

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**NOHUTTA İRİ DANELİ, ÇİFT BAKLALI VE MARKÖR DESTEKLİ
SELEKSİYONLA YANIKLIK [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] HASTALIĞINA
DAYANIKLI İDEAL BİTKİ ISLAHI**

Tuba EKER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2020

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**NOHUTTA İRİ DANELİ, ÇİFT BAKLALI VE MARKÖR DESTEKLİ
SELEKSİYONLA YANIKLIK [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] HASTALIĞINA
DAYANIKLI İDEAL BİTKİ ISLAHI**

Tuba EKER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2020

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**NOHUTTA İRİ DANELİ, ÇİFT BAKLALI VE MARKÖR DESTEKLİ
SELEKSİYONLA YANIKLIK [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] HASTALIĞINA
DAYANIKLI İDEAL BİTKİ ISLAHI**

**Tuba EKER
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

Bu tez TÜBİTAK tarafından (Proje no: TOVAG 219O111) finanse edilmiştir.

TEMMUZ 2020

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**NOHUTTA İRİ DANELİ, ÇİFT BAKLALI VE MARKÖR DESTEKLİ
SELEKSİYONLA YANIKLIK [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] HASTALIĞINA
DAYANIKLI İDEAL BİTKİ ISLAHI**

Tuba EKER
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 13/07/2020 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Cengiz TOKER (Danışman)

Prof. Dr. Nedim MUTLU

Dr. Öğr. Üyesi Kadir AKAN

ÖZET

NOHUTTA İRİ DANELİ, ÇİFT BAKLALI VE MARKÖR DESTEKLİ SELEKSİYONLA YANIKLIK [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] HASTALIĞINA DAYANIKLI İDEAL BİTKİ ISLAHI

Tuba EKER

Yüksek Lisans Tezi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Cengiz TOKER

Temmuz 2020; 65 sayfa

İdeal bitki kavramı, bir çeşit geliştirme sürecinde dane verimi, yağlar ve diğer kullanışlı özellikler için daha iyi performans göstermesi beklenen, istenilen bir bitki modeli olarak ortaya konulmuş olup (i) ‘istenilmeyen (eksiklik/kusur) özelliği giderme veya istenilen özelliğe ulaşma/geliştirme’ (dayanıklı bir genotipten hassas bir genotipe hastalık dayanıklılığını geliştirmek) ve (ii) ‘verim için seleksiyon’ (belirlenen ebeveynler arasındaki melezlemelerle verim ve kalitede istenilen yönde iyileştirme) gibi iki temel yaklaşımı içerir. Bu çalışmanın hedefi; nohutta (*Cicer arietinum* L.) yüksek verimli, ekstra iri beyaz/krem renk daneli, çok baklalı ve önemli verim kayıplarına neden olabilen yanıklık hastalığına [Etmen: *Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] dayanıklı bir ideal bitki tipine ulaşılmasıdır. Bu hedefe ulaşılabilmesi için tek baklalı, basit yapraklı, iri daneli (100-dane ağırlığı 47 g) ve yanıklık hastalığına dayanıklı Sierra genotipi ile çift baklalı, bileşik yapraklı, küçük daneli (100-dane ağırlığı 27 g) ve yanıklık hastalığına dayanıklı CA 2969 melezlenmiştir. Çalışmanın başlangıç materyalini, tek bitki dölü aktarım yoluyla F₃ popülasyonu oluşturmuştur.

F₃ popülasyonunda, çift baklalılık geninin uygun koşullarda epistatik etkilerinin bir sonucu olarak çok çiçekli ya da baklalı dölleri gözlenmiştir. 626 F₃ kademesi bitkisi (i) bileşik yapraklı ve tek baklalı, (ii) bileşik yapraklı ve çift baklalı, (iii) bileşik yapraklı ve çok baklalı (iv) basit yapraklı ve tek baklalı, (v) basit yapraklı ve çift baklalı, (vi) basit yapraklı ve çok baklalı dölleri olarak altı gruba ayrılarak tarımsal ve morfolojik özellikleri yönüyle değerlendirilmiştir. Geliştirilmiş olan “çift baklalı ya da çok baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üstü olan toplam 152 F₄ kademesi genotipinde, SCY17₅₉₀ ve CaETR-1 moleküler markörleri kullanılarak yanıklık hastalığına reaksiyonları moleküler düzeyde belirlenmiştir. Ekstra iri dane özelliği, F₃ popülasyonundaki dağılıma göre, kısmi dominant allelerin kontrolünde poligenik kalıtım şekline sahip olabileceği belirlenmiştir.

Çalışma materyeli içerisinde, ebeveyn bireylerden daha yüksek/fazla ya da daha düşük/az değerlere sahip olan dölleri ortaya çıkmasını sağlayan transgresif açılmalar incelenen tüm özellikler için belirlenmiş olup ticari olarak yüksek fiyata alıcı bulan bu nedenle de çiftçilerin ihtiyaç duyduğu iri ve açık renk daneli nohutların, uygun ebeveynlerin melezlenerek geliştirilebileceği gösterilmiştir. İri dane büyüklüğü için seleksiyon, path analiziyle dane verimi, 100-dane ağırlığı artışında en yüksek doğrudan etkiye sahip olduğu için biyolojik ve dane verimine dayandırılabilir. Yüksek verimli

genotipleri seçmek için, dane verimi ile aynı faktörde bulundukları için biyolojik verim, taç genişliği, bakla ve dane sayısı gibi özelliklerden biri değerlendirilebilir. Bileşik yapraklı ve tek baklalı genotiplerin en iri dane büyüklüğüne sahip olduğunun belirlenmesinin ardından bileşik yapraklı ve çift baklalı genotipler yer almaktadır. Bileşik yapraklı ve çok baklalı genotiplerin hem en yüksek verime hem de bakla ve dane sayısına da sahip olduğu bulunmuştur. QTL_{AR2} ve QTL_{AR1} ile ilişkilendirilmiş LG4 üzerindeki SCY17₅₉₀ ve CaETR-1 markörleri 152 F₄ kademesi genotipleri içerisinde 9 genotip içerisinde belirlenmiştir. Her iki dayanıklı alleli taşıyan altı genotipte, 100-dane ağırlığı 50-60 g olan ekstra iri daneler elde edilmiştir. 100-dane ağırlığı 50 g üzeri, çift ya da çok baklalı ve yanıklık hastalığına moleküler destekli seleksiyon çalışmaları ile dayanıklı olarak belirlenen F₄ kademesinde bazı döllerin en iyi ebeveyninden (47 g) daha iri danelere sahip olduğu belirlenmiştir. Yüksek verimli bu üstün hatlar çiçeklenme (31 °C'den fazla) ve bakla bağlama (39 °C'den fazla) dönemlerinde yüksek sıcaklık stresine maruz kalmıştır.

Yüksek verim, ekstra iri ve açık renkli dane boyutu, çift veya çok baklalılık özellikleri ve yanıklık hastalığına dayanıklılık uygun kabulü nohutların tür içi melezlemeleriyle ve markör destekli seleksiyonla bir ideal nohut tipinin geliştirilmesi mümkündür.

ANAHTAR KELİMELEER: Nohut yanıklık hastalığı, *Ascochyta rabiei*, Nohut, *Cicer arietinum*, Çift baklalılık, Dayanıklı, Ekstra iri dane, İdeal bitki ıslahı, Markör destekli seleksiyon

JÜRİ: Prof. Dr. Cengiz TOKER

Prof. Dr. Nedim MUTLU

Dr. Öğr. Üyesi Kadir AKAN

ABSTRACT

IDEOTYPE BREEDING IN KABULI CHICKPEA: EXTRA LARGE-SEEDED, DOUBLE-PODDED AND RESISTANT TO ASCOCHYTA BLIGHT [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] VIA MARKER ASSISTED SELECTION

Tuba EKER

MSc Thesis in Department of Field Crops

Supervisor: Prof. Dr. Cengiz TOKER

July 2020; 65 pages

The concept of ‘crop ideotype’ is coined as a desirable plant model expected to better perform for grain yield, oils and other useful characteristics when developed a cultivar and it consists of two major approaches such as (i) ‘defect elimination’ that is integration of disease resistance to a susceptible genotype from resistant genotype and (ii) ‘selection for yield’ improving yield after crosses between desirable parents. Here we determined an ideotype in chickpea (*Cicer arietinum* L.) having high-yielding, extra large-seeded, multi-podded and resistant to ascochyta blight [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)], caused considerable yield losses. For these purposes, Sierra having single-podded per node, unifoliolate leaf, the large-seeded (47 g per 100-seed weight) and resistant to ascochyta blight was crossed with CA 2969 having twin-podded per node, imparipinnate leaf, small-seeded (27 g per 100-seed weight) and resistant to ascochyta blight, and then advanced to F₃ generation with single plant progeny.

In F₃ population, multi-flowered or podded progeny were noticed as a result of epistasis of double-podded gene in suitable conditions. A total of 626 F₃ generation plants was evaluated for agro-morphological traits dividing into six classes namely; (i) imparipinnate leaf and single-podded progeny, (ii) imparipinnate and double-podded progeny, (iii) imparipinnate and multi-podded progeny, (iv) unifoliolate leaf and single-podded progeny, (v) unifoliolate leaf and double-podded progeny, (vi) unifoliolate leaf and multi-podded progeny. A total of 152 F₄ generation lines having 100-seed weight ≥45 g and double- or multi-podded traits were studied for resistance to ascochyta blight using molecular markers including SCY17₅₉₀ and CaETR-1. Inheritance pattern of extra large-seeded trait was found to be polygenic controlled partial dominant alleles according to distribution of F₃ population.

Transgressive segregations, progeny having higher or lower values in segregations than their own parents, were determined for all studied traits indicating that seed size in chickpea could be improved crossing suitable parents since large seed size in chickpea are preferred by farmers due to having high price. Selection for large seed size could be based on biological and seed yields per plant since the seed yield had the highest direct effect on 100-seed weight in path analysis. To select high yielding progeny, one of the following traits such as biological yield, number of pods and seeds per plant and canopy width could be assessed because these traits along with seed yield were found in the same factor. Imparipinnate leaf and single podded progeny had the largest seed size and followed by imparipinnate leaf and double-podded progeny.

Imparipinnate leaf and multi-podded progeny had not only highest yield but also number of pods and seeds per plant. SCY17₅₉₀ and CaETR-1 markers located on LG4 related to QTL_{AR2} and QTL_{AR1} were found in 9 lines among 152 F₄ lines. Six lines carrying both of two resistance markers attained extra-large seeds as high as 50-60 g per 100-seed weight. Some progeny in F₃ with 100-seed weight of ≥ 50 g, double- or multi-podded and resistant to ascochyta blight had extra larger seed size than that of the best parent (47 g). These superior lines attained high yield were subjected to heat stress during flowering (more than 31 °C) and pod setting (more than 39 °C) stages.

As a suggestion, high yielding, extra large-seeded, double- and multi-podded traits and resistance to ascochyta blight were integrated in ideotype chickpea via intraspecific crossing of suitable ‘kabuli’ chickpeas and marker assisted selection.

KEYWORDS: *Ascochyta* blight, *Ascochyta rabiei*, Chickpea, *Cicer arietinum*, Double-podded, Extra large-seeded, Ideotype breeding, Marker assisted selection, Resistant

COMMITTEE: Prof. Dr. Cengiz TOKER

Prof. Dr. Nedim MUTLU

Asst. Prof. Dr. Kadir AKAN

ÖNSÖZ

Dünyadaki nüfus artışıyla beraber gıdaya olan talep artmakta olup bununla beraber küresel iklim değişikliği artan gıda talebini karşılanmasını olumsuz yönde etkilemektedir. Nohut da insan beslenmesinde, bitkisel protein ve mineral kaynağı olarak yemeklik baklagiller içerisinde önemli bir besindir. Dünyada tarımsal üretim alanları sınırlı ve her geçen gün de bu alanlar daralmaktadır. Bu nedenle tarım alanlarının sürdürülebilir bir şekilde kullanılması gerekmektedir. Bu problemin aşılmasının bitki ıslahı önemli bir çıkış yolu olarak akla yakın durmaktadır. Nohut üretiminde, birim alandan yüksek verim ve kalite elde etmek istenilir, ancak bu istenen verim ve kaliteye ulaşılmasını kısıtlayan canlı (biyotik) ve cansız (abiyotik) stres faktörlerine karşı dayanıklılığın geliştirilmesi nohut ıslahının temel çalışma veya araştırma konu/konularını oluşturmaktadır. Yürütülen çalışma ile hem üretici hem de tüketici ihtiyaçlarını göz önünde bulundurarak bir ideal nohut tipine nasıl ulaşılacağı konusunda araştırma yapılmıştır. Çalışmanın hedefleri arasında, üreticinin hedefi yüksek verimli, iri ve beyaz daneli nohut üretiminin başlıca sorunu olan yanıklık hastalığına dayanıklı, pazarda iyi fiyata satabileceği kaliteli bir nohut çeşidi veya tipi iken; tüketicinin beklentisi ise, iri ve beyaz daneli nohut talebinin karşılanması hedeflenmiştir. Birim alanda verim artışını sağlayacak çift baklalılık özelliğini, iri ve beyaz dane büyüklüğü ile yanıklık hastalığına dayanıklılığı aynı genotip/genotiplerde toplamayı amaçlayan bir tez çalışması planlanmış ve yürütülmüştür.

Yüksek lisans eğitimim süresince, bilime ve hayata dair bilgi ve deneyimlerini aktaran, gerçek bilgiye ulaşmanın yolunun ”konu üzerinde çalışarak olacağını” ve bu konuda teşvik ve yardımlarından dolayı danışman hocam sayın Prof. Dr. Cengiz TOKER’e sonsuz saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Yüksek lisans tez çalışmam süresince her zaman desteğini ve yardımını gördüğüm sayın Arş. Gör. Hatice SARI’ya, moleküler çalışmalarda yardımını ve bilgisini paylaşan sayın hocam Doç. Dr. Cengiz İKTEN ve Arş. Gör. Hilal Şule TOSUN’a sevgi ve teşekkürlerimi sunarım.

Projeyi finanse eden TÜBİTAK’a (Proje no: TOVAG 219O111) teşekkür ederim.

Eğitim hayatım ve çalışmalarım süresince beni anlayışla karşılayan, maddi ve manevi desteklerini her zaman gördüğüm annem Müşerref EKER, babam Orhan EKER, babaannem Ganimet EKER ve ablam ve kardeşlerime sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xiii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xv
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	5
2.1. İdeal Bitki Tipi (İdeotip) ile İlgili Bilgiler	5
2.2. Nohutta Dane İriliği ile İlgili Çalışmalar	6
2.3. Nohutta Çift Baklalılık ile İlgili Çalışmalar	8
2.4. Nohutta Yanıklık Hastalığı ve Dayanıklılık Islah Çalışmaları.....	9
2.5. Yanıklık Hastalığı ile İlgili Moleküler Markör Çalışmaları.....	11
3. MATERYAL VE METOT	18
3.1. Materyal.....	18
3.1.1. Bitki materyali	18
3.1.2. İklim koşulları.....	19
3.1.3. Deneme arazisi ve moleküler çalışma laboratuvarı	19
3.1.4. Deneme arazisinin toprak özellikleri	20
3.2. Metot	20
3.2.1. Morfolojik gözlemler.....	20
3.2.2. DNA izolasyonu	22
3.2.3. Markörlerin belirlenmesi	23
3.2.4. Polimeraz zincir reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction, PCR).....	24
3.2.5. Agaroz jelin hazırlanması	24
3.2.6. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi ve agaroz jel elektroforezi	25
3.2.7. Jellerin görüntülenmesi.....	25
3.2.8. Verilerin analizleri	26
4. BULGULAR	28
4.1. F ₃ Popülasyonu ve Kalitatif Morfolojik Özellikler	28

4.2. Tarımsal ve Morfolojik Özellikler için Transgresif Açılmalar	29
4.3. F ₃ Popülasyonunda Genotiplerin 100-Dane Ağırlığı	31
4.4. Tarımsal ve Morfolojik Özelliklerin 100-Dane Ağırlığı ile İlişkileri	33
4.5. Yanıklık Hastalığına Dayanıklılığın Moleküler Markörlerle Belirlenmesi	36
5. TARTIŞMA	43
6. SONUÇLAR	48
7. KAYNAKLAR	49
8. EKLER.....	62
ÖZGEÇMİŞ	



AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans tezi olarak sunduğum “Nohutta İri Daneli, Çift Baklalı ve Markör Destekli Seleksiyonla Yanıklık [*Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] Hastalığına Dayanıklı İdeal Bitki Islahı” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

13/07/2020

Tuba EKER

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

%	: Yüzde (Oran)
μl	: Mikrolitre
bp	: Baz çifti (base pair)
Ca	: Kalsiyum
CaCO_3	: Kalsiyum karbonat
cm	: Santimetre
cM	: Santimorgan
Cu	: Bakır
ddH ₂ O	: Distile-Deiyonize su
dS/m	: Elektriksel iletkenlik değerleri
F ₁ , F ₂ ...	: F... seviyesinde ıslah kademesi
Fe	: Demir
g	: Gram
h^2	: Kalıtım değeri
ha	: Hektar
K	: Potasyum
kg	: Kilogram
l	: Litre
meq	: Miliekivalan değeri
Mg	: Magnezyum
mg	: Miligram
MgCl_2	: Magnezyum klorür
ml	: Mililitre
mm	: Milimetre

mM	: Milimolar
Mn	: Mangan
N	: Azot
Na	: Sodyum
NaCl	: Sodyum klorür
ng	: Nanogram
°C	: Celcius derece
P	: Fosfor
pH	: Hidrojen gücü (Power of Hydrogen)
pmol	: Pikomol
rpm	: Revolutions per munit (Dakikada devir sayısı)
s	: Saniye
<i>sfl</i>	: Tek çiçek
<i>sfl^d</i>	: Çift çiçek
<i>sfl^t</i>	: Üçlü çiçek
U	: Ünite
Zn	: Çinko

Kısaltmalar

ASAP	: Allele-Specific Associated Primer –Allele özgü ilişkilendirilmiş primer
AUDPC	: The Area Under The Disease Progress Curve-Hastalık ilerleme eğrisi
CIFA	: The Cantabrian Agricultural Research and Training Centre-Cantabrian Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi Cordaba, İspanya
CIM	: Composite Interval Mapping-Bileşik Aralık Haritalama
CTAB	: Cetyl trimethylammonium bromide
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
Dntp	: Deoksinükleosid trifosfat (dATP, dCTP, dGTP, dTTP)
EDTA	: Etilendiamin Tetra Asetik Asit
EST	: Expressed Sequence Tags-İfade Edilmiş Ardışık Etiketler
FAO	: Food and Agriculture Organization of the United Nations-Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
ICARDA	: The International Center for Agricultural Research in the Dry Areas-Kurak Alanlar Uluslararası Tarımsal Araştırma Merkezi
ICRISAT	: The International Crops Research Institute For Semi-Arid Tropics-Yarı-Kurak Tropik Bölgeler Uluslararası Bitkisel Araştırma Merkezi
IDS	: İnitil Disease Score-İlk Hastalık Skoru
IPCC	: The Intergovernmental Panel on Climate Change-Hükümetler arası İklim Değişikliği Paneli
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeat-Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm
LG	: Linkage Group-Bağlantı grubu
MAS	: Marker Assisted Selection-Markör Destekli Seleksiyon
NILs	: Near-isogenic lines-Yakın izogenik hatlar
PCR	: Polymerase Chain Reaction-Polimeraz Zincir Reaksiyonu
QTL	: Quantitative Trait Locus-Kantitatif Özellik Lokusu
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA-Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi
RGA	: Resistance Gene Analog- Dayanıklılık geni analogu

RIL	: Recombinant Inbred Line-Rekombinant Kendilenmiş Hat
SCAR	: Sequence Characterized Amplified Region-Diziye Özel Çoğaltılmış Bölge
SNP	: Single Nucleotide Polymorphisms-Tek Nükleotid Polimorfizmleri
SSR	:Simple Sequence Repeats-Basit Dizi Tekrarları
STMS	: Sequence-tagged microsatellite sites
Tris HCl	: Tris Hydrochloride
USDA-ARS	: U.S. Department of Agriculture, the Agricultural Research Service- Amerika Birleşik Devletleri Tarım Bakanlığı Tarımsal Araştırma Servisi
UV	: Ultraviyole

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. a) Nohut yanıklık hastalığının baklada b) dallarda oluşturduğu belirtiler	10
Şekil 3.1. Ebeveynlerin morfolojik özellikleri, Sierra (tek baklalı ve basit yapraklı, sol taraftaki) ve CA 2969 (çift baklalı ve normal yapraklı, sağ taraftaki)	18
Şekil 3.2. Araştırma materyalinin yetiştirme döneminde yağış (mm) ve sıcaklıklar (°C)	19
Şekil 3.3. a) Tarla denemelerinin yürütüldüğü arazi, b) Moleküler çalışmaların yürütüldüğü Entomoloji Laboratuvarı.....	20
Şekil 3.4. Çalışmada kullanılan genotiplerin bir bölümüne ait izolasyon sonrası elde edilen DNA'ların agaroz jel görüntüleri	23
Şekil 3.5. a) Örneklerin jele yüklenmesi, b) Agaroz jel elektroforezi	25
Şekil 3.6. a) UV transillimünatör cihazı ve aşaması, b) Bantların fotoğraflanması aşaması	26
Şekil 4.1. F ₃ popülasyonunda gözlenen a) bileşik yapraklı b) basit yapraklı c) çok çiçekli d) çok baklalı özelliklere sahip örnek bir genotip	28
Şekil 4.2. F ₃ popülasyonundaki genotiplerin 100-dane ağırlığına göre dağılımı	31
Şekil 4.3. F ₃ popülasyondaki tek baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri Genotiplerin yaprak şekline bağlı olarak 100-dane ağırlığına göre dağılımı.....	32
Şekil 4.4. F ₃ popülasyondaki çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri genotiplerin yaprak şekline bağlı olarak 100-dane ağırlığına göre dağılımı.....	32
Şekil 4.5. a) F ₃ popülasyonunda çift baklalı, bileşik yapraklı ve 100-dane ağırlığı 62.5 g olan bir genotipin tohumları b) CA 2969 (çift baklalı, bileşik yapraklı ve 100-dane ağırlığı 27.4 g) ve c) Sierra (tek baklalı, basit yapraklı ve 100-dane ağırlığı 47.0 g)	33
Şekil 4.6. SCY17 ₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 1-48 genotipler	36
Şekil 4.7. SCY17 ₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 49-92 genotipler	37
Şekil 4.8. SCY17 ₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jelde görüntüsü. 97-144 genotipler	37
Şekil 4.9. SCY17 ₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. Üst:145-152, alt: 93-96 genotipler	38

Şekil 4.10. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 1-48 genotipler	38
Şekil 4.11. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 49-96 genotipler	39
Şekil 4.12. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 97-144 genotipler	39
Şekil 4.13. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. Sırasıyla 145, 147, 149, 151, 146, 148, 150 ve 152 genotipler.....	39
Şekil 4.14. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. Şekil 4.10-4.13 görüntülerinde bant oluşturmayan 38 genotipe ilişkin tekrar edilen PCR sonucu bant görüntüleri	40



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Deneme arazi toprak özellikleri, makro ve mikro besin elementleri	20
Çizelge 3.2. Nohut yanıklık hastalığına dayanıklı genotipleri belirlemek için çalışmada kullanılan moleküler markörler, ileri ve geri dizilemeleri (sekansları)	23
Çizelge 3.3. PCR bileşenleri ve miktarları.....	24
Çizelge 3.4. PCR amplifikasyon koşulları.....	24
Çizelge 4.1. F ₃ popülasyonunda yaprak şekli ve bir yaprak koltuğundan çıkan çiçek sayısına bağlı olarak genotiplerin sayısı (adet).....	29
Çizelge. 4.2. Sierra (tek baklalı ve basit yapraklı) ve CA 2969 (çift baklalı ve normal yapraklı) melezinden köken alan F ₃ popülasyonunda ortalamalar±standart hatalar ve değişim aralığı.....	30
Çizelge 4.3. 100-dane ağırlığına tarımsal ve morfolojik özelliklerin doğrudan (kalın) ve dolaylı (normal) etkilerinin path (p) ve korelasyon (r) katsayıları	34
Çizelge 4.4. Çift baklalı ve 45 g üzeri 100-dane ağırlığına sahip 152 genotipin tarımsal morfolojik özelliklerinin faktör etkileri ve oransal ortak etken varyans (communality).....	35
Çizelge 4.5. Çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri 152 genotip için tarımsal morfolojik özelliklerin dar anlamda kalıtım dereceleri (h^2).....	35
Çizelge 4.6. Nohut yanıklık hastalığı ile ilişkilendirilmiş iki marköre (SCY17 ₅₉₀ ve CaETR-1) göre F ₄ genotipleri, ebeveynleri ve kontrol genotiplerinin skorları	40

1. GİRİŞ

Türkiye'nin güneydoğusundan köken alan nohut (*Cicer arietinum* L.), uygun yetiştiricilik alanlarında ve tüm dünyada severek tüketilen en önemli baklagillerden birisidir (Ladizinsky 1975; Toker 2009). Nohut, Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) 2018 yılı üretim istatistiklerine göre; dünyada 17.8 milyon ha alanda yetiştirilmekte ve 17.2 milyon ton üretimi yapılmaktadır (FAOSTAT 2020). Aynı veriler incelendiğinde nohut ekim alanı, baklagiller içinde soya, yerfıstığı ve fasulyeden sonra dördüncü sıradadır. Tüm dünya nohut ticareti birlikte değerlendirdiğinde; FAO 2017 yılı verilerine göre, nohudun dünyada 3.3 milyar ABD Doları ithalatı ve 2.7 milyar ABD Doları ihracatı yapılmaktadır. Türkiye'de ise 2018 yılında 514 bin ha alanda nohut ekimi yapılarak, 630 bin ton nohut üretimi gerçekleşmiştir (FAOSTAT 2020). Aynı kaynağın ticari verilerine göre; ülkemiz 2017 yılında 131 milyon ABD Dolarlık nohut ithalatı yapmıştır. Ancak, Türkiye'nin daha önceki üretim sezonlarında dünyada nohut ihracatında lider ülkelerden birisi olduğu bilinmektedir (FAOSTAT 2020).

Günümüzde üretimi yapılan nohutlar bitki rengi, dane ['urug' kelimesi öz Türkçe karşılığı olarak Kaşgarlı Mahmut (1077) tarafından bildirilmiştir (Atalay 1985)] rengi ve dane iriliğine göre *macrosperma* veya "kabuli" ve *microsperma* veya "desi" olmak üzere iki gruba ayrılmaktadır (van der Maesen 1972). Kabuli tip nohutlar pigmentless yeşil aksama sahip olup ve çiçekleri de antosiyaninsiz (pigmentless) beyaz renklidir. Bu gruptaki nohutların daneleri genellikle iri ve krem/beyazımsı krem renklidir. Desi tip nohutlar ise pigmentli yeşil aksama sahip olup, çiçeklerinde antosiyanin varlığı ile mor, mor-pembe ve mavi-mor renklidir. Bu gruptaki nohutların daneleri küçük ve kahverengi, siyah ve yeşil renklidir (van der Maesen 1972; Eker vd. 2018).

Nohut ticaretinde, dane iriliği ve renk özelliği önemli kriterlerdir. Tüketiciler, bütün dane tüketimi, şekerleme ürünleri, salatalar ve baharatlı yemekler için iri daneli nohutları tercih etmektedir (Regan vd. 2006). Dane çapına göre nohutlar iri (≥ 9 mm), orta (8-9 mm) ve küçük (7-8 mm) daneli olarak gruplandırılmaktadır (Gowda vd. 2011). Gaur vd. (2006) Hindistan'da 100-dane ağırlığı 50 g'dan (gram) daha fazla olan nohutlar, 25-40 g nohutlardan iki kat fazla fiyata satılabildiği rapor edilmiştir. Çapı 7 mm'den daha iri olan nohutlar, dane çapındaki her milimetrik artışla birlikte ton başına 50 ABD doları fazla paraya alıcı bulabilmektedir (Biçer 2009). Ülkemizde kuru dane olarak ticareti yapılan nohutlar; (i) 'koçbaşı' (İspanyol ya da lüks nohutlar) (ii) 'kuşbaşı' (leblebilik ya da kaba nohutlar), (iii) 'yuvarlak nohutlar' (bezelyemsi ya da sıra nohutlar) (Sepetoğlu 1994) ve (iv) 'karışık nohutlar' olarak sınıflandırılmışlardır (Akçin 1988; Şehirli 1988). Nohutta dane iriliğinin genetik yapısının kontrol edilmesinin ortaya konulması veya mekanizmanın anlaşılmasıyla ilgili çalışmaların 1950'li yıllardan beri yapıldığı bilinmektedir. Nohutta dane iriliğinin kalıtımı ile ilgili birbirinden farklı raporlar olduğu gibi benzer raporlar da vardır (Balasubrahmanyam 1950; Patil ve DCruze 1964; Malhotra ve Singh 1989; Singh vd. 1992; Kumar ve Singh 1995; Upadhyaya vd. 2011; Sundaram vd. 2019). Dane iriliğinin tek genle (Argikar 1956), iki genle (Ghatge 1993; Upadhyaya vd. 2006; Hossain vd. 2010) ve çok genle (Athwal ve Sandha 1967; Niknejad vd. 1971; Kumar ve Singh 1995; Malhotra vd. 1997; Hovav vd. 2003; Sharma vd. 2013; Kivrak vd. 2020) kontrol edildiği farklı çalışmalarla ortaya konulmuştur. Bu farklılıkların temel nedeni; çalışmada kullanılan farklı ebeveynlerden

oluşturulan popülasyonlarda kalıtım çalışmalarının yapılmış olması ve fenotipleme yaklaşımlarından kaynaklanması olarak açıklanabilir. Nohutta dane ağırlığı ile ilişkili LG1 ve LG4 üzerinde iki majör QTL belirlenmiştir (Radhika vd. 2007). LG4 ve LG8 üzerinde iki QTL, Cobos vd. (2007) tarafından belirlenmiştir. Dane iriliği genetik yapı kadar çevresel stres faktörlerinden de etkilenebilen bir özelliktir (Muehlbauer ve Singh 1987; Toker 1998; Carreras vd. 2013). Dane iriliği yetiştiricilik sırasında uygulanan ek sulama ve bitki besin maddesi uygulamalarından olumlu yönde etkilenmektedir (Erdemci vd. 2017). Diğer taraftan iri daneli nohutların tuzluluk stresinde daha uzun sürede çimlenmediği de rapor edilmiştir (Kaya vd. 2008). Bununla birlikte dane iriliği ile danedeki protein oranı arasında negatif bir ilişki olduğu da bilinmektedir (Gaur vd. 2016).

Nohut yetiştiricilerinin nihai hedefi, hasat sonrası birim alandan yüksek verim elde etmektedir. Birim alandan elde edilen verimi etkileyen farklı canlı (biyotik) ve cansız (abiyotik) stres faktörleri vardır. Önceki araştırmalar göstermiştir ki, nohutta çiçek salkımında ya da yaprak koltuğunda çift çiçek ya da çift bakla bulundurma verimi artırmak için önemli bir özelliktir. Çift baklalılık özelliği gösteren nohutlar uygun koşullarda yetiştirildiği zaman tek baklalı nohutlarla karşılaştırıldığında değişen düzeylerde (önemli) verim ve uyum (stabilite) yeteneğinde artış gözlenebilmektedir (Rubio vd. 1998, 2003, 2004; Yasar vd. 2014; Koseoglu vd. 2017; Adak vd. 2017). Çift bakla oluşturma özelliğinden sorumlu 's' geninin %10-18 oranında verimi artırdığı daha önceki çalışmalarda rapor edilmiştir (Kumar vd. 2000). Nohutta çift çiçeklilik özelliği için kalıtım çalışmaları Singh ve van Rheenen (1994) tarafından yürütülmüş ve tek resesif 's' geni tarafından kontrol edildiği bildirilmiştir (Muehlbauer ve Singh 1987; Yasar vd. 2014; Koseoglu vd. 2017; Adak vd. 2017). Çift baklalılık geni için TA80 markörü LG6 üzerinde tanımlanmıştır (Rajesh vd. 2002; Ali vd. 2016).

Nohutta verimi artırmak için devam eden çalışmaların yanı sıra nohut yetiştiriciliğini kısıtlayan, verimi azaltan ve kaliteyi olumsuz etkileyen yanıklık (antraknoz) hastalığı [Etmen: *Ascochyta rabiei* (Passerini) Labrousse (sinonimi: *Phoma rabiei* (Pass.) Khune ex Gruyter] ve eşeyli üreme formu *Didymella rabiei* [sinonimi: *Mycosphaerella rabiei* (Kovachevski)], olarak bilinen en önemli ve yaygın canlı stres faktörlerinden olan fungus (Nene ve Reddy 1987; Singh vd. 2007; Pande vd. 2010) ile de mücadele etmek gerekmektedir. Hastalığın salgın (epidemi) oluşturduğu üretim alanlarında, verim kaybı %100'e ulaşabilmektedir (Nene 1984). 1981-83 üretim sezonlarında Hindistan ve Pakistan'ın bazı yetiştiricilik bölgelerinde %100 verim kaybı meydana geldiği ve bu amaçla 7 milyon ABD dolarından fazla nohut ithal edilmek zorunda kalındığı rapor edilmiştir (Singh vd. 2007).

Hastalığın, farklı kontrol yöntemlerinin birbiri ile entegre edilmesi ile etkili ve istenilen seviyede kontrol edilebilmesi mümkün olabilmektedir. Uygun kontrol metotlarının bir arada kullanılmasıyla hastalığın üretim alanında yaygınlığı ve şiddetinin azaltılması mümkündür. Entegre zararlı yönetimi teknikleri kullanılarak, verim ve kalite kayıpları en aza indirilerek üreticinin en yüksek getirinin sağlandığı hastalık kontrol modeli de geliştirilmiştir. Nohut yanıklık hastalığının öne çıkan kontrol yöntemleri: (i) konukçu bitki dayanıklılığı geliştirmek, (ii) kültürel uygulamalar, (iii) kimyasal uygulamalardır. Dayanıklı çeşit geliştirmek ve bazı kültürel önlemler hem ekonomik hem de çevre dostu yöntemler olduğu için öncelikle tercih edilen yöntemlerdir (Hawtin ve Singh 1984; Kaiser 1991; Singh ve Reddy 1991; Chen vd. 2004; Pande vd. 2005;

Bayraktar vd. 2007; Singh vd. 2007; Pande vd. 2010).

Nohut yanıklık hastalığına dayanıklılık kaynaklarının belirlenmesi amacıyla dünyada, ICARDA [The International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (Kurak Alanlar Uluslararası Tarımsal Araştırma Merkezi)] ve ICRISAT [The International Crops Research Institute For Semi-Arid Tropics (Yarı-Kurak Tropik Bölgeler Uluslararası Bitkisel Araştırma Merkezi)] başta olmak üzere uluslararası nohut germplasm kaynakları taranmıştır. Pundir vd. (1988) bazı ICRISAT germplasm kaynaklarını değerlendirmiş ve ICC 120 ve ICC 1416 olarak tanımlanan genotipleri hastalığa dayanıklı olarak bildirmişlerdir. Singh vd. (1983) ise; ICARDA nohut genetik kaynaklarını değerlendirmiş ve ILC 72, ILC 200, ILC 1757, ILC 2956, ILC 182, ILC 201, ILC 2380, ILC 3274, ILC 187, ILC 202, ILC 2441, ILC 3279, ILC 191, ILC 1407, ILC 2506, ILC 196, ILC 1728 ve ILC 2912 olarak tanımlanan genotiplerinin hastalığa dayanıklı olduğunu bildirmişlerdir. Bu genotiplere ek olarak ILC 3856, ILC 5902, ILC 6090, ILC 6188, ILC 6482, ICC 1069, ICC 4475, ICC 6328, ICC 12004 ve MCK-54 olarak tanımlanan genotipler yanıklık hastalığına karşı dayanıklı olarak bildirilmiştir (Singh 1997). Bu çalışmalar yanında birçok ülkede ulusal dayanıklılık kaynağı rapor edilmiştir. Pande vd. (2010) tarafından ICARDA ve ICRISAT başta olmak üzere dünyanın birçok ülkesinde nohut yanıklık hastalığına dayanıklı yüzlerce nohut genotipi belirlendiği bildirilmiştir. Bu kaynakların ıslah çalışmalarında kullanılmasıyla birçok ülkede yanıklık hastalığına dayanıklı çok sayıda nohut tescil ettirilmiştir (Gaur vd. 2007). Nohutta yanıklık hastalığına dayanıklılığın kalıtım modelini belirlemek için birçok çalışma yürütülmüştür. Eser (1976), dayanıklılığın tek dominant genle yönetildiğini, Singh ve Reddy (1983), dayanıklılığın bir genotipte tek dominant gen ile; farklı bir çalışma da ise farklı bir genotipte tek resesif genin kontrolü altında olduğunu saptamışlardır. Yapılan bir çalışmada hastalığa dayanıklılığın kalıtımının, kullanılan dayanıklılık kaynağına bağlı olarak farklılık gösterebileceği bildirilmiştir (Labdi vd. 2013). Labdi vd. (2013) yaptıkları çalışmada nohutta yanıklık hastalığına dayanıklılıkta; resesif tek gen, tamamlayıcı iki dominant gen, tamamlayıcı iki resesif gen, epistatik iki resesif gen, üç resesif ya da iki resesif çift gen ve çok genin (poligenik) rol oynayabileceğini bildirmişlerdir. Nohut yanıklık hastalığına dayanıklılık kantitatif bir özellik olarak düşünülmüş olup nohut genetik haritası üzerinde birkaç QTL konumlandırılmıştır (Millan vd. 2010). Bu QTL'lerin bazılarıyla ilişkilendirilmiş markörlerin, markör destekli seleksiyondaki etkinliği ispatlanmıştır (Imtiaz vd. 2008; Bouhadida vd. 2013; Tar'an vd. 2013; Castro vd. 2015). Son yıllarda yapılan yanıklık hastalığına dayanıklılık geliştirilmesi konusunda markör destekli seleksiyon çalışmaları yapılmakta olup başarılı bir şekilde uygulanabilmektedir (Millan vd. 2003, 2006, 2010; Varshney vd. 2013, 2014; Castro vd. 2015; Gil vd. 2017).

Günümüzde popüleritesi artan ideal bitki (ideotip) ıslahı, ıslahçıların üzerinde uzun zamandan beri kurguladıkları ve çalıştıkları bir konudur. Aslında ideal tip (ideotip) kavramı ilk kez 1920'lerin başında Siemens (1921) tarafından, “*bir organizmadaki kromozomal ve ekstra kromozomal genleri içeren kalıtsal nesnelerin genel toplamı*” olarak ortaya konulmuştur. Bitkilerde ideal tip yaklaşımı, 1960'ların sonunda Donald (1968) tarafından tahıllar üzerinde açıklanmıştır. Donald'ın bir bitki ideal tipi elde etmedeki yaklaşımı; (i) *istenilmeyen (eksiklik/kusur) özelliği giderme veya istenilen özelliğe ulaşma/geliştirme* (ii) *verim için seleksiyon yöntemi* olmuştur. 1970'lerin sonunda ise Bahl ve Jain (1977) tarafından nohut için ideal bitki tanımı yapılmıştır.

Nohut ideal tipleri, morfolojik özelliklerinin yanı sıra fizyolojik ve fenolojik özellikleriyle de üretildiği bölge, ülke ve ıslahçısının bilimsel bakışına/isteğine/hayal gücüne göre farklılık arz etmektedir (Siddique vd. 1984; Siddique ve Sedgley 1985, 1986, 1987; Muehlbauer ve Singh 1987; Singh 1987; Khanna-Chopra ve Sinha 1987; Singh 1990; Saccardo ve Calcagno 1990; Lake vd. 2016; Kaloki vd. 2019).

Bilimsel araştırmalar, dünya nüfusunun 2050 yılında 10 milyara ulaşacağını öngörmektedir (UN 2017). Nüfus artışıyla birlikte sürdürülebilir ve güvenli gıdaya olan talep de artmaktadır. Dünyada, 2019 yılının sonlarında baş gösteren COVID-19 pandemisi, gıda tedarik zincirlerinde aksamalara neden olup gıda temininde önemli problemlere neden olabileceğini göstermiştir. İnsan, hayvan ve bitki sağlığı gibi konularda oluşabilecek benzer küresel salgınların ne zaman ortaya çıkabileceği öngörülemeyeceği, temini ve yeterli miktarda gıdaya olan talebi karşılamak amacıyla dünya tarım alanlarının verimli ve sürdürülebilir bir şekilde üretime devam etmesi gerektiğinin önemi günümüzde daha da net anlaşılmıştır. FAO ve diğer katılımcıların '2019 Dünya Gıda Güvenliği ve Beslenme Durumu' raporunda açıkça dikkat çektiği gibi, ekonomik yavaşlamalar veya düzensizlikler son yıllarda 77 ülkeden 65'inde artan açlık seviyeleriyle ilişkilendirilmiştir (FAO 2019). Özellikle de emtia-ithalat bağımlı ülkelerde, bu bağımlılıktaki yüzde bir artış, ilgili ülkede yıllık %3.8'in yetersiz beslenmesine neden olabilmektedir. Beslenmede stratejik öneme sahip tahıllar ve yemeklik baklagillerde dışa bağımlı olmak ekonomik ve politik sebeplerle bu ürünlerin temininde sıkıntılara sebep olabilmektedir. Türkiye'de de son 10 yılda nüfus artışı nohuta olan talebi artırmıştır (FAOSTAT 2020). Bununla beraber, nohut ekim alanları azalmış ve ülke içi talep, ithalat ile karşılanmaya çalışılmaktadır. Bu sorunu çözmek için, serin iklim baklagillerinden olan nohudun kültüre alındığı zamandan beri, güz döneminde değil de bahar döneminde ekimine sebep olan yanıklık hastalığının kontrol edilmesi gerekmektedir. Nohut, güz döneminde ekilirse, kuraklık ve yüksek sıcaklık streslerinden daha az etkileneceği ve yetiştirme mevsiminin uzaması ile veriminin artması beklenmektedir. Ayrıca küresel bir sorun olan dünya sıcaklık ortalamasındaki artış, tüm tarımsal bitkilerde olduğu gibi nohudun da veriminde birim alandan daha az ürün elde edilmesine sebep olmaktadır. Yapılan çalışmalar, çift baklalı nohutlarda, vejetatif döneminden dane doldurma dönemine geçişi hızlandırarak bitki üzerinde artan bir fotosentez gerekliliği oluşturmasıyla tek baklalı nohutlarla karşılaştırıldığında veriminin daha yüksek ve stabil olduğunu göstermiştir (Anbessa vd. 2007). Bu durumun yanı sıra nohut pazarı tüketicinin istekleri doğrultusunda şekillenmektedir. Bu konuda da dane iriliği ticari olarak önem arz etmekte ve tüketiciler kullanım amaçlarına göre çoğunlukla iri daneli nohutları tercih etmektedir. Bildirilen üretici problemleri ve tüketici talepleri göz önünde bulundurulunca iri daneli, çift baklalı ve yanıklık hastalığına dayanıklı/tolerant ideal nohut tipi elde etmek üretici, tüketici ve ihracatçı açısından çok büyük bir eksikliği dolduracaktır.

Yürütülen bu yüksek lisans çalışması ile Sierra × CA 2969 melezinden köken alan F₃ popülasyonunda dane iriliğinin kalıtımı ve transgresif açılmalar çalışılmıştır. Ayrıca, yaprak şekline ve koltuktaki bakla sayısına göre gruplanan bitkiler tarımsal ve morfolojik özellikler bakımından karşılaştırılmıştır. Bunlara ek olarak, çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri olan toplamda 152 F₄ hattının yanıklık hastalığına karşı moleküler markörler yardımıyla taranması ve dayanıklı tiplerin belirlenmesi amaçlanmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. İdeal Bitki Tipi (İdeotip) ile İlgili Bilgiler

‘İdeal tip (ideotip)’ kavramı ilk kez Siemens (1921) tarafından “idiotyp” olarak kullanılmış ve “*bir organizmadaki kromozomal ve ekstra kromozomal genleri içeren kalıtsal nesnelerin genel toplamı*” olarak tanımlanmıştır (Rieger vd. 1976). İdeotip terimindeki ‘İdeo’ kelimesi Yunanca’da “*birinin kendisi, kişisel, ayrı ve farklı*” anlamına gelen ‘idios’ kelimesinden türemiş olduğu bildirilmiştir (Zeven 1975). “Bitki ideotip” kavramı, 1960’ların sonunda Donald (1968) tarafından, tahıllarda ortaya konulmuştur. Bir kavram olarak bir bitki ideotipi; “*bir çeşit geliştirilmesi sırasında, dane verimi, yağlar ve diğer kullanışlı özellikler için daha iyi performans göstermesi beklenen biyolojik bitki modeli*” olarak türetilmiş bir sözcüktür (Donald 1968). Bitki ideotip ıslahı için, ıslahta iki ana yaklaşım Donald (1968) tarafından tanımlanmıştır. Bu yaklaşımlardan birincisi, dayanıklı bir genotipten hassas bir genotipe hastalık dayanıklılığının aktarılması ya da kuraklık stresi ile karşılaşılan koşullarda geç çiçeklenen bir çeşide erkenciliğin aktarılması gibi “eksikliği (kusuru) giderme” ikincisi ise, hedef genotipte istenilen fizyolojik ya da morfolojik özelliklerin birleştirilmesi olmaksızın yalnızca istenilen ebeveynler arasındaki melezlemelerden sonra verimi artırma amacına yönelik “verim için seleksiyon” dur. Tahıl gruplarından sonra (Donald ve Hamblin 1976; 1983; Sedgley 1991), bitki ideotip ıslahı, ıslah programlarını ve ıslahçıları önemli derecede etkilemiştir (Rasmussen 1987) ve 1961’den günümüze, bitkisel üretimde önemli verim artışlarıyla sonuçlanmıştır (FAOSTAT 2020).

Nohut için ideal tip tanımı; Bahl ve Jain (1977) tarafından 1970’lerin sonunda yapılmış ve sonraki yıllarda oldukça popüler olmaya başlamıştır (Siddique vd. 1984; Siddique ve Sedgley 1985, 1986, 1987; Muehlbauer ve Singh 1987; Singh 1987; Khanna-Chopra ve Sinha 1987; Singh 1990; Saccardo ve Calcagno 1990). İdeal tip nohutlar; eko-jeolojik bölgeden, dünyada üretilecekleri bölgeye göre tarımsal, morfolojik, fizyolojik ve fenolojik özellikler bakımından farklılık göstermektedir (Muehlbauer ve Singh 1987; Singh 1987; Khanna-Chopra ve Sinha 1987; Singh 1990; Saccardo ve Calcagno 1990; Singh ve Jana 1993; Gaur vd. 2008; Lake vd. 2016; Kaloki vd. 2019). Tanımlanan ideal tip nohut/nohutlarda, üreticilerin ve tüketicilerin ihtiyaçları ıslahçılar tarafından yeteri kadar dikkate alınmamıştır. Daha önce tanımlanan ideotip nohutlardaki eksiklikler dikkate alındığında, üretim alanlarında canlı (biyotik) stres faktörlerine karşı kabul edilebilir düzeyde dayanıklılığa ve morfolojik, fizyolojik özelliklere sahip daha kapsamlı ideal tip önerilebilmesi mümkündür. Üreticilerin ihtiyaçları, yüksek ve stabil dane verimi, küresel/yerel hastalık ve zararlılara dayanıklılık, yüksek azot fiksasyon kapasitesi, dünyanın bazı bölgeleri için günümüz şartlarında mümkün olan iri daneli kabuli nohutlar, demir eksikliğine dayanıklılık, biçerdöver ile hasata uygun bitki boyu, yüksek verim potansiyeli ve yabancı ot ilaçlarına dayanıklılık gibi sıralanabilir. Bitki ıslahçıları, planladıkları hedefleri doğrultusunda bitki ideal tipini hayal ettiklerinde asıl zorluk, ıslah programında planlanan hedef ideal tipi oluşturmaktır (Trethowan 2014).

İdeal tip nohutlarda morfolojik özelliklerden biri günümüz şartlarında ekstra iri daneli olmasıdır. Ekstra iri daneli kabuli nohutlar tüketiciler tarafından öncelikle tercih edilmekte ve bu nedenle üreticiler hem yerel hem de uluslararası pazarda yüksek fiyata satabildikleri için bunları üretmek zorunda kalmaktadır (Regan vd. 2006; Gaur vd.

2016; Muehlbauer ve Sarker 2017). Ekstra iri daneli kabuli nohutların yüksek alıcı fiyatına ek olarak, fide dönemi süresince benzerlerine göre daha iyi canlılık (vigor) gösterdiği rapor edilmiştir (Toker vd. 2007). Bir diğer istenilen morfolojik özellik olarak nohutlarda daha fazla dane verimine (Sheldrake vd. 1978; Singh ve van Rheenen 1994; Kumar vd. 2000; Ali vd. 2010; Yasar vd. 2014; Ceylan vd. 2019) ve tek baklalılardan daha stabil verime (Rubio vd. 1998; Rubio vd. 2004) neden olduğu için çift baklalılık sıralanabilir. Donald tarafından tavsiye edilen ıslah önerilerinden biri olan “verim için seleksiyon” ekstra iri daneli ve çift baklalılık özelliklerini birleştirme son zamanlarda çalışılmıştır (Kivrak vd. 2020).

2.2. Nohutta Dane İriliği ile İlgili Çalışmalar

Nohut, belirli bir hızla artan dünya nüfusu için önemli besin olan bir bitkidir ve iklim değişikliği ile birlikte giderek daha da önemli bir ürün olması beklenilmektedir. Yıllık ortalama 17 milyon tonun üzerindeki üretimle yemeklik dane baklagiller içerisinde fasulyeden sonra ikinci sıradadır (FAOSTAT 2020). Son yıllarda nohut üretimi için ayrılan üretim alanları artmakta ve günümüzde tahmini olarak 17.8 milyon hektar alanda üretim yapılmaktadır (FAOSTAT 2020). Birim alandaki üretim miktarı, 1961’den beri yavaş ama istikrarlı bir şekilde yıllık yaklaşık olarak 6 kg/ha artmaktadır (Muehlbauer ve Sarker 2017). Dünyada yerli üretim ile talebi karşılayamayan ülkelerin iç tüketim ihtiyaçlarını karşılamak için yıllık olarak 3.3 milyon tondan fazla miktar nohut, dünya pazarlarına arz edilmektedir (FAOSTAT 2020).

Günümüzde üretimi yapılan nohutlar bitki rengi, dane rengi ve dane iriliğine göre *macrosperma* veya ‘kabuli’ ve *microsperma* veya ‘desi’ olmak üzere iki gruba ayrılmaktadır (van der Maesen 1972). Kabuli tip nohutlar pigmentsiz yeşil aksama sahip olup ve çiçekleri de antosiyaninsiz (pigmentsiz) beyaz renklidir. Bu gruptaki nohutların daneleri genellikle iri ve krem/beyazımsı krem renklidir. Desi tip nohutlar ise pigmentli yeşil aksama sahip olup, çiçeklerinde antosiyanin varlığı ile mor, mor-pembe ve mavi-mor renklidir. Bu gruptaki nohutların daneleri küçük ve kahverengi, siyah ve yeşil renklidir (van der Maesen 1972; Eker vd. 2018). Genel olarak, kabuli tip nohutlar üretimin %20’sini oluştururken %80’lik üretimle desi tip nohutlar dünya nohut üretiminde daha baskın durumdadır. Desi tip nohutlar güney Asya’da yaygın bir şekilde tüketilirken güney Asya dışındaki çoğu pazarda kabuli tip nohutlar tercih edilmektedir (Muehlbauer ve Sarker 2017).

Kabuli nohutta dane büyüklüğü önemli bir özelliktir. Dane büyüklüğü belirlenirken tek bir dane ağırlığı (Abbo vd. 2000; Upadhyaya 2003), 100-dane ağırlığı (Sundaram vd. 2019) ve milimetre olarak elek ölçeği kullanılabilir. Nohutta dane büyüklüğü için genetik çeşitliliğin geniş bir aralığı mevcuttur. Nohut tohumunun görünümü önemli bir pazar veya pazarlama faktörü olup kabul edilebilirliği, tüketim tercihlerine göre değişebilmektedir. Bu nedenle, genel olarak 100-dane ağırlığı ile belirlenen dane büyüklüğü ve rengi ticaret, tüketici tercihi, verim ve adaptasyonun önemli bir bileşenidir (Upadhyaya vd. 2006). Akdeniz havzasında, nohutlar “bütün dane” olarak tüketilmekte olup düz yapılı, ince tohum kabuğuna sahip iri daneli beyaz/kremsi beyaz kabuli nohutların tercih edildiği bilinmektedir. Sonuç olarak, kabuli nohutlarda dane büyüklüğü tüketici tercihlerinden dolayı ana pazarlama faktörüdür. Ayrıca, iri daneli kabuli nohutlar desi nohutlardan daha yüksek fiyata alıcı bulabildiği bilinmektedir (Gaur vd. 2006; Upadhyaya vd. 2006, 2011; Rubio vd. 2014).

Dane büyüklüğü, verim ve adaptasyonun önemli bir parçasıdır (Singh ve Paroda 1986). Bu çimlenme, fide kuvveti ve fide kütlesini (seedling biomass) içine alan sonraki bitki büyüme parametreleri için de önemli bir faktör olarak düşünülmektedir (Narayanan vd. 1981; Dahiya vd. 1985). Bununla birlikte, Gan vd. (2003) yaptığı çalışmada, iri daneli nohutların, daha derine ekildiğinde küçük daneli nohutlar ile karşılaştırıldığında %7 daha fazla metrekarede bitki, %4 daha fazla tohum verimi ve %3 daha fazla (9 mm) çapta iri tohum üretilebildiği rapor edilmiştir. Ayrıca iri daneli nohut bitkilerinin 20 mm (%4) daha uzun ve toprak yüzeyinden en yakın baklaların yüksekliği, küçük daneli olanlardan 11 ila 13 mm (%5) daha yüksek olması ile biçerdöver ile hasata elverişli olduğunu bildirmişlerdir.

Nohutta dane iriliğinin genetik yapısının ortaya konulması veya mekanizmanın anlaşılmasıyla ilgili çalışmaların 1950'li yıllardan beri yapıldığı bilinmektedir. Nohutta dane iriliğinin kalıtımı ile ilgili birbirinden farklı raporlar olduğu gibi benzer raporlar da bulunmaktadır (Balasubrahmanyam 1950; Patil ve DCruze 1964; Kumar ve Singh 1995; Upadhyaya vd. 2011; Sundaram vd. 2019). Dane iriliğinin tek genle (Argikar 1956), iki genle (Ghatge 1993; Upadhyaya vd. 2006; Hossain vd. 2010) ve çok genle (Athwal ve Sandha 1967; Niknejad vd. 1971; Kumar ve Singh 1995; Malhotra vd. 1997; Hovav vd. 2003; Sharma vd. 2013; Kivrak vd. 2020) kalıtıldığı farklı çalışmalarla ortaya konulmuştur. Smithson vd. (1985) ve Kumar ve Singh (1995)'e göre, küçük dane büyüklüğü, iri dane büyüklüğü üzerine dominanttır. Bu durumun aksine, Niknejad vd. (1971) iri dane büyüklüğünün kısmi olarak küçük dane büyüklüğü üzerine dominant olduğunu bildirmişlerdir. Dane büyüklüğü yüksek kalıtım derecesine (Kumar ve Singh 1995; Gil vd. 1996; Nimbalkar 2000; Saleem vd. 2002) sahip olmasına rağmen yalnızca genetik faktörlerden etkilenmemekte olup bunun yanı sıra çevresel faktörlerden de etkilenebildiği araştırmalar sonucu ortaya konulmuştur (Singh 1987; Muehlbauer ve Singh 1987; Carreras vd. 2013; Yasar vd. 2014; Koseoglu vd. 2017). Dane iriliği, yetiştiricilik sırasında uygulanan ek sulama ve bitki besin maddesi uygulamalarından olumlu yönde etkilenmektedir (Erdemci vd. 2017). İri daneli nohutların, tuzluluk stresi altında daha uzun sürede çimlenmediği de rapor edilmiştir (Kaya vd. 2008). Diğer taraftan dane iriliği ile danedeki protein oranı arasında negatif bir ilişki olduğu da bildirilmiştir (Gaur vd. 2016).

Dane büyüklüğü için kantitatif özellik lokusları (QTL), tür içi ve türler arası rekombinant kendilenmiş hat populasyonları kullanılarak nohut genetik haritasında LG1, LG2, LG4 ve LG8 üzerinde bulunduğu rapor edilmiştir (Cho vd. 2002; Abbo vd. 2005; Cobos vd. 2007, 2009; Radhika vd. 2007; Hossain vd. 2010; Verma vd. 2015; Singh vd. 2016).

Nohutta dane iriliğini arttırılmasına yönelik olarak çok sayıda çalışma yapılmıştır (Muehlbauer vd. 2004; Gowda vd. 2011; Tar'an vd. 2011; Vandemark vd. 2015; Urrea vd. 2017; Vandemark vd. 2019). Yürütülen bu çalışmaların bazıları sadece iri daneli ve yanıklık (antraknoz) hastalığına [Etmen: *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labrousse] dayanıklılıkla ilgili çalışmalar olabildiği gibi iki özelliğin aynı genotipe aktarılabilmesi şeklinde de olabilmektedir (Muehlbauer vd. 2004; Vandemark vd. 2015; Gil vd. 2017). Özellikle yanıklık hastalığı ile ilgili son yıllarda yapılan çalışmalarda günümüz teknolojisi de kullanılarak tarla çalışmalarıyla biyoteknoloji çalışmaları entegre edilebilmektedir. Bu çalışmalara örnek olarak; Gil vd. (2017) tarafından yapılan seleksiyon çalışmasında yanıklık hastalığına dayanıklılık için iki moleküler markör

(SCY17₅₉₀ ve CaETR-1) başarılı bir şekilde kullanılmıştır.

2.3. Nohutta Çift Baklalılık ile İlgili Çalışmalar

Dünyada üretimi yapılan nohutların çoğu çiçek salkımında tek çiçek ve dolayısıyla tek bakla oluşturmaktadır (Singh vd. 1983; Pundir vd. 1988). Bilinen bazı mutant nohutlar ve yabani nohutların önemli bir kısmı çiçek salkımında çift çiçek ya da çift bakla bulundurmaktadır (Pundir vd. 1988; Toker ve Cagırgan 2004; Ali vd. 2010; Toker vd. 2014). Çift baklalı nohutlar ilk defa Khan ve Akhtar tarafından 1934 yılında kayıt altına alınmış olup bunu kontrol eden gen ‘s’ ya da ‘sfl’ simgeleriyle ifade edilmiştir (Muehlbauer ve Singh 1987). Çift baklalılık özelliği gösteren nohutlar uygun koşullarda yetiştirildiği zaman tek baklalı nohutlarla karşılaştırıldığında değişen düzeylerde (%20 kadar ulaşabilen) verim artışı ve uyum (stabilite) karakterlerinde artış gözlemlenmektedir (Rubio vd. 1998, 2003, 2004; Yasar vd. 2014; Koseoglu vd. 2017; Adak vd. 2017). Çift baklalı nohutlar, tek baklalı nohutlarla karşılaştırıldığında %10-18 oranında verim artışı sağlanabileceği bildirilmiştir (Kumar vd. 2000). Nohutta çift çiçeklilik özelliği için kalıtım çalışmaları Singh ve van Rheenen (1994) tarafından yürütülmüş ve tek resesif ‘s’ geni tarafından kontrol edildiği bildirilmiştir (Muehlbauer ve Singh 1987; Yasar vd. 2014; Koseoglu vd. 2017; Adak vd. 2017). Çift baklalılık geni için TA80 markörü, LG6 üzerinde tanımlanmıştır (Rajesh vd. 2002). Cho vd. (2002), çift baklalılık özelliğinin LG6 üzerinde Tr35 ve Tr44 ile sırasıyla 7.8 ve 11.5 cM uzaklıkta olduğunu bildirmiştir. Daha sonra Ali vd. (2016) tarafından LG6 üzerinde yedi STMS (Sequence-Tagged Microsatellite Site) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) markörü belirlenmiştir.

Singh (1987) çift baklalılığının nohutta dane büyüklüğünü olumsuz yönde etkilediğini bildirmiş ancak, Rubio vd. (1998) tarafından yapılan çalışmada, beş yakın izogenik hatta genotipler arasında dane ağırlığı için önemli farklılıklar belirlenmiştir. Ancak, tek ve çift baklalı gruplar arasında bu farklılıklar belirlenememiştir. Sonuç olarak, tek/çift baklalılık geninin dane büyüklüğü ile ilgili herhangi bir genle bağlantılı olmadığı sonucuna ulaşmışlardır.

Sheldrake vd. (1998) çift çiçekli genotiplerdeki ikinci çiçekleri uzaklaştırarak bir çalışma yürütmüşler ve çift baklalılık özelliğinin %6-11 verim artışı sağladığını belirtmişlerdir.

Rubio vd. (1998), JG62 ve CA 2156 melezinden köken alan beş yakın izogenik hattın (NIL) tek ve çift baklalılık için dane verimlerini değerlendirmişlerdir. Her iki grup arasında verim özelliği yönüyle bir farklılık belirlemediklerini rapor etmişlerdir. Ancak, çift baklalılık için bu allel, lokasyon ve yıllar üzerinde dane veriminin stabilitesinde pozitif etkiye sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Anbessa vd. (2007), çift baklalılık özelliği iyi bir şekilde gen ifadesi/aktivitesinin (ekspres) olgunlaşma evresine doğru ilerlemeyi hızlandırdığını ve verimi artırdığını bildirmişlerdir. Her bir boğumda bir baklanın yerine iki baklanın varlığı, daha hızlı bir şekilde geniş bir üreme havuzu (reproductive sink) ürettiğini ve vejetatif dönemden dane doldurma dönemine geçişi hızlandırarak bitki üzerinde artan bir fotosentez talebi varlığına ihtiyaç olduğu sonucuna ulaşmışlardır. Çift baklalı genotiplerin çiçeklenme ve olgunlaşma arasındaki bitki boyunda nisbi olarak küçük bir

artışın olmasının bu sonucun kanıtı olduğunu belirtmişlerdir.

Adak vd. (2017), *C. reticulatum* Ladiz. $\times$ *C. arietinum* melezlerinde çift baklalılık için ortalama gen ifadesi/aktivitesi (ekspressivite) değerlerini *C. arietinum* $\times$ *C. reticulatum* melezlerinden daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. *C. reticulatum*, çift baklalılığın gen ifadesi/aktivitesine (ekspressivitesine) ortalama %16.6 oranında katkıda bulunmuştur. Bu 's' allelinin gen ifadesi/aktivitesi (ekspressivite) ve penatrans değerlerinin ana ebeveynine bağımlı olduğu ifade edilmiştir. Bu durum ana ebeveyn olarak kullanılan *C. reticulatum*'un döller F_3 kademesinde daha yüksek oran/sayıda çift baklalılığın nüfuz (penetrans) ve gen ifadesi/aktivitesine (ekspressivitesine) sahip olabileceğini bildirmişlerdir. Sonuç olarak, kültür nohudunda, çift baklalılık üzerine *C. reticulatum*'un gen etkisinin dominant olarak kalıtımının olduğu bildirilmiştir.

2.4. Nohutta Yanıklık Hastalığı ve Dayanıklılık Islah Çalışmaları

Ana konukçusu nohut olan yanıklık hastalığı, fungal bir etmen [Eşeysiz üreme formu; *Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.) [Sinonimi: *Phoma rabiei* (Pass.) Khune ve J. N. Kapoor. eşeyli üreme formu; *Didymella rabiei* (Kovatsch.) Arx (sinonimi: *Mycosphaerella rabiei* Kovachevski)] tarafından oluşturulmakta olup (Nene ve Reddy 1987; Singh vd. 2007; Pande vd. 2010) nohudun en önemli hastalıklarından birisi olarak bilinmektedir. Hastalık nohutta Türkiye'de en önemli fungal stres faktörleri arasında yer almakta olup "nohut yanıklığı" veya "nohut antraknozu" isimleri ile de bilinmektedir. Hastalık üreticiler arasında, antraknoz ismi dışında yöresel olarak "ülker", "bulut çaldı" ve "yanıklık" isimleri ile de bilinmektedir.

Yanıklık hastalığının 37 ülkede hastalığın şiddetine bağlı olarak değişen düzeylerde nohut verimi ve kalitesini farklı düzeylerde azalttığı bildirilmiştir (Singh vd. 2007). Epidemik koşullarında verim kaybının %100'e kadar ulaşabildiği (Nene ve Reddy 1987; Singh ve Reddy 1993; Chang vd. 2007) hatta İtalya ve İspanya'da %100 verim kaybı olduğu farklı çalışmalarla ortaya konulmuştur (Hawtin ve Singh 1984). 1981-83 yıllarında Hindistan ve Pakistan'ın bazı yetiştiricilik bölgelerinde %100 verim kaybı meydana geldiği ve bu amaçla 7 milyon ABD dolarından fazla nohut ithal edilmek zorunda kalındığı rapor edilmiştir (Singh vd. 2007). Arkeolojik kayıtlardan elde edilen kanıtlar ve klasik literatürdeki nohuta dair referanslar, nohudun kültüre alınmasında nohut ekiminin muhtemelen yanıklık hastalığından kaynaklanan hastalık baskısına yanıt olarak (Bayaa ve Chen 2011) sonbahardan ilkbahar dönemine alındığını (Abbo vd. 2003) göstermektedir.

Nohudun tüm toprak üstü kısımlarında (gövde, yaprak, bakla ve danede) hastalık belirtileri görülebilmektedir. Hastalık gelişimi için uygun şartların olduğu durumlarda, yaprak ve baklada kahverengi kenarlı ve gri merkezli dairesel halkalar veya dairesel benekler dikkati çekmektedir. Gövde ve yaprak sapı üzerindeki görülen hastalık belirtileri ise uzunca koyu kahverengi iç içe geçmiş halkalar şeklinde görülmektedir. Hastalık, bitkinin gövdesini çepeçevre sararak enfekteli kısmın üstünde kalan kısmı önce sarartmakta sonra da ölümüne neden olmaktadır (Şekil 2.1). Hastalığın bitki üzerinde şiddet ve yaygınlığının artışı ile zayıflayan bulaşık enfekteli dallar yağmur, rüzgâr veya benzeri fiziksel etkenlerle belirti şiddetine göre bu kısımlardan kolayca kırılabilir. Hastalık belirtileri toprağa yakın kısmında ve gövdeyi çepeçevre sarmışsa kısa bir süre içinde bitkiyi tamamen kurutabilmektedir. Hastalık bakla üzerinde

de iç içe geçmiş dairesel halkalar şeklinde lekeler meydana getirmektedir (Şekil 2.1). Enfekte olmuş dane siyahımsı-kahverengi bir renk alıp küçük, buruşuk ve düzensiz şekil almaktadır.



(a)



(b)

Şekil 2.1. a) Nohut yanıklık hastalığının baklada **b)** dallarda oluşturduğu belirtiler

Etmenin 1990'lı yıllarda yapılan çalışmalarında 6 ırkının olduğu bildirilmiştir (ICARDA 1993; Singh ve Reddy 1993). Bu ırklardan Türkiye'de ırk 1, 4 ve 6 olduğu rapor edilmiştir (Dolar ve Gürçan 1992a, 1992b). İleri yıllarda yapılan çalışmalarda ise Türkiye'de 6 ırkın tespit edildiği bildirilmiştir (Dolar vd. 2008). Ayrıca araştırmacılar tarafından etmenin farklı patotiplerinin ortaya çıkışında eşeyli üreme formunun önemli rol oynadığı vurgulanmıştır (Kaiser ve Küsmenoğlu 1997). Irk sayısındaki artış bu konuda çalışan araştırmacıların konuya farklı bir yaklaşımla patojenin saldırganlık (agresivite) özelliklerine göre üç grupta (patotip I, II ve III) sınıflandırmaya yönlendirmiştir (ICARDA 1998; Udupa vd. 1998; Jamil vd. 2000; Chen vd. 2004; Jayakumar vd. 2005; Bayraktar vd. 2007; Singh vd. 2007). Bunlardan patotip III en saldırgan (virulent) patotip olarak bildirilmiştir (ICARDA 1999).

Türkiye'nin değişik bölgelerinden toplanan 64 hastalık izolatının patojenite testleri için (patotiplerin belirlenmesi için) ILC 1929, ILC 482 ve ILC 3279 genotipleri kullanılarak yapılmıştır (Türkkan 2008). Çalışma sonucu izolatların %59.4'ünün patotip I, %4.7'sinin patotip II ve %35.9'unun patotip III olduğu belirlenmiştir. Bazı araştırmacılar patotip IV'ün varlığını da bildirmektedirler (Bayaa vd. 2004; ICARDA 2005). Bu bağlamda Suriye'de bulunan değişik yetiştiricilik alanlarından toplanan 133 izolatın %26'sının patotip IV olduğu bildirilmiştir (Atik vd. 2013). Benzer şekilde Türkiye'de de patotip IV varlığı bildirilmiştir (Attar 2016). Diğer taraftan Türkiye'de tek yıllık yabancı *C. pinnatifidum* Jaub. & Spach. ve *C. reticulatum* türlerinde de yanıklık hastalığı varlığı ortaya konulmuştur (Can vd. 2007; Ozkilinc ve Can 2019).

Hastalık, farklı kontrol yöntemlerinin birbiri ile entegre edilmesi ile etkili bir şekilde ve istenilen seviyede kontrol edilebilmektedir. Uygun kontrol metotlarının bir

arada kullanılmasıyla üretim alanında hastalığın yaygınlığı ve şiddetinin azaltılması mümkündür. Entegre zararlı yönetimi teknikleri kullanılarak, verim ve kalite kayıpları en aza indirilerek üreticinin en yüksek kazancının sağlandığı üretim modeli de geliştirilmiştir. Nohut yanıklık hastalığının öne çıkan kontrol yöntemleri: (i) konukçu bitki dayanıklılığı geliştirmek, (ii) kültürel uygulamalar, (iii) kimyasal uygulamalardır. Dayanıklı çeşit geliştirmek ve bazı kültürel yöntemler hem ekonomik hem de çevre dostu olduğu için genellikle öncelikle tercih edilen yöntemdir (Hawtin ve Singh 1984; Kaiser 1991; Singh ve Reddy 1991; Chen vd. 2004; Pande vd. 2005; Bayraktar vd. 2007; Singh vd. 2007; Pande vd. 2010).

Nohut yanıklık hastalığına dayanıklılık kaynaklarının kapsamlı bir şekilde ele alındığı bir çalışma Pande vd. (2010) tarafından da yürütülmüştür. ICRISAT ve ICARDA gibi uluslararası araştırma kuruluşlarınca belirlenen sınırlı sayıda yanıklık hastalığına dayanıklılık kaynakları melezleme programlarına alınmıştır. Bu kaynakların ıslah çalışmalarında kullanılmasıyla birçok ülkede çok sayıda nohut tescil ettirildiği bildirilmiştir (Gaur vd. 2007). Ülkemizde tescilli nohutların (45 çeşit ve 7 üretim izni almış nohut çeşit aday (TTSM 2020) bir kısmının ya ICARDA orijinli genotiplerden ya da onların yanıklık hastalığına dayanıklılık kaynaklarından ıslah edildiği bilinmektedir.

Nohutta yanıklık hastalığına dayanıklılığın kalıtım modelini belirlemek için birçok çalışma yürütülmüştür. Eser (1976), dayanıklılığın tek dominant genle yönetildiğini, Singh ve Reddy (1983) dayanıklılığın bir genotipte tek dominant gen ile yine farklı bir çalışma da ise farklı bir genotipte tek resesif genin kontrolü altında olduğunu saptamışlardır. Son yıllarda yapılan bir çalışmada hastalığa dayanıklılığın kalıtımının kullanılan dayanıklılık kaynağına bağlı olarak farklılık gösterebileceği bildirilmiştir (Labdi vd. 2013). Labdi vd. (2013) yaptıkları çalışmada nohutta yanıklık hastalığına dayanıklılıkta; resesif tek gen, tamamlayıcı iki dominant gen, tamamlayıcı iki resesif gen, epistatik iki resesif gen, üç resesif ya da iki resesif çift gen ve poligenik kalıtım olarak bildirmişlerdir.

2.5. Yanıklık Hastalığı ile İlgili Moleküler Markör Çalışmaları

Santra vd. (2000) tarafından yürütülen çalışmada, *C. arietinum* (FLIP84-92C, dayanıklı ebeveyn) $\times$ *C. rericulatum* (PI 599072, hassas ebeveyn)'un türler arası melezinden elde edilen 142 F_{5:6} kademeleri rekombinant kendilenmiş hat (RIL) popülasyonu kullanılmıştır. Bu rekombinant kendilenmiş hatlar iki yıl boyunca ergin evresi/tarlada hastalık reaksiyonları için gözlemler alınarak fenotiplenmiş ve laboratuvarında moleküler markörler [izozim, Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) ve Inter Simple Sequence Repeat (ISSR)] aracılığıyla genotiplenmiştir. Markörler arası ortalama 8.4 cM'luk mesafeye sahip 981.6 cM'luk bir harita mesafesini kaplayan 116 markör içeren dokuz bağlantı grubundan oluşan bir bağlantı haritası oluşturulmuştur. Yanıklık hastalığına dayanıklılık için atfedilen iki kantitatif özellik lokusu (QTL-1 ve QTL-2) tanımlanmıştır. Tahmin edilen fenotipik varyasyonun QTL-1, %50.3'ünü ve QTL-2, %45'ini açıklamıştır. QTL-1, LG6 ve QTL-2, LG1 üzerinde haritalanmıştır. İki RAPD markör QTL-1 ile ilişkili bulunurken, bir ISSR markör ve bir izozim markör QTL-2 ile ilişkili bulunmuştur.

Tekeoğlu vd. (2000), yanıklık hastalığına dayanıklılığın kalıtımını araştırmak için üç farklı rekombinant kendilenmiş hat popülasyonu kullanmışlardır. Bu popülasyonlardan ikisi tür içi melezlemeden, PI 359075 × FLIP 84-92C, 'Blanco Lechoso' × 'Dwellely' ve biri türler arası melezlemeden, FLIP 84-92C × *C. reticulatum* (PI 599072) köken almıştır. Ebeveynlerin ve rekombinant kendilenmiş hatların hastalık reaksiyonları 1-9 ölçeği ve hastalık ilerleme eğrisi altında kalan alan (AUDPC) kullanılarak skorlanmıştır. RIL'ler arasındaki açılım, çeşitli modifiye edici genlere sahip üç resesif ve tamamlayıcı majör genler tarafından yanıklık hastalığına dayanıklılığın sağlandığını göstermiştir. Modifiye edici genlerin varlığı dayanıklılık derecesini belirlediği bir ya da iki majör genin yokluğunun ise hassas olmasına neden olduğu bildirilmiştir.

Tekeoğlu vd. (2002) tarafından yapılan bir çalışmada, 50 STMS markör ve bir dayanıklı gen analog lokusu (RGA), daha önce *C. arietinum* ve *C. reticulatum* melezinden köken alan 142 F₆ kademesi rekombinant kendilenmiş hat kullanılarak yapılan bir nohut genetik haritası içerisine birleştirilmiştir. Dokuz bağlantı grubunda, markörler arası ortalama 7.0 cM mesafe ile 1,174.5 cM yer kaplayan bir harita oluşturulmuştur. Yeni olarak birleştirilen markörlerin çoğunluğu, bağlantı gruplarının markör yoğunluklu bölgelerine haritalanmıştır. Altı kodominant STMS markör, daha önce rapor edilen yanıklık hastalığına dayanıklılık ile ilişkilendirilen iki kantitatif özellik lokusu içerisine entegre edilmiştir. LG8 üzerinde yanıklık hastalığına dayanıklılık için QTL-1 ile ilişkilendirilmiş yalnızca bir STMS markör (GAA47) olmasına rağmen, LG4 üzerine konumlandırılmış QTL-2 içerisine beş STMS markör (Ta72s, Ta2, Ts54, Ta146, ve Ga2) haritalanmıştır.

Flandez-Galvez vd. (2003) tarafından, nohudun tür içi melezinden köken alan bir popülasyonda, yanıklık hastalığına dayanıklılıkla ilişkili QTL'leri analiz etmek için bir çalışma yürütülmüştür. Hem kontrollü şartlarda hem de tarla şartlarında, IDS (İnitial Disease Score) ve AUDPC (The Area Under Disease Progress Curve) hastalık skorlama sistemleri kullanılarak bu popülasyonun genomunun üç bölgesinde (LG1, LG2 ve LG3) yanıklık hastalığına dayanıklılık için altı QTL tanımlanmıştır. QTL-3 bölgesi hem kontrollü hem de kontrolsüz yetiştiricilik çevrelerinde belirlenirken QTL1 kontrolsüz ve QTL2 ise kontrollü çevre koşullarında belirlenmiştir. Tüm QTL bölgeleri, hastalık skorlama sistemlerinin her ikisi kullanılarak yanıklık hastalığına dayanıklılık ile önemli derecede ilişkilendirilmiştir. Bu QTL'ler çoklu aralık haritalaması ile doğrulanmış ve önemli epistasise sahip iki-QTL genetik modeli, kontrollü ve kontrolsüz çevre için belirlenmiştir. Majör QTL'lerin genellikle eklemeli gen etkisi gösterdiği belirlenirken, çoklu genetik modelde ise lokuslar arası interaksiyonun baskınlık (dominance) gösterdiği bulunmuştur. Tüm QTL'ler bir RGA markörün yakınında haritalanmıştır. Majör QTL'ler (QTL4, QTL5 ve QTL6), beş farklı tipte RGA markörü ile eşleştirilen LG3'te bulunmuştur. Bir CLRR-RGA ve bir STMS markörü (TA146) kontrollü yetiştiricilik şartlarında yanıklık dayanıklılığı için sırasıyla 0.06 ve 0.04 cM'lik mesafeler ile QTL-6'nın yanında bulunmuştur. Diğer STMS markörleri (STMS28 ve TS12b) olgun dönem/tarla evresi dayanıklılığı için 5.6 cM aralıkta QTL-1'nin yanında belirlenmiştir. Çalışma sonuçlarına göre, LG3 üzerindeki majör QTL'e RGA markörlerinin bu önemli (sıkı) bağlantısının temel dayanıklılık genlerinin harita tabanlı klonlanmasına izin verebileceğini önermişlerdir.

Iruela vd. (2006), kabuli ve desi melezinden (ILC3279 × WR315) köken alan

rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda, yanıklık hastalığına dayanıklılık ile ilişkilendirilmiş iki kantitatif özellik lokusu (QTL_{AR1} ve QTL_{AR2}) tanımlanmıştır. Bu popülasyon tarla koşullarında iki yıl değerlendirilmiş ve bu QTL'lerin iki farklı bağlantı grubunda (LG4a ve LG4b) konumlandırılabilmesi belirlenmiştir. LG4b, RAPD markörler ile sature edilmiş ve dayanıklılık ile ilişkilendirilenlerden dördü QTL_{AR2} ile SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions) verecek şekilde sekanslanmıştır. QTL_{AR2}, yanıklık hastalığına reaksiyonda toplam fenotipik varyansın %21'ini açıklarken, QTL_{AR1} %34'ünü açıklamıştır. Bu LG4a bölgesi, çiçek rengi lokusu (B/b), STMS GAA47, bir RAPD markörü ve bir ISSR markörü içermekte olup daha önce bildirilmiş bir QTL'ye karşılık geldiğini ifade etmişlerdir. QTL_{AR2}'ye etiketli dört SCAR'dan biri (SCY17₅₉₀) kodominant ve diğer üçünün ise dominant karakterde olduğu belirlenmiştir. Tüm SCAR'lar 1:1 oranında açılım gösterdiği belirlenmiş ve bu skorlama, onların ayrı RAPD markörleri ile birlikte açılım (co-segregated) gösterdiği rapor edilmiştir. LG4b'nin ortasında, dokuz markörün (üç SCAR, iki STMS ve dört RAPD) 0.8 cM'lik bir genetik mesafeyi kapsadığı genomik bir bölgede, majör bir QTL (QTL_{AR2}) haritalanmıştır. Dört SCAR'dan SCK13₆₀₃ ve SCM02₉₃₅, diğer türlerde hastalığa dayanıklılık ile ilişkili genler veya proteinlerle önemli bir benzerlik (alignment) göstermiş ve SCK13₆₀₃, QTL_{AR2}'ye bağlı yüksek derecede sature edilmiş bölgede yerleştirilmiştir. LG4b üzerinde konumlandırılmış TA72 ve TA146 markörleri, hem tür içi hem türler arası melezlemelerde yanıklık hastalığına dayanıklılığı için QTL'in konumlandırılmış olduğu alanda daha önceki haritalarda da tanımlanmıştır. Bu bulgulara dayanarak, QTL_{AR2}'nin herhangi bir popülasyonda mümkün olduğunca çok polimorfizm seçimine izin verdiği için moleküler ıslahın kesinliğini artırabileceğini önermişlerdir.

Daha önce LG2 üzerinde konumlandırılmış olan yanıklık hastalığına dayanıklılık için kantitatif özellik lokusları ya da genleri ve nohutta *Fusarium* solgunluk hastalığı ırkları için dayanıklılık gen kümesini doğrulamak ve bu iki hastalığa dayanıklılık kazandıran lokuslar arasındaki bağlantı ilişkisini incelemek için Iruela vd. (2007) tarafından bir çalışma yürütülmüştür. Her iki hastalığın dayanıklılığı sağlayan karakteri için açılan bir tür içi nohut rekombinant kendilenmiş hat (RIL) popülasyonu incelenmiştir. Diğer nohut haritalarından seçilen STMS (GA16, TA37, TA53, TA59, TA103, TA110, TA194, TR19, TR58, TS82) markörleri kullanılarak yeni bir LG2 oluşturulmuştur. *foc5* dayanıklılık geni, STMS markörleri olan TA110'a, 6.5 cM ve TA59'a, 8.9 cM mesafede LG2 üzerinde haritalanmıştır. Yanıklık hastalığına dayanıklılık için bir QTL (QTL_{AR3}) iki yetiştirme sezonunda ayrı olarak elde edilen değerlendirme verileri kullanılarak LG2 üzerinde belirlenmiştir. QTL_{AR3}'ün konumlandırıldığı bu genomik bölge STMS markörleri ile yüksek derecede doyurulmuştur. TA194 STMS markörü QTL_{AR3} ile önemli (sıkı) bir şekilde bağlı bulunduğu ve bu markör TR58 ve TS82 STMS markörleri tarafından 6.5 cM mesafe ile çevrelenmiştir. *foc5* ve QTL_{AR3} arasındaki genetik mesafe, bu aralık içerisindeki altı markör de dahil olmak üzere 24 cM civarında olduğu belirlenmiştir. Her iki lokusla bağlantılı markörler, MAS (Marker Assisted Selection) kullanılarak her iki hastalık için dayanıklılık genlerinin piramitlenmesini kolaylaştırabileceği belirtilmiştir.

Tar'an vd. (2007) tarafından 144 basit dizi tekrar (SSR; Simple Sequence Repeats) markörü ve 1 morfolojik markör (*fc*, çiçek rengi) ile oluşturulmuş bir bağlantı haritası kullanılarak yanıklık hastalığına dayanıklılığın genetik faktörlerini haritalamak

için araştırma yapılmıştır. Bu amaç için "ICCV 96029" ve "CDC Frontier" arasındaki melezlemeden köken alan 186 F₂ kademesi bitkisinden vejetatif çoğaltım ile toplamda 556 bitki kontrollü şartlar altında yanıklık hastalığına karşı reaksiyonları için değerlendirilmiştir. F₁ ve F₂ kademelerindeki bitkilerin hastalığa karşı reaksiyonlarına göre, dayanıklılığın dominant olarak katılım gösterdiğini belirlenmiştir. F₃ kademesi ailelerinin yanıklık hastalığına karşı reaksiyonunun ortalamalarına ve varyanslarına dayanan bir Fain testi, popülasyonda birkaç genin ayrıldığını göstermiştir. Birleşik aralık haritalaması (CIM; Composite Interval Mapping) ile yanıklık hastalığına karşı reaksiyonla ilişkili 3 genomik bölge tanımlanmıştır. LG3, LG4 ve LG6'nın her birindeki bir kantitatif özellik lokusu (QTL), yanıklık hastalığına reaksiyon için toplam tahmini fenotipik varyasyonun sırasıyla %13, %29 ve %12'sini oluşturmuştur. Bununla birlikte, bu lokuslar toplam tahmini fenotipik varyasyonun %56'sını kontrol etmiştir. LG4 ve LG6'daki QTL, yanıklık hastalığına dayanıklılık için daha önce bildirilen QTL ile ortak bulunurken, LG3'teki QTL, mevcut popülasyona özgü olduğu bildirilmiştir.

Anbessa vd. (2009) tarafından, mevcut dayanıklı nohut kaynaklarının hastalığa dayanıklılık için farklı genler taşıyabileceğini ve yanıklık hastalığına karşı tarla dayanıklılığının geliştirilmesi için piramitlenebileceğini öngördükleri bir araştırma yapılmıştır. Bu nedenle, dört farklı orta derecede dayanıklı çeşidin (CDC Frontier, CDC Luna, CDC Corinne ve Amit) her biri çok hassas bir germplazm olan ICCV 96029 ile mezeleştirilerek dört farklı popülasyon geliştirilmiştir. Ebeveynler, F₁ ve F₂ kademelerinde, yanıklık hastalığına karşı reaksiyonları için kontrollü şartlar altında değerlendirilmiştir. Toplam 144 SSR markör CDC Frontier × ICCV 96029 popülasyonu için sekiz bağlantı grubuna ilk kez haritalanmıştır. Daha sonra bu popülasyondan elde edilen kanıtlara dayanarak, 76, 61 ve 42 SSR markör sistematik olarak seçilerek, sırasıyla CDC Luna, CDC Corinne ve Amit popülasyonlarında haritalanmıştır. F₂ kademesindeki yanıklık hastalığı reaksiyonlarının skorlamasının frekans dağılımları dört popülasyon arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir. CIM'e göre, yanıklık hastalığına karşı dayanıklılığı kontrol eden farklı kaynaklara dağılan, herbiri sırasıyla LG2, 3, 4, 6 ve 8 üzerinde olan beş QTL belirlenmiştir. CDC Frontier çeşidinde, eş zamanlı olarak fenotipik varyasyonların %56'sını açıklayan QTL 2, 3 ve 4'ü birlikte içerdiği tespit edilmiştir. CDC Luna'nın QTL 1 ve 3'ü içerdiği bulunmuştur. CDC Corinne, QTL 3 ve 5'i içerirken Amit'de sadece QTL 2 tespit edilmiştir. Toplamda bu QTL'ler tarafından, CDC Luna, CDC Corinne ve Amit popülasyonlarındaki tahmini fenotipik varyasyonların sırasıyla %48, %38 ve %14'ü açıklanmıştır. Bu sonuçlara göre, bu QTL'lerin yanıklık hastalığına karşı tarla dayanıklılığını arttırmak için tek bir genotipte piramitlenebileceği önerilmiştir.

Tarımı yapılan nohudun tür içi bir bağlantı haritası, yanıklık hastalığına hassas bir ebeveyn (ICC 4991) ile yanıklık hastalığına dayanıklı bir ebeveyn (ICCV 04516) arasındaki yapılan melezlemeden köken alan F₂ popülasyonu kullanılarak oluşturulmuştur. 82 SSR ve 2 EST (Expressed Sequence Tags) markörünü içeren, her 8.6 cM için 1 marköre sahip ortalama markör yoğunluğu ile 724.4 cM mesafelik 10 bağlantı grubunu kapsayan bir harita oluşturulmuştur. Fide ve ergin evresi bitki hastalık reaksiyonuna bağlı olarak, Hindistan kökenli yanıklık hastalığı izolatına karşı dayanıklılığına katkıda bulunan üç kantitatif özellik lokusu (QTL) belirlenmiştir. QTL1, TR58 markörüne bağlı olan LG3 üzerinde haritalanmış ve toplam yanıklık hastalığına dayanıklılığın fenotipik varyasyonun %18.6'sını açıklamıştır. QTL2 ve QTL3'ün her

ikisi de dört SSR markörüne yakın LG4 üzerinde haritalanmış ve toplam yanıklık hastalığına dayanıklılık için fenotipik varyasyonun sırasıyla %7.7 ve %9.3'ünü açıklamıştır. Yanıklık hastalığına dayanıklılık için QTL'lerini çevreleyen bu SSR markörleri, aynı dayanıklı ebeveynden (ICCV 04516) köken alan yarı kardeş bir popülasyonda da doğrulanmıştır. QTL2'ye bağlı TA146 ve TR20 markörlerinin, bu yarı kardeş popülasyonunda fide evresi aşamasında yanıklık hastalığına dayanıklılığı ile önemli derecede ilişkili olduğu rapor edilmiştir (Kottapalli vd. 2009).

Aryamanesh vd. (2010) tarafından, bitki büyüme tabiatı, yanıklık hastalığına dayanıklılık ve çiçeklenme gün sayısı ile ilişkilendirilmiş potansiyel markörleri tanımlamayı amaçlayan bir çalışma yürütülmüştür. Tarımı yapılan nohut ile *C. reticulatum* melezinden elde edilen bir türler arası F₂ popülasyonu, genetik bağlantı haritası geliştirmek için oluşturulmuştur. Bitki büyüme tabiatı için LG3 üzerinde yakından bağlantılı bir markör (TA34) saptanmış olup varyasyonun %95.2'sini açıklamıştır. Çiçeklenme zamanının LG3 üzerinde iki QTL ile kontrol edildiği ve varyasyonun %90.2'sini açıkladığı belirlenmiştir. LG3 ve LG4'te yanıklık hastalığına dayanıklılık için fenotipik varyasyonun yaklaşık %49'unu açıklayan üç kantitatif özellik lokusu (QTL) belirlenmiştir. LG3'te popülasyondaki fenotipik varyasyonun %21.1'ini açıklayan tek bir QTL tespit edilmiştir. LG4'te yanıklık hastalığına yanıtın kontrolü için iki QTL modeli desteklenmiştir. LG4'teki yanıklık hastalığına dayanıklılık için en uygun modelin, eşit olmayan varyans ve epistatik etkiye sahip 1 ve 7 aralıklarındaki (sırasıyla QTL4 [1] ve QTL4 [7]) iki bağlantılı QTL'in olduğu saptanmıştır. Bu iki QTL, yanıklık hastalığına dayanıklılık için toplam fenotipik varyasyonun %26'sını açıklamıştır. QTL4[1], komşu (flanking) markörleri STMS11 (3.6 cM) ve TAA170 (4.5 cM) ile hastalık dayanıklılığı üzerinde büyük bir etkiye sahipken, H3D09 (1.4 cM) ve H1A12. (0.2 cM) markörlerinin çevrelediği QTL4[7], hastalık dayanıklılığı üzerinde sınırlı bir etkiye sahip olduğu bildirilmiştir. Yanıklık hastalığına dayanıklılık ile ilişkilendirilen LG3 üzerinde konumlandırılan QTL'de dominanslığın önemli bir rol oynadığı belirlenmiştir. LG4'te bulunan QTL'lerin yanıklık hastalığına yanıtı kontrol etmede hem dominant hem de eklemeli etkilerini belirlemişlerdir.

Sabbavarapu vd. (2013) tarafından, *Fusarium* solgunluğu (ırk 1) ve yanıklık hastalığına dayanıklılık için yeni kantitatif özellik lokusu tanımlamak ya da doğrulamak amacıyla, iki yeni haritalama popülasyonu geliştirilmiştir ['C 214' (*Fusarium* solgunluğuna hassas) × 'WR 315' (*Fusarium* solgunluğuna dayanıklı) ve 'C 214' (yanıklık hastalığına hassas) × 'ILC 3279' (yanıklık hastalığına dayanıklı)]. Ebeveynler üzerinde 371 SSR markör taramasından ve polimorfik markörler ile haritalama popülasyonlarının genotiplenmesinden sonra, 57 (C 214 × WR 315) ve 58 (C 214 × ILC 3279) lokus içeren iki yeni genetik harita geliştirilmiştir. Tarla koşullarında *Fusarium* solgunluğuna dayanıklılık için haritalama popülasyonu üzerinde toplanan fenotipleme verileri ile birlikte genotipleme verilerinin analizi fenotipik varyasyonun %10.4–18.8'ini açıklayan iki yeni QTL tanımlamışlardır. Benzer şekilde, sera (kontrollü) ve tarla koşullarında yanıklık hastalığına dayanıklılık için fenotipleme verileri ile birlikte genotipleme verilerinin analizi yapılmış olup, fenotipik varyasyonun %31.9'unu açıklayan toplam altı QTL tanımlamışlardır. Yanıklık hastalığına dayanıklılık için fenotipik varyasyonun %31.9'unu açıklayan bir majör QTL'in, daha önce de çoğu çalışmada farklı dayanıklı genotiplerde tanımlanmış olan kantitatif özellik lokusu olduğunu bildirmişlerdir.

Madrid vd. (2013) tarafından, nohutta yanıklık hastalığına dayanıklılık sağlayan bir QTL'nin (QTL_{AR1}) genomik bölgesinde bulunan etilen reseptörü benzeri bir gendeki allelik dizi uzunluğu polimorfizmine dayanarak, yeni bir ko-dominant moleküler markör, “CaETR” geliştirilmiştir. Bu markörün, yanıklık hastalığı için sadece dayanıklı ve hassas fenotipleri ayırmadığını ayrıca heterozigot genotipleri de kolayca belirlediğini bildirmişlerdir. CaETR markörünü, başka bir QTL'ye (QTL_{AR2}) bağlı daha önce geliştirilmiş bir ko-dominant SCAR markörü (SCY17₅₉₀) ile birlikte kullanarak, yerel/köy çeşitlerinde, ileri kademe ıslah hatlarında ve ticari çeşitlerdeki dayanıklı aksesyonların %90'ında dayanıklılığı sağlayan allelleri saptanmış ve ayrıca her durumda hasasiyeti sağlayan aleller tespit edilmiştir. Bu çalışmanın sonuçları, erken generasyonlarda QTL_{AR1} ve QTL_{AR2} için tarla evresinde doğrudan fenotipe geçmeden negatif seleksiyon yapılarak geleneksel nohut ıslahının seçim başarısını artırmak için kullanılabileceğini önermişlerdir.

Stephens vd. (2014) tarafından, 143 EST-SSR ve 768 SNP'nin alt kümeleri, iki tür içi harita popülasyonunun (Lasseter × ICC3996 ve S95362 × Howzat) doğrulanması ve yüksek yoğunluklu genetik haritalaması için kullanılmıştır. İki yıl sürüsüne yürütülen çalışma sonucu yapılan yanıklık hastalığının tarla evresi reaksiyonlarının değerlendirmesine dayanarak, Lasseter × ICC3996 popülasyonun dayanıklılık markörlerini içeren iki genomik bölge tanımlanmıştır. S95362 × Howzat popülasyonunda, köprüleme markörleri temelinde Lasseter × ICC3996 QTL'lerinden biriyle örtüştüğü (çakıştığı) düşünülen her iki fenotipik değerlendirme için sadece bir kantitatif özellik lokusu (QTL) bölgesi tanımlamışlardır. Yürütülen çalışma sonucu tanımlanan QTL içeren iki bölgeden birinin (ab_QTL1) önceki çalışmalarda tanımlanan QTL ile ortak olduğu tahmin edilirken, diğerinin (ab_QTL2) ise yeni olabileceği rapor edilmiştir.

Castro vd. (2015), yanıklık hastalığına dayanıklı genotiplerin seçiminde, fenotipik seleksiyon ile MAS etkinliğini karşılaştırmak için bir çalışma yürütmüşlerdir. Fenotipik değerlendirmede, kullanılan materyal için dayanıklılığın resesif olduğu rapor etmişlerdir. LG4 üzerinde belirlenen hassas ebeveyne doğru yüksek çarpık (distorted) ayrışma, dayanıklılığın fenotipik dağılımını açıklayabileceği belirtilmiştir. F_{2:4} ve F_{2:5} kademelerindeki fenotipik seleksiyonun CaETR ve GAA47 markörlerinin dayanıklılık ile ilişkili allellerin frekansında bir artışa yol açtığı için bu markörlerin MAS'da etkili bir şekilde kullanılabileceğini bildirmişlerdir. TA72 ve SCY17 markörlerinin bulunduğu bölgedeki hassas ebeveyne doğru olan yüksek çarpık ayrışmadan dolayı, moleküler markör destekli seleksiyonda etkinliklerini azalttığı (düşürdüğü) sonucuna varmışlardır. Mevcut çalışmada analiz edilen markörlerin, nohut ıslah programlarında yanıklık hastalığına dayanıklı genotiplerin seçilmesinde etkili olduğu ve farklı patotiplerle ilişkili genlerin veya kantitatif özellik lokuslarının piramitlemesine (QTL) olanak verdiği rapor edilmiştir.

Tabanlı (2016) tarafından yapılan çalışmada, Türkiye'de tescil ettirilmiş 34 nohutta, yanıklık hastalığına dayanıklılığın belirlenmesi için STMS (Ta2, Ta146 ve Ts54), RAPD (UBC733 ve UBC681) ve ISSR (UBC836 ve UBC858) markörleri kullanılmıştır. Ta2, Ts54 ve Ta146 STMS markörleri ile UBC733 RAPD markörünün yanıklık hastalığının belirlenmesinde ayırt edici olduğu gözlenmiştir. STMS markörlerinin dayanıklı ve hassas bireyleri saptamada oldukça etkin sonuçlar verdiği bildirilmiştir. UBC733 RAPD markörünün tarla verilerine göre dayanıklı ve hassas

olduđu bilinen eřitleri ayırt etiđi ancak geri kalan tđm eřitleri dayanıklı olarak gđsterdiđi iin STMS markđrlerine kıyasla gđvenilirliđinin dđřđk olduđu tespit edilmiřtir. Benzer řekilde, bir RAPD (UBC68) ve iki ISSR (UBC836 ve UBC858) markđrđnđn polimorfik bant vermemesinden dolayı hastalıđa dayanıklılık konusunda gđvenilir sonular vermediđi bildirilmiřtir.

Gil vd. (2017) tarafından, iri daneli ve yanıklık hastalıđına dayanıklı yeni nohut materyali geliřtirmek amacıyla bir alıřma yapılmıřtır. Bunun iin, melezleme programında ebeveyn olarak orta irilikte dane boyutuna sahip ve yanıklık hastalıđına dayanıklı beř ileri kademe kabulı tip nohut genotipi kullanılmıřtır. Bu beř farklı ebeveyn farklı kombinasyonlar elde edilecek řekilde birbirleri ile melezlenmiřtir. İri dane boyutuna gđre seilen 30 F_{5:8} kademeleri genotipleri ve ebeveynler, yanıklık hastalıđına reaksiyonlarını dođrulamak iin SCY17₅₉₀ ve CaETR-1 markđrleri ile genotiplenmiřtir. Yapılan genotipleme sonrasında, tarla gđzlemlerinde yanıklık hastalıđı belirtileri olmayan iri daneli 11 F_{5:9} kademesi genotipi seilmiřtir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Bitki materyali

Ana olarak kullanılan ebeveyn “Sierra” (PI 631078), Washington Tarımsal Araştırma Merkezi iş birliği ile ABD Tarım Bakanlığı, Tarımsal Araştırma Servisi (USDA-ARS) tarafından geliştirilmiş nohut yanıklık hastalığına [Etmen: *Ascochyta rabiei* Pass. (Labr.)] dayanıklı ve iri daneli, kabuli tip bir nohuttur. Sierra, 'Dwelley'/FLIP 85-58C/'İspanyol veya Meksika beyazı' üçlü melezinin F₈ kademesi genotipi materyalinden köken almakta ve 2004 yılında pedigree ıslahına göre ticarate konu olmuştur. ”Sierra” (PI 631078) çeşidinin, öne çıkan bitki özelliklerinin 53 cm bitki boyu, tabandan dallanma, basit veya tek yapraklı, tek çiçekli ve 100-dane ağırlığı 61.4 g (Şekil 3.1.) olduğu bildirilmiştir (Muehlbauer vd. 2004).

Baba olarak kullanılan ebeveyn ‘CA 2969’ (PI 632396), nohut yanıklık hastalığına dayanıklılık kaynağı olduğu için Cantabrian Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi (CIFA; The Cantabrian Agricultural Research and Training Centre, Cordoba, İspanya) tarafından geliştirilmiş kabuli tip bir nohuttur. Bu nohut, [CA 2156/JG 62 (PI 439821)]/ILC 3279 (PI 471915)] melezinden seçilmiştir. CA 2156 iri daneli, JG 62 çift baklalı ve ILC 3279 yanıklık hastalığına dayanıklı genotiplerdir. CA 2969, bileşik yapraklı, çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 30.1 g olduğu bildirilmiştir (Rubio vd. 2003) (Şekil 3.1.).



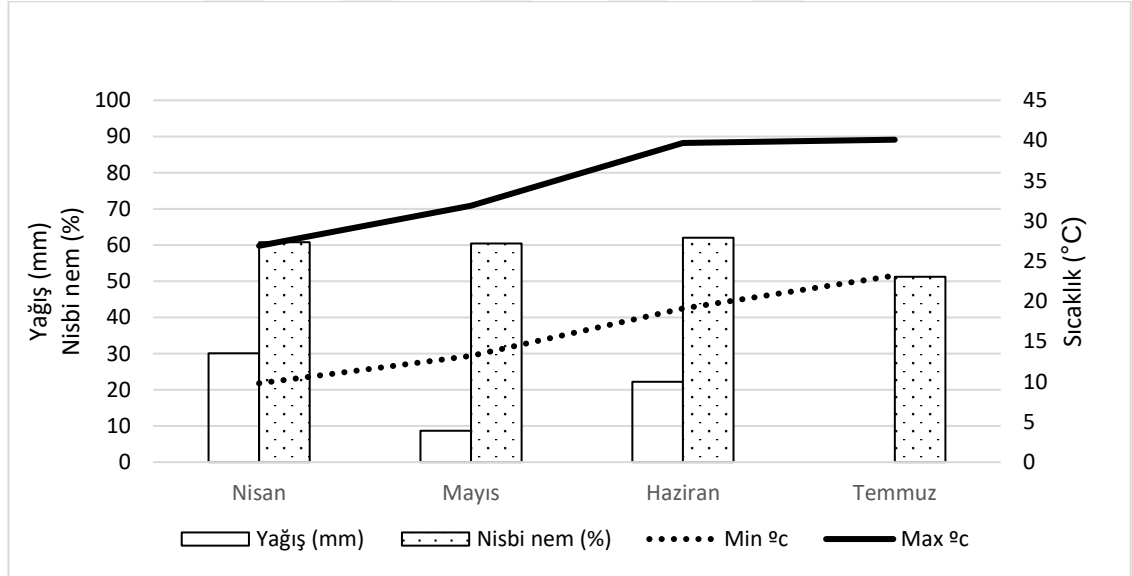
Şekil 3.1. Ebeveynlerin morfolojik özellikleri, Sierra (tek baklalı ve basit yapraklı, sol taraftaki) ve CA 2969 (çift baklalı ve bileşik yapraklı, sağ taraftaki)

Çalışma materyali Sierra × CA 2969 melezleri geliştirilmiş olup, F₁, F₂ ve F₃ kademelerindeki bitkileri sırasıyla 2017, 2018 ve 2019 yıllarında yetiştirilmiştir. F₁ kademesi bitkileri tek bitki olarak yetiştirilmiş ve tek bitki olarak hasat edilerek F₂

kademesine aktarılmıştır. F₂ popülasyonundan elde edilen tohumlar, mücbir nedenlerle ekimi geç dönemde yapıldığı için her hattan bitki çıkışını garantilemek için iki veya üç tohum ekimi ile F₃ kademesine aktarılmıştır. 626 hattan 1214 genotip F₃ kademesi bitkisi yetiştirilip, bunlardan çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri olan 152 F₄ kademesi için seçilmiştir. Seçilmeyen genotipler farklı çalışmaların materyali olarak kullanmak üzere tek bitki olarak hasat edilmiştir. Seçilen F₄ kademesindeki 152 hat bu tez çalışmasında değerlendirilmiştir. Bu tez kapsamında F₃ popülasyonu tarımsal ve morfolojik özellikler bakımından değerlendirilmiştir. Ayrıca, F₃ popülasyonundan seçilmiş 152 F₄ kademesi hattı (çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üstü olanlar) yanıklık hastalığına dayanıklılık için markör destekli (MAS) seleksiyonla değerlendirilmiştir.

3.1.2. İklim koşulları

F₃ kademesi popülasyonu, 2019 yılının Nisan-Temmuz döneminde yetiştirilmiştir. Bu döneme ait iklim verileri T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı Meteoroloji 4. Bölge Müdürlüğü (Antalya) tarafından sağlanmıştır. Bu dönemde toplam yağış 61 mm olarak kaydedilmiştir. En yüksek yağış 30.1 mm ile Nisan ayında kaydedilirken, en düşük yağış 0.0 mm ile Temmuz ayında kaydedilmiştir. Bitkilerin çiçeklenme aşamasında en yüksek sıcaklık mayıs ayında 31.9 °C iken bakla oluşturma aşamasında ise en yüksek sıcaklık 39.7 °C olarak kaydedilmiştir (Şekil 3.2).



Şekil 3.2. Araştırma materyalinin yetiştirme döneminde yağış (mm) ve sıcaklıklar (°C)

3.1.3. Deneme arazisi ve moleküler çalışma laboratuvarı

Araştırmada kullanılan bitki materyalinin yetiştirilmesi için Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü Uygulama ve Araştırma arazisi kullanılmıştır (Şekil 3.3). Deneme arazisinin deniz seviyesinden yüksekliği 51 m olup, 36°53' kuzey enlemi ve 30°38' doğu boylamında yer almaktadır. Araştırmada moleküler çalışmalar Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü Entomoloji Laboratuvarında yürütülmüştür (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. a) Tarla denemelerinin yürütüldüğü arazi, b) Moleküler çalışmaların yürütüldüğü Entomoloji Laboratuvarı

3.1.4. Deneme arazisinin toprak özellikleri

Deneme arazisindeki toprak 0-30 cm arasında örneklenmiş ve daha sonra deneysel toprak özelliklerinin belirlenmesi amacıyla analiz edilmiştir (Çizelge 3.1). Yapılan analiz sonucu bazı bitki besin elementleri yeterli düzeyde belirlenirken, organik madde ve azotun düşük düzeyde olduğu saptanmıştır. Organik madde ve azot gibi, demir ve çinko da yüksek pH nedeniyle yetersiz olarak kabul edilen düzeylerdedir. Toprak dokusu %26.5 CaCO_3 yapısıyla tınlı, pH 7.69 değeri ile alkali toprak sınıfındadır (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Deneme arazisi toprak özellikleri, makro ve mikro besin elementleri

Yapılan toprak analiz sonucunda belirlenen toprak özellikleri, makro ve mikro besin elementleri			
pH	7.69	Değişebilir Na (meq 100 g ⁻¹)	0.15
Elektriksel iletkenlik(dS m ⁻¹)	0.93	Değişebilir Ca (meq 100 g ⁻¹)	37.71
CaCO_3 (%)	26.5	Değişebilir Mg (meq 100 g ⁻¹)	7.12
Organik madde (%)	1.87	Mevcut Fe (mg kg ⁻¹)	3.56
Toplam N (%)	0.106	Mevcut Zn (mg kg ⁻¹)	0.75
Mevcut P (mg kg ⁻¹)	9.37	Mevcut Mn (mg kg ⁻¹)	23.16
Değişebilir K (meq 100 g ⁻¹)	0.61	Mevcut Cu (mg kg ⁻¹)	1.37

3.2. Metot

3.2.1. Morfolojik gözlemler

Bu çalışma için değerlendirilecek olan F₃ popülasyonunu elde etmek amacıyla F_{2:3} kademesi tohumları her hattan bitki çıkışının garanti edilmesi amacıyla iki veya üç tohum olacak şekilde, 04.04.2019 tarihinde araziye ekimi gerçekleştirilmiştir. Popülasyondaki her bitki için yaprak şekli, yaprak koltuğundan çıkan çiçek sayısı (tek/çift/çok çiçekli) gibi kalitatif özellikler kaydedilmiştir. Kalitatif özellikler yanında

aşağıdaki bildirilen bazı kantitatif özelliklerde belirlenmiştir: İlk çiçeklenme ve %50 çiçeklenme gün sayısı gibi fenolojik özellikler, bitki boyu, taç genişliği, ilk bakla yüksekliği (cm), bitkide ana dal sayısı, bitkide bakla sayısı, bitkide dane sayısı, dane verimi, biyolojik verim, 100-dane ağırlığı (g) ve hasat indeksi (%) gibi tarımsal ve morfolojik gözlemler aşağıdaki bildirildiği şekilde alınmıştır:

Yaprak şekli: Her bitkinin yaprak şekli tek (basit) ya da karşılıklı yaprakçıklı (bileşik/normal) olarak gruplandırılmıştır

Yaprak koltuğundaki ya da çiçek salkımındaki çiçek ya da bakla sayısı: Her bitkinin çiçek salkımındaki çiçekler tek, çift ve çok (üç ve 5 arası) olarak sınıflandırılmışlardır.

İlk çiçeklenme tarihi: Her bir genotipin çıkıştan ilk çiçeklenme tarihine kadar geçen gün sayısıdır.

%50 çiçeklenme tarihi: Her bir genotipin çıkıştan %50 çiçeklenme tarihine kadar geçen gün sayısıdır.

Bitki boyu: Bitkinin toprak yüzeyinden en uçtaki sürgün ucuna kadar olan uzunluğu cm olarak ölçülmüştür.

Dal sayısı: Bitkide bulunan ana dalların sayısı olgunlaşma döneminde adet olarak sayılmıştır.

Taç genişliği: Bitkinin dalları ve yaprakları ile birlikte kapladığı alanının en uzun kısmı cm olarak ölçülmüştür.

İlk bakla yüksekliği: Bitkide meydana gelen ilk meyvenin yerden yüksekliği cm olarak ölçülmüştür.

Bakla sayısı: Bitkide bulunan toplam bakla sayısı olgunlaşmada adet olarak sayılmıştır.

Dane sayısı: Bitkide bulunan toplam dane sayısı hasattan sonra adet olarak sayılmıştır.

Dane verimi: Bir bitkiden elde edilen danelerinin ağırlığı g olarak tartılmıştır.

Biyolojik verim: Hasat olgunluğuna gelen bitkilerin sap ve daneleriyle beraber toplam ağırlığı g olarak tartılmıştır.

100-dane ağırlığı: $(\text{Dane verimi} / \text{Dane sayısı}) \times 100$ formülü ile hesaplanmıştır (g).

Hasat indeksi: $(\text{Dane verimi} / \text{Biyolojik verim}) \times 100$ formülü ile hesaplanmıştır (%).

3.2.2. DNA izolasyonu

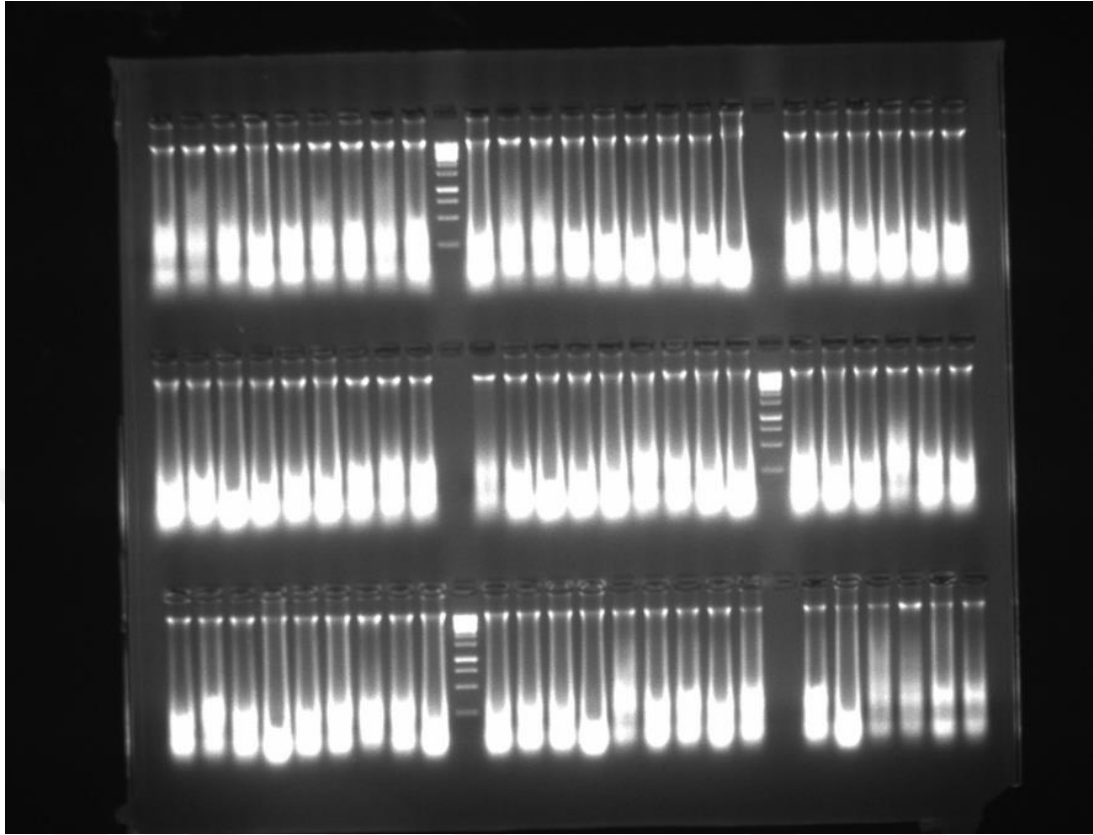
Yetiştirilen F₃ popülasyonun morfolojik gözlemlerine dayanarak, bu çalışmada amaçlanan çift baklalı ve 45 g ve üzeri dane iriliğine sahip 152 genotip seçilmiştir. Seçilen bu 152 genotipin F_{3:4} kademesi tohumları viyollere ekilerek F₄ kademesi bitkileri (hatlar) elde edilmiştir. Bu F₄ kademesi bitkilerinin taze yapraklarından örnekler alınıp DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonu Doyle ve Doyle (1990) tarafından geliştirilen CTAB metoduna temel alınarak aşağıdaki gibi yapılmıştır.

CTAB metoduna göre;

1. Herbir genotipten alınan yaprak örneği 1.5 ml'lik ependorf tüplerin içerisine alınmış üzerine 450 µl içerisinde %0.2' lik β-merkaptoetanol bulunan CTAB (%2 CTAB, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, 100 mM Tris-HCl) çözeltisi eklenmiştir.
2. Yaprak örnekleri, ezme çubukları yardımıyla iyice ezilmiştir.
3. Yaprak örneklerinin ezilmesinden sonra, DNA'ların sıcaklığın etkisiyle çözeltiye geçişini sağlamak amacıyla, ependorf tüpleri sıcaklığı 65 °C olan su banyosunda 2 saat süreyle bekletilmiştir.
4. Süre sonunda sıcak su banyosundan çıkarılan örneklerin üzerine 450 µl kloroform izoamil alkol (24:1) eklenerek alt üst edilecek şekilde 10-15 saniye kadar çalkalanmıştır.
5. Çalkalama işleminden sonra, örnekler 12000 rpm hızında 20 dakika santrifüj edilmiştir. Tamamlanan santrifüj işlemi sonrası tüp içerisinde oluşan fazlardan DNA'nın bulunduğu en üstteki sıvı fazdan (süpernatant) yaklaşık 300 µl alınarak 1.5 ml'lik kullanılmamış ependorf tüpüne aktarılmıştır. Yeni ependorf tüpüne aktarılmış 300 µl'lik üst faza 300 µl kloroform izoamil alkol eklenerek santrifüj protokolü tekrar edilmiş ve yeni oluşan üst fazdan yaklaşık 150 µl alınarak yine kullanılmamış 1,5 ml bir ependorf tüpe aktarılmıştır.
6. Elde edilen bu üst faz içerisinde bulunan DNA'nın çökmesi için 150 µl izopropanol eklenip alt üst edilecek şekilde çalkalanmış ve bir gece süreyle -20 °C' de ayarlanmış dondurucu da bekletilmiştir.
7. Süre bitiminde -20 °C'lik dondurucudan çıkarılan örnekler 12000 rpm hızında 20 dakika santrifüj edilmiştir.
8. Santrifüj sonrası tüplerin dibinde pelet oluşmuş ve bu pelet yerinde kalacak şekilde dikkatlice üst kısımda bulunan sıvı dikkatli bir şekilde alınmıştır. Pelet üzerine 500 µl %70'lik etanol eklenerek 12000 rpm hızında 5 dakika süreyle santrifüj edilmiş ve pelet üzerinde oluşan sıvı dikkatli bir şekilde alınmıştır. Bu basamak aynı protokol uygulanarak bir kez daha tekrar edilmiştir.
9. Santrifüj işlemi sonrası ependorf tüpü içinde bulunan etanol dikkatlice alınmış ve sadece pelet kalan tüpler, ağzı açık olacak şekilde bir saat boyunca oda sıcaklığında tutularak kurumaya bırakılmıştır.
10. Kurutma işlemi sonrasında, pelet içeren tüplerin üzerine 100 µl saf su eklenmiş ve DNA'nın su ile çözünmesi için bir gece +4 °C'de tutulmuştur. Elde edilen DNA çözeltisi kullanılıncaya kadar -20 °C'ye ayarlanmış derin dondurucuda saklanmıştır.

DNA izolasyonunun ardından DNA kalitelerini kontrolü için her genotipten 1 µl DNA ile 1 µl bromofenol mavisi ile boyanarak %1'lik agaroz jele yüklenmiş ve 60

voltta 30 dakika süreyle tutulmuş ve süre sonunda UV ışık altında görüntülenmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. Çalışmada kullanılan genotiplerin bir bölümüne ait izolasyon sonrası elde edilen DNA'ların agaroz jel görüntüleri

3.2.3. Markörlerin belirlenmesi

Nohut yanıklık hastalığına karşı dayanıklı genotipleri belirlenmesi amacıyla daha önce yapılan benzer çalışmalarda geliştirilmiş olan beş moleküler markör PCR analizlerinde kullanılmıştır. Bunları, bir SCAR (SCY 17₅₉₀), üç STMS (GAA47, TS45 ve TA80) ve bir ASAP markör (CaETR-1) oluşturmaktadır (Çizelge 3.2).

Çizelge 3.2. Nohut yanıklık hastalığına dayanıklı genotipleri belirlemek için çalışmada kullanılan moleküler markörler, ileri ve geri dizilemeleri (sekansları)

Markör adı	İleri (Forward) sekans*	Geri (Reverse) sekans*	Kaynak
SCY17 ₅₉₀	GACGTGGTGACTATCTAGC	GACGTGGTGAAATAGATACC	Iruela vd. 2006
GAA47	CACTCCTCATGCCAACTCCT	AAAATGGAATAGTCGTATGGGG	Iruela vd. 2006
TS45	TGACACAAAATTGTCTCTTGT	TGTTCTTAACGTAACCTAA	Winter vd. 1999
TA80	CGAATTTTACATCCGTAATG	AATCAATCCATTTTGCATTC	Winter vd. 1999
CaETR-1	CAGGAAGTTCAATGGCCCTA	TAAGTTGTGACAAAAGACTCAATCG	Madrid vd. 2013

* Tüm markörler 5'-3' yönündedir.

3.2.4. Polimeraz zincir reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction, PCR)

DNA örneklerinin Çizelge 3.2’de özellikleri verilen SCAR, STMS ve ASAP primerleri ile PCR amplifikasyonu gerçekleştirilmiştir. Daha önceki çalışmalarda uygulanmış olan PCR teknikleri (İruela vd. 2006; Winter vd. 1999; Madrid vd. 2013) bu çalışmada optimize edilerek en iyi sonucu veren karışım miktarları belirlenmiştir. Toplam hacim 15 µL olacak şekilde, herbir primer için Çizelge 3.3’te verilen miktarlarda 10X Taq buffer, 2 µmol dNTP, 25 mM MgCl₂, 5 ünite Taq DNA polimeraz, 10 pmol ileri (forward) ve geri (reverse) primer, DNA ve saf su içerecek şekilde polimeraz zincir reaksiyonu için karışım hazırlanmıştır (Çizelge 3.3).

Çizelge 3.3. PCR bileşenleri ve miktarları

PRİMER	Karışım miktarları (µL)*						
	10X Buffer	Primer (Fw+Rev) (10 pmol)	Taq DNA Polimeraz (5 u/µl)	dNTP (2 µmol)	MgCl ₂ (25 mM)	DNA (20 ng)	ddH ₂ O
SCY17 ₅₉₀	1.5	1+1	0.2	1.5	1.25	1.5	7.05
GAA47	1.5	1+1	0.2	1.5	1.25	1.5	7.05
TS45	1.5	1+1	0.08	1.5	1.25	1.5	7,67
TA80	1.5	1+1	0.2	1.5	1.25	1.5	7.05
CaETR-1	1.5	1+1	0.2	1.5	1.25	1.5	7.05

Elde edilen karışımı içeren 8’li strip tüpler, Blue-Ray Turbo Cycler® ve Peqlab Thermocycler Primus 96® marka cihazlara yerleştirilerek, her primer için gerekli amplifikasyon koşulları (Çizelge 3.4) esas alınarak PCR çalışması gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 3.4. PCR amplifikasyon koşulları

PRİMER	Amplifikasyon koşulları					
	Ön denatürasyon	Denatürasyon	Primer bağlanması	Uzama	Döngü sayısı	Son uzama
SCY17 ₅₉₀	95 °C; 3 dk	94 °C; 50 s	50 °C; 40s	72 °C; 50s	35	72 °C; 5 dk
GAA47	95 °C; 3 dk	94 °C; 50 s	50 °C; 40s	72 °C; 50s	35	72 °C; 5 dk
TS45	94 °C; 5dk	94 °C; 1dk	50-60 °C; 1dk	72 °C; 1 dk	35	72 °C; 10 dk
TA80	95 °C; 3 dk	94 °C; 50 s	50 °C; 40s	72 °C; 50s	35	72 °C; 5 dk
CaETR-1	95 °C; 3 dk	94 °C; 50 s	50 °C; 40s	72 °C; 50s	35	72 °C; 5 dk

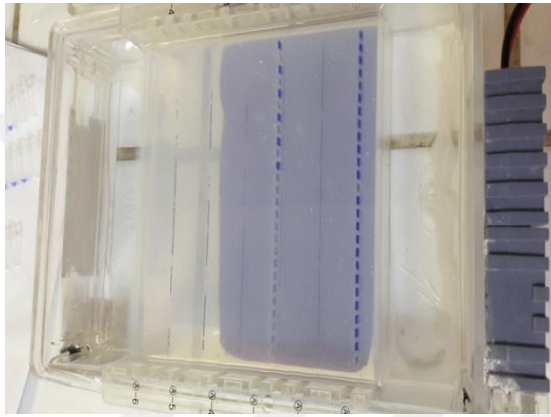
3.2.5. Agaroz jelin hazırlanması

PCR amplifikasyonu sonrası elde edilen DNA parçalarının büyüklük farklarına dayanarak birbirlerinden ayrımını gerçekleştirebilmek ve görsel olarak inceleyebilmek için agaroz jel elektroforezi kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan %3’lük agaroz jel için, 100 ml’lik karışım için 3 g agaroz (SeaKem®) tartılıp üzerine 100 ml 1X TAE tampon çözeltisi eklenmiştir. Bu karışım içindeki agarozun çözünebilmesi için 3-4 dakika süreyle mikrodalga fırında ısıtılmıştır. Süre sonunda fırından alınan ortam, soğutulan 100 ml’lik jel için bantların UV ışık altında görünürlüğünü sağlamak amacıyla 5 µl

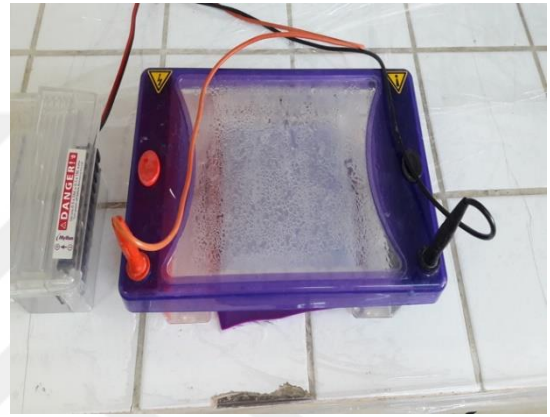
Ethidium Bromide eklenerek jel kalıbına dökülmüştür. Örneklerin yükleneceği kuyucuklar, tarakların kullanılmasıyla sağlanmıştır. Jelin tamamen katılaşmasının sonrasında taraklar dikkatli bir şekilde ortamdan alınmış ve jel, içerisinde 1X TAE tampon çözeltisi bulunan elektroforez tankına aktarılmıştır (Şekil 3.5).

3.2.6. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi ve agaroz jel elektroforezi

PCR ürünleri (15 µl), bromofenol mavisi (2 µl) ile boyanarak %3'lük agaroz jele yüklenmiş ve elektroforez tankı güç kaynağına bağlanarak, 80 dakika boyunca 90 voltta bulunan ortamda tutulmuştur (Şekil 3.5). Gelişen bantların moleküler ağırlıklarının belirlenebilmesi için 100 bp'lik markör (Thermo Scientific GeneRuler® 100 bp DNA Ladder) kullanılmıştır.



(a)

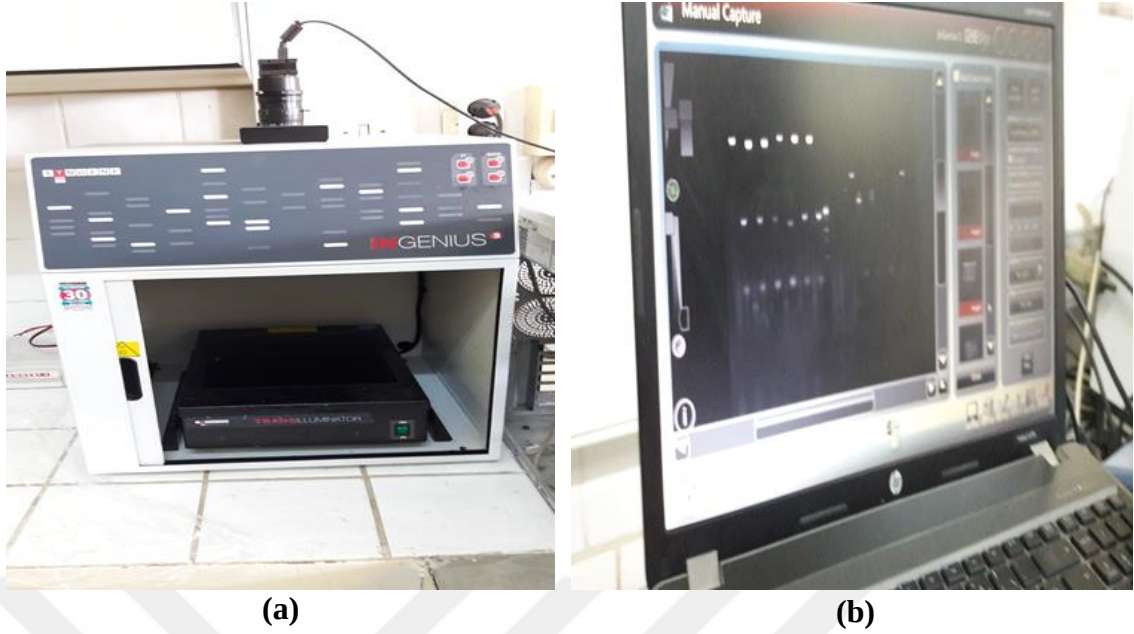


(b)

Şekil.3.5. a) Örneklerin jele yüklenmesi, b) Agaroz jel elektroforezi

3.2.7. Jellerin görüntülenmesi

Jel elektroforez işleminin ardından oluşan DNA bantları görüntülenmek için UV transillimünatöre (Şekil 3.6) konularak fotoğraflanmıştır (Şekil 3.6). Daha önceki çalışmalarda (Iruela vd. 2006; Winter vd. 1999; Madrid vd. 2013) herbir primer için belirlenmiş bant profilleri dikkate alınarak, elde edilen bantların analizleri yapılmıştır.



Şekil 3.6. a) UV transillimünatör cihazı ve aşaması, b) Bantların fotoğraflanması aşaması

3.2.8. Verilerin analizleri

Tarımsal ve morfolojik özelliklere ait verilerinin tanımlayıcı istatistikleri, IBM SPSS (2014) istatistik programı kullanılarak yapılmıştır. F_3 popülasyonu önce bakla sayısına göre tek baklalı ve çift baklalı olarak iki gruba ayrılmıştır. Sonra her bir grup yaprak şekline göre bileşik ve basit yapraklı olarak iki gruba ayrılmıştır. Bu şekilde dört grup oluşturulmuştur. İdeal nohut tipi için seleksiyon yaparken, her bir grup diğerleri ile karşılaştırılmıştır.

Ayrıca, 100-dane ağırlığı ile tarımsal-morfolojik özellikler arasındaki fenotipik korelasyon katsayıları ve tarımsal-morfolojik özellikler için regresyon katsayıları SPSS 22 versiyonu(IBM SPSS Statistics 2014). kullanılarak analiz edilmiştir.

Tarımsal-morfolojik özelliklerin 100-dane ağırlığı üzerindeki doğrudan ve dolaylı etkilerini değerlendirmek için, path analizi SPSS 22 versiyonu kullanılarak Dewey ve Lu'ya (1959) göre yapılmıştır.

Yapılan istatistiki analizlere ek olarak, 100-dane ağırlığı ile tarımsal ve morfolojik özellikler arasında korelasyonlar dikkate alınarak etkili seleksiyon kriterini bulmak veya geliştirmek amacıyla faktör analizi yapılmıştır (Cattel 1965).

100-dane ağırlığı ile diğer tarımsal ve morfolojik özellikler için için dar anlamda kalıtım derecesi (h^2) döl-ebeveyn regresyon yöntemine göre tahmin edilmiştir (Poehlman ve Sleper 1995):

$$h^2 = b$$

$$b = \frac{\sum(X - \bar{X})(Y - \bar{Y})}{\sum(X - \bar{X})^2}$$

Formülde b , genotiplerin (Y) ebeveyn değerlerine (X) olan regresyon katsayısıdır. Böylece, regresyon çizgisinin eğimi (b) dar anlamda kalıtım derecesi olarak hesaplanmıştır. Kalıtım derecesi 100 ile çarpılarak yüzde (%) olarak ifade edilmiştir. Kalıtım derecesi 1-24 arası çevre etkisi “çok büyük”, 25-49 arası “büyük”, 50-74 arası “orta” ve 75-99 arası “düşük” olarak yorumlanmıştır.



4. BULGULAR

4.1. F₃ Popülasyonu ve Kalitatif Morfolojik Özellikler

Sierra × CA 2969 melezinden köken alan 626 adet F_{2:3} kademe tohumları 2019 yılında ekim döneminin mücbir nedenlerle ancak 04.04.2019 tarihinde her hattan iki veya üç tohum olacak şekilde 1214 F₃ kademesi bitkisi yetiştirilmiştir. Yaprak şekli özelliği açısından ebeveynlerden Sierra basit yapraklı (tek yaprakçıklı) iken diğer ebeveyn CA 2969 ise bileşik (karşılıklı yaprakçıklı ya da kedi merdiveni şeklinde) yapraklıdır. Bu özellik açısından popülasyonda açılımlar gözlenmiştir (Şekil 4.1). 761 bitki normal yapraklı ve 453 bitki basit yapraklı olarak kaydedilmiştir. Ebeveynlerden “Sierra” tek çiçekli iken “CA 2969” çift çiçeklidir.



(a)



(b)



(c)



(d)

Şekil 4.1. F₃ popülasyonunda gözlenen **a)** bileşik yapraklı **b)** basit yapraklı **c)** çok çiçekli **d)** çok baklalı özelliklere sahip örnek bir genotip

Popülasyonda bir yaprak koltuğunda çıkan çiçek sayısı ile ilgili olarak tek çiçekli, çift çiçekli ve çok çiçekli (ikiden fazla çiçeğe sahip) bitkiler tespit edilmiştir (Şekil 4.1). Bunlardan 557'si tek çiçekli, 571'i çift çiçekli ve 86'sı çok çiçekli olarak kaydedilmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. F₃ popülasyonunda yaprak şekli ve bir yaprak koltuğundan çıkan çiçek sayısına bağlı olarak genotiplerin sayısı (adet)

Ana karakter	İkincil karakter	Genotip sayısı (adet)	Toplam
Yaprak şekli	Bileşik	761	1214
	Basit	453	
Bir yaprak koltuğunda çıkan çiçek sayısı	Tek	557	1214
	Çift	571	
	Çok (ikiden fazla)	86	

4.2. Tarımsal ve Morfolojik Özellikler için Transgresif Açılımlar

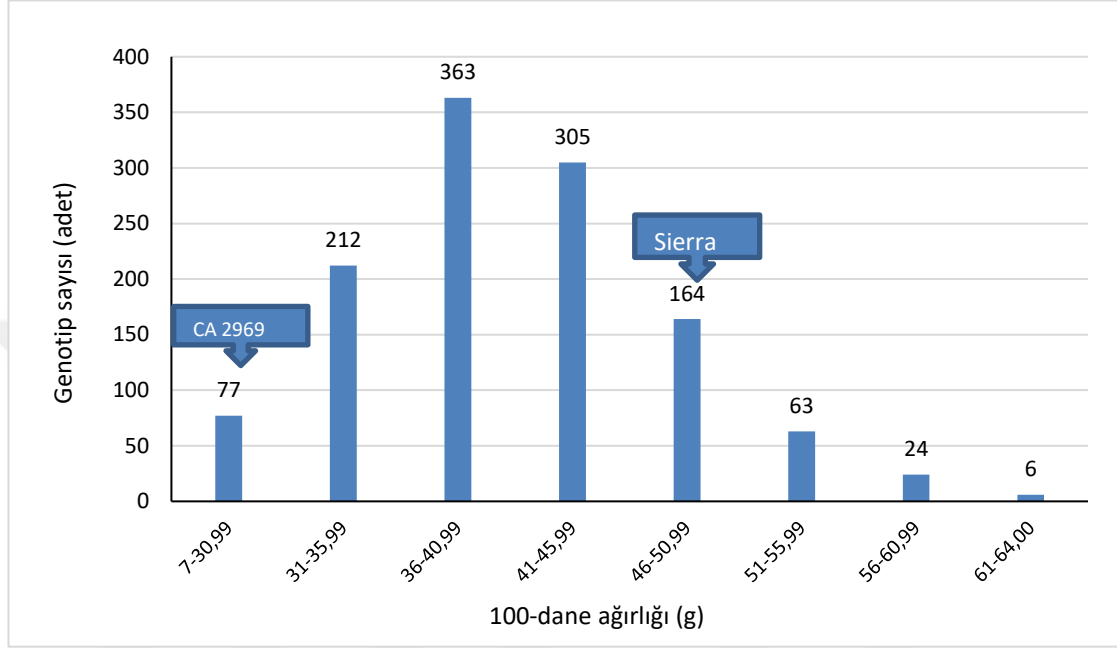
F₃ popülasyonuna ait tanımlayıcı istatistiklere ilişkin veri analizlerine göre, 100-dane ağırlığı dahil tüm tarımsal-morfolojik özellikler için transgresif açılımlar belirlenmiştir (Çizelge 4.2 ve Şekil 4.2). Popülasyondaki genotiplerin ilk çiçeklenme tarihine kadar olan en fazla ve en az gün değerleri 37 ve 76 gün olarak gözlenmiş olup, %50 çiçeklenme gün sayısı 39 gün ile 73 gün arasında değiştiği belirlenmiştir. Ebeveynler olan “Sierra ve CA 2969'un” ilk çiçeklenme ve %50 çiçeklenme günleri sırasıyla, 44-47 gün ve 47-50 gün olarak kaydedilmiştir. Popülasyondaki genotiplerin bitki boyu 19 cm ile 68 cm arasında değişkenlik gösterirken (Çizelge 4.2), “Sierra ve CA 2969” genotiplerinin bitki boyu sırasıyla 53 cm ve 43 cm olarak ölçülmüştür. Popülasyonda ortalama ilk bakla yüksekliği 31 cm iken Sierra genotipi için 31 cm ve CA 2969 genotipi için 33 cm olarak ölçülmüştür. Popülasyonda ana dal ve bakla sayısı sırasıyla 1-6 ve 1-254 adet buna karşılık Sierra ve CA 2969 genotiplerinde 2-3 adet olarak tespit edilmiştir. Popülasyon materyalinde taç genişliği 10 ile 96 cm arasında değişirken, Sierra genotipinde 49 cm ve CA 2969 genotipinde 58 cm olarak saptanmıştır. Popülasyonda dane sayısı 1-267 adet olarak sayılmış olup bu özelliğin ortalaması Sierra ve CA2969 genotiplerinde sırasıyla, 33 ve 51 adet olarak kaydedilmiştir. Dane verimi, popülasyonda 1-79 g olarak ölçülmüş olup Sierra ve CA 2969 genotiplerinde sırasıyla ortalama 15 ve 14 g tespit edilmiştir. 100-dane ağırlığı, popülasyonda 7-64 g arasında değişkenlik gösterirken, Sierra ve CA 2969 genotiplerinde 100-dane ağırlığı sırasıyla 47 g ve 27 g olarak kaydedilmiştir. Popülasyonda biyolojik verim 4-147 g olarak belirlenirken hasat indeksi %0.4-62.4 hesaplanmıştır. Sierra genotipinde biyolojik verim ve hasat indeksi sırasıyla 39 g ve %38 olarak belirlenirken, CA 2969 genotipinde 30 g ve %48 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.2).

Çizelge. 4.2. Sierra (tek baklalı ve basit yapraklı) ve CA 2969 (çift baklalı ve bileşik yapraklı) melezinden köken alan F₃ popülasyonunda ortalamalar±standart hatalar ve değişim aralığı

Özellikler	Sierra (♀)	CA 2969 (♂)	Normal yapraklı			Basit yapraklı			F ₃ Popülasyon Ortalaması ve Değişim Aralığı	
			Tek baklalı	Çift baklalı	Çok baklalı	Tek baklalı	Çift baklalı	Çok baklalı		
	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	D. aralığı
İlk çiçeklenme tarihi (gün)	48.3±0.08	50.0±0.50	47.1±0.23	47.2±0.19	47.3±0.31	45.9±0.30	47.6±0.32	46.6±0.46	46.9±0.12	37-76
%50 çiçeklenme tarihi (gün)	50.3±0.08	52.3±0.42	49.9±0.20	50.2±0.17	50.1±0.28	48.9±0.23	50.4±0.25	49.7±0.38	49.9±0.10	39-73
Bitki boyu (cm)	52.3±0.61	42.7±0.08	43.8±0.27	44.4±0.25	46.1±0.73	48.8±0.41	49.8±0.53	53.3±0.72	46.3±0.18	19-68
Dal sayısı (adet)	2.3±0.09	2.3±0.08	2.7±0.04	2.8±0.04	3.1±0.14	2.8±0.05	2.9±0.06	3.0±0.08	2.8±0.02	1-6
Taç genişliği (cm)	49.0±1.34	58.3±2.08	60.7±0.76	63.8±0.72	69.0±2.13	51.7±0.79	51.35±0.82	53.8±1.39	58.5±0.40	10.0-96.0
İlk bakla yüksekliği (cm)	31.3±0.38	33.3±0.79	29.9±0.26	30.7±0.25	31.7±0.92	31.6±0.41	32.2±0.43	33.0±0.70	30.9±0.15	13-46
Bakla sayısı (adet)	36.7±2.05	42.7±2.7	62.6±1.87	69.5±1.92	74.7±6.08	48.6±1.75	46.5±1.62	49.1±2.61	59.5±0.96	1-254
Dane sayısı (adet)	32.7±2.02	50.7±2.46	67.7±2.07	76.9±2.14	92.4±8.00	51.5±1.86	50.9±1.49	54.4±3.02	64.9±1.07	1-267
Dane verimi (g)	15.2±0.86	13.9±0.72	24.3±0.74	26.2±0.71	29.9±2.68	16.3±0.58	15.7±0.55	16.2±0.85	21.9±0.37	1-79.0
100-dane ağırlığı (g)	46.9±0.31	27.4±0.34	42.4±0.38	41.4±0.39	40.5±1.48	38.5±0.45	39.3±0.47	37.7±0.78	40.7±0.21	7.0-64.0
Biyolojik verim (g)	39.0±2.01	29.5±1.57	50.4±1.37	54.1±1.29	60.6±4.35	38.7±1.27	38.3±1.18	39.0±1.66	47.3±0.68	4.1-147.0
Hasat indeksi (%)	38.4±0.27	47.5±0.33	46.1±0.59	46.8±0.56	49.2±2.22	41.1±0.47	39.9±0.51	40.4±0.76	44.3±0.29	0.4-62.4

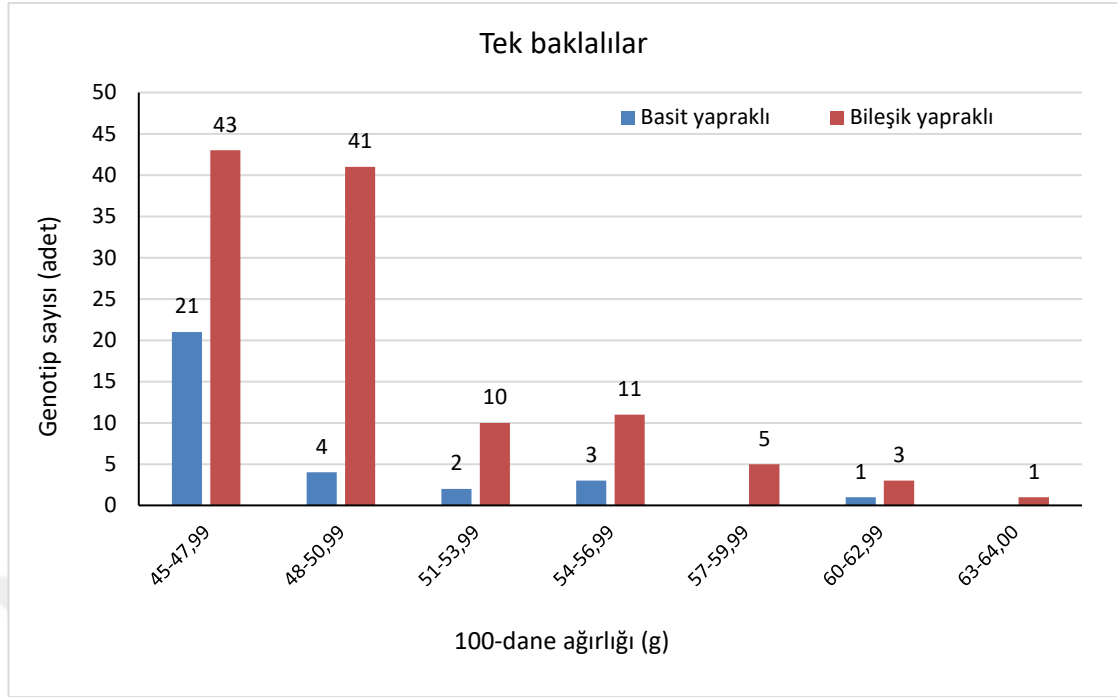
4.3. F₃ Popülasyonunda Genotiplerin 100-Dane Ağırlığı

F₃ popülasyonuna ait genotipler 100-dane ağırlığına göre değerlendirilmiş ve elde edilen sonuçlar Şekil 4.2’de verilmiştir. Genotipler arasında, F₃ popülasyonundaki 209 hattın, iri daneli ebeveyn Sierra (47 g)’dan daha yüksek 100-dane ağırlığına sahip olduğu bulunmuştur (Şekil 4.2).

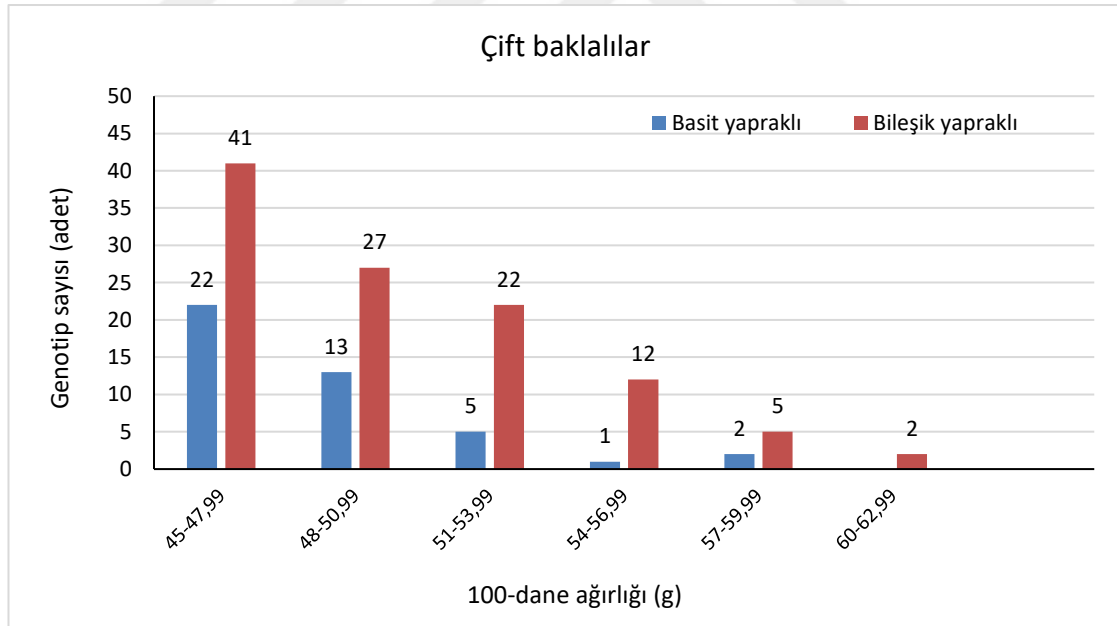


Şekil 4.2. F₃ popülasyonundaki genotiplerin 100-dane ağırlığına göre dağılımı

F₃ popülasyonunda 100-dane ağırlığı dikkate alınarak değerlendirildiğinde 45 g üzeri 298 hat belirlenmiştir. Bunlardan 146’sı tek çiçekli iken 152’si çift çiçeklidir. Tek çiçekli gruplarda 114’ü bileşik ve 32’si basit yapraklara sahip iken çift çiçeklilerde 109’u bileşik ve 43’ü basit yapraklı olarak belirlenmiştir.(Şekil 4.3 ve 4.4).



Şekil 4.3. F₃ popülasyondaki tek baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri genotiplerin yaprak şekline bağlı olarak 100-dane ağırlığına göre dağılımı



Şekil 4.4. F₃ popülasyondaki çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri genotiplerin yaprak şekline bağlı olarak 100-dane ağırlığına göre dağılımı

Tek ve çift çiçekli genotiplerde iri daneli nohutlara (Ebeveyn “Sierra” kadar iri), basit yapraklılardan daha fazla sayıda bileşik yapraklılarda belirlenmiştir (Şekil 4.3 ve 4.4). Tek baklalı grup birlikte değerlendirildiğinde; 19 genotip, 100-dane ağırlığı 55 g ve üzeri olup bunlardan en yüksek 100-dane ağırlığı 64 g olan bir hat belirlenmiştir (Şekil 4.3). Çift baklalı grup birlikte değerlendirildiğinde; aynı 100-dane ağırlığı

grubunda 18 hat ve en yüksek 100-dane ağırlığı 62.5 g olan bir hat belirlenmiştir (Şekil 4.4 ve 4.5).



(a)

(b)

(c)

Şekil 4.5. a) F₃ popülasyonunda çift baklalı, bileşik yapraklı ve 100-dane ağırlığı 62.5 g olan bir genotipin tohumları **b)** CA 2969 (çift baklalı, bileşik yapraklı ve 100-dane ağırlığı 27.4 g) ve **c)** Sierra (tek baklalı, basit yapraklı ve 100-dane ağırlığı 47.0 g)

4.4. Tarımsal ve Morfolojik Özelliklerin 100-Dane Ağırlığı ile İlişkileri

F₃ popülasyonunda, tarımsal ve morfolojik özelliklerin 100-dane ağırlığı üzerindeki doğrudan ve dolaylı etkilerinin analiz edilmesi veya değerlendirilebilmesi için path analizine ait katsayılar Çizelge 4.3’de verilmiştir. Yapılan Path analizi sonucu, dane sayısının ($p = -1.745^*$), biyolojik verimin ($p = 1.281^*$), dane veriminin ($p = 1.116^*$), bakla sayısının ($p = -0.645^*$), hasat indeksinin ($p = 0.407^*$) bitki boyunun ($p = 0.079^*$), dal sayısının ($p = -0.069^*$) ve yaprak şeklinin ($p = -0.044^*$) 100-dane ağırlığı üzerinde en yüksek doğrudan etkiye sahip olduğu belirlenmiştir. Biyolojik verim, dane verimi, hasat indeksi ve bitki boyu 100-dane ağırlığı üzerinde doğrudan önemli bir pozitif etki belirlenirken, bitkide dane, bakla, dal sayısı ve yaprak şekli 100-dane ağırlığı üzerinde önemli fakat olumsuz (negatif) yönde bir etkiye sahiptir (Çizelge 4.3). Hasat indeksi, 100-dane ağırlığına dane verimi üzerinden en yüksek dolaylı etkiye ($p = 2.193^*$) sahip bulunmuştur. Benzer şekilde, 100-dane ağırlığına biyolojik verim üzerinden en yüksek dolaylı etkiye sahip özellik ($p = -1.734^*$) hasat indeksidir (Çizelge 4.3). 100-dane ağırlığına dane verimi üzerinden biyolojik verim ($p = 1.134^*$) önemli dolaylı pozitif etkisi belirlenmiş, yaprak şeklinin ($p = -1.004^*$) ise önemli ama olumsuz (negatif) bir dolaylı etkisi olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan biyolojik verim ($r = 0.350^{**}$) ve dane verimi ($r = 0.247^{**}$) özelliklerinin 100-dane ağırlığı ile en yüksek pozitif ve önemli korelasyon katsayısına sahip olduğu belirlenmiştir. Bunun yanı sıra yaprak şekli ($r = -0.210^{**}$) ve ilk çiçeklenme gün sayısı ($r = -0.174^{**}$) ile 100-dane ağırlığı arasında da önemli ve negatif bir korelasyon bulunmuştur (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. 100-dane ağırlığına tarımsal ve morfolojik özelliklerin doğrudan (kalın) ve dolaylı (normal) etkilerinin path (p) ve korelasyon (r) katsayıları

Özellikler	YŞ	ÇS	İÇ	YÇ	BB	DS	İBY	TG	BS	TDS	DV	BV	HS	Korelasyon
Yaprak şekli (YŞ)	-.044*	.022	-.092*	.016	.508*	.172*	-.061*	-.478*	.831*	-.023	-1.004*	.063	.016	-0.210**
Çiçek sayısı (ÇS)	.042	.021	-.061	.161*	.151*	-.009	.034	.033	-.371*	.795*	-.439*	.055	-.016	-0.069*
İlk çiçeklenme tarihi (gün) (İÇ)	-.039*	-.014	-.008	.850*	-.007	-.005	.034*	-.052*	-.049	.153*	-.165*	-.025	.022	-0.174**
%50 çiçeklenme tarihi (gün) (YÇ)	.007	.038*	.890*	-.041	-.038*	-.003	.000	.005	.127*	-.124*	.030	.032	-.014	-0.147**
Bitki boyu (BB)	.508*	.080*	-.017	-.085*	.079*	.038	.307*	.295*	-.436*	.188*	.001	.313*	.000	-0.118**
Dal sayısı (DS)	.207*	-.006	-.015	-.008	.045	-.069*	.042*	.397*	-.014	.366*	-.400*	.362*	-.145*	0.050
İlk bakla yüksekliği (İBY)	-.096*	.028	.128*	-.001	.482*	.055*	.023	.011	-.450*	.086	.083	.077	.055	0.091**
Taç genişliği (TG)	-.324*	.012	-.084*	.007	0.200*	0.223*	.005	-.022	-.088	.376*	-.543*	.688*	.138*	0.231**
Bakla sayısı (BS)	.052*	-.012*	-.007	.018*	-.027*	-.001	-.018*	-.008	-.645*	.681*	.182*	.157*	.014	0.088**
Dane sayısı (TDS)	-.002	.029*	.025*	-.019*	.013*	.021*	.004	.038*	.751*	-1.745*	.453*	-.259*	-.019*	0.036
Dane verimi (DV)	-.043*	-.010*	-.017*	.003	.000	-.014*	.002	-.034*	.125*	.282*	1.116*	.535*	.170*	0.247**
Biyolojik verim (BV)	.006	.003	-.005	.007	.028*	.027*	.004	.092*	.229*	-.342*	1.134*	1.281*	-.286*	0.350**
Hasat indeksi (HS)	.009	-.005	.029	-.017	.000	-.066*	.019	.112*	.125	-.150*	2.193*	-1.734*	.407*	0.071*

F₃ popülasyonundan 100-dane ağırlığına göre seçilen çift baklalı 152 genotip için faktör analizi yapılmış, üç faktör toplam varyansın %69.8'ini açıklamıştır. Faktör 1, 2 ve 3 toplam varyansın sırasıyla %39 'unu, %16.8'ini ve %14'ünü açıklamaktadır. Faktör 1, pozitif etkiye neden olan dane verimi, bakla sayısı, dane sayısı, biyolojik verim ve taç genişliğini içermektedir. Faktör 2'de bitki boyu, ana dal sayısı ve ilk bakla yüksekliği pozitif etkiye neden olurken, hasat indeksi ise negatif etkiye neden olan bu gruba temsil etmektedir. Faktör 3'de, %50 çiçeklenme ve ilk çiçeklenme gün sayısı pozitif etkiye neden olurken 100-dane ağırlığı üzerine negatif etkiye neden olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.4. Çift baklalı ve 45 g üzeri 100-dane ağırlığına sahip 152 genotipin tarımsal morfolojik özelliklerinin faktör etkileri ve oransal ortak etken varyans (communality)

Özellikler	Faktörler			
	1	2	3	Communality
Dane verimi	0.971	-0.075	0.135	0.967
Bakla sayısı	0.967	-0.091	0.156	0.968
Dane sayısı	0.962	-0.110	0.182	0.973
Biyolojik verim	0.894	0.289	-0.100	0.928
Taç genişliği	0.643	0.400	-0.093	0.627
Bitki boyu	0.039	0.632	0.081	0.725
Dal sayısı	0.428	0.624	-0.083	0.583
Hasat indeksi	0.534	-0.562	0.355	0.806
İlk bakla yüksekliği	-0.216	0.557	0.275	0.688
%50 çiçeklenme tarihi	-0.199	0.257	0.741	0.829
İlk çiçeklenme tarihi	-0.323	0.272	0.732	0.814
100-dane ağırlığı	0.042	0.442	-0.528	0.637
Varyans (%)	38.972	16.842	13.949	69.763

F₃ popülasyonundan 100-dane ağırlığına göre seçilen 152 genotip için, ilk çiçeklenme ve %50 çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, ana dal sayısı, ilk bakla yüksekliği, taç genişliği, bakla sayısı, dane sayısı, dane verimi ve hasat indeksi için dar anlamda kalıtım derecesi sırasıyla 78, 70, 74, 48, 55, 49, 37, 48, 54, 35 ve 46 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.5). 100-dane ağırlığı için kalıtım derecesi $h^2 = 81$ olarak saptanmıştır. Bu popülasyonda, 100-dane ağırlığının kalıtım modeli poligenik ve birkaç gen tarafından yönetildiği tespit edilmiştir (Şekil 4.2).

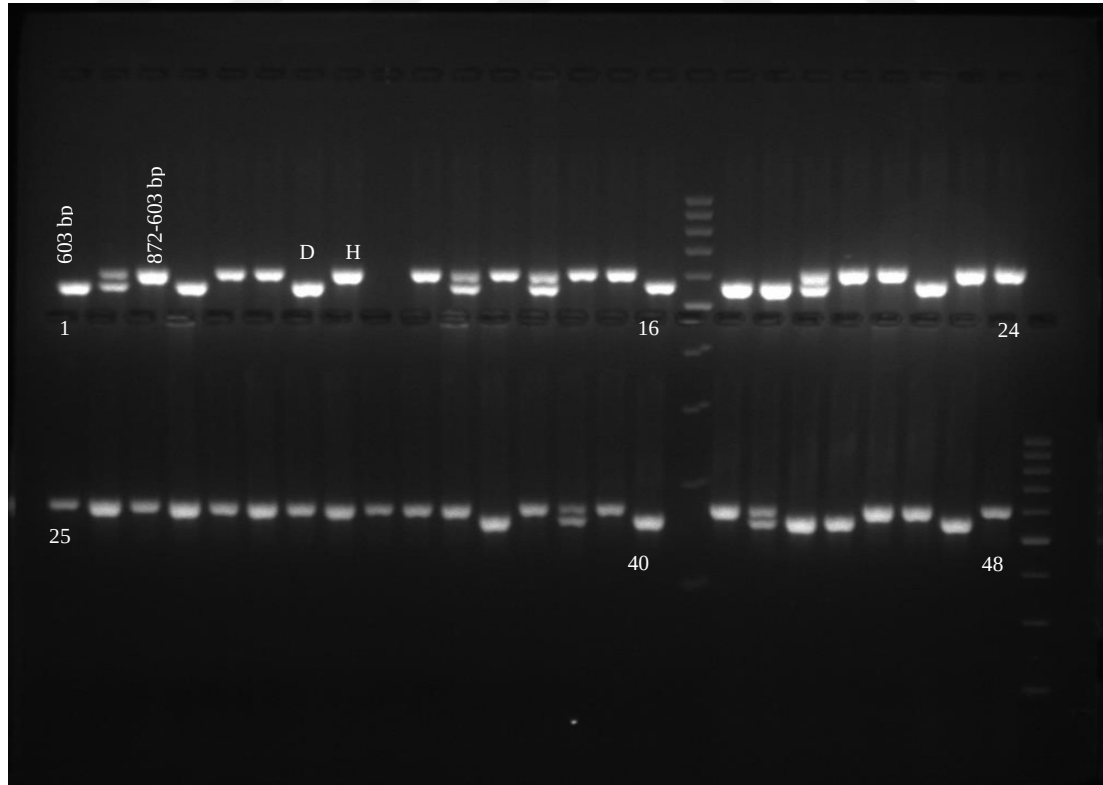
Çizelge 4.5. Çift baklalı ve 100-dane ağırlığı 45 g üzeri 152 genotip için tarımsal morfolojik özelliklerin dar anlamda kalıtım dereceleri (h^2)

Özellikler	h^2	Özellikler	h^2	Özellikler	h^2
İlk çiçeklenme tarihi	78	İlk bakla yüksekliği	55	Dane verimi	54
%50 çiçeklenme tarihi	70	Taç genişliği	49	Biyolojik verim	35
Bitki boyu	74	Bakla sayısı	37	100-dane ağırlığı	81
Dal sayısı	48	Dane sayısı	48	Hasat indeksi	46

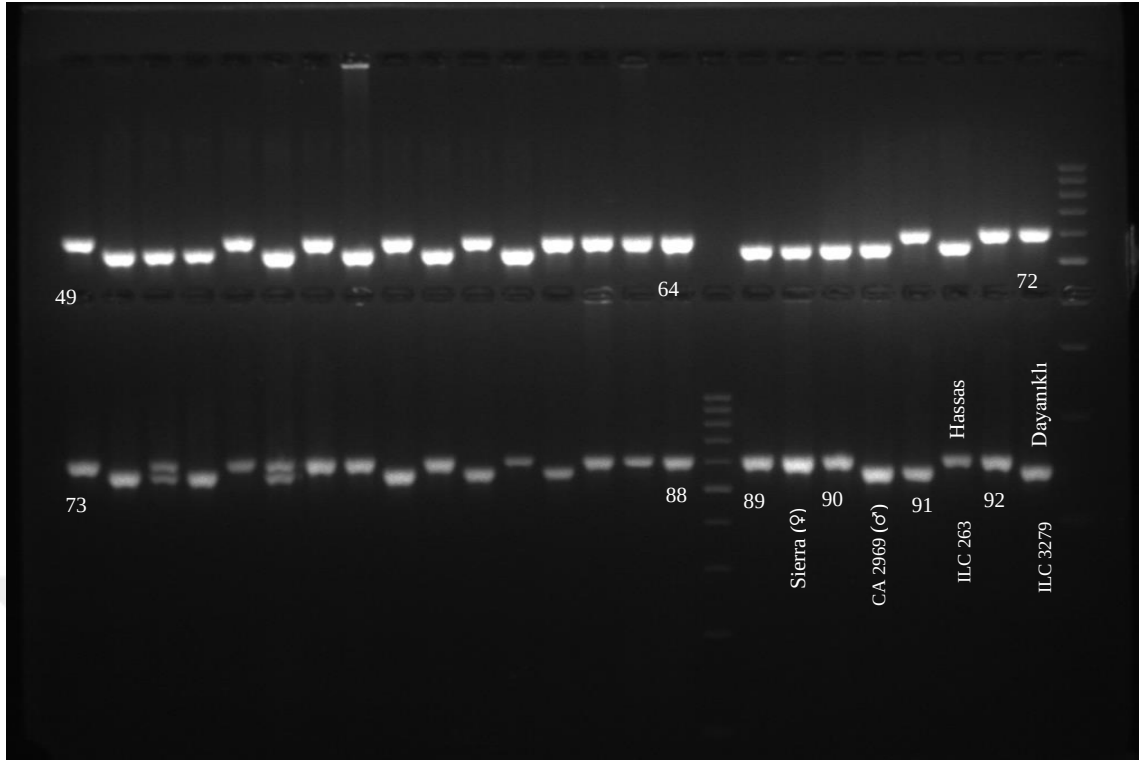
4.5. Yanıklık Hastalığına Dayanıklılığın Moleküler Markörlerle Belirlenmesi

Yürütülen çalışma kapsamında bir SCAR (SCY17₅₉₀), üç STMS (GAA47, TS45 ve TA80) ve bir ASAP (CaETR-1) markörü çift baklalı ve 45 g üzeri 100-dane ağırlığına sahip 152 F₄ kademesine aktarılmış genotiplerin ve ebeveynlerinde (Sierra ve CA 2969), nohut yanıklık hastalığına reaksiyonlarının (dayanıklı/hassas) moleküler olarak belirlenmesi için kullanılmıştır. Çalışmada doğru bir skorlama yapılabilmesi için, ICARDA tarafından hastalığa dayanıklı (ILC 3279) ve hassas (ILC 263) olarak rapor edilmiş iki nohut genotipi dayanıklı ve hassas kontrol olarak kullanılmıştır. Yürütülen çalışma kapsamında kullanılan genotiplerden elde edilen DNA'lar ile yapılan PCR çalışmaları sonucu elde edilen bant profilleri, kullanılan her bir markörün daha önce yapılmış çalışmalarında (Iruela vd. 2006; Madrid vd. 2013) belirlenen dayanıklı ve hassas bant profilleri dikkate alınarak skorlanmıştır. Skorlamalarda “0” hassas, “1” dayanıklı ve “H” heterozigot bant profilini ifade etmektedir.

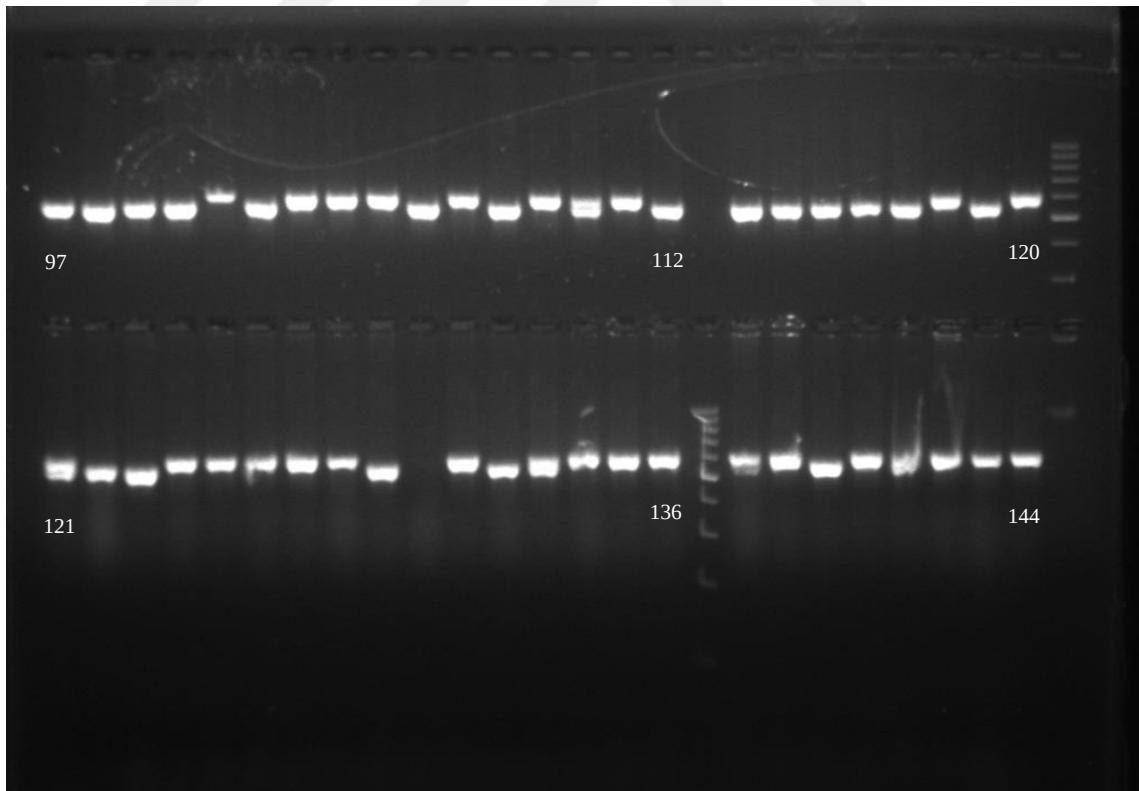
Çalışmalarda kullanılan markörlerden SCY17₅₉₀ için Iruela vd. (2006) tarafından yürütülen çalışmada agaroz jel üzerinde 603 bp'de bant veren genotipleri yanıklık hastalığına dayanıklı, 872-603 arası bant verenleri ise hassas olarak karakterize edilmiştir. Bu bant boyutlarına göre materyalde skorlama yapılmıştır (Çizelge 4.6). Skorlama sonuçlarına göre kontrol olarak kullanılan ILC 3279 dayanıklı ve ILC 263 ise hassas bant kısmında gözlenmiştir (Şekil 4.7). Ebeveynlerden CA 2969 dayanıklı, Sierra ise hassas olarak değerlendirilmiştir (Şekil 4.7). 152 F₄ kademesi genotipinin 54'ü dayanıklı, 11'i heterozigot ve 85'i hassas olarak karakterize edilmiş ve 2 genotipte ise jel görüntüsünde bant gözlenmemiştir (Şekil 4.6 ve Şekil 4.8).



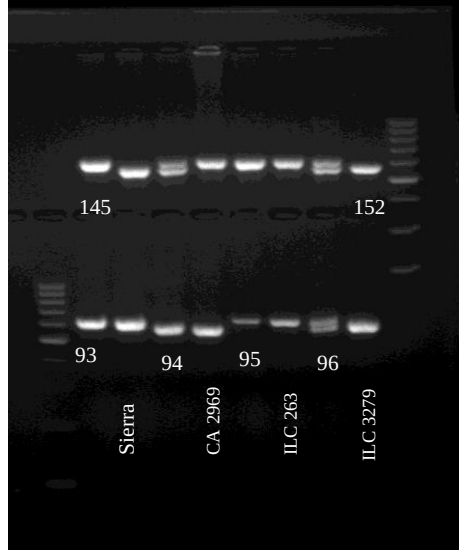
Şekil 4.6. SCY17₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 1-48 genotipler



Şekil 4.7. SCY17₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 49-92 genotipler

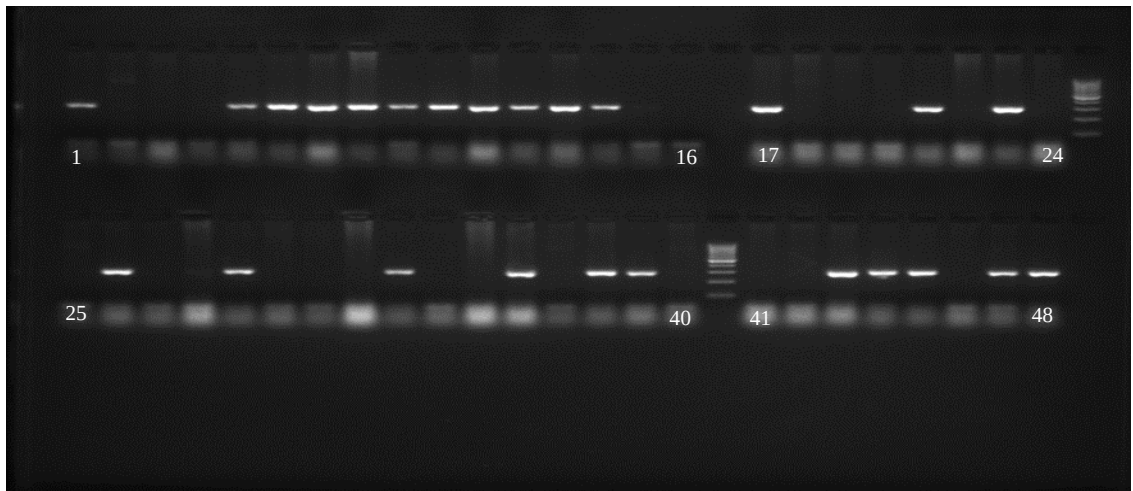


Şekil 4.8. SCY17₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jelde görüntüsü. 97-144 genotipler

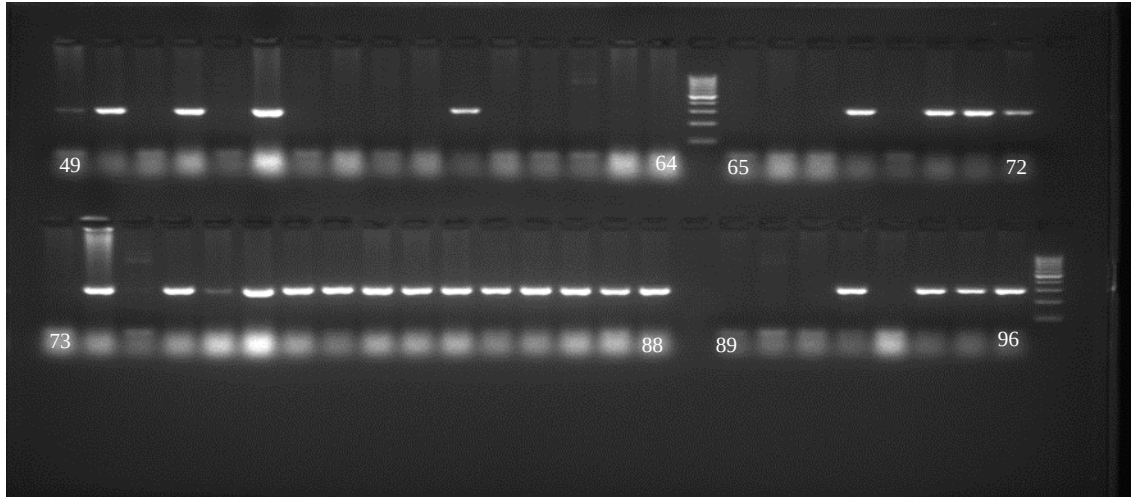


Şekil 4.9. SCY17₅₉₀ markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. Üst:145-152, alt: 93-96 genotipler

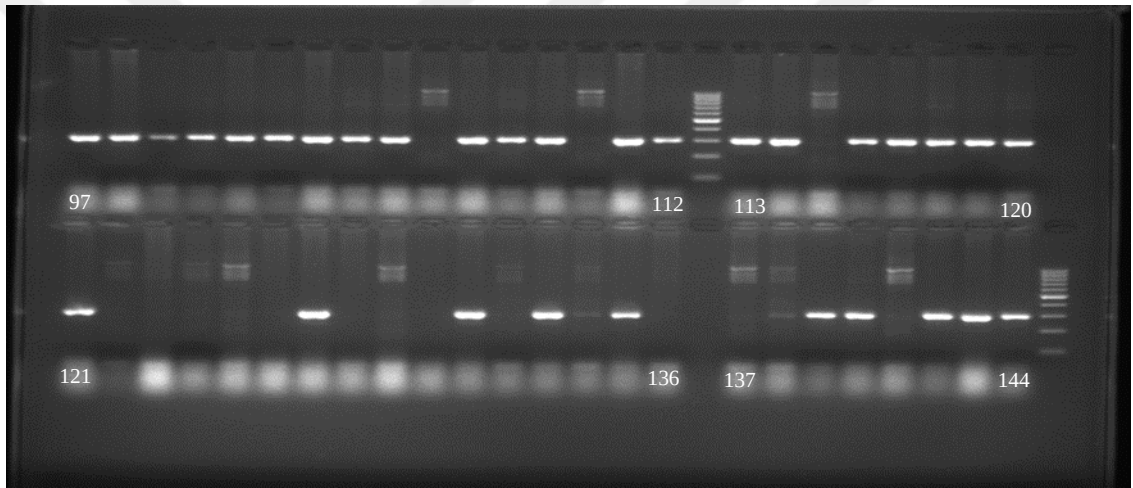
Moleküler tarama için kullanılan bir diğer markör, Madrid vd. (2013) tarafından geliştirilen nohut yanıklık hastalığına karşı dayanıklılığın belirlenmesinde allele özgü ilişkili primer (ASAP) olan CaETR-1'dir. Bu markörün iki reverse primeri (Rev-1 ve Rev-2) mevcut olup yürütülen çalışma kapsamında reverse-1 kullanılmıştır. Madrid vd. (2013) CaETR-1 markörünün iki farklı boyutta bant tespit edilebildiği ve dayanıklı reaksiyon belirlenen bandın 1034 bp'de, hassas reaksiyon belirlenen bandın ise 304 bp'de bant oluşturduğunu bildirmişlerdir. CaETR-1 markörü için yapılan PCR çalışması sonucunda bu bant profillerine göre skorlama yapılmıştır. Yapılan skorlama sonuçlarına göre, ILC 3279 genotipinde dayanıklı reaksiyon bandı gözlenirken ILC 263 genotipinde hassas reaksiyon bandı gözlenmiştir (Şekil 4.11). Ebeveynlerde ise, Sierra 1034 bp bandı gözlenerek dayanıklı, CA 2969, 304 bp'de bant vererek hassas olarak skorlanmıştır (Şekil 4.13). Çalışmanın yürütüldüğü, 152 genotipten 27'si dayanıklı, 17'si heterozigot ve 105'i hassas olarak belirlenmiştir (Şekil 4.10-4.14). Üç (3) genotipte ise tekrarlanan analizlere rağmen bant gözlenememiştir (Çizelge 4.6).



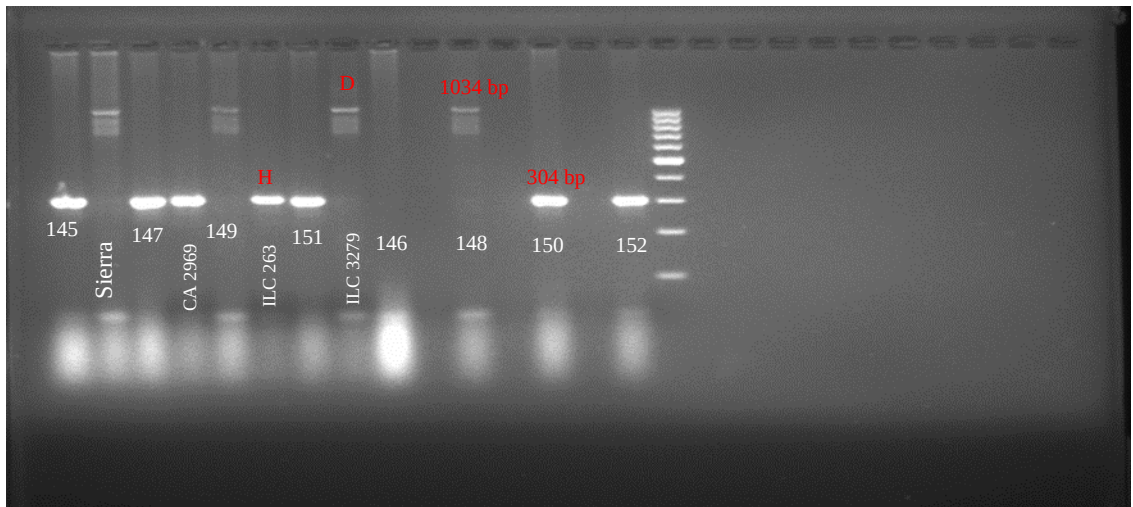
Şekil 4.10. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 1-48 genotipler



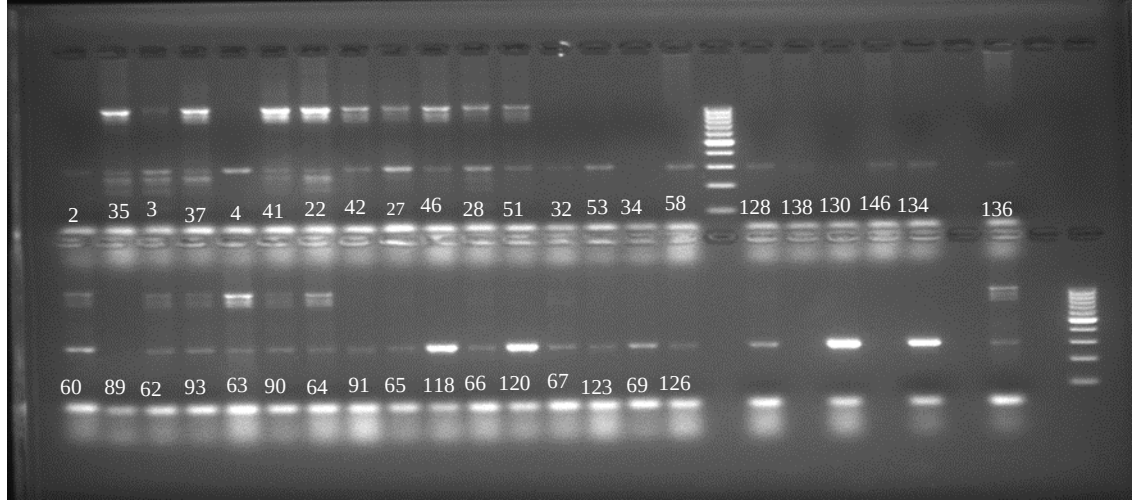
Şekil 4.11. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 49-96 genotipler



Şekil 4.12. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. 97-144 hatlar



Şekil 4.13. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. Sırasıyla 145, 147, 149, 151, 146, 148, 150 ve 152 genotipler



Şekil 4.14. CaETR-1 markörü ile yapılan PCR sonrası agaroz jel görüntüsü. Şekil 4.10-4.13 görüntülerinde bant gözlenemeyen 38 genotipe ilişkin tekrar edilen PCR sonucu bant görüntüleri

SCY17₅₉₀ ve CaETR-1 markörleri nohut genetik haritasında bağlantı grubu 4 (LG4) üzerinde sırasıyla QTL_{AR2} ve QTL_{AR1} ile ilişkilendirilmiştir. Bu bağlamda üzerinde çalışılan nohut popülasyonunda dayanıklılıkla ilişkili her iki QTL'i birlikte içeren toplam 14 hat gözlenmiştir (Çizelge 4.6). Bunlardan 9'u her iki markör skorlamasında dayanıklı olarak belirlenmiştir. Geriye kalan beşinde ise iki hatta QTL_{AR2}'yi heterozigot QTL_{AR1}'i homozigot; diğer ikisinde de QTL_{AR1}'i heterozigot QTL_{AR2}'yi homozigot ve bir hatta her iki QTL'yi heterozigot olarak dayanıklı olarak değerlendirilmiştir (Çizelge 4.6). 100-dane ağırlığı 50-60 g arasında olup her iki markör için de dayanıklı olarak 6 hat bulunmuştur (Çizelge 4.6). Diğer taraftan sadece SCY17₅₉₀ marköründe dayanıklı olarak bulunan bir genotipin 100-dane ağırlığı 62.5 g olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. Nohut yanıklık hastalığı ile ilişkilendirilmiş iki marköre (SCY 17₅₉₀ ve CaETR-1) göre F₄ genotipleri, ebeveynleri ve kontrol genotiplerinin skorları

Genotip no/adı	SCY17 ₅₉₀ (QTL _{AR2})	CaETR-1 (QTL _{AR1})	100-dane ağırlığı (g)	Genotip no/adı	SCY17 ₅₉₀ (QTL _{AR2})	CaETR-1 (QTL _{AR1})	100-dane ağırlığı (g)
1	1	0	47,57	79	0	0	53,75
2	H	0	45,50	80	0	0	49,83
3	0	H	52,50	81	1	0	50,20
4	1	0	51,50	82	0	0	49,60
5	0	0	50,00	83	1	0	51,60
6	0	0	54,00	84	0	0	45,72
7	1	0	53,40	85	1	0	47,71
8	0	0	56,70	86	0	0	45,80
9	N/A	0	50,33	87	0	0	46,50
10	0	0	47,75	88	0	0	45,80
11	H	0	52,30	89	0	N/A	55,00

Çizelge 4.6.'nın devamı

Genotip no/adı	SCY17 ₅₉₀ (QTL _{AR2})	CaETR-1 (QTL _{AR1})	100-dane ağırlığı (g)	Genotip no/adı	SCY17 ₅₉₀ (QTL _{AR2})	CaETR-1 (QTL _{AR1})	100-dane ağırlığı (g)
12	0	0	54,00	90	0	H	46,12
13	H	0	51,20	91	1	0	50,60
14	0	0	48,43	92	0	0	61,33
15	0	0	50,40	93	0	H	55,00
16	1	1	51,40	94	1	0	46,66
17	1	0	47,28	95	0	0	46,80
18	1	1	59,80	96	H	0	46,75
19	H	1	45,67	97	1	0	46,40
20	0	1	48,33	98	1	0	49,33
21	0	0	46,33	99	1	0	52,33
22	1	H	45,71	100	1	0	45,66
23	0	0	57,00	101	0	0	50,40
24	0	1	46,83	102	1	0	47,72
25	0	1	45,67	103	0	0	45,25
26	0	0	53,80	104	0	0	57,75
27	0	H	45,90	105	0	0	49,75
28	0	H	45,87	106	1	1	46,20
29	0	0	52,57	107	0	0	57,66
30	0	1	47,67	108	1	0	50,20
31	0	1	46,33	109	0	0	47,00
32	0	0	52,50	110	0	1	45,00
33	0	0	50,00	111	0	0	55,00
34	0	N/A	56,33	112	1	0	49,20
35	0	H	46,14	113	1	0	50,25
36	1	0	47,00	114	1	0	53,25
37	0	H	46,25	115	1	1	56,60
38	H	0	49,75	116	1	0	47,00
39	0	0	59,30	117	1	0	47,50
40	1	1	57,50	118	0	0	46,00
41	0	H	45,57	119	1	0	49,70
42	H	H	46,85	120	0	0	58,50
43	1	0	45,57	121	1	0	49,75
44	1	0	45,57	122	1	1	46,80
45	0	0	47,60	123	1	0	50,25
46	0	H	51,14	124	0	1	49,87
47	1	0	47,72	125	0	1	50,60
48	0	0	48,86	126	0	0	48,20
49	0	0	50,40	127	0	0	50,60
50	1	0	49,75	128	0	0	47,60
51	1	H	56,00	129	1	1	46,80

Çizelge 4.6.'nın devamı

Genotip no/adı	SCY17 ₅₉₀ (QTL _{AR2})	CaETR-1 (QTL _{AR1})	100-dane ağırlığı (g)	Genotip no/adı	SCY17 ₅₉₀ (QTL _{AR2})	CaETR-1 (QTL _{AR1})	100-dane ağırlığı (g)
52	1	0	47,17	130	N/A	N/A	50,16
53	0	0	46,67	131	0	0	49,50
54	1	0	50,25	132	1	1	50,20
55	0	1	49,80	133	1	0	52,75
56	0	1	55,67	134	0	0	48,16
57	1	1	46,70	135	0	0	53,00
58	0	0	52,00	136	0	0	45,50
59	1	0	53,25	137	0	1	53,00
60	0	H	48,40	138	0	0	51,60
61	0	1	47,85	139	1	0	49,60
62	0	H	54,00	140	0	0	45,50
63	0	H	51,20	141	0	1	45,00
64	0	H	47,40	142	0	0	45,83
65	1	0	62,50	143	0	0	45,80
66	1	0	45,50	144	0	0	51,00
67	1	0	56,50	145	0	0	53,60
68	1	0	47,50	146	1	0	49,75
69	0	0	53,00	147	H	0	50,20
70	1	0	49,90	148	0	1	47,13
71	0	0	54,67	149	0	1	49,75
72	0	0	51,00	150	0	0	45,20
73	0	1	46,30	151	H	0	46,20
74	1	0	45,00	152	1	0	48,00
75	H	1	48,80	Sierra	0	1	47,00
76	1	0	52,40	CA 2969	1	0	27,00
77	0	0	53,30	ILC 263	0	0	40,90
78	H	0	45,20	ILC 3279	1	1	27,50

1: Dayanıklı, 0: Hassas, H: Heterozigot, N/A: Amplifikasyon yok

GAA47, TS45 ve TA80 markörleri %3'lük agaroz jelde bantlar arasında ayırım gözlenemediği için bu kısımda verilememiştir (EK-1).

5. TARTIŞMA

F₁ kademesindeki tüm döllerin, baba ebeveyn CA 2969'da olduğu gibi bileşik yapraklara ve çiçek salkımında tek bir çiçeğe sahip olduğu belirlenmiş olup bu özelliklerin basit yaprak ve çift çiçek üzerine dominat olduğu tespit edilmiştir (Prof. Dr. Cengiz TOKER ile kişisel görüşme: 2019, Antalya). F₂ popülasyonu 9 (tek çiçekli ve bileşik yapraklı): 3 (tek çiçekli ve basit yapraklı): 3 (çift çiçekli ve bileşik yapraklı): 1 (çift çiçekli ve basit yapraklı) açılımına uygun bulunmuştur (Kivrak vd. 2020). F₃ popülasyonunda da yaprak şekli ve yaprak koltuğunda bulunan çiçek sayısı özellikleri için genetik açılmalar devam etmiştir. Mevcut çalışmada, kültür nohudunda yaprak şeklinin kalıtımı daha önceki yapılmış çalışmaları doğrulamaktadır (Rao vd. 1980; Muehlbauer ve Singh 1987; Pundir vd. 1990; Danehloueipour vd. 2008; Toker vd. 2012). Yürütülen çalışma sonucunda, çift çiçeklilik ya da baklalılık özelliği resesif tek gen (*s* ya da *sfl*) ile kontrol edildiği şeklinde yorumlanmıştır (Muehlbauer ve Singh, 1987; Rubio vd. 1998; Kumar vd. 2000; Yasar vd. 2014). Çift baklalılık özelliğine sahip F₂ ve F₃ popülasyonlarındaki genotipler seçildikten sonra, tek bir resesif gen (Muehlbauer ve Singh 1987) tarafından kontrol edildiği için bu özelliğin sonraki generasyonlarda açılım göstermesi beklenilmemektedir.

Genetik çalışmalar, transgresif açılmaların çoğunlukla aynı yönde etkileri olan her iki ebeveyn den gelen allel kombinasyonlarının ortaya çıkmasından kaynaklandığını göstermiştir (tamamlayıcı gen etkisi) (de Vicente ve Tanksley 1993; Rieseberg vd. 1999). Her iki ebeveynin de 'istenilen' veya 'istenilmeyen' alelleri birleştiren melez bireylerin üstün (beklenilmeyen ya da aşırı) fenotipler göstermesi olasılık olarak mümkündür. F₃ popülasyonunda tüm tarımsal ve morfolojik özellikler (Çizelge 4.2) ve 100-dane ağırlığı (Şekil 4.2) için transgresif açılımlar belirlenmiştir. Toplam 209 genotip, 100-dane ağırlığı 47 g olan en iyi ebeveyn Sierra'dan daha fazla 100-dane ağırlığında olduğu belirlenmiş olup, bunlardan da 131 genotipin 50 g ve üzeri 100-dane ağırlığında olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.2). Yine bu 131 genotipin bir kısmının çift bakla ve 62.5 g kadar beklenilenden daha iri dane oluşturabildiği tespit edilmiştir (Şekil 4.4). Transgresif açılmaların, genlerin tamamlayıcı etkisinden ve ebeveynlerde baskılanmış resesif genlerin gen ifadesinden/aktivitesinden (ekspresyonundan) kaynaklandığı düşünülmüştür. Transgresif açılmalar özellikle yabancı kökenli bitkilerle melezlemelerde ortaya çıkmaktadır (de Vicente ve Tanksley 1993; Koseoglu vd. 2017; Adak vd. 2017; Singh vd. 2018; Ceylan vd. 2019). Ümitvar nohut genotipleri olarak, çift veya çok bakla içeren ekstra iri daneli genotipler F₃ kademesinde belirlenmiştir (Şekil 4.4). Çift baklalılık özelliğinin farklı bir arka planda (background) epistatik etkisinin sonuçları olarak, bazı genotiplerde çok çiçeklilik (ikiden fazla çiçek) veya baklalılık gözlenmiştir (Şekil 4.1). Tek baklalı genotipler çift ve çok baklalılardan daha iri daneleri olduğu yapılan ölçümler sonucu belirlenmiştir. Diğer taraftan çift ve çok baklalı genotipler daha yüksek dane verimi, bakla ve dane sayısının olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Üçlü çiçekli olma özelliği (*sfl*^l) kültür nohudunda tek bir resesif gen tarafından kontrol edilmektedir (Srinivasan vd. 2006). Çift çiçekli olma özelliği (*sfl*^d) üçlü çiçekli olma özelliği üzerine dominant olup bu lokustaki bu allelerin baskınlık ilişkisi *Sfl* (tek çiçek) > *sfl*^d (çift çiçek) > *sfl*^l (üçlü çiçek) olduğu rapor edilmiştir (Srinivasan vd. 2006). Yapılan gözlemler çalışma materyalinde de benzer bir ilişkinin olduğunu belirlendiği için yürütülen çalışma ile bu çalışma bu kapsamda örtüşmektedir. Çalışmamızda üçlü çiçeklerin oluşumu yanında bir yaprak koltuğunda

dörtlü ve beşli çiçek oluşumu da gözleendiği için “çok çiçekli” tanımı üretilmiştir (Şekil 4.1). Dörtlü ve beşli çiçek oluşumu gözlenen genotipler incelendiğinde “üçlü çiçeklerle” beraber bu oluşumlar gözlenmektedir. Dörtlü veya beşli çiçek oluşumunun da *sfl* alleline dahil olabileceği yorumu yapılmıştır. Ayrıca çok çiçeklilik alleleri, bileşik yapraklılarla basit yapraklı genotiplerle karşılaştırıldığında, basit yapraklı genotiplerde daha fazla fenotipik olarak ifade edilebildiği belirlenmiştir. Ancak basit yapraklı genotiplerde “üçüncü çiçek bakla bağlamadığı” belirlerlenirken bileşik yapraklı genotiplerde çok çiçekli bitkilerde bakla bağlama oransal olarak daha yüksek olduğu gözlenmiştir (Şekil 4.1).

Bileşik yaprağa sahip genotipler, basit yapraklı genotiplerden daha fazla dane veriminin olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Bu sonuç Abbo vd. (2013)’nin bileşik yaprağa sahip nohuttaki bulguları ile benzerlik göstermektedir. Ayrıca, bileşik yapraklı genotiplerin basit yapraklı genotiplerden daha fazla 100-dane ağırlığı, bakla ve dane sayısı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.2). Bileşik yapraklı genotiplerin basit yapraklı genotiplerle karşılaştırıldığında daha fazla dane verimi ve iri dane boyutu daha geniş fotosentez alanından ileri gelebileceği düşünülmektedir (Şekil 4.1). Abbo vd. (2013), nohutun bileşik yaprağa sahip genotiplerde hem düşük hem de yüksek ekim sıklıklarında daha yüksek yaprak alanı endekslerine ulaştığını belirtmiştir. Bu bağlamda iki çalışmanın sonuçları benzerlik göstermektedir.

Path analizi, fenolojik, tarımsal ve morfolojik özelliklerin 100-dane ağırlığı üzerine doğrudan ve dolaylı etkilerini açıklamak için yapılmıştır. Biyolojik verimin, dane veriminin, hasat indeksinin ve bitki boyunun 100-dane ağırlığını artırmanın önemli konuları olabileceği path analizi ile belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Yaprak şekli dikkate alınarak 100-dane ağırlığı için seleksiyon yapılması durumunda, bu özelliğin dane boyutunu önemli ama olumsuz doğrudan bir etkiye sahip olduğu ve aynı şekilde negatif yüksek korelasyon olduğu path analizi ile ortaya konulmuştur. Yürütülen çalışma kapsamında, popülasyonda bileşik ve basit yapraklı genotipler, bileşik yapraklı genotipler arasında iri daneli genotiplere daha fazla rastlanabileceği göstermektedir (Çizelge 4.2 ve Şekil 4.3-4.4). Ayrıca, ilk çiçeklenme gün sayısı ile 100-dane ağırlığı arasında negatif önemli korelasyon saptanmıştır (Çizelge 4.3). 100-dane ağırlığının belirlenmesinde bir etken olarak geç çiçeklenmenin, dane boyutunda artışa sebep olacağı öngörüsü yapılmıştır. Bir diğer ifade ile geç çiçeklenen genotiplerin daha yüksek 100-dane ağırlığına sahip olduğu belirlenmiştir.

Çok değişkenli bir istatistiksel analiz olan faktör analizi, birçok ilişkili özelliği birkaç ana faktöre indirgeyerek veri setlerinin boyutsallığını azaltmak için tasarlanmıştır (Godshalk ve Timothy 1988). Faktör analizine göre; birinci faktör içerisinde dane verimi, bakla sayısı, dane sayısı, biyolojik verim ve taç genişliğinin bulunduğu ve bu popülasyonda bunlardan birinin diğerlerini temsil ettiği sonucuna ulaşılmıştır. Birinci faktörde bildirilen bu özelliklerden herhangi birisinin özelliklerin etkileri de dikkate alındığında birbirini olumlu yönde teşvik ettiği/gelişimini sağladığı belirlenmiştir (Çizelge 4.4). Dane verimi yüksek genotiplerin; bakla ve dane sayısının, biyolojik veriminin ve taç genişliğinin daha fazla olduğu anlamını taşımaktadır. Bitki boyu, dal sayısı ve ilk bakla yüksekliği artı etki ve hasat indeksi eksi (negatif) etki değeriyle ikinci faktöre dahil edilmiştir. Hasat indeksi bu özellikler ile aksi yönlü etkileşim gösterdiği belirlenmiştir. 100-dane ağırlığı ise ilk çiçeklenme ve %50 çiçeklenme gün sayısı ile birlikte üçüncü faktörde bulunmuş bu özelliklerle aksi yönlü bir ilişki belirlenmiştir

(Çizelge 4.4). Bu verilerin ışığında erken çiçeklenen genotiplerin daha iri daneli olduğu belirlenmiştir. Toker vd. (2007) erkenciliğin dönem sonu kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı dayanıklılık sağlayan en önemli özelliklerden biri olduğunu bildirmiştir. İri daneli nohutların yüksek sıcaklıkların oluşturduğu polen canlılığın kaybı, döllenme fizyolojisinin olumsuz etkilenmesi gibi bazı biyolojik süreç ve evrelerde bir avantaj oluşturabileceği öngörüsü yapılabilir.

Nohutta dane büyüklüğü ile ilgili olarak, 100-dane ağırlığı $h^2 = 81$ gibi yüksek dar anlamda kalıtım derecesine sahiptir (Çizelge 4.5), hesaplanan bu durum 100-dane ağırlığının, çevresel faktörlerden sınırlı düzeyde etkilendiğinin göstergesi olarak kabul edilmiştir. Bu nedenle bu özellik erken generasyonlarda seleksiyon kriteri olarak kullanılabilmesinin mümkün olduğu yorumu yapılmıştır. Bu çalışmada, 100-dane ağırlığı için kalıtım modelinin sürekli dağılım göstermesi nedeniyle çok genli (poligenik) olduğu ortaya konulmuştur (Şekil 4.2). F₃ kademesi genotiplerinin önemli bir kısmı baba ebeveyn CA 2969'dan daha fazla 100-dane ağırlığına sahip olması, kısmi baskın genlerin 100-dane ağırlığının kalıtımında önemli bir rol oynadığını göstermektedir (Şekil 4.2). Bu çalışmada dane büyüklüğünün küçük, orta ve iri olarak gruplara ayrılması uygun bulunmamıştır. Kültür nohudunda dane büyüklüğü üzerine kalıtım çalışmaları tek genli (Sundaram vd. 2019), iki genli (Upadhyaya vd. 2006, 2011; Hossain vd. 2010; Sundaram vd. 2019) ve çok genli (Singh vd. 1992; Kumar ve Singh. 1995; Malhotra vd. 1997; Hovav vd. 2003; Sharma vd. 2013) olarak kalıtım gösterebileceğini bildirmişlerdir. Bu farklılıkların ana nedeni araştırmacılar tarafından; kullanılan fenotipik tercihten kaynaklanmaktadır. Upadhyaya vd. (2006) tarafından kültür nohudunda dane büyüklüğünün kalıtımında maternal (dişi ebeveyn den kaynaklanan) genetik etkiler bulunulmamasına rağmen nohutta dane iriliğini artırmak için dişi ebeveynin iri daneli olması önerilmiştir (Ceylan vd. 2019). Nohutta küçük dane büyüklüğü iri dane büyüklüğü üzerine baskın olup iki gen tarafından kontrol edilmektedir (Hossain vd. 2010; Upadhyaya vd. 2011). Bu durumun aksi olduğu durumlarda ise, normal dane boyutu küçük dane boyutu üzerine dominanttır (Upadhyaya vd. 2006). Türler arası karşılıklı geri melezlemelerde Ceylan vd. (2019), dane büyüklüğü ve verim bileşenlerinin kültür nohudunun ana ebeveyn olarak kullanılmasıyla artırılabilceğini rapor etmişlerdir. Poligenik bir özellik olarak dane iriliği, hem eklemeli hem de kısmi baskın genler tarafından kontrol edilmektedir (Singh vd. 1992; Bicer ve Sakar 2008). Benzer sonuçlar bu çalışma sonucunda da elde edilmiş olup bildirilen çalışmalarla bu çalışma benzerlik göstermektedir.

Son yıllarda nohut yanıklık hastalığına dayanıklı birkaç kabuli çeşidi geliştirilmiştir (Muehlbauer vd. 2004; Vandemark vd. 2015; Urrea vd. 2017; Gil vd. 2017; Vandemark vd. 2019). Bununla birlikte, ıslah edilen bu çeşitlerin önemli bir kısmı küçük ile orta büyüklükte dane iriliğine sahip olup iri ve çok iri daneli nohut çeşitlerinin tercih edildiği pazarların taleplerini karşılamamaktadır. İri daneli nohutlar piyasada daha yüksek fiyata alıcı bulabildiği için, iri daneli (kabuli) beyaz/beyaz-krem renkli nohutların geliştirilmesine ihtiyaç vardır. Nohut yanıklık hastalığı nohudun en önemli canlı (biyotik) stresleri arasında olup salgın (epidemi) koşulları altında %100'e ulaşabilen verim kayıplarına neden olabildiği farklı çalışmalarla ortaya konulmuştur. ICARDA tarafından orta irilikte dane ağırlığına sahip kabuli nohutlardan yanıklık hastalığına dayanıklılık kaynakları tanımlanmıştır (Singh ve Reddy 1993). Bu hatların bazıları iri daneli nohutlarla melezleme programlarına alınmıştır. Ancak yanıklık

hastalığına dayanıklı olarak belirlenen orta irilikteki nohutların seleksiyonuna izin vermiştir (Gil vd. 2017). Her iki özelliğe, ikiden fazla gen tarafından kontrol edildiği bilinmekte olup iri dane büyüğü ile istenilen düzeyde bir dayanıklılık reaksiyon seviyesinin aynı genotipte toplanması veya bu tip bir genotip geliştirilmesinde başarı oranı düşük olabilmektedir.

Çalışmamızda dane iriliği özelliğindeki transgresif açılmalardan faydalanmak amaçlanmıştır. Bu nedenle biri orta irilikte diğeri ise iri daneli ve her ikisi de yetiştirildikleri lokasyonlarda yanıklık hastalığına dayanıklı nohutların ebeveyn olarak kullanılmasıyla yapılan planın hedefine ulaştığını söylemek uygun olacaktır. Dane iriliği özelliği yönüyle iri daneli ebeveynden daha iri daneli birçok genotip (209 genotip) belirlenmiştir. Nohutta dane iriliği için eklemeli gen etkisi bildirilmiştir (Kharrat vd. 1991; Kumar ve Singh 1995), bu özellik için seleksiyonun erken generasyonlarda etkili olacağını göstermektedir. F₃ generasyonunda çift baklalı ve 45 g üstü 152 genotip seçilmiştir. Bu iki özelliğin bir bireyde toplanması aşaması gerçekleşmiştir. Birleştirilecek seçimi yapılan materyal için üçüncü bir özellik olarak da yanıklık hastalığına reaksiyonları belirlenerek çalışmada yeni bir aşamaya geçilmesi gerekmektedir. Bu amaca ulaşılabilmesi için son zamanlarda etkili bir şekilde kullanılan markör destekli seleksiyonla sağlanmıştır. Madrid vd. (2013) CaETR-1 ve SCY17₅₉₀ markörlerini kullanarak yanıklık hastalığına dayanıklı 40 nohut genotipinin (aksesyon) 36'sının (%90) dayanıklı ve 14 hassas genotipin fenotipini doğru olarak tahmin edilebildiği bildirmişlerdir. Aynı markörler Bouhadida vd. (2013) tarafından da yanıklık hastalığına dayanıklı nohut genotiplerinin seçilebilmesi için etkili bir şekilde kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan iki ebeveyn de tescil ettirildiği ülkelerin lokal tarla koşullarındaki değerlendirmelere göre yanıklık hastalığına dayanıklı olarak seçilmiştir. Ebeveynler bu iki markörle tarandığında; SCY17₅₉₀ markörüne göre CA 2969 dayanıklı alleli taşıırken Sierra hassas allelini taşıdığı; CaETR-1 markörüne göre ise Sierra'da dayanıklı alleli CA 2969'da hassas alleli tespit edilmiştir. Bu ebeveynler, yanıklık hastalığına dayanıklılık için farklı genleri veya QTL'leri taşıyabilir. 152 F₄ hattının, SCY17₅₉₀ markörü tarama sonuçlarına göre; tarama yapılan genotiplerden 54'ü dayanıklı, 11'i heterozigot ve 85'i hassas olarak karakterize edilmiştir. Bu genotiplerden dayanıklılık alleli taşıyanlardan 25 genotipin 50-63 g arasında 100-dane ağırlığına sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.6). CaETR-1 markörü tarama sonuçlarına göre; 152 genotipten 27'si dayanıklı, 17'si heterozigot ve 105'i hassas olarak belirlenmiştir. Bu genotiplerden dayanıklılık alleli taşıyanlardan 12'sinin 100-dane ağırlığı 50-60 g arasındadır. Her iki markör taraması birlikte değerlendirdiğinde; iki dayanıklılık allelini taşıyan 14 genotip belirlenmiş olup bunlardan 6'sının 100-dane ağırlığı 50-60 g arasındadır. Gil vd. (2017) de çalışmalarında aynı markörleri kullanarak bir çalışma yürütmüşler ve hem iri daneli hem de her iki markör için dayanıklılık allelerini taşıyan 11 hat belirlemişlerdir. Bu 11 hattan 100-dane ağırlığı en fazla olanın 56 g olduğunu bildirmişlerdir. Yürütülen çalışma kapsamında; her iki dayanıklılık allelini taşıyan 3 F₄ hattının 56 g ve üstü ağırlıkta olup en yüksek 100-dane ağırlığı 59.8 g olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.6). Bu genotiplerin aynı zamanda bitkide bakla ve dane sayılarında ebeveynlerle karşılaştırıldığında daha fazla olduğu belirlenmiştir (EK-2). Bitkide bakla ve dane sayısının fazla olması birim alanda verimi artırmaktadır.

Yüksek verimli genotiplerin aynı zamanda 39.7 °C' ye kadar yüksek sıcaklığa (Şekil 3.2) da toleranslı oldukları belirlenmiştir (EK-3) Seçilen hatlar 39.7 °C sıcaklıkta,

bu sıcaklıklara tolerans göstererek sadece biyolojik süreçlerini sürdürmemişler, aynı zamanda iyi bir tarımsal ve agronomik performans da sergilemişlerdir. Özellikle çift ve çok baklalı genotipler sıcaklık stresi altında diğer çiçeklerinin dumura uğraması ile tek çiçekte bakla bağlama özelliği görülebilirken tek baklalı genotiplerde bu süreç gözlenmemiştir (EK-2). IPCC (2014) raporuna göre sanayi devriminden günümüze dünyadaki yüzey (kara ve deniz) sıcaklığının yaklaşık olarak 0.85°C arttığı ve 2100 yılında ortalama sıcaklığın 1.8-4.0°C daha artacağı öngörülmektedir. Bu küresel sıcaklık artışlarının en başta bitkisel üretimi etkilemesi söz konusudur. Bunun çözümü için tarım alanlarının verimli ve sürdürülebilir devam ettirilmesi veya artırılması, küresel sıcaklık artışının olumsuz etkilerini tolere edebilen, yüksek sıcaklığa toleranslı/dayanıklı ve yüksek verimli nohut çeşitlerinin geliştirilmesi gerekmektedir.

Daha önceki çalışmalar incelendiğinde; iri (≥ 45 g/100 dane) ve krem-beyaz renkli, çift baklalı ve yanıklık hastalığına tolerant/dayanıklı bir ideal nohut tipinin geliştirilmesine yönelik bir çalışmaya rastlanmamıştır (WOS 2020). Yürütülen çalışmanın sonuçları birlikte değerlendirildiğinde, yüksek verimli, 39 °C kadar olabilecek sıcaklıkları tolere edebilecek, yaprak koltuğunda çift/çok baklalı, açık renkli ve iri daneli (≥ 45 g/100 dane) ile yanıklık hastalığına dayanıklı reaksiyon gösterebilen özellikleri uygun kabuli nohutların ebeveyn olarak seçilip melezlenmesiyle birleştirilmesi mümkün olabileceği belirlenmiştir.

6. SONUÇLAR

Bu tez çalışmasından aşağıdaki sonuçlara ulaşılmıştır.

1. Kültür nohudunda ekstra iri daneli olma özelliğinin kalıtım şeklinin çok genli (poligenik) ve kısmi baskın aleller tarafından kontrol edildiği belirlenmiş veya ana ebeveyninden köken alabileceği öngörülmüştür.
2. Transgresif açılmaların varlığı ile nohutta uygun ebeveynlerin melezlenmesiyle sadece dane iriliğinin değil aynı zamanda tarımsal özelliklerin de geliştirilebilmesi mümkün olabileceği çalışmada ortaya konulmuştur.
3. F₃ popülasyonunda transgresif açılmalar olması üstün genotiplerin (superior progeny) (ebeveynlerden üstün) elde edilebileceği olarak algılanmıştır. Yaprak koltuğunda çift ya da çok çiçekli ya da baklalı genotiplerin bitkide bakla ve dane sayısı yanında dane veriminin de yüksek/fazla olması olgunlaşmaya doğru artan sıcaklık stresine karşı bir avantaj olarak yorumlanmıştır.
4. Çift baklalılık özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında farklı bir arka planda (background) epistatik etkisinin sonuçları olarak, bazı genotiplerde çok çiçeklilik (ikiden fazla çiçek ya da bakla) veya baklalılık olabileceği şeklinde yorumlanmıştır.
5. Çok çiçeklilik alleleri için, bileşik yapraklı genotiplerle basit yapraklı genotipler karşılaştırıldığında, basit yapraklı genotiplerde fenotipik olarak daha fazla oranda ifade edilmiştir. Ancak basit yapraklı genotiplerde üçüncü çiçek bakla bağlayamadığı belirlenirken, bileşik yapraklı genotiplerde çok çiçekli bitkilerde bakla bağlama miktarı daha yüksek olduğu belirlenmiştir.
6. Çift ve çok baklalı genotipler tek baklalı genotiplerden daha yüksek dane verimi, bakla ve dane sayısına sahipken, tek baklalı genotipler çift ve çok baklalı genotiplerden daha büyük dane iriliğine sahiptir.
7. Bileşik yaprağa sahip olan genotipler, basit yapraklı genotiplerle karşılaştırıldığında daha yüksek dane verimi elde etmiştir.
8. 100-dane ağırlığı 55 g ve üstü olan ekstra iri daneli ve çift/çok baklalılık özellikleri çok sayıda genotipte gözlenmiştir. Bu durum bu özelliklerin F₃ kademesi için başarı ile aktarıldığının ve hedef genotiplerin elde edilebileceğinin ispatı olarak yorumlanmıştır.
9. Farklı zamanlarda yapılan WOS (2020) taramalarında, daha önce benzer bir çalışma olmaması da çalışmanın özgünlüğünü ortaya koymaktadır. Bu amaçla seçilen iri daneli ve çift baklalı 152 genotip yanıklık hastalığına reaksiyonlarının belirlenmesi için iki moleküler markör ile taranmış ve iki dayanıklılık allelini birlikte taşıyan 14 genotip tespit edilmiş ve bunlardan 6 genotipin 100-dane ağırlığının 50-60 g arasında olduğu belirlenmiştir.
10. Bu çalışma ile, yüksek verimli, yüksek sıcaklığa toleranslı, çift/çok baklalı, beyaz/krem renkli, ekstra iri daneli ve iki farklı yanıklık hastalığına dayanıklılık allelinin, uygun nohutlar melezlendiğinde tür içi melezlemeler ile birleştirilebilmesinin mümkün olduğu sonucuna varılmıştır. Yüksek verimli, yüksek sıcaklık stresine toleranslı, çift/çok baklalı, beyaz/krem renkli iri daneli ve yanıklık hastalığına dayanıklı nohut ıslahında (ideal nohut ıslahı) izlenmesi gereken yol haritasının ilk versiyonu olarak değerlendirilebilir.
11. Çalışma hala tamamlanmamış olup elde edilen F₄ kademesinde bulunan ve ideal nohut genotiplerinin yanıklık hastalığının patotiplerine (I, II ve III/IV) karşı kontrollü koşullarda test edilerek ideal nohut çeşitlerinin 2023 yılına kadar kısmende olsa üretim alanlarında ekiminin sağlanması hedeflenmektedir.

7. KAYNAKLAR

- Abbo, S., Goren, O., Saranga, Y., Langensiepen, M. and J Bonfil, D. 2013. *Leaf shape × sowing density interaction affects chickpea grain yield. Plant Breeding*, 132 (2): 200-204.
- Abbo, S., Grusak, M.A., Tzuk, T. and Reifen, R. 2000. *Genetic control of seed weight and calcium concentration in chickpea seed. Plant Breeding*, 119: 427-431.
- Abbo, S., Molina, C., Jungmann, R., Grusak, M.A., Berkovitch, Z., Reifen, R., Kahl, G. And Winter, P. 2005 *Quantitative trait loci governing carotenoid concentration and weight in seeds of chickpea (Cicer arietinum L.). Theoretical and Applied Genetics*, 111: 185-195.
- Abbo, S., Shtienberg, D., Lichtenzweig, J., Lev-Yadun, S., Gopher, A. 2003. *The chickpea, summer cropping, and a new model for pulse domestication in the ancient near east. Q. Rev. Biol.* 78: 435-448.
- Adak, A., Sari, D., Sari, H. and Toker, C. 2017. *Gene effects of Cicer reticulatum on qualitative and quantitative traits in the cultivated chickpea. Plant Breeding*, 136: 939-947.
- Akçin, A. 1988. *Yemeklik Dane Baklagiller Ders Kitabı. Selçuk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları: 8, Konya.*
- Ali, H., Shah, M., Iqbal, N., Atta, B.M. and Haq, M.A. 2010. *Mutagenic induction of double-podding trait in different genotypes of chickpea and their characterization by STMS marker. Plant Breeding*, 129: 116-119.
- Ali, L., Deokar, A., Caballo, C., Tar'an, B., Gil, J., Chen, W., Millan, T. and Rubio, J. 2016. *Fine mapping for double podding gene in chickpea. Theoretical and Applied Genetics*, 129: 77-86.
- Anbessa, Y., Taran, B., Warkentin, T.D., Tullu, A., and Vandenberg, A. 2009. *Genetic analyses and conservation of QTL for ascochyta blight resistance in chickpea (Cicer arietinum L.). Theoretical Applied Genetics*, 119: 757-765.
- Anbessa, Y., Warkentin, T., Bueckert, R. and Vandenberg, A. 2007. *Short internode, double podding and early flowering effects on maturity and other agronomic characters in chickpea. Field Crops Research*, 102: 43-50.
- Argikar, G.P. 1956. *Some qualitative and quantitative observation on the genetic improvement for green seeded strains of Cicer arietinum L. Indian Journal of Genetics*, 16: 52-56.
- Aryamanesh, N., Nelson, M.N., Yan, G., Clarke, H.J., Siddique, K.H.M. 2010. *Mapping a major gene for growth habit and QTLs for Ascochyta blight resistance and flowering time in a population between chickpea and Cicer reticulatum. Euphytica*, 173: 307-319.
- Atalay, B. 1985. *Divanü Lügat-it Türk Tercümesi. Türk Dil Kurumu Yayınları: 521, Türk Tarih Kurumu Basımevi, Ankara, 287 s.*
- Athwal, D.S. and Sandha, G.S. 1967. *Inheritance of seed size and seed number per pod in Cicer, Indian. J. Genet. Plant Breeding*, 27: 21-33.

- Atik O., Ahmed S., Abang M.M., Imtiaz M., Hamwieh A., Baum M., El-Ahmed, A., Murad, S. and Yabrak, M.M. 2013. *Pathogenic and genetic diversity of Didymella rabiei affecting chickpea in Syria*. *Crop Prot.* 46: 70–79.
- Attar, B. 2016. *Genetics of Virulence and Pathogenic Diversity for Ascochyta Blight Affecting Chickpea*, Çukurova University Institute of Natural and Applied Sciences. MSc Thesis, Adana.
- Bahl, P.N. and Jain, H.K. 1977. *Association among agronomic characters and plant ideotype in chickpea (Cicer arietinum L.)*, *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung*, 79: 154-159.
- Balasubrahmanyam, R. 1950. *The association of size and colour in gram (Cicer arietinum L.)*, *Current Science*, 19(8): 246-7.
- Bayaa, B. and Chen, W. 2011. *Ascochyta blight of chickpea*. In: Chen W, Sharma HC, Muehlbauer FJ (eds) *Compendium of chickpea and lentil diseases and pests*. St. Paul, Minnesota: APS Press, pp 34-40.
- Bayaa, B., Kabakebji, M., Khalil, S., Kabbabeh, S. and Street, K. 2004. *Pathogenicity of Syrian isolates of Ascochyta fabae Speg. and Botrytis fabae Sard. and sources of resistance to both pathogens in a germplasm collection from central Asia and Caucasia*. In: *Proceedings of the 5th European Conference on Grain Legumes. Legumes for the benefit of agriculture, nutrition and the environment: Their genomics, their products, and their improvement*, 7–11 June, Dijon, France, p. 308.
- Bayraktar, H., Dolar, F.S. and Tör, M. 2007. *Determination of genetic diversity within Ascochyta rabiei (Pass.) Labr., the pathogen of Ascochyta blight of chickpea in Turkey*. *Journal of Plant Pathology*, 89, 341-347.
- Bicer, B.T., Sakar, D. 2008. *Heritability and gene effects for yield and yield components in chickpea*. *Hereditas*, 145:220–224.
- Biçer, T.B. 2009. *The effect of seed size on yield and yield components of chickpea and lentil*. *African J. Biotechnology*, 8: 1482–1487.
- Bouhadida, M., Benjannet, R., Madrid, E., Amri, M., Kharrat, M. 2013. *Efficiency of marker-assisted selection in detection of ascochyta blight resistance in Tunisian chickpea breeding lines*. *Phytopathologia Mediterranea*, 52: 211–220.
- Can, C., Ozkilinc, H., Kahraman, A. and Ozkan, H. 2007. *First report of Ascochyta rabiei causing ascochyta blight of Cicer pinnatifidum*. *Plant Disease*, 91: 908.
- Carreras, J., Rubio, J., Flores, F., Millan, T. and Gil, J. 2013. *Short communication. Genotype × environment interaction analysis in two chickpea RIL populations*. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 11(3): 808-813.
- Castro, P., Rubio, J., Madrid, E., Fernández-Romero, M.D., Millán, T. and Gil, J. 2015. *Efficiency of marker-assisted selection for ascochyta blight in chickpea*. *The Journal of Agricultural Science*, 153: 56–67.
- Cattel, R.B. 1965. *Factor analysis: an introduction to essentials. I. The proposed and underlying models*. *Biometrics*, 21: 190–215.

- Ceylan, F.O., Adak, A., Sari, D., Sari, H. and Toker, C. 2019. *Unveiling of suppressed genes in interspecific and backcross populations derived from mutants of Cicer species. Crop & and Pasture Science*, 70: 254–262.
- Chang, K.F., Ahmed, H.U., Hwang, S.F., Gossen, B.D., Strelkov, S.E., Blade, S.F. and Turnbull, G.D. 2007. *Sensitivity of field populations of Ascochyta rabiei to chlorothalonil, mancozeb and pyraclostrobin fungicides and effect of strobilurin fungicides on the progress of ascochyta blight of chickpea. Canadian Journal of Plant Science*, 87(4): 937-944.
- Chen, W., Coyne, C.J., Peever, T.L. and Muehlbauer, F.J. 2004. *Characterization of chickpea differentials for pathogenicity assay of ascochyta blight and identification of chickpea accessions resistant to Didymella rabiei. Plant Pathology*, 40: 401-407.
- Cho, S., Kumar, J., Shultz, J.L., Anupama, K., Tefera, F. and Muehlbauer, F.J. 2002. *Mapping genes for double podding and other morphological traits in chickpea. Euphytica*, 128: 285–292.
- Cobos, M.J., Rubio, J., Fernandez-Romero, M.D., Garza, R., Moreno, M.T., Millan, T., Gil, J. 2007. *Genetic analysis of seed size, yield and days to flowering in a chickpea recombinant inbred line population derived from a kabuli x desi cross. Ann Appl Biol.*, 151: 33-42.
- Dahiya, B.S., Solanki, I.S. and Kumar, R. 1985. *Germination rate and its genetics in chickpea. International Chickpea Newsletter*, 13: 6–8.
- Danehloueipour, N., Clarke, H.J., Yan, G., Khan, T.N. and Siddique, K.H.M. 2008. *Leaf type is not associated with ascochyta blight disease in chickpea (Cicer arietinum L.). Euphytica*, 162: 281–28.
- de Vicente, M.C. and Tanksley, S.D. 1993. *QTL Analysis of transgressive segregation in an interspecific tomato cross. Genetics*, 134: 585–596.
- Dewey, D.R. and Lu, K. 1959. *A correlation and path-coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. Agron J.*, 51: 515–518.
- Dolar, F.S. and Gürcan A. 1992a. *Determination of chickpea cultivars to Ascochyta rabiei (Pass.) Llabr. In Turkey. The Journal of Turkish Phytopathology*, 21: 55-60.
- Dolar, F.S. and Gürcan. A. 1992b. *Pathogenic variability and race appearance of Ascochyta rabiei (Pass.) Labr. In Turkey. The Journal of Turkish Phytopathology*, 21: 61-65.
- Dolar, F.S., Türkkan, M. and Özer, G. 2008. *Ascochyta rabiei (Pass.) Labr.’ ın Türkiye’ deki Irkları ve Solanopyrone Toksin Üretiminin Belirlenmesi. TÜBİTAK, TOVAG, Proje No: 104O115.*
- Donald, C.M. 1968. *The breeding of crop ideotype. Euphytica*, 17: 385-403.
- Donald, C.M. and Hamblin, J. 1976. *The biological yield and harvest index of cereals as agronomic and plant breeding criteria. Advances in Agronomy*, 28: 367–405.

- Donald, C.M. and Hamblin, J. 1983. *The convergent evolution of annual seed crops in agriculture. Advances in Agronomy*, 36: 97-143.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1990. *Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus*, 12: 13-15.
- Eker, T., Erler, F., Adak, A., Imrek, B., Guven, B., Tosun, H.S., Sari, D., Sari, H., Upadhyaya, H.D., Toker, C., Ikten, C. 2018. *Screening of chickpea accessions for resistance against the pulse beetle, Callosobruchus chinensis L. (Coleoptera: Bruchidae). Journal of Stored Products Research*, 76: 51-57.
- Erdemci, I., Aktas, H. and Nadeem, M. A. 2017. *Effect of Fertilization and Seed Size on Nodulation, Yield And Yield Components of Chickpea (Cicer arietinum L.). Applied Ecology and Environmental Research*, 15 (1): 563-571.
- Eser, D. 1976. *Heritability of some important plant characters, their relationships with plant yield and inheritance of Ascochyta blight resistance in chickpea (Cicer arietinum L.). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*. 620: 40 ss.
- FAO 2019. <http://www.fao.org/3/ca5162en/ca5162en.pdf>.
- FAOSTAT 2020. <http://www.fao.org/faostat/#data/QC>. [Son erişim tarihi: 10.04.2020].
- Flandez-Galvez, H., Ades, P.K., Ford, R., Pang, E.C.K., and Taylor, P.W.J. 2003. *QTL analysis for ascochyta blight resistance in an intraspecific population of chickpea (Cicer arietinum L.), Theoretical Applied Genetics*, 107: 1257-1265.
- Gan, Y.T., Miller, P.R. and McDonald, C.L. 2003. *Response of kabuli chickpea to seed size and planting depth. Canadian Journal of Plant Science*, 83(1): 39-46.
- Gaur, P.M., Gour, V.K., Srinivasan, S. 2008. *An induced brachytic mutant of chickpea and its possible use in ideotype breeding. Euphytica*, 159: 31-41.
- Gaur, P.M., Gowda, C.L.L., Knights, E.J., Warkentin, T., Acikgöz, N., Yadav, S.S. and Kumar, J. 2007. *Breeding Achievements. Chickpea Breeding and Management* pp. 391-416. Eds. Yadav, SS; Redden, RJ; Chen, W; Sharma, B. CABI Publishing, Wallingford, Oxon, England.
- Gaur, P.M., Pande, S., Upadhyaya, H.D. and Rao, B.V. 2006. *Extra-large kabuli chickpea with high resistance to Fusarium wilt. International Chickpea and Pigeonpea Newsletter*, 13: 5-7.
- Gaur, P.M., Singh, M.K., Samneni, S., Sajja, S.B., Jukanti, A.K., Kamatam, S. and Varshney, R.K. 2016. *Inheritance of protein content and its relationships with seed size, grain yield and other traits in chickpea. Euphytica*, 209: 253-260.
- Ghatge, R.D. 1993. *Inheritance of seed size in chickpea (Cicer arietinum L.). Journal of Soils and Crops*, 3: 56-59.
- Gil, J., Castro, P., Millan, T., Madrid, E. and Rubio, J. 2017. *Development of new kabuli large-seeded chickpea materials with resistance to Ascochyta blight. Crop and Pasture Science*, 68: 967-972.
- Gil, J., Nadal, S., Luna, D., Moreno, M.T. and De Haro, A. 1996. *Variability for some physico-chemical characters in desi and kabuli chickpea types. Journal of the Science of Food and Agriculture*, 71: 179-184.

- Godshalk, E.B. and Timothy, D.H. 1988. *Factor and principal component analyses as alternative to index selection. Theor. Appl. Genet.* 76: 352–360.
- Gowda, C.L.L., Upadhyaya, H.D., Dronavalli, N. and Singh, S. 2011. *Identification of large-seeded high-yielding stable kabuli chickpea germplasm lines for use in crop improvement. Crop Science*, 51: 198–209.
- Hawtin, G.C. and Singh, K.B. 1984. *Prospects and potential of winter sowing of chickpea in the Mediterranean region.* In: eds. M.C. Saxena and K.B. Singh, *Ascochyta Blight and Winter Sowing of Chickpea*, Martinus Nijhoff/Dr. W. Junk Publishers, The Hague, The Netherlands, 7-16.
- Hossain, S., Ford, R., McNeil, D., Pittock, C. and Panozzo, J. 2010. *Inheritance of seed size in chickpea (Cicer arietinum L.) and identification of QTL based on 100-seed weight and seed size index. Australian Journal of Crop Science*, 4: 126–135.
- Hovav, R., Upadhyaya, K.C., Beharav, A. and Abbo, S. 2003. *Major flowering time gene and polygene effects on chickpea seed weight. Plant Breeding*, 122: 539–541.
- IBM SPSS Statistics (2014) IBM SPSS Statistics software version 22. Chicago.
- ICARDA. 1993. The International Center for Agricultural Research in the Dry Areas, Annual report for 1993. Aleppo, Syria.
- ICARDA. 1998. Germplasm program legumes. Annual report for 1998. Aleppo, Syria.
- ICARDA. 1999. Germplasm program legumes. Annual report for 1999. Aleppo, Syria.
- ICARDA. 2005. Germplasm program legumes. Annual report for 2005. Aleppo, Syria.
- Imtiaz, M., Materne, M., Hobson, K., van Ginkel, M. and Malhotra, R.S. 2008. *Molecular genetic diversity and linked resistance to ascochyta blight in Australian chickpea breeding materials and their wild relatives. Australian Journal of Agricultural Research* 59(6): 554-560.
- IPCC. 2014. The Fifth Assessment Report (AR5), The Intergovernmental Panel on Climate Change, Geneva, Switzerland, (<http://www.ipcc.ch>).
- Iruela, M., Castro, P., Rubio, J., Cubero, J.I., Jacinto, C., Milla'n, T., Gil, J. 2007. *Validation of a QTL for resistance to Ascochyta blight linked to resistance to Fusarium wilt race 5 in chickpea (Cicer arietinum L.). European Journal of Plant Pathology*, 119: 29–37.
- Iruela, M., Rubio, J., Barro, F., Cubero, J.I., Millan, T., and Gil, J. 2006. *Detection of two QTLs for resistance to ascochyta blight in an intraspecific cross of chickpea (Cicer arietinum L.): Development of SCAR markers associated to resistance. Theoretical and Applied Genetics*, 112: 278-287.
- Jamil, F.F., Sarvar, N., Sarvar, M., Khan, J.A., Geistlinger, J. and Kahl, G. 2000. *Genetic and pathogenic diversity within Ascochyta rabiei (Pass.) Lab. populations in Pakistan causing blight of chickpea (Cicer arietinum L.). Physiological and Molecular Plant Pathology*, 57: 243-254.

- Jayakumar, P., Grossen, B. D., Gan, Y.T., Warkentin, T. D. and Banniza, S. 2005. *Ascochyta blight of chickpea: infection and host resistance mechanisms. Canadian Journal of Plant Pathology*, 27: 499-509.
- Kaiser, W.J. 1991. *Host range studies with the ascochyta blight of pathogen of chickpea. Chickpea Int. Newsletter* 25: 25–27.
- Kaiser, W.J. and Kusmenoglu, I. 1997. *Distribution of mating types and the teleomorph of Ascochyta rabiei on chickpea in Turkey. Plant Disease*, 81: 1284-1287.
- Kaloki, P., Luo, Q., Trethowan, R. and Tan D.K.Y. 2019. *Can the development of drought tolerant ideotype sustain Australian chickpea yield? International Journal of Biometeorology*, 63: 393-403.
- Kaya, M., Kaya, G., Kaya, M.D., Atak, M., Saglam, S., Khawar, K.M. and Ciftci, C.Y. 2008. *Interaction between seed size and NaCl on germination and early seedling growth of some Turkish cultivars of chickpea (Cicer arietinum L.). Journal of Zhejiang University Science B*, 9(5): 371-377.
- Khan, A.R. and Akhtar, A.R. 1934. *The inheritance of petal colour in gram. Agriculture and Livestock in India*, 4: 127-155.
- Khanna-Chopra, R. and Sinha, S.K. 1987. Chickpea: Physiological aspects of growth and yield, *The Chickpea*, Editors: Saxena, M.C. and Singh, K.B., CAB International, Wallingford, UK, 163-189.
- Kharrat, M., Gil J. and Cubero, J.I. 1991. *Genetics of grain yield components in chickpea (Cicer arietinum L.). Journal of Genetics & and Breeding*, 45: 87–92.
- Kivrak, K.G., Eker, T., Sari, H., Sari, D., Akan, K., Aydinoglu, B., Catal, M. and Toker, C. 2020. *Integration of Extra-Large-Seeded and Double-Podded Traits in Chickpea (Cicer arietinum L.). Agronomy*, 10: 901.
- Koseoglu, K., Adak, A., Sari, D., Sari, H., Ceylan, F.O. and Toker, C. 2017. *Transgressive segregations for yield criteria in reciprocal interspecific crosses between Cicer arietinum L. and C. reticulatum Ladiz. Euphytica*, 213: 116.
- Kottapalli, P., Gaur, P.M., Katiyar, S.K., Crouch, J.H., Buhariwalla, H.K., Pande, S., Gali, K.K. 2009. *Mapping and validation of QTLs for resistance to an Indian isolate of Ascochyta blight pathogen in chickpea. Euphytica*, 165: 79–88.
- Kumar, J., Srivastava, R.K. and Ganesh, M. 2000. *Penetrance and expressivity of the gene for double-podding in chickpea. Journal of Hereditas*, 91: 234-236.
- Kumar, S. and Singh, O. 1995. *Inheritance of seed size in chickpea. Journal of Genetics and Breeding*, 49: 99-104.
- Labdi, M., Malhotra, R. S., Benzohra, I. E., & and Imtiaz, M. 2013. *Inheritance of resistance to Ascochyta rabiei in 15 chickpea germplasm accessions. Plant Breeding*, 132(2): 197-199.
- Ladizinsky, G. 1975. *A new Cicer from Turkey. Notes Royal Botanical Garden Edinburgh* 34: 201–202.
- Lake, L., Li, Y., Casal, J.J. and Sadras, V.O. 2016. *Negative association between chickpea response to competition and crop yield: Phenotypic and genetic analysis. Field Crops Research*, 196: 409-417.

- Madrid, E., Chen, W., Rjesh, P.N., Castro, P., Millan, T. and Gil, J. 2013. *Allele-specific amplification for the detection of ascochyta blight resistance in chickpea*. *Euphytica*, 189:183-190.
- Malhotra, R.S. and Singh, K.B. 1989. *Detection of epistasis in chickpea*. *Euphytica*, 40: 169-172.
- Malhotra, R.S., Bejiga, G., Singh, K.B. 1997. *Inheritance of seed size in chickpea*. *Journal of Genetics and Breeding*, 51: 45-50.
- Millan, T., Clarke, H.J., Sidiqqe, K.H.M., Buhariwalla, H.K., Gaur, P.M., Kumar, J., Gil, J., Kahl, G. and Winter, P. 2006. *Chickpea molecular breeding: new tools and concepts*. *Euphytica*, 147: 81-103.
- Millan, T., Rubio, J., Iruela, M., Daly, K., Cubero, J.I., Gil, J. 2003. *Markers associated with Ascochyta blight resistance in chickpea and their potential in marker-assisted selection*. *Field Crops Research*, 84: 373-384.
- Millan, T., Winter, P., Jüngling, R., Gil, J., Rubio, J., Cho, S., Cobos, M.J., Iruela, M., Rajesh, P.N., Tekeoglu, M., Kahl, G. and Muehlbauer, F.J. 2010. *A consensus genetic map of chickpea (Cicer arietinum L.) based on 10 mapping populations*. *Euphytica*, 175: 175-189.
- Muehlbauer, F.J. and Sarker, A. 2017. *Economic Importance of Chickpea: Production, Value, and World Trade*. *The Chickpea Genome*, pp 5-12.
- Muehlbauer, F.J. and Singh, K.B. 1987. Genetics of chickpea. Saxena, M.C. and Singh, K.B. (Eds). *The Chickpea*. CAB International, Wallingford, UK, pp. 99-125.
- Muehlbauer, F.J., Temple, S.R. and Chen, W. 2004. Registration of 'Sierra' chickpea. *Crop Science*, 44(5): 1864.
- Narayanan, A., Saxena, N. P. and Sheldrake, A. K. 1981. *Varietal differences in seed size and seedling growth of pigeonpea and chickpea*. *Indian J. Agric. Sci.*, 51: 389-393.
- Nene, Y.L. 1984. A review of Ascochyta blight of chickpea (*Cicer arietinum* L.). In: Saxena M.C. and Singh, K.B. (Eds), *Ascochyta blight and winter sowing of chickpea*. The Hague, Netherlands: Martinus Nijhoff/Dr W Junk Publishers. pp. 17-33.
- Nene, Y.L. and Reddy, M.V. 1987. Chickpea diseases and their control, In: Saxena, M.C. and Singh K.B. (eds), *The Chickpea*. CAB International, Oxon, UK, pp. 233-270.
- Niiknejad, M., Khosh-Khuii, M., ve and Ghorashy, S. R. 1971. *Inheritance of seed size in chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Crop Science*, 11: 768-769.
- Nimbalkar, R.D. 2000. *Genetic variability and heritability studies and scope for improvement in chickpea*. *Journal of Maharashtra Agricultural Universities* 25: 109-110.
- Ozkilinc, H. and Can, C. 2019. *The most recent status of genetic structure of Didymella rabiei (Ascochyta rabiei) populations in Turkey and the first genotype profile of the pathogen from the wild ancestor, Cicer reticulatum*, *Phytoparasitica*, 47(2): 263-273.

- Pande, S., Sharma, M., Gaur, P. M. and Gowda, C. L. L. 2010. Host Plant Resistance to Ascochyta Blight of Chickpea. Information Bulletin No. 82. International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics.
- Pande, S., Siddique, K.H.M., Kishore, G.K., Bayaa, B., Gaur, P.M., Gowda, C.L.L., Bretag, T.W. and Crouch, J.H. 2005. *Ascochyta blight of chickpea (Cicer arietinum L.): a review of biology, pathogenicity and disease management. Australian Journal of Agricultural Research* 56: 317–332.
- Patil, J. A. and D'Cruze, R. 1964. *Inheritance of seed size in gram (Cicer arietinum L.). The Poona Agricultural College Magazine*, 54: 21–22.
- Poehlman, J.M. and Sleper, D.A. 1995. Breeding field crops. Iowa State University Press, Ames, p 494.
- Prof. Dr. Cengiz TOKER ile kişisel görüşme: 2019, Antalya.
- Pundir, R.P.S., Mengesha, M.H. and Reddy, G.V. 1990. *Leaf types and their genetics in chickpea (Cicer arietinum L.). Euphytica*, 45: 197-200.
- Pundir, R.P.S., Reddy, K.N., and Mengesha, M.H. 1988. ICRISAT Chickpea Germplasm Catalog: Evaluation and Analysis, ICRISAT, Patancheru, India.
- Radhika, P., Gowda, S.J.M., Kadoo, N.Y., Mhase, L.B., Jamadagni, B.M., Sainanai, M.N., Chandra, S. and Gupta, V.S. 2007. *Development of an integrated intraspecific map of chickpea (Cicer arietinum L.) using two recombinant inbred line populations. Theoretical Applied Genetics*, 115: 209-216.
- Rajesh, P. N., Tullu, A., Gill, J., Gupta, V.S, Ranjekar, P.K. and Muehlbauer, F.J. 2002. *Identification of an STMS marker for the double-podded gene in chickpea. Theoretical Applied Genetics*, 105: 605-607.
- Rao, N.K., Pundir, R.P.S. and van der Maesen, L.J.G. 1980. *Inheritance of some qualitative characters in chickpea (Cicer arietinum L.). Plant Science (Proc. Indian Acad. Sci.)* 89: 497-503.
- Rasmussen, D.C. 1987. *An evaluation of ideotype breeding. Crop Sci.*, 237: 1140-1146.
- Regan, K., MacLeod, B. and Siddique, K. 2006. Production packages for kabuli chickpea in western Australia. Farm Note No.117. Dep. of Agri. & Food, South Perth, WA.
- Rieger, R., Michaelis, A. and Green, M.M. 1976. Glossary of genetics and cytogenetics, classical and molecular, 4th edn. Springer, Berlin Heidelberg New York
- Rieseberg, L.H., Archer, M.A. and Wayne, R.K. 1999. *Transgressive segregation, adaptation, and speciation. Heredity*, 83: 363–372.
- Rubio, J, Flores, F., Moreno, M.T., Cubero, J.I. and Gil, J. 2004. *Effects of the erect/bushy habit, single/double pod and late/early flowering genes on yield and seed size and their stability in chickpea. Field Crops Research*, 90: 255–262.
- Rubio, J., Millan, T., Gil, J. 2014. *An overview of chickpea breeding programs in Spain. Legume Perspective* 3: 69–70.

- Rubio, J., Moreno, M.T., Cubero, J.I. and Gil, J. 1998. *Effect of the gene for double pod in chickpea on yield, yield components and stability of yield*. *Plant Breeding*, 117: 585-587.
- Rubio, J., Moreno, M.T., Martinez, C. and Gil, J. 2003. *Registration of CA2969, an ascochyta blight resistant and double-podded chickpea germplasm*. *Crop Science*, 43: 1567-1568.
- Sabbavarapu, M.M., Sharma, M., Chamarthi, S.K., Swapna, N., Rathore, A., Thudi, M., Gaur, P.M., Pande, S., Singh, S., Kaur, L. and Varshney, R.K. 2013. *Molecular mapping of QTLs for resistance to Fusarium wilt (race 1) and Ascochyta blight in chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Euphytica*, 193: 121-133.
- Saccardo, F. and Calcagno, F. 1990. Consideration of chickpea plant ideotypes for spring and winter sowing. In: Saxena, M.C., Cubero, J.I. and Wery, J. (eds), *Present status and future prospects of chickpea crop production and improvement in the Mediterranean countries*, pp. 35-41.
- Saleem, M., Shahzad, K., Javid, M., Abdul-Ur-Rauf, S. 2002. *Heritability estimates for grain yield and quality characters in chickpea (Cicer arietinum)*. *International Journal of Agriculture and Biology*, 4: 275-276.
- Santra, D.K., Tekeoglu, M., Ratnaparkhe, M., Kaiser, W. J., and Muehlbauer, F. J. 2000. *Identification and mapping of QTLs conferring resistance to Ascochyta blight in chickpea*. *Crop Science*, 40: 1606-1612.
- Sedgley, R.H. 1991. *An appraisal of the Donald ideotype after 21 years*. *Field Crops Research*, 26: 93-112.
- Sepetoğlu, H. 1994. Yemeklik Dane Baklagiller, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Yayın No: 24. İzmir.
- Sharma, S., Upadhyaya, H.D., Gowda, C.L.L., Kumar, S. and Singh, S. 2013. *Genetic analysis for seed size in three crosses of chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Canadian Journal of Plant Science*, 93, 387-395.
- Sheldrake, A.R., Saxena, N.P. and Krishnamurthy, L. 1978. *The expression and influence on yield of the double podded character in chickpeas (Cicer arietinum L.)*. *Field Crops Research*, 1: 243-253.
- Siddique, K.H.M. and Sedgley, R.H. 1985. *The effect of reduced branching on yield and water-use of chickpea (Cicer arietinum L.) in a mediterranean type environment*, *Field Crops Research*, 12: 251-269.
- Siddique, K.H.M. and Sedgley, R.H. 1986. *Chickpea (Cicer arietinum L.), a potential grain legume for South-Western Australia: Seasonal growth and yield*. *Australian Journal of Agricultural Research*, 37(3): 245-261.
- Siddique, K.H.M. and Sedgley, R.H. 1987. *Canopy development modifies the water economy of chickpea (Cicer arietinum L.) in South-western Australia*. *Australian Journal of Agricultural Research*, 37: 599-610.
- Siddique, K.H.M., Sedgley R.H. and Marshall, C. 1984. *Effect of plant density on growth and harvest index of branches in chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Field Crops Research*, 9: 193-203.

- Siemens, H. 1921. W. Einfuhrung in die allqemeine Konstitutions und Vererbungspathologie. Berlin, J. Springer. pp.229.
- Singh, G., Chen, W., Rubiales, D., Moore, K., Sharma, Y. R. and Gan., Y. 2007. Diseases and Their Management. In: Yadav, S.S., Redden, R. J., Chen, W. And Sharma, B. (eds), Chickpea Breeding and Management. Cromwell Press, Trowbridge: UK. Pp. 497-519.
- Singh, K.B. 1987. Chickpea breeding. In: Saxena, M.C. and Singh, K.B (eds), The Chickpea, CAB International, Wallingford, UK, pp. 127-162.
- Singh, K.B. 1990. Prospects of developing new genetic material and breeding methodologies for chickpea improvement. In: Saxena, M.C., Cubero, J.I. and Wery, J. (eds), Present status and future prospects of chickpea crop production and improvement in the Mediterranean countries, Zaragoza, CIHEAM-IAMZ, (Options Méditerranéennes: Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 9), pp. 43-50.
- Singh, K.B. 1997. Chickpea Breeding. In: The Chickpea, Saxena, M.C. and K.B. Singh (eds.). CAB International, Wallingford, UK., pp: 127-162.
- Singh, K.B. and Jana, S. 1993. *Diversity for responses to some biotic and abiotic stresses and multivariate associations in Kabuli chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Euphytica*, 68: 1-10.
- Singh, K.B. and Reddy, M.V. 1983. *Inheritance of resistance to Ascochyta blight in chickpea*. *Crop Sci.*, 23: 9-10.
- Singh, K.B. and Reddy, M.V. 1991. *Advances in disease-resistance breeding in chickpea*. *Advances in Agronomy* 45: 191-222.
- Singh, K.B. and Reddy, M.V. 1993. *Resistance to six races of Ascochyta rabiei in the world germplasm collection of chickpea*. *Crop Science*, 33: 186-189.
- Singh, M., Rani, S., Malhotra, N., Katna, G. and Sarker, A. 2018. *Transgressive segregations for agronomic improvement using interspecific crosses between C. arietinum L. × C. reticulatum Ladiz and C. echinospermum Davis species*. *PlosOne*, 13(9): e0203082.
- Singh, O. and Paroda, R.S. 1986. *Association analysis of grain yield and its components in chickpea following hybridization and a combination of hybridization and mutagenesis*. *Indian J Agric Sci*, 56: 139–141.
- Singh, O., and Van van Rheenen, H. A. 1994. *Genetics and contribution of the multiseeded and double-podded character to grain yield of chickpea*. *Indian Journal of Pulses Research*, 7: 97-102.
- Singh, O., Gowda, C.L.L., Sethi, S.C., Dasgupta, T. and Smithson, J.B. 1992. *Genetic analysis of agronomic characters in chickpea. I. Estimates of genetic variances from diallel mating designs*. *Theor Appl Genet*, 83: 956–962.
- Singh, V.K., Khan, A.W., Jaganathan, D., Thudi, M., Takagi, H., Garg, V., Kumar, V., Chitikinen, A., Gaur, P.M., Sutton, T., Terauchi, R. and Varshney, R.K. 2016. *QTL-seq for rapid identification of candidate genes for 100-seed weight and root/total plant dry weight ratio under rainfed conditions in chickpea*. *Plant Biotechnology Journal*, 14: 2110–2119.

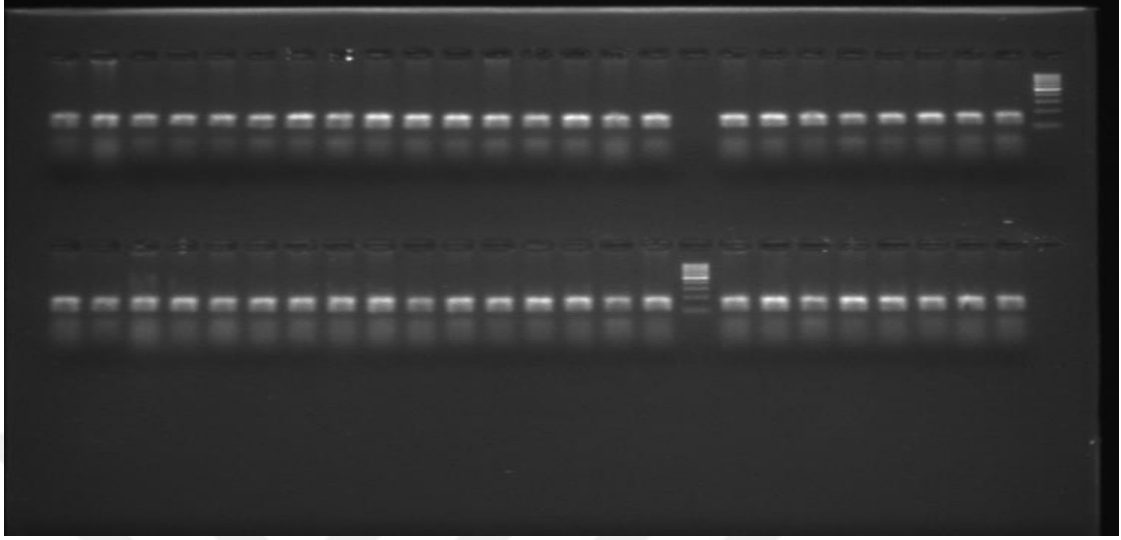
- Smithson, J.B., Thompson, J.A. and Summerfield, R.J. 1985. Chickpea (*Cicer arietinum* L.). In: Summerfield RJ, Roberts EH (eds) Grain legume crops. Collins, London, pp 312–390.
- Srinivasan, S, Gaur, P.M., Chaturvedi, S.K., Rao, B.V. 2006. *Allelic relationships of genes controlling number of flowers per axis in chickpea*. *Euphytica*, 152: 331–337
- Stephens, A., Lombardi, M., Cogan, N.O. I., Forster, J.W., Hobson, K., Materne, M., et al. 2014. *Genetic marker discovery, intraspecific linkage map construction and quantitative trait locus analysis of ascochyta blight resistance in chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Molecular Breeding*, 33: 297–313.
- Sundaram, P., Samineni, S., Sajja, S.B., Roy, C., Singh, S.P., Joshi, P. and Gaur, P.M. 2019. *Inheritance and relationships of flowering time and seed size in kabuli chickpea*. *Euphytica*, 215: 144.
- Şehirali, S. 1988. Yemeklik Tane Baklagiller, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları: 1089, Ders Kitabı: 314, Ankara.
- Tabanlı, F., Ozyigit, I.I., Dogan, I., Genc, M.E., Mart, D., Can, C., Yorgancilar, O., Atmaca, E. and Yorgancilar, A. 2017. *Investigation of Ascochyta Blight Resistance in Inbred Chickpea (Cicer arietinum L.) Lines of Turkey by Using Molecular Markers (STMS, RAPD and ISSR)*. The Eurasian Agriculture and Natural Sciences Congress, Kyrgyzstan, Bishkek, September 20- 23, (Oral Presentation).
- Tar'an, B., Bandara, M. And Warkentin, T. 2011. *CDC Orion kabuli chickpea*. *Canadian Journal of Plant Science*, 91: 355-356.
- Tar'an, B., Warkentin, T. D., Tullu, A., and Vandenberg, A. 2007. *Genetic mapping of ascochyta blight resistance in chickpea (Cicer arietinum L.) using a simple sequence repeat linkage map*. *Genome*, 50: 26–34.
- Tar'an, B., Warkentin, T.D. and Vandenberg, A. 2013. *Fast track genetic improvement of ascochyta blight resistance and double podding in chickpea by marker-assisted backcrossing*. *Theoretical Applied Genetics*, 126: 1639-1647.
- Tekeoglu, M., Rajesh P., Muehlbauer F. 2002. *Integration of sequence tagged microsatellite sites to the chickpea genetic map*. *Theoretical Applied Genetics*, 105: 847-854.
- Tekeoglu, M., Santra, D.K., Kaiser, W.J. and Muehlbauer, F.J. 2000. *Ascochyta Blight Resistance Inheritance in Three Chickpea Recombinant Inbred Line Populations*. *Crop Science*, 40: 1251-1256.
- Toker, C. 1998. *Estimate of heritabilities and genotype by environment interactions for 100-seed weight, days to flowering and plant height in kabuli chick-peas (Cicer arietinum L.)*. *Turk. J. Field Crop.*, 3: 16–20.
- Toker, C. 2009. *A note on the evolution of kabuli chickpeas as shown by induced mutations in Cicer reticulatum Ladizinsky*. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56: 7-12.

- Toker, C. and Cagiran, M.I. 2004. *The use of phenotypic correlations and factor analysis in determining characters for grain yield selection in chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Hereditas*, 140 (3): 226-228.
- Toker, C., Berger, J, Kahraman, A, Aydogan, A, Can, C, Bukun, B, Penmetsa, R.V, von Wettberg, E.J, Cook, D.R. 2014. *Cicer reticulatum* Ladizinsky, progenitor of the cultivated chickpea (*C. arietinum* L.). *Legume Perspect*, 5: 26–27.
- Toker, C., Ceylan, F.O, Inci, N.E., Yıldırım, T. and Cagiran, M.I. 2012. *Inheritance of leaf shape in the cultivated chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(1): 16-18.
- Toker, C., Lluch, C., Tejera, N.A., Serraj, R. and Siddique, K.H.M. 2007. *Abiotic stresses*. In: Yadav, S.S., Redden, R., Chen, W. and Sharma, B.(eds.) *Chickpea Breeding and Management*, CABI, Wallingford, UK., pp. 474–496.
- Trethowan, R.M. 2014. Defining a genetic ideotype for crop improvement. *Methods. Mol. Biol.* 1145: 1-20.
- TTSM 2020.<http://www.tarim.gov.tr/BUGEM/TTSM/Sayfalar/Detay.aspx?SayfaId=85>.
- Türkkan, M. 2008. Türkiye'deki *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labr. Patotiplerinin Ürettiği Solanapyrone Toksinlerinin Belirlenmesi. Doktora Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara Üniversitesi, 84.
- Udupa, S.M., Weigand, F., Saxena, M.C. and Kahl, G. 1998. *Genotyping with RAPD and microsatellite markers resolves pathotype diversity in the ascochyta blight pathogen of chickpea. Theoretical Applied Genetics*, 97: 299-307.
- UN 2017 <https://www.un.org/development/desa/en/news/population/world-population-prospects-2017.html>
- Upadhyaya H.D., 2003. *Geographical patterns of variation for morphological and agronomic characteristics in the chickpea germplasm collection. Euphytica*, 132: 343–352.
- Upadhyaya, H. D., Sharma, S. and Gowda, C. L. L. 2011. *Major genes with additive effects for seed size in kabuli chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Journal of Genetics*, 90(3): 479-482.
- Upadhyaya, H.D., Kumar, S., Gowda, C.L.L. and Singh, S. 2006. *Two major genes for seed size in chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Euphytica*, 147: 311-315.
- Urrea, C., Muehlbauer, F.J. and Harveson, R.M. 2017. *Registration of 'New Hope' Chickpea Cultivar with Enhanced Resistance to Ascochyta Blight. Journal of Plant Registrations*, 11: 107-111.
- van der Maesen, L.J.G.S. 1972. *Cicer* L., a monograph of the genus, with special reference to the chickpea (*Cicer arietinum* L.), its ecology and cultivation. Mededelingen Landbouwhogeschool (Communications Agricultural University), Wageningen, 72–100.
- Vandemark, G., Guy, S.O. and Chen, W. 2015. *Registration of 'Nash' Chickpea. Journal of Plant Registrations*, 9: 75-278.
- Vandemark, G., Howard, N. and Chen, W. 2019. *Registration of 'Royal' Chickpea. Journal of Plant Registrations*, 13: 123-127.

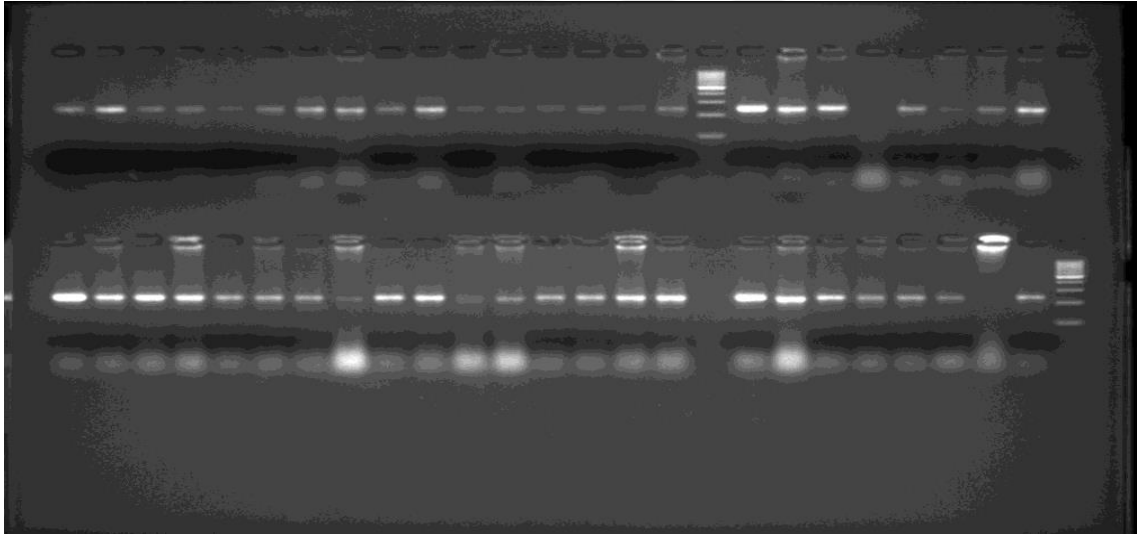
- Varshney, R.K., Mohan, S.M., Gaur, P.M., Chamarthi, S.K. Singh, V.K., Samineni, S., Swapna, N., Sharma, M. Singh, S., Kaur, L. and Pande, S. 2014. *Marker-Assisted Backcrossing to Introgress Resistance to Fusarium Wilt Race 1 and Ascochyta Blight in C 214, an Elite Cultivar of Chickpea. The Plant Genome*, 7. pp. 1-11. ISSN 1940-3372
- Varshney, R.K., Song, C., Saxena, R.K., Azam, S., Yu, S., Sharpe, A.G., Cannon, S., Baek, J., Rosen, B.D., Tar'an, B., Millan, T., Zhang, X., Ramsay, L.D., Iwata, A., Wang, Y., Nelson, W., Farmer, A.D., Gaur, P.M., Soderlund, C., Penmetsa, R.V., Xu, C., Bharti, A.K., He, W., Winter, P., Zhao, S., Hane, J.K., Carrasquilla Garcia, N., Condie, J.A., Upadhyaya, H.D., Luo, M.C., Thudi, M., Gowda, C.L.L., Singh, N.P., Lichtenzveig, J., Gali, K.K., Rubio, J., Nadarajan, N., Dolezel, J., Bansal, K.C., Xu, X., Edwards, D., Zhang, G., Kahl, G., Gil, J., Singh, K.B., Datta, S.K., Jackson, S.A., Wang, J., and Cook, D.R. 2013. *Draft genome sequence of chickpea (Cicer arietinum) provides a resource for trait improvement. Nature Biotechnology*, 31: 240–246.
- Verma, S., Gupta, S., Bandhiwal, N., Kumar, T., Bharadwaj, C. and Bhatia, S. 2015. *High-density linkage map construction and mapping of seed trait QTLs in chickpea (Cicer arietinum L.) using Genotyping-bySequencing (GBS). Scientific Reports*, 5: 17512.
- Winter, P., Pfaff, T., Udupa, S.M., Hüttel, B., Sharma, P.C., Sahi, S., Arreguin-Espinoza, R., Weigand, F. Muehlbauer, F.J. and Kahl, G. 1999. *Characterization and mapping of sequence-tagged microsatellite sites in the chickpea (Cicer arietinum L.) genome. Mol Gen Genet*, 262: 90-101.
- WOS 2020. Web of Science, <http://apps.webofknowledge.com/>
- Yasar, M., Ceylan, F.O., Ikten, C. and Toker, C. 2014. *Comparison of expressivity and penetrance of the double podding trait and yield components based on reciprocal crosses of kabuli and desi chickpeas (Cicer arietinum L.). Euphytica*, 196,: 331-339.
- Zeven A.C., 1975. Editorial: *Idiotype and Ideotype. Euphytica*, 24: 656.

8. EKLER

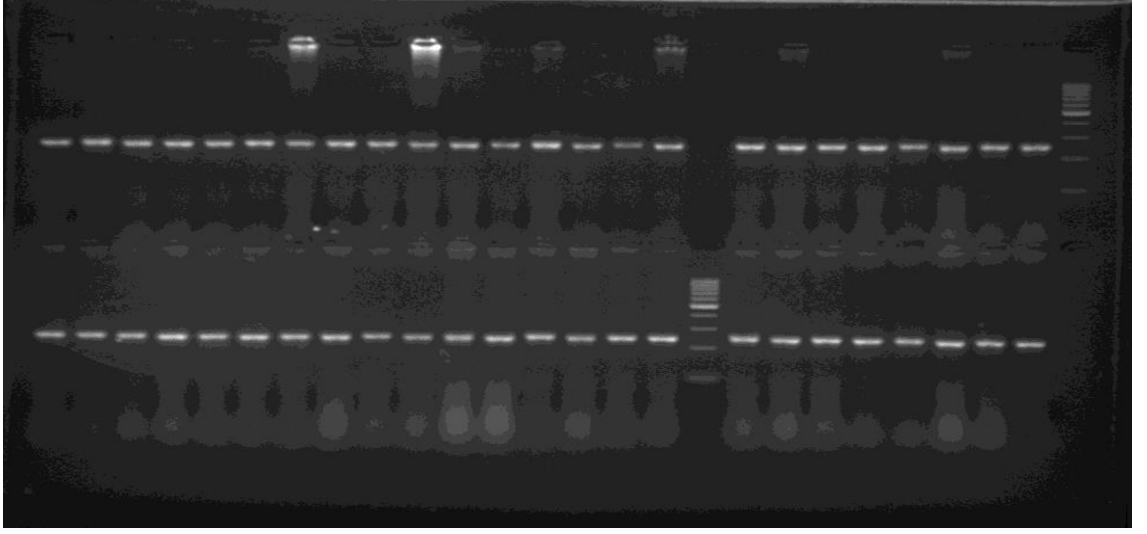
EK-1. GAA47, TA80 ve TS45 markörlerine ait bant görüntüleri (Orijinal)



GAA47 markörüne ait PCR sonrası %3'lük agaroz jeldeki bant görüntüleri (Orijinal)



TA 80 markörüne ait PCR sonrası %3'lük agaroz jeldeki bant görüntüleri (Orijinal)



TS 45 markörüne ait PCR sonrası %3'lük agaroz jeldeki bant görüntüleri (Orijinal)

EK-2. Çift ve çok baklalı genotiplerin yüksek sıcaklık stresine karşı oluşturdukları bakla bağlama stratejilerine ait fotoğraflar



EK-3. SCY17₅₉₀ ve CaETR-1 dayanıklılık markörlerini taşıyan çift baklalı ve iri daneli 6 genotipe ait fenolojik, tarımsal ve morfolojik verileri

Genotip no	Yaprak şekli	Çiçeklenme tarihi (gün)	%50 çiçeklenme tarihi (gün)	Bitki boyu (cm)	Dal sayısı (adet)	İlk bakla yüksekliği (cm)	Taç genişliği (cm)	Bakla sayısı (adet)	Dane sayısı (adet)	Dane verimi (g)	Biyolojik verim (g)	100-dane Ağırlığı (g)	Hasat indeksi (%)
132	Bileşik	46	49	51	3	37	79	51	53	22,63	67,85	50,20	33,35
16	Bileşik	49	53	45	2	33	62	34	34	14,83	38,58	51,40	38,44
51	Bileşik	44	47	50	3	30	82	43	43	18,71	59,29	56,00	31,56
115	Bileşik	46	49	50	4	30	91	64	66	34,47	75,71	56,50	45,53
40	Bileşik	47	50	53	3	40	59	71	74	33,78	68,28	57,50	49,47
18	Bileşik	47	50	59	3	30	90	104	94	43,15	116,99	59,80	36,88

ÖZGEÇMİŞ

TUBA EKER

ekertuba07@gmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2017-2020	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2013-2017	Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Antalya

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

- 1- Kivrak, K.G., **Eker**, T., Sari, H., Sari, D., Akan, K., Aydinoglu, B., Catal, M. and Toker, C. 2020. *Integration of Extra-Large-Seeded and Double-Podded Traits in Chickpea (Cicer arietinum L.)*. *Agronomy*, 10: 901. Q1
- 2- Esen A., Sari H., Erler F., Adak A., Sari D., **Eker T.**, Canci H., İkten C., Kahraman A., Toker C. (2019). *Correction to: Screening and selection of accessions in the genus Pisum L. for resistance to pulse beetle (Callosobruchus chinensis L.)*. *Euphytica*, 215(10), 155. Doi.org/10.1007/s10681-019-2395-4. Q2
- 3- Celmeli T., Sarı H., Canci H., Sari D., Adak A, **Eker T.**, Toker C. (2018). *The nutritional content of common bean (Phaseolus vulgaris L.) landraces in comparison to modern varieties*. *Agronomy*, 8(9), 166. Doi.org/10.3390/agronomy8090166. Q1

4- Toker C., Bakir M., Sari H., Sari D., Adak A., **Eker T.**, Canci H., Mutlu N., Smykal P. (2018). *Relationship between transgressive segregations and genetic distances based on SRR markers in Pisum species. Journal of Biotechnology*, 280, 28. Q1

5- **Eker T.**, Erler F., Adak A., Imrek B., Guven B., Tosun H.S., Sari D., Sari H., Upadhyaya H.D., Toker C., Ikten C. (2018). *Screening of chickpea accessions for resistance against the pulse beetle, Callosobruchus chinensis L. (Coleoptera: Bruchidae). J Stored Products Research*, 76, 51-57. Doi.org/10.1016/j.jspr.2017.12.007. Q1

