

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**PATLICANDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK INDEL
MARKÖRLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

Atiye ARICAN

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

NİSAN 2025

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**PATLICANDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK INDEL
MARKÖRLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

Atiye ARICAN

**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

NİSAN 2025

ANTALYA

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

**PATLICANDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK INDEL
MARKÖRLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

**Atiye ARICAN
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK)
tarafından 124O301 nolu 1002 projesi ile desteklenmiştir.**

NİSAN 2025

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**PATLICANDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK INDEL
MARKÖRLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

Atiye ARICAN
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 16/04/2025 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Hatice İKTEN (Danışman)

Prof. Dr. Faik KANTAR

Doç. Dr. Hatice Filiz BOYACI

ÖZET

PATLICANDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANILARAK INDEL MARKÖRLERİN GELİŞTİRİLMESİ

Atiye ARICAN

Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Hatice İKTEN

Nisan 2025; 45 sayfa

İslah programlarının sürdürülebilir olması ve yeni özelliklerin kültür çeşitlerine aktarılabilmesi için genetik çeşitlilik oldukça önem arz etmektedir. Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde, morfolojik markörlerin yetersiz kalması nedeniyle moleküler markörler tercih edilmektedir. Moleküler markör sistemlerinden, SSR (Simple Sequence Repeat/Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatelitler), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism/Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat/Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphism) gibi markörler birçok bitki türünde genetik çeşitliliğin belirlenmesi, genetik bağlantı haritalarının oluşturulması ve genom yapısını incelemek için kullanılmaktadır. SSR, AFLP gibi markörler Poliakrilamid Jel Elektroforezi ile ayrıştırılabilmektedir. Ancak SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markörler, yeni nesil dizileme verileri kullanarak elde edilir ve yüksek maliyet gerektirmektedir. InDel markörler ise, ekleme-silme dizisi bölgesinin her iki tarafından tasarlanan spesifik primerlere dayanan polimorfizm oranı yüksek, agaroz jelde ayrıştırılabilen markörlerdir. InDel markör geliştirilerek birçok bitki türünde çeşitli çalışmalar yapılmıştır. Ancak Patlıcanda (*Solanum melongena* L.) InDel markör geliştirmek için yapılan çalışmalar sınırlıdır ve agaroz jelde ayrışabilen ürünler veren patlıcan InDel markörlerine literatürde rastlanmamıştır. Bu çalışma ile farklı patlıcan genotiplerinin, yeni nesil dizileme verileri kullanarak InDel markörleri geliştirilmesi hedeflenmiştir. InDel bölgelerinin bulunması için Dindel yazılım programı kullanılarak InDel bölgeleri belirlenmiş ve belirlenen InDel bölgeleri ile ilişkili primerler Primer3 programı kullanılarak dizayn edilmiştir. Yeni dizayn edilen InDel markörleri patlıcan genetik kaynaklarının tanımlanması, polimorfizm durumlarının belirlenerek ileride yapılacak genetik haritalama ve ıslah çalışmalarına katkı sağlaması hedeflenmektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Genetik çeşitlilik, InDel markörler, Moleküler belirteçler, Patlıcan, *Solanum melongena* L.

JÜRİ: Doç. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Faik KANTAR

Doç. Dr. Hatice Filiz BOYACI

ABSTRACT

DEVELOPMENT OF INDEL MARKERS IN EGGPLANT USING NEW GENERATION SEQUENCING DATA

Atiye ARICAN

Master Thesis, Department of Agricultural Biotechnology

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Hatice IKTEN

April 2025; 45 pages

Genetic diversity is very important for the sustainability of breeding programs and the transfer of new traits to cultivars. Due to the inadequacy of morphological markers in determining genetic diversity, molecular markers are preferred. Among molecular marker systems, markers such as SSR (Simple Sequence Repeat), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) and SNP (Single Nucleotide Polymorphism) are used to determine genetic diversity, to create genetic linkage maps and to examine genome structure in many plant species. SSR and AFLP can be separated by Polyacrylamide Gel Electrophoresis. However, SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markers are obtained using next generation sequencing data and require high cost. The products of InDel primers designed from both sides of the insertion-deletion sequence region are suitable to separate in agarose gel with high polymorphism rate. Various studies have been carried out in many plant species by developing InDel markers. However, studies to develop InDel markers in eggplant (*Solanum melongena* L) are limited and no eggplant InDel markers suitable to agarose gel electrophoresis have been found in the literature. The aim of this study was to develop InDel markers for different eggplant genotypes using next generation sequencing data. InDel regions were identified using Dindel software program and primers associated with the identified InDel regions were designed using Primer3 program. The newly designed InDel markers are aimed to contribute to future genetic mapping and breeding studies by identifying eggplant genetic resources and determining their polymorphism level.

KEYWORDS: Genetic diversity, InDel markers, Molecular markers, Eggplant, *Solanum melongena* L.

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Hatice IKTEN

Prof. Dr. Faik KANTAR

Assoc. Prof. Dr. Hatice Filiz BOYACI

ÖNSÖZ

Yüksek lisans eğitimim boyunca, hedeflerime ulaşma yolculuğumda bana rehberlik eden, bilgisini, ilgisini ve desteğini her zaman cömertçe paylaşan, değerli hocam Doç. Dr. Hatice İKTEN'e en içten teşekkürlerimi ve saygılarımı sunarım.

Çalışmalarımız süresince katkılarıyla bu çalışmanın gelişimine katkı sağlayan, biyoinformatik analizler çerçevesinde bilgi ve deneyimlerini esirgemeyen saygıdeğer hocam Doç. Dr. Cengiz İKTEN ve farklı lokasyonlardan toplamış olduğu patlıcan genotiplerini bizimle paylaşan Prof. Dr. Faik KANTAR hocama teşekkürlerimi sunuyorum.

Bu çalışmada kullanılan, patlıcan genotiplerinin temininde sağladıkları katkılardan dolayı Antalya Tarım A.Ş.'ye şükranlarımı sunarım.

Tez çalışmama maddi destek sağlayan Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu'na (TÜBİTAK), 1002 Programı kapsamında yürütülen 124O301 numaralı proje ile verdikleri değerli katkılar için teşekkür ederim.

Bu süreçte Avrupa Birliği Horizon Projesi kapsamında çalışma ve maddi destek alma fırsatı sunan sayın hocam Dr. Öğr. Üyesi Seyit YÜZÜAK'a teşekkür ederim.

Varlıklarıyla bana güç veren, sevgileri ve anlayışlarıyla her daim yanımda olan aileme, değerli arkadaşım Aslı ÇETİN'e ve ailesine, ayrıca tüm dostlarıma gönülden teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ	iii
AKADEMİK BEYAN	v
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	3
3. MATERYAL VE METOT	11
3.1. Materyal.....	11
3.1.1. Bitkisel Materyal	11
3.2. Metot	15
3.2.1. DNA İzolasyonu	15
3.2.2. Indel Bölgelerinin Tespiti	16
3.2.3. Primer Dizaynı.....	18
3.2.4. Indel Markörlerin Validasyonu	18
3.2.5. Jelin Hazırlanması	19
3.2.6. PCR Ürünlerinin Görüntülenmesi	19
3.2.7. Verilerin Değerlendirilmesi ve Dendrogram Oluşturma	19
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	20
4.1. Genomik DNA İzolasyonu	20
4.2. Gradient PCR	20
4.3. InDel Analizleri	20
4.4. Popülasyon Yapısı Belirlenmesi STRUCTURE Analizi	31
5. SONUÇLAR	38
6. KAYNAKLAR	40
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Patlıcanda Yeni Nesil Dizileme Verileri Kullanılarak InDel Markörlerin Geliştirilmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

16/04/2025

Atiye ARICAN



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

dk	: Dakika
sn	: Saniye
mM	: Milimolar
ml	: Mililitre
μmol	: Mikromol
μl	: Mikrolitre
°C	: Santigrat derece

Kısaltmalar

AFLP	: Amplified Fragment Length Polimorfizm
CAPS	: Cleaved Amplified Polymorphic
CTAB	: Cetyl Trimethyl Amonyum Bromide
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
Fst	: Fiksasyon indeksi
HCl	: Hidroklorik Asit
InDel	: Insertion- Deletion
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeat
NaCl	: Sodyum klorür
NCBI	: National Center for Biotechnology Information
NGS	: Next-generation sequencing
NTSYS	: Numerical Taxonomy Multivariate Analysis
PIC	: Polimorfizm bilgi içeriği
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu

RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA-Rastgele oğaltılmış DNA Polimorfizmi
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
SCAR	: Sequence Characterized Amplified Regions
SNP	: Single Nucleotide Polymorphisms–Tek Nükleotit Polimorfizmi
SRAP	: Sequence Related Amplified Polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeat-Basit Tekrarlı Diziler- Mikrosatelitler
STS	: Sequence Tagged Site
TBE	: Tris/Borik asit/EDTA Tampon çözeltisi
Tris	: Tris(hydroxymethyl)aminomethane]
QTL	: Kantitatif Özellik Lokusu

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. SRA bilgileri kullanılan genotiplerin bazılarının meyve özellikleri.....	17
Şekil 4.1. Çalışmada kullanılan 1_96M, 1_110M, 3_85M, 1_23M ve 3_14M primerlerinin Gradient PCR sonrası jel elektroforez görüntüsü	20
Şekil 4.2. InDel markörlerin validasyonuna ait jel görüntüsü	21
Şekil 4.3. InDel markörlerin validasyonuna ait jel görüntüleri	22
Şekil 4.4. InDel analizleri sonucu elde edilen Popülasyon I'e ait dendogram	26
Şekil 4.5. InDel verileriyle gerçekleştirilen temel bileşenler analizi sonucu ortaya çıkan Popülasyon I'e ait iki boyutlu grafik.....	28
Şekil 4.6. InDel verileriyle gerçekleştirilen temel bileşenler analizi sonucu ortaya çıkan Popülasyon I'e ait üç boyutlu grafik	29
Şekil 4.7. InDel analizleri sonucu elde edilen Popülasyon II'e ait dendogram	30
Şekil 4.8. InDel verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu oluşturulan Popülasyon II'e ait iki boyutlu grafik	31
Şekil 4.9. InDel verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu oluşturulan Popülasyon II'e ait üç boyutlu grafik.....	31
Şekil 4.10. Popülasyon I'e ait patlıcan genotipleri üzerinde gerçekleştirilen STRUCTURE analizi sonuçlarını gösteren ΔK (Delta K) grafiği.	32
Şekil 4.11. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen popülasyon I'e ait veri sonuçları dağılımları.....	33
Şekil 4.12. Popülasyon II'e ait patlıcan genotipleri üzerinde gerçekleştirilen STRUCTURE analizi sonuçlarını gösteren ΔK (Delta K) grafiği.	35
Şekil 4.13. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen popülasyon II'e ait veri sonuçları dağılımları.....	36

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan I. Popülasyona ait genotiplerin kodları, orijinleri ve meyve şekilleri ile ilgili bilgiler	11
Çizelge 3.2. Çalışma kapsamında kullanılan II. popülasyona ait genotiplerin kodları, toplandıkları lokasyonlar ve meyve özellikleri	12
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan InDel primerlerinin kodları, dizilim bilgileri ve ürün büyüklükleri	13
Çizelge 3.4. Resequencing analizi ile NCBI gen bankasında NGS verileri oluşturulmuş farklı fenotipe sahip 21 adet Solanum melongena'ye ait SRA verisi	16
Çizelge 3.5. Tez kapsamında kullanılan markörlerin test edilmesinde uygulanan PCR bileşenleri ve miktarları	18
Çizelge 3.6. Tez kapsamında kullanılan markörlerin test edilmesi için uygulanan PCR programı	18
Çizelge 4.1. Popülasyon I'de validasyonu yapılan InDel primerlerinin toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı polimorfizm oranları ve PIC değerleri	24
Çizelge 4.2. Popülasyon II'de validasyonu yapılan InDel primerlerinin toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı, polimorfizm oranları ve PIC değerleri	25
Çizelge 4.3. Popülasyon I'e ait, beklenen heterozigotluk ve her bir alt popülasyona ait genotip sayısı	34
Çizelge 4.4. Popülasyon I'e ait, popülasyonlar arasındaki alel-frekans farklılığı	34
Çizelge 4.5. Popülasyon II'e ait, beklenen heterozigotluk ve her bir alt popülasyona ait genotip sayısı	36
Çizelge 4.6. Popülasyon II'e ait, popülasyonlar arasındaki alel-frekans farklılığı	37

1. GİRİŞ

Genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılan germplazm kaynakları, tarımsal özelliklerin çeşitliliğini değerlendirmek amacıyla önemli bir gen havuzu sağlamaktadır. Bununla birlikte, bazı ıslah ve taksonomi çalışmalarında karşılaşılan veri eksiklikleri, moleküler yöntemlere olan ihtiyacı artırmıştır. Bu gereksinim doğrultusunda, genetik çeşitliliğin analizine yönelik DNA tabanlı moleküler teknikler geliştirilmiştir.

Günümüzde pek çok bitki araştırmacısı, belirli bitki türlerinin genetik polimorfizmlerini ve bağlantı harita yapılarını incelemek amacıyla moleküler markörler kullanmaktadır. Bu sayede genom bölgeleri, moleküler markörler aracılığıyla tespit edilebilmektedir. DNA tabanlı moleküler markör tekniğiyle oluşturulan genetik haritalar, moleküler düzeyde genetik lokusların bağlantılarının analiz edilmesini sağlamaktadır. Moleküler markörler, bitki ıslah süreçlerinde bir sonraki adımın doğru şekilde belirlenmesini ve hızlı sonuçlar elde edilmesini mümkün kılmakta, bu da ıslah çalışmalarına önemli bir katkı sunmaktadır.

Moleküler markörler genetik haritalamada, QTL (Quantitative Trait Loci) analizlerinde, genetik akrabalıkların belirlenmesinde, gen kaynaklarının karakterizasyonunda ve ıslah çalışmalarında markör yardımcı seleksiyon amacıyla kullanılmaktadır. Moleküler karakterizasyon ve haritalama çalışmalarında düşük maliyetli, sınırlı laboratuvar altyapısı ile uygulanabilir, güvenilir, tekrarlanabilir ve polimorfizm oranı yüksek markörlere ihtiyaç vardır. InDel markörler, yeni nesil dizileme veri analizi kullanılarak elde edilen ve farklı bitki türlerinde uygulanan PCR'a dayalı ve agaroz jelde ayrıştırılabilen bir markör sistemidir. Patlıcanda InDel markörler ile yapılmış çalışmalar çok sınırlı olup şimdiye kadar elde edilen InDel markörleri agaroz jel ile çalışmaya uygun değildir (Gramazio vd., 2016; Wei vd., 2020; Fukuoka vd., 2012; Lv vd., 2023). Bu nedenle çalışmanın amacı, yeni nesil dizileme verilerini kullanarak patlıcanda InDel markör geliştirmek ve PCR koşullarını optimize ederek polimorfizm durumlarını belirlemek, yeni dizayn edilen bu InDel markörleri ile farklı patlıcan genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği belirleyerek validasyonunu yapmaktır. Yeni geliştirilen InDel primerleri ile elde edilen PCR ürünleri agaroz jelde ayrışabilecek boyutlarda olup, sınırlı altyapı imkanlarına sahip laboratuvarlarda kullanılabilme potansiyeli taşımaktadır.

Patlıcan, Solanaceae familyasının bir üyesidir ve dünyanın birçok yerinde yaygın olarak yetiştirilmektedir. Patlıcan bitkisi, gövde, yaprak, çiçek ve meyve özellikleri bakımından oldukça çeşitlilik göstermektedir. Gövdesi tüylü veya tüysüz, yeşil ya da morumsu renktedir. Yaprakları boyut, şekil ve renk açısından farklılıklar gösterirken, çiçekleri açık maviden mora kadar değişen tonlara sahiptir. Meyveleri şekil, renk ve desen açısından oldukça çeşitlidir; boyları 4-45 cm, kalınlıkları 2-35 cm arasında değişebilir. Meyve ağırlıkları ise 15 gramdan 1500 grama kadar ulaşabilmektedir. Fizyolojik olgunluğa ulaştığında kahverengi, kırmızı veya sarı renge dönebilir (Sekara vd., 2007; Lister, 2007).

Patlıcan, 12 kromozom içeren ve diploid bir yapıya sahip ($2n = 24$) bir bitkidir (Bebeli ve Mazzucato, 2008). Farklı genetik kaynaklar kullanılarak Patlıcanda IPBS (Shimira vd., 2021), SSR (Hautea, 2014), AFLP (Mace vd., 1999) ve ISSR (Isshiki vd., 2008) markörleri genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve popülasyon yapısının belirlenmesi

amacıyla kullanılmıştır. Patlıcanda daha önce yapılan çalışmalar incelendiğinde geliştirilen InDel markörler ise, polyacrylamide jel ve dizileme (high-throughput) (Fukuoka vd. 2012) analizleri ile ayrıştırılacak boyutta ürünler vermektedir. Bundan dolayı patlıcanda PCR'a dayalı ve agaroz jelde ayrıştırmaya uygun InDel markörler yok ya da çok sınırlıdır. Patlıcan bitkisinde InDel bölgelerinin belirlenmesi için daha önce resequencing çalışmaları ile NGS verileri oluşturulmuş farklı fenotip yapısına sahip 21 adet SRA verisi gen bankasında (NCBI) mevcut olup, çalışma için kullanılmıştır.

Bu çalışma ile Antalya ilinde yetiştirilen, farklı lokasyonlardan da temin edilmiş patlıcan genotiplerinin genetik yakınlıkları tespit edilerek, aynı zamanda bu genotipler için InDel markörleri geliştirilerek genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılmıştır.



2. KAYNAK TARAMASI

Patlıcan (*Solanum melongena* L.), Solanaceae familyasına ait olan, Orta ve Güneydoğu Asya'nın yanı sıra Afrika'nın bazı ülkelerinde de yaygın yetiştirilmekte olan bir sebze türüdür (Demir vd., 2010). Solanaceae (Patlıcangiller) familyası, yaklaşık 90 cinsi ve 2500 türü bünyesinde barındırmaktadır (Vorontsova ve Knapp, 2012). Minareller ve vitaminler açısından zengin olan patlıcan, özellikle demir, A, C, B6, B1, folat ve niasin gibi besin öğeleri bakımından oldukça besleyici bir sebzedir (Sharma vd. 2020).

Dünya genelinde üretilen sebzeler arasında patlıcan, domates, biber, hıyar ve tütünden sonra gelen bitkisel ürünler arasında yer almaktadır (Fidan & Sarıkaya, 2020). Patlıcan üretimi en fazla Çin, Hindistan, Mısır ve Türkiye'de gerçekleştirilmektedir. Türkiye'de patlıcan üretimi hem açık alanlarda hem de seralarda yapılabilmektedir. Ancak iklim, toprak gereksinimleri ve bakım koşulları gibi faktörler nedeniyle her bölgede yetiştirilememektedir. Yetiştiricilerin, tüketici taleplerindeki değişimlere ya da dayanıklılık özelliklerine bağlı olarak karşılaştıkları zorluklarla başa çıkabilmek için yeni çeşitler geliştirmeleri veya mevcut çeşitleri iyileştirmeleri açısından genetik kaynakların değerlendirilmesi büyük önem taşımaktadır. Şu ana kadar toplanan patlıcan genotipleri genellikle bazı Avrupa ve Asya ülkelerine ait olsa da dünya genelinde patlıcan germplazmına yönelik kapsamlı bir koleksiyon bulunmamaktadır (Demir vd. 2010).

Son yıllarda bitki sistematigi tanımlamalarında karşılaşılan veri yetersizlikleri nedeniyle moleküler yöntemlere yönelik ilgi artmış ve bu alanda DNA ile ilgili yeni teknikler geliştirilmiştir (Yılmaz vd. 2022). Moleküler markörler, bitki biyoteknolojisinde önemli araçlar olarak kabul edilmektedir. Bu markörler, genom içinde bulunan gen bölgeleri ya da bu bölgelerle ilişkili DNA segmentlerindeki farklılıkları temsil etmektedirler. Bu tür farklılıklar; eklenme, silinme, yer değiştirme veya duplikasyon gibi genetik olaylar sonucunda meydana gelebilir. DNA tabanlı yapıya sahip olmalarından dolayı genetik markörler genellikle DNA markörleri olarak adlandırılmaktadır (Filiz ve Koç, 2011). Markörler, farklı genotiplere sahip DNA dizilimindeki varyasyonları belirlemede etkili bir araç olarak öne çıkmaktadır. Bu markörler; QTL (Quantitative Trait Loci) analizleri, genetik haritalama, yeni geliştirilen çeşitlerin korunması, genetik ilişkilerin belirlenmesi, genetik kaynakların karakterizasyonu, duplikasyona uğramış genotiplerin tespiti ve bitki ıslahı gibi çeşitli alanlarda yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Usage ve Breed, 2015). İdeal bir moleküler markör tekniği, yüksek polimorfizm göstermeli, tüm dokularda gözlemlenebilir olmalı, kodominant kalıtım sergileyip genomda sıkça bulunmalı, erişimi kolay olmalı ve yüksek derecede tekrarlanabilir özelliklere sahip olmalıdır.

Moleküler markörler, kullanıldıkları teknikler temel alınarak iki ana kategoriye ayrılmaktadır: Hibridizasyon temelli ve Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PCR) Dayalı Markörler. Hibridizasyona dayalı markörlerin en bilinen örneklerinden biri RFLP'dir (Restriction Fragment Length Polymorphism). PCR tabanlı markörler ise daha geniş bir kullanım alanına sahiptir ve SSR (Simple Sequence Repeat), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) ve ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) gibi yöntemleri kapsamaktadır. Ayrıca, SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), SCAR (Sequence Characterized

Amplified Regions), STS (Sequence Tagged Site) ve CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence) gibi belirteçler de polimorfizmin tespiti için yaygın olarak tercih edilmektedir.

Moleküler markör sistemleri, farklı bitki türlerine ait çeşitlerin genetik analizlerinde ve tanımlamalarında sıklıkla kullanılan, klasik ıslah çalışmalarını destekleyici ve tamamlayıcı araçlar olarak kabul edilmektedir. Son yıllarda moleküler markör teknolojilerinin gelişmesiyle birlikte, markör destekli seleksiyon yöntemleri sayesinde bitki ıslahı alanındaki çalışmalar daha etkin bir şekilde gerçekleştirilebilmekte ve klasik ıslah yöntemlerine göre daha güvenilir, başarılı sonuçlar elde edilebilmektedir (Yılmaz, 2021).

Farklı bitkilerde genlerin ve genomların karşılık gelen bölgeleri, eklemeler veya delesyonlar nedeniyle farklı dizi uzunluklarına sahip olabilir (Yang vd., 2014). Bu mutasyonlar InDel olarak adlandırılır. InDel'ler, aynı veya yakından ilişkili türler arasında genom dizisinde aynı bölgede farklı büyüklükteki nükleotit fragmanlarının eklemelerini veya silmelerini gösteren, dizideki boşluklardır. Genom boyunca geniş çapta dağılır ve bir genomda yüksek yoğunlukta çok sayıda bulunabilmektedir. Ekleme-silme (InDel) polimorfizmleri, tek nükleotid polimorfizmleri (SNP'ler) gibi genomda en sık görülen ikinci polimorfizm türüdür. InDel polimorfizmleri, PCR ve elektroforez kombinasyonu kullanılarak SNP'lerden daha düşük maliyetle ve fragman uzunluk farkı olarak daha kolay saptanabilmektedir.

InDel markörler, ekleme-silme dizisi bölgesinin her iki tarafından tasarlanan spesifik primerlere dayanan PCR ile amplifiye edilebilen bir markör sistemidir. Bu moleküler markörler spesifikliği nedeniyle sonraki analizlerde karışıklığı önlemeye yardımcı olan yüksek doğruluk ve iyi stabilite avantajına sahiptir (Sehn, 2015).

İnsersiyon ve delesyon (InDel) bölgeleri, genomda sık rastlanan yapısal varyasyon türlerindendir. Bu varyasyonlar, genellikle polimeraz kayması veya transpozonların hareketi gibi süreçler sonucunda oluşmaktadır. En sık karşılaşılan InDel durumları, tek bir bazın eklenmesi veya çıkarılması, delesyonlar ve monomerik ya da polimerik baz çiftlerinin eklenmesiyle oluşur (Sudmant vd., 2015). Bu markörler, özellikle populasyon genetiği, bitki tanımlama ve genetik haritalama çalışmaları gibi birçok alanda farklı bitki türlerinde kullanılmaktadır. Yüksek yoğunluklu, maliyet açısından verimli ve genotiplleme açısından kolay olmaları nedeniyle moleküler markörler, önemli bir araştırma aracı olarak giderek daha fazla tanınmaktadır. InDel polimorfizmi üzerine dayalı moleküler markörler geliştirilerek, birçok bitki türünde genetik analizler yapılmıştır. Bazı araştırmacılar, özellikle hastalık direncini tanımlamak amacıyla InDel markörleri geliştirmiştir. Hastalıklarla mücadelede en etkili yol, dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi ve bu çeşitlerin üretilmesidir. Bitki ıslahı çalışmalarında, yüksek verim, yüksek kalite, kışa ve kuraklığa dayanıklılık ile hastalıklara karşı direnç gibi özellikler oldukça önemlidir. Bu bağlamda, moleküler markörler aracılığıyla yeni dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi ve mevcut çeşitlere dayanıklılık genlerinin aktarılması mümkün olabilmektedir.

Liu vd. (2015) tarafından yer fıstığı yetiştiriciliğinde potansiyel kullanımı arttırmak ve yer fıstığı hastalığı direncini tanımlamak için fonksiyonel gen dizilerinden 48 InDel markörü geliştirilerek, yer fıstığının genetik çeşitliliği moleküler markör

kullanılarak kapsamlı bir şekilde araştırılmıştır. Bu markörler, fonksiyonel gen dizilerinden türetilmiş ve 118 farklı yer fıstığı genotipi üzerinde test edilmiştir. Analizler sonucunda, 16 markörün polimorfik olduğu ve genetik çeşitliliği başarılı bir şekilde ayırt edebildiği belirlenmiştir. Bazı markörlerin, hastalık direnç özellikleriyle anlamlı ilişkileri saptanmıştır. Geliştirilen InDel markörlerinin, yer fıstığı ıslahında ve marker-assisted selection (markör destekli seleksiyon) çalışmalarında etkili bir şekilde kullanılabileceği vurgulanmıştır.

Liu vd. (2016) karpuz (*Citrullus lanatus*) da *Fusarium* hastalığına karşı direnç genlerinin tanımlanması ve haritalanması amacıyla polimorfik InDel (insersiyon-delesyon) markörleri karakterize etmişlerdir. Toplamda, 25,701 potansiyel InDel markörü tanımlanmış ve bunlardan 7,387 tanesi >10 bp uzunluğunda olanlar arasında seçilmiştir. Çalışma sonucu olarak, 69 primer çifti tasarlanmıştır. Bu primer çiftlerinin 54'ü *Fusarium*'a duyarlı dişi ebeveyn 'JSw01-1' ile dirençli erkek ebeveyn 'JRw08-3' arasında polimorfizm saptamıştır. Her primer için allel sayısı 1 ile 11 arasında farklılık göstermiştir.

Ye vd. (2021) Maş fasulyesi genomik çalışmalarında, sarı mozaik virüsü direnci ve cercospora yaprak lekesi direncini önlemek için, ebeveynler arasındaki dizi varyasyonlarına dayalı 129 InDel markör geliştirmişlerdir. Çalışmada, iki ebeveyn arasında yapılan genom yeniden dizilim analizi ile genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur.

Abdelrahman vd. (2018) kuşkonmazda yaptıkları çalışmada, gövde yanıklığına neden olan *Phomopsis asparagi*'ye karşı, dirençli *A. kiusianus* ve duyarlı olan *A. officinalis*'te gen ekspresyon analizi yöntemini kullanılarak SNP ve InDel markörlerinin geliştirilmesini hedeflemişlerdir. Bu çalışma, hastalığa karşı dirençle ilişkili transkriptomlar ve genetik varyantlar üzerine yapılan ilk araştırma olma özelliği taşımaktadır.

Kim vd. (2017) domatesteki Cf-9 geninin, *Cladosporium fulvum*'un neden olduğu yaprak küfü hastalığına karşı, genotipleme doğruluğunu artırmak ve yüksek verimli taramayı kolaylaştırmak için Cf-9 alelini hedefleyen SNP ve InDel markörlerin geliştirilmesini amaçlamışlardır. Araştırma, bu genetik markörlerin kullanılmasıyla domates bitkilerinde yaprak küfü hastalığına karşı dayanıklılığın belirlenmesinin kolaylaştığını ortaya koymuş, yeni geliştirilen SNP ve InDel markörlerinin, Cf-9 lokusunun genotiplenmesinde etkili bir şekilde kullanılabileceğini göstermiştir.

Dracatos vd. (2021) arpa yaprağında oluşan *Puccinia hordei*'nin neden olduğu yaprak pasına karşı direnç allelleri Rph20 ve Rph24 için PCR tabanlı InDel markörlerinin geliştirilmesi ve doğrulanmasını, İslam vd. (2020) kavundaki bakteriyel meyve lekesi direncine karşı dirençli ve duyarlı polimorfizmleri belirlemek için PCR tabanlı InDel marker MB157-2'nin geliştirilmesini için çalışmalar yapmışlardır.

Seki (2022) marulda erkek kısırlığı ile ilişkili olan *LsACOS5* geninin tespiti ve InDel markör'ün geliştirilmesi üzerine ddRAD-seq ve resequencing analizlerini yapmıştır. Bu çalışmada, *LsACOS5* geninin polimorfizmini kullanılarak erkek kısırlığı (MS) özelliğini seçmek için bir InDel markör geliştirmiştir.

Choi vd. (2020) MR-1 kavun kaynakları kullanılarak mantar hastalığına karşı, PM-dirençli kavun için CAPS markörü geliştirerek, MR-1 kavun genomunun PCR DNA bölgesinde 41 bp'lik bir delesyon olduğunu bulmuşlardır. Bu bölgede ekleme/silme (InDel) bilgisi kullanılarak polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) uzunluk polimorfizmini ayırt edebilen yeni bir InDel markör üretmişlerdir.

Moleküler karakterizasyon araştırmalarında, çeşitli markör sistemleri tek başına veya bir arada kullanılarak genetik analizler yürütülmüştür. Raman vd. (2006), alüminyumla uyarılan malat akışını kolaylaştıran bir proteini kodlayan *ALMT1* genini buğdayda (*Triticum aestivum* L.) karakterize etmiş ve haritalandırmıştır. Bu çalışmada, *ALMT1* geninin intron 3 bölgesindeki ekleme/silme (InDel) ve SSR tekrarlarını hedefleyen moleküler markörlerin belirlenmesi amacıyla çalışmalar yapılmıştır.

Liu vd. (2019) iki çay (*Camellia sinensis*) çeşidi olan 'Shuchazao' ve 'Yunkang 10' arasındaki kateşin/kafein içeriğinin farklı olduğunu ve kateşin/kafein biyosentezi ile ilgili genlerde çok sayıda SNP/InDels tanımlandığını gözlemlemişlerdir. Yunkang 10'un referans genomunu 'Shuchazao' ile eşleştirerek, DNA polimorfizmlerini genom çapında kapsamlı bir şekilde araştırmışlar ve aralarındaki yüksek düzeyde genetik çeşitliliği ortaya çıkarmışlardır. Araştırma sonucunda toplam 7.071.433 SNP ve 255.218 InDel tanımlanmıştır. Tanımlanan genom çapında genetik varyasyonlar ve yeni geliştirilen InDel markörleri, çay bitkisi genetik ve genomik çalışmaları için, özellikle de kateşin/kafein biyosentezi ile ilişkili genlerdeki SNP'ler/InDel'in aydınlatılması için önemli bir kaynak sağlayacağını ön görmüşlerdir.

Adedze vd. (2021) hıyarda iki ebeveynden (X1 ve X2) alınan dizileme verileri ile InDel markörlerini geliştirmişlerdir. InDel markörlerini hibrit tohum saflık testi etkinliğini değerlendirmek için kullanmışlardır.

Xu vd. (2019) çalışmalarında, alternatif ekleme (splicing) ile markör gelişimini analiz etmek için üç adet lahana transkriptom verilerinden referans genomunu hizalayarak, genetik harita oluşturma ve germplazm tanımlaması için InDel, SNP, SSR markörlerini ve yeni mRNA transkriptlerini belirlemişlerdir.

Son yıllarda, model bitki *Arabidopsis thaliana*'da harita tabanlı klonlama ile mutasyonlardan birçok gen tanımlanmıştır. Bu çalışmada da Tanaka vd. (2020) *Arabidopsis*'te yaygın olarak kullanılan (Col-0) ve (L er-0) ekotipleri arasındaki InDel markörlerinin genetik haritalama süreçlerinde kullanımını detaylandırmışlardır.

Islah çalışmalarında, genetik kaynakların moleküler düzeyde tanımlanması, doğru ebeveyn seçimleri açısından büyük önem taşımaktadır. Bunun yanı sıra, bazı yabancı türler için moleküler belirteçlerin geliştirilmesi de kritik bir rol oynamaktadır. Yamaki vd. (2013), yaptıkları çalışmada, *Oryza* cinsindeki farklı genom tiplerini veya türlerini ayırt etmek için 102 yabancı tür için PCR tabanlı ekleme/silme (InDel) markörlerini geliştirmişlerdir. Bu markörlerin, yabancı *Oryza* türlerinin tanımlanmasını daha güvenilir hale getirmek için faydalı bir araç olduğunu göstermişlerdir.

Osorio vd. (2018) *Lupinus luteus* L. (Fabaceae) iki yakın akraba türleri olan *Lupinus hispanicus* ve *Lupinus mutabilis* acı bakla türlerini karşılaştırmak amacıyla yeni InDel markörlerini geliştirmeyi amaçlamışlardır. İki tür ile *L. luteus* arasında

toplam 118 polimorfik InDel markörü belirlemişlerdir. Bu InDels'in 18'ini, çeşitli *Lupinus luteus* koleksiyonunu genotiplemek için kullanmışlardır.

Brew-Appiah vd. (2019) model tür olan *Brachypodium distachyon* katılımları için Bd21 ve Bd21-3 arasında kolay ayırım yapabilmek ve uzunluk polimorfizm farklarını üretmek için InDel markörü tasarlanmış ve kullanılmıştır.

Liu vd. (2015) B73 mısır referans genomu ile 345 yetiştirilmiş mısır hattın ve yerel ırkların yeni nesil dizileme verilerini kullanarak, InDel markörleri geliştirmişlerdir. 345 mısır genomunda toplam 958.79 InDel/Mbp ve ortalama alel sayısı 2 ile 107 arasında değişen toplam 1.973.746 benzersiz InDel tanımlanmıştır. Çalışma sonucunda, mısır genomunun gen bölgelerindeki polimorfizm seviyesinin, genler arası bölgelerden daha yüksek olduğunu ve bu çalışmadan geliştirilen polimorfik InDel markörlerinin, mısırdaki genetik araştırma ve markör destekli ıslahın verimliliğini artırabileceğini ön görmüşlerdir.

Song vd. (2015), Çin'e ait yerel bir soya fasulyesi çeşidi olan Hedou 12 ile Williams 82'nin genetik haritalamasını yapmak amacıyla InDel markörleri geliştirmişler ve yeni nesil dizileme teknolojisiyle genomlarını yeniden dizilemişlerdir. Sonuçlar, soya fasulyesinde dizileme verilerinin, genetik haritalama amacıyla yüksek kaliteli markörlerin geliştirilmesinde son derece etkili olduğunu göstermektedir.

DNA veya moleküler markörler kullanılarak, QTL'lerin (kantitatif özellik lokusları) yerleri belirlenebilir, genom içinde dağılımları ortaya konabilir ve haritalanabilir. Bu genlerin genomda hangi bölgelerde bulunduğunu bilmek, bitki ıslahı çalışmalarında büyük önem taşımaktadır. Moleküler markörlerden, türetilen kromozom haritaları, bazı özelliklerin genetik kontrolünü anlamaya ve bu özelliklerin genetik bileşenlerine ayrılmasına olanak tanımaktadır. Uygun bir popülasyonda QTL analizi adı verilen yöntemle, belirli kromozom bölgelerinde yer alan genlerin konumu belirlenebilir ve bu genlerin etkisinin eklemeli mi yoksa baskın mı olduğu saptanabilir.

Muñoz-Espinoza vd. (2020) üzümde tane boyutu ile ilişkili SNP ve InDel markörlerini tanımlamak ve QTL-bağlantı haritalama yardımıyla karakterize etmeyi amaçlamışlardır. 30 SNP ve 8 InDel, bir transkriptomik yaklaşım (RNA-Seq) kullanılarak tanımlanmışlardır. Araştırma sonuçlarında, sofralık üzümlerde tane ağırlığı için aday belirteçler olarak SNP'lerin ve InDel'in uygunluk gösterdiğini belirtmişlerdir.

Li vd. (2015) biber soyları, BA3 (*C. annuum*) ve B702 (*C. annuum*) için genom analizi yapılarak, rastgele bir primer çifti içinde 251 InDel işaretçisi doğrulamıştır. Ardından intraspesifik çaprazlama BA3 x B702'den türetilen F2 popülasyonu için Linkage bağlantı haritası kullanılarak InDel markörlerini geliştirmişlerdir.

Srivastava vd. (2016) nohutta *C. arietinum desi* ve *C. reticulatum* iki tür arasındaki çaprazlamalardan türetilen yüksek çözünürlüklü QTL haritalama ve genetik ilişkilendirme popülasyonu için, InDel markörlerini geliştirmişlerdir.

Wang vd. (2018) gerçekleştirdikleri çalışmada, 56 soya fasulyesi genotipine ait bilgileri kullanarak 17.613 InDel bölgesini tespit etmiş ve bu bölgeler için 12.619 primer çifti geliştirmişlerdir. Ardından, 2.841 primer çifti kullanarak rastgele bir alt küme ile bir bağlantı haritası (linkage haritası) oluşturmuş ve bu harita üzerinde 20 bağlantı grubu belirlemişlerdir. Araştırmacılar, geliştirdikleri bu haritayı kullanarak, QTL analizi yapmış ve bu karakterin genomdaki yerini haritalamışlardır.

Moleküler belirteçler, farklı bitki türlerine ait çeşitlerin analizleri ve tanımlanmalarında yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. InDel (ekleme/silme) polimorfik moleküler markörler geliştirilerek, birçok bitki türünde genetik çeşitliliğin incelenmesine olanak tanımaktadır. Bu tür markörler, bitkilerin genetik yapılarındaki farklılıkları tespit etmek ve genetik çeşitlilik analizleri yapmak için etkili bir araç olarak kullanılmaktadır.

Moghaddam vd. (2014) beş fasulye sınıfının (pinto, siyah, lacivert, açık ve koyu kırmızı) seçilen genotiplerinden gelen dizi verilerini, her sınıfına özgü InDel markörlerini geliştirmek için kullanmışlardır. Genom boyunca toplam 2687 InDel markörü geliştirerek, InDel belirteçlerinin güvenilir, basit ve doğru olduğunu gösteren bir filogenetik ağaç ve bir genetik harita oluşturmayı amaçlamışlardır.

Kızıl vd. (2020) Akdeniz susam koleksiyonuna ait 95 örneğin DNA dizilim verilerini biyoinformatik analizlerle inceleyerek InDel markörleri keşfetmeyi ve geliştirmeyi amaçlamışlardır. Bu çalışmanın sonucunda, susam genetik kaynaklarının ıslah programlarında etkin bir şekilde kullanılmasının ve InDel markörlerinin susam ıslahında faydalı olabileceğini ön görmüşlerdir.

Jin vd. (2019) çalışmalarında, çeşitli kaynaklardan toplanan toplam 324 yetiştirilmiş domates hattında 17 agronomik özelliğin varlığı araştırılmış ve ardından genetik arka planı analiz etmek için 6 kalitatif özellik, 11 kantitatif özellik ve 56 InDel markör belirlemişlerdir. Çalışmanın önemli bir amacı, domates ıslahı ve heterotik grupların sınıflandırılması için en uygun ebeveyni seçmek ve 324 yetiştirilmiş domates hattının yüksek homozigotluk ile genetik çeşitlilik gösterdiğini ortaya koymaktadır. 324 domates hattını fenotipik özelliklere dayalı olarak gruplara ayırmışlar ve sonuçta 56 InDel markörünün, 324 domates soy hattında toplam 116 alel tespit etmişlerdir. 56 InDel markörü için lokus başına etkili alel sayısı aralığı ortalamasını 1.78 ile 1.07-2.59, PIC değerleri ise ortalama 0,33- 0,53 arasında değişmekte olduğunu belirlemişlerdir.

Li vd. (2022) RAD-seq yaklaşımını kullanarak polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) tabanlı InDel markörlerini geliştirmek, yeni InDel markörlerinin polimorfizmlerini doğrulamak ve 50 tütün girişlerinin genetik çeşitliliğini analiz etmeyi amaçlamışlardır. Çalışmada, 50 tütün çeşidi (K326 ve Yueyan-98 dahil) genetik çeşitliliği analiz etmek için numune olarak kullanılmıştır. Yueyan-98 ile K326 referans dizisi arasında 18.598 (%56,55) delesyon ve 14.288 (%43,45) ekleme arasında uzunluk olarak 1 ile 62 bp arasında değişen toplam 32.884 InDel lokusu tespit edilmiştir. Toplam 113 (%79,80) InDel işaretçisi polimorfizm göstermiş ve ayrıca 50 tütün girişinde genetik çeşitlilik analizi için kullanılmıştır. Geliştirilen yeni InDel markörlerinin ortalama PIC değeri 0,38 olarak belirlenmiştir.

Zhang vd. (2017) bu çalışmada genomik varyasyon, popülasyon yapısı, genetik çeşitlilik hakkında bilgi edinmek ve tüm genomu yeniden dizileme yoluyla kinoa için yeni Ekleme/Silme (InDel) markörleri geliştirmeyi amaçlamışlardır. Kinoa'daki genomik varyasyon hakkında bilgi edinmek için morfolojik çeşitliliği temsil eden 11 kinoa germplazmını yeniden sıralamışlar, ardından dizinin karşılaştırılmasıyla, sırasıyla kb başına 5.81 ve 0.58 sıklıkta SNP'ler ve InDel dahil olmak üzere çok sayıda genomik varyasyon olduğunu belirlemişlerdir. Bu varyasyonlar, kinoa genomunun oldukça değişken olduğunu göstermiştir.

Garcia-Lor vd. (2015) basit dizi tekrarı (SSR), InDel, tek nükleotid polimorfizmi (SNP), kloroplast ve mitokondriyal belirteçler kullanarak mandalina germplazmını karakterize etmek, genetik çeşitliliği değerlendirmek ve mandalina genomu içindeki genetik yapının belirlenmesini amaçlamışlardır. Çalışmada, 50 mikro uydu (SSR), 24 ekleme-silme (InDel), 67 SNP, 8 kloroplastik SSR (cpDNA) ve 4 mitokondriyal (mtDNA) InDel markörü, 4 ana turuncgil ata türü de dahil olmak üzere 191 genotip için analiz edilmiştir. Analiz edilen 191 genotip için her SSR, InDel ve SNP markörü için genetik çeşitlilik istatistikleri hesaplanmıştır. SSR markörlerinin, InDel ve SNP markörlerinden daha polimorfik olduğunu ve ortalama alel sayısı, heterozigotluk ve gen çeşitliliğinin daha yüksek olduğunu tespit etmişlerdir.

Wang vd. (2016) amplifiye fragman uzunluk polimorfizmi (AFLP), basit dizi tekrarı (SSR) ve ekleme-silme (InDel) markörleri kullanılarak 212 sarımsak germplazmının popülasyon yapısı ve genetik çeşitliliği analizi yapılmıştır. Araştırma sonucunda sarımsağın 212 germplazm arasında, genetik çeşitlilik analizi AFLP, SSR ve InDel primerleri tarafından 546 alel tanımlanmış ve bunlardan 492 tanesinin polimorfik olduğunu tespit etmişlerdir.

Moonsap vd. (2019) bu çalışmada Çin-Hindistan bölgesindeki pirinç çeşitlerinin genetik ilişkisini incelemek amacıyla Çin, Laos, Tayland ve Vietnam'dan 46 pirinç çeşidi toplamışlardır. Çalışmada, 20 ISSR markörü, 30 SRAP markörü ve 133 InDel markörü kullanılarak analiz yapılmıştır. 133 InDel lokusu, 46 pirinç DNA örneği ile taranmış ve bu tarama sonucunda 99 lokus, incelenen 46 pirinç çeşidiyle arasında 95 lokusu gösteren açık ve tekrarlanabilir bant desenleri ortaya çıkarmıştır. Elde edilen 190 banttan 189'unun (%99,47) polimorfik olduğu tespit edilmiştir.

Lee vd. (2018) çalışmada, turp yetiştiriciliği ve araştırmalarını desteklemek amacıyla bir turp çekirdek koleksiyonu oluşturmuşlardır. Araştırmada, tüm koleksiyonun genotiplenmesi için SRAP ile birlikte ekleme/silme (InDel) markörleri kullanılmıştır. Toplam 886 genotipte yer alan 70 alelin genotiplenmesi amacıyla, 25 adet InDel markörü seçilmiştir. Her bir InDel lokusunda alel sayısının iki ile beş arasında değiştiği ve lokus başına ortalama 2.8 alel bulunduğunu elde etmişlerdir. Çalışmanın sonucunda, üç farklı gen bankasından sağlanan toplam 886 turp genotipi arasından 125 çeşidin çekirdek koleksiyon için uygun olduğunu doğrulamışlardır.

Gramazio vd. (2016) patlıcan (*Solanum melongena*) ve yakın olan *Solanum incanum* ve *Solanum aethiopicum* türlerinde transkriptom analizi yaparak, bu türlerin genetik özelliklerini anlamayı ve moleküler markörler keşfetmeyi amaçlamışlardır. Bu amaçla, RNA dizileme (RNA-seq) yöntemi kullanılarak, her iki türün farklı gelişim aşamalarındaki gen ekspresyon verileri biyoinformatik analizlerle değerlendirilmiş ve

HRM analizi ile InDel markörler tespit edilmiştir.

Wei vd. (2020) tarafından yapılmış çalışmada, *Solanum aethiopicum* ve *Solanum melongena* türleri arasında yapılan karşılaştırmalar sonucunda, InDel bölgeleri tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda 50 bp ile 86 bp arasında değişen yaklaşık 7363 InDel aday bölgesi belirlenmiştir.

Fukuoka vd. (2012) patlıcan bitkisinde entegre bir bağlantı haritası oluşturmak ve gen bazlı moleküler markörler geliştirmek amacıyla *Solanum* ortolog (SOL) gen setlerini kullanarak, yüksek çözünürlüklü Sanger dizileme yöntemiyle gerçekleştirdikleri çalışmada, patlıcanda genetik çeşitliliği temsil eden moleküler markörler geliştirmiş ve bu markörler aracılığıyla entegre bir bağlantı haritası oluşturmuşlardır.

Lv vd. (2023) tarafından yapılan çalışmada, *Solanum melongena* L. türünde *Gv1* lokusunun belirlenmesi ve bu lokustaki genlerin yeşil kabuk rengini nasıl etkilediğinin anlaşılmasını amaçlanmıştır. *Gv1* lokusunun belirlenmesi için, moleküler markörler ve QTL analizi kullanılarak çaprazlamalar gerçekleştirilmiştir. Genetik analizler için ise, PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) yöntemi kullanılmış ve elde edilen ürünlerin görüntülenmesi için poliakrilamid jel yöntemi uygulanmıştır. Çalışma sonucu, patlıcanda yeşil kabuk renginin genetik kontrolünü sağlayan *Gv1* lokusunu ve bu lokustaki SmAPRR2-like geninin rolünü ortaya koymuştur. Geliştirilen moleküler markörler, patlıcan ıslah programlarında yeşil kabuk rengine sahip çeşitlerin seçilmesinde etkili bir araç olarak kullanılabilir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Bitkisel Materyal

Çalışmaya genetik materyal olarak, toplamda 88 patlıcan genotipi dahil edilmiştir ve primerlerin validasyonu için iki farklı popülasyon kullanılmıştır. Popülasyon I, Antalya Tarım A.Ş tarafından temin edilen 26 yerel genotip, 20 saf hat ve 20 hibrit çeşitten oluşmuştur (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan I. Popülasyona ait genotiplerin kodları, orijinleri ve meyve şekilleri ile ilgili bilgiler

No	Genotip kodu	Meyve Şekli	Orijin	No	Genotip kodu	Meyve Şekli	Orijin
1	YRL-1	Half Long	Manisa/Kırçılı Patlıcan	34	HBR-10	Silindir	Bercesta F1
2	YRL-2	Half Long	Manisa/Kırçılı Patlıcan	35	HBR-11	Silindir	Alparslan F1
3	YRL-3	Silindir	Urfa-Mezra Pala tipi	36	HBR-12	Silindir	Kuzgun F1
4	YRL-4	Tear Drop	Antep/Oğuzeli	37	HBR-13	Silindir	Karizma F1
5	YRL-5	Topan	Antep/Oğuzeli	38	HBR-14	Silindir	AT-162 F1
6	YRL-6	Topan	Antep/Oğuzeli	39	HBR-15	Silindir	21GAT-419 F1
7	YRL-7	Tear Drop	TR 66334	40	HBR-16	Silindir	21GAT-461 F1
8	YRL-8	Tear Drop	Adana Topak dolmalık	41	SH-9	Silindir	Corsica F1
9	HBR-1	Tear Drop	21BTD48 F1	42	SH-10	Silindir	Lima F1
10	HBR-2	Tear Drop	21BTD52 F1	43	SH-11	Silindir	A117 F1
11	HBR-3	Tear Drop	21BTD77	44	SH-12	Silindir	Destan F1
12	HBR-4	Topan	Amadeo F1	45	SH-13	Silindir	A117 F1
13	HBR-5	Silindir	Sicilya F1	46	SH-14	Tear Drop	Kristal F1
14	HBR-6	Silindir	Brigitte F1	47	SH-15	Silindir	Anamur F1
15	HBR-7	Silindir	Karizma F1	48	SH-16	Silindir	Anamur F1
16	HBR-8	Silindir	Corsica F1	49	YRL-17	Topan	Adana-Sarıçam Tombul Dolmalık
17	SH-1	Silindir	Brigitte F1	50	YRL-18	Topan	Adana-Sarıçam Tombul Dolmalık
18	SH-2	Silindir	Faselis F1	51	YRL-19	Topan	Adana-Sarıçam Tombul Dolmalık
19	SH-3	Silindir	Anatolia F1	52	YRL-20	Topan	Kahramanmaraş/Narlı
20	SH-4	Silindir	Destan F1	53	YRL-21	Topan	Kahramanmaraş/Narlı
21	SH-5	Silindir	Corsica F1	54	YRL-22	Topan	Kahramanmaraş/Narlı
22	SH-6	Silindir	Derman F1	55	YRL-23	Topan	Kilis/Acıpınar
23	SH-7	Silindir	Hadrian F1	56	YRL-24	Topan	Kilis/Acıpınar
24	SH-8	Silindir	Destan F1	57	HBR-17	Silindir	21GAT-466 F1
25	YRL-9	Topan	Doğal Topan Patlıcan	58	HBR-18	Silindir	21GAT-399 F1
26	YRL-10	Topan	Doğal Topan Patlıcan	59	HBR-19	Silindir	21GAT-403 F1
27	YRL-11	Topan	Doğal Topan Patlıcan	60	HBR-20	Silindir	21GAT-404 F1
28	YRL-12	Topan	Doğal Topan Patlıcan	61	SH-17	Topan	Hansel F1
29	YRL-13	Topan	Adana-Sarıçam Tombul Dolmalık	62	SH-18	Uzun	Orient express F1
30	YRL-14	Topan	Adana-Sarıçam Tombul Dolmalık	63	SH-19	Tear Drop	Jaylo F1
31	YRL-15	Tear Drop	TR 61986	64	SH-20	Topan	AT-8004 F1
32	YRL-16	Topan	Adana-Sarıçam Tombul Dolmalık	65	YRL-25	Topan	Kilis/Acıpınar
33	HBR-9	Silindir	Doy.Karası F1	66	YRL-26	Topan	Kilis/Acıpınar

Popülasyon II ise Prof. Dr. Faik Kantar tarafından ulusal ve uluslararası farklı lokasyonlardan temin edilmiş 22 patlıcan genotipinden oluşmuştur (Çizelge 3.2). Popülasyon I, Antalya Tarım tarafından yürütülen ıslah programları çerçevesinde geliştirilen saf hat ve hibritleri de içeren bir ıslah popülasyonunu, popülasyon II ise farklı lokasyonlardan toplanmış genetik çeşitliliğin daha fazla olmasını beklediğimiz bir popülasyonu temsil etmektedir.

Çizelge 3.2. Çalışma kapsamında kullanılan II. popülasyona ait genotiplerin kodları, toplandıkları lokasyonlar ve meyve özellikleri

No	Genotip	Tür	Bitki/meyve özellikleri	Temin edilen lokasyon/orijin
1	MGL-1	<i>Solanum melongena</i>	Yerel siyah uzun	Muğla
2	UIS-3	<i>Solanum melongena</i>	Topuz Patlıcan	Fethiye
3	AYD-7	<i>Solanum melongena</i>	Kestel Patlıcanı	Nazilli
4	DZL-8	<i>Solanum melongena</i>	Buldan Patlıcanı	Denizli
5	AYD-9	<i>Solanum melongena</i>	Yuvarlak çizgili mor	Aydın
6	AYD-10	<i>Solanum melongena</i>	Antep mor patlıcan	Aydın
7	GNT-11	<i>Solanum melongena</i>	Mor oval patlıcan	GETAR SEEDS
8	KEM-13	<i>Solanum melongena</i>	Aydın Siyahı	Arzuman Tohum
9	RWN-15	<i>Solanum indicum</i>	Yuvarlak yeşil	Ruanda
10	SML-36	<i>Solanum melongena</i>	Beyaz mor uzun	-
11	SML-37	<i>Solanum melongena</i>	Beyaz-Mor Uzun	-
12	STR-42	<i>Solanum torvum</i>	Küçük yeşil yuvarlak	Vilmorin
13	SI-45	<i>Solanum aethiopicum</i>	Küçük kırmızı köy domatesi şeklinde	Afrika
14	STR-46	<i>Solanum torvum</i>	Küçük yeşil yuvarlak	Hawk
15	SAT-48	<i>Solanum aethiopicum</i>	Küçük kırmızı köy domatesi şeklinde	Afrika
16	TAI-50	<i>Solanum melongena</i>	Küçük Yuvarlak yeşil	Thailand
17	TAI-52	<i>Solanum mammosum</i>	Memeli patlıcan	Thailand
18	KRG-53	<i>Solanum melongana</i>	Uzun	Anmaz-Kırgızistan
19	SLTV-59	<i>Solanum torvum</i>	Küçük yeşil yuvarlak	Panaç
20	SFR-60	<i>Solanum melongena</i>	Uzun	Safari F1
21	BRC-61	<i>Solanum melongana</i>	Uzun Siyah patlıcan	Bercesta F1
22	Tha-66	<i>Solanum melongana</i>	F1 Yeşil yuvarlak	Tayland

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan InDel primerlerinin kodları, dizilim bilgileri ve ürün büyüklükleri

Primer Numarası	Kromozom sayısı	Primer Kodu	Forward Primer (5'-3')	Reverse Primer (3'-5')	Bant büyüklüğü (bp)
1	Chr1	1_57M	ACATGCCTTTTGCTTTCTCG	GACAGTTCATCCTATTGAGCAAAC	224-304bp
2	Chr1	1_96M	CAAGGACAATCATAGTCTCAAGCA	TGGTTATGATAGATAAGGGTTGAC	137-186bp
3	Chr1	1_110M	TGTGATACTTTCCATGCATAGCA	TAGGATGATGTCTTGCCTTATGAT	381-210bp
4	Chr1	1_23M	ATTTTACTCTCCCCAGCCAGA	TTCAGGAGCTTCTCCTTTTCG	210-336bp
5	Chr2	2_22M	CCATTATTTCCATCTTCTCAACTC	ATAACCAACCAACCGTCCTCA	327-214bp
6	Chr2	2_52M	GCTGTTTTGCAAGTTGAGAAGAT	TGCAATTATAAGAAGGTGATCTCG	317-231bp
7	Chr2	2_77M	CCGAAGTGGTTGAAACTGTGAT	TTGACGCAGGAATTATTTTCATAC	207-422bp
8	Chr3	3_14M	TGTGACACAAGTTTAGATCATGGTT	TAGGGTTACTCCAAAACCAACG	131-351bp
9	Chr3	3_85M	TACAACAACATACCCACTGTACTCC	GCAACTGTCTGTTGTTCTTTGTACC	259-175bp
10	Chr4	4_66M	GTTGTTTGGTGACACAAATGGT	TCGGCTGAAAACAGAGACAGA	215-304bp
11	Chr4	4_80M	CATCTAAACATCTCAATTTGTCTCCA	GAATACTCAAACCTGGCCTCAACT	229-134bp
12	Chr5	5_5M	TATTTCACTCCGGTGATGA	CAAAACTCATCAGATGAAAGCTC	201-285bp
13	Chr5	5_06M	GGAGTTGGAAGCGTGTACAAT	ATGCAAACATCTGCTCACGA	283-197bp
14	Chr5	5_76M	CCAGAGTATGAAGATACGGTTGC	TGGTTGGTTTTTCAGCTTCTTT	154-235bp
15	Chr6	6_06K	ATGTCTAACCATGTTACGTGAGTG	ATGGAGCGATATGAACTATGATG	150-450bp
16	Chr6	6_50M	CCTCTAGTCTTATGAATTGAAGCTG	AGCTGGCAGAAGCTTGTAGATA	220-400bp
17	Chr6	6_86M	CTTGAAAATCATCGACCTTCG	CGCAGACCTCTAGATACATTGC	150-350bp
18	Chr7	07_2M	ATGGGAGTAGGGACCATAGTTG	GGTGGAGTGGTAAATATTTCTTCAT	336-227bp

Çizelge 3.3. devamı

19	Chr7	07_53M	CCCTGGGGGTCTCTTACTTC	TGAACACTGGAACACATCTACGA	350-217bp
20	Chr7	07_75M	CACCAAGAACTACAACCTCAAGACC	TATTTTGGTCATTTCCTAACCCATT	132-295bp
21	Chr7	07_103M	TCTCCAATGGCCTGAGTTTC	CTTCTGTATTAATGGTGGTGTCCT	363-208bp
22	Chr8	08_102K	TGCACCACAGGATGTCTGTT	GGATCTTGCCAGGCTTGTTA	329-168bp
23	Chr8	08_60M	TGTAGGATGCAATGCAACAAG	GCATGCCTTGTAGTCCGAGT	332-212bp
24	Chr8	08_89M	TCCAAATCACAATTGGCAGTA	TTGCTACGTGATCGGAAGATT	236-382bp
25	Chr9	09_264K	AATCCTGCAAAAGCAAGCAT	ACCAAAACGTGGGATAAACG	267-179bp
26	Chr9	09_75M	GACAGAATGACCAAGTCAGCTC	GCCTGTTTGTCTGCGGATAG	379-226bp
27	Chr9	09_88M	TTGTTCCCATCATCTTTGTCA	GGAATGAGGGAAAGCGATTA	349-235bp
28	Chr10	10_4M	TTTTTGTCTGCCCTCTCAGC	TTTTCCATTTTACCCACCA	459-355bp
29	Chr10	10_43M	CCCAGGAAATAAGGTGGACA	GGTCTTTTTCAAGTGGGATCA	324-225bp
30	Chr10	10_86M	GTGGGCTGCCTTTTCATTA	CCCCAACAACTTTCAACTAGC	310-237bp
31	Chr11	11_650K	TGGCATTTTTCAGGTATTGG	CGTTCCCAAAAATCTGCATT	252-163bp
32	Chr11	11_55M	GTTCAAGCCATCTTCGTTCC	TTTGACCAAATTGACCCAGA	398-277bp
33	Chr11	11_101M	CACCCTTGCAGATCTTTGGT	GTGAGAGTTTGAAGGGGGTTC	337-233bp
34	Chr12	12_608K	AAGTGACTAGTGAAAATTCCTCAA	TATAGGGCCCATCAATCACC	337-239bp
35	Chr12	12_38M	AGACACAAGCTGGTGGAATG	CAGAGCCACTAACTTGTGAGAGC	308-153bp
36	Chr12	12_74M	GCCCAAAAATAAAATTCACGA	TGCCTCTATAAGATAAAAGAGCATT	499-328bp

3.2. Metot

3.2.1. DNA İzolasyonu

Çalışma Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda yürütülmüştür. DNA izolasyonu için sera koşullarında yetiştirilen bitkilerden taze yaprak örnekleri alınmış ve CTAB yöntemi (Doyle ve Doyle, 1990) kullanılarak DNA izolasyonu yapılmıştır.

İzolasyon işlemi sırasında izlenen adımlar aşağıda açıklanmıştır:

1. Bitkilerin genç ve taze yapraklarından (her bir yaprağın ortalama ağırlığı 150 mg) örnekler alınarak, 1.5 ml'lik ependorf tüplerine yerleştirilmiştir. Tüplere, %0,5 merkaptotanol içeren CTAB çözeltisinden (100 mM Tris-HCl, 20 mM EDTA, 1.4 M NaCl, %2 CTAB) 600 µl eklenmiştir.
2. Ependorf tüplerindeki yapraklar, plastik ezme çubukları kullanılarak tamamen ezilmiştir.
3. Örnekler ezildikten sonra, önceden 65 °C'ye ayarlı su banyosunda 45 dakika inkübe edilmiştir.
4. İnkübasyon sonrası, her bir tüpe 500 µl kloroform-izoamil alkol (24:1) çözeltisi eklenmiş ve tüp içindeki sıvı alt-üst edilerek iyice karıştırılmıştır.
5. Karıştırma işlemini takiben, tüpler 13000 rpm hızında 20 dakika santrifüj edilmiştir.
6. Santrifüj işlemi sonrasında tüp içerisindeki sıvı iki faza ayrılmıştır: Alt kısımda kloroform, üst kısımda ise DNA içeren üst faz. Üst faz dikkatlice yeni bir ependorf tüpüne aktarılmıştır (yaklaşık 400 µl). Daha temiz bir DNA izolasyonu sağlamak için bu işlem üç kez tekrarlanmış ve her seferinde üst faz yeni tüplere aktarılmıştır.
7. DNA'nın çöktürülmesi amacıyla, her tüpe 500 µl, -20 °C'de muhafaza edilen izopropanol eklenmiştir. Tüpler, DNA'nın çökmesini sağlamak için bir gece boyunca -20 °C'de bekletilmiştir.
8. Ertesi gün örnekler 13000 rpm hızında 20 dakika santrifüj edilmiştir.
9. Santrifüj sonrasında tüplerin dibinde DNA çökeltisi gözlemlenmiştir. Üst sıvı (süpernatant) dikkatlice dökülmüştür.
10. Elde edilen çökeltinin temizlenmesi amacıyla, tüplere %70'lik etanolden 300 µl eklenmiş ve 13000 rpm hızında 5 dakika boyunca santrifüj edilmiştir. Bu işlem üç kez tekrarlanmıştır. Her işlem sonunda, DNA çökeltisine zarar vermemek için etanol dikkatlice boşaltılmış ve tüpler ağzı açık bir şekilde yaklaşık 45 dakika kurutulmaya bırakılmıştır.
11. Tüpler tamamen kuruduktan sonra, her bir tüpe 100 µl TE buffer eklenmiştir.

3.2.2. Indel Bölgelerinin Tespiti

Patlıcan bitkisinde InDel bölgelerinin belirlenmesi için daha önce resequencing çalışmaları ile NGS verileri oluşturulmuş farklı fenotip yapısına sahip 21 adet genotip verisi kullanılmıştır. Bu genotiplere ait SRA verileri gen bankasından indirilmiştir (Çizelge 3.4). Her bir genotipe ait SRA verisi öncelikle “bwa” algoritması kullanılarak güncel patlıcan genomuna (Eggplant genome consortium V4.1; Barchi vd., 2021) hizalanarak “bam” dosyaları elde edilmiştir.

Çizelge 3.4. Resequencing analizi ile NCBI gen bankasında NGS verileri oluşturulmuş farklı fenotipe sahip 21 adet *Solanum melongena*’ye ait SRA verisi (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/?term>)

No	Genotip	SRA Run ID	Meyve Özellikleri	No	Genotip	SRA Run ID	Meyve Özellikleri
1	GPE003000	SRR12336201	Mor iri topan	12	GPE001530	SRR12336193	Uzun ince Boz
2	GPE000520	SRR12336188	Siyah topak	13	<i>Solanum melongena</i>	SRR3884574	Fenotip bilgisine ulaşılmamıştır.
3	GPE002800	SRR12336202	Mor-beyaz uzun	14	GPE001490	SRR12336194	Yuvarlak iri mor beyaz çizgili
4	GPE001860	SRR12336189	Mor-siyah yuvarlak basık dilimli	15	<i>Solanum incanum</i> (Yabani)	SRR5796637	Küçük, yuvarlak, yeşil
5	GPE002090	SRR12336203	Yuvarlak beyaz yeşil çizgili	16	GPE000460	SRR12336195	Orta uzun kalın siyah
6	GPE001610	SRR12336190	Orta uzun mor	17	GPE065730	SRR12336196	Küçük, yuvarlak, yeşil
7	GPE000450	SRR12336204	Beyaz topan	18	GPE003520	SRR12336199	Küçük topan siyah
8	GPE001580	SRR12336191	Mor siyah iri,yuvarlak dilimli	19	GPE003430	SRR12336200	Kalın uzun siyah
9	<i>Solanum aethiopicum</i> (Yabani)	SRR13023311	Kırmızı basık,meyveli dilimli,domates şeklinde	20	<i>Solanum torvum</i> Turkey berry (yabani)	SRR1104128	Küçük yeşil yuvarlak meyveli
10	GPE001540	SRR12336192	Siyah ince uzun	21	<i>Solanum melongena</i>	SRR1104129	Fenotip bilgisine ulaşılmamıştır.
11	GPE001970	SRR13494985	Yuvarlak basık,siyah				



Şekil 3.1. SRA bilgileri kullanılan genotiplerin bazılarının meyve özellikleri (Barchi vd, 2021’den alınmıştır). *Solanum melongena* mor renkle, *S. incanum* kırmızı renkle ve *S. insanum* yeşil renkle gösterilmiştir.

InDel bölgelerini ortaya çıkarmak için bir önceki aşamada elde edilen “bam” dosyaları “MANTA” programında kullanılarak her bir genotipe ait aday InDel bölgeleri “vcf” dosya formatında elde edilmiştir. Daha sonra, her bir genotipe ait aday InDel bölgelerini barındıran “vcf” dosyaları 80-350bp aralığında InDel’ler için filtrelenmiştir. Bu filtrelemedeki amaç, agaroz jelde etkin bir ayırıştırma büyüklüğünün 80-350bp arası olduğunun düşünülmesidir. Her bir genotip için filtrelenmesi sonucu elde edilen bireysel “vcf” dosyaları “vcfcombine” algoritması ile birleştirilerek, tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar tek bir “vcf” dosyası haline getirilmiştir. Bu “vcf” dosyası ve tüm genotiplere ait “bam” dosyaları “IGB browser” programına aktararak, aday InDel

bölgelerindeki okuma derinliği ve niteliği görsel olarak incelenmiştir. IGB programında manuel gözlem ile 80-350bp InDel içeriği doğrulanan lokuslardaki dizi okumaları her bir genotip için ayrı ayrı “samtool” algoritması ile fastq formatında dışa çıkarılıp (extract edilip), sonrasında “megahit” algoritması ile “assembly” haline getirilmiştir. Bu işlemler sonucunda ilgili InDel lokusundan her bir genotipe özel yaklaşık 800-1200bp'lik bir dizi bilgisi elde edilmiştir.

3.2.3. Primer Dizaynı

İlgili InDel bölgesinden elde edilen tüm genotiplere ait 800-1200bp'lik DNA dizileri, “mafft” programı kullanılarak hizalanmıştır (multiple alignment). Bu işlem sonucunda, hizalama dosyasındaki genotiplerin kaç tanesinin InDel içerdiği görsel olarak tespit edilmiştir. Tespit edilen veriler doğrultusunda, genotiplerin barındırdığı InDel oranının %35 ile %70 arasında görülen lokuslar için “Primer3” yazılımı aracılığıyla primer tasarımı gerçekleştirilmiştir. Tasarlanan primerler, agaroz jel üzerinde ayırım sağlayabilecek belirteçler olarak seçilmiştir (Çizelge 3.3). Ayrıca, validasyon seçilen InDel bölgelerinin her bir patlıcan kromozomunda yer almasına ve her bir kromozomun içerisinde farklı bölgeleri temsil etmesine dikkat edilmiştir.

3.2.4. Indel Markörlerin Validasyonu

InDel Markörler için PCR koşulları optimize edilmiş; en uygun bağlanma sıcaklıkları ile PCR karışımındaki bileşenlerin miktarları belirlenmiştir. PCR analizleri, MyGenie-96 Gradient Thermal Block (BIONEER) cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. PCR için kullanılan reaksiyon karışımı (Çizelge 3.5) ve döngü programı (Çizelge 3.6) aşağıda verilmiştir.

Çizelge 3.5. Tez kapsamında kullanılan markörlerin test edilmesinde uygulanan PCR bileşenleri ve miktarları

Bileşenler	Miktar
DNA	1 µl
Taq buffer (10X)	1,5 µl
MgCl ₂ (25 mM)	1,5 µl
dNTP (10 mM)	0,3 µl
Primer Forward (10 µM)	0,5 µl
Primer Reverse (10 µM)	0,5 µl
Taq polimeraz (5 u/µl)	0,2 µl
ddH ₂ O	9,5 µl

Çizelge 3.6. Tez kapsamında kullanılan markörlerin test edilmesi için uygulanan PCR programı

1	94°C	3 dakika
2	94°C	1 dakika
3	57-60°C	45 saniye
4	72°C	45 saniye
5	2. Adımdan itibaren 35 döngü	
6	72°C	5 dakika

3.2.5. Jelin Hazırlanması

Soğutulan jel çözeltisine, UV ışığı altında DNA bantlarının görünür hale gelmesini sağlamak için 5.0 µl Ethidium Bromide (10 mg/ml) eklenmiştir. Karışım, eşit bir şekilde homojenize edilmiştir. Jel kalıbı hazırlanırken, DNA örneklerinin yüklenebilmesi için taraklar yerleştirilmiş ve agaroz çözeltisi kalıba dikkatlice dökülmüştür. Hava kabarcıklarının oluşmamasına özen gösterilmiştir. Jel, oda sıcaklığında tamamen donana kadar bekletilmiştir. Jel tamamen donduktan sonra, taraklar dikkatlice çıkarılmış ve kuyucuklar oluşturulmuştur. Hazırlanan jel, elektroforez tankına yerleştirilmiş ve jelin yüzeyini tamamen kaplayacak şekilde 1x TBE tampon çözeltisi eklenmiştir.

3.2.6. PCR Ürünlerinin Görüntülenmesi

Tasarlanan her bir primer için elde edilen PCR ürünlerinden 15 µl alınmış ve üzerine 5 µl yükleme boyası eklenerek toplamda 20 µl'lik bir PCR ürünü hazırlanmıştır. Bu karışım, %1'lik agaroz jel üzerinde oluşturulan kuyucuklara dikkatlice yüklenmiştir.

Örnekler %1'lik agaroz jel yaklaşık 45 dakika boyunca 80 voltta yürütülmüştür. Jel üzerindeki bantların büyüklüklerini belirlemek amacıyla 100 bp'lik DNA markörü kullanılmıştır. Bantların görselleştirilmesi için jel UV ışık altında incelenmiştir.

3.2.7. Verilerin Değerlendirilmesi ve Dendrogram Oluşturma

PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüleri, bantların varlığı için 1, yokluğu için 0, değerlendirilmediği durumlar için ise 9 olarak kodlanarak manuel şekilde skorlanmıştır. Elde edilen veriler, NTSYS-pc (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System) yazılımı ile analiz edilmiştir. Bu yazılım, öncelikle genotipler arasındaki benzerlikleri hesaplamak için kullanılmıştır. Verilerin analizi sırasında, UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) modülü kullanılarak benzerlik matrisi oluşturulmuş ve bu benzerlik matrisi kullanılarak dendrogram (filogenetik ağaç) elde edilmiştir. Ayrıca, kullanılan markörlerin ayırt edicilik gücünü değerlendirmek amacıyla Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değerleri hesaplanmıştır.

Popülasyon yapısının belirlenmesine yönelik analizler ise STRUCTURE yazılımı (Version 2.3.4; Pritchard vd., 2000) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Analiz kapsamında, her bir K değeri için 10.000 burn-in döngüsü ve 100.000 tekrar uygulanmış olup, her koşul 10 kez tekrarlanarak analiz gerçekleştirilmiştir. Alt popülasyon sayısının belirlenmesi amacıyla ΔK değeri, Structure Harvester yazılımı (Earl ve vonHoldt, 2012) kullanılarak hesaplanmıştır. Optimum K değerine ulaşmak için, elde edilen K ve ΔK değerleri değerlendirilmiş ve Evanno vd. (2005) tarafından önerilen yöntem doğrultusunda belirlenmiştir. Bu analizler her popülasyon için ayrı ayrı yapılmıştır.

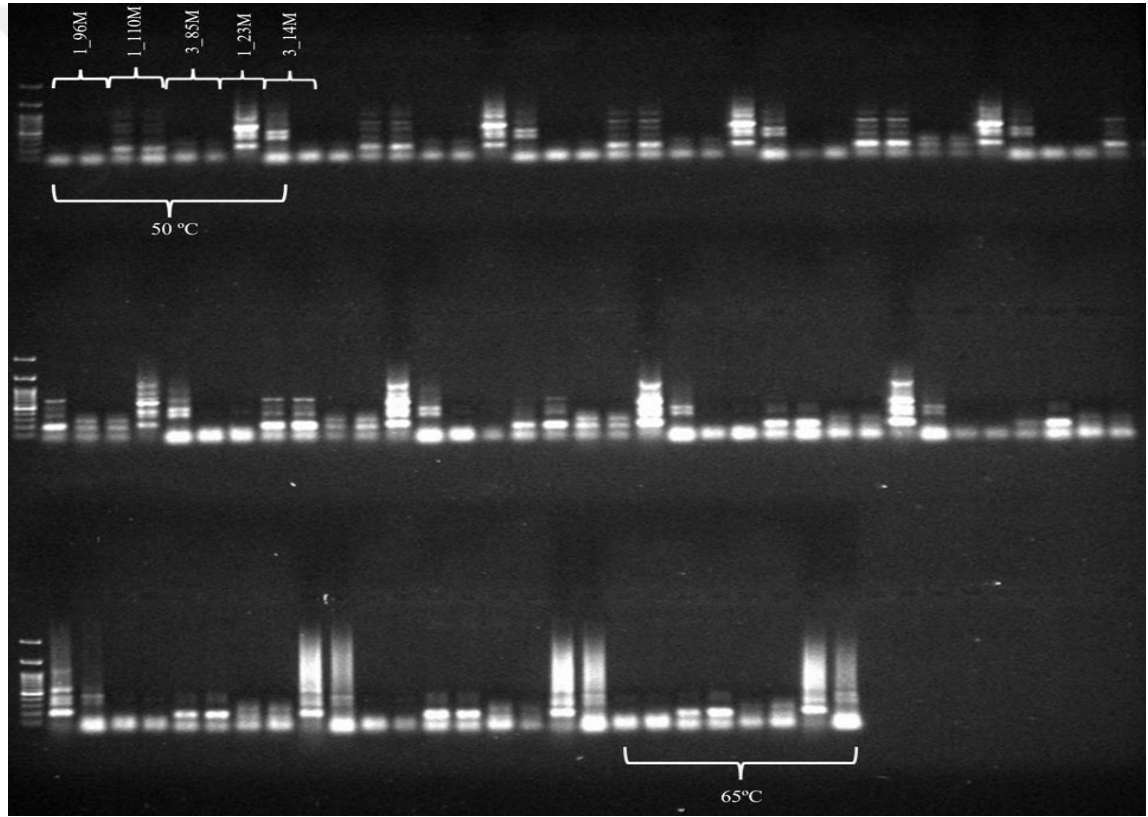
4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Genomik DNA İzolasyonu

İzole edilmiş DNA örneklerinin kalitesini değerlendirmek amacıyla, örnekler %1'lik agaroz jel üzerinde elektroforez işlemi uygulanarak incelenmiştir.

4.2. Gradient PCR

Tez çalışması kapsamında geliştirilen InDel markörlerin optimum bağlanma sıcaklıklarının belirlenmesi amacıyla, Popülasyon I'den rastgele seçilen 10 patlıcan genotipinden eşit miktarda DNA örneği alınarak bulk DNA elde edilmiştir. Bu bulk DNA kullanılarak, 50-65°C aralığındaki farklı annealing sıcaklıklarını kapsayan Gradient PCR analizi gerçekleştirilmiştir. Primerlerden 5 adeti (1_96M, 1_110M, 3_85M, 1_23M ve 3_14M) ile elde edilen analiz sonuçları Şekil 4.1'te sunulmaktadır.

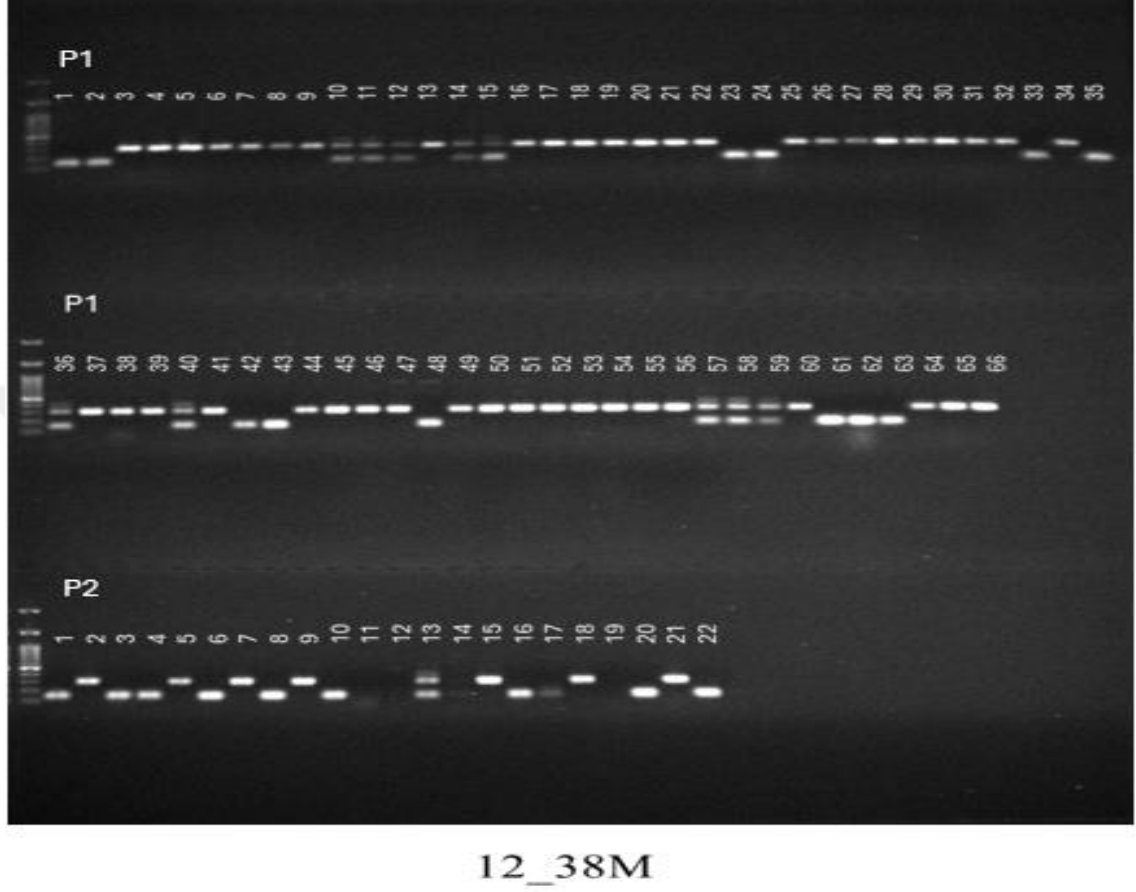


Şekil 4.1. Çalışmada kullanılan 1_96M, 1_110M, 3_85M, 1_23M ve 3_14M primerlerinin Gradient PCR sonrası jel elektroforez görüntüsü

4.3. InDel Analizleri

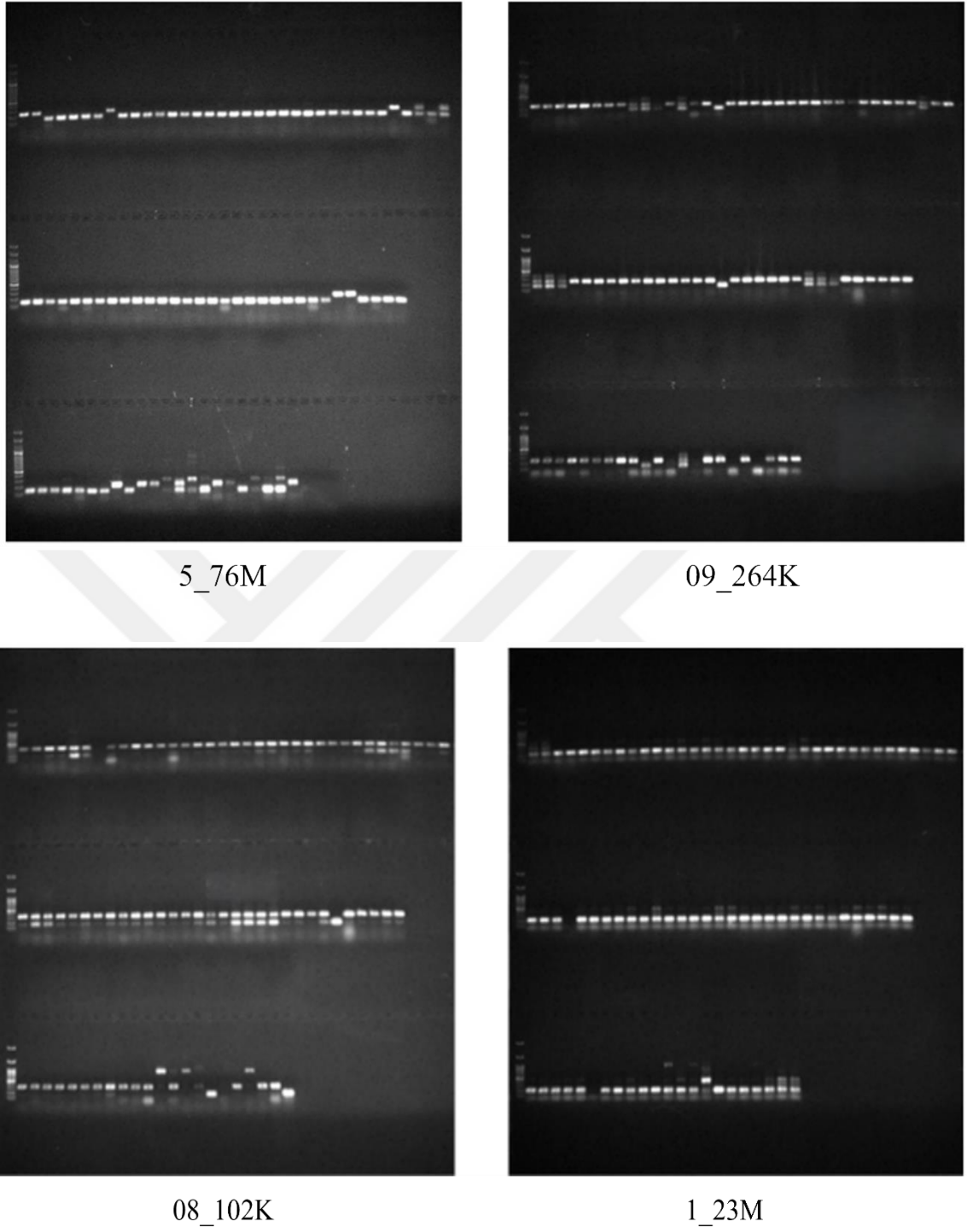
Bu araştırmada, 88 farklı genotip için 36 adet primer çifti kullanılarak InDel (İnsersiyon-delesyon) analizleri gerçekleştirilmiştir. InDel analizlerinin amacı, genetik çeşitliliği belirlemek ve genotipler arasındaki genetik farkları tespit etmektir. Bu

analizler sonucunda elde edilen PCR ürünleri, agaroz jel elektroforezi yöntemi ile ayrıştırılmıştır. Örnek agaroz jel elektroforezi görüntüleri, Şekil 4.2 ve Şekil 4.3'te popülasyon I (P1) ve popülasyon II (P2) genotipleri için aynı jel sıralamaları kullanılarak verilmiştir.



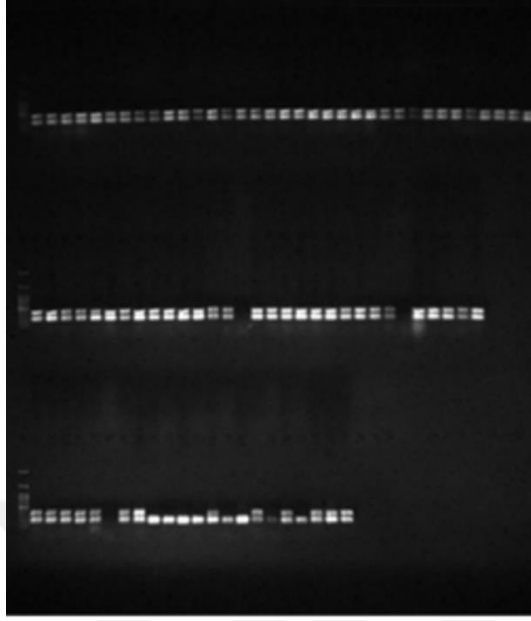
Şekil 4.2. InDel markörlerin validasyonuna ait jel görüntüsü

(M:100 kb ladder) (P1: Popülasyon I genotipleri, P2: Popülasyon II genotipleri)

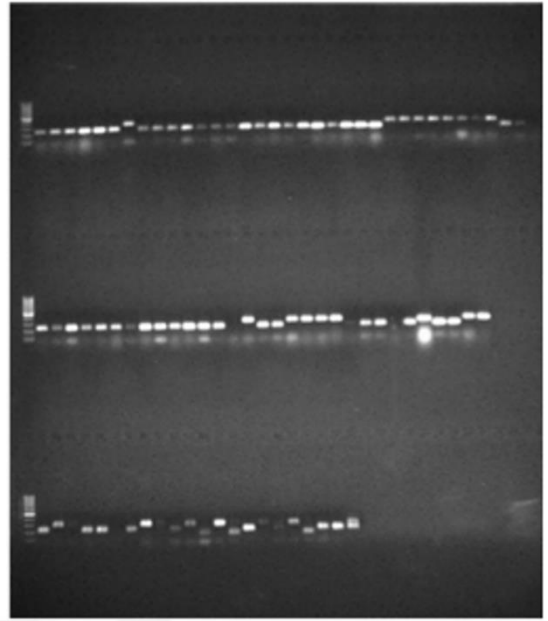


řekil 4.3. InDel markörlerin validasyonuna ait jel görüntüleri

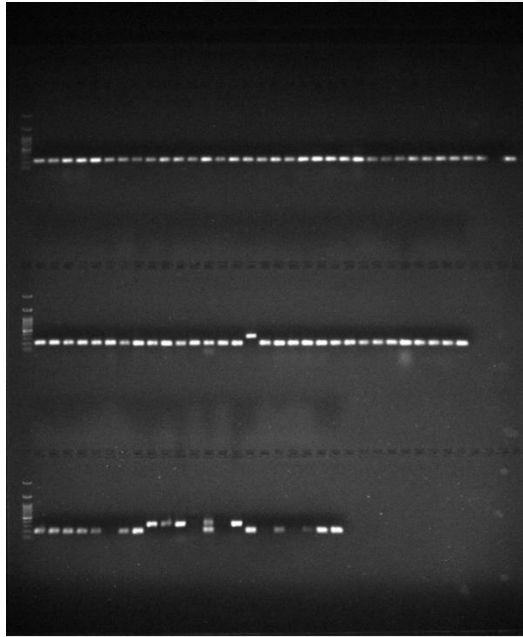
řekil 4.3'in devamı



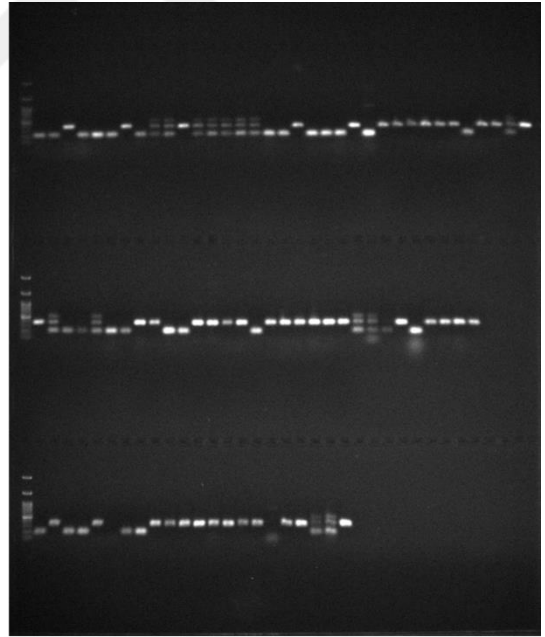
09_75M



10_86M



07_53M



07_103M

řekil 4.3. InDel markörlerin validasyonuna ait jel görüntüleri

Çizelge 4.1. Popülasyon I'de validasyonu yapılan InDel primerlerinin toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı polimorfizm oranları ve PIC değerleri

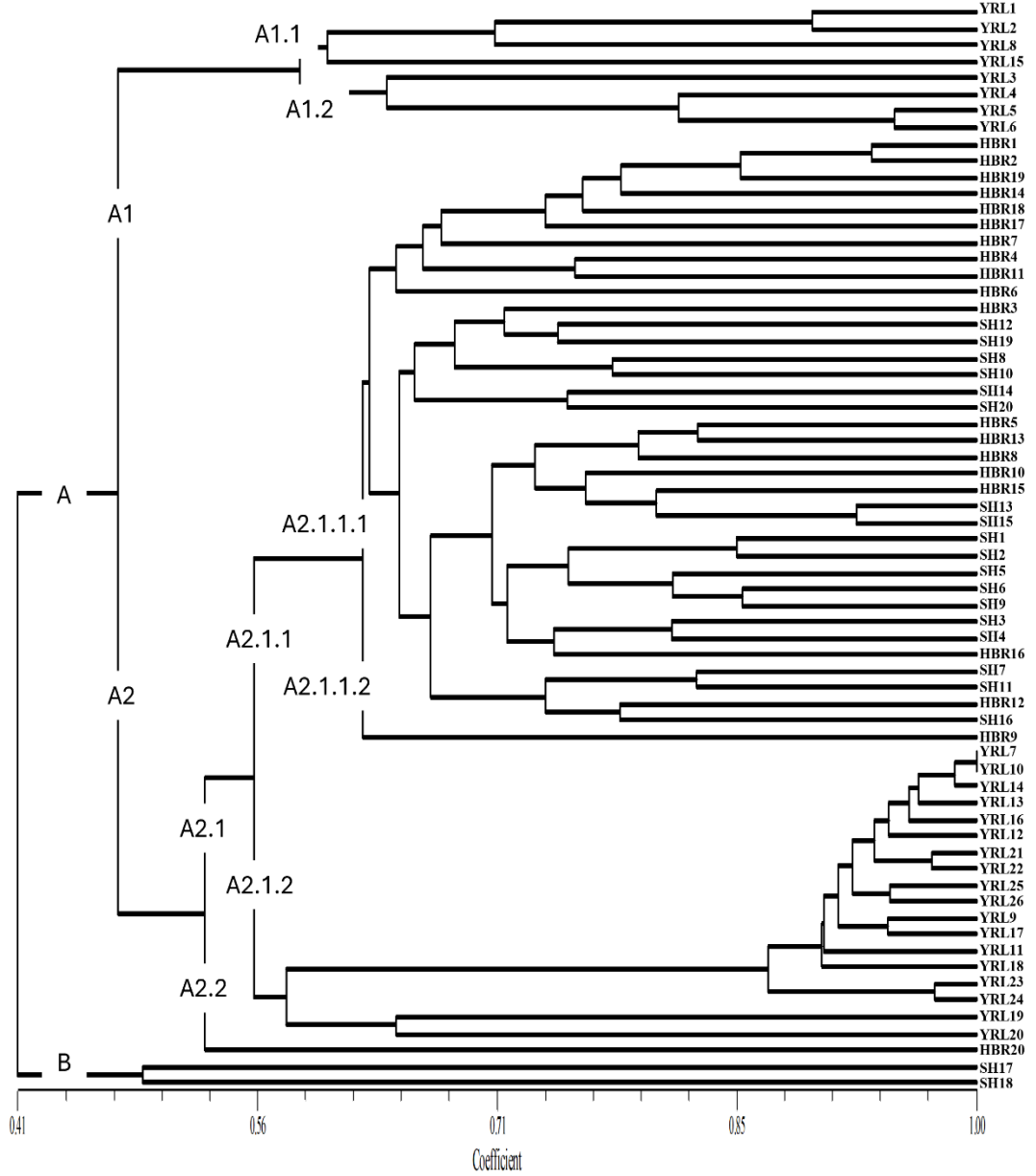
Primer Adı	Polimorfik Bant Sayısı	Toplam Bant Sayısı	Polimorfizm oranları %	PIC Değeri
1_57M	1	1	100	0,33
1_96M	2	2	100	0,37
1_110M	2	2	100	0,34
1_23M	2	2	100	0,29
2_22M	2	2	100	0,47
2_52M	2	2	100	0,45
2_77M	2	2	100	0,39
3_14M	2	2	100	0,42
3_85M	2	2	100	0,22
4_66M	1	2	50	0,01
4_80M	2	2	100	0,12
5_5M	2	2	100	0,08
5_06M	2	2	100	0,48
5_76M	2	2	100	0,18
6_06K	2	2	100	0,10
6_50M	2	2	100	0,33
6_86M	2	2	100	0,36
07_2M	2	2	100	0,12
07_53M	2	2	100	0,14
07_75M	1	2	50	0,10
07_103M	2	2	100	0,40
08_102K	2	2	100	0,20
08_60M	2	2	100	0,29
08_89M	3	3	100	0,49
09_264K	2	2	100	0,21
09_75M	0	2	0	0,05
09_88M	2	2	100	0,21
10_4M	2	2	100	0,10
10_43M	2	2	100	0,30
10_86M	2	2	100	0,12
11_650K	2	2	100	0,42
11_55M	2	2	100	0,41
11_101M	2	2	100	0,24
12_608K	2	2	100	0,30
12_38M	2	2	100	0,37
12_74M	2	2	100	0,04
Toplam	68	72	-	-
Ortalama	1,88	2	94,44	0,26

Çizelge 4.2. Popülasyon II’de validasyonu yapılan InDel primerlerinin toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı, polimorfizm oranları ve PIC değerleri

Primer Adı	Polimorfik Bant Sayısı	Toplam Bant Sayısı	Polimorfizm oranları %	PIC Değeri
1_57M	2	2	100	0,39
1_96M	2	2	100	0,21
1_110M	2	2	100	0,39
1_23M	2	2	100	0,46
2_22M	2	2	100	0,28
2_52M	2	2	100	0,31
2_77M	2	2	100	0,11
3_14M	2	2	100	0,23
3_85M	2	2	100	0,44
4_66M	2	2	100	0,38
4_80M	2	2	100	0,23
5_5M	2	2	100	0,47
5_06M	2	2	100	0,36
5_76M	2	2	100	0,28
6_06K	2	2	100	0,44
6_50M	2	2	100	0,49
6_86M	2	2	100	0,48
07_2M	2	2	100	0,20
07_53M	2	2	100	0,42
07_75M	1	2	50	0,24
07_103M	2	2	100	0,44
08_102K	2	2	100	0,33
08_60M	2	2	100	0,24
08_89M	2	2	100	0,40
09_264K	2	2	100	0,34
09_75M	1	2	50	0,28
09_88M	2	2	100	0,29
10_4M	2	2	100	0,21
10_43M	2	2	100	0,33
10_86M	2	2	100	0,42
11_650K	2	2	100	0,40
11_55M	2	2	100	0,46
11_101M	2	2	100	0,46
12_608K	2	2	100	0,47
12_38M	2	2	100	0,48
12_74M	2	2	100	0,39
Toplam	70	72	-	-
Ortalama	1,94	2	97,22	0,35

Toplam 36 InDel markörü ile yapılan PCR analizleri sonucunda Popülasyon I’de 72 toplam bant ve 68 polimorfik bant elde edilmiştir. Popülasyon II de ise toplam bant sayısı 72, polimorfik bant sayısı ise 70’tir. Polimorfizm oranları popülasyon I ve II için sırasıyla 0,94 ve 0,97 olarak hesaplanmıştır. Popülasyon I’de ortalama PIC değeri 0,26 olup, en düşük PIC değeri 0,01 ile 4_66M primerine, en yüksek PIC değeri ise 0,49 ile 08_89M primerine aittir. Popülasyon II’de ise ortalama PIC değeri 0,35 olup en düşük

PIC değeri 0,11 ile 2_77M ve en yüksek PIC değeri 0,49 ile 6_50M InDel markörüne aittir (Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2).



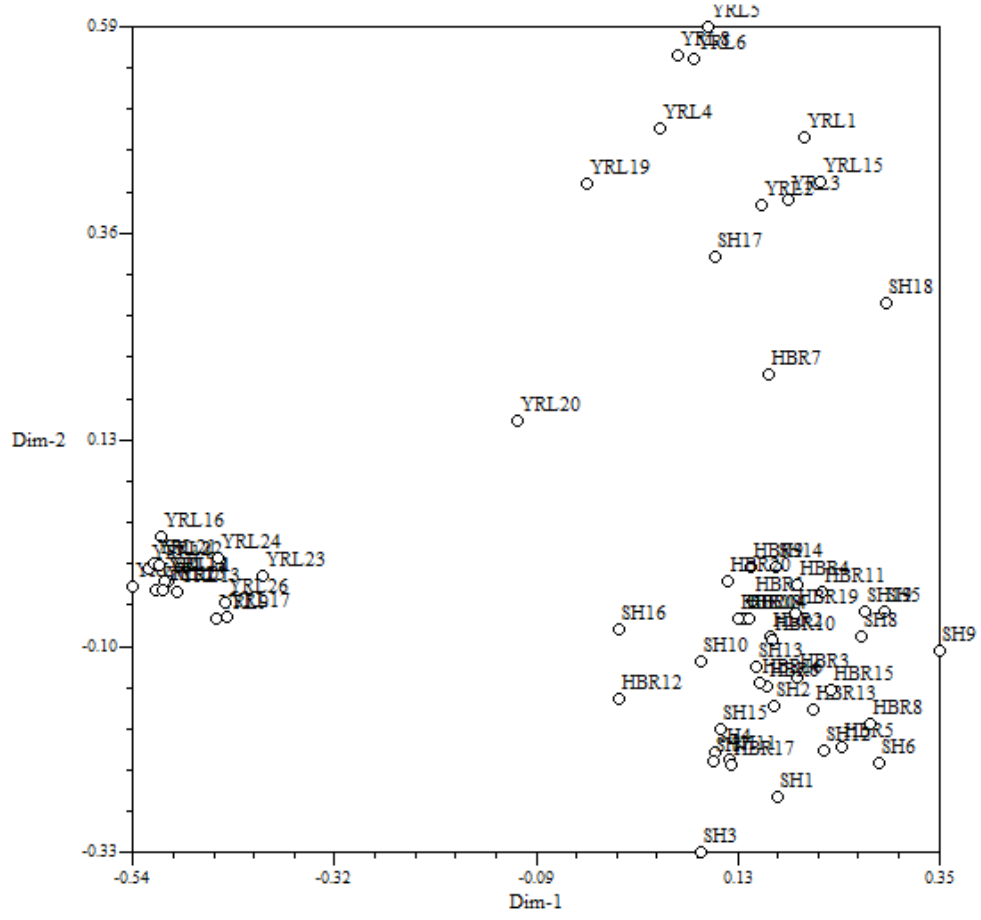
Şekil 4.4. InDel analizleri sonucu elde edilen Popülasyon I'e ait dendrogram

InDel analizleri sonucunda elde edilen dendrogram incelendiğinde, Popülasyon I'e ait genotipler arasında benzerlik oranlarının 0.41 ile 1.00 arasında değiştiği gözlemlenmiştir (Şekil 4.4). Bu sonuçlar doğrultusunda oluşturulan dendrogram, genotipleri iki ana grup (A ve B) altında sınıflandırmıştır.

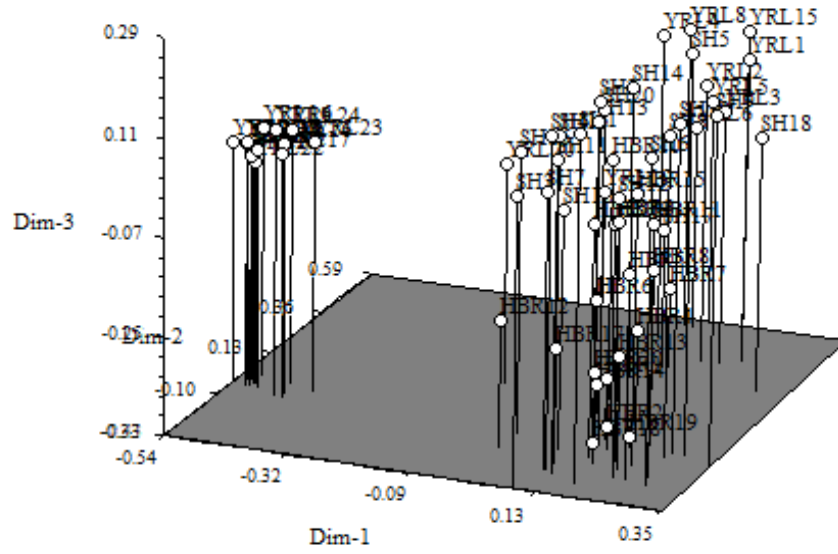
Birinci ana grup (A), kendi içerisinde iki alt gruba (A1 ve A2) ayrılmaktadır. A1 alt grubunda, toplam sekiz adet YRL hattı bir araya toplanmıştır. Bu durum, ilgili hatlar arasındaki genetik benzerliğin yüksek olduğunu göstermektedir. A2 alt grubunda ise genotipler, A2.1 ve A2.2 olmak üzere iki alt gruba ayrılmıştır. Bu iki alt grup arasında yaklaşık 0,50 oranında bir genetik benzerlik gözlemlenmiştir. A2.1 alt grubu ise kendi içerisinde daha da ayrılarak A2.1.1 ve A2.1.2 olmak üzere iki alt gruba bölünmüştür. A2.1.1 alt grubunda, SH ve HBR hatlarını kapsayan toplam 37 genotip bir araya gelmiş ve belirgin bir genetik yakınlık sergilemiştir. Diğer taraftan, A2.1.2 alt grubunda ise bazı YRL hatlarının (18 genotip) kendi içerisinde gruplanarak daha homojen bir yapı oluşturduğu görülmüştür. İkinci ana grup olan Grup B, yalnızca SH17 ve SH18 genotiplerinden oluşmaktadır. Bu durum, söz konusu genotiplerin diğer gruplardan genetik olarak daha farklı bir konumda yer aldığını ortaya koymaktadır. Popülasyon I'de YRL7 ve YRL10 birbirine genetik olarak en yakın genotipler olarak ortaya çıkmış YRL14, YRL13, YRL16 ve YRL12 genotipleri de aynı grupta yer almış ve genetik olarak yakın bulunmuştur.

Ayrıca, InDel markörleri ile yapılan Temel Bileşenler Analizi (PCA) sonucunda oluşturulan iki boyutlu düzlem (Şekil 4.5), genotiplerin dağılımını daha da netleştirmiştir. Bu düzlem üzerinde yapılan değerlendirmeye göre, Antep/Oğuzeli (YRL 5), Anatolia F1 (SH 3) ve Corsica F1 (SH 9) gibi bazı genotipler, diğer genotiplerden ayrılarak farklı konumlarda yer almıştır.

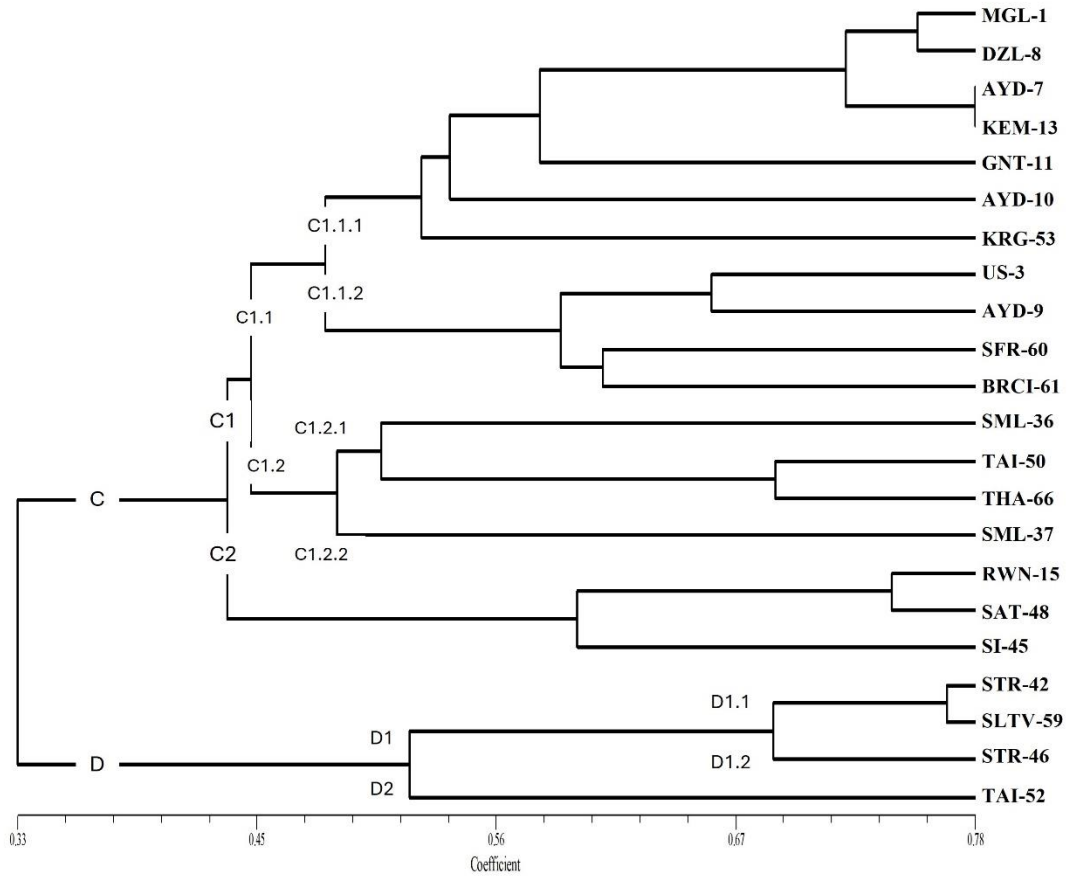
Bununla birlikte, üç boyutlu düzlemde elde edilen grafik (Şekil 4.6), dendrogram ve iki boyutlu düzlem üzerinde elde edilen sonuçlarla benzerlik göstermektedir. Üç boyutlu analiz, genotiplerin daha belirgin bir şekilde gruplandığını ve genetik benzerliklerinin daha açık bir biçimde ortaya konduğunu göstermektedir. Bu sonuçlar, popülasyonlar arasındaki genetik akrabalıkların daha iyi anlaşılmasını sağlamaktadır.



Şekil 4.5. InDel verileriyle gerçekleştirilen temel bileşenler analizi sonucu ortaya çıkan Popülasyon I'e ait iki boyutlu grafik



řekil 4.6. InDel verileriyle gerekleřtirilen temel bileřenler analizi sonucu ortaya ıkan Popölasyon l'e ait üç boyutlu grafik

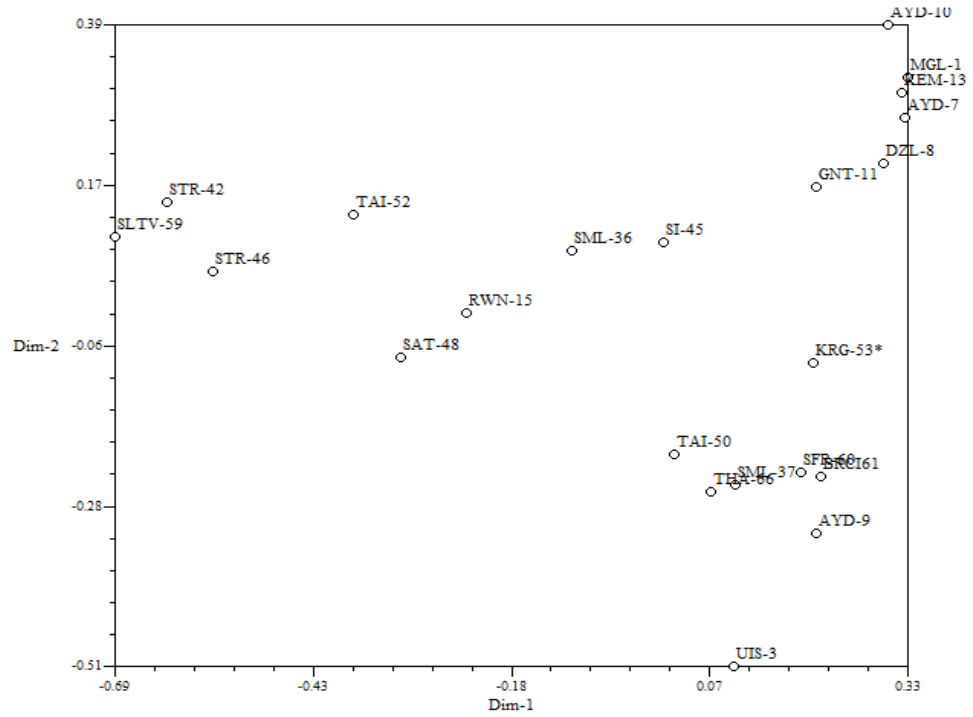


Şekil 4.7. InDel analizleri sonucu elde edilen Popülasyon II'e ait dendrogram

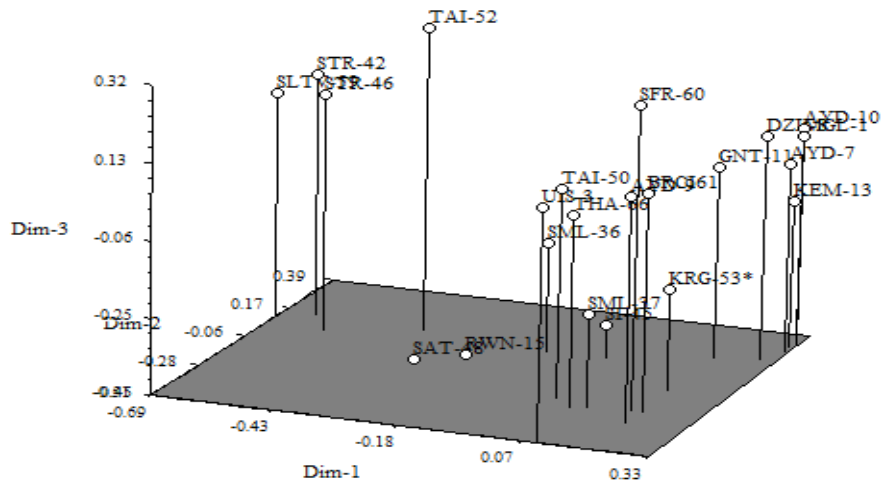
InDel verileriyle oluşturulan Popülasyon II'e ait dendrogram kümesi incelendiğinde, genotipler arasındaki benzerlik oranlarının 0,33 ile 0,78 arasında değiştiği gözlemlenmiştir (Şekil 4.7). Bu benzerlik oranları, popülasyon içindeki genetik çeşitliliği yansıtmaktadır. II. Popülasyona ait dendrogram iki ana gruba ayrılmıştır (C-D). Birinci grup (C) içerisinde iki alt gruba (C1 ve C2) ayrılırken, 1.alt grupta (C1.1) 11 genotipi bir arada toplamıştır. Alt grupta (C1.1.1) MLG-1 ve DZL-8 kendi içerisinde bir grup, AYD-7 ve KEM-13 bir grup içerisinde oluşmuştur. İkinci grup ise (D), (D1-D2) alt gruplarına ayrılmış ve toplam 4 genotipten oluşmuştur. (D1) kendi içerisinde de iki alt gruba ayrılarak STR-42 ve SLTV-59 bir arada (D1.1) toplanmıştır. Dendrogram incelendiğinde, AYD-7 ve KEM-13 genotipleri 0,78 benzerlik oranıyla genetik olarak birbirine en yakın genotipler olarak belirlenmiştir. Bu iki genotipi, STR-42 ve SLTV-59 (her ikisi de *Solanum torvum*) türüne ait yabani genotipler izlemektedir. Çalışmaya dahil edilen üç *Solanum torvum* genotipi (STR-42, SLTV-59 ve STR-46) D1 alt grubunda bir araya gelmiştir. Buna karşılık, *Solanum aethiopicum* türüne ait SI-45 ve SAT-48 genotipi C2 alt grubunda, *Solanum mammosum* türüne ait TAI-52 genotipi ise D2 alt grubunda yer almıştır.

InDel markörleri ile yapılan Temel Bileşenler Analizi (PCA) sonucunda elde edilen iki boyutlu düzlem (Şekil 4.8), genotiplerin genetik dağılımını göstermektedir. Analiz, MGL-1 (Yerel Siyah Uzun), UIS-3 (Topuz Patlıcan), AYD-7 (Kestel Patlıcanı),

AYD-10 (Antep Mor Patlıcan) ve KEM-13 (Aydın Siyahı) gibi popülasyonların diğer genotiplerden ayrıldığını ortaya koymuştur. Bu popülasyonlar, PCA düzleminde belirgin bir şekilde ayrılarak, kendi gruplarını oluşturmuştur.

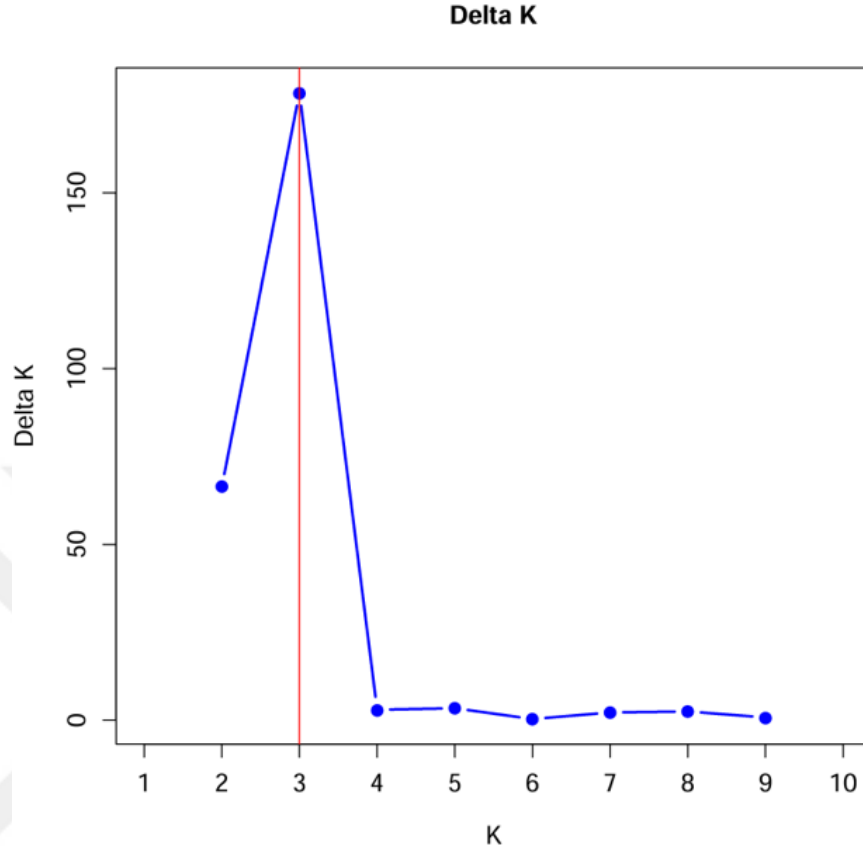


Şekil 4.8. InDel verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu oluşturulan Popülasyon II'e ait iki boyutlu grafik



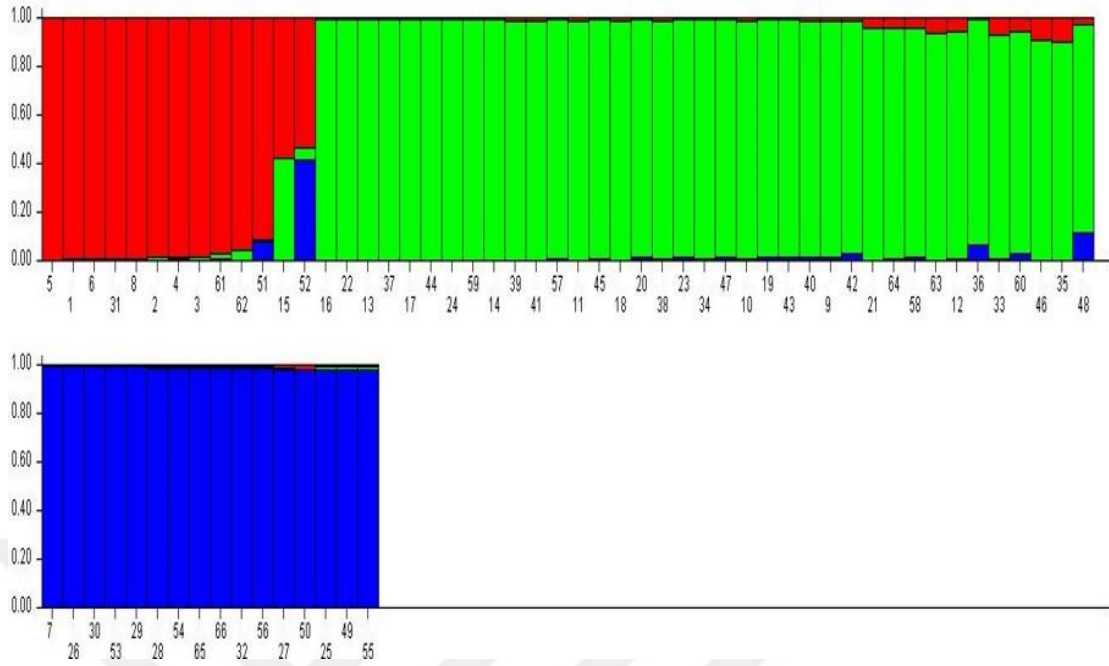
Şekil 4.9. InDel verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu oluşturulan Popülasyon II'e ait üç boyutlu grafik

4.4. Popülasyon Yapısı Belirlenmesi STRUCTURE Analizi



Şekil 4.10. Popülasyon I'e ait patlıcan genotipleri üzerinde gerçekleştirilen STRUCTURE analizi sonuçlarını gösteren ΔK (Delta K) grafiği.

Evanno vd. (2005) yöntemine göre hesaplanan Delta K değerleri, optimum alt popülasyon sayısını belirlemek için değerlendirilmiştir. Şekil 4.10'da, $K = 3$ için en yüksek ΔK değerine ulaşıldığı gözlemlenmiştir. Bu durum, incelenen patlıcan genotiplerinin üç genetik gruba ayrıldığını göstermektedir. $K=3$ 'ten sonraki K değerlerinde ΔK 'nın belirgin şekilde azalması, daha fazla alt popülasyon tanımlamanın genetik yapıyı açıklamak açısından uygun olmadığını işaret etmektedir.



Şekil 4.11. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen popülasyon I'e ait veri sonuçları dağılımları (1.grup; kırmızı, 2.grup; yeşil, 3.grup; mavi renk ile temsil edilmiştir).

Şekil 4.11'te verilen STRUCTURE grafiği, çalışmada yer alan Popülasyon I' e ait, 66 patlıcan genotipinin genetik gruplara dağılımını göstermektedir. Grafikte üç farklı renk (kırmızı, yeşil, mavi) kullanılmıştır ve bu renkler üç farklı genetik alt popülasyonu temsil etmektedir. Her çubuk, bir bireyin genotipini ifade eder ve bu bireyin belirli bir genetik gruba ne oranda ait olduğunu göstermektedir.

Alt popülasyon 1'e ait olan 1 (YRL1), 2 (YRL2), 3 (YRL3), 4 (YRL4), 5 (YRL5), 6 (YRL6), 8 (YRL8), 15 (HBR7), 31 (YRL15), 51 (YRL19), 52 (YRL20), 61 (SH17) ve 62 (SH18) numaralı genotipler kırmızı grupta yer almıştır.

Alt popülasyon 2'e ait olan 9 (HBR1), 10 (HBR2), 11 (HBR3), 12 (HBR4), 13 (HBR5), 14 (HBR6), 16 (HBR8), 17 (SH1), 18 (SH2), 19 (SH3), 20 (SH4), 21 (SH5), 22 (SH6), 23 (SH7), 24 (SH8), 33 (HBR9), 34 (HBR10), 35 (HBR11), 36 (HBR12), 37 (HBR13), 38 (HBR14), 39 (HBR15), 40 (HBR16), 41 (SH9), 42 (SH10), 43 (SH11), 44 (SH12), 45 (SH13), 46 (SH14), 47 (SH15), 48 (SH16), 57 (HBR17), 58 (HBR18), 59 (HBR19), 60 (HBR20), 63 (SH19) ve 64 (SH20) numaralı genotipler yeşil grupta yer almakta olup, bu grubun genetik açıdan homojen bir yapıya sahip olduğu belirlenmiştir.

Alt popülasyon 3'e ait olan 7 (YRL7), 25 (YRL9), 26 (YRL10), 27 (YRL11), 28 (YRL12), 29 (YRL13), 30 (YRL14), 32 (YRL16), 49 (YRL17), 50 (YRL18), 53 (YRL21), 54 (YRL22), 55 (YRL23), 56 (YRL24), 65 (YRL25) ve 66 (YRL26) numaralı genotipler ise mavi grupta yer almaktadır.

Çizelge 4.3. Popülasyon I'e ait, beklenen heterozigotluk ve her bir alt popülasyona ait genotip sayısı

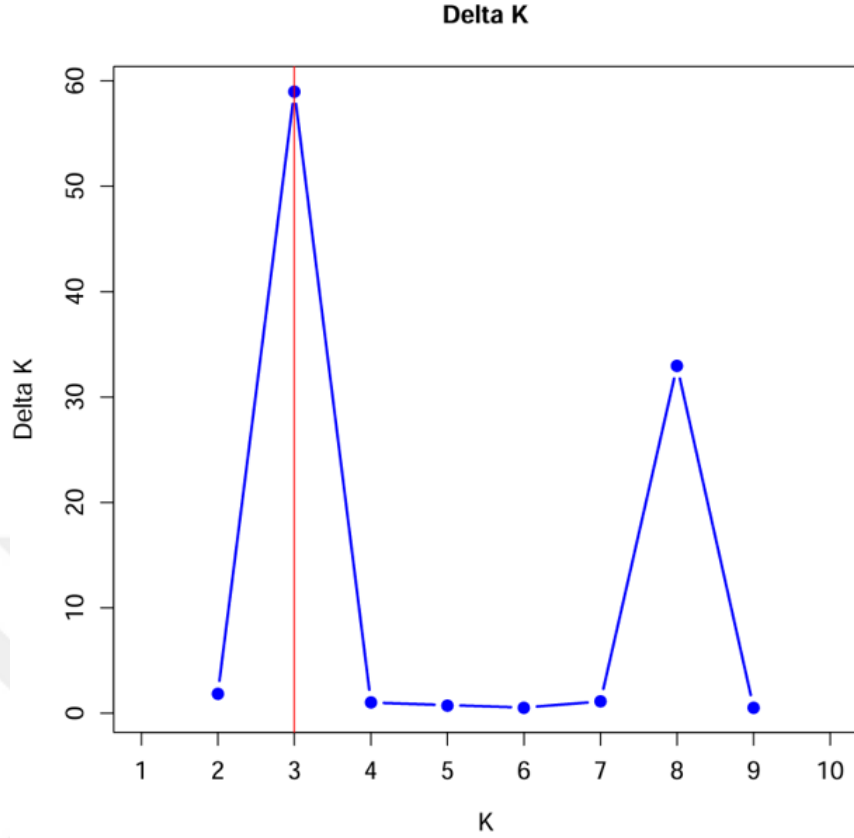
	Beklenen heterozigotluk (He)	Genotip sayısı
Alt popülasyon 1	0,3278	13
Alt popülasyon 2	0,2319	37
Alt popülasyon 3	0,0470	16

Çizelge 4.4. Popülasyon I'e ait, popülasyonlar arasındaki alel-frekans farklılığı

	Popülasyon arasındaki alel-frekans farklılığı		
	Alt popülasyon 1	Alt popülasyon 2	Alt popülasyon 3
Alt popülasyon 1	-	0,1036	0,1878
Alt popülasyon 2	0,1036	-	0,1541
Alt popülasyon 3	0,1878	0,1541	-

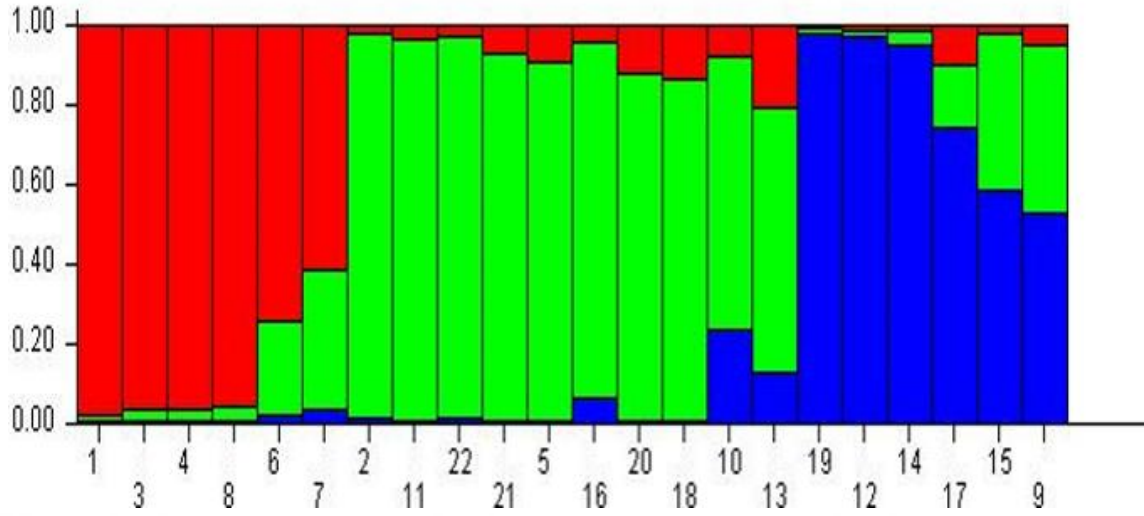
Fst değeri popülasyonlar arasında alel frekanslarındaki farklılıktan dolayı oluşan genetik çeşitliliğin oranı olup, alt popülasyonlar arasındaki genetik farklılığın ölçüsüdür. Fst değeri 0- 0,05 arasında ise popülasyonlar arasındaki genetik farklılık düşük, 0,05-0,15 arasında ise orta, 0,15-0,25 arasında ise yüksek ve 0,25'ten büyük ise çok yüksek seviyededir (Hartl ve Clark, 2007).

İkili Fst karşılaştırmaları, STRUCTURE sonuçları ile verilen alt gruplar arasındaki farklılaşmayı değerlendirmiş ve alt popülasyon 1 ile alt popülasyon 2 arasındaki düşük Fst değeri (0,1036), bu iki grup arasında düşük bir genetik farklılaşma olduğunu ve genetik olarak daha yakın olduklarını göstermektedir. Buna karşılık, en yüksek Fst değeri alt popülasyon 3 ile alt popülasyon 1 arasında (0,1878) gözlenmiş olup, bu durum alt popülasyon 3 grubunun ve alt popülasyon 1'in belirgin şekilde ayrıştığını ve yüksek düzeyde genetik farklılığa sahip olduğunu ortaya koymaktadır. Ayrıca, aynı alt popülasyon içindeki bireyler arasında hesaplanan beklenen heterozigotluk (He) değerleri alt popülasyon 1 ve 2 için sırasıyla 0,3278, 0,2319 olarak belirlenmiştir. Bu değerler, bu gruplarda genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu göstermektedir. Öte yandan, alt popülasyon 3 grubunda elde edilen düşük He değeri (0,0470), bu grubun sınırlı bir genetik çeşitliliğe sahip olduğunu göstermektedir.



Şekil 4.12. Popülasyon II'e ait patlıcan genotipleri üzerinde gerçekleştirilen STRUCTURE analizi sonuçlarını gösteren ΔK (Delta K) grafiği.

Popülasyon II 'ye ait 22 patlıcan genotipleri üzerinde yapılan Delta K analizi, farklı K değerleri için hesaplanan yapısal farklılıkları görselleştirerek, popülasyon içindeki en olası genetik grup sayısını belirlemektedir. Şekil 4.12'de K=3 değerinde en yüksek Delta K zirvesi gözlemlenmiş olup, bu durum popülasyonun üç genetik kümeden oluştuğunu güçlü bir şekilde desteklemektedir. K=8'de daha küçük bir ikinci Delta K zirvesi gözlemlenmiş olmasına rağmen, Evanno yönteminin (Evanno vd., 2005) temel ilkelerine göre ilk büyük zirve, en uygun küme sayısını belirlemekte öncelikli olarak kabul edilmektedir. Bu nedenle oluşan grafik, popülasyon II'e ait patlıcan genotiplerinin, genetik çeşitliliğinin üç ana grup altında en iyi şekilde temsil edildiğini göstermektedir.



Şekil 4.13. STRUCTURE V2.3.4 programı ile elde edilen popülasyon II'e ait veri sonuçları dağılımları

Şekil 4.13'te verilen STRUCTURE grafiği, çalışmada yer alan Popülasyon II' e ait, 22 patlıcan genotipinin genetik gruplara dağılımını göstermektedir. Grafikte üç farklı alt popülasyon tespit edilmiş olup, bunlar kırmızı (alt popülasyon 1), yeşil (alt popülasyon 2) ve mavi (alt popülasyon 3) renkleri ile temsil edilmektedir.

Alt popülasyon 1'e ait olan 1 (MGL-1), 3 (AYD-7), 4 (DZL-8), 6 (AYD-10), 7 (GNT-11) ve 8 (KEM-13) numaralı genotipler, kırmızı alt popülasyonda yer almaktadır. Bu genotiplerin, genetik yapıları bakımından diğer gruplardan ayrılan bir küme oluşturduğu belirlenmiştir.

Alt popülasyon 2'yi oluşturan 2 (UIS-3), 5 (AYD-9), 10 (SML-36), 11 (SML-37), 13 (SI-45), 16 (TAI-50), 18 (KRG-53), 20 (SFR-60), 21 (BRCI61) ve 22 (THA-66) numaralı genotipler, yüksek düzeyde genetik çeşitliliğe sahip bir yapı sergilemektedir. Yeşil grup olarak tanımlanan bu alt popülasyon, popülasyonun en geniş genetik varyasyonu gösteren bölümü olarak değerlendirilmektedir.

Alt popülasyon 3'e ait olan 9 (RWN-15), 12 (STR-42), 14 (STR-46), 15 (SAT-48), 17 (TAI-52) ve 19 (SLTV-59) numaralı genotipler, genetik olarak belirgin şekilde ayrılmış olup, büyük ölçüde mavi alt popülasyonda yer almaktadır.

Çizelge 4.5. Popülasyon II'e ait, beklenen heterozigotluk ve her bir alt popülasyona ait genotip sayısı

	Beklenen heterozigotluk (H_e)	Genotip sayısı
Alt popülasyon 1	0,2263	6
Alt popülasyon 2	0,3808	10
Alt popülasyon 3	0,1943	6

Çizelge 4.6. Popülasyon II'e ait, popülasyonlar arasındaki alel-frekans farklılığı

	Popülasyon arasındaki alel-frekans farklılığı		
	Alt popülasyon 1	Alt popülasyon 2	Alt popülasyon 3
Alt popülasyon 1	-	0,0677	0,2280
Alt popülasyon 2	0,0677	-	0,1246
Alt popülasyon 3	0,2280	0,1246	-

Aynı alt popülasyon içindeki bireyler arasında hesaplanan beklenen heterozigotluk (H_e) değerleri incelendiğinde en yüksek H_e değeri alt popülasyon 2'de (0,3808) elde edilmiş olup, genetik çeşitliliğin daha yüksek olduğunu göstermektedir. Öte yandan, alt popülasyon 1 ve alt popülasyon 3 popülasyonlarında daha düşük H_e değerleri (sırasıyla 0,2263 ve 0,1943) tespit edilmiş ve bu durum, bu gruplarda genetik çeşitliliğin daha sınırlı olduğuna işaret etmektedir.

Populasyon II'ye ait F_{st} değerleri incelendiğinde en düşük F_{st} değeri (0,0677) alt popülasyon 1 ile alt popülasyon 2 arasında elde edilmiştir. Bu iki popülasyonun genetik olarak çok farklılaşma göstermediğini işaret etmektedir. En yüksek değer ise (0,2280) alt popülasyon 1 ile 3 arasında elde edilmiştir ve popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın daha fazla olduğunu göstermektedir.

5. SONUÇLAR

Bu tez çalışmasında, Antalya Tarım A.Ş. tarafından temin edilen 26 yerel patlıcan genotipi, 20 saf hat ve 20 hibrit çeşit ile Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi'nden Prof. Dr. Faik Kantar tarafından ulusal ve uluslararası farklı lokasyonlardan sağlanan 22 patlıcan genotipi kullanılarak InDel primerleri aracılığıyla moleküler karakterizasyon gerçekleştirilmiştir. Çalışma kapsamında, 88 patlıcan genotipine ait InDel bölgelerinin belirlenebilmesi amacıyla daha önce yürütülen yeniden dizileme (resequencing) çalışmaları ve NGS verileri kullanılmış; meyve şekli, pigmentasyon ve dikenlilik gibi farklı fenotipik özelliklere sahip 21 genotipin SRA verileri değerlendirilerek varyant analizi yapılmıştır. Elde edilen varyant dosyaları; SNP, insersiyon ve delesyon bölgelerini içerecek şekilde birleştirilmiş, ardından yalnızca insersiyon ve delesyon bölgeleri filtrelenerek seçilmiştir. Yeni Nesil Dizileme (NGS) verilerine dayalı olarak geliştirilen InDel markörler ile mevcut genetik çeşitlilik belirlenmiş ve bu markörlerin validasyonu sağlanmıştır.

Toplamda 88 patlıcan genotipi ve 36 InDel primeri kullanılarak analiz edilmiştir. Popülasyon I içerisinde yer alan genotiplerin %19'unu (13 genotip) oluşturan alt popülasyon 1, Manisa, Şanlıurfa, Gaziantep, Adana ve Kahramanmaraş gibi farklı coğrafi bölgelerden toplanan genotipleri kapsamaktadır. Alt popülasyon 2 ise genotiplerin %56'sını (37 genotip) temsil etmekte olup, meyve şekli bakımından silindirik formlu genotiplerden oluşmaktadır. Popülasyon I'in kalan %24'ünü (16 genotip) oluşturan alt popülasyon 3 ise meyve şekli bakımından topan formdaki genotipleri içermektedir. Popülasyon II'ye ait genotiplerin %27'sini (6 genotip) oluşturan alt popülasyon 1, Muğla, Aydın ve Denizli gibi Ege Bölgesi'ne ait birbirine yakın lokasyonları temsil etmektedir. Alt popülasyon 2, genotiplerin %45'ini (10 genotip) kapsamakta olup, Fethiye ve Aydın illerinin yanı sıra Afrika, Kırgızistan ve Tayland gibi farklı coğrafi bölgelerden toplanan genotipleri içermektedir. Popülasyon II'de yer alan alt popülasyon 3 ise toplam genotiplerin %27'sini (6 genotip) oluşturarak, Afrika ve Tayland lokasyonlarına ait genotipleri kapsamaktadır.

Analizi sonuçları, bu çalışmada geliştirilen InDel markörlerinin patlıcan genetik çeşitliliğini ayırt etmede etkili bir araç olduğunu göstermektedir. Çalışmaya dahil edilen iki farklı genetik yapıya sahip olduğu düşünülen popülasyonlardan; popülasyon II'de beklenen heterozigotluk ortalaması 0,26 olarak hesaplanırken, Popülasyon I'de 0,20 olarak bulunmuştur. Agaroz jel görüntüleri incelendiğinde, polimorfik bant sayısının popülasyon II'de belirgin şekilde fazla olduğu görülmektedir. Bu çalışma kapsamında elde edilen InDel markörlerin patlıcan genotipleri arasındaki genetik benzerlik/farklılıkların belirlenmesinde etkili ve güvenilir bir şekilde kullanılabileceği ve temel moleküler biyoloji alt yapısına sahip laboratuvarlarda poliakrilamid jel ya da kapiller tekniğine ihtiyaç duyulmadan agaroz jelde ayrıştırılabilecek boyutlarda ürünler elde edilebilecektir. Genetik farklılıkların belirgin olduğu bu popülasyonların, patlıcan ıslah çalışmalarında genetik kaynak çeşitliliğinin korunması ve yeni çeşitlerin geliştirilmesi açısından önemli bir potansiyel sunduğu değerlendirilmektedir.

Bu kapsamda elde edilen InDel markörlerin, gen havuzlarının tanımlanması, sertifikasyonu ve korunması, yeni gen kaynaklarının tespiti ve havuzlara dahil edilmesi, önemli agronomik özelliklerle ilişkili genlerin haritalanması, çeşit tanımlama, genetik

çeşitlilik analizleri ve markör destekli seleksiyon ıslahı süreçlerine katkı sağlayabileceği değerlendirilmektedir.



6. KAYNAKLAR

- Abdelrahman, M., Mitoma, M., Ikeuchi, T., Mori, M., Murakami, K., Ozaki, Y., Matsumoto, M., Uragami, A., & Kanno, A. (2018). Differential gene expression analysis and SNP/InDel marker discovery in resistant wild *Asparagus kiusianus* and susceptible *A. officinalis* in response to Phomopsis asparagi infection. *Data in Brief*, 21, 2117–2121. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2018.11.034>
- Adedze, Y. M. N., Lu, X., Xia, Y., Sun, Q., Nchongboh, C. G., Alam, M. A., Liu, M., Yang, X., Zhang, W., Deng, Z., Li, W., & Si, L. (2021). Agarose-resolvable InDel markers based on whole genome re-sequencing in cucumber. *Scientific Reports*, 11(1), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-83313-x>
- Barchi, L., M. T. Rabanus-Wallace, J. Prohens, L. Toppino, S. Padmarasu, E. Portis, G. L. Rotino, N. Stein, S. Lanteri, and G. Giuliano. "Improved genome assembly and pan-genome provide key insights on eggplant domestication and breeding." *The Plant Journal* (2021).
- Bebeli, P. J., & Mazzucato, A. (2008). The Solanaceae-A Review of Recent Research on Genetic Resources and Advances in the Breeding of *Tomato*, *Pepper* and *Eggplant*. <http://www.sgn.cornell.edu/> The European Journal of Plant Science and Biotechnology, 2(1), 3-30.
- Brew-Appiah, R. A. T., Peracchi, L. M., & Sanguinet, K. A. (2019). Never the two shall mix: Robust indel markers to ensure the fidelity of two pivotal and closely-related accessions of brachypodium distachyon. *Plants*, 8(6). <https://doi.org/10.3390/plants8060153>
- Choi, Y. R., Lee, J. Y., Hwang, S., & Kim, H. U. (2020). 基于PCR的InDel标记与抗白粉病MR-1相关. *Agronomy*, 10(9), 1–9.
- Demir, K., Bakir, M., Sarikamiş, G. ve Acunalp, S. (2010). Genetic diversity of eggplant (*Solanum melongena*) germplasm from Turkey assessed by SSR and RAPD markers. *Genetics and Molecular Research: GMR*, 9(3), 1568–1576. <https://doi.org/10.4238/vol9-3gmr878>
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1990. A Rapid Total DNA Preparation Procedure for Fresh Plant Tissue. *Focus*, 12, 13-15.
- Dracatos, P. M., Park, R. F., & Singh, D. (2021). Validating molecular markers for barley leaf rust resistance genes Rph20 and Rph24. *Plant Disease*, 105(4), 743–747. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-20-1735-SC>
- Earl, D. A. and vonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: A Website and Program For Visualizing STRUCTURE Output and Implementing The Evanno Method. *Conserv Genet Resour*, 4:359–361.
- Evanno, G., Regnaut, S. and Goudet, J. (2005). Detecting The Number of Clusters of Individuals Using The Software STRUCTURE: A Simulation Study. *Mol Ecol Resources*, 14:2611–2620.
- Fidan, H. ve Sarıkaya, P. (2020). Antalya ili patlıcan (*Solanum melongena*) yetiştiriciliğinde sorun olan virüs hastalıkları. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 33(1), 27–35. <https://doi.org/10.29136/mediterranean.642226>

- Filiz, E. ve Koç, İ. (2011). Bitki Biyoteknolojisinde Moleküler Markörler. Ziraat Fakültesi Dergisi, 28(2), 207–214. http://ziraatdergi.gop.edu.tr/Makaleler/2026213079_207-214.pdf%0Ahttp://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/1360138596868981
- Fukuoka, H., Miyatake, K., Nunome, T., Negoro, S., Shirasawa, K., Isobe, S., Asamizu, E., Yamaguchi, H., & Ohyama, A. (2012). Development of gene-based markers and construction of an integrated linkage map in eggplant by using *Solanum orthologous* (SOL) gene sets. Theoretical and Applied Genetics, 125(1), 47–56. <https://doi.org/10.1007/s00122-012-1815-9>
- Garcia-Lor, A., Luro, F., Ollitrault, P., & Navarro, L. (2015). Genetic diversity and population structure analysis of mandarin germplasm by nuclear, chloroplastic and mitochondrial markers. Tree Genetics and Genomes, 11(6). <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0951-1>
- Gramazio, P., Blanca, J., Ziarsolo, P., Herraiz, F.J., Plazas, M., Prohens, J. and Vilanova, S., (2016). Transcriptome analysis and molecular marker discovery in *Solanum incanum* and *S. aethiopicum*, two close relatives of the common eggplant (*Solanum melongena*) with interest for breeding. BMC Genomics, 17(1), pp.1-17.
- Hartl, D.L. Clark A. G. (2007) Principles of population genetics. Sinauer Associates, USA, 2007.
- Hautea, D. (2014). Genetic diversity analysis of eggplant (*Solanum melongena* L.) and related wild species in the philippines using morphological and SSR markers. In Article in SABRAO Journal of Breeding and Genetics. <https://www.researchgate.net/publication/287365493>
- Isshiki, S., Iwata, N., & Khan, M. M. R. (2008). ISSR variations in eggplant (*Solanum melongena* L.) and related *Solanum* species. Scientia Horticulturae, 117(3), 186–190. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.04.003>
- Islam, M. R., Hossain, M. R., Jesse, D. M. I., Jung, H. J., Kim, H. T., Park, J. I., & Nou, I. S. (2020). Development of molecular marker linked with bacterial fruit blotch resistance in melon (*Cucumis melo* L.). Genes, 11(2). <https://doi.org/10.3390/genes11020220>
- Jin, L., Zhao, L., Wang, Y., Zhou, R., Song, L., Xu, L., Cui, X., Li, R., Yu, W., & Zhao, T. (2019). Genetic diversity of 324 cultivated tomato germplasm resources using agronomic traits and InDel markers. Euphytica, 215(4), 1–16. <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2391-8>
- Kim, B., Hwang, I. S., Lee, H. J., & Oh, C. S. (2017). Combination of newly developed SNP and InDel markers for genotyping the Cf-9 locus conferring disease resistance to leaf mold disease in the tomato. Molecular Breeding, 37(5). <https://doi.org/10.1007/s11032-017-0663-3>
- Kızıl, S., Basak, M., Guden, B., Tosun, H. S., Uzun, B. ve Yol, E. (2020). Genome-wide discovery of indel markers in sesame (*Sesamum indicum* L.) using ddRADseq. Plants, 9(10), 1–17. <https://doi.org/10.3390/plants9101262>
- Lee, Y. J., Mun, J. H., Jeong, Y. M., Joo, S. H., & Yu, H. J. (2018). Assembly of a

- radish core collection for evaluation and preservation of genetic diversity. *Horticulture Environment and Biotechnology*, 59(5), 711–721. <https://doi.org/10.1007/s13580-018-0079-y>
- Li, H., Ikram, M., Xia, Y., Li, R., Yuan, Q., Zhao, W., Siddique, K. H. M., & Guo, P. (2022). Genome-wide identification and development of InDel markers in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) using RAD-seq. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 28(5), 1077–1089. <https://doi.org/10.1007/s12298-022-01187-3>
- Li, W., Cheng, J., Wu, Z., Qin, C., Tan, S., Tang, X., Cui, J., Zhang, L., & Hu, K. (2015). An InDel-based linkage map of hot pepper (*Capsicum annuum*). *Molecular Breeding*, 35(1). <https://doi.org/10.1007/s11032-015-0219-3>
- Lister, C. (2007). Nutritional attributes of spinach, silver beet and eggplant. <https://www.researchgate.net/publication/268516190>
- Liu, G., Xu, J. H., Zhang, M., Li, P. F., Yao, X. F., Hou, Q., Zhu, L. L., Ren, R. S., & Yang, X. P. (2016). Exploiting Illumina sequencing for the development of indel markers in watermelon (*Citrullus Lanatus*). *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 91(3), 220–226. <https://doi.org/10.1080/14620316.2015.1133609>
- Liu, J., Qu, J., Yang, C., Tang, D., Li, J., Lan, H., & Rong, T. (2015a). Development of genome-wide insertion and deletion markers for maize, based on next-generation sequencing data. *BMC Genomics*, 16(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1797-5>
- Liu, L., Dang, P. M., & Chen, C. Y. (2015b). Development and utilization of InDel markers to identify peanut (*Arachis hypogaea*) disease resistance. *Frontiers in Plant Science*, 6(NOVEMBER), 1–11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00988>
- Liu, S., An, Y., Tong, W., Qin, X., Samarina, L., Guo, R., Xia, X., & Wei, C. (2019). Characterization of genome-wide genetic variations between two varieties of tea plant (*Camellia sinensis*) and development of InDel markers for genetic research. *BMC Genomics*, 20(1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6347-0>
- Lv, Z., Jin, Q., Li, Z., Li, T., Wang, Y., You, Q., Gong, C., Heng, Z. and Sun, B., (2023). Fine Mapping and Candidate Gene Analysis of the Gv1 Locus Controlling Green-Peel Color in Eggplant (*Solanum melongena* L.). *Horticulturae*, 9(8), p.888.
- Mace, ES., Lester, RN., Gebhardt, CG. 1999. “AFLP analysis of genetic relationships among the cultivated eggplant, *Solanum melongena* L., and wild relatives (Solanaceae)”, *Theor Appl Genet*, 99: 626–633.
- Moghaddam, S. M., Song, Q., Mamidi, S., Schmutz, J., Lee, R., Cregan, P., Osorno, J. M., & McClean, P. E. (2014). Developing market class specific InDel markers from next generation sequence data in *Phaseolus vulgaris* L. *Frontiers in Plant Science*, 5(MAY), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00185>
- Moonsap, P., Laksanavilat, N., Sinumporn, S., Tasanasuwan, P., Kate-Ngam, S., & Jantasuriyarat, C. (2019). Genetic diversity of Indo-China rice varieties using ISSR, SRAP and InDel markers. *Journal of Genetics*, 98(3), 1–11.

<https://doi.org/10.1007/s12041-019-1123-0>

- Muñoz-Espinoza, C., Di Genova, A., Sánchez, A., Correa, J., Espinoza, A., Meneses, C., Maass, A., Orellana, A., Hinrichsen, P., Muñoz-Espinoza, C., & Hinrichsen, P. (2020). Identification of SNPs and InDels associated with berry size in table grapes integrating genetic and transcriptomic approaches. *BMC Plant Biology*, 20(1), 1–21. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02564-4>
- Osorio, C. E., Udall, J. A., Salvo-Garrido, H., & Maureira-Butler, I. J. (2018). Development and characterization of InDel markers for *Lupinus luteus* L. (Fabaceae) and cross-species amplification in other Lupin species. *Electronic Journal of Biotechnology*, 31, 44–47. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2017.11.002>
- Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of Population Genetic Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155:945–959.
- Raman, H., Raman, R., Wood, R., & Martin, P. (2006). Repetitive indel markers within the ALMT1 gene conditioning aluminium tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Molecular Breeding*, 18(2), 171–183. <https://doi.org/10.1007/s11032-006-9025-2>
- Sehn, J. K. (2015). Insertions and Deletions (Indels). *Clinical Genomics*, 129–150. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-404748-8.00009-5>
- Sekara, A., Cebula, S., & Kunicki, E. (2007). Cultivated eggplants-origin, breeding objectives and genetic resources, a review. <https://www.researchgate.net/publication/284533372>
- Seki, K. (2022). Detection of candidate gene LsACOS5 and development of InDel marker for male sterility by ddRAD-seq and resequencing analysis in lettuce. *Scientific Reports*, 12(1), 1–8. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11244-2>
- Sharma, S., Sharma, A., & Katoch, V. (2020). Biotechnological interventions in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 95(3), 273–285. <https://doi.org/10.1080/14620316.2019.1686432>
- Shimira, F., Boyacı, H. F., Çilesiz, Y., Nadeem, M. A., Baloch, F. S., & Taşkın, H. (2021). Exploring the genetic diversity and population structure of scarlet eggplant germplasm from Rwanda through IPBS-retrotransposon markers. *Molecular Biology Reports*, 48(9), 6323–6333. <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06626-0>
- Song, X., Wei, H., Cheng, W., Yang, S., Zhao, Y., Li, X., Luo, D., Zhang, H., & Feng, X. (2015). Development of INDEL markers for genetic mapping based on whole genome resequencing in soybean. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 5(12), 2793–2799. <https://doi.org/10.1534/g3.115.022780>
- Sudmant, P. H., Rausch, T., Gardner, E. J., Handsaker, R. E., Abyzov, A., Huddleston, J., Zhang, Y., Ye, K., Jun, G., Fritz, M. H. Y., Konkel, M. K., Malhotra, A., Stütz, A. M., Shi, X., Casale, F. P., Chen, J., Hormozdiari, F., Dayama, G., Chen, K., ... Korb, J. O. (2015). An integrated map of structural variation in 2,504 human genomes. *Nature*, 526(7571), 75–81. <https://doi.org/10.1038/nature15394>

- Srivastava, R., Singh, M., Bajaj, D., & Parida, S. K. (2016). A high-resolution InDel (Insertion-Deletion) markers-anchored consensus genetic map identifies major QTLs governing pod number and seed yield in chickpea. *Frontiers in Plant Science*, 7(September), 1–14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01362>
- Tanaka, T., Nishii, Y., Matsuo, H., & Takahashi, T. (2020). Easy-to-use indel markers for genetic mapping between col-0 and ler-0 accessions of *Arabidopsis thaliana*. *Plants*, 9(6), 1–6. <https://doi.org/10.3390/plants9060779>
- Usage, T., & Breed, M. M. (2015). Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. 4(2), 1–12.
- Vorontsova, M., & Knapp, S. (2012). A new species of *Solanum* (Solanaceae) from South Africa related to the cultivated eggplant. *PhytoKeys*, 8(0), 1. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.8.2462>
- Wang, H., Li, X., Liu, X., Oiu, Y., Song, J., & Zhang, X. (2016). Genetic diversity of garlic (*Allium sativum* L.) germplasm from China by fluorescent-based AFLP, SSR and InDel markers. *Plant Breeding*, 135(6), 743–750. <https://doi.org/10.1111/pbr.12424>
- Wang, J., Kong, L., Yu, K., Zhang, F., Shi, X., Wang, Y., Nan, H., Zhao, X., Lu, S., Cao, D., Li, X., Fang, C., Wang, F., Su, T., Li, S., Yuan, X., Liu, B., & Kong, F. (2018). Development and validation of InDel markers for identification of QTL underlying flowering time in soybean. *Crop Journal*, 6(2), 126–135. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.08.001>
- Wei, Q., Wang, J., Wang, W., Hu, T., Hu, H. and Bao, C., (2020). A high-quality chromosome-level genome assembly reveals genetics for important traits in eggplant. *Horticulture research*, 7, p.153.
- Xu, Y., Zeng, A., Song, L., Li, J., & Yan, J. (2019). Comparative transcriptomics analysis uncovers alternative splicing events and molecular markers in cabbage (*Brassica oleracea* L.). *Planta*, 249(5), 1599–1615. <https://doi.org/10.1007/s00425-019-03108-3>
- Yang, J., Wang, Y., Shen, H., & Yang, W. (2014). In Silico identification and experimental validation of insertion-deletion polymorphisms in tomato genome. *DNA Research*, 21(4), 429–438. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsu008>
- Yamaki, S., Ohyanagi, H., Yamasaki, M., Eiguchi, M., Miyabayashi, T., Kubo, T., Kurata, N., & Nonomura, K. I. (2013). Development of InDel markers to discriminate all genome types rapidly in the genus *Oryza*. *Breeding Science*, 63(3), 246–254. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.63.246>
- Ye, W., Yang, Y., Wang, P., Zhang, Y., Zhang, L., Tian, D., Zhang, L., Zhang, L., & Zhou, B. (2021). InDel marker development and QTL analysis of agronomic traits in mung bean [*Vigna radiate* (L.) Wilczek]. *Molecular Breeding*, 41(10). <https://doi.org/10.1007/s11032-021-01233-0>
- Yılmaz, A. (2021) Moleküler markörlerin bitki ıslahındaki önemi. Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü. <https://www.researchgate.net/profile/Abdurrahim-Yilmaz>

- Yılmaz, A., Nadeem, M. A. ve Yılmaz, H. (2022). Moleküler Markörler ile Bitki Genetik Çeşitliliğinin Belirlenmesi February.
- Zhang, T., Gu, M., Liu, Y., Lv, Y., Zhou, L., Lu, H., Liang, S., Bao, H., & Zhao, H. (2017). Development of novel InDel markers and genetic diversity in *Chenopodium quinoa* through whole-genome re-sequencing. BMC Genomics, 18(1), 1–15. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4093-8>



ÖZGEÇMİŞ

Atiye ARICAN

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2022-2025	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Antalya
Lisans	Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi
2016-2020	Fen-Edebiyat Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, Burdur