPD yönteminin sadece dominant karakterler yönünden sonuç vermesinin yorumlama yönünden zorluklar çıkarttığı ve tekrarlanabilirliğinin düşük olmasının bu markör tekniğinin olumsuz yanlarından olduğu bildirilmiştir (**Kaçar, 2001; Demir, 2004**).

RAPD tekniğinin gen kaynaklarının tanımlanmasında ve sınıflandırılmasında (**Davis ve Mahlenbacher, 1997**), genetik uzaklığı belirlemede ve genetik haritalama çalışmalarında kullanılabileceği bildirilmiştir (**Mahlenbacher ve ark., 2006**).

4.2.2. Mikrosatellit (SSR) Markör Analizleri

4.2.2.1. Fındık Genotiplerinin SSR Tekniği ile Karakterizasyonunda Polimorfizm ve Ayırma Gücü

Bu çalışmada 84 fındık genotipi arasındaki genetik ilişkiyi ortaya çıkarmak ve benzerlik oranlarının tespiti amacıyla moleküler markör tekniklerden bir diğeri olan SSR (Simple Sequence Repeated) markörleri kullanılmıştır. Çalışmada **Nahla ve ark. (2003)** ile **Mahlenbacher ve ark. (2006)** tarafından geliştirilen 24 SSR primeri kullanılmıştır. Bu primerler de RAPD çalışmalarında olduğu gibi öncelikle 8

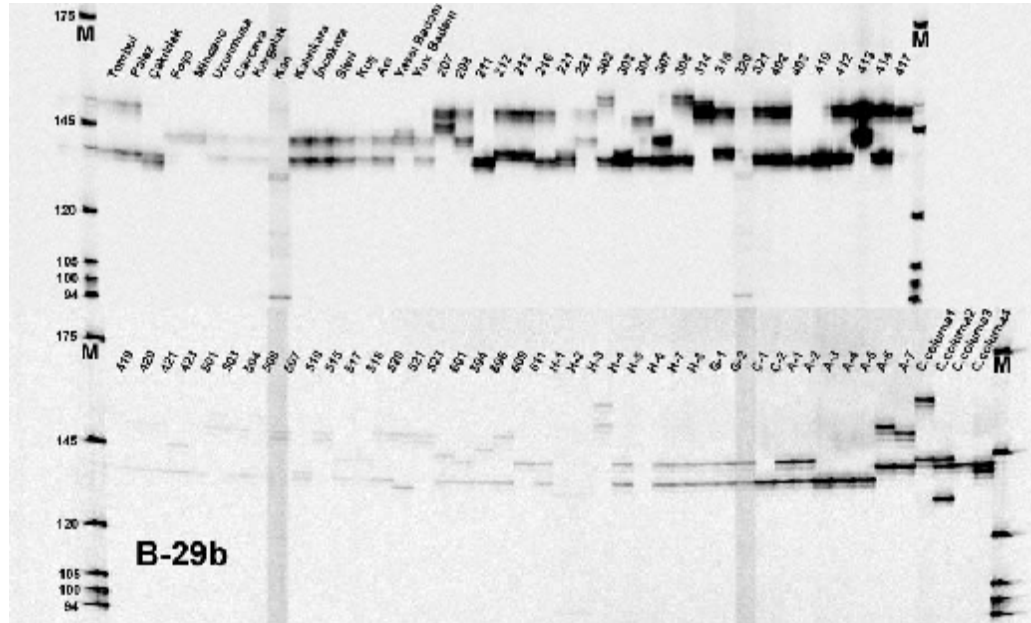
fındık genotipi ile taranmıştır. Kullanılan primerlerden 18 tanesi polimorfik olarak bulunmuş ve bunlar 84 fındık genotipinin karakterizasyonunda kullanılmıştır.

PCR işleminden sonra çoğaltılan DNA parçacıklarından elde edilen bantlar dikkate alınarak var (1) ve yok (0) şeklinde rakamsal veriler elde edilmiştir. Çalışmada kullanılan SSR primerleri içinden CAC- B 029 b; CAC- B 109 ve CAC- B 113 primerlerine ait dikey elektroforez jel görüntüleri **Şekil 4.5.**; **Şekil 4.6.** ve **Şekil 4.7** 'de sunulmuştur.

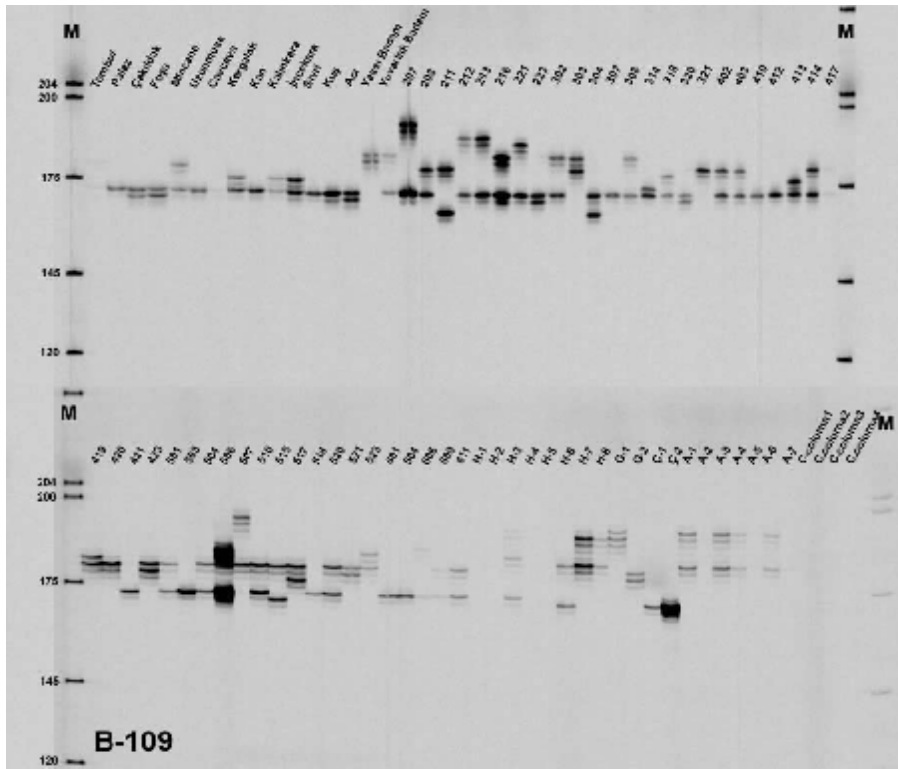
Şekil 4.5.'de görüldüğü gibi CAC- B 029b primerinin 84 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resminde, oluşan 10 allelin tamamının polimorfik olduğu tespit edilmiştir.

CAC- B 109 primerinin 84 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resmi **Şekil 4.6.**'de sunulmuştur. CAC- B 109 primerinin 84 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resminde, oluşan 10 allelin 9'nun polimorfik olduğu tespit edilmiştir.

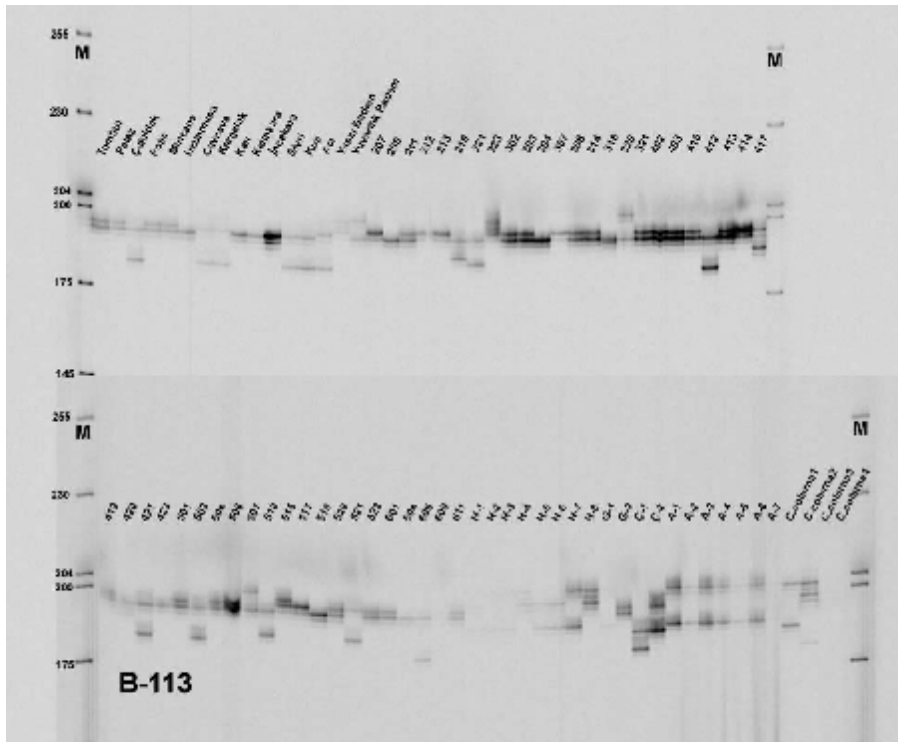
Şekil 4.7.'de görüldüğü gibi CAC- B 113 primerinin 84 fındık genotipi ile yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde edilen jel resminde, oluşan 8 allelin tamamının polimorfik olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.5. CAC- B 029b numaralı SSR primerine ait dikey elektroforez jel görüntüsü



Şekil 4.6. CAC- B 109 numaralı SSR primerine ait dikey elektroforez jel görüntüsü



Şekil 4.7. CAC- B 113 numaralı SSR primerine ait dikey elektroforez jel görüntüsü

SSR analizlerinde PCR ve elektroforez uygulamaları sonucunda elde edilen toplam allel sayıları, polimorfik allel sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve ayırma gücü değerleri **Çizelge 4.8**'de verilmiştir.

Çizelge 4.8. SSR primerlerinden elde edilen toplam bant sayıları, polimorfik bant sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve ayırma gücü değerleri

No	Primer	Toplam Allel Sayısı	Polimorfik Allel Sayısı	Polimorfizm Oranı (%)	Polimorfizm Bilgi İçeriği	Ayırma Gücü
1	CAC- A 014 a	10	9	90	0.742	1.154
2	CAC- A 014 b	11	11	100	0.724	0.845
3	CAC- A 024 b	5	5	100	0.671	1.404
4	CAC- A 36	5	5	100	0.784	0.822
5	CAC- A 105	7	6	86	0.741	1.451
6	CAC- B 001	6	6	100	0.776	1.282
7	CAC- B 020	8	8	100	0.674	0.748
8	CAC- B 028	7	7	100	0.747	0.815
9	CAC- B 029 b	10	10	100	0.771	0.774
10	CAC- B 109	10	9	90	0.582	0.825
11	CAC- B 110	2	2	100	0.728	0.852
12	CAC- B 111	5	5	100	0.787	0.958
13	CAC- B 113	8	8	100	0.987	0.752
14	CAC- B 114	5	5	100	0.784	0.958
15	CAC- C 003	5	5	100	0.775	1.225
16	CAC- C 111	2	2	100	0.672	0.958
17	CAC- C 118	6	6	100	0.714	1.242
18	CAC- C 028	6	6	100	0.542	0.817
Toplam		118	115	--	--	17.98
Ortalama		6.55	6.38	98	0.786	

Bu çalışmada kullanılan 18 SSR lokusundan toplam 118 adet allel elde edilmiş ve bunların 115 adedi polimorfik bulunmuştur. Primer başına düşen toplam allel sayısı 2 ile 11 (ortalama 6.55) arasında değişim göstermiştir. Locus başına düşen polimorfik bant sayısı ise yine 2 ile 11 (ortalama 6.38) arasında değişim göstermiştir. Toplam allel sayısı açısından, CAC- B 110 lokusu en az sayıda (2 adet) allel üretmiş olup ; CAC- A 014 b lokusu ise en fazla (11 adet) alleli vermiştir. SSR analizlerinde kullanılan primer çiftlerinin polimorfizm oranı %98.0 olarak belirlenmiştir.

Çalışmada en düşük (0.542) polimorfizm bilgi içeriği değeri CAC- C 028 lokusundan, en yüksek (0.987) polimorfizm bilgi içeriği değeri ise CAC- B 113

lokusundan elde edilmiştir. Ortalama polimorfizm bilgi içeriği değeri ise 0.786 olarak bulunmuştur.

SSR lokuslarının toplam ayırma gücü değerleri 17.98 olarak belirlenmiş olup; en düşük (0.748) ayırma gücü değeri CAC- B 020 lokusundan elde edilirken, en yüksek (1.404) ayırma gücü değeri CAC- A 024 b lokusundan elde edilmiştir (**Çizelge 4.8.**)

Nahla ve ark. (2003), 19 fındık genotipi ile yaptıkları tanımlama çalışmasında 12 SSR primerini denemişler ve mikrosatellit lokusu başına allel sayısının 4 ile 7 arasında ve heterozigotluk oranının ise 0.58 ile 0.87 arasında değiştiğini belirlemişlerdir.

Boccacci ve ark. (2006), 78 fındık çeşidinde 16 SSR lokusu kullanarak çeşitlerin tanımlanması ve genetik ilişkilerinin incelemesi amacıyla yaptıkları çalışmada lokus başına düşen allel sayısının 9.4 olduğunu; %78'e kadar çıkan yüksek allel frekansları ve ayırma gücünü % 91 olarak belirlemişlerdir.

Gökırmak ve ark. (2008), *C.avellana* türüne ait farklı coğrafik bölgelerde yayılım gösteren 270 adet klonun genetik profillerini incelemek amacıyla yaptıkları çalışmada 21 SSR primerini kullanmışlardır. Farklı genetik profil gösteren 198 klonda lokus başına ortalama allel sayısının 9.81, heterozigotluk oranının 0.67 olduğu belirtilmiştir.

Yapılan bu çalışmada da kullanılan toplam 18 SSR lokusu başına allel sayısı 2 ile 11 arasında değişirken ortalama allel sayısı 6.55 olarak bulunmuştur. Allel sayılarındaki farklılıklar bu çalışmada kullanılan genotiplerin farklı olmasından kaynaklanan bir durumdur. Çalışmada kullanılan lokuslara ait polimorfizm oranları önceki çalışmalardan daha yüksek olarak belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan genotipler içinde *C.avellana* ve *C.columa* türlerinin bulunması polimorfizm oranlarının yüksek olmasının nedenleri arasında sayılabilir.

4.2.2.2. SSR Analizlerine Göre Fındık Genotipleri Arasındaki Moleküler Benzerlik İndeksi

Bu çalışmada kullanılan 18 SSR primeri ile elde edilen DNA bantlarının rakamsal verileri NTSTSpC 2.0 bilgisayar paket programında analiz edilmiş ve

genotiplere ait benzerlik indeksleri oluşturulmuştur. SSR analizleri sonucu fındık çeşit ve genotipleri arasında belirlenen genetik benzerlik indeksleri **Ek 2**'de verilmiştir.

SSR analizlerinde A-3 ile A-4 (1.00), A-3 ile A-5 (1.00), A-4 ile A-5 (1.00) genotipleri kullanılan primerlerle birbirlerinden ayırt edilememiştir. Diğer genotipler arasındaki kombinasyonların benzerlik indeksleri 0.117 ile 0.983 arasında değişmiştir. Benzerlik katsayısının kombinasyonların %80'den fazlasında 0.450 ile 0.80 arasında değiştiği belirlenmiştir.

Benzerlik katsayıları bakımından en yüksek genetik benzerlik A6-A7 (0.983) kombinasyonları arasında bulunurken, bunu sırasıyla 302-308 (0.950), A1-A7 (0.933), Mincane-611 (0.931) kombinasyonları izlemiştir. En düşük genetik benzerlik katsayısı ise 402-*C.colurna* 1 (0.117) kombinasyonu arasında saptanırken, bunu sırasıyla *C.colurna* 1-207 (0.122) ve *C.colurna* 2 - 211 (0.125) kombinasyonu izlemiştir.

SSR analizlerine göre standart fındık çeşitleri arasında en yüksek benzerlik indeksi Tombul - Mincane (0.80) ve İncekara - Kuş (0.80) kombinasyonları arasında saptanırken, bunu Tombul - Palaz (0.79) kombinasyonu izlemiştir. En düşük benzerlik indeksinin ise Kan - Cavcava (0.39) ve Cavcava - Mincane (0.42) kombinasyonları arasında olduğu tespit edilmiştir. Standart çeşitler içerisinde yer alan Kuş - Sivri (0.76); Çakıldak - Tombul (0.75) ve Acı - Kuş (0.75) kombinasyonları arasında da yüksek benzerlik indeksi değerleri belirlenmiştir.

SSR analizlerinden elde edilen verilere göre Cavcava çeşidi ile öteki standart çeşitler arasında düşük bir benzerlik indeksinin olduğu dikkati çekmektedir. Bu çeşit ile en yüksek benzerlik indeksi değeri 0.61 ile Acı, en düşük benzerlik indeksi değeri 0.39 ile Kan çeşidi arasında belirlenmiştir. 'Kocakarı Fındığı' adıyla da bilinmekte ve daha çok Trabzon yöresinde yetiştirilmekte olan bu çeşidin kısa boylu zuruflara sahip olduğu bildirilmiştir (**Köksal, 2002; Demir, 2004**).

SSR analizleri sonuçlarına göre önemli fındık çeşitlerimizden Tombul ile en yakın benzerlik indeksi gösteren çeşidin 0.80 ile Mincane çeşidi olduğu belirlenmiştir. Bu iki çeşidin pomolojik özellikler bakımından da birbirine yakın olduğu tez çalışması kapsamında gözlenmiştir. Söz konusu çeşitlerin yağ ve protein

oranlarının yüksek, lezzetli ve beyazlanma oranlarının da yüksek olduğu önceki çalışmalarda bildirilmiştir (Ayfer ve ark., 1986; Köksal, 2002).

SSR analizleri sonucuna göre çalışma kapsamında incelenen ve Vangözü Havzası'ndan seçilen genotipler arasındaki kombinasyonlarda benzerlik indeksi değerleri en düşük 0.59 ve en yüksek 0.98 olarak belirlenmiştir. Bu bölgeden seçilen A-3 ile A-4 (1.00), A-3 ile A-5 (1.00), A-4 ile A-5 (1.00) genotipleri kullanılan primerlerle birbirlerinden ayırt edilememiştir. En yüksek benzerlik indeksi 0.98 ile A6 – A7 kombinasyonu arasında saptanırken, en düşük benzerlik indeksinin ise H1–A2 (0.58) kombinasyonları arasında olduğu tespit edilmiştir. Genel olarak Vangözü'nün kuzeyinden alınan genotipler kendi arasında; güneyinden alınan genotipler de kendi aralarında yakın benzerlik indeksi değerleri göstermişlerdir.

Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü genetik kaynaklar koleksiyonundan sağlanan 402, 501, 504 ve 609 no'lu genotipler kendi aralarında bir grup oluşturmuştur. Bu grup standart fındık çeşitlerinden 0.83 benzerlik oranı ile en çok Tömbul çeşidine yakın bulunmuştur.

4.2.2.3. Fındık Çeşit ve Genotiplerinin SSR Yöntemine Göre Soyağacı Analizleri

SSR analizleri sonucunda oluşturulan dendrogram Şekil 4.8'de görülmektedir. Oluşturulan dendrogramda tüm genotipler için benzerlik oranı 0.250 ile 0.983 arasında değişmektedir. SSR analizlerine dayanılarak elde edilen bu dendrogram ilk olarak 1 ve 2 şeklinde numaralandırılmış iki ana kola ayrılmıştır. 1 numaralı ana kol içerisinde *C.colurna* türüne ait dört genotip yer almıştır. *C.colurna* tipleri çalışmada kullanılan diğer tüm genotiplere %25 oranında yakın, yaklaşık olarak %75 oranında uzak bulunmuştur. *C.colurna* tipleri kendi aralarında iki kol oluşturmuş ve bu kollar arasındaki benzerlik oranı ise 0.580 olmuştur.

Türk Fındığı olarak da bilinen *C.colurna* türünün anavatanın Türkiye olduğu ve tipik olarak 22 metreye kadar boylanabilen ağaçlar meydana getirebilmesi ile tanındığı bildirilmiştir (Özbek, 1978). Pomolojik olarak küçük meyvelere ve farklı morfolojik özelliklere sahip bu tür, SSR sonuçlarına göre de çalışma kapsamındaki

öteki fındık genotiplerinden genetik yönden de belirgin bir şekilde farklılık göstermiştir.

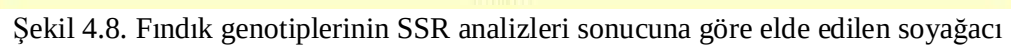
Dendogram üzerinde 2 şeklinde numaralandırılmış ana kol tekrar kendi içerisinde 2 alt gruba ayrılmıştır. Bu iki alt grup dendogram üzerinde 2.1 ve 2.2 şeklinde numaralandırılmıştır. Bu iki alt grup birbirine genetik olarak yaklaşık %28 oranında yakın bulunmuştur. 2.1 şeklinde numaralandırılmış alt grup içerisinde Ç1 ve Ç2 genotipleri yer almıştır.

SSR sonuçlarına göre kendi aralarındaki benzerlik indeksi değeri 0.50 olan ve deneme kapsamında Çorum ilinden alınan Ç1 ve Ç2 genotipleri ile SSR analizlerinde incelenen *C.columa* genotipleri arasındaki benzerlik indeksi 0.250 olarak belirlenmiştir. Ç1 ve Ç2 genotiplerinin *C.columa* tipleri dışındaki genotiplerle benzerlik oranı ise 0.280 olmuştur.

Dendogram üzerinde 2.2 şeklinde numaralandırılmış alt grup ise kendi içerisinde iki kola ayrılmıştır. Bu iki kol dendogram üzerinde 2.2.1 ve 2.2.2 şeklinde numaralandırılmıştır. Bu iki kol birbirlerine % 42 oranında yakın bulunmuştur.

Vangölü Havzası'ndan alınan fındık genotiplerinden G-2 dışındaki genotiplerin tamamı dendogram üzerindeki 2.2.1. nolu kolda toplanmıştır. Cavcava çeşidinin de bu kol üzerinde bulunması dikkati çekmektedir.

Çalışma kapsamında incelenen 15 adet standart çeşit ve 46 adet genotip 2.2.2 şeklinde numaralandırılmış grup içerisinde kümelenmiştir.



5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Kültür bitkilerinin tanımlanması ve sınıflandırılmasında olduğu gibi meyvecilik kültürünün gelişmesi ile birlikte çeşit tanımlama çalışmalarına da büyük önem verilmiştir. Çeşit tanımlama çalışmaları için başlangıçta morfolojik özelliklerden yararlanılmıştır. Morfolojik özelliklerin çevre şartlarından etkilenmeleri ve subjektif verilere dayalı olması gibi bazı sınırlayıcı faktörlerin etkisi altında olması yeni tanımlama yöntemlerinin geliştirilmesini zorunlu kılmıştır. Bu nedenle çeşitler hakkında daha ayrıntılı bilgiler elde etmek amacı ile biyokimyasal yöntemlerden de faydalanılmıştır. Günümüzde biyoteknoloji alanındaki gelişmelere paralel olarak bu tür tanımlama çalışmalarında moleküler markör teknikleri yaygın olarak kullanılmaya başlamıştır.

Bu araştırmada 80 fındık genotipinin 2005 ve 2006 yıllarındaki pomolojik ve morfolojik özellikleri 33 kriter kullanılarak ortaya konmuştur. Çalışma kapsamında moleküler tanımlama yöntemlerinden RAPD ve SSR markör teknikleri de kullanılarak fındık genotiplerinin genetik olarak parmak izleri çıkarılmış ve genetik benzerlik oranları belirlenmiştir. Bu amaçla RAPD çalışmalarında 80 adet, SSR analizlerinde ise 84 fındık genotipi kullanılmıştır.

Bu çalışma kapsamında ülkemizin çeşitli bölgelerinde yetismekte olan bazı fındık genotipleri ile standart fındık çeşitlerinin pomolojik ve morfolojik özellikleri incelenmiş ve elde edilen rakamsal veriler yardımı ile soyağacı analizleri ile değerlendirilmiştir. Aynı zamanda bu genotip ve çeşitler arasındaki genetik ilişkiler RAPD ve SSR primerleri yardımıyla belirlenmeye çalışılmıştır.

Araştırmadan elde edilen sonuçlar genel hatlarıyla aşağıda özetlenmiştir.

1. Çalışma kapsamında incelenen genotipler arasında, pomolojik ve morfolojik tanımlamalar kapsamında kullanılan 33 özelliğe göre geniş bir çeşitlilik saptanmıştır. Özellikle meyve uzunluğu, meyve yüksekliği, meyve ağırlığı, meyve genişliği, zuruf uzunluğu ve yaprak sapı tüylülüğü karakterleri en fazla çeşitlilik gösteren özellikler olarak belirlenmiştir.

2. Temel bileşen analizlerine göre, ilk üç bileşenin üzerinde çalışılan fındık genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği açıklamada %85'lik bir orana sahip olduğu belirlenmiştir. Elde edilen kümülatif varyans değerlerine göre 19 özellik genetik

çeşitliliğin açıklanmasında %99 oranında etkiye sahipken, toplam 25 özelliğten 20'sinin çalışmada kullanılan bireylere ait genetik çeşitliliği açıklamada %100 oranında etkili olduğu belirlenmiştir.

3. Pomolojik ve morfolojik veriler kullanılarak elde edilen soyağacı üzerinde genotipler 4 ana gruba ayrılmıştır. Bu gruplar da özellikle meyve uzunluğu, meyve ağırlığı ve meyve genişliği karakterlerine göre alt gruplara ayrılmıştır. Genel olarak büyük meyveli genotipler bir ana grup altında toplanırken, uzun meyveli genotipler de soy ağacı üzerinde yakın gruplar altında toplanmıştır.

4. Çalışmada kullanılan DNA'ların saflık derecelerinin spektrofotometre ölçüm değerlerine göre 1.6 ile 2.1 arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu sonuçlar ile çalışmada kullanılan DNA izolasyon yönteminin fındık genotipleri arasında yapılacak moleküler çalışmalar için uygun bir DNA izolasyon metodu olduğu söylenebilir.

5. Fındık genotiplerinin RAPD ve SSR teknikleri ile tanımlanmalarında kullanılacak polimorfizm oranı yüksek primerler belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan 100 adet RAPD primeri ile ön tarama işlemi gerçekleştirilmiş ve tarama çalışması sonucunda bu primerler içerisinde 31 tanesinin polimorfizm seviyeleri bakımından en uygun sonuçlar verdiği belirlenmiştir. Seçilen 25 SSR primerinin ön tarama çalışması sonucunda bu primerler içerisinde 18 tanesinin polimorfizm seviyeleri bakımından yüksek sonuçlar verdiği görülmüştür.

6. Çalışmada incelenen fındık genotipleri arasındaki genetik ilişki ve varyasyonun belirlenmesi amacıyla kullanılan RAPD ve SSR teknikleri ile birbirine uzak ve yakın olan fındık genotiplerinin ayrımları yapılabilmektedir.

En yüksek polimorfizm oranı %98 ile SSR tekniğinden elde edilirken; RAPD tekniğinden elde edilen polimorfizm oranı ise %80 olmuştur. SSR tekniğinde elde edilen toplam 118 adet allelin 115 tanesinin polimorfik olduğu belirlenirken, RAPD tekniğinde ise elde edilen toplam 213 banttan 171 tanesinin polimorfik olduğu saptanmıştır.

7. RAPD analizlerine göre benzerlik katsayıları bakımından en yüksek genetik benzerlik A6-A7 (0.980) kombinasyonları arasında bulunurken, bunu sırasıyla A4-A5 (0.973), H5-H6 (0.970), 501-504 (0.958) kombinasyonları izlemiştir.

En düşük genetik benzerlik katsayısı ise Ç1-Kalınkara (0.640) ve Ç1-212 kombinasyonu arasında saptanırken, bunu sırasıyla Ç2- Kalınkara (0.651) ve Ç2-G2 (0.655) kombinasyonu izlemiştir.

Standart fındık çeşitleri arasında en yüksek benzerlik indeksi 0.960 ile Uzunmusa – Kan kombinasyonu arasında saptanırken, en düşük benzerlik indeksinin ise Sivri – Çakıldak (0.81) kombinasyonları arasında olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca standart çeşitler içerisinde yer alan Uzunmusa – Palaz (0.934) ve Acı – Cavcava (0.932) kombinasyonları arasında da yüksek benzerlik indeksi değerleri belirlenmiştir.

8. SSR analizlerine göre benzerlik katsayıları bakımından en yüksek genetik benzerlik A6-A7 (0.983) kombinasyonları arasında bulunurken, bunu sırasıyla 302-308 (0.950), A1-A7 (0.933), Mincane-611 (0.931) kombinasyonları izlemiştir. En düşük genetik benzerlik katsayısı ise 402-*C.colurna* 1 (0.117) kombinasyonu arasında saptanırken, bunu sırasıyla *C.colurna* 1 - 207 (0.122) ve *C.colurna* 2 - 211 (0.125) kombinasyonu izlemiştir.

SSR analizlerine göre standart fındık çeşitleri arasında en yüksek benzerlik indeksi Tombul - Mincane (0.80) ve İncekara - Kuş (0.80) kombinasyonları arasında saptanırken, bunu Tombul - Palaz (0.79) kombinasyonu izlemiştir. En düşük benzerlik indeksinin ise Kan - Cavcava (0.39) ve Cavcava - Mincane (0.42) kombinasyonları arasında olduğu tespit edilmiştir.

9. Standart fındık çeşitleri, Giresun Fındık Araştırma Enstitüsü genetik kaynaklar parselinde bulunan genotipler ile Vangölü Havzası'ndan alınan fındık genotipleri, moleküler yöntemler ile elde edilen soy ağacı üzerinde birbirlerinden belirgin bir şekilde ayrılmışlardır. Bu sonuç genotiplerin sınıflandırılmasında genetik orjinlerinin önemli bir rol oynadığını göstermektedir.

10. Çalışmanın SSR analizleri kısmına dahil edilen *Corylus colurna* türüne ait genotipler, öteki çeşit ve genotiplerden belirgin bir şekilde ayrı bir kolda toplanmışlardır. Yine Çorum ilinden alınan Ç1 ve Ç2 nolu genotiplerin standart çeşitler ile *Corylus colurna* türü arasında olduğu belirlenmiştir. Bu genotiplerin *Corylus colurna* türüne yakın yabani formlar olduğu söylenebilir. Bu konuda daha detaylı çalışmaların yapılması önerilir.

Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar, fındık genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında, fındık genotiplerinin karakterizasyonunda ve gelecekte yapılacak ıslah programlarında ebeveyn seçiminde kullanılabilir.

Ayrıca ülkemizde fındığın yoğun olarak yetiştiriciliğinin yapıldığı Karadeniz bölgesinde önemli standart çeşitlerimizin sinonimlerinin olduğu ve bunun çeşit tanımlama çalışmalarında araştırmacılar için önemli bir kargaşa kaynağı olduğu bildirilmiştir (**Ayfer ve ark., 1986; Bostan, 1995**). Bu çalışmada kullanılan primer ve moleküler teknikler kullanılarak sinonim olduğu bildirilen çeşit ve genotipler arasındaki benzerlik ve farklılık oranları ortaya konulabilir.

Biyoteknoloji alanındaki gelişmelere paralel olarak fındık üzerinde şimdiye kadar yapılan çalışmalar incelendiğinde özellikle genotip tanımlama ve akrabalık ilişkilerinin araştırılması konusu üzerinde önemli gelişmeler olduğu görülmektedir. Ayrıca son dönemlerde genotiplerin özellikleri ile ilgili olan fonksiyonel genomların belirlenmesini amaçlayan çalışmalar önem kazanmaktadır. Bu özel genlere ilişkin bilgilere ulaşmak için yürütülen çalışmaların temelini genotip tanımlama çalışmalarının oluşturduğu unutulmamalıdır. Bu tez çalışması sonucunda elde edilen veriler, fındık genomu üzerindeki özel genlerin belirlenmesi çalışmalarında da kullanılabilir.

Fındık üzerinde bundan sonra yapılacak çalışmalarda fonksiyonel genomların tanımlanması üzerinde durulmalıdır. Bu amaçla fındık genotipleri üzerinde genetik haritalama ve QTL (Quantative Trait Loci) analizlerine öncelik verilmelidir. Bunun yanında EST (Expressed Sequence Tags) dizilerinin tanımlanması için uygulanan DNA mikroyarray ya da DNA mikroçip teknolojisi de kullanılmalıdır.

KAYNAKLAR

- ANONYMOUS, 2008a.** FAO Web Page (www.fao.org)
- ANONYMOUS, 2008b.** İstanbul İhracatçı Birlikleri Kayıtları, İstanbul.
- ARIKAN, F., 1960.** Giresun’da Yetiştirilen Önemli Fındık Çeşitlerinin Döllenme Biyolojisi Bakımından Hususiyetleri (Doktora Tezi). Giresun Bahçe Kùltürleri Araştırma İstasyonu Yayınları. No: 2, Giresun, 69 s.
- AYFER, M., UZUN, A. ve BAŞ, F., 1986.** Türk Fındık Çeşitleri. Karadeniz Bölgesi Fındık İhracatçılar Birliği Yayınları, Ankara, 95 s.
- BALTA, F., BALTA, F., and KARADENİZ, T., 1997.** The Evaluations on Preselection of the Hazelnut “Tombul” and “Palaz” Cultivars Grown in Çarşamba and Terme (Samsun) Districts. Proceeding of the Fourth International Symposium on Hazelnut. Acta Horticulturae, 445: 109-118.
- BARTOLOZZI, F., WARBURTON, M.L., ARULSEKAR, S. and GRADZIEL, T.M., 1998.** Genetic Characterization and Relatedness Among California Almond Cultivars and Breeding Lines Detected by Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Analysis. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 123 (3): 381-387.
- BASSIL, N.V. and AZARENKO, A.N., 2001.** RAPD Markers for Self-Incompatibility in *Corylus avellana* L. Acta Horticulturae 556, 537-543.
- BOCCACCI, P., AKKAK, A., BOTTA, R., 2006.** DNA Typing and Genetic Relations Among European Hazelnut (*Corylus avellana*) Cultivars Using Microsatellite Markers. Genome. 49. 598.
- BOSTAN, S. Z., 1995.** Tombul ve Kalınkara Fındık Çeşitlerinde Önemli Meyve Özellikleri Arasındaki İlişkilerin Path Analizi ile Belirlenmesi. Bahçe Dergisi, 24 (1-2): 53-60.
- , 1997.** Tombul, Palaz ve Sivri Çeşitlerinde Çotanaktaki Meyve Sayısı ile Diğer Bazı Özellikler Arasındaki İlişkilerin Belirlenmesi. Y.Y.Ü., Ziraat Fakùltesi, Tarım Bilimleri Dergisi, 7: 23-27.

- BOSTAN, S. Z. and İSLAM, A., 1999.** Some Nut Characteristics and Variation of These Characteristics within Hazelnut Cultivar Palaz. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 23 (4): 367 – 370.
- ÇALIŞKAN, T., ve ÇETİNER, E., 1992.** Bazı Fındık Çeşit ve Tiplerinde Karakterizasyon Çalışmaları. Fındık Araştırma Enstitüsü, Giresun.
- ÇALIŞKAN, T., 1995.** Fındık Çeşit Kataloğu. Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Tarımsal Üretim ve Geliştirme Genel Müdürlüğü Ankara.
- ÇETİNER, E., 1990.** Doğu Karadeniz Bölgesinde Fındık Üretiminin Sorunları Ve Verimliliği Artırma Yönünde Alınması Gerekli Önlemler. Doğu Karadeniz Bölgesinde Tarımsal Üretimin Verimlilik Sorunları sempozyumu, Ankara.
- DAVIS, J. W. and MEHLENBACHER, S. A., 1997.** Identification of RAPD Markers Linked to Eastern Filbert Blight Resistance in Hazelnut. Fourth Int. Symposium on Hazelnut, Eds. A.İ. Köksal, Y. Okay, N.T. Güneş, Acta Horticulturae 445, 553-556.
- DEMİR, T., 2004.** Türk Fındık Çeşitlerinin RAPD Markörleri ve Pomoljik Özellikleri ile Tanımlanarak Çeşitler Arındaki Akrabalık İlişkilerinin Belirlenmesi. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana, 207 s.
- DOĞAN, Y., 2006.** Bazı Ceviz (*Juglans regia* L.) Çeşit ve Genotiplerinin Moleküler Markör Teknikleri ile Karakterizasyonu, (Yüksek Lisans Tezi), Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilimdalı, Adana-Türkiye
- DOYLE, J.J., DOYLE, J.J., 1990.** Isolation of Plant DNA from Fresh Tissue. Focus. 12: 13 – 15.
- ERDOĞAN, V., and MEHLENBACHER, S.A., 2000.** Phylogenetic Relationships of *Corylus* Species (*Betulaceae*) Based on Nuclear Ribosomal DNA ITS Region and Chloroplast *matK* Gene Sequences. Systematic Botany (2000), 25 (4): 727-737.

- ERGÜL, A., 2000.** Asmalarda (*Vitis vinifera* L. cvs.) Genomik DNA Parmak İzi Analizi ile Moleküler Karakterizasyon. Ankara Üniv. Fen Bilimleri Ens. Doktora Tezi, 86 s.
- GALDERISI, U., CIPOLLARO, M., DI BERNARDO, G., DE MASI, L., GALANO, G. and CASCINO, A., 1999.** Identification of Hazelnut (*Corylus avellana*) Cultivars by RAPD Analysis. Plant Cell Reports 18: 652-655.
- GÖKIRMAK, T., MAHLENBACHER, S.A., BASSIL, N.V., 2004.** Investigation of Genetic Diversity Among European Hazelnut (*Corylus avellana*) Cultivars Using SSR Markers. VI. International Congress on Hazelnut. June14. 2004 Spain.
- GÖKIRMAK, T., MAHLENBACHER, S.A., BASSIL, N.V., 2008.** Characterization of European Hazelnut (*Corylus avellana*) Cultivars Using SSR Markers. Gent Resour Crop Evol. (doi:10.1007/s10722-088-9352-8)
- İSLAM, A., ve ÖZGÜVEN, A.I., 1997.** Türkiye’de Fındık Yetiştiriciliği. Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 12 (4): 165 – 174.
- İSLAM, A., 2000.** Ordu İli Merkez İlçede Yetiştirilen Fındık Çeşitlerinde Klon Seleksiyonu. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana, 192 s.
- **2003.** Clonal Selection in ‘Uzunmusa’ Hazelnut. Plant Breeding 122, 368-371.
- KAÇAR, Y.A., 2001.** Türkiye’de Yetiştirilen Önemli Kiraz (*Prunus avium* L.) ve Vişne (*Prunus cerasus* L.) Çeşit ve Tiplerinin DNA Parmakizi Yöntemi ile Sınıflandırılması. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana, 190 s.
- KAÇAR, Y.A., DEMİREL, A., TUZCU, Ö.,YEŞİLOĞLU, T., ULAŞ, M., YILDIRIM, B., 2005.** PreliminaryResults on Fingerprinting Lemon genotypes Tolerant to Mal Secco (*Phoma tracheipfhila*) Disease by RAPD Markers. Biologia, Bratislava 60 (3):295-300

- KARADENİZ, T., BALTA, F., CANGI, R., and ÇELİK, F., 1997.** Hazelnut Fruit Characteristics which are Grown at Van Lake and Hizan. Proceeding of the Fourth International Symposium on Hazelnut. Acta Horticulturae, 445: 91 – 99.
- KÖKSAL, A. İ., 2002.** Türk Fındık Çeşitleri.
- LUNDE, C.F., MEHLENBACHER, S.A. and SMITH, D.C., 2000.** Survey of Hazelnut Cultivars for Response to Eastern Filbert Blight Inoculation. HortScience 35 (4): 729-731.
- MEHLENBACHER, S. A., and MILLER, A.N., 1989.** “Barcelona” Hazelnut. Fruit Varieties Journal 43(3): 90 – 95.
- MEHLENBACHER, S. A., 1991.** Hazelnuts (*Corylus*). Genetic Resources of Temperate Fruit and Nut Crops. Acta Horticulturae 290: 791-836.
- MEHLENBACHER, S. A., BROWN, R.N., NOUHRA, E.R., GÖKIRMAK, T., BASSIL, N.V. and KUSIAK, T.L., 2006.** A Genetic Linkage Map For Hazelnut (*Corylus avellana*) Based on RAPD and SSR Markers. Genome; Feb 2006; 49,2.
- MEREDITH, C.P., 2000.** Grapevine Genetics: Probing the Past and Facing the Future. International Conference Prospects for Viticulture and Enology, Zagreb, Croatia.
- MIAJA, M.L., VALLANIA, R., ME, C., AKKAK, A., NASSI, O. and LEPORI, G., 2001.** Varietal Characterization in Hazelnut by RAPD Markers. Proc. V Int. Congress on Hazelnut Ed: S. A. Mehlenbacher Acta Horticulturae 556, 247-250.
- NAS, M.N., MUTLU, N., READ, P.E., 2003.** Random Amplified DNA (RAPD) Analysis of Long-Term Cultured Hybrid Hazelnut. Hortscience, 2004. vol 39, pp 1079-1082.
- OKAY, A.N., 1988.** Melezleme Yoluyla Fındık Islahı Çalışmaları (Ara Sonuç Raporu). Tarım Orman ve Köy İşleri Bakanlığı, Proje ve Uygulama Genel Müdürlüğü, Fındık Araştırma Enstitüsü Yayınları, No:17, Giresun, 29 s.

- OKAY, A.N., KAYA, A., KÜÇÜK, V.Y., ve KÜÇÜK A., 1986.** Fındık Tarımı. TKB, Teşkilatlanma ve Destekleme Genel Müd., Yayın No: Genel 142, Tedgem 12, Ankara, 85 s.
- ÖZBEK, S., 1978.** Özel Meyvecilik (Kışın Yaprığını Döken Meyve Türleri). Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, 486 s.
- ÖZCAN. S., GÜREL. E.,BABAOĞLU, M., 2001.** Bitki Biyoteknolojisi II. Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları, ISBN: 975-6652-05-5
- POMPER, K.W., AZARENKO, A.N., DAVIS, J.W. and MEHLENBACHER, S.A., 1996.** Identification of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers for Self-Incompatibility Alleles in Hazelnut. HortScience 31 (4), August 1996.
- RADICATI, L., BOTTA, R., VERGANO, G., and AKKAK, A., 1997.** DNA Characterisation of *Corylus* Seedlings and Their Evaluation as Rootstocks for Hazelnut. Fourth Int. Sym. Hazelnut Eds. A.İ. Köksal, Y. Okay, N.T. Güne. Acta Horticulturae 445, 423-432.
- RAJAPAKSE, S. and BALLARD, R.E., 1997.** Cultivar Identification Using Molecular Methods. Biotechnology of Ornamental Plants. 1997 CAB International.
- ROMERO, A., TOUS, J., PLANA, J., DÍAZ, I., BOATELLA, J., GARCÍA, J., and LÓPEZ, A., 1997.** Commercial Quality Characterization of Spanish “Negret” Cultivar. Proceeding of the Fourth International Symposium on Hazelnut. Acta Horticulturae, 445: 157 – 163.
- ROVIRA, M., ALETA, N., GERMAIN, E. and ARUS, P., 1993.** Inheritance and Linkage Relationships of Ten Isozyme Genes in Hazelnut. Theor. Appl. Genet. (1993) 86: 322-328.
- SABIR, A., 2008.** Bazı Üzüm Çeşit ve Anaçlarının Ampelografik ve Moleküler Karakterizasyonu. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana, 154 s.
- SOLAR, A., and STAMPAR, F., 1997.** First Experiences with Some Foreign Hazelnut Cultivars (*Corylus avellana* L.) in Slovenia. Proceeding of the

- Fourth International Symposium on Hazelnut. Acta Horticulturae, 445: 83 – 89.
- SOLAR, A., STAMPAR, F. and USENIK, V., 1997.** Identification of Some Hazelnut Cultivars (*Corylus avellana* L.) with Isozyme Analysis. Acta Horticulturae 445, 21-29.
- STAUB, J.E., SERQUEN, F.C. and GUPTA, M., 1996.** Genetic Markers, Map Construction and Their Application in Plant Breeding. HortScience 31 (5): 729-740.
- THOMPSON, M. M., 1982.** Breeding for Filbert Varieties Suitable for Shelling. Proc. Nut Growers Soc. OR, WA, and BC. 67: 35-42.
- THOMPSON, M. M., LAGERSTEDT, H.B., and MEHLENBACHER, S. A., 1996.** Fruit breeding. Vol III, p: 125 – 184.
- TODOROVIC, T., 1989.** Investigation of filbert (*Corylus* L.) isozymes. Adv. Hort. Sci. 3 (1989):38-39
- VALENTINI, N., MARINOMI, D., ME, G. and BOTTA, R., 2001.** Evaluation of ‘Tonda Gentile Delle Langhe’ Clones. Proc. V Int. Congress on Hazelnut Ed: S. A. Mehlenbacher Acta Horticulturae 556, 209-218.
- WEEDEN, N. F., 1993.** Chromosomal Organisation and Gene Mapping. In: Murray D.R. (eds.: Advanced Methods in Plant Breeding and Biotechnology, Biotechnology in Agriculture No: 4, C.A.B. International, U.K. p. 23-49.
- WILLIAMS, J.G.K., KUBELIK, A.R., LIVAK, K.J., RAFALSKI, J.A. and TINGEY, S.V., 1990.** DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. Nuc. Acids Res., 18: 6531 – 6535.
- YAO , Q., and MEHLENBACHER, S. A., 2000.** Heritability, Variance Components and Correlation of Morphological and Phenological Traits in Hazelnut. Plant Breeding 119, 369- 381.
- YILDIRIM, A. ve KANDEMIR, N., 2001.** Genetik Markörler ve Analiz Metodları. Bitki Biyoteknolojisi II – Genetik Mühendisliği ve

Uygulamaları, Ed: Özcan S, Gürel E, Babaoğlu M., Selçuk Üniversitesi
Basımevi.

YILMAZ, K.U., 2008. Bazı Yerli Kayısı Genotiplerinin Fenolojik, Morfolojik
Ve Pomolojik Özellikleri İle Genetik İlişkilerinin Ve Kendine
Uyuşmazlık Durumlarının Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi.
Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana,
342 s.

ÖZGEÇMİŞ

1975 yılında Bitlis ilinin Adilcevaz ilçesinde doğdu. 1993 yılında Van Vangölü Anadolu Lisesi'nden mezun oldu. 1994 yılında girmiş olduğu Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nden 1998 yılında Ziraat Mühendisi olarak mezun oldu. Aynı yıl Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri anabilim dalında yüksek lisans öğrenimine başladı. 1999 yılında Ordu Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'ne araştırma görevlisi olarak atandı. 2002 yılında tamamladığı yüksek lisans öğretiminin ardından doktora eğitimi için Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'ne naklen atandı. Halen aynı bölümde doktora çalışmalarına devam etmektedir.

Ek - 1

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75 76 77 78 79 80

1 1.00
2 0.91 1.00
3 0.83 0.89 1.00
4 0.85 0.86 0.84 1.00
5 0.90 0.89 0.84 0.88 1.00
6 0.88 0.93 0.89 0.90 0.88 1.00
7 0.87 0.90 0.86 0.86 0.87 0.91 1.00
8 0.84 0.86 0.86 0.86 0.86 0.88 0.88 1.00
9 0.85 0.91 0.87 0.87 0.88 0.96 0.87 0.85 1.00
10 0.84 0.90 0.86 0.84 0.89 0.87 0.86 0.87 0.86 1.00
11 0.84 0.89 0.87 0.86 0.88 0.89 0.85 0.85 0.88 0.92 1.00
12 0.87 0.86 0.81 0.87 0.89 0.88 0.84 0.89 0.85 0.85 0.86 1.00
13 0.86 0.87 0.84 0.86 0.88 0.87 0.85 0.85 0.87 0.87 0.87 0.90 1.00
14 0.85 0.87 0.83 0.84 0.84 0.87 0.93 0.87 0.83 0.83 0.84 0.87 0.84 1.00
15 0.85 0.86 0.83 0.81 0.85 0.85 0.82 0.85 0.84 0.84 0.85 0.83 0.85 0.84 1.00
16 0.87 0.88 0.86 0.85 0.88 0.89 0.85 0.86 0.87 0.85 0.87 0.87 0.86 0.86 0.86 1.00
17 0.87 0.89 0.85 0.85 0.89 0.88 0.85 0.85 0.87 0.86 0.86 0.86 0.86 0.84 0.83 0.88 1.00
18 0.86 0.88 0.86 0.85 0.91 0.88 0.86 0.86 0.86 0.89 0.89 0.87 0.88 0.86 0.85 0.88 0.91 1.00
19 0.87 0.86 0.83 0.86 0.88 0.88 0.87 0.84 0.86 0.85 0.86 0.90 0.90 0.85 0.81 0.86 0.86 0.87 1.00
20 0.85 0.84 0.80 0.81 0.83 0.85 0.81 0.80 0.84 0.83 0.84 0.83 0.83 0.79 0.80 0.84 0.85 0.83 0.87 1.00
21 0.87 0.87 0.81 0.83 0.84 0.87 0.81 0.81 0.86 0.84 0.85 0.85 0.85 0.82 0.81 0.84 0.86 0.85 0.86 0.90 1.00
22 0.91 0.89 0.85 0.86 0.87 0.87 0.86 0.85 0.85 0.88 0.87 0.87 0.88 0.85 0.83 0.86 0.88 0.88 0.88 0.84 0.91 1.00
23 0.84 0.86 0.83 0.88 0.84 0.88 0.82 0.82 0.85 0.83 0.86 0.87 0.86 0.83 0.81 0.85 0.87 0.85 0.86 0.84 0.87 0.87 1.00
24 0.86 0.90 0.84 0.88 0.87 0.90 0.87 0.84 0.89 0.87 0.88 0.82 0.86 0.85 0.83 0.87 0.86 0.89 0.85 0.82 0.81 0.86 0.87 1.00
25 0.88 0.87 0.84 0.86 0.87 0.88 0.85 0.83 0.86 0.86 0.85 0.85 0.87 0.83 0.83 0.89 0.88 0.88 0.88 0.85 0.86 0.91 0.86 0.89 1.00
26 0.87 0.86 0.84 0.85 0.84 0.86 0.86 0.83 0.85 0.85 0.87 0.87 0.89 0.86 0.83 0.88 0.85 0.86 0.86 0.83 0.86 0.90 0.87 0.86 0.89 1.00
27 0.82 0.86 0.82 0.84 0.85 0.85 0.82 0.82 0.84 0.81 0.83 0.83 0.82 0.81 0.82 0.83 0.81 0.85 0.83 0.79 0.79 0.82 0.81 0.84 0.85 0.80 1.00
28 0.81 0.87 0.82 0.84 0.85 0.87 0.83 0.81 0.84 0.88 0.86 0.84 0.86 0.82 0.83 0.85 0.85 0.87 0.85 0.84 0.85 0.86 0.86 0.87 0.87 0.87 0.81 1.00
29 0.88 0.87 0.84 0.86 0.87 0.87 0.85 0.84 0.85 0.85 0.86 0.85 0.86 0.85 0.83 0.89 0.88 0.87 0.86 0.83 0.85 0.91 0.87 0.88 0.93 0.90 0.82 0.86 1.00
30 0.87 0.89 0.86 0.86 0.87 0.88 0.87 0.85 0.86 0.83 0.85 0.84 0.87 0.86 0.85 0.89 0.87 0.89 0.87 0.83 0.84 0.88 0.87 0.88 0.89 0.89 0.84 0.86 0.92 1.00
31 0.85 0.88 0.83 0.85 0.84 0.86 0.86 0.85 0.85 0.83 0.84 0.82 0.83 0.85 0.86 0.84 0.84 0.84 0.83 0.81 0.83 0.87 0.85 0.85 0.85 0.87 0.85 0.85 0.88 0.89 1.00
32 0.87 0.91 0.86 0.83 0.85 0.89 0.86 0.84 0.87 0.87 0.86 0.83 0.86 0.85 0.86 0.89 0.85 0.85 0.85 0.83 0.86 0.87 0.84 0.86 0.89 0.87 0.84 0.85 0.89 0.90 0.88 1.00
33 0.87 0.87 0.83 0.83 0.83 0.85 0.86 0.85 0.82 0.83 0.84 0.82 0.83 0.85 0.82 0.82 0.88 0.84 0.82 0.81 0.85 0.90 0.84 0.84 0.84 0.84 0.80 0.82 0.86 0.84 0.87 0.85 1.00
34 0.91 0.88 0.85 0.86 0.87 0.88 0.86 0.83 0.85 0.82 0.85 0.88 0.88 0.85 0.83 0.87 0.88 0.87 0.91 0.86 0.89 0.90 0.87 0.86 0.90 0.89 0.83 0.85 0.90 0.89 0.85 0.89 0.87 1.00
35 0.89 0.90 0.85 0.86 0.86 0.89 0.87 0.83 0.85 0.85 0.85 0.84 0.85 0.85 0.85 0.86 0.85 0.86 0.88 0.87 0.86 0.88 0.85 0.87 0.87 0.87 0.83 0.87 0.88 0.88 0.88 0.84 0.90 1.00
36 0.84 0.86 0.83 0.87 0.84 0.86 0.84 0.83 0.83 0.84 0.83 0.85 0.82 0.84 0.84 0.81 0.83 0.87 0.83 0.84 0.84 0.84 0.84 0.85 0.84 0.86 0.82 0.84 0.83 0.85 0.85 0.86 0.83 0.87 0.89 1.00
37 0.88 0.86 0.82 0.86 0.87 0.87 0.87 0.83 0.87 0.86 0.89 0.88 0.87 0.82 0.84 0.86 0.86 0.90 0.85 0.87 0.90 0.86 0.86 0.87 0.89 0.81 0.87 0.87 0.85 0.86 0.86 0.88 0.91 0.88 0.90 1.00
38 0.88 0.89 0.84 0.87 0.87 0.86 0.86 0.85 0.84 0.86 0.88 0.87 0.87 0.84 0.81 0.85 0.87 0.88 0.85 0.79 0.85 0.90 0.87 0.88 0.87 0.89 0.86 0.87 0.89 0.86 0.86 0.87 0.90 0.87 0.86 0.89 1.00
39 0.84 0.84 0.81 0.85 0.81 0.84 0.83 0.81 0.83 0.82 0.85 0.83 0.86 0.84 0.84 0.81 0.83 0.84 0.86 0.83 0.88 0.88 0.84 0.82 0.84 0.89 0.80 0.82 0.85 0.87 0.86 0.85 0.86 0.88 0.87 0.88 0.85 0.86 1.00
40 0.86 0.86 0.81 0.87 0.86 0.85 0.84 0.82 0.83 0.84 0.85 0.83 0.84 0.84 0.80 0.85 0.85 0.85 0.88 0.83 0.85 0.88 0.86 0.88 0.87 0.86 0.82 0.82 0.88 0.90 0.85 0.87 0.84 0.89 0.86 0.87 0.85 0.86 0.90 1.00
41 0.84 0.85 0.82 0.85 0.82 0.87 0.85 0.84 0.84 0.80 0.82 0.81 0.83 0.84 0.82 0.85 0.82 0.81 0.83 0.79 0.80 0.83 0.83 0.86 0.86 0.86 0.80 0.83 0.88 0.87 0.86 0.86 0.82 0.85 0.85 0.82 0.82 0.83 0.82 0.87 1.00
42 0.89 0.89 0.85 0.90 0.87 0.89 0.87 0.86 0.86 0.85 0.86 0.84 0.86 0.87 0.84 0.86 0.86 0.85 0.87 0.83 0.85 0.88 0.85 0.88 0.87 0.88 0.83 0.84 0.89 0.87 0.89 0.89 0.86 0.89 0.91 0.87 0.88 0.85 0.85 0.87 0.90 1.00
43 0.90 0.87 0.83 0.86 0.88 0.87 0.85 0.85 0.84 0.85 0.86 0.88 0.87 0.86 0.85 0.88 0.88 0.87 0.86 0.85 0.88 0.87 0.86 0.85 0.88 0.87 0.88 0.88 0.86 0.89 0.89 0.85 0.89 0.87 0.86 0.88 0.88 0.92 1.00
44 0.85 0.86 0.81 0.85 0.82 0.86 0.82 0.82 0.84 0.81 0.84 0.81 0.84 0.83 0.83 0.82 0.84 0.82 0.86 0.83 0.82 0.82 0.83 0.87 0.87 0.83 0.83 0.82 0.83 0.83 0.85 0.83 0.83 0.84 0.86 0.86 0.84 0.82 0.84 0.85 0.85 0.88 0.87 1.00
45 0.92 0.90 0.84 0.87 0.89 0.89 0.87 0.87 0.87 0.88 0.88 0.86 0.85 0.87 0.86 0.86 0.92 0.84 0.85 0.88 0.85 0.88 0.88 0.88 0.81 0.84 0.87 0.87 0.85 0.87 0.85 0.90 0.88 0.86 0.88 0.86 0.85 0.88 0.87 0.91 0.92 0.89 1.00
46 0.84 0.86 0.84 0.84 0.87 0.85 0.86 0.86 0.82 0.83 0.85 0.86 0.85 0.86 0.81 0.85 0.85 0.86 0.85 0.78 0.78 0.82 0.84 0.86 0.83 0.82 0.81 0.82 0.83 0.85 0.82 0.83 0.82 0.84 0.83 0.81 0.84 0.84 0.80 0.85 0.83 0.85 0.87 0.83 0.90 1.00
47 0.94 0.91 0.86 0.88 0.90 0.90 0.88 0.87 0.87 0.87 0.88 0.89 0.88 0.87 0.84 0.90 0.89 0.88 0.92 0.86 0.86 0.89 0.87 0.89 0.90 0.88 0.83 0.85 0.89 0.86 0.89 0.86 0.91 0.94 0.89 0.96 0.91 1.00
48 0.88 0.88 0.85 0.86 0.87 0.89 0.87 0.87 0.86 0.86 0.84 0.85 0.86 0.85 0.83 0.88 0.88 0.87 0.87 0.83 0.82 0.86 0.84 0.90 0.92 0.86 0.81 0.84 0.92 0.89 0.86 0.88 0.85 0.88 0.86 0.84 0.86 0.85 0.83 0.87 0.88 0.89 0.89 0.87 0.89 0.87 0.92 1.00
49 0.86 0.86 0.83 0.85 0.86 0.86 0.86 0.83 0.82 0.84 0.84 0.81 0.85 0.85 0.82 0.85 0.84 0.86 0.84 0.80 0.80 0.85 0.83 0.86 0.86 0.84 0.80 0.81 0.85 0.86 0.84 0.84 0.82 0.83 0.83 0.80 0.82 0.83 0.81 0.85 0.86 0.88 0.85 0.86 0.88 0.88 0.89 0.88 1.00
50 0.89 0.87 0.83 0.87 0.87 0.88 0.85 0.84 0.86 0.86 0.87 0.86 0.86 0.85 0.85 0.88 0.86 0.87 0.87 0.84 0.84 0.88 0.86 0.88 0.89 0.86 0.83 0.84 0.88 0.87 0.85 0.87 0.83 0.87 0.89 0.85 0.85 0.85 0.86 0.88 0.88 0.91 0.94 0.87 0.92 0.87 0.92 0.90 0.87 1.00
51 0.80 0.83 0.79 0.83 0.80 0.83 0.80 0.83 0.81 0.80 0.81 0.81 0.81 0.81 0.79 0.83 0.81 0.80 0.82 0.81 0.80 0.81 0.81 0.83 0.84 0.81 0.79 0.82 0.82 0.80 0.80 0.81 0.80 0.81 0.82 0.81 0.80 0.81 0.80 0.83 0.87 0.84 0.86 0.87 0.85 0.83 0.85 0.85 0.83 0.86 1.00
52 0.85 0.85 0.82 0.84 0.83 0.89 0.85 0.82 0.86 0.83 0.84 0.84 0.84 0.83 0.82 0.84 0.85 0.84 0.86 0.84 0.84 0.83 0.83 0.86 0.84 0.85 0.77 0.85 0.83 0.84 0.82 0.83 0.82 0.84 0.86 0.82 0.84 0.82 0.82 0.84 0.86 0.86 0.88 0.85 0.88 0.86 0.89 0.87 0.86 0.87 0.83 1.00
53 0.89 0.88 0.84 0.84 0.86 0.88 0.86 0.82 0.85 0.85 0.86 0.84 0.85 0.86 0.83 0.87 0.85 0.87 0.88 0.87 0.88 0.88 0.84 0.87 0.87 0.87 0.81 0.85 0.85 0.87 0.84 0.88 0.84 0.88 0.88 0.84 0.86 0.84 0.86 0.88 0.85 0.88 0.88 0.88 0.90 0.85 0.92 0.87 0.86 0.88 0.83 0.87 1.00
54 0.91 0.90 0.85 0.89 0.88 0.91 0.88 0.85 0.88 0.85 0.87 0.88 0.88 0.87 0.85 0.87 0.89 0.88 0.92 0.85 0.86 0.90 0.87 0.89 0.90 0.90 0.84 0.87 0.90 0.91 0.88 0.87 0.85 0.91 0.89 0.86 0.90 0.88 0.86 0.88 0.89 0.91 0.92 0.88 0.95 0.89 0.94 0.91 0.89 0.92 0.85 0.90 0.90 1.00
55 0.90 0.89 0.86 0.87 0.86 0.89 0.86 0.86 0.86 0.84 0.84 0.85 0.84 0.86 0.84 0.87 0.84 0.86 0.88 0.85 0.83 0.87 0.85 0.90 0.89 0.87 0.85 0.82 0.88 0.89 0.88 0.87 0.85 0.88 0.88 0.85 0.86 0.85 0.84 0.87 0.88 0.89 0.88 0.88 0.91 0.85 0.91 0.90 0.88 0.91 0.85 0.87 0.88 0.92 1.00
56 0.87 0.85 0.82 0.85 0.85 0.85 0.84 0.81 0.82 0.81 0.83 0.86 0.84 0.82 0.84 0.83 0.84 0.85 0.88 0.83 0.84 0.86 0.83 0.82 0.85 0.85 0.82 0.83 0.85 0.85 0.84 0.83 0.84 0.88 0.84 0.85 0.84 0.83 0.85 0.86 0.83 0.85 0.88 0.83 0.90 0.86 0.88 0.87 0.82 0.88 0.81 0.85 0.87 0.91 0.86 1.00
57 0.87 0.88 0.84 0.86 0.84 0.89 0.84 0.84 0.87 0.81 0.84 0.84 0.86 0.84 0.86 0.86 0.85 0.84 0.87 0.86 0.84 0.83 0.83 0.87 0.85 0.88 0.80 0.83 0.85 0.87 0.85 0.86 0.82 0.86 0.89 0.87 0.84 0.82 0.87 0.86 0.89 0.92 0.89 0.90 0.91 0.85 0.90 0.89 0.86 0.91 0.85 0.90 0.89 0.91 0.90 0.84 1.00
58 0.88 0.90 0.85 0.87 0.86 0.93 0.86 0.86 0.90 0.84 0.87 0.88 0.85 0.87 0.85 0.87 0.87 0.86 0.87 0.84 0.86 0.85 0.87 0.86 0.85 0.86 0.81 0.850.85 0.87 0.86 0.88 0.86 0.89 0.89 0.86 0.88 0.86 0.87 0.86 0.87 0.90 0.89 0.87 0.90 0.87 0.91 0.89 0.84 0.88 0.83 0.89 0.87 0.91 0.87 0.87 0.90 1.00
59 0.86 0.86 0.85 0.84 0.83 0.85 0.86 0.83 0.84 0.82 0.82 0.82 0.85 0.84 0.83 0.83 0.86 0.84 0.87 0.85 0.84 0.85 0.83 0.84 0.87 0.86 0.82 0.84 0.86 0.88 0.87 0.86 0.83 0.87 0.88 0.86 0.85 0.84 0.85 0.86 0.86 0.90 0.89 0.88 0.89 0.86 0.89 0.88 0.84 0.89 0.84 0.88 0.87 0.91 0.88 0.88 0.91 0.88 1.00
60 0.91 0.87 0.84 0.86 0.87 0.88 0.84 0.83 0.85 0.81 0.83 0.87 0.86 0.84 0.83 0.84 0.86 0.85 0.91 0.85 0.87 0.88 0.86 0.84 0.89 0.86 0.83 0.83 0.85 0.87 0.84 0.85 0.84 0.90 0.88 0.85 0.87 0.85 0.85 0.87 0.85 0.89 0.90 0.89 0.94 0.88 0.93 0.88 0.85 0.88 0.84 0.87 0.89 0.93 0.89 0.90 0.89 0.91 0.91 1.00
61 0.84 0.82 0.79 0.81 0.85 0.80 0.80 0.81 0.81 0.80 0.83 0.82 0.85 0.79 0.80 0.83 0.80 0.83 0.85 0.81 0.81 0.82 0.83 0.82 0.81 0.86 0.79 0.80 0.85 0.84 0.82 0.82 0.79 0.85 0.84 0.83 0.82 0.83 0.83 0.85 0.82 0.83 0.83 0.80 0.84 0.78 0.82 0.84 0.84 0.84 0.83 0.86 0.84 0.87 0.86 1.00
62 0.83 0.79 0.77 0.80 0.81 0.80 0.79 0.81 0.78 0.81 0.79 0.82 0.82 0.80 0.80 0.82 0.81 0.82 0.82 0.79 0.80 0.85 0.80 0.81 0.82 0.84 0.78 0.80 0.85 0.82 0.81 0.80 0.81 0.82 0.80 0.81 0.82 0.81 0.82 0.84 0.83 0.83 0.85 0.80 0.85 0.79 0.86 0.83 0.79 0.84 0.77 0.82 0.81 0.84 0.85 0.84 0.83 0.81 0.85 0.83 0.86 1.00
63 0.77 0.78 0.78 0.79 0.76 0.80 0.79 0.83 0.77 0.78 0.80 0.80 0.78 0.79 0.81 0.79 0.77 0.79 0.80 0.79 0.79 0.81 0.78 0.80 0.80 0.81 0.77 0.80 0.79 0.80 0.81 0.81 0.81 0.78 0.80 0.82 0.81 0.79 0.83 0.80 0.77 0.82 0.80 0.81 0.80 0.77 0.80 0.80 0.77 0.79 0.75 0.79 0.81 0.80 0.79 0.80 0.81 0.80 0.82 0.79 0.81 0.82 1.00
64 0.85 0.81 0.77 0.83 0.83 0.81 0.78 0.82 0.80 0.81 0.81 0.81 0.83 0.78 0.80 0.83 0.83 0.82 0.82 0.80 0.81 0.85 0.82 0.84 0.84 0.85 0.79 0.80 0.86 0.83 0.83 0.81 0.81 0.84 0.82 0.83 0.83 0.84 0.84 0.86 0.82 0.83 0.86 0.82 0.85 0.79 0.87 0.85 0.80 0.84 0.78 0.80 0.80 0.85 0.85 0.82 0.83 0.83 0.84 0.84 0.86 0.92 0.84 1.00
65 0.83 0.82 0.80 0.81 0.80 0.80 0.81 0.83 0.78 0.79 0.80 0.81 0.81 0.81 0.83 0.84 0.83 0.81 0.83 0.81 0.82 0.85 0.82 0.80 0.84 0.84 0.79 0.78 0.84 0.85 0.87 0.85 0.84 0.84 0.83 0.81 0.87 0.86 0.82 0.85 0.86 0.84 0.85 0.79 0.86 0.84 0.80 0.83 0.80 0.80 0.84 0.85 0.85 0.85 0.84 0.83 0.87 0.85 0.84 0.87 0.86 0.90 1.00
66 0.86 0.83 0.82 0.81 0.80 0.82 0.81 0.82 0.79 0.80 0.83 0.82 0.83 0.82 0.83 0.84 0.83 0.82 0.84 0.82 0.84 0.88 0.82 0.81 0.85 0.87 0.79 0.80 0.86 0.86 0.85 0.85 0.83 0.86 0.84 0.84 0.84 0.83 0.87 0.85 0.82 0.84 0.87 0.84 0.86 0.80 0.87 0.83 0.82 0.84 0.79 0.82 0.85 0.87 0.85 0.85 0.83 0.83 0.87 0.87 0.85 0.88 0.85 0.90 0.94 1.00
67 0.85 0.83 0.82 0.81 0.79 0.82 0.80 0.83 0.80 0.80 0.82 0.81 0.83 0.80 0.83 0.83 0.82 0.81 0.83 0.82 0.85 0.86 0.82 0.81 0.84 0.85 0.78 0.78 0.85 0.85 0.84 0.84 0.82 0.84 0.83 0.83 0.83 0.81 0.86 0.83 0.82 0.84 0.86 0.83 0.85 0.79 0.86 0.83 0.80 0.83 0.78 0.82 0.85 0.86 0.86 0.85 0.84 0.83 0.87 0.86 0.84 0.89 0.85 0.89 0.92 0.97 1.00
68 0.84 0.82 0.81 0.81 0.79 0.80 0.79 0.83 0.78 0.81 0.81 0.81 0.81 0.84 0.79 0.81 0.82 0.81 0.82 0.84 0.81 0.82 0.87 0.82 0.82 0.82 0.86 0.78 0.78 0.84 0.84 0.82 0.82 0.83 0.83 0.84 0.84 0.83 0.83 0.86 0.85 0.82 0.85 0.84 0.83 0.84 0.80 0.85 0.83 0.81 0.84 0.78 0.81 0.84 0.84 0.85 0.84 0.84 0.81 0.86 0.84 0.85 0.88 0.86 0.91 0.92 0.92 0.92 1.00
69 0.80 0.80 0.78 0.79 0.78 0.78 0.79 0.80 0.76 0.80 0.80 0.79 0.81 0.81 0.80 0.82 0.80 0.80 0.80 0.80 0.79 0.84 0.80 0.80 0.82 0.84 0.76 0.78 0.84 0.83 0.81 0.80 0.82 0.80 0.83 0.82 0.81 0.80 0.82 0.83 0.83 0.84 0.8

1.3

1 000
2 0.79 1.00
3 0.75 0.72 1.00
4 0.64 0.57 0.57 1.00
5 0.80 0.66 0.63 0.69 1.00
6 0.72 0.72 0.72 0.71 0.66 1.00
7 0.50 0.54 0.54 0.47 0.42 0.59 1.00
8 0.66 0.59 0.66 0.53 0.56 0.74 0.60 1.00
9 0.70 0.70 0.73 0.58 0.67 0.73 0.39 0.56 1.00
10 0.64 0.67 0.67 0.59 0.69 0.64 0.47 0.57 0.61 1.00
11 0.75 0.79 0.68 0.60 0.66 0.75 0.58 0.59 0.66 0.78 1.00
12 0.65 0.51 0.55 0.60 0.63 0.62 0.45 0.62 0.63 0.46 0.58 1.00
13 0.76 0.73 0.66 0.55 0.67 0.70 0.60 0.67 0.67 0.65 0.80 0.76 1.00
14 0.54 0.57 0.54 0.42 0.51 0.64 0.61 0.65 0.58 0.49 0.54 0.64 0.75 1.00
15 0.60 0.49 0.52 0.50 0.53 0.52 0.60 0.57 0.46 0.43 0.52 0.52 0.54 0.48 1.00
16 0.72 0.69 0.65 0.49 0.62 0.61 0.56 0.66 0.59 0.60 0.69 0.61 0.77 0.57 0.60 1.00
17 0.66 0.77 0.59 0.47 0.64 0.59 0.38 0.49 0.71 0.58 0.63 0.52 0.67 0.51 0.42 0.59 1.00
18 0.62 0.59 0.55 0.57 0.60 0.59 0.36 0.48 0.64 0.50 0.55 0.66 0.60 0.50 0.61 0.58 0.67 1.00
19 0.74 0.62 0.66 0.42 0.64 0.59 0.37 0.56 0.67 0.50 0.55 0.59 0.64 0.54 0.48 0.66 0.60 0.56 1.00
20 0.64 0.60 0.57 0.51 0.61 0.60 0.52 0.46 0.61 0.51 0.57 0.46 0.62 0.52 0.43 0.52 0.65 0.50 0.53 1.00
21 0.61 0.57 0.54 0.52 0.55 0.61 0.50 0.43 0.58 0.45 0.54 0.44 0.59 0.56 0.40 0.50 0.58 0.47 0.50 0.91 1.00
22 0.66 0.60 0.66 0.49 0.58 0.63 0.38 0.57 0.61 0.49 0.53 0.50 0.58 0.53 0.44 0.53 0.54 0.50 0.54 0.59 0.59 1.00
23 0.62 0.55 0.62 0.57 0.63 0.62 0.38 0.51 0.63 0.50 0.55 0.65 0.63 0.47 0.41 0.50 0.52 0.55 0.55 0.53 0.50 0.50 1.00
24 0.52 0.52 0.52 0.39 0.50 0.49 0.38 0.48 0.57 0.47 0.52 0.41 0.54 0.51 0.41 0.48 0.50 0.44 0.48 0.50 0.48 0.48 0.45 1.00
25 0.64 0.61 0.61 0.50 0.62 0.54 0.43 0.44 0.59 0.63 0.67 0.48 0.65 0.50 0.45 0.54 0.59 0.48 0.55 0.56 0.53 0.59 0.51 0.52 1.00
26 0.65 0.58 0.51 0.46 0.59 0.58 0.41 0.44 0.59 0.50 0.65 0.58 0.66 0.50 0.45 0.54 0.59 0.48 0.66 0.60 0.57 0.44 0.58 0.49 0.67 1.00
27 0.51 0.62 0.65 0.35 0.49 0.51 0.33 0.44 0.59 0.53 0.51 0.44 0.50 0.47 0.45 0.47 0.59 0.51 0.55 0.50 0.44 0.53 0.41 0.56 0.48 0.44 1.00
28 0.58 0.69 0.61 0.45 0.59 0.54 0.45 0.54 0.55 0.75 0.65 0.40 0.59 0.50 0.40 0.50 0.70 0.47 0.54 0.56 0.50 0.46 0.47 0.52 0.61 0.50 0.61 1.00
29 0.64 0.61 0.57 0.49 0.62 0.54 0.45 0.47 0.58 0.63 0.64 0.47 0.65 0.53 0.48 0.53 0.58 0.47 0.54 0.56 0.53 0.56 0.50 0.55 0.95 0.64 0.47 0.64 1.00
30 0.61 0.69 0.65 0.52 0.59 0.58 0.45 0.50 0.66 0.52 0.58 0.50 0.52 0.46 0.52 0.50 0.69 0.50 0.54 0.56 0.53 0.50 0.50 0.52 0.50 0.50 0.60 0.56 0.53 1.00
31 0.50 0.60 0.57 0.44 0.47 0.53 0.30 0.42 0.61 0.48 0.53 0.41 0.55 0.49 0.39 0.45 0.58 0.42 0.50 0.51 0.49 0.49 0.50 0.62 0.53 0.57 0.64 0.52 0.52 0.56 1.00
32 0.52 0.56 0.56 0.31 0.53 0.45 0.23 0.40 0.61 0.54 0.49 0.41 0.50 0.44 0.20 0.52 0.50 0.36 0.57 0.43 0.37 0.44 0.45 0.58 0.49 0.52 0.49 0.48 0.48 0.48 0.54 1.00
33 0.57 0.60 0.57 0.37 0.50 0.50 0.26 0.38 0.50 0.48 0.46 0.39 0.51 0.42 0.35 0.41 0.61 0.46 0.57 0.51 0.45 0.52 0.42 0.54 0.46 0.50 0.71 0.60 0.45 0.52 0.70 0.50 1.00
34 0.84 0.67 0.67 0.52 0.75 0.64 0.40 0.61 0.62 0.52 0.61 0.64 0.68 0.53 0.51 0.67 0.68 0.61 0.76 0.70 0.66 0.68 0.54 0.48 0.66 0.64 0.50 0.57 0.66 0.60 0.52 0.55 0.59 1.00
35 0.59 0.52 0.49 0.50 0.53 0.63 0.39 0.45 0.53 0.40 0.52 0.56 0.54 0.48 0.42 0.48 0.53 0.52 0.56 0.50 0.51 0.41 0.52 0.26 0.52 0.63 0.38 0.40 0.51 0.51 0.43 0.42 0.43 0.68 1.00
36 0.60 0.60 0.64 0.50 0.57 0.60 0.41 0.44 0.57 0.54 0.60 0.37 0.58 0.48 0.37 0.52 0.53 0.36 0.57 0.66 0.66 0.48 0.49 0.45 0.56 0.56 0.45 0.52 0.55 0.60 0.50 0.50 0.62 0.61 1.00
37 0.58 0.58 0.58 0.49 0.55 0.61 0.45 0.58 0.55 0.49 0.58 0.58 0.66 0.53 0.44 0.57 0.59 0.54 0.54 0.52 0.50 0.53 0.61 0.36 0.54 0.47 0.40 0.50 0.57 0.53 0.41 0.44 0.41 0.64 0.62 0.56 1.00
38 0.55 0.49 0.49 0.44 0.53 0.49 0.27 0.45 0.56 0.40 0.49 0.62 0.57 0.45 0.46 0.48 0.53 0.56 0.52 0.40 0.38 0.42 0.65 0.46 0.49 0.45 0.45 0.44 0.51 0.58 0.47 0.39 0.40 0.54 0.53 0.42 0.62 1.00
39 0.66 0.56 0.60 0.48 0.61 0.56 0.36 0.67 0.57 0.51 0.50 0.53 0.58 0.49 0.47 0.56 0.54 0.46 0.64 0.58 0.55 0.64 0.50 0.43 0.53 0.50 0.43 0.49 0.52 0.56 0.48 0.40 0.48 0.72 0.44 0.47 0.49 0.47 1.00
40 0.70 0.58 0.50 0.52 0.64 0