

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Defne KARAARSLAN

**CEVİZDE BAZI FENOLOJİK ÖZELLİKLER İLE İLİŞKİLİ
KANTİTATİF ÖZELLİK LOKUSLARINDAN ISLAHTA
KULLANILABİLİR DNA MARKÖRLERİNİN GELİŞTİRİLMESİ**

BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

ADANA, 2021

ÖZ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

CEVİZDE BAZI FENOLOJİK ÖZELLİKLER İLE İLİŞKİLİ
KANTİTATİF ÖZELLİK LOKUSLARINDAN İSLAHTA
KULLANILABİLİR DNA MARKÖRLERİNİN GELİŞTİRİLMESİ

Defne KARAARSLAN

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Danışman : Prof. Dr. Salih KAFKAS
Yıl: 2021, Sayfa: 119
Jüri : Prof. Dr. Salih KAFKAS
: Prof. Dr. Ebru KAFKAS
: Prof. Dr. Mehmet SÜTYEMEZ

Ceviz, Juglans cinsine ait ve monoik çiçek yapısı gösteren önemli sert kabuklu meyvelerden biridir. Gençlik kısırlık döneminin uzun olması nedeniyle cevizde çeşit ıslahı programları uzun sürmektedir. Uzun zaman alan bu ıslah süresini kısaltmak için moleküler çalışmalar oldukça önemlidir. Cevizde ıslah süresini kısaltarak ıslah verimliliğini arttırmaya dayanan önemli fenotipik karakterler ile ilişkili markörlerin geliştirilmesinde genetik bağlantı haritaları ve kantitatif özellik lokus (QTL) analizleri önemli araçlardır. Cevizde tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ıslahta önemli seçim kriterleri arasındadır. İlkbahar geç donlarından zarar görmemek için ceviz çeşitlerinin geç uyanması ve geç yapraklanması istenir. Bu çalışmada daha önceden oluşturulmuş Chandler ve Kaplan-86 yoğun genetik haritalar ve dört yıllık fenotipik veriler kullanılarak cevizde tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilişkili QTL bölgelerinin belirlenmesi ve belirlenen QTL bölgelerinden ıslahta kullanılabilir DNA markörü geliştirilmesi amaçlanmıştır. Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı özellikleri dışında ceviz için önemli 11 adet fenolojik karakter için de QTL analizleri bu çalışma doğrultusunda yapılmıştır. QTL analizleri sonucunda, 'Chandler × Kaplan-86' popülasyonunda, Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarında sırasıyla 12 özelliğe ilişkin toplam 43 adet ve 33 adet QTL belirlenmiştir. Fenolojik karakterler arasından dikogami fenolojisi ile ilişkili bir QTL belirlenmemiştir. Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı için Chandler ve Kaplan-86 haritalarında LG4 üzerine haritalanan majör QTL'ler belirlenmiştir. Tomurcuk patlama zamanı için Chandler ve Kaplan-86 haritalarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 47.9 ve 40.2, açıklanan en yüksek fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %78.7 ve %76.1 olmuştur. Yapraklanma zamanı için Chandler ve Kaplan-86 haritalarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 38.9 ve 31.5, açıklanan en yüksek fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %68.8 ve %63.5 olmuştur. Majör QTL bölgelerine en yakın olarak belirlenen SSR ve DArT markörlerinden geliştirilen 3 adet primer 160 ceviz çeşit ve genotipinde doğrulama yapılarak test edilmiştir. Sonuç olarak, belirlenen SSR ve DArT markörlerinin tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı üzerine etkilerinin olmadığı belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Ceviz, *J. regia*, QTL, fenoloji

ABSTRACT

MSc THESIS

DEVELOPMENT OF DNA MARKERS FOR BREEDING WALNUT FROM QUANTITATIVE TRAIT LOCI ASSOCIATED WITH PHENOLOGY CHARACTERS

Defne KARAARSLAN

ÇUKUROVA UNIVERSITY
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY

Supervisor : Prof. Dr. Salih KAFKAS

Year: 2021, Pages:119

Jury : Prof. Dr. Salih KAFKAS

: Prof. Dr. Ebru KAFKAS

: Prof. Dr. Mehmet SÜTYEMEZ

Walnut is one of the most important nut crops belonging to the *Juglans* genus and showing a monoic flower structure. Cultivar breeding programs in walnut takes long time due to its long juvenile period. Molecular studies are very important to shorten this long breeding period. Genetic linkage maps and quantitative trait locus (QTL) analysis are important tools in the development of markers associated with important phenotypic characters. These molecular markers can increase breeding efficiency by shortening the breeding period in walnut. Bud burst and leafing time are among the important selection criteria in walnut breeding. In order not to be damaged by the late spring frost, walnut varieties with late bud burst and leafing time are preferred. In this study, we aimed to determine QTL regions associated with bud burst and leafing time in walnut by using previously constructed high-density genetic maps of Chandler and Kaplan-86 together with four-year phenotypic data, and to develop DNA markers that can be used in breeding from the determined QTL regions. QTL analyzes of 11 other important phenological traits for walnut were also performed this study. As a result, in the "Chandler × Kaplan-86" population a total of 43 and 33 QTLs for 12 traits were determined in Chandler and Kaplan-86 linkage maps, respectively. No QTL was detected related to dichogamy. Major QTL related to bud burst and leafing time was detected on LG4 in both Chandler and Kaplan-86 maps. For bud burst time, the highest LOD score in Chandler and Kaplan-86 maps was 47.9 and 40.2, respectively, and the highest phenotypic variation was 78.7% and 76.1%, respectively. For leafing time, the highest LOD score in Chandler and Kaplan-86 maps was 38.9 and 31.5, respectively, and the highest phenotypic variation was 68.8% and 63.5%, respectively. Three SSR and DArT primers developed from the closest regions of major QTLs were tested for validation in 160 walnut varieties and genotypes. As a result, it is determined that these three SSR and DArT markers had no effect on bud burst and leafing time.

Key words: Walnut, *J. regia*, QTL, phenology

GENİŞLETİLMİŞ ÖZET

Ceviz Juglans cinsi içerisinde yer alan ekonomik değeri yüksek sert kabuklu bir meyve türüdür. Ceviz erkek ve dişi çiçekleri aynı ağaç üzerinde fakat farklı yerlerde yani monoik çiçek yapısına sahiptir ve haploid kromozom sayısı $n=16$ 'dır. Ceviz ülkemizde doğal olarak yetişebilen, meyvesi, kerestesi, yaprağı ve yeşil kabukları değerlendirilebilen çok yönlü bir bitkidir. Türkiye ceviz bitkisinin anavatanlarından biridir. Ceviz içerdiği besin değeri ve insan sağlığı üzerindeki olumlu etkilerinden dolayı günümüzde önemi giderek artan önemli bir meyve türüdür.

Ceviz yetiştiriciliğinde üreticiler üretimi yapılacak ceviz çeşitlerini seçerken özellikle verim ve kaliteyi ön planda tutmaktadırlar. Çiçeklenme özellikleri bakımından cevizde yüksek verim yan dallarda meyve verme verimi ile doğru orantı göstermektedir. Cevizde dikogami özelliği yaygın olarak görülen bir durumdur. Cevizde dikogami verimliliği sınırlandıran en önemli konulardan biridir. Bunların yanında ilkbahar geç donlarından zarar görmemek için geç yapraklanma ve geç çiçeklenme de önemli seçim kriterleri arasındadır. Meyve özellikleri açısından ise meyve iriliği, içinin tüm olarak çıkması, sert kabuk, iç rengi gibi meyve özellikleri çeşit seçiminde dikkat edilen önemli özellikler arasındadır.

Dünyada ve ülkemizde çeşit ıslahı programları çok yıllık meyve türlerinde gençlik kısırlık süresinin uzun olmasından dolayı uzun yıllardır sürmektedir. Ancak son yıllarda moleküler çalışmaların sağladığı teknolojiler ile önemli özellikler ile ilişkili DNA markörleri geliştirilebilmektedir. Bu durum, geleneksel ıslahtan moleküler ıslaha geçişi sağlayarak daha kısa bir zamanda ve daha az bir maliyetle çeşit geliştirme imkânı sağlamaktadır.

Yetiştiricilik açısından önemli özelliklerin çoğu gen veya genler tarafından kontrol edilmektedir. Bundan dolayı kantitatif özellik lokus (QTL) çalışmaları önemli özelliklerle ilişkili bir gen bölgesi ve o gen bölgesine en yakın markörü

bulmak için oldukça önemlidir. QTL çalışmaları için bir genetik bağlantı haritası ve özelliğe ait bir fenotipik veri gerekmektedir.

Bu çalışmada daha önce SSR, DArT ve SNP markörleri ile oluşturulan 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonuna ait ebeveynlerin genetik haritaları ve dört seneye ait fenotipik veri kullanılarak üreticiler için önemli seçim kriterleri arasında olan tomurcuk patlama ve yapraklanma zamanları ile ilişkili QTL bölgeleri tespit edilmiştir.

Bu çalışmada tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı fenolojilerine ek olarak ceviz için önemli olan 11 fenolojik karakterde (erkek çiçek aktifleşme başlangıcı, erkek çiçek aktifleşme sonu, erkek çiçek aktifleşme zamanı, dişi çiçek aktifleşme başlangıcı, dişi çiçek aktifleşme sonu, dişi çiçek aktifleşme zamanı, erkek çiçek miktarı, dişi çiçek miktarı, yan dal çiçeklenme yüzdesi, dikogami durumu, hasat zamanı) yani toplam 13 karakterde dört seneye ait fenotipik veriler kullanılarak QTL analizleri yapılmıştır. QTL analizleri sonucunda Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarında sırasıyla 43 ve 33 adet önemli QTL bölgeleri tespit edilmiştir. Dikogami özelliği ile ilişkili bir QTL bölgesi tespit edilememiştir. Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı için hem Chandler hem de Kaplan-86 haritalarında LG4'te önemli QTL'ler belirlenmiştir. Tomurcuk patlama zamanı ile ilişkili ek QTL bölgeleri Chandler haritasında LG1'de, Kaplan-86 haritasında LG1 ve LG4'ün farklı bir bölgesinde belirlenmiştir. Yapraklanma zamanı ile ilişkili ek QTL bölgeleri Chandler haritasında LG1, LG7 ve LG10, Kaplan-86 haritasında LG1 ve LG7'de belirlenmiştir. Erkek çiçek aktifleşme başlangıcı ile ilişkili QTL bölgeleri Chandler haritasında LG3 ve LG4, Kaplan-86 haritasında LG4 ve LG8'de belirlenmiştir. Erkek çiçek aktifleşme sonu ile ilişkili QTL bölgeleri Chandler haritasında LG3 ve LG4, Kaplan-86 haritasında LG3, LG4, LG7 ve LG8'de belirlenmiştir. Erkek çiçek aktifleşme zamanı ile ilişkili QTL bölgesi Chandler haritasında LG8'de belirlenmiştir. Dişi çiçek aktifleşme başlangıcı ile ilişkili QTL bölgeleri Chandler haritasında LG1, LG4, LG8 ve LG15, Kaplan-86

haritasında LG1, LG4, LG5 ve LG8' de belirlenmiştir. Dişı çiçek aktifleşme sonu ile ilişkili QTL bölgeleri Chandler haritasında LG1, LG4, LG8 ve LG15, Kaplan-86 haritasında LG1, LG4 ve LG8'de belirlenmiştir. Dişı çiçek aktifleşme zamanı ile ilişkili QTL bölgesi Chandler ve Kaplan-86 haritalarında LG4'de belirlenmiştir. Erkek çiçek miktarı ile ilişkili QTL bölgesi Chandler haritasında LG8'de belirlenmiştir. Dişı çiçek miktarı ile ilişkili QTL bölgeleri Chandler haritasında LG8, Kaplan-86 haritasında LG8 ve LG9'da belirlenmiştir. Yan dal çiçeklenme yüzdesi ile ilişkili QTL bölgesi Chandler ve Kaplan-86 haritalarında LG8'de belirlenmiştir. Hasat zamanı ile ilişkili QTL bölgeleri Chandler haritasında LG4, Kaplan-86 haritasında LG1 ve LG3'de belirlenmiştir.

Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı için majör QTL'ler ve bu QTL bölgelerine en yakın olarak belirlenen SSR ve DArT markörlerinden geliştirilen 3 adet primer 160 ceviz çeşit ve genotipinde doğrulama yapılarak test edilmiştir. Sonuç olarak, belirlenen 2 adet SSR ve 1 adet DArT markörleri Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda erken ve geç uyanan bitkileri ayırmış ancak genetik kaynaklarda bulunan bitkilerde erken ve geç uyanan bitkileri ayırmada başarısız olmuştur.



TEŞEKKÜR

Bu araştırma için beni yönlendiren, çalışma imkanı sağlayan ve çalışmanın her aşamasında bilgi ve tecrübeleri ile bana destek olan danışmanım Sayın Prof. Dr. Salih KAFKAS'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Görüş ve önerileri ile çalışmamda bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım her konuda yardımcı olan Dr. Öğr. Üy. Aibibula PAIZILA, Ar. Gör. Harun KARCI, Ar. Gör. Ömer Faruk BİLGİN, AR. Gör. Mesut ADA'ya ve moleküler anlamda bilgilerini hiçbir zaman esirgemeyen, çalışmalarımda bana yardımcı olan Dr. Hayat TOPÇU'ya, Leyla Nurefşan GÜNDÜZ'e, Esra EKŞİ'ye, beni hiçbir koşulda yalnız bırakmayan ve desteğini her zaman hissettiren ikiz kardeşim ELİF KARAARSLAN'a en içten teşekkürlerimi sunuyorum.

Bu projeye maddi destek sağlayan Çukurova Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne teşekkür ederim. Her zaman desteklerini esirgemeyen sevgili aileme en içten teşekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER	SAYFA
ÖZ	I
ABSTRACT.....	II
GENİŞLETİLMİŞ ÖZET	III
TEŞEKKÜR.....	VII
İÇİNDEKİLER	VIII
ÇİZELGELER DİZİNİ	XII
ŞEKİLLER DİZİNİ	XIV
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	XVIII
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	13
2.1. Ceviz DNA Markörleri İle İlgili Çalışmalar	13
2.2. Ceviz Genetik Haritalama ve QTL İle İlgili Çalışmalar	17
2.3. Cevizde Genom Dizileme Çalışmaları.....	20
3. MATERYAL VE METOT	23
3.1. Materyal	23
3.1.1. Bitki Materyali	23
3.1.2. Kullanılan Fenotipik Veriler	23
3.2. Metot	23
3.2.1. DNA İzolasyonu	23
3.2.2. QTL Analizleri	24
3.2.4. Anotasyon	28
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	31
4.1. Fenotipik Özellikler Arasındaki Korelasyon.....	31
4.2. Fenotipik Özelliklerin Frekans Dağılımları	42
4.2.1. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonu	42
4.2.1.1. Tepe Tomurcuk Patlama Zamanı (TTP).....	44

4.2.1.2. Yapraklanma Zamanı (YZ).....	45
4.2.1.3. Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB).....	46
4.2.1.4. Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS).....	47
4.2.1.5. Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ)	48
4.2.1.6. Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB).....	49
4.2.1.7. Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS)	50
4.2.1.8. Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ).....	51
4.2.1.9. Erkek Çiçek Miktarı (ECM)	52
4.2.1.10. Dişi Çiçek Miktarı (DCM).....	53
4.2.1.11. Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY).....	54
4.2.1.12. Dikogami Durumu (DD).....	55
4.2.1.13. Hasat Zamanı (HZ)	56
4.2.2 Genetik kaynaklar	57
4.2.2.1. Tepe Tomurcuk Patlama Zamanı (TTP).....	59
4.2.2.2. Yapraklanma Zamanı (YZ)	60
4.2.2.3. Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB)	61
4.2.2.4. Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS)	62
4.2.2.5. Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ)	63
4.2.2.6. Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB).....	64
4.2.2.7. Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS).....	65
4.2.2.8. Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ).....	66
4.2.2.9. Erkek Çiçek Miktarı (ECM).....	67
4.2.2.10. Dişi Çiçek Miktarı (DCM)	68
4.2.2.11. Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY).....	69
4.2.2.12. Dikogami Durumu (DD)	70
4.3. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda Kantitatif Özellik Lokus (QTL) Analizleri.....	71
4.3.1. Tepe Tomurcuk Patlama Zamanı (TTP)	72

4.3.2. Yapraklanma Zamanı (YZ)	73
4.3.3. Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB)	76
4.3.4. Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS)	77
4.3.5. Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ).....	79
4.3.6. Erkek Çiçek Miktarı (ECM)	79
4.3.7. Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB)	80
4.3.8. Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS)	83
4.3.9. Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ)	85
4.3.10. Dişi Çiçek Miktarı.....	85
4.3.11. Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY)	87
4.3.12. Hasat Zamanı (HZ)	88
4.4. Validasyon	98
4.5. Anotasyon	103
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	105
KAYNAKLAR	109
ÖZGEÇMİŞ	117



Çizelge 3.1. Tepe tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilişkili bulunan majör QTL bölgelerine en yakın olarak belirlenen WD7396062, CUJRB012, JRHR209732 markörlerinin ileri ve geri primer dizileri.....	26
Çizelge 3.2. PCR reaksiyonu.....	27
Çizelge 3.3. PCR sıcaklık ve döngü koşulları	27
Çizelge 3.4. PstI restriksiyon enzim uygulaması.....	28
Çizelge 4.1. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2015 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar.....	33
Çizelge 4.2. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2016 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar.....	34
Çizelge 4.3. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2017 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar.....	35
Çizelge 4.4. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2018 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar.....	36
Çizelge 4.5. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2015,2016, 2017 ve 2018 ortalama rakamları alınan fenolojik.....	37
Çizelge 4.6. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016 yılındaki 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar.....	38
Çizelge 4.7. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2017 yılındaki 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar.....	39
Çizelge 4.8. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2018 yılındaki 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar.....	40
Çizelge 4.9. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yılları ortalama rakamları alınan 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar	41

Çizelge 4.10. ‘Chandler’ × ‘Kaplan-86’ F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait ortalama değerleri, maksimum ve minimum değerler, standart sapma değerleri.....	43
Çizelge 4.11. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait ortalama değerleri, maksimum ve minimum değerler, standart sapma değerleri.....	58
Çizelge 4.12. 12 fenolojik karakter ile ilgili Chandler ve Kaplan-86 genetik haritalarındaki QTL analiz sonuçları.....	91
Çizelge 4.13. ‘Chandler × Kaplan-86’ F1 populasyonu tepe tomurcuğu patlama zamanı (TTP) erken ve geç uyanan F1 bitkilerinde TTP ile ilişkili bulunan majör QTL bölgelerine yakın olan markörlerin açılım durumları	101
Çizelge 4.14. ‘Chandler × Kaplan-86’ F1 populasyonu yapraklanma zamanı (YZ) erken ve geç uyanan F1 bitkilerinde YZ ile ilişkili bulunan majör QTL bölgelerine yakın olan markörlerin açılım durumları..	102

ŞEKİLLER DİZİNİ

SAYFA

Şekil.1.1.	2016, 2017 ve 2018 yılları verilerine göre ceviz üretimleri	3
Şekil.1.2.	2015, 2016 ve 2017 Dünya Ceviz İthalatı	4
Şekil 3.1.	PstI restriksiyon enzimi tanıma bölgesi	27
Şekil 3.2.	WD7396062 DArT markörü TGCA bölgesi	28
Şekil 4.1.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) için frekans dağılımları	45
Şekil 4.2.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yapraklanma zamanı (YZ) için frekans dağılımları ..	46
Şekil 4.3.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) için frekans dağılımları	47
Şekil 4.4.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) için frekans dağılımları	48
Şekil 4.5.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ) için frekans dağılımları	49
Şekil 4.6.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) için frekans dağılımları	50
Şekil 4.7.	Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) için frekans dağılımları	51

Şekil 4.8. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) için frekans dağılımları.....	52
Şekil 4.9. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek miktarı (ECM) için frekans dağılımları.....	53
Şekil 4.10. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek miktarı (DCM) için frekans dağılımları ...	54
Şekil 4.11. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) için frekans dağılımları.....	55
Şekil 4.12. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dikogami durumu (DD) için frekans dağılımları	56
Şekil 4.13. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait hasat zamanı (HZ) için frekans dağılımları	57
Şekil 4.14. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) için frekans dağılımları	60
Şekil 4.15. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yapraklanma zamanı (YZ) için frekans dağılımları	61
Şekil 4.16. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) için frekans dağılımları.....	62
Şekil 4.17. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) için frekans dağılımları	63
Şekil 4.18. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ) için frekans dağılımları.....	64
Şekil 4.19. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) için frekans dağılımları	65
Şekil 4.20. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) için frekans dağılımları	66

Şekil 4.21. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) için frekans dağılımları	67
Şekil 4.22. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek miktarı (ECM) için frekans dağılımları	68
Şekil 4.23. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek miktarı (DCM) için frekans dağılımları	69
Şekil 4.24. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) için frekans dağılımları	70
Şekil 4.25. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dikogami durumu (DD) için frekans dağılımları	71
Şekil 4.26. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) ve yapraklanma zamanı (YZ) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.	75
Şekil 4.27. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki erkek çiçeklenme aktifleşme başlangıcı (ECAB), erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS), erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ), erkek çiçek miktarı (ECM) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.	80
Şekil 4.28. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki (LG 1, 4 ve 5) dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB), dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS), dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ), dişi çiçek miktarı (DCM) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.	86
Şekil 4.29. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki (LG 8, 9 ve 15) dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB), dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS), dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ), dişi çiçek miktarı (DCM) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.	87
Şekil 4.30. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) ve hasat zamanı (HZ) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.	90

Şekil 4.31. Erken ve geç uyanan 3'er adet ceviz çeşidi ve genotipinin CUJRSSRB012 markörü ile SSR analizleri sonucundaki elektroferogram görüntüsü. İlk 3 satır erkenci, son 3 satır ise geçcidir.	99
Şekil 4.32. Erken ve geç uyanan 3'er adet ceviz çeşidi ve genotipinin JRHR209732 markörü ile SSR analizleri sonucundaki elektroferogram görüntüsü. İlk 3 satır erkenci, son 3 satır ise geçcidir.	100
Şekil 4.33. Sekizer adet erken uyanan ve geç uyanan hem genetik kaynak hemde açılım gösteren F1 populasyonu PZR agaroz jel görüntüsü....	102
Şekil 4.34. Elde edilen PCR ürününün PstI enzimi kullanılarak kesildikten sonraki agaroz gel görüntüsü.	103

SİMGELER VE KISALTMALAR

ABI	: Applied Biosystems
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
Bç	: baz çifti
CAPS	: Cleaved Amplified Polymorphic Sequence
cM	: centiMorgan
CTAB	: Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
DArT	: Diversity Arrays Technology
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
g	: Gram
HCl	: Hidroklorik Asit
ISSR	: Inter- Simple Sequence Repeat
LG	: Linkage Group (Bağlantı Grubu)
LOD	: Logarithms of odd
M	: Molar
MAS	: Marker Assisted Selection
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
Na ₂ S ₂ O ₅	: Sodyum Metabisülfid
NaCl	: Sodyum klorür
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyon
Pst	: Providencia stuartii'
PVP	: Polivinil Prolidon
QTL	: Quantitative Trait Loci
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction fragment length polymorphism

rpm : Revolutions per minute (Dakikadaki döngü sayısı)
SNP : Single Nucleotide Polymorphism
SNP : Single-nucleotide polymorphism
SRAP : Sequence Related Amplified Polymorphism
SSR : Simple Sequence Repeat
Taq : Thermus aquaticus
TBE : Tris-Boric acid/EDTA
 μ l : Mikrolitre
 μ M : Mikro Molar

1.GİRİŞ

Ceviz, sınıfı Dicotyledoneae, takımı Juglandales, familyası Juglandaceae, cinsi *Juglans* olan sert kabuklu bir meyve türüdür (Şen, 2011). Ceviz, Karpat dağlarının güneyinden itibaren Doğu Avrupa ve Türkiye, Irak ve İran'ın doğusundan ve Himalayadağları'nın ötesinde kalan ülkeleri içeren, geniş bir coğrafyanın doğal bitkisidir (Koçtürk ve Gürhan, 2007).

Ceviz çiçek yapısı bakımından monoik (tek evcikli) , yani dişi ve erkek çiçek salkımları aynı ağaç üzerinde fakat farklı yerlerde bulunur. Cevizde bir önceki gelişme döneminin sürgünleri üzerinde bulunan çiçek tomurcuklarının gelişmesiyle 10-100 arası erkek çiçek içeren püsküller (kedicik) oluşurken, o yılki gelişme dönemine ait ilkbahar sürgünlerinin ucunda ise sayıları 1-12 arası değişen dişi çiçekler oluşur. Tozlanma ise rüzgârla gerçekleşmektedir (Şen, 2011).

Juglans cinsi içerisinde 21 ceviz türü bulunmakta ve bunlardan çoğunlukla *Juglans regia*'nin kültürü ve ticareti yapılmaktadır (Manning, 1978). Meyve özellikleri bakımından *J. regia* türü diğer türlere göre çok farklıdır. Bu nedenle *Juglans* cinsi içerisinde dünyada meyvesinin doğrudan tüketimi için yetiştirilen tek türdür. Bu türün yanında *Juglans nigra* L.'da özellikle ABD'de kerestesi için yetiştirilmektedir. Diğer *Juglans* türleri ise anaç olarak veya süs bitkisi olarak ekonomik değere sahiptirler (Rom ve Carlos, 1987).

Ceviz içerdiği besin değeri ve insan sağlığı üzerindeki olumlu etkilerinden dolayı günümüzde önemi giderek artan önemli bir meyve türüdür. Uzun yıllar süren bilimsel çalışmalar, cevizin insan vücudunu olumlu yönde etkileyen besin içerikleri ile dolu olduğunu ortaya çıkarmıştır (Şimşek ve Gülsoy, 2016). Özellikle kalp ve damar hastalıklarının önlenmesinde, kolestrol ve trigiliserid seviyesinin düşürülmesinde, içerdiği gümüş ve selenyum ile çocuk beslenmesinde aranan önemli bir gıdadır. Ceviz meyveleri %52-70 arasında değişen yağ içeriği, insan sağlığı ve beslenmesi açısından büyük önem arz eden oleik asit gibi tekli doymamış ve linoleik,

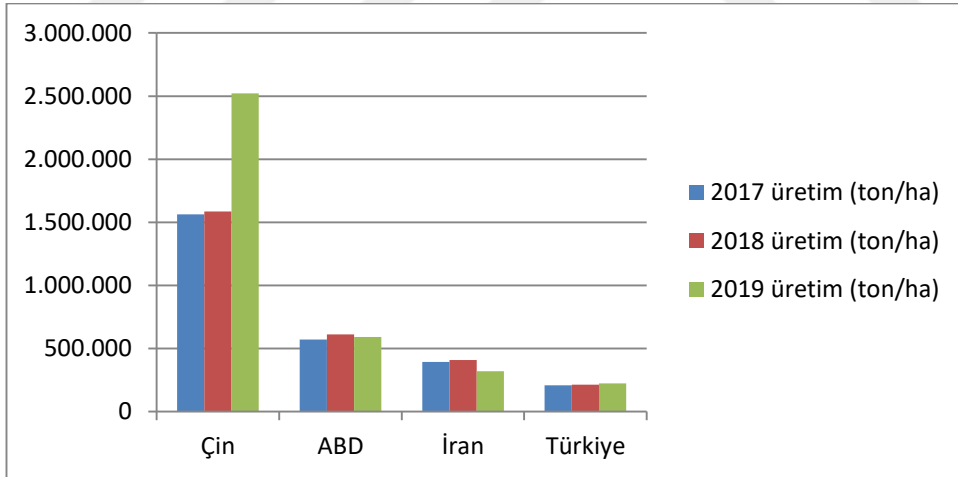
linolenik asitler gibi çoklu doymamış yağ asitlerini içermesi nedeniyle yüzyıllardan beri tüketilen önemli sert kabuklu bir meyve türüdür (Ayaz ve ark, 2008). Ayrıca bileşiminde yer alan biyolojik kalitesi yüksek protein, vitamin ve mineraller cevizin besleyici değerini arttırmaktadır (Beyhan ve ark, 2017)

Ceviz ülkemizde doğal olarak yetişebilen, meyvesi, kerestesi, yaprağı ve yeşil kabukları değerlendirilebilen çok yönlü bir bitkidir. Türkiye ceviz bitkisinin anavatanlarından biridir (Kaplukan, 2015). Ülkemiz ceviz popülasyonu bakımından makro ve mikro düzeyde oldukça zengin bir ekolojide sahiptir (Bayazit ve ark, 2016).

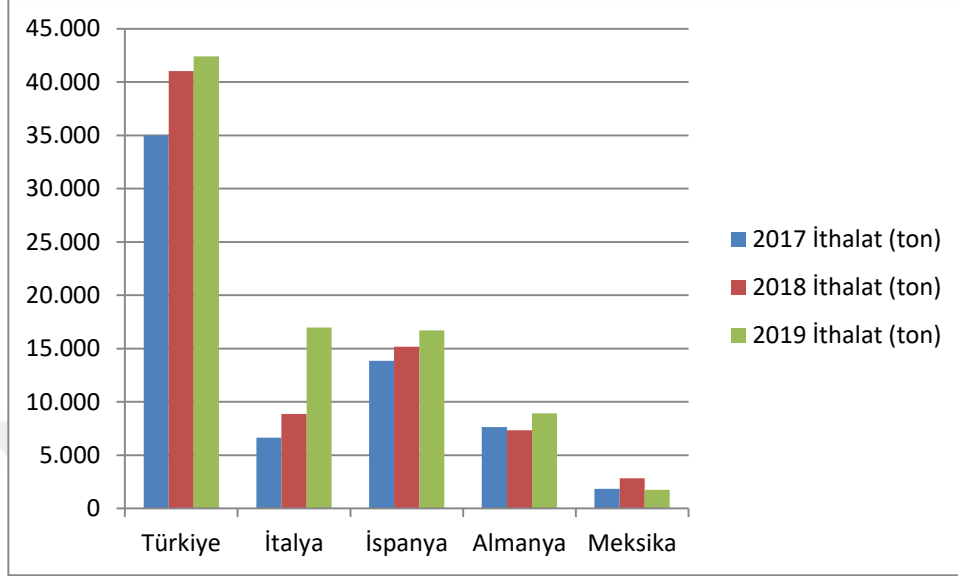
Tohumdan yetişen cevizlerin heterozigot açılım göstermelerinden dolayı, tümüyle standart meyve vermeleri mümkün değildir. Türkiye’de cevizin, çok eski zamanlardan beri tohumla yetiştirilmesinden dolayı her biri birbirinden farklı özelliklere sahip ve bulunduğu bölgenin ekolojik koşullarına uyum sağlayan geniş bir genetik varyasyon oluşturmaktadır. Bu genetik varyasyonda, üstün nitelikli olan tiplerin çoğaltılarak koruma altına alınması son derece önemlidir. Ayrıca, ülkemizin böylesine zengin bir genetik varyasyona sahip olması, ıslah çalışmalarında kısa zamanda başarıya ulaşılmasına olanak sağlamaktadır (Simşek, 2016).

Ülkemiz önemli miktarda ceviz üretmesine karşın ciddi miktarda da ceviz ithal etmektedir. Bu nedenle, ülkemizin ceviz üretimindeki hedeflerinin arasında üretimin iyi çeşitlerle artırılması olmalıdır. Bunun için ülkemizin farklı bölgelerinde iyi adapte olan verimli ve kaliteli ceviz çeşitlerine gereksinim vardır. Bu çeşitlerin geliştirilmesinde en iyi yöntem de ülkemizin güdümlü ıslah programlarına sahip olmasıdır. Yurt dışından geliştirilen çeşitlerle de ülkemizde yetiştiricilik yapılabilir, ancak bu durum patentli çeşitlerin kullanılması durumunda yurt dışına ciddi anlamda para akışının olmasına neden olacaktır. Bu nedenle önemli miktarda ceviz yetiştiren her ülkenin yaptığı gibi kendi ceviz çeşit ıslahı programlarımıza sahip olmamız gerekir.

Dünya ceviz üretimi 2018 yılında 3.663.000 tona ulaşmıştır. Dünya ceviz yetiştiriciliği ekonomik olarak öncelikle Çin, ABD, İran ve Türkiye’de yapılmaktadır. Ceviz yetiştiriciliğinde dünyada önemli bir yere sahip olan Türkiye, 2018 yılı üretim değerlerine göre, dünya ceviz üretiminde Çin (1.586.367 ton), ABD (613.260 ton) ve İran’dan (409.562 ton) sonra dördüncü (215.000 ton) sırada yer almaktadır. 2018 yılında ise dünyada ceviz üretimi yaklaşık 4 milyon tona ulaşmıştır. Türkiye, 2019 üretim değerlerine göre, Çin (2.521.504 ton), ABD (592.390 ton) ve İran’dan (321.074 ton) sonra dördüncü (225.000 ton) sırada kalarak yerini korumuştur (Faostat, 2021). 2010-2018 yılları ortalamasına göre, Çin dünya ceviz üretiminin %43.3’ünü gerçekleştirirken, ABD’nin üretimdeki payı %11.2, İran’ın payı %16.7 ve Türkiye’nin payı %5.9’dır. Dünya’nın en büyük kabuklu ceviz ithalatçısı ülkeleri İtalya ve Türkiye’dir. 2014-2018 yılları ortalamasına göre, Türkiye, kabuklu ceviz ithalatında dünyanın miktar bakımından ilk sırada gelen ülkesidir (Tuik, 2021).



Şekil.1.1. 2016, 2017 ve 2018 yılları verilerine göre ceviz üretimleri (Faostat, 2021)



Şekil.1.2. 2017, 2018 ve 2019 Dünya Ceviz İthalatı (Faostat, 2021)

Dünyada ve ülkemizde ceviz çeşit ıslahı programları uzun yıllardır sürmektedir. İlk yapılan çalışmalar seleksiyon ıslahı ile yapılmış olup, son yıllarda ise melezleme ıslahı ile yoğun bir şekilde devam etmektedir (Kefayati, 2018). Dünyada melezleme yoluyla ortaya çıkan çeşitlerin kaynağı daha çok Fransa ve ABD’de yapılan melezlemelerden elde edilmiştir. Ülkemizde yürütülen hemen hemen tüm araştırmalarda ceviz çeşitleri seleksiyon ıslahı yöntemi kullanılarak elde edilmiştir. Bu ıslah yöntemi ile istenen özelliği bulunduran verimli ve kaliteli çeşitlerin elde edilmesi zordur. Ülkemizde melezleme ıslahı ile ilgili ise birçok araştırma ve proje yürütülmüştür. Bu projelerden Diriliş ve 15 Temmuz gibi geç yapraklanan ve hasat tarihi erken veya orta mevsim olan yeni ceviz çeşitleri tescil edilmiştir (Sütyemez ve ark, 2018).

Monoik bitki olan cevizde dikogami yaygın olarak saptanan bir durumdur. Cevizde kendine uyumsuzluk görülmesi de erkek ve dişi çiçeklerin farklı dönemlerde olgunlaşması (dikogami) en uygun meyve tutumunu ve verimliliği sınırlandıran en önemli faktördür. Cevizlerde, dikogami nedeniyle yabancı tozlanma söz konusu

olduğu için verimliliğin artırılması amacıyla uygun tozlayıcı çeşitlerin belirlenmesi ceviz yetiştiriciliğinde en önemli konuların başında gelmektedir.

Cevizde ıslahçıların üzerinde durduğu önemli özelliklerden bir diğeri ise geç yapraklanan ve geç çiçeklenen çeşitlerin ıslahıdır. Özellikle ilkbahar donlarının riskli olduğu bölgelerde geç yapraklanan ve geç çiçeklenen ağaçların seçilmesi gerekmektedir. Nitekim ülkemizde ticari olarak çoğaltımı yapılan Yalova orijinli çeşitlerin karasal iklimli bölgelerde soğuk zararına uğradığı belirtilmektedir. Yine erkenci olan çeşitler bakteriyel yanıklık ve iç kurdundan daha fazla etkilenmektedirler. Dolayısıyla üstün meyve özelliklerinin yanı sıra geç yapraklanma, yan dallarda yüksek oranda meyve verme, hastalık ve zararlılara dayanıklılık gibi özelliklerin birini veya daha fazlasını bir arada bulunduran genotiplerin geliştirilmesi ceviz yetiştiriciliğinin ve ıslahının en önemli konusudur (Koyuncu ve ark, 2005).

Cevizin ne zaman hasat edileceği de cevizin pazar payına etki eden, değerini arttıran önemli faktörlerden biridir. Ceviz hasadı erken yapıldığında dış yeşil kabuğunun soyulması ve cevizin iç zarının çıkartılması daha zor olmakta ve aroma yeterince gelişmemektedir. Geç hasatta ise ceviz içinde renk değişimleri görülmektedir. Zamanından önce yapılacak olan ceviz hasadında meyveler içlerini tam doldurmamış olacağından hem ağırlık kaybı hem de kurutma sırasında olgunlaşmamış iç meyveler büzüşeceğinden kalite kaybı ortaya çıkacaktır (Ünal, 2005).

Meyve özellikleri bakımından ise pürüzsüz sert kabuk ile birlikte randıman oranı yüksek, açık renkte içe sahip, içi bir bütün olarak çıkabilen, kabukta yapışmanın iyi olduğu, ince ancak sağlam sert kabuklu, yağ oranı ve doymamış yağ asit oranı yüksek çeşitler tercih edilmektedir. Meyvecilikte melezleme ıslahı programlarının en ciddi sorunlarından birisi melez bir bireyin fenotipik özelliklerinin belirlenmesinin diğeri ise gençlik kısırlığı döneminin uzun olması sebebiyle ıslah programlarının uzun zaman almasıdır. Islah programlarının uzun zaman alması,

meyvecilikte yeni çeşitlerin geliştirilmesini engelleyen büyük bir sorundur. Bu sürenin çeşitli uygulamalar ile kısaltılması gerekmektedir. İşte moleküler markörler tam olarak burada devreye girmekte ve uzun olan bu ıslah süresini kısaltmaya yönelik birçok yollar sunmaktadır. Moleküler markörler yardımıyla yapılan seleksiyonla zamanın yanında, alan ve iş gücünden de tasarruf edilmektedir. Gen kaynaklarının tam ve daha sağlıklı olarak tespit edilmesi ve korunmasında güvenilir bir yol olarak da yine moleküler markörlerden yararlanılmaktadır (Aksu ve Şahin, 2015).

Moleküler markörler, genomda herhangi bir gen bölgesi ya da gen bölgesi ile ilişkili DNA parçasıdır. Moleküler markör yöntemleri DNA molekülündeki polimorfik bölgelerin belirlenmesi prensibine dayanır. Populasyonda herhangi bir genin veya özelliğin birden fazla şekli bulunuyorsa o gen ya da fenotipik özellik polimorfik olarak kabul edilmektedir. Polimorfizm; DNA dizisi, aminoasit dizisi, kromozomal yapı ya da fenotipik özellik varyantları gibi birkaç şekilde görülebilir (Williams ve ark, 1990).

Moleküler markörler DNA'nın aktif bölgelerinden (genler) veya herhangi bir genetik kodlama fonksiyonlarına sahip olmayan DNA dizilerinden geliştirilirler. Moleküler markörler; QTL (Quantitative Trait Locus) analizlerinde, genetik haritalamada, kültür çeşitlerinin tanımlanmasında, yeni geliştirilen çeşitlerin koruma altına alınmasında, genetik akrabalıkların belirlenmesinde, tohumculukta safiyet analizlerinde, gen kaynaklarının karakterizasyonunda, genetik kaynağın yapısını anlamada, duplike olan genotiplerin belirlenmesinde ve ıslah programında kullanılacak olan ebeveynlerin belirlenmesinde kullanılırlar. Ayrıca moleküler markör teknolojisi, çeşitli stres etmenleri ile ilişkili genom bölgelerinin belirlendiği ve genom yapısı hakkında bilgi edinildiği çalışmalarda sıklıkla kullanılmaktadır (Gupta ve Rustgi, 2004).

Kullanılan yöntemler bakımından moleküler markörler; hibridizasyona dayalı markörler ve polimeraz zincir reaksiyonuna (PCR) dayalı markörler olarak iki

ana gruba sınıflandırılabilir. Hibridizasyona dayalı markörlere örnek olarak; RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism/ Sınırlı Parça Uzunluk Polimorfizmi), PCR tabanlı markörlere örnek olarak SSR (Simple Sequence Repeat/ Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatellitler), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA/ Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi), ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats/ Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism/ Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi) verilebilir.

Bu markör sistemlerinin dışında; SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism/ Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizm), CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence/ Kesilip Çoğaltılmış Polimorfik Diziler) ve DNA sekanslamasına dayalı SNP (Single Nucleotide Polymorphism/ Tek Nükleotit Polimorfizmi) polimorfizmin belirlenmesinde kullanılmaktadır (Yorgancılar ve ark, 2015).

Günümüzde bu moleküler markör tekniklerinin ıslahta kullanılmasıyla birlikte önemli fenotipik özellikler ile ilgili genleri ve bunların işlevlerini belirlemek de oldukça önemlidir. Belirli bir özellik ile bağlantılı markör geliştirmek için kullanılan yöntemlerden biri de genetik harita oluşturarak kantitatif özellik lokuslarının (QTL) belirlenmesidir. Bitki boyu, çiçeklenme zamanı, kardeşlenme, verim ve verim unsurları, kalite, bazı hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık gibi birçok karakter kantitatif olarak kontrol edilmektedir. Kantitatif özelliklerin gen bölgeleri QTL (Quantitative Trait Loci) olarak adlandırılmaktadırlar. DNA ya da moleküler markörler kullanılarak, QTL'lerin yerlerini belirlemek ve genom içinde dağılımını ortaya çıkarmak ve haritalamak mümkündür. Bu genlerin genom içerisinde nerede olduklarını bilmek bitki ıslahı çalışmaları açısından oldukça önemlidir. Tarımsal önemi olan kalıtsal özellikler için QTL'lerin yerlerinin tayini, gelecekteki genetik manipülasyonlara (yönlü değişikliklere) ve organizmalar arasında gen transferlerine kapı açar. Moleküler markörlerin bulunması ve onlardan türetilen gen haritaları, kantitatif özelliklerin genetik kontrolüne ve onun parçalara

ayrılmasına olanak sağlamıştır. Kantitatif özellikler çok sayıdaki genden etkilendiği için, bu genlerin genom içerisinde nerede oldukları bilinmelidir. Uygun bir populasyonda QTL analizi olarak bilinen yöntemin uygulanmasıyla, belirli kromozom bölgesindeki ilgili genlerin yerleri saptanabilir (İşçi, 2008).

Bugüne kadar kantitatif özellik lokuslarının belirlenmesinde kullanılan genetik haritaları oluşturmak için birçok markör sistemi geliştirilmiştir. Günümüzde SSR ve SNP markör sistemleri en yoğun kullanılan yöntemler olmuştur. Özellikle yeni nesil sekanslama teknoloji esaslı yöntemler günümüzde çok yaygın olarak kullanılmaktadır (Staub ve ark, 1996).

Mikrosatellit olarak bilinen SSR'lar DNA dizilerinde tekrar edilen en küçük birimlerdir ve tekrar motifleri 1–6 bç arasında değişmektedir. Mikrosatellitleri çevreleyen bölgelerin dizileri biliniyorsa o bölgelere uygun primerler tasarlanarak (genelde 20–25 bç uzunluğunda) PCR ile çoğaltımı yapılabilmektedir. Bunun yanında, akraba türler arası SSR primerleri farklı canlılarda kullanılabilir (Filiz ve Koç, 2011). Mikrosatellit markörler, az DNA gerektirmesi, kodominant olması (heterozigot ve homozigot genotipleri birbirinden ayırabilen) genomda bol ve dağınık bulunması, tekrarlanabilir ve otomasyona uygun olması, yüksek polimorfizm göstermesinden dolayı populasyon genetiği ve gen haritalama çalışmalarında etkin olarak kullanılabilir (Powell ve ark, 1996). SSR tekniğinde polimorfizm oranı yüksektir fakat primerlerin belirlenmesi için ön çalışma gerektirdiğinden dolayı maliyetli bir yöntemdir (Goulao ve Oliveira, 2001).

DNA esaslı moleküler markör tekniklerinin geliştirilmesi ile birlikte ıslah programları etkinliği artmaktadır. Özellikle çok yıllık bitkilerde bir melez tohumunun çimlenmesinden çiçek açmasına kadar geçen gençlik kısırlığı süresinin çok uzun olması nedeniyle, bu türlerde gençlik kısırlığı dönemini beklemeden henüz melez tohumlar çimlendikten sonra yapılabilecek erken seleksiyon; ıslah programlarının süresini, maliyetini ve işgücünü önemli miktarda düşürerek, aynı zamanda ıslah programının etkinliğini de arttırmaktadır. Günümüzde erken

seleksiyonda kullanılmak üzere markör geliştirmek için en önemli ölçütlerden biri çalışılan türün referans genetik haritaya sahip olunması ile birlikte iyi bir genetik kaynağa ve güvenilir genetik haritalara sahip olunmasıdır. Bu bakımdan literatür incelendiğinde, cevizde 2016 yılında Chandler ceviz çeşidinin birinci versiyonu yayımlanmıştır (Martinez-Garcia ve ark, 2016) ve SSR ile SNP markörleri ile oluşturulan genetik haritalarda bulunmaktadır (Zhu ve ark, 2015; Luo ve ark, 2015; Kefayati ve ark, 2019). Bununla birlikte, çok yakın zamanda hem Chandler (Marrano ve ark, 2020) hem de Serr (Zhu ve ark, 2019) ceviz çeşitlerinin kromozomal düzeydeki genomları da yayımlanmıştır.

Son yıllarda yeni nesil sekanslama teknolojisinin markör üretmek için kullanılması ile birlikte, yüksek yoğunlukta genetik harita elde etmek için en önemli ve en uygun markör tekniği günümüzde SNP olmuştur. SNP tekniği bir pürin bazının (A veya G) diğer bir pürin veya pirimidin (A veya T) bazıyla, bir pirimidin bazının diğer bir pirimidin veya pürin bazıyla değişimini içermektedir (Sönmezoğlu ve ark, 2010).

Tek nükleotid polimorfizmi en yaygın DNA polimorfizm tipidir. Çok yüksek sıklıkla meydana gelirler (1/1000 baz- 1/100-300 baz). Örneğin buğday genomunda SNP yoğunluğu 1/370 ile 1/540 arasında değişir. SNP'nin bu kadar çok olması ve kolay ölçülebilmesi, bu genetik farklılıkları önemli yapar. SNP lokusunun genomdaki yüksek varlığı; diğer genomik açıdan önemli bitki genleri yanında çeşitli hastalıklara dayanıklılık genlerinin izolasyonu ve çalışılması için gerekli yüksek yoğunluklu temel moleküler genetik haritalar geliştirme imkânı sunar. Belli genlere yakın SNP'ler bu genler için bir markör olarak hareket ederler. (Khlestkina ve Salina, 2006).

SNP'lerin temel avantajları iki başlık altında toplanabilir. Bunlardan ilki SNP'lerin sınırsız sayıda olmasıdır ve çok yüksek sıklıkla meydana gelmesidir. İnsan SNP veri tabanı dört milyondan fazladır. Mısırdaki her 104 bç'de ortalama bir SNP, buğday genomunda 370-540 baz çiftinde ortalama bir SNP olduğu (Somers ve

ark, 2003), kendine döllen bir tür olan soya fasulyesinde ise her 273 bç'de bir SNP bulunduğu (Zhu ve ark, 2003) belirlenmiştir.

SNP'lerin ikinci temel avantajı ise analizlerinin jele dayalı olmaması ve otomasyona uygun olmasıdır. SNP analizleri için elektroforez gereksizdir. Markör analizlerinde hızı en sınırlayan aşama elektroforez yöntemiyle örneklerin koşulmasıdır. Bir SNP lokusundaki allellik varyasyon kalitatif ve allel sekanstaki belli bazların tespit edilmesi yoluyla belirlenir. Ancak, doğru bir SNP için olası allellerin sayısı sınırlıdır. A-T dönüşümü, A-G dönüşümünden çok daha sıktır (Sönmezoğlu ve ark, 2010).

Yeni nesil sekanslama teknolojisi kullanılarak Elshire ve ark'nın (2011), geliştirdiği Sekanslama yoluyla Genotiplendirme (GBS) adlı yöntem ile kısa sürede birçok SNP lokusu belirlenebilmekte ve haritalanabilmektedir. Bu yöntemde farklı bitkilere ait kısa sekanslar karşılaştırılarak SNP bölgeleri belirlenmekte ve bu bölgeler doğrudan genotiplendirilmektedir. Bu yöntem son yıllarda genetik haritalama çalışmalarında diğer yöntemlere göre çok daha az maliyetli olması nedeniyle tercih edilmekte ve başarı ile uygulanmaktadır (Poland ve ark, 2012; Ward ve ark, 2013; Uitdewilligen ve ark, 2013; Spindel ve ark, 2013; Liu ve ark, 2014).

Cevizde önemli karakterler ile ilişkili markörlerin geliştirilmesiyle cevizde ıslah süresini kısaltmak ve ıslah programında daha fazla bitki ile çalışabilmek mümkün olacaktır. Böylece verim ve meyve özellikleri, mevcut çeşitlerden daha iyi olan çeşitleri ıslah etme şansı da artmış olacaktır. Cevizde tepe tomurcuklarının patlaması ve yapraklanma zamanı ıslahta önemli seçim kriterleri arasındadır. İlkbahar geç donlarından zarar görmemek için ceviz çeşitlerinin geç uyanması ve geç yapraklanması istenir. Cevizde bu karakterler ile ilişkili geliştirilmiş bir markör literatürde bulunmamaktadır.

İşte bu çalışmada, daha önce tamamlanan bir TÜBİTAK (TOVAG 214O140) projesi kapsamında oluşturulan yoğun genetik haritalar ile 4 yıllık (2015, 2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak cevizde tepe tomurcuğu patlama

zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilgili kantitatif özellik lokuslarından ıslahta kullanılabilir DNA markörü geliştirilmesi amaçlanmıştır.



2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Ceviz DNA Markörleri İle İlgili Çalışmalar

Cevizde ilk SSR markör geliştirme çalışmasını **Woeste ve ark (2002)** *J. nigra* DNA'sı kullanarak yapmışlardır. *J. nigra* türünde yaptıkları bu çalışmada, 30 adet (GA/CT)_n tekrarlanan baz dizilerini içeren SSR primerlerini geliştirmişlerdir. Bu primerlerin *J. nigra*'da populasyon çalışmalarında, genetik haritalama çalışmalarında, bitki ıslahı ve çeşitlerin tanımlanmasında kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Ancak, araştırmacılar bu primerlerin *J. regia*'da çalışıp çalışmadığını test etmemişlerdir. Daha sonra **Dangl ve ark (2005)**, **Foroni ve ark (2005:2007)**, **Victory ve ark (2006)**, **Robichaud ve ark (2006)**, **Ross-Davis ve ark (2008)**, **Pollegioni ve ark (2008)**, **Wang ve ark (2008)** yaptıkları çalışmalarda *J. nigra*'dan dizayn edilen primerleri *J. regia* ve diğer *Juglans* türlerine ait genetik kaynaklarının karakterizasyonunda kullanmışlar ve polimorfik bulunan primerlerin sekanslarını yayımlamışlardır. Sonuçta bu araştırmacılar tarafından toplam 54 adet SSR primer çiftinin baz dizileri yayımlanmıştır.

J. nigra'dan **Woeste ve ark (2002)** tarafından test edilmeyen primerler **Topçu ve ark (2015)** tarafından analiz edilmiş ve toplamda 37 adet SSR primeri geliştirilmiştir. Bunların ötesinde, **Hoban ve ark (2008)** zenginleştirme yöntemini ve Sanger sekanslama yöntemini kullanarak *Juglans cinerae* türünde 13 polimorfik SSR markörü geliştirmişlerdir.

Zhang ve ark (2010) yapmış oldukları çalışmada NCBI veri tabanından 5025 EST dizilerini alarak *J. regia* da 41 SSR markörü geliştirmişlerdir ve bu markörlerin yüksek polimorfik amplifikasyon ürünleri oluşturabildiğini göstermiştir. Anotasyon analizi sonuçlarında ise geliştirilen 41 markörden sadece iki adetsinin SSR lokasyonu olarak karakterize proteinlerin açık okuma çerçevelerinin içine yerleştirildiğini ortaya koymuşlardır. **Qi ve ark (2011)** yapmış oldukları çalışmada

NCBI veri tabanından 5025 EST dizilerini kullanarak *J. regia* da 18 SSR markörü geliştirmişlerdir

Feng ve ark (2011) yapmış oldukları çalışmada ceviz EST-SSR markörlerini geliştirmeyi ve karşılık gelen primerleri dizayn etmeyi amaçlamışlardır. Çalışmalarında biyoinformatik metotlar ile karakter analizi için ceviz (*J. regia* L.) ait NCBI gen bankasında bulunan toplam 5213 EST dizilerini kullanmışlardır. Primer yazılımını kullanarak da seçilen EST dizileri için primerleri tasarlamışlardır. EST dizilerinden 207 SSR primeri elde edilmiştir. EST-SSR'nın tamamında toplam 92 tip (6 tip dinükleotit tekrar motif, 29 tip trinükleotit tekrar motif, 9 tip tetranükleotit tekrar motif, 4 tip pentanükleotit tekrar motif ve 44 tip heksanükleotit tekrar motif) gözlenmiştir.

Ciarmiello ve ark (2011) tarafından yapılan çalışmada birinci ve ikinci transkripsiyonu yapılan iç aralayıcı bölgeler (ITS1 ve ITS2) ve ayrıca farklı coğrafi kökenlerden izole edilen 18 çeşit *J. regia* L. için rRNA geninin araya giren 5.8S kodlama bölgesi karakterize edilmiştir. Aralayıcı dizilerinin büyüklüğü, ITS1 için 257 ile 263 baz ve ITS2 için 217 ile 219 baz arasındaydı. GC içeriğinin değişimi de gözlemlenmiş ve ITS1 ve ITS2 için sırasıyla% 55-56.7 ve %57.1-58.9 olarak belirlenmiştir. Bu veriler çeşitler arasında polimorfizmin varlığını göstermiştir. Toplam 18 ceviz çeşidinden ITS1-5.8S-ITS2 sekanslarının hizalanması, 5 'ucunda ITS1'de 244 tek nükleotid polimorfizmi (SNP) ve 1 kısa ekleme-çıkarma (InDel) olduğunu göstermiştir.

Yi ve ark (2011) tarafından yapılan çalışmada *J. regia* EST-SSR markörlerini geliştirmeyi ve karşılık gelen primerleri tasarlamayı amaçlamışlardır. NCBI veri tabanından 5213 EST dizileri kullanılmıştır ve 30 SSR markörü geliştirilmiştir. Kullanılan 30 çift primer çifti başlangıçta PCR amplifikasyonu ile rastgele seçilen 50 SSR arasından seçilmiştir.

Wu ve ark (2012) tarafından yapılan çalışmada 48,218 yüksek kaliteli BAC uç dizisi (BES) kullanılarak oldukça polimorfik 13,675 SSR bölgesi belirlenmiştir.

En bol bulunan SSR tipi di-nükleotitler olarak belirlenmiştir. SSR'lar da AT tekrar bölgeleri, GC tekrar bölgelerinden daha bol miktarda bulunmuştur.

You ve ark (2012) yaptıkları çalışmada SNP keşfi için daha önceden geliştirilmiş AGSNP yazılım hattını yeni nesil sekanslama teknolojilerinden biri olan SOLiD kullanarak güncellemişlerdir. SOLiD'in toplam 32.6X ceviz genomuna eşdeğer olarak okuduğu vejetatif olarak çoğaltılmış olan ceviz çeşidi 'Chandler', ceviz fiziksel haritasının oluşturulması sırasında Sanger dizilimi tarafından üretilen 48,661 'Chandler' bakteri yapay kromozomu (BAC) uç dizileriyle (BES'ler) haritalanmıştır. Başlangıçta toplam 22,799 varsayılan SNP tanımlanmıştır. Ceviz fiziksel haritası boyunca eşit olarak dağıtılan toplam 6,000 adet Infinium II tip SNP array geliştirmişler ve 6,000 SNP lokusuna ait dizileri de yayımlamışlardır.

Chen ve ark (2013) tarafından *Juglans mandshurica*'ın nesli tükenmekte olan türler için genetik çeşitliliği ve populasyon yapısını araştırmak adına mikrosatellit tekrarlarını içeren parçaları biotin-etiketli proplar, AG ve GT motifleri ile zenginleştirmişlerdir. *J.mandshurica* için 50 adet mikrosatellit markörü geliştirilmiştir. Bu markörlerden 20 adetsi polimorfik olarak tanımlanmış ve genetik çeşitliliği, populasyon yapısını araştırmak için kullanılmıştır

Zhang ve ark (2013) tarafından ceviz (*J. regia*) EST veri tabanı, yaygın *J. nigra* ve *Caryacathayensis*'in genetik analizinde ve nesli tükenmekte olan bir tür olan *Annamocaryasinensis*'in genetik analizinde kullanmak üzere SSR markörlerini geliştirmek için kullanılmıştır. NCBI veri tabanından elde edilen *Juglans hindsii* × *J. regia* 13,559 EST'den, toplam 7,262 unigen elde edilmiştir. Toplam 7,262 unigeni, 805 SSR lokusu içeren 706 EST-SSR sekanslarına düşürülmüştür. Daha sonra, 309 adet EST-SSR primeri rastgele dizayn edilmiş ve 76 adetinin türler arasında aktarılabilişliği 5 farklı türde belirlenmiştir. Bu türler, *J. regia*, *J. nigra*, *C. cathayensis*, *Caryadabieshanensis* ve *A. sinensis*'dir. Toplam 13 adet yüksek polimorfizm gösteren EST-SSR'lar bu beş türün analizinde kullanılmıştır.

Najafi ve ark (2014) yapmış oldukları çalışmada farklı bölgelerden alınan 36 genotip *J. regia* L. genomik DNA'sını TC/AG ve GAA/CTT tekrar motifleri ile zenginleştirmişler ve 13 polimorfik SSR lokusu elde etmişlerdir.

Dang ve ark (2015) tarafından yapılan çalışmada 11 doğal populasyondan toplanan 96 Çin ceviz (*Juglans cathayensis* L.) bireylerini taramak için yeni nesil sekans Illumina platformu kullanılarak 12 yeni polimorfik EST-SSR markörü geliştirilmiştir. Bu markörler, populasyon genetik yapısı, evrimsel ekoloji ve genetik ıslah ile ilgili gelecekteki çalışmalar için yararlı olacağı bildirilmiştir.

Topçu ve ark (2015) 'Maraş-18' ceviz çeşidinin genomik DNA'sını CA, GA, AAC ve AAG motifleri ile zenginleştirmişler ve 15 ceviz çeşidi karakterize edilerek 185 polimorfik SSR lokusu elde edilmiştir.

İkhsan ve ark (2016) tarafından yapılan çalışmada SSR markörü geliştirmek için bakteri yapay kromozomu (BAC) ve uç dizileri (BES) kullanılmıştır. *J. regia* için toplam 558 BES-SSR primer çifti dizayn edilmiştir. Dizayn edilen primerlerden 507'si (% 91) amplifike edilmiştir ve bunlar sekiz ceviz çeşidinde test edildiğinde, 307'si polimorfik bulunmuştur. Bulunan toplam 307 polimorfik SSR lokusundan toplam 1,097 allel üretilmiştir.

Eser ve ark (2019) NCBI gen bankasında bulunan Chandler ceviz çeşidi DNA dizilerini kullanarak cevizde birçok polimorfik SSR markörü geliştirmişlerdir. Bu çalışma kapsamında elde edilen bilgiyi arttırmak ve geliştirilen SSR primerlerinin kullanılabilirliğini arttırmak için ceviz genetik kaynaklarında bulunan 16 adet (Chandler, Franquette, Hartley, Fernor, Fernette, Serr, Pedro, Midland, Kaplan-86, Maraş-12, Sütyemez-1, Sütyemez-2, Şebin, Kaman-1, Yalova-1, Bilecik) ceviz çeşidini polimorfizm bakımından taramışlardır. Toplam 16 ceviz çeşidinde 800 adet SSR primer çifti ile PCR reaksiyonları yapılmış ve ABI3130xl cihazında kapiler elektroforez işlemleri tamamlanarak Genemapper paket programında skorlamalar yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, 551 (% 68.9) SSR primeri 16 ceviz çeşidinde polimorfik bulunmuştur.

2.2. Ceviz Genetik Haritalama ve QTL İle İlgili Çalışmalar

Fjellstrom ve ark (1994a) tarafından yapılan çalışmada cevizde ilk genetik harita RFLP markörü kullanımı ile oluşturulmuştur. ‘Paradox Mom’ ve ‘Hartley’ çeşitleri arasında 63 geri melez bitki elde edilmiştir. 42 RFLP lokusundan 12 bağlantı grubu tanımlanmıştır. Yaklaşık ceviz genom uzunluğu 1,660 cM olarak belirlenmiştir.

Malvolti ve ark (2001) tarafından yapılan bir çalışmada ‘Lara 480’ ve ‘Chandler 1036’ çeşitleri arasında yapılan tür içi melezleme çalışmasından 81 bitki elde edilmiş ve bu bitkiler genetik haritalama çalışması için kullanılmıştır. Çalışmada izoenzim ve RAPD teknikleri kullanılmıştır. RAPD analizlerinde 400 primer taranmış ve 100 adeti tekrarlanabilir ve güçlü bantlar vermiştir. 100 primerden 1:1 Mendel açılımı gösteren toplam 120 bant elde edilmiştir. İzoenzim analizlerinde 12 enzim sistemi kullanılmış ve bunlardan sadece 4 adet açılım gösteren markör elde edilmiştir. 120 RAPD ve 4 izoenzim markörü genetik haritanın oluşturulmasında birlikte kullanılmıştır.

Zhu ve ark (2015) tarafından SNP ve InDel markörleri ile yapılan genetik haritalama çalışmasında SLAF-seq yöntemi ve Yuan Lin × Qing Lin F1 populasyonu (84 bitki) kullanılarak genetik haritalama ve antraknoza dayanım ile ilgili bir QTL çalışması yapılmıştır. Antraknoza duyarlı ‘Yuan Lin’ ana haritasında markör sayısı 1-242 arasında değişmiş ve toplamda 2,577 SLAF markör haritalanmıştır. Toplam harita uzunluğu 2,664.36 cM, markörler arası mesafe 1.11 cM olmuştur. Markör yoğunluğu ise 0.90 markör/cM olmuştur. Antraknoza dayanıklı ‘Qing Lin’ tozlayıcı genetik haritasında ise toplamda 448 markör haritalanmış ve uzunluğu 1,305.58 cM olmuştur. Markörler arası mesafe 2.9 cM, markör yoğunluğu ise 0.34 markör/cM olmuştur. Ortak harita uzunluğu ise 2,457.82 cM, markörler arası mesafe 0.95 cM olmuştur. Araştırmacılar, LOD değerleri 3.22 ile 4.04 ve fenotipik varyansı %16.2 ile

%19.9 arasında değişen LG14'de 10 adet markör ile bağlantılı QTL lokusu belirlemişlerdir.

Luo ve ark (2015) 'Chandler' x 'Idaho' F1 populasyonunu ve You ve ark (2012), tarafından geliştirilen SNP Infinium II çipini kullanarak genetik haritalama çalışması yapmışlardır. Chandler çeşidinde heterozigot ancak Idaho çeşidinde homozigot (lmxll) olan 1,525 SNP lokusu haritalanmışlardır. Toplamda 1,525 adet SNP markörü haritalanmış ve toplam harita uzunluğu 1,049.5 cM olarak hesaplanmıştır. Bağlantı gruplarına göre markör sayısı 13 ile 139 arasında değişmiş ve ortalaması 95,3 adet olmuştur. Bağlantı gruplarının uzunlukları 37.7 cM ile 97.3 cM arasında değişmiş ve ortalaması 59.3 cM olmuştur. Ortalama markörler arası mesafe 0.69 cM ve markör yoğunluğu ise 1.45 markör/cM olmuştur.

Kefayati ve ark (2019) tarafından yapılan çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonu kullanılarak öncelikle çok sayıda SSR markörü geliştirilmiş (Eser ve ark, 2019) ve sonrasında geliştirilen SSR markörleri kullanılarak cevizde ilk genetik harita oluşturulmuştur. Ortak haritanın toplam uzunluğu 1,568.2 cM, LG başına ortalama 24.1 markör ve SSR markörleri arasındaki ortalama mesafe 4,3 cM olmuştur. Chandler maternal bağlantı haritasında toplam harita uzunluğu 1,285.8 cM olmuş ve 279 SSR markörü içermiştir. Kaplan-86 erkek genetik haritası, toplam harita uzunluğu 1,574.4 cM olmuş ve 273 SSR markörü içermiştir. Bu çalışmada sunulan SSR tabanlı bağlantı haritalarının orta derecede yoğun olduğu bulunmuştur. Yapılan bu çalışmada ebeveyn ve ortak haritalar ile benzer konumlardaki fenotipik varyasyonun % 52.0-68.8'ini açıklayan LG4'te yapraklanma zamanı için ana QTL tespit edilmiştir.

Marrano ve ark (2019) tarafından yapılan çalışmada 'Chandler × Idaho' F1 populasyonundan fenotipik ve genotipik veriler entegre edilerek beş farklı özellik (yapraklanma tarihi, hasat tarihi, yan dallarda meyve verme, verim ve iç meyve rengi) için Chandler çeşidinde beş, Idaho çeşidinde iki olmak üzere toplamda yedi QTL tespit edilmiştir. Yapraklanma tarihi için toplam fenotipik varyasyonun

%81.9'nu açıklayan QTL Chandler çeşidi haritasında LG1 de tespit edilmiştir. Meyve verimi ve yan dallarda meyve verme özellikleri için fenotipik varyasyonun sırasıyla % 38.1 ve %69.7'ini açıklayan LG11 de önemli bir QTL tespit edilmiştir. Bunlara ek olarak, hasat tarihi karmaşık bir genetik yapı sergilemiştir. Chandler çeşidinde LG1, LG5, LG10 ve LG12'de dört adet QTL tespit edilmiştir. Bunlardan LG1'de tespit edilen QTL fenotipik varyasyonun %16.8'ni açıklamıştır. Idaho çeşidinde ise hasat tarihi için fenotipik varyasyonun %7.85'ini açıklayan LG1'de ek bir QTL belirlenmiştir.

Aradhya ve ark (2019) tarafından yapılan çalışmada 'Chandler' x 'Idaho' F1 populasyonu kullanılarak 16 bağlantı grubunda 2,220 SNP içeren bir ceviz genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Beş kantitatif verim özelliği (yan dallarda meyve verme, hasat zamanı, kabuk kalınlığı, meyve ağırlığı, meyvenin içi doldurması) bağlantı grupları üzerine eşleştirilmiştir. QTL analizleri sonucunda yan dallarda meyve verme özelliği için toplam fenotipik varyasyonun %59'unu açıklayan ana QTL Chandler çeşidi haritasında LG11 de tespit edilmiştir. Hasat zamanı için toplam fenotipik varyasyonun %10'unu açıklayan QTL'ler Chandler ve Idaho haritalarında LG1'de tespit edilmiştir. Kabuk kalınlığı, meyve ağırlığı ve meyvenin içi doldurması özellikleri ile ilişkili fenotipik varyasyonun sırasıyla %10, %18.6, %27.2'sini açıklayan LG1 de bir QTL belirlenmiştir.

Bernard ve ark (2020) tarafından yapılan çalışmada genetik kaynaklarda bulunan 170 *J. regia* çeşit ve genotipi ile 'Franquette × UK 6-2' melezlemesi ile oluşturulan 78 F1 bireyi sırasıyla ilişkili ve bağlantı haritalama yapmak üzere kullanılmıştır. Tüm çeşit ve genotipler Axiom™ *J. regia* 700K SNP dizisi kullanılarak genotiplendirilmiştir. Fenotipik değerlendirme ise 10 özellik (tomurcuklanma tarihi, dişi çiçeklenme (başlangıç, tam, son) tarihleri, erkek çiçeklenme (başlangıç, tam, son) tarihleri, dişi çiçeklenme süresi, erkek çiçeklenme süresi ve heterodikogami) için yapılmıştır. İlişkili haritalamada kromozom 1'in başında yer alan SNP'lerin hem tomurcuklanma hem de dişi çiçeklenme tarihleri ile

güçlü ilişkileri bulunmuştur. Bu bulgular aynı genomik bölgede saptanan QTL'ler tarafından da desteklenmiştir. GWAS kullanılarak kromozom 11 üzerinde de yan dallarda meyve verme, erkek çiçeklenme tarihleri ve heterodikogami özellikleri ile ilişkili çok önemli SNP'ler tespit edilmiştir. Bunlarla birlikte cevizde tomurcuklanma tarihi ile ilişkili ilk KASP (Kompetitif Allel Spesifik PCR) markörü geliştirilmiştir.

Sideli ve ark (2020) tarafından yapılan çalışmada ceviz kabuğu birleşme yeri dayanıklılığı fenotiplemesinin doğruluğunu arttırmak ve daha sonra ceviz birleşme yeri özelliğinin genetik temelini incelemek için hem bağlantı hemde ilişkili haritalama yaklaşımını uygulamışlardır. QTL haritalama da 'Chandler × Idaho' melezlemesinden elde edilen 180 F1 popülasyonu kullanılmıştır. Chandler çeşidi genetik haritasının LG5'de fenotipik varyasyonun %34'nü açıklayan ana QTL tespit edilmiştir. Ayrıca, LG1 ve LG11 'de iki küçük QTL de tanımlanmıştır. Bu tespit edilmiş üç QTL, GWAS ile doğrulanmıştır.

2.3. Cevizde Genom Dizileme Çalışmaları

Martinez-Garcia ve ark (2016) tarafından yapılan çalışmada hedef genleri ve bilinmeyen genleri keşfetmek için "Chandler" çeşidinden ilk referans genom dizisi (Chandler v1.0) elde edilmiştir. İki farklı birleştirme yöntemi kullanılarak birleştirilmiştir (667 Mbp genomu, 464,955 bp N50 büyüklüğü, 221,640 contig ve % 37 GC içeriği). Validasyon için PacBio okumalarını kullanmışlardır. Birleştirmenin yaklaşık %88'inin ortalama %80.2 özdeşlikte PacBio okumaları tarafından kaplandığı gösterilmiştir. Eksprese edilmiş dizi etiketi (EST) ve tür yakınlarından gelen protein sekansları ve birleştirilen *J. regia* transkriptomu kullanılarak birleştirilmiş genom açıklanmıştır. Sonuç olarak 32.498 gen modeli elde edilmiştir. Cevizde dokuya özgü yöntemlere dayanan daha önceki çalışmalar sadece bir tek polifenoloksidaz (PPO) geni (JrPPO1) tanımlamıştır. *J. regia* genom dizisi tarafından etkinleştirilen, ikinci bir PPO homologu (JrPP02) da keşfedilmiştir. Ek

olarak, büyük gallet 1-b-glukosiltransferaz (GGT) üst ailesinde yaklaşık 130 gen tespit edilmiştir.

İnterspesifik melezlerin genomu genellikle ebeveyn türlerin haploid genomlarından oluşmaktadır. **Zhu ve ark (2019)** yapmış oldukları çalışmada heterozigotluğu önlemek için interspesifik melezlerin bu özelliğini kullanmışlardır. Yeni nesil sekanslama yöntemi ve optik genom haritalama teknolojileri kombinasyonu kullanarak interspesifik bir melez olan *Juglans microcarpa* × *J. regia* ebeveyn türlerinin yüksek kalitede genomları birleştirilerek sekanslamayı gerçekleştirmişlerdir. Her iki genomun kromozom termini ve sentromer bölgeleride dâhil olmak üzere toplam genomları tamamlanmıştır. Çalışmalarında *J. microcarpa* (Jm31.01) × *J. regia* (JrSerr) melezini 58 Pacific Biosciences SMRT hücreleri ile dizilemişler ve birleştirmişlerdir. Birleştirilmiş genomun toplam uzunluğu 1.056.053.408 bp (N50 = 7.963,037 bp) olarak elde edilmiştir. Daha sonra melez için iki, ebeveynlerin herbiri için ise bir optik harita oluşturmuşlardır. Optik kontiglerin N50 değeri ise 1,31 ile 2,90 Mb arasında değişmiştir. Melezin optik harita üzerinde sekans kontigleri hizalandığında ve birleştirildiğinde melez genomunun ebeveyn genomlarını temsil ettiği görülmüştür. Sekanslama yoğunluğu 10X olarak yapılmıştır. Genom birleştirme için okumalar yapıldığında InDel'ler ve baz yer değiştirmeleri saptanmıştır. Birleştirilmiş genomların transposable elementleri (TE) ve basit dizi tekrarları (SSR) içerdiği bulunmuştur. JrSerr_v1.0 ve Jm31.01_v1.0 birleştirilmiş genomlarda yüksek güvenilirlikli protein kodlayan gen sırasıyla 31,425 ve 29,496 olarak açıklanmıştır.

Marrano ve ark (2019) tarafından yapılan çalışmada kromozom konformasyon yakalama (Hi-C) teknolojisi ile Oxford Nanopore 97 uzun okuma dizisi birleştirilerek elde edilmiş ceviz referans genomunun kromozomal düzeydeki versiyonu (Chandler v2.0) rapor edilmiştir. Kromozom dizilerinin varlığı daha önce standart genotipleme araçlarıyla erişilemeyen Chandler'in yeni genetik çeşitliliğini ve genomik bölgelerdeki Batı ve Doğu cevizleri arasında, meyve şekli/ hasat tarihini

de kapsayan lokuslarda dahil olmak üzere önemli genetik farklılaşmayı ortaya koymuştur. Önceki referans genomuna göre yeni birleştirme N50 boyutunda 84,4 katlık bir artışa ve 16 kromozomal psödomolekülün tam sekansına sahip olmuştur, bunların dokuzunda her iki uçta telomer sekansı bulunmaktadır. Tek molekülle gerçek zamanlı sekanslamadan tam uzunlukta transkriptler kullanılarak, önceki gen anotasyonlarından daha yüksek bir ortalama gen uzunluğu ile 40,491 gen modeli tahmin edilmiştir. Kromozomal düzeydeki ceviz genomunda (Chandler v2.0) yeni protein kodlayan genlerin çoğu (%90) tam uzunluktadır, bu durum Chandler v1.0 (sadece %48) ile karşılaştırıldığında önemli bir gelişme olduğu görülmüştür. Erkek ceviz çiçeği (kedicik) ve saf polenin farklı gelişim aşamalarını kapsayan örneklerden üretilen proteomik veriler, yeni kromozom ölçekli genom ve Chandler v1.0'ın gen anotasyonlarından tahmin edilen sanal proteomlar kullanılarak analiz edilmiştir. Chandler v2.0'dan elde edilen sanal proteomun, önceki referans genomundan daha az peptit sunduğunu ve cevizde yeni bir potansiyel polen alerjeninin tanımlanmasını sağladığını gözlemlemişlerdir.



3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Bitki Materyali

Yapılan bu çalışmada, bitki materyali olarak daha önce tamamlanan bir TÜBİTAK (TOVAG 214O140) projesi kapsamında kullanılan Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonuna ait bitkiler ile birlikte genetik kaynakta bulunan 160 adet ceviz çeşit ve genotipi kullanılmıştır. Bitkisel materyal Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Sert Kabuklu Meyveler Araştırma Merkezinden temin edilmiştir. Çalışma kapsamında 175 adet F1 bitkisi ile 160 adet ceviz çeşit ve genotipi kullanılmıştır.

3.1.2. Kullanılan Fenotipik Veriler

Çalışmada kullanılan fenolojik verilerden, 2015 ve 2016 yıllarına ait yapraklanma zamanı ile ilgili veriler daha önce tamamlanan TÜBİTAK (TOVAG 214O140) projesi kapsamında alınmıştır. Aynı zamanda F1 populasyonuna ait bitkilerden 2017 ve 2018 yıllarında da fenotipik veriler alınmıştır.

Bu çalışma kapsamında, fenotipik veri olarak tepe tomurcuğu patlama zamanı ile yapraklanma zamanı ile ilgili veriler kullanılmıştır. Tepe tomurcuğu patlama zamanı karakteri TÜBİTAK projesi kapsamında bulunmamaktaydı.

3.2. Metot

3.2.1. DNA İzolasyonu

Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonuna ait bitkilerin DNA'ları ve genetik kaynakta bulunan 160 adet ceviz çeşit ve genotipinin DNA'sı Doyle ve Doyle'nin (1987) geliştirdiği yöntemle göre yapılmıştır. Bu yöntemde, her bir ceviz yaprak örneği sıvı azot yardımıyla havanda ezilerek 2 ml'lik tüplere eşit miktarlarda konulmuştur. Ezilmiş olan yaprak örneklerinin konulduğu 2 ml'lik tüplere 0.9 ml

CTAB (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, %0.1 Na₂S₂O₅) tampon çözeltisi katılmış ve örnekler su banyosunda (65°C'de 1 saat) bekletilmiştir. İçerisinde iyice ezilmiş olan yaprak örnekleri bulunan 2 ml'lik tüpler her 10-15 dk'da bir nazikçe çalkalanmıştır. Bu örnekler su banyosundan alındıktan sonra oda koşullarında 10-15 dakika kadar bekletilmiş ve üzerlerine ekstraksiyon tampon çözeltisiyle eşit miktarda (0.9 ml) olacak şekilde kloroform:izoamil alkol (24:1) ilave edilmiştir. Tüpler raklarda sabitlenip çalkalayıcı yardımıyla oda koşullarında 15 dakika hafif bir şekilde çalkalanmıştır. Daha sonra bu 2 ml'lik tüpler 14.000 d/dk'da 15 dk boyunca santrifüj yapılmıştır. Santrifüj yapıldıktan sonra 2 ml'lik tüplerde bulunan örneklerin en üst fazları dikkatli bir şekilde alınarak 1.5 ml'lik tüplere konulmuştur. 1,5 ml'lik tüplere aktarılmış olan üst fazların üzerine soğuk (önceden -20°C'de bekletilmiş) izopropanol eklenmiştir. Bu aşamada tüpler hafifçe çalkalanarak DNA'nın tüp tabanına çökmesi sağlanmıştır. DNA'nın dibe daha iyi çökmesini sağlamak için 1 saat -80°C'de veya 1 gece -20°C'de bekletilmiştir. Daha sonra izopropanolü boşaltılan tüpün içine, içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan %76'lık etil alkolden 1 ml ilave edilerek, 15 dakika hafifçe çalkalanmıştır ve bu şekilde DNA'nın yıkayıp temiz bir hale gelmesi sağlanmıştır. Daha sonra üst faz tüpten uzaklaştırılmış ve tüplerde bulunan DNA'lar oda koşullarında 1 gece bekletilerek kurutulmuştur.

3.2.2. QTL Analizleri

Bu çalışmada yapılan QTL analizleri, daha önce (2018) tamamlanan bir TÜBİTAK projesi (TOVAG 214O140) kapsamında SSR, DArT ve SNP markörleri ile oluşturulan 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonuna ait ebeveynlerin genetik haritaları kullanılarak yapılmıştır. Chandler çeşidinin genetik haritasında toplam 3,755 adet markör yer almış, harita 1,248.9 cM uzunluğa ve 0.38 cM markörler arası mesafeye sahip olmuştur. Kaplan-86 çeşidinin genetik haritasında toplam 4,275 adet markör yer almış, harita 1,826.5 cM uzunluğa ve 0.45 cM markörler arası mesafeye

sahip olmuştur. 'Chandler × Kaplan-86' çeşidine ait genetik haritalar ile birlikte 2015, 2016 ve 2017 yılları yapraklanma zamanı ile ilgili fenotipik veriler kullanılarak mevcut TÜBİTAK projesi kapsamında QTL analizleri daha önceden yapılmıştı. Bu çalışma kapsamında ise yapraklanma zamanı ile ilgili 2018 yılına ait fenotipik veri kullanılarak da QTL analizi yapılmıştır. Tepe tomurcuğu patlama zamanı ile ilgili ise QTL analizleri 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait veriler kullanılarak bu çalışma kapsamında yapılmıştır. Böylece hem tepe tomurcuğu patlama zamanı hem de yapraklanma zamanı ile ilgili 4 yıllık QTL analiz sonuçları elde edilmiştir. Tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı fenolojilerine ek olarak ceviz için önemli olan 11 fenolojik karakterde (erkek çiçek aktifleşme başlangıcı, erkek çiçek aktifleşme sonu, erkek çiçek aktifleşme zamanı, dişi çiçek aktifleşme başlangıcı, dişi çiçek aktifleşme sonu, dişi çiçek aktifleşme zamanı, erkek çiçek miktarı, dişi çiçek miktarı, yan dal çiçeklenme yüzdesi, dikogami durumu, hasat zamanı) yani toplam 13 karakterde 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait fenotipik veriler kullanılarak QTL analizleri yapılmıştır.

QTL analizleri MapQTL (ver 5.0) programı kullanılarak yapılmıştır. QTL'lerin tespiti, her ebeveyn için ayrı ayrı oluşturulmuş genetik bağlantı haritaları ile yapılmıştır. Analiz için interval mapping (IM; Aralık Haritalama) ve multiple QTL model mapping (MQM; Çoklu QTL Model Haritalama) olmak üzere 2 farklı yaklaşım kullanılmıştır. Öncelikle, IM yaklaşımı kullanılarak LOD skorları 2.0'dan yüksek varsayılan QTL'ler belirlenmiştir. Daha sonra aralık haritasındaki her önemli QTL'in LOD zirvesine en yakın markör kofaktör olarak kullanılmıştır. Daha sonra MQM gerçekleştirilmiştir. Kruskal-Wallis testi yapılarak önemlilik seviyesi yüksek olan birkaç markörden kofaktör seçimi yapılmıştır. Her anlamlı QTL'in LOD zirvesine en yakın markör, kofaktör olarak kullanılmıştır. Sonrasında seçilen kofaktör markör ile çoklu QTL model haritalaması (MQM) gerçekleştirilmiştir. Genom çapında seviye için LOD anlamlı eşikleri 1000 permütasyon testi ile belirlenmiştir. Anlamlılık eşiği $p = 0.05$ anlamlı QTL'leri saptamak için

kullanılmıştır. Ayrıca belirlenen QTL'leri doğrulamak için Kruskal-Wallis (KW) testi gerçekleştirilmiştir. Böylelikle yapılan QTL analizleri sonucunda QTL bölgesine en yakın markörler belirlenmiştir.

3.2.3. Primer Dizaynı ve Validasyon

Tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı QTL analizleri sonucunda Chandler ve Kaplan-86 genetik haritalarında ilişkili bulunan LG4 üzerine haritalanan majör QTL'ler ve bu QTL bölgelerine en yakın olarak belirlenen DArT ve SSR markörlerinin dizisi kullanılarak primer dizaynı yapılmıştır (Çizelge 3.1). DArT markörleri için öncelikle Serr v1.0 genom dizileri (Zhu ve ark, 2019) kullanılarak CLC Genomics Workbench (ver 20.0) programında BLAST yapılmıştır ve ilgili DArT dizisinin ceviz genomundaki yeri belirlenmiştir. DArT markörlerinin kısa okuma dizileri olması nedeniyle primer dizaynı için öncelikle kısa diziler uzatılmıştır. Dizi uzatıldıktan sonra BatchPrimer v3.0 programı kullanılarak primer dizaynı yapılmıştır. SSR markörlerinin haritalaması laboratuvarımızda yapıldığından (Kefayati ve ark, 2019) primerler laboratuvarımızda hazır bulunmaktadır. SSR markörlerinin analizi ise Kefayati ve ark (2019)'na göre yapılmıştır.

Çizelge 3.1. Tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilişkili bulunan majör QTL bölgelerine en yakın olarak belirlenen WD7396062, CUJRB012, JRHR209732 markörlerinin ileri ve geri primer dizileri

Markör	Primer Dizileri
WD7396062	F- GTTCAGAATTTGTGAGATCT R- TGGGATCTTAGTATGACTTC
CUJRB012	F- ACTCATCAAGATCCCCGACTAC R- CCACATCGTCTGGGTTTCAT
JRHR209732	F- TGTTTCAGATGGATCGATTAGGAG R- CCTCTTTCTTTAGATGCTTGTGG

DArT marköründen geliştirilen primer agaroz jelde (Sambrook ve Russel, 2006), SSR markörleri ise kapiler elektroforez (Topçu ve ark, 2016 ve Khodaeiaminjan ve ark, 2018) yapılarak analiz edilmiştir. DArT marköründen

geliştirilen primerin validasyonu için öncelikle sekizer adet erken uyanan ve geç uyanan hem açılım gösteren popülasyonda hem de genetik kaynakta bulunan çeşit ve genotiplerde yani toplamda 32 bitkide PCR işlemi yapılmıştır. PCR reaksiyonu 25µl hacimde yapılmıştır. PCR reaksiyon ve döngü koşulları Çizelge 3.2 ve Çizelge 3.3’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. PCR reaksiyonu

Green Buffer	2.5 µL
dNTP	1 µL
WD7396062 ileri	1 µL
WD7396062 geri	1 µL
Taq polimeraz	0.25 µL
ddH ₂ O	17.25 µL
DNA	2 µL

Çizelge 3.3. PCR sıcaklık ve döngü koşulları

İşlem	Sıcaklık(°C)	Süre (sn)	Döngü sayısı
Ön denatürasyon	94	120	1
Denatürasyon	94	45	40
Primerin DNA'ya bağlanması	54	60	
Uzama safhası	72	110	
Son uzama safhası	72	300	1

WD7396062 DArT markörü TGCA bölgesine sahip olduğu için (Şekil 3.2), TGCA bölgelerini tanıyan (Şekil 3.1) PstI restriksiyon enzimi kullanılarak 37°C’de sekiz saat boyunca elde edilen PCR ürünü kesilmiştir. Kesim 20 µL’de yapılmıştır (Çizelge 3.4). Tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı erken olan ve geç olan arasındaki ayırım durumları kesim sonucuna göre belirlenmiştir.

5' C T G C A ↓ G 3'

3' G ↑ A C G T C 5'

Şekil 3.1. PstI restriksiyon enzimi tanıma bölgesi

```

WD7396062 A T T C T A C G T C A A T C A A A T T C G C A G A G A A T T T C A A A T C A A A C A T A G A G A A A G T G A T T C C A G
                                     320                                     340                                     360
WD7396062 C A A G T G T G A A G G C G A A A A G G T T G C C T G G G G A G G A G G A C T T G G G T G T G A T C G G G A T T G G T G
                                     380                                     400                                     420
WD7396062 C T C T T T C G A G A G C T G C C A A G C C T C T G A G G G A C A T G A A A T C G G T G A C T G A G C T G C C A T C T
                                     440                                     460                                     480
WD7396062 C C T G C A G T G A A G G A C T T G G G C T T C A G G G T T G G C T T G A A T C T C G G C A G A T T G G C G A T A T A A
                                     500                                     520                                     540
WD7396062 T G A T G A T A C G G G C A T T A A T A A T A G G C C T C C G G A A T T G G G C T A A C T C T T T T C C T T T C A A T A
                                     560                                     580                                     600
WD7396062 A A A A A T C A G G C C T G A C C T T A T T T T A A C C T C T T A T T T C T A T T G C T T T T C C T T T G T T T T C T A
                                     620                                     640                                     660
WD7396062 A A A A T A A T T G T G T A A T A T T T G G A T A C T A A A T T T A A A T A G A A A A T A T T T C A A T T A T A G A C A
                                     680                                     700                                     720
WD7396062 A A T T T T A T A A A T A T A A A T T T A T A A A T T A A T G T A A T A C G A T T A G A T T T T T C A T T A T G G T T

```

Şekil 3.2. WD7396062 DArT markörü TGCA bölgesi

Çizelge 3.4. PstI restriksiyon enzim uygulaması

PCR ürünü	10 µL
10X Buffer	2 µL
PstI restriksiyon enzimi	3 µL
ddH ₂ O	5 µL

Test edilecek SSR markörleri ise, F1 populasyonunda TOVAG 214O140 proje kapsamında analizler daha önce yapıldığı için, sadece genetik kaynaktan bulunan çeşit ve genotiplerde testleme yapılmıştır. Bu testleme sonuçlarına göre de genetik kaynaktan tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı erken olan ve geç olan arasındaki ayırım durumları belirlenmiştir.

3.2.4. Anotasyon

Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı özellikleri ile ilişkili ıslahta kullanılabilir bir markör geliştirilmesi durumunda marköre ait dizilerin ceviz genomundaki anotasyonunun BLAST yapılarak ve fonksiyonel anotasyonunun ise Blast2GO (Conesa ve ark, 2005) yazılımı ile yapılması planlanmıştır. Ancak

tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilişkili ıslah programında kullanılabilir bir markör geliştirilemediği için anotasyon çalışması yapılamamıştır.





4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Fenotipik Özellikler Arasındaki Korelasyon

Chandler × Kaplan-86 F1 popülasyonunda Tepe tomurcuğu patlama zamanı (TTP), Yapraklanma Zamanı (YZ), Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB), Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS), Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ), Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB), Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS), Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ), Erkek Çiçek Miktarı (ECM), Dişi Çiçek Miktarı (DCM), Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY), Dikogami Durumu (DD) ve Hasat Zamanı (HZ) fenolojilerine ait 2015, 2016, 2017 ve 2018 fenotipik verileri kullanılarak her yıl için ve dört yılın ortalama rakamları arasında korelasyon analizleri yapılmıştır.

Chandler × Kaplan-86 F1 popülasyonu için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ve dört yılın ortalama rakamları alınarak yapılan korelasyona bakıldığında tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı; erkek çiçek aktifleşme başlangıcı ve erkek çiçek aktifleşme sonu; dişi çiçek aktifleşme başlangıcı ve dişi çiçek aktifleşme sonu; dişi çiçek miktarı ve yan dal çiçeklenme yüzdesi önemli ölçüde ilişkilendirilmiştir ($r \geq 0.7$). Diğer karakterler ise orta ($r \geq 0.3$) ve düşük düzeyde ($r \geq 0.01$) korelasyon göstermiştir (Çizelge 4.1, Çizelge 4.2, Çizelge 4.3, Çizelge 4.4, Çizelge 4.5).

160 ceviz çeşit ve genotipinde Tepe tomurcuğu patlama zamanı (TTP), Yapraklanma Zamanı (YZ), Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB), Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS), Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ), Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB), Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS), Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ), Erkek Çiçek Miktarı (ECM), Dişi Çiçek Miktarı (DCM), Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY), Dikogami Durumu (DD) fenolojilerine ait 2016, 2017 ve 2018 fenotipik verileri kullanılarak her yıl için ve üç yılın ortalama rakamları arasında korelasyon analizleri de yapılmıştır.

160 ceviz çeşit ve genotipi için 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ve üç yılın ortalama rakamları alınarak yapılan korelasyona bakıldığında tepe tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı, erkek çiçek aktifleşme başlangıcı; erkek çiçek aktifleşme başlangıcı ve erkek çiçek aktifleşme sonu; dişi çiçek aktifleşme başlangıcı ve dişi çiçek aktifleşme sonu; dişi çiçek miktarı ve yan dal çiçeklenme yüzdesi önemli ölçüde ilişkilendirilmiştir ($r \geq 0.7$). Diğer karakterler ise orta ($r \geq 0.3$) ve düşük düzeyde ($r \geq 0.01$) korelasyon göstermiştir (Çizelge 4.6, Çizelge 4.7, Çizelge 4.8 ve Çizelge 4.9).



Çizelge 4.1. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2015 yılındaki fenolojik özelliklerarasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	DCM	YDCY	DD	HZ
TTP	1											
YZ	.830**	1										
ECAB	.648**	.661**	1									
ECAS	.557**	.600**	.931**	1								
ECAZ	-.512**	-.455**	-.638**	-.312*	1							
DCAB	.448**	.524**	-,019	-,116	-,196	1						
DCAS	.455**	.440**	-,151	-,254*	-,143	.750**	1					
DCAZ	-,041	-,146	-,208	-,208	,102	-.235**	.363**	1				
DCM	-.218**	-.256**	,135	,170	,007	-.359**	-.162*	.352**	1			
YDCY	-.279**	-.326**	-,074	-,047	,093	-.290**	-,079	.367**	.759**	1		
DD	-,106	-,091	-,601**	-,639**	,215	.640**	.576**	-,160	-.387**	-,236	1	
HZ	.373**	.300**	,063	,055	-,048	.396**	.235**	-.226**	-.335**	-,249**	,029	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır. ** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.2. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2016 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD	HZ
TTP	1												
YZ	,868**	1											
ECAB	,553**	,591**	1										
ECAS	,692**	,744**	,848**	1									
ECAZ	,239*	,262*	-,301**	,249*	1								
DCAB	,476**	,453**	-,321**	-,097	,413**	1							
DCAS	,572**	,548**	-,232*	,022	,469**	,869**	1						
DCAZ	,356**	,344**	,050	,204	,281*	,076	,558**	1					
ECM	,033	,119	,189	,358**	,297**	,050	,071	,063	1				
DCM	-,007	,053	,062	,062	-,004	,002	,117	,229**	,447**	1			
YDCY	-,028	,040	-,158	-,040	,216	,043	,133	,193*	,509**	,937**	1		
DD	-,256*	-,324**	-,696**	-,677**	,061	,463**	,386**	,030	-,217	,034	,161	1	
HZ	,228**	,237**	-,022	,019	,080	,280**	,306**	,148	-,020	-,063	-,046	,164	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır.** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.3. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2017 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD	HZ
TTP	1												
YZ	,793**	1											
ECAB	,486**	,480**	1										
ECAS	,430**	,446**	,854**	1									
ECAZ	-,328**	-,295**	-,716**	-,249**	1								
DCAB	,413**	,573**	-,140	-,190*	,006	1							
DCAS	,343**	,485**	-,241**	-,228*	,144	,862**	1						
DCAZ	-,228**	-,300**	-,126	-,006	,225*	-,497**	,011	1					
ECM	-,146	-,123	-,114	,214*	,500**	-,222**	-,131	,214**	1				
DCM	,075	,144	-,149	,079	,384**	,014	,146	,222**	,582**	1			
YDCY	,037	,134	-,188*	,038	,401**	,030	,167*	,228**	,608**	,953**	1		
DD	-,067	-,008	-,555**	-,649**	,183*	,656**	,569**	-,329**	-,113	,046	,085	1	
HZ	,236**	,233**	,099	-,059	-,266**	,278**	,192*	-,232**	-,068	-,032	-,042	,119	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır .** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.4. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2018 yılındaki fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD	HZ
TTP	1												
YZ	,785**	1											
ECAB	,513**	,485**	1										
ECAS	,628**	,653**	,868**	1									
ECAZ	,356**	,457**	-,020	,479**	1								
DCAB	,629**	,603**	-,049	,140	,369**	1							
DCAS	,642**	,625**	-,030	,166*	,389**	,912**	1						
DCAZ	,213**	,228**	-,035	,045	,152	,174*	,467**	1					
ECM	-,265**	-,150	-,475**	-,211**	,415**	-,079	-,074	,033	1				
DCM	-,127	-,061	,131	,178*	,126	-,270**	-,226**	-,029	,406**	1			
YDCY	-,145	-,065	,131	,179*	,129	-,292**	-,258**	-,059	,424**	,966**	1		
DD	-,178*	-,196*	-,531**	-,575**	-,219**	,277**	,192*	-,107	,036	-,121	-,129	1	
HZ	,441**	,484**	,207**	,276**	,189*	,466**	,478**	,173*	-,092	-,169*	-,165*	,063	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır. ** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.5. Chandler × Kaplan-86 populasyonunda 2015,2016, 2017 ve 2018 ortalama rakamları alınan fenolojik özellikler arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD	HZ
TTP	1												
YZ	,967**	1											
ECAB	,168*	,236**	1										
ECAS	,169*	,239**	,999**	1									
ECAZ	,162*	,231**	,860**	,881**	1								
DCAB	,751**	,783**	,290**	,296**	,326**	1							
DCAS	,749**	,780**	,321**	,327**	,361**	,992**	1						
DCAZ	,378**	,401**	,410**	,416**	,434**	,502**	,598**	1					
ECM	,048	,022	,016	,015	-,001	-,013	-,011	-,022	1				
DCM	,212**	,276**	,743**	,745**	,668**	,312**	,358**	,491**	,065	1			
YDCY	,144	,219**	,732**	,735**	,670**	,255**	,300**	,447**	,028	,960**	1		
DD	,042	,113	,789**	,795**	,764**	,350**	,362**	,323**	-,075	,560**	,581**	1	
HZ	,497**	,549**	,375**	,376**	,345**	,675**	,684**	,475**	-,034	,503**	,424**	,312**	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır.** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.6. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016 yılındaki 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD
TTP	1											
YZ	,897**	1										
ECAB	,706**	,632**	1									
ECAS	,635**	,580**	,911**	1								
ECAZ	-,076	-,046	-,079	,338**	1							
DCAB	,599**	,633**	,180	,151	-,058	1						
DCAS	,562**	,581**	,193	,181	-,010	,850**	1					
DCAZ	,154	,137	,076	,112	,099	,088	,588**	1				
ECM	-,278*	-,214	-,253*	-,074	,400**	-,204	-,209	-,151	1			
DCM	,231**	,249**	,205	,121	-,175	,210**	,304**	,270**	-,104	1		
YDCY	,151	,192*	,209	,158	-,095	,112	,251**	,328**	-,041	,832**	1	
DD	,085	-,025	,542**	,585**	,184	-,459**	-,291**	,091	-,008	-,058	,023	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır .** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.7. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2017 yılındaki 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD
TTP	1											
YZ	,939**	1										
ECAB	,702**	,720**	1									
ECAS	,655**	,637**	,902**	1								
ECAZ	-,433**	-,504**	-,671**	-,285**	1							
DCAB	,538**	,583**	,016	-,065	-,147	1						
DCAS	,606**	,637**	,077	,010	-,153	,814**	1					
DCAZ	,173*	,162*	,143	,166	-,033	-,098	,354**	1				
ECM	-,308**	-,381**	-,332**	-,071	,615**	-,268**	-,315**	-,124	1			
DCM	,224**	,324**	,288**	,162	-,361**	,207**	,277**	,289**	-,319**	1		
YDCY	,336**	,424**	,363**	,257**	-,364**	,280**	,378**	,338**	-,324**	,915**	1	
DD	,145	,123	,623**	,674**	-,225*	-,513**	-,363**	,286**	-,046	,085	,085	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır. ** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.8. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2018 yılındaki 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD
TTP	1											
YZ	,972**	1										
ECAB	,767**	,762**	1									
ECAS	,759**	,750**	,945**	1								
ECAZ	-,036	-,047	-,183	,149	1							
DCAB	,711**	,730**	,251**	,249**	-,009	1						
DCAS	,700**	,714**	,247**	,239**	-,029	,921**	1					
DCAZ	,344**	,341**	,122	,105	-,053	,331**	,673**	1				
ECM	-,511**	-,505**	-,521**	-,409**	,347**	-,331**	-,400**	-,343**	1			
DCM	,310**	,329**	,194*	,248**	,156	,146	,237**	,297**	-,107	1		
YDCY	,251**	,276**	,129	,190*	,180*	,142	,214**	,249**	-,076	,924**	1	
DD	,236**	,223**	,624**	,653**	,076	-,326**	-,269**	-,032	-,184*	,189*	,169*	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır.** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

Çizelge 4.9. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yılları ortalama rakamları alınan 12 fenolojik özellik arasındaki korelasyonlar

	TTP	YZ	ECAB	ECAS	ECAZ	DCAB	DCAS	DCAZ	ECM	DCM	YDCY	DD
TTP	1											
YZ	,978**	1										
ECAB	,701**	,683**	1									
ECAS	,630**	,615**	,947**	1								
ECAZ	-,340**	-,328**	-,327**	-,015	1							
DCAB	,681**	,707**	,092	,044	-,174*	1						
DCAS	,679**	,698**	,117	,057	-,209**	,932**	1					
DCAZ	,341**	,339**	,162*	,108	-,178*	,333**	,619**	1				
ECM	-,477**	-,457**	-,310**	-,150	,508**	-,363**	-,394**	-,306**	1			
DCM	,281**	,333**	,261**	,261**	-,030	,205**	,294**	,437**	-,159*	1		
YDCY	,306**	,355**	,290**	,300**	-,008	,250**	,349**	,484**	-,122	,898**	1	
DD	,189*	,158*	,661**	,680**	-,043	-,395**	-,314**	,064	-,057	,163*	,166*	1

* Korelasyon $p = 0.05$ seviyesinde anlamlıdır. ** Korelasyon $p = 0.01$ seviyesinde anlamlıdır.

4.2. Fenotipik Özelliklerin Frekans Dağılımları

Chandler × Kaplan-86 populasyonundan 175 F1 bireyinde ve 160 ceviz çeşit ve genotipinde 13 fenotipik özellik (Tepe tomurcuğu patlama zamanı (TTP), Yapraklanma Zamanı (YZ), Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB), Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS), Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ), Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB), Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS), Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ), Erkek Çiçek Miktarı (ECM), Dişi Çiçek Miktarı (DCM), Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY), Dikogami Durumu (DD) ve Hasat Zamanı (HZ)) için ortalama, maksimum, minimum ve standart sapma değerleri Çizelge 4.10 ve Çizelge 4.11’de verilmiştir. Ayrıca 175 F1 populasyonunda herbir özellik için dört yıla ait, 160 çeşit ve genotipinde ise üç yıla ait frekans dağılımları gösterilmiştir

4.2.1. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonu

13 fenotipik özellik için ‘Chandler’ × ‘Kaplan-86’ F1 populasyonunda dört yıla ait istatistiksel veriler belirlenmiştir ve Çizelge 4.10’da gösterilmiştir.

Çizelge 4.10. ‘Chandler’ × ‘Kaplan-86’ F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait ortalama değerleri, maksimum ve minimum değerler, standart sapma değerleri

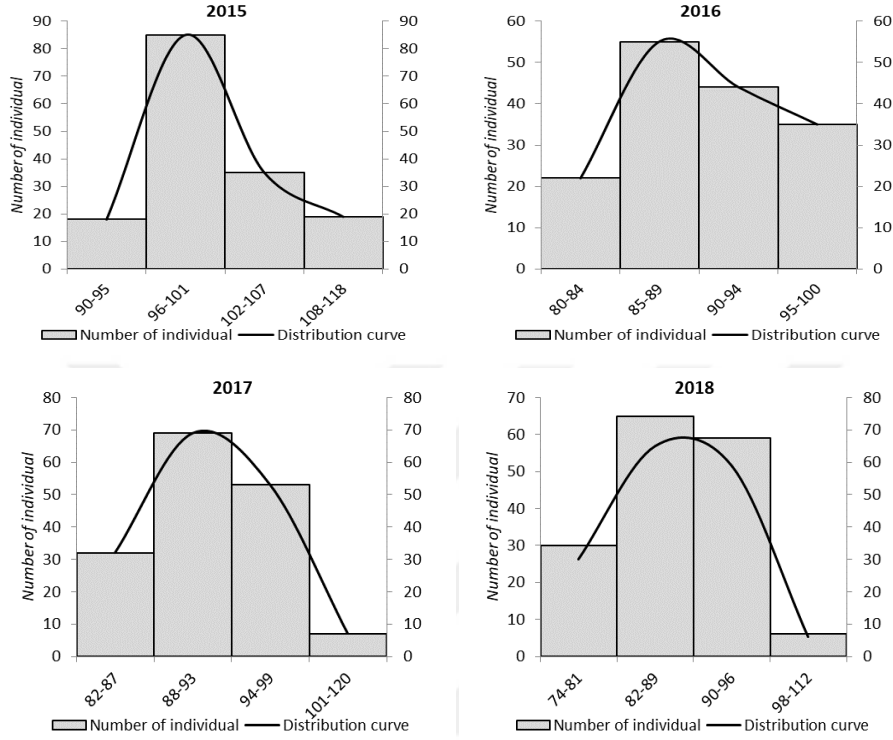
Özellik	Yıl	F1 populasyonu				Ebeveynler	
		Ortalama	Maksimum	Minimum	Standart Sapma	Chandler	Kaplan-86
TTP	2015	100.63	118	90	4.92	103	93
	2016	89.88	100	80	4.71	96	88
	2017	91.64	120	82	5.30	93	88
	2018	87.3	112	74	6.37	89	80
YZ	2015	114.29	123	101	4.47	115	104
	2016	99.15	109	87	3.58	101	98
	2017	104.21	117	94	5.47	106	98
	2018	96.03	109	75	5.80	98	91
ECAB	2015	118.03	129	108	5.61	118	117
	2016	103.79	115	96	5.45	102	102
	2017	107.80	119	94	6.85	109	112
	2018	98.12	114	88	6.20	96	102
ECAS	2015	123.02	132	115	4.55	125	126
	2016	109.91	123	101	5.36	111	112
	2017	115.74	126	105	4.93	115	119
	2018	107.08	123	95	7.06	105	108
ECAZ	2015	4.98	11	2	2.16	7	9
	2016	6.10	18	2	2.97	9	10
	2017	7.94	18	2	3.68	6	7
	2018	8.96	18	3	3.51	9	6
DCAB	2015	124.32	133	110	4.35	127	107
	2016	107.47	120	97	4.77	112	99
	2017	111.71	123	98	5.32	118	105
	2018	102.13	118	90	5.79	106	92
DCAS	2015	136.09	148	123	4.43	139	120
	2016	118.32	137	110	5.71	132	104
	2017	124.51	136	114	4.61	130	114
	2018	114.89	132	100	7.23	118	100
DCAZ	2015	11.66	19	4	2.80	12	13
	2016	10.83	17	5	2.83	20	5
	2017	12.80	24	5	2.70	12	9
	2018	12.94	42	5	3.86	12	8

Çizelge 4.10 Devamı

ECM	2016	2.51	5	1	0.86	4	4
	2017	2.91	5	1	1.34	4	4
	2018	3.49	5	1	1.46	5	3
DCM	2015	3.19	5	1	1.60	5	2
	2016	4.07	5	1	1.29	5	3
	2017	4.05	5	1	1.38	5	2
	2018	4.21	5	1	1.23	5	2
YDCY	2015	51.20	100	0	27.20	100	10
	2016	75.22	100	0	26.56	100	50
	2017	75.96	100	0	32.26	100	30
	2018	79	100	0	27.49	100	0
DD	2015	1.67	2	1	0.48	2	3
	2016	1.60	3	1	0.52	2	3
	2017	1.46	2	1	0.50	2	3
	2018	1.50	3	1	0.54	2	3
HZ	2015	275.95	288	258	4.54	282	279
	2016	265.80	276	239	7.04	275	255
	2017	273.12	295	253	9.34	278	258
	2018	264.76	286	240	8.91	251	251

4.2.1.1. Tepe Tomurcuk Patlama Zamanı (TTP)

Tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) için dört yıla ait istatistiksel verilere bakıldığında ebeveynler arasında fenotipik farklılıkların olduğu görülmüştür. Chandler çeşidinin 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki TTP sırasıyla 103, 96, 93 ve 89 iken Kaplan-86 çeşidinde 93, 88, 88, 80 gün olmuştur. Bu değerlendirme sonuçlarına göre Chandler çeşidinin Kaplan-86 çeşidine göre daha geç uyandığı görülmüştür. TTP değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 90 ile 118, 80 ile 100, 82 ile 120, 74 ile 112 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama TTP sırasıyla 100.63, 89.88, 91.64, 87.30 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma ise sırasıyla 4.92, 4.71, 5.30, 6.37 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında TTP için F1 bireylerinin frekans dağılımları normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.1).

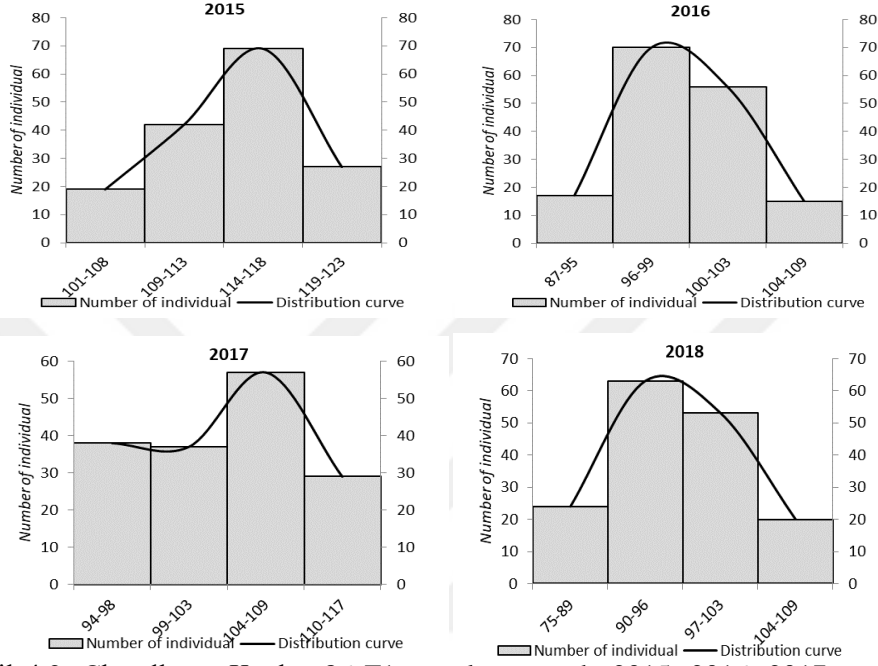


Şekil 4.1. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) için frekans dağılımları

4.2.1.2. Yapraklanma Zamanı (YZ)

Yapraklanma zamanı (YZ) için Chandler çeşidine bakıldığında; 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki YZ sırasıyla 115, 101, 106 ve 98 iken Kaplan-86 çeşidinde 104, 98, 98, 91 gün olmuştur. Bu değerlendirme sonuçlarına göre Chandler çeşidinin Kaplan-86 çeşidine göre daha geç yapraklanma zamanına sahip olduğu görülmüştür. YZ değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 101 ile 123, 87 ile 109, 94 ile 117, 75 ile 109 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama YZ sırasıyla 114.29, 99.15, 104.21, 96.03 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 4.47, 3.58, 5.47,

5.8 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında YZ için F1 bireylerinin frekans dağılımları normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.2).

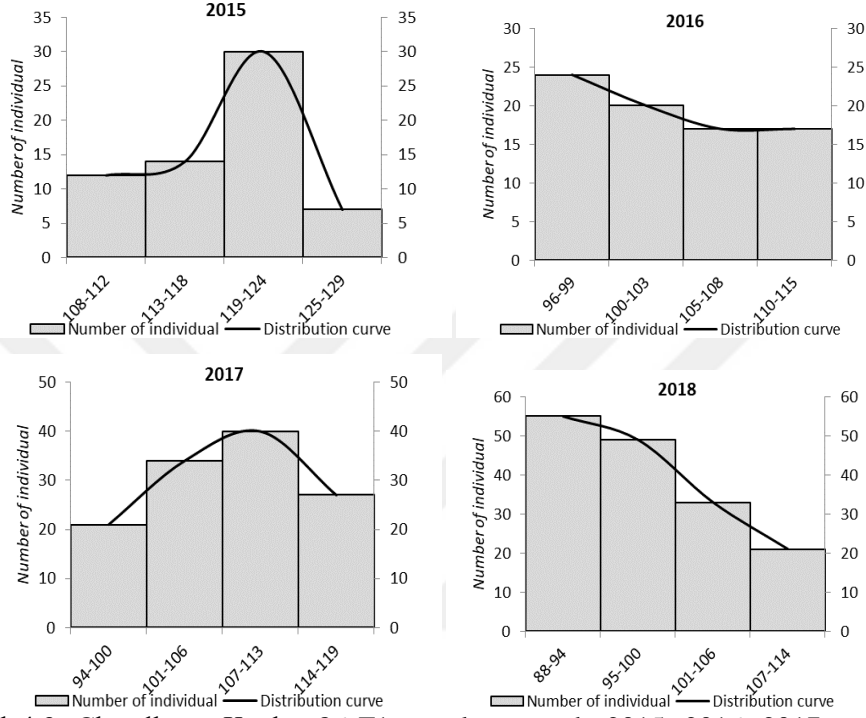


Şekil 4.2. Chandler × Kaplan-86 F1 popülasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yapraklanma zamanı (YZ) için frekans dağılımları

4.2.1.3. Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB)

Erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) yani ilk polen dökülmesinin meydana gelme zamanı fenotipik özelliği için Chandler çeşidinin 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ECAB sırasıyla 118, 102, 109 ve 96 iken Kaplan-86 çeşidinde 117, 102, 112, 102 gün olmuştur. ECAB değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018'de sırasıyla 108 ile 129, 96 ile 115, 94 ile 119, 88 ile 114 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama ECAB sırasıyla 118.03, 103.79, 107.80 ve 98.12 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma ise sırasıyla 5.61, 5.45, 6.85, 6.20 olmuştur. ECAB için frekans dağılımları 2015 ve

2017 yıllarında normal dağılıma iyi bir uyum gösterirken, 2016 ve 2018 yıllarında sağa çarpık bir dağılıma uyum göstermiştir (Çizelge 4. 10 ve Şekil 4. 3).

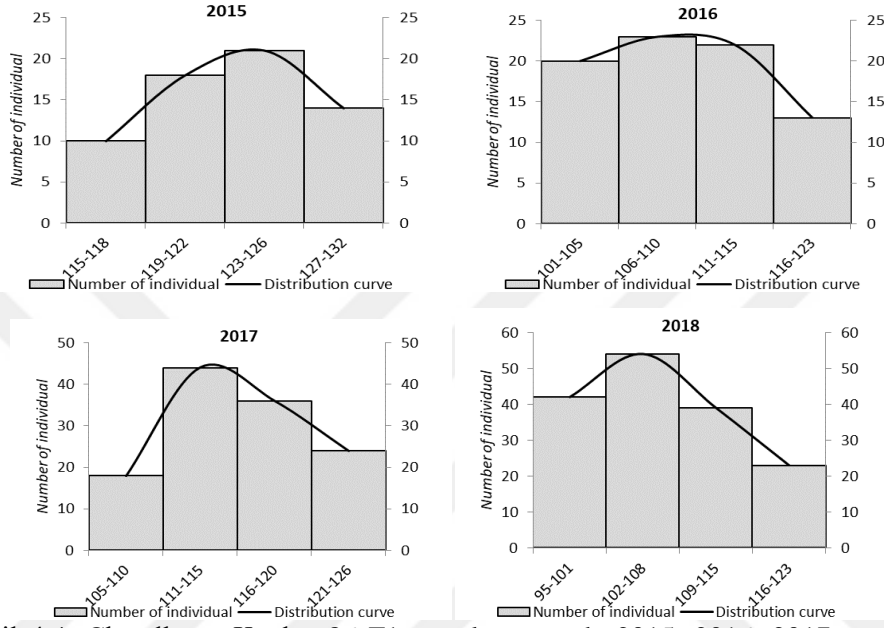


Şekil 4.3. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) için frekans dağılımları

4.2.1.4. Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS)

Erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) yani polen dökülmesinin sonlandığı zaman için Chandler çeşidine bakıldığında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 125, 111, 115 ve 105 iken Kaplan-86 çeşidinde 126, 112, 119, 108 gün olmuştur. ECAS değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 115 ile 132, 101 ile 123, 105 ile 126 ve 95 ile 123 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama ECAS sırasıyla 123.02, 109.91, 115.74, 107.08 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma ise sırasıyla 4.55,

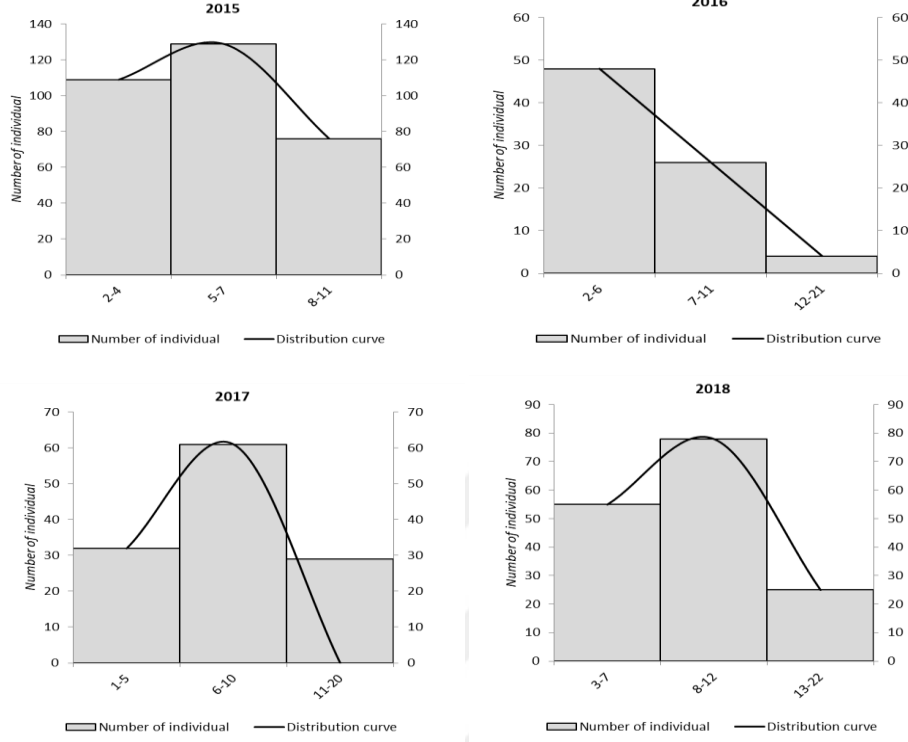
5.36, 4.93, 7.06 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında ECAS için frekans dağılımı normal dağılıma iyi uyum sağlamıştır (Çizelge 4. 10 ve Şekil 4. 4).



Şekil 4.4. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) için frekans dağılımları

4.2.1.5. Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ)

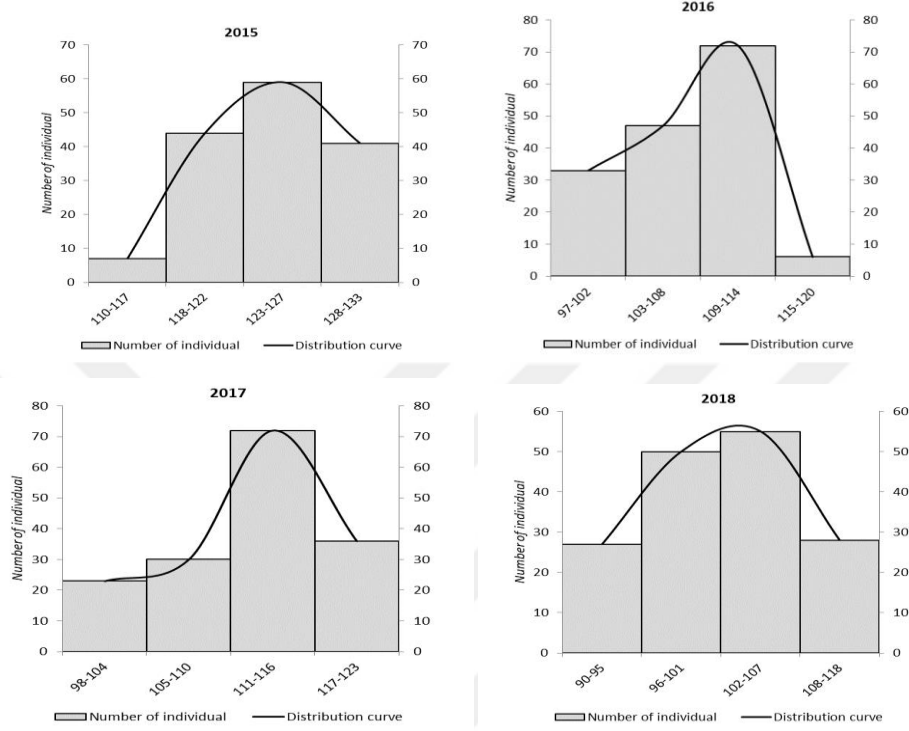
Erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ) yani ilk ve son polen dökülme tarihleri arasında geçen zaman Chandler çeşidinde 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 7, 9, 6 ve 9 iken Kaplan-86 çeşidinde 9, 10, 7 ve 6 gün olmuştur. ECAZ değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 2 ile 11, 2 ile 18, 2 ile 18, 3 ile 18 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında ortalama ECAZ sırasıyla 4.98, 6.10, 7.94 ve 8.96 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise sırasıyla 2.16, 2.97, 3.68, 3.51 olmuştur. 2015, 2017 ve 2018 yıllarında ECAZ frekans dağılımı normal dağılım, 2016 yılında sağa çarpık dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.5).



Şekil 4.5. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ) için frekans dağılımları

4.2.1.6. Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB)

Dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) fenotipik özelliği için Chandler çeşidinin 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki DCAB sırasıyla 127, 112, 118 ve 106 iken Kaplan-86 çeşidinde 107, 99, 105, 92 gün olmuştur. DCAB değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018'de sırasıyla 110 ile 133, 97 ile 120, 98 ile 123, 90 ile 118 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DCAB sırasıyla 124.32, 107.47, 111.71, 102.13 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise sırasıyla 4.35, 4.77, 5.32, 5.79 olmuştur. DCAB için frekans dağılımları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılıma iyi bir uyum göstermiştir (Çizelge 4. 10 ve Şekil 4. 6).

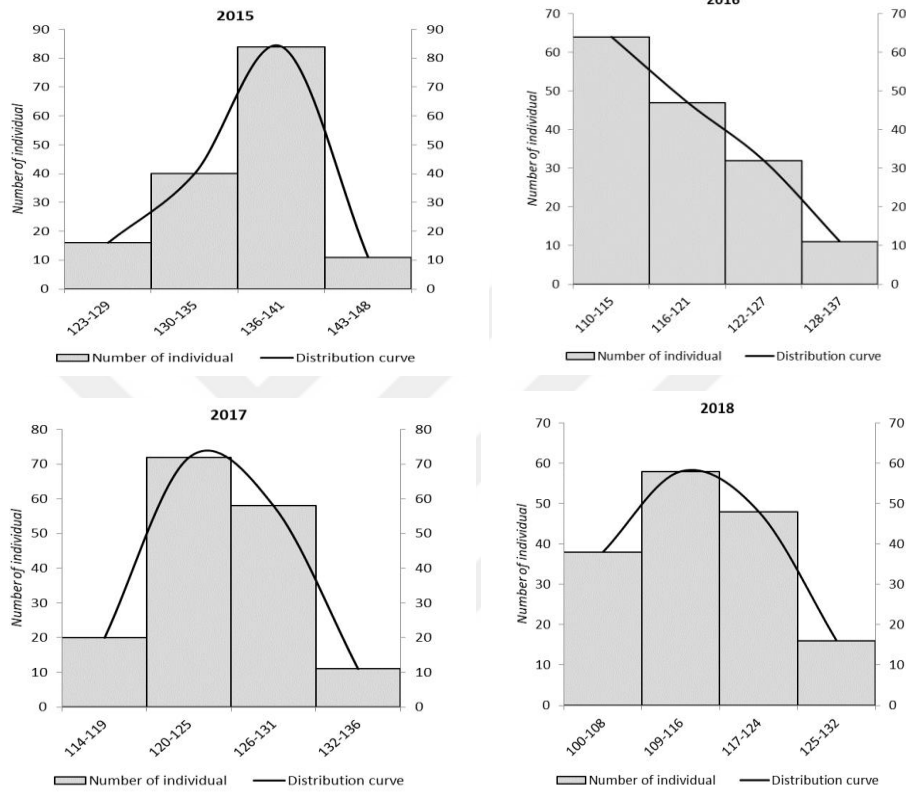


Şekil 4.6. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) için frekans dağılımları

4.2.1.7. Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS)

Dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) için Chandler çeşidine bakıldığında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 139, 132, 130 ve 118 iken Kaplan-86 çeşidinde 120, 104, 114, 100 gün olmuştur. DCAS değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 123 ile 148, 110 ile 137, 114 ile 136, 100 ile 132 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DCAS sırasıyla 136.09, 118.32, 124.51, 114.89 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise sırasıyla 4.43, 5.71, 4.61, 7.23 olmuştur. 2015, 2017 ve 2018 yıllarında DCAS için frekans dağılımı normal dağılıma iyi uyum

sağlamıştır. 2016 yılında ise sağa çarpık dağılım göstermiştir (Çizelge 4. 10 ve Şekil 4. 7).

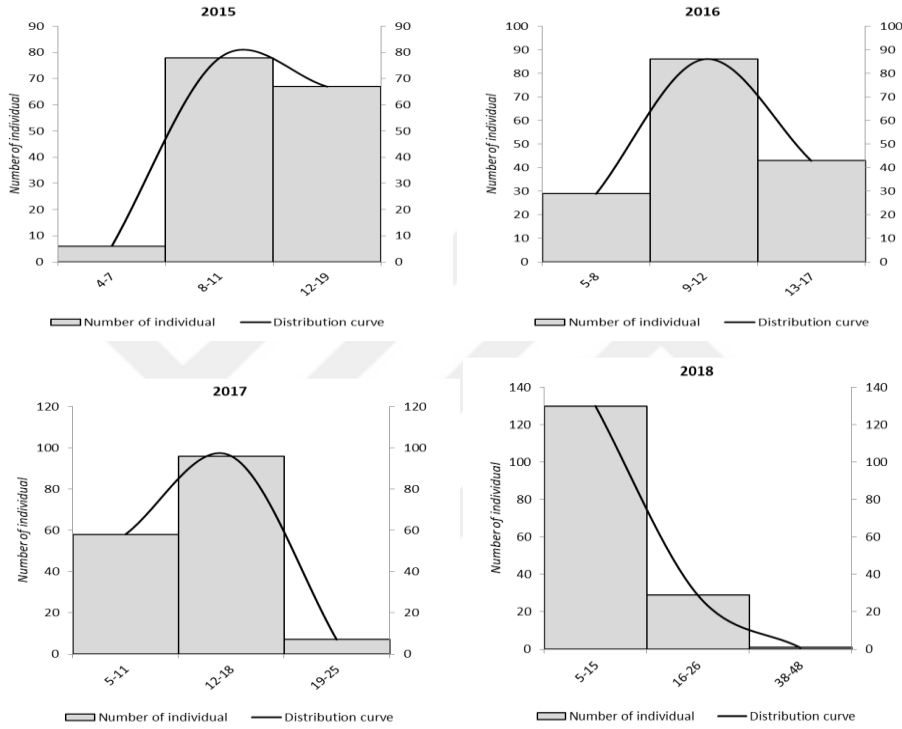


Şekil 4.7. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) için frekans dağılımları

4.2.1.8. Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ)

Dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) yani ilk ve son aktif olma tarihleri arasında geçen zaman Chandler çeşidinde 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 12, 20, 12 ve 12 iken Kaplan-86 çeşidinde 13, 5, 9 ve 8 gün olmuştur. DCAZ değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 4 ile 19, 5 ile 17, 5 ile 24, 5 ile 42 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında ortalama DCAZ sırasıyla 11.66, 10.83, 12.80, 12.94 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve

2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise sırasıyla 2.80, 2.83, 2.70, 3.86 olmuştur. 2016 ve 2017 yıllarında DCAZ frekans dağılımı normal dağılım gösterirken, 2015 yılında sola çarpık, 2018 yılında sağa çarpık bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.8).

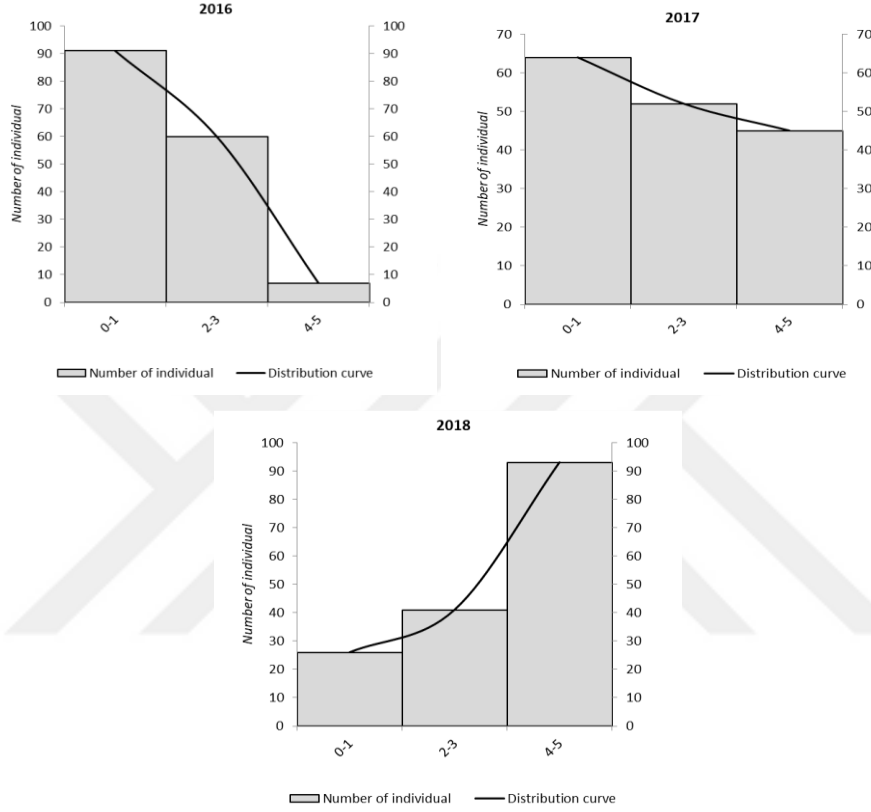


Şekil 4.8. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) için frekans dağılımları

4.2.1.9. Erkek Çiçek Miktarı (ECM)

Ağaç üzerindeki erkek çiçek püskül yoğunluğu Chandler çeşidi 2016 ve 2017 yıllarında 4, 2018 yılında 5 olarak puanlanmıştır. Kaplan-86 çeşidi ise 2016, 2017 yıllarında 4, 2018 yılında 3 olarak puanlanmıştır. 2016, 2017, 2018 yıllarında ortalama ECM değerleri sırasıyla 2.51, 2.91, 3.49 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarında standart sapma değerleri ise 0.86, 1.34, 1.46 olmuştur. ECM için frekans

dağılımı 2016 ve 2017 yıllarında sağa çarpık, 2018 yılında sola çarpık bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.9).

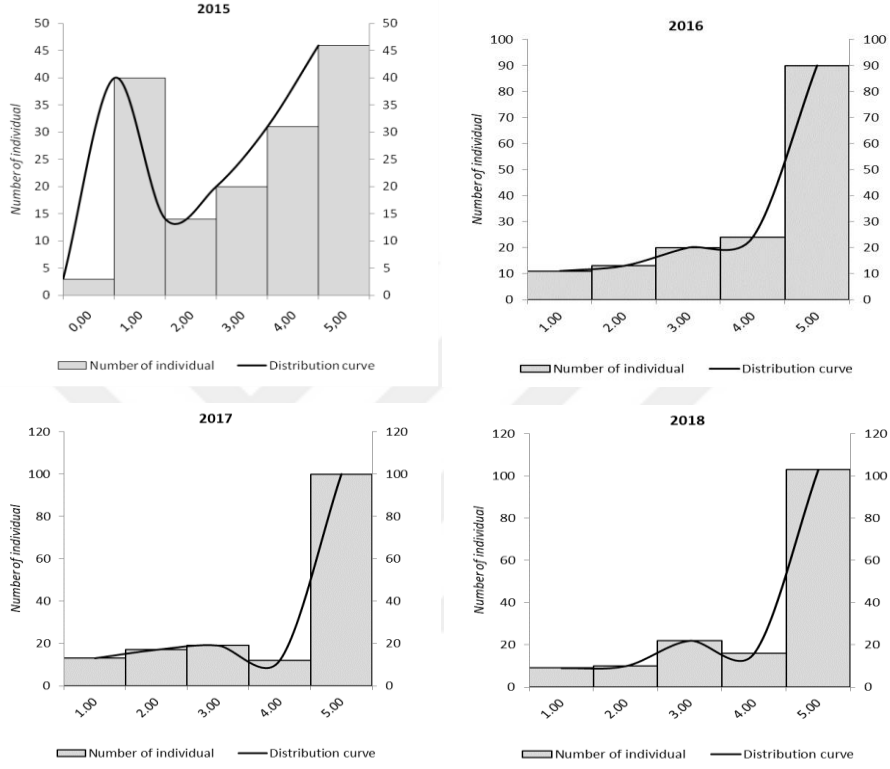


Şekil 4.9. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek miktarı (ECM) için frekans dağılımları

4.2.1.10. Dişi Çiçek Miktarı (DCM)

Ağaç üzerindeki dişi çiçeklerin yoğunluğu Chandler çeşidi 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında 5 olarak puanlanmıştır. Kaplan-86 çeşidi ise 2015, 2017 ve 2018 yıllarında 2, 2016 yılında 3 olarak puanlanmıştır. 2015, 2016, 2017, 2018 yıllarında ortalama DCM değerleri sırasıyla 3.19, 4.07, 4.05, 4.21 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında standart sapma değerleri ise 1.60, 1.29, 1.38, 1.23 olmuştur. DCM

için frekans dağılımı 2015 yılında bimodal dağılım, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sola çarpık bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.10).

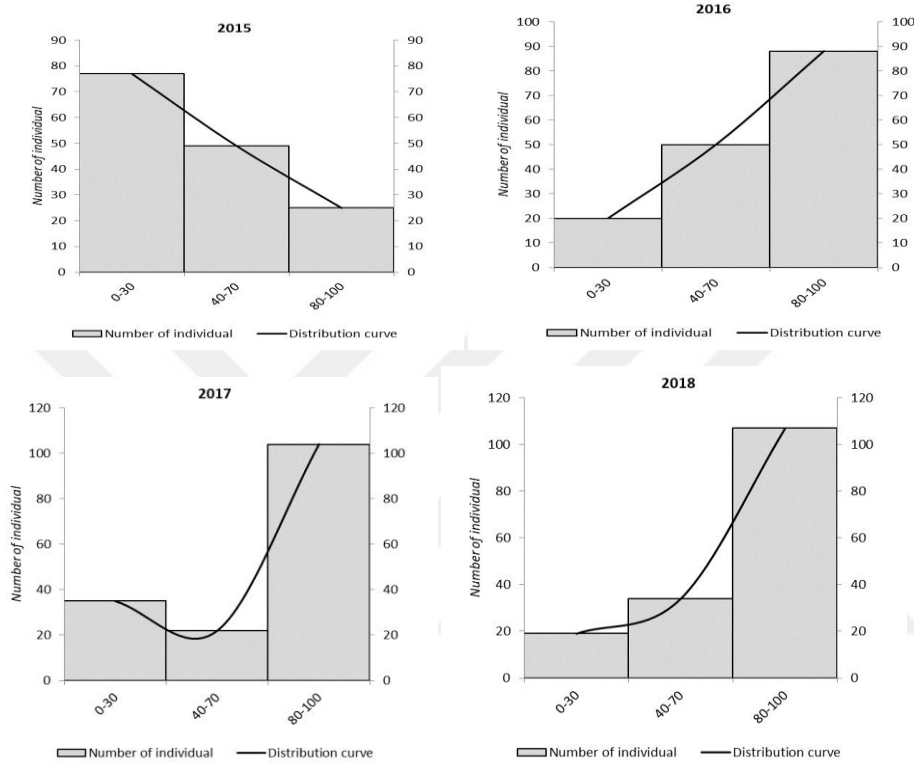


Şekil 4.10. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek miktarı (DCM) için frekans dağılımları

4.2.1.11. Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY)

Yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) için Chandler çeşidine bakıldığında yan dal verimliliğinin dört yılda da yüzde 100 olduğu, Kaplan-86 çeşidinin ise yan dal verimliliği 2015, 2016, 2017 yıllarında sırasıyla yüzde 10, yüzde 50 ve yüzde 30 olmuştur. 2018 yılında ise yan dallarda hiç çiçeklenme olmamıştır. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama YDCY sırasıyla 51.20, 75.22, 75.96, 79 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise 27.20, 26.56, 32.26, 27.49 olmuştur. YDCY için frekans dağılımı 2015 yılında sağa çarpık

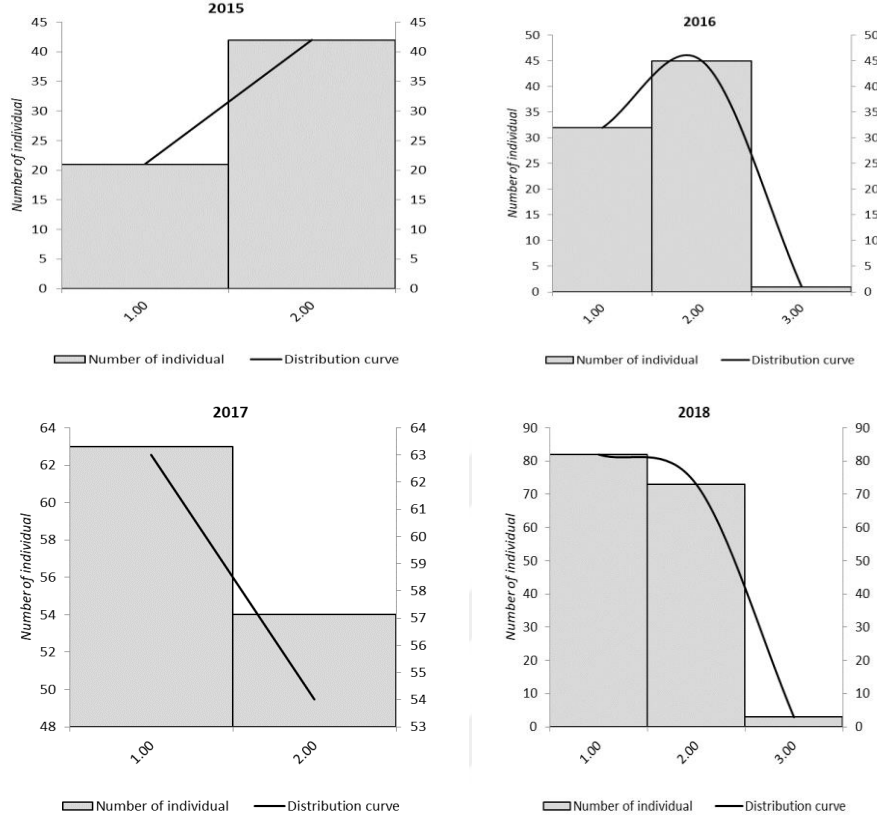
dağılım, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sola çarpık bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.11).



Şekil 4.11. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) için frekans dağılımları

4.2.1.12. Dikogami Durumu (DD)

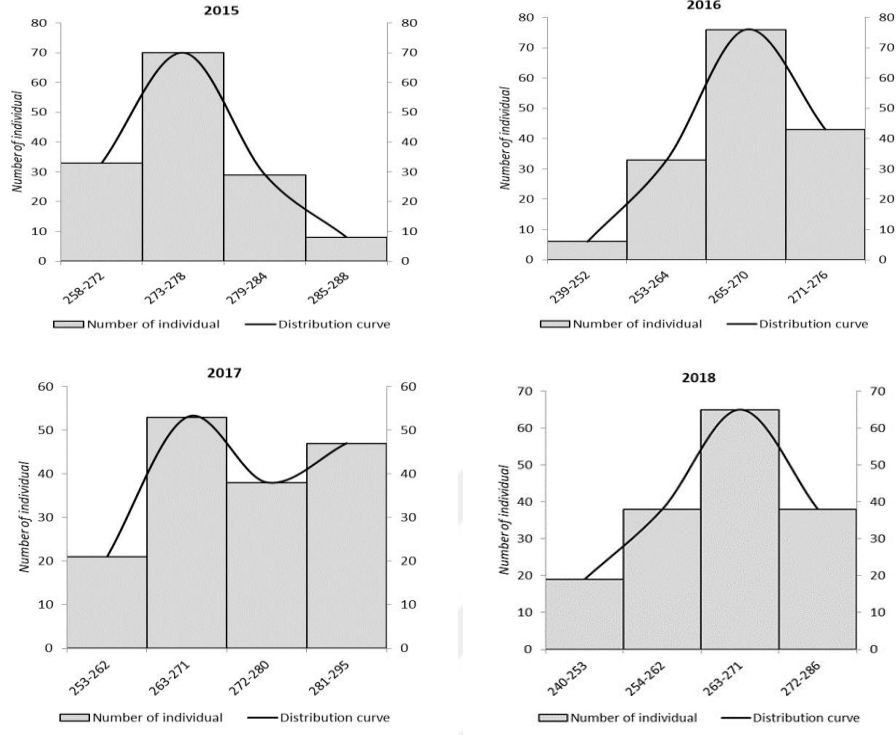
Dikogami durumu (DD) için Chandler çeşidine bakıldığında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında protogini özellik gösterirken, Kaplan-86 çeşidi homogami özellik göstermiştir. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DD sırasıyla 1.67, 1.60, 1.46, 1.50 olmuştur. 2015, 2016, 2017, 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise 0.48, 0.52, 0.50, 0.54 olmuştur. DD için frekans dağılımı 2016 yılında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.12).



Şekil 4.12. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dikogami durumu (DD) için frekans dağılımları

4.2.1.13. Hasat Zamanı (HZ)

Hasat zamanı için Chandler çeşidine bakıldığında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki HZ sırasıyla 282, 275, 278, 251 gün iken Kaplan-86 çeşidinde 279, 255, 258, 251 gün olmuştur. HZ değerlerinin aralıkları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 258 ile 288, 239 ile 276, 253 ile 295, 240 ile 286 arasında değişmiştir. 2015, 2016, 2017, 2018 yıllarındaki ortalama HZ sırasıyla 275.95, 265.80, 273.12, 264.76 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise 4.54, 7.04, 9.34 ve 8.91 olmuştur. HZ için frekans dağılımı 2015, 2016 ve 2018 yıllarında normal dağılım, 2017 yılında ise bimodal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.1 ve Şekil 4.13).



Şekil 4.13. Chandler × Kaplan-86 F1 populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait hasat zamanı (HZ) için frekans dağılımları

4.2.2 Genetik kaynaklar

12 fenotipik özellik için 160 ceviz çeşit ve genotipinde üç yıla ait istatistiksel veriler belirlenmiştir ve Çizelge 4.11’de gösterilmiştir.

Çizelge 4.11. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait ortalama değerleri, maksimum ve minimum değerler, standart sapma değerleri

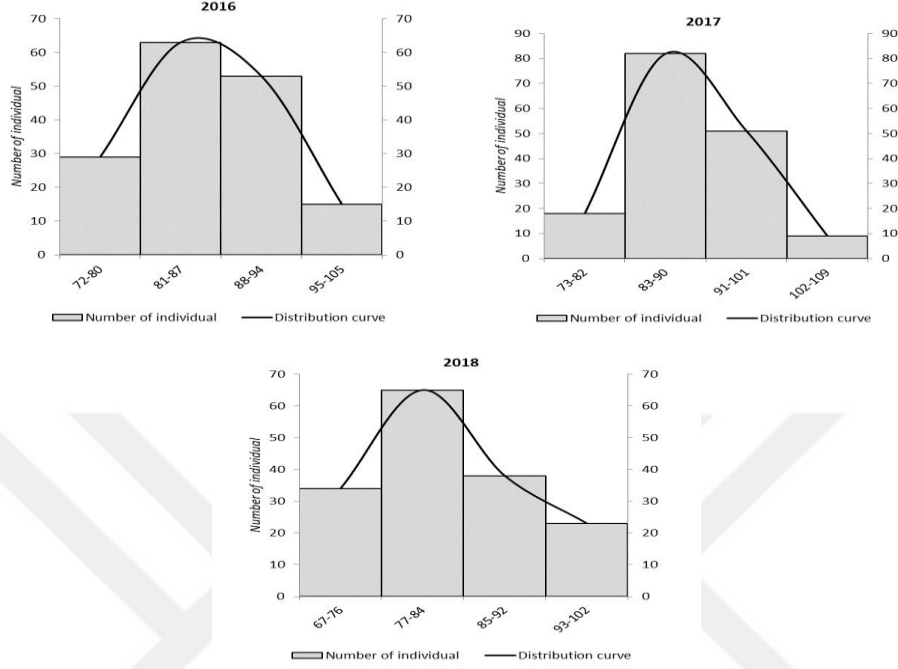
Özellik	Yıl	GENETİK KAYNAKLAR			
		Ortalama	Maksimum	Minimum	Standart Sapma
TTP	2016	86.95	105	72	5.98
	2017	89.17	109	73	6.23
	2018	83.21	102	67	7.29
YZ	2016	95.93	111	83	4.52
	2017	100.54	117	86	6.66
	2018	92.01	107	76	6.76
ECAB	2016	99.85	112	92	5.32
	2017	105.76	119	93	7.36
	2018	97.32	116	84	7.06
ECAS	2016	106.95	121	98	5.65
	2017	113.45	126	100	5.69
	2018	104.92	124	94	7.02
ECAZ	2016	7.08	14	3	2.33
	2017	7.69	15	2	3.32
	2018	7.60	15	2	2.34
DCAB	2016	104.80	121	92	5.60
	2017	110.01	124	84	6.02
	2018	100.33	118	83	6.84
DCAS	2016	115.33	137	99	6.80
	2017	123.68	140	107	6.03
	2018	113.76	137	97	8.72
DCAZ	2016	10.46	21	4	3.40
	2017	13.44	20	8	2.60
	2018	13.43	25	6	3.60
ECM	2016	5.30	7	3	1.35
	2017	4.88	7	3	1.42
	2018	4.84	7	3	1.45
DCM	2016	5.43	7	3	1.37
	2017	5.42	7	3	1.62
	2018	5.48	7	3	1.48

Çizelge 4.11 Devamı

YDCY	2016	63.45	100	0	27.68
	2017	56.60	100	0	36.72
	2018	64.32	100	0	31.25
DD	2016	1.53	3	1	0.75
	2017	1.63	3	1	0.87
	2018	1.52	3	1	0.76

4.2.2.1. Tepe Tomurcuk Patlama Zamanı (TTP)

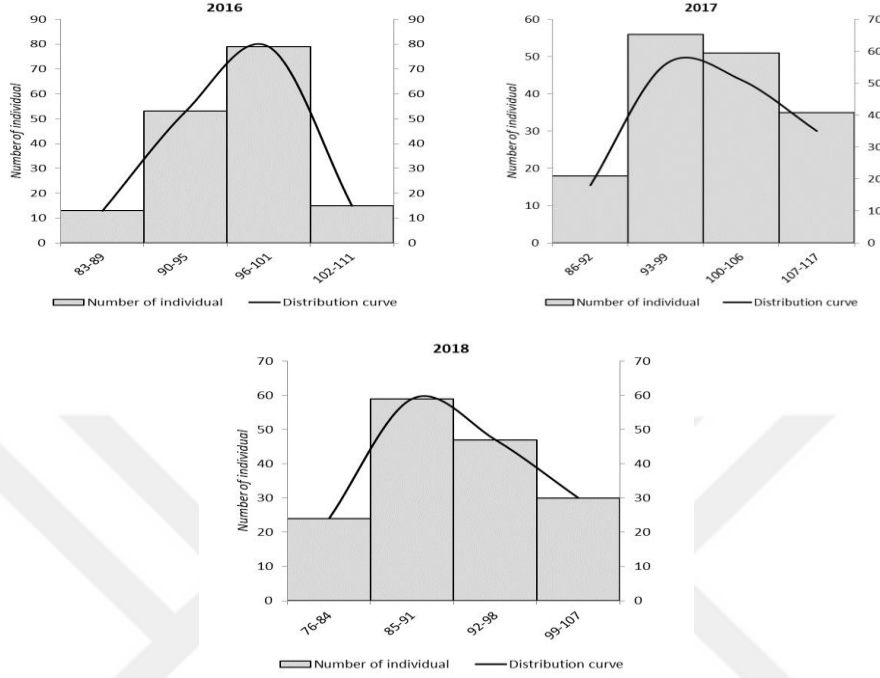
160 ceviz çeşit ve genotipinde TTP değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018'de sırasıyla 72 ile 105, 73 ile 109, 67 ile 102 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama TTP sırasıyla 86.95, 89.17, 83.21 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 5.98, 6.23, 7.29 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarında TTP için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.14).



Şekil 4.14. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) için frekans dağılımları

4.2.2.2. Yapraklanma Zamanı (YZ)

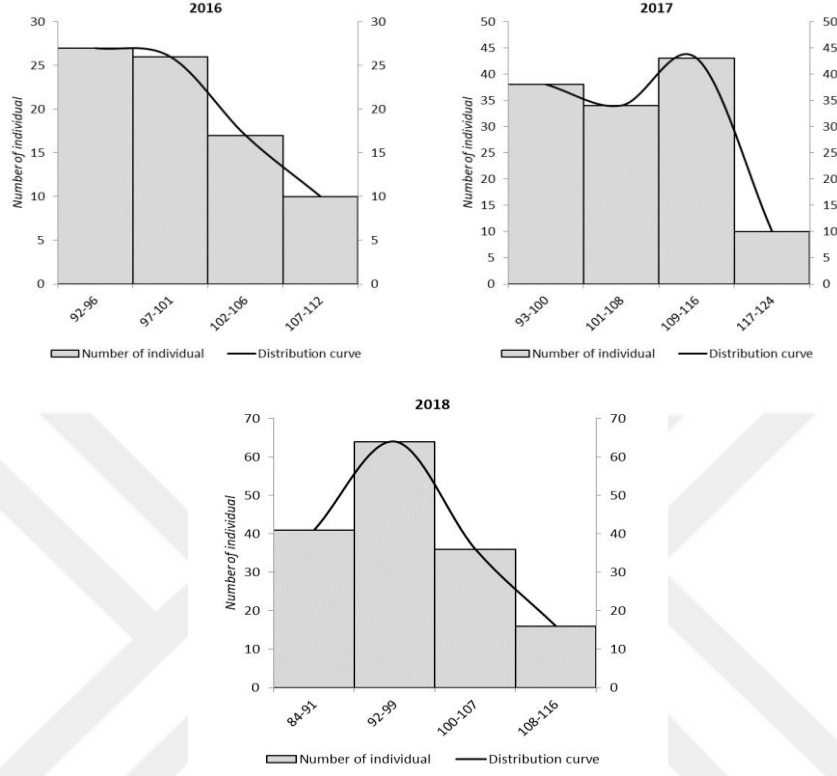
160 çeşit ve genotipinde YZ değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 83 ile 111, 86 ile 117, 76 ile 107 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama YZ sırasıyla 95.93, 100.54, 92.01 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 4.52, 6.66, 6.76 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarında YZ için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.15).



Şekil 4.15. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yapraklanma zamanı (YZ) için frekans dağılımları

4.2.2.3. Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB)

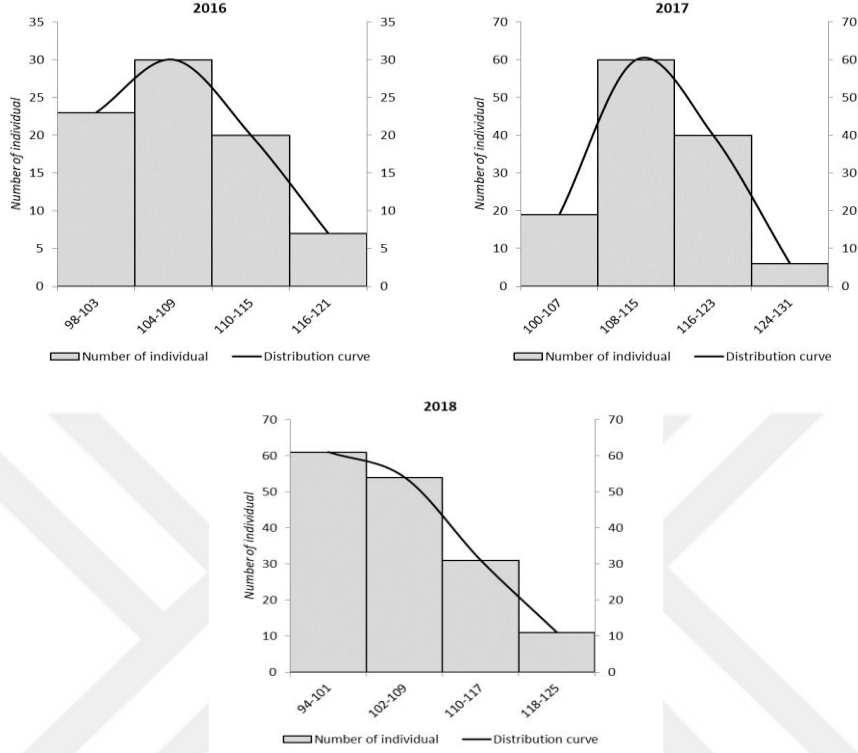
Erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde ECAB değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 92 ile 112, 93 ile 119, 84 ile 116 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama ECAB sırasıyla, 99.85, 105.76, 97.32 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 5.32, 7.36, 7.06 olmuştur. ECAB için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016 yılında sağa çarpık dağılım, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.16).



Şekil 4.16. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) için frekans dağılımları

4.2.2.4. Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS)

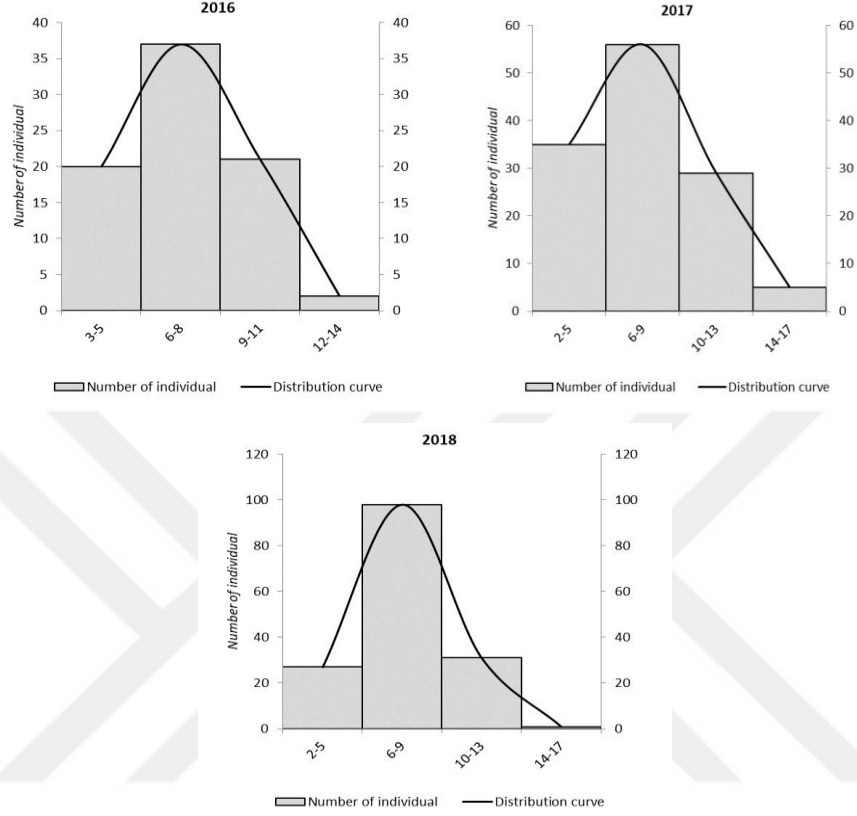
Erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde ECAB değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 98 ile 121, 100 ile 126, 94 ile 124 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama ECAS sırasıyla, 106.95, 113.45, 104.92 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 5.65, 5.69, 7.02 olmuştur. ECAS için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016 ve 2017 yıllarında normal dağılım, 2018 yılında sağa çarpık dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.17).



Şekil 4.17. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) için frekans dağılımları

4.2.2.5. Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ)

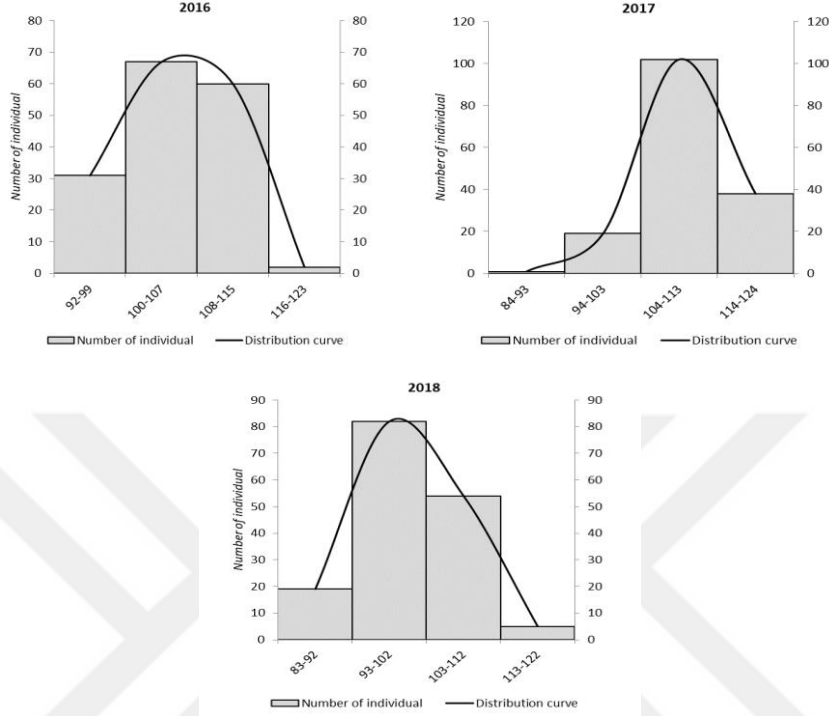
Erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAZ) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde ECAZ değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 3 ile 14, 2 ile 15, 2 ile 15 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama ECAZ sırasıyla, 7.08, 7.69, 7.60 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 2.33, 3.32, 2.34 olmuştur. ECAZ için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.18).



Şekil 4.18. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ) için frekans dağılımları

4.2.2.6. Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB)

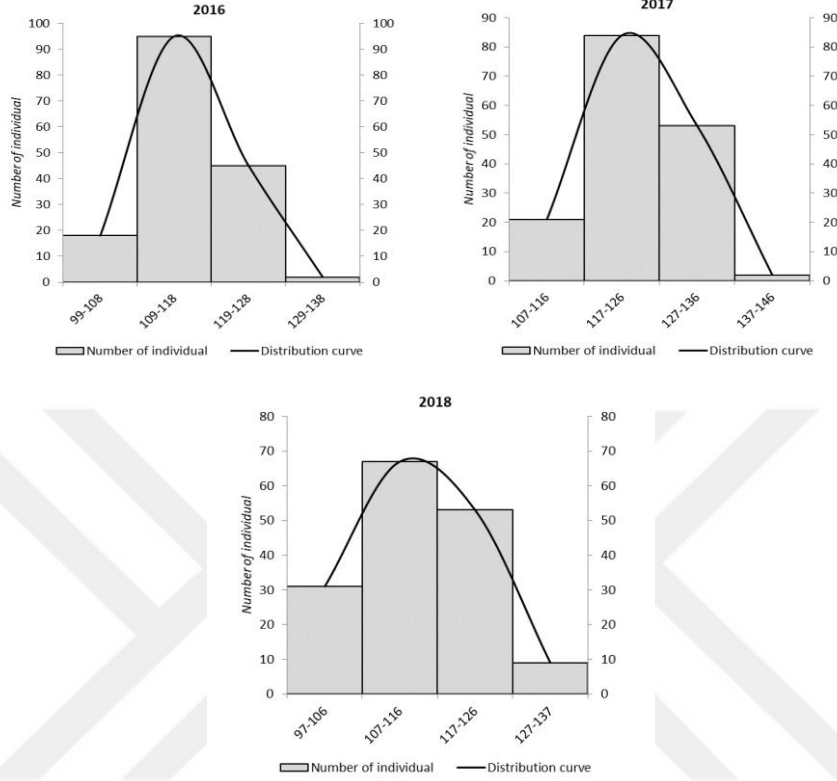
Dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde DCAB değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 92 ile 121, 84 ile 124, 83 ile 118 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DCAB sırasıyla, 104.80, 110.01, 100.33 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 5.60, 6.02, 6.84 olmuştur. DCAB için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.19).



Şekil 4.19. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) için frekans dağılımları

4.2.2.7. Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS)

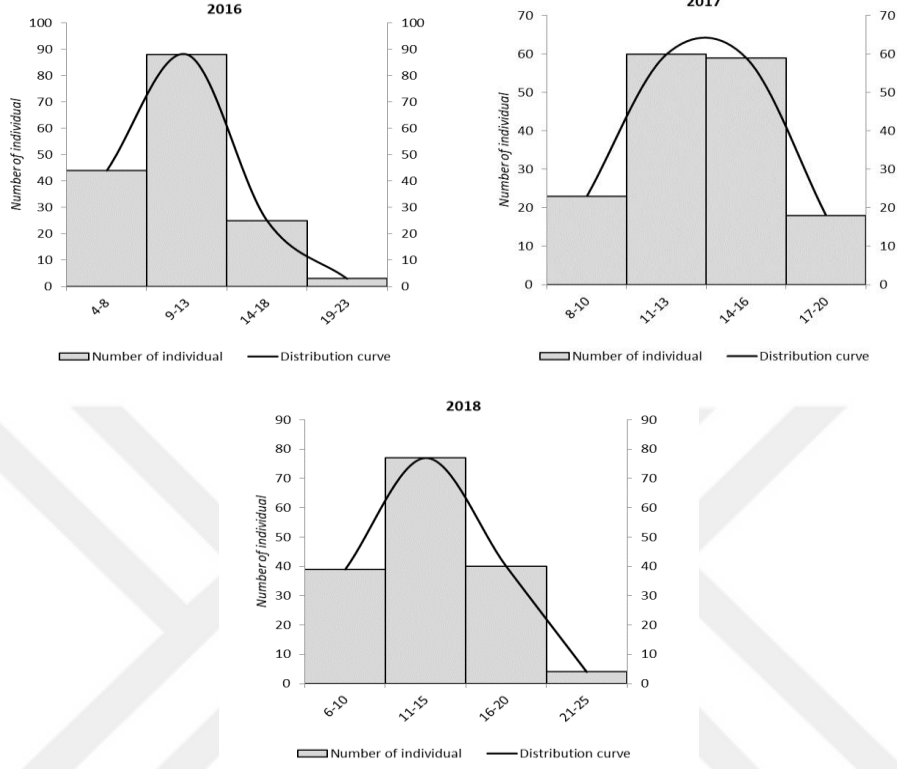
Dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde DCAS değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 99 ile 137, 107 ile 140, 97 ile 137 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DCAS sırasıyla, 115.33, 123.68, 113.76 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 6.80, 6.03, 8.72 olmuştur. DCAS için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.20).



Şekil 4.20. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) için frekans dağılımları

4.2.2.8. Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ)

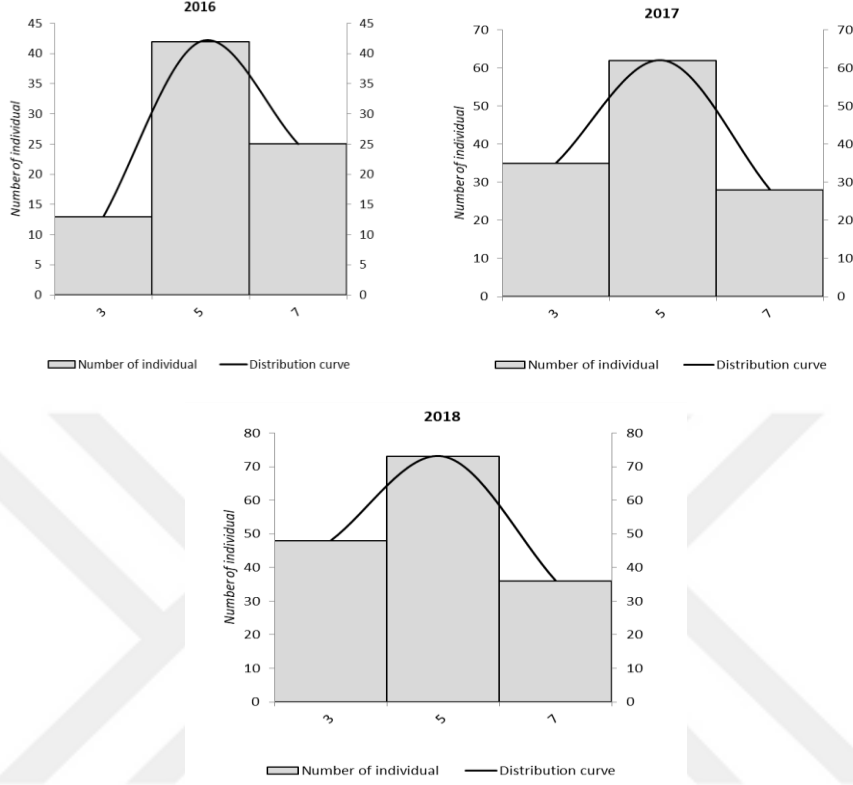
Dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde DCAZ değerlerinin aralıkları 2016, 2017 ve 2018’de sırasıyla 4 ile 21, 8 ile 20, 6 ile 25 arasında değişmiştir. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DCAZ sırasıyla, 10.46, 13.44, 13.43 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 3.40, 2.60, 3.60 olmuştur. DCAZ için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.21).



Şekil 4.21. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) için frekans dağılımları

4.2.2.9. Erkek Çiçek Miktarı (ECM)

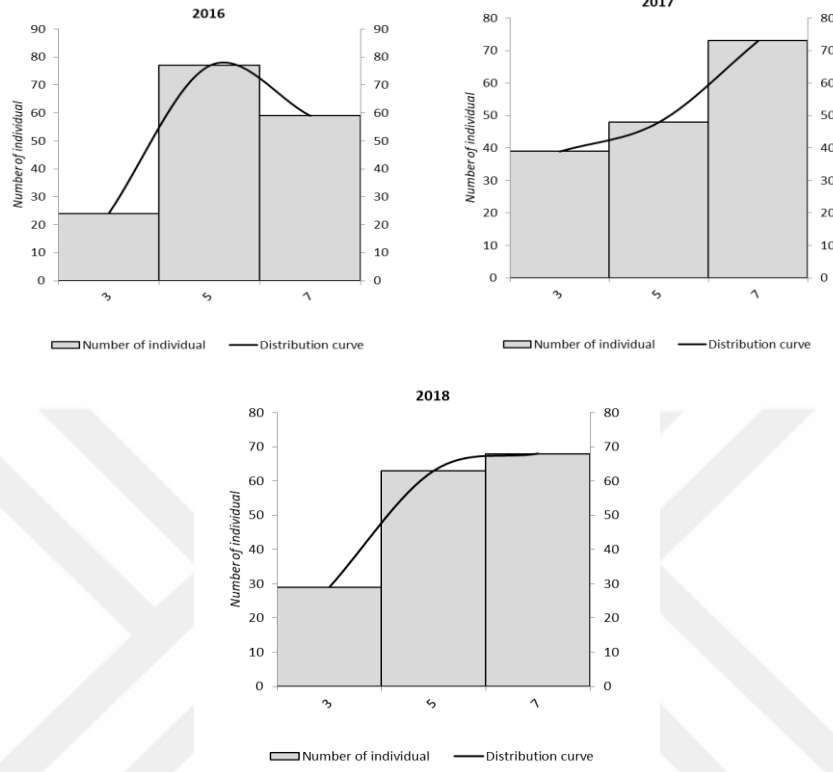
Erkek çiçek miktarı (ECM) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde ECM değerleri 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en düşük 3 en yüksek 7 olarak puanlanmıştır. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama ECM sırasıyla, 5.30, 4.88, 4.84 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 1.35, 1.42, 1.45 olmuştur. ECM için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016, 2017 ve 2018 yıllarında normal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.22).



Şekil 4.22. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait erkek çiçek miktarı (ECM) için frekans dağılımları

4.2.2.10. Dişi Çiçek Miktarı (DCM)

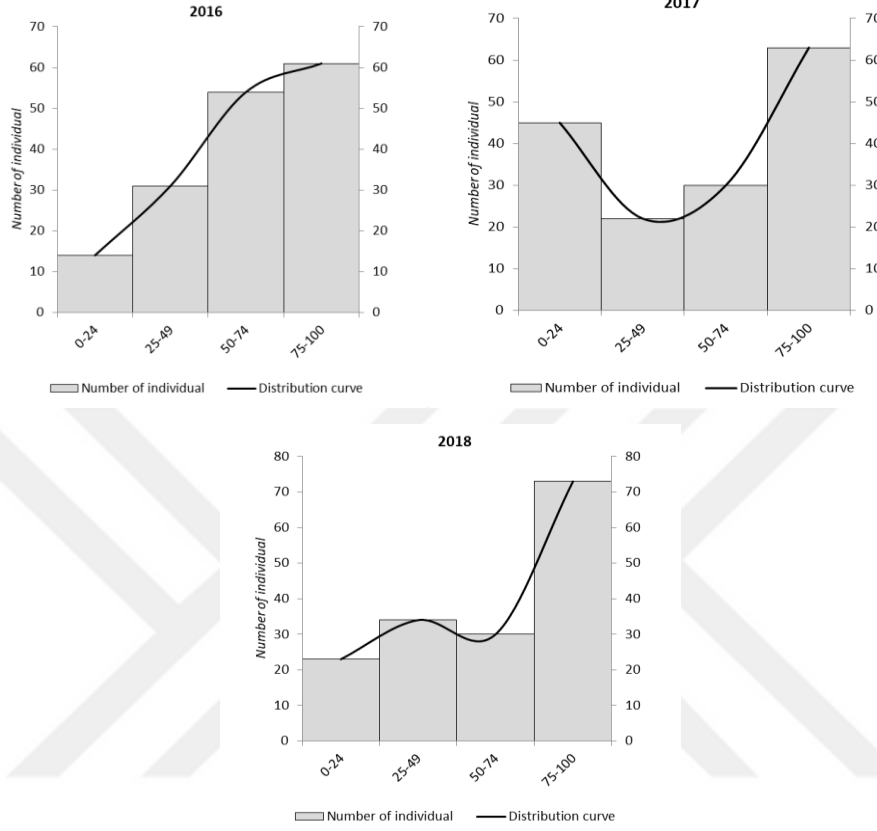
Dişi çiçek miktarı (DCM) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 160 ceviz çeşit ve genotipinde DCM değerleri 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en düşük 3 en yüksek 7 olarak puanlanmıştır. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DCM sırasıyla, 5.43, 5.42, 5.48 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 1.37, 1.62, 1.48 olmuştur. DCM için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016 yılında normal dağılım gösterirken, 2017 ve 2018 yıllarında sola çarpık bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.23).



Şekil 4.23. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dişi çiçek miktarı (DCM) için frekans dağılımları

4.2.2.11. Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY)

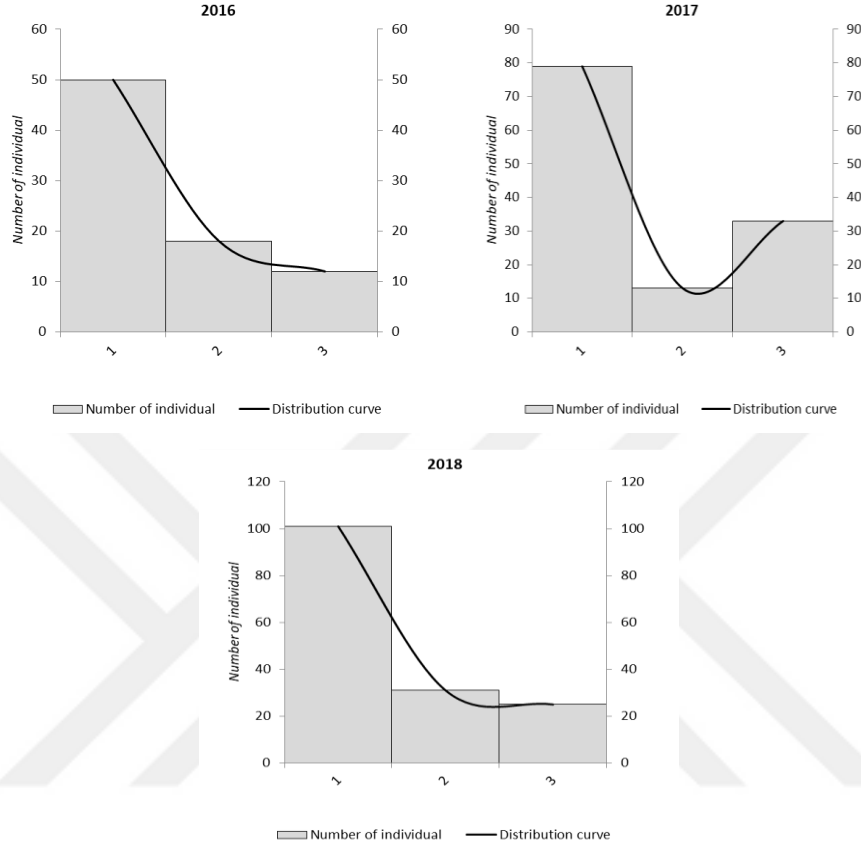
Yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) için 160 çeşit ve genotipinde üç yıllık (2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak istatistiksel değerlendirmeler yapılmıştır. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama YDCY sırasıyla, 63.45, 56.60, 64.32 olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri sırasıyla 27.68, 36.72, 31.25 olmuştur. YDCY için 160 çeşit ve genotipinin frekans dağılımları 2016 yılında sola çarpık bir dağılım gösterirken 2018 yılında bimodal dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.24).



Şekil 4.24. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) için frekans dağılımları

4.2.2.12. Dikogami Durumu (DD)

Dikogami durumu (DD) için 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki ortalama DD sırasıyla 1.53, 1.63, 1.52 olmuştur. 2016, 2017, 2018 yıllarındaki standart sapma değerleri ise 0.75, 0.87, 0.76 olmuştur. DD için frekans dağılımı 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sağa çarpık bir dağılım göstermiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.25).



Şekil 4.25. 160 ceviz çeşit ve genotipinde 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait dikogami durumu (DD) için frekans dağılımları

4.3.Chandler × Kaplan-86 F1 popülasyonunda Kantitatif Özellik Lokus (QTL) Analizleri

QTL analizleri için daha önce (2018) tamamlanan bir TÜBİTAK projesi (TOVAG 2140140) kapsamında SSR, DArT ve SNP markörleri ile oluşturulan ‘Chandler × Kaplan-86’ F1 popülasyonuna ait ebeveynlerin genetik haritaları ve 13 fenolojik özellik ile ilgili 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarına ait fenotipik veriler kullanılmıştır. En az iki yılda tespit edilen QTL’ler önemli kabul edilmiştir. ‘Chandler × Kaplan-86’ popülasyonunda Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarında sırasıyla 12 özelliğe ilişkin toplam 43 adet ve 33 adet QTL

belirlenmiştir (Çizelge 4.12). Dikogami özelliği ile ilişkili bir QTL belirlenmemiştir.

4.3.1. Tepe Tomurcuk Patlama Zamanı (TTP)

Tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 4 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 4 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.12 ve Şekil 4.26). ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler ve Kaplan-86 haritalarında LG4’ün alt kısmında tepe tomurcuk patlama zamanı ile ilişkili önemli QTL’ler haritalanmıştır (Şekil 4.26). Chandler çeşidi genetik haritasındaki QTL’in (*qTTP4c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 23.9, 47.9, 25.7 ve 39.1, en yüksek fenotipik varyasyonları (PV) ise %56.4, %78.7, %54.3 ve %73.3 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4’deki en yakın markör CUJRB012 (77.8 cM) SSR markörü olmuştur. 2016 yılında JRHR209732 (79.9 cM) SSR markörü, 2015 ve 2017 yıllarında ise D-7396062 (81.49 cM) DArT markörü en yakın ikinci markör olmuştur.

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasındaki QTL’in (*qTTP4k*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 22.36, 40.20, 20.55 ve 31.38, en yüksek fenotipik varyasyonları (PV) ise sırasıyla %53.1, %76.1, %48.8 ve %65.9 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4’deki en yakın markör JRHR209732 (135.04 cM) olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında 2015 ve 2017 yıllarında LG4’ün orta alt kısmına TTP ile ilişkili minör bir QTL daha haritalanmıştır (Şekil 4.26). 2015 ve 2017 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 4.23 ve 5.07, fenotipik varyasyon değerleri ise %12.3 ve %19 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için LG4’deki en yakın markör JRHR217314 (76.06 cM) olmuştur (Çizelge 4.12).

Bunlara ek olarak, ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında, 2016 ve 2018 yıllarında Kaplan-

86 çeşidi genetik haritasında LG1'in üst kısmına TTP ile ilişkili minör QTL'ler (*qTTP1c* ve *qTTP1k*) haritalanmıştır (Şekil 4.26). Chandler haritasında 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 3.14, 4.21 ve 4.96, fenotipik varyasyon değerleri ise 9.1, 11.6 ve 14.1 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG1'deki en yakın markör JRHR217215 (5.72 cM) olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında 2016 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 2.91 ve 5.03, fenotipik varyasyon değerleri %8.3 ve %16.4 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için LG1'deki en yakın markör 2016 yılında WGA79 (21.51 cM), 2018 yılında 7399747 (20.50 cM) olmuştur (Çizelge 4.12).

Bernard ve ark (2020) 'Franquette × UK 6-2' popülasyonunda, Franquette haritasında LG1 (5.6 LOD ve %23.9 PV), LG14 (6.0 LOD ve %11.2 PV), UK 6-2 haritasında LG1 (11.1 LOD ve %34.8 PV), LG6 (6.5 LOD ve %6.7 PV), LG11 (4.7 LOD ve %4.7 F.V), LG12 (3.7 LOD ve %9.2 PV) üzerine haritalanan tepe tomurcuk patlama zamanı ile ilişkili QTL'ler tespit etmiştir. Bu çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' popülasyonunda, Chandler haritasında LG1 (4.96 LOD ve %14.1 PV) ve LG4 (47.9 LOD ve %78.7 PV), Kaplan-86 haritasında LG1 (5.03 LOD ve %16.4 PV) ve LG4 (40.2 LOD ve %76.1 PV) üzerine haritalanan QTL'ler belirlenmiştir.

4.3.2. Yapraklanma Zamanı (YZ)

Yapraklanma Zamanı için her iki ebeveyn genetik haritaları ile birlikte 2015, 2016 ve 2017 yılları yapraklanma zamanı ile ilgili fenotipik veriler kullanılarak mevcut TÜBİTAK projesi kapsamında QTL analizleri daha önceden yapılmıştı. Bu çalışma kapsamında ise yapraklanma zamanı ile ilgili 2018 yılına ait fenotipik veri kullanılarak da QTL analizi yapılmıştır. Yapraklanma zamanı (YZ) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 4 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 4 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' popülasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler ve Kaplan-86 çeşitlerinin genetik haritalarında LG4'ün alt

kısına yapraklanma zamanı ile ilişkili önemli QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.26). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qYZ4c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 23.3, 33.7, 38.9 ve 33.4, fenotipik varyasyonları (PV) ise %52.2, %64.7, %68.8 ve %68 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'deki en yakın markör CUJRB012 (77.8 cM) SSR markörü olmuştur. 2015 ve 2017 yılında JRHR209732 (79.9 cM) en yakın ikinci SSR markörü olmuştur.

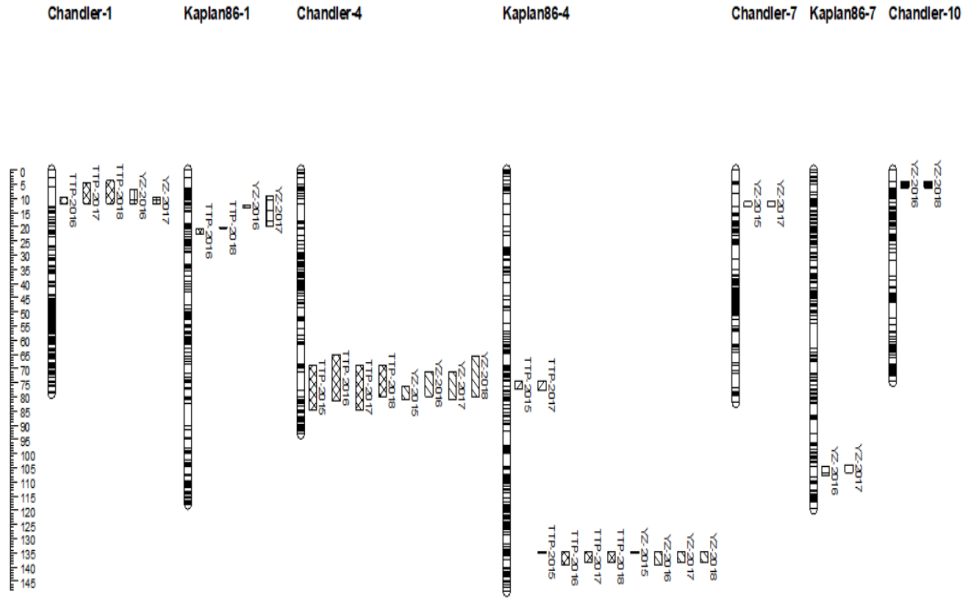
Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 22.8, 25.3, 31.5 ve 27.6, fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %51.5, %54.9, %63.5 ve %59.5 olmuştur. Kaplan-86 haritası için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'deki en yakın markör JRHR209732 (135.04 cM) SSR markörü olmuştur (Çizelge 4.12).

Bunlara ek olarak, Chandler ve Kaplan-86 çeşitleri genetik haritalarında, LG1, LG7 ve LG10'un üst kısımlarına yapraklanma zamanı ile ilişkili minör QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.26). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qYZ1c*) 2016 ve 2017 yıllarında LOD değerleri sırasıyla 3.23 ve 2.93, fenotipik varyasyon yüzdeleri %9.4 ve %8.4, diğer QTL'in (*qYZ7c*) 2015 ve 2017 yıllarında LOD değerleri sırasıyla 3.01 ve 3.03, fenotipik varyasyon değerleri %9.1 ve %8.6, diğer bir QTL'in (*qYZ10c*) ise 2016 ve 2018 yıllarında LOD değerleri sırasıyla 2.71 ve 3.96, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %7.7 ve %10.8 olmuştur. Chandler haritası için LG1'deki en yakın markör JRHR217215 (5.72 cM), LG7'deki en yakın markör JRHR226814 (12.78 cM), LG10'daki en yakın markör JRHR209244 (6.27 cM) olmuştur.

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qYZ1k*) 2016 ve 2017 yıllarında LOD değerleri sırasıyla 2.9 ve 3.11, fenotipik varyasyonları %26.8 ve %13, diğer QTL'in (*qYZ7k*) 2015, 2016 ve 2017 yıllarında LOD değerleri sırasıyla 2.96, 2.77 ve 3.03, fenotipik varyasyonları %8.7, %8.5 ve %8.4 olmuştur. Kaplan-86 haritası için LG1'deki en yakın markör 2016 yılında 7402634 (12.16 cM), 2017

yılında ise 12416389 (10.55 cM), LG7'deki en yakın markör JRHR226814 (104.61 cM) olmuştur (Çizelge 4.12).

Marrano ve ark (2019) 'Chandler × Idaho' populasyonunda, Chandler haritasında yapraklanma zamanı ile ilişkili LG1'de (103 LOD ve %81.97 PV) majör bir QTL, Idaho haritasında LG8'de (5.42 LOD ve %7.53 PV) minör bir QTL tespit etmiştir. Bu çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda, yapraklanma zamanı ile ilişkili olarak Chandler haritasında LG1 (3.23 LOD ve %9.4 PV), LG7 (3.03 LOD ve %8.6 PV) ve LG10'da (3.96 LOD ve %10.8 PV) minör QTL'ler, LG4'de (38.9 LOD ve %68.8 PV) majör bir QTL belirlenmiştir. Kaplan-86 haritasında LG1 (3.11 LOD ve %13 PV) ve LG7'de (3.03 LOD ve %8.4 PV) minör QTL'ler, LG4'de (31.5 LOD ve %63.5 PV) majör bir QTL belirlenmiştir.



Şekil 4.26. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP) ve yapraklanma zamanı (YZ) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.

4.3.3. Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB)

Erkek Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (ECAB) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 3 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 2 adet QTL belirlenmiştir. ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG4’ün alt kısmına, Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında ise LG8’in üst kısmına erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB) fenolojisi ile ilişkili önemli QTL’ler haritalanmıştır (Şekil 4.27). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL’in (*qECAB4c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 4.36, 4.89, 4.64 ve 7.16, fenotipik varyasyonları (PV) ise %30.1, %26.2, %19.2 ve %20.7 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015, 2017 ve 2018 yıllarında CUJRB012 (77.8 cM) SSR markörü ve 2016 yılında D-7386113 (82.5 cM) DArT markörü LG4’deki en yakın markörler olmuştur (Çizelge 4.12). Bunlara ek olarak Chandler çeşidi genetik haritasında 2015 ve 2016 yıllarında LG3’ün alt kısmına ECAB ile ilişkili bir QTL daha haritalanmıştır (Şekil 4.27). Chandler çeşidi genetik haritasındaki QTL’in (*qECAB3c*) 2015 ve 2016 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 3.68 ve 3.88, fenotipik varyasyon yüzdeleri %24.9 ve %22.2 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için LG3’deki en yakın markör JMP28 (93.88 cM) SSR markörü olmuştur.

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL’in (*qECAB8k*) 2015, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 9.43, 25.16 ve 36.17, fenotipik varyasyon değerleri ise sırasıyla %50.7, %62.9 ve %66.5 olmuştur Kaplan-86 haritası için 2015, 2017 ve 2018 yıllarında LG8’deki en yakın markör D-7407180 (20.51 cM) DArT markörü olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4’ün alt kısmına ECAB ile ilişkili bir QTL daha haritalanmıştır (Şekil 4.27). QTL’in (*qECAB4k*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 3.58, 3.68, 3.37 ve 5.92, fenotipik varyasyon yüzdeleri %23, %19.8, %11.9, %16.1 olmuştur. Kaplan-86 haritası için LG4’deki en yakın markör JRHR209732 (135.04 cM) olmuştur (Çizelge 4.12).

Bernard ve ark (2020) ‘Franquette × UK 6-2’ populasyonunda, Franquette haritasında LG1 (14.4 LOD ve %32.6 PV), UK 6-2 haritasında LG1 (27.6 LOD ve %52.4 PV) üzerine ECAB ile ilişkili önemli QTL’ler tespit etmişlerdir ancak erkek çiçeklenmenin tüm aşamaları için en önemli ilişkileri kromozom 11 ve kromozom 4 üzerinde belirlemişlerdir. Bu çalışmada ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda, Chandler haritasında LG3 (3.88 ve %22.2 PV) ve LG4 (7.16 LOD ve %20.7 PV), Kaplan-86 haritasında LG4 (5.92 LOD ve %16.1 PV) ve LG8 (36.17 LOD ve %66.5 PV) üzerine haritalanan QTL’ler belirlenmiştir.

4.3.4. Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS)

Erkek Çiçek Aktifleşme Sonu (ECAS) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 6 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 5 adet QTL belirlenmiştir. ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG4’ün alt kısmına, Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında LG8’in üst kısmına erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS) fenolojisi ile ilişkili önemli QTL’ler haritalanmıştır (Şekil 4.27). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL’in (*qECAS4c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 3.84, 7.89, 4.31 ve 14.5, fenotipik varyasyonları (PV) ise %27.9, %38, %15.9 ve %37.5 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015 ve 2018 yıllarında CUJRB012 (77.8 cM) SSR markörü, 2016 yılında D-7386113 (82.5 cM) ve 2017 yılında D-7396062 (81.49 cM) DArT markörleri LG4’deki en yakın markörler olmuştur. Ayrıca Chandler haritasında 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG3’ün alt kısmına ECAS ile ilişkili bir QTL daha haritalanmıştır (Şekil 4.27). Chandler çeşidi genetik haritasındaki QTL’in (*qECAS3c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 4.08, 5.57, 3.40, 3.35, fenotipik varyasyon yüzdeleri %27, %28.4, %16.7, %9.7 olmuştur. Chandler haritası için 2015 ve 2018 yıllarında JMP28 (93.88 cM), 2016 yılında D-7386853 (94.81cM) DArT markörü,

2017 yılında JRHR211298 (85.23 cM) SSR markörü LG3'deki en yakın markörler olmuştur (Çizelge 4.12).

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qECAS8k*) 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 10.03, 25.75 ve 20.97, fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %48.3, %64 ve %46.7 olmuştur. Kaplan-86 haritası için 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG8'deki en yakın markör D-7407180 (20.51 cM) DArT markörü olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında 2015 ve 2016 yıllarında LG3'ün alt kısmına, 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'ün alt kısmına, 2016 ve 2017 yıllarında ise LG7'nin orta kısmına ECAS ile ilişkili ek QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.27). 2015 ve 2016 yıllarındaki QTL'in (*qECAS3k*) LOD skorları sırasıyla 4.48 ve 3.96, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %29.7 ve %23.4 olmuştur. Kaplan-86 haritası için 2015 yılında JRHR220903 (97.79 cM), 2016 yılında JRHR211298 (94.72 cM) LG3'deki en yakın SSR markörleri olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qECAS4k*) LOD skorları sırasıyla 2.86, 7.1, 3.25 ve 12.6, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %18.7, %34.6, %11.6 ve %31.1 olmuştur. Kaplan-86 haritası için LG4'deki en yakın markör JRHR209732 (135.04 cM) SSR markörü olmuştur. 2016 ve 2017 yıllarındaki QTL'in (*qECAS7k*) LOD skorları sırasıyla 3.05 ve 3.98, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %16.5 ve %15.3 olmuştur. Kaplan-86 haritası için LG7'deki en yakın D-7390206 (54.07 cM) DArT markörü olmuştur (Çizelge 4.12).

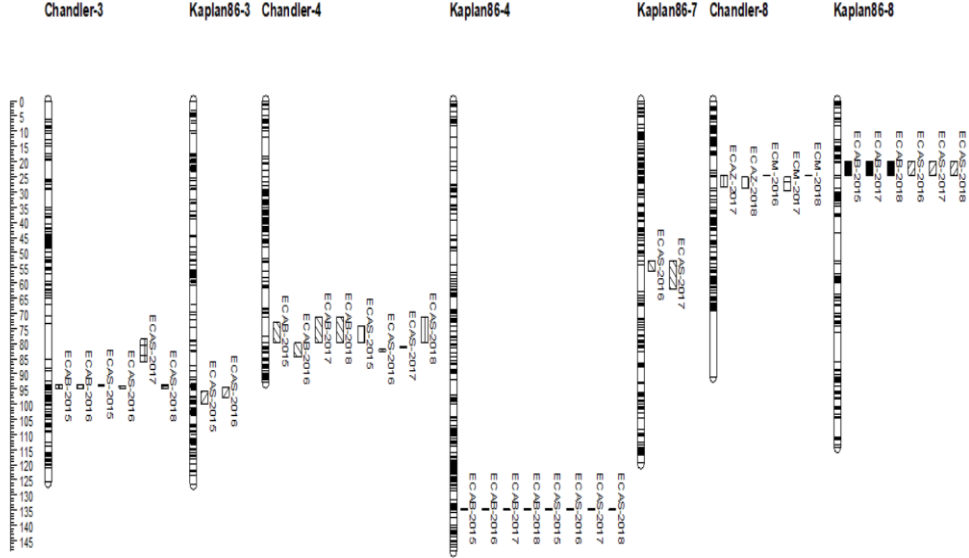
Bernard ve ark (2020) 'Franquette × UK 6-2' populasyonunda, Franquette haritasında LG1 (9.8 LOD ve %36.1 PV), UK 6-2 haritasında LG1 (29.8 LOD ve %43.2 PV) üzerine ECAS ile ilişkili ana QTL tespit etmişlerdir. Bu çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda, Chandler haritasında LG3 (3.88 ve %22.2 PV) ve LG4 (7.16 LOD ve %20.7 PV), Kaplan-86 haritasında LG3 (4.48 LOD ve %29.7 PV), LG4 (12.6 LOD ve %31.1 PV), LG7 (3.98 LOD ve %15.3 PV) ve LG8 (25.75 LOD ve %64 PV) üzerine haritalanan QTL'ler belirlenmiştir.

4.3.5. Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ)

Erkek Çiçek Aktifleşme Zamanı (ECAZ) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 2 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise QTL belirlenmemiştir. ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG8’in orta üst kısmına, erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ) fenolojisi ile ilişkili minör QTL’ler haritalanmıştır (Şekil 4.27). QTL’in (*qECAZ8c*) 2017 ve 2018 yıllarında LOD skorları sırasıyla 3.77 ve 3.34, fenotipik varyasyon (PV) yüzdeleri ise %13.5 ve %9.7 olmuştur. Chandler haritası için 2017 yılında S-7406144 (25.16 cM) SNP markörü, 2018 yılında D-7389649 (28.68 cM) DArT markörü LG8’deki en yakın markörler olmuştur (Çizelge 4.12).

4.3.6. Erkek Çiçek Miktarı (ECM)

Erkek Çiçek Miktarı (ECM) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 2 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise QTL belirlenmemiştir. ‘Chandler × Kaplan-86’ populasyonunda 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG8’in orta üst kısmına, erkek çiçek miktarı (ECM) fenolojisi ile ilişkili önemli QTL’ler haritalanmıştır (Şekil 4.27). QTL’in (*qECM8c*) 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LOD skorları sırasıyla 8.03, 11.94 ve 13.13, fenotipik varyasyon (PV) yüzdeleri ise %20.9, %30.9 ve %31.5 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2016 ve 2018 yıllarında D-7390167 (24.71 cM), 2017 yılında D-7389649 (28.68 cM) LG8’deki en yakın DArT markörleri olmuştur (Çizelge 4.12).



Şekil 4.27. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki erkek çiçeklenme aktifleşme başlangıcı (ECAB), erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS), erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ), erkek çiçek miktarı (ECM) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.

4.3.7. Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB)

Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 7 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 7 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG4 ve LG8'in alt kısmına, Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında ise LG4'ün alt kısmına ve LG8'in üst kısmına dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) fenolojisi ile ilişkili önemli QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.28 ve Şekil 4.29). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qDCAB4c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki en yüksek LOD skorları sırasıyla 11.46, 10.58, 10.34 ve 19.58, fenotipik varyasyonları ise %29.8, %29, %25.8 ve %44.8 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2016, 2017 ve 2018 yıllarında CUJRB012 (77.8 cM) SSR markörü ve 2015 yılında D-12417727 (87.12 cM) DArT markörü LG4'deki en yakın markörler olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritasında diğer QTL'in (*qDCAB8c*)

2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 11.08, 20.07, 10.47 ve 8.36, fenotipik varyasyonları ise %32.6, %50.2, %30.7 ve %24.4 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında WEST1464 (61.76 cM) SSR markörü LG8'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qDCAB4k*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 9.11, 9.37, 9.33, 17.8, fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %24.3, %23.9, %23.4 ve %40.1 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'deki en yakın markör JRHR209732 (135.04 cM) SSR markörü olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında diğer QTL'in (*qDCAB8k*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında en yüksek LOD skorları sırasıyla 9.48, 21.42, 12.02, 9.74, fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %25.1, %46.4, %29.1 ve %24.5 olmuştur. 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG8'deki en yakın markör S-12417969 (19.87 cM) SNP markörü olmuştur (Çizelge 4.12).

Bunlara ek olarak Chandler çeşidi genetik haritasında 2015 ve 2018 yıllarında LG1'in orta alt kısmına, 2015 ve 2016 yıllarında LG1'in alt kısmına, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG15'in alt kısmına DCAB ile ilişkili minör QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.28 ve Şekil 4.29). 2015 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB1c*) LOD skorları sırasıyla 4.22 ve 2.73, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %12.8 ve %7.8 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015 yılında D-7401411 (54.25 cM) DArT markörü, 2018 yılında JRHR213554 (52.84 cM) SSR markörü LG1'deki en yakın markörler olmuştur. 2015 ve 2016 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB1c*) LOD skorları ise sırasıyla 4.94 ve 2.98, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %14 ve %8.3 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015 yılında D-7389609 (75.56 cM) DArT markörü, 2016 yılında JRHR214565 (68.3 cM) SSR markörü LG1'deki en yakın markörler olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB15c*) LOD skorları sırasıyla 4.14, 3.26 ve 2.65, açıklanan fenotipik varyasyon yüzdeleri %11.4, %8.9 ve %7.3 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası

için D-7387250 (40.04 cM) DArT markörü LG15'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında 2015 ve 2016 yıllarında LG1'in orta alt kısmına, 2015, 2017 ve 2018 yıllarında LG1'in alt kısmına, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'ün orta alt kısmına, 2015 ve 2016 yıllarında LG5'in alt kısmına DCAB ile ilişkili minör QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.30). 2015 ve 2016 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB1k*) LOD skorları sırasıyla 4.31 ve 2.88, fenotipik varyasyon yüzdeleri %12.6 ve %8.1 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için 2015 yılında D-7389656 (65.77 cM), 2016 yılında JRHR211565 (67.59 cM) LG1'deki en yakın markörler olmuştur. 2015, 2017 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB1k*) LOD skorları sırasıyla 5.05, 3.62 ve 3.68, fenotipik varyasyon yüzdeleri %19, %11.1 ve %12 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için D-7390341 (65.77 cM) LG1'deki en yakın markör olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB4k*) LOD skorları sırasıyla 4.24, 3.16 ve 5.32, fenotipik varyasyon yüzdeleri %13.8, %9.6 ve %15.6 olmuştur. Kaplan-86 haritası için JRHR209936 (92.07 cM) LG4'deki en yakın markör olmuştur. 2015 ve 2016 yıllarındaki QTL'in (*qDCAB5k*) LOD skorları sırasıyla 3.35 ve 3.49, fenotipik varyasyon yüzdeleri %9.7 ve %9.7 olmuştur. Kaplan-86 haritası için BFU-Jr184 (122.21 cM) LG5'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

Bernard ve ark (2020) hem GWAS hem de QTL haritalama ile tanımlanan Chr1 üzerindeki ana QTL'in (%34.8 ile %39.6 PV) yanı sıra, dişi çiçeklenme aşamaları için Chr7'de de üç önemli ilişki bulmuşlardır. Ayrıca, DCAB için "Franquette" haritasında LG1 (6.6 LOD ve %32.2 PV), "UK 6-2" haritasında LG3 (5.3 LOD ve %5.8 PV), LG11 (9.3 LOD ve %6.5 PV) ve LG12 (7.5 LOD ve %8.7 PV)'de QTL'ler bulmuşlardır. Bu çalışmada 'Chandler×Kaplan-86' popülasyonunda, DCAB için Chandler haritasında LG1 (4.94 ve %14 PV), LG4 (19.58 LOD ve %44.8 PV), LG8 (20.07 LOD ve %50.2 PV) ve LG15 (4.14 LOD ve %11.4 PV), Kaplan-86 haritasında LG1 (5.05 LOD ve %19 PV), LG4 (17.8 LOD ve %40.1 PV),

LG5 (3.49 LOD ve %9.7 PV) ve LG8 (21.42 LOD ve %46.4 PV) üzerine haritalanan QTL'ler belirlenmiştir.

4.3.8. Dişi Çiçek Aktifleşme Sonu (DCAS)

Dişi Çiçek Aktifleşme Başlangıcı (DCAB) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 8 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 4 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG4'ün alt kısmına ve LG8'in orta alt kısmına, Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında ise LG4'ün alt kısmına ve LG8'in üst kısmına dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS) fenolojisi ile ilişkili önemli QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.28 ve Şekil 4.29). Chandler çeşidi genetik haritasında LG4 de en yüksek LOD skorları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 7.98, 14.24, 10.76 ve 23.64, fenotipik varyasyonları (PV) ise %22.1, %39.1, %26.7 ve %50.5 olmuştur. Chandler haritası için 2016 ve 2018 yıllarında CUJRB012 (77.8 cM), 2015 yılında JRHR209732 (79.94 cM) ve 2017 yılında D-7394098 (80.94 cM) LG4'deki en yakın markörler olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritasında LG8 de en yüksek LOD skorları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 7.88, 5.91, 10.96 ve 4.83, fenotipik varyasyon (PV) değerleri ise %21.7, %16.1, %27.8 ve %21.7 olmuştur. . 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında CUJRA124 (59.9 cM) LG8'deki en yakın markör olmuştur.

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında LG4 de en yüksek LOD skorları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 7.97, 12.37, 9.75, 19.93, fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %21.6, %30.8, %25.1 ve %46.3 olmuştur. Kaplan-86 haritasında LG8 de en yüksek LOD skorları 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında sırasıyla 12.98, 12.39, 16.49 ve 7.73, fenotipik varyasyon yüzdeleri ise sırasıyla %36.9, %30.3, %37.9 ve %20.4 olmuştur. Kaplan-86 haritası için 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'deki en yakın markör JRHR209732 (135.04 cM) olmuştur.

2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG8'deki en yakın markör S-12417969 (19.87 cM) olmuştur (Çizelge 4.12).

Chandler haritasında 2016 ve 2018 yıllarında LG1'in orta alt kısmına, 2015 ve 2016 yıllarında LG1'in alt kısmına, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG15'in alt kısmına DCAS ile ilişkili minör QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.28 ve Şekil 4.29). 2016 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAS1c*) LOD skorları sırasıyla 3.20 ve 3.64, fenotipik varyasyon yüzdeleri %9.2 ve %10.2 olmuştur. Chandler haritası için D-7390093 (53.14 cM), LG1'deki en yakın markör olmuştur. 2015 ve 2016 yıllarındaki QTL'in (*qDCAS1c*) LOD skorları ise sırasıyla 3 ve 2.76, fenotipik varyasyon yüzdeleri %8.8 ve %7.9 olmuştur. Chandler haritası için S-7397431 (68.69 cM) LG1'deki en yakın markör olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAS15c*) LOD skorları sırasıyla 3.61, 5.06 ve 2.72, fenotipik varyasyon yüzdeleri %10, %13.5 ve %7.5 olmuştur. Chandler haritası için 2016 yılında D-7397131 (33.31 cM), 2017 ve 2018 yıllarında D-7387335 (39.48 cM) LG15'deki en yakın markörler olmuştur (Çizelge 4.12).

Kaplan-86 haritasında da 2016 ve 2017 yıllarında LG1'in orta alt kısmına, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında LG4'ün orta alt kısmına DCAS ile ilişkili minör QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.28). 2016 ve 2017 yıllarındaki QTL'in (*qDCAS1k*) LOD skorları sırasıyla 4.92 ve 2.92, fenotipik varyasyon yüzdeleri %14.8 ve %9 olmuştur. Kaplan-86 haritası için S-7398172 (79.75 cM) LG1'deki en yakın markör olmuştur. 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki QTL'in (*qDCAS4k*) LOD skorları sırasıyla 3.78, 2.96 ve 4.57, fenotipik varyasyon yüzdeleri %10.9, %8.9 ve %13.5 olmuştur. Kaplan-86 haritası için JRHR209936 (92.07 cM) LG4'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

Bernard ve ark (2020) 'Franquette × UK 6-2' populasyonunda, DCAS için "UK 6-2" haritasında LG1 (32.9 LOD ve %49.9 PV)'de QTL belirlemişlerdir. Bu çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda, DCAS için Chandler haritasında LG1 (3.64 ve %10.2 PV), LG4 (23.64 LOD ve %50.5 PV), LG8 (10.96

LOD ve %27.8 PV) ve LG15 (5.06 LOD ve % 13.5 PV), Kaplan-86 haritasında LG1 (4.92 LOD ve % 14.8 PV), LG4 (19.93 LOD ve %46.3 PV) ve LG8 (16.49 LOD ve %37.9 PV) üzerine haritalanan QTL'ler belirlenmiştir.

4.3.9. Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ)

Dişi Çiçek Aktifleşme Zamanı (DCAZ) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 2 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 1 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda 2016 ve 2018 yıllarında Chandler ve Kaplan-86 haritasında LG4'ün alt kısmına dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ) fenolojisi ile ilişkili minör QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.28). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qDCAZ4c*) LOD skorları 2016 ve 2018 yıllarında sırasıyla 4.13 ve 4.23, fenotipik varyasyon (PV) yüzdeleri ise %11.6 ve %12.2 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2016 yılında S-31393536 (81.71 cM), 2018 yılında CUJRB012 (77.8 cM) LG4'deki en yakın markörler olmuştur.

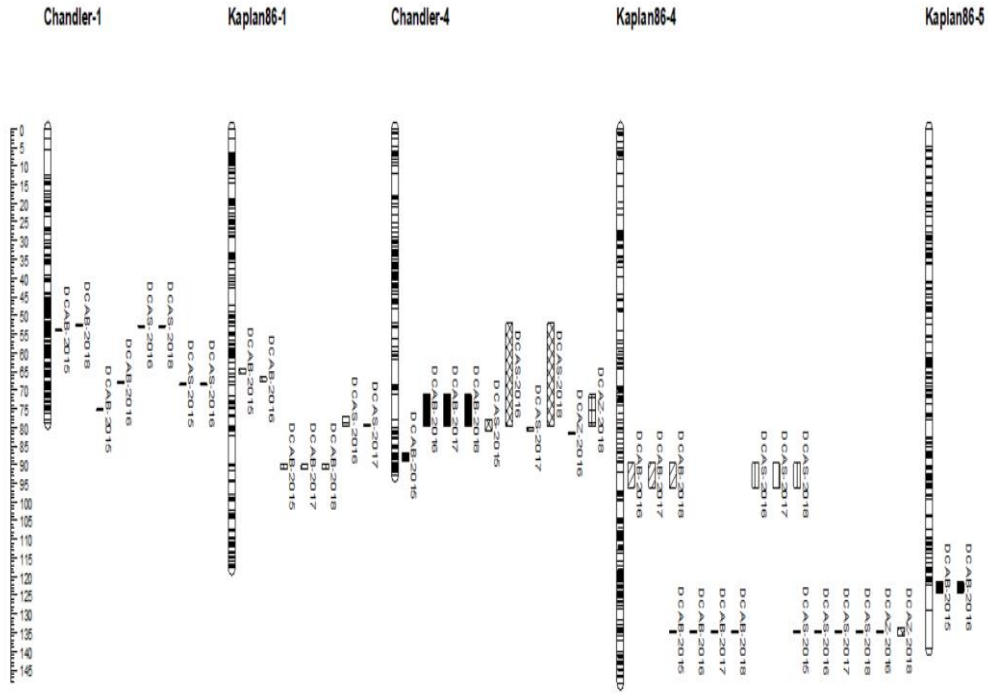
Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qDCAZ4k*) 2016 ve 2018 yıllarında LOD skorları sırasıyla 4.01 ve 12.91, fenotipik varyasyon (PV) yüzdeleri ise %11 ve %37.9 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için JRHR209732 (135.04 cM) LG4'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

4.3.10. Dişi Çiçek Miktarı

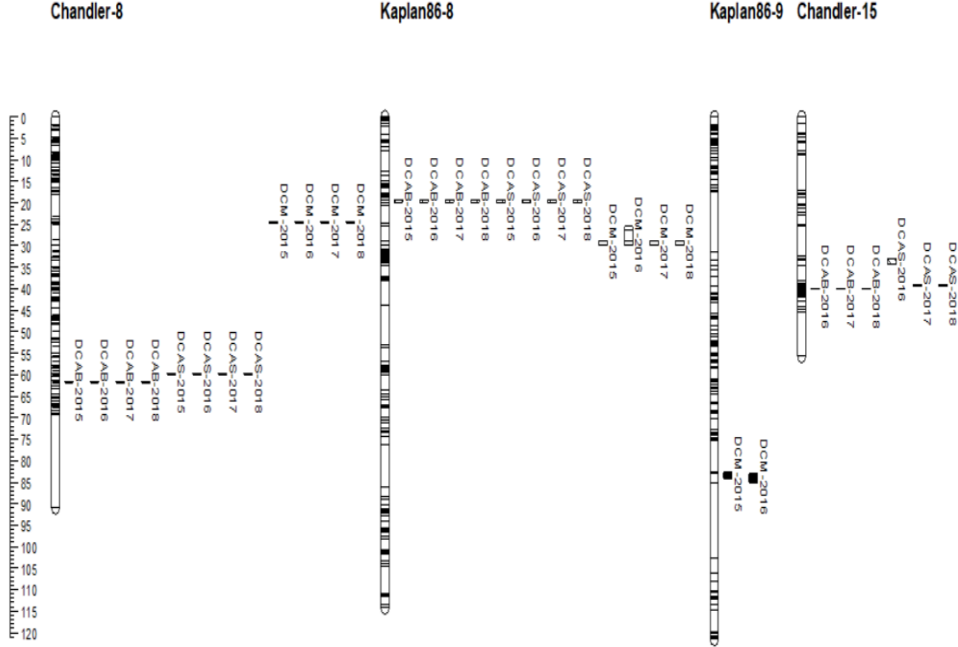
Dişi Çiçek Miktarı (DCM) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 1 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 2 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler haritasında ve Kaplan-86 haritasında LG8'in orta üst kısmına, dişi çiçek miktarı (DCM) fenolojisi ile ilişkili önemli QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.29). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qDCM8c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 22.63, 13.33, 21.84 ve 11.05, fenotipik varyasyon (PV) yüzdeleri ise %49.2,

%32.2, %46.5 ve %27.4 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için D-7390167 (24.71 cM) LG8'deki en yakın markör olmuştur.

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qDCM8k*)2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 4.49, 3.93, 2.91 ve 9.65, fenotipik varyasyon (PV) yüzdeleri ise %19.37, %19.3, %8.2 ve %25 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için CUJRA124 (30.02 cM) LG8'deki en yakın markör olmuştur. Buna ek olarak, 2015 ve 2016 yıllarında Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında LG9'un orta alt kısmına minör bir QTL haritalanmıştır (Şekil 4.29). QTL'in (*qDCM9k*) 2015 ve 2016 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 3.21 ve 2.91, fenotipik varyasyon yüzdeleri %9.2 ve %9 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için S-7408571 (83.07 cM) LG9'daki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).



Şekil 4.28. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki (LG 1, 4 ve 5) dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB), dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS), dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ), dişi çiçek miktarı (DCM) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.



Şekil 4.29. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki (LG 8, 9 ve 15) dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB), dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS), dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ), dişi çiçek miktarı (DCM) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.

4.3.11. Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY)

Yan Dal Çiçeklenme Yüzdesi (YDCY) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 3 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 1 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG8'in orta üst kısmına, 2015 ve 2018 yıllarında Kaplan-86 haritasında LG8'in orta kısmına yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) fenolojisi ile ilişkili QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.30). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qYDCY8c*) 2015, 2016, 2017 ve 2018 yıllarındaki en yüksek LOD skorları sırasıyla 20, 17.57, 27.8 ve 16.84, fenotipik varyasyon (PV) değerleri ise %48.6, %40.1, %58.6 ve %51.2 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için 2015, 2017 ve 2018 yıllarında S-7406144 (25.16 cM), 2016 yılında D-7390167 (24.71 cM)

LG8'deki en yakın markörler olmuştur. Buna ek olarak, 2015 ve 2016 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG8'in orta kısmına önemli bir QTL daha haritalanmıştır (Şekil 4.30). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qYDCY8c*) 2015 ve 2016 yıllarındaki en yüksek LOD skorları sırasıyla 15.63 ve 12.44, fenotipik varyasyon (PV) değerleri ise %38.2 ve %30.5 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için CUJRA206 (40.44 cM) LG8'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qYDCY8k*) 2015 ve 2018 yıllarındaki LOD skorları sırasıyla 13.19 ve 9.58, fenotipik varyasyon (PV) değerleri ise %38.5 ve %29 olmuştur. Kaplan-86 haritası için D-7387326 (56.94 cM) LG8'deki en yakın markör olmuştur. (Çizelge 4.12).

Aradhya ve ark (2019) 'Chandler × Idaho' F1 populasyonunda, yan dal çiçeklenme özelliği için Chandler haritasında LG11 (67.11 LOD ve %59 PV)'de majör QTL belirlemişlerdir. Marrano ve ark (2019) "Chandler × Idaho" populasyonunda, yan dal çiçeklenme özelliği için Chandler haritasında LG11 (80.3 LOD ve %69.67 PV)'de, Idaho haritasında LG6 (5.28 LOD ve %7.51 PV)'da QTL'ler belirlemişlerdir. Bu çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonunda, yan dal çiçeklenme özelliği için Chandler haritasında LG8 (27.8 LOD ve %58.6 PV), Kaplan-86 haritasında LG8 (13.19 LOD ve %38.5 PV) üzerine haritalanan QTL'ler belirlenmiştir.

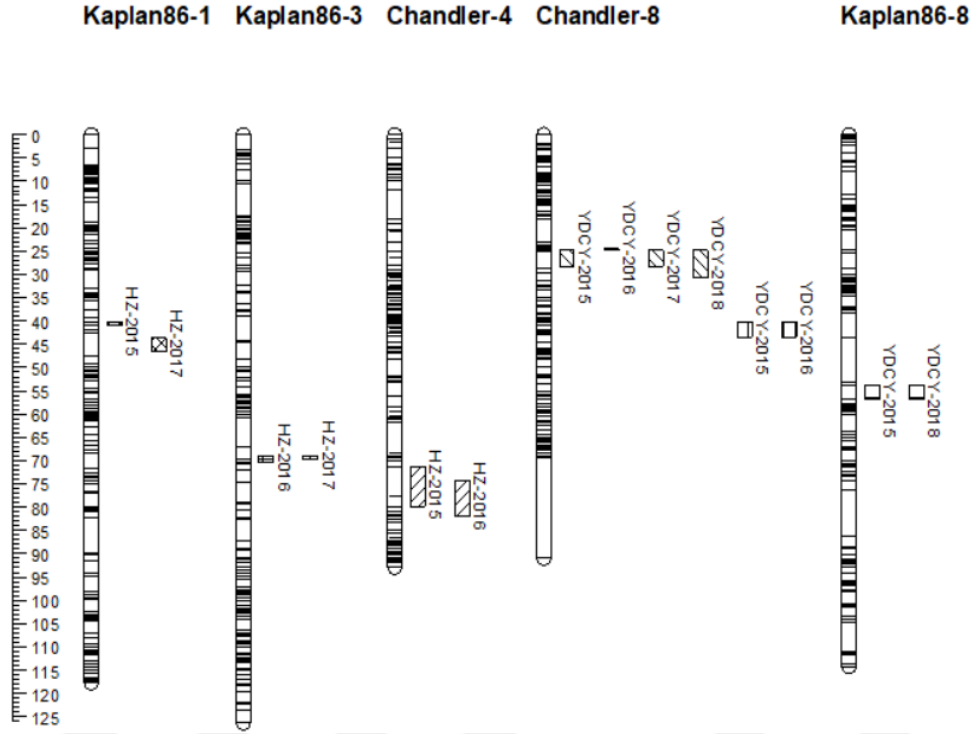
4.3.12. Hasat Zamanı (HZ)

Hasat Zamanı (HZ) karakteri ile ilişkili Chandler çeşidinde 1 adet QTL, Kaplan-86 çeşidinde ise 3 adet QTL belirlenmiştir. 'Chandler × Kaplan-86' populasyonunda 2015 ve 2016 yıllarında Chandler çeşidi genetik haritasında LG4'ün alt kısmına, 2015 ve 2017 yıllarında Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında LG1'in orta üst kısmına hasat zamanı (HZ) fenolojisi ile ilişkili QTL'ler haritalanmıştır (Şekil 4.30). Chandler çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qHZ4c*)

2015 ve 2016 yıllarında LOD skorları sırasıyla 4.66 ve 4.13, fenotipik varyasyon yüzdeleri %14.7 ve %27.6 olmuştur. Chandler çeşidi genetik haritası için CUJRB012 (77.8 cM) LG4'deki en yakın markör olmuştur.

Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qHZ1k*) 2015 ve 2017 yıllarında LOD skorları sırasıyla 3.19 ve 3.15, fenotipik varyasyon değerleri %10.3 ve %10 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için 2015 yılında S-7398342 (40.89 cM), 2017 yılında JRHR215674 (43.68 cM) LG1'deki en yakın markörler olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında LG3'ün orta alt kısmına hasat zamanı ile minör bir QTL haritalanmıştır (Şekil 4.30). Kaplan-86 çeşidi genetik haritasında QTL'in (*qHZ3k*) 2016 ve 2017 yıllarında LOD skorları sırasıyla 2.51 ve 2.79, fenotipik varyasyon değerleri ise %8.2 ve %7.8 olmuştur. Kaplan-86 çeşidi genetik haritası için JRHR222705 (69.69 cM) LG3'deki en yakın markör olmuştur (Çizelge 4.12).

Aradhya ve ark (2019) 'Chandler × Idaho' F1 populasyonunda, hasat zamanı için Chandler haritasında LG1 (5.10 LOD ve %10 PV)'de QTL belirlemiştir. Marrano ve ark (2019) 'Chandler × Idaho' populasyonunda, hasat zamanı için Chandler haritasında LG1 (12.71 LOD ve %16.78 PV), LG5 (4.75 LOD ve %6.77 PV), LG10 (4.75 LOD ve %6.77 PV) ve LG12 (3.58 LOD ve %5.15 PV), Idaho haritasında LG1 (5.52 LOD ve %7.85 PV)'de QTL'ler belirlemiştir. Bu çalışmada 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonunda, hasat zamanı için Chandler haritasında LG4 (4.66 LOD ve %14.7PV), Kaplan-86 haritasında LG1 (3.19 LOD ve %10.3PV) ve LG3 (2.79 LOD ve %7.8 PV) üzerine haritalanan QTL'ler belirlenmiştir.



Şekil 4.30. Chandler ve Kaplan-86 bağlantı haritalarındaki yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY) ve hasat zamanı (HZ) ile ilişkili bulunan QTL'lerin pozisyonları.

Çizelge 4.12.12 fenolojik karakter ile ilgili Chandler ve Kaplan-86 genetik haritalarındaki QTL analiz sonuçları

Karakter	No	Chandler							Kaplan-86						
		QTL	LG	cM	LOD	PV %	Markör	Kruskal-Wallis	QTL	LG	cM	LOD	PV %	Markör	Kruskal-Wallis
TTP	1	qTTP1c-2016	1	9.72-11.72	3.14	9.1	JRHR217215 (5.72 cM)	0.05	qTTP1k-2016	1	20.53-22.51	2.91	8.3	WGA79 (21.51 cM)	0.001
		qTTP1c-2017	1	4.73-11.72	4.21	11.6	JRHR217215 (5.72 cM)	0.01	qTTP1k-2018	1	20.11-20.53	5.03	16.4	D-7399747 (20.50 cM)	0.00005
		qTTP1c-2018	1	3.73-11.72	4.96	14.1	JRHR217215 (5.72 cM)	0.005							
	2	qTTP4c-2015	4	69.00- 84.49	23.9	56.4	CUJRB012 (77.8 cM) D-7396062 (81.49 cM)	0.00005	qTTP4k-2015	4	74.30-77.06	4.23	12.3	JRHR217314 (76.06 cM)	0.001
		qTTP4c-2016	4	65.08- 81.49	47.9	78.7	CUJRB012 (77.8 cM) JRHR209732 (79.9 cM)	0.00005	qTTP4k-2017	4	74.30-77.79	5.07	19	JRHR217314 (76.06 cM)	0.0001
		qTTP4c-2017	4	69.00- 84.49	25.7	54.3	CUJRB012 (77.8 cM) D-7396062 (81.49 cM)	0.00005							
	3	qTTP4c-2018	4	69.00- 79.80	39.1	73.3	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005							
									qTTP4k-2015	4	134.50- 135.04	22.36	53.1	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
									qTTP4k-2016	4	134.50- 136.86	40.2	76.1	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
									qTTP4k-2017	4	134.50- 135.26	20.55	48.8	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
								qTTP4k-2018	4	134.50- 136.26	31.38	65.9	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005	

YZ	1	qYZ1c-2016	1	6.72-11.72	3.23	9.4	JRHR217215 (5.72 cM)	0.05	qYZ1k-2016	1	12.16-13.16	2.9	26.8	D-7402634 (12.16 cM)	0.001
		qYZ1c-2017	1	9.72-11.72	2.93	8.4	JRHR217215 (5.72 cM)	0.05	qYZ1k-2017	1	9.00-19.55	3.11	13	S-12416389 (10.55 cM)	0.001
	2	qYZ4c-2015	4	76.16- 80.94	23.3	52.2	CUJRB012 (77.8 cM) JRHR209732 (79.9 cM)	0.00005	qYZ4k-2015	4	134.50- 135.04	22.8	51.5	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qYZ4c-2016	4	71.16- 79.80	33.7	64.7	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qYZ4k-2016	4	134.50- 139.26	25.3	54.9	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qYZ4c-2017	4	71.16- 80.94	38.9	68.8	CUJRB012 (77.8 cM) JRHR209732 (79.9 cM)	0.00005	qYZ4k-2017	4	134.50- 138.26	31.5	63.5	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qYZ4c-2018	4	65.55- 79.80	33.4	68	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qYZ4k-2018	4	134.50- 138.26	27.6	59.5	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
	3	qYZ7c-2015	7	11.13- 12.78	3.01	9.1	JRHR226814 (12.78 cM)	0.001	qYZ7k-2015	7	103.92- 107.61	2.96	8.7	JRHR226814 (104.61 cM)	0.001
		qYZ7c-2017	7	11.13- 12.78	3.03	8.6	JRHR226814 (12.78 cM)	0.001	qYZ7k-2016	7	104.61- 107.61	2.77	8.5	JRHR226814 (104.61 cM)	0.001
									qYZ7k-2017	7	103.92- 106.61	3.03	8.4	JRHR226814 (104.61 cM)	0.001
	4	qYZ10c-2016	10	3.92-6.27	2.71	7.7	JRHR209244 (6.27 cM)	0.005							
		qYZ10c-2018	10	3.92-6.27	3.96	10.8	JRHR209244 (6.27 cM)	0.005							
ECAB	1	qECAB3c- 2015	3	93.74- 94.88	3.68	24.9	JMP28 (93.88 cM)	0.005	qECAB4k- 2015	4	134.50- 135.04	3.58	23	JRHR209732 (135.04 cM)	0.005
		qECAB3c- 2016	3	93.74- 94.88	3.88	22.2	JMP28 (93.88 cM)	0.005	qECAB4k- 2016	4	134.50- 135.04	3.68	19.8	JRHR209732 (135.04 cM)	0.0001
									qECAB4k- 2017	4	134.50- 135.04	3.37	11.9	JRHR209732 (135.04 cM)	0.001

									qECAB4k-2018	4	134.50-135.04	5.92	16.1	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
	2	qECAB4c-2015	4	73.16-79.80	4.36	30.1	CUJRB012 (77.8 cM)	0.0001	qECAB8k-2015	8	19.87-24.51	9.43	50.7	D-7407180 (20.51 cM)	0.00005
		qECAB4c-2016	4	79.94-84.50	4.89	26.2	D-7386113 (82.5 cM)	0.00005	qECAB8k-2017	8	19.87-24.51	25.16	62.9	D-7407180 (20.51 cM)	0.00005
		qECAB4c-2017	4	71.16-79.80	4.64	19.2	CUJRB012 (77.8 cM)	0.0001	qECAB8k-2018	8	19.87-24.51	36.17	66.5	D-7407180 (20.51 cM)	0.00005
		qECAB4c-2018	4	71.16-79.80	7.16	20.7	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005							
ECAS	1	qECAS3c-2015	3	93.74-93.88	4.08	27	JMP28 (93.88 cM)	0.001	qECAS3k2015	3	95.72-99.79	4.48	29.7	JRHR220903 (97.79 cM)	0.01
		qECAS3c-2016	3	93.88-94.81	5.27	28.4	D-7386853 (94.81)	0.001	qECAS3k2016	3	94.31-97.72	3.96	23.4	JRHR211298 (94.72 cM)	0.005
		qECAS3c-2017	3	78.62-86.23	3.40	16.7	JRHR211298 (85.23)	0.01							
		qECAS3c-2018	3	93.74-94.88	3.35	9.7	JMP28 (93.88 cM)	0.001							
	2	qECAS4c-2015	4	74.16-79.80	3.84	27.9	CUJRB012 (77.8 cM)	0.0001	qECAS4k2015	4	134.50-135.04	2.86	18.7	JRHR209732 (135.04 cM)	0.001
		qECAS4c-2016	4	81.87-82.50	7.89	38	D-7386113 (82.5 cM)	0.00005	qECAS4k2016	4	134.50-135.04	7.1	34.6	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qECAS4c-2017	4	80.94-81.49	4.31	15.9	D-7396062 (81.49 cM)	0.0001	qECAS4k2017	4	134.50-135.04	3.25	11.6	JRHR209732 (135.04 cM)	0.001
		qECAS4c-2018	4	71.16-79.80	14.5	37.5	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qECAS4k2018	4	134.50-135.04	12.6	31.1	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
	3								qECAS7k2016	7	52.55-56.07	3.05	16.5	D-7390206 (54.07 cM)	0.01
									qECAS7k2017	7	52.55-62.07	3.98	15.3	D-7390206 (54.07 cM)	0.0005

	4								qECAS8k2016	8	19.87-24.51	10.03	48.3	D-7407180 (20.51 cM)	0.00005
									qECAS8k2017	8	19.87-24.51	25.75	64	D-7407180 (20.51 cM)	0.00005
									qECAS8k2018	8	19.87-24.51	20.97	46.7	D-7407180 (20.51 cM)	0.00005
ECAZ	1	qECAZ8c-2017	8	24.71-28.16	3.77	13.5	S-7406144 (25.16 cM)	0.0001							
		qECAZ8c-2018	8	25.16-28.68	3.34	9.7	D-7389649 (28.68 cM)	0.0001							
ECM	1	qECM8c-2016	8	24.44-24.71	8.03	20.9	D-7390167 (24.71 cM)	0.0001							
		qECM8c-2017	8	25.16-29.68	11.94	30.9	D-7389649 (28.68 cM)	0.00005							
		qECM8c-2018	8	24.44-24.71	13.13	31.5	D-7390167 (24.71 cM)	0.00005							
DCAB	1	qDCAB1c-2015	1	53.81-54.25	4.22	12.8	D-7401411 (54.25 cM)	0.0001	qDCAB1k-2015	1	64.29-65.77	4.31	12.6	D-7389656 (65.77 cM)	0.001
		qDCAB1c-2018	1	52.55-52.84	2.73	7.8	JRHR213554 (52.84 cM)	0.005	qDCAB1k-2016	1	66.68-67.59	2.88	8.1	JRHR211565 (67.59 cM)	0.001
	2	qDCAB1c-2015	1	75.07-75.56	4.94	14	D-7389609 (75.56 cM)	0.00005	qDCAB1k-2015	1	90.01-91.20	5.05	19	D-7390341 (90.2 cM)	0.01
		qDCAB1c-2016	1	67.83-68.30	2.98	8.3	JRHR214565 (68.3 cM)	0.005	qDCAB1k-2017	1	90.01-91.20	3.62	11.1	D-7390341 (90.2 cM)	0.005
									qDCAB1k-2018	1	90.01-91.20	3.68	12	D-7390341 (90.2 cM)	0.01
									qDCAB4k-2016	4	89.60-96.07	4.24	13.8	JRHR209936 (92.07 cM)	0.0005
	3	qDCAB4c-2015	4	86.67-89.12	11.46	29.8	D-12417727 (87.12 cM)	0.00005	qDCAB4k-2017	4	89.60-96.07	3.16	9.6	JRHR209936 (92.07 cM)	0.0001

		qDCAB4c-2016	4	71.16-79.80	10.58	29	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qDCAB4k-2018	4	89.60-96.07	5.32	15.6	JRHR209936 (92.07 cM)	0.00005
		qDCAB4c-2017	4	71.16-79.80	10.34	25.8	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005							
		qDCAB4c-2018	4	71.16-79.80	19.58	44.8	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005							
	4	qDCAB8c-2015	8	61.51-61.76	11.08	32.6	WEST1464 (61.76 cM)	0.0001	qDCAB4k-2015	4	134.50-135.04	9.11	24.3	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qDCAB8c-2016	8	61.51-61.76	20.07	50.2	WEST1464 (61.76 cM)	0.01	qDCAB4k-2016	4	134.50-135.04	9.37	23.9	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qDCAB8c-2017	8	61.51-61.76	10.47	30.7	WEST1464 (61.76 cM)	0.01	qDCAB4k-2017	4	134.50-135.04	9.33	23.4	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qDCAB8c-2018	8	61.51-61.76	8.36	24.4	WEST1464 (61.76 cM)	0.01	qDCAB4k-2018	4	134.50-135.04	17.8	40.1	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
	5	qDCAB15c-2016	15	39.92-40.04	4.14	11.4	D-7387250 (40.04 cM)	0.00005	qDCAB5k-2015	5	121.54-124.21	3.35	9.7	BFU-Jr184 (122.21 cM)	0.001
		qDCAB15c-2017	15	39.92-40.04	3.26	8.9	D-7387250 (40.04 cM)	0.0001	qDCAB5k-2016	5	121.54-124.21	3.49	9.7	BFU-Jr184 (122.21 cM)	0.001
		qDCAB15c-2018	15	39.92-40.04	2.65	7.3	D-7387250 (40.04 cM)	0.001							
	6								qDCAB8k-2015	8	19.28-19.87	9.48	25.1	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
									qDCAB8k-2016	8	19.28-19.87	21.42	46.4	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
									qDCAB8k-2017	8	19.28-19.87	12.02	29.1	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
									qDCAB8k-2018	8	19.28-19.87	9.74	24.5	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005

DCAS	1	qDCAS1c-2016	1	52.84-53.14	3.2	9.2	D-7390093 (53.14 cM)	0.01	qDCAS1k-2016	1	77.07-79.75	4.92	14.8	S-7398172 (79.75 cM)	0.00005
		qDCAS1c-2018	1	52.84-53.14	3.64	10.2	D-7390093 (53.14 cM)	0.001	qDCAS1k-2017	1	79.07-79.75	2.92	9	S-7398172 (79.75 cM)	0.001
	2	qDCAS1c-2015	1	68.30-68.69	3	8.8	S-7397431 (68.69 cM)	0.0001	qDCAS4k-2016	4	89.60-96.07	3.78	10.9	JRHR209936 (92.07 cM)	0.0001
		qDCAS1c-2016	1	68.30-68.69	2.76	7.9	S-7397431 (68.69 cM)	0.01	qDCAS4k-2017	4	89.60-96.07	2.96	8.9	JRHR209936 (92.07 cM)	0.001
									qDCAS4k-2018	4	89.60-96.07	4.57	13.5	JRHR209936 (92.07 cM)	0.0001
	3	qDCAS4c-2015	4	77.80-80.94	7.98	22.1	JRHR209732 (79.94 cM)	0.00005	qDCAS4k-2015	4	134.50-135.04	7.97	21.6	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qDCAS4c-2016	4	52.08-79.80	14.24	39.1	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qDCAS4k-2016	4	134.50-135.04	12.37	30.8	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qDCAS4c-2017	4	79.94-80.94	10.76	26.7	D-7394098 (80.94 cM)	0.00005	qDCAS4k-2017	4	134.50-135.04	9.75	25.1	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
		qDCAS4c-2018	4	52.08-79.80	23.64	50.5	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qDCAS4k-2018	4	134.50-135.04	19.93	46.3	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
	4	qDCAS8c-2015	8	59.58-59.90	7.88	21.7	CUJRA124 (59.9 cM)	0.00005	qDCAS8k-2015	8	19.28-19.87	12.98	36.9	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
		qDCAS8c-2016	8	59.58-59.90	5.91	16.1	CUJRA124 (59.9 cM)	0.00005	qDCAS8k-2016	8	19.28-19.87	12.39	30.3	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
		qDCAS8c-2017	8	59.58-59.90	10.96	27.8	CUJRA124 (59.9 cM)	0.00005	qDCAS8k-2017	8	19.28-19.87	16.49	37.9	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
		qDCAS8c-2018	8	59.58-59.90	4.83	21.7	CUJRA124 (59.9 cM)	0.0001	qDCAS8k-2018	8	19.28-19.87	7.73	20.4	S-12417969 (19.87 cM)	0.00005
	5	qDCAS8c-2016	15	32.86-34.31	3.61	10	D-7397131 (33.31 cM)	0.00005							
		qDCAS8c-2017	15	39.14-39.48	5.06	13.5	D-7387335 (39.48 cM)	0.00005							
		qDCAS8c-2018	15	39.14-39.48	2.72	7.5	D-7387335 (39.48 cM)	0.00005							
DCAZ	1	qDCAZ4c-2016	4	81.49-81.87	4.13	11.6	S-31393536 (81.87 cM)	0.0001	qDCAZ4k-2016	4	134.50-135.04	4.01	11	JRHR209732 (135.04 cM)	0.001

		qDCAZ4c-2018	4	71.16-79.80	4.23	12.2	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qDCAZ4k-2018	4	133.50-135.86	12.91	37.9	JRHR209732 (135.04 cM)	0.00005
DCM	1	qDCM8c-2015	8	24.44-24.71	22.63	49.2	D-7390167 (24.71 cM)	0.00005	qDCM8k-2015	8	28.79-30.02	4.49	19.37	CUJRA124 (30.02 cM)	0.00005
		qDCM8c-2016	8	24.44-24.71	13.33	32.2	D-7390167 (24.71 cM)	0.00005	qDCM8k-2016	8	25.51-30.02	3.93	19.3	CUJRA124 (30.02 cM)	0.00005
		qDCM8c-2017	8	24.44-24.71	21.84	46.5	D-7390167 (24.71 cM)	0.00005	qDCM8k-2017	8	28.79-30.02	2.91	8.2	CUJRA124 (30.02 cM)	0.005
		qDCM8c-2018	8	24.44-24.71	11.05	27.4	D-7390167 (24.71 cM)	0.00005	qDCM8k-2018	8	28.79-30.02	9.65	25	CUJRA124 (30.02 cM)	0.00005
	2								qDCM9k-2015	9	82.82-84.07	3.21	9.2	S-7408571 (83.07 cM)	0.0001
									qDCM9k-2016	9	83.07-85.07	2.91	9	S-7408571 (83.07 cM)	0.0005
YDCY	1	qYDCY8c-2015	8	24.71-28.16	20	48.6	S-7406144 (25.16 cM)	0.00005	qYDCY8k-2015	8	53.67-56.94	13.19	38.5	D-7387326 (56.94 cM)	0.0005
		qYDCY8c-2016	8	24.44-24.71	17.57	40.1	D-7390167 (24.71 cM)	0.00005	qYDCY8k-2018	8	53.67-56.94	9.58	29	D-7387326 (56.94 cM)	0.001
		qYDCY8c-2017	8	24.71-28.16	27.8	58.6	S-7406144 (25.16 cM)	0.00005							
		qYDCY8c-2018	8	24.71-30.81	16.84	51.2	S-7406144 (25.16 cM)	0.00005							
	2	qYDCY8c-2015	8	40.21-43.44	15.63	38.2	CUJRA206 (40.44 cM)	0.00005							
		qYDCY8c-2016	8	40.21-43.44	12.44	30.5	CUJRA206 (40.44 cM)	0.00005							
HZ	1	qHZ4c-2015	4	71.16-79.80	4.66	14.7	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qHZ1k-2015	1	40.16-40.89	3.19	10.3	S-7398342 (40.89 cM)	0.01
		qHZ4c-2016	4	74.16-81.87	4.13	27.6	CUJRB012 (77.8 cM)	0.00005	qHZ1k-2017	1	43.68-46.68	3.15	10	JRHR215674 (43.68 cM)	0.01
	2								qHZ3k-2016	3	68.94-70.42	2.51	8.2	JRHR222705 (69.69 cM)	0.01
									qHZ3k-2017	3	68.94-69.69	2.79	7.8	JRHR222705 (69.69 cM)	0.01

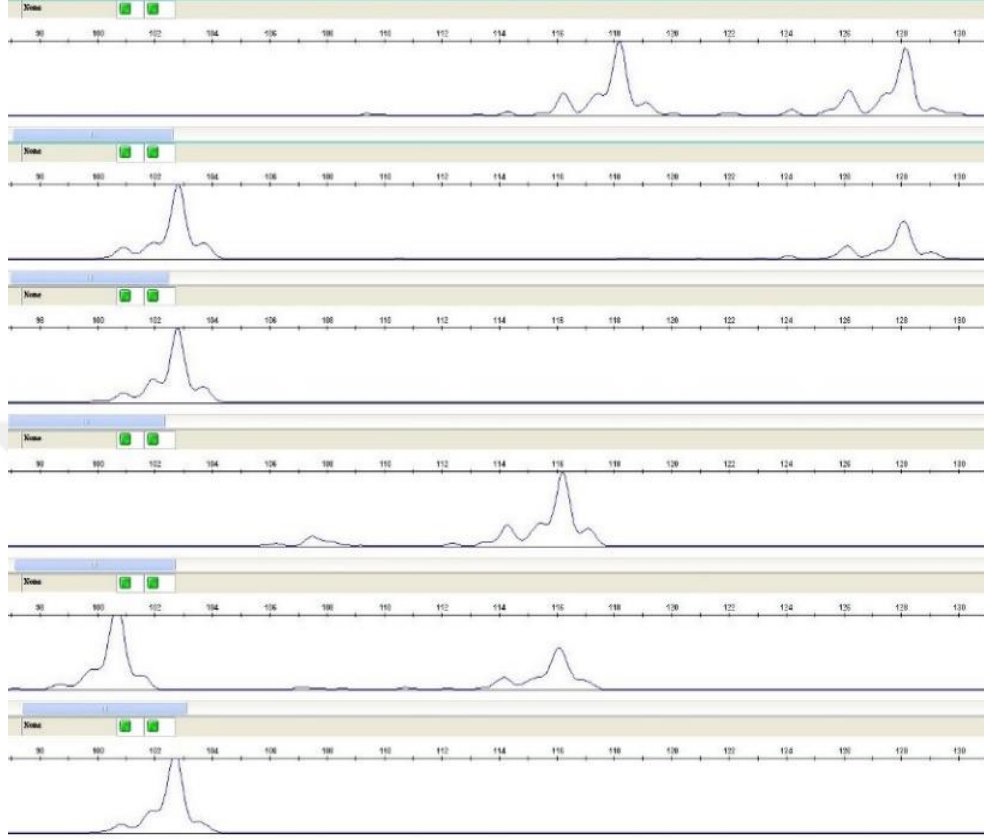
(**) p<0.01, (***) p<0.005, (****) p<0.001, (*****) p<0.0005, (*****) p<0.0001, (*****) p<0.00005.

4.4. Validasyon

QTL analizleri sonucunda Chandler ve Kaplan-86 çeşitleri genetik haritalarında tepe tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilişkili bulunan QTL'ler ve bu QTL bölgelerine en yakın olarak belirlenen markörlerden geliştirilen primerler kullanılarak validasyon yapılmıştır.

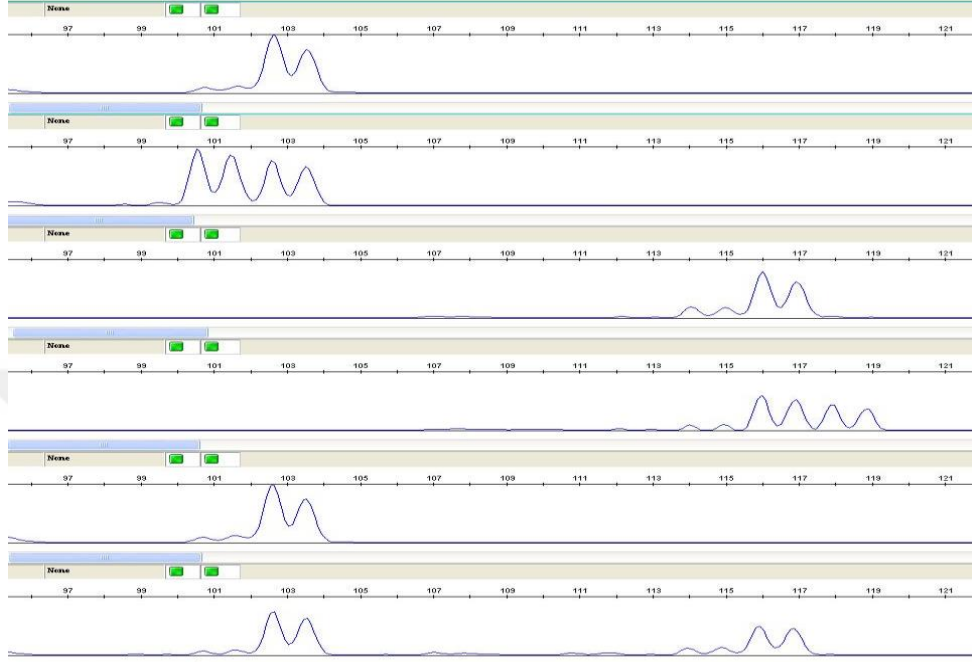
Belirlenen tüm QTL'ler ile ilişkili bulunan markörler 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonunda daha önceden haritalandığı için, öncelikle bilgisayar ortamında bu markörlerin F1 populasyonundaki erken uyanan ve geç uyanan bitkileri ne derece doğrulukla ayırdıklarına bir ön çalışma yapılarak bakılmıştır. Daha sonra majör QTL'ler dışında belirlenen minör QTL'ler ile ilişkili bulunan markörlerin erken ve geç uyanan F1 bitkileri arasında belirgin bir ayırım yapmadığı belirlenmiştir. Majör QTL'ler ile ilişkili bulunan markörlerin ise F1 bireylerinde erken ve geç uyanan bitkiler arasında belirli bir ayırım yaptığı gözlenmiştir.

CUJRB012 SSR markörü F1 populasyonunda 'll×lm' açılımı göstermiştir. Erkenci F1 bireyleri 'll' açılımı gösterirken, geçici F1 bireyleri ise 'lm' açılımı göstermişlerdir. CUJRB012 SSR markörünün F1 populasyonunda yapılan ön çalışmanın doğruluğunu ortaya çıkarmak için genetik kaynaklarda bulunan 160 ceviz çeşit ve genotip de kapiller elektroforez kullanılarak validasyon yapılmıştır. Validasyon sonucuna göre 160 ceviz çeşit ve genotipinden karmaşık bir allel yapısı yani farklı allellik varyantları elde edilmiştir. Buna göre F1 populasyonunda çok iyi bir ayırım yapan CUJRB012 SSR markörü, genetik kaynaklar arasında bulunan bitkilerde TTP ve YZ özellikleri için erkenci ve geçici ayırımı yapmamıştır (Çizelge 4.13, Çizelge 4.14 ve Şekil 4.31).



Şekil 4.31. Erken ve geç uyanan 3'er adet ceviz çeşidi ve genotipininCUJRSSRB012 markörü ile SSR analizleri sonucundaki elektroferogram görüntüsü. İlk 3 satır erkenci, son 3 satır ise geçcidir.

JRHR209732 SSR markörü F1 popülasyonunda 'ab×cd' açılımı göstermiştir. JRHR209732 SSR markörünün F1 popülasyonunda yapılan ön çalışmanın doğruluğunu ortaya çıkarmak için genetik kaynaklarda bulunan 160 ceviz çeşit ve genotip de kapiller elektroforez kullanılarak validasyon yapılmıştır. Validasyon sonucuna göre 160 ceviz çeşit ve genotipinden karmaşık bir allel yapısı yani farklı allellik varyantları elde edilmiştir. Buna göre F1 popülasyonunda iyi bir ayırım yapan JRHR209732 SSR markörü, genetik kaynaklar arasında bulunan bitkilerde TTP ve YZ özellikleri için erkenci ve geçici ayırımı yapmamıştır (Çizelge 4.13, Çizelge 4.14 ve Şekil 4.32).



Şekil 4.32. Erken ve geç uyanan 3'er adet ceviz çeşidi ve genotipinin JRHR209732 markörü ile SSR analizleri sonucundaki elektroferogram görüntüsü. İlk 3 satır erkenci, son 3 satır ise geçcidir.

D-7396062 DArT markörü F1 populasyonunda 'll×lm' açılımı göstermiştir. Chandler çeşidi geçci 'lm', Kaplan-86 çeşidi erkenci 'll' açılımı gösterdikleri için erkenci F1 bireyleri 'll' açılımı gösterirken, geçci F1 bireyleri ise 'lm' açılımı göstermişlerdir. D-7396062 DArT markörü için primer dizaynı yapılmıştır ve sekizer adet erken uyanan ve geç uyanan hem F1 populasyonunda hem de genetik kaynaklarda toplam 32 bitkide analiz edilmiştir (Şekil 4.33). CUJRB012 ve JRHR209732 SSR markörlerinde olduğu gibi D-7396062 DArT markörü de F1 populasyonunda erken ve geç uyanan bitkileri ayırmış ancak genetik kaynaklarda bulunan bitkilerde bir ayırım olmamıştır (Şekil 4.33). D-7396062 DArT markörü Pst1 enzimi kullanılarak elde edildiği için PCR ürünleri Pst1 enzimi kullanılarak kesilmiş ve tekrar agaroz jelde koşulmuştur. Kesilen PCR ürününe bakıldığında hem genetik

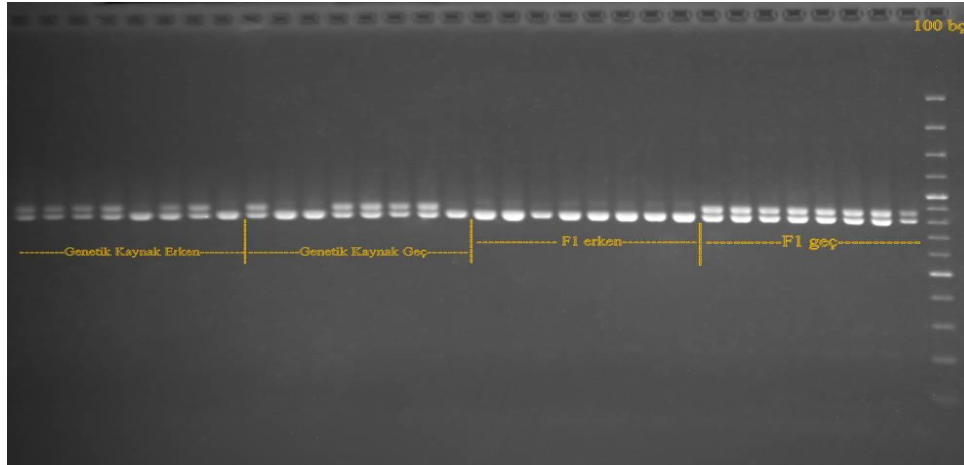
kaynak hem de F1 populasyonundaherhangi bir ayırım olmadığı görülmüştür (Şekil 4.33).

Çizelge 4.13. ‘Chandler × Kaplan-86’ F1 populasyonu tepe tomurcuğu patlama zamanı (TTP) erken ve geç uyanan F1 bitkilerinde TTP ile ilişkili bulunan majör QTL bölgelerine yakın olan markörlerin açılım durumları

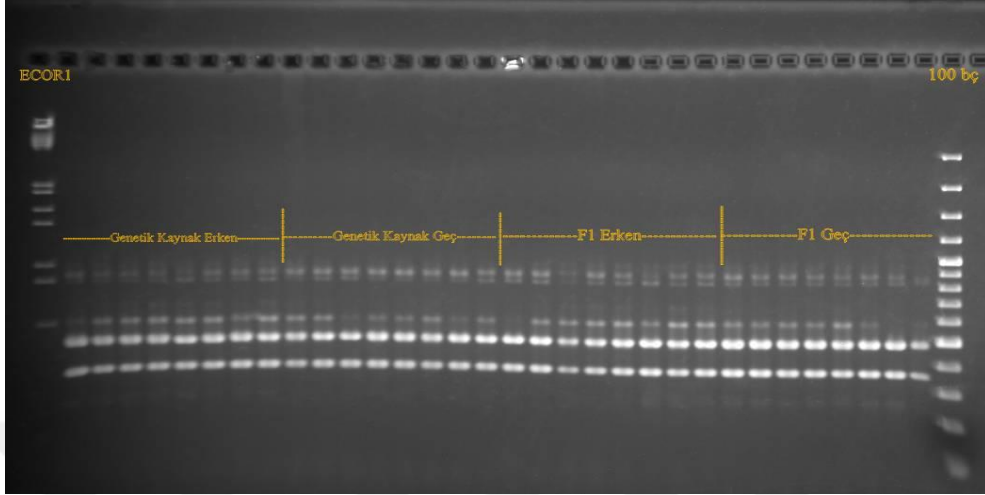
F1 No	TTP Ort	JRHR-209732	CUJR-B012	D-7396062	F1 No	TTP Ort	JRHR-209732	CUJR-B012	D-7396062
235	82.5	ac	ll	ll	126	106.8	bd	lm	lm
23	83.0	ad	ll	ll	132	102.8	bd	lm	lm
237	83.5	ac	ll	ll	203	101.5	bd	lm	lm
98	83.8	ac	ll	ll	201	101.5	bc	lm	lm
75	84.3	ac	ll	ll	160	101.0	bc	lm	lm
230	85.3	ac	ll	ll	59	100.5	bc	lm	lm
149	85.5	ac	ll	ll	176	100.3	ad	lm	ll
175	85.5	ad	ll	ll	6	100.3	bd	lm	lm
60	85.8	ac	ll	ll	81	99.5	bc	ll	lm
67	86.5	ad	ll	ll	129	99.3	bd	lm	lm
192	86.5	ac	ll	ll	87	99.3	bc	lm	lm
212	86.5	ac	ll	ll	58	99.0	bd	lm	lm

Çizelge 4.14. 'Chandler × Kaplan-86' F1 popülasyonu yapraklanma zamanı (YZ) erken ve geç uyanan F1 bitkilerinde YZ ile ilişkili bulunan majör QTL bölgelerine yakın olan markörlerin açılım durumları

F1 No	YZ Ort	JRHR-209732	CUJR-B012	F1 No	YZ Ort	JRHR-209732	CUJR-B012
23	93.0	ad	ll	126	114.5	bd	lm
235	94.3	ac	ll	132	113.0	bd	lm
237	94.3	ac	ll	160	111.8	bc	lm
98	94.8	ac	ll	203	111.3	bd	lm
75	96.3	ac	ll	6	111.3	bd	lm
186	96.3	ac	ll	58	111.0	bd	lm
175	96.8	ad	ll	176	110.5	ad	lm
202	96.8	ad	ll	195	110.3	bc	lm
149	97.0	ac	ll	87	110.0	bc	lm
20	97.3	ad	ll	59	110.0	bc	lm
212	97.3	ac	ll	81	109.8	bc	ll
67	97.5	ad	ll	56	109.8	bc	lm



Şekil 4.33. Sekiz adet erken uyanan ve geç uyanan hem genetik kaynak hemde açılım gösteren F1 popülasyonu PCR agaroz jel görüntüsü



Şekil 4.34. Elde edilen PCR ürününün PstI enzimi kullanılarak kesildikten sonraki agaroz gel görüntüsü.

4.5. Anotasyon

QTL analizleri ve analizler sonucu yapılan validasyonla tepe tomurcuğu patlama zamanı ile yapraklanma zamanı ile ilişkili ıslah programında kullanılabilir bir markör geliştirilememiştir. Bundan dolayı anotasyon çalışması yapılmamıştır.



5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Bu çalışmada, daha önce SSR, DArT ve SNP markörleri ile oluşturulan ‘Chandler × Kaplan-86’ F1 populasyonuna ait ebeveynlerin genetik haritaları ve çiçeklenme özellikleri ile ilişkili tepe tomurcuğu patlama zamanı (TTP), yapraklanma zamanı (YZ) fenolojilerine ek olarak erkek çiçek aktifleşme başlangıcı (ECAB), erkek çiçek aktifleşme sonu (ECAS), erkek çiçek aktifleşme zamanı (ECAZ), dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB), dişi çiçek aktifleşme sonu (DCAS), dişi çiçek aktifleşme zamanı (DCAZ), erkek çiçek miktarı (ECM), dişi çiçek miktarı (DCM), yan dal çiçeklenme yüzdesi (YDCY), dikogami durumu (DD), hasat zamanı (HZ) olmak üzere toplam 13 fenolojik karaktere ait dört yıllık (2015, 2016, 2017 ve 2018) fenotipik veriler kullanılarak QTL analizleri yapılmıştır.

‘Chandler × Kaplan-86’ F1 populasyonunda ve 160 ceviz çeşit genotipinde 13 özellik arasında, tepe tomurcuk patlama zamanı (TTP), yapraklanma zamanı (YZ) ve dişi çiçek aktifleşme başlangıcı (DCAB) özellikleri tüm yıllarda normal dağılıma iyi uyum göstermiştir. Diğer özellikler ise genel olarak sağa çarpık veya sola çarpık bir dağılım göstermiştir.

QTL analizleri sonucunda Chandler ve Kaplan-86 çeşidi bağlantı haritalarında sırasıyla 43 adet ve 33 adet QTL bölgeleri tespit edilmiştir. Dikogami özelliği ile ilişkili bir QTL bölgesi tespit edilememiştir. Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı için önemli QTL’ler Chandler ve Kaplan-86 çeşidi bağlantı haritalarında LG4’te yer alırken, tomurcuk patlama zamanı ile ilişkili ek QTL’ler Chandler haritasında LG1’de, Kaplan-86 haritasında LG1 ve LG4’ün farklı bir bölgesinde yer almıştır. Yapraklanma zamanı ile ilişkili ek QTL’ler Chandler haritasında LG1, LG7 ve LG10, Kaplan-86 haritasında LG1 ve LG7’de yer almıştır. Erkek çiçek aktifleşme başlangıcı için QTL’ler Chandler haritasında LG3 ve LG4, Kaplan-86 haritasında LG4 ve LG8’de yer almıştır. Erkek çiçek aktifleşme sonu ile ilişkili QTL’ler Chandler haritasında LG3 ve LG4, Kaplan-86 haritasında LG3, LG4,

LG7 ve LG8'de yer almıştır. Erkek çiçek aktifleşme zamanı için QTL'ler Chandler haritasında LG8'de belirlenmiştir. Dişi çiçek aktifleşme başlangıcı için QTL'ler Chandler haritasında LG1, LG4, LG8 ve LG15, Kaplan-86 haritasında LG1, LG4, LG5 ve LG8' de belirlenmiştir. Dişi çiçek aktifleşme sonu için QTL'ler Chandler haritasında LG1, LG4, LG8 ve LG15, Kaplan-86 haritasında LG1, LG4 ve LG8'de belirlenmiştir. Dişi çiçek aktifleşme zamanı için QTL'ler Chandler ve Kaplan-86 haritalarında LG4'de yer almıştır. Erkek çiçek miktarı için QTL Chandler haritasında LG8'de belirlenmiştir. Dişi çiçek miktarı için QTL Chandler haritasında LG8, Kaplan-86 haritasında LG8 ve LG9'da belirlenmiştir. Yan dal çiçeklenme yüzdesi için QTL Chandler ve Kaplan-86 haritalarında LG8'de belirlenmiştir. Hasat zamanı için QTL Chandler haritasında LG4, Kaplan-86 haritasında LG1 ve LG3'de belirlenmiştir.

Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı için saptanan QTL bölgelerine en yakın markörler belirlenmiştir. Tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı karakterleri için LG4 de ortak majör bir QTL belirlenmiştir. Belirlenmiş majör QTL'ler dışında kalan minör QTL bölgelerine yakın bulunan markörler F1 populasyonunda F1 bireylerini başarılı bir şekilde ayırmamıştır. Bundan dolayı bu markörlerin ceviz ıslah programlarında kullanılamayacağı belirlenmiştir. Majör QTL bölgesine yakın 2 adet SSR ve 1 adet DArT olmak üzere toplam 3 adet markör belirlenmiştir. Bu markörlerin 'Chandler × Kaplan-86' F1 populasyonunda F1 bireylerini ayırdığı belirlenmiştir. Ayrıca bu markörlerin 160 ceviz çeşit ve genotipinde validasyonu yapılmıştır. Validasyon sonuçlarına göre belirlenen SSR ve DArT markörlerinin genetik kaynaklarda bulunan ceviz çeşit ve genotiplerinde tepe tomurcuğu patlama zamanı ve yapraklanma zamanı karakterleri üzerine etkilerinin olmadığı belirlenmiştir. Böylelikle bu markörlerin ceviz çeşit ıslah programlarında başarılı bir şekilde kullanılamayacağı belirlenmiştir. Ancak bu çalışma da ki QTL sonuçları ve yakın zamanda yayımlanan genom dizileri kullanılarak tepe tomurcuk patlama zamanı ve yapraklanma zamanı ile ilgili ıslahta

kullanılabilir markör geliştirme çalışmalarına devam edilmelidir ve cevizin diğer fenoloji özellikleri için tespit edilen tüm QTL'ler ceviz çeşit ıslah programlarında markör destekli seçim için önemli fırsatlar sağlayabilir.





KAYNAKLAR

- Ayaz, A. 2008. Yađlı Tohumların Beslenmemizdeki Yeri. Sađlık Bakanlıđı Yayın, Klasmat Matbaacılık, Ankara, 32(727), ISBN: 978- 975-590-243-2.
- Aksu, M., Şahin, M. 2015. Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları. Meyve Bilimi Dergisi, 2(1): 49-59.
- Aradhya, M. K., Velasco, D., Wang, J. R., Ramasamy, R., You, F. M., Leslie, C., Dandekar, A., Luo, M. C., Dvorak, J. 2019. A fine-scale genetic linkage map reveals genomic regions associated with economic traits in walnut (*Juglans regia*). Plant Breeding, 138: 635-646.
- Bayazit, S., Tefek, H., Çalıřkan, O. 2016. Türkiye’de Ceviz (*Juglans regia* L.) Arařtırmaları. Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 11(1): 169-179.
- Beyhan, O., Ozcan, A., Ozcan, H., Kafkas, E., Kafkas, S., Sutyemez, M., Ercisli, S. 2017. Fat, Fatty Acids and Tocopherol Content of Several Walnut Genotypes. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 45(2): 437-441.
- Bernard, A., Marrano, A., Donkpegan, A., Brown, P. J., Leslie, C. A., Neale, D. B., Lheureux, F., Dirlewanger, E. 2020. Association and linkage mapping to unravel genetic architecture of phenological traits and lateral bearing in Persian walnut (*Juglans regia* L.). BMC Genomics, 21(203):1-25.
- Conesa, A., Götz, S., Garcia-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., Robles, M. 2005. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. Bioinformatics, 21(18): 3674-3676.
- Chen, C. M., Han, S. J., Yuan, S. S., Wang, C. J., Yu, J. H., 2013. Isolation and Characterization of 20 Polymorphic Microsatellite Markers for *Juglans mandshurica* (Juglandaceae). Applications in Plant Sciences, 1(7): 1-4.

- Ciarmiello, L. F., Piccirillo, P., Pontecorvo, G., De Luca, A., Kafantaris, I., Woodrow, P., 2011. A PCR Based SNPs Marker for Specific Characterization of English Walnut (*J. regia* L.) Cultivars. *Molecular Biology Reports*, 38(2): 1237–1249.
- Dang, M., Liu, Z. X., Chen, X., Zhang, T., Zhou, H. J., Hu, Y. H., Zhao, P., 2015. Identification, development, and application of 12 polymorphic EST-SSR markers for an endemic Chinese walnut (*Juglans cathayensis* L.) using next generation sequencing technology. *Biochemical Systematics and Ecology*, 60: 74-80.
- Dangl, G. S., Woeste, K., Mallikarjuna, K., Aradhya, A. K., Chuck, S., Potter, D., Leslie, C. A. Mcgranahan, G., 2005. Characterization of 14 Microsatellite Markers for Genetic Analysis and Cultivar Identification of Walnut. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 130(3): 348–354.
- Doyle, J. J., Doyle, J. L., 1987. A Rapid Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19: 11-15.
- Elshire, R. J., Glaubitz, J. C., Sun, Q., Poland, J. A., Kawamoto, K., Buckler, E. S., Mitchell, S. E., 2011. A Robust, Simple Genotyping by Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. *Plos One*, 6(5): 1-10.
- Eser, E., Topçu, H., Kefayati, S., Sutyemez M., Islam, M. R., Kafkas, S. 2019. Highly Polymorphic novel simple sequence repeat markers from class I repeats in walnuts (*Juglans regia* L.). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 43(2): 174-209.
- Faostat, 2021. Faostat statistical veribase. <http://www.fao.org/faostat/en/#compare>
Son erişim tarihi: 15.01.2021.
- Foroni, I., Rao, R., Woeste, K., Gallitelli, M., 2005. Characterisation of *Juglans Regia* L. with SSR Markers and Evaluation of Genetic Relationships Among Cultivars and the ‘Sorrento’ Landrace. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 80(1): 49-53.

- Foroni, I., Woeste, K., Monti, M., Rao, R., 2007. Identification of ‘Sorrento’ Walnut Using Simple Sequence Repeats (SSRs). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54:1081–1094.
- Feng, Y., Zhang, Z., Zhang, S., Luo, S. 2011. Development of Walnut EST-SSR Markers and Primer Design. *Agricultural Science&Technology*, 12(12): 1810-1813.
- Filiz, E., Koç, İ. 2011. Bitki Biyoteknolojisinde Moleküler Markörler. *GOÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 28(2): 207-214.
- Fjellstrom R. G., Parfitt D. E.1994a. RFLP inheritance and linkage in walnut. *Theoretical and Applied Genetics*,89(6): 665-670.
- Goulão, L., Oliveira, C. M. 2001. Molecular characterization of cultivars of apple (*Malus× domestica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. *Euphytica*, 122(1): 81-89.
- Gupta, P. K., Rustgi, S. 2004. Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants. *Functional&Integrative Genomics*, 4(3): 139-162.
- Hoban, S., Anderson, R., Mcclary, T., Schlarbaum, S. and Romero-Severson, J., 2008. Thirteen Nuclear Microsatellite Loci for Butternut (*Juglans cinerea* L.). *Molecular Ecology Resources*, 8: 643–646.
- Ikhsan, A. S., Topçu, H., Sütyemez, M., Kafkas, S., 2016. Novel 307 Polymorphic SSR Markers from BAC-End Sequences in Walnut (*J. regia* L.): Effects of Motif Types and Repeat Lengths on Polymorphism and Genetic Diversity. *Scientia Horticulturae*, 213: 1–4.
- İşçi, B. 2008. Asmada QTL (Kantitatif Karakter Lokus) Analizi. *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 18(2): 11-37.
- Kapluhan, E. 2015. Ziraat Coğrafyası Açısından Bir İnceleme: Kaman İlçesinde (Kırşehir) Ceviz Üretim Faaliyetleri. *Marmara Coğrafya Dergisi*, 32: 147-170.

- Kefayati, S. 2018. Cevizin SSR, SNP ve DArT Markörleri ile Yoğun Genetik Bağlantı Haritasının Oluşturulması. Doktora Tezi, Adana: 127.
- Kefayati, S., Ikhsan, A. S., Sutyemez, M., Paizila, A., Topçu, H., Bükücü, Ş. B., Kafkas, S. 2019. First simple sequence repeat-based genetic linkage map reveals a major QTL for leafing time in walnut (*J. regia* L.). *Tree Genetics&Genomes*, 15(1): 13.
- Khodaeiaminjan, M., Kafkas, S., Ziya Motalebipour, E., Coban, N., 2018. In Silico Polymorphic Novel SSR Marker Development and the First SSR-Based Genetic Linkage Map in Pistachio. *Tree Genetics and Genomes*, 14(4): 45.
- Khlestkina, E. K., Salina, E. A. 2006. SNP markers: Methods of analysis, ways of development, and comparison on an example of common wheat. *Russian Journal of Genetics*, 42(6): 585-594.
- Koçtürk, B. Ö., Gürhan, R. 2007. Değişik ceviz çeşitlerinin farklı nem değerlerindeki bazı mekanik özelliklerinin belirlenmesi. *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi TarımBilimleri Dergisi*, 13(1): 62-68.
- Koyuncu, F., Koyuncu, M., Yıldırım, F., Tosun, F. 2005. Isparta Yöresindeki Üç Farklı Ceviz Populasyonunun Fenolojik Özelliklerinin İslah Açısından İncelenmesi. *Bahçe Ceviz*, 34(1): 123-132.
- Liu, H., Bayer, M., Druka, A., Russell, J. R., Hackett, C. A., Poland, J., Ramsay, L., Hedley, P. E., Waugh, R., 2014. An Evaluation of Genotyping by Sequencing (GBS) to Map the *Breviaristatum-E* (ari-e) Locus in Cultivated Barley. *BMC Genomics*, 15(104): 1-11.
- Luo, M. C., You, F. M., Li, P., Wang, J. R., Zhu, T., Dandekar, A. M., Leslie, C. A., Aradhya, M., Mcguire, P. E., Dvorak, J., 2015. Synteny Analysis in Rosids with a Walnut Physical Map Reveals Slow Genome Evolution in Long-Lived Woody Perennials. *BMC Genomics*, 16(1): 707.

- Malvolti, M. E., Fornari, B., Maccaglia, E., Cannata, F., 2001. Genetic Linkage Mapping in an Intraspecific Cross of Walnut (*Juglans Regia* L.) Using Molecular Markers. *Acta Horticulturae*, 544: 179-185.
- Manning, W. E., 1978. The Classification within the Juglandaceae. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 65: 1058-1087.
- Marrano, A., Britton, M., Zaini, P. A., Zimin, A. V., Workman, R. E., Puiu, D., Bianco, L., Pierro, E. A., Allen, B., Chakraborty, S., Troggio, M., Leslie, C., Timp, W., Dendekar, A., Salzberg, S., Neale, D. B. 2020. High-quality chromosome-scale assembly of the walnut (*Juglans regia* L) reference genome. *GigaScience*, 9(5): 1-16.
- Marrano, A., Sideli, G. M., Leslie C. A., Cheng, H., Neale, D. B. 2019. Deciphering of the Genetic Control of Phenology, Yield and Pellicle Color in Persian Walnut (*Juglans regia* L.). *Frontiers in Plant Science*, 10: 1140.
- Martinez-Garcia, P. J, Crepeau, M. W, Puiu, D., Gonzalez-Ibeas, D., Whalen, J., Stevens, K. A., Paul, R., Butterfield, T. S., Britton, M. T., Reagan, R. L., Chakraborty, S., Walawage, S. L., Vasquez-Gross, H. A., Cardeno, C., Famula, R. A., Pratt, K., Kuruganti, S., Aradhya, M, K., Leslie, C. A., Dandekar, A. M., Salzberg, S, L., Wegrzyn, J. L., Langley, C. H., Neale, D. B., 2016. The Walnut (*Juglans Regia*) Genome Sequence Reveals Diversity in Genes Coding for the Biosynthesis of Nonstructural Polyphenols. *Plant Journal*, 87(5): 507–532.
- Najafi, F., Mardi, M., Fakheri, B., Pirseyedi, S. M., Mehdinejad, N., Farsi, M. 2014. Isolation and Characterization of Novel Microsatellite Markers in Walnut (*J. regia* L.). *American Journal of Plant Sciences*, 5: 409-415.
- Poland, J. A., Brown, P. J., Sorrells, M. E., Jannink, J. C., 2012. Development of High-Density Genetic Maps for Barley and Wheat Using a Novel Two-Enzyme Genotyping-by-Sequencing Approach. *Plos One*, 7(2): 1-8.

- Pollegioni, B. P., Woste, K., Major, A., Mugnozza, S. G., and Malvolti, M. E., 2008. Characterization of *J. nigra* (L.), *J. regia* (L.) and *Juglans* × *Intermedia* (Carr.) by SSR Markers: A Case Study in Italy. *Silvae Genetica*, 58(1): 68-78.
- Powell, W., Morgante, M., Adre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., Rafalski, A., 1996. The Comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (Microsatellites) Markers for Germplasm Analysis. *Molecular Breeding*, 2(3): 225-238.
- Qi, J., Zhu, Y., Hao, Y. B., Wu, C. L., 2011. Studies on germplasm of *Juglans* by EST-SSR markers. *Acta Horticulturae Sinica*, 38: 441-448.
- Rom, R., Carlos, R. F. 1987. *Rootstock for Fruits Crops*, University of California, Davis, California: 415-450.
- Ross-Davis, A., Woeste, K. E., 2008. Microsatellite Markers for *Juglans Cinerea* L. and Their Utility in Other Juglandaceae Species. *Conservation Genetics*, 9: 465-469.
- Robichaud, R. L., Glaubitz, J. C., Rhodes, J. R., Woeste, K., 2006. A Robust Set of Black Walnut Microsatellites for Parentage and Clonal Identification. *New Forests*, 32:179-196.
- Sambrook, J., Russell, D. W. 2006. Rapid amplification of 5' cDNA ends (5'-RACE), *Cold Spring Harbor Protocols*, 2006(1), pdb-prot3989.
- Sideli, G. M., Marrano, A., Montanari, S., Leslie, C. A., Allen, B. J., Cheng, H., Brown, P. J., Neale, D. B. 2020. Quantitative phenotyping of shell suture strength in walnut (*Juglans regia* L.) enhances precision for detection of QTL and genome-wide association mapping. *Plos One*, 15(4): 1-21.
- Somers, D. J., Kirkpatrick, R., Moniwa, M., Walsh, A., 2003. Mining single-nucleotide polymorphisms from hexaploid wheat ESTs. *Genome*, 46(3): 431-437.

- Sönmezoğlu, Ö. A., Yıldırım, A., Güleç, T., 2010. Tek Nükleotit Farklılıkları (SNP) ve Buğdayda Kullanımı. Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi, 3(2): 55-66.
- Spindel, J., Wright, M., Chen, C., Cobb, J., Gage, J., Harrington, S., Lorieux, M., Ahmadı, N., Mccouch, S., 2013. Bridging the genotyping gap, using genotyping by sequencing (GBS) to add high density SNP markers and new value to traditional bi-parental mapping and breeding populations. Theoretical and Applied Genetics, 126(11): 2699-2716.
- Staub, J. E., Serquen, F. C., Gubta, M., 1996. Genetic Markers, Map Construction, and Their Application in Plant Breeding. Hortscience, 31(5): 729-741.
- Sütyemez, M., Özcan, A., Bükücü, Ş. B. 2018. Walnut Cultivars Through Cross-Breeding: 'DİRİLİŞ' and '15 TEMMUZ'. Journal of the American Pomological Society, 72(3): 173-180.
- Şen, S. M., 2011. Ceviz Yetiştiriciliği Besin Değeri Folklorü, 4. Baskı, ÜÇM Yayıncılık, İstanbul, 220s.
- Şimşek, M. 2016. Türkiye de ceviz (*J. regia* L.) üretimi ve yapılan seleksiyon çalışmaları konusunda bir araştırma. Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 5(1): 19-25.
- Şimşek, M., Gülsoy, E. 2016. Ceviz ve İçerdiği Yağ Asitlerinin İnsan Sağlığı Açısından Önemi Üzerine Yapılan Bazı Çalışmalar. Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 6(4): 9-15.
- Topçu, H., Çoban, N., Woeste, K. E., Kafkas, S., 2015. Developing new microsatellite markers in walnut (*Juglans regia* L.) from *Juglans nigra* genomic GA enriched library. Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics, 1(2): 93-99.
- Topçu, O., Yılmaz, L., Oğuztüzün, H., Durak, U. 2016. Distrubed Simulation, In A Model Driven Engineering Approach. Springer.
- Uitdewilligen, G. A. M. L., Wolters, A. M. A., D'hoop, B. B., Borm, T. J. A., Visser, R. G. F., Van Eck, H. J., 2013. A Next-Generation Sequencing Method for

- Genotyping by Sequencing of Highly Heterozygous Autotetraploid Potato. Plos One, 8(5): 1-14.
- Ünal, H., 2005. Ceviz yetiştiriciliğinde hasat ve hasat sonrası mekanizasyon uygulamaları. Bahçe, 34(1):193-203.
- Victory, E. R., Glaubitz, J. C., Rhodes, J. R. O. E., and Woeste, K. E., 2006. Genetic Homogeneity in *J. nigra* (Juglandaceae) at Nuclear Microsatellites. American Journal of Botany, 93(1): 118–126.
- Wang, H., Pei, D., Gu, R. S., Wang, B. Q., 2008. Genetic Diversity and Structure of Walnut Populations in Central and Southwestern China Revealed by Microsatellite Markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, 133(2): 197-203.
- Ward, J. A., Bhangoo, J., Fernández-Fernández, F., Moore, P., Swanson, J. D., Viola, R., Velasco, R., Bassil, N., Weber, C. A., Sargent, D. J. 2013. Saturated linkage map construction in *Rubus idaeus* using genotyping by sequencing and genome-independent imputation. BMC Genomics, 14: 2.
- Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, R. J., Rafalski, J. A., Tingey, S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research, 18(22): 6531-6535.
- Woeste, K., Burns, R., Rhodes, O., Michler, C., 2002. Thirty Polymorphic Nuclear Microsatellite Loci from Black Walnut. The Journal of Heredity, 93(1): 58–60.
- Wu, J., Gu, Y. Q., Hu, Y., Youi F. M., Dandekar, A. M., Leslie, C. A., Aradhya, M., Dvorak, J., Luo, M. C., 2012. Characterizing the walnut genome through analyses of BAC end sequences. Plant Molecular Biology, 78:1-2.
- Yi, F., Zhijun, Z., Shelong, Z., 2011. Development of walnut EST-SSR markers and primer design. Agricultural Science Technology, 12: 1810-1813.
- You, F. M., Deal, K. R., Wang, J., Britton, M. T., Fass, J. N., Lin, D., Dandekar, A. M., Leslie, C. A., Aradhya, M., Luo, M. C., Dvorak, J., 2012. Genome-wide

- SNP discovery in walnut with an AGSNP pipeline updated for SNP discovery in allogamous organisms. *BMC Genomics*, 13(354): 1-16.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Tanur, M., 2015. Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2): 1-12.
- Zhang, R., Zhu, A., Wang, X., Yu, J., Zhang, H., Gao, J., Cheng, Y., Deng, X., 2010. Development of *Juglans regia* SSR markers by veri mining of the EST veribase. *Plant Molecular Biology Reporter*, 28(4): 646-653.
- Zhang, Z. Y., Han, J. W., Jin, Q., Wang, Y., Pang, X. M., Li, Y. Y., 2013. Development and Characterization of New Microsatellites for Walnut (*Juglans regia*). *Genetics and Molecular Research*, 12 (4): 4723-4734.
- Zhu, Y., Yin, Y., Yang, K., Li, J., Sang, Y., Huang, L., Fan, S., 2015. Construction of a High-Density Genetic Map Using Specific Length Amplified Fragment Markers and Identification of a Quantitative Trait Locus for Anthracnose Resistance in Walnut (*J. regia* L.). *BMC Genomics*, 16(1): 614.
- Zhu, Y. L., Song, Q. J., Hyten, D. L., Tassell, C. P. V., Matukumalli, L. K., Grimm, D. R., Hyatt, S. M., Fickus, E. W., Young, N. D., Cregan, N. D. 2003. Single-Nucleotide Polymorphisms in Soybean. *The Genetics Society of America*, 163: 1123-1134.
- Zhu, T., Wang, L., You, F. M., Rodriguez, J. C., Deal, K. R., Chen, L., Li, J., Chakraborty, S., Balan, B., Jiang, C. Z., Brown, P. J., Leslie, C. A., Aradhya, M. K., Dandekar, A. M., McGuire, P. E., Kluepfel, D., Dvorak, J., Luo, M. C. 2019. Sequencing a *Juglans regia* × *J. microcarpa* hybrid yields high-quality genome assemblies of parental species. *Horticulture Research*, 6:55.



ÖZGEÇMİŞ

Defne KARAARSLAN, 1994 yılında Adana'nın Seyhan ilçesinde doğdu. İlk, orta ve lise öğrenimini Adana da tamamladı. 2017 yılında, Fırat Üniversitesi Mühendislik Fakültesi Biyomühendislik Bölümü'nden lisans derecesi aldı. 2018 yılında Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoteknoloji Anabilim Dalında yüksek lisansa başladı.

