

T.C.
BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI



MARKÖR DESTEKLİ GERİ MELEZLEME YÖNTEMİ İLE
FASULYE ADI MOZAİK VİRÜSÜ (BCMV) VE ANTRAKNOZ
(*Colletotrichum lindemuthianum*) HASTALIKLARINA
DAYANIKLI FASULYE (*Phaseolus vulgaris* L.) HATLARININ
GELİŞTİRİLMESİ

TARLA BİTKİLERİ DOKTORA TEZİ

ORKUN EMİRALİOĞLU

TEZ DANIŞMANI
Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ

BOLU, ARALIK 2024

KABUL VE ONAY SAYFASI

Orkun EMİRALİOĞLU tarafından hazırlanan “**MARKÖR DESTEKLİ GERİ MELEZLEME YÖNTEMİ İLE FASULYE ADI MOZAİK VİRÜSÜ (BCMV) VE ANTRAKNOZ (*Colletotrichum lindemuthianum*) HASTALIKLARINA DAYANIKLI FASULYE (*Phaseolus vulgaris* L.) HATLARININ GELİŞTİRİLMESİ**” adlı tez çalışması jürimiz tarafından Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı Tarla Bitkileri Doktora Programında Doktora Tezi olarak oy birliğiyle kabul edilmiştir.
27/12/2024

Jüri Üyeleri

İmza

Danışman
Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

.....

Üye
Prof. Dr. Faik KANTAR
Akdeniz Üniversitesi

.....

Üye
Prof. Dr. Ercan CEYHAN
Selçuk Üniversitesi

.....

Üye
Doç. Dr. Sabahaddin ÜNAL
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

.....

Üye
Doç. Dr. Mehmet Zahit YEKEN
Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

.....

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Onayı

Prof. Dr. İbrahim KÜRTÜL

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Müdürü

ETİK BEYAN

Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Tez Yazım Kılavuzu ve Şablonuna uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

- Tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
 - Tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
 - Tez çalışmada yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi,
 - Kullanılan verilerde herhangi bir değişiklik yapmadığımı,
 - Bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu bildirir
- aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi beyan ederim.

Teze ilişkin Turnitin adlı programında enstitü müdürlüğünce belirlenen filtrelemeler uygulanarak alınmış olan benzerlik raporuna göre, tezin benzerlik oranı %30'u geçmemektedir.

ORKUN EMİRALİOĞLU

ÖZET

MARKÖR DESTEKLİ GERİ MELEZLEME YÖNTEMİ İLE FASULYE ADI MOZAİK VİRÜSÜ (BCMV) VE ANTRAKNOZ (*Colletotrichum lindemuthianum*) HASTALIKLARINA DAYANIKLI FASULYE (*Phaseolus vulgaris* L.) HATLARININ GELİŞTİRİLMESİ

DOKTORA TEZİ

ORKUN EMİRALİOĞLU

BOLU ABANT İZZET BAYSAL ÜNİVERSİTESİ

LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

TARLA BİTKİLERİ DOKTORA PROGRAMI

(TEZ DANIŞMANI: PROF. DR. VAHDETTİN ÇİFTÇİ)

BOLU, ARALIK - 2024

XIV + 113 sayfa

Bu çalışmada, markör destekli geri melezleme (MDGM) yöntemi ile antraknoz ve BCMV'ye toleranslı hatların geliştirilmesi amaçlanmıştır. Materyal olarak iki ümitvar hat, iki ticari çeşit ve dayanıklılık genlerine sahip bir adet genotip kullanılmıştır. MDGM çalışmalarında direnç genlerinin tespiti için CAPS, RAPD ve SCAR markörleri kullanılmıştır. Fasulye hatlarının/çeşitlerinin BMN RMR-13 ile geri melezlenmesi sonucunda $bc-3+Co-1+I$, $bc-3+Co-4^2+I$, $bc-3+Co-6+I$ direnç genleri kombinasyonlarına sahip 92 F₂, 52 BC₁, 51 BC₂, 44 BC₃ ve 72 BC₃F₁ hatları elde edilmiştir. Hatlar 2024 yılı yetiştirme sezonunda tesadüf blokları deneme desenine göre 3 tekerrürlü olarak tarla denemesine alınmıştır. Denemede genotiplerin çıkış gün sayısı 13,83-18,00 gün, çiçeklenme gün sayısı 42,00-71,66 gün, bakla bağlama gün sayısı 52-83 gün, olgunlaşma süresi 81,0-112,2 gün, hipokotil kalınlığı 2,94-4,28 cm, hipokotil uzunluğu 3,30-9,78 cm, bitki boyu 44,26-129,00 cm, bitkide dal sayısı 3,26-4,73 adet/bitki, ilk bakla yüksekliği 9,73-27,2 cm, bitkide bakla sayısı 9,73-47,13 adet, bitki başına tane verimi 12,66-60,06 g/bitki, bin tane ağırlığı 359,8-616,6 g, biyolojik verim 71,66-151,53 g/bitki, hasat indeksi %13,07-40,71, baklada tane sayısı 2,02-3,49 adet, tohum boyu 12,62-17,83 mm, tohum eni 5,56-6,56 mm ve tohum çapı 6,73-8,14 mm olarak belirlenmiştir. Çalışma sonucunda elde edilen hatların patojenite testlerine tabi tutulması ve ilerleyen süreçte bölge verim denemelerine aktarılmasına karar verilmiştir.

ANAHTAR KELİMELER: Biyotik stres, Fasulye, Geri melezleme, Markör destekli seleksiyon

ABSTRACT

DEVELOPMENT OF COMMON BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) LINES RESISTANT TO BEAN COMMON MOSAIC VIRUS (BCMV) AND ANTHRACNOSE (*Colletotrichum lindemuthianum*) DISEASES VIA MARKER ASSISTED BACKCROSSING METHOD

PHD THESIS

ORKUN EMİRALİOĞLU

BOLU ABANT İZZET BAYSAL UNIVERSITY

INSTITUTE OF GRADUATE STUDIES

DEPARTMENT OF FIELD CROPS

(SUPERVISOR: PROF. DR. VAHDETTİN ÇİFTÇİ)

BOLU, DECEMBER 2024

XIV + 113 pages

In this study, the development of lines tolerant to anthracnose and BCMV was aimed using the marker-assisted backcrossing (MASBC) method. As materials, two promising lines, two commercial cultivars, and one genotype carrying resistance genes were used. CAPS, RAPD, and SCAR markers were utilized in MASBC studies to detect resistance genes. As a result of backcrossing bean lines/cultivars with BMN RMR-13, 92 F₂, 52 BC₁, 51 BC₂, 44 BC₃, and 72 BC₃F₁ lines carrying the resistance gene combinations *bc-3+Co-1+I*, *bc-3+Co-4²+I*, and *bc-3+Co-6+I* were obtained. The obtained lines were included in the field trial in the 2024 growing season and the experiment was carried out with 3 replicates according to the coincidence blocks experimental design.. In the trial, the genotypes exhibited the following ranges: emergence time 13.83–18.00 days, flowering time 42.00–71.66 days, pod-setting time 52–83 days, maturation period 81.0–112.2 days, hypocotyl thickness 2.94–4.28 cm, hypocotyl length 3.30–9.78 cm, plant height 44.26–129.00 cm, number of branches per plant 3.26–4.73, first pod height 9.73–27.2 cm, number of pods per plant 9.73–47.13, seed yield per plant 12.66–60.06 g/plant, thousand seed weight 359.8–616.6 g, biological yield 71.66–151.53 g/plant, harvest index 13.07%–40.71%, number of seeds per pod 2.02–3.49, seed length 12.62–17.83 mm, seed width 5.56–6.56 mm and seed diameter 6.73–8.14 mm. As a result of the study, the obtained lines were decided to undergo pathogenicity tests and be transferred to regional yield trials.

KEYWORDS: Biotic stress, Common Bean, Backcrossing, Marker assisted selection

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET.....	iv
ABSTRACT	v
İÇİNDEKİLER	vi
ŞEKİL LİSTESİ.....	viii
TABLO LİSTESİ	x
FOTOĞRAF LİSTESİ	xii
KISALTMA VE SEMBOLLER LİSTESİ	xiii
TEŞEKKÜR	xiv
1. GİRİŞ.....	1
1.1 Fasulye (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) Hakkında Genel Bilgiler.....	4
1.1.1 Irkları ve Kökenleri	4
1.1.2 Ekolojisi, Dağılımı ve Üretimi	6
1.1.3 Besin Değerleri.....	7
1.2 Fasulye Antraknozu ve Fasulye Adi Mozaik Virüsüne Ait Bilgiler.....	8
1.2.1 Fasulye Antraknozu Hastalığı Hakkında Genel Bilgiler	10
1.2.2 Genetik Belirteçler (Markör) Hakkında Bilgiler	14
1.2.3 Fasulye Antraknozu ve BCMV Direnç Genleri Çalışmalarında Markör Kullanımı	16
1.2.4 Markör Destekli Geri Melezleme Yöntemi	22
2. MATERYAL ve YÖNTEM.....	24
2.1 Materyal	24
2.2 Yöntem	25
2.2.1 Ebeveynlerin Melezlenme İşlemleri.....	25
2.2.2 DNA Ekstraksiyonu, PCR Amplifikasyon Koşulları, Elektroforez Aşaması ve Moleküler Markörler	28
2.2.3 Araştırma Yeri ve Yılı	30
2.2.4 Uygulama Alanının İklim ve Toprak Özellikleri	30
2.2.5 Deneme Deseni.....	31
2.2.6 Ekim ve Bakım İşlemleri.....	32
2.2.7 Agronomik Özellikler.....	32
3.2.5.1 Çıkış (Gün).....	32
3.2.5.2 Çiçeklenme Gün Süresi (gün)	32
3.2.5.3 Bakla Bağlama Süresi (gün).....	32
3.2.5.4 Olgunlaşma Süresi (gün)	32
3.2.5.5 Hipokotil Kalınlığı (mm).....	33

3.2.5.6	Hipokotil Uzunluğu (cm)	33
3.2.5.7	Bitki Boyu (cm).....	33
3.2.5.8	Bitkide Dal Sayısı (adet/bitki).....	33
3.2.5.9	İlk Bakla Yüksekliği (cm)	33
3.2.5.10	Bitkide Bakla Sayısı (adet/bitki)	33
3.2.5.11	Baklada Tane Sayısı (adet/bakla)	33
3.2.5.12	Bitki Başına Tane Verimi (g/bitki).....	33
3.2.5.13	Bin Tane Ağırlığı (g).....	34
3.2.5.14	Biyolojik verim (g/bitki)	34
3.2.5.15	Hasat İndeksi (%)	34
3.2.5.16	Tohum Boyu (mm).....	34
3.2.5.17	Tohum Eni (mm).....	34
3.2.5.18	Tohum Çapı (mm).....	34
2.2.8	Verilerin Değerlendirilmesi.....	34
3.	BULGULAR	36
3.1	Direnç geni lokuslarına sahip melezlerin moleküler çalışmalar ile belirlenmesi	36
3.2	Melez Bitkilerin Fenotipik ve Agronomik Özellikler	58
3.2.1	Çıkış (Gün)	58
3.2.2	Çiçeklenme Süresi (Gün).....	59
3.2.3	Bakla Bağlama Süresi (Gün).....	60
3.2.4	Olgunlaşma Süresi (Gün)	61
3.2.5	Hipokotil Kalınlığı (mm).....	63
3.2.6	Hipokotil Uzunluğu (cm)	64
3.2.7	Bitki Boyu (cm).....	65
3.2.8	Bitkide Dal Sayısı.....	66
3.2.9	İlk Bakla Yüksekliği.....	68
3.2.10	Bitkide Bakla Sayısı.....	69
3.2.11	Baklada Tane Sayısı.....	70
3.2.12	Bitki Başına Tane Verimi	72
3.2.13	Bin Tane Ağırlığı	73
3.2.14	Biyolojik Verim	74
3.2.15	Hasat İndeksi.....	76
3.2.16	Tohum Boyu	77
3.2.17	Tohum Eni.....	78
3.2.18	Tohum Çapı.....	80
4.	TARTIŞMA	82
5.	SONUÇ ve ÖNERİLER.....	95
KAYNAKLAR		96

ŞEKİL LİSTESİ

Sayfa

Şekil 2.1. Antraknoz ve BCMV'ye karşı dirençli fasulye hatlarını geliştirmek için kullanılan ıslah yönteminin diyagramı	27
Şekil 3.1. F ₂ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün <i>I</i> geni sonuçları 311(201/110) bp	36
Şekil 3.2. F ₂ popülasyonunda ENM markörünün <i>bc-3</i> geni sonuçları 541(381/160) bp	37
Şekil 3.3. F ₂ popülasyonunda OPF10 markörünün <i>Co-1</i> geni sonuçları 530.37	
Şekil 3.4. F ₂ popülasyonunda SZ04 markörünün <i>Co-6</i> geni sonuçları 567 bp	37
Şekil 3.5. F ₂ popülasyonunda SBB14 markörünün <i>Co-4²</i> geni sonuçları 1150 bp	38
Şekil 3.6. BC ₁ F ₁ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün <i>I</i> geni sonuçları 311(201/110) bp	40
Şekil 3.7. BC ₁ F ₁ popülasyonunda ENM markörünün <i>bc-3</i> geni sonuçları 541(381/160) bp	41
Şekil 3.8. BC ₁ F ₁ popülasyonunda OPF10 markörünün <i>Co-1</i> geni sonuçları 530 bp	41
Şekil 3.9. BC ₁ F ₁ popülasyonunda SBB14 markörünün <i>Co-4²</i> geni sonuçları 1150 bp	42
Şekil 3.10. BC ₁ F ₁ popülasyonunda SZ04 markörünün <i>Co-6</i> geni sonuçları 567 bp	42
Şekil 3.11. BC ₂ F ₁ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün <i>I</i> geni sonuçları 311(201/110) bp	44
Şekil 3.12. BC ₂ F ₁ popülasyonunda ENM markörünün <i>bc-3</i> geni sonuçları 541(381/160) bp	44
Şekil 3.13. BC ₂ F ₁ popülasyonunda OPF10 markörünün <i>Co-1</i> geni sonuçları 530 bp	45
Şekil 3.14. BC ₂ F ₁ popülasyonunda SBB14 markörünün <i>Co-4²</i> geni sonuçları 1150 bp	45
Şekil 3.15. BC ₂ F ₁ popülasyonunda SZ04 markörünün <i>Co-6</i> geni sonuçları 567 bp	46
Şekil 3.16. BC ₃ F ₁ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün <i>I</i> geni sonuçları 311(201/110) bp	48
Şekil 3.17. BC ₃ F ₁ popülasyonunda ENM markörünün <i>bc-3</i> geni sonuçları 541(381/160) bp	48
Şekil 3.18. BC ₃ F ₁ popülasyonunda SZ04 markörünün <i>Co-6</i> geni sonuçları 567 bp	49
Şekil 3.19. BC ₃ F ₁ popülasyonunda SBB14 markörünün <i>Co-4²</i> geni sonuçları 1150 bp	49
Şekil 3.20. BC ₃ F ₁ popülasyonunda OPF10 markörünün <i>Co-1</i> geni sonuçları 530 bp	50
Şekil 3.21. BC ₃ F ₂ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün <i>I</i> geni sonuçları 311(201/110) bp	52
Şekil 3.22. BC ₃ F ₂ popülasyonunda ENM markörünün <i>bc-3</i> geni sonuçları 541(381/160) bp	52

Şekil 3.23. BC ₃ F ₂ popülasyonunda SZ04 markörünün <i>Co-6</i> geni sonuçları 567 bp	53
Şekil 3.24. BC ₃ F ₂ popülasyonunda SBB14 markörünün <i>Co-4</i> ² geni sonuçları 1150 bp	53
Şekil 3.25. BC ₃ F ₂ popülasyonunda OPF10 markörünün <i>Co-1</i> geni sonuçları 530 bp	54
Şekil 3.26. Fasulye genotiplerinin ortalama çıkış süresi (gün) değişimi	59
Şekil 3.27. Fasulye genotiplerinin ortalama çiçeklenme süresi (gün) değişimi	60
Şekil 3.28. Fasulye genotiplerinin ortalama bakla bağlama süresi (gün) değişimi	61
Şekil 3.29. Fasulye genotiplerinin ortalama olgunlaşma süresi (gün) değişimi	62
Şekil 3.30. Fasulye genotiplerinin ortalama hipokotil kalınlığı değişimi	64
Şekil 3.31. Fasulye genotiplerinin ortalama hipokotil uzunluğu değişimi	65
Şekil 3.32. Fasulye genotiplerinin ortalama bitki boyu değişimi	66
Şekil 3.33. Fasulye genotiplerinin ortalama bitkide dal sayısı değişimi	68
Şekil 3.34. Fasulye genotiplerinin ortalama ilk bakla yüksekliği değişimi	69
Şekil 3.35. Fasulye genotiplerinin ortalama bitkide bakla sayısı değişimi	70
Şekil 3.36. Fasulye genotiplerinin ortalama baklada tane sayısı değişimi	72
Şekil 3.37. Fasulye genotiplerinin ortalama bitki başına tane verimi değişimi	73
Şekil 3.38. Fasulye genotiplerinin ortalama bin tane ağırlığı değişimi	74
Şekil 3.39. Fasulye genotiplerinin ortalama biyolojik verim değişimi	76
Şekil 3.40. Fasulye genotiplerinin ortalama hasat indeksi değişimi	77
Şekil 3.41. Fasulye genotiplerinin ortalama tohum boyu değişimi	78
Şekil 3.42. Fasulye genotiplerinin ortalama tohum eni değişimi	80
Şekil 3.43. Fasulye genotiplerinin ortalama tohum çapı değişimi	81

TABLO LİSTESİ

Sayfa

Tablo 2.1. Çalışmada kullanılan fasulye genotipleri	25
Tablo 2.2. Çalışmada kullanılan moleküler markörler	29
Tablo 2.3. Bolu iline ait 2024 yılı ortalama yağış ve sıcaklık değerleri.....	31
Tablo 2.4. Toprak analiz sonuçları	31
Tablo 3.1. F ₂ popülasyonlarının <i>bc-3</i> , <i>Co-1</i> , <i>Co-4²</i> , <i>Co-6</i> ve <i>I</i> genleri için ki kare analizi	38
Tablo 3.2. F ₂ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması.....	39
Tablo 3.3. BC ₁ F ₁ popülasyonlarının <i>bc-3</i> , <i>Co-1</i> , <i>Co-4²</i> , <i>Co-6</i> ve <i>I</i> genleri için ki-kare analizi	43
Tablo 3.4. BC ₁ F ₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması	43
Tablo 3.5. BC ₂ F ₁ popülasyonlarının <i>bc-3</i> , <i>Co-1</i> , <i>Co-4²</i> , <i>Co-6</i> ve <i>I</i> genleri için ki kare analizi	46
Tablo 3.6. BC ₂ F ₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması	47
Tablo 3.7. BC ₃ F ₁ popülasyonlarının <i>bc-3</i> , <i>Co-1</i> , <i>Co-4²</i> , <i>Co-6</i> ve <i>I</i> genleri için ki-kare analizi	50
Tablo 3.8. BC ₃ F ₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması	51
Tablo 3.9. BC ₃ F ₂ popülasyonlarının <i>bc-3</i> , <i>Co-1</i> , <i>Co-4²</i> , <i>Co-6</i> ve <i>I</i> genleri için ki kare analizi	54
Tablo 3.10. BC ₃ F ₂ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması	55
Tablo 3.11. Fasulye genotiplerinin çıkış gün sayısına ait varyans analiz tablosu.....	58
Tablo 3.12. Fasulye genotiplerinin çıkış gün sayısına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları.....	58
Tablo 3.13. Fasulye genotiplerinin çiçeklenme süresine ait varyans analiz tablosu	59
Tablo 3.14. Fasulye genotiplerinin çiçeklenme gün sayısına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları	59
Tablo 3.15. Fasulye genotiplerinin bakla bağlama süresine ait varyans analiz tablosu	60
Tablo 3.16. Fasulye genotiplerinin bakla bağlama süresine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları.....	61
Tablo 3.17. Fasulye genotiplerinin olgunlaşma süresine ait varyans analiz tablosu	62
Tablo 3.18. Fasulye genotiplerinin olgunlaşma süresine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları.....	62
Tablo 3.19. Fasulye genotiplerinin hipokotil kalınlığına ait varyans analiz tablosu	63
Tablo 3.20. Fasulye genotiplerinin hipokotil kalınlığına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları.....	63
Tablo 3.21. Fasulye genotiplerinin hipokotil uzunluğuna ait varyans analiz tablosu	64
Tablo 3.22. Fasulye genotiplerinin hipokotil uzunluğuna ait ortalama değerler ve TUKEY grupları.....	64
Tablo 3.23. Fasulye genotiplerinin bitki boyu ait varyans analiz tablosu	65

Tablo 3.24. Fasulye genotiplerinin bitki boyuna ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları	66
Tablo 3.25. Fasulye genotiplerinin bitkide dal sayısına ait varyans analiz tablosu	67
Tablo 3.26. Fasulye genotiplerinin bitkide dal sayısına ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları.....	67
Tablo 3.27. Fasulye genotiplerinin bitkide ilk bakla ykseklięine ait varyans analiz tablosu	68
Tablo 3.28. Fasulye genotiplerinin ilk bakla yksekliklerine ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları	68
Tablo 3.29. Fasulye genotiplerinin bitkide bakla sayısına ait varyans analiz tablosu	69
Tablo 3.30. Fasulye genotiplerinin bitkide bakla sayısına ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları.....	70
Tablo 3.31. Fasulye genotiplerinin baklada tane sayısına ait varyans analiz tablosu	71
Tablo 3.32. Fasulye genotiplerinin baklada tane sayısına ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları.....	71
Tablo 3.33. Fasulye genotiplerinin bitki bařına tane verimine ait varyans analiz tablosu	72
Tablo 3.34. Fasulye genotiplerinin bitki bařına tane verimine ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları	72
Tablo 3.35. Fasulye genotiplerinin bin tane aęırlıęına ait varyans analiz tablosu	73
Tablo 3.36. Fasulye genotiplerinin bin tane aęırlıęına ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları.....	74
Tablo 3.37. Fasulye genotiplerinin biyolojik verime ait varyans analiz tablosu	75
Tablo 3.38. Fasulye genotiplerinin biyolojik verime ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları.....	75
Tablo 3.39. Fasulye genotiplerinin hasat indeksine ait varyans analiz tablosu	76
Tablo 3.40. Fasulye genotiplerinin hasat indeksine ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları.....	76
Tablo 3.41. Fasulye genotiplerinin tohum boyuna ait varyans analiz tablosu .	77
Tablo 3.42. Fasulye genotiplerinin tohum boyuna ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları	78
Tablo 3.43. Fasulye genotiplerinin tohum enine ait varyans analiz tablosu	79
Tablo 3.44. Fasulye genotiplerinin tohum enine ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları	79
Tablo 3.45. Fasulye genotiplerinin tohum apına ait varyans analiz tablosu...	80
Tablo 3.46. Fasulye genotiplerinin tohum apına ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları	80

FOTOĞRAF LİSTESİ

Sayfa

Fotoğraf 2.1. Çalışmada geri melezleme aşamalarında tekrarlanan ebeveyn olarak kullanılan tohumların fotoğrafları	24
Fotoğraf 2.2. Fasulyede geri melezleme çalışmalarına ait görseller.....	26
Fotoğraf 2.3. DNA izolasyonu için hatların yetiştirilmesi.....	28
Fotoğraf 2.4. Moleküler çalışmalara ait görseller	29
Fotoğraf 2.5. Deneme alanından görünüm.....	30



KISALTMA VE SEMBOLLER LİSTESİ

BC	: Backcross (Geri melezleme)
BC ₁F₁	: Birinci Geri Melezleme Neslinden Birinci Melez Birey
BC ₂F₁	: İkinci Geri Melezleme Neslinden Birinci Melez Birey
BC ₃F₁	: Üçüncü Geri Melezleme Neslinden Birinci Melez Birey
BC ₃F₂	: Üçüncü Geri Melezleme Neslinden İkinci Melez Birey
BCMV	: Bean Common Mosaic Virus (Fasulye Adi Mozaik Virüsü)
cm	: Santimetre
F₁	: İlk Melez Nesil
F₂	: İkinci Melez Nesil
g	: Gram
TÜBİTAK	: Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu
USDA	: Amerika Birleşik Devletleri Tarım Bakanlığı

TEŞEKKÜR

Tez çalışmam süresince desteklerini esirgemeyen, bilgi ve deneyimlerinden faydalandığım değerli hocam ve tez danışmanım Prof. Dr. Vahdettin ÇİFTÇİ'ye,

Tez İzleme Komitemde yer alarak süreç boyunca değerli görüşleriyle çalışmama katkı sağlayan Prof. Dr. Faik KANTAR ve Doç. Dr. Sabahaddin ÜNAL'a; ayrıca değerli jüri üyem Prof. Dr. Ercan CEYHAN'a ve hem jüri üyeliği hem de arazi ve laboratuvar çalışmalarında verdiği desteklerden dolayı Doç. Dr. Mehmet Zahit YEKEN'e içten teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmam kapsamında moleküler çalışmalarla ilgili sağladığı bilgi ve yol gösterici katkılarından dolayı Prof. Dr. Göksel ÖZER'e ve çalışmalarım süresince verdiği desteklerden dolayı Doç. Dr. Ali ÇELİK'e,

Yaşamım boyunca desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen, bugünlere gelmemde büyük emekleri olan anneme ve babama, ayrıca lisansüstü eğitim sürecimin her aşamasında yanımda olan ablam Dr. Hande BAŞKALYONCU'ya sevgi ve saygılarımla teşekkür ederim.

Bu tez çalışması Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Rektörlüğü Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından 2022.10.07.1565 No'lu Proje ile desteklenmiştir. Desteklerinden dolayı Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi BAP Koordinasyon Birimi'ne teşekkür ederim.

1. GİRİŞ

Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), dünyada en yaygın ekim alanına sahip yemeklik baklagil bitkisidir (Mamidi vd., 2013). Mineral maddeler, vitaminler ve protein bakımından oldukça zengin olan (%18-31.6) fasulye, insan beslenmesinde önemli bir yere sahiptir (Vaz Patto vd., 2015; Bitocchi vd., 2017). *Phaseolus vulgaris* L., *Leguminosae* familyasına ait olan *Phaseoleae* sınıfının bir üyesidir ve *Papilionoideae* alt familyasında yer alır. Baklagiller familyası oldukça geniş bir bitki çeşitliliğine sahip olup 40 takım, 650 cins ve 18.000 tür içermektedir (Gepts vd., 2005; Moreira vd., 2005; Akbulut, 2011; Sağlam, 2014). *Phaseolus* cinsi yaklaşık 230 tür içermekte olup bunların yaklaşık 20'si ekonomik açıdan önemlidir (Günay, 1992; Balkaya, 1999; Kulaz ve Çiftçi, 2012). En önemli beş *Phaseolus* türü; *P. lanatus* var. *lanatus*, *P. acutifolius*, *P. coccineus* ve *P. vulgaris* olup bu türler insan tüketimi için yetiştirilmektedir (Smartt, 1979; Bliss, 1980; Kul, 2019).

Dünya genelinde yetiştirilen *Phaseolus* türlerinin %85'inden fazlasını kapsayan ve en çok yetiştirilen tür olan *P. vulgaris*, yüksek adaptasyon yeteneğine sahip olması nedeniyle geniş bir yelpazede yüksek verimlerle yetiştirilmektedir (Singh, 1999; Broughton vd., 2003). *P. vulgaris* türünün taze ve kuru fasulye çeşitleri bu türün iki büyük ticari sınıfını oluşturmaktadır (Singh, 1999; Broughton vd., 2003).

Fasulye kültür formları, Antarktika dışındaki tüm kıtalarda yetişmektedir. Yabani fasulyeler, geniş bir yelpazede kuzey Meksika'dan (yaklaşık 30° K) Arjantin'in kuzeybatısına (yaklaşık 35° G) kadar uzanırken, 500 ile 2000 metre arasındaki yüksekliklerde ve 500 ile 1800 mm arasındaki yağış alan bölgelerde gelişebilmektedir. Kültür fasulyelerinin üretimi ise Avrupa ve Amerika kıtalarındaki deniz seviyesinden başlayarak 52° K ile 32° G enlemleri arasında ve Kuzey Amerika'daki And dağlarının 3000 metrelik yüksekliklerine kadar yapılmaktadır (Gepts, 1998).

Son yıllarda birçok üründe olduğu gibi kuru fasulyede de ıslah çalışmaları ve yeni geliştirilen çeşit sayıları artmaya başlamıştır. 2024 yılı FAO verilerine göre, dünya genelinde 36.792.490 ha alanda kuru fasulye yetiştiriciliği yapılmış ve 28.346.198 ton üretim gerçekleşmiştir. Türkiye'de aynı yıl 97.049 ha alanda kuru

fasulye yetiştirilerek yaklaşık 278 kg/da verimle 270.000 ton üretim sağlanmıştır (FAO, 2024). Ülkemizde 2024 yılı itibariyle 52 adet kuru fasulye çeşidi tescil edilmiş olmasına rağmen tarla bitkileri içinde fasulye çeşit sayısı az olan sınıfta yer almaktadır (Anonim, 2024). Ancak tüketicilere bağlı olarak değişen talepler, daha dengeli ve sağlıklı beslenme istekleri, ülkenin ekolojik farklılıklarının bolluğu gibi nedenler mevcut türlerle yetinmeyip sürekli yeni çeşitlerin geliştirilmesini zorunlu kılmaktadır. Doğada uzun yıllardır kendi halinde yetişen bitki popülasyonları, seleksiyon için büyük önem taşımaktadır. Türkiye’de 2023-2024 üretim sezonunda 885 bin da alanda 240 bin ton kuru fasulye üretilmiştir. Türkiye’de bir önceki yıla göre ithalatı %43,2 artış ihracatı %29,33 azalış görülmüştür. Üretimde Nevşehir, Bitlis, Niğde illeri ilk sıralarda yer almıştır. Kendine yeterlilik oranı 2022-2023 üretim sezonunda gerilemiştir. TÜİK Bitkisel Üretim 1.Tahminine göre 2024 yılında 270 bin ton üretim beklenmektedir. Tescilli çeşitlerin yetiştirilmediği bölgelerde, kendine döllen yerel popülasyonların tarımı yapılmaktadır (Sözen vd., 2021). Bu gibi yerel popülasyonlar büyük bir genetik çeşitliliğe sahiptir. Köy popülasyonları uzun yıllar boyunca aynı bölgede yetiştirildiklerinden dolayı bölgeye çok iyi uyum sağlamışlardır. Şehirli ve Özgen (2012) popülasyon içerisindeki genotiplerin yıllar boyunca iklim değişikliklerine ve çeşitli şartlara kolayca uyum sağlayabilecek yetenekte olduğunu bildirmiştir. Ülkemizin çeşitli bölgelerinde tanınan ve damak tadına alıştığımız popülasyon halindeki kuru fasulye genotiplerini değerlendirip yeni stabil çeşitler geliştirmenin ülkemiz tarımına katkı sağlayacağı düşünülmektedir.

Geleneksel biyoteknoloji, insanlık tarihi boyunca var olmakla beraber son elli yılda moleküler biyoloji ve genetik alanlarındaki ilerlemelerle birlikte yeni bir anlam ve önem kazanmıştır. Bu nedenle, günümüzde, modern bilişim teknolojisiyle birlikte insanlığın refahına en büyük katkıyı sağlaması beklenen teknolojiler arasında modern biyoteknoloji uygulamaları yer almaktadır. Modern biyoteknoloji, hızlı büyüme ve yenilikçilik potansiyeline sahip olmakla birlikte, moleküler biyoloji temelli temel araştırmalara ve alt yapıya sıkı sıkıya bağlı bir teknolojidir (Şehirli ve Özgen, 2012).

Modern biyoteknoloji içerisinde yer alan DNA markör teknolojisindeki ilerlemeler günümüzde son derece önemli boyutlara ulaşmıştır. DNA markörleri, filogenetik analizlerden genlerin klonlanmasına kadar geniş bir yelpazede

kullanılan değerli araçlar sağlamaktadır. PCR tabanlı belirteçlerin kullanımıyla birlikte geliştirilen yüksek yoğunluklu moleküler haritalar, hemen hemen tüm genetik karakterlerin haritalanmasını ve etiketlenmesini mümkün kılmıştır (Kumar, 1999). Fasulye alanında da moleküler belirteçlerin kullanımıyla yapılan genetik ve haritalama çalışmalarının sayısı hızla artmaktadır (Duran vd., 2005; Cruz vd., 2005; Sicard vd., 2005; Coelho vd., 2009; Angioi vd., 2010; Ekincialp, 2012, Yeken vd., 2022, Emiralioğlu vd., 2023).

Fasulye yetiştiriciliğinde çok sayıda abiyotik çevresel koşulun yanı sıra fungal, bakteriyel ve viral etmenler de verim kayıplarına neden olmaktadır (Deligöz ve Sökmen, 2013). Biyotik stres faktörleri arasında yer alan BCMV, dünyadaki fasulye ırklarını enfekte eden en yıkıcı virüs (*Potyviriidae*) ailesindendir (Flores – Estevez vd., 2003). *Potyviriidae* familyasında yer alan BCMV ve BCMNV (Bean common mosaic necrosis virüs) fasulye üretim alanlarında tohum, bitki özsuğu, polen ve yaprak bitleri ile taşınmakta ve fasulye bitkisinde verim ve kaliteyi düşürerek %80'e varan ürün kayıplarına neden olmaktadır (Chew vd., 2011). Her iki hastalık etmeni ile enfekte olmuş bitkilerde açık-koyu yeşil mozaik renk değişimleri, yaprak kıvrılması, şekil bozukluğu ve kloroz gibi belirtiler görülmektedir. Aynı zamanda fasulye bitkilerinde dayanıklılık genine bağlı olarak sistemik nekroz, diğer adıyla tepe nekrozu (top necrosis) veya siyah kök (black root) belirtileri bu etmenler tarafından oluşturmaktadır. Sistemik nekroz yaprak bitlerinin yaprağı enfekte ettiği noktadan veya vasküler nekrozun ilerlemesi ile oluşmakta olup bitki ölümlerine sebep olabilmektedir (Miklas vd., 2000).

BCMV ve BCMNV ile mücadelede hastalıktan arınmış tohum kullanılması, yaprak bitleri ile mücadele edilmesi önerilmektedir. Ancak en etkili ve pratik mücadele yönteminin dayanıklı çeşitlerin kullanılması olduğu belirtilmektedir (Drijfhout vd., 1978; Miklas vd., 2000). Nitekim Miklas vd. (2006), BCMV'ye hassas çeşitlerin yetiştirildiği bölgelerde fasulye veriminin düştüğünü ve ekonomik kayıpların yaşandığını belirtmiştir. BCMV ve diğer fasulye virüsleri, doğada aynı çevrede hatta aynı bitki üzerinde bulunmaları dolayısıyla aralarında genetik alışveriş gerçekleştirerek rekombinasyon oluşturabilmektedirler. Buna bağlı olarak yeni ırklar ve yeni patotipler ortaya çıkmakta, hastalığın yayılımının kontrolü de zor olmaktadır (Silbernagel vd., 2001). Dolayısıyla, mevcut genetik kaynakların daha etkin bir şekilde kullanılarak dayanıklı çeşitlerin ve hatların

geliştirilmesi gerekmektedir (Miklas vd., 2000). NL-3, NL-5, NL-8, TN-1 ve BCMV *potyvirus* suşları, bazı fasulye çeşitlerinde bulunan baskın *I* genine sahiptir. Bu *potyvirusler*, sıcaklık değişimlerine karşı dirençli oldukları için "fasulye nekroz mozaik virüsü" olarak adlandırılmaktadır. BCMV olarak bilinen ikinci *potyvirus* suşları arasında, CH-2, NL-1, NL-2, NL-4, NL-6, NL-7, PR-1, RU-1, US-1, US-2 (üç varyant izolat), US-3, US-4, US-5, US-6, US-7 ve US-10'a ait suşlar bulunduğu bildirilmiştir (McKern vd., 1992).

Dünyada ve ülkemizde fasulye üretimini sınırlandıran diğer önemli patojen etmenlerden birisi de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc.veMagnus) Lams. Scrib' un neden olduğu antraknoz hastalığı olup uygun koşullarda %100'e varan zarara neden olduğu bilinmektedir (Pastor-Corrales ve Tu, 1989; Lenne, 1992; Schwartz, 2005). Etmen bitkinin tüm toprak üstü kısımlarının enfekte etmekte ve koyu kırmızımtırak-kahverengi, çökük lekelerle neden olmaktadır. Antraknoz hastalığına karşı en etkili mücadele yönteminin ise yine dayanıklı çeşit ıslahı olduğu belirtilmiştir (Gonçalves-Vidigal vd., 2008; Boersma vd., 2013). Ancak patojen popülasyonlarındaki yüksek genetik farklılık ve buna bağlı olarak çok sayıda ırkının bulunması bu etmene karşı dayanıklılık çeşit ıslahı çalışmalarını güçleştirmektedir. Bu durum sürekli olarak yeni dayanıklılık kaynaklarının bulunmasını gerektirmektedir (Ishikawa vd., 2008). Fasulye genotiplerinde direnç, antraknoz direnci lokusları tarafından kontrol edilir (*Co* sembolü ile tanımlanmıştır). Mesoamerikan gen havuzundan gelen ortak fasulye genotipleri *Co-2*, *Co-3*, *Co-4*, *Co-5*, *Co-6*, *Co-11*, *Co-16*, *Co-17*, *Co-u* ve *Co-v* genlerine sahipken, Anden kökenli genotiplerde *Co-1*, *Co-1²*, *Co-1³*, *Co-1⁴*, *Co-1⁵*, *Co-Pa*, *Co-AC*, *CoPv01CDRK*, *Co-x*, *Co-w*, *Co-y* ve *Co-z* dirençle ilişkilidir (Kelly ve Vallejo, 2004; Méndez-Vigo vd., 2005; Gonçalves-Vidigal ve Kelly, 2006). Ayrıca, *C. lindemuthianum*'un farklı ırklarına karşı dirençle ilişkilendirilen birçok kantitatif özellik lokusu tanımlanmıştır (Maldonado-Mota vd., 2021).

1.1 Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Hakkında Genel Bilgiler

1.1.1 Irkları ve Kökenleri

Avcı-toplayıcılıktan tarıma geçiş, insan gelişiminde önemli kilometre taşlarından biridir. Bu geçişin önemli bir sonucu, hayvanların evcilleştirilmesi ve tarım bitkilerinin kültüre alınmasıdır (Larson vd., 2014). Ayrıca kültüre alma,

gelişimi genel olarak incelemek için deneysel bir model sunar ve bu modelin çeşitli avantajları bulunmaktadır. Bu avantajlardan biri, atasal popülasyonların mevcut olması ve yaklaşık 10.000 yıl gibi belirli bir zaman diliminde kültüre alınmış bitki ve hayvanlar üzerinde seçimle ortaya çıkan belirgin özelliklerin varlığıdır (Gepts, 2014). Bu bağlamda fasulye, tarım evriminin araştırılmasında benzersiz bir model olarak değerlendirilmektedir. Özellikle kültüre alma süreçleri sırasında ortaya çıkan benzer fenotipik değişimlerin anlaşılmasında önemli bir rol oynamaktadır (Bitocchi vd., 2017).

Phaseolus cinsini karakterize eden neredeyse eşsiz denilebilecek bu durum, yaklaşık 70 türünden beşinin (*Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus*, *P. dumosus*, *P. acutifolius* ve *P. coccineus*) kültüre alınmış olmasıdır. Ayrıca, *P. vulgaris* ve *P. lunatus* için yaban formları hem Mesoamerika'da hem de Güney Amerika'da dağılım göstermekte olup bu bölgelerde en az iki bağımsız ve izole ıslah çalışmaları yürütülmüştür. En az yedi bağımsız ıslah sürecinin gerçekleşmiş olması, bu süreçlerin genetik temelini hem aynı türe ait gen havuzları arasında hem de aynı cinse ait farklı türler arasında çözmeyi mümkün kılmaktadır (Bitocchi vd., 2013). Bunun yanı sıra, ilk iki tür olan *P. vulgaris* ve *P. lunatus* hem Orta Amerika'da hem de Andlar'da en az iki kez bağımsız olarak kültüre alınmıştır. Bu da bazı ıslah özelliklerinin birden fazla kez seçilmiş olabileceğini düşündürmektedir. Fasulyedeki deterministik özellik bu duruma örnek olarak gösterilebilmektedir (Kwak vd., 2012). Bu durum, daha az kültüre alınmış mısır, çeltik ve buğday gibi diğer tarım ürünleri ile karşılaştırıldığında farklıdır (Ramos-Madrigal vd., 2016). *Phaseolus*'taki çoklu kültüre alma olgusu, bir yandan benzer seçim baskılarının moleküler düzeyde nasıl bir değişime yol açtığını inceleme fırsatı sunarken, diğer yandan; karşılaştırmalı genomik, farklı *Phaseolus* türlerinin ıslah edildiği zıt çevrelerde adaptasyonun genetik kontrolündeki farklılıkları gösterebilir (Lenser ve Theißen, 2013).

Fasulye bitkisi, büyüme alışkanlıklarına göre çeşitlilik göstermektedir. Bu çeşitlilik; bodur tipleri ile tırmanıcı tipleri içermektedir. Kuru fasulyenin rengi, şekli, büyüklüğü ve parlaklığı gibi tohum özellikleri, tüketici tercihleri için önemli morfolojik karakterlerdendir. Linnaeus, kuru fasulyenin kökeni olarak Hindistan'ı göstermiştir (Brücher, 1988). Ürün çeşitliliği ve yabani türlerin varlığına dayanarak, fasulyenin menşe merkezi olarak ise Mezoamerika kaydedilmiştir

(Vavilov, 2013). Schmutz ve arkadaşları (2014) tarafından gerçekleştirilen tam genom dizilimi analizi, Andean ve Mesoamerikan gen havuzları arasındaki ayrım zamanını demografik modelleme uygulayarak tahmin etmiştir ve And Dağları'ndaki vahşi popülasyonların yaklaşık 165.000 yıl önce, kökensel bir Mesoamerikan popülasyondan türediğini önermektedir.

Fasulye türleri arasındaki en eski grup, yaklaşık 4 milyon yıl önce oluştuğu belirlenen *vulgaris* grubudur (Delgado-Salinas vd., 2006). *Phaseolus vulgaris* genellikle otogam (kendine döllen) ve yıllık bir türdür (Çiftçi vd., 2006; Çiftçi vd 2012a). *Phaseolus coccineus* ise ağırlıklı olarak allogam (yabancı döllen) ve çok yıllık bir bitkidir. *Phaseolus dumosus* ise, bu iki tür arasında ara özellikler sergileyerek hem *P. coccineus* hem de *P. vulgaris*'in belirli niteliklerini taşımaktadır.

1.1.2 Ekolojisi, Dağılımı ve Üretimi

Fasulye, çoğunlukla dünyanın tropikal ve subtropikal bölgelerinde yetiştirilen ve kendi kendine tozlaşabilen bir üründür. Fasulyenin yetişme şartlarında yıllık yağış miktarı 400 ila 1600 mm arasında olup 12 saatlik gün uzunluğunda yaklaşık 14°C ile 26°C sıcaklıkları arasında değişmektedir (Yeken vd. 2018a). Ancak bazı çeşitler evrim yoluyla ya da ıslahçılar tarafından geliştirilen farklı fotoperiyot uzunluklarına da uyum sağlamışlardır (White ve Laing, 1989). Çoğu çeşitin yaşam döngüsü, çimlenmeden başlayıp tohum olgunluğuna ve tane verim potansiyeline (400-5000 kg ha⁻¹) kadar 100 gün ile 130 gün arasında değişmektedir (Wortmann vd., 1998). Fasulye gevşek, iyi drene edilmiş, organik madde bakımından zengin ve ortalama 5-6 pH değerine sahip asidik ve tınlı topraklarda en verimli şekilde yetişmektedir (Duke, 1983, Elkoca ve Kantar, 2004). Yağmurun, patojenlerin büyümesini ve hastalıkların yayılmasını desteklediği ıslak tropik bölgelerde yetiştiğinde, kötü performans göstermektedir.

Fasulye başlangıçta Yeni Dünya'nın bir ürünüyken günümüzde tüm büyük kıtasal bölgelerde yaygın olarak yetiştirilmektedir. Üretimi 52°Kuzey ile 32°Güney enlemleri arasında, ABD ve Avrupa kıtasındaki deniz seviyesine yakın bölgelerden, Güney Amerika And Dağları'ndaki 3000 m'nin üzerindeki yüksekliklere kadar uzanmaktadır (Schoonhoven ve Voysest, 1991; Ceyhan, 2004). Bölgesel olarak Asya, küresel üretimin yaklaşık %43'ü ile kuru fasulye üretiminde başı çekerken,

onu Kuzey, Orta ve Güney Amerika (%29) ve Afrika (%26) takip etmektedir. 2024 FAO verilerine göre, Afrika, dünya üretiminin %21,3'ü ile Asya'nın (%43,9) ve Amerika'nın (%32,2) ardından üçüncü sırada yer alan fasulye üreticisidir. Demokratik Kongo Cumhuriyeti, Afrika'daki fasulye üretim tonajına göre 172,833.03 ton ile dokuzuncu sıradadır ve Tanzanya (844,024.59 ton), Uganda (651,385.08 ton) ve Kenya (499,624.56 ton) gibi ilk üç fasulye üreticilerinin arkasındadır. Avrupa ve Okyanusya toplam üretimin yaklaşık %2'sine katkıda bulunmaktadır. Bu veriler, son otuz yıldaki üretim artışlarının yalnızca ekim alanındaki artışlardan kaynaklanmadığını, bunun yerine kuru fasulye ıslahındaki ve gelişmiş tarımsal uygulamalardaki gelişmelerle elde edildiğini göstermektedir (Ceyhan, 2014; Uebersax vd., 2023).

1.1.3 Besin Değerleri

Fasulye önemli bir kalori kaynağı olup diyet lifleri, protein ve vitamin bakımından zengindir. Ayrıca metabolik organizmalarda karboksilazlar ve dekarboksilazlar için önemli bir kofaktör olan serbest biyotini büyük miktarda içermektedir (Knowles, 1989). Fasulye aynı zamanda demir, fosfor, magnezyum, manganez, çinko, bakır, kalsiyum ve daha az oranda sodyum gibi minerallerin de temel kaynağıdır ve gluten içermemektedir (Broughton vd., 2003). Düzenli fasulye tüketimi kolesterol ve kanser riskini azaltmaktadır. Fasulye, yüksek değerli bitkisel protein ve mikrobeyin kaynaklarıdır ve düzenli tüketimleriyle ilgili sağlık açısından farklı faydalar sunmaktadır (Broughton vd., 2003; Vaz Patto vd., 2015). Ayrıca, tarımsal rotasyon veya karışık ekim ile yetiştirildiklerinde, biyolojik azot fikse etme yetenekleri, toprak üzerindeki etkileri ve yabancı ot kontrolü nedeniyle çevrenin sürdürülebilir gelişimine katkıda bulunmaktadır (Rubiales ve Mikic, 2015). Bu nedenle, iklim değişikliği gibi yeni ve acil zorluklar göz önüne alındığında, tarımın çeşitlendirilmesi ve sürdürülebilir yoğunlaştırılmasında kilit bir rol oynamaktadır (Bitocchi vd., 2017).

Dünyada, baklagiller, beslenme açısından güçlü bir kaynak olarak kabul edilmekte ve yoksul haneler arasında sağlıklı diyetlerin alternatif bir bileşeni olarak öne çıkmaktadır (Ferreira vd., 2021). Fasulye, hayvansal protein kaynaklarına kıyasla ekolojik açıdan sürdürülebilir protein kaynakları olarak da dikkat çekmektedir (McDermott ve Wyatt, 2017). Ayrıca, özellikle %17 ile %30 arasında değişen yüksek protein içeriği ile benzersiz bir besin profiline sahiptirler.

Fasulyelerdeki çözünmeyen lif, yavaş sindirilen karbonhidratlar ve mikro besin öğeleri (demir ve çinko) glikoz salınımını azaltarak diyabetli bireyler için fayda sağlamaktadır (Boye vd., 2010).

Son yıllardaki gelişmeler, fasulye tüketiminin sağlık üzerindeki etkilerini inceleyen epidemiyolojik klinik kontrollü çalışmalara olan ilgiyi artırmıştır. Özellikle, fasulyelerin kronik hastalıklar üzerindeki olumlu etkileri giderek daha fazla araştırılmaktadır. Bunlar arasında kanser, kardiyovasküler hastalıklar, diyabet ve obezite risklerini azaltmadaki rolleri önemli bir yer tutmaktadır. Bu etkiler, fasulyenin besin değerine dayanmakta olup pişirilmiş bir porsiyon fasulyenin enerji yoğunluğunun oldukça düşük (1.3 kcal/g), düşük yağ içeriğine sahip ve yüksek oranda demir ve çinko gibi önemli mineralleri içerdiği bildirilmiştir (Mudryj vd., 2014). Ayrıca, fasulyelerin %50-65 oranında içerdiği karbonhidratlar yavaş sindirilmekte ve glisemik indeksini (GI) daha da düşürerek metabolik sağlığa katkıda bulunmaktadır. Bu özellikler, fasulyeyi hem besin değeri hem de sağlık üzerindeki etkileri açısından vazgeçilmez bir protein kaynağı haline getirmektedir. Fasulyeler, 100 g kuru ağırlık başına 23-32 g lif sağlayarak lif açısından zengin gıdalar olarak sınıflandırılmaktadır. İçeriğinde %20-28'inin çözünmeyen lif olması nedeniyle kalp hastalıkları, felç, diyabet ve kolorektal kanser risklerini azaltmada önemli bir etkiye sahip olduğu ifade edilmiştir (Nchanji ve Ageyo, 2021).

1.2 Fasulye Antraknozu ve Fasulye Adi Mozaik Virüsüne Ait Bilgiler

Fasulye, funguslar, bakteriler ve virüsler başta olmak üzere çok sayıda patojenin etkisi altındadır (Schwartz vd., 2005). Bu patojenler tek başına veya birleşerek önemli verim kayıplarına neden olabilmektedirler. Birçok üretim bölgesinde, bu patojenlerin birkaçının aynı anda görülmesi çok yaygın olarak karşılaşılan bir durumdur. Diğer çevresel faktörlerin (sıcaklık, nem vb.) olası güçlü bir etkisi, bu patojenlerin neden olduğu baskıyı ve verim kayıplarını daha da artırabilmektedir. Bu nedenle, hastalıklar coğrafi bölgelere göre önemli ölçüde değişmektedir (Uebersax vd., 2023).

Tropikal bölgelerde, ılıman iklim bölgelerine kıyasla fasulye üretiminde daha fazla hastalık yapıcı patojen bulunmaktadır. Tropik ve subtropikal bölgelerin sıcak ve genellikle nemli ortamları, patojen gelişimini teşvik ederken, bazı bölgelerde yılda 2-3 ürün döngüsü olması, enfeksiyon kaynağının sürekliliğine

katkı sağlamaktadır. Diğer sınırlayıcı faktörler arasında hastalıksız tohumların kıtlığı ve yüksek maliyeti yer almaktadır. Beebe ve Corrales (1991), Latin Amerika ve Afrika'daki fasulye üretiminde, ABD ve Avrupa fasulye üretim bölgelerine kıyasla daha fazla patojen olduğunu ve bu patojenlerin daha virulent izolatlarının bulunduğunu öne sürmektedir.

Büyük öneme sahip patojenler arasında antraknoz (*Colletotrichum lindemuthianum*), fasulye pası (*Uromyces appendiculatus* var. *appendiculatus*), fasulye adi yaprak yanıklığı (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*), fasulye adi mozaik virüsü (BCMV), fasulye altın mozaik virüsü (BGMV) ve köşeli yaprak lekesi (*Pseudocercospora griseola*) yer almaktadır (Graham ve Ranalli, (1997). Bu patojenlerin birçoğu, ilgili patojenin ırklarına, çeşide, gelişim aşamalarına ve çevresel faktörlere bağlı olarak dünyanın her yerinde %5 ile %100 arasında değişen verim kaybına neden olmaktadır. Bu patojenler geçmişte hem Avrupa hem de Kuzey Amerika'da ciddi tahıl verimi kayıplarına neden olmuştur (Schwartz vd., 1982; Miklas vd., 2006). Fungal patojenlerden *Colletotrichum lindemuthianum*, *Pseudocercospora griseola* ve *Uromyces appendiculatus* yıllık 1,8 milyon ton verim kaybına neden olurken, bakteriyel patojenler olan hale yanıklığı ve bakteriyel yanıklık ve diğerleri 0,8 milyon yıllık verim kaybına neden olmaktadır. Virüsler (*Bean common mosaic virus*) ve böcek zararlıları (bruchids ve aphids) yıllık verim kayıplarının sırasıyla 0.4 milyon ve 0.8 milyonunu oluşturmaktadırlar (Wortmann vd., 1998).

Fasulyede tohumla bulaşan hastalıklar da önemli bir sorundur. İyi tohum kalitesi, düzgün çimlenme, erken fide canlılığı ve hastalıktan arı tohumlar, yüksek verim için ön koşullardır. Ellis ve arkadaşları (1976), Kolombiya'nın Huila bölgesindeki çiftçilerin tohumlarının ortalama %40 çimlenme oranına sahip olduğunu ve %81'inin funguslar ile içsel kontamine olduğunu bildirmişlerdir. Temiz tohumun önemi iyi bilindiği halde bu tür problemler hala devam etmektedir. Tseng ve arkadaşları (1995) ise Tayvan ve Ontario'dan gelen tohumların sırasıyla %54.8 ve %58.5 oranında tohumla bulaşan fungus içerdiğini ve hastalıklı Ontario fasulyelerinde en yaygın türlerin arasında *Alternaria* (%61.1), *Fusarium* (%18.0), *Rhizoctonia* (%6.1) ve *Penicillium* (%5.2) bulunduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca, tohum kabuğu özellikleri, hasat sırasında mekanik hasara karşı direnci de etkilemektedir (Dickson ve Boettger, 1976).

Hastalıklara karşı başarıyla geliştirilen birçok bitki verimliliğın artmasına katkı sağlamaktadır (Beaver ve Osorno, 2009; Osorno vd., 2018). Ayrıca, üretim alanlarında kullanılan fungusit miktarını azaltarak çevre dostu sürdürülebilir uygulamaları teşvik ettiğı belirtilmiştir (Uebersax vd., 2023).

1.2.1 Fasulye Antraknozu Hastalığı Hakkında Genel Bilgiler

Fasulyenin en yıkıcı hastalığı olan fasulye antraknozuna hemibiotrofik bir fungus olan *Colletotrichum lindemuthianum* L neden olmaktadır (Pastor-Corrales ve Tu, 1989). *C.lindemuthianum* 'un tohum kaynaklı doğası ve patojenik değişkenliği, bitki büyümesi ve gelişiminin tüm aşamalarında bitki kısımlarını etkilemesine neden olur, hastalık kontamine tohumlardan, enfekte bitki döküntülerinden veya yabancı otlardan yayılmaktadır (Dillard ve Cobb, 1993; Tu, 1981).

Fasulye antraknozuna neden olan etmen daha önce *Gleosporium lindemuthianum*, *Glomerella lindemuthiana*, *Septoria leguminum*, *Septoria leguminum* var *phaseolorum*, *Colletotrichum lindemuthianum*, *C. lagenarium* gibi çok sayıda isimle bilindiğı belirtilmektedir. Fasulye antraknozu hastalığının etkeni ilk olarak 1875 yılında tanımlanmıştır (Martínez-Pacheco vd. 2009). *C. lindemuthianum* 'un fungi krallığı, *Ascomycota* filumu, *Sordariomycetes* Sınıfı, *Phyllachorales* Takımı, *Phyllacholaceae* Familyası; *Colletotrichum* Cinsi, *Lindemuthiunum* Türüne ait olduğı konusunda çoğı araştırmacı hemfikirdir. Farklı fasulye çeşitlerinin kullanılması en az 100 *C.lindemuthianum* ırkını ortaya çıkarmıştır (Mahuku ve Riascos, 2004). İspanya'da, 6 ve 38 numaralı olarak bilinen iki ırk en yaygın olup üretim alanlarında verimi düşürmektedir (Ferreira vd., 2008). Hastalık sadece Latin Amerika ve Afrika'daki üreticiler için değil aynı zamanda Kuzey Amerika'daki üreticiler için de bir sorundur. Fungus hemibiyotrofik bir patojen olup enfeksiyon döngüsünün bir kısmını biyotrof olarak, diğer kısmını ise gelişim aşamalarında nekrotrof olarak geçirdiğı bildirilmiştir (Martínez- Pacheco vd., 2009).

C. lindemuthianum sporları yağmur sıçramasıyla dağıldığı ve daha sonra konukçuyu enfekte etmek için fasulye bitkisinin toprak üstü kısımlarına tutunduğı bildirilmiştir (Mercure vd., 1994). Spor çimlenme süreci, sporun yeterli nem koşulları altında bitki yüzeyine yapışmasıyla başlatılmakta ve kısa bir çim tüpü

oluşturularak bir appressorium geliştirilmesiyle devam etmektedir. Çim tüpü büyüdükçe, hücre duvarında bir invaginasyon oluşmasına neden olunmakta ve hifler, substratın kolonize edilmesi amacıyla uzatılmaktadır. Daha sonra, enfeksiyon peg'inin appressoriumdan çıkarak hücre duvarından içeri girmesi sağlanmaktadır. Hava miselleri, mekanik güç kullanılarak hareket ettirilmekte ve daha ileri kolonizasyonu desteklemek amacıyla proteinler (enzimler) salgılanmaktadır. Fungusların üreme yapıları (sporlar), gelişim sürecinde oluşturulmakta ve koşullar uygun hale gelene kadar dormant durumda tutulmaktadır. Son olarak, sporlar yağmur sıçraması yoluyla yeni konaklara taşınmaktadır (Mercure vd., 1994).

O'Sullivan ve arkadaşları (1998), Pulse Field Gel Electrophoresis (PFGE) kullanarak, toplam kromozom sayısının 9 ila 12 arasında değiştiğini bulmuş ve kromozomların iki farklı sınıfı olduğunu öne sürmüştür. İlk belirtiler yaprakların alt tarafındaki damarlar boyunca siyah veya koyu kahverengi olarak ortaya çıkmaktadır (Buruchara vd., 2010). Fasulye antraknozunun belirtileri arasında siyah-kırmızı çökük çürükler, patojenin akervuluslarını içeren mercekli nekrotik lezyonlar, siyah kahverengi renkli ve renksiz tohumlar da yer almaktadır (Schwartz, 2005). Şiddetli vakalarda yaprak dökümü, baklaların dökülmesi ve bitkinin ölümü gerçekleşebilmektedir.

Patojen, duyarlı fasulye çeşitlerinin yapraklarını, gövdelerini ve baklalarını enfekte etmektedir. Tohum kaynaklı enfeksiyon genellikle hipokotil ve kotiledonlarda uzunlamasına koyu kahverengi ile siyah göz şeklinde lezyonlara neden olmaktadır. Şiddetli koşullarda, genç baklalar solarak ve erken kuruyabilmektedir. Patojenler tohum kabuğuna nüfuz edebilir ve ekildiğinde sonraki üründe enfeksiyon kaynağı olarak tohumun içine yerleşebildiği bildirilmiştir (Buruchara vd., 2010). *C. lindemuthianum* tohumlar ve bitki artıkları üzerinde mevsimler boyunca hayatta kalabilmektedir. Hayatta kalma süresi ortamdan, özellikle de nem ve sıcaklıktan etkilenmektedir. Fungus, havada kurutulmuş baklalarda veya 4°C'de saklanan tohumlarda beş yıla kadar canlı kalabilmektedir. Yüksek bağıl nem veya serbest su, konidilerin yayılması ve çimlenmesi, enfeksiyon, inkübasyon ve müteakip sporülasyon için gereklidir (CABI, 2004). Hastalık en çok 13-26°C arasındaki sıcaklıklarda ve ıslak koşullar altında şiddetlenmektedir (Zaumeyer ve Thomas, 1957). Tropik ve sub-tropik

bölgelerin nispeten serin ve nemli bölgelerinde gelişir ve güney ve orta Brezilya, Meksika, Orta ve Doğu Afrika'da endemik olduğu bildirilmiştir (Pastor-Corrales vd., 1995).

BCMV ve BCMNV, fasulye ile çeşitli diğer tarım ve yabani baklagillerin en yaygın ve en yıkıcı virüsleridir (Morales, 2006). BCMV ve BCMNV nedeniyle yaşanan verim kayıpları %100'e kadar çıkabilmektedir (Damayanti vd., 2008; Li vd., 2014). BCMV ve BCMNV'nin taksonomisi yıllar içinde büyük değişiklikler geçirmiştir. 1934'ten önce, BCMV Fasulye virüsü, Fasulye mozaik virüsü ve *Phaseolus* virüsü olmak üzere çeşitli şekillerde adlandırılmıştır (Morales ve Bos, 1988). İlk tanımlanan BCMV izolatu kaybolmuş, 1917'deki keşfinden 1943 yılına kadar yapılan tüm BCMV raporları, tüm BCMV suşlarının patojenik olarak birbirine benzer olduğu varsayımıyla yapılmıştır. Ancak, 1943 yılında farklı BCMV patojenik gruplarının keşfiyle birlikte 10 fasulye çeşidinde farklı semptomlar gözlemlenmiş ve suşlar yedi patojenik grupta (I–VII) sınıflandırılmıştır (Drijfhout vd., 1978). Ayrıca, örtü proteinin (CP) serolojisi ve CP'lerin proteolitik sindirim analizleri ile çeşitli fasulye çeşitlerinin enfeksiyona karşı farklı yanıtları, BCMV suşlarının iki serotipe: A ve B'ye kategorize edilmesine yol açmıştır (Drijfhout vd., 1978; McKern vd., 1992). A ve B serotipleri, daha sonra sırasıyla BCMNV ve BCMV olarak adlandırılan farklı viral türler olarak yeniden sınıflandırılmıştır (Berger vd., 1997).

BCMNV, eski BCMV serotipi A, yalnızca beş tanımlanmış (TN-1, NL-3, NL-3K, NL-5 ve NL-8) suşa sahiptir (McKern vd., 1992). BCMV, eski serotip B, daha önce farklı virüsler olarak kabul edilen bazı suşları da içeren birçok suşa sahiptir. Bunlar arasında yer fıstığı şerit virüsü (PStV), siyah gözlü cowpea mozaik virüsü, Dendrobium mozaik virüsü (DeMV) ve Azuki fasulye mozaik virüsü (AzMV) bulunmaktadır (Hu vd., 1995; Khan vd., 1993). Şu anda erişilebilen 22 tam BCMV genomu ve 9 tam BCMNV genomu bulunmaktadır. CP genleri ve 30'uncusu -anlamayan bölgeler (untranslated regions, UTRs) üzerine yapılan dizileme çalışmaları, BCMV izolatlarının taksonomik olarak yerleştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Feng vd., 2014; Sharma vd., 2011). Bu nedenle, BCMV veya BCMNV'nin çoğu kısmi ya da tam dizisi, CP genine aittir.

BCMNV ve BCMV, 1970'ler ve 1980'lerde bu virüs grubuna ilişkin ilk keşifin ardından 1992 yılında resmi olarak farklı virüs türleri olarak ayrılmışlardır. BCMV için altı duyarlı konakçı (*Amaranthaceae*, *Chenopodiaceae*, *Leguminosae-Caesalpinioideae*, *Leguminosae-Papilionoideae*, *Solanaceae* ve *Tetragoniaceae*) ailesi bulunmaktadır (Bos ve Gibbs, 1995). Bununla birlikte, BCMV'nin yabani ve kültüre alınmış baklagilleri ve *passiflora* türlerini doğal olarak enfekte ettiği iyi bilinmektedir. En önemli kültür baklagil konukçuları *Phaseolus* türleri (ağırlıklı olarak *P. vulgaris*), *Vicia faba* (bakla), *Arachis hypogaea* (yer fıstığı) ve *Vigna unguiculata*'dır (börülce) (Bos ve Gibbs, 1995; Morales ve Bos, 1988).

BCMV'ye karşı direnci sağlayan *I* geni, 1930'ların başlarında Ralph Corbett tarafından keşfedilmiştir (Pierce, 1934). "Corbett Refugee" çeşidi, BCMV enfeksiyonunun ardından "Refugee Green" adlı hassas çeşidin ekili olduğu bir alanda sağlıklı bir bitkiden türetilmiştir. Daha sonra bu direnç özelliği, birçok diğer fasulye çeşidine entegre edilmiştir. Ne yazık ki, bazı durumlarda bu *I* geni aracılı direnç, virüsün yayılmasını tam olarak engelleyememekte ve virüs, ilk enfeksiyon bölgesinden kaçarak, dirençle ilişkili hücre ölümüne bağlı olarak ilerleyen bir nekroz oluşturmaktadır. Bu eksik direnç sonucu oluşan sistemik nekroz, fasulyede "siyah kök" hastalığı olarak bilinen duruma yol açmıştır (Drijfhout vd., 1978; Silbernagel vd., 2001).

Siyah kök hastalığı, ilk olarak 1930'ların sonlarında "Corbett Refugee" çeşidinden üretilen fasulyelerde gözlemlenmiştir (Jenkins, 1940). Bu bitkiler, alt yapraklarda şiddetli solma ve kloroz, kotiledon nodunun üzerindeki ve altındaki gövde boyunca nekrotik çizgiler göstermiştir (Jenkins, 1941). BCMV genellikle siyah kök hastalığı ile ilişkilendirilmemekte, ancak bu virüsün iki suşu (NL-2 ve NL-6) tarafından 30°C'nin üzerindeki yüksek sıcaklıklarda *I* geni taşıyan bitkilerde bu reaksiyonun tetiklenebildiği belirtilmektedir. Bu nedenle, bu form "sıcaklık bağımlı" siyah kök olarak adlandırılmaktadır. Tüm BCMNV suşları, sıcaklığa bakılmaksızın, *I* geni taşıyan fasulye bitkilerinde siyah kök hastalığını tetiklemektedir (Silbernagel vd., 2001). Bazı bölgelerde BCMNV'nin endemik olarak bulunması, *I* geni taşıyan fasulye çeşitlerinin kullanılması konusunda sorunlar yaratabilmektedir. Ancak bazı durumlarda, BCMV ve BCMNV arasındaki bu ayrım mutlak olamayabilmektedir. Örneğin, *I* geni içeren "Jubila" fasulye çeşidinde sıcaklık bağımsız nekroz oluşturan BCMV RU-1 suş grubuna ait bir

rekombinant izolat durumundadır (Feng vd., 2014). Ancak, modern suş ayırt etme teknikleri artık yalnızca farklı semptomlara dayanmamaktadır. Bunun yerine, CP veya diğer gen ve amino asit dizileri gibi birden fazla özellik kullanılmaktadır (Flores-Estevez vd., 2003; Xu ve Hampton, 1996).

Potyviruslerin genomik RNA'sının etkili bir şekilde çevrilmesi, RNA'nın beş ucuna kovalent olarak bağlı olan VPg molekülü ile eIF4E veya eIF4(iso)E tipi spesifik konukçu faktörleri arasındaki etkileşimler aracılığıyla sağlanmaktadır. (Truniger ve Aranda, 2009). Bu faktörlerin *potyvirus* VPg proteinleri ile etkileşmeyen versiyonlarını kodlayan bazı varyant aleller, bu virüslerin konukçularının translasyonel makinelerini kullanma yeteneğini bozmaktadır. *Potyviruslere* karşı direnç sağlayan birçok resesif direnç geninin işleyiş biçimini açıklamaktadır ve fasulyede en az bir resesif gen olan *bc-3*'ün, *bc-3* lokusundaki eIF4E dizisi varyantlarıyla ilişkili olduğu kanıtlanmıştır (Hart ve Griffiths, 2013).

1.2.2 Genetik Belirteçler (Markör) Hakkında Bilgiler

Canlılar arasında farklılıkları saptamak ve sınıflandırmak için morfolojik, fizyolojik ve moleküler analizler kullanılmaktadır (Maciel vd., 2003; Yang vd., 2009). Moleküler markörler, bitki türlerinin tanımlanmasında ve genetik çeşitliliğin araştırılmasında kullanılmaktadır. Moleküler markörlerin üç temel çeşidi mevcuttur. Bunlar; morfolojik markörler, biyokimyasal markörler ve DNA markörleridir.

Canlıların sınıflandırılmasında morfolojik özellikler oldukça önemlidir. Bitkinin boyu, tohum miktarı, dal sayısı, çiçek yapısı, meyve yapısı, gelişim basamakları gibi bazı özellikleri bitkilerin yakın akrabalarından kolayca ayrılmasını sağlamaktadır. Arazi denemeleri ile gerçekleştirilen morfolojik tanımlama çalışmaları uzun zaman almakta olup morfolojik karakterler yetersiz katılım nedeniyle çevresel koşullardan doğrudan etkilenebilmektedir. Bu nedenle genotipik ve fenotipik özellikler arasında ortaya çıkan farklılıklar yanıltıcı olabilmektedir. Karakterizasyon çalışmalarında moleküler tanımlama çalışmaları ile morfolojik tanımlama çalışmalarının beraber planlanması bu sorunun çözümü için önerilen bir yol olarak belirtilmektedir (Madakbaş ve Ergin, 2011). DNA markörleri diğer yöntemlere kıyasla daha güvenilir sonuçlar vermeleri, çevreden etkilenmeyişleri,

bitki gelişiminin her aşamasında kullanılabilmeleri gibi sebeplerle daha yaygın olarak kullanılmaktadır (Gündüz, 2008).

Moleküler markörler ilk olarak genetik haritalamada, kromozom boyunca genlerin sırasını belirlemek için kullanılmıştır. Sturtevant (1913) yılında meyve sineğindeki (*Drosophila melanogaster*) altı morfolojik özelliği kullanarak ilk genetik haritalamayı gerçekleştirmiştir ve bundan yaklaşık 10 yıl sonra Karl Sax fasulyedeki bir kalitatif ve bir kantitatif iki özellik (tohum rengi ve boyutu) lokusu arasında genetik bağlantı olduğunu ortaya koymuştur. Günümüzde genetik markörler; temel bitki araştırmalarında, bitki germplazm karakterizasyonu, gen izolasyonu, elverişli aleller için markör destekli geriye melezleme ve çeşit geliştirme için bitki ıslahı çalışmalarında kullanılmaktadır (Henry, 2001).

Moleküler genetikte markör kullanımı ile genomda yer alan bir gen bölgesi veya ilgili DNA bölgesi temsil edilmektedir. Polimer zincir reaksiyonunun (PCR) keşfi sonrası çok sayıda moleküler markör yöntemleri geliştirilmiştir. Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizm (AFLP), basit dizi tekrarları (SSR), dizi ilişkili çoğaltılmış polimorfizm (SRAP), tek nükleotid polimorfizmi (SNP) ve basit tekrarlı diziler arası polimorfizm (ISSR), iPBS-retrotranspozon, başlangıç kodon hedefli SCoT yaygın olarak kullanılan markör teknikleridir. Sıralanan bu markör teknikleri fiziksel haritalamada, gen keşfi ve etiketlemede, filogenetik çalışmalarda, evrimsel genetik ve genetik çeşitlilik araştırmaları gibi pek çok alanda kullanılmaktadırlar (Khaidizad vd., 2012). Her bir moleküler markör tekniğinin kendine özel ilkeleri mevcuttur. Farklı markör tekniklerinden en uygun olanın seçilmesi önem teşkil etmektedir. Moleküler markörlerden istenilen özellikler; genomda sık dağılım göstermesi, yüksek polimorfizm, kodominant kalıtım, popülasyonlar ve türler arası transfer olabilmesi, kolay, hızlı, düşük maliyetli ve tekrarlanabilir olmasıdır. Fakat bu özelliklerin tümüne birden sahip olan markör sistemi bulunmamaktadır. Bu sebeple markör sistemi seçilirken en fazla sayıda istenilen özelliği barındıran teknik tercih edilmektedir (Filiz ve Koç, 2011).

Fasulye genetik çeşitliliği, farklı işaret türleri kullanılarak kapsamlı bir şekilde incelenmiştir. Bunlar arasında örneğin tohum proteini (fazeolin) (Gepts vd.,1986; Fuente vd., 2012) ve izoenzim analizi (Koenig ve Gepts, 1989) yer almaktadır. Fasulyedeki genetik çeşitliliği incelemek için kullanılan diğer

moleküler işaretler arasında restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP) (Khairallah vd., 1990; 1991), alloenzimler (Singh vd., 1991; Santalla vd., 2002) ve rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) (Freyre vd., 1998; Beebe vd., 2000) bulunmaktadır. Benzer çalışmalar, amplifiye fragment uzunluk polimorfizmi (AFLP) işaretleri (Beebe vd., 2001), SSR işaretleri (Blair vd., 2006), DNA dizileme (Gepts vd., 2008) ve tek nükleotid polimorfizmi (SNP) işaretleri (Blair vd., 2013) kullanarak genetik çeşitlilik ortaya konulmuştur.

Günümüzde farklı hastalıklara karşı dayanıklılık genleri ile ilişkili cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS), sequence characterized amplified region (SCAR), randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) ve simple sequence repeats (SSR), inter retrotransposon binding site (İPBS), internal simple sequence repeats (ISSR), diversity array technology (DArT), start codon targeted (SCoT) markörleri farklı araştırmacılar tarafından ıslah çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (De Queiroz, 2004; Goncalves-Vidigal ve Kelly 2006; Awale vd., 2008; Lacanallo vd., 2010; Yılmaz ve Çiftçi, 2021; Yeken vd., 2022). Nitekim, Sönmezoğlu ve arkadaşları (2010) moleküler markörlerin etkin ve güvenilir olduğunu, hedef gen yanındaki rekombinasyon sonucu oluşan nadir dölleri seçebildiğini ve geri melezleme ıslahında resesif genlerin transferinde ilave kendilemeyi ortadan kaldırdığını bildirmiştir. Blair ve arkadaşları (2009) moleküler markörlerin kantitatif karakterlerle çalışmayı daha kolay hale getirdiğini belirtmiştir. Ovesna ve arkadaşları (2002) ise çalışmalarında, bitki gelişiminin herhangi bir evresinde kolayca gözlenebilir olması, çevreden etkilenmemesi ve lokuslar arası interaksiyon oluşturmamasından dolayı markör destekli seleksiyon ıslahında, bitki materyallerinin seçiminde en etkili araçlardan birisi olduğunu vurgulamıştır.

Dolayısıyla bu araçların, fasulye genetik kaynakları arasında fenotipik yöntemlerle yanıtlanması mümkün olmayan, karakterlerin belirlenmesine yardımcı olduğu görülmektedir.

1.2.3 Fasulye Antraknozu ve BCMV Direnç Genleri Çalışmalarında Markör Kullanımı

Ülkemizdeki fasulye genotiplerinin ise genelde Güney Amerika kökenli olduğu farklı araştırmacılar tarafından tespit edilmiştir (Logozzo vd., 2007; Erdinç,

2012; Ekinci alp ve Şensoy, 2013). Bu gen havuzlarına bağı olarak hastalığa karşı dayanıklılık sağlayan çok sayıda gen kaynağı bulunmuştur. Bu genler çoğunlukla Co (*Colletotrichum*) serisi altında sınıflandırılarak, “Co” sembolü ile adlandırılmış ve günümüzde en az 12 dayanıklılık lokusu belirlenmiştir. Bu genler, bitkinin antraknoza karşı verdiği savunmayı belirler. Antraknoz hastalığına karşı en çok bilinen direnç genleri Co-1, Co-2, Co-3, Co-4, Co-5 genleridir. Co-1 ve Co-2 genleri fasulyede antraknoza karşı ilk keşfedilen direnç genleridir. Bu genler, *Colletotrichum lindemuthianum* suşlarına karşı direnç sağlamaktadırlar ve genetik çeşitliliğe ulaşmak için bu genlerin kullanımı önemlidir. Co-3, Co-4 genleri farklı suşlara karşı daha spesifik direnç sağlayan ek genlerdir. Bu genlerden Co-3 geninin, daha geniş spektrumlu bir direnç sağladığı düşünülmektedir. Co-5 geni ise bazı fasulye hatlarında antraknoza karşı daha dayanıklı olduğu bilinen bir gen olup, özellikle tropikal fasulye türlerinde etkin olabilmektedir.

Antraknoz hastalığına karşı dayanıklılıkta rol oynayan bu genlerden dominant Co-1 (Co-1², Co-1³, Co-1⁴, Co-1⁵), Co-12, Co-13, Co-14 ve Co-15 genlerinin Güney Amerika gen havuzunda yer aldığı, Co-2, Co-3, Co-3², Co-4, Co-4², Co-4³, Co-5, Co-6, Co-7, Co-9, Co-10 ve Co-11 dominant genleri ile Co-8 resesif geninin ise Orta Amerika gen havuzu içerisinde olduğu bildirilmektedir (Gonçalves-Vidigal vd., 2009). Antraknoza karşı direnç, baskın veya resesif genlerle kalıtım yoluyla aktarılabilmektedir. Fasulye çeşitlerinde genetik çeşitliliği artırmak amacıyla Co-1 ve Co-2 genleri yaygın olarak kullanılmıştır. Ancak, farklı *Colletotrichum* suşları arasında varyasyon olduğu için, bu genlerin etkinliği zamanla azalabilmektedir. Bununla birlikte, yeni ve daha dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi için bu direnç genlerinin üzerinde araştırmalar yapılmaktadır.

Islah materyallerine aktarılacak Co genlerinin tespitinde ise belirli bir alandaki patojen ırkları ve genetik kaynakların dikkate alınmasının gerekli olduğu bildirilmektedir. Antraknoz hastalığı etmeninin ülkemizin nemli ve sıcak bölgelerinde önemli zararlara yol açtığı, Orta Karadeniz Bölgesi’nde hemen hemen her yıl görüldüğü belirtilmiştir (Zavrak, 1983). Palacıoğlu ve arkadaşları (2022) ülkemizde fasulye ekiliş alanlarında antraknoz hastalığının geniş alana yayılış gösterdiğini bildirmiştir.

Moleküler markörler kullanılarak yapılan ıslah çalışmalarında ise *Co-1*² ve *Co-4*² gen kombinasyonunun fasulyede antraknoz hastalığına karşı yüksek bir dayanıklılık sağladığı Awale ve arkadaşları (2008) tarafından belirtilmiştir. Dolayısıyla, farklı bitki patojen popülasyonlarındaki yüksek genetik çeşitlilik yapılan ıslah çalışmalarını zorlaştırmakta ve sürekli olarak yeni direnç kaynaklarının keşfini gerektirmektedir (Ishikawa vd., 2008). Madakbaş ve arkadaşları (2009) Orta Karadeniz bölgesindeki ırklara karşı fasulye genotiplerinin *Co-2*, *Co-4*, *Co-4*², *Co-6* ve *Co-8* genlerini taşıdığını bildirmiştir. Klasik ve moleküler yöntemler kullanılarak 125 fasulye genotipinin antraknoza karşı dayanıklılığını belirleyen Erdinç (2012), genotiplerden 20 adedinin antraknoz hastalığına karşı dayanıklı reaksiyon gösterdiğini ve genotiplerdeki dayanıklılığın daha çok Orta Amerika kökenli *Co-4*, *Co-4*² ve *Co-6* genleriyle sağlandığını tespit etmiştir. Gonçaves-Vidigal (2012) fasulyede antraknoza karşı dayanıklılık kaynaklarının büyük ölçüde Mezoamerikan gen havuzu içerisinde bulunduğunu ve bu genlerin (*Co-2*, *Co-3*, *Co-3*², *Co-4*, *Co-4*², *Co-4*³, *Co-5*, *Co-6*, *Co-7*, *Co-8*, *Co-9*, *Co-10*, *Co-11* ve *Co-u*) olduğunu bildirmiştir. Markör destekli diğer bir çalışmada ise 9 hassas yerel çeşit ve 7 dayanıklı yabancı çeşidi kullanan Madakbaş ve arkadaşları (2013) elde edilen 63 adet F2 hibridinde dayanıklılığın *Co-1* lokusu ile sağlandığını bildirmiştir. Madakbaş ve arkadaşları (2013) *Co-1*, *Co-2* ve *Co-4* gen kombinasyonu taşıyan fasulye genotiplerinin antraknoz hastalığı ile mücadelede oldukça faydalı olacağını belirtmiştir. Palacıoğlu ve arkadaşları (2022), Türkiye'nin 35 ilinden elde edilen ortak fasulye genotiplerinde moleküler işaretçiler kullanarak direnç kaynaklarını belirlemeyi ve bazı genotiplerin *C. lindemuthianum*'un farklı izolatlarına karşı yanıtını değerlendirmeyi amaçladıkları çalışmalarında *Co-1*, *Co-1*⁴, *Co-1*⁵, *Co-2*, *Co-3*³, *Co-4*, *Co-4*², *Co-6*, *Co-10*, *Co-11* ve *Co-13* direnç genlerinin tek başına veya kombinasyon halinde varlık gösterdiğini; *Co-5* genotiplerin hiçbirinde tespit edilmediğini belirtmişlerdir. Genotipler arasında *Co-1*⁵'in en sık rastlanan direnç kaynağı olduğu, bunu sırasıyla *Co-4*, *Co-6* ve *Co-11*'in izlediğini ve *Co-1*, *Co-1*⁵, *Co-4*, *Co-6*, *Co-10*, *Co-11* ve *Co-13*'ün çeşitli kombinasyonlarını taşıyan beş genotip patojenite testlerinde tüm izolatlarla karşı dirençli olduğunu bildirmişlerdir.

BCMV'ye direnç; tek gene bağlı, dominant (baskın), inhibitör (*I*) gen ve bir dizi çekinik gen tarafından (*bc-u*, *bc-1*, *bc-1*², *bc-2*, *bc-2*² ve *bc-3*) yönetilmektedir

(Strausbaugh vd., 1999). *Bc-3* geninin, B6 kromozomunda bulunduğu ve baskın *I* geninin varlığında, BCMNV ve BCMV'nin bilinen tüm ırklarına direnç verdiği belirtilmiştir (Kelly vd., 2003). Deligöz ve Sökmen (2013) tarafından Türkiye’de yapılan araştırmada, ikisi tescilli beş fasulye çeşidi ve bir ıslah hattının BCMV ve BCMNV’ye karşı dayanıklılık düzeylerinin ve sahip oldukları dayanıklılık genlerinin durumlarını dominant *I* genine spesifik SW-13 ve resesif *bc-1²* genine spesifik SBD-5 SCAR markörleri ile PCR yöntemi uygulanarak çeşitlerin söz konusu genleri bulundurma durumu moleküler olarak belirlenmişlerdir. Yeken ve arkadaşları (2018a), ülkemizde yer alan 43 tescilli fasulye çeşidinde BCMV ve BCMNV virüslerine karşı muhtemel dayanıklılık 3 farklı gen (*bc-1²*, *I* ve *bc-3*) ile ilişkili 4 farklı markör (SBD-5, SW-13, ROC11/420-350 ve eIFE4) yardımıyla incelemiştir. Ruhimbana ve Mutlu (2019), hem baskın *I* hem de resesif *bc-3* genlerini, marker destekli geri melezleme ıslahı yoluyla hassas Ruanda fasulye genotiplerine transfer etmişlerdir. *I* geni (BCMV-48289723-CAPS) ve *bc-3* geni (ENM-CAPS) için spesifik markerler BC progenlerinde seçim için kullanılmış, başarılı gen kombinasyonu progenilerde BC1F1 ve BC2F1’in %33’ünde, BC₃F₁’in %43’ünde ve BC₃F₂ %16’sında başarıyla gerçekleştirilmiştir. Deligöz ve arkadaşları (2021), 204 fasulye ıslah hattını BCMV (NL-4) ve BCMNV (NL-3) hastalıklarına karşı test etmişlerdir. Araştırma sonucunda, 153 ıslah hattının baskın *I* genini içerdiği belirlenmiştir. Çalışma sonucunda, bu ıslah hatlarının verim ve kalite açısından değerlendirilerek tescillenebileceği, ıslah çalışmalarında virüs direnci kaynağı sağlaması bakımından dirençli hatlarının kullanılabileceği ve ulusal gen bankasında hatlara ait tohumların muhafaza edilmesinin gerekliliği belirtilmiştir.

Yeken ve arkadaşları (2018b) 43 fasulye çeşidinde moleküler belirteçler kullanarak *bc-1²*, *I* ve *bc-3* genlerini araştırmıştır. Bulgular, 32 çeşidin dominant *I* genine sahip olduğunu, 40 çeşidin ise *bc-1²* genini içerdiğini ortaya koymuştur. Palacioğlu ve arkadaşları (2020) ise SW13, SBD-5, ROC11 ve eIFE4 markörlerini kullanarak 39 adi fasulye çeşidinde direnç genlerini araştırmışlardır. Çeşitlerin çoğunda *I+bc-1²* genlerini ve üç çeşitte *bc-3* genini belirlemişlerdir. SCAR markörleri, 204 kuru fasulye ıslah hattında dominant *I* ve resesif *bc-1²* genlerinin varlığını araştırmak için kullanılmıştır (Deligöz vd., 2021). Deligöz ve arkadaşları (2022) sırasıyla SBD-5 ve SW-13 markörlerini kullanarak 58 adi fasulye genotipinde *I+bc-1²* genlerini taramıştır. Test edilen genotiplerden 31’i hem

dominant *I* genine hem de *bc-1*² spesifik ürünlerine sahip olduğunu bildirmişlerdir. Mevcut çalışmada, *I+bc-1*² ve *bc1*²+*bc-3* direnç genlerinin kombinasyonları sırasıyla taranan 21 ve 8 hatta tespit edilmiştir. Ancak, hiçbir fasulye genotipinin üç direnç genine de sahip olmadığı görülmüştür. Buna karşılık, farklı araştırmacılar tarafından yürütülen önceki çalışmalar, her biri farklı direnç mekanizmaları sunan BCMV ve BCMNV suşlarına karşı kapsamlı ve potansiyel olarak kalıcı direnç sağlayan dominant *I* geni ve resesif *bc-3* geninin kombinasyonunun tutarlı bir şekilde göstermiştir (Melotto vd., 1996; Pastor-Corrales vd., 2007; Pasev vd., 2014). Sivil (2022) çalışmasında 38 farklı yerel fasulye hat ve çeşidinde BCMV, BGYMV ve CTV'nin neden olduğu hastalıklara karşı dayanıklılık genlerini SCAR moleküler markörler (SBD5, Q14, ROC11, SAS8, elf4E, SW12, SG6, SW13, SR2) kullanarak araştırmıştır. Güngör, 4F-2409, Aslan/Akman-98, 17 SBVD-19 örneklerinde herhangi bir PCR ürününe rastlanılmadığı için *bc-3* direnç geni bakımından negatif sonuç gözlemiştir. Toplam 38 fasulye örneğinin 25'inde 1250 bç boyutunda beklenen özgül PCR ürün bandı gözlenirken, 13'ünde herhangi bir bant profiline rastlanılmadığını bildirmiştir.

Sivil (2022) çalışmasında 38 farklı yerel fasulye hat ve çeşidinde BCMV, BGYMV ve CTV'nin neden olduğu hastalıklara karşı dayanıklılık genlerini SCAR moleküler markörler (SBD5, Q14, ROC11, SAS8, elf4E, SW12, SG6, SW13, SR2) kullanarak araştırmıştır. Güngör, 4F-2409, Aslan/Akman-98, 17 SBVD-19 örneklerinde herhangi bir PCR ürününe rastlanılmadığı için *bc-3* direnç geni bakımından negatif sonuç gözlemiştir. Toplam 38 fasulye örneğinin 25'inde 1250 bç boyutunda beklenen özgül PCR ürün bandı gözlenirken, 13'ünde herhangi bir bant profiline rastlanılmadığını bildirmiştir. Çulal Kılıç ve arkadaşları (2022) maş fasulyesi tohumlarında BCMV durumunun serolojik ve moleküler yöntemlerle belirlenmesini amaçladıkları çalışmalarında Double Antibody Sandwich Enzyme Linked Immunosorbent Assay (DAS-ELISA) ve Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) yöntemleri ile tespit etmişlerdir. BCMV'nin %9 olarak tespit edildiğini bildirmişlerdir. Enfekte 9 tohum örneğini RTPCR çalışmaları için kullanmışlardır. RT-PCR testi, BCMV'nin coat protein geni (CP) için spesifik primerler kullanılarak örneklerden yaklaşık 850 bp'lik bantların çoğaltıldığını ve UV görüntülemeye beklenen düzeyde bant elde edildiğini göstermiştir.

İbrahim ve arkadaşları (2023) Van havzasındaki virüs kaynaklarını belirlemek ve Van Gölü havzası fasulye genotiplerini BCMV ile yapay olarak inoküle etmeyi amaçladıkları çalışmalarında, geri kazanılan BCMV suşu NL4, çoğu Türkiye'deki Van Gölü havzasından gelen 45 fasulye çeşidine inoküle edilmiştir. Dirençli ve duyarlı arasındaki ayrım görsel semptomlara dayandırılmış ve 45 genotipten 29'u NL-4'e dirençli bulunurken, 16 genotip duyarlı bulunmuştur (8'i orta derecede duyarlı ve 8'i yüksek derecede duyarlı).

Topal (2023), melezleme çalışmalarındaki fasulyelerde hale yanıklığı (*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*) ve adi yaprak yanıklığı (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) hastalıklarına karşı direnç gen profillerinin özgül moleküler markörler ile belirlenmesini amaçladığı çalışmasında, 72 ileri çıkmış hat kullanmıştır. PZR (polimeraz zincir reaksiyonu) çoğaltımları, hale yanıklığı hastalığına karşı 4 adet, adi yaprak yanıklığı hastalığına karşı ise 7 adet SCAR markörü kullanılarak yapılmıştır. Yapılan direnç gen profil analizleri sonucunda 20-SBD-25, 20- SBarBD-12 ve 20-SD-10 fasulye hatlarının diğerlerinden daha fazla gen içererek öne çıktığı bildirilmiştir

Emirlioğlu ve arkadaşları (2023), 43 ümitvar fasulye hattında SCAR markörleri (ROC11, SBD-5 ve SW-13) yardımıyla BCMV ve BCMNV ile ilişkili *I*, *bc-1²* ve *bc-3* gen lokuslarının varlığını tespit ettikleri çalışmalarında *I*, *bc-3* ve *bc-1²* direnç genleri sırasıyla 22, 9 ve 42 fasulye hattında belirlemişlerdir. BCMV ve BCMNV'ye karşı bağışıklık reaksiyonunu garanti eden *I+bc-3* direnç genlerinin kombinasyonu sadece bir hatta olduğunu bildirmişlerdir. Çelik ve arkadaşları (2023), BCMV'nin NL-4 suşuna karşı konak duyarlılığını belirlemek için dış protein genini hedefleyen, SYBR Green tabanlı yeni bir kantitatif gerçek zamanlı PCR (qRT-PCR) testinin geliştirilmesi ve uygulanmasını amaçladıkları araştırmalarında; ortak fasulye genotiplerinin bu BCMV suşuna karşı farklı düzeylerde konak duyarlılığı sergilediğini göstermişlerdir. Semptomların şiddeti açısından YLV-14 genotipi en dirençli, BRS-22 genotipi ise en duyarlı olarak belirlenmiştir. BCMV birikimi, dirençli ve duyarlı genotiplerde inokülasyondan sonra 3., 6. ve 9. günlerde yeni geliştirilen qRT-PCR yöntemiyle analiz edilmiştir. Ortalama döngü eşiği (Ct) değerleri, inokülasyondan sonraki 3. günde hem kök hem de yapraklarda YLV-14 genotipinde viral miktarın anlamlı ölçüde daha düşük olduğunu göstermiştir. Bu nedenle qRT-PCR, düşük virüs miktarlarında bile

fasulye dokularında BCMV birikimini doğru, spesifik ve uygulanabilir bir şekilde değerlendirmiş, enfeksiyonun erken aşamalarında dirençli genotiplerin seçimi için kritik olan yeni ipuçları sağlamıştır.

Dünyada fasulye ıslah programlarında farklı patojenlere karşı dayanıklılık ile ilgili gen piramitlerinin oluşturulması amacıyla çeşitli çalışmalar gerçekleştirilmiştir (Pasev vd., 2014; Wani vd., 2017; Ruhimbana ve Mutlu 2019). Bu kapsamda, ülkemizdeki yerel gen kaynaklarının farklı patojenlere karşı kendine has dayanıklılık genlerine sahip olması, klasik ve modern ıslah programlarına dahil edilmesi bakımından oldukça önemlidir. Daha önce yürütülen Tübitak projesi kapsamında ülkemizin Batı Anadolu Bölgesinden toplanan ve verim, erkencilik, makinalı hasata uygun olarak seçilen ümitvar fasulye hatlarının ve tescilli çeşitlerin (Kantar-05 ve Elkoca-05) yapılan patojenite çalışmasında antraknoz (Özer vd., 2018; Çelik vd., 2023) ve BCMV hastalığına karşı dirençli olmadığı tespit edilmiştir.

1.2.4 Markör Destekli Geri Melezleme Yöntemi

Markör destekli geri melezleme, istenilen özelliklerin bitki genotipine dayalı olarak belirli genetik markörler kullanılarak bitkilerin seçilmesi esasına dayanmaktadır. Bu yöntem, geri melezleme sürecinde istenilen özellikleri taşıyan bireyleri hızlı bir şekilde tanımlamaya yardımcı olmaktadır (Bernardo, 2002). Özellikle hastalık direnci gibi tek bir gen tarafından kontrol edilen özellikler için oldukça yararlı olduğu bildirilmiştir (Visscher, 1996). Markör destekli geri melezlemede izlenilebilecek bazı temel adımlar bulunmaktadır. İlki hastalığa dirençli bir çeşitle, duyarlı bir çeşidin çaprazlanması ile ilk melezin (F_1) oluşmasını sağlamak olan ilk melezlemedir. Sonrasında genetik markör seçiminin gerçekleştirilmesi gerekmektedir. Genetik markör seçiminde dirençli genleri taşıyan F_1 bitkileri, hastalığa direnç sağlayan genleri hedef alan genetik markörler ile test edilmektedir. Markör seçimi sonrasında F_1 bitkilerinin, duyarlı ebeveynle geri melezlenmesi sağlanır. Bu süreç ile dirençli genin sonraki nesillere aktarılmaktadır. Geri melezleme nesillerinde olan bitkiler, markörler kullanılarak tekrar taranır ve dirençli genleri taşıyan bitkiler seçilir. Son olarak saflaştırma veya homozigotlaştırma denilen işlem uygulanır. Bu yöntem hem zaman hem de iş gücü açısından verimli olup, hastalığa toleranslı bitkilerin geliştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Frisch ve Melchinger, 2005).

Markör destekli geri melezleme, fasulyede antraknoz, virüs ve pas bu hastalıklarına karşı dirençli çeşitlerin geliştirilmesinde etkili bir yöntem olarak kullanılmaktadır. Fasulye antraknozu direncinin geliştirilmesinde, özellikle Co genleri kullanılarak markör destekli geri melezleme yöntemi uygulanmıştır. Fasulye antraknozu direncinin geliştirilmesinde, özellikle Co genleri kullanılarak markör destekli geri melezleme yöntemi uygulanmıştır. Kelly ve Miklas (1998) tarafından tanımlanan 15 farklı direnç genine bağlı 23 RAPD işareti ve 5 SCAR işaretini içermektedir. Moleküler işaretler ve pas hastalığına karşı direnç genlerinin bağlantı haritalaması Miklas ve arkadaşları (2002) tarafından gözden geçirilmiştir. Kelly ve Vallejo (2004), antraknoz direnci için markörler, markör yardımcı haritalama, harita konumu ve ıslah değeri hakkında bir özet sunmuştur. Benzer şekilde, Miklas ve arkadaşları (2006), antraknoz, köşeli yaprak lekesi, yaygın bakteriyel leke, hale bakteriyel leke, fasulye sarı mozaik virüsü, kök çürükleri, pas ve beyaz küf gibi hastalıklara karşı direnç için markör yardımcı haritalamayı gözden geçirmiştir.

Bu tez çalışmasında, ümitvar fasulye hatlarına (Çanakkale-4 ve Yalova-28) ve tescilli çeşitlere (Elkoca-05 ve Kantar-05) fasulyenin en önemli hastalıkları arasında yer alan antraknoz ve BCMV hastalıklarına karşı dayanıklılıkta rol oynayan gen lokuslarının (*Co-1*, *Co-4²*, *Co-6*, *bc-3* ve *I*) markör destekli geri melezleme yöntemiyle BMN-RMR-13 genotipinden aktarılması ile ıslah çalışmalarına örnek olabilecek bir kaynak oluşturulması, ıslahçıların iş gücü ve masraf konusundaki yükünün azaltılması amaçlanmıştır.

2. MATERYAL ve YÖNTEM

2.1 Materyal

Çalışmada TÜBİTAK destekli proje (Proje No:115R042) kapsamında Batı Anadolu Bölgesinden (2016-2017) toplanmış ve çeşit değerlendirme kriterlerine göre morfolojik karakterizasyonları yapılmış yerel kuru fasulye genotiplerinden tek bitki seleksiyon yöntemiyle verimli, erkenci ve makinalı hasada uygun 2 fasulye (Yalova-28 ve Çanakkale-4) ümitvar hattı ve 2 tescilli fasulye çeşidi (Kantar-05, Elkoca-05) ile USDA'dan temin edilen BCMV hastalığına dayanıklılık geni içeren bir adet (Bmn-Rmr-13 (Reg. No. GP-252, PI 642019, USDA-ARS Beltsville Agricultural Research Center, Beltsville, MD; Pastor-Corrales vd., 2007) fasulye genotipi materyal olarak kullanılmıştır (Tablo 2.1.).



Fotoğraf 2.1. Çalışmada geri melezleme aşamalarında tekrarlanan ebeveyn olarak kullanılan tohumların fotoğrafları

115R042 nolu TÜBİTAK projesi sonucunda BMN-RMR-13 fasulye genotipinin antraknoz etmenine karşı dayanıklılıkta rol oynayan *Co-1*, *Co-1⁵*, *Co-2*, *Co-4²* ve *Co-6* genlerini içerdiği belirlenmiştir.

Tablo 2.1. Çalışmada kullanılan fasulye genotipleri

Genotip	İli/İlçesi/Köyü	Toplanan Kişi	Yükseklik	Koordinat
ÇNK-4	Çanakkale/Biga/Aşağıdemirci	Levatin Demirhan	25 m	40°14'38.70"K, 27°22'17.65"D
YLV-28	Yalova/Merkez/Kurtköy	Mustafa Kurtuluş	362 m	40°33'12.70"K, 29°12'52.17"D
Elkoca-05*	Atatürk Üniversitesi Ziraat Fak	27.04.2005 (Tescil tarihi)		
Kantar-05*	Atatürk Üniversitesi Ziraat Fak	27.04.2005 (Tescil tarihi)		
BMN-RMR- 13**	USDA-ARS Beltsville Tarımsal Araştırma Merkezi (Reg. No. GP-252, PI 642019)			

*Tescilli çeşit, **USDA'dan temin edilen dayanıklılık geni içeren fasulye genotipi.

2.2 Yöntem

2.2.1 Ebeveynlerin Melezlenme İşlemleri

Fasulye çiçeğinde melezleme işlemi, öncelikle melezleme pensu alkole batırılarak dezenfekte edilmiştir. Ardından, henüz açmamış olan çiçek tomurcuğunun bayrakçık (vexillum) yaprağı pensu yardımıyla ortadan ikiye ayrılarak iç kısımdaki kanatçığa (alea) ulaşılmıştır. Kanatçıklardan biri pensu ile dikkatlice kopararak kayıkçığa (carina) varılmıştır. Kayıkçık pensu ile ikiye ayrılarak iç kısımda yer alan erkek organlar dışıciğe zarar vermeden dipten koparılmıştır. Bu şekilde, melezlenecek olan ana bitkide emaskülasyon işlemi tamamlanmıştır. Pensu tekrar alkole batırılarak ve baba bitki olarak seçilen genotipten çiçek tozu alınarak dışıciğ tepesine uygulanmıştır. Çiçek tozu uygulandıktan sonra kayıkçık ve bayrakçık, dışıciğ tepesinin kurumasını önleyecek

şekilde kapatılmıştır. Ana ve baba bitkinin isimleri etikete yazılarak çiçeğe zarar vermeden etiket bağlanmıştır.



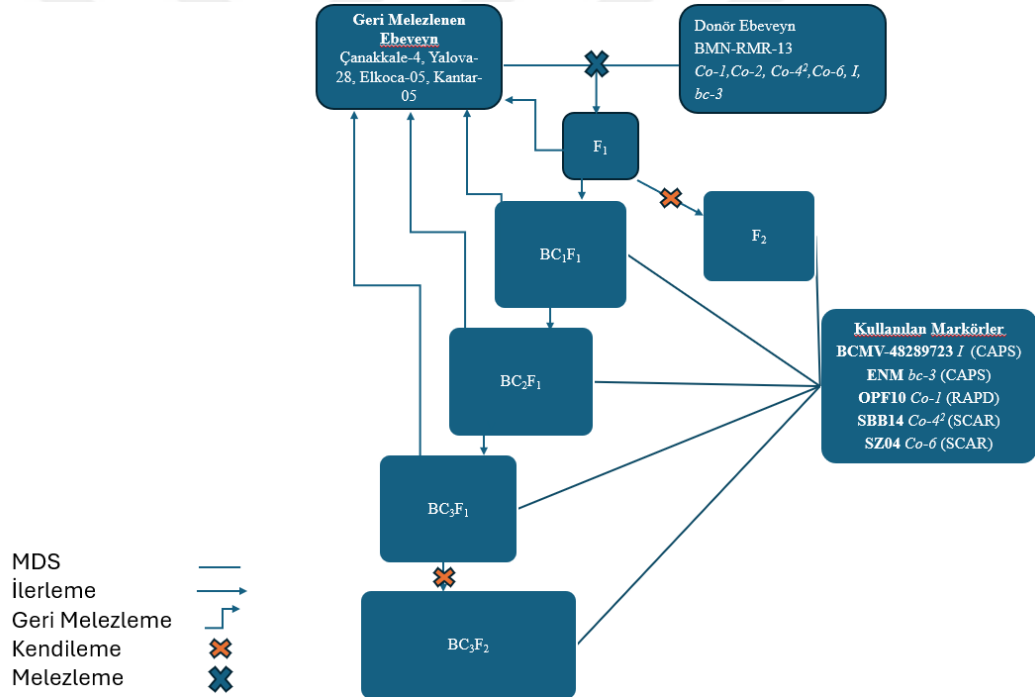
Fotoğraf 2.2. Fasulyede geri melezleme çalışmalarına ait görseller

Melezleme çalışmaları 2021-2024 yıllarında Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, Araştırma ve Uygulama Serasında 5 farklı dönemde gerçekleştirilmiştir. Yetiştirme dönemlerinde uygulanan yöntemler aşağıda detaylı olarak verilmiştir (Şekil 2.1.).

1. Yetiştirme Dönemi: Hassas (Kantar-05, Elkoca-05, Çanakkale-4 ve Yalova-28) x Dayanıklı BMN-RMR-13 (Reg. No. GP-252, PI 642019) melezlemeler yapıldıktan sonra F_1 bitkileri elde edilmiştir. Moleküler çalışmalar gerçekleştirilmiştir.
2. Yetiştirme Dönemi: F_1 'ler ana ebeveynle (Kantar-05, Elkoca-05, Çanakkale-4 ve Yalova-28) geriye melezlenerek ve Bc_1F_1 'ler elde edilmiştir. Ayrıca, F_1 bitkilerinin bir kısmı melezlemeye tabii tutulmayarak açılımları görmek için F_2 generasyonu elde edilmiştir. Moleküler çalışmalar gerçekleştirilmiştir.

3. Yetiştirme Dönemi: Bc_1F_1 'ler ana ebeveynle (Kantar-05, Elkoca-05, Çanakkale-4 ve Yalova-28) tekrar geriye melezlenmiştir ve Bc_2F_1 'ler elde edilmiştir. Moleküler çalışmalar gerçekleştirilmiştir.
4. Yetiştirme Dönemi: Bc_2F_1 'ler ana ebeveynle (Kantar-05, Elkoca-05, Çanakkale-4 ve Yalova-28) geriye melezlenmiş ve Bc_3F_1 'ler elde edilmiştir. Moleküler çalışmalar gerçekleştirilmiştir.
5. Yetiştirme Dönemi: Bc_3F_1 'ler kendilenerek Bc_3F_2 'ler elde edilmiştir. Moleküler çalışmalar gerçekleştirilmiştir.

Bc_3F_2 'ler Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, Araştırma ve Uygulama Alanı'nda arazi denemesine alınmış, bazı fenotipik ve agronomik özelliklerin değerlendirilmesi yapılmıştır.



Şekil 2.1. Antraknoz ve BCMV'ye karşı dirençli fasulye hatlarını geliştirmek için kullanılan ıslah yönteminin diyagramı

2.2.2 DNA Ekstraksiyonu, PCR Amplifikasyon Koşulları, Elektroforez Aşaması ve Moleküler Markörler

Melezleme işleminden elde edilen her bir bakladan tohumlar alınarak etiketlenmiştir. DNA izolasyonu için her bir melez tohum 23 °C sıcaklık ve 14/10 saatlik ışık periyodu içeren kontrollü bitki geliştirme odalarında yetiştirilmiştir. Bu amaçla %1'lik NaOCl solüsyonunda 1 dk. süreyle yüzeysel dezenfeksiyona tabi tutulan tohumlar toprak, kum, gübre karışımı içeren (1:1:1 v/v) 16 cm çapındaki saksılara ekilmiş ve 10 gün bitki geliştirme odasında büyütülmüştür.



Fotoğraf 2.3. DNA izolasyonu için hatların yetiştirilmesi

Yetiştirilen bitkilerden, 50-100 mg bitki dokusu alınarak DNeasy Plant Mini ekstraksiyon kiti ile DNA izolasyonları (QIAGEN) gerçekleştirilmiştir. DNA konsantrasyonları ise spektrofotometrik olarak 260 nm ölçüm yapılarak belirlenmiş ve tüm DNA örnekleri -20 °C' de saklanmıştır. Daha sonra her bir fasulye genotipi antraknoz ve virüs hastalığı ile ilişkili olduğu bildirilen farklı genlerle ilişkili moleküler markörlerle taranmıştır. Bu amaçla Tablo 2.2.'de belirtilen markörler kullanılmıştır.

Tablo 2.2. Çalışmada kullanılan moleküler markörler

Primer	Gen adı	Markör	Primerlerin baz dizilimi (5'>3')	Bant Boyu	PCR Döngüleri	Literatür
BCMV-48289723	<i>I</i>	CAPS	F- AGGAGGAAGAACGG TGGTC R- TTTGGTGGTAATTTG AAAATGG	311 bp	94°C de 5 dak; 94°C 30 sn; 58°C 30 sn; 72°C 30 sn; 35 döngü ve 72°C 5 dak	Bello vd. (2014)
ENM	<i>bc-3</i>	CAPS	F- ACCGATGAGCAAACC CTA R- CAACCAACTGGTATT CGGATT	541 bp	94°C 20 sn; 69°C 20 sn ; 72°C 20 sn; 40 döngü; 95°C 3 dak	Naderpour vd. (2010)
OPF10	<i>Co-1</i>	RAPD	F-GGAAGCTTGG	530 bp	94 °C 1 min., 35 °C 1 min, 72 °C 2 min, 3 döngü; 94 °C 10 s, 40 °C 20 s, 72 °C 2 min 34 döngü ve 72o C 5 min	Young ve Kelly (1998)
SBB14	<i>Co-4²</i>	SCAR	F- GTGGGACCTGTTCAA GAATAATAC R- GTGGGACCTGGGTAG TGTAAGAAAT	1150/1050 bp	94°C 10sn, 67°C 40sn. 72°C 1.5 dak. 34 döngü ve 72°C 5dak	Awale ve Kelly, 2001; Kelly vd., 2003
SZ04	<i>Co-6</i>	SCAR	F- GGCTGTGCTGATTAA TTCTGG R-TGCTCA TTTATAATGGAGAA AAA	567 bp	94 C 30s, 45°C 120s, 72°C 1,5 min, 45 döngü	De Queiroz vd., 2004; Kelly vd., 2003

PCR amplifikasyonları 0.2 µM dNTPs, 0.3 µM primer, 1.5 mM MgCl₂, PCR buffer, 10-20 ng DNA, 1 U Taq DNA polimeraz içeren 25 µl' lik hacimlerde gerçekleştirilmiştir. PCR koşulları ise Tablo 2.2.'deki literatürlerde belirtilen koşullar kullanılarak ön çalışmalarda optimize edilmiştir. Elde edilen PCR ürünlerinin %1,4'lük agaroz jelde 100V' da elektroforetik olarak ayrılarak gözlemlenmiştir. Beklenen PCR ürünlerinin büyüklükleri ise 100 bp DNA ladder kullanılarak tespit edilmiştir (Tiwari vd., 2005; Martins vd., 2006).



Fotoğraf 2.4. Moleküler çalışmalara ait görseller

ENM CAPS markörü *bc-3* alelini etiketlerken, BCMV-48289723 CAPS markörü *I* direnç alelini işaret etmektedir (Tablo 2.2.).

BCMV -4829723 SCAR markörünün 15 µl pcr ürünü, 20µl den oluşan 1xFastDigest Green bufferı ve 1µl FastDigest TaqI enzimi ile kesilmiştir. Reaksiyon Termocycler ile 4 saat 65°C de inkübe edilerek kesilen ürünler ayrılmıştır. *I* genini taşıyan fasulye hatlarının %2'lik agaroz jeli üzerinde TaqI enzimi ile kesilen bantlar 201 ve 110 bp'da gözlenmiştir (Bello vd., 2014).

ENM CAPS markörü 15 µl pcr ürünü RsaI enzimiyle kesilmiştir. Reaksiyon Termocycler ile 4 saat 37°C de inkübe edilerek kesilen ürünler ayrılmıştır. *bc-3* genini taşıyan fasulye hatlarının %2'lik agaroz jel üzerinde 160 bp , 381 bp büyüklüğünde gözlenmiştir (Naderpour vd., 2010).

2.2.3 Araştırma Yeri ve Yılı

Araştırmada, melezleme çalışmaları Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Araştırma ve Uygulama serasında, fenotipik ve agronomik gözlemleri ise Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Araştırma ve Uygulama arazisinde gerçekleştirilmiştir. Araştırma 2021-2024 yılları arasında gerçekleştirilmiştir. Melezleme çalışmaları 2021-2023 yılları arasında yapılmış olup 2024 yılı Mayıs ayında fenotipik ve agronomik gözlemlerin alınması için ekim gerçekleştirilmiştir.



Fotoğraf 2.5. Deneme alanından görünüm

2.2.4 Uygulama Alanının İklim ve Toprak Özellikleri

Araştırmanın yürütüldüğü Bolu ili, deniz iklimi ile İç Anadolu'nun karasal iklimi arasında bir geçiş bölgesi olduğundan, her iki iklimin etkisi altındadır. Karadeniz kıyısındaki bölgelerde yazlar serin, kışlar ılık geçerken; mevsimler arasındaki sıcaklık farkı azdır. İç kesimlerde ise yaz ve kış mevsimleri arasındaki

sıcaklık farkı çok belirgindir; kışlar soğuk ve kar yağışlıdır. Araştırmanın yürütüldüğü Bolu iline ait 2024 yılı ortalama yağış ve sıcaklık değerleri Tablo 2.3’de verilmiştir.

Tablo 2.3. Bolu iline ait 2024 yılı ortalama yağış ve sıcaklık değerleri

Aylar	Sıcaklık(C°)			Yağış Miktarı (kg/m ²)	Nisbi Nem (%)
	Minimum	Maksimum	Ortalama		
Nisan	2,4	29,6	14,2	21,0	53,8
Mayıs	0,8	29,3	13,4	77,1	71,3
Haziran	11,6	36,3	21,85	6,7	60,8
Temmuz	11,4	34,7	22,05	63,7	66,2
Ağustos	9,8	33,6	21,6	0,1	63,0
Eylül	9,3	32,6	18,76	13,6	68,5

Araştırma alanının toprak özelliklerini belirlemek amacıyla, 0-20 cm derinlikten alınan toprak örnekleri Bolu Gıda Tarım ve Hayvancılık İl Müdürlüğü toprak analiz laboratuvarında incelenmiş ve sonuçlar Tablo 2.4.’de sunulmuştur.

Tablo 2.4. Toprak analiz sonuçları

Tekstür	pH	Toplam tuz (%)	Kireç (%)	Organik Madde (%)	Alınabilir Fosfor P ₂ O ₅ (Kg/da)	Alınabilir Potasyum K ₂ O (Kg/da)
Killi-Tınlı	7,37	0,01	0,69	0,83	42,89	182,4

Uygulama alanındaki toprağın killi-tınlı bünyeye sahip, hafif alkali, kireçli ve tuzsuz olduğu belirlenmiş; organik madde açısından düşük, fosfor açısından çok yüksek ve potasyum açısından yeterli olduğu tespit edilmiştir.

2.2.5 Deneme Deseni

Deneme, 08 Nisan 2024 tarihinde Abant İzzet Baysal Üniversitesi Araştırma ve Uygulama alanında, Tesadüf Blokları Deneme Desenine göre üç tekerrürlü olarak kurulmuştur. Melezleme çalışmaları sonucunda elde edilen 4 geri melez hattı (Elkoca-05 BC₃F₂, Kantar-05 BC₃F₂, Çanakkale-4 BC₃F₂ ve Yalova-28 BC₃F₂) ile 5 ebeveyn bitki (BMN-RMR-13, Elkoca-05, Kantar-05, Çanakkale-4 ve Yalova-28) her biri 15 bitki içerecek şekilde sıraya ekilmiştir. Parseller 70 cm sıra üzeri mesafelerle düzenlenmiş olup, her parsel tek bir sıradan oluşmuştur. Parseller arasında 70 cm boşluk bırakılmış ve her blok 10.5 m parsel uzunluğu ve 6.3 m

parsel eni olmak üzere bir blok toplamda 9 sıradan oluşturulmuştur. Toplam deneme alanı, bloklar arası mesafe dahil olmak üzere 10,5 m x 20,9 m boyutlarında 219,45 m² olarak tasarlanmıştır.

2.2.6 Ekim ve Bakım İşlemleri

Ekim işlemi 08 Nisan 2015 tarihinde yapılmış olup deneme alanına ekimle birlikte taban gübresi olarak dekara 4,5 kg amonyum sülfat (NH₄)₂SO₄ (%21 N) ve azotlu gübre olarak ise yarısı ekimle birlikte yarısı da bitkinin çiçeklenme döneminden önce olmak üzere dekara toplam 6 kg diamonyum fosfat (NH₄)₂HPO₄ DAP (18-46-0) gelecek şekilde verilmiştir. Denemenin kurulmasıyla birlikte bakım işlemlerinin en önemli parçası olan yabancı otla olan mücadele elle ve çapa ile yapılmıştır. Sulama işlemi damla sulama sistemi ile günlük yapılmıştır.

2.2.7 Agronomik Özellikler

Denemede incelenen fenolojik ve morfolojik özellikler Balkaya (1999), Çiftçi (2006) ve TTSM'nin Tarımsal Değerleri Ölçme ve Değerlendirme ile ilgili talimatlarına göre yapılmıştır.

3.2.5.1 Çıkış (Gün)

Tohumların toprağa ekildiği tarih ile bitkilerin %50' sinin toprak yüzeyine çıktığı tarih arasındaki süre gün cinsinden hesap edilmiş ve 'Çıkış Gün Sayısı' olarak kaydedilmiştir.

3.2.5.2 Çiçeklenme Gün Süresi (gün)

Ekim tarihi ile bitkilerin en az %50'sinde çiçeklenmenin görüldüğü tarih arasındaki gün sayısı hesaplanarak elde edilmiştir.

3.2.5.3 Bakla Bağlama Süresi (gün)

Ekim tarihi ile bitkilerin en az % 50'sinde bakla görüldüğü tarih arasındaki gün sayısı hesaplanarak tespit edilmiştir.

3.2.5.4 Olgunlaşma Süresi (gün)

Ekimden itibaren bitkilerin hasat olgunluğuna gelene kadar geçen süre gün sayısı olarak tespit edilmiştir.

3.2.5.5 Hipokotil Kalınlığı (mm)

Aşı birleşim yeri olan kotiledon yaprakların hemen altından ve yapraklara paralel olacak şekilde dijital kumpas ile ölçülerek hipokotil kalınlığı olarak kaydedilmiştir. Hipokotilin orta kısmından dijital kumpas (Mitutoyo, Japonya) ile hipokotil çapı (mm) ölçülmüştür.

3.2.5.6 Hipokotil Uzunluğu (cm)

Fidelerin kök boğazı ile kotiledon yapraklarını arasındaki kısım bir cetvel yardımıyla ölçülmüştür.

3.2.5.7 Bitki Boyu (cm)

Hasat dönemine yakın toprak yüzeyi ile bitkinin en uç noktası arasındaki dikey açıklık ölçülerek belirlenmiştir.

3.2.5.8 Bitkide Dal Sayısı (adet/bitki)

Bitkilerde ana sap üzerinde dallar sayılarak ortalaması alınmış ve bitki başına dal sayısı “adet/bitki” olarak bulunmuştur.

3.2.5.9 İlk Bakla Yüksekliği (cm)

Her parselden seçilen 5 adet bitkinin ilk oluşan baklası ile toprak yüzeyi arasındaki uzunluk ortalamaları alınarak ilk bakla yüksekliği değerleri bulunmuştur.

3.2.5.10 Bitkide Bakla Sayısı (adet/bitki)

Bitkilerdeki baklalar sayılarak ortalaması alınmış ve bitki başına bakla sayısı “adet/bitki” olarak bulunmuştur.

3.2.5.11 Baklada Tane Sayısı (adet/bakla)

Uzunlukları tespit edilmiş olan 10 adet baklanın içerisindeki taneler sayılmış, ortalamaları alınarak adet/bakla olarak verilmiştir.

3.2.5.12 Bitki Başına Tane Verimi (g/bitki)

Her sıradaki bitkiler sayılarak hasat edildikten sonra harmanlanmış ve toplam tane ağırlığı hasattaki bitki sayısına bölünerek bitki başına kuru tane verimleri g olarak tespit edilmiştir

3.2.5.13 Bin Tane Ağırlığı (g)

Her parselden alınan tohumların saf tohumluk olarak ayrılan kısmından 4x100 adet tohum alınıp hassas terazi ile tartıldıktan sonra bu dört tartımın ortalaması alınıp 10 ile çarpılarak gram cinsinden bin tane ağırlığı bulunmuştur.

3.2.5.14 Biyolojik verim (g/bitki)

Her parselden alınan bitkilerin sap+yaprak+kök+taneleri tartılarak g/bitki cinsinden hesaplanarak belirlenmiştir.

3.2.5.15 Hasat İndeksi (%)

Biyolojik verimin bitki başına tane verimine bölünüp 100 ile çarpılmasıyla hesaplanmıştır.

3.2.5.16 Tohum Boyu (mm)

Her parselden hasat edilen 10 bitkinin tohumlarından, tesadüfi olarak seçilen 20 tohumun boyu dijital kumpas ile ölçülmüş ve ortalaması alınarak belirlenmiştir.

3.2.5.17 Tohum Eni (mm)

Her parselden hasat edilen 10 bitkinin tohumlarından, tesadüfi olarak seçilen 20 tohumun eni dijital kumpas ile ölçülmüş ve ortalaması alınarak belirlenmiştir.

3.2.5.18 Tohum Çapı (mm)

Her parselden hasat edilen 10 bitkinin tohumlarından, tesadüfi olarak seçilen 20 tohumun Çapı dijital kumpas ile ölçülmüş ve ortalaması alınarak belirlenmiştir.

2.2.8 Verilerin Değerlendirilmesi

F₂ popülasyonunda Co- 1, Co-4², Co-6 ve I genleri için 3R:1S (R: direnç aleli, S: duyarlı alel) ve bc-3 geni için 1R:3S ve BC popülasyonlarında CAPS, RAPD, SCAR markörleri ile beş gen için 1R:1S beklenen oranından sapma olup olmadığını kontrol etmek için ki-kare testi (0.05) yapılmıştır.

Arařtırmada elde edilen arazi deęerleri SPSS istatistik paket programında ANOVA testine tabi tutulmuř ve ortalamalar TUKEY HSD (Honestly Significant Difference) oklu karřılařtırma testi ile belirlenmiřtir.



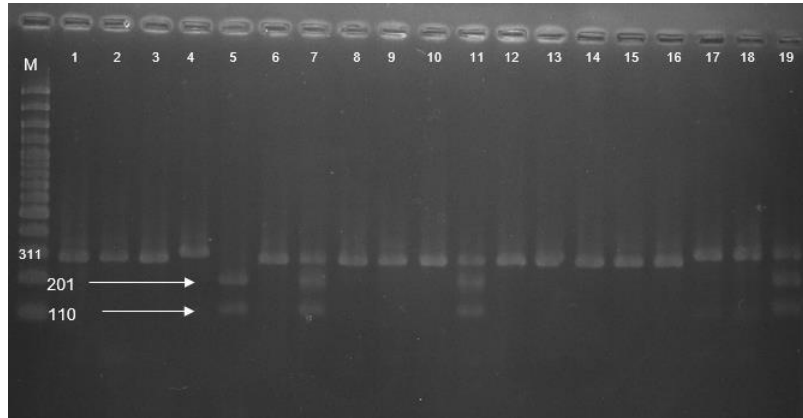
3. BULGULAR

3.1 Direnç geni lokuslarına sahip melezlerin moleküler çalışmalar ile belirlenmesi

Fasulyede antraknozün tüm ırklarına ve BCMV tanımlanmış suşlarına karşı dirençli fasulye çeşitlerinin geliştirilmesi ve bu patojenleri kontrol etmenin en etkili ve ekonomik yollarından biridir (Ruhimbana ve Mutlu, 2019).

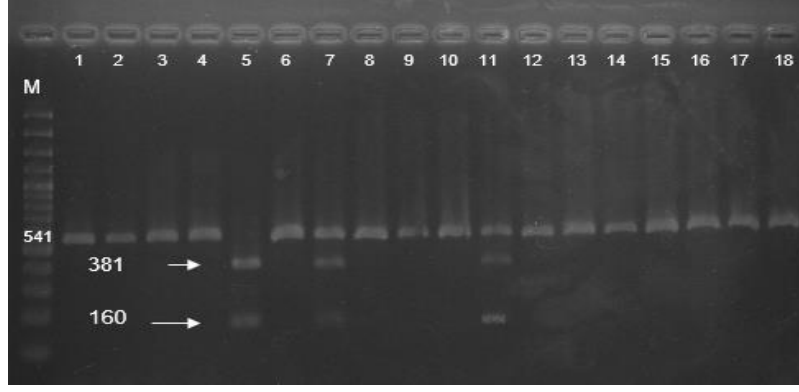
Bu çalışma, ümitvar hatlar ve çeşitlerde BCMV ve antraknoz enfeksiyonlarına karşı dayanıklılık genlerinin başarıyla aktarıldığını göstermiştir. Melezlemeler Yalova 28 ve Çanakkale 4 ümitvar hatları ile Kantar 05 ve Elkoca 05 çeşitleri ve BMN-RMR-13 çeşidi arasında gerçekleştirilmiştir (Şekil 1). Antraknoz ve BCMV'ye karşı dirençli genler geri melezleme uygulamaları ile ümitvar hatlara ve ticari çeşitlere aktarılmıştır.

İslah programı çeşitli adımlarla gerçekleştirilmiştir. İlk adımda, donör (BMN-RMR-13) ve tekrarlayan ebeveynler (Yalova-28, Çanakkale-4, Kantar-05 ve Elkoca-05) arasında melezleme gerçekleştirilmiştir. Teorik olarak, resesif olan *bc-3* genine sahip bitkiler dışında direnç genleri baskın olduğu için tüm F₁ bitkilerinin dirençli olması beklenmektedir. İkinci adımda F₂ bitkilerini geliştirmek için F₁ bitkileri kendilenerek bu süreç sonucunda 64 F₂ popülasyonu elde edilmiştir (Şekil 3.1,2,3,4,5).



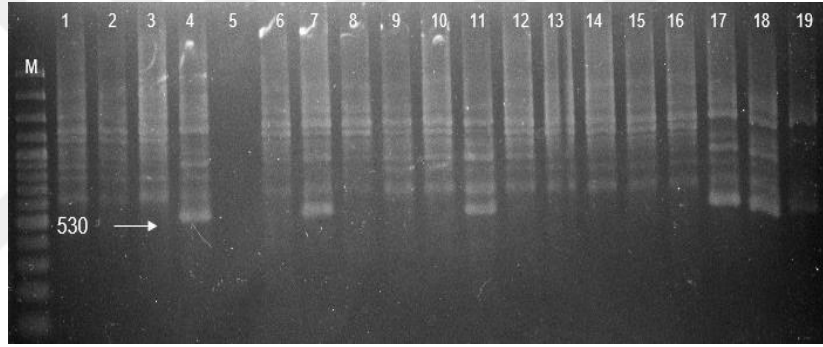
Şekil 3.1. F₂ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün *I* geni sonuçları
311(201/110) bp

*BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *I* genine bağlı alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 311 bp'lik PCR amplikonunun TaqI enzimi ile kesimi sonucunda 201 bp ve 110 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-4,6,8-10,12-18 BCMV-hassas sıralar. 5,7,11,19 BCMV- dayanıklı sıralar)



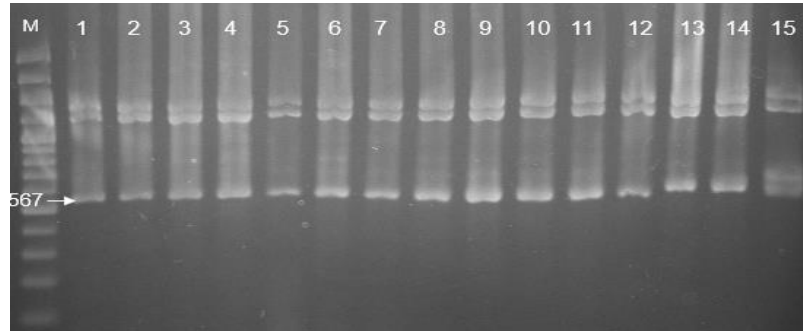
Şekil 3.2. F₂ popülasyonunda ENM markörünün *bc-3* geni sonuçları 541(381/160) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *bc-3* genine hedefleyen alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 541 bp'lik PCR ampliconunun RsaI enzimi ile kesimi sonucunda 381 bp ve 160 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-4,6,8-10,12-18 hassas sıralar, 5,7,11,dayanıklı sıralar)



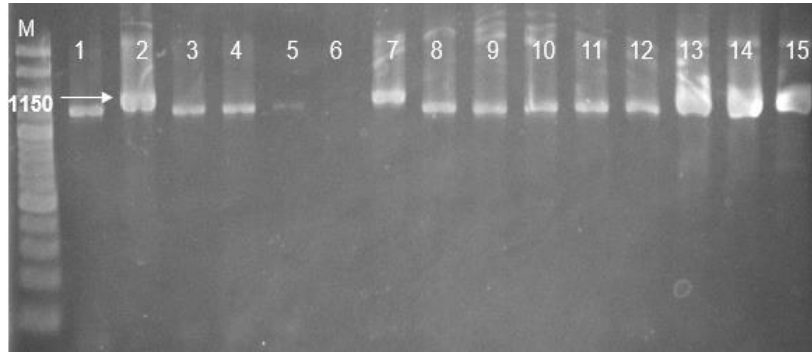
Şekil 3.3. F₂ popülasyonunda OPF10 markörünün *Co-1* geni sonuçları 530

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-1* genine hedefleyen alele özgü OPF10 primeri için restriksiyon modelinde 530 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-3,5,6,8-10,12-16 hassas sıralar, 4,7,11,17,18,19, dayanıklı sıralar)



Şekil 3.4. F₂ popülasyonunda SZ04 markörünün *Co-6* geni sonuçları 567 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-6* genine hedefleyen alele özgü SZ04 primeri için restriksiyon modelinde 567 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-15 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.5. F₂ popülasyonunda SBB14 markörünün *Co-4*² geni sonuçları 1150 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-4*² genine hedefleyen alele özgü SBB14 primeri için restriksiyon modelinde 1150 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1, 3, 4, 6, 8-12 hassas sıralar, 2, 5, 7, 13-15 dayanıklı sıralar)

Yapılan melezleme çalışmaları sonucunda Çanakkale-4 ümitvar hattından 16 tane F₂ hattı, Yalova-28 ümitvar hattından 20 tane F₂ hattı, Elkoca-05 çeşidinden 12 tane F₂, Kantar-05 çeşidinden 16 tane F₂ hattı elde edilmiştir. F₂ değerleri ki kare tablosu Tablo.3.1.'de verilmiştir.

Tablo 3.1. F₂ popülasyonlarının *bc-3*, *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *I* genleri için ki kare analizi

F ₂ Melezleri	Beklenen	Gözlenen	x ²	p-değeri
<i>bc-3</i>	16:48	13:51	0,86	0,221
<i>I</i>	48:16	51:13	0,86	0,221
<i>Co-1</i>	48:16	42:22	3	0,083
<i>Co-4</i> ²	48:16	43:21	2,08	0,148
<i>Co-6</i>	48:16	45:19	0,75	0,386

Ki-kare testi, F₂ popülasyonunda *I*, *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* geni için beklenen 3R:1S (R: direnç aleli, S: duyarlı alel) ve *bc-3* geni için 1R:3S oranında sapma olup olmadığını kontrol etmek için 0,05 anlamlılık düzeyinde gerçekleştirilmiştir. P-değerleri ki-kare skorlarından hesaplanmıştır. Gen geçişine ait skorlama Tablo 3.2. de verilmiştir.

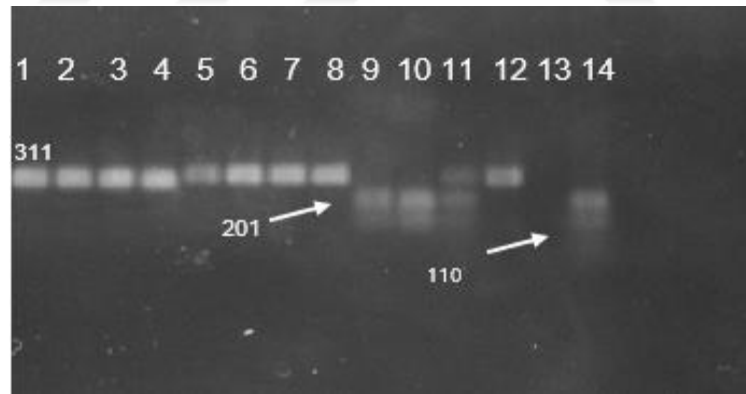
Tablo 3.2. F₂ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

Melezler	BCMV- 48289723- CAPS, I	ENM CAPS bc-3	OPF10 RAPD Co-1	SBB14 SCAR Co-4 ²	Sz04 SCAR Co-6
Çanakkale4-1	+	+	+	+	+
Çanakkale4-2	+	+	+	+	+
Çanakkale4-3	+	+	+	+	+
Çanakkale4-4	+	+	+	+	+
Çanakkale4-5	+	-	+	+	+
Çanakkale4-6	+	-	+	+	+
Çanakkale4-7	+	-	+	+	+
Çanakkale4-8	+	-	+	+	+
Çanakkale4-9	+	-	+	+	+
Çanakkale4-10	+	-	+	+	+
Çanakkale4-11	+	-	+	+	+
Çanakkale4-12	+	-	+	+	+
Çanakkale4-13	-	-	+	+	+
Çanakkale4-14	-	-	+	+	+
Çanakkale4-15	-	-	-	-	-
Çanakkale4-16	-	-	-	-	-
Yalova28-1	+	+	+	+	+
Yalova28-2	+	+	+	+	+
Yalova28-3	+	+	+	+	+
Yalova28-4	+	+	+	+	+
Yalova28-5	+	+	+	+	+
Yalova28-6	+	-	+	+	+
Yalova28-7	+	-	+	+	+
Yalova28-8	+	-	+	+	+
Yalova28-9	+	-	+	+	+
Yalova28-10	+	-	+	+	+
Yalova28-11	+	-	+	+	+
Yalova28-12	+	-	+	+	+
Yalova28-13	+	-	+	+	+
Yalova28-14	+	-	+	+	+
Yalova28-15	+	-	+	+	+
Yalova28-16	+	-	-	+	+
Yalova28-17	-	-	-	+	+
Yalova28-18	-	-	-	-	-
Yalova28-19	-	-	-	-	-
Yalova28-20	-	-	-	-	-
Elkoca05-1	+	+	+	+	+
Elkoca05-2	+	+	+	+	+
Elkoca05-3	+	+	+	+	+
Elkoca05-4	+	-	+	+	+
Elkoca05-5	+	-	+	+	+
Elkoca05-6	+	-	+	+	+
Elkoca05-7	+	-	+	+	+
Elkoca05-8	+	-	+	+	+
Elkoca05-9	+	-	+	+	+
Elkoca05-10	-	-	+	+	+
Elkoca05-11	-	-	-	-	-
Elkoca05-12	-	-	-	-	-
Kantar05-1	+	+	+	+	+
Kantar05-2	+	+	+	+	+
Kantar05-3	+	+	+	+	+

Tablo 3. 2. (devam) F2 hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

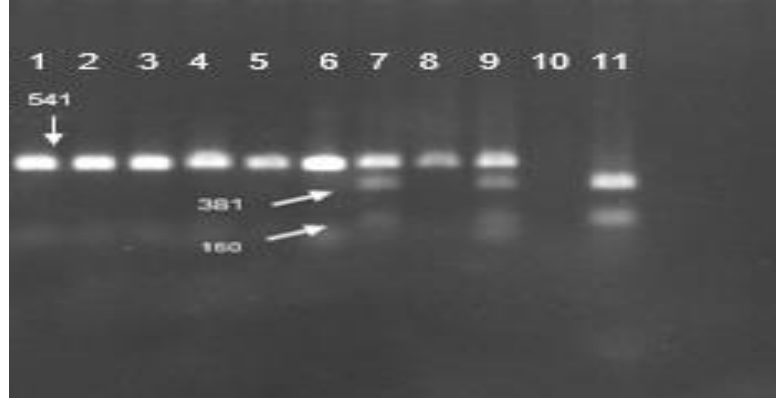
Melezler	BCMV-48289723-CAPS, <i>I</i>	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Kantar05-4	+	+	+	+	+
Kantar05-5	+	-	+	+	+
Kantar05-6	+	-	+	+	+
Kantar05-7	+	-	+	+	+
Kantar05-8	+	-	+	+	+
Kantar05-9	+	-	+	+	+
Kantar05-10	+	-	+	+	+
Kantar05-11	+	-	+	+	+
Kantar05-12	+	-	+	+	+
Kantar05-13	-	-	-	-	-
Kantar05-14	-	-	-	-	-
Kantar05-15	-	-	-	-	-
Kantar05-16	-	-	-	-	-

BC₁F₁ hatlarını geliştirmek için geri melezleme uygulaması yapılmıştır. F₁ hatları, Yalova-28, Çanakkale-4, Kantar-05 ve Elkoca-05 ile geri melezlenmiştir. Geri melezlemeler sonucunda elde edilen 32 BC₁F₁ döl popülasyonu ile gerçekleştirilen segregasyon popülasyonlarından sonuçlar elde edilmiştir (Şekil 3.6,7,8,9,10).



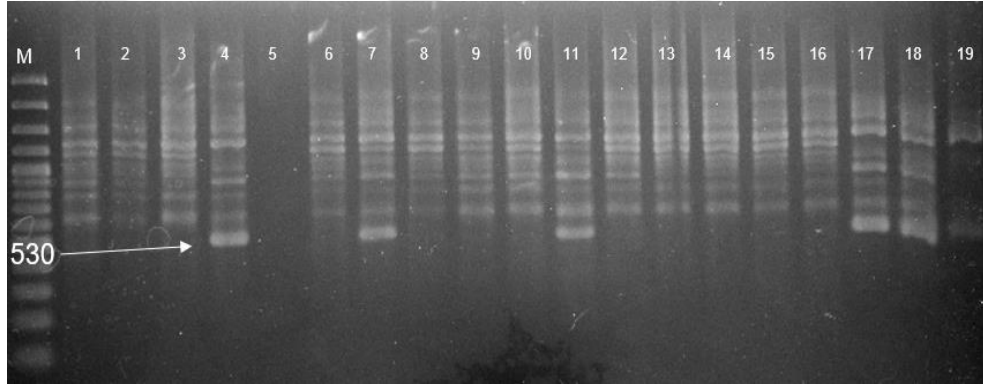
Şekil 3.6. BC₁F₁ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün *I* geni sonuçları 311(201/110) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *I* genine bağlı alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 311 bp'lik PCR amplikonunun TaqI enzimi ile kesimi sonucunda 201 bp ve 110 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-8,12,13 BCMV-hassas sıralar. 9,10,11,14 BCMV- dayanıklı sıralar)



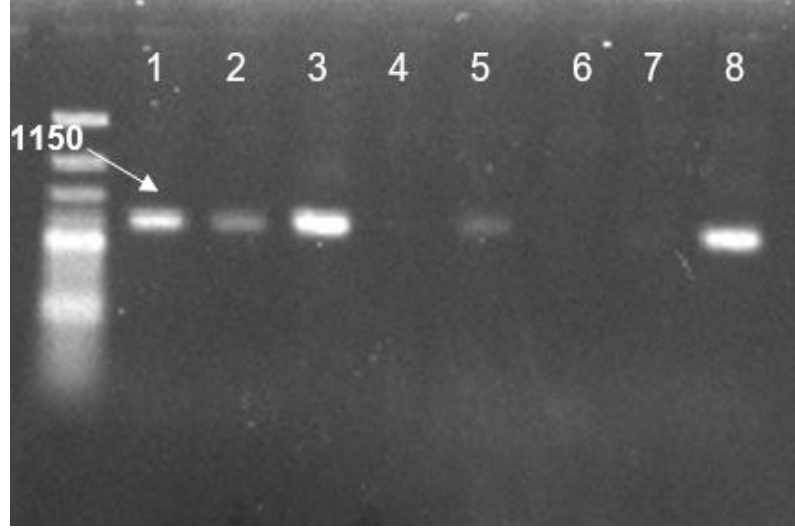
Şekil 3.7. BC₁F₁ popülasyonunda ENM markörünün *bc-3* geni sonuçları 541(381/160) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *bc-3* genini hedefleyen alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 541 bp'lik PCR ampliconunun RsaI enzimi ile kesimi sonucunda 381 bp ve 160 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-6,8,10 hassas sıralar, 7,9,11, dayanıklı sıralar)



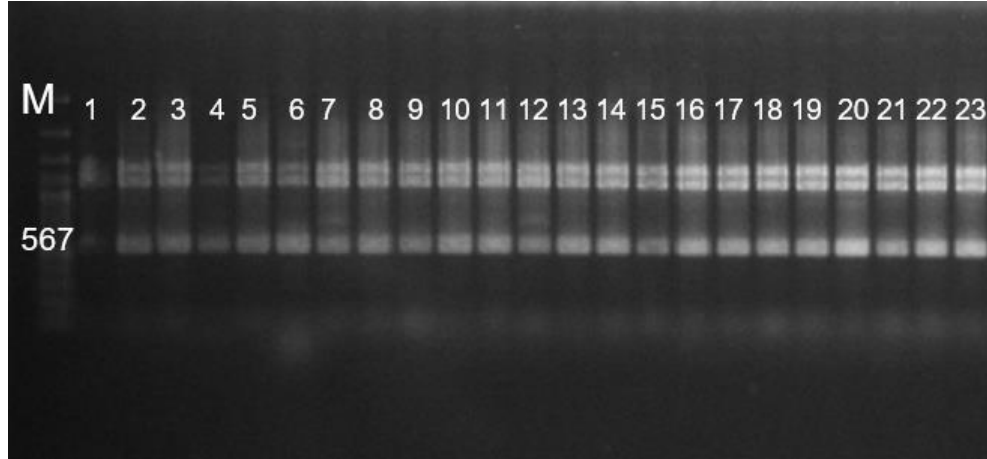
Şekil 3.8. BC₁F₁ popülasyonunda OPF10 markörünün *Co-1* geni sonuçları 530 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-1* genini hedefleyen alele özgü OPF10 markörü için restriksiyon modelinde 530 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-3,5,6,8-10, 12-16, hassas sıralar, 4, 7, 11, 17-19 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.9. BC₁F₁ popülasyonunda SBB14 markörünün *Co-4*² geni sonuçları 1150 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-4*² genini hedefleyen alele özgü SBB14 markörü için restriksiyon modelinde 1150 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (4, 6, 7 hassas sıralar, 1-3, 5, 8 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.10. BC₁F₁ popülasyonunda SZ04 markörünün *Co-6* geni sonuçları 567 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-6* genini hedefleyen alele özgü SZ04 markörü için restriksiyon modelinde 567 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1 hassas sıralar, 2-23 dayanıklı sıralar)

Geri melezleme çalışmaları sonucunda, F₁ bitkilerinin Çanakkale-4 ile geri melezlemesinden tane BC₁F₁ hattı, Yalova-28 ile geri melezlemesinden 10 tane BC₁F₁ hattı, Elkoca-05 çeşidi ile geri melezlemesinden 6 tane BC₁F₁, Kantar-05 çeşidi ile geri melezlemesinden 8 tane BC₁F₁ hattı elde edilmiştir. BC₁F₁ değerleri ki kare tablosu Tablo 3.3'de verilmiştir.

Tablo 3.3. BC₁F₁ popülasyonlarının *bc-3*, *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *I* genleri için ki-kare analizi

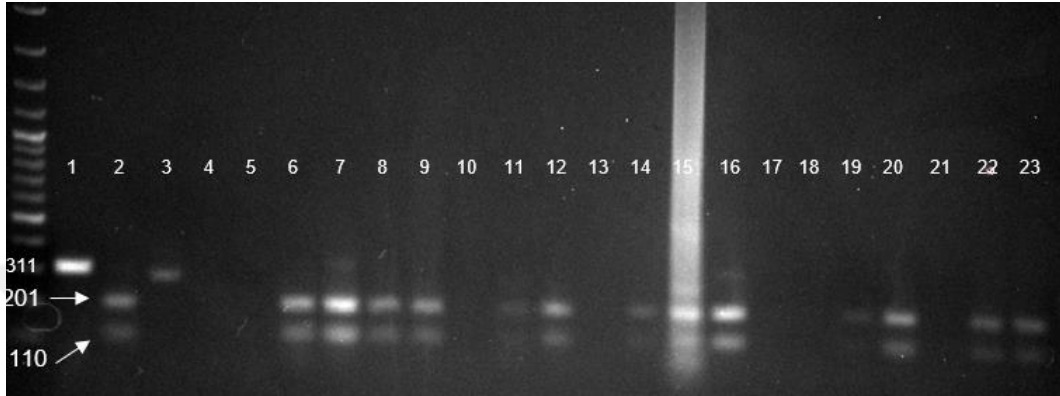
BC ₁ F ₁ Melezleri	Beklenen	Gözlenen	x ²	p-değeri
<i>bc-3</i>	16:16	12:20	2,13	0,090
<i>I</i>	16:16	14:18	0,5	0,384
<i>Co-1</i>	16:16	19:13	1,16	0,165
<i>Co-4</i> ²	16:16	18:14	0,5	0,384
<i>Co-6</i>	16:16	18:14	0,5	0,384

BC popülasyonlarında beş gen için 1R:1S 1R:1S oranından sapma olup olmadığını 0,05 anlamlılık düzeyinde test edilmiştir. Gen geçişine ait skorlama Tablo 3.4’de verilmiştir.

Tablo 3.4. BC₁F₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

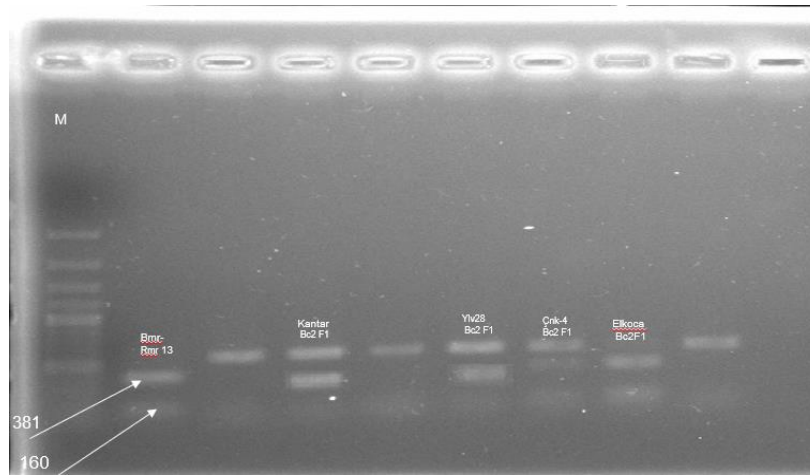
Melezler	BCMV- 48289723- CAPS, <i>I</i>	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Çanakkale4-1	+	+	+	+	+
Çanakkale4-2	+	+	+	+	+
Çanakkale4-3	+	-	+	+	+
Çanakkale4-4	-	-	+	+	+
Çanakkale4-5	-	-	-	-	-
Çanakkale4-6	-	-	-	-	-
Çanakkale4-7	-	-	-	-	-
Çanakkale4-8	-	-	-	-	-
Yalova28-1	+	+	+	+	+
Yalova28-2	+	+	+	+	+
Yalova28-3	+	+	+	+	+
Yalova28-4	+	-	+	+	+
Yalova28-5	-	-	+	+	+
Yalova28-6	-	-	+	+	+
Yalova28-7	-	-	-	-	-
Yalova28-8	-	-	-	-	-
Yalova28-9	-	-	-	-	-
Yalova28-10	-	-	-	-	-
Elkoca05-1	+	+	+	+	+
Elkoca05-2	+	+	+	+	+
Elkoca05-3	-	-	+	+	+
Elkoca05-4	-	-	-	-	-
Elkoca05-5	-	-	-	-	-
Elkoca05-6	-	-	-	-	-
Kantar05-1	+	+	+	+	+
Kantar05-2	+	+	+	+	+
Kantar05-3	+	+	+	+	+
Kantar05-4	-	-	+	+	+
Kantar05-5	-	-	+	+	+
Kantar05-6	-	-	-	-	-
Kantar05-7	-	-	-	-	-
Kantar05-8	-	-	-	-	-

BC₂F₁ hatlarını elde etmek için geri melezleme uygulaması yapılmıştır. BC₁F₁ hatları, Yalova-28, Çanakkale-4, Kantar-05 ve Elkoca-05 ile geri melezlenmiştir. Geri melezlemeler sonucunda elde edilen 44 BC₂F₁ döl popülasyonu ile gerçekleştirilen segregasyon popülasyonlarından sonuçlar elde edilmiştir (Şekil 3.11,12,13,14,15).



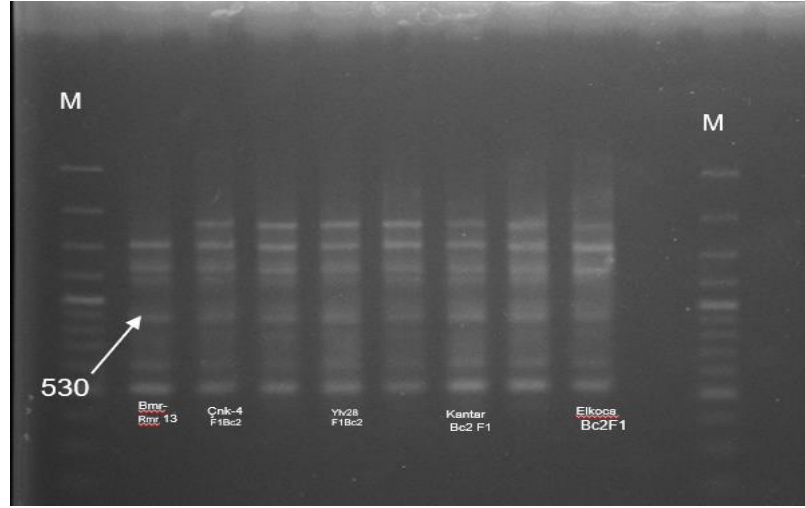
Şekil 3.11. BC₂F₁ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün *I* geni sonuçları
311(201/110) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *I* genine bağlı alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 311 bp'lik PCR amplikonunun TaqI enzimi ile kesimi sonucunda 201 bp ve 110 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1, 3, 4, 5, 10, 13, 17, 18, 21 BCMV-hassas sıralar. 2, 6-9, 11, 12, 14-16, 19, 20, 22, 23 BCMV-dayanıklı sıralar)



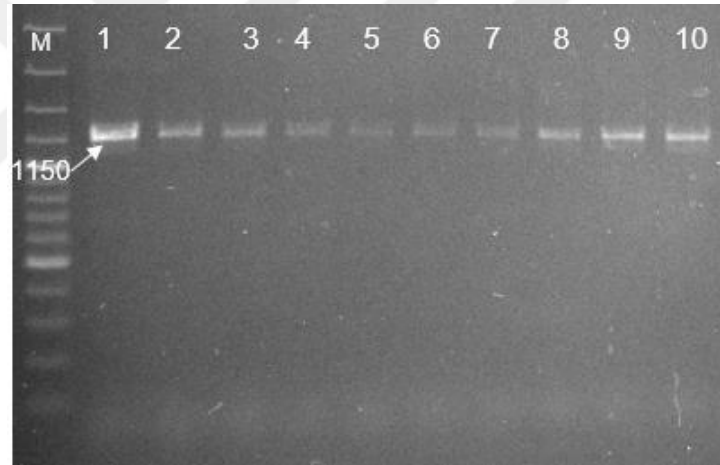
Şekil 3.12. BC₂F₁ popülasyonunda ENM markörünün *bc-3* geni sonuçları
541(381/160) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *bc-3* genini hedefleyen alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 541 bp'lik PCR amplikonunun RsaI enzimi ile kesimi sonucunda 381 bp ve 160 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (2-5, 8 hassas sıralar, 1, 6, 7 dayanıklı sıralar)



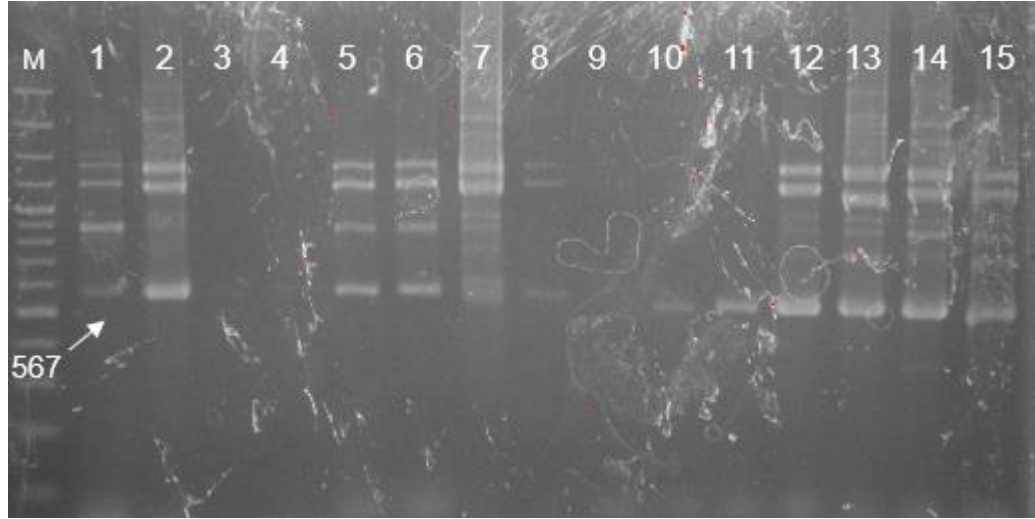
Şekil 3.13. BC₂F₁ popülasyonunda OPF10 markörünün *Co-1* geni sonuçları 530 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-1* genini hedefleyen alele özgü OPF10 markörü için restriksiyon modelinde 541 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-8 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.14. BC₂F₁ popülasyonunda SBB14 markörünün *Co-4*² geni sonuçları 1150 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-4*² genini hedefleyen alele özgü SBB14 markörü için restriksiyon modelinde 1150 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (5 hassas sıralar, 1-4, 6-10 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.15. BC₂F₁ popülasyonunda SZ04 markörünün *Co-6* geni sonuçları 567 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-6* genini hedefleyen alele özgü SZ04 markörü için restriksiyon modelinde 567 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (3, 4, 9 hassas sıralar, 1, 2, 5-8, 10-15 dayanıklı sıralar)

Melezleme çalışmaları sonucunda, BC₁F₁ Çanakkale-4 hattı ile geri melezlenmesinden 9 tane BC₂F₁ hattı, Yalova-28 hattı ile geri melezlenmesinden BC₂F₁ hattı, Elkoca-05 ile geri melezlenmesinden 9 tane BC₂F₁, Kantar-05 ile geri melezlenmesinden 13 tane BC₂F₁ hattı elde edilmiştir. BC₂F₁ değerleri ki-kare tablosu Tablo 3.5.'te verilmiştir.

Tablo 3.5. BC₂F₁ popülasyonlarının *bc-3*, *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *I* genleri için ki kare analizi

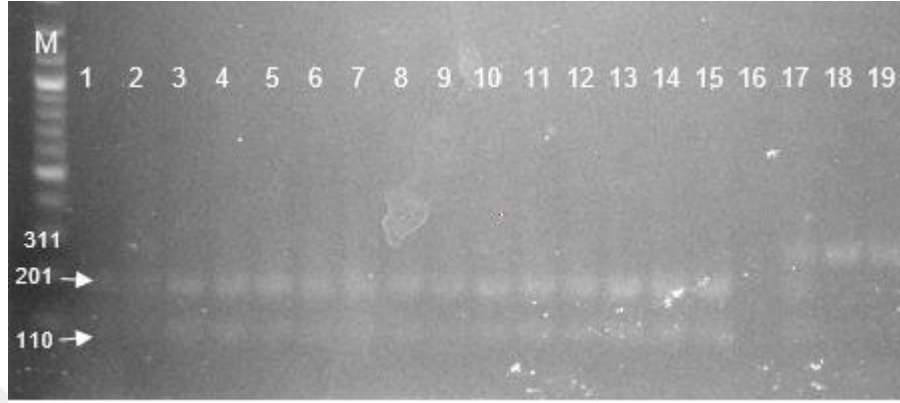
BC ₂ F ₁ Melezleri	Beklenen	Gözlenen	x ²	p-değeri
<i>bc-3</i>	22: 22	13:31	7,363	0,006
<i>I</i>	22: 22	25: 19	0,818	0,365
<i>Co-1</i>	22: 22	25: 19	0,818	0,365
<i>Co-4</i> ²	22: 22	24: 20	0,363	0,546
<i>Co-6</i>	22: 22	24: 20	0,363	0,546

BC popülasyonlarında beş gen için 1R:1S oranından sapma olup olmadığı gen geçişine ait skarlama Tablo 3.6.'da verilmiştir.

Tablo 3.6. BC₂F₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

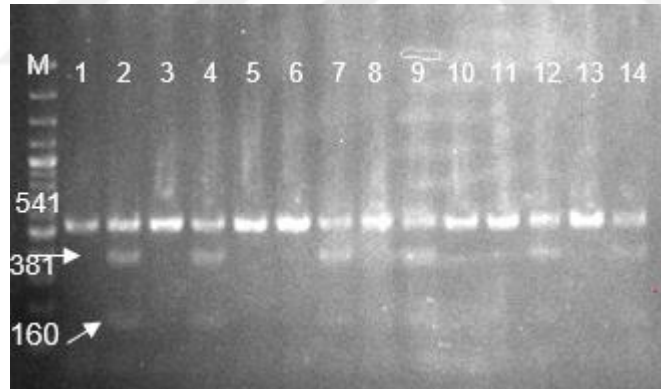
Melezler	BCMV- 48289723- CAPS, <i>I</i>	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Çanakkale4-1	+	+	+	+	+
Çanakkale4-2	+	+	+	+	+
Çanakkale4-3	+	+	+	+	+
Çanakkale4-4	+	-	+	+	+
Çanakkale4-5	+	-	+	+	+
Çanakkale4-6	-	-	-	-	-
Çanakkale4-7	-	-	-	-	-
Çanakkale4-8	-	-	-	-	-
Çanakkale4-9	-	-	-	-	-
Yalova28-1	+	+	+	+	+
Yalova28-2	+	+	+	+	+
Yalova28-3	+	+	+	+	+
Yalova28-4	+	-	+	+	+
Yalova28-5	+	-	+	+	+
Yalova28-6	+	-	+	+	+
Yalova28-7	+	-	+	+	+
Yalova28-8	-	-	-	-	-
Yalova28-9	-	-	-	-	-
Yalova28-10	-	-	-	-	-
Yalova28-11	-	-	-	-	-
Yalova28-12	-	-	-	-	-
Yalova28-13	-	-	-	-	-
Elkoca05-1	+	+	+	+	+
Elkoca05-2	+	+	+	+	+
Elkoca05-3	+	+	+	+	+
Elkoca05-4	+	-	+	+	+
Elkoca05-5	+	-	+	+	+
Elkoca05-6	-	-	-	-	-
Elkoca05-7	-	-	-	-	-
Elkoca05-8	-	-	-	-	-
Elkoca05-9	-	-	-	-	-
Kantar05-1	+	+	+	+	+
Kantar05-2	+	+	+	+	+
Kantar05-3	+	+	+	+	+
Kantar05-4	+	+	+	+	+
Kantar05-5	+	-	+	+	+
Kantar05-6	+	-	+	+	+
Kantar05-7	+	-	+	+	+
Kantar05-8	+	-	+	+	+
Kantar05-9	-	-	-	-	-
Kantar05-10	-	-	-	-	-
Kantar05-11	-	-	-	-	-
Kantar05-12	-	-	-	-	-
Kantar05-13	-	-	-	-	-

BC₃F₁ hatlarını elde etmek için BC₂F₁ hatları Yalova 28, Çanakkale 4 ümitvar hatları ile Kantar 05 ve Elkoca 05 çeşitleri ile geri melezlenmiştir. Geri melezlemeler sonucunda elde edilen 46 BC₃F₁ hatları ile gerçekleştirilen segregasyon popülasyonlarından sonuçlar elde edilmiştir (Şekil 3.16,17,18,19,20).



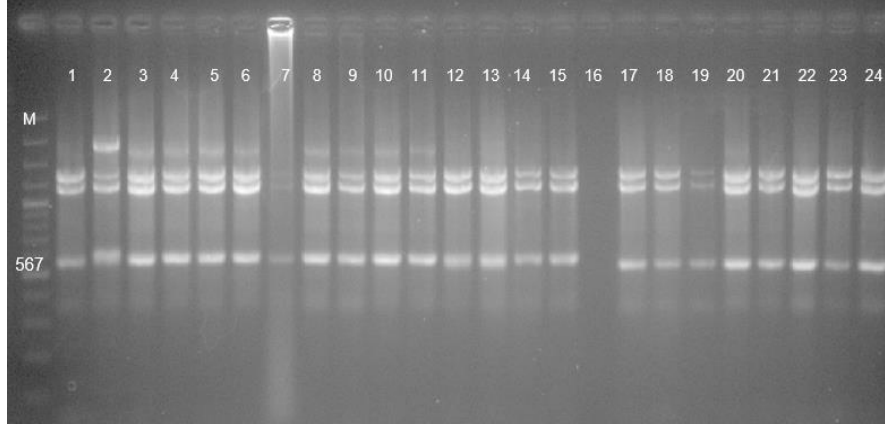
Şekil 3.16. BC₃F₁ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün *I* geni sonuçları 311(201/110) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *I* genine bağlı alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 311 bp'lik PCR amplikonunun TaqI enzimi ile kesimi sonucunda 201 bp ve 110 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (16-19 BCMV-hassas sıralar. 1-15 BCMV- dayanıklı sıralar)



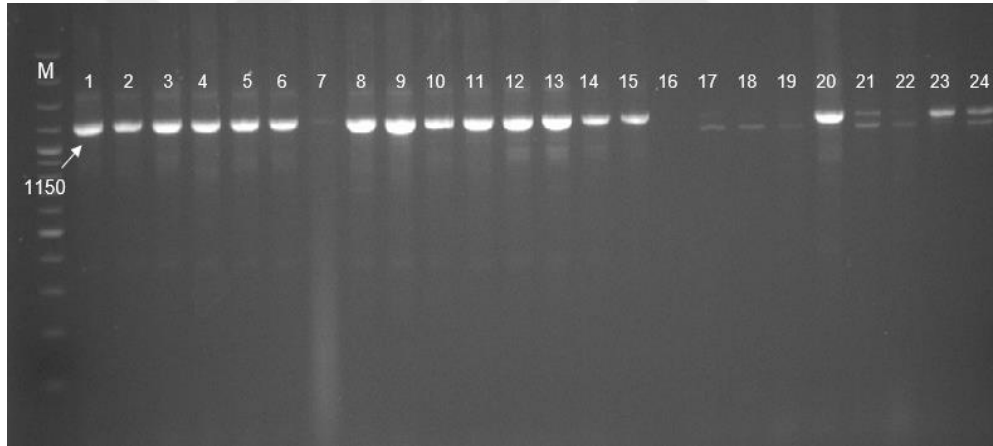
Şekil 3.17. BC₃F₁ popülasyonunda ENM markörünün *bc-3* geni sonuçları 541(381/160) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *bc-3* genini hedefleyen alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 541 bp'lik PCR amplikonunun RsaI enzimi ile kesimi sonucunda 381 bp ve 160 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1, 3, 4-6, 8, 10, 11, 13 hassas sıralar, 2, 4, 7, 9, 12, 14 dayanıklı sıralar)



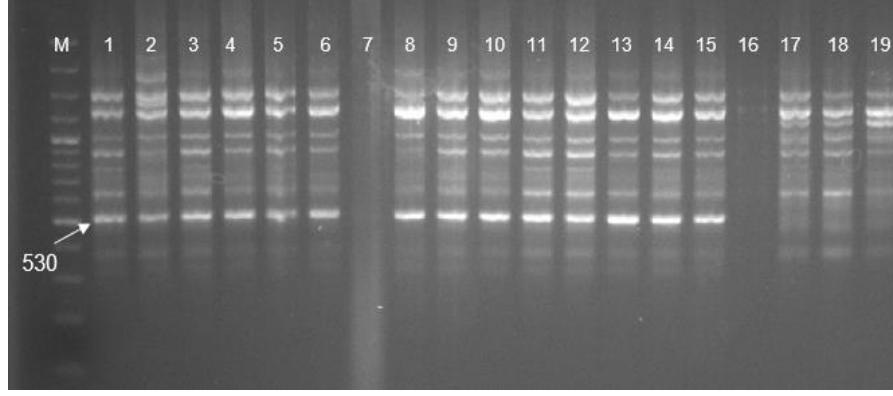
Şekil 3.18. BC₃F₁ popülasyonunda SZ04 markörünün *Co-6* geni sonuçları 567 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-6* genini hedefleyen alele özgü SZ04 markörü için restriksiyon modelinde 567 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-15 hassas sıralar, 17-24 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.19. BC₃F₁ popülasyonunda SBB14 markörünün *Co-4*² geni sonuçları 1150 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-4*² genini hedefleyen alele özgü SBB14 markörü için restriksiyon modelinde 1150 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (7, 16-19, 22 hassas sıralar, 1-6, 8-15, 20, 21, 23, 24 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.20. BC₃F₁ popülasyonunda OPF10 markörünün *Co-1* geni sonuçları 530 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-1* genini hedefleyen alele özgü OPF10 markörü için restriksiyon modelinde 530 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (7, 17, 18, 19 hassas sıralar, 1-6, 8-15 dayanıklı sıralar)

Melezleme çalışmaları sonucunda BC₂F₁'in Çanakkale-4 hattı ile geri melezlenmesinden 8 tane BC₃F₁ hattı, Yalova-28 ile geri melezlenmesinden 13 tane BC₃F₁ hattı, Elkoca-05 ile geri melezlenmesinden 10 tane BC₃F₁, Kantar-05 çeşidi ile geri melezlenmesinden 15 tane BC₃F₁ hattı elde edilmiştir. BC₃F₁ değerleri ki-kare tablosu Tablo 3.7.'de verilmiştir.

Tablo 3.7. BC₃F₁ popülasyonlarının *bc-3*, *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *I* genleri için ki-kare analizi

BC ₃ F ₁ Melezleri	Beklenen	Gözlenen	x ²	p-değeri
<i>bc-3</i>	23: 23	12:34	10,52	0,001
<i>I</i>	23: 23	25: 21	0,34	0,555
<i>Co-1</i>	23: 23	29: 17	3,13	0,076
<i>Co-4</i> ²	23: 23	28: 18	2,17	0,140
<i>Co-6</i>	23: 23	28: 18	2,17	0,140

BC popülasyonlarında beş gen için 1R:1S oranından sapma olup olmadığı 0,05 anlamlılık düzeyinde test edilmiştir. Gen geçişine ait skorumla Tablo 3.8.'de verilmiştir.

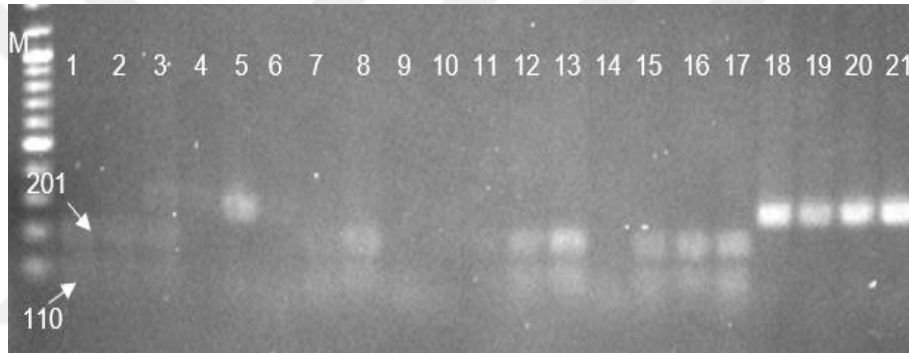
Tablo 3.8. BC₃F₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

Melezler	BCMV-48289723- CAPS, I	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Çanakkale4-1	+	+	+	+	+
Çanakkale4-2	+	+	+	+	+
Çanakkale4-3	+	-	+	+	+
Çanakkale4-4	-	-	-	+	+
Çanakkale4-5	-	-	-	+	-
Çanakkale4-6	-	-	-	-	-
Çanakkale4-7	-	-	-	-	-
Çanakkale4-8	-	-	-	-	-
Yalova28-1	+	+	+	+	+
Yalova28-2	+	+	+	+	+
Yalova28-3	+	+	+	+	+
Yalova28-4	+	-	+	+	+
Yalova28-5	+	-	+	+	+
Yalova28-6	+	-	+	+	+
Yalova28-7	+	-	-	+	+
Yalova28-8	-	-	-	-	-
Yalova28-9	-	-	-	-	-
Yalova28-10	-	-	-	-	-
Yalova28-11	-	-	-	-	-
Yalova28-12	-	-	-	-	-
Yalova28-13	-	-	-	-	-
Elkoca05-1	+	+	+	+	+
Elkoca05-2	+	+	+	+	+
Elkoca05-3	+	+	+	+	+
Elkoca05-4	+	-	+	+	+
Elkoca05-5	+	-	+	+	+
Elkoca05-6	-	-	+	+	+
Elkoca05-7	-	-	-	-	-
Elkoca05-8	-	-	-	-	-
Elkoca05-9	-	-	-	-	-
Elkoca05-10	-	-	-	-	-
Kantar05-1	+	+	+	+	+
Kantar05-2	+	+	+	+	+
Kantar05-3	+	+	+	+	+
Kantar05-4	+	+	+	+	+
Kantar05-5	+	-	+	+	+
Kantar05-6	+	-	+	+	+
Kantar05-7	+	-	+	+	+
Kantar05-8	+	-	+	+	+
Kantar05-9	+	-	+	+	+
Kantar05-10	+	-	+	+	+
Kantar05-11	-	-	+	-	+

Tablo 3.8. (devam) BC₃F₁ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

Melezler	BCMV-48289723- CAPS, <i>I</i>	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Kantar05-12	-	-	-	-	-
Kantar05-13	-	-	-	-	-
Kantar05-14	-	-	-	-	-
Kantar05-15	-	-	-	-	-

BC₃F₂ hatlarını elde etmek için, BC₃F₁ hatlarında kendileme işlemi yapılmıştır. Kendileme işlemi sonucunda elde edilen 72 BC₃F₂ döl popülasyonu ile gerçekleştirilen segregasyon popülasyonlarından sonuçlar elde edilmiştir (Şekil 3. 21,22,23,24,25).



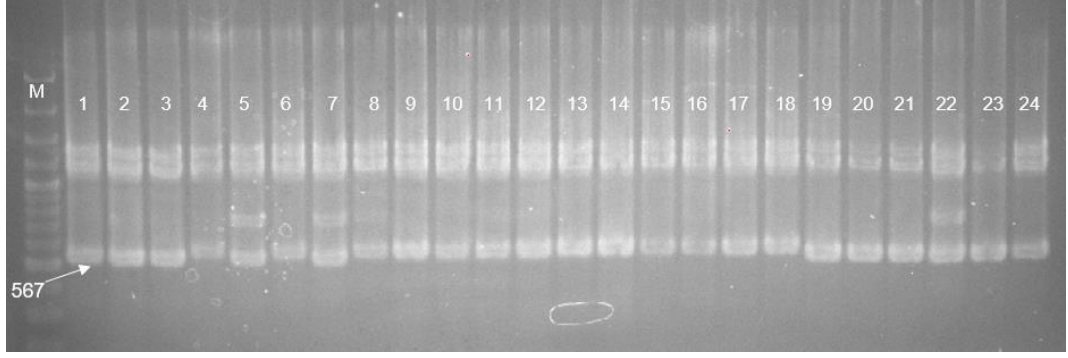
Şekil 3.21. BC₃F₂ popülasyonunda BCMV-48289723 markörünün *I* geni sonuçları 311(201/110) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *I* genine bağlı alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 311 bp'lik PCR ampliconunun TaqI enzimi ile kesimi sonucunda 201 bp ve 110 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (4-6, 9, 10, 14, 18-21 BCMV-hassas sıralar. 1-3, 7, 8, 11-13, 15-17 BCMV- dayanıklı sıralar)



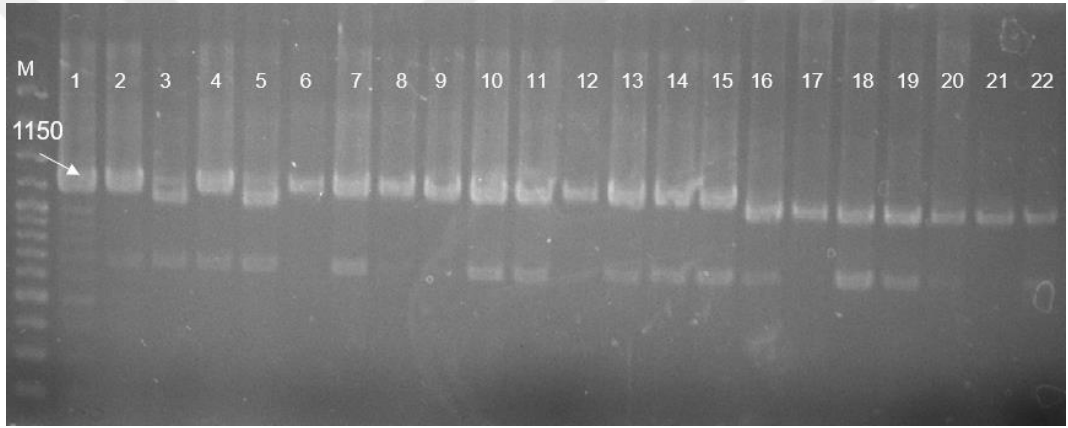
Şekil 3.22. BC₃F₂ popülasyonunda ENM markörünün *bc-3* geni sonuçları 541(381/160) bp

BCMV'ye karşı direnci kontrol eden *bc-3* genini hedefleyen alele özgü CAPS markörü için restriksiyon modelinde 541 bp'lik PCR ampliconunun RsaI enzimi ile kesimi sonucunda 381 bp ve 160 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (2-5, 8, 10, 11, 14-16, 18, 20, 23-25 hassas sıralar, 1, 6, 7, 9, 12, 13, 17, 19, 22 dayanıklı sıralar)



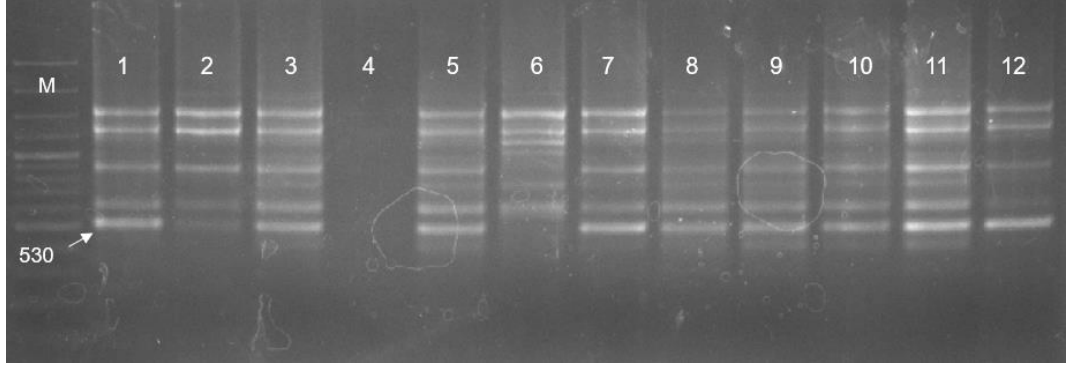
Şekil 3.23. BC₃F₂ popülasyonunda SZ04 markörünün *Co-6* geni sonuçları 567 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-6* genini hedefleyen alele özgü SZ04 markörü için restriksiyon modelinde 567 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (1-24 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.24. BC₃F₂ popülasyonunda SBB14 markörünün *Co-4*² geni sonuçları 1150 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-4*² genini hedefleyen alele özgü SBB14 markörü için restriksiyon modelinde 1150 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (3, 5, 16-22 hassas sıralar, 1, 2, 4, 6-15 dayanıklı sıralar)



Şekil 3.25. BC₃F₂ popülasyonunda OPF10 markörünün *Co-1* geni sonuçları 530 bp

Antraknoza karşı direnci kontrol eden *Co-1* genini hedefleyen alele özgü OPF10 markörü için restriksiyon modelinde 530 bp'lik PCR ürünleri elde edilmiştir; M ise 100 bp DNA cetveli olarak kullanılmıştır. (4, 6 hassas sıralar, 1-3, 5, 7-12 dayanıklı sıralar)

Melezleme çalışmaları sonucunda Çanakkale-4 ümitvar hattından 13 tane BC₃F₂ hattı, Yalova-28 ümitvar hattından 19 tane BC₃F₂ hattı, Elkoca-05 çeşidinden 15 tane BC₃F₂, Kantar-05 çeşidinden 25 tane BC₃F₂ hattı elde edilmiştir. BC₃F₂ değerleri ki kare tablosu Tablo 3.9'da verilmiştir.

Tablo 3.9. BC₃F₂ popülasyonlarının *bc-3*, *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *I* genleri için ki kare analizi

BC ₃ F ₂ Melezleri	Beklenen	Gözlenen	x ²	p-değeri
bc-3	18: 54	15:57	0,67	0.414
I	54: 18	43: 29	8,96	0.002
Co-1	54: 18	51: 21	0,67	0,414
Co-4 ²	54: 18	50: 22	1,19	0.276
Co-6	54: 18	52: 20	0,30	0,586

BC₃F₂ popülasyonunda *I*, *Co-1*, *Co-4* ve *Co-6* geni için beklenen 3R:1S (R: direnç aleli, S: duyarlı alel) ve *bc-3* geni için 1R:3S oranında sapma olup olmadığı 0,05 anlamlılık düzeyinde test edilmiştir. P-değerleri ki-kare skorlarından hesaplanmıştır. Gen geçiş değerleri Tablo 3.10.'da verilmiştir.

Tablo 3.10. BC₃F₂ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

Melezler	BCMV-48289723- CAPS, <i>I</i>	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Çanakkale4-1	+	+	+	+	+
Çanakkale4-2	+	+	+	+	+
Çanakkale4-3	+	+	+	+	+
Çanakkale4-4	+	-	+	+	+
Çanakkale4-5	+	-	+	+	+
Çanakkale4-6	-	-	-	-	-
Çanakkale4-7	-	-	-	-	-
Çanakkale4-8	-	-	-	-	-
Çanakkale4-9	-	-	-	-	-
Çanakkale4-10	-	-	-	-	-
Çanakkale4-11	-	-	-	-	-
Çanakkale4-12	-	-	-	-	-
Çanakkale4-13	-	-	-	-	-
Yalova28-1	+	+	+	+	+
Yalova28-2	+	+	+	+	+
Yalova28-3	+	+	+	+	+
Yalova28-4	+	+	+	+	+
Yalova28-5	+	-	+	+	+
Yalova28-6	+	-	+	+	+
Yalova28-7	+	-	+	+	+
Yalova28-8	+	-	+	+	+
Yalova28-9	+	-	+	+	+
Yalova28-10	+	-	+	+	+
Yalova28-11	-	-	+	+	+
Yalova28-12	-	-	+	+	+
Yalova28-13	-	-	-	-	-
Yalova28-14	-	-	-	-	-
Yalova28-15	-	-	-	-	-
Yalova28-16	-	-	-	-	-
Yalova28-17	-	-	-	-	-
Yalova28-18	-	-	-	-	-
Yalova28-19	-	-	-	-	-
Elkoca05-1	+	+	+	+	+
Elkoca05-2	+	+	+	+	+
Elkoca05-3	+	+	+	+	+
Elkoca05-4	+	+	+	+	+
Elkoca05-5	+	-	+	+	+
Elkoca05-6	+	-	+	+	+
Elkoca05-7	+	-	+	+	+
Elkoca05-8	-	-	+	+	+
Elkoca05-9	-	-	-	-	-
Elkoca05-10	-	-	-	-	-

Tablo 3.10. (devam) BC₃F₂ hatlarında markör destekli gen geçişlerinin skorlaması

Melezler	BCMV-48289723- CAPS, <i>I</i>	ENM CAPS <i>bc-3</i>	OPF10 RAPD <i>Co-1</i>	SBB14 SCAR <i>Co-4</i> ²	Sz04 SCAR <i>Co-6</i>
Elkoca05-11	-	-	-	-	-
Elkoca05-12	-	-	-	-	-
Elkoca05-13	-	-	-	-	-
Elkoca05-14	-	-	-	-	-
Elkoca05-15	-	-	-	-	-
Kantar05-1	+	+	+	+	+
Kantar05-2	+	+	+	+	+
Kantar05-3	+	+	+	+	+
Kantar05-4	+	+	+	+	+
Kantar05-5	+	+	+	+	+
Kantar05-6	+	+	+	+	+
Kantar05-7	+	+	+	+	+
Kantar05-8	+	+	+	+	+
Kantar05-9	+	+	+	+	+
Kantar05-10	+	-	+	+	+
Kantar05-11	+	-	+	+	+
Kantar05-12	+	-	+	+	+
Kantar05-13	+	-	+	+	+
Kantar05-14	+	-	+	+	+
Kantar05-15	+	-	+	+	+
Kantar05-16	+	-	+	+	+
Kantar05-17	+	-	+	+	+
Kantar05-18	-	-	+	+	+
Kantar05-19	-	-	+	+	+
Kantar05-20	-	-	+	+	+
Kantar05-21	-	-	+	-	+
Kantar05-22	-	-	-	-	+
Kantar05-23	-	-	-	-	-
Kantar05-24	-	-	-	-	-
Kantar05-25	-	-	-	-	-

F₁ nesillerinin kendilenmesi ile geliştirilen F₂ hatlarının kalıtım çalışması, CAPS markör analizi tek resesif direnç geni *bc-3*'ün varlığını doğrulayan 1:3'lük ayırım oranında uyum ($\chi^2 = 0,86$; $p = 0,22$) göstermiştir. F₂ popülasyonunun RAPD markör analizi *Co-1* geni için 3R:1S ($\chi^2 = 3$; $p = 0,08$), SCAR markör analizi *Co-4*² geni için 3R:1S ($\chi^2 = 2,08$; $p = 0,14$) ve *Co-6* geni için 3R:1S ($\chi^2 = 0,75$; $p = 0,38$) oranlarında uyum göstermiştir. CAPS analizi segregasyon oranı, *I* geni için 3R:1S ($\chi^2 = 0,86$; $p = 0,22$) oranında bulunmuştur (Tablo 3.1.).

BC₁F₁ bitkilerini elde etme için F₁ bitkilerinin tekrarlanan ebeveynlerle geri melezlenmeleri sonucunda dirençli bitkiler moleküler belirteçler kullanılarak tanımlanmış ve gen lokusuna sahip melezler seçilmiştir. Geri melezleme sonucunda BC₁F₁ bitkileri *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *bc-3* gen lokusları için 1R:1S oranı ile uyumlu bulunmuştur (Tablo 3.3.).

BC₂F₁ hatlarını elde etmek için BC₁F₁ hatları tekrarlanan ebeveynlerle geri melezlenmiştir. Geri melezleme sonucunda çalışmada kullanılan BC₂F₁ popülasyonunun dar olması nedeniyle *bc-3* için 1:1 oranında bir segregasyon ($\chi^2 = 7,36$; $p = 0,006$) göstermiştir. CAPS analizi segregasyon oranı, *I* geni için 1R:1S ($\chi^2 = 0,81$; $p = 0,36$) oranında uyumlu bulunmuştur. BC₂F₁ bitkilerinin SCAR markörler ile analizi sonucunda *Co-1* gen lokusu için 1R:1S ($\chi^2 = 0,81$; $p = 0,36$), *Co-4*² gen lokusu için 1R:1S ($\chi^2 = 0,36$; $p = 0,54$) ve *Co-6* gen lokusu için 1R:1S ($\chi^2 = 0,36$; $p = 0,54$) oranında uyumlu bulunmuştur (Tablo 3.5.).

BC₂F₁ hatlarının tekrarlanan ebeveynlerle geri melezlenmesi sonucunda BC₃F₁ hatları elde edilmiştir. Geri melezleme sonucunda *bc-3* gen lokusu segregasyon oranında sapma ($\chi^2 = 10,52$; $p = 0,006$) göstermiştir. *Co-1*, *Co-4*², *Co-6* ve *I* genleri arasında 1R:1S oranında dağılım bulunmuştur (Tablo 3.7.). Bütün geri melezleme işlemleri tekrarlayan ebeveynlerin genom içeriğini, agronomik ve morfolojik özelliklerini geri kazandırmak için gerçekleştirilmiş ve 44 BC₃F₁ bitkisine ait tohumlar elde edilmiştir.

44 BC₃F₁ bitkisine ait tohumlar serada tekrar ekilmiş ve kendilemeye maruz bırakılarak BC₃F₂ elde edilmiş ve bitkiler homozigotlaştırılmıştır. BC₃F₂ bitkilerinde direnç genlerini taşıyan bireylerin tespiti markörler kullanılarak yapılmıştır.

Elde edilen BC₃F₂ bitkilerine ait tohumlar arazi denemesine aktarılmış ve bitkiler yetiştirilmiştir. Bitkilerin yetiştirme döneminde her bir melez bitkiden örnekler alınmış ve direnç genlerinin varlıkları moleküler markörlerle değerlendirilmiştir. Direnç genlerine karşılık gelen segregasyon oranı ki kare testi ile belirlenmiştir. BC₃F₂ bitkileri markörler yardımıyla 3R:1S oranında bir dağılım göstermiştir. BC₃F₂ bitkilerinde *I* geni için 3:1 dağılım oranında sapma ($\chi^2 = 8,96$; $p = 0,002$) olmuştur. BC₃F₂ bitkilerinin SCAR ve RAPD markör analizi, *Co-1* gen lokusu için 3R:1S ($\chi^2 = 0,67$; $p = 0,41$), *Co-4*² gen lokusu için 3R:1S ($\chi^2 = 1,19$; p

= 0,27) ve Co-6 gen lokusu için 3R:1S ($\chi^2 = 0,30$; $p = 0,58$) oranında uyumlu bulunmuştur. CAPS analizi segregasyon oranı, bc-3 gen lokusu için 1R:3S ($\chi^2 = 0,67$; $p = 0,41$) oranında gerçekleşmiştir.

3.2 Melez Bitkilerin Fenotipik ve Agronomik Özellikler

3.2.1 Çıkış (Gün)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait çıkış gün sayısı varyans analizine tabi tutulmuştur. Varyans analiz sonuçları Tablo 3.11’de verilmiştir. Çıkış gün sayısına ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.12). Ayrıca ortalamalar Şekil 3.26.’ da grafik olarak da gösterilmiştir.

Tablo 3.11. Fasulye genotiplerinin çıkış gün sayısına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,17	0,18	0,8349
Mezlezler/Genotipler	8	48,68	12,43**	<,0001
Hata	16	7,82		
Toplam	26	56,68		

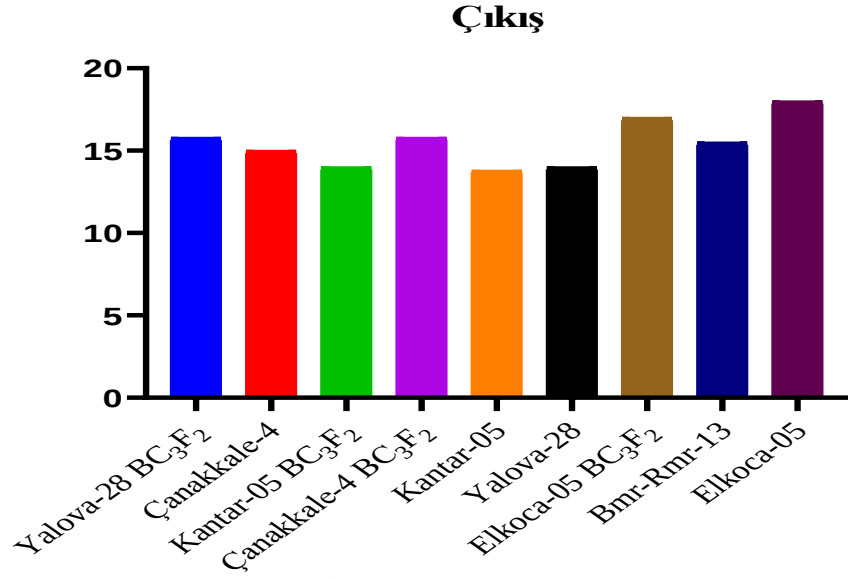
**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.12. Fasulye genotiplerinin çıkış gün sayısına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Çıkış Gün Sayısı	Melezler/Genotipler	Çıkış Gün Sayısı
Elkoca-05	18,00 A	Çanakkale-4	15,00 BC
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	17,00 AB	Kantar-05 BC ₃ F ₂	14,00 C
Yalova-28 BC ₃ F ₂	15,83 BC	Yalova-28	14,00 C
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	15,83 BC	Kantar-05	13,83 C
BMN-RMR-13	15,53 BC		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Çıkış süreleri açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Çıkış gün sayıları 13,83 ile 18,00 gün arasında değişmiş olup en erken Kantar-05 (13,83 gün) çıkış göstermiştir. Bu çeşidi 14 gün süre ile çıkış gösteren Kantar-05 BC₃F₂ hattı ve Yalova-28 çeşidi takip etmiştir. En geç çıkış gösteren bitki ise 18 gün ile Elkoca-05 çeşidi olmuştur.



Şekil 3.26. Fasulye genotiplerinin ortalama çıkış süresi (gün) değişimi

3.2.2 Çiçeklenme Süresi (Gün)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait çiçeklenme süresi varyans analizine tabi tutulmuştur. Varyans analiz sonuçları Tablo 3.13’de verilmiştir. Çiçeklenme süresine ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.14.). Ayrıca ortalamalar Şekil 3.27.’ da grafik olarak da gösterilmiştir.

Tablo 3.13. Fasulye genotiplerinin çiçeklenme süresine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	4,74	1,78	0,1998
Melezler/Genotipler	8	3563,85	335,27**	<,0001
Hata	16	21,25		
Toplam	26	3589,85		

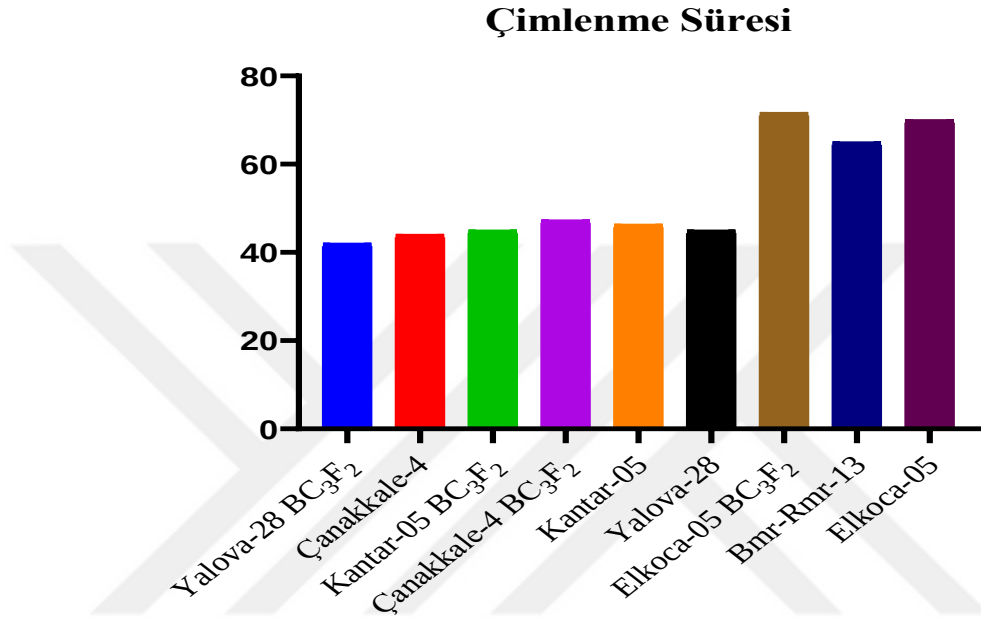
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.14. Fasulye genotiplerinin çiçeklenme gün sayısına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Çiçeklenme Gün Sayısı	Melezler/Genotipler	Çiçeklenme Gün Sayısı
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	71,66 A	Kantar-05 BC ₃ F ₂	45,00 CD
Elkoca-05	70,00 A	Yalova-28	45,00 CD
BMN-RMR-13	65,00 B	Çanakkale-4	44,00 CD
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	47,33 C	Yalova-28 BC ₃ F ₂	42,00 D
Kantar-05	46,33 C		

*F değerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Çiçeklenme süresi açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Çiçeklenme gün sayıları 42,00-71,66 gün arasında değişmiş olup, en erken çiçeklenen genotip Yalova-28 BC₃F₂ (42 gün), en geç çiçeklenen genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ olmuştur (71,66 gün).



Şekil 3.27. Fasulye genotiplerinin ortalama çiçeklenme süresi (gün) değişimi

3.2.3 Bakla Bağlama Süresi (Gün)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait bakla bağlama süresi varyans analizine tabi tutulmuştur. Varyans analiz sonuçları Tablo 3.15.'de verilmiştir. Bakla bağlama süresine ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.16.). Ortalama bakla bağlama süresine ait değerler ise Şekil 3.28. de gösterilmiştir.

Tablo 3.15. Fasulye genotiplerinin bakla bağlama süresine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,66	0,30	0,7394
Melezler/Genotipler	8	41	479,76**	<,0001
Hata	16	17,33		
Toplam	26	4176		

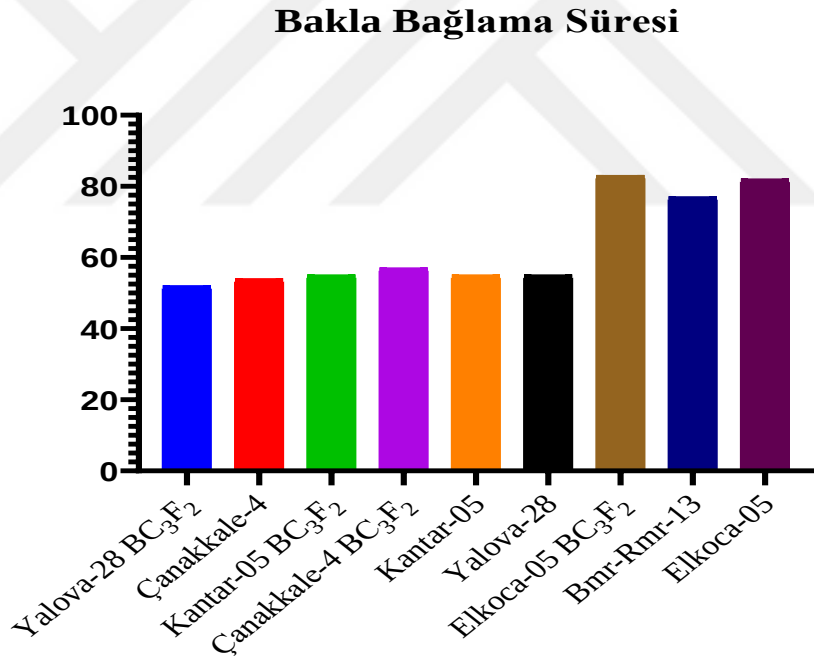
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.16. Fasulye genotiplerinin bakla bağlama süresine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Bakla Bağlama Süresi	Melezler/Genotipler	Bakla Bağlama Süresi
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	83 A	Kantar-05	55 CD
Elkoca-05	82 A	Yalova-28	55 CD
BMN-RMR-13	77 B	Çanakkale-4	54 CD
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	57 C	Yalova-28 BC ₃ F ₂	52 D
Kantar-05 BC ₃ F ₂	55 CD		

*F değerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Bakla bağlama süresi açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Bakla bağlama süresi sayıları 52-83 gün arasında değişmiş olup, en erken bakla bağlayan genotip Yalova-28 BC₃F₂ (52 gün), en geç bakla bağlayan genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ olmuştur (83 gün).



Şekil 3.28. Fasulye genotiplerinin ortalama bakla bağlama süresi (gün) değişimi

3.2.4 Olgunlaşma Süresi (Gün)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait olgunlaşma süresi varyans analiz tablosu Tablo 3.17.'de verilmiştir. Olgunlaşma süresine ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.18.). Ortalama olgunlaşma süresine ait değerler ise Şekil 3.29'da gösterilmiştir.

Tablo 3.17. Fasulye genotiplerinin olgunlaşma süresine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	13,41	2,81	0,0897
Melezler/Genotipler	8	3859,46	202,43**	<,0001
Hata	16	38,13		
Toplam	26	3911,01		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

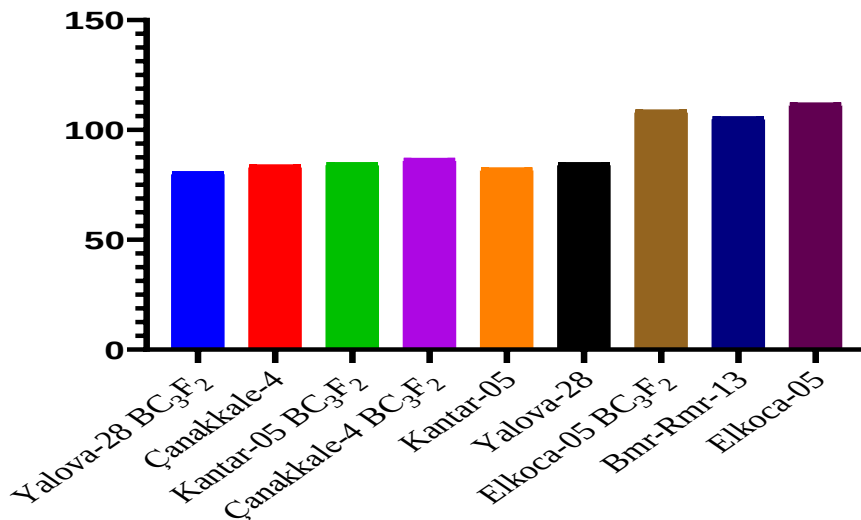
Tablo 3.18. Fasulye genotiplerinin olgunlaşma süresine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Olgunlaşma Süresi	Melezler/Genotipler	Olgunlaşma Süresi
Elkoca-05	112,20 A	Yalova-28	85,00 CD
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	109,00 A	Çanakkale-4	84,00 CD
BMN-RMR-13	106,00 B	Kantar-05	82,66 CD
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	87,00 C	Yalova-28 BC ₃ F ₂	81,00 D
Kantar-05 BC ₃ F ₂	85,00 CD		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Olgunlaşma süresi 81,00-112,20 gün arasında değişmiş olup, en erken olgunlaşan genotip Yalova-28 BC₃F₂ (81,00 gün), en geç olgunlaşan genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ olmuştur (112,20 gün).

Olgunlaşma Süresi

**Şekil 3.29.** Fasulye genotiplerinin ortalama olgunlaşma süresi (gün) değişimi

3.2.5 Hipokotil Kalınlığı (mm)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait hipokotil kalınlığı varyans analiz tablosu Tablo 3.19.'de, hipokotil kalınlığına ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.20.). Ortalama hipokotil kalınlığına ait değerler ise Şekil 3.30 de gösterilmiştir.

Tablo 3.19. Fasulye genotiplerinin hipokotil kalınlığına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,31	2,20	0,14
Melezler/Genotipler	8	5,78	10,08**	<,0001
Hata	16	1,14		
Toplam	26	7,24		

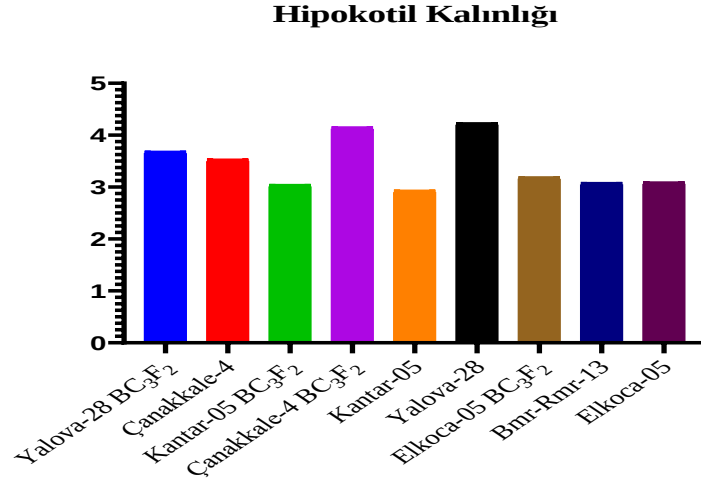
**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.20. Fasulye genotiplerinin hipokotil kalınlığına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Hipokotil Kalınlığı	Melezler/Genotipler	Hipokotil Kalınlığı
Yalova-28	4,24 A	Elkoca-05	3,10 B
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	4,16 A	BMN-RMR-13	3,09 B
Yalova-28 BC ₃ F ₂	3,69 AB	Kantar-05 BC ₃ F ₂	3,05 B
Çanakkale-4	3,54 AB	Kantar-05	2,94 B
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	3,20 B		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Denemede fasulye genotiplerinin hipokotil kalınlığı arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Hipokotil kalınlıkları 2,94-4,24 mm arasında değişmiştir. En büyük hipokotil kalınlığı değeri 4,24 mm ile Yalova-28'de gözükürken en küçük değer ise 2,94 mm Kantar-05'de gözlenmiştir.



Şekil 3.30. Fasulye genotiplerinin ortalama hipokotil kalınlığı değişimi

3.2.6 Hipokotil Uzunluğu (cm)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait hipokotil uzunluğu varyans analiz tablosu Tablo 3.21., hipokotil uzunluğu ortalama değerleri ve TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testi Tablo 3.22., ortalama hipokotil uzunluğuna ait değerler ise Şekil 3.31. de gösterilmiştir.

Tablo 3.21. Fasulye genotiplerinin hipokotil uzunluğuna ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,56	0,53	0,59
Melezler/Genotipler	8	148,21	35,59**	<,0001
Hata	16	8,32		
Toplam	26	157,10		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

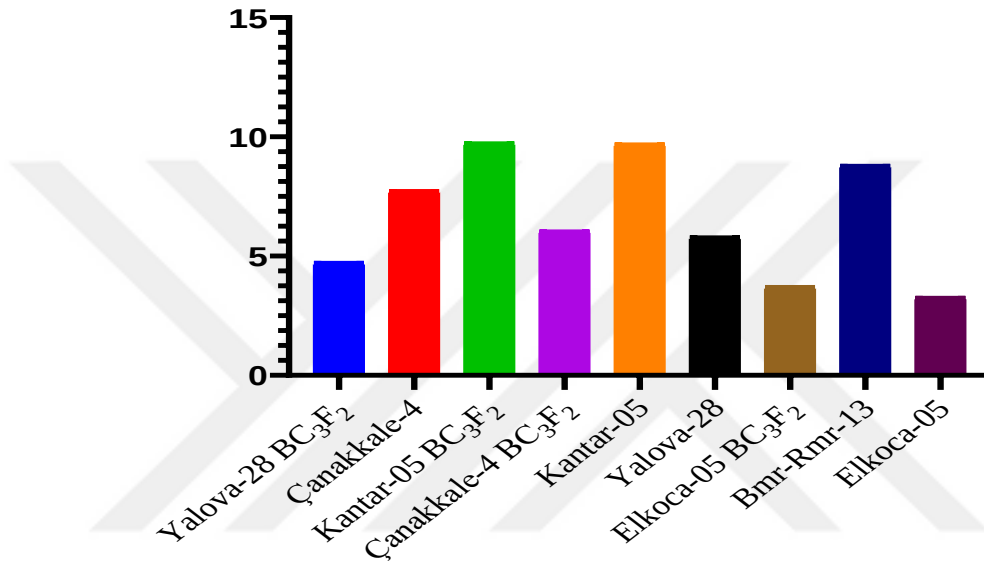
Tablo 3.22. Fasulye genotiplerinin hipokotil uzunluğuna ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Hipokotil Uzunluğu	Melezler/Genotipler	Hipokotil Uzunluğu
Kantar-05 BC ₃ F ₂	9,78 A	Yalova-28	5,84 BCD
Kantar-05	9,73 A	Yalova-28 BC ₃ F ₂	4,77 CDE
BMN-RMR-13	8,83 A	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	3,76 DE
Çanakkale-4	7,78 AB	Elkoca-05	3,30 E
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	6,08 BC		

**F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Denemede fasulye genotipleri arasındaki hipokotil uzunluğu farkı istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Hipokotil uzunlukları 3,30-9,78 cm arasında değişmiştir. En büyük hipokotil uzunluğu değeri 9,78 cm ile Kantar-05 BC₃F₂'de gözükürken en küçük değer ise 3,30 cm Elkoca-05'de gözlenmiştir.

Hipokotil Uzunluğu



Şekil 3.31. Fasulye genotiplerinin ortalama hipokotil uzunluğu değişimi

3.2.7 Bitki Boyu (cm)

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait bitki boyu varyans analiz tablosu Tablo 3.23.'de, bitki boyu ortalama değerleri ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.24.). Ortalama bitki boyuna ait değerler ise Şekil 3.32'de gösterilmiştir.

Tablo 3.23. Fasulye genotiplerinin bitki boyu ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	343,683	0,87	0,43
Melezler/Genotipler	8	20251,20	12,83**	<,0001
Hata	16	3154,98		
Toplam	26	23749,87		

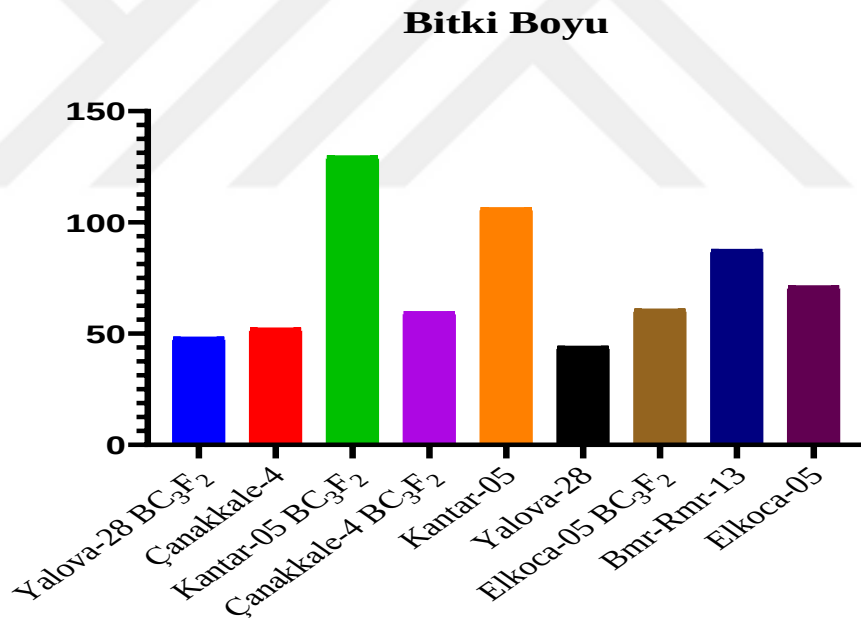
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.24. Fasulye genotiplerinin bitki boyuna ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Bitki Boyu	Melezler/Genotipler	Bitki Boyu
Kantar-05 BC ₃ F ₂	129,86 A	Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	59,86 CD
Kantar-05	106,53 AB	Çanakkale-4	52,40 CD
BMN-RMR-13	87,73 BC	Yalova-28 BC ₃ F ₂	48,33 CD
Elkoca-05	71,46 BCD	Yalova-28	44,26 D
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	61,00 CD		

*F deęerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Bitki boyu aısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Bitki boyu 44,26-129,86 cm arasında deęişmiş olup, en uzun bitki boyuna sahip genotip Kantar-05 BC₃F₂ (129,86 cm), en kısa bitki boyuna sahip genotip ise Yalova-28 olmuştur (44,26 cm).



Şekil 3.32. Fasulye genotiplerinin ortalama bitki boyu deęiřimi

3.2.8 Bitkide Dal Sayısı

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait bitkide dal sayısı varyans analizine tabi tutulmuştur. Varyans analiz sonuçları Tablo 3.25.'de verilmiştir. Bitkide dal sayısına ait ortalama deęerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma

testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.26.). Ortalama bitkide dal sayısına ait değerler ise Şekil 3.33.'de grafik olarak gösterilmiştir.

Tablo 3.25. Fasulye genotiplerinin bitkide dal sayısına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,03	0,85	0,44
Melezler/Genotipler	8	5,36	29,67**	<,0001
Hata	16	0,36		
Toplam	26	5,76		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

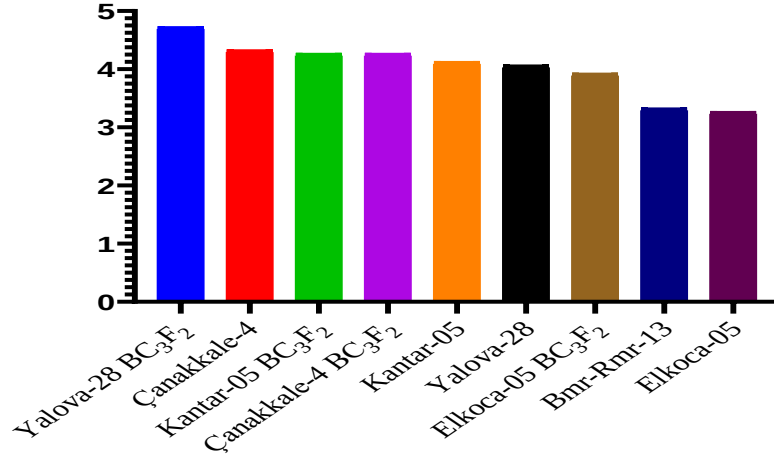
Tablo 3.26. Fasulye genotiplerinin bitkide dal sayısına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Bitkide Dal Sayısı	Melezler/Genotipler	Bitkide Dal Sayısı
Yalova-28 BC ₃ F ₂	4,73 A	Yalova-28	4,06 B
Çanakkale-4	4,33 AB	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	3,93 B
Kantar-05 BC ₃ F ₂	4,26 B	BMN-RMR-13	3,33 C
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	4,26 B	Elkoca-05	3,26 C
Kantar-05	4,13 B		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Bitkide dal sayısı açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Bitkide dal sayısı 3,26-4,73 adet arasında değişmiş olup, en fazla dal sayısına sahip genotip Yalova-28 BC₃F₂ (4,73 adet), en az dal sayısına sahip genotip ise Elkoca-05 olmuştur (3,26 adet).

Bitkide Dal Sayısı



Şekil 3.33. Fasulye genotiplerinin ortalama bitkide dal sayısı değişimi

3.2.9 İlk Bakla Yüksekliği

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait ilk bakla yüksekliği varyans analiz tablosu Tablo 3.27., ilk bakla yüksekliğine ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.28.). Ortalama ilk bakla yüksekliğine ait değerler ise Şekil 3.34.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.27. Fasulye genotiplerinin bitkide ilk bakla yüksekliğine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	47,59	7,08	0,0063
Melezler/Genotipler	8	661,72	24,61**	<,0001
Hata	16	53,76		
Toplam	26	763,08		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

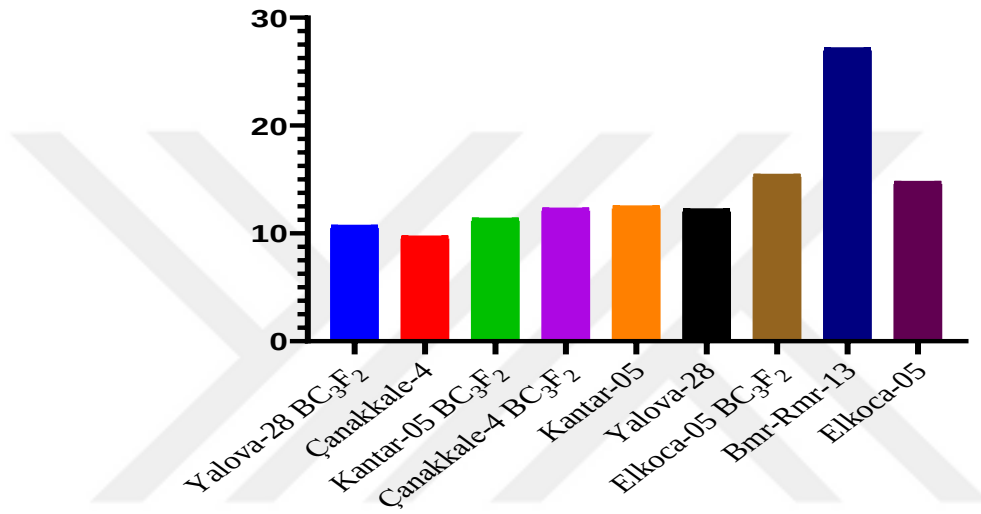
Tablo 3.28. Fasulye genotiplerinin ilk bakla yüksekliklerine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	İlk Bakla Yüksekliği	Melezler/Genotipler	İlk Bakla Yüksekliği
BMN-RMR-13	27,20 A	Yalova-28	12,26 BC
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	15,46 B	Kantar-05 BC ₃ F ₂	11,40 BC
Elkoca-05	14,80 BC	Yalova-28 BC ₃ F ₂	10,73 BC
Kantar-05	12,53 BC	Çanakkale-4	9,73 C
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	12,33 BC		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

İlk bakla yüksekliği açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotiplerinin arasındaki fark anlamlı bulunmuştur. İlk bakla yüksekliği 9,73-27,2 cm arasında değişmiş olup, en fazla ilk bakla yüksekliğine sahip genotip BMN-RMR-13 (27,2 cm), en az ilk bakla yüksekliğine sahip genotip ise Çanakkale-4 olmuştur (9,73 cm).

İlk Bakla Yüksekliği



Şekil 3.34. Fasulye genotiplerinin ortalama ilk bakla yüksekliği değişimi

3.2.10 Bitkide Bakla Sayısı

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait bitkide bakla sayısı varyans analiz tablosu Tablo 3.29., bitkide bakla sayısına ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.30.). Ortalama bitkide bakla sayısına ait değerler ise Şekil 3.35.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.29. Fasulye genotiplerinin bitkide bakla sayısına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	438,90	7,16	0,006
Melezler/Genotipler	8	4727,44	19,27**	<,0001
Hata	16	490,40		
Toplam	26	5656,74		

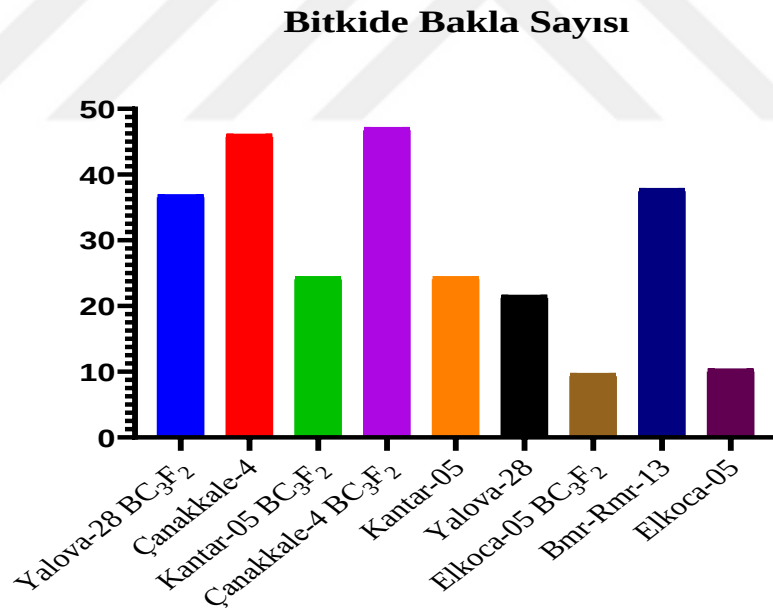
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.30. Fasulye genotiplerinin bitkide bakla sayısına ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Bitkide Bakla Sayısı	Çeşit	Bitkide Bakla Sayısı
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	47,13 A	Kantar-05	24,46 BCD
Çanakkale-4	46,13 A	Yalova-28	21,60 CD
BMN-RMR-13	37,86 AB	Elkoca-05	10,40 D
Yalova-28 BC ₃ F ₂	36,93 ABC	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	9,73 D
Kantar-05 BC ₃ F ₂	24,46 BCD		

*F deęerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Bitkide bakla sayısı aısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Bitkide bakla sayısı 9,73-47,13 adet arasında deęişmiş olup, en yüksek bitkide bakla sayısına sahip genotip Çanakkale-4 BC₃F₂ (47,13 adet), en düşük bitkide bakla sayısına sahip genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ olmuştur (9,73 adet).



Şekil 3.35. Fasulye genotiplerinin ortalama bitkide bakla sayısı deęişimi

3.2.11 Baklada Tane Sayısı

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait baklada tane sayısı varyans analiz tablosu Tablo 3.31., baklada tane sayısına ait ortalama deęerler ise TUKEY

HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.32.). Ortalama baklada tane sayısına ait değerler ise Şekil 3.36.'da gösterilmiştir.

Tablo 3.31. Fasulye genotiplerinin baklada tane sayısına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,33	2,09	0,156
Melezler/Genotipler	8	4,34	6,68**	0,0007
Hata	16	1,29		
Toplam	26	5,97		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

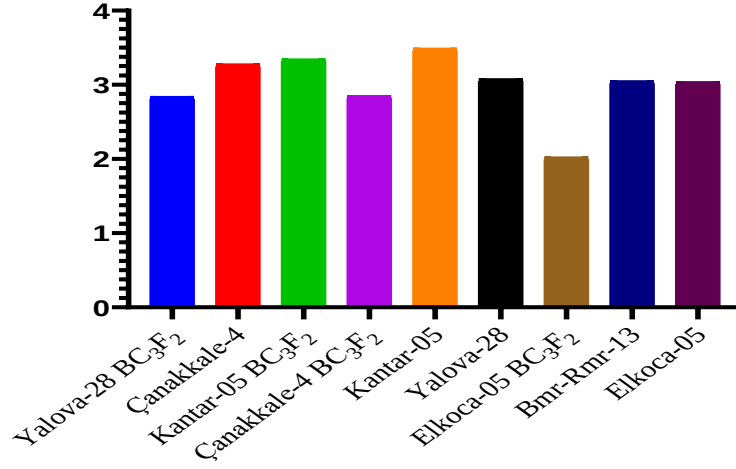
Tablo 3.32. Fasulye genotiplerinin baklada tane sayısına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Baklada Tane Sayısı	Melezler/Genotipler	Baklada Tane Sayısı
Kantar-05	3,49 A	Elkoca-05	3,04 A
Kantar-05 BC ₃ F ₂	3,34 A	Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	2,85 AB
Çanakkale-4	3,28 A	Yalova-28 BC ₃ F ₂	2,84 AB
Yalova-28	3,08 A	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	2,02 B
BMN-RMR-13	3,05 A		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Baklada tane sayısı açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotiplerinin arasındaki fark anlamlı bulunmuştur. Baklada tane sayısı 2,02-3,49 adet arasında değişmiş olup, en yüksek baklada tane sayısına sahip genotip Kantar-05 (3,49 adet), en düşük baklada tane sayısına sahip genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ (2,02 adet) olmuştur.

Baklada Tane Sayısı



Şekil 3.36. Fasulye genotiplerinin ortalama baklada tane sayısı değişimi

3.2.12 Bitki Başına Tane Verimi

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait bitki başına tane verimi varyans analiz tablosu Tablo 3.33., bitkide başına tane verimine ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.34.). Ortalama bitki başına tane verimine ait değerler ise Şekil 3.37.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.33. Fasulye genotiplerinin bitki başına tane verimine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	1022,58	6,95	0,0067
Melezler/Genotipler	8	7950,24	13,52**	<,0001
Hata	16	1176,05		
Toplam	26	10148,88		

**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

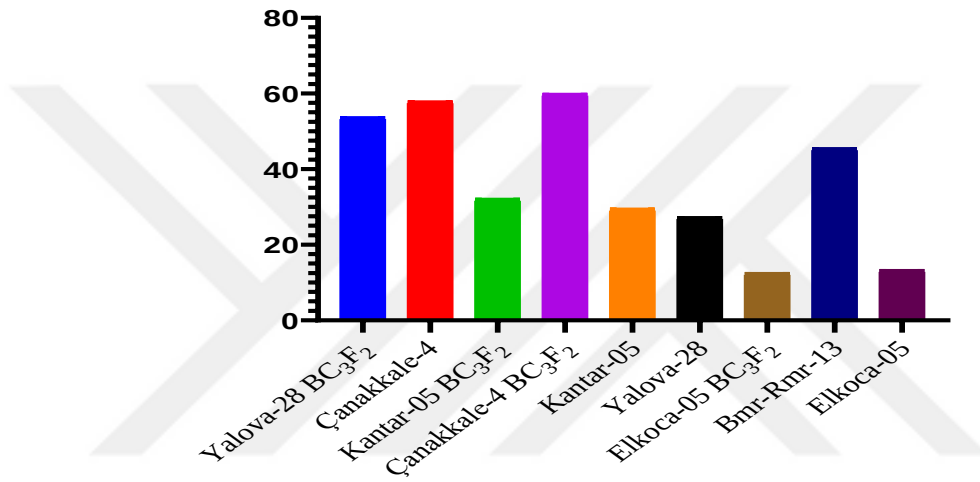
Tablo 3.34. Fasulye genotiplerinin bitki başına tane verimine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Bitki Başına Tane Verimi	Melezler/Genotipler	Bitki Başına Tane Verimi
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	60,06 A	Kantar-05	29,66 BCD
Çanakkale-4	58,00 A	Yalova-28	27,40 CD
Yalova-28 BC ₃ F ₂	53,86 AB	Elkoca-05	13,40 D
BMN-RMR-13	45,66 ABC	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	12,66 D
Kantar-05 BC ₃ F ₂	32,26 BCD		

*F değerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Bitki başına tane verimi açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotiplerinin arasındaki fark anlamlı bulunmuştur. Bitki başına tane verimi 12,66-60,06 adet arasında değişmiş olup, en yüksek bitki başına tane verimine sahip genotip Çanakkale-4 BC₃F₂ (60,06 g/bitki), en düşük bitki başına tane verimine sahip genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ olmuştur (12,66 g/bitki).

Bitki Başına Tane Verimi



Şekil 3.37. Fasulye genotiplerinin ortalama bitki başına tane verimi değişimi

3.2.13 Bin Tane Ağırlığı

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait bin tane ağırlığı varyans analiz tablosu Tablo 3.35., bin tane ağırlığına ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.36.). Ortalama bin tane ağırlığına ait değerler ise Şekil 3.38.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.35. Fasulye genotiplerinin bin tane ağırlığına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	141,25	0,06	0,9405
Melezler/Genotipler	8	289863,61	31,60**	<,0001
Hata	16	18342,91		
Toplam	26	308347,77		

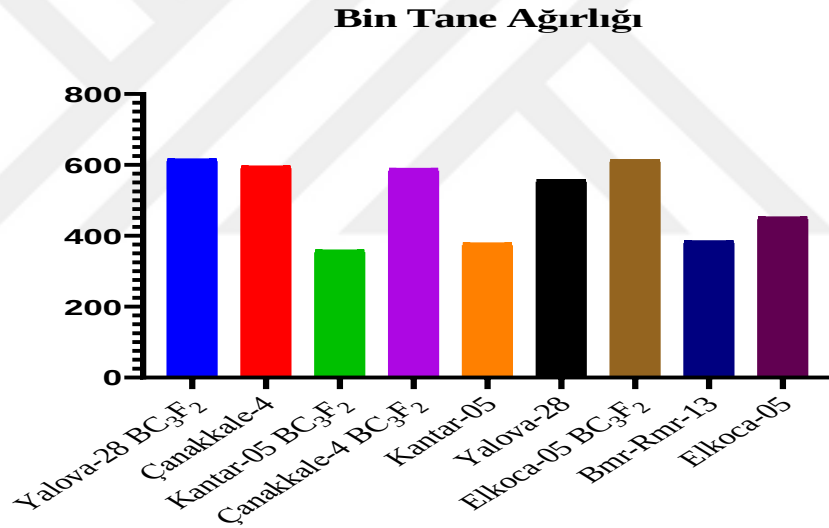
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.36. Fasulye genotiplerinin bin tane ağırlığına ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Bin Tane Ağırlığı	Melezler/Genotipler	Bin Tane Ağırlığı
Yalova-28 BC ₃ F ₂	616,6 A	Elkoca-05	452,8 B
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	614,6 A	BMN-RMR-13	386,0 B
Çanakkale-4	596,4 A	Kantar-05	379,6 B
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	590,2 A	Kantar-05 BC ₃ F ₂	359,8 B
Yalova-28	558,5 A		

*F değerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Denemede fasulye genotipleri arasındaki bin tane ağırlığı açısından fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Bitki başına tane verimi 359,8-616,6 g arasında değişmiş olup, en yüksek bin tane ağırlığına sahip genotip Yalova-28 BC₃F₂ (616,6 g), en düşük bin tane ağırlığına sahip genotip ise Kantar-05 BC₃F₂ (359,8 g) olmuştur.



Şekil 3.38. Fasulye genotiplerinin ortalama bin tane ağırlığı değişimi

3.2.14 Biyolojik Verim

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait biyolojik verim varyans analiz tablosu Tablo 3.37., biyolojik verime ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.38.). Ortalama biyolojik verime ait değerler ise Şekil 3.39.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.37. Fasulye genotiplerinin biyolojik verime ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	141,25	0,06	0,9405
Melezler/Genotipler	8	289863,61	31,60**	<,0001
Hata	16	18342,91		
Toplam	26	308347,77		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

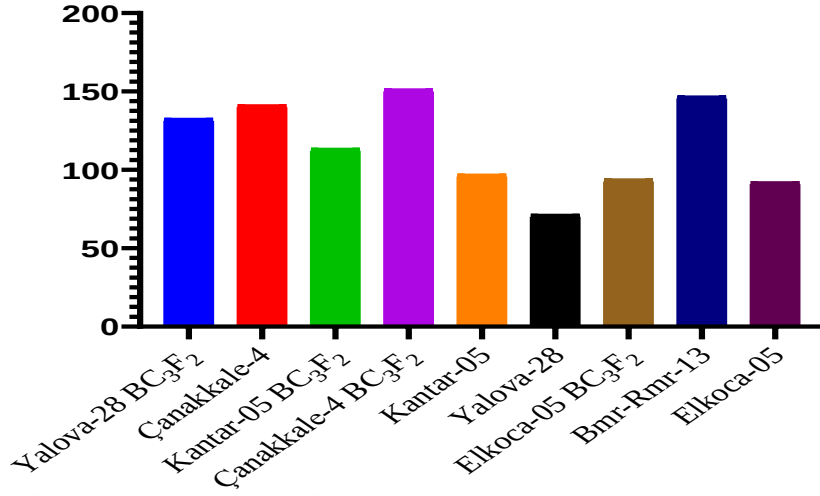
Tablo 3.38. Fasulye genotiplerinin biyolojik verime ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Biyolojik Verim	Melezler/Genotipler	Biyolojik Verim
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	151,53 A	Kantar-05	97,13 AB
BMN-RMR-13	147,06 A	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	94,13 AB
Çanakkale-4	141,46 A	Elkoca-05	92,4 AB
Yalova-28 BC ₃ F ₂	132,8 AB	Yalova-28	71,66 B
Kantar-05 BC ₃ F ₂	113,66 AB		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Biyolojik verim açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Biyolojik verim 71,66-151,53 g arasında değişmiş olup, en yüksek biyolojik verime sahip genotip Çanakkale BC₃F₂ (151,53 g), en düşük biyolojik verime sahip genotip ise Yalova-28 (71,66 g) olmuştur.

Biyolojik Verim



Şekil 3.39. Fasulye genotiplerinin ortalama biyolojik verim değişimi

3.2.15 Hasat İndeksi

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait hasat indeksi varyans analiz tablosu Tablo 3.39., hasat indeksine ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.40.). Ortalama hasat indeksine ait değerler ise Şekil 3.40’da gösterilmiştir.

Tablo 3.39. Fasulye genotiplerinin hasat indeksine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	9,79	1,06	0,3695
Melezler/Genotipler	8	2737,35	74,05**	<,0001
Hata	16	73,93		
Toplam	26	2821,08		

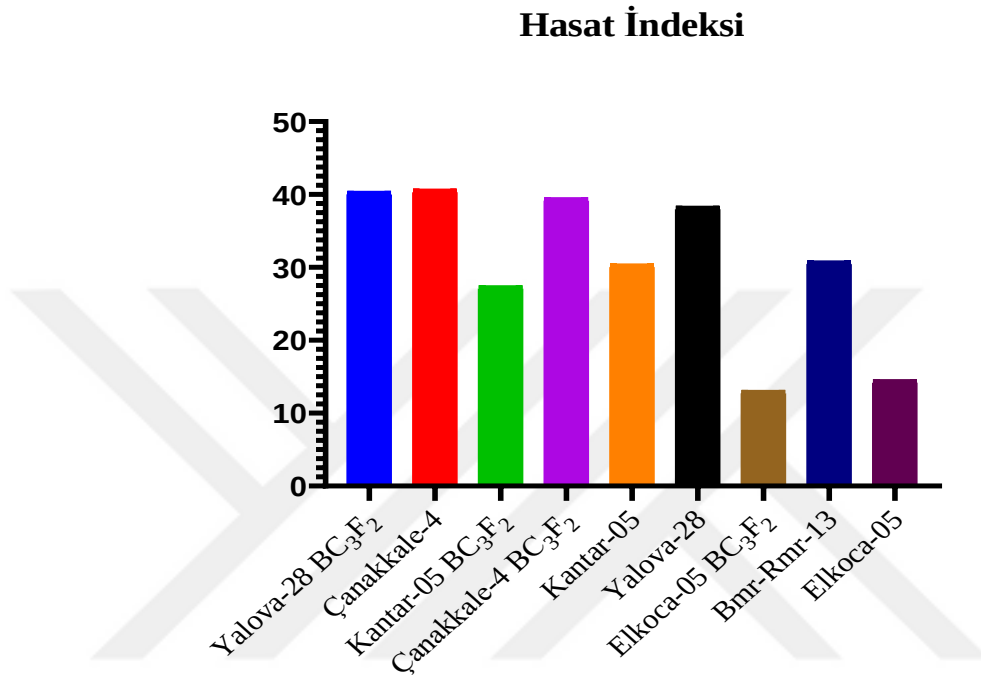
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.40. Fasulye genotiplerinin hasat indeksine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Hasat İndeksi	Melezler/Genotipler	Hasat İndeksi
Çanakkale-4	40,71 A	Kantar-05	30,43 B
Yalova-28 BC ₃ F ₂	40,41 A	Kantar-05 BC ₃ F ₂	27,43 B
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	39,51 A	Elkoca-05	14,56 C
Yalova-28	38,36 A	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	13,07 C
BMN-RMR-13	30,84 B		

*F değerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Biyolojik verim açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotiplerinin arasındaki fark anlamlı bulunmuştur. Hasat indeksi 13,07-40,71% arasında değişmiş olup, en yüksek hasat indeksine sahip genotip Çanakkale-4 (40,71 %), en düşük hasat indeksine sahip genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ (13,07 %) olmuştur.



Şekil 3.40. Fasulye genotiplerinin ortalama hasat indeksi değişimi

3.2.16 Tohum Boyu

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait tohum boyu varyans analiz tablosu Tablo 3.41., tohum boyuna ait ortalama değerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.42.). Ortalama tohum boyuna ait değerler ise Şekil 3.41. de gösterilmiştir.

Tablo 3.41. Fasulye genotiplerinin tohum boyuna ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	1,11	0,96	0,4006
Melezler/Genotipler	8	85,47	18,60**	<,0001
Hata	16	9,18		
Toplam	26	95,77		

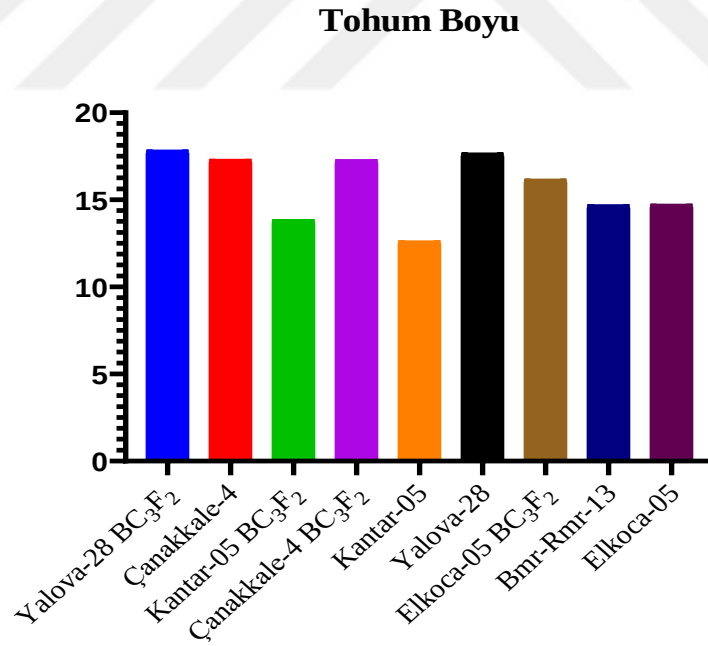
**F değerleri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.42. Fasulye genotiplerinin tohum boyuna ait ortalama deęerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Tohum Boyu	Melezler/Genotipler	Tohum Boyu
Yalova-28 BC ₃ F ₂	17,83 A	Elkoca-05	14,73 BC
Yalova-28	17,67 A	BMN-RMR-13	14,71 BC
Çanakkale-4	17,31 A	Kantar-05 BC ₃ F ₂	13,86 C
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	17,29 A	Kantar-05	12,62 C
Elkoca-05 BC ₃ F ₂	16,17 AB		

*F deęerleri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Tohum boyu aısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Tohum boyu 12,62-17,83 mm arasında deęişmiş olup, en yüksek tohum boyuna sahip genotip Yalova-28 BC₃F₂ (17,83 mm), en düşük tohum boyuna sahip genotip ise Kantar-05 (12,62 mm) olmuştur.



Şekil 3.41. Fasulye genotiplerinin ortalama tohum boyu deęişimi

3.2.17 Tohum Eni

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait tohum eni varyans analiz tablosu Tablo 3.43., tohum enine ait ortalama deęerler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma

testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.44.). Ortalama tohum enine ait değerler ise Şekil 3.42.'de gösterilmiştir.

Tablo 3.43. Fasulye genotiplerinin tohum enine ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,20	1,4	0,2752
Melezler/Genotipler	8	2,97	5,00**	0,0030
Hata	16	1,18		
Toplam	26	4,37		

**F değerleri $p < 0,01$ ihtimal sınırında önemlidir.

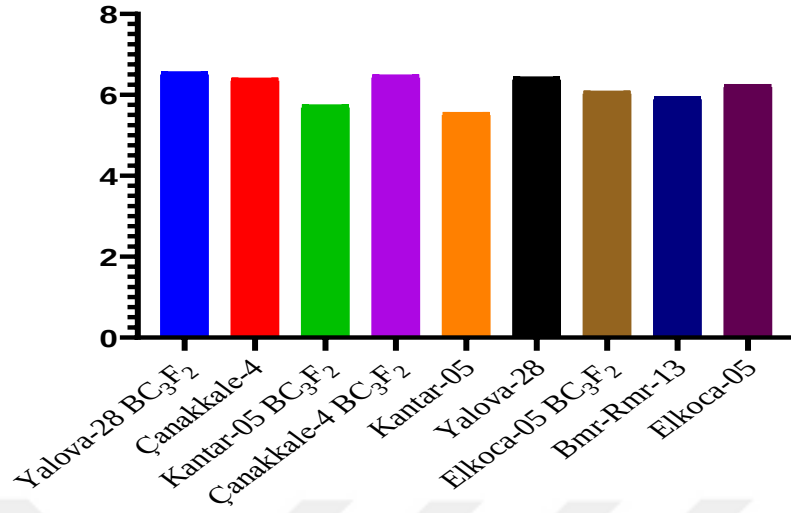
Tablo 3.44. Fasulye genotiplerinin tohum enine ait ortalama değerler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Tohum Eni	Melezler/Genotipler	Tohum Eni
Yalova-28 BC ₃ F ₂	6,56 A	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	6,08 ABC
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	6,49 AB	BMN-RMR-13	5,95 ABC
Yalova-28	6,43 AB	Kantar-05 BC ₃ F ₂	5,75 BC
Çanakkale-4	6,40 AB	Kantar-05	5,56 C
Elkoca-05	6,25 ABC		

*F değerleri $p < 0,05$ ihtimal sınırında önemlidir.

Tohum eni açısından tekerrürler arasındaki fark önemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Tohum eni 5,56-6,56 mm arasında değişmiş olup, en yüksek tohum enine sahip genotip Yalova-28 BC₃F₂ (6,56 mm), en düşük tohum enine sahip genotip ise Kantar-05 (5,56 mm) olmuştur.

Tohum Eni



Şekil 3.42. Fasulye genotiplerinin ortalama tohum eni değışimi

3.2.18 Tohum Çapı

Denemeye alınan fasulye genotiplerine ait tohum çapı varyans analiz tablosu Tablo 3.45., tohum çapına ait ortalama değler ise TUKEY HSD çoklu karşılaştırma testine göre belirlenmiştir (Tablo 3.46.). Ortalama tohum çapına ait değler ise Şekil 3.43 de gösterilmiştir.

Tablo 3.45. Fasulye genotiplerinin tohum çapına ait varyans analiz tablosu

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	F değeri	Prob > F
Tekerrür	2	0,33	1,34	0,2883
Melezler/Genotipler	8	5,24	5,31**	0,0022
Hata	16	1,97		
Toplam	26	7,54		

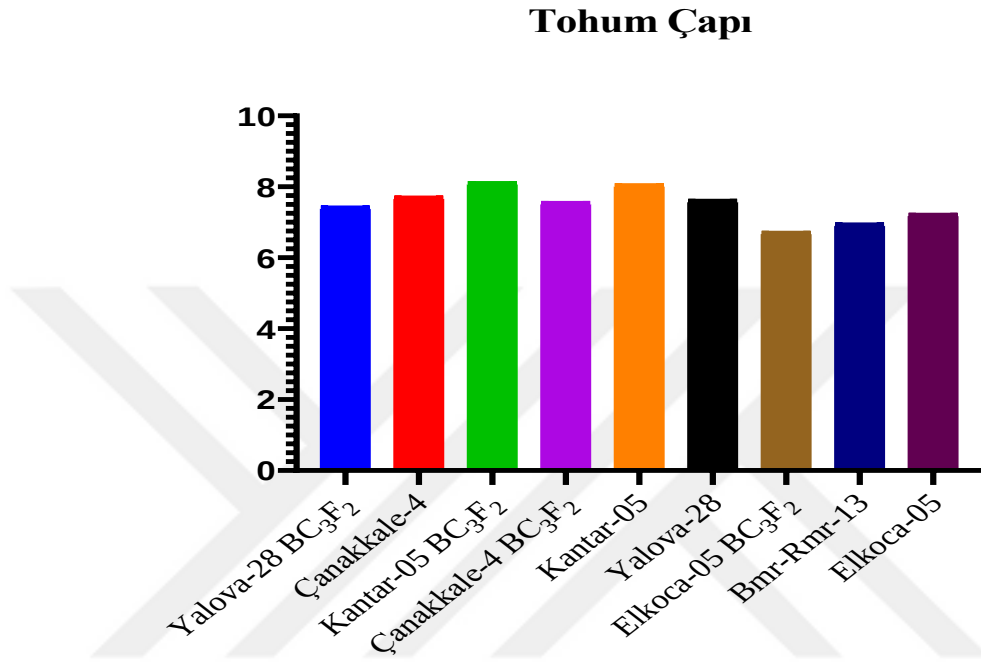
**F değeri p<0,01 ihtimal sınırında önemlidir.

Tablo 3.46. Fasulye genotiplerinin tohum çapına ait ortalama değler ve TUKEY grupları

Melezler/Genotipler	Tohum Çapı	Melezler/Genotipler	Tohum Çapı
Kantar-05 BC ₃ F ₂	8,14 A	Yalova-28 BC ₃ F ₂	7,45 AB
Kantar-05	8,07 A	Elkoca-05	7,24 AB
Çanakkale-4	7,72 AB	BMN-RMR-13	6,97 B
Yalova-28	7,63 AB	Elkoca-05 BC ₃ F ₂	6,73 B
Çanakkale-4 BC ₃ F ₂	7,57 AB		

*F değeri p<0,05 ihtimal sınırında önemlidir.

Tohum apı aısından tekerr rl r arasındaki fark  nemli bulunmazken denemede fasulye genotipleri arasındaki fark istatistiki olarak %1 d zeyinde anlamlı bulunmuştur. Tohum apı 6,73-8,14 mm arasında deėiştmişt  olup, en y ksek tohum apına sahip genotip Kantar-05 BC₃F₂ (8,14 mm), en d şt k tohum apına sahip genotip ise Elkoca-05 BC₃F₂ (5,56 mm) olmuştur.



Őekil 3.43. Fasulye genotiplerinin ortalama tohum apı deėiőimi

4. TARTIŞMA

Çalışmada *Co-1*⁵, *Co-2*, *Co-4*², *bc-3* ve *I* gen lokuslarına sahip BMN-RMR-13 genotipi iki ümitvar fasulye hattı (Çanakkale-4 ve Yalova-28) ve iki standart çeşit (Elkoca-05 ve Kantart-05) ile geri melezlenmiştir. Çalışmada, 64 F₂, 32 BC₁F₁, 44 BC₂F₁, 46 BC₃F₁ ve 72 BC₃F₂ hattı elde edilmiştir. Her melezleme sonucunda DNA izolasyonu gerçekleştirilerek melezlerin gen lokuslarını içerip içermediği moleküler markörler ile incelenmiştir. BC₃F₁ elde edildikten sonra bitkiler kendilenmiş ve BC₃F₂ hatları elde edilmiştir. BC₃F₂ hatları arazi denemesine alınarak fenotipik ve agronomik özellikler bakımından ebevenylerle karşılaştırılmıştır.

Co-1, *Co-4*² ve *Co-6* direnç genlerinin varlığı sırasıyla OPF10, SBB14 ve SZ04 markör çiftleri kullanılarak doğrulanmıştır. BMN-RMR-13 genotipi sırasıyla *Co-1*, *Co-4*² ve *Co-6* genlerinin kaynağıdır. OPF10 RAPD, SBB14 ve SZ04 SCAR primerleri, *Co-1*, *Co-4*² ve *Co-6* direnç allellerini içeren bir genomik DNA (gDNA) fragmanını amplifiye etmek amacıyla kullanılmıştır. *P. vulgaris* gDNA şablonu üzerinde OPF10, SBB14 ve SZ04 markörleriyle gerçekleştirilen PCR ürünleri, sırasıyla 530 bp, 570-1150 bp ve 567 bp uzunluğunda ürünler üretmiştir. Ancak, duyarlı genotiplerden (Elkoca-05, Kantar-05, Çanakkale-4 ve Yalova-28) elde edilen DNA fragmentleri direnç alellerine sahip olmadıkları için PCR ürünlerinden bant elde edilememiştir. *Co-1* genine bağlı OPF10, *Co-4*² genine bağlı SBB14 ve *Co-6* genine bağlı SZ04 markörleri, sırasıyla F₂, BC₃F₂ ve BC₁F₁, BC₂F₁, BC₃F₁ popülasyonlarında beklenen 3:1 ve 1:1 oranlarına iyi bir uyum göstermiştir.

OPF10 moleküler markörü polimorfik lokusları belirlemede sağladığı yüksek verimlilik nedeniyle genetik çalışmalarında yaygın olarak kullanılan bir Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markörüdür. Özellikle OPF10, fasulye bitkisinde *Co-1* direnç geni ile ilişkilendirilmiştir. *Co-1* geni, *C.lindemuthianum* tarafından neden olunan bir fungal hastalık olan antraknoza karşı direnç sağlamaktadır (Kelly ve Vallejo, 2004). Çeşitli çalışmalar, OPF10'un ayrışan popülasyonlarda *Co-1* geni ile segregasyonunu ve F₂ popülasyonlarında 3:1 gibi beklenen Mendel oranlarına uyumunu doğrulamıştır (Kelly ve Vallejo, 2004). Bu özellik OPF10'u, antraknoza dirençli fasulye çeşitlerinin geliştirilmesine odaklanan ıslah programlarında markör destekli seleksiyon için değerli bir araç

haline getirmektedir. Bu çalışmada gözlemlenen OPF-10 markörünün polimorfizmi, daha önce fasulye antraknozuna karşı direnç ile ilişkilendirilmiş raporlarda belirtilenlerle benzerlik göstermektedir (Geleta vd., 2007).

SBB14 moleküler markörü fasulye bitkisinde *Co-4²* antraknoz direnç genini tanımlamak için kullanılan bir Sekans Karakterize Amplifiye Bölgesi SCAR markörüdür. SBB14, *C. lindemuthianum* kaynaklı antraknoza karşı direnç geliştirmeye yönelik ıslah programlarında MAS için etkili bir araç olarak kullanılmaktadır. Bu markörün güvenilirliği, ayrışan popülasyonlar üzerinde yapılan çalışmalarda kanıtlanmıştır (Uwera vd., 2021). *Co-4²* allelinin ise geniş bir *C. lindemuthianum* ırk yelpazesine karşı geniş tabanlı direnç sağladığı bildirilmiştir (Balardin ve Kelly, 1998). *Co-4²*'ye sıkı şekilde bağlı olan SCAR markörleri SAS13, SH18 ve SBB14 tanımlanmış olup markör destekli seçim projelerinde kullanılabilir durumda olduğunu bildirmişlerdir (Young vd., 1998; Alzate-Marin vd., 2001; Kelly vd., 2003).

SZ04 moleküler markörü fasulyede *Co-6* antraknoz direnç geni ile ilişkilendirilen bir SCAR markörüdür. SZ04 markörü *C. lindemuthianum* kaynaklı antraknoz hastalığına karşı direnç geliştirme amaçlı ıslah programlarında önemli bir rol oynamaktadır. *Co-6* geninin yanı sıra *Co-1*, *Co-4²* ve *Co-11* gibi diğer direnç genlerinin varlığı çeşitli antraknoz izolatlarına karşı dirençli fasulye çeşitlerinin geliştirilmesinde kritik öneme sahiptir (Palacioğlu vd., 2022). SZ04 gibi markörlerin kullanımı genotip seçimini kolaylaştırmakta, ıslah sürecini hızlandırmakta ve dayanıklı çeşit ıslahına katkı sağlamaktadır (Costa vd., 2010; Celin vd., 2012). Bu çalışmada SZ04 markörü ile elde edilen bulgular daha önce *P. vulgaris*'te fasulye antraknozuna karşı dirençle ilişkili çalışma sonuçları ile uyumlu olduğu görülmektedir (Genchev vd., 2010).

Fasulye bitkisinde antraknoz direncinin basit kalıtmımlı ana genler tarafından kontrol edildiği ifade edilmiştir (Kelly ve Vallejo, 2004; Gonçalves-Vidigal ve Kelly, 2006, Gonçalves-Vidigal vd., 2009). Antraknoza karşı koşullu direnç olarak karakterize edilen tüm lokuslar arasında *Co-1*, fasulyenin And gen havuzundan kaynaklanan tek lokus olduğu belirtilmiştir (Gepts, 1988; Gonçalves-Vidigal vd., 2008). *Co-1*, *Co-4²* ve *Co-6* gen lokuslarının, *C.lindemuthianum*'un alfa-17, beta-130, delta-23, gamma-102, 74, 258, 264, 339 ve 343 ırklarına karşı direnç sağladığı

bilinmektedir (Melotto ve Kelly, 2000; Alzate-Marin vd., 2001, 2003; Rodríguez-Suárez vd., 2008; Vieira vd., 2018).

Çalışmadan elde edilen bulgular, *C. lindemuthianum* ırk 38 ile inoküle edilen Andecha x Mexico 222 melezlerden elde edilen popülasyonda gözlemlenen ayrışma oranıyla uyumlu bulunmuştur. F₂ neslinde 3 dirençli (R):1 duyarlı (S) oranı tespit edilmiştir (Méndez-Vigo vd., 2005). Ruhimbana (2019) yapmış olduğu çalışmada dört ticari çeşitin gen piramitlemesi çalışmasında F₂ popülasyonlarında 3 dirençli (R):1 duyarlı (S) oranı tespit etmiştir. Buna karşılık, *C. lindemuthianum* ırk beta ile inoküle edilen Tuscola (R) x Montcalm (S) melezi ve Michelite x MDRK melezinden elde edilen F₂ neslinde 1R:3S oranında bir direnç ayrışması bildirilmiştir (Cardenas vd., 1964; Muhalet vd., 1981). Bu sonuçlar, ters baskınlık (reverse dominance) olgusunu işaret etmektedir. Ters baskınlık, aynı lokusta yer alan çok alellik serilerinin bir sonucu olarak ortaya çıkmaktadır (Kelly ve Vallejo, 2004).

BCMV-48289723 ve ENM markörleri sırasıyla polimorfik TaqI ve RsaI bölgelerini içeren genomik DNA (gDNA) fragmentini amplifiye etmek için kullanılmıştır. PCR amplifikasyonu sırasıyla 311 bp ve 541 bp uzunluğunda ürünler üretmiştir. Donör ebeveyn (BMN-RMR-13) tarafından elde edilen PCR ürünlerinin restriksiyon endonükleazlarla kesilmesi sonucunda, direnç aleline ait bantlar TaqI için 201 bp ve 110 bp, RsaI için ise 381 bp ve 160 bp olarak tespit edilmiştir. Buna karşılık, duyarlı genotiplerden (Çanakkale-4, Yalova-28, Kantar-05 ve Elkoca-05) elde edilen PCR ürünleri, restriksiyon bölgelerindeki modifikasyonlar nedeniyle TaqI ve RsaI enzimleri tarafından kesilmemiştir (Şekil 2). Bu alele özgü analizler, CAPS markörleri ile değerlendirilen tüm duyarlı alellerde *bc-3* (*bc-3bc-3*) ve *I* direnç alelleri (*II*), *Bc-3Bc-3* ve *II* varlığını tespit etmiştir. Markörler, ebeveynler, ayrışan popülasyonlar ve ileri hatlardaki dirençli ve duyarlı bireyler arasında ayrım yapabilmıştır (Şekil 2). BCMV-48289723 markörü, 311 bp uzunluğunda bir DNA bandı göstermiş ve enzimle kesme işlemi sonrasında heterozigot bireylerde 311 bp, 201 bp ve 110 bp uzunluğunda bantlar oluşmasına neden olmuştur (Şekil 4.1). Bu çalışmada BCMV-48289723-CAPS markörünün gözlemlenen polimorfizmi, fasulyede fasulye adi mozaik virüsüne karşı direnç ile ilişkilendirilen Bello ve arkadaşları (2014) tarafından daha önce bildirilen sonuçlarla benzerlik göstermektedir.

ENM markörü, *P. vulgaris* ve *A. thaliana*'da (Lellis vd., 2002; Naderpour vd., 2010) öngörülen polimorfik RsaI bölgesini içeren bir gDNA bandı göstermek amacıyla seçilmiştir. *P. vulgaris* gDNA'sı üzerinde ENM markörü hem ebeveynlerden hem de değerlendirilen ayrışan popülasyonlardan beklenen 541 bp boyutunda bir bant üretmiştir. Enzim ile kesilme işlemi sonrasında elde edilen PCR ürünlerinde kodominantlık ve bant uzunluğu polimorfizmi gözlemlenmiştir. PveIF4E2 genotiplerine ait, Achensal ve ıslah hatlarını da içeren çeşitlerini PCR ürünlerinin RsaI enzimi ile kesilmesi sonucunda, 381 bp ve 160 bp boyutlarında ürünler elde edilmiştir (Tragoonrung vd., 1992; Konieczny ve Ausubel, 1993). Tüm bu sonuçların *bc-3* genini taşıdığı öngörülmüştür. Çanakkale-4, Yalova-28, Kantar-05 ve Elkoca-05 ebeveynlerinden elde edilen PCR ürünlerinin RsaI enzimiyle ile kesilmiş ve 540 bp boyutunda bir bant oluşumu ile sonuçlanmıştır. Heterozigot bireylerde ise hem duyarlı alel (541 bp) hem de direnç alelleri (381 bp ve 160 bp) tespit edilmiştir (Şekil 3). Ayrıca bulgularımızın Bello vd. (2014) tarafından yayımlanan ve BeanCAP paneli ile bir RIL popülasyonunda *I* genine birlikte bulunan CAPS markörlerine ilişkin önceki bulgularla uyumlu olduğu görülmektedir. Bu çalışmada, *bc-3* direnç aleline özgü ENM-CAPS markörünün gözlemlenen polimorfizmi, daha önce *P. vulgaris* ve diğer türlerde (*C. annuum*, *L. sativa* ve *P. sativum*) potyviruslara karşı direnç ile ilişkilendirilen bulgulara benzerlik göstermektedir (Robaglia ve Caranta, 2006; Beauchemin vd., 2007; Naderpour vd., 2010).

Çıkış gün sayısı kuru fasulye yetiştiriciliğinde pek çok faktörden etkilenmektedir. Bu faktörlerin başlıcaları toprak yapısı, sıcaklık ve nemdir (Angus vd., 1980; Dürr vd., 2001; Dorsainvil vd., 2005; Soydemir 2021). Fasulye bitkisi düşük sıcaklıklara oldukça hassas olup, 15°C'nin altındaki sıcaklıklar çimlenme hızını düşürmekte, 7-10°C'nin altındaki sıcaklıklar ise tohumun çimlenmesini engellemektedir (Dickson ve Boetger, 1984; Kantar ve Elkoca, 2001; Aydoğan, 2017). Bu nedenle fasulye, mutlaka ilkbahar mevsiminin son donlarının ardından ekilmelidir (Sepetoğlu ve Altıntaş, 1994). Akçin (1988), optimum çimlenmenin toprak sıcaklığının 18-20°C arasında olması durumunda gerçekleştiğini bildirmiştir. Fasulye tohumlarının çıkış gösterebilmesi için gereken toplam sıcaklık ihtiyacı bakımından genotipler arasında farklılıklar gözlenmekte olup, toplam sıcaklık isteği daha düşük olan genotipler daha kısa sürede çimlenerek çıkış

yapabilmektedir (Wagenvoort ve Bierhuizen, 1977; Kantar ve Elkoca, 2001; Aydoğan, 2017, Soydemir 2021). Islah çalışmalarında, çıkış süresi erkencilik, çiçeklenme süresi, bakla bağlama süresi ve olgunlaşma süresi gibi parametrelerle pozitif bir ilişki gösterdiği ortaya koyulmuştur. Bu bağlamda, erken çıkış yapan hat ve çeşitlerde çiçeklenme, bakla bağlama ve olgunlaşma süreçleri de erken gerçekleştiği bildirilmiştir (Türkmen, 2020).

Fasulye çeşit ve genotiplerinin çıkış gün sayıları araştırmacılar tarafından farklı aralıklarda tespit edilmiştir; Akçin (1974) 9-14, Güneş (2006) 10-15,6, Madakbaş ve Ergin (2011) 6,00-11,67, Erdinç (2012) 10,33-20,67, Özkorkmaz Atıcı (2013) 13-25, Elkoca ve Çınar (2015) 15,20-19,30, Kuyucuoğlu (2016) 6,97-16, Öztürk (2018) 6-9, Kul (2019) 12-21, Serengül (2019) 10,25-12,75, Türkmen (2020) 12-14,66, Soydemir (2021) 11,75-19 gün. Bu araştırmada belirlenenden uzun ya da kısa sürede çıkış olduğunu belirten araştırmalar söz konusudur (Çınar, 2015). Çıkış gün sayısı üzerine genotip, toprak sıcaklığı ve neminin etkisi olmaktadır. Bu faktörlere bağlı olarak çıkış sürelerinde değişimler yaşanabilmektedir. Tez çalışmasının çıkış gün sayısı değerleri literatürdeki çalışmalarla önemli ölçüde uyum gösterdiği belirlenmiştir.

Çiçeklenme zamanı yaz döneminde yetiştirilen kuru fasulyenin adaptasyonu ve performansı için önemli bir fenolojik dönemdir (Sözen vd., 2021). Fasulyede çiçeklenme süresi, genetik farklılıklar, çevresel etkiler ve ıslah çalışmaları gibi faktörlere bağlı olarak önemli farklılıklar göstermektedir. Çiçeklenme süreleri, genetik benzerlik nedeniyle çiçeklenme sürelerinde stabilitenin korunduğunu ortaya koymaktadır (Geleta vd., 2024). Ayrıca, çevresel koşulların çiçeklenme süresine olan etkisi literatürde belirtildiği gibi; sıcaklık, ışık süresi ve su gibi faktörlerin fasulye gibi baklagillerde çiçeklenme dönemini belirgin şekilde etkilediği bildirilmektedir (Rubatzky ve Yamaguchi, 2012). Çeşitler arasındaki farklılık, çeşitlerin çevresel koşullara adaptasyonunun genetik olarak belirginleşmiş olduğunu bildirmektedir (Acquaah, 2009). Islah çalışmalarında çiçeklenme süresi gibi fenolojik özelliklerin stabilizasyonu önemlidir; bu amaçla seleksiyon yoluyla oluşturulan BcF₂ nesillerinin hedeflenen fenotipik özelliklere yakın etki gözlenmesi beklenmektedir (Hallauer vd., 2010). Bu durum adaptasyon süreçlerinde çiçeklenme süresi gibi fenolojik özelliklerin önemli bir ıslah hedefi olarak ele alındığını göstermektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin çiçeklenme gün sayıları, diğer araştırmacılar tarafından; Özkorkmaz Atıcı (2013) 30,33-88,67 gün, Elkoca ve Çınar (2015) 34-72,5 gün, Özbekmez (2015) 33,33-61,67 gün, Kuyucuoğlu (2016) 57,33-75,33 gün, Yeken (2017) 45-70 gün, Tunç vd. (2020) 48-62,8 gün, Soydemir (2021) 56-71,50 gün olarak tespit edilmiştir. Bu çalışmada farklı genotip ve çeşitlerde farklı çiçeklenme süreleri gözlemlenmiştir. Bu farklılığın nedeninin genotip ve çeşitlerin genetik yapısı ve ekolojik faktörlerden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin bakla bağlama gün sayıları, diğer araştırmacıların sonuçları ile karşılaştırıldığında bakla bağlama gün sayılarını Anlarsal ve arkadaşları (2000) 39-49, Palabıyık (2006) 52,35-61,42 Yeken (2017) 53-74, Kuzkun (2022) 62-76, Yıldırım (2023) 49,67-72,67 gün olarak bildirmişlerdir. Denemenin sonuçları ile diğer araştırmacıların sonuçları kısmen benzerlik göstermektedir. Bakla bağlama süresindeki farklılıkların sebebinin baklagillerde bakla bağlama süresinin sıcaklıkla doğrudan ilişkili olduğunu belirten araştırmacı Chung (1989) tarafından ifade edilmiş, çıkış süresi üzerinde özellikle iklimin etkisinin belirgin olduğu bildirilmiştir. Araştırmanın sonucu ile araştırmacıların yapmış olduğu çalışmaların farkının farklı ekim zamanları ve yetiştirme tekniklerinden de kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Fasulyede vejetasyon süresi, genetik ve çevresel faktörlerden etkilenmektedir (Akçin, 1988; Şehirali, 1988). Araştırmada kullanılan fasulye genotip ve çeşitleri bodur ve sarılcı gelişim tipine sahip olup, bodur gelişen çeşitlerin vejetasyon süreleri sarılcı tiplere göre genellikle daha kısadır (Düzdemir ve Akdağ, 2001). Olgunlaşma süresi ile ilişkili olan çiçeklenme ve bakla bağlama süreçleri için en uygun ortalama sıcaklık aralığı ise 15-25 °C olarak belirlenmiştir (Akdağ, 2001). Kısa sürede çiçeklenen genotipler genellikle olgunlaşmalarını daha önce tamamlamışlardır. Çiçeklenme süresinde olduğu gibivejetasyon süresi bakımından da Elkoca-05 çeşidi en geç olgunlaşan çeşitlerdendir. Olgunlaşma süresine etki eden erken çiçeklenme dışında genetik mekanizmalarında etkili olduğu söylenebilir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin olgunlaşma süreleri Yeken ve arkadaşları (2018a) 56-107,33 gün, Kul (2019) 89,5-124,8 gün, Taşkesen (2019) 116-137 gün, Bıyıklı ve arkadaşları (2021) 125,3-140 gün, Konuk ve Uzun (2021) 107-124,38gün, Soydemir (2021) 82,75-90,50 gün, Yıldırım (2023) ise 85-118 gün

olarak bildirilmiştir. Konuyla ilgili önceki bulguların büyük oranda mevcut araştırma konusuyla ilgili sonuçlarla benzerlik gösterdiği görülmüştür.

Araştırmalar, kalsiyum eksikliğinin *Phaseolus vulgaris*'in hipokotil yapısını önemli ölçüde etkileyebileceğini göstermektedir. Kalsiyum eksikliği koşullarında yetiştirilen fideler, çökme ve kalınlık değişimleri de dahil olmak üzere hipokotil gelişiminden ödün vermiştir. Kalsiyum takviyesi bu yapısal anormallikleri azaltarak mineralin hipokotil bütünlüğü ve büyümesindeki kritik rolünü vurgulamıştır (Helms, 1979; Galdino vd., 2021). Çalışmalar, ışık mevcudiyeti ve besin bileşimi gibi çevresel koşulların hipokotil kalınlığını etkilediğini göstermişlerdir. Karanlıkta yetiştirilen fidelerin ışık koşulları altında yetiştirilenlere kıyasla, hipokotillerin diferansiyel hormon düzenlemesi nedeniyle daha kısa ve daha sağlam olduğu ancak daha ince hipokotiller geliştirdiği bildirilmiştir (Helms, 1979; Galdino vd., 2021). Fenolik ve flavonoid içeriği de dahil olmak üzere hipokotilin biyokimyasal bileşimi, yapısal özelliklerinde ve savunma mekanizmalarında rol oynar. Bu bileşiklerdeki varyasyonlar hipokotil sağlamlığını ve patojenlere karşı direnci etkileyebilir, dolaylı olarak kalınlığı etkiler (Hardwick ve Andrews, 1981; Galdino vd., 2021).

Fasulye tohumu, hipokotilin bir ucuna bağlı iki kotiledon ve iki kotiledon arasındaki epikotilden çıkan plumuladan oluşur (Kater, 1927). Tohum çimlenmesi sırasında hipokotil, kotiledonları epigeal bir büyüme modelinde toprak yüzeyinin üzerine kaldırır, bu da erken fide oluşumu için çok önemlidir. Ortalama hipokotil uzunluğunun fasulye çeşidine ve çevresel koşullara bağlı olarak değişmekte olduğu, tipik olarak erken gelişim aşamalarında yaklaşık 4,8 cm uzunluğunda olduğu bildirilmiştir (Helms, 1979; Rania vd., 2010). Çalışmalar, kalsiyum mevcudiyetinin hipokotil uzamasını önemli ölçüde etkilediğini göstermektedir. Kalsiyum eksikliği büyümeyi sınırlayabilirken, takviye uzamayı teşvik etmekte ve fide aşamalarında yeterli mineral beslenme önem kazanmaktadır (Helms, 1979). Işık, sıcaklık ve toprak koşulları hipokotil büyümesini belirlemede kritik öneme sahiptir, karanlıkta yetişen fideler, bitkilerin ışığa ulaşmak için uzadığı bir süreç olan etiyolasyon nedeniyle genellikle daha fazla hipokotil uzaması sergilemektedir (Helms, 1979; Rania vd., 2010).

Bitki boyu, kültür bitkilerinde verim unsurları arasında öncelikli olarak değerlendirilen önemli bir morfolojik parametre olup, fasulye bitkisi verimi üzerinde de belirleyici etkiye sahiptir (Türkmen, 2020; Ceyhan vd., 2009). Bitki

boyu, genetik yapı kadar çevresel faktörlerden de yüksek derecede etkilenmekte; aynı genotiplerin farklı çevre koşulları ve yıllarda yetiştirilmesi, bitki boyu açısından istatistiksel olarak anlamlı farklılıklara yol açmaktadır (Bozoğlu, 1995; Pekşen, 2005; Ülker, 2008; Elkoca ve Çınar, 2015). Birçok çalışmada fasulye çeşitleri ve genotipleri arasında genetik farklılıklardan kaynaklanan önemli bitki boyu varyasyonları olduğu belirtilmiştir (Bozoğlu ve Sözen, 2007; Ceyhan vd., 2009; Kantar vd., 2010). Bitki boyu değerlerinin çeşit, hat veya populasyonlara göre değişiklik gösterdiği ve farklı koşullarda yetiştirilen fasulye türlerinde farklı değerlere ulaştığı pek çok araştırmada ortaya konulmuştur (Erman, 1992; Alıcı, 1997; Atış, 2005; Pekşen, 2005; Çokkızgın ve Anlarsal, 2008; Çölkesen vd., 2009, 2011; Çiftçi vd., 2012b).

Fasulye çeşit ve genotiplerinin bitki boyu değerleri, araştırmacılar tarafından farklı aralıklarda bulunmuştur. Düzdemir ve Akdağ (2001) 49,9-154,9 cm, Kahraman (2014) 53,17-104,33 cm, Aydoğan (2017) 53,3-110,5 cm, Demir (2018) 38,80-59,16 cm, Taşkesen (2019) 52,5-105,7 cm, Türkmen (2020) 27,73-62,63 cm, Soydemir (2021) 31,98-54,60 cm, Yılmaz (2024) 48,5-118,8 cm aralığında olduğunu bildirmişlerdir. Bu çalışmadaki bitki boyu verileri literatürde yer alan çalışmalar ile benzerlik göstermektedir.

Dal sayısı değişimi ilgili kısmi farklılıkların öncelikli olarak genetik faktörlerden kaynaklandığı düşünülmektedir. Nitekim, Önder ve Şentürk (1996), fasulye bitkisinde genetik yapının, bitkide ana dal sayısı üzerinde önemli bir etkiye sahip olduğunu belirtmişlerdir. Kuru fasulye bitkisinde ana dal sayısının, tane verimini etkileyen kritik bir faktör olduğu çeşitli çalışmalarla ortaya konulmuştur (Akçin, 1974; Singh vd., 1976; Tikka ve Kumars, 1976; Kahraman, 2014; Özbekmez, 2014; Elkoca ve Çınar, 2015; Çakır, 2019). Araştırmalar, bu karakterin kalıtsal etkisinin de oldukça belirleyici olduğunu vurgulamaktadır (Özçelik ve Gülümser, 1988; Pekşen ve Gülümser, 2005; Şentürk, 2016). Bununla birlikte, iklimsel değişimlerin dal sayısı üzerinde yıllar arasında anlamlı farklılıklara yol açtığını gösteren çalışmalar da mevcuttur (Pekşen, 2005; Karakuş vd., 2005; Elkoca ve Çınar, 2015). Ayrıca, kuru fasulye bitkisinde boyca uzamanın, ana dal sayısında azalmaya neden olabileceği ifade edilmiştir (Akçin, 1974; Elkoca ve Çınar, 2015; Çakır, 2019; Türkmen, 2020). Akçin (1974), az sayıda dal geliştiren fasulye

çeşitlerinin verimlerinin düşük, buna karşılık fazla dal geliştiren çeşitlerin verimlerinin daha yüksek olduğunu rapor etmiştir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin bitkide dal sayısı değerlerini, Özbekmez (2015) 3,03-5,33, Kuyucuoğlu (2016) 3,17-6,27, Yeken vd. (2018a) 6,25-8,25, Çakır (2019) 2,67-4,32, Güçlü (2019) 2,30-3,16, Türkmen (2020) 1,86-2,7, Soydemir (2021) 4,4-6, Yıldırım (2023) 3,17-4,33, Tosun (2024) 1,8-2,27 adet olarak bildirmişlerdir. Bu çalışmadaki dal sayısı verileri literatürde yer alan çalışmalar ile kısmen benzerlik göstermektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin ilk bakla yüksekliği değerlerini Özkorkmaz Atıcı (2013) 13,63-40,13 cm, Özbekmez (2015) 12,23-44,4 cm, Aydoğan (2017) 12,1-17,6 cm, Karabacak (2018) 12,92-27,05 cm, Çakır (2019) 9,4-15 cm, Güçlü (2019) 6,78-25,45 cm, Serengül (2019) 8,62-16,45 cm, Sarıkaya (2020) 6,75-18,15 cm, Soydemir (2021) 11,48-17,08 cm, Türkmen (2020) 9,01-16,17 cm, Yılmaz (2024) 11,7-20,3 cm olarak bildirmişlerdir. Bu değerler araştırmanın sonuçları ile paralellik göstermektedir.

Baklagillerde ilk bakla yüksekliği, makineyle hasat yapılabilirliği açısından önemli bir kriterdir. Araştırmalar, makinalı tarımın etkinliğini artırmak için ilk baklanın toprak yüzeyinden en az 12 cm yükseklikte oluşması gerektiğini ortaya koymaktadır (Ayçiçek ve Yıldırım, 2002; Sözen vd., 2021). Bu yükseklik hem hasat işleminin kolaylaştırılması hem de verimliliğin artırılması açısından kritik bir rol oynamaktadır. Fasulyede ilk bakla yüksekliği, genetik varyasyon ve kültürel uygulamalara bağlı olarak değişkenlik gösterebilen bir özelliktir (Önder ve Şentürk, 1996; Yılmaz, 1999; Pekşen, 2005; Güneş, 2006; Özkorkmaz Atıcı, 2013; Elkoca ve Çınar, 2015; Özbekmez, 2015; Girgel vd., 2018; Soydemir 2021). Ayrıca, yapılan çalışmalar ilk bakla yüksekliğinin bitki boyu ile pozitif bir ilişki gösterdiğini ortaya koymaktadır (Türkmen, 2020). Bu durum, bitki boyunun artmasının ilk bakla yüksekliğini de olumlu yönde etkileyebileceğini düşündürmektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin bitkide bakla sayısı değerlerini Elkoca ve Çınar (2015) 6,5-14,6, Şentürk (2016) 20,28-25,58, Saylam (2017) 11,80-35,06, Yeken (2017) 6,67-73, Güçlü (2019) 2,28-60, Baş (2020) 1-103, Tunç ve arkadaşları (2020) 2,8-30,8, Konuk ve Uzun (2021) 18,88-27,25, Soydemir (2021) 8,80-1,20, Yıldırım (2023) 13-42 adet/bitki olarak bildirilmiştir. Değerlerden anlaşıldığı üzere fasulyede bakla sayısına ait değerlerden özellikle; 1 adet/bitki ile

103 adet/bitki olduđu (Baş, 2020) göz önüne alındığında fasulyede bakla sayısı, genetik varyasyon, yetiştirme koşulları ve çevresel faktörlere bağılı olarak oldukça geniş bir aralık göstermektedir. Bu durumun hem çeşitlerin genetik potansiyelleri hem de uygulanan tarımsal yöntemlerin bakla sayısı üzerindeki etkisini ortaya koyduđu düşünülmektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin baklada tane sayısı değerlerini Çiftçi ve Yılmaz (1992) 3-5, Özkorkmaz Atıcı (2013) 3,77-7,43, Yeken ve arkadaşları (2018a) 4-6,4, Kul (2019) 2,02-7,18, Taşkesen (2019) 2,6-3,75, Sarıkaya (2020) 3,35-4,75, Soydemir (2021) 3,45-4,55, Başer (2023) 2,85-3,14, Yılmaz (2024) 3,2-5,67 adet olarak bildirmişlerdir. Literatürdeki bu sonuçlar bu çalışmanın sonuçları ile benzerlik göstermemektedir. Bu farklılığın genetik faktörler ve iklimsel etmenlere bağılı olarak ortaya çıktığı düşünülmektedir. Tam (2008), baklada tane sayısının genotiplerin genetik yapısıyla doğrudan ilişkili olduğunu belirtmiştir. Aynı zamanda, baklada tane sayısındaki artışın, bitki başına verimi ve dolayısıyla tane verimini de artırdığı bildirilmiştir. Bununla birlikte, bu özelliğin verime olan etkisinin genotipler arasında farklılık gösterebildiği ifade edilmektedir (Sözen vd., 2021).

Kuru fasulyede, baklada tane sayısının, tane verimini belirleyen en önemli özelliklerden biri olduđu ve genotiplerin bu karakter üzerinde önemli bir etkiye sahip olduđu vurgulanmıştır (Bozoğlu, 1995; Düzdemir ve Akdağ, 2001; Pekşen, 2005; Düzdemir, 2009; Türkmen, 2020). Çiftçi ve arkadaşları (2012b) ise fasulyede tane verimini artırmayı hedefleyen ıslah çalışmalarında, baklada tane sayısının kritik bir öneme sahip olduğunu ifade etmektedir. Baklada tane sayısı, kuru fasulyenin verim potansiyelini artırmada dikkate alınması gereken temel bir özelliktir. Hem genetik hem de çevresel faktörlerin etkisi altında şekillenen bu parametre, ıslah çalışmaları ve tarımsal üretim süreçlerinde stratejik bir rol oynamaktadır.

Dekara verimi belirleyen temel unsurların başında tane verimi gelmektedir. Tane verimi, üreticinin toplam kazancını doğrudan etkilediği için ıslah çalışmalarında dikkate alınan en önemli parametrelerden biridir (Türkmen, 2020). Islahçılar ve üreticiler, yüksek tane verimine sahip bitkiler geliştirmeyi hedeflemektedir. Bitki başına tane veriminin yüksek olması verim açısından arzu edilen bir özelliktir (Akçin, 1974). Bununla birlikte, tane verimi, kalıtsal olarak birçok faktörün etkisi altında bulunan kantitatif bir karakterdir ve genotipik

farklılıklar ile çevresel koşullara bağlı olarak değişkenlik gösterebilmektedir (Şehirli, 1980; Lyman, 1983; Acosta ve Shibata, 1989; Bozoğlu, 1995; Schneider vd., 1997; Şentürk, 2016). Özellikle çiçeklenme döneminde yaşanan yüksek sıcaklık ve düşük nem koşulları, çiçek dökülmesine neden olarak tane verimini olumsuz etkileyebilmektedir (Kahraman, 2014).

Fasulye çeşit ve genotiplerinin bitkide bakla sayısı değerlerini Düzdemir ve Akdağ (2001) 10,2-27,4, Pekşen (2005) 4,56-14,9, Özkorkmaz Atıcı (2013) 11,33-52, Yeken (2017) 3,47- 215,27, Çakır (2019) 40,63-13,72 g/bitki olarak bildirmişlerdir. Bitkide tane verimi ile ilgili araştırmada elde edilen ortalama değerlerin önceki çalışmalarla benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin bitkide bakla sayısı değerlerini Fırtına (2006) 179-572 g, Ülker ve Ceyhan (2008) 249,07-455, Şentürk (2016) 306,25-440, Yeken (2017) 105-1583, Öztürk (2018) 309,28-808,56, Kul (2019) 248,76-679,91 g olarak bildirmişlerdir. Elde edilen veriler farklı varyasyonlar gösterse de, genel ortalamalar ve kontrol ortalamaları dikkate alındığında bulguların literatürdeki bildirimlerle uyumlu olduğu görülmektedir. Fasulyede bin tane ağırlığı, genotipin genetik potansiyelini ve çevresel faktörlerin etkisini yansıtan önemli bir kantitatif özellik olarak kabul edilmekle birlikte bu parametre, hem tane iriliğini hem de dolaylı olarak verim potansiyelini etkileyen temel bir kriterdir (Acosta ve Shibata, 1989; Kahraman, 2014; Türkmen, 2020). Çeşitler arasında büyük farklılıklar gösterebilen bu özellik, ıslah çalışmaları ve tarımsal uygulamalar açısından kritik bir öneme sahip olduğu bildirilmiştir. Bin tane ağırlığı, genetik yapıya ek olarak çevresel faktörlerden de etkilenmektedir. (Acosta ve Shibata, 1989; Kahraman, 2014; Türkmen, 2020).

Fasulye çeşit ve genotiplerinin biyolojik verim değerlerini Bozoğlu (1995) 159.7-1260 kg/da, Kazemi ve arkadaşları (2012) 505-613,3 kg/da, Önder ve arkadaşları (2013) 212-604 kg/da, Yıldırım (2023) 643,33-1690,66 kg/da, Yılmaz (2024) 418,1-423,6 kg/da olarak elde ettiklerini bildirmişlerdir. Çalışma sonucu elde edilen değerler önceki bulgularla kısmen uyum içindedir. Farklılıkların nedeni olarak genetik faktör, çevresel faktör ve kültürel uygulamalar gösterilebilir. Biyolojik verim, su, ışık ve besin maddesi gibi çevresel unsurlardan etkilenmektedir. Özellikle su stresi ve besin eksiklikleri, bitkinin fotosentetik kapasitesini ve sonuç olarak toplam kuru madde üretimini sınırlandırabilir (Şehirli,

1980; Schneider vd., 1997; Yohannes vd., 2020). Yetiştirme teknikleri, biyolojik verim üzerinde doğrudan etkilidir. Ekim sıklığı, gübreleme, sulama ve yabancı ot kontrolü gibi uygulamalar, bitkinin büyüme ve gelişimini optimize ederek biyolojik verimi artırabilmektedir (Pekşen, 2005; Türkmen, 2020).

Biyolojik verim, bitkinin genetik potansiyeli, yetiştirme teknikleri ve çevresel faktörler tarafından şekillenen karmaşık bir özelliktir ve tarımsal üretimde verim değerlendirmesi açısından önemli bir parametredir (Bozoğlu vd., 1995; Delgado-Salinas vd., 2006; Şentürk, 2016). Biyolojik verim ile tane verimi arasında güçlü bir ilişki bulunmaktadır. Genellikle yüksek biyolojik verime sahip bitkiler, daha fazla fotosentez ürünü üreterek tane verimini de artırma potansiyeline sahiptir (Bozoğlu vd., 1995; Kahraman, 2014). Ancak vegetatif organların aşırı gelişimi, generatif organlara yönlendirilen kaynakları azaltarak tane verimini olumsuz etkileyebilmektedir. Bu nedenle, ıslah çalışmalarında generatif ve vegetatif büyüme arasındaki denge kritik bir öneme sahiptir (Şentürk, 2016).

Hasat indeksi, bir bitkinin birim alanda ürettiği asimilantın ne kadarının hedef ürüne dönüştürüldüğünü gösteren en önemli parametrelerden biridir. Hasat indeksinin yükselmesi, birim alandan faydalanmanın artacağına işaret etmektedir (Syme, 1970; Sip ve Skorpik, 1984).

Daha önce yapılmış çalışmalarda kuru fasulye genotiplerinde hasat indeksi %23.9-46.1 arasında değiştiği rapor edilmiştir (Özçelik ve Gülümser, 1988; Düzdemir ve Akdağ, 2001; Yılmaz 2024). Akdağ ve Şahin (1994) fasulyede hasat indeksinin %40.71-59.12 arasında; Ülker (2008) %34.63-46.87 arasında; Elkoca ve Çınar (2015) %26.8-45.4 arasında değiştiğini bildirmiştir. Literatürdeki bu sonuçlar bu araştırmanın sonuçları ile büyük ölçüde örtüşmektedir. Zimmerman (1983), hasat indeksinin bölge ekolojisine bağlı olarak değişkenlik gösterebileceğini ifade ederek bu duruma destek sağlamaktadır.

Tohum boyu, özellikle fasulye bitkilerinin gelişimi ve pazar değeri açısından kritik bir parametre olup, genetik yapının ve çevresel koşulların etkisiyle farklılıklar göstermektedir. Tohum boyutunun, genetik çeşitlilikten ve çevre faktörlerinden kaynaklanan önemli varyasyonlar gösterdiği çeşitli çalışmalarda rapor edilmiştir (Fetahu vd., 2012). Birçok çalışmada, fasulye çeşitlerinin tohum boyutları arasında önemli farklılıklar olduğu ve bu farkların tohumun verimliliği ile doğrudan ilişkili olduğu belirtilmiştir, bu bağlamda, fasulye tohumlarının

boyutlarının belirlenmesiverim ve kaliteyi artırmak için önemli bir tarımsal strateji olarak kabul edilmektedir (Bareke, 2019).

Fasulye çeşit ve genotiplerinin tohum boyu değerlerini Balkaya (1999) 11,2-15,3 mm, Lazaro ve arkadaşları (2013) 10,4-18 mm, Karaman (2014) 8,8-15,4 mm, Yeken (2017) 7,96-21,36 mm, Çakır (2019) 3,5-15 mm, Baş (2020) 1,74-8,96 mm, Yıldırım (2023) 9,25-14,8 mm olarak bildirmişlerdir. Bildirilen tohum boyu değerleri bu araştırmanın bulguları ile tutarlılık göstermektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin tohum boyu değerlerini Güvenç ve Güngör (1996) 0,46-0,67 mm, Özbekmez (2015) 0,39-1,12 mm, Yeken (2017) 5,06-14,63 mm, Çakır (2019) 2,9-7 mm, Baş (2020) 1,51-6,1 mm olarak bildirmişlerdir. Araştırma sonucu elde edilen tohum eni değerleri önceki bulgularla benzerlik göstermektedir.

Fasulye çeşit ve genotiplerinin tohum çapı değerlerini Balkaya (1999) 6,1-7,2 mm, Lazaro ve arkadaşları (2013) 5,3-7,5 mm, Baş (2020) 1,09-4,19 mm, Yıldırım (2023) 5,66-8,44 mm olarak bildirmişlerdir. Konuyla ilgili çeşitli araştırmalardan elde edilen bulgular, bu araştırmada belirlenen tane çapı değerleriyle genel olarak benzerlik göstermekte, ancak kısmi farklılıklar da gözlenmektedir. Tohum çapı, büyük ölçüde genetik özellikler tarafından belirlenmektedir. Farklı fasulye genotipleri ve çeşitleri, genetik potansiyellerine bağlı olarak tohum boyutu ve çapında belirgin varyasyonlar gösterir. Özellikle su stresi, sıcaklık, ışık yoğunluğu ve toprak besin maddeleri gibi değişkenler, fasulye tohumlarının gelişimi sırasında büyüme hızını ve dolayısıyla nihai tohum çapını etkilemektedir (Ceyhan vd., 2009). Fasulye, yetiştirildiği iklim koşullarından büyük ölçüde etkilenir. Sıcaklık dalgalanmaları, yağış miktarı ve güneş ışığı gibi iklim faktörleri, bitkinin fotosentez etkinliği ve tohum dolum sürecini doğrudan etkileyerek çap farklılıklarına neden olabilir (Ülker, 2008). Fasulye bitkilerinde görülen hastalıklar ve zararlılar, tohumların gelişim aşamalarında strese neden olarak büyümeyi sınırlandırabilir. Bu durum, tohum çapında küçülme veya şekil bozukluklarına yol açabilir (Elkoca ve Çınar, 2015). Bitkisel hormonların dengesizliği, tohum dolum sürecinde oluşan karbonhidrat ve protein birikimini etkileyerek tohum çapını değiştirebilir. Özellikle abiyotik stres koşulları altında, hormon dengesizlikleri daha belirgin hale geldiği bildirilmiştir (Çiftçi vd., 2012b).

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Fasulye verimini düşüren fasulye antraknozu ve fasulye adi mozaik virüsüne karşı dayanıklı fasulye hatlarının geliştirilmesinin ele alındığı bu çalışma kapsamında elde edilen sonuçları genel olarak değerlendirdiğimizde;

-Üç fasulye antraknoz direnç geni (*Co-1*, *Co-4²* ve *Co-6*) ve iki BCMV direnç geni (*I* ve *bc-3*), CAPS, RAPD ve SCAR markörleri kullanılarak başarılı bir şekilde aktarılmıştır. Antraknoz ve BCMV direnç genlerinin markör destekli melezlemesi ile *bc-3+Co-1+I*, *bc-3+Co-4²+I*, *bc-3+Co-6+I* direnç genleri kombinasyonu sonucunda araştırmada kullanılan fasulye genotipleri için direnç genlerine sahip 92 F₂, 52 BC₁, 51 BC₂, 44 BC₃ ve 72 BC₃F₂ ailesi elde edilmiştir.

-Fasulye genotiplerinin çimlenme gün sayısı 13,83-18,00 gün, çiçeklenme gün sayısı 42-71,66 gün, bakla bağlama gün sayısı 52-83 gün, olgunlaşma süresi 81-112,2 gün, hipokotil kalınlığı 2,94-4,28 cm, hipokotil uzunluğu 3,3-9,78 cm, bitki boyu 44,26-129 cm, bitkide dal sayısı 3,26-4,73 adet/bitki, ilk bakla yüksekliği 9,73-27,2 cm, bitkide bakla sayısı 9,73-47,13 adet, bin tane ağırlığı 359,8-616,6 g, bitki başına tane verimi 12,66-60,06 g/bitki, biyolojik verimi 71,66-151,53 g/bitki %13,07-40,71, baklada tane sayısı 2,02-3,49 adet, tohum boyu 12,62-17,83 mm, tohum eni 5,56-6,56 mm ve tohum çapı 6,73-8,14 mm değerleri arasında olduğu belirlenmiştir.

Elde edilen tüm sonuçların, fasulye bitkisinde gen kaynaklarının oluşturulmasında ve ıslah çalışmalarında kaynak olacak genotiplerin belirlenmesinde yararlı olacağı düşünülmektedir. İleride yapılması muhtemel çalışmalarda yeni ve farklı moleküler belirteçlerle desteklenerek yapılması araştırmacılara önerilmektedir. Ayrıca öne çıkan genotiplerin fasulye antraknozu ve BCMV virüsünün farklı ırklarına dayanıklılık durumlarının belirlenmesi ve ıslah programlarına dahil edilmesinin faydalı olabileceği düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Acosta-Gallegos, J.A. and Shibata, J. K. (1989) Effect of water stress on growth and yield of indeterminate dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars. *Field Crop Research*, 20, 81-93.
- Acquaah, G. (2009). *Principles of plant genetics and breeding*. John Wiley & Sons.
- Akbulut, B., (2011). *Burdur ilinde yetiştirilen fasulye (Phaseolus vulgaris L.) genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu*. Yüksek Lisans Tezi, Süleyman Demirel Üniversitesi, Isparta.
- Akçın, A. (1974). Erzurum Şartlarında Yetiştirebilen Kuru Fasulye Çeşitlerinde Gübreleme, Ekim Zamanı Ve Sıra Aralığının Tane Verimine Etkisi İle Bu Çeşitlerin Bazı Fenolojik, Morfolojik Ve Teknolojik Karakterleri Üzerinde Bir Araştırma. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 4(2), 65-76.
- Akçın, A. (1988). Yemeklik Tane Baklagiller. *Selçuk Üniv. Zir. Fak. Yayın No: 8*, 41-189.
- Akdağ, C. (2001). Tokat'ta yüksek verim sağlayacak nohut çeşitleri ile ekim zamanlarının belirlenmesi. *GOÜ Ziraat Fakültesi Yayınları*, 59.
- Akdağ, C. ve Şahin, M., (1994), Tokat şartlarına uygun kuru fasulye çeşitlerinin belirlenmesi üzerine bir araştırma. *Gaziosmanpaşa Üniv. Zir. Fak. Yayınları*, 11: 101-111.
- Alıcı, S. (1997). *Harran Ovası koşullarında farklı mercimek (Lens culinaris Medic.) çeşitlerinin morfolojik ve tarımsal karakterlerinin belirlenmesi üzerine bir araştırma*. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek lisans Tezi, Şanlıurfa, 40 s.
- Alzate-Marin, A. L., Menarim, H., Soares Baia, G., Paula, T. J., Jr., Almeida de Souza, K., Da Costa, M. R., Gonçalves De Barros, E.ve Moreira, M. A. (2001). Inheritance of anthracnose resistance in the common bean differential cultivar G 2333 and identification of a new molecular marker linked to the *Co-4²* gene. *Journal of Phytopathology*, 149, 259-264. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2001.00612.x>
- Alzate-Marin, A.L., Costa, M.R., Arruda, K.M., De Barros, E.G. ve Moreira, M.A. (2003). Characterization of the anthracnose resistance gene present in Ouro Negro (Honduras 35) common bean cultivar. *Euphytica*, 133(2): 165-169.
- Angioi, S. A., Rau, D., Attene, G., Nanni, L., Bellucci, E., Logozzo, G., ... ve Papa, R. (2010). Beans in Europe: origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 121, 829-843.
- Angus, J. F., Cunningham, R. B., Moncur, M. W.ve Mackenzie, D. H. (1980). Phasic development in field crops I. Thermal response in the seedling phase. *Field crops research*, 3, 365-378.
- Anlarsal, A. E., Yücel, C.ve Özveren, D. (2000). Çukurova koşullarında bazı fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) çeşitlerinde tane verimi ve verimle ilgili özellikler ile bu özellikler arası ilişkilerin saptanması. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 24(1), 19-29.
- Anonim (2024). <https://www.tarimorman.gov.tr/BUGEM/TTSM/Sayfalar/Detay.aspx?SayfaId=85>. Kasım 2024.
- Atış, İ. (2000). *Hatay koşullarında ikinci ürün olarak tane ve hasıl amacıyla yetiştirilebilecek börülce (Vigna sinensis L.) tiplerinin verim ve verim unsurlarının belirlenmesi*. Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Hatay.
- Awale, H. E.ve Kelly, J. D. (2001). Development of SCAR markers linked to *Co-4²* gene in common bean. *Annual Report-Bean Improvement Cooperative*, 44, 119-120.

- Awale, H. E., Ismail, M., Vallejo, V. A. ve Kelly, J. D. (2008). SQ4 SCAR marker linked to the Co-2 gene on B11 appears to be linked to the Ur-11 gene. *Annual Report-Bean Improvement Cooperative*, 51, 174.
- Ayçiçek, M., Yıldırım, T., 2002. Bazı ekmeklik buğday çeşit ve hatlarının (*Triticum aestivum* var. *aestivum* L.) Bingöl şartlarındaki verim yeteneklerinin belirlenmesi üzerine bir araştırma, Fırat Üniversitesi, *Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*, 14(1), 19-28.
- Aydoğan, C. (2017). *İleri İspir Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Hatlarında Verim ve Kalite Çalışmaları*. Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Erzurum.
- Balardin, Ricardo ve Kelly, James. (1998). Interaction between *Colletotrichum lindemuthianum* Races and Gene Pool Diversity in *Phaseolus vulgaris*. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 123. 1038-1047. 10.21273/JASHS.123.6.1038.
- Balkaya, A. (1999). *Karadeniz bölgesindeki taze fasulye (Phaseolus vulgaris L) gen kaynakları n ı n toplanması, fenolojik ve morfolojik özelliklerinin belirlenmesi ve taze tüketime uygun tiplerin teksel seleksiyon yöntemi ile seçimi üzerinde araştırmalar*. Doktora Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun.
- Bareke, T. (2019). Diversity and genetic potential of various morphological traits among common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) landraces. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 20(11).
- Baş, S. (2020). *Yabani Fasulye (Phaseolus spp.) Genotiplerinin Fenolojik Morfolojik ve Agronomik Özelliklerinin Belirlenmesi*. Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Antalya.
- Başer, Ö., (2023). *Bodur Fasulyeye (Phaseolus vulgaris L.) Farklı Dönemlerde Yaprakdan Uygulanan Çinko Gübrelerinin Verim ve Verim Öğeleri Üzerine Etkisi*. Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek lisans Tezi, Eskişehir
- Beauchemin, C., Boutet, N. ve Laliberté, J. F. (2007). Visualization of the interaction between the precursors of VPg, the viral protein linked to the genome of Turnip mosaic virus, and the translation eukaryotic initiation factor iso 4E in planta. *Journal of virology*, 81(2), 775-782.
- Beaver, J. S. ve Osorno, J. M. (2009). Achievements and limitations of contemporary common bean breeding using conventional and molecular approaches. *Euphytica*, 168, 145-175.
- Beebe, S. E. ve Corrales, M. P. (1991). Breeding for disease resistance.
- Beebe, S., Rengifo, J., Gaitan, E., Duque, M. C. ve Tohme, J. (2001). Diversity and origin of Andean landraces of common bean. *Crop science*, 41(3), 854-862.
- Beebe, S., Skroch, P. W., Tohme, J., Duque, M. C., Pedraza, F. ve Nienhuis, J. (2000). Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. *Crop science*, 40(1), 264-273.
- Bello, M. H., Moghaddam, S. M., Massoudi, M., McClean, P. E., Cregan, P. B. ve Miklas, P. N. (2014). Application of in silico bulked segregant analysis for rapid development of markers linked to Bean common mosaic virus resistance in common bean. *BMC genomics*, 15, 1-13.
- Berger, P. H., Wyatt, S. D., Shiel, P. J., Silbernagel, M. J., Druffel, K. ve Mink, G. I. (1997). Phylogenetic analysis of the Potyviridae with emphasis on legume-infecting potyviruses. *Archives of Virology*, 142, 1979-1999.
- Bernardo, R. (2002). *Breeding for quantitative traits in plants* (Vol. 1, p. 369). Woodbury, MN: Stemma press.

- Bıyıklı, B., Elkoca, E.ve Aydın, M. (2021). İspir Kuru Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Popülasyonunun Karakterizasyonu ve Seleksiyon Yoluyla Islahı. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 36(1), 20-33.
- Bitocchi, E., Bellucci, E., Giardini, A., Rau, D., Rodriguez, M., Biagetti, E., ... ve Papa, R. (2013). Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. *New Phytologist*, 197(1), 300-313.
- Bitocchi, E., Rau, D., Bellucci, E., Rodriguez, M., Murgia, M. L., Gioia, T., ... ve Papa, R. (2017). Beans (*Phaseolus* spp.) as a model for understanding crop evolution. *Frontiers in plant science*, 8, 722.
- Blair, M. W., Cortés, A. J., Penmetsa, R. V., Farmer, A., Carrasquilla-Garcia, N.ve Cook, D. R. (2013). A high-throughput SNP marker system for parental polymorphism screening, and diversity analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and applied genetics*, 126, 535-548.
- Blair, M. W., Giraldo, M. C., Buendia, H. F., Tovar, E., Duque, M. C.ve Beebe, S. E. (2006). Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 113, 100-109.
- Blair, M. W., Torres, M. M., Giraldo, M. C.ve Pedraza, F. (2009). Development and diversity of Andean-derived, gene-based microsatellites for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *BMC Plant Biology*, 9, 1-14.
- Bliss, F. A. (1980). Common bean. *Hybridization of crop plants*, 273-284.
- Boersma, J. G., Conner, R. L., Balasubramanian, P. M., Yu, K.ve Hou, A. (2013). Marker-assisted dissection of anthracnose resistance in the dry bean cultivar Morden003. *Canadian Journal of Plant Science*, 93(6), 1115-1123.
- Bos, L.ve Gibbs, A. J. (1995). Bean common mosaic potyvirus. *Plant viruses online—descriptions and lists from the VIDE database*. Available from <http://sdb.im.ac.cn/videde/descr068.htm><http://sdb.im.ac.cn/videde/descr068.htm>, 8.
- Boye, J., Zare, F.ve Pletch, A. (2010). Pulse proteins: Processing, characterization, functional properties and applications in food and feed. *Food research international*, 43(2), 414-431.
- Bozoğlu, H. (1995). *Kuru fasulyede (Phaseolus vulgaris L.) bazı tarımsal özelliklerin genotip x çevre interaksiyonu ve kalıtım derecelerinin belirlenmesi üzerine bir araştırma*. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Samsun.
- Bozoğlu, H.ve Sözen, Ö. (2007). Some agronomic properties of the local population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Artvin province. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 31(5), 327-334.
- Broughton, W. J., Hernández, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P.ve Vanderleyden, J. (2003). Beans (*Phaseolus* spp.) model food legumes. *Plant and soil*, 252, 55-128.
- Brücher, H. (1988). The wild ancestor of *Phaseolus vulgaris* in South America. In *Genetic Resources of Phaseolus Beans: Their maintenance, domestication, evolution and utilization* (pp. 185-214). Dordrecht: Springer Netherlands.
- Buruchara, R. A., Mukaruziga, C.ve Ampofo, K. O. (2010). Bean disease and pest identification and management.
- CABI, C. 2004. Crop protection compendium. CAB International Publishing, Wallingford, UK.
- Cardenas, F., Adams, M.W. and Andersen, A. (1964). The genetic system for reaction of field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to infection by three physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum*. *Euphytica*, 13(2): 178-186.

- Celin, E. F., Pereira, A. C., Oliveira, B. M., Poersch, N. L., de Paula, G. R. C. L. F., Vieira, R. F. ve Carneiro, J. E. S. (2012). Sources of resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in carioca common bean class. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 55, 137-138.
- Ceyhan, E. (2004). Effect of Sowing Dates on Some Yield Components and Yield of Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Cultivars. *Turkish Journal Of Field Crops*, 9(2), 87-95.
- Ceyhan, E., Harmankaya, M. ve Kahraman, A. (2014). Combining ability and heterosis for concentration of mineral elements and protein in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 38(5), 581-590.
- Ceyhan, E., Önder, M. ve Kahraman, A. (2009). Fasulye Genotiplerinin Bazı Tarımsal Özelliklerinin Belirlenmesi. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 23(49), 67-73.
- Chew, Y. L., Ling Chan, E. W., Tan, P. L., Lim, Y. Y., Stanslas, J. ve Goh, J. K. (2011). Assessment of phytochemical content, polyphenolic composition, antioxidant and antibacterial activities of *Leguminosae* medicinal plants in Peninsular Malaysia. *BMC complementary and alternative medicine*, 11, 1-10.
- Chung, W. J. (1989). Studies of flower and pod distribution patterns in bush bean (*Phaseolus vulgaris* L.).
- Coelho, R. C., Faria, M. A., Rocha, J., Reis, A., Oliveira, M. B. P. ve Nunes, E. (2009). Assessing genetic variability in germplasm of *Phaseolus vulgaris* L. collected in Northern Portugal. *Scientia horticulturae*, 122(3), 333-338.
- Costa, M. R., Tanure, J. P. M., Arruda, K. M. A., Carneiro, J. E. S., Moreira, M. A. ve Barros, E. G. (2010). Development and characterization of common black bean lines resistant to anthracnose, rust and angular leaf spot in Brazil. *Euphytica*, 176, 149-156.
- Cruz, E. P., Gepts, P., GarciaMarín, P. C. ve Villareal, D. Z. (2005). Spatial distribution of genetic diversity in wild populations of *Phaseolus vulgaris* L. from Guanajuato and Michoacán, México. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52, 589-599.
- Çakır, G. (2019). *Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Eskişehir Ekolojik Koşullarına Adaptasyonu ile Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi*. Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Eskişehir.
- Çelik, A., Emiralioğlu, O., Yeken, M. Z., Çiftçi, V., Özer, G., Kim, Y., ... ve Chung, Y. S. (2023). A novel study on bean common mosaic virus accumulation shows disease resistance at the initial stage of infection in *Phaseolus vulgaris*. *Frontiers in Genetics*, 14, 1136794.
- Çınar, T., 2015. *Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) genotiplerinin Erzurum ekolojik koşullarına adaptasyonu ve tarımsal özellikleri*. (Yüksek Lisans Tezi), Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Erzurum.
- Çiftçi, V. ve Yılmaz, N. (1992). Van ekolojik koşullarında verimli fasulye çeşitlerinin belirlenmesi ve verim komponentlerinin tane verimine etkisi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 1(2), 135-146.
- Çiftçi, V., Şensoy, S. ve Kulaz, H. (2012b). Doğu Anadolu'nun Güneyinde yetiştirilen fasulye gen kaynaklarının toplanması ve değerlendirilmesi. *Tübitak 109O163 Nolu Proje Sonuç Raporu (in Turkish)*.
- Çiftçi, V., Şensoy, S., Türkmen, Ö. ve Erdinç, Ç., (2012a). Van-Gevaş'ta Yaygın Olarak Yetiştirilen Yalancı Dermason Fasulye Populasyonunun Seleksiyon Yöntemiyle Islahı . IX. Ulusal Sebze Tarımı Sempozyumu (pp.562-568). Konya, Turkey.
- Çiftçi, V., Togay, N., Togay, Y., Dogan, Y. (2006). The Effects of Intercropping Sowing Systems with Dry Bean and Maize on Yield and Some Yield Components. *Journal of Agronomy*, 5: 53-56.

- Çokkızgın, A.ve Anlarsal, A. E. (2008). Güney ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinden toplanan bazı kırmızı mercimek (*Lens culinaris* Medik.) yerel genotiplerinin bitkisel ve tarımsal özelliklerinin belirlenmesi üzerine bir araştırma. *Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 17-7: 65-76.
- Çölkesen, M., İdikut, L., Çokkızgın, A., Özsisli, B., Baydemir, M. T.ve Çakmak, D. (2009). *Kahramanmaraş koşullarında bazı bakla (Vicia faba L.) çeşitlerinde farklı ekim zamanlarının verim ve verim unsurlarına etkisi üzerine bir araştırma*. Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi, Hatay, 725-729.
- Çulal Kılıç, H., Karaman, R., Demirkurt, A.ve Daloğlu, Ş. (2022). Maş fasulyesi (*Vigna radiata* L.) tohumlarında fasulye adi mozayik virüsü'nün serolojik ve moleküler yöntemler ile belirlenmesi. *Akademik Ziraat Dergisi*, 11(1).
- Damayanti, T. A., Susilo, D., Nurlaelah, S., Sartiami, D., Okuno, T.ve Mise, K. (2008). First report of Bean common mosaic virus in yam bean [*Pachyrhizus erosus* (L.) Urban] in Indonesia. *Journal of General Plant Pathology*, 74, 438-442.
- De Queiroz, V. T., De Sousa, C. S., Costa, M. R., Sanglad, D. A., Arruda, K. M. A., De Souza, T. L. P. O., ... ve Moreira, M. A. (2004). Development of SCAR markers linked to common bean angular leaf spot resistance genes. *Annual Report-Bean Improvement Cooperative*, 47, 237-238.
- Delgado-Salinas, A., Bibler, R.ve Lavin, M. (2006). Phylogeny of the genus *Phaseolus* (*Leguminosae*): a recent diversification in an ancient landscape. *Systematic Botany*, 31(4), 779-791.
- Deligoz, I., Arlı-Sökmen, M.ve Tekeoglu, M. (2021). Phenotypic and molecular screening of dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding lines for resistance to bean common mosaic virus and bean common mosaic necrosis virus. *Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus*, 20(6), 7-18.
- Deligöz, İ.ve Sökmen, M. A. (2013). Bazı fasulye genotiplerinin Bean common mosaic virus (BCMV) ve Bean common mosaic necrosis virus (BCMNV)'a dayanıklılık durumlarının kalitatif, kantitatif ve moleküler yöntemlerle belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni*, 53(2), 101-113.
- Deligöz, İ., Sokmen, M., Yılmaz, N. K., Özçelik, H.ve Tekeoğlu, M. (2022). Screening of snap and dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes for resistance to Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus. *Plant Protection Bulletin*, 62(4), 5-13.
- Demir, S. (2018). *Hakkari Ekolojik Koşullarında Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Çeşitlerinin Verim ve Verim Özelliklerinin Belirlenmesi*. Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Van.
- Dickson, M. H.ve Boettger, M. A. (1976). Selection for seed quality in white seeded snap bean. *Annual report*.
- Dickson, M. H.ve Boettger, M. A. (1984). Emergence, growth, and blossoming of bean (*Phaseolus vulgaris*) at suboptimal temperatures. *J. Am. Soc. Hortic. Sci*, 109, 257-260.
- Dillard, H. R.ve Cobb, A. C. (1993). Survival of *Colletotrichum lindemuthianum* in bean debris in New York State.
- Dorsainvil, F., Dürr, C., Justes, E.ve Carrera, A. (2005). Characterisation and modelling of white mustard (*Sinapis alba* L.) emergence under several sowing conditions. *European Journal of Agronomy*, 23(2), 146-158.
- Drijfhout, E., Silbernagel, M. J.ve Burke, D. W. (1978). Differentiation of strains of bean common mosaic virus. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, 84, 13-26.

- Duke, J.A. 1983. Malvaceae roselle. Hand book of energy crops, Purdue University, *Center for New Crops and Plants Products*. pp. 345-369.
- Duran, L. A., Blair, M. W., Giraldo, M. C., Macchiavelli, R., Prophete, E., Nin, J. C.ve Beaver, J. S. (2005). Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. *Crop Science*, 45(4), 1320-1328.
- Dürr, C., Aubertot, J. N., Richard, G., Dubrulle, P., Duval, Y.ve Boiffin, J. (2001). SIMPLE: a model for SIMulation of PLant Emergence predicting the effects of soil tillage and sowing operations. *Soil Science Society of America Journal*, 65(2), 414-423.
- Düzdemir, O. (2009). Using Path Coefficient Analysis to Determine the Relationship between Yield and Yield Components of Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Applied Biological Sciences*, 3(2), 5-9.
- Düzdemir, O.ve Akdağ, C. (2001). Türkiye Kuru Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Gen Kaynaklarının Karakterizasyonu: II. Verim ve Diğer Bazı Özellikleri. *Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpaşa University (JAFAG)*, 2001(1).
- Ekincialp, A (2012). *Van gölü havzası fasulye genotipleri arasındaki akrabalık ilişkilerinin ve antraknoz (colletotrichum lindemuthianum) (sacc. ve magnus) lambs. scrib.) hastalığına dayanıklılığın fenotipik ve moleküler yöntemlerle belirlenmesi*. Doktora Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Van.
- Ekincialp, A.ve Şensoy, S. (2013). Determination of some vegetables traits in the Van Lake basin bean genotypes.
- Elkoca, E.ve Çınar, T. (2015). Bazı kuru fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) çeşit ve hatlarının Erzurum ekolojik koşullarına adaptasyonu, tarımsal ve kalite özellikleri. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 30(2), 141-153.
- Elkoca, E.ve Kantar, F. (2004). Erzurum Ekolojik Koşullarına Uygun Erkenci ve Yüksek Verimli Kuru Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinin Belirlenmesi / Determination of Early Maturing and High Yielding Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotypes Suitable for Erzurum Ecological Co. *Journal of the Faculty of Agriculture*, 35.
- Ellis, M. A., Gálvez, G. E.ve Sinclair, J. B. (1976). Hongos internamente portados por la semilla y calidad de la semilla de fríjol (*Phaseolus vulgaris* L.) cosechado en fincas de pequeños agricultores en cuatro departamentos de Colombia.
- Emiralioglu, O., Yeken, M. Z., Çelik, A.ve Çiftçi, V. (2023). Exploring *I*, *bc-1²* and *bc-3* Gene Locus in Promising Common Bean Lines. *Black Sea Journal of Agriculture*, 6(5), 478-484.
- Erdinç, Ç. (2012). Türkiyedeki bazı fasulye genotipleri arasındaki genetik çeşitliliğin ve antraknoz hastalığına (*Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. and Magn.) Lambs. Scrib.) dayanıklılığın fenotipik ve moleküler yöntemlerle belirlenmesi.
- Erman, M. (1992). *Van ekolojik koşullarında mercimeğin çeşit ve adaptasyon özellikleri üzerinde araştırmalar*. Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Van.
- FAO. (2024). Crop Production and Trade Data. Retrieved from <http://www.fao.org/faostat/en/#data>
- Feng, X., Poplawsky, A. R., Nikolaeva, O. V., Myers, J. R.ve Karasev, A. V. (2014). Recombinants of Bean common mosaic virus (BCMV) and genetic determinants of BCMV involved in overcoming resistance in common bean. *Phytopathology*, 104(7), 786-793.
- Ferreira, H., Vasconcelos, M., Gil, A. M.ve Pinto, E. (2021). Benefits of pulse consumption on metabolism and health: A systematic review of randomized controlled trials. *Critical reviews in food science and nutrition*, 61(1), 85-96.

- Ferreira, J. J., Campa, A., Pérez-Vega, E. ve Giraldez, R. (2008). Reaction of a bean germplasm collection against five races of *Colletotrichum lindemuthianum* identified in northern Spain and implications for breeding. *Plant Disease*, 92(5), 705-708.
- Fetahu, S., Aliu, S., Rusinovci, I., Kelmendi, B., Caka, H. ve Maliqi, N. (2012). Diversity of seeds size and weight of common beans landraces (*Phaseolus vulgaris* L.) in Kosovo.
- Fırtına, D. (2006). *Türkiye'de tescil edilmiş bazı kuru fasulye (Phaseolus vulgaris L.) çeşitlerinin Van-Gevaş koşullarında verim ve bazı verim öğelerinin belirlenmesi*. Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Van.
- Filiz, E. ve Koç, İ. (2011). Bitki biyoteknolojisinde moleküler markörler. *Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpaşa University (JAFAG)*, 2011(2).
- Flores-Estévez, N., Acosta-Gallegos, J. A. ve Silva-Rosales, L. (2003). Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus in Mexico. *Plant disease*, 87(1), 21-25.
- Freyre, R., Skroch, P. W., Geffroy, V., Adam-Blondon, A. F., Shirmohamadali, A., Johnson, W. C., ... ve Gepts, P. (1998). Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP maps. *Theoretical and Applied Genetics*, 97, 847-856.
- Frisch, M. ve Melchinger, A. E. (2005). Selection theory for marker-assisted backcrossing. *Genetics*, 170(2), 909-917.
- Fuente, M. D. L., López-Pedrouso, M., Alonso, J., Santalla, M., Ron, A. D., Álvarez, G. ve Zapata, C. (2012). In-depth characterization of the phaseolin protein diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on two-dimensional electrophoresis and mass spectrometry.
- Galdino, A.C.S., de Freitas, M.B., de Borba, M.C. *et al.* (2021). Phenolic and flavonoid content in roots and hypocotyls of resistant and susceptible bean plants (*Phaseolus vulgaris* L.) during early stage of colonization by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Trop. plant pathol.* 46, 553–558 (2021). <https://doi.org/10.1007/s40858-021-00440-6>.
- Geleta, M., Bryngelsson, T., Bekele, E. ve Dagne, K. (2007). Comparative analysis of genetic relationship and diagnostic markers of several taxa of Guizotia Cass.(Asteraceae) as revealed by AFLPs and RAPDs. *Plant Systematics and Evolution*, 265, 221-239.
- Geleta, R.J., Roro, A.G. ve Terfa, M.T (2024). Phenotypic and yield responses of common bean (*Phaseolus vulgaris* l.) varieties to different soil moisture levels. *BMC Plant Biol* 24, 242. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-04856-5>
- Genchev, D., Christova, P., Kiryakov, I., Beleva, M. and Batchvarova, R., (2010). Breeding of common bean for resistance to the physiological races of anthracnose identified in Bulgaria. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 24(2): 1814-1823.
- Gepts, P. (1988). A Middle American and an Andean common bean gene pool. In *Genetic Resources of Phaseolus Beans: Their maintenance, domestication, evolution and utilization* (pp. 375-390). Dordrecht: Springer Netherlands.
- Gepts, P. (2014). The contribution of genetic and genomic approaches to plant domestication studies. *Current opinion in plant biology*, 18, 51-59.
- Gepts, P., (1998). Origin and evolution of common bean: past events and HortScience, 33, 1124-1130.
- Gepts, P., Aragão, F. J., Barros, E. D., Blair, M. W., Brondani, R., Broughton, W., ... ve Yu, K. (2008). Genomics of *Phaseolus* beans, a major source of dietary protein and micronutrients in the tropics. In *Genomics of tropical crop plants* (pp. 113-143). New York, NY: Springer New York.

- Gepts, P., Beavis, W.D., Brummer, E.C., Shoemaker, R.C., Stalker, H.T., Weeden, N.F. and Young, N.D., (2005). Legumes as a model plant family. Genomics for food and feed report of the cross-legume advances through genomics conference. *Plant Physiology*, 137, 1228-1235.
- Gepts, P., Osborn, T. C., Rashka, K.ve Bliss, F. A. (1986). Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. *Economic botany*, 40, 451-468.
- Girgel, Ü., Çokkızgın, A.ve Çölkesen, M. (2018). Bayburt Koşullarında Organik Olarak Yetiştirilen Bazı Yerel Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinin Bazı Morfolojik Ve Agronomik Özelliklerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. *Türk Tarım-Gıda Bilim ve Teknoloji dergisi*, 6(5), 530-535.
- Gonçalves-Vidigal, M. C.ve Kelly, J. D. (2006). Inheritance of anthracnose resistance in the common bean cultivar Widusa. *Euphytica*, 151, 411-419.
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Filho, P. S. V., Medeiros, A. F.ve Pastor-Corrales, M. A. (2009). Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a new Andean anthracnose resistance gene. *Crop science*, 49(1), 133-138.
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Meirelles, A. C., Poletine, J. P., De Sousa, L. L., Cruz, A. S., Nunes, M. P., ... ve Vidigal Filho, P. S. (2012). Genetic analysis of anthracnose resistance in 'Pitanga' dry bean cultivar. *Plant breeding*, 131(3), 423-429.
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Periotto, P. S., Filho, P. S. V., Andrade, C. A. B.ve Kvitschal, M. V. (2008). Inheritance and allelic relationships of anthracnose resistance in common bean Mexico 222. *Annual Report-Bean Improvement Cooperative*, 51, 96.
- Graham, P. H.ve Ranalli, P. (1997). Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Field Crops Research*, 53(1-3), 131-146.
- Güçlü, M. (2019). *Orta ve Kuzey Amerika Kökenli Fasulye Hatlarının Önemli Tarımsal Özelliklerinin Belirlenmesi*. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Konya.
- Günay, A., (1992). *Özel Sebze Yetiştiriciliği*, Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe bitkileri Bölümü, Ankara, Cilt 4, s 103.
- Gündüz, R. (2008). *Mikrosatellit Belirleyicileri Kullanılarak Tokak Yerel Arpa Çeşitindeki Genetik Varyasyon Düzeyinin Belirlenmesi ve Safhatların Seçimi* (Doctoral dissertation, Yüksek Lisans Tezi, Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı).
- Güneş, A., (2006). *İkinci Ürün Soya (Glycine Max L. Merrill) Tarımında Farklı Azot Doz ve Uygulama Zamanlarının Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi*. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Şanlıurfa.
- Güvenç, İ.ve Güngör, F. (1996). Türkiye'de Tescilli Fasulye Çeşitlerine Ait Tohumların Fiziksel Özellikleri Ve Besin Bileşimleri/Seed Characteristics Of Registered Bean Cultivars In Turkey. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 27(4).
- Hallauer, A. R., Carena, M. J., and Filho, J. B. M. (2010). *Quantitative Genetics in Maize Breeding* (3. Baskı). New York, NY: Springer.
- Hardwick, R. C., Andrews, D. J., (1981). Seedling Growth in *Phaseolus vulgaris* L. The Early Growth of Cultivars Selected for Seedling Cold Tolerance, *Annals of Botany*, Volume 47, Issue 2, February 1981, Pages 203-214, <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aob.a086008>
- Hart, J. P.ve Griffiths, P. D. (2013). A series of eIF4E alleles at the Bc-3 locus are associated with recessive resistance to Clover yellow vein virus in common bean. *Theoretical and applied genetics*, 126, 2849-2863.

- Helms, K., (1979). Calcium Deficiency of Dark-grown Seedlings of *Phaseolus vulgaris* L. , *Plant Physiology*, Volume 47, Issue 6, June 1971, Pages 799–804, doi.org/10.1104/pp.47.6.799
- Henry, R. J. (Ed.). (2001). *Plant genotyping: the DNA fingerprinting of plants*. CABI publishing.
- Hu, J. S., Ferreria, S., Wang, M., Borth, W. B., Mink, G.ve Jordan, R. (1995). Purification, host range, serology, and partial sequencing of dendrobium mosaic potyvirus, a new member of the bean common mosaic virus subgroup.
- Ibrahim, A. S., Usta, M.ve Şensoy, S. (2023). Screening of Bean Genotypes Against Bean Common Mosaic Virus (BCMV) by Artificial Inoculation and Molecular Confirmation. *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 33(4), 592-604.
- Ishikawa, F., Souza, E.ve Davide, L. (2008). Genetic variability within isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* belonging to race 65 from the state of Minas Gerais, Brazil. *Biologia*, 63(2), 156-161.
- Jenkins, W. A. (1940). A new virus disease of Snap Beans.
- Jenkins, W. A. (1941). A histological study of Snap Bean tissues affected with black root.
- Kahraman, A. (2014). *Ekim Zamanlarının Kuru Fasulye Genotiplerinde (Phaseolus vulgaris L.) Verimverim Unsurları ve Kalite Özellikleri Üzerine Etkileri*. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Konya.
- Kantar, F.ve Elkoca, E. (2001). Bazı fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) çeşitlerinin kardinal ve toplam sıcaklık isteklerinin belirlenmesi. *Türkiye*, 4, 17-21.
- Kantar, F., Elkoca, E., Eken, C.ve Dönmez, F. (2010). Kuzey Doğu Anadolu Bölgesi ve Çoruh Vadisi'nde yetiştirilen kuru fasulye gen kaynaklarının toplanması ve değerlendirilmesi. *TUBİTAK TOVAG 107O400 Nolu Proje Sonuç Raporu*, Erzurum.
- Karabacak, T. (2018). *Kuru fasulye (Phaseolus Vulgaris L.) çeşitlerinin agro-morfolojik özelliklerinin Elazığ koşullarında araştırılması*. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş.
- Karakuş, M., Çiftçi, V., Toğay, Y.ve Toğay, N. (2005). Van-Gevaş koşullarında farklı sıra aralıklarının fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) de verim ve bazı verim öğelerine etkisi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 15(1), 57-62.
- Kater, J. M. (1927). A cytological study of dormancy in the seed of *Phaseolus vulgaris*. *Annals of Botany*, 41(164), 629-641.
- Kazemi, E., Naseri, R., Zohreh K. ve Emami, T., 2012, Variability of grain yield and yield components of white bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars as affected by different plant density in Western Iran, *American-Eurasian J. Agric. & Environ.Sci.*, 12 (1), 17-22.
- Kelly, J. D., & Miklas, P. N. (1998). The role of RAPD markers in breeding for disease resistance in common bean. *Molecular breeding*, 4, 1-11.
- Kelly, J. D.ve Vallejo, V. A. (2004). A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. *HortScience*, 39(6), 1196-1207.
- Kelly, J. D., Gepts, P., Miklas, P. N.ve Coyne, D. P. (2003). Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. *Field Crops Research*, 82(2-3), 135-154.
- Kelly, J.D. and Vallejo, V.A. (2004). A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. *HortScience*, 39(6): 1196-1207.
- Kelly, J.D., Gepts, P., Miklas, P.N. and Coyne, D.P. 2003. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. *Field Crops Research*, 82(2-3): 135-154.

- Khaidizar, M. İ., Haliloglu, K., Elkoca, E., Aydın, M.ve Kantar, F. (2012). Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces grown in northeast Anatolia of Turkey assessed with simple sequence repeat markers. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(2), 145-150.
- Khairallah, M. M., Adams, M. W.ve Sears, B. B. (1990). Mitochondrial DNA polymorphisms of Malawian bean lines: further evidence for two major gene pools. *Theoretical and Applied Genetics*, 80, 753-761.
- Khairallah, M. M., Sears, B. B.ve Adams, M. W. (1991). Mitochondrial restriction fragment length polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* L.
- Khan, J. A., Lohuis, D., Goldbach, R.ve Dijkstra, J. (1993). Sequence data to settle the taxonomic position of bean common mosaic virus and blackeye cowpea mosaic virus isolates. *Journal of General Virology*, 74(10), 2243-2249.
- Knowles, J.R. (1989). The mechanism of biotin-dependent enzymes. *Annual Review of Biochemistry*, 58(1): 195-221.
- Koenig, R.ve Gepts, P. (1989). Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: further evidence for two major centers of genetic diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, 78, 809-817.
- Konieczny, A. and Ausubel, F.M. 1993. A procedure for mapping Arabidopsis mutations using co-dominant ecotype-specific PCR-based markers. *The plant journal*, 4(2): 403-410.
- Konuk, A.ve Uzun, T. (2021). Kuru Fasulye Genotiplerinde Bazı Tarımsal Özelliklerinin Belirlenmesi. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 10(2), 161-168.
- Kul, R (2019). *Erzurum fasulye (Phaseolus vulgaris l.) popülasyonunun morfolojik, moleküler karakterizasyonu ve seleksiyonu*. Doktora Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Atatürk Üniversitesi, Erzurum.
- Kulaz, H.ve Ciftci, V. (2012). Relationships among yield components and selection criteria for seed yield improvement in bush bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Agricultural Sciences*, 18(4), 257-262.
- Kumar, L. S. (1999). DNA markers in plant improvement: an overview. *Biotechnology advances*, 17(2-3), 143-182.
- Kuyucuoğlu, S. (2016). *Farklı Ekim Zamanlarının Bazı Şeker Tipi Fasulye Genotiplerinde Agronomik Özellikler Üzerine Etkisi*. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Konya.
- Kuzkun, B. (2022). *Bodur taze fasulye genotiplerinin sonbahar, ilkbahar ve yaz dönemlerinde agro-morfolojik özellikleri, bitki gelişimi ve verim potansiyellerinin araştırılması*. Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Antalya.
- Kwak, M., Toro, O., Debouck, D. G.ve Gepts, P. (2012). Multiple origins of the determinate growth habit in domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Annals of Botany*, 110(8), 1573-1580.
- Lacanallo, G. F., Gonçalves-Vidigal, M. C., Vidigal Filho, P. S., Kami, J.ve Gonela, A. (2010). Mapping of an Andean gene for resistance to anthracnose in the landrace Jalo Listras Pretas. *Annu. Rep. Bean Improv. Coop*, 53, 96-97.
- Larson, G., Piperno, D. R., Allaby, R. G., Purugganan, M. D., Andersson, L., Arroyo-Kalin, M., ... ve Fuller, D. Q. (2014). Current perspectives and the future of domestication studies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(17), 6139-6146.
- Lázaro, A., Villar, B., Aceituno-Mata, L., Tardío, J. and De la Rosa, L. 2013. The Sierra Norte of Madrid: an agrobiodiversity refuge for common bean landraces. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60(5): 1641-1654.

- Lellis, A. D., Kasschau, K. D., Whitham, S. A. ve Carrington, J. C. (2002). Loss-of-susceptibility mutants of *Arabidopsis thaliana* reveal an essential role for eIF (iso) 4E during potyvirus infection. *Current Biology*, 12(12), 1046-1051.
- Lenné, J. M. (1992). Colletotrichum diseases of legumes.
- Lenser, T. ve Theißen, G. (2013). Molecular mechanisms involved in convergent crop domestication. *Trends in plant science*, 18(12), 704-714.
- Li, Y. Q., Liu, Z. P., Yang, K., Li, Y. S., Zhao, B., Fan, Z. F. ve Wan, P. (2014). First report of Bean common mosaic virus infecting Azuki bean (*Vigna angularis*) in China. *Plant Disease*, 98(7), 1017-1017.
- Logozzo, G., Donnoli, R., Macaluso, L., Papa, R., Knüpffer, H. ve Zeuli, P. S. (2007). Analysis of the contribution of Mesoamerican and Andean gene pools to European common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm and strategies to establish a core collection. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54, 1763-1779.
- Lyman, J. M. (1983). Adaption Studies on Lima Bean Accessions in Colombia. *J. Ame. Soc. Hort. Sci.*, 108(3): 369-373.
- Maciel, F. L., Echeverrigaray, S., Sheng Gerald, L. T. ve Grazziotin, F. G. (2003). Genetic relationships and diversity among Brazilian cultivars and landraces of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) revealed by AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50, 887-893.
- Madakbas, S. Y. ve Ergin, M. (2011). Morphological and phenological characterization of Turkish bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes and their present variation states.
- Madakbas, S. Y., Hiz, M. C., Küçükyan, S. ve Sayar, M. T. (2013). Transfer of Co-1 gene locus for anthracnose disease resistance to fresh bean (*Phaseolus vulgaris* L.) through hybridization and molecular marker-assisted selection (MAS). *Journal of Agricultural Science*, 5(4), 94.
- Madakbaş, S. Y., Ellialtıoğlu, Ş. Ş., Dolar, S. ve Bayraktar, H. (2009). Fasulye Antraknozu Hastaltk Etmeni (*Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus) Lambs. Scrib.) Irklarının Belirlenmesi: II. Fungusun izolasyonu, Saklanması, Inokülasyonu ve Skala Degerlendirmesi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 14(2), 154-160.
- Mahuku, G. S. ve Riascos, J. J. (2004). Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Andean and Mesoamerican bean varieties and regions. *European Journal of Plant Pathology*, 110, 253-263.
- Maldonado-Mota, C. R., Moghaddam, S. M., Schröder, S., Hurtado-Gonzales, O. P., McClean, P. E., Pasche, J., ... ve Osorno, J. M. (2021). Genomic regions associated with resistance to anthracnose in the Guatemalan climbing bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm collection. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68, 1073-1083.
- Mamidi, S., Rossi, M., Moghaddam, S. M., Annam, D., Lee, R., Papa, R. ve McClean, P. E. (2013). Demographic factors shaped diversity in the two gene pools of wild common bean *Phaseolus vulgaris* L. *Heredity*, 110(3), 267-276.
- Martínez-Pacheco, M. M., Saucedo-Luna, J., Flores-García, A., Martínez-Muñoz, R. E. ve Campos-García, J. (2009). *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scrib. is a potential cellulases producer microorganism. *Revista Latinoamericana de Microbiología*, 51(1-2), 23-31.
- Martins, S. R. vences, F. J., de Miera, L. S., Barroso, M. R. ve Carnide, V. (2006). RAPD analysis of genetic diversity among and within Portuguese landraces of common white bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Scientia Horticulturae*, 108(2), 133-142.

- McDermott, J.ve Wyatt, A. J. (2017). The role of pulses in sustainable and healthy food systems. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1392(1), 30-42.
- McKern, N. M., Mink, G. I., Barnett, O. W., Mishra, A., Whittaker, L. A., Silbernagel, M. J., ... ve Shukla, D. D. (1992). Isolates of bean common mosaic virus comprising two distinct potyviruses. *Phytopathology*, 82(9), 923-929.
- Melotto, M., Afanador, L.ve Kelly, J. D. (1996). Development of a SCAR marker linked to the I gene in common bean. *Genome*, 39(6), 1216-1219.
- Melotto, M., Balardin, R. S.ve Kelly, J. D. (2000). Host-pathogen interaction and variability of *Colletotrichum lindemuthianum*. *Colletotrichum host specificity, pathology, host-pathogen interaction*. APS press, St. Paul, MN, 346-361.
- Méndez-Vigo, B., Rodríguez-Suárez, C., Paneda, A., Ferreira, J.J. and Giraldez, R. (2005). Molecular markers and allelic relationships of anthracnose resistance gene cluster B4 in common bean. *Euphytica*, 141(3): 237-245.
- Mercure, E. W., Kunoh, H.ve Nicholson, R. L. (1994). Adhesion of *Colletotrichum graminicola* conidia to corn leaves, a requirement for disease development. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 45(6), 407-420.
- Miklas, P. N., Delorme, R., Stone, V., Daly, M. J., Stavely, J. R., Steadman, J. R., ... ve Beaver, J. S. (2000). Bacterial, fungal, and viral disease resistance loci mapped in a recombinant inbred common bean population (Dorado/XAN 176). *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 125(4), 476-481.
- Miklas, P. N., Kelly, J. D., Beebe, S. E.ve Blair, M. W. (2006). Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. *Euphytica*, 147, 105-131.
- Miklas, P. N., Pastor-Corrales, M. A., Jung, G., Coyne, D. P., Kelly, J. D., McClean, P. E.ve Gepts, P. (2002). Comprehensive linkage map of bean rust resistance genes. *Annual Report-Bean Improvement Cooperative*, 45, 125-129.
- Morales, F. J. (2006). Common beans. *Natural resistance mechanisms of plants to viruses*, 367-382.
- Morales, F. J.ve Bos, L. (1988). *Descriptions of plant viruses: Bean common mosaic virus*. DPV337. Wellesbourne UK: Association of Applied Biologists.
- Moreira, D. D. L., Leitão, S. G., Gonçalves, J. L. S., Wigg, M. D.ve Leitão, G. G. (2005). Antioxidant and antiviral properties of *Pseudopiptadenia contorta* (Leguminosae) and of quebracho (*Schinopsis* sp.) extracts. *Química Nova*, 28, 421-425.
- Mudryj, A. N., Yu, N.ve Aukema, H. M. (2014). Nutritional and health benefits of pulses. *Applied Physiology, Nutrition, and Metabolism*, 39(11), 1197-1204.
- Muhalet, C.S., Adams, M.W., Saettler, A.W. and Ghaderi, A. (1981). Genetic system for the reaction of field beans to beta, gamma, and delta races of *Colletotrichum lindemuthianum*. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 106(5): 601-604.
- Naderpour, M., Lund, O. S., Larsen, R.ve Johansen, E. (2010). "Potyviral resistance derived from cultivars of *Phaseolus vulgaris* carrying bc-3 is associated with the homozygotic presence of a mutated eIF4E allele". *Molecular plant pathology*, 11(2), 255-263.
- Nchanji, E. B.ve Ageyo, O. C. (2021). Do common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) promote good health in humans? A systematic review and meta-analysis of clinical and randomized controlled trials. *Nutrients*, 13(11), 3701.
- Osorno, J. M., McClean, P. E.ve Close, T. (2018). *Advanced breeding techniques for grain legumes in the genomics era* (pp. 57-86).

- O'Sullivan, D., Tosi, P., Creusot, F., Cooke, B. M., Phan, T. H., Dron, M. ve Langin, T. (1998). Variation in genome organization of the plant pathogenic fungus *Colletotrichum lindemuthianum*. *Current Genetics*, 33, 291-298.
- Ovesna, J., Poláková, K. ve Leišová, L. (2002). DNA analyses and their applications in plant breeding. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 38(1), 29-40.
- Önder Mve Şentürk D. (1996). Ekim Zamanlarının Bodur Kuru Fasulye Çeşitlerinde Dane ve Protein Verimi İle Verim Unsurlarına Etkisi, *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 10: 7-18.
- Özbekmez, Y. (2015). *Ordu Ekolojik Koşullarında Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Çeşit ve Genotiplerinin Verimverim Ögeleri İle Tohum ve Teknolojik Özelliklerinin Belirlenmesi*. Ordu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ordu.
- Özçelik, H.ve Gülümser, A. (1988). Bazı Bodur Fasulye Çeşitlerinde Verim ve Verim Ögeleri Üzerinde Bir Araştırma. *O.M.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 3(1): 99-108.
- Özer, G., Kantar, F., Çancı, H.ve Çiftçi, V. (2018). Ulusal Kuru Fasulye Gen Kaynaklarından Yüksek Verimli ve Antraknoz (*Colletotrichum lindemuthianum*) Hastalığına Dayanıklı Islah Materyallerinin Geliştirilmesi.
- Özkorkmaz Atıcı, F. (2013). *Giresun İlinde Toplanan Yerel Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Bazı Bitkisel Özellikleri ile Verim ve Verim Ögelerinin Belirlenmesi*. Ordu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ordu.
- Öztürk, H.İ., (2018). *Erzincan ilinde yaygın yetiştiriciliği yapılan barbunya ve taze fasulye (Phaseolus vulgaris L.) genotiplerinin seleksiyonu, morfolojik ve moleküler karakterizasyonu*. Doktora tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Atatürk Üniversitesi, Erzurum.
- Palabıyık, B. (2006). *Depolama Süresinin Bazı Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Çeşitlerinde Tohum Canlılığı, Tane Verimi ve Verimle İlgili Özellikler Üzerine Etkileri*, OMÜ Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Samsun.
- Palacioğlu, G., Şanlı, İ., Bayraktar, H.ve Özer, G. (2020). Ülkemizde yetiştirilen bazı fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Çeşitlerinin BCMV ve BCMNV'e karşı dayanıklılık kaynaklarının belirlenmesi. *Uluslararası Tarım ve Yaban Hayatı Bilimleri Dergisi*, 6(3), 453-460.
- Palacioğlu, G., Yeken, M. Z., Kantar, F., Çancı, H., Çiftçi, V., Bayraktar, H.ve Özer, G. (2022). Identification of resistance sources in common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes from Turkey and the reactions of some promising genotypes to bean anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*). *Crop and Pasture Science*, 73(10), 1168-1179.
- Pasev, G., Kostova, D.ve Sofkova, S. (2014). Identification of genes for resistance to Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding lines using conventional and molecular methods. *Journal of Phytopathology*, 162(1), 19-25.
- Pastor Corrales, M. A.ve Jara, C. E. (1995). Evolution of Phaeoisariopsis griseola with common bean in Latin America.
- Pastor-Corrales, M. A., Kelly, J. D., Steadman, J. R., Lindgren, D. T., Stavely, J. R.ve Coyne, D. P. (2007). Registration of six great northern bean germplasm lines with enhanced resistance to rust and bean common mosaic and necrosis potyviruses.
- Pastor-Corrales, M.A. and Tu, J.C. (1989) Anthracnose. In: Schwartz, H.F. and Pastor-Corrales, M.A., Eds., Bean Production Problems in the Tropics, 2nd Edition, CIAT, Cali, 77-104.
- Pekşen, E. (2005). Samsun Koşullarında Bazı Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinin Tane Verimi ve Verimle İlgili Özellikler Bakiminden Karşılaştırılması. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 20(3), 88-95.

- Pekşen, E.ve Gülümser, A. (2005). Bazı Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinde Verim ve Verim Unsurları Arasındaki İlişkiler ve Path Analizi. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 20(3), 82-87.
- Pierce, W. H. (1934). Viroses of the Bean. *Phytopathology*, Vol. 24, No. 2, 87-115
- Ramos-Madrigal, J., Smith, B. D., Moreno-Mayar, J. V., Gopalakrishnan, S., Ross-Ibarra, J., Gilbert, M. T. P.ve Wales, N. (2016). Genome sequence of a 5,310-year-old maize cob provides insights into the early stages of maize domestication. *Current Biology*, 26(23), 3195-3201.
- Rania M.A. Nassar, Yasser M. Ahmed and Mohamed S. Boghdady, (2010). Botanical Studies on *Phaseolus vulgaris* L. I-Morphology of Vegetative and Reproductive Growth. *International Journal of Botany*, 6: 323-333.
- Robaglia, C. and Caranta, C. (2006). Translation initiation factors: a weak link in plant RNA virus infection. *Trends in plant science*, 11(1): 40-45.
- Rodríguez-Suárez, C., Ferreira, J. J., Campa, A., Pañeda, A.ve Giraldez, R. (2008). Molecular mapping and intra-cluster recombination between anthracnose race-specific resistance genes in the common bean differential cultivars Mexico 222 and Widusa. *Theoretical and Applied Genetics*, 116, 807-814.
- Rubatzky, V. E.ve Yamaguchi, M. (2012). *World vegetables: principles, production, and nutritive values*. Springer Science & Business Media.
- Rubiales, D.ve Mikic, A. (2015). Introduction: legumes in sustainable agriculture. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 34(1-3), 2-3.
- Ruhimbana, C.ve Mutlu, N. (2019). Marker-assisted pyramiding potyvirus resistance genes into Rwandan common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 32(3), 381-385.
- Sağlam, S.F., (2014). *Samsun İli Nebyan Fasulyesi (Phaseolus vulgaris var.communis) Popülasyonlarının Islahı*. Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.
- Santalla, M., Rodiño, A.ve De Ron, A. (2002). Allozyme evidence supporting southwestern Europe as a secondary center of genetic diversity for the common bean. *Theoretical and applied genetics*, 104, 934-944.
- Sarıkaya, O. (2020). *Orta Kızılırmak vadisinden toplanan yerel kuru fasulye (Phaseolus vulgaris L.) popülasyonları içinden tekselele seleksiyon metodu ile hat/çeşit geliştirilmesi üzerine bir araştırma*. Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Kırşehir.
- Saylam A. Ç. (2017). *Kırşehir Ekolojik Koşullarına Uygun Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Çeşit/Hatların Verim ve Verimle İlgili Özelliklerinin Belirlenmesi*, Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Kırşehir.
- Schmutz, J., McClean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., ... ve Jackson, S. A. (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature genetics*, 46(7), 707-713.
- Schneider, K. A., Rosales-Serna, R., Ibarra-Perez, F., Cazares-Enriquez, B., Acosta-Gallegos, J. A., Ramirez-Vallejo, P., Wassımı, N.ve Kelly, J. D. (1997). Improving common bean performance under drought stress. *Crop Science*, 37(1), 43-50.
- Schoonhoven A. van ve Voysest, O., (1991). *Common Beans: Research for Crop Improvement*. CIAT, Cali, Colombia.
- Schwartz, H. F., Corrales, M. P.ve Singh, S. P. (1982). New sources of resistance to anthracnose and angular leaf spot of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 31(3), 741-754.

- Schwartz, H. F., Steadman, J. R., Hall, R. ve Forster, R. L. (2005). Compendium of bean diseases.
- Sepetoğlu, H. ve Altıntaş, M. (1994). Mercimekte dane verimi ve kimi agronomik özelliklerde stabilite parametrelerinin belirlenmesi üzerinde bir çalışma. *Tarla Bitkileri Kongresi*, 25-29.
- Serengül, S. (2019). *Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Bingöl Koşullarındaki Verim ve Verim Özelliklerinin Belirlenmesi*. Bingöl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Bingöl.
- Sharma, P., Sharma, P. N., Kapil, R., Sharma, S. K. ve Sharma, O. P. (2011). Analysis of 3'-terminal region of Bean common mosaic virus strains infecting common bean in India. *Indian Journal of Virology*, 22(1), 37-43.
- Sicard, D., Nanni, L., Porfiri, O., Bulfon, D. ve Papa, R. (2005). Genetic diversity of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* L. landraces in central Italy. *Plant Breeding*, 124(5), 464-472.
- Silbernagel, M. J., Mink, G. I., Zhao, R. L. ve Zheng, G. Y. (2001). Phenotypic recombination between bean common mosaic and bean common mosaic necrosis potyviruses in vivo. *Archives of Virology*, 146, 1007-1020.
- Singh, K. K., Hassan, W., Singh, S. P. ve Prasad, P. (1976). Correlation and regression in green gram (*Phaseolus aureus* Roxb.) *Proc. Bihar Acad. Agric. Sci.*, 24(1), 40-43
- Singh, S. P. (1999). Integrated genetic improvement. *Common bean improvement in the twenty-first century*, 133-165.
- Singh, S. P., Nodari, R. ve Gepts, P. (1991). Genetic diversity in cultivated common bean: I. Allozymes. *Crop Science*, 31(1), 19-23.
- Sip, V. ve Skorpik, M. (1984). Yield Components Of Spring Wheat Lines İn Various Environments. *Genetica A Slechteni*, 20(4), 291-299.
- Sivil, B. (2022). *Bazı Yerel fasulye hat ve çeşitlerinde BCMV (Bean common mosaic virus), BGYMV (Bean golden yellow mosaic virus) ve CTV (curly top virüs) hastalıklarına karşı dayanıklılık genlerinin moleküler yöntemlerle belirlenmesi* (Master's thesis, Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü).
- Smartt, J. (1979). Interspecific hybridization in the grain legumes—a review. *Economic Botany*, 33(3), 329-337.
- Soydemir, H. E. (2021). *Bazı Kuru Fasulye Çeşit ve Hatlarının Farklı Lokasyonlardaki Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi*. Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Bolu.
- Sönmezoğlu, Ö. A., Yıldırım, A., Güleç, T. E. ve Kandemir, N. (2010). Markör destekli seleksiyonun buğday ıslahında kullanımı. *Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpaşa University (JAFAG)*, 2010(1), 105-112.
- Sözen, Ö., Yağmur, M. ve Türkmen, B. (2021). İleri Düzey Kuru Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinin Agro-Morfolojik Özelliklerinin Belirlenmesi. *ÇOMÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 9(2), 327-337.
- Strausbaugh, C. A., Myers, J. R., Forster, R. L. ve McClean, P. E. (1999). bc-1 and bc-u—two loci controlling bean common mosaic virus resistance in common bean are linked. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 124(6), 644-648.
- Sturtevant, A. H. (1913). The linear arrangement of six sex? linked factors in Drosophila, as shown by their mode of association. *Journal of experimental zoology*, 14(1), 43-59.
- Syme, J. R. (1970). A high-yielding Mexican semi-dwarf wheat and the relationship of yield to harvest index and other varietal characteristics. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 10(44), 350-353.

- Şehirali, S. (1980). Bodur fasulyede ekim sıklığının verimle ilgili bazı karakterler üzerine etkisi. *AÜ Ziraat Fakültesi Yayınları*, 738.
- Şehirali, S. (1988). *Yemelik dane baklagiller*. A.Ü. Ziraat Fakültesi Yayınları.
- Şehirali, S., M. Özgen, A. Karagöz, M. Sürek, S. Adak, Güvenç, A. Tan, M. Burak, H. Ç. Kaymak, D. Kenar. (2005). *Bitki genetik kaynaklarının korunma ve kullanımı*. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası VI. Teknik Kongresi. Cilt 1. Kozan Ofset, Ankara. 253-273.
- Şehirali, S. ve Özgen M. (2012). *Bitki Islahı*. A.Ü. Ziraat Fakültesi Yayınları
- Şentürk, M. A. (2016). *Çankırı Koşullarında Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Verim ve Bitkisel Özelliklerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Çalışma*. Çankırı Karatekin Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Çankırı.
- Tam, A., (2008). *Van Koşullarında Farklı Ekim Zamanı Uygulamalarının Fasulye' de (Phaseolus vulgaris L.) Verim Ve Verim Öğelerine Etkisi*.Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri A.bilim Dalı. Yüksek Lisans Tezi.
- Taşkesen, S. (2019). *Bazı Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Erzincan Koşullarındaki Verim ve Verim Özelliklerinin Belirlenmesi*. Bingöl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Bingöl
- Tikka, A.ve Kumars, S. (1976). A correlation and path coefficient analysis of component of gain yield in *Phaseolus aconitifolius* jaca. *Genet. Agr.*; Vol. 30; No 2; p. 241-248
- Tiwari, M., Singh, N. K., Rathore, M., Kumar, N., (2005). RAPD markers in the analysis of genetic diversity among common bean germplasm from Central Himalaya, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52, 315-324.
- Topal, M. (2023). *Bazı ileri çıkmış fasulye hatlarında, hale yanıklığı (Pseudomonas syringae pv. phaseolicola) ve adi yaprak yanıklığı (Xanthomonas axonopodis pv. phaseoli) hastalıklarına karşı dayanıklılık genlerinin moleküler yöntemlerle belirlenmesi*. Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Bilecik.
- Tosun, Z. (2024). *Farklı gibberellik asit (GA3) dozlarının fasulye (Phaseolus vulgaris L.) bitkisinde verim ve verim öğelerine etkisi*. Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans tezi, Kayseri.
- Tragoonrung, S., Kanazin, V., Hayes, P. M. and Blake, T. K. (1992). Sequence-tagged-site facilitated PCR for barley genome mapping. *Theoretical and Applied Genetics*, 84(7-8): 1002-1008.
- Truniger, V.ve Aranda, M. A. (2009). Recessive resistance to plant viruses. *Advances in virus research*, 75, 119-231.
- Tseng, T. C., Tu, J. C.ve Soo, L. C. (1995). Comparison of the profiles of seedborne fungi and the occurrence of aflatoxins in mould-damaged beans and soybeans. *Microbios*, 84(339), 105-116.
- Tu, J. C. (1981). Anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) on white bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in southern Ontario: spread of the disease from an infection focus.
- Tunc, M., Bicer, B. T.ve Turk, Z. (2020). Cultivation possibilities of some common beans varieties under second crop conditions.
- Türkmen, B. (2020). *İleri Düzey Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Agro-Morfolojik ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi*, Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Kırşehir.
- Uebersax, M. A., Cichy, K. A., Gomez, F. E., Porch, T. G., Heitholt, J., Osorno, J. M., ... ve Bales, S. (2023). Dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) as a vital component of sustainable agriculture and food security—A review. *Legume science*, 5(1), e155.

- Uwera, A., Rusagara, J. N., Msolla, S. N., Musoni, A. ve Assefa, T. (2021). Molecular marker-assisted backcrossing of anthracnose resistance genes into common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties. *American Journal of Plant Sciences*, 12(5), 771-781.
- Ülker, M. (2008). *Orta Anadolu Ekolojik Şartlarında Yetiştirilen Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinin Bazı Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi*. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Konya.
- Ülker, M. ve Ceyhan, E. (2008). Determination of some agricultural characters of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in central Anatolian ecological condition. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 22(46), 77-89.
- Vavilov, N. I. (2013). The Problem of the Origin of the World's Agriculture in the Light of the Latest Investigations. In *Science at the Cross Roads (Routledge Revivals): Papers from The Second International Congress of the History of Science and Technology 1931* (pp. 97-106).
- Vaz Patto, M. C., Amarowicz, R., Aryee, A. N., Boye, J. I., Chung, H. J., Martín-Cabrejas, M. A. ve Domoney, C. (2015). Achievements and challenges in improving the nutritional quality of food legumes. *Critical reviews in plant sciences*, 34(1-3), 105-143.
- Vieira, A. F., Sanglard, D. A., de Souza, T. L. P. O., Pereira, H. S., da Costa, J. G. C., da Silva Almeida, L. C., ... ve Melo, L. C. (2018). Selection of resistance sources to common bean anthracnose by field phenotyping and DNA marker-assisted screening. *Genetics and Molecular Research*.
- Visser, P. M. (1996). Proportion of the variation in genetic composition in backcrossing programs explained by genetic markers. *Journal of Heredity*, 87(2), 136-138.
- Wagenvoort, W. A. ve Bierhuizen, J. F. (1977). Some aspects of seed germination in vegetables. II. The effect of temperature fluctuation, depth of sowing, seed size and cultivar, on heat sum and minimum temperature for germination. *Scientia Horticulturae*, 6(4), 259-270.
- Wani, I. A., Sogi, D. S., Wani, A. A. ve Gill, B. S. (2017). Physical and cooking characteristics of some Indian kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*, 16(1), 7-15.
- White, J. W. ve Laing, D. R. (1989). Photoperiod response of flowering in diverse genotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Field Crops Research*, 22(2), 113-128.
- Wortmann, C. S., Kirkby, R. A., Eledu, C. A. ve Allen, D. J. (1998). Atlas of common bean. *Phaseolus vulgaris*, 131.
- Xu, L. ve Hampton, R. O. (1996). Molecular detection of Bean common mosaic and Bean common mosaic necrosis potyviruses and pathogroups. *Archives of virology*, 141, 1961-1977.
- Yang, X., Liu, C. ve Lin, S. (2009). Genetic relationships in *Eriobotrya* species as revealed by amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. *Scientia horticulturae*, 122(2), 264-268.
- Yeken, M. Z. (2017). *Türkiye'nin Farklı Bölgelerinden Toplanan Yerel Fasulye Genotiplerinin Morfolojik Karakterizasyonu*. Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Bolu.
- Yeken, M. Z., Emiralioğlu, O., Çiftçi, V., Bayraktar, H., Palacioğlu, G. ve Özer, G. (2022). Analysis of genetic diversity among common bean germplasm by start codon targeted (SCoT) markers. *Molecular Biology Reports*, 49(5), 3839-3847.
- Yeken, M. Z., Kantar, F., Çancı, H., Özer, G. ve Çiftçi, V. (2018a). Breeding of dry bean cultivars using *Phaseolus vulgaris* landraces in Turkey. *International Journal of Agricultural and Wildlife Sciences*, 4(1), 45-54.

- Yeken, M. Z., Özer, G., Çelik, A. ve Çiftçi, V. (2018b). Türkiye'de ticari fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) çeşitlerinde bean common mosaic virus ve bean common mosaic necrosis virus etmenlerine dayanıklılıkla ilişkili genlerin karakterizasyonu. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, 5(4), 613-619.
- Yıldırım, H. (2023). *Potasyum Dozlarının Kuru Fasulye (Phaseolus vulgaris L.) Genotiplerinde Önemli Tarımsal Özellikler ile Tanenin Kalite Kompozisyonu Üzerine Etkileri*, Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Konya.
- Yılmaz, H. A. (1999). Kahramanmaraş ekolojisinde farklı ekim sıklıklarının, iki soya (*Glycine max* L. Merill) çeşitinde verim ve verim unsurlarına etkisi. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 23, 223-232.
- Yılmaz, S. (2024). *Erzincan koşullarına uygun kuru fasulye çeşitlerinin belirlenmesi*. Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Tokat.
- Yılmaz, A. ve Ciftci, V. (2021). Genetic relationships and diversity analysis in Turkish laurel (*Laurus nobilis* L.) germplasm using ISSR and SCoT markers. *Molecular Biology Reports*, 48(5), 4537-4547.
- Yohannes, S., Loha, G. ve Gessese, M. K. (2020). Performance evaluation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes for yield and related traits at Areka, Southern Ethiopia. *Advances in Agriculture*, 2020(1), 1497530.
- Young, R. A., Melotto, M., Nodari, R. O. ve Kelly, J. D. (1998). Marker-assisted dissection of the oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, 'G2333'. *Theoretical and Applied Genetics*, 96, 87-94.
- Zaumeyer, W. J. ve Thomas, H. R. (1957). A monographic study of bean diseases and methods for their control (No. 868). US Department of Agriculture.
- Zavrak, Y. (1983). Samsun ilinde yetiştirilen fasulyelerde (*Phaseolus vulgaris* L.) görülen fasulye antraknozu (*Colletotrichum lindemuthianum*) hastalığının bioekoloji ve mücadele yöntemleri üzerine araştırmalar. *Samsun Bölge Ziraat Araştırma Enstitüsü gelişme raporu*.
- Zimmermann, M. J. D. O. (1983). Genetic studies on common bean in sole crop and intercropped with maize.