

AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



***Pisum sativum* L. ve *P. fulvum* Sibth&Sm. TÜRLER ARASI
MELEZLEMELERİNDE ERKENCİLİKLE İLGİLİ QTL'LERİN
BELİRLENMESİ**

Hatice SARI

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ARALIK 2021

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



Pisum sativum L. ve *P. fulvum* Sibth&Sm. TÜRLER ARASI
MELEZLEMELERİNDE ERKENCİLİKLE İLGİLİ QTL'LERİN
BELİRLENMESİ

Hatice SARI

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ARALIK 2021

ANTALYA

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

***Pisum sativum* L. ve *P. fulvum* Sibth&Sm. TÜRLER ARASI
MELEZLEMELERİNDE ERKENCİLİKLE İLGİLİ QTL'LERİN
BELİRLENMESİ**

**Hatice SARI
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ**

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından FDK-2020-5257 nolu proje ile desteklenmiştir.**

ARALIK 2021

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

***Pisum sativum* L. ve *P. fulvum* Sibth&Sm. TÜRLER ARASI
MELEZLEMELERİNDE ERKENCİLİKLE İLGİLİ QTL'LERİN
BELİRLENMESİ**

Hatice SARI
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

Bu tez 03/12/2021 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Cengiz TOKER (Danışman)

Prof. Dr. Bahattin TANYOLAÇ

Prof. Dr. Nedim MUTLU

Doç. Dr. Hüseyin ÇANCI

Dr. Öğr. Üyesi İbrahim ÇELİK

ÖZET

***Pisum sativum* L. ve *P. fulvum* Sibth&Sm. TÜRLER ARASI MELEZLEMELERİNDE ERKENCİLİKLE İLGİLİ QTL'LERİN BELİRLENMESİ**

Hatice SARI

Doktora Tezi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Cengiz TOKER

Aralık 2021; 74 sayfa

Bitkisel üretimde en önemli stres faktörlerinden olan ve küresel ısınma nedeniyle yakın gelecekte artacağı tahmin edilen kuraklık ve yüksek sıcaklık streslerinden kaçınmak için tarımı yapılan bitkilerde erkencilik özelliği önemli bir role sahiptir. Ayrıca, artan insan nüfusunun gelecekteki gıda ihtiyaçlarını karşılayabilmek için süper erkenci bitki çeşitlerine ihtiyaç duyulacaktır. Bu tez çalışması, bahçe bezelyesi (*P. sativum* L.) ve onun en uzak yabani akrabası (*P. fulvum* Sibth. et Sm.) arasında yapılan türler arası melezlemeden ilerletilen F₂ popülasyonunda, (i) transgresif açılmalar (açılma generasyonlarında her iki anaçtan daha yüksek ve düşük değerli döller) belirlemeyi, (ii) F₂ den F₅'e kadar transgresif açılmalardan süper erkenci (*de novo*) döller seçmeyi, (iii) süper erkencilik özelliğinin dar anlamda kalıtım derecesini tahminlemeyi, (iv) önemli tarımsal ve morfolojik özelliklerin erkencilik üzerine doğrudan ve dolaylı ilişkilerini path katsayısıyla irdelemeyi ve (v) F₄ rekombinant kendilenmiş hatlarda (RIL) erkencilik dahil önemli tarımsal ve morfolojik özelliklerin SSR markörleriyle haritalamayı amaçlamıştır.

F₂ popülasyonunda, çimlenmeden sonra 13-17 gün içerisinde çiçeklenen, 18-29 içerisinde bakla bağlayan ve erkenci olan anne ebeveyninden çok daha erkenci olup, daha önce bulunmayan süper erkenci bireyler olarak adlandırılan bireyler, F₅ popülasyonuna kadar incelenmiştir. F₅ popülasyonunda *de novo* süper erkenci bireyler, kısa gün koşulları altında *P. sativum*'dan yaklaşık bir ay ve *P. fulvum*'dan iki ay daha erkenci oldukları belirlenmiştir. Süper erkenci bireyler, çiçeklenme ($h^2 = \%82$) ve bakla bağlama zamanı ($h^2 = \%80$) özellikleri bakımından oldukça yüksek dar anlamda kalıtım derecesine sahip oldukları bulunmuştur. Bu durum süper erkenci çeşitlerin geliştirilmesi için açılan popülasyonlarda erken dönemde seleksiyon yapılabileceğini göstermektedir. Çalışma kapsamında süper erkencilik özelliğine ilaveten önemli agro-morfolojik özellikler için de transgresif açılımlar elde edilmiştir.

P. sativum ve *P. fulvum* türler arası melezlemeden tek tohum aktarma yöntemiyle ilerletilen 114 bireyden oluşan F₄ RIL popülasyonu, erkencilik ve önemli agro-morfolojik özelliklerin QTL'lerini belirlemek için değerlendirilmiştir. Ebeveynler arasında polimorfik olan kırk dört adet SSR, 7 kromozom üzerinde haritalanarak toplam 262.6 cM uzunluğunda genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Erkencilik ve önemli agro-morfolojik özellikler için 5 kromozom üzerinde toplam 14 QTL belirlenmiştir. Erkencilik için LG2 üzerinde fenotipik varyansın toplam %26'sını açıklayan iki adet QTL belirlenmiştir. Bitki boyu için LG3 üzerinde fenotipik varyansın %16'sını açıklayan bir QTL, bitkide bakla sayısı için LG2, LG4, LG5 ve LG6 üzerinde toplam 6 QTL

belirlenmiştir. Baklada dane sayısı için LG6 üzerinde bir QTL, bakla boyu için LG4 üzerinde bir QTL ve hasat indeksi için LG3, LG5 ve LG6 bağlantı gruplarında yer alan 3 adet QTL belirlenmiştir.

Araştırma sonuçlarına göre, erkencilik özelliği için belirlenen QTL'lere yakın ilişkide olan AA205 ve AA372-1 markörleri ve önemli agro-morfolojik özellikler için bulunan QTL'lerdeki yakın ilişkili diğer SSR markörleri gelecekte yapılacak olan markör destekli seleksiyon çalışmalarına önemli katkılar sağlayacaktır. Yabani türlerin kültüre alınmış türlerle melezlenmesinden elde edilen faydalı bireyler, yabani türlerin önemini ortaya koymaktadır.

ANAHTAR KELİMELEER: *Pisum sativum* L., *Pisum fulvum*, erkencilik, transgresif açılma, SSR, QTL

JÜRİ: Prof. Dr. Cengiz TOKER

Prof. Dr. Bahattin TANYOLAÇ

Prof. Dr. Nedim MUTLU

Doç. Dr. Hüseyin ÇANCI

Dr. Öğr. Üyesi İbrahim ÇELİK

ABSTRACT

DETERMINATION of QTLs for EARLINESS in CROSSES DERIVED FROM INTERSPECIFIC CROSSES BETWEEN *Pisum sativum* L. and *P. fulvum* Sibth&Sm.

Hatice SARI

PhD Thesis in Department of Field Crops

Supervisor: Prof. Dr. Cengiz TOKER

December 2021; 74 pages

Earliness in crop plants has a crucial role in avoiding drought and heat stress, which are two of the most important challenges in crop production and are predicted to exacerbate in the near future due to global warming. Furthermore, super-early plant cultivars are crucial to meet the future food needs of the growing human population. The study aimed (i) to determine transgressive segregations (progeny with higher and lower values from both parents in transgressive generations), (ii) to select super-early (*de novo*) progeny from transgressive segregations from F₂ to F₅, (iii) narrow sense heritability of super-earliness trait (iv) to examine the direct and indirect relationships of important agricultural and morphological traits on earliness with the path coefficient, and (v) to map important agronomic and morphological traits, including earliness, with SSR markers in F₄ recombinant inbred lines (RIL), in populations derived from interspecific crosses between garden pea (*P. sativum* L.) and the most distant relative of pea (*P. fulvum* Sibth. et Sm.).

In the F₂ population, the so-called super-early individuals, matured much earlier than the female parent, flowered within 13-17 days after germination and set pods within 18-29 were studied up to the F₅ generation. Super-early progeny were found to be earlier by about one month than *P. sativum* and two months than *P. fulvum* under short day conditions in the F₅ population. In respect to days to flowering and pod setting, super-early progeny had a relatively high level of narrow sense heritability ($h^2 = 82\%$ and 80% , respectively), indicating that the selections for earliness in segregating populations was effective for improvement of extreme early maturing varieties. In the study, in addition to the *de novo* super-early progeny, important transgressive segregation were obtained for important agro-morphological traits.

A population of 114 RILs obtained through single seed descent from interspecific crosses between *P. sativum* and *P. fulvum* was evaluated to identify QTLs for earliness and important agro-morphological traits. A genetic map was constructed with forty-four SSRs markers that are polymorphic between parents were mapped on 7 chromosomes with a total length of 262.6 cM. A total of 14 QTLs on 5 chromosomes were determined for earliness and important agro-morphological traits. For earliness, two QTLs that explained 26% of the phenotypic variance were determined on LG2. The QTL on LG3 explained 16% of the phenotypic variance for plant height was determined, and six QTLs on LG2, LG4, LG5 and LG6 were determined for the number of pods per plant.

Additionally, one QTL on LG6 for the number of seeds per pod, one QTL on LG4 for pod length, and 3 QTLs in LG3, LG5 and LG6 for harvest index were also determined.

The results indicate that the AA205 and AA372-1 flanking markers for QTLs determined for earliness, and other SSR markers linked to the QTLs for important agromorphological traits can contribute to future marker-assisted selection studies. Beneficial traits introduced from wild relatives reveal the importance of wild species to meet future challenges of agriculture in expanding the production and securing food supply.

KEYWORDS: *Pisum sativum* L., *Pisum fulvum*, earliness, transgressive segregation, SSR, QTLs

COMMITTEE: Prof. Dr. Cengiz TOKER

Prof. Dr. Bahattin TANYOLAÇ

Prof. Dr. Nedim MUTLU

Assoc. Prof. Hüseyin ÇANCI

Asst. Prof. Dr. İbrahim ÇELİK

ÖNSÖZ

Doktora eğitimim boyunca hiçbir yardımını esirgemeyip, engin bilgi, tecrübe ve özgün fikirleriyle yoluma ışık tutan, en yoğun zamanlarında dahi zaman ayırarak çalışmalarında en iyisini yapabilmem için daima teşvik eden, bilim insanlığını örnek aldığı ve birlikte çalışmaktan onur duyduğum çok değerli danışman hocam sayın Prof. Dr. Cengiz TOKER'e sonsuz saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Doktora tez çalışmamın moleküler aşamasının planlanmasından sonuçlanmasına kadar değerli bilgisini ve yardımlarını eksik etmeyen, sorularına sabırla cevap veren sayın Prof. Dr. Nedim MUTLU hocama en içten teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca, tez çalışmam sırasında değerli bilgi ve tecrübelerini benimle paylaşan ve laboratuvar imkanlarından faydalanmamı sağlayan sayın Doç. Dr. Cengiz İKTEN hocama, sayın Prof. Dr. Bülent UZUN hocama ve sayın Doç. Dr. Engin YOL hocama içten teşekkürlerimi sunarım. Tez çalışmamın moleküler analizlerinde özverili yardımlarından ve tezime değerli katkılarından dolayı sayın Dr. Öğretim Üyesi İbrahim ÇELİK hocama içten teşekkürlerimi sunarım. Tez savunma sınavımda yer alarak beni şereflendiren, tezime değerli öneri ve katkılarından dolayı sayın Prof. Dr. Bahattin TANYOLAÇ hocama ve sayın Doç. Dr. Hüseyin ÇANCI hocama en içten teşekkürlerimi sunarım. Bu çalışmayı maddi olarak destekleyen Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Koordinasyon Birimine teşekkür ederim. Ayrıca doktora eğitimim boyunca her türlü imkanlarından faydalandığım Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümüne teşekkür ederim.

Laboratuvar çalışmalarım sırasında yardımlarını ve bilgisini benimle paylaşan ve manevi desteğini eksik etmeyen arkadaşım Araş. Gör. Dr. Hilal Şule TOSUN'a, tez çalışmamda yardımlarını ve manevi desteğini esirgemeyen arkadaşım Doktora öğrencisi Tuba EKER'e ve doktora eğitimim boyunca bilgi ve tecrübelerini benimle paylaşan, manevi desteği ile daima bana güç veren sevgili arkadaşım Dr. Duygu SARI YOL'a en içten teşekkürlerimi sunarım.

Doktora tez çalışmam sırasında karşılaştığım zorlu süreçlerde her zaman yanımda olan, daima moral veren ve her türlü yardımlarını gördüğüm çok değerli arkadaşlarım Dr. Merve GÖRE ve Ziraat Yük. Müh. Fulya Eda KUMRAL'a ve yanımda olan bütün arkadaşlarıma çok teşekkür ederim.

Hayatımın her anında olduğu gibi, bu süreçte de beni yalnız bırakmayan, manevi destekleri ve varlıklarıyla bana güç veren annem Emine SARI'ya, babam Bilal SARI'ya ve kardeşlerime sonsuz sevgi ve teşekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI.....	5
2.1. Bezelye (<i>Pisum</i> L.) Cinsinin Sınıflandırılması.....	5
2.2. Tarımı Yapılan Bezelyelerin Ekim, Üretim ve Verimi	8
2.3. Tarımı Yapılan Bezelyelerin Morfolojik Özellikleri.....	9
2.4. Yabani Akraba Türlerin Bitki Islahında Kullanımı.....	11
2.5. Bezelyede Türler Arası Melezlemeler.....	13
2.6. Bezelyede Genetik Harita Çalışmaları	14
2.7. Kantitatif Özellik Lokus (QTLs) Çalışmaları	16
3. MATERYAL VE METOD	21
3.1. Materyal.....	21
3.1.1. Melezlemede kullanılan anaçlar	21
3.1.2. Melez bitkiler ve rekombinant kendilenmiş hatlar.....	21
3.1.3. Deneme yerine ait iklim özellikleri	23
3.1.4. Deneme yerine ait toprak özellikleri	23
3.2. Metod.....	24
3.2.1. Fenotipleme için alınan gözlemler	24
3.2.2. Transgresif açılımlar ve süper-erkenci hatların seçimi.....	24
3.2.3. Ki-Kare analizi	25
3.2.4. Dar anlamda kalıtım derecesi	25
3.2.5. Fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin analizleri	25
3.2.6. DNA izolasyonu	25
3.2.7. SSR markörlerin (primer) belirlenmesi.....	27

3.2.8. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR).....	30
3.2.9. Agaroz jel hazırlanması ve ürünlerin jele yüklenmesi	31
3.2.10. UV cihazında agaroz jellerin görüntülenmesi ve skorlanması.....	31
3.2.11. Genetik haritanın oluşturulması	32
3.2.12. Kantitatif özellik lokusların (QTL) analizi.....	32
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	34
4.1. F ₂ ve F ₃ Popülasyonlarında Fenolojik ve Agro-morfolojik Özellikler için Transgresif Açılmalar	34
4.2. Fenolojik ve Agro-morfolojik Özellikler için Dar Anlamda Kalıtım Dereceleri	36
4.3. F ₂ Popülasyonunda Çiçek Renginin Kalıtımı.....	39
4.4. Süper-Erkenci Bireylerin Seleksiyonu	40
4.5. Fenolojik ve Agro-morfolojik özelliklerin erkencilik üzerine doğrudan ve dolaylı etkileri.....	43
4.6. SSR Markörler ile F ₄ RIL Popülasyonunda Genetik Haritanın Oluşturulması...	44
4.7. F ₄ RIL Popülasyonunda Kantitatif Özellik Lokusların (QTL) Belirlenmesi	50
4.7.1. Çiçeklenme zamanı	50
4.7.2. Bitki boyu	52
4.7.3. Verim bileşenleri	53
5. SONUÇLAR	60
6. KAYNAKLAR	61
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Doktora Tezi olarak sunduğum “*Pisum sativum* L. ve *P. fulvum* Sibth&Sm. Türler Arası Melezlemelerinde Erkencilikle İlgili QTL'lerin Belirlenmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

03/12/2021

Hatice SARI



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

A	: Adenin
bp	: Baz çifti
C	: Sitozin
cm	: Santimetre
cM	: CentiMorgan
da	: Dekar
ddH ₂ O	: Distile-Deiyonize Su
dk	: Dakika
g	: Gram
G	: Guanin
ha	: Hektar
HCl	: Hidroklorik asit
Kb	: Kilobaz
M	: Molar
Mb	: Megabaz
MgCl ₂	: Magnezyum klorür
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
NaCl	: Sodyum Klorür
ng	: Nanogram
P	: Önemlilik düzeyi
rpm	: Dakikadaki devir sayısı
sn	: saniye
T	: Timin
U	: Ünite
°C	: Santigrat derece

µl : Mikrolitre

Kısaltmalar

AFLP	: Amplified Fragment Length Polimorfizm
CTAB	: Cetyl Trimethyl Amonyum Bromide
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
FAO	: Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeats
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RAPD	: Random Amplified Length Polimorfizm
RFLP	: Restriction Fragment Length Polimorfizm
RIL	: Rekombinant kendilenmiş hat
SCAR	: Sequence Characterized Amplified Regions
SRAP	: Sequence-related amplified polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeat
TBE	: Tris/Borik asit/EDTA Tampon çözeltisi
Tris	: Tris(hydroxymethyl)aminomethane
QTL	: Kantitatif Özellik Lokusu

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Aydın vd. (2021) tarafından yapılan sınıflandırma	7
Şekil 2.2. Dünya taze (a) ve kuru (b) bezelye üretiminde önde gelen ülkeler	8
Şekil 2.3. Bezelyenin sarılıcı (sol) ve bodur tipteki (sağ) bitkilerinden görüntüler.....	9
Şekil 2.4. Bezelye de sülüklü birleşik yaprak (a), sülüksüz birleşik yaprak (b), sülüklü yaprak (c) ve sülüksüz çok yaprakçıklı (d).	10
Şekil 2.5. Bezelyeye ait farklı çiçek renkleri	11
Şekil 2.6. Yabani akraba türler, yerel genotipler ve modern çeşitlerin verim ve genetik varyasyonlarının evcilleştirme sürecindeki değişimleri.....	12
Şekil 3.1. Tez çalışması kapsamında yetiştirilen <i>P. sativum</i> × <i>P. fulvum</i> türler arası melezlemeden geliştirilen bitkiler ve hatlara ait genel görüntüler	22
Şekil 3.2. 2018-19/2019-20 yıllarına ait denemenin yürütüldüğü seranın en düşük ve en yüksek sıcaklık verileri	23
Şekil 3.3. F ₄ rekombinant kendilenmiş hatlar ve ebeveynlerine ait DNA'ların UV altında jel görüntüleri	27
Şekil 3.4. PCR ürünlerinin agaroz jele yüklenmesi	31
Şekil 3.5. Elektroforez işlemi sonrası agaroz jelin UV transillimünatörde görüntülerinin elde edilmesi.....	32
Şekil 4.1. <i>P. sativum</i> ve <i>P. fulvum</i> türler arası melezlemeden ilerletilen F ₄ ve F ₅ popülasyonlarında elde edilen erkenci bireylerin çiçeklenme ve bakla bağlama zamanları	38
Şekil 4.2. <i>P. sativum</i> (ACP 20) ve <i>P. fulvum</i> (AWP 600) türler arası melezlemeden ilerletilen F ₂ ve F ₃ popülasyonlarında çiçeklenme zamanı için transgresif açılmalar. ...	41
Şekil 4.3. F ₁ , F ₂ bireylerine ait çiçek renkleri ve F ₅ popülasyonundan seçilen süper-erkenci bireylere ait genel görüntüler	39
Şekil 4.4. AA67 markörünün agaroz gel görüntüsü	45
Şekil 4.5. AD148 markörünün agaroz jel görüntüsü	45
Şekil 4.6. AD270 markörünün agaroz jel görüntüsü	46
Şekil 4.7. AB45 markörünün agaroz jel görüntüsü.....	46
Şekil 4.8. AA99 markörünün agaroz jel görüntüsü	47
Şekil 4.9. AA285 markörünün agaroz jel görüntüsü	47

Şekil 4.10. AD149 markörünün agaroz jel görüntüsü	48
Şekil 4.11. <i>P. sativum</i> ve <i>P. fulvum</i> türler arası melezlemeden ilerletilen F ₄ RIL popülasyonundan elde edilen genetik bağlantı haritası.....	49
Şekil 4.12. Çiçeklenme zamanı için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği	51
Şekil 4.13. Bitki boyu için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği.....	52
Şekil 4.14. Bitkide bakla sayısı için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği	54
Şekil 4.15. Baklada dane için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği	55
Şekil 4.16. Bakla boyu için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği	56
Şekil 4.17. Hasat indeksi için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği	56
Şekil 4.18. <i>P. sativum</i> ve <i>P. fulvum</i> türler arası melezinden ilerletilen F ₄ RIL popülasyonunda CIM yöntemine göre tespit edilen QTL'ler.	58

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Yetiştiriciliği yapılan bezelyenin sınıflandırılması.....	5
Çizelge 2.2. Makasheva (1979)'nın yaptığı morfolojik temelli sınıflandırma.....	6
Çizelge 2.3. Maxted ve Ambrose (2000)'nin yaptığı sınıflandırma.....	6
Çizelge 2.4. Smykal vd. (2015) tarafından yapılan son sınıflandırma.....	7
Çizelge 2.5. Bezelyenin gen havuzları.....	14
Çizelge 3.1. <i>P. sativum</i> ve <i>P. fulvum</i> arasındaki türler arası melezlemede kullanılan ebeveynlerin bazı agro-morfolojik ve önemli özellikleri.....	21
Çizelge 3.2. CTAB solüsyonu bileşenleri.....	27
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan SSR markörleri ve tanımlayıcı bilgileri.....	28
Çizelge 3.4. PCR bileşenleri ve karışım miktarları.....	30
Çizelge 3.5. PCR ampifikasyon koşulları.....	30
Çizelge 4.1. <i>P. sativum</i> ve <i>P. fulvum</i> türler arası melezlemeden ilerletilen bireyler ve onların ebeveynlerinde fenolojik ve agro-morfolojik özelliklere ait minimum (Min.) ve maksimum (Max.), ortalama ($\bar{X}$) $\pm$ standart hata ($S_{\bar{X}}$) ve dar anlamda kalıtım derecesi (h^2) değerleri.....	36
Çizelge 4.2. F_2 popülasyonunda çiçek renginin açılımı ve ki-kare analizi.....	
Çizelge 4.3. Agro-morfolojik özelliklerin çiçeklenme zamanı üzerinde doğrudan ve dolaylı etkiler.....	41
Çizelge 4.4. F_4 RIL popülasyonunda SSR markörler ile oluşturulan genetik haritaya ait özellikler.....	43
Çizelge 4.5. <i>P. sativum</i> ve <i>P. fulvum</i> türler arası melezinden ilerletilen F_4 RIL popülasyonunda tespit edilen QTL'lere ait bilgiler.....	58

1. GİRİŞ

Bezelye cinsi (*Pisum* L.), Fabaceae (Baklagiller) familyasının Fabaoideae (Papilionoideae) alt familyası, Fabeae Rchb. oymağında sınıflandırılmaktadır. *Pisum* cinsi, eski dünyanın ilk kültüre alınan bitkilerinden biridir ve bezelyenin arkeolojik kanıtları, Yakın Doğu ve Orta Asya'da M.Ö.10.000 yılına kadar uzanmaktadır (Ambrose 1995; Zohary ve Hopf 2000; McPhee 2003). *Pisum* cinsi, doğuda Himalayalar'dan batıda Akdeniz kıyıları dahil Atlas dağlarına kadar, kuzeyde Kırım'dan Balkanlar ve Kafkasya dahil güneyde Arap Yarımadası ve Etiyopya'ya kadar geniş bir alanda yayılış göstermektedir (Smykal vd. 2015). *Pisum* cinsinin göstermiş olduğu bu geniş coğrafik yayılışa rağmen, fenotipik çeşitlilik sınırlıdır. Sınırlı fenotipik çeşitlilik, cinsin sınıflandırılmasında karışıklıklara yol açtığı için tür, alt tür ve varyete grupları üzerinde kesin bir fikir birliği bulunmamaktadır (Vershinin vd. 2003; Kosterin ve Bogdanova 2008).

Son yıllarda yapılan bir sınıflandırmaya göre *Pisum* cinsinin, yetiştiriciliği yapılan *Pisum sativum* L. türü ve yabanisi olan *Pisum fulvum* Sibth. & Sm. olmak üzere iki türü bulunmaktadır (Smykal vd. 2015). *P. sativum* türü, yemeklik ya da bahçe tipi grubuna giren *P. sativum* subsp. *sativum* var. *sativum*, yemlik ya da tarla tipi grubuna giren *P. sativum* subsp. *sativum* var. *arvense*, yabani uzun bezelye olarak bilinen *P. sativum* subsp. *elatius* (Bieb.) Aschers. & Graebn ve Dekoko ya da Etiyopya bezelyesi olarak bilinen *P. sativum* subsp. *abyssinicum* A. Br. alt tür ve varyetelerinden oluşmaktadır. Türkiye'de *P. abyssinicum* dışında *Pisum* cinsinin alt türleri ve yabani türleri doğal olarak yayılış göstermektedir (Davis 1970; Toker ve Sari 2020; Aydın vd. 2021). Türkiye, yabani *Pisum* türleri için en önemli varyasyon merkezlerinden bir tanesidir (Davis 1970; Aydın vd. 2021). Yabani türler (*P. fulvum* ve *P. elatius*), canlı (biyotik) ve cansız (abiyotik) streslere karşı kültüre alınan türlere göre (*P. sativum*, *P. arvense* ve *P. abyssinicum*) genellikle daha toleranslıdır (Fondevilla vd. 2007a,b; Byrne vd. 2008; Clement vd. 2009; Naim-Feil vd. 2017; Esen vd. 2019; Sari vd. 2020). Kültüre alınan *Pisum* türleri yerelleştirme sırasında dayanıklılık özelliklerinin çoğunu kaybetmişlerdir (Smykal vd. 2011).

Birleşmiş Milletler Tarım ve Gıda Örgütü istatistikleri (FAOSTAT) 2019 yılı verilerine göre dünyada taze bezelyenin yaklaşık 2.8 milyon ha yetiştirme alanı ve 21.8 milyon ton üretimi bulunmaktadır ve serin mevsim baklagiller arasında üretim bakımından en önemli birinci bitki konumunda yer almaktadır (FAOSTAT 2021). Kuru bezelyenin ise dünyada 7.2 milyon ha ekim alanı ve 14.2 milyon ton üretimi bulunmaktadır (FAOSTAT 2021). Ülkemizde taze bezelye ekim alanı 10.2 bin ha, üretimi ise 98.2 bin tondur. Yine ülkemizde bezelyenin kuru olarak yetiştiriciliğinde ise 781 ha ekim alanına ve 2.2 bin ton üretime sahiptir (FAOSTAT 2021).

Bezelyenin daneleri taze kullanım için veya konserve pazarı için hasat olgunluğuna gelmeden yeşil olum dönemindeyken hasat edilmektedir (Elzebroek ve Wind 2008), ayrıca taze baklaları sebze olarak tüketime uygundur (Cousin 1997; Liu vd. 2017). Bezelye kuru, dondurulmuş ürün, taze sebze ve hayvan beslenmesinde (Ladizinsky ve Abbo 2015) kullanımına ilaveten, toprak mikrobiyal çeşitliliğini geliştirdiği, toprak suyunu koruduğu, toprağın organik madde içeriğini zenginleştirdiği için nöbetleşe ekim (münavebe ya da rotasyon) bitkisi olarak kullanılması açısından da büyük önem taşımaktadır (Knight 2012; Hu vd. 2020). Bezelye, diğer baklagil bitkileri gibi atmosferik nitrojeni havadan toprağa bağlayarak, köklerindeki nodüller ile

atmosferik nitrojeni (N_2) *Rhizobium leguminosarum* bakterileriyle amonyağa (NH_3) dönüştürmektedir (Sarrantonio 1994; Knight 2012). Bezelye, yüksek oranda sindirilebilir proteini (%18-30), dengeli amino asit (Elzebroek ve Wind 2008), yüksek A ve B vitaminleri ve diyet lifleri içermesinden dolayı yüksek kaliteli bir bitkisel beslenme kaynağıdır (Şehirali 1988). Bezelyenin geniş kullanım alanına sahip olması ve içerdiği yüksek besin değeri onu dünyada oldukça önemli kılmaktadır. Bezelye, yüksek kaliteli besin içeriği ile artan insan nüfusunun gıda ihtiyacını karşılamak için gerekli olan önemli bitkisel ürünlerden biridir. Dünyadaki artan insan nüfusunun gıda ihtiyaçlarını karşılamak ve bazı yetersiz temel ürünlerin gelecekteki talebini karşılayabilmek ciddi bir endişe haline gelmiştir (Ghosh vd. 2018). Çoğu bitki türünün uzun vejetasyon süresine sahip olması, gelecekteki gıda taleplerini karşılamak ve ıslah araştırmalarında kullanımları için darboğaz bir konu olmaktadır. Bu nedenle, genetik olarak erkenci çeşitlerin geliştirilmesi önemli bir ihtiyaçtır.

Erkencilik, erken olgunlaşma süresi ve verim ile ilgili karakterler, bezelye çeşidi seçimine karar vermesini etkileyen önemli özelliklerdir. Çiçeklenme zamanı, özellikle yetiştiriciliğin sınırlı olduğu bölgelerde ve bezelyenin farklı ortamlara adaptasyonunda önemli bir rol oynamaktadır. Bezelyede çiçeklenme zamanı için geniş varyasyonlar bulunmaktadır (Levy ve Dean 1998; Colasanti ve Sundaresan 2000; Weller vd. 2009). Bezelyede erkencilik, mevsim ilk ve son donlarından (Clark 2007), kuraklık ve sıcaklık streslerinden kaçmasına yardım eden, verimliliğini artıran önemli bir özelliktir (Levitt 1980; Shavrukov vd. 2017). Bezelyede çiçeklenme zamanı ve çiçek gelişimi ile ilgili 20'den fazla lokus tespit edilmiştir. Bezelyede çiçeklenme zamanı kantitatif bir karakter olup bezelyede çiçeklenme zamanı ve çiçek gelişimi ile ilgili 20'den fazla lokus tespit edilmiştir. Ancak, bezelyede çiçeklenme zamanı beş ana lokus tarafından kontrol edilmektedir. Bunlardan geç çiçeklenme (*LF*) lokusu (White 1917) uzun ve kısa günlerde çiçeklenmeyi önlemektedir (Bery ve Aitken 1979; Foucher vd. 2003), ancak *LF* geninin hem doğal olarak ortaya çıkan hem de yapay mutant alelleri ile birlikte çok sayıda allelik varyantı bulunmaktadır. *LF* geni, mutant genotiplerde mutasyonlarla silindiğinde veya inaktif olduğunda son derece erkenci bitkilerin ortaya çıktığı bildirilmiştir (Murfet 1985; Foucher vd. 2003). Aşırı tepki (*HR*) lokusundaki çekinik (resesif) aleller, kısa günlerde erken çiçeklenmeyi teşvik etmekte ve gün uzunluğuna (fotoperiyod) tepkiyi azaltırken, gün uzunluğuna tepki veren ilk gen ya da streile nodes (*SN*) lokusu, fotoperiyoda tepki vermektedir (Barber 1959; Murfet 1971). Erkencilik (*E*) lokusundaki (Murfet 1971) baskın (dominant) aleller, erken çiçeklenmeyi teşvik ederler, ancak bu etki diğer lokuslarla karışık bir etkileşim gösterebilmektedir (Weller vd. 2012; Weller ve Ortega 2015). *LF*, *HR*, *SN* ve *E* lokuslarındaki alelik farklılıklar etkileşime (interaksiyon ya da epistasis) girerek, çiçeklenmeyi teşvik etmeyen durumlarda bitkilerin çiçeklenme süresinde çok geniş bir varyasyona neden olmaktadır (Murfet 1985; Weller vd. 2009; Weller vd. 2012). Kısa gün koşullarında çiçeklenmeyi engelleyen (*DNE*) lokusu, *HR* lokusu gibi gün uzunluğu tepkisini azaltmakta ve kısa günlerde erken çiçeklenmeyi teşvik etmektedir (King ve Murfet 1985; Arumingtyas ve Murfet 1994; Weller ve Ortega 2015). Bezelye, diploid yapıda $2n=2x=14$ kromozoma sahip ve yüksek oranda kendine döllen bir bitki olması, tür içi melezlenebilir olması ve genetik çeşitliliğin fazla olmasından dolayı, çiçeklenme zamanı ile ilgili klasik ıslah ve moleküler genetik çalışmalarında geçmişten günümüze kadar model bitki türü olarak kullanılmaktadır (Mendel 1865; Murfet 1971; King ve Murfet 1985; Murfet 1985; Levy ve Dean 1998; Colasanti ve

Sundaresan 2000; Foucher vd. 2003; Prioul vd. 2004; Lejeune-Henaut vd. 2008; Weller vd. 2009; Weller ve Ortega 2015; Adhikari vd. 2014).

Bitki ıslahında genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve kullanılması daima elzem olmuştur. DNA-temelli moleküler markörler bu genetik varyasyonun ortaya çıkartılmasında oldukça kullanışlıdır. DNA temelli moleküler markörler, dünya çapında birçok bitki ıslah programında önemli bir araç haline gelmiştir. Moleküler biyolojinin ilerlemesiyle, bitki ıslahçıları için moleküler markörlerin ve biyoteknolojinin kullanımı artmıştır. Bitki ıslahçıları moleküler teknikler aracılığıyla, canlı ve cansız streslere karşı dayanıklı genotiplerin ve arzu edilen özelliklerin seçilmesinde daha hızlı sonuçlar alabilmektedirler. Moleküler tekniklerin kullanılması, ilgilenilen genlerin ve özelliklerin daha yüksek verimlilikle seçilmesini mümkün kılmıştır (Mohan vd. 1997). Moleküler markörler, bitki ıslahında bağlantı haritalarının oluşturulması, gen kaynaklarının karakterizasyonu, genetik teşhis ve filogenetik analiz gibi çeşitli uygulamalarda kullanılmaktadır (Smith ve Smith 1992; Winter ve Kahl 1995; Baird vd. 1997). Farklı amaçlar için kullanılan DNA hibridizasyon tabanlı kesilen fragmentlerin uzunluk polimorfizmi (RFLP) gibi markörler ve PCR tabanlı çoğaltılan fragmentlerin uzunluk polimorfizmi (AFLP), değişken DNA dizilerinin tesadüfen çoğaltılması (RAPD), bölünmüş amplifiye polimorfik dizi (CAPS), basit tekrarlı diziler (SSR) ve tek nükleotid polimorfizmi (SNP) gibi markörler bulunmaktadır. Dominant markörlerden RAPD ve ISSR, tür içi ve türler arası genetik varyasyonu belirleme çalışmalarında sık tercih edilmektedir. Bitki genom analizlerinde dominant markör olan RAPD ve ISSR kullanılmasına rağmen bu markörler heterozigot bireyleri ayırt edememesinden dolayı kapsamlı genom analizi için uygun değildir. Bundan dolayı araştırmacılar çoğunlukla heterozigot ve homozigot bireyleri ayırt edebilen kodominant markörleri kullanmayı daha çok tercih etmektedirler. SSR (Mikrosatellitler) markörlerin kodominant olması en çok tercih edilme sebeplerinden bir tanesidir. SSR markörler bitki genomlarında tekrar edilen, tekrar motifleri 1-6 nükleotid uzunluğunda olan dizilerdir (Li vd. 2004; Parida vd. 2009). SSR'ların tekrar sayılarındaki çeşitlilik bireyler arasında farklı boyutta ürünler meydana getirmesinden dolayı, SSR markörler PCR tabanlı genetik markör olarak kullanılmaktadır (Beckmann ve Soller 1990). SSR markörler, az DNA miktarı ile çalışabilmesi, kararlı olması, kodominant olması, genomda bol ve dağınık olarak bulunması, tekrarlanabilir ve yüksek polimorfizm göstermesinden dolayı, popülasyon genetiği, yüksek çözünürlükte genom haritalarının oluşturulmasında, markör destekli seleksiyon çalışmalarında ve QTL haritalamalarında etkin olarak kullanılabilmektedir (Powell vd. 1996; Winter vd. 2000; Kujur vd. 2013).

Bezelye, yaklaşık 4300 Mb büyüklükte oldukça büyük bir genoma sahiptir. Yüksek çözünürlükte genetik haritalar sayesinde önemli agro-morfolojik karakterleri kontrol eden gen veya QTL bölgelerinin belirlenebilmesi ve harita konumlarının tespit edilebilmesi mümkündür. Bezelyede daha önceden yapılan çalışmalarda SSR markörleriyle oluşturulmuş haritalar kullanılarak ve bir çok özellik için QTL haritalama çalışmaları yapılmıştır (Tar'an vd. 2003; Irzykowska ve Wolko 2004; Prioul vd. 2004; Loridon vd. 2005; Pilet-Nayel vd. 2005; Dumont vd. 2009; Fondevilla vd. 2010; Ubayasena vd. 2010; Feng vd. 2011; Timmerman-Vaughan vd. 2016). Fakat kantitatif özellikler birden çok genle kontrol edildikleri, genom arkaplanına göre değişiklik gösterdikleri ve çevre şartlarından etkilendikleri için bir çok bağlantı grubunda yer alabilmektedirler ve bezelyede türler arası melezlemeden ileriye iletilen popülasyonda QTL

belirleme çalışmaları oldukça sınırlıdır (Aryamanesh vd. 2014; Jha vd. 2016). Belirlenecek her bir QTL'in ve bu QTL'e bağlantı gösterecek her bir markörün katkısı oldukça önemlidir. Bu tez çalışmasında *P. sativum* (♀) × *P. fulvum* (♂) türler arası melezlemeden ilerletilen F₄ seviyesine getirilmiş hatlarda SSR markörleriyle oluşturulan genetik haritada çiçeklenme zamanı, bitki boyu, bitkide bakla sayısı, baklada tane sayısı gibi önemli özelliklerin ülkemizde ilk defa QTL'lerinin belirlenmesi ve bağlantı gösteren markörlerin belirlenmesi gelecek ıslah çalışmalarına ve markör destekli seleksiyon araştırmalarına ışık tutarak katkı sağlayacaktır. Ayrıca tez çalışması kapsamında, daha önce görülmeyen (*de novo*) süper erkenci bireylerin seleksiyonunu yapmak, çiçeklenme zamanı başta olmak üzere fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin dar anlamda kalıtım derecelerini belirlemek ve türler arası melezlemede meydana gelen geniş varyasyondan faydalanılarak transgresif açılımlarda üstün hatları seçmek çalışmanın başlıca amaçlarını oluşturmaktadır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Bezelye (*Pisum L.*) Cinsinin Sınıflandırılması

Bezelye (*Pisum sativum L.*), Mendel'in ünlü kalıtım ilkelerini formüle etmek için kullandığı deneysel bir bitki olarak genetik tarihinde merkezi bir yere sahiptir (Mendel 1866). Bezelye, genetik çalışmalarda önemli bir bitki olarak kullanılmaya ve genetik olarak karakterize edilmiş en iyi bitki türlerinden biri olmaya devam etmiştir (Marx 1977).

Yetiştiriciliği yapılan bezelye (*Pisum sativum L.*), yaklaşık 800 cins ve 20.000 tür içeren Fabaceae familyasının, Faboideae alt familyasında yer alan bir serin mevsim baklagilidir (Çizelge 2.1) (Toker ve Mutlu 2011; Smykal vd. 2015). Bezelye insan beslenmesi için önemli bir protein kaynağıdır. Yapılan arkeolojik bulgulara göre bezelyenin yetiştiriciliği Neolitik Çağ'da M.Ö. 10000 tarihlerine kadar uzanmaktadır (Zohary ve Hopf 1973; Gritton 1980; Smykal vd. 2012). Bezelyenin Akdeniz havzasında ve Yakın Doğu'dan köken aldığına inanılmaktadır (Helback 1959; Zohary ve Hopf 1973; McPhee 2003). Arkeolojik kalıntılar bezelyenin kültüre alınmasının Verimli Hilal Bölgesi'nden başlayarak batı yönünde Danube Vadisi boyunca eski Yunanistan, Roma ve Avrupa'ya yayıldığını, doğu yönünde Turan (Anadolu'dan Orta Asya'ya), Hindistan ve Çin'e doğru yayıldığını doğrulamaktadır (Makasheva 1979; Chimwamurombe ve Khulbe 2011). Bu bölgelerde bezelye, diğer gıda baklagilleri ve tahılların yanı sıra ilk toplulukların günlük beslenmelerinin bir parçası olmuştur (Zohary ve Hopf 2000).

Çizelge 2.1. Yetiştiriciliği yapılan bezelyenin sınıflandırılması

Takım	Fabales Bromhead
Aile	Fabaceae Lindl. (1836)
Alt Aile	Faboideae
Oymak	Fabeae Rhcb.
Cins	<i>Pisum L.</i>
Tür	<i>Pisum sativum L.</i>

Bezelye cinsinin (*Pisum L.*) cinsinin sınıflandırılmasında, tür, alt tür ve varyete sayılarında farklılıklar bulunmaktadır. Hala sınıflandırma konusunda net bir fikir birliği oluşmadığı için çalışmadan çalışmaya farklılıklar göstermektedir (Smartt 1990; Muehlbauer vd.1993; Hoey vd. 1996; Vershinin vd. 2003, Mikic vd. 2009; Smykal vd. 2009; Oskoueian vd. 2010). Ben-Zeeve ve Zohary (1973) *Pisum* cinsini *P. sativum* ve *P. fulvum* olarak iki türden oluştuğunu bildirmiştir. Makasheva (1979) tarafından yapılmış olan çalışmada da *P. sativum* ve *P. fulvum* olarak 2 türe ayrıldıklarını, *P. elatius*, *P. syriacum*, *P. asiaticum*, *P. abyssinicum* ve *P. transcaucasicum*'u *P. sativum*'a ait alt türler olarak bildirmiştir (Çizelge 2.2). Maxted ve Ambrose (2000) ise *Pisum* cinsinin *P. sativum*, *P. abyssinicum* ve *P. fulvum* olmak üzere üç tür içerdiğini bildirmiştir (Çizelge 2.3).

Çizelge 2.2. Makasheva (1979)'nın yaptığı morfolojik temelli sınıflandırma

Türler	Alt tür ve varyeteler
<i>Pisum sativum</i> L.	subsp. <i>sativum</i> subsp. <i>elatius</i> subsp. <i>syriacum</i> subsp. <i>asiaticum</i> subsp. <i>abyssinicum</i> subsp. <i>transcaucasicum</i>
<i>Pisum fulvum</i> Sibth. & Sm.	

Çizelge 2.3. Maxted ve Ambrose (2000)'nin yaptığı sınıflandırma

Türler	Alt tür ve varyeteler
<i>Pisum sativum</i> L.	subsp. <i>sativum</i> var. <i>sativum</i> subsp. <i>sativum</i> var. <i>arvense</i> subsp. <i>elatius</i> var. <i>elatius</i> (Bieb.) Aschers. & Graebn subsp. <i>elatius</i> var. <i>brevipedunculatum</i> subsp. <i>elatius</i> var. <i>pumilio</i>
<i>Pisum fulvum</i> Sibth. & Sm.	
<i>Pisum abyssinicum</i> A. Br.	

Kosterin ve Bogdanova (2008) ise bezelyeleri yetiştiriciliği yapılanlar ve yabaniler olarak iki türe ayırdıktan sonra, kültürü yapılanları *P. sativum* subsp. *sativum*, *P. sativum* subsp. *transcaucasicum* ve *P. abyssinicum* olarak tür ve alt türlere, yabanileri de *P. sativum* subsp. *elatius* ve *P. fulvum* olarak ikiye ayırmıştır. Smykal vd. (2015) tarafından yapılan bir sınıflandırmaya göre ise, *Pisum* L. cinsi *Pisum sativum* L. türü ve yabanisi olan *Pisum fulvum* olmak üzere iki türe ayırmıştır (Çizelge 2.4).

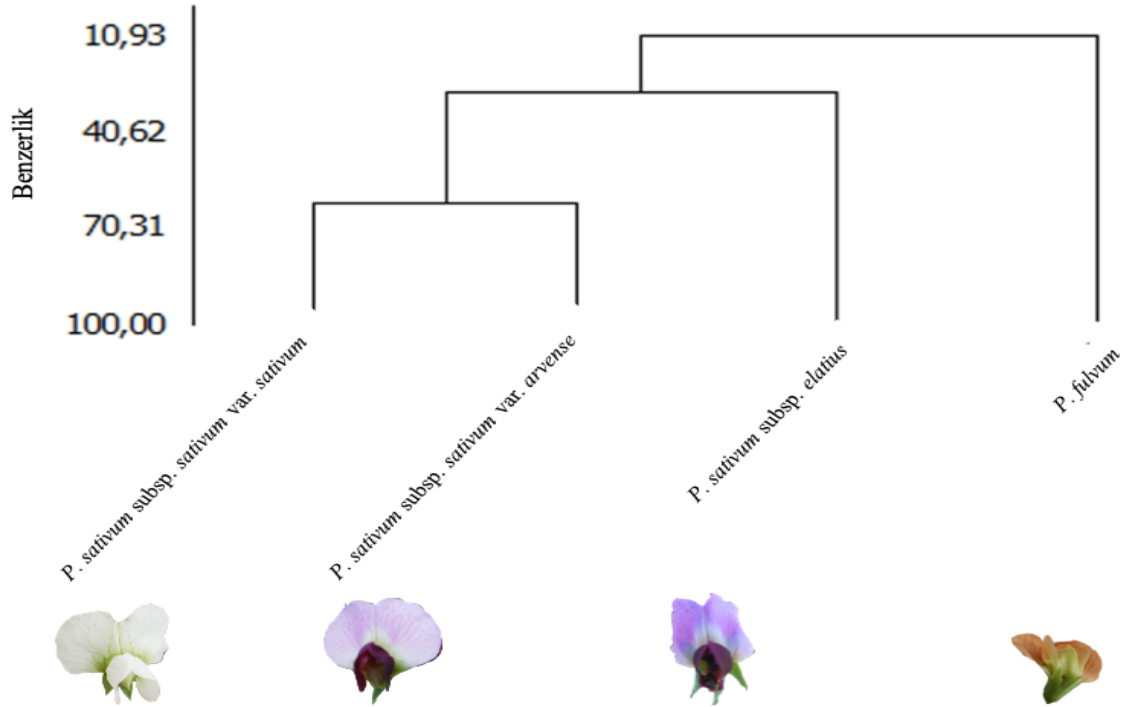
Önceki çalışmalarda morfolojik özelliklerine göre bezelye olarak teşhis edilen *Pisum formosum* daha sonra bezelyeye benzer olduğunu fakat ayrı bir cins olduğu değerlendirilerek *Vavilovia formosa* (Stev.) Al. Fed. olarak adlandırılmıştır (Smykal vd. 2009). Fakat USDA (United State Department of Agriculture) genetik kaynaklar veri

bankası *Vavilovia* bitkisini bezelyenin bir alt türü olarak bildirmiştir (USDA 2010). Benzer şekilde başka bir çalışmada da *Vavilovia* bitkisini ayrı bir cins olarak değerlendirmeyip, bezelyenin bir türü olabileceği belirtilmiştir (Oskoueian vd. 2010).

Çizelge 2.4. Smykal vd. (2015) tarafından yapılan son sınıflandırma

Türler	Alt tür ve varyeteler
<i>Pisum sativum</i> L.	subsp. <i>sativum</i> var. <i>sativum</i> subsp. <i>sativum</i> var. <i>arvense</i> subsp. <i>elatus</i> (Bieb.) Aschers. & Graebn subsp. <i>abyssinicum</i> A. Br.
<i>Pisum fulvum</i> Sibth. & Sm.	

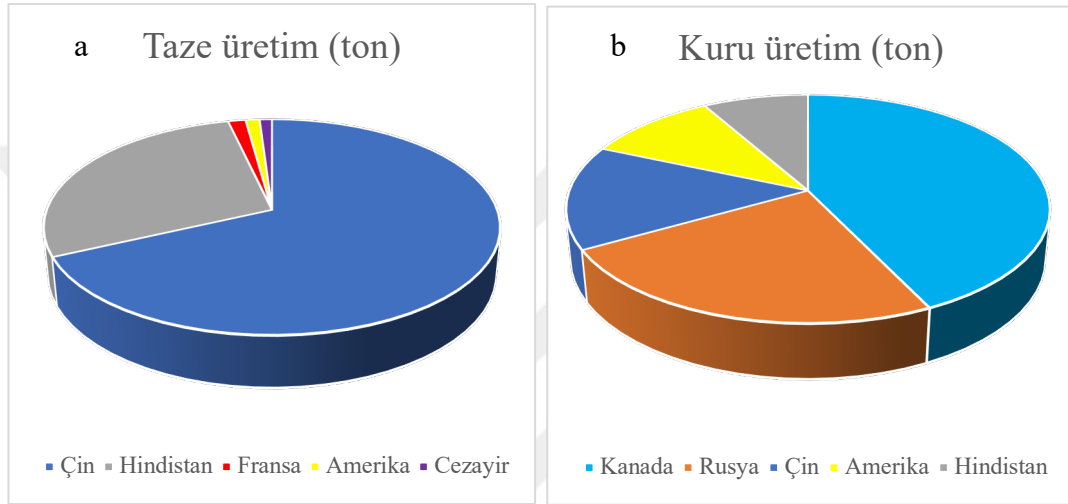
Aydin vd (2021), Türkiye'de yetişen bezelye türlerini temelde polen ve dane kabuğu özelliklerine göre, çiçek rengi ve kulakçık dişlerine göre aşağıdaki gibi sınıflamışlardır (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. Aydın vd. (2021) tarafından yapılan sınıflandırma

2.2. Tarımı Yapılan Bezelyelerin Ekim, Üretim ve Verimi

Taze bezelyenin dünyada yaklaşık 2.8 milyon ha yetiştirme alanı ve 21.8 milyon ton üretimi bulunurken, kuru bezelyenin ise dünyada 7.2 milyon ha ekim alanı ve 14.2 milyon ton üretimi bulunmaktadır (FAOSTAT 2021). Birleşmiş Milletler Tarım ve Gıda Örgütü istatistiklerine göre (FAOSTAT), 2019 yılında dünyada taze bezelye üretiminde ilk beş ülke sırasıyla Çin, Hindistan, Fransa, Amerika ve Cezayir'dir (FAOSTAT, 2021). Kuru bezelye üretiminde ise dünyada ilk beş ülke sırasıyla Kanada, Rusya, Çin, Amerika ve Hindistan'dır (Şekil 2.2). Türkiye'de taze bezelye ekim alanı 10.2 bin ha, 98.2 bin ton üretime sahipken, bezelyenin kuru olarak yetiştiriciliğinde ise 781 ha ekim alanına ve 2.2 bin ton üretime sahiptir (FAOSTAT 2021).



Şekil 2.2. Dünya taze (a) ve kuru (b) bezelye üretiminde önde gelen ülkeler

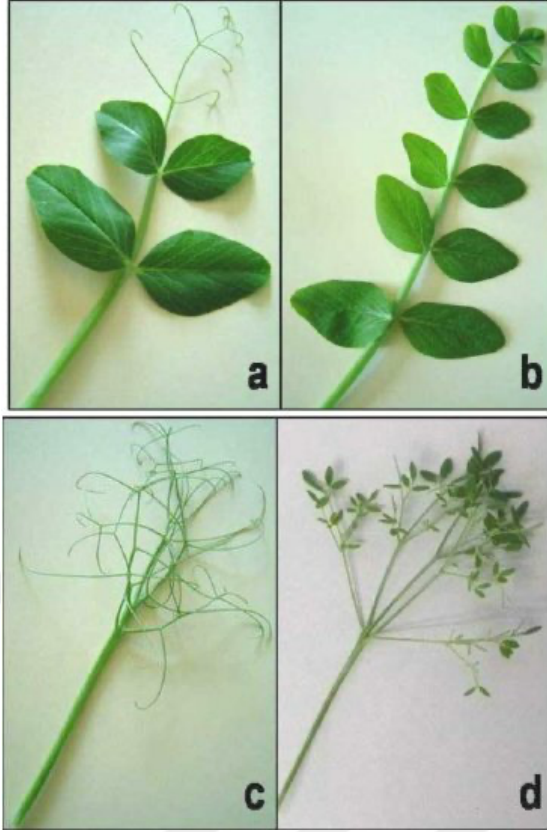
Bezelyenin tohumları taze, kuru, konserve ve dondurulmuş ürün olarak tüketime uygundur (Elzebroek ve Wind 2008). Ayrıca taze baklaları (meyveleri) sebze olarak tüketime uygundur (Cousin 1997; Liu vd. 2017). Bezelye kuru, dondurulmuş ürün ve taze sebze (Ladizinsky ve Abbo 2015) kullanımına ilaveten, hayvan yemi olarak yeşil ve kuru silaj olarak değerlendirilmektedir. Bezelye protein bakımından oldukça zengindir ve danelerindeki protein oranı %20-%30 arasında değişmektedir (Tzitzikas vd. 2006; Karaca vd. 2011). Bezelye, çoğu tahılda bulunmayan lizin ve triptofan gibi amino asitler açısından zengin oldukları için tahıllar ile birlikte tüketimleri yaygındır (McPhee vd. 2003; Pekşen ve Artık 2005). Ayrıca, %50 oranında karbonhidrat, %20 oranında lif içeriğiyle besleyici değeri çok yüksek bir bitkisel besin kaynağıdır (Bastianelli vd. 1998; Smykal vd. 2012). Kazık kök sistemine sahip olan bezelyenin kökleri 50-120 cm derinlere inebilmekte ve diğer baklagil bitkileri gibi atmosferik nitrojeni havadan toprağa bağlayarak, köklerindeki nodüller ile atmosferik nitrojeni (N_2) *Rhizobium leguminosarum* bakterileriyle amonyağa (NH_3) dönüştürmektedir (Sarrantonio 1994; Knight 2012). Bu sayede sentetik azotlu gübre uygulama ihtiyacını azaltarak veya ortadan kaldırarak toprak verimliliğini artırmaktadır (Goodwin 2008).

2.3. Tarımı Yapılan Bezelyelerin Morfolojik Özellikleri

Büyüme yapısına göre bezelye bodur (determinate) veya sarılıcı (indeterminate) olarak sınıflandırılmaktadır (Şekil 2.3) (Zohary ve Hopf 2002). Bezelye çeşitlerinin çoğu sarılıcı tipte bulunmaktadır (Cousin 1997). Sarılıcı büyüme formuna sahip bezelyeler ortalama 90-100 gün arasında bir yaşam döngüsüne sahipken, bodur tipler 80-90 gün gibi daha kısa bir yaşam döngüsüne sahiptirler (McPhee vd. 2003). Bezelye bitkisi, hypogeal çimlenme göstermektedir, yani kotiledon yaprakları toprak yüzeyine çıkmamaktadır. Yaprak sapının dala bağlandığı kısımda kulakçıkları bulunmaktadır ve genotiplere göre iri veya küçük olabilmektedirler. Yaprakları ise bileşik yapıda olup 4-6 adet yaprakçıktan oluşmaktadır. Yaprak saplarının sonlarında sülük denen yapı bulunmaktadır. Bu doğal yaprak ve kulakçık şekli dışında Şekil 2.4'deki gibi yaprak ve kulakçık şekilleri olduğu DeMason vd (2013) tarafından bildirilmiştir.



Şekil 2.3. Bezelyenin sarılıcı (sol) ve bodur tipteki (sağ) bitkilerinden görüntüler



Şekil 2.4. Bezelye de sülüklü birleşik yaprak (a), sülüksüz birleşik yaprak (b), sülüklü yaprak (c) ve sülüksüz çok yaprakçıklı (d).

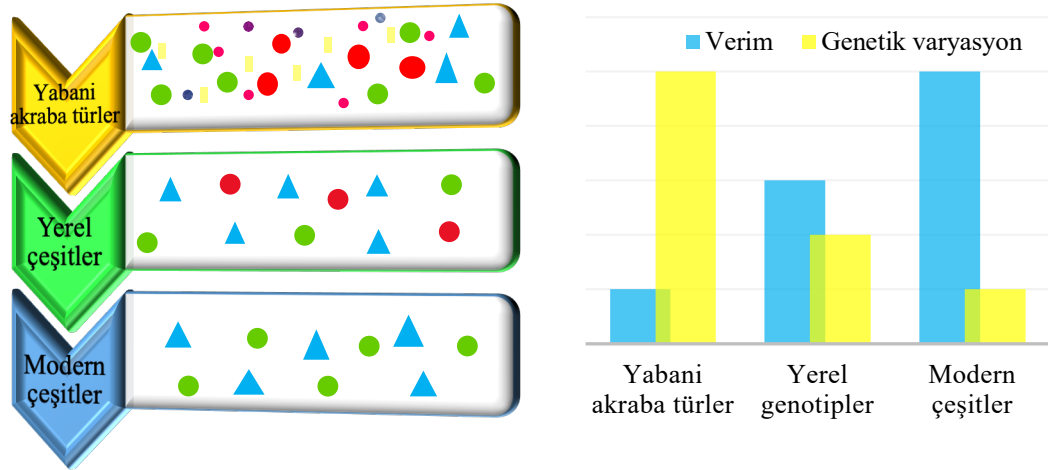
Bezelyenin çiçekleri beş çanak, beş taç yapraktan oluşmaktadır. Bu beş taç yaprak ise biri bayrak yaprak, ikisi kanatçık ve ikisi kayıkçıktan oluşmaktadır. On adet erkek organı (dokuzu bileşik, bir tanesi ayrı) ve bir tane dişi organı kayıkçık yaprakların içinde bulunmaktadır (Zohary ve Hopf 2002). Bezelyede çiçek rengi genellikle beyaz, pembe, mor renkte olmaktadır. Bezelyeye ait farklı çiçek renkleri Şekil 2.5'te gösterilmiştir.



Şekil 2.5. Bezelyeye ait farklı çiçek renkleri

2.4. Yabani Akraba Türlerin Bitki Islahında Kullanımı

Bitkilerde yabani akraba türler, hem bitki genomlarının tanımlanmasında hem de kültür çeşitlerinin genetik gelişiminde son derece önemli roller oynamaktadır. Özellikle birçok tarla bitkisinin kökeni, evrimi, filogenetik ilişkisi, sitolojik durumu ve genlerinin kalıtımı gibi konularda birçok temel sorunun çözümüne büyük katkıda bulunmuşlardır (Tanksley ve McCouch 1997). Bitkiler kültüre alınma sonucunda, bakla çatlamanın azalması yada yok olması, dormansinin giderilmesi, antibesinsel maddelerin azalması yada yok olması, erkencilik sağlanması, meyve veya danede irileşme ve verimin artırılması gibi önemli özellikler kazanılırken bir yandan da yabanilerde olan canlı ve cansız streslere karşı dayanıklılıklar kaybolmuştur ve varyasyon azalmıştır (Şekil 2.6). Kültürü yapılan bitkiler, yabani türlerden seleksiyon yapılarak evrim süreci devam etmiştir. Kültüre alma ile ilgili darboğazlar birçok bitkide genetik çeşitliliği erozyona uğratmıştır (Tanksley ve McCouch 1997), ve bu sebeple bitkileri birçok strese karşı savunmasız hale getirmiştir. Bitki ıslahının ana amaçlarından bir tanesi, bitkinin yabani akrabalarındaki faydalı alelleri belirlemek ve bunları modern çeşitlere aktarmaktır (Gur ve Zamir 2004). Ayrıca, yabani türlerin ve onların yakın akrabalarının karşılaştırılması olarak incelenmesi, kültüre alınan fizyolojik ve genomik sonuçlarını dolayısıyla bitki adaptasyonlarının genetik temelini anlama fırsatı sunmaktadır (Evans 1993).



Şekil 2.6. Yabani akraba türler, yerel genotipler ve modern çeşitlerin verim ve genetik varyasyonlarının evcilleştirme sürecindeki değişimleri

Yabani bezelye türlerinin, yetiştiriciliği yapılan türlere göre canlı ve cansız streslere karşı daha dayanıklı oldukları bilinmektedir. Kuraklık, dünyanın birçok bölgesinde ürün bitki verimini sınırlayan önemli stres faktörlerinden bir tanesidir (Boyer 1982). İklim değişikliği senaryolarına göre, dünyanın belirli bölgelerde artan kuraklığın daha fazla olacağı tahmin edilmektedir. Daha verimli su kullanımı ve daha yüksek kuraklık dayanımına sahip çeşitlerin geliştirilmesi, sürdürülebilirlik ve ekonomik olarak önemli bir yaklaşımdır. Yabani bitkilerde mevcut olan kuraklık toleransı yaprak mumsuluğu, kök yapısı gibi karakterlerle ve Rizobial aktivitelerle ilişkilidir. *P. fulvum* türü kuraklık stresi için iyi bir dayanıklılık kaynağı olarak bilinmektedir (Naim-Feil vd. 2017). Bezelyede çiçeklenme zamanının idare edilmesi ve yaz aylarına denk gelen kurak dönemden kaçış yeteneği ile kuraklık stresinin kısmen üstesinden gelinmektedir. Daha uzun bir büyüme mevsimi veya uzun süreli yağış gereksiniminde ise uygun tepkiyi sağlamak için daha uzun bir çiçeklenme zamanına ihtiyaç duyulmaktadır. Yabani *P. sativum* subsp. *elatus* türünde, yerel genotiplerde ve kışlık çeşitlerde kısa gün uzunluğu koşulları altında çiçek açmamaktadır, fakat kültüre alınan türlerde fotoperiyot gereksinimi için genetik çeşitlilik bulunmaktadır. Bezelyede on kadar lokus çiçeklenmeyle ilgili varyasyona katkı sağlarken, kültüre alınan türlerde bu aleller daha erken çiçeklenmeyi teşvik ederek fotoperiyot tepkisini azaltmaktadır. Daha önceki çalışmalarda, çiçeklenme zamanı ile ilişkili olan *Lf*, *Sn* ve *Hr* genlerinin yabani tip bezelyelerde sık görüldüğü bildirilmiştir (Murfet ve Reid 1993; Hecht vd. 2007; Weller vd. 2009). Bunlardan geç çiçeklenmeyi teşvik eden *Lf* geni, *Arabidopsis thaliana* L. türünde çiçeklenme ile ilgili *TFL1* geninin bir homologu olarak tanımlanmış bezelyede ilk çiçeklenme genidir. Gün uzunluğuna tepki ile ilgili olan *Hr* geninin resesif alelleri (*hr*) gün uzunluğu tepkisinin azalmasına neden olduğu, ancak tamamen ortadan kaldırmadığı bildirilmiştir (Murfet 1973). *Sn* lokusunda doğal olarak ortaya çıkan resesif aleller ise erken çiçeklenmeyi teşvik etmektedir ve aynı zamanda fotoperiyot tepkisini tamamen ortadan kaldırmaktadır. Ancak *Sn* geni kültür bezelye germplazma içinde çok sınırlı bir dağılıma sahiptir. Soğuğa tolerans yine kışlık çeşitler için ve soğuk iklime sahip yerlerde yetiştiricilik için önemli bir avantajdır ve bitkinin vejetatif dönemden generatif döneme geçişinin donlardan sonra olması, uzun bir fotoperiyot gereksinimi ile alakalıdır. Bezelyede soğuk toleransı ile ilgili yapılan bir çalışmada, soğuk dayanımının gün

uzunluğu ile alakalı olduğunu ve *Hr* lokusunun ilişkili olduğu bildirilmiştir (Lejeune-Henaut vd. 2008).

Bezelye ayrıca bakteri, virüs ve mantarın sebep olduğu hastalıklar ve zararlılara karşı hassas bir bitkidir (Tonguç vd. 2009). Bezelyenin yabancı tiplerinde canlı streslere karşı birçok dayanıklılık kaynakları bulunmaktadır. *P. subsp. elatius* var. *pumilio* türünde *Fusarium* kök çürüklüğü hastalığına kısmi dayanıklılık olduğu belirtilmiştir (Hance vd. 2004). *P. fulvum* türünde *Callosobruchus chinensis* L. ve *Bruchus pisorum* tohum böceklerine karşı dayanıklılık kaynakları bildirilmiştir (Byrne vd. 2008; Clement vd. 2009; Esen vd. 2019; Sari vd. 2020). Bezelyede önemli verim kayıplarına yol açan külleme hastalığının (*Erysiphe pisi* D.C) bakla ve tohumla bulaşabildiği kanıtlanmıştır (Clement vd. 2009; Fernandez ve Rubiales 2019). Külleme hastalığına dayanıklılık üç gen tarafından idare edilmektedir. Bunlardan ilk belirlenen *er1* ve *er2* resesif genleri *P. sativum* türünde bulunurken (Kumar ve Singh 1981; Tiwari vd. 1997), daha sonradan bulunan dominant *Er3* geni ise *P. fulvum* türünde tespit edilmiştir. *Er3* geni sıcaklık faktöründen etkilenmeyip, hem tarla hem de sera koşulları altında dayanıklılık sağlamaktadır (Fondevilla vd. 2007a; Fondevilla vd. 2007b). Yapılan farklı çalışmalarda, pas hastalığı (*Uromyces pisi* (Pers.) Wint.) ve *Mycosphaerella pinodes* fungal etmenine ve canavar otuna (*Orobancha crenata*) dayanıklılık kaynakları bazı *P. abyssinicum*, *P. elatius* ve *P. fulvum* aksesyonlarında belirlenmiştir (Perez-de-Luque vd. 2005; Fondevilla vd. 2005; Rubiales vd. 2009; Barilli vd. 2009). Ayrıca, kültürü yapılan bezelyenin yabancı formlarından olan *P. elatius*'un bazı genotipleri nematoda karşı dayanıklılık gösterdiği bildirilmiştir (Vito ve Perrino 1978).

2.5. Bezelyede Türler Arası Melezlemeler

Türler arası melezleme aynı cinse ait iki türün birbiriyle melezlenmesidir. Türler arası melezleme, kültürü yapılan türlere yabancı akrabalarından faydalı olan genlerin aktarılmasına izin vermektedir. *Pisum* türleri benzer karyotipte, diploid yapıda ve yaklaşık %99 oranında kendine döllen bitkilerdir. *Pisum* cinsinin bütün alt tür ve varyeteleri, birinci gen havuzunda olup (Çizelge 2.5), kültür formu olan *Pisum sativum* türü ile kolay bir şekilde resiprokal (karşılıklı) olarak melezlenebildiği bilinmektedir (Muehlbauer vd. 1994). Sınıflandırma çalışmalarında tek başına ayrılan yabancı tür *P. fulvum* bezelyenin ikinci gen havuzunda yer almaktadır (Çizelge 2.5). *P. fulvum* sadece polen donörü olarak kullanıldığında verimli melezler elde edilmiştir (Ochatt vd. 2004; Fondevilla vd. 2007a; Byrne vd. 2008; Clement vd. 2009; Aryamanesh vd. 2012; Jha vd. 2016; Kosterin vd. 2019). Fakat *P. fulvum* türünün anaç olarak kullanıldığı melezlemelerde çoğunlukla melezlerin kısır olduğu savunulmaktadır. *P. fulvum* türünün anaç olarak kullanıldığı melezlemelerde bir kaç çalışma tarafından verimli sonuçlar elde edilmiştir (Bogdanova ve Kosterin 2007; Toker vd. 2017; Kosterin vd. 2019).

Çizelge 2.5. Bezelyenin gen havuzları

Birinci gen havuzu	İkinci gen havuzu
<i>Pisum sativum</i> subsp. <i>sativum</i> var. <i>sativum</i>	<i>Pisum fulvum</i> Sibth. & Sm.
subsp. <i>sativum</i> var. <i>arvense</i>	
subsp. <i>elatius</i> (Bieb.) Aschers. & Graebn	
subsp. <i>abyssinicum</i> A. Br.	

P. fulvum türü *Bruchus pisorum* L. için çok önemli bir dayanıklılık kaynağıdır. Yapılan bir araştırmada, *P. sativum* × *P. fulvum* melezinden elde edilen F_{2:3} popülasyonun bireylerinde tohum böceği dayanıklılığı testlenerek, %50-70 oranında dayanıklılık olduğu ve dayanıklılık genlerinin *P. fulvum* türünden kültür formuna aktarılabileceği vurgulanmıştır (Clement vd. 2009). Byrne vd. (2008) tarafından yapılan benzer bir araştırmada *P. sativum* × *P. fulvum* türler arası melezlemeden ilerletilen F₂ popülasyonunda *B. pisorum* dayanıklılığın kalıtımına bakılmıştır, ancak kalıtımın düşük olduğu bildirilmiştir. Fakat dayanıklı bireylerden geri melezleme yoluyla elde edilen popülasyonda dayanıklılık kalıtımının 63:1 oranı gösterdiği ve dayanıklılığın üç resesif allele (*pwr1*, *pwr2* ve *pwr3*) kontrol edildiği tespit edilmiştir. *B. pisorum* ve *C. sinensis* böceklerine karşı *P. fulvum* türünün dayanıklı olduğu birkaç çalışma tarafından belirlenmiştir (Aryamanesh vd. 2012; Esen vd. 2019; Sari vd. 2020). Sari vd. (2020) bezelyede *P. sativum* × *P. elatius* türleri arasında yapılan melezleme sonucu ilerletilen F₂ popülasyonunda neoplazm (*Np*) özelliğinin kalıtımını incelemiştir.

Bezelyede önemli verim kayıplarına sebep olduğu bilinen külleme (*Erysiphe pisi* DC.) hastalığına dayanıklılık sağlayan dominant *Er3* geni sadece *P. fulvum* türünde belirlenmiştir (Fondevilla vd. 2007a; Fondevilla vd. 2007b). Bobkov ve Selikhova (2019) *P. sativum* × *P. fulvum* türler arası melezin F₁ popülasyonunda bütün bireylerin küllemeye karşı dayanıklı olduklarını, F₂ popülasyonunda ise dayanıklılığın 3:1 oranında açılım gösterdiğini ve dayanıklılığın majör bir genle idare edildiğini tespit etmişlerdir. Başarılı *P. sativum* × *P. fulvum*, *P. sativum* × *P. elatius* melezleri birçok araştırmada elde edilmiştir (Kosterin ve Bogdanova 2015, 2020; Sari vd. 2020). Bunlara ilaveten, bezelyede yabani türlerin cansız streslere dayanıklılığı da bilinmektedir. *P. fulvum* ve *P. elatius* türlerinde bulunan kuraklık, sıcaklık ve soğuk dayanıklılık (Ali vd. 1994) kaynakları yine melezleme ıslahı yoluyla kültürlerle aktarılabileceği düşünülmektedir.

2.6. Bezelyede Genetik Harita Çalışmaları

Bezelyenin ilk genetik bağlantı haritası ve yedi bağlantı grubu (LG), Lamprecht (1948, 1958) tarafından farklı melezlemeler sonucu üretilen çeşitli popülasyonlarda morfolojik markör ayrımı kullanılarak geliştirilmiştir. Haritanın yeniden düzenlenme başlangıcı, izozim varyasyonlarının ortaya çıkması ve genetik bağlantı haritalarının oluşturulması için daha fazla morfolojik markörlerin dahil edilmesiyle devam etmiştir (Weeden ve Marx 1984; Mahmoud vd. 1984; Weeden ve Marx 1987).

Bezelye genetik bağlantı haritaları, moleküler markörlerin ortaya çıkmasıyla birlikte daha da geliştirilmiştir. Arttırılmış markör yoğunluğuna ve iyi tanımlanmış bağlantı gruplarına sahip ilk moleküler markör tabanlı bezelye haritası Ellis vd. (1992) tarafından ve ardından Timmerman-Vaughan vd. (1993) ve Weeden vd. (1993) tarafından oluşturulmuştur.

Polimeraz zincir reaksiyonunun (PCR) ortaya çıkmasıyla birlikte, bezelye de dahil olmak üzere bütün bitkilerin genetik haritalarına çok sayıda moleküler markörlerin eklenmesi için önemli bir olanak meydana gelmiştir. İlk PCR temelli bezelye genetik bağlantı haritası RAPD markörleri kullanılarak oluşturulmuş ve bezelye mozaik virüsüne direnç sağlayan *en* geni markörlerle ilişkilendirilmiştir (Yu vd. 1995).

Timmerman-Vaughan vd. (1994) tarafından, allozim, RFLP ve RAPD markörlerinin bir kombinasyonu kullanılarak, ve küllemeye karşı dayanıklılık sağlayan *erl* resesif geninin konumunu belirleyen ayrıntılı bir bezelye genetik haritası rapor edilmiştir. Yine Timmerman-Vaughan vd. (1996) tarafından yapılan başka bir çalışmada *P. sativum* ve *P. sativum* arasında yapılmış melezlemeden ilerletilen F₂ popülasyonunda RFLP, RAPD ve AFLP markörleri kullanılarak 1510 cM (centi Morgans) uzunluğunda harita elde edilmiştir. Aynı çalışmada *P. sativum* ve *P. sativum* spp. *humile* melezinden tek tohum ilerletme yöntemiyle elde edilen RIL popülasyonunda ise RFLP, RAPD ve AFLP markörlerine ilaveten morfolojik ve izozim markörleri de kullanarak toplam 1289 cM uzunluğunda bezelye genetik haritası oluşturulmuştur. Burstin vd. (2001) bezelyedeki mikrosatellitlerin (SSR) varyasyonunu ve polimorfizmini rapor etmişlerdir.

Farklı bir çalışmada yoğun AFLP markörleri kullanılarak, *P. sativum* tür içi melezlemeden ilerletilen RIL popülasyonunda 10 LG oluşturularak, 1274 cM uzunluğunda bezelye genetik bağlantı haritası geliştirilmiştir (Tar'an vd. 2003; Tar'an vd. 2004). Prioul vd. (2004) yaptıkları bir çalışmada DP (*P. arvense*) × JI296 (*P. sativum*) bezelye genotipleri arasında melezleme sonucu ilerletilen RIL popülasyonunda RAPD, SSR ve STS markörlerini kullanarak, toplamda 206 markör 8 LG'ye dağılmış halde ve 1061 cM uzunluğunda genetik harita elde etmişlerdir.

Loridon vd. (2005), maksimum sayıda SSR markörüyle bezelyede yüksek çözünürlüklü genetik harita oluşturmaya amaçladıkları çalışmada, bezelyede üç farklı popülasyonu kullanarak, 340 SSR markörünün poliformik olanları belirleyebilmek için uygun PCR koşulları denemişlerdir ve bunlardan 239 markör polimorfik bulunarak, toplam 1400cM uzunluğundaki haritada 10 LG'de işaretlemişlerdir. SSR markörleri ile yapılan ilk kapsamlı harita Loridon vd. (2005) tarafından yayınlanmıştır.

Bitki genomik araştırmalarındaki güncel gelişmeler, birincil metabolizmada yer alan enzimleri kodlayan genlerde tespit edilen polimorfizmleri kullanarak fonksiyonel genetik haritaların oluşturulmasına izin vermektedir. Aubert vd. (2006), gen dizilerinde bulunan 363 polimorfik markörü kullanarak 1458 cM'yi kapsayan fonksiyonel bir genetik harita geliştirmişlerdir.

Ubayasena vd. (2010), *P. sativum* tür içi melezlemeden ilerletilen RIL popülasyonunda, toplamda 224 AFLP ve SSR markörleri kullanarak, 890 cM uzunluğunda genetik bağlantı haritası elde etmişlerdir.

Hamon vd. (2011), Bezelyede Baccara $\times$ PI 180693 ve Baccara $\times$ 552 melezlerinden geliştirilen iki RIL popülasyonunda, 146 adet SSR ve 74 RAPD markörleriyle oluşturdukları genetik haritada markörler 7 LG'da dağıldığını ve harita uzunluğunun 1652 cM olduğunu bildirmişlerdir.

Timmerman-Vaughan vd. (2016) tarafından, A26 $\times$ Rovar ve A88 $\times$ Rovar bezelye RIL popülasyonlarında RFLP, SCAR, CAPS, SSR, RAPD ve AFLP gibi karışık markörlerle bağlantı haritaları oluşturulmuştur. A26 $\times$ Rovar RIL popülasyonunda, 8 bağlantı grubu, 114 lokus içeren ve 1004.6 cM uzunluğunda bir harita elde edilirken, A88 $\times$ Rovar popülasyonunda, 9 LG, 132 lokus içeren ve 1022.2 cM uzunluğunda bir harita elde edilmiştir.

2.7. Kantitatif Özellik Lokus (QTLs) Çalışmaları

Bitkilerde ekonomik açıdan en önemli özellikler çoklu genler (poligenler) tarafından kontrol edilmektedir. Çoklu genler tarafından idare edilen özellikler çevreden çok etkilendiklerinden dolayı sürekli fenotipik varyasyon sergilemektedirler ve kantitatif özellikler olarak adlandırılmaktadırlar (Paterson vd. 1991; deVicente ve Tanksley 1993; Tanksley 1993). Bu kantitatif özellikler, genellikle çevresel faktörler tarafından etkilenebilen, nispeten küçük katkıları olan birçok gen tarafından kontrol edilmektedirler. Kantitatif özellikleri kontrol eden genler veya lokuslar, kantitatif özellikler lokusu (QTL) olarak tanımlanmıştır. QTL haritalamanın temel prensibi, basit bir monogenik özellik ile kompleks bir kantitatif özellik arasında bir ilişkinin bulunmasıyla, ilk olarak Sax (1923) tarafından keşfedilmiştir, ve ilerleyen yıllarda bu tür QTL haritalama çalışmaları daha da geliştirilmiştir (Thoday 1961).

Markör bağlantılı olarak QTL bölgelerin tanımlanması için, tek markör (single marker) QTL analizi (Weller 1986; Luo ve Kearsey 1989) ve maksimum olabilirlik tahminlerine (maximum likelihood estimates) dayalı çoklu markör QTL analizi (Jensen 1989; Lander ve Botstein 1989; Knapp vd. 1990) dahil olmak üzere çeşitli haritalama yöntemleri bildirilmiştir. Tek markör QTL analizinin başlıca dezavantajı, markörler ilgili QTL'den uzak olduğu zaman, QTL'lerin tespit gücü azalmaktadır. Interval haritalama (IM) ile, hem iki ilişkili markörün ayrılma bilgisi hem de maksimum likelihood bilgisinin aynı anda dikkate alınmasıyla bu güçlüğün üstesinden gelinmiştir (Lander ve Botstein 1989).

Zamanla, en yaygın olarak kullanılan QTL haritalama yöntemleri, IM (Lander ve Botstein 1989) ve çoklu (multiple) QTL modeline (MQM) dayalı yöntemler olmuştur (Jansen 1993, 1994; Jansen ve Stam 1994). IM'de, genomdaki her pozisyonda ayrı bir QTL'e sahip olma veya olmama olasılık haritası, markör segregasyon bilgisine ve haritalama popülasyonunun fenotipik tahminlerine dayanılarak hesaplanmaktadır. IM'de, bu iki olasılık istatistiğinin (LOD) oranı, önemli eşik seviyesini aştığı zaman bir QTL ortaya çıkmaktadır.

Interval haritalama yönteminde, haritalama popülasyonundaki bireylerin sayısı ve kantitatif özellik lokusunun genotipik etkisinin boyutu, QTL'lerin belirlenmesinin doğruluk düzeyini büyük ölçüde etkilemektedir (van Ooijen 1992). Birden fazla QTL'in eş zamanlı haritalanması gibi alternatif yaklaşımlara kıyasla, interval haritalamada Tip I

(yanlış QTL tespit etme) ve Tip II (QTL tespit edememe) hata olasılığının çok daha yüksek olduğu bildirilmiştir (Jansen 1994).

Çoklu QTL (MQM) yöntemi ile, Tip I ve Tip II hataları azaltılarak, interval haritalama yönteminin eksikleri giderilmiştir (Jansen ve Stam 1992; Jansen 1994). MQM yaklaşımında, iki aşamalı bir QTL haritalama prosedürü uygulanarak, yakınlardaki QTL'lerden kaynaklanan anlamsız veriler elemine edilmektedir; bu prosedürün birinci aşamasında, QTL'lerle ilişkili önemli markörler çoklu regresyonla tanımlanırken, ikinci aşamasında da yakındaki QTL'lerin yarattığı anlamsız verileri ortadan kaldırarak bitişik markörleri ko-faktör markörleri olarak kullanmaktadır.

Interval haritalama yaklaşımı, varsayılan ilişkili konumların etkilerini tamamen ayıramamaktadır (Li vd. 2007). Composite Interval Haritalama (CIM), QTL'in etkisini konumlarından ayırarak QTL haritalamanın güvenilirliğini ve doğruluğunu artıran güçlü bir analitik tekniktir (Zeng 1993; Zeng 1994). CIM yaklaşımı, ilişkili QTL'leri tespit etmek için diğer haritalama yöntemlerine göre avantajlara sahiptir. Çoklu regresyon özelliklerinden yararlanılarak, bu yaklaşımın test istatistiği, test aralığı dışında QTL'lerden etkilenmeyecek şekilde oluşturulmuştur (Zeng 1994).

Ekonomik açıdan önemli diğer bitkilerle karşılaştırıldığında, bezelyede nispeten daha az sayıda QTL haritalama çalışması rapor edilmiştir (Swiecicki ve Timmerman-Vaughan 2005; McPhee 2007). Timmerman-Vaughan vd. (1996), 101 RFLP, 58 RAPD ve 40 AFLP markörü ile, bezelyede tür içi melezlemeden ilerletilen F₂ ve rekombinant kendilenmiş hatlar (RIL) olmak üzere iki popülasyonun genetik bağlantı haritasını oluşturarak, tohum ağırlığı için bezelyedeki ilk QTL analizini bildirmişlerdir. İki popülasyonda da tohum ağırlığı ile ilişkili birkaç QTL tanımlanmasına rağmen, her iki popülasyonda ortak olan LGIII'te yalnızca bir QTL tanımlanmıştır.

Pilet-Nayel vd. (2002), *Aphanomyces euteiches* Drechs'in neden olduğu *Aphanomyces* kök çürüklüğü hastalığı için, Puget (hassas) × 90-2079 (kısmen dayanıklı) tür içi melezlemeden tek tohum ilerletme yöntemiyle geliştirdikleri 127 adet bireyden oluşan RIL popülasyonunu, AFLP, RAPD, SSR, ISSR, STS, izozimler ve morfolojik markörlerini kullanarak genotiplemişlerdir. 324 markör ile oluşturdukları genetik haritada toplam 7 genomik bölge *Aphanomyces* kök çürüklüğü dayanıklılığı ile ilişkilendirilmiştir. Bunlardan LGIVb'de bulunan ve *Aph1* olarak adlandırılan QTL varyasyonun %47'sini açıkladığı için majör olarak kabul edilmiştir. Diğer iki QTL (*Aph2* ve *Aph3*), sırasıyla LGV ve LGIa'da oldukları bildirilmiştir. *Aph2* varyasyonun %32'sini, *Aph3* ise varyasyonun %11'ini açıkladığı belirlenmiştir. Minör olarak kabul edilen diğer dört QTL ise LGIb, LGVII ve LGB'de tanımlanmıştır.

Tar'an vd. (2003), bezelyede yatmaya dayanıklılık, bitki boyu ve antraknoz hastalığı için QTL belirlemeyi amaçladıkları çalışmada, tür içi melezlemeden geliştirilen 88 adet RIL hatlarında AFLP, RAPD, STS markörleri kullanılarak genetik harita oluşturmuşlardır. Yatmaya dayanıklılık için, toplam fenotipik varyasyonun %58'ini açıklayan, bir tanesi LGIII'te, diğeri LGVI'da olmak üzere 2 adet QTL tanımlanmıştır. Bitki boyu için üç tane QTL tanımlanmış olup, toplam varyasyonunun %64.6'sının açıklandığı bildirilmiştir. Bitki boyu için tanımlanan QTL'ler LGIII, LGC ve LGD'de olduğu belirtilmiştir. Antraknoz hastalığına tepki için yine üç adet QTL belirlenmiştir.

QTL'ler sırasıyla LGII, LGIV ve LGVI'da işaretlenerek, toplam varyasyonun %35.9'unu açıkladığı belirlenmiştir.

Prioul vd. (2004) tarafından yapılan bir çalışmada, *P. sativum* tür içi melezlemeden ilerletilen 135 rekombinant kendilenmiş hattın oluşan popülasyonu morfolojik, RAPD, SSR ve STS markörleri ile genotiplenmiştir. Sekiz bağlantı grubuna dağılmış 206 markör ile genetik harita oluşturularak, antraknoz hastalığına dayanıklılık, bitki boyu ve çiçeklenme zamanı özellikleri için QTL'ler belirlenmiştir. Antraknoz hastalığı için kontrollü şartlar altında altı QTL (LGIII, LGVa, LGVI ve LGVII) belirlenmiştir. Arazi şartlarında yürüttükleri çalışmada ise toplam on üç adet QTL (LGII, LGIII, LGVa ve LGVII) belirlenmiştir. Bitki boyu için belirlenen üç QTL, LGII, LGIII ve LGVII'de olduğu, çiçeklenme zamanı için belirlenen üç QTL ise LGII, LGIII ve LGVI'da oldukları bildirilmiştir.

Tar'an vd. (2004) tarafından yapılan bir diğer çalışmada, Carneval ve MP1401 *P. sativum* tür içi melezinden elde edilen RIL popülasyonunda olgunluk, tohum protein konsantrasyonu ve tane verimi için QTL haritalaması yapılmıştır. Bağlantı haritası AFLP, RAPD ve STS markörleriyle oluşturulmuştur. Hem tane verimi hem de olgunluk gün sayısı özellikleri için dört tane, tohumda protein konsantrasyonu için üç tane QTL belirlenmiştir. Tane verimi QTL'leri, bağlantı haritasının II, VI ve VII gruplarında, toplam %38.7 varyasyonu açıkladığı, tohumdaki protein konsantrasyonu ile ilişkili QTL'lerin LGIII, LGVI ve LGA'da olduğu ve toplam %44.6 varyasyonu açıkladığı ve olgunluk ile ilişkili QTL'lerin LGII, LGIII ve LGVI'da olduğu ve %34.6 varyasyonu açıkladığı belirlenmiştir.

Irzykowska ve Wolko (2004), yetiştiriciliği yapılan bezelyede tohum protein birikimi ve verimle ilişkili özellikleri kontrol eden QTL'leri belirlemişlerdir. Bağlantı haritası, morfolojik, izozim, AFLP, ISSR, STS, CAPS ve RAPD markörleri kullanılarak ,tür içi melezlemeden elde edilen F₂ popülasyonunda oluşturulurken, verimle ilgili özelliklerin fenotiplenmesi F₂ popülasyonunda ve F₄ kademesindeki RIL popülasyonunda yapılmıştır. Çalışmada tohum sayısı, bakla sayısı, 1000-dane ağırlığı ve tohum protein birikimi incelenmiştir. Varyasyonun %9.1 ve %55.9 aralığında değiştiği, toplam 37 adet QTL belirlenmiştir. Verimle ilgili özelliklerin ve tohum protein birikimi özelliklerinin en önemli bölgelerinin LGIII ve LGV'te olduğu vurgulanmıştır.

Timmerman-Vaughan vd. (2005), bezelyede Primo ve OSU442-15 arasında yapılan melezleme sonucu elde edilen F₂ popülasyonunda tohum verimi, verim bileşenleri ve gelişimsel özellikler için QTL haritalaması yapmışlardır. Verim bileşenleri olarak tohum ağırlığı, tohum sayısı ve hasat indeksi incelenirken ve gelişimsel özellikler için ilk çiçek boğumu, çiçekli boğum sayısı ve toplam boğum sayısı özellikleri haritalama için kullanılmıştır. Verimle ilgili özellikleri etkileyen QTL'ler, LGs I, II, III, IV, VI ve VII'deki 19 genomik bölge ile ilişkilendirilmiştir.

Pilet-Nayel vd. (2005), bezelyede kök çürüklüğü hastalığı için, Amerika ve Fransa merkezli iki izolatin, iki farklı çevrede dayanıklılığını testleyerek, daha önceki çalışmalarında (Pilet-Nayel vd. 2002) belirledikleri QTL'leri karşılaştırmışlardır. Çalışmada aynı popülasyon ve aynı genetik harita kullanılmıştır. Sera koşulları altında kök çürüklüğü hastalığına dayanıklılık gösteren 10 QTL belirlenmiştir. Daha önceki çalışmalarında ek olarak 7 QTL tanımlanarak, iki izolattan Fransa merkezli olana özel

olarak tanımlanmıştır, ancak Amerika merkezli olan izolatta tanımlanmamıştır. Çalışma bulgularına göre markör destekli seleksiyona uygun üç QTL bildirilmiştir.

Prioul vd. (2007), bezelyede antraknoz dayanıklılığı için dayanıklılık gen analoglarını (RGA) ve savunmayla ilişkili (DR) genleri, daha önceki çalışmalarında kullandıkları (Prioul vd. 2004) JI296 (kısmi dayanıklı) × DP (hassas) RIL popülasyonunda QTL'leri, QTL ve aday genler arasındaki ortak yerleşim yerlerini tespit etmişlerdir. Antraknoza dayanıklılık için aday genler ve QTL'ler arasında iki ortak lokalizasyon LG III üzerinde, LG VII'de ise bir RGA kümesi ile QTL mpVII-1 arasında başka bir ortak lokalizasyon gözlemlemişlerdir.

Dumont vd. (2009), bezelyede soğuğa tolerans mekanizmasının anlaşılabilmesini geliştirmek için şeker konsantrasyonu, elektrolit akışı (sızıntı), ozmotik basınç ve RuBisCO'nun etkinliğini değerlendirmişlerdir. Çalışmada, Champagne (don tolerant) ve Terese (hassas) tür içi melezlemeden ilerletilen RIL popülasyonu iki farklı lokasyonda kullanılmıştır. Her iki lokasyonda da sabit, varyasyonları %6.5 ve %46.5 arasında değişen LG5 ve LG6'da QTL'ler belirlemişlerdir. Bu QTL'lerin soğuk toleransında iklimlendirmeye bağlı olduğunu, *Hr* aleli tarafından sağlanan don kaçışıyla bağlantılı olmadığını bildirmişlerdir.

Ubayasena vd. (2010) tarafından yapılan bir çalışmada, *P. sativum*'da kotiledon beyazlığına dayanıklılık için QTL analizi ve genetik kontrol araştırılmıştır. Orb (hassas) × CDC Stricker (kotiledon beyazlığına dayanıklı) *P. sativum* tür içi melezinden geliştirilen RIL popülasyonunda 90 birey ile çalışılmıştır. Popülasyon AFLP ve SSR markörleri ile genotiplenmiştir. Bezelyede yeşil kotiledon beyazlığına dayanıklılık için LGIV ve LGV'te majör QTL'ler belirlenmiştir.

Fondevilla vd. (2010), bezelyede orobanş parazitine (*Orobanche crenata* Forssk.) dayanıklılık için *P. sativum* ssp. *syriacum* (dayanıklı) × *P. sativum* (hassas) melezinden ilerletilen rekombinant kendilenmiş hatlarda çalışmışlardır. Dayanıklılık ile ilişkili dört QTL, LGI, LGIII, LGV ve LGVI'da ve %10-%17 arasında bireysel olarak fenotipik varyasyon açıklamışlardır.

Feng vd. (2011), *P. sativum*'a ait çeşitlerden Carman ve Reward arasında melezleme sonucu elde edilen RIL popülasyonunda, bezelyede fusarium kök çürüklüğü hastalığına karşı dayanıklılık gösteren QTL'ler ile ilişkili mikrosatelit markörleri tanımlamak için araştırma yapmışlardır. LGVII'de tanımlanan QTL, AA416 ve AB60 SSR markörleri ile yakın ilişkili bulunmuştur. Markör destekli seleksiyonda bu markörlerin kullanılabileceği bildirilmiştir.

Hamon vd. (2011) tarafından bezelyede *Aphanomyces euteiches*'in sebep olduğu kök çürüklüğü hastalığına dayanıklılık için kalıcı QTL'lerin belirlenmesi amaçlanan çalışmada 552 (kısmi dayanıklı) × Baccara (hassas) ve PI 180693 (kısmi dayanıklı) × Baccara melezlerinden ilerletilen iki RIL popülasyonu kullanılmıştır. Bezelyede *A. euteiches*'e kısmi dayanıklılıkla ilişkili 23 genomik bölgeye ve 13 önemli epistatik interaksiyona karşılık gelen toplam 135 aditif etkili QTL belirlemişlerdir. Tanımlanan 23 aditif etkili genomik bölge arasından beş tanesini tutarlı olarak tespit etmişlerdir. Belirledikleri tutarlı beş QTL'in markör destekli seleksiyonda kullanılabileceğini vurgulamışlardır.

Hamon vd. (2013), daha önce kullanmış oldukları üç haritalama popülasyonunda (Puget $\times$ 90-2079, Baccara $\times$ PI180693 ve Baccara $\times$ 552) ve bunlara ek olarak dördüncü bir haritalama popülasyonunda (DSP $\times$ 90-2131) *A. euteiches*'e dayanıklılık için 27 meta-QTL tanımlamışlardır. Son derece tutarlı altı genomik bölge de dahil olmak üzere yedi dayanıklılık için belirlenen meta-QTL, erkencilik ve bitki boyu için belirlenen altı meta-QTL ve üç morfolojik gen (*Af*, *A*, *R*) ile birlikte lokalize edilmiştir. Dayanıklılığa katkıda bulunan aleller genellikle bezelye yetiştiriciliği için istenmeyen aleller ile ilişkilendirilmiştir. Altı ana meta-QTL bölgesinin altında yatan aday genler, bezelye ve *Medicago truncatula* genomları arasındaki eş doğrusallık kullanılarak tanımlanmıştır.

Irzykowska vd. (2016), bezelyede bazı morfolojik özelliklerin kantitatif özellik lokuslarını (QTLs) belirlemişlerdir. Wt10245 ve Wt11238 *P. sativum* türü için melezlemeden elde edilen RIL popülasyonunda çalışmışlardır. Popülasyonun bağlantı haritası morfolojik, izozim, AFLP, ISSR, STS, CAPS ve RAPD markörleri kullanılarak oluşturulmuştur. Sap uzunluğu ve boğum sayısı özellikleriyle ilişkili 12 QTL belirlemişlerdir. QTL'lerin çoğunun LG2'de olduğunu ve bezelye genomunda bu bölgenin bitki boyu kontrolünde önemli rol oynadığını bildirmişlerdir.

Farklı araştırmalarda bezelyede aynı fenotipik özelliği kontrol eden QTL'ler tanımlanmasına rağmen, bu haritalar ortak markörlerin eksikliğinden dolayı karşılaştırma konusunda sınırlı kalmaktadır (Swiecicki ve Timmerman-Vaughan 2005; McPhee 2007). Sınırlı başarıya sahip bir konsensus bezelye genetik bağlantı haritası oluşturmak için bir kaç girişim yapılmıştır fakat hala yetersizdir (Weeden vd. 1998; McPhee 2007).

3. MATERYAL VE METOD

3.1. Materyal

3.1.1. Melezlemede kullanılan anaçlar

P. sativum × *P. fulvum* ve *P. fulvum* × *P. sativum* melezleri yapılmasına rağmen, ikinci melezden sadece tek tohum ve F₁ de tek bitki yetiştirildiği için bu çalışmaya dahil edilmemiştir. Tez çalışması kapsamında, RIL popülasyonu için anne ebeveyn olarak orta erkenci, beyaz çiçeklere sahip ve yetiştiriciliği yapılan *P. sativum* türüne ait ACP 20 genotipi kullanılmıştır. Baba ebeveyn (polen donörü) olarak ise geç olgunlaşan, turuncu çiçek rengine sahip bezelyenin yabancı türü olan *P. fulvum* türüne ait AWP 600 genotipi kullanılmıştır. ACP 20 genotipi büyük, buruşuk ve krem renkli tohumlara sahip ve 100-dane ağırlığı 42.8 g'dır. AWP 600 genotipi küçük, düz, siyah renkli tohumlara sahip ve 100 dane ağırlığı 5.4 gr'dır (Çizelge 3.1). AWP 600 genotipi, tohum böceğine (*Callosobruchus chinensis* L.) ve *Erysiphe pisi* DC'nin neden olduğu külleme hastalığına karşı dayanıklıdır (Fondevilla vd. 2007a; Esen vd. 2019). Ebeveynlere ait özellikler Çizelge 3.1'de verilmiştir. Her iki ebeveyn, 2015 yılından 2021 yılına kadar Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi'ne ait araştırma tarla ve seralarında yetiştirilmişlerdir.

Çizelge 3.1. *P. sativum* ve *P. fulvum* arasındaki türler arası melezlemede kullanılan ebeveynlerin bazı agro-morfolojik ve önemli özellikleri

Tür	Genotip	Çiçek rengi	Tohum rengi	Tohum şekli	100-dane ağırlığı (g)	Dayanıklılıkları
<i>P. sativum</i>	ACP 20			Buruşuk	42.8	Külleme
<i>P. fulvum</i>	AWP 600			Düz	5.4	Külleme, tohum böceği

3.1.2. Melez bitkiler ve rekombinant kendilenmiş hatlar

P. sativum × *P. fulvum* ile *P. fulvum* × *P. sativum* arasında resiprokal olarak türler arası melezlemeler gerçekleştirilmiştir. *P. fulvum* × *P. sativum* türler arası melezi sadece F₁ kademesine kadar yetiştirilmiş olup, tohumların az sayıdan olmasından dolayı tez çalışması kapsamında değerlendirilmemiştir. Tez kapsamında kullanılan, *P. sativum* ile *P. fulvum* arasındaki türler arası melezleme sonucu elde edilen dört adet melez tohum 2016–17 yıllarında ekilerek F₁ generasyonu elde edilmiştir. F₁'den elde edilen 121 adet tohum, 2017–18 yıllarında ekilerek F₂ popülasyonuna iletiletilmiştir. F₂ kademesinden itibaren her bir bitkiden tek tohum iletme (SSD) yöntemiyle F₃, F₄ ve F₅ popülasyonları, sırasıyla 2018-19, 2019-20 ve 2020-21 yıllarında sera koşulları altında

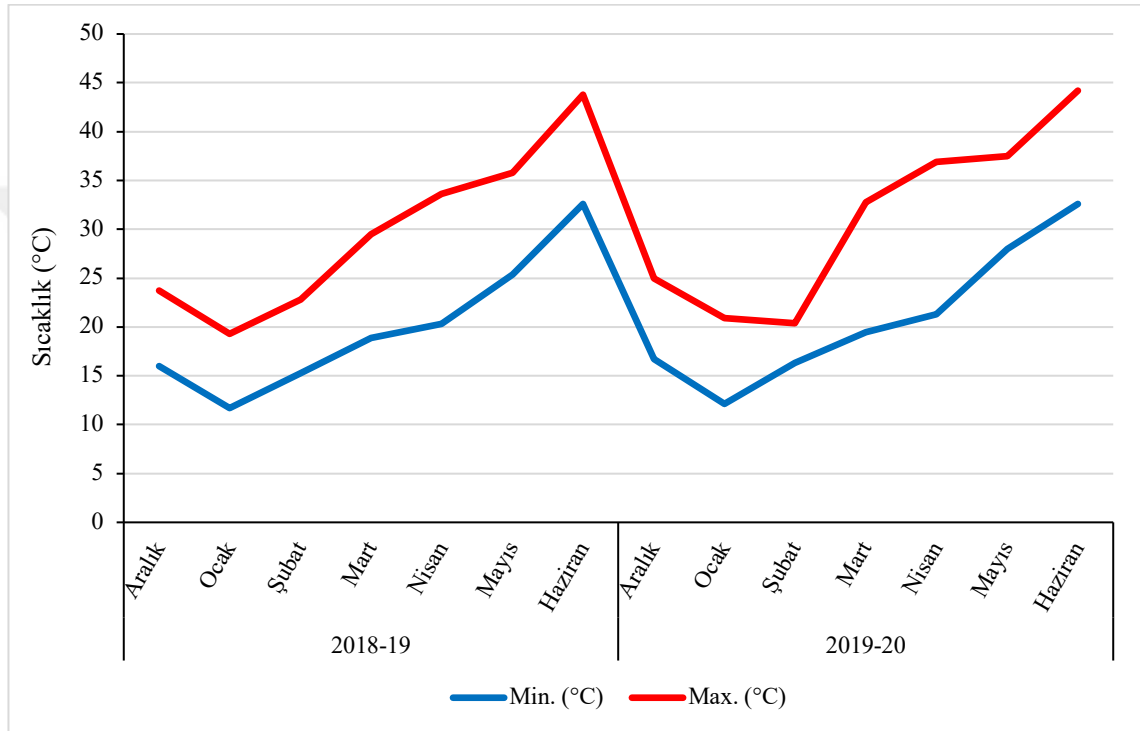
yetiştirilmiştir. Her popülasyonun hasadı tek bitki olarak ayrı ayrı yapılmıştır. Melez bireylere ve rekombinant kendilenmiş hatlara ait bazı görüntüler Şekil 3.1’de verilmiştir.



Şekil 3.1. Tez çalışması kapsamında yetiştirilen *P. sativum* × *P. fulvum* türler arası melezlemeden geliştirilen bitkiler ve hatlara ait genel görüntüler

3.1.3. Deneme yerine ait iklim özellikleri

Denemelerin yapıldığı cam seralara ait en düşük ve en yüksek sıcaklık ortalamaları Şekil 3.2’de sunulmuştur. F₃ popülasyonun yetiştirildiği yıla (2018-19) ait aylık en yüksek sıcaklıklar Aralık’ta 23.7°C, Ocak’ta 19.3°C, Şubat’ta 22.8°C, Mart’ta 29.5°C, Nisan’da 33.6°C, Mayıs’ta 35.8°C ve Haziran’da 43.8°C olarak kaydedilmiştir. F₄ popülasyonunun yetiştirildiği yıla (2019-20) ait aylık en yüksek sıcaklıklar ise Aralık’ta 25.0°C, Ocak’ta 20.9°C, Şubat’ta 20.48°C, Mart’ta 32.8°C, Nisan’da 36.9°C, Mayıs’ta 37.5°C ve Haziran’da 44.2°C olarak kaydedilmiştir.



Şekil 3.2. 2018-19/2019-20 yıllarına ait denemenin yürütüldüğü seranın en düşük ve en yüksek sıcaklık verileri

3.1.4. Deneme yerine ait toprak özellikleri

Denemelerin yapıldığı seraya ait toprak analizlerine göre, %1.2 oranda organik madde ve %0.09 oran ile azot düşük seviyede belirlenmiştir. Toprak yapısı bakımından tınlı, pH içeriği 8.0 ve kalsiyum karbonat içeriği (CaCO₃) %17.6 olarak belirlenmiştir. Bitki besin elementleri bakımından 24.7 mg/kg P, 5.11 mg/kg Fe, 1 mg/kg Zn, 27.75 mg/kg Mn ve 1.26 mg/kg bakır yeterli düzeyde tespit edilirken, K, Ca ve Mg içerikleri sırasıyla 17.6 mg/100g, 652 mg/100g ve 14.6 mg/100g olarak tespit edilmiştir.

3.2. Metod

3.2.1. Fenotipleme için alınan gözlemler

P. sativum ve *P. fulvum* türler arası melezlemeden elde edilen F₁ bitkileri, F₂ ve F₃ popülasyonlarında transgresif açılımların belirlenebilmesi ve F₄ popülasyonunda, özellikle erkencilik için QTL'lerin belirlenebilmesi nedeniyle her bir bitkiden ayrı ayrı olmak üzere aşağıda verilen özellikler temel alınarak fenotipleme yapılmıştır.

- **Çiçek rengi:** Özellikle F₁ bitkilerinde, F₂ ve F₃ popülasyonlarında çiçek rengi turuncu, pembe ve tonları, beyaz şeklinde kalitatif olarak kaydedilmiştir.
- **Çiçeklenme gün sayısı:** Her bir bitkinin çimlenme tarihinden itibaren ilk çiçeklenme tarihine kadar geçen gün sayısıdır.
- **Bakla bağlama gün sayısı:** Her bir bitkinin çimlenme tarihinden itibaren ilk bakla bağlama tarihine kadar geçen gün sayısıdır.
- **Bitki boyu (cm):** Bitki gövdesinin toprak üstündeki kısımdan en uçtaki sürgün ucuna kadar olan uzunluktur.
- **İlk bakla yüksekliği (cm):** Bitki gövdesinin toprak üstündeki kısımdan aşağıdan oluşan ilk baklaya kadar olan uzunluğudur.
- **Boğum arası (cm):** Bitkinin kulakçıklarının olduğu iki boğum arasındaki mesafedir.
- **Bakla sayısı (adet):** Bir bitkide oluşan baklaların toplam sayısıdır.
- **Baklada dane sayısı (adet):** Bir bitkide oluşan baklalardan tesadüfî beş adet seçilerek içindeki danelerin sayısıdır.
- **Bakla boyu (cm):** Bir bitkide oluşan baklalardan tesadüfî beş adet seçilerek uzunluklarının ölçülmesidir.
- **Biyolojik verim (g):** Hasat olgunluğuna gelmiş bir bitkinin sap, bakla ve daneleriyle birlikte toplam ağırlığıdır.
- **Tohum verimi (g):** Hasat olgunluğuna gelmiş bir bitkide, harman yapıldıktan sonra bütün danelerinin ağırlığıdır.
- **Hasat indeksi (%):** Bir bitki için $Dane\ verimi / Biyolojik\ verim \times 100$, formülü ile hesaplanmıştır.

3.2.2. Transgresif açılımlar ve süper-erkenci hatların seçimi

Transgresif açılma, açılan popülasyonlarda herhangi bir özellik için ebeveynlerin değerlerinden daha büyük veya daha düşük değerlere sahip bireylerin gözlenmesi olarak tanımlanmaktadır (deVicente ve Tanksley 1993). Açılan popülasyonlarda görünen aşırı fenotipler için farklı isimlendirme ve açıklamalar yapılmıştır (Rick ve Smith 1953; Grant 1978). Tez çalışması kapsamında ise üzerinde durulan en önemli özellik olan erkencilik için açılan popülasyonlarda daha önce görülmeyen (*de novo*) süper erkenci bireyler olarak tanımlanmıştır. Tez çalışmasında erkenci olarak kullanılan anne ebeveyninden çok daha

erkenci olan bireyler, kullanım amaçlarına göre (sebze, dane, konserve) seçimleri gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.1).

3.2.3. Ki-Kare analizi

Ki-Kare testi, F₂ açılan popülasyonunda çiçek rengi için beklenen 12:3:1 açılımına uygunluğu test edilmek için kullanılmıştır:

$$\chi^2 = \sum \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i},$$

formüle göre, O gözlenen, E beklenen değerleri ifade etmektedir.

3.2.4. Dar anlamda kalıtım derecesi

Fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin her biri için dar anlamda kalıtım dereceleri (h^2) F₂ (X) ve F₃ (Y) popülasyonları arasında Poehlman ve Sleper (1995) tarafından bildirilen ebeveyn-döl regresyonu metoduna göre aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır.

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

$$h^2 = b,$$

buna göre, regresyon çizgisinin eğimi (b), dar anlamda kalıtım derecelerini temsil etmektedir. Agro-morfolojik özellikler için benzer bir dar anlamda kalıtım derecesi, *Cicer* cinsinin tür içi ve türler arası melezlemelerinde kullanılmıştır (Koseoglu vd. 2017). Tez çalışması kapsamında, dar anlamda kalıtım dereceleri yüzde (%) olarak verilmiştir.

3.2.5. Fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin analizleri

P. sativum ve *P. fulvum* türler arası melezleme sonucu elde edilen F₁ bitkileri, F₂ ve F₃ popülasyonunda alınan fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin ortalama, standart hata, en küçük ve en büyük değerlerini içeren tanımlayıcı istatistikleri SPSS 26 istatistik programında gerçekleştirilmiştir. Çiçeklenme zamanı, bakla bağlama zamanı ve agro-morfolojik özelliklerin regresyon eğilimleri SPSS 26 istatistik programı kullanılarak hesaplanmıştır. Ayrıca erkencilik özelliği üzerine diğer fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin doğrudan ve dolaylı etkilerini göstermek için yapılan path analizi SPSS 26 programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

3.2.6. DNA izolasyonu

Çalışmada kullanılan F₄ RIL popülasyonuna ait her bir bitkinin genç yaprakları alınarak, DNA izolasyonu Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Moleküler Bitki Islahı Laboratuvarında Doyle ve Doyle (1990) tarafından geliştirilen CTAB (Çizelge 3.2) yöntemine göre aşağıdaki prosedür uygulanarak gerçekleştirilmiştir.

DNA izolasyon prosedürü:

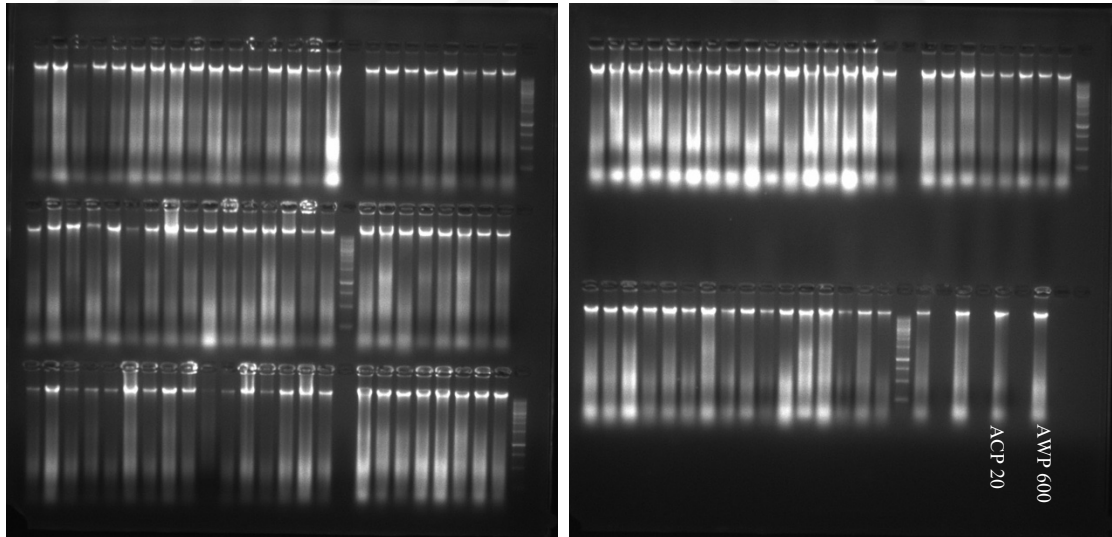
1. F₄ RIL popülasyonua ait her bir bitkiden alınmış olan genç yapraklar, 1.5 ml'lik ependorf tüplere konularak üzerine %0.5 merkaptotanol içeren 500 ml CTAB çözeltisi (Çizelge 3.3) eklenmiştir.
2. Ependorf tüp içerisindeki yaprakları parçalamak için otoklavlanmış plastik ezme çubukları ile güç uygulanarak yapraklar tamamen ezilmiştir. Her bir bitki için farklı bir ezme çubuğu kullanılmıştır.
3. Ezme işlemi tamamlanmış olan ependorf tüpler sıcaklığı 65°C olan su banyosuna inkübasyon için 3 saat süreyle bırakılmıştır. Bu süreçte 15-20 dakika aralıklarla ependorf tüpler hafif bir şekilde çalkanarak süre sonuna aynı işlem tekrar edilmiştir.
4. İnkübasyon aşamasından sonra örneklerden proteini uzaklaştırılabilmek için her tüp içerisine 600 µl kloroform izoamil alkol (24:1) çözeltisi eklenerek, tüp içerisindeki sıvı ile karışabilmesi için tüplere çalkalama işlemi uygulanmıştır.
5. Çalkalama işleminden sonra ependorf tüpler 20 dakika süre boyunca 14000 rpm hızında santrifüj edilmiştir.
6. Santrifüj işleminden sonra ependorf tüplerin alt kısmında kloroform, orta kısmında protein, üst kısmında ise DNA'nın bulunduğu sıvı olarak üç ayrı faz gözlenmiştir. Ependorf tüpün en üst kısmında görülen faza süpernatant veya üst faz denilmektedir. Her bir ependorftan yaklaşık 300 µl üst faz pipet yardımıyla alınarak yeni ependorf tüplere aktarılmıştır. Daha temiz DNA elde edebilmek için bu aşama 4. maddeye geri dönülerek aynı işlemler tekrar edilerek, yaklaşık 150 µl üst faz alınmış ve yeni ependorf tüplere aktarılmıştır.
7. Ependorf tüplerdeki üst faz sıvısının üzerine DNA'nın dibe çökmesi için 500 µl -20°C muhafaza edilmiş soğuk izopropanol eklenmiştir ve ardından tüpler alt-üst edilerek yavaşça karıştırılarak bir gece -20 °C'de muhafaza edilmiştir.
8. 1 gece -20 °C'de bekletilen örnekler, 10 dakika süre 14000 rpm'de santrifüj işlemine tabi tutulmuştur.
9. Santrifüj işleminden sonra ependorf tüplerinin dibinde pelet oluşumu sağlanmıştır. Peletleri hareket ettirmeden tüplerin içerisindeki sıvılar dikkatli bir şekilde boşaltılmıştır. Sıvıları uzaklaştırılan ependorf tüplerin içerisine -20 °C'de muhafaza edilen 300 µl %70'lik etil alkol (etanol) eklenerek 14000 rpm'de 5 dakika santrifüj işlemi yapılmıştır. Santrifüj işleminden sonra yine pelete zarar vermeden alkol yavaş bir şekilde dökülmüştür. Aynı işlem bir defa daha tekrar edilerek tüplerin kapakları açık bırakılarak yaklaşık 1 saat oda sıcaklığında kurumaya bırakılmıştır.
10. Ependorf tüplerin içerisindeki sıvılar tamamen kuruduktan sonra tüp içerisine 150 µl otoklavlı saf su eklenmiştir. Saf su eklendikten sonra ise tüp içerisindeki DNA'nın sıvıya geçebilmesi için örnekler +4 °C'de bir gece bekletilmiştir. Bir

gece +4 °C bekletilen DNA örnekleri daha sonra kullanılmak üzere -20 °C’de muhafaza edilmiştir.

DNA izolasyonunun ardından DNA kalitelerini kontrol etmek için her bireyden 1 µl DNA, 1 µl bromofenol mavisi ile boyanarak %1’lik agaroz jele yüklenerek, 60 volta 30 dakika yürütülmüştür ve UV ışık altında görüntüleri alınmıştır (Şekil 3.3).

Çizelge 3.2. CTAB solüsyonu bileşenleri

Bileşenler	Buffer Son Konsantrasyonları	Hacim
NaCl	1.4 M	280 ml
Tris-HCL PH:8	1000 mM	100 ml
EDTA PH:8	20 mM	40 ml
CTAB	% 2	20 g
Beta-merkaptoetanol	% 0.2	2 ml
Toplam		1000 ml



Şekil 3.3. F₄ rekombinant kendilenmiş hatlar ve ebeveynlerine ait DNA’ların UV altında jel görüntüleri

3.2.7. SSR markörlerin (primer) belirlenmesi

F₄ rekombinant kendilenmiş hatlarda genetik haritanın oluşturulması ve fenotipleme yapılan özelliklerin QTL’lerinin belirlenmesi için Loridon vd. (2005) tarafından haritalanmış, yüksek polimorfizm gösteren SSR markörlerden her bağlantı

grubundan (LG) 10 adet olmak üzere toplam 70 adet seçilmiştir. Yetmiş SSR markör PCR analizlerinde kullanılarak, hem anne bitkide hem de baba bitkide polimorfizm gösteren 45 SSR markör çalışmada kullanılmıştır. Polimorfik primerlere ait özellikler Çizelge 3.3’de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan SSR markörleri ve tanımlayıcı bilgileri

Primer adı	Bağlantı grubu	Forward (5’-3’)	Reverse (3’-5’)
AD147	LG1	AGCCCAAGTTTCTTCTGAATCC	AAATTCGCAGAGCGTTTGTTAC
AA474	LG1	GCCACACAAGTGGTTCTATAAAT	ATTAGTCGTTTTCTGAAACATCAAAG
AA67	LG1	CCCATGTGAAATTCTCTGAAGA	GCATTTCACTTGATGAAATTTTCG
AC75	LG1	CGCTCACCAAATGTAGATGATAA	TCATGCATCAATGAAAGTGATAAA
D21	LG1	TATTCTCCTCCAAAATTCCTT	GTCAAATTAGCCAAATTCCTC
AB28	LG1	CCTGAGTCATCACATAGGAGAT	GCAGAAGTATTTGACTTGATGGAA
AA205	LG2	TACGCAATCATAGAGTTTGAA	AATCAAGTCAATGAAACAAGCA
AB149	LG2	ACAAAGGATGATGAAAGACCCG	TCATTACTCAAAGAATGCACCCAC
AB33	LG2	CATTGAATTTGTGGGAGAAAGG	TGTGGATGTTGCAATTTTCGT
AA504	LG2	TGAGTGCAGTTGCAATTTTCG	TCAGATGAAGAGCATGTGGG
AD148	LG2	GAAACATCATTGTGTCTTCTTG	TTCCATCACTTGATTGATAAAC
AA372.1	LG2	GAGTGACCAAAGTTTGTGAA	CCTGAACCCATTTTAAAGAGT
D23	LG2	ATGGTTGTCCCAGGATAGATAA	GAAAACATTGGAGAGTGGAGTA
AA153	LG2	TTTGATAGTCCGACTTTTCCAT	GTGACAAAAGAATTCAAAACGC
AD73	LG3	CAGCTGGATTCAATCATTGGTG	ATGAGTAATCCGACGATGCCTT
AD270	LG3	CTCATCTGATGCGTTGGATTAG	AGGTTGGATTTGTTGTTTGTG
AA5	LG3	TGCCAATCCTGAGGTATTAACACC	CATTTTGCAGTTGCAATTTTCGT
AA122	LG4	GGGTCTGCATAAGTAGAAGCCA	AAGGTGTTTCCCCTAGACATCA
AD61	LG4	CTCATTCAATGATGATAATCCTA	ATGAGGTACTTGTGTGAGATAAA
A9	LG4	GTGCAGAAGCATTTGTTTCAGAT	CCCACATATATTTGGTTGGTCA
AA315	LG4	AGTGGGAAGTAAAAGGTGTAG	TTTCACTAGATGATATTTTCGTT

Çizelge 3.3.'ün devamı

Primer adı	Bağlantı grubu	Forward	Reverse
AA92	LG4	AAGGTCTGAAGCTGAACCTGAAG G	GCAGCCACAGAAGTGCTTCAA
AB45	LG4	ATTACACCAACAATCTCCCACT	TGTAGAAGCATTGTTGGTAGTTG
AB23	LG5	TCAGCCTTTATCCTCCGAATA	GAACCCCTGTGCAGAAGCATTAA
AC58	LG5	TCCGCAATTTGGTAACACTG	CGTCCATTTCTTTTATGCTGAG
AA399	LG5	CCATTGGTATATGAAAGATCGCT	TCCCAATTAATATGGCTAGGCT
PSGAPA-1	LG5	GACATTGTTGCCAATAACTGG	GGTCTGTTCTCAATACAAG
AA163.2	LG5	TAGTTTCCAATTCAATCGACCA	AGTGTATTGTAAATGCACAAGGG
AD55.2	LG5	AACACATTAATAAGTCCACAC	AAACCTATCACTTTAGAAACCT
AA99	LG5	AACAATAACATGGCAAAGATT	ACCTTGCGATATAATTGATG
AD51	LG6	ATGAAGTAGGCATAGCGAAGAT	GATTAAATAAAGTTCGATGGCG
AB20	LG6	TTGCATCCCACACAAGTGGT	ACCTCCAGGTTCTGCCTTATCT
AC76a	LG6	CCCAATCCAATAAATAAAGAAA	AATGGTTGTTATGCCATTTT
AD159	LG6	AGCTTGGAACCACAAGATTAGT	GTGAATGATAATTCTCACCCCTC
AA285	LG6	TCGCCTAATCTAGATGAGAATA	CTTAACATTTTAGGTCTTGGAG
AC74	LG6	CCTTAGTGTTCTTCAACTC	ACAGAACCAAGTTATCAATA
AD146	LG7	TGCTCAAGTCAATATATGAAGA	CAAGCAAATAGTTGTTTTGTTA
AA19	LG7	GCAGTTGTTGTACCCTAAAATT	TGTATTAGATGAAATTTTGTCT C
AA339	LG7	GTGTAGAAGTATTTTACTTGATG	CATCTATTGAAGGAAAATTAT
AD237	LG7	AGATCATTTGGTGTGTCAGTG	TGTTTAATACAACGTGCTCCTC
AA206	LG7	CTGAGAACTCAACGCTCAGACG	CGAGGGTCGAGTTCTGAGATTT
AA90	LG7	CCCTTACCATATTTTCGTTTCT	TGCGACTCCATTCTAGTATTG

3.2.8. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

Polimeraz zincir reaksiyonu, her bir örnek için 1.5 μL dNTP, 1.25 μL MgCl_2 , 1.5 μL PCR buffer, 0.1 μL Taq DNA polimeraz, 7.62 μL ultra saf su, 1 μL F primer, 1 μL R primer ve 1.5 μL DNA olmak üzere toplam 15 μL hacimde hazırlanmıştır (Çizelge 3.4). Elde edilen karışım 8'li strip tüplere dağıtılarak, Blue-Ray Turbo Cycler ve Peqlab Thermocycler Primus 96 marka cihazlarda PCR işlemleri gerçekleştirilmiştir. PCR amplifikasyon koşulları her primer için bağlanma sıcaklıkları hariç, ön denatürasyon, denatürasyon, uzama, döngü sayısı ve son uzama aynı olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. PCR amplifikasyonunda ön denatürasyon 95°C'de 3 dk, denatürasyon 94 °C'de 50 s, primerlerin bağlanması 45-55 °C'de 40 s, uzama 72 °C'de 50 s, 35 kez döngüden sonra son uzama 72 °C'de 5 dk ve bekleme süresi +4 °C'de ∞ (sonsuz) olarak tamamlanmıştır (Çizelge 3.5).

Çizelge 3.4. PCR bileşenleri ve karışım miktarları

PCR bileşenleri	Karışım miktarları (μL)
dNTP (2 μmol)	1.5
MgCl_2 (25mM)	1.25
10X PCR buffer	1.5
Taq DNA Polimeraz (5 u/ μL)	0.1
ddH ₂ O	7.62
Primer (Fw+Rev) (10pmol)	1+1
DNA (20ng)	1.5

Çizelge 3.5. PCR ampifikasyon koşulları

Aşamalar	Sıcaklık	Süre	Döngü sayısı
Ön denatürasyon	94 °C	3 dk	1
Denatürasyon	94 °C	50 s	35
Primerlerin bağlanması	45-55 °C	40 s	
Uzama	72 °C	50 s	
Son uzama	72 °C	5 dk	1
Bekleme	+4 °C	∞	1

3.2.9. Agaroz jel hazırlanması ve ürünlerin jele yüklenmesi

PCR amplifikasyonu tamamlandıktan sonra elde edilen PCR ürünlerinin büyüklük farklarına bakarak oluşan bantların birbirlerinden ayrımını görsel olarak inceleyebilmek ve skorlayabilmek için agaroz jel elektroforezi kullanılmıştır. Çalışmada kullanılmak üzere 100 ml 1X TAE tampon çözelti içerisine 3 g agaroz eklenmiştir ve çözeltinin homojen hale gelebilmesi için 5 dk süreyle mikrodalga fırında ısıtılarak %3'lük jel hazırlanmıştır. Mikrodalga fırından çıkarılan jel yaklaşık 60 °C'ye kadar soğutulduktan sonra PCR ürünlerinin UV ışık altında parlamasını sağlayan Ethidium Bromide kimyasalından jel içerisine 5 µl eklenerek hafifçe karıştırılmıştır. Homojen karışım haline getirilen agaroz jel, ürünlerin yükleneceği kuyucukları elde edebilmek için 26 kuyucuklu tarakların takılı olduğu jel kalıbına dökülmüştür. Jeller tamamen donduktan sonra taraklar dikkatli bir şekilde kalıplardan çıkarılmıştır. Agaroz jelin hazırlanmasında kullanılan TAE tampon çözeltisi ile dolu elektroforez tankına, hazır donmuş jeller yerleştirilmiştir. 15 µl PCR ürünleri, 2 µl bromofenol mavi boya ile boyanarak %3'lük agaroz jellerin kuyucuklarına yüklenmiştir (Şekil 3.4). Ürün büyüklüklerini (moleküler ağırlıklarını) belirleyebilmek için ise 1kB plus markör (Thermo Scientific GeneRuler 1kB plus DNA Ladder) kullanılmıştır. Güç kaynağına bağlı olan elektroforez tank, yaklaşık 100 dk boyunca 75 voltta koşturularak bantların birbirinden ayrılması sağlanmıştır.



Şekil 3.4. PCR ürünlerinin agaroz jele yüklenmesi

3.2.10. UV cihazında agaroz jellerin görüntülenmesi ve skorlanması

Jel elektroforezinde PCR ile çoğaltılan DNA parçalarının koşturma işlemi sonrasında, bantları görüntülenmek için agaroz jel UV transillimünatöre konularak fotoğraflanmıştır (Şekil 3.5). Her jelde hatların yanında yüklü olan anne ve baba DNA'larının büyüklüklerine göre skorlamaları yapılmıştır. F₄ rekombinant kendilenmiş hatlardan anneyle aynı bant büyüklüğüne sahip olanlar "A" olarak, baba ile aynı bant

büyüklüğüne sahip olanlar “B” olarak ve hem anne hem de baba banlarına sahip olanlar ise “H” olarak skorlanmıştır. Bant göstermeyen hatlar “-” olarak skorlamaları yapılmıştır.



Şekil 3.5. Elektroforez işlemi sonrası agaroz jelin UV transillimünatörde görüntülerinin elde edilmesi

3.2.11. Genetik haritanın oluşturulması

Çalışmada kullanılan 70 SSR markörden polimorfik olan 44 tane markör, 114 tane rekombinant kendilenmiş hatların ebeveyn benzerliklerine göre A, B, H ve - olarak skorlanmıştır. Markörlerin genetik bağlantı haritası Join-Map 4.1 programı kullanılarak oluşturulmuştur (van Ooijen 2011). Markörler, Join-Map 4.1 programının Haldane harita yöntemi kullanılarak LOD değeri 3’den büyük bağlantı gruplarına (LG’ler) atanmıştır. Bu çalışmada tanımlanan bağlantı grupları, daha önce bildirilen bezelye genetik haritasındaki ortak markörlere dayalı olarak yedi bezelye kromozomuna hizalanmıştır (Loridon vd. 2005).

3.2.12. Kantitatif özellik lokusların (QTL) analizi

Tez kapsamında yürütülen çalışmada fenotiplenen erkencilik (çiçeklenme gün sayısı), bakla bağlama gün sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, boğum arası, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu, biyolojik verim, dane verimi ve hasat indeksi kantitatif özelliklerin lokuslarının (QTLs) belirlenmesi için QGene programı kullanılmıştır. QTL analizinde Simple Interval Haritalama (SIM) ve Composite Interval Haritalama (CIM) metodları kullanılmıştır. Her bir kantitatif özellik için LOD değeri 3

ve üzerinde olanlarda QTL belirlenmiştir. Belirlenen QTL'leri, oluşturulan genetik haritanın üzerinde işaretleyebilmek için MapChart 2.0 (Voorrips 2002) programı kullanılmıştır. Gen davranışı, Stuber vd. (1987) tarafından belirlenen, tahmini dominans etkinin mutlak değerinin, tahmini eklemeli (additive) etkinin mutlak değerine bölünmesiyle ($|d| / |a|$) hesaplanmıştır. Bölüm sonucundan elde edilen değerler 0-0.20 arası additive; 0.21-0.80 arası kısmi dominans; 0.81-1.20 arası dominans; ve 1.20 üzeri ise üstün dominans olarak sınıflandırılmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Tez çalışması kapsamında *Pisum sativum* (ACP 20) ve *Pisum fulvum* (AWP 600) türler arası melezlemeden ilerletilen F₂ ve F₃ popülasyonlarında çiçeklenme gün sayısı, bakla bağlama gün sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu, biyolojik verim, dane verimi ve hasat indeksi gibi bazı önemli fenolojik ve agro-morfolojik özelliklerin transgresif açılmaları ve dar anlamda kalıtım dereceleri belirlenmiştir. 114 adet F₄ rekombinant kendilenmiş hatlar, 70 SSR markörle taranarak polimorfik olan 44 SSR markör ile bezelyede genetik bağlantı harita oluşturulmuştur. F₄ popülasyonunda özellikle erkencilik özelliğinin QTL(ler)'in belirlenmesi için çiçeklenme gün sayısı, bakla bağlama gün sayısı fenolojik özelliklere ek olarak, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, boğum arası, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu, biyolojik verim, dane verimi ve hasat indeksi morfolojik özelliklerde de fenotipleme yapılmıştır. Yapılan analiz sonuçlarına göre erkencilik, bitki boyu, boğum arası, bitkide bakla sayısı ve baklada dane sayısı için QTL'ler tespit edilmiştir. Tez çalışmasından elde edilen bulgular, önemli çalışmalar ile karşılaştırılarak aşağıda tartışılmıştır.

4.1. F₂ ve F₃ Popülasyonlarında Fenolojik ve Agro-morfolojik Özellikler için Transgresif Açılmalar

Tez kapsamında *P. sativum* (ACP 20) ve *P. fulvum* (AWP 600) türler arası melezlemeden ilerletilen F₂ ve F₃ popülasyonunda bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu, biyolojik verim, dane verimi ve hasat indeksi agro-morfolik özellikleri için transgresif açılmalar belirlenmiştir. Transgresif açılma, melez bireylerin herhangi bir özellik için ebeveynlerini daha iyi yada daha kötü yönde aşması olarak bilinmektedir (Vega ve Frey 1980; deVicente ve Tanksley 1993; Rieseberg vd. 1999; Koide vd. 2019). Reyes (2019), transgresif fenotiplerin, eklemeli alellerin ebeveynlerine göre daha iyi veya daha kötü bir şekilde meydana gelmesi, farklı ebeveyn özelliklerinin epistatik etkileşimleri, heterozigot bir ebeveyn den resesif alellerin ortaya çıkması veya bu mekanizmaların herhangi bir kombinasyonunun bir sonucu olarak ortaya çıktığını vurgulamıştır. Bu tür transgresif açılmalar, kendine döllen bitkilerin ıslahında üstün çeşitler elde etmek için son derece önemlidir. F₂ generasyonunda gözlemlenen transgresif bireyler yüksek heterozigotluğa sahip olmasına rağmen, transgresif bireyler baskın alellerin birikiminden kaynaklanıyorsa heterozigotluğun korunabileceği vurgulanmıştır (Shreya vd. 2017).

Tez kapsamında anne ebeveyn olarak kullanılan ACP 20 genotipinin bitki boyu 137 cm iken, polen donörü olarak kullanılan AWP 600 genotipinin bitki boyu 41.3 cm olarak bulunmuştur. Bitki boyu F₂ popülasyonunda 16 ve 244 cm aralığında bulunmuştur. F₃ popülasyonunda ise bitki boyu aralığı 7-252 cm olarak belirlenmiştir. Makinalı tarımda öne çıkan bir özellik olan ilk bakla yüksekliği ACP 20 genotipinde 37.4 cm, AWP 600 genotipinde 5.3 cm olarak bulunmuştur. İlk bakla yüksekliği F₂ popülasyonunda 2-102 cm arasında bulunurken, F₃ popülasyonunda 1-92 cm aralığında olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.1). Çoğu ıslah çalışmasının ana hedeflerinden biri verimi artırmaktır, ancak verim ve verimi etkileyen özelliklerin çoklu genler tarafından idare edilmesi ve çevre şartlarından etkilenmesi nedeniyle verim artışı sağlamak ıslahçılar için zahmetli olmaktadır. Bu nedenle, transgresif açılma popülasyonlarının genetik varyasyonlarından yararlanmak ve arzu edilen özelliğin seleksiyonunda oldukça faydalı olmaktadır. Verimi

etkileyen en önemli özelliklerden biri olan bitkide bakla sayısı ACP 20’de 18 adet, AWP 600’de 22 adet belirlenmiştir. Diğer agro-morfolojik özellikler gibi bitkide bakla sayısında da geniş transgresif açılma gözlenmiştir. F₂ popülasyonunda bitkide bakla sayısı en az 7 adet, en fazla 81 adet olarak belirlenirken, F₃ popülasyonunda en az 1, en fazla 68 adet bulunmuştur (Çizelge 4.1.). Bitkide bakla sayısı F₂ popülasyonunda en iyi ebeveyne göre yaklaşık 4 kat, F₃ popülasyonunda ise 3 kat fazla olduğu belirlenmiştir. Yine verimi etkileyen bir diğer önemli özellik olan baklada dane sayısı, ACP 20 genotipinde 4.7 adet, AWP 600 genotipinde 3 adet olarak belirlenmiştir. Baklada dane sayısı F₂ ve F₃ popülasyonlarında sırasıyla 1-4.7 ve 1-5 adet aralığında belirlenmiştir. ACP 20 genotipinde 7.3 cm, AWP 600 genotipinde 4.2 cm olarak ölçülen bakla boyu, F₂ popülasyonunda 2.7-7.7 cm aralığında, F₃ popülasyonunda 1-8 cm aralığında değişkenlik göstermiştir. Biyolojik verimin yüksek olması yem yetiştiriciliği yapan çiftçiler tarafından tercih edilmektedir. ACP 20 genotipinde biyolojik verim 86.5 g, AWP 600 genotipinde 27.2 g olarak belirlenmiştir. F₂ popülasyonunda biyolojik verim 26-237 g arasında, F₃ popülasyonunda 4-243 g arasında değiştiği belirlenmiştir (Çizelge 4.1). Bezelye, hayvan beslemesinde kullanıldığında daneden daha çok vejetatif aksam üreten bitkiler seçilmektedir. Bezelyenin kullanım alanlarından kuru dane, konservelik veya dondurulmuş gibi ürünlerde ise dane verimi oldukça önemli olmaktadır.

Tez çalışması kapsamında kuru dane verimi, ACP 20 ebeveyninde 33.4g, AWP 600 ebeveyninde 3.9 g belirlenirken, F₂ popülasyonunda 10-83 g, F₃ popülasyonunda 4.2-79.8 g aralığında bir değişime sahiptirler. Hasat indeksi ise ACP20 ve AWP600 ebeveynlerde sırasıyla %38.3 ve %14.4 olarak hesaplanmıştır. Bu özelliğin değişim aralıkları F₂ ve F₃ popülasyonlarında sırasıyla %8.7-%69.7 ve %2.8-%65.7 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.1). Ulaşılabilir literatürlere göre bezelyede transgresif açılma çalışmaları oldukça sınırlı olmakla birlikte, yapılan bir çalışmada *P. sativum* ve *P. sativum* tür içi melezlemeden ilerletilen F₂ ve F₃ popülasyonlarında çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu, tohum çapı, dane verimi özellikleri için transgresif açılmalar değerlendirilmiştir (Guindon vd. 2019). F₂ ve F₃ popülasyonlarında bir çok özellik için %10’dan fazla transgresif açılma olduğu bildirilmiştir (Guindon vd. 2019). Son zamanlarda yapılan bir çalışmada, *P. sativum* türünden ilerletilen F₂ ve F₃ bireylerinde fenolojik ve morfolojik bazı özellikler için yaklaşık %45 oranında transgresif açılma meydana geldiğini ve arzu edilen özelliklerin seleksiyonu için umut vadeden bireylerin olduğu bildirilmiştir (Cazzola vd. 2020).

Bezelye melezleme ıslahı çalışmaları genellikle ebeveyn seçimi için farklı genotiplerde genetik çeşitlilik çalışmaları gerçekleştirilmiştir (Kahn vd. 2016; Kumar vd. 2017). Huang ve Han (2014), kantitatif bir özellikteki fenotipik varyasyon aralığının genetik çeşitliliğe bağlı olduğunu vurgulamışlardır. Bu durum, tez çalışmasında elde edilen kantitatif özelliklerde ki varyasyonun, ebeveynlerde farklı türlerin genetik çeşitliliğinden faydalanıldığını desteklemektedir.

Ayrıca başka çalışmalarda, verim ve verim bileşenleri için buğdayda (*Triticum aestivum* L.) (Yadav vd. 1998); dane verimi için mercimekte (*Lens culinaris* Medik.) (Chahota vd. 2007); verim ve verim bileşenleri için *Cicer arietinum* × *C. reticulatum* nohut türler arası melezlemede (Koseoglu vd. 2017); toplam biyokütle, hasat indeksi, dane verimi gibi özellikler için yer fıstığında (*Arachis hypogaea* L.) (Shreya vd. 2017) ve erkencilik için Hint bezelyesinde *Cajanus cajan* (L.) Millsp., önemli transgresif açılmalar bildirilmiştir (Srivastava ve Saxena 2019).

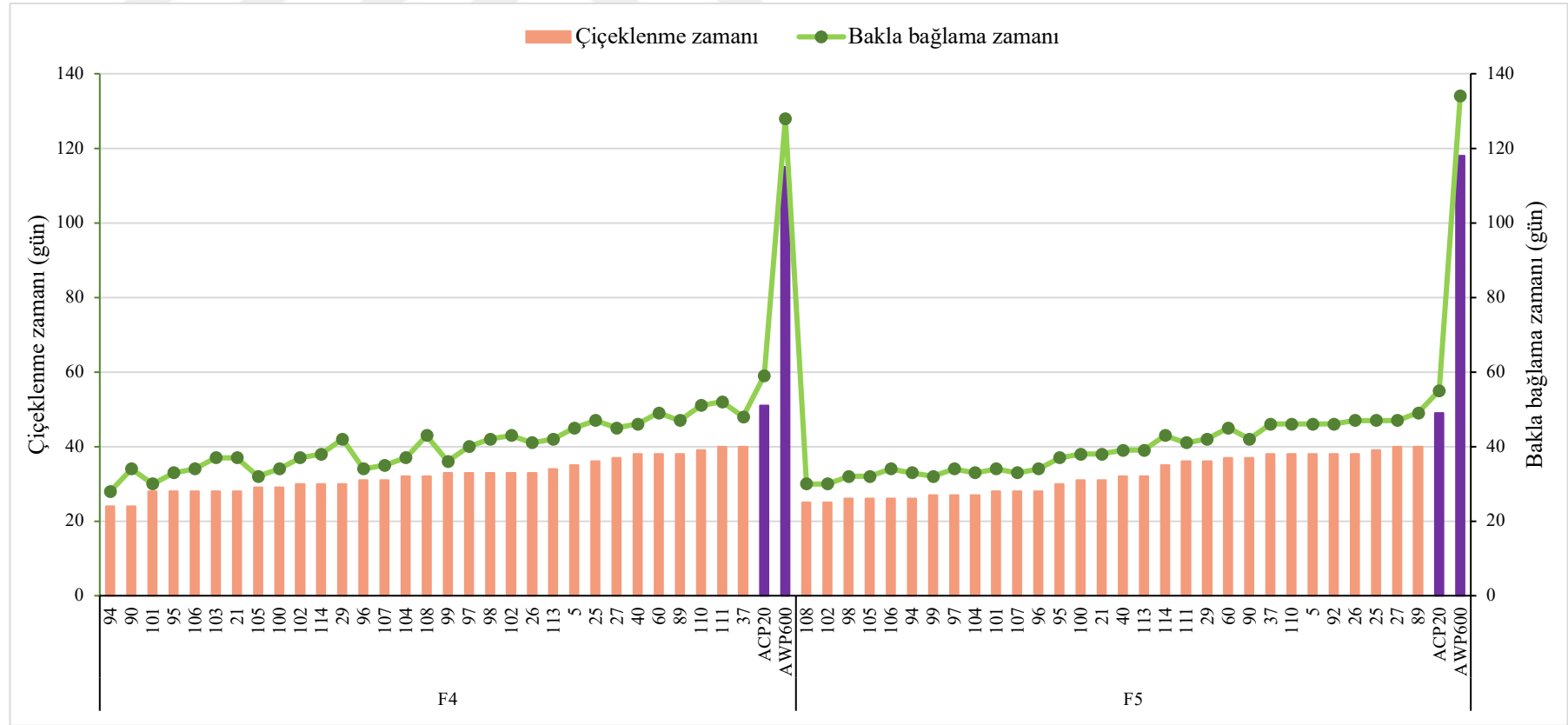
4.2. Fenolojik ve Agro-morfolojik Özellikler için Dar Anlamda Kalıtım Dereceleri

Tez çalışmasında değerlendirilen fenolojik ve agro-morfolojik özellikler için dar anlamda kalıtım dereceleri, *P. sativum* ve *P. fulvum* türler arası melezlemeden ilerletilen F₂ popülasyonu ebeveyn, F₃ popülasyonu döl olarak kullanılarak ebeveyn-döl regresyonuna göre gerçekleştirilmiştir. En yüksek dar anlamda kalıtım derecesine sahip özellikler %82 ile çiçeklenme zamanı ve %80 ile bakla bağlama zamanı olmuştur (Çizelge 4.1). Singh vd. (2011) tarafından yapılan bir çalışmada da, bezelyede çiçeklenme zamanının yüksek kalıtım derecesine sahip olduğu bildirilmiştir. Baklada dane sayısı özelliğinin dar anlamda kalıtım derecesi %50, bitki boyu ve ilk bakla yüksekliği özellikleri için %45 olarak hesaplanmıştır. Biyolojik verim, bakla boyu, bitkide bakla sayısı ve dane verimi için sırasıyla %37, %36, %33 ve %28 olarak hesaplanmıştır. En düşük kalıtım derecesine sahip özellik ise %16 ile hasat indeksi olmuştur (Çizelge 4.1).

Guindon vd. (2019) tarafından açıklanan bir kalıtım sınıflandırılmasına göre, %50'den büyük kalıtım derecesine sahip olanlar yüksek, %30-50 arasında kalıtım derecesine sahip olanlar orta ve %30'dan küçük kalıtım derecesine sahip olanlar ise düşük kalıtım gösterdikleri bildirilmiştir. Bu sınıflandırmaya göre, tez çalışması kapsamında çiçeklenme zamanı ve bakla bağlama zamanı yüksek, baklada dane sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, biyolojik verim, bakla boyu ve bitkide bakla sayısı özellikleri orta düzeyde kalıtım gösterirken, dane verimi ve hasat indeksi düşük düzeyde kalıtıma sahip olduğu bulunmuştur. Benzer şekilde başka bir çalışmada bezelyede F₃ popülasyonu kullanılarak çiçeklenme zamanı özelliği için %98 oranında geniş anlamda kalıtım derecesi bildirilmiştir (El-Shaieny ve Ibrahim 2017). Dar anlamda kalıtım derecesi yüksek olan özellikler için erken dönemde seleksiyon yapılabilir. Tez çalışmasında elde edilen yüksek kalıtım derecesine sahip F₂ ve F₃ popülasyonundaki erkenci bireyler (Çizelge 4.1), F₄ ve F₅ popülasyonlarında 24-25 günde çiçeklenme göstererek (Şekil 4.1) özellik sabitlenmiştir.

Çizelge 4.1. *P. sativum* ve *P. fulvum* türler arası melezlemeden ilerletilen bireyler ve onların ebeveynlerinde fonolojik ve agro-morfolojik özelliklere ait minimum (Min) ve maksimum (Max), ortalama ($\bar{X}$) $\pm$ standart hata ($S_{\bar{X}}$) ve dar anlamda kalıtım derecesi (h^2) değerleri

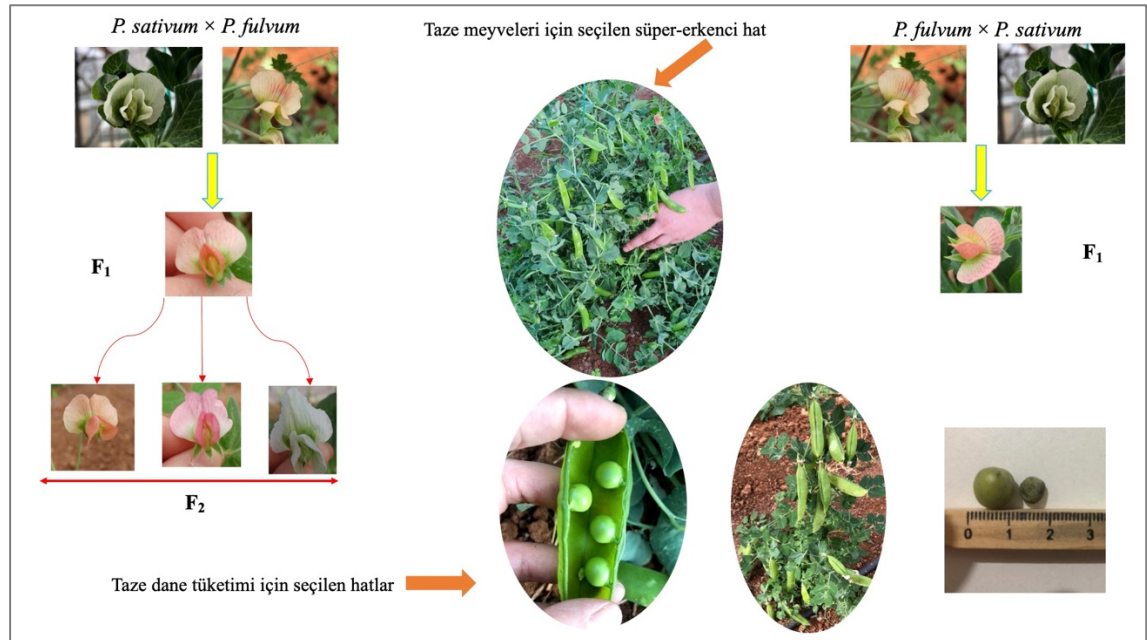
Özellikler	ACP 20		AWP 600		F ₁		F ₂		F ₃		h^2 (%)
	Min-Max	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Min-Max	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Min-Max	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Min-Max	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Min-Max	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	
Çiçeklenme gün sayısı	48.0-52.0	50.3 $\pm$ 1.2	119.0-127.0	123.7 $\pm$ 2.4	63.0-64.0	63.5 $\pm$ 0.3	17.0-96.0	58.6 $\pm$ 1.9	13.0-180.0	97.4 $\pm$ 4.7	82
Bakla bağlama gün sayısı	55.0-60.0	57.7 $\pm$ 1.4	128.0-139.0	133.3 $\pm$ 3.2	73.0-75.0	74.3 $\pm$ 0.5	29.0-103.0	68.6 $\pm$ 1.9	18.0-188.0	103.2 $\pm$ 4.7	80
Bitki boyu	134.0-142.0	137.0 $\pm$ 2.5	39.0-43.0	41.3 $\pm$ 1.2	167.0-178.0	174.3 $\pm$ 2.5	16.0-244.0	129.0 $\pm$ 6.4	7.0-252.0	94.5 $\pm$ 6.3	45
İlk bakla yüksekliği	33.0-36.0	34.7 $\pm$ 0.9	5.0-6.0	5.3 $\pm$ 0.3	51.0-64.0	59.0 $\pm$ 2.9	2.0-102.0	36.9 $\pm$ 2.7	1.0-92.0	22.7 $\pm$ 1.9	45
Bitkide bakla sayısı	16.0-20.0	18.0 $\pm$ 1.1	21.0-24.0	22.7 $\pm$ 0.9	29.0-32.0	30.3 $\pm$ 0.6	7.0-81.0	41.3 $\pm$ 2.0	1.0-68.0	18.5 $\pm$ 1.1	33
Baklada dane sayısı	4.0-5.0	4.7 $\pm$ 0.3	3.0-3.0	3.0 $\pm$ 0.0	2.0-3.0	2.5 $\pm$ 0.3	1.0-4.7	1.9 $\pm$ 0.1	1.0-5.0	2.4 $\pm$ 0.1	50
Bakla boyu	7.0-8.0	7.3 $\pm$ 0.3	4.0-4.5	4.2 $\pm$ 0.2	3.7-4.3	3.9 $\pm$ 0.2	2.7-7.7	4.7 $\pm$ 0.1	1.0-8.0	4.3 $\pm$ 0.1	36
Biyolojik verim	79.8-91.3	86.5 $\pm$ 3.4	26.7-27.9	27.2 $\pm$ 0.3	67.0-78.0	72.0 $\pm$ 2.7	26.0-237.0	124.5 $\pm$ 6.1	4.0-243.0	75.0 $\pm$ 4.9	37
Dane verimi	24.8-40.2	33.4 $\pm$ 4.5	3.7-4.3	3.9 $\pm$ 0.2	23.0-30.0	26.3 $\pm$ 1.5	10.0-83.0	35.8 $\pm$ 1.8	4.2-79.8	14.4 $\pm$ 1.8	28
Hasat indeksi	31.0-44.0	38.3 $\pm$ 3.8	13.9-15.4	14.4 $\pm$ 0.5	33.8-38.5	36.4 $\pm$ 1.0	8.7-69.7	31.8 $\pm$ 1.5	2.8-65.7	22.6 $\pm$ 0.9	16



Şekil 4.1. *P. sativum* ve *P. fulvum* türleri arası melezlemeden ileriyeletilen F₄ ve F₅ popülasyonlarında elde edilen erkenci bireylerin çiçeklenme ve bakla bağlama zamanları

4.3. F₂ Popülasyonunda Çiçek Renginin Kalıtımı

Anne ebeveyn olarak kullanılan *P. sativum* beyaz çiçek rengine sahipken, baba olarak kullanılan *P. fulvum* turuncu çiçek rengine sahiptir. *P. sativum* ve *P. fulvum* melezi ve resiprokalı olan *P. fulvum* ve *P. sativum* melezinden elde edilen F₁ bireylerinin tümü turuncu çiçek rengine sahip olduğu gözlemlenmiştir (Şekil 4.3). Turuncu çiçek renginin beyaz çiçek rengine dominant olduğu her iki melezlemede de görülmüştür. Turuncu rengin beyaz renge dominant olduğu Kosterin vd. (2019) tarafından da rapor edilmiştir. F₂ popülasyonundan elde edilen bireylerde çiçek rengi turuncu, pembe ve beyaz renk olmak üzere üç ayrı kategoriye ayrılmıştır (Şekil 4.3). F₂ popülasyonunda yapılan ki-kare analizi sonucuna göre çiçek renkleri 12:3:1 açılımına uyduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.2). Genler arası interaksiyon sonucu meydana gelen bu açılım, değiştirici gen etkisi (dominant epistasi) olarak bilinmektedir (Clevenger 1975). Bezelyede yapılan bir tür içi melezlemede ise mor ve beyaz çiçek renklerine sahip iki genotipin melezlenmesi sonucu elde edilen F₁ bitkilerinin tamamının mor renkte olduğu ve mor renginin beyaz renge dominant olduğu bildirilmiştir (Nisar ve Ghafoor 2010). Kosterin vd. (2019) *P. fulvum* türünü *P. abyssinicum*, *P. elatius* ve *P. sativum* türlerine ait genotiplerle farklı kombinasyon melezleri denemişlerdir. Melezleme sonuçlarına göre *P. fulvum*'un dahil edildiği melezlerin F₁ bitkilerinde somon, kiremit rengi, açık pembeden kırmızıya yakın koyu renge kadar değişen çiçeklerin elde edildiğini ve çiçek renginin kantitatif olarak kontrol edildiğini bildirmişlerdir (Kosterin vd. 2019).



Şekil 4.2. F₁, F₂ bireylerine ait çiçek renkleri ve F₅ popülasyonundan seçilen süper-erkenci bireylere ait genel görüntüler

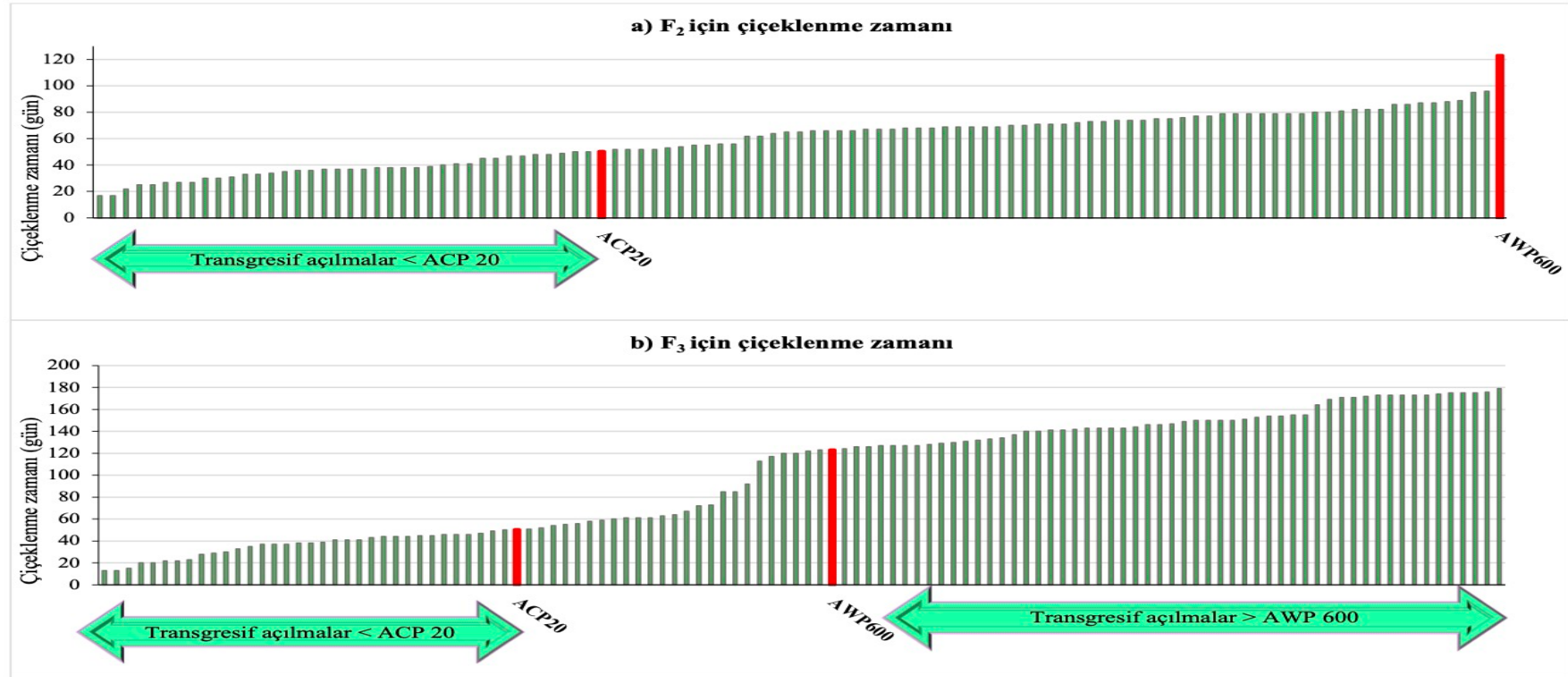
Çizelge 4.2. F₂ popülasyonunda çiçek renginin açılımı ve ki-kare analizi

Melez	Çiçek rengi (F ₁)	Çiçek rengi (F ₂)	Beklenen Oran	Bitki sayısı		χ^2	P
				Gözlenen	Beklenen		
ACP 20	Turuncu	Turuncu	12	77	86.2	7.73	0.25-0.1
×		Pembe	3	24	21.5		
AWP 600		Beyaz	1	14	7.2		

4.4. Süper-Erkenci Bireylerin Seleksiyonu

Çiçeklenme zamanı, anne ebeveyn olarak kullanılan *P. sativum* için ortalama 50 gün ve polen donörü olarak kullanılan *P. fulvum* için ortalama 123 gün olarak kaydedilirken, F₂ popülasyonunda süper erkenci bireyler çimlenmeden 17 gün sonra ve F₃ popülasyonunda 13 gün sonra çiçeklenmeleri başlamıştır (Şekil 4.2). Bakla bağlama zamanı ise *P. sativum*'da ortalama 58 gün, *P. fulvum*'da ortalama 133 günde gerçekleşmiştir. Süper erkenci bireylerde bakla bağlama zamanları F₂ popülasyonunda en erken 29 gün, F₃ popülasyonunda 18 gün olarak kaydedilmiştir (Çizelge 4.1).

F₄ popülasyonunda süper erkenci bireylerin çiçeklenme zamanları 24-40 gün arasında değişirken, bakla bağlama zamanları 28-52 gün arasında değişmektedir. F₅ popülasyonunda elde edilen erkenci bireyler 25-40 gün arasında çiçeklenme zamanına sahipken, bakla bağlama zamanlarının 30 ila 49 gün arasında değiştiği belirlenmiştir (Şekil 4.1.). Ulaşılabilir literatür tarama sonuçlarına göre, bezelyede yapılan hiçbir çalışmada 25 güne kadar olan bir çiçeklenme zamanı rapor edilmemiştir. Vanhala vd. (2016), bezelye adaptasyonunu araştırdıkları bir çalışmada, çiçeklenme zamanının 32.4 ila 87.2 gün, Watts vd. (1970) 52 ila 71 gün aralığında değiştiğini bildirmişlerdir. Bezelye yabani türlerinin melezleme çalışmalarında kullanılmasının, genetik çeşitliliği artırdığı bir çok araştırmacı tarafından rapor edilmiştir (Burstin vd. 2001; Nasiri vd. 2009; Jing vd. 2010; Smykal vd. 2017). Öyle ki F₂ popülasyonundaki süper erkenci bireyler anne ebeveynden 3 kat, baba ebeveynden 7.5 kat daha erken çiçeklenme göstermiştir. F₃ popülasyonunun süper erkenci bireylerinde ise anne ebeveyne göre 3.9 kat, baba ebeveyne göre 9.5 kat daha erken çiçeklenme gerçekleşmiştir. Daha önce yapılan başka bir aşırı taramada ise bezelyedeki melez bireylerin çiçeklenme zamanı bakımından ebeveyn ortalamalarını %2.6 ila %6.3 oranında aştıkları bildirilmiştir (El-Shaieny ve Ibrahim 2017). Tez çalışması kapsamında seçilen süper erkenci bireyler uygun şartlar altında yetiştirilirse, bir yılda 8-10 arası generasyon elde edilebileceği düşünülmektedir. Hızlı ıslah (Speed breeding) adı altında gerçekleştirilen hızlı yetiştirme yöntemiyle bezelyede bir yılda 6 generasyon elde edilmiştir (Ghosh vd. 2018; Watson vd. 2018).



Şekil 4.3. *P. sativum* (ACP 20) ve *P. fulvum* (AWP 600) türleri arası melezlemeden ileriyeletilen F₂ ve F₃ popülasyonlarında çiçeklenme zamanı için transgresif açılmalar.

Bezelyede erken çiçeklenen genotipler, abiyotik ve biyotik stresler gibi darboğazları en aza indirmede önemli bir rol oynamaktadır. İklim değişikliğinin gıda üretimi, geçim kaynakları ve gıda güvenliği üzerindeki etkisine dair artan küresel endişeler bulunmaktadır (Onyekachi vd. 2019; Schiermeier vd. 2019). Küresel ısınmanın, tarımsal üretimi olumsuz etkileyeceği ve gıda için en büyük tehlikelerden biri olacağı düşünülmektedir. Dünya nüfusunun 2030 yılına kadar 8 milyar olacağı tahmin edilmektedir, bu da mevcut gıda üretimine %60 'lık bir artış gerektirecektir (FAO 2017; 2018). Dünya nüfusunun büyük çoğunluğu şehirlerde yaşamaktadır ve kırsal alanlardan şehre göçün nedenleri düşünüldüğünde, tüketim oranının daha da fazla gıda açığı yaratması kaçınılmaz olmaktadır (Schiermeier vd. 2019). Uluslararası İklim Değişikliği Paneli (IPCC) verilerine göre, küresel ısınma 2030 yılına kadar 1.5°C'yi aşarak, en hassas ekosistemlerin kalıcı olarak kaybedilmesine neden olacaktır. Az gelişmiş ve gelişmekte olan ülkelerdeki toplumlar için krize yol açacağı düşünülmektedir (IPCC 2018).

Küresel ısınmadan kaynaklı olarak bitkilerin verimini önemli ölçüde azaltan abiyotik stres faktörleri arasında kuraklık ve yüksek sıcaklık streslerinin olacağı tahmin edilmektedir (Compant vd. 2010). Kuraklık ve sıcaklık etkilerinin iklim değişikliği ve artan su kıtlığı ile daha da yoğunlaşması beklenmektedir (Compant vd. 2010). Tarım alanlarını etkileyen iki farklı sıcaklık stresi bulunmaktadır. Bunlardan bir tanesi gündüz saatlerinde meydana gelen anlık sıcaklık artışının meydana getirdiği yüksek sıcaklık şoku ve diğeri ise gece veya gündüz optimum sıcaklıktan daha yüksek olan orta dereceli sıcaklıktır (Toker vd. 2007).

Dünyanın bazı bölgelerinde bezelye yetiştiriciliği yağmurla beslenen bölgelerde yapıldığından, bitkiler sıcaklık stresine maruz kalmaktadır. Bitkiler sıcaklık stresini tolere edebilmek için sıcaklıktan kaçış, sıcaklık toleransı ve sıcaklıktan kaçınma olmak üzere üç farklı mekanizma sergilemektedirler (Toker vd. 2014). Sıcaklıktan kaçış, bitkilerin yaşam döngülerini kısa sürede ve uygun koşullar altında hızlı bir şekilde tamamlamalarını sağlar ve bu şekilde bitkiler erken olgunlaşma sayesinde sıcaklıktan kaçma eğilimi göstermektedirler (Kooyers 2015; Shavkurov vd. 2017). Tez çalışmasında elde edilen süper erkenci bireyler yüksek sıcaklık stresinden kaçma kabiliyetine sahipken, geç olgunlaşan bireylerin çiçeklenme ve bakla bağlama dönemlerinde sıcaklık stresine maruz kaldıkları görülmüştür (Şekil 3.2).

4.5. Fenolojik ve Agro-morfolojik özelliklerin erkencilik üzerine doğrudan ve dolaylı etkileri

Agro-morfolojik özelliklerin çiçeklenme zamanı üzerindeki doğrudan ve dolaylı etkilerini incelemek için, *P. sativum* ve *P. fulvum* arasında türler arası melezlemeden elde edilen F₃ popülasyonunda path analizi gerçekleştirilmiştir (Çizelge 4.3). Bakla bağlama zamanı ($p=0.999^*$) ve ilk bakla yüksekliği ($p=0.018^*$) özelliklerinin çiçeklenme zamanı üzerinde doğrudan pozitif etkiye sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Bitki boyunun ($p=-0.021^*$) ise çiçeklenme zamanı üzerinde negatif yönde doğrudan etkisi olduğu bulunmuştur. Tez çalışmasında elde edilen erkenci bireylerin bitki boylarının geç olgunlaşanlara göre daha kısa oldukları belirlenmiştir. Bakla bağlama zamanı üzerine ise bitki boyu ($p=-0.498^*$), ilk bakla yüksekliği ($p=0.655^*$), bitkide bakla sayısı ($p=0.303^*$) ve biyolojik verim ($p=0.288^*$) özelliklerinin pozitif ve negatif yönde istatistiki olarak önemli etkilerinin bulunduğu tespit edilmiştir. Bitki boyu üzerine ise ilk bakla yüksekliği ($p=0.786^*$) ve bitkide bakla sayısı ($p=0.254^*$) özelliklerinin önemli etkileri bulunmaktadır (Çizelge 4.3). Daha önce yapılan çalışmalarda, bitkide bakla sayısının dane verimi ile pozitif ilişkili olduğu bildirilmiştir (Esposito vd. 2007; Guindon vd. 2019). Singh vd. (2011) bezelyede tür içi melezlemeden elde edilen F₂ popülasyonunda yapmış oldukları path analizi sonuçlarına göre, bitki boyu ve bitkide bakla sayısının dane verimi üzerinde doğrudan olumlu etkisi olduğunu ve çiçeklenme zamanının ise tersi yönde doğrudan etkisi olduğunu bildirmişlerdir. Benzer bulgular Singh ve Srivastava (2001) ve Tiwari vd. (2001) tarafından yapılan araştırmalarda da rapor edilmiştir. Tez çalışması kapsamında biyolojik verim ($p=0.551^*$) ve bitkide bakla sayısı ($p=0.409^*$) özelliklerinin dane verimi üzerinde önemli etkiye sahip olduğu ve bu bulgulara göre dane verimi seleksiyonu yaparken biyolojik verim ve bitkide bakla sayısı özelliklerine göre seleksiyon yapılması gerektiğini göstermektedir.

Çizelge 4.3. Agro-morfolojik özelliklerin çiçeklenme zamanı üzerinde doğrudan ve dolaylı etkiler

Özellikler	DP	PH	FH	NP	NS	PL	BY	SY	HI
DP	.999*	-.117	.165	.190	-.124	.132	.139	-.058	-.074
PH	-.498*	-.021*	.840*	.674*	-.178	.447	.295	-.390	-.307
FH	.655*	.786*	.018*	-.642*	.290	-.101	.208	.103	.253
NP	.303*	.254*	-.258*	.003	.321*	-.313*	.164	.409*	-.260
NS	-.103	-.035	.061	.167	-.001	.326*	-.026	.036	.004
PL	.118	.094	-.023	-.175	.350*	.003	-.035	.143	.108
BY	.288*	.144	.109	.213	-.065	-.082	.001	.551*	.087
SY	-.075	-.120	.034	.334	.057	.209	.347*	-.002	-.052
HI	-.055	-.053	.047	-.120	.004	.089	.031	-.029	.004

(DP: bakla bağlama zamanı; PH: bitki boyu; FH: ilk bakla yüksekliği; NP: bitkide bakla sayısı; NS: baklada dane sayısı; PL: bakla boyu; BY: biyolojik verim; SY: dane verimi ve HI: hasat indeksi) *istatistiki olarak önemli $P \leq 0.05$

4.6. SSR Markörler ile F₄ RIL Popülasyonunda Genetik Haritanın Oluşturulması

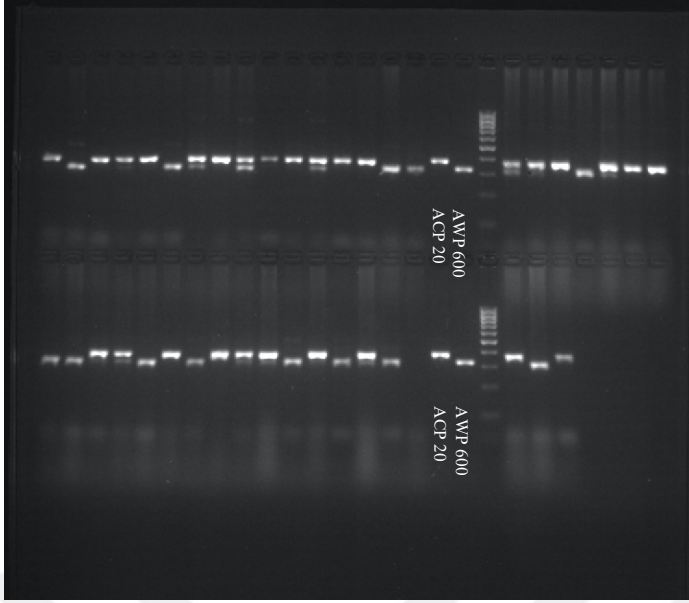
Tez çalışmasında *P. sativum* × *P. fulvum* türler arası melezlemeden tek tohum aktarma metoduyla elde edilen 114 bireyli F₄ RIL popülasyonu, kodominant olan 70 adet SSR markör ile taranmıştır. SSR markörler Loridon vd. (2005) tarafından oluşturulan genetik haritadan seçilmiştir. Haritanın oluşturulması için seçilen 70 SSR markörden ebeveynler arasında polimorfizm gösteren 45 tanesi çalışmada kullanılmıştır. Tüm popülasyon her bir markörle test edilip skorlandıktan sonra, Kosambi harita yöntemi kullanılarak LOD değeri 3'ten büyük bağlantı grupları seçilmiştir ve her biri bezelye kromozomlarını temsil eden toplam 7 bağlantı grubuna sahip genetik harita oluşturulmuştur.

Tez çalışması kapsamında oluşturulan haritada 44 markör yer alırken, 1 markör LOD3 değeri ile bağlanamamıştır. Haritanın toplam uzunluğu 262.6 cM olup, ortalama markör çözünürlüğü 5.9 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). En yoğun SSR markörlerle oluşturulan bezelye genetik haritası 239 polimorfik markör ile Loridon vd. (2005) tarafından bildirilmiştir.

Çizelge 4.4. F₄ RIL popülasyonunda SSR markörler ile oluşturulan genetik haritaya ait özellikler

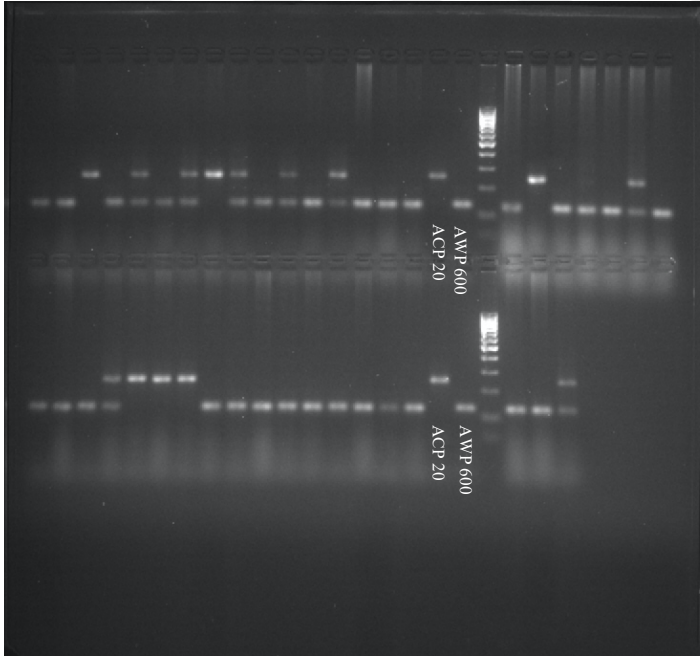
Bağlantı grupları (LGs)	Harita uzunluğu (cM)	Markör sayısı	Markör çözünürlüğü (cM)
LG1	27.6 cM	6	4.6 cM
LG2	46.7 cM	8	5.8 cM
LG3	25.3 cM	3	8.4 cM
LG4	38.4 cM	6	6.4 cM
LG5	39.6 cM	7	5.6 cM
LG6	44.7 cM	7	6.3 cM
LG7	40.3 cM	7	5.7 cM
Toplam	262.6 cM	44	5.9 cM

Tez çalışması kapsamında oluşturulan 7 bağlantı grubunda dağılan markörler, Loridon vd. (2005) tarafından bildirilen harita ile aynı bağlantı gruplarında yer almıştır. LG1'de AD147, AA474, AA67, AC75, D21 ve AB28 markörleri bağlanarak, toplam 27.6 cM uzunluğunda belirlenmiştir. LG1'in ortalama markör çözünürlüğü 4.6 cM olarak bulunmuştur (Çizelge 4.4). AA67 markörünün agaroz jel görüntüsü Şekil 4.4'te verilmiştir.



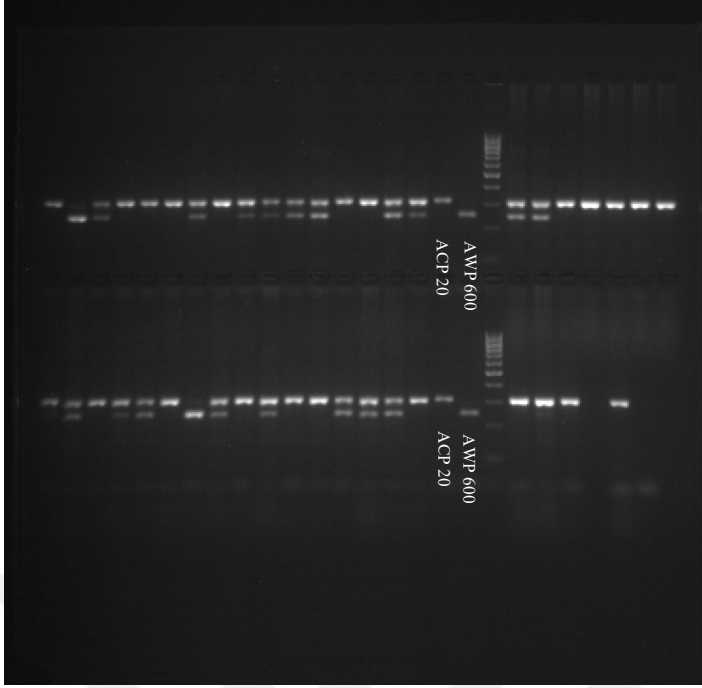
Şekil 4.4. AA67 markörünün agaroz gel görüntüsü

LG2 en çok marköre sahip bağlantı grubunu oluşturmuştur. AA205, AB149, AB33, AA504, AD148, AA372-1, D23 ve AA153 markörlerinden oluşan LG2 toplam 46.7 cM uzunluğa sahip ve ortalama markör çözünürlüğü 5.8 cM olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.4). AD148 markörünün agaroz gel görüntüsü Şekil 4.5'te sunulmuştur.



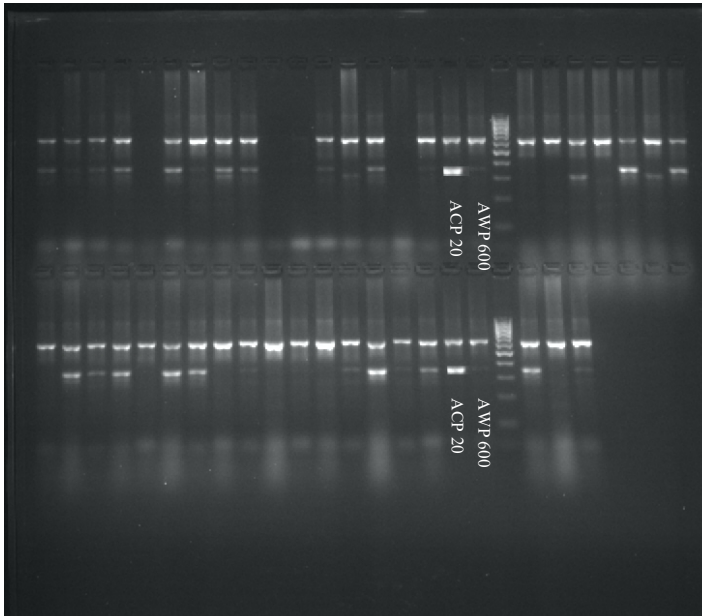
Şekil 4.5. AD148 markörünün agaroz gel görüntüsü

LG3 ise en az markör sayısına sahip bağlantı grubu olmuştur. Bağlantı grubu AD73, AD270 ve AA5 markörlerinden meydana gelmiştir. LG3'ün toplam uzunluğu 25.3 cM ve ortalama markör çözünürlüğü 8.4 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). AD270 markörünün agaroz gel görüntüsü Şekil 4.6'da verilmiştir.



Şekil 4.6. AD270 markörünün agaroz jel görüntüsü

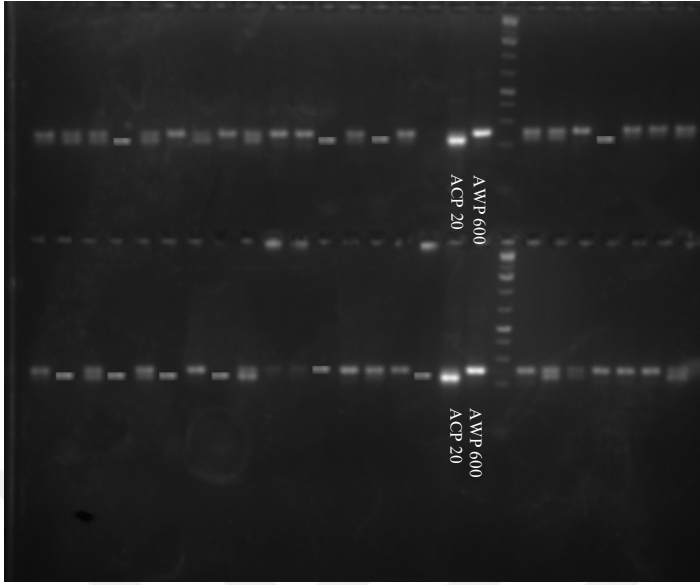
LG4, 6 markörden oluşmuştur (AA122, AD61, A9, AA315, AA92 ve AB45). Dördüncü bağlantı grubuna sahip olan LG4, 38.4 cM uzunluğunda ve 6.4 cM ortalama markör çözünürlüğünde olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.4). AB45 markörünün agaroz jel görüntüsü Şekil 4.7’de sunulmuştur.



Şekil 4.7. AB45 markörünün agaroz jel görüntüsü

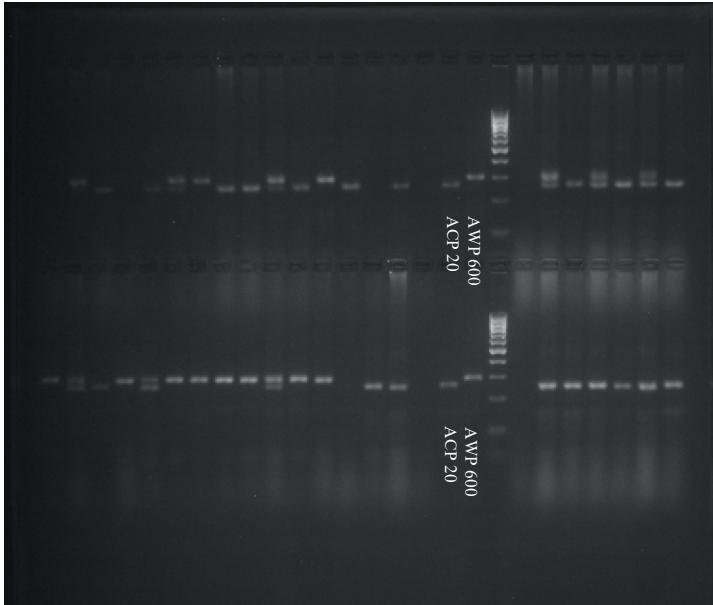
LG5, AB23, AC58, AA399, PSGAPA-1, AA163-2, AD55-2 ve AA99 markörlerinden oluşmaktadır. LG5 39.6 cM harita uzunluğuna sahiptir. Ortalama markör

çözünürlüğü 5.6 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). AA99 markörünün agaroz jel görüntüsü Şekil 4.8’de sunulmuştur.



Şekil 4.8. AA99 markörünün agaroz jel görüntüsü

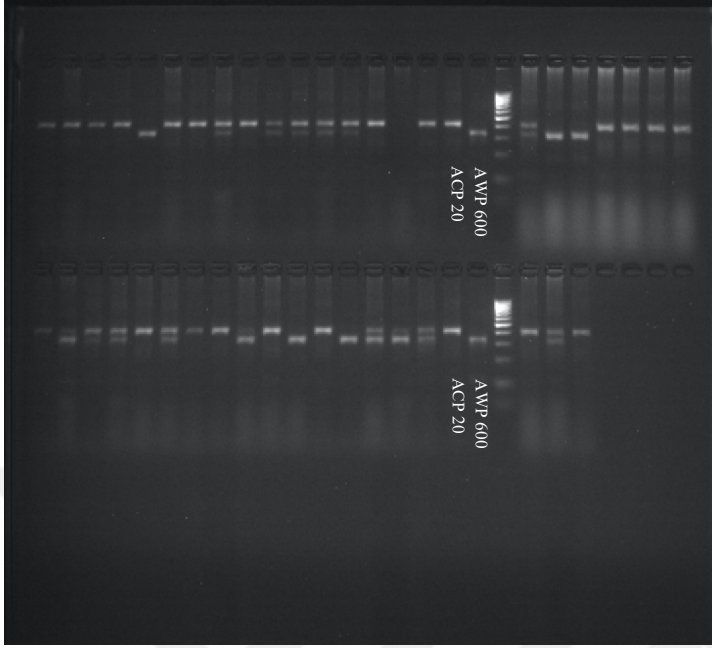
LG6 toplam 44.7 cM harita uzunluğunda, AD51-1, AB20, AD51-2, AC76a, AD159, AA285 ve AC74 olmak üzere 7 markörden oluşmaktadır. AA285 markörünün agaroz jel görüntüsü Şekil 4.9’da verilmiştir. LGVI bağlantı grubunun ortalama markör çözünürlüğü 6.3 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4).



Şekil 4.9. AA285 markörünün agaroz jel görüntüsü

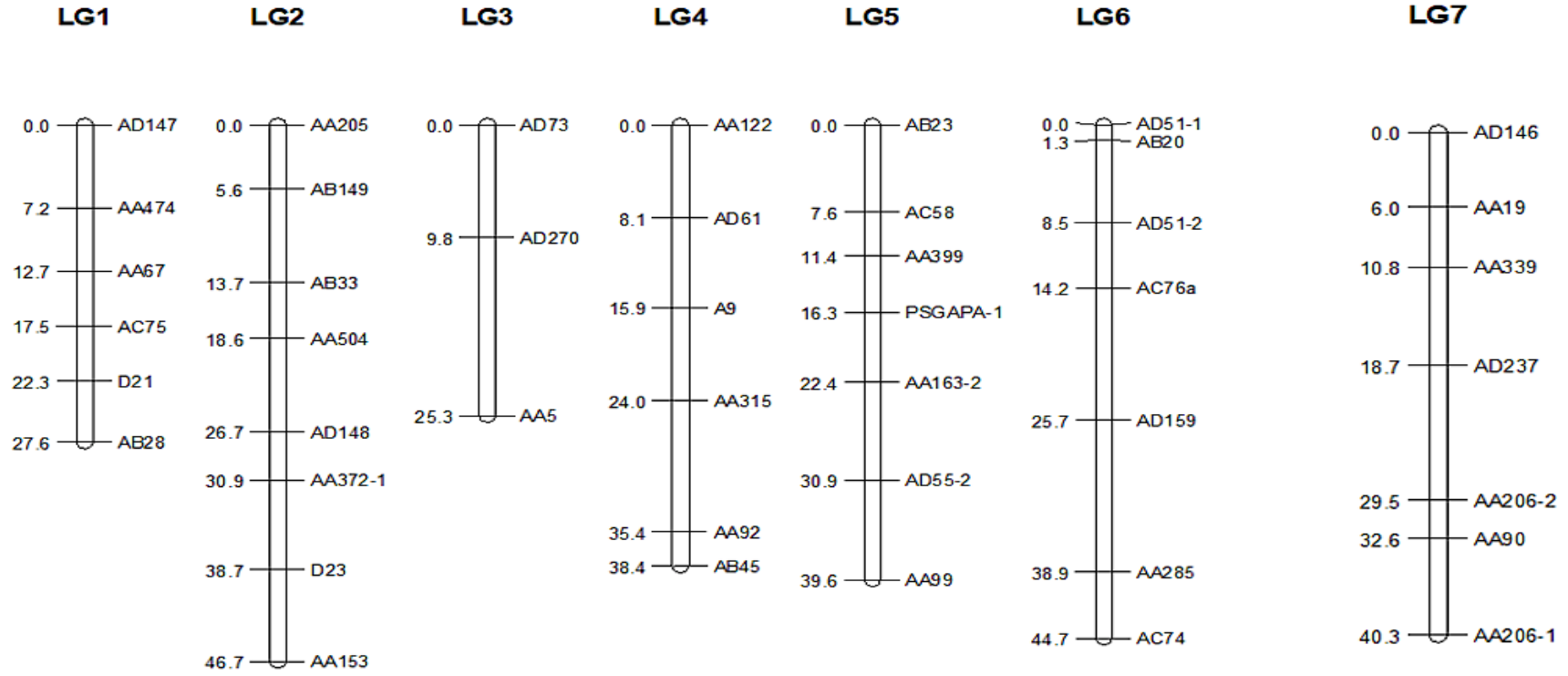
LG7 belirlenen son bağlantı grubu olup, AD146, AA19, AA309, AD237, AA206-1, AA90 ve AA206-1 markörleri ile 40.3 cM harita uzunluğuna sahiptir. Haritanın

ortalama markör çözünürlüğü 5.7 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). AD146 markörünün agaroz jel görüntüsü Şekil 4.10’da sunulmuştur.



Şekil 4.10. AD149 markörünün agaroz jel görüntüsü

Tez çalışması kapsamında 7 bağlantı grubuna dağılan markörler, Loridon vd. (2005) tarafından yapılan haritada da aynı bağlantı gruplarında yer aldığı belirlenmiştir. Loridon vd. (2005), oluşturdukları genetik harita türü melezelemeden ilerletilen üç farklı RIL popülasyonları kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Tez çalışması kapsamında ise türler arası melezelemeden ilerletilen RIL popülasyonu kullanılarak genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Her iki çalışmada kullanılmış olan ortak markörler, popülasyonlar arası aktarılabilir olduğunun göstergesidir. Tez çalışması kapsamında oluşturulan genetik bağlantı harita ve markörlerin harita üzerindeki konumları detaylı olarak Şekil 4.11’de gösterilmiştir.



Şekil 4.11. *P. sativum* ve *P. fulvum* türler arası melezlemeden ilerletilen F₄ RIL popülasyonundan elde edilen genetik bağlantı haritası

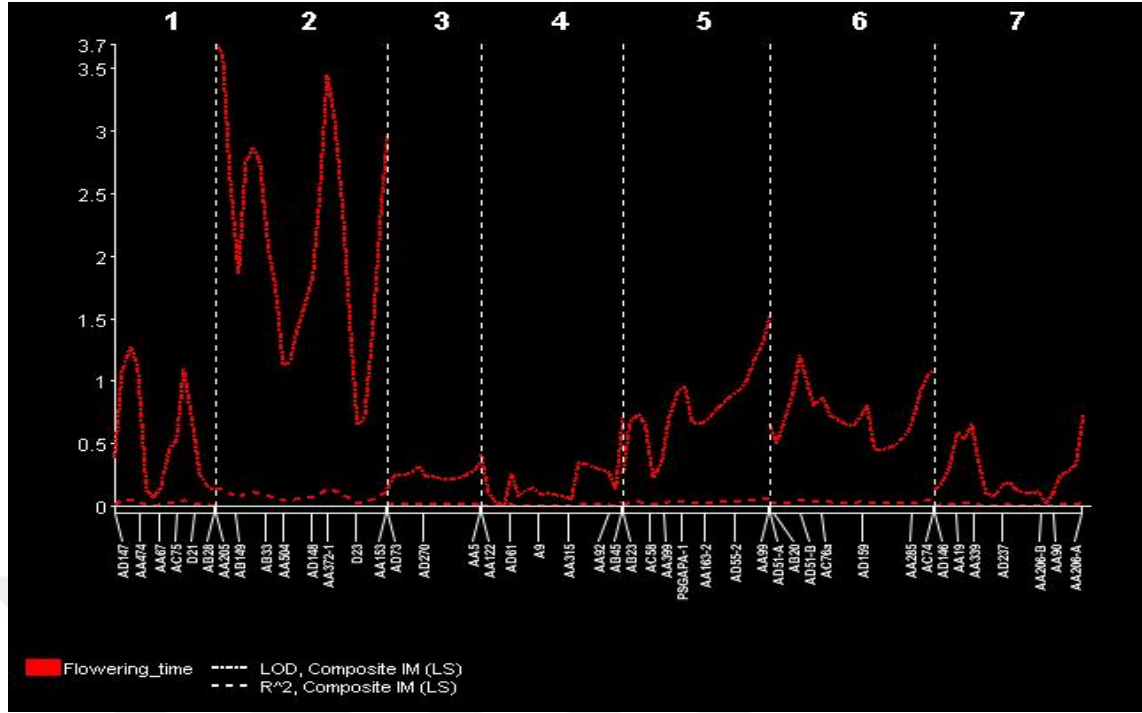
4.7. F₄ RIL Popülasyonunda Kantitatif Özellik Lokusların (QTL) Belirlenmesi

Tez kapsamında QTL'lerin belirlenmesi için çiçeklenme zamanı, bakla bağlama zamanı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, boğum arası, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu, biyolojik verim, dane verimi ve hasat indeksi özellikleri değerlendirilmiştir. Değerlendirilen özellikler, bezelye ıslahı için önemli hedeflerdir. Bu özelliklerden çiçeklenme zamanı, bitki boyu, bitkide bakla sayısı, baklada dane sayısı, bakla boyu ve hasat indeksi olmak üzere toplam 6 özellik için 14 QTL belirlenmiştir. QTL analizinde hem composite interval haritalama (CIM) hem de simple interval haritalama (SIM) yöntemleri kullanılmıştır. Her iki yöntemle göre de belirlenen QTL'ler aynı olduğu için CIM yöntemine göre yapılan analizin sonuçları tartışılmıştır. QTL'lerin belirlenmesinde, *P. sativum* × *P. fulvum* türler arası melezlemeden ileriye iletilen 114 bireyden oluşan F₄ RIL popülasyonu kullanılmıştır. QTL belirleme için RIL popülasyonlarının karşılaştırıldığı bir araştırmada, F₄ RIL popülasyonunun en az F₆₋₇ popülasyonları kadar etkili olabileceği sonucuna varmışlardır (Takuno vd. 2012).

4.7.1. Çiçeklenme zamanı

Çiçeklenme zamanı, farklı ekolojik ve coğrafi bölgelere adaptasyonun sağlanmasında temel belirleyicilerinden biridir. Bezelyede çiçeklenme zamanı ve çiçeklenme gelişimi ile ilgili 20'den fazla lokus tespit edilmiştir ve bu lokusların etkileşimleri çiçeklenme zamanını belirlemektedir. Bunlardan late flowering (*LF*) (White 1917), high response (*HR*), sterile nodes (*SN*), early (*E*), photoperiod (*PPD*) (Murfet 1971) ve die Neutralis (*DNE*) lokusları en önemlilerini oluşturmaktadır (King ve Murfet 1985; Arumingtyas ve Murfet 1994; Weller ve Ortega 2015). *PPD* ve *LF* lokusları LG2 üzerinde haritalandırılırken (Arumingtyas ve Murfet 1994; Murfet 1971), *HR* ve *DNE* lokusları LG3 üzerinde haritalandırılmıştır (Lejeune-Henaut vd. 2008; Liew vd. 2009).

Tez çalışması kapsamında çiçeklenme zamanı için LG2'de iki ayrı QTL belirlenmiştir. Birinci QTL *FLO2.1*, 3.6 LOD değerine sahip olup (Şekil 4.12), haritanın 0-2 cM aralık konumunda olduğu belirlenmiştir. Fenotipik varyansın %14'ünü açıklayan QTL bölgesine en yakın konumda olan markörün AA205 olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.5). Guindon vd. (2019), bezelyede tohum çapı ve tohum ağırlığı özelliklerinin AA205 markörü ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Çiçeklenme zamanı için belirlenen ve fenotipik varyansın %14'ünü açıklayan ikinci QTL *FLO2.2*, 3.2 LOD değerine sahiptir. LG2'de 30-32 cM aralığında haritalanarak, QTL'e en yakın markörün AA372.1 olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.5, Şekil 4.18). Tez çalışmasının bulgularına göre, çiçeklenme zamanı için bulunan QTL'ler, toplam fenotipik varyansın %28'ini açıklamaktadır. Çiçeklenme zamanı için belirlenen birinci QTL *FLO2.1*'in eklemeli gen etkisi 6.5 olup, kaynağı *P. sativum*'dan gelmektedir. Gen davranışı bakımından ise 1.06 değer ile dominans olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.5).



Şekil 4.12. Çiçeklenme zamanı için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği

Önceki çalışmalarda bezelyede çiçeklenme zamanı için farklı bağlantı gruplarında QTL'ler tanımlanmıştır. Hamon vd. (2013), Huang vd. (2017) ve Gali vd. (2018) tez çalışmasına benzer olarak bezelyede çiçeklenme zamanı için QTL'leri LG2'de belirlemişlerdir. Sadras vd. (2019), Excel ve Kaspı arasındaki tür içi melezlemeden elde edilen 102 bireylik RIL popülasyonunda çiçeklenme zamanı için LG2'de bir QTL bildirmişlerdir. Jha vd. (2016), bezelyede çiçeklenme zamanı için iki QTL LG4, bir QTL LG3 ve bir QTL LG5'de olmak üzere toplam dört QTL bildirmişlerdir.

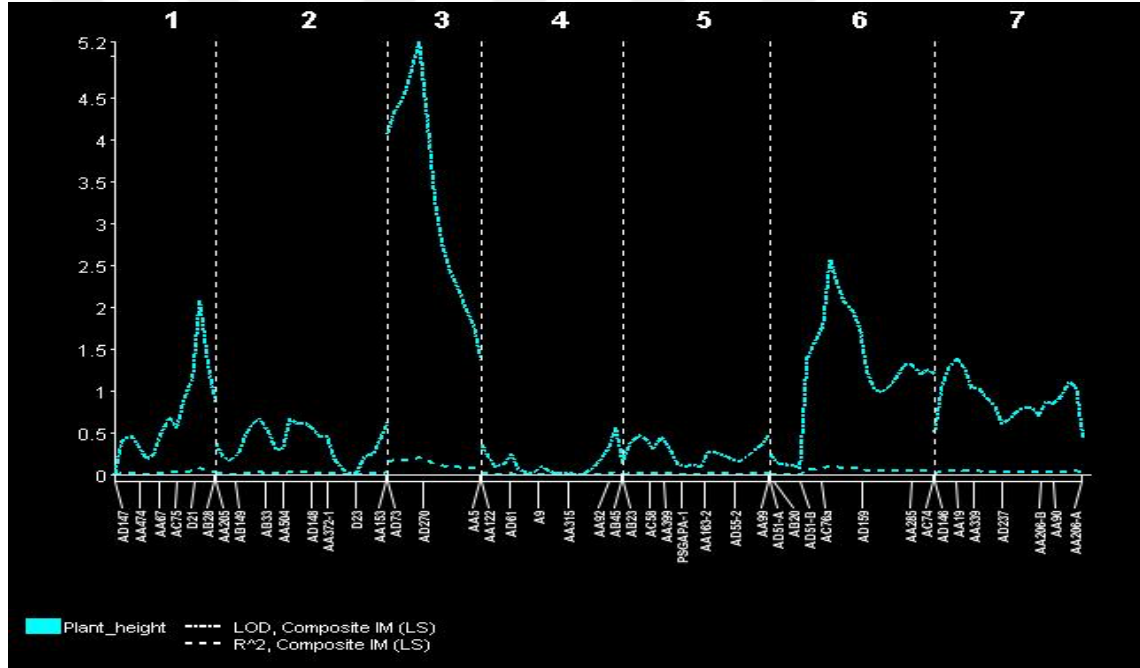
Daha önce yapılan bir çalışmada, çiçeklenme zamanını kontrol eden üç genomik bölge, LG2, LG3 ve LG6'da tanımlanmıştır. QTL *flo1*, varyasyonun büyük bir kısmına katkıda bulunarak, tez çalışmasında bulunan QTL ile aynı bağlantı grubu olan LG2'de haritalanmıştır (Prioul vd. 2004). Prioul vd. (2004) tarafından LG2'de belirlenen QTL, AB33 markörü ile ilişkili bulunmuştur. AB33 markörüne komşu markör AA372.1 olup, bu tez çalışmasında belirlenen *flo2.2* QTL'i ile ilişkili bulunmuştur. Ayrıca QTL *flo2*, LG3'te haritalanmış ve QTL *mpIII-3* bezelye yanıklık hastalığına dayanıklılık QTL'i ile aynı bölgede olduğu bildirilmiştir. Yanıklık hastalığına dayanıklılık ile ilgili QTL'lerdeki dayanıklılık alelleri, çiçeklenme zamanını geciktiren alellerle ilişkilendirilmiştir (Prioul vd. 2004). Burstin vd. (2007) tarafından yapılan bir çalışmada çiçeklenme zamanı için *Det* geninin bulunduğu LGV 49 cM'da bir QTL haritalanmıştır. Foucher vd. (2003) ise *Det* geninin çiçeklenme zamanının düzenlenmesinde rol oynadığını bildirmişlerdir.

Fondevilla vd. (2011) tarafından yapılan bir çalışmada, bezelyede erkencilik özelliği için LG3'te iki QTL belirlemişlerdir. Ayrıca, belirlenen QTL'lerin AB64 ve AA175 markörlerine yakın oldukları bildirilmiştir. Dirlewanger vd. (1994) ise bezelyede erkencilik özelliğini LG6'da haritalamışlardır. Son zamanlarda yapılan bir çalışmada *P. sativum* türüne ait DDR14 ve Explorer genotiplerinin melezlemesinden elde edilen F₂ ve

F₃ popülasyonlarında çiçeklenme zamanı için LG1’de iki adet QTL ve LG2’de bir adet olmak üzere üç adet QTL haritalanmıştır (Guindon 2019). Fondevilla vd. (2008), LG6’da ve LG3’te çiçeklenme zamanı için QTL’ler tanımlamışlardır. Fondevilla vd. (2008) tarafından bildirilen LG3 üzerindeki QTL, başka bir çalışmada erkencilik ile ilgili olduğu bildirilmiştir (Timmerman-Vaughan vd. 2004). Daha önceki çalışmalarda çiçeklenme zamanı ile ilgili belirlenen QTL’ler, AA205 ve AA372.1 markörlerine yakın konumda bulunmalarına rağmen, doğrudan ilişkili bulunmamıştır. Bezelyede çiçeklenme zamanı ile ilgili QTL çalışmaları sınırlı olup, tez çalışması kapsamında LG2’de bulunan iki QTL daha kazandırılmıştır (Şekil 4.18).

4.7.2. Bitki boyu

Tez kapsamında QTL’i haritalanan bir diğer özellik bitki boyu olup, LG3’te 0-12 cM aralığında konumlanmıştır (Şekil 4.18). LG3’te bir adet olarak belirlenen PH3.1QTL’i 4.35 LOD değeriyle belirlenmiştir (Şekil 4.13). Bitki boyu için haritalanan QTL ile ilişki iki adet markör bulunmuştur. AA122 ve AD61 markörlerine yakın bulunan QTL, fenotipik varyasyonun %16’sını açıklamaktadır (Çizelge 4.5, Şekil 4.18).



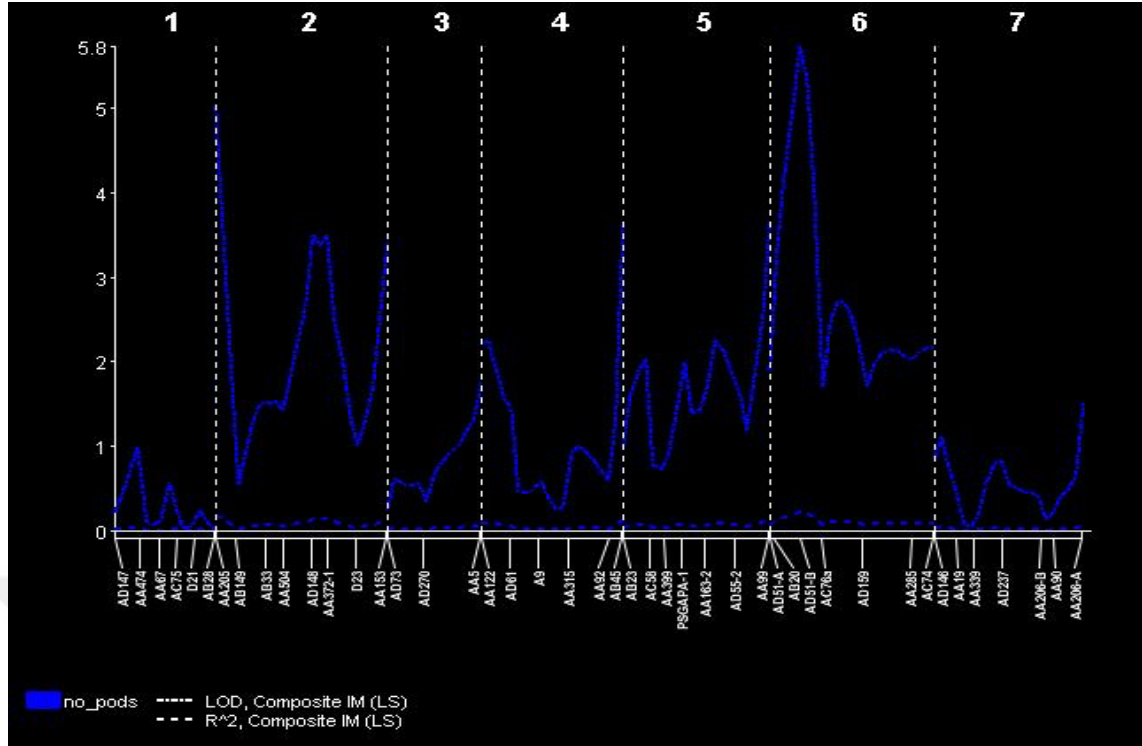
Şekil 4.13. Bitki boyu için belirlenen QTL’lerin LOD değerleri grafiği

Önceki çalışmalarda bezelyede bitki boyu için majör ve minör QTL’ler tanımlanmıştır. Tar’an vd. (2003) LG3’te toplam %64.6 varyasyona sahip üç ana QTL ve Hamon vd. (2013) üç küçük QTL belirlemişlerdir. Prioul vd. (2004) bitki boyu için üç QTL belirlemişlerdir. Bunlardan *ht1* LG2’de, *ht2* LG3’te ve *ht3* ise LG7’de belirlenirken, %63 ile en geniş varyasyona sahip olan LG3’teki QTL olduğunu vurgulamışlardır. Gali vd. (2018), üç RIL popülasyonunda ve LG3’te fenotipik varyansın %33-65’ini açıklayan, bitki boyu için büyük bir QTL belirlemişlerdir. Ayrıca, Ferrari vd. (2016) yine LG3’te bitki boyu için QTL haritaladıklarını bildirmişleridir. Gali vd. (2019), GWAS (genome-wide association) yöntemiyle, bitki boyu ile ilişkili LG3 üzerinde dört lokus belirlemişlerdir. Guindon vd. (2019) tarafından yapılan çalışmada ise bitki boyu için QTL

LG2’de bulunmuştur. Bezelyede yatmaya dayanıklılık özelliğinin araştırıldığı bir çalışmada LG3’te iki QTL ve LG5’te bir QTL bulunmuştur (Gawłowska vd. 2020). Jha vd. (2016) tarafından yapılan bezelyede yanıklık hastalığının kantitatif lokuslarının araştırıldığı bir çalışmada, bitki boyu ile ilişkili beş QTL tanımlanmıştır. Bu beş QTL’in üç tanesi LG4, bir tanesi LG7 ve bir tanesi LG3’te konumlandırılmıştır. Önceki yapılan çalışmalarda bitki boyu ile ilişkili farklı bağlantılı gruplarında QTL bulunmasına rağmen, fenotipik varyasyonu en geniş açıklayan QTL’lerin çoğunluğu tez çalışmasında olduğu gibi LG3’te tanımlanmıştır.

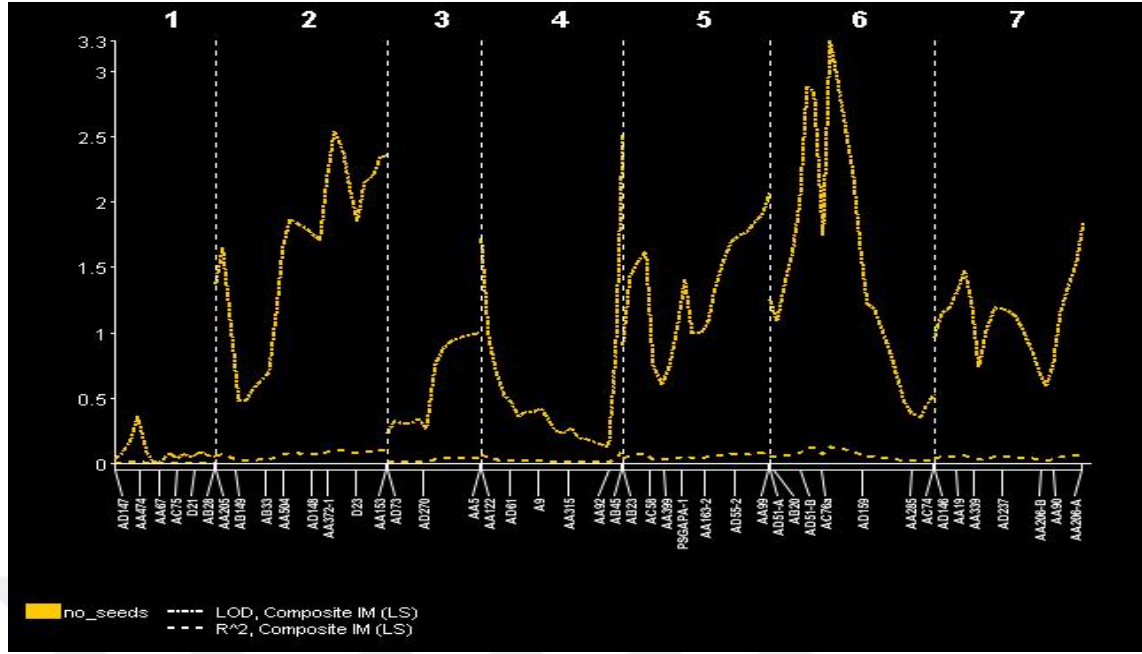
4.7.3. Verim bileşenleri

En önemli verim bileşenlerinden biri olan bitkide bakla sayısı için tez çalışması kapsamında toplam 6 QTL belirlenmiştir (Şekil 4.18). Bunlardan üç tanesi LG2’de, bir QTL LG4’te, bir QTL LG5’te ve bir QTL LG6’da haritalanmıştır. LG2’deki *NP2.1*, *NP2.2* ve *NP2.3* QTL’leri sırasıyla 4.3, 3.5 ve 3.6 LOD değerleri ile belirlenmişlerdir (Şekil 4.14). *NP2.1* QTL’i 0-2 cM konumunda, fenotipik varyasyonun %16’sını açıklarken, en yakın markör AA205 olarak belirlenmiştir. *NP2.2* QTL’i haritanın 26-30 cM konumunda olup fenotipik varyansın %13’ünü açıklamaktadır. *NP2.2* QTL’ine en yakın markörün AD148 olduğu tespit edilmiştir. LG2’deki üçüncü QTL ise haritanın 46 cM konumunda olup, varyasyonun %13’ünü açıklamaktadır. *NP2.3* QTL’ine en yakın markörün AA153 olduğu belirlenmiştir. LG4’te 38 cM konumunda işaretlenmiş olan *NP4.1* QTL’i, 3.6 LOD değerine sahip ve fenotipik varyasyonun %14’ünü açıklamaktadır (Çizelge 4.5). *NP4.1*’e en yakın markörün AB45 olduğu tespit edilmiştir. Varyasyonun %14’ünü açıklayan beşinci QTL, LG5 bağlantı grubunda olup, 38 cM konumunda haritalanmıştır. AA99 markörü *NP5.1* QTL’ine en yakın markör olarak bulunmuştur. Bitkide bakla sayısı ile ilişkili altıncı QTL ise 4.6 LOD değerine sahip ve LG6’da 2-12 cM aralığında konumlandırılmıştır. *NP6.1* QTL’ine en yakın markörler AB20 ve AD51-2 olup, fenotipik varyasyonun %17’sini açıklamaktadır (Çizelge 4.5, Şekil 4.18). RIL popülasyonları kullanılan önceki çalışmalarda, birden fazla bağlantı grubunda bitkide bakla sayısı ile ilişkili birden fazla QTL tanımlanmıştır. *P. sativum*’da verim ile ilişkili özelliklerin kantitatif özellik lokusunun belirlendiği bir araştırmada, bakla sayısı için LG1, LG2, LG3, LG5 ve LG6’da olmak üzere toplam beş QTL belirlenmiştir (Irzykowska ve Wolko 2004). Guindon vd. (2019) bitkide bakla sayısı için LG1 bağlantı grubunda bir QTL tespit etmişlerdir. Sadras vd. (2019) bir m²’deki bakla sayısı özelliği için LG2’de QTL belirlemişlerdir. Tez çalışma kapsamında bakla sayısı özelliği için belirlenen altı QTL fenotip varyasyonun toplam %87’sini açıklamaktadır.



Şekil 4.14. Bitkide bakla sayısı için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği

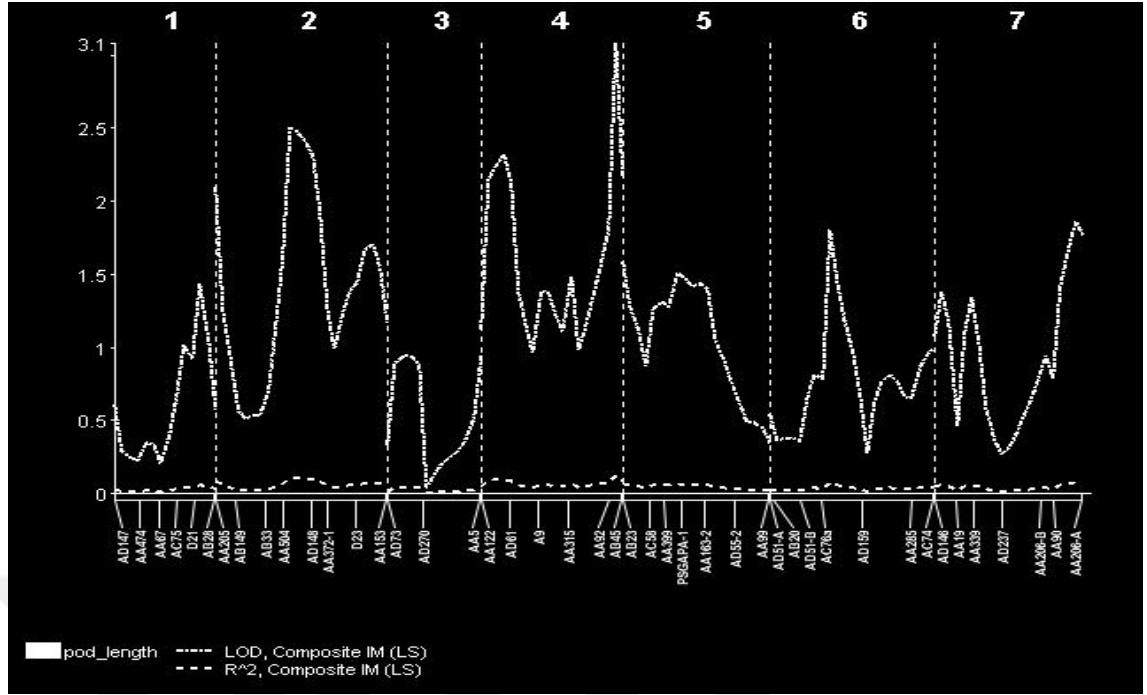
Tez çalışması kapsamında, baklada dane sayısı ile ilişkili LG6'da bir QTL belirlenmiştir. Fenotipik varyasyonun %13'ünü açıklayan *NS6.1* QTL'i 3.2'lik LOD değeriyle tespit edilmiştir (Şekil 4.15). Harita konumu 16 cM'da işaretlenerek, QTL'e en yakın markörün AC76a olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.5, Şekil 4.18). Krajewski vd. (2012), *P. sativum* türüne ait WT11238 ve Wt3557 melezlemeden ilerletilen RIL popülasyonunda bazı verim bileşenlerini inceledikleri çalışmada, baklada dane sayısı özelliğini LG2'de haritalamışlardır. Başka bir araştırmada ise LG1 bağlantı grubunda iki adet QTL belirlenmiştir (Guindon vd. 2019). Timmerman-Vaughan vd. (2005) bir m²'deki dane sayısı özelliği için LG1, LG2, LG3, LG4 ve LG7 bağlantı gruplarında toplam yedi QTL tespit etmişlerdir. Sadras vd. (2019) tarafından yapılan çalışmada ise baklada dane sayısı özelliği için LG2 ve LG3'te QTL bulduklarını bildirmişlerdir. Ayrıca, çiçeklenme zamanı ve verim bileşenlerinin QTL'lerinin daha çok LG2'de olduğu bildirilmiştir (Sadras vd. 2019).



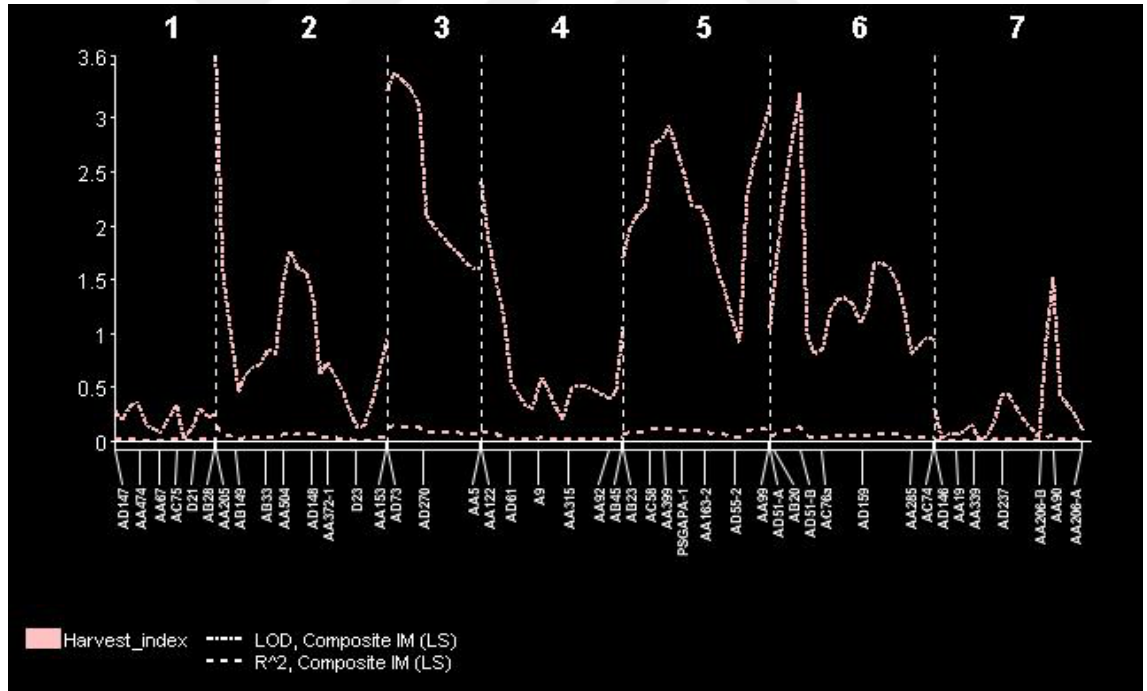
Şekil 4.15. Baklada dane için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği

Bakla boyu özelliği ile ilişkili bir QTL (*PL4.1*) 3.08'lik LOD değeri ile LG4'te tespit edilmiştir (Şekil 4.16). Fenotipik varyasyonun %12'sini açıklamaktadır. *PL4.1* QTL'ine en yakın markör AA92 olup, haritadaki konumu 36 cM'dır (Çizelge 4.5, Şekil 4.18). Ulaşılabilir literatürlere göre, bakla boyu ile ilgili bir QTL LG2'de haritalanmıştır (Guindon vd. 2019).

Tez kapsamında QTL'i haritalanan bir diğer özellik hasat indeksidir. Hasat indeksi ile ilişkili bir QTL LG3'te 0-8 cM aralığında konumlandırılmış olup, *HX3.1* QTL'ine en yakın iki markörün AD73 ve AD61 olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.18). *HX3.1* QTL'i 3.3 LOD değerine sahip ve fenotipik varyasyonun %13'ünü açıklamaktadır. Hasat indeksi ile ilişkili ikinci QTL (*HX5.1*) 3.1'lik LOD değeriyle belirlenirken (Şekil 4.17), LG5'te 38 cM'da haritalanmıştır (Çizelge 4.5). AA99 markörü *HX5.1* QTL'ine en yakın markör olarak belirlenirken, fenotipik varyasyonun %12'si açıklanmaktadır. Hasat indeksi için LG6'da 8 cM'da haritalanan üçüncü QTL (*HX6.1*) fenotipik varyasyonun %12'sini açıklamaktadır. *HX6.1* QTL'ine en yakın markörün AD51-2 olduğu tespit edilmiştir. Belirlenen bu üç QTL, fenotipik varyasyonun toplam %37'sini açıklamaktadır (Çizelge 4.5, Şekil 4.18). Daha önce bir yapılan araştırmada, fenotipik varyasyonun toplam %40'ını açıklayan dört QTL belirlenmiştir. Bunlardan iki tanesi LG3, bir QTL LG1'de ve bir QTL LG2'de haritalanmıştır (Timmerman-Vaughan vd. 2005). Verim bileşenleri çevreden kolay etkilenen özellikler olduğu ve çalışılan popülasyon farklılıklarından dolayı birçok bağlantı grubunda haritalanabilmektedirler. Tez çalışması kapsamında altı farklı özellik için 14 QTL tespit edilmiş olup, QTL'lerin detaylı konumları Şekil 4.18 ve Çizelge 4.5'te sunulmuştur.



Şekil 4.16. Bakla boyu için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği

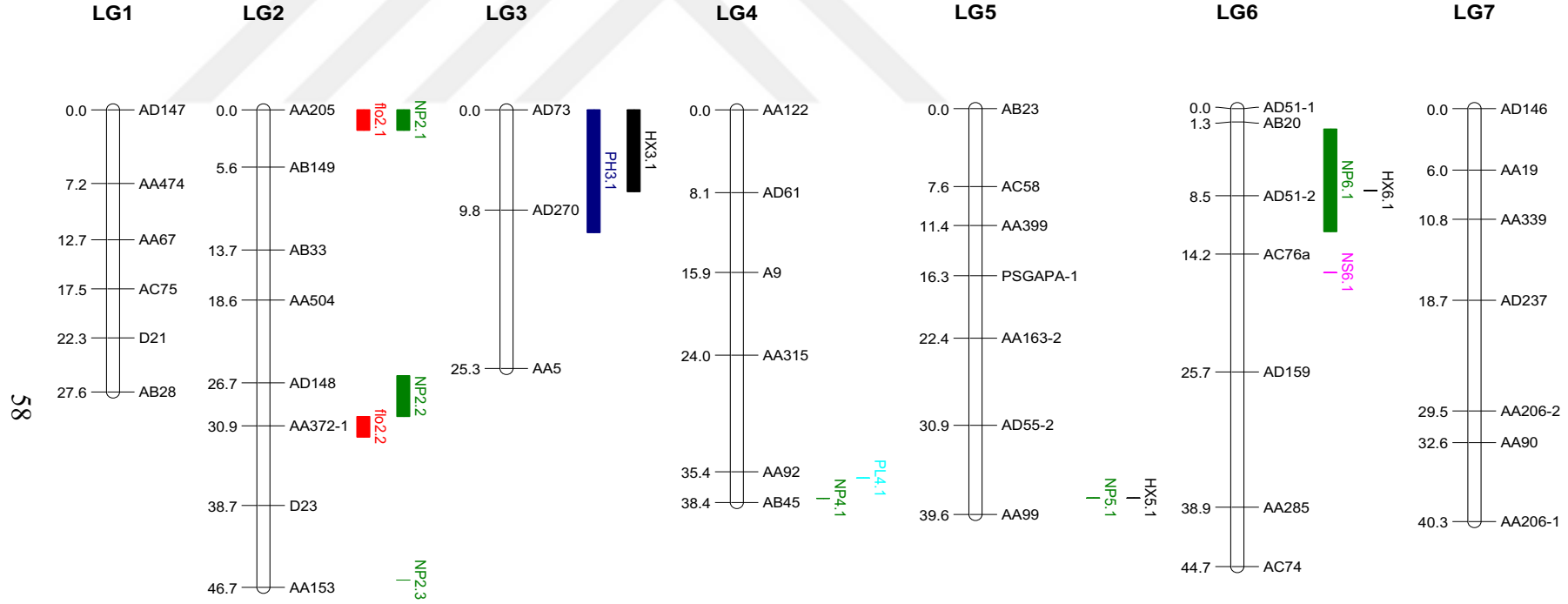


Şekil 4.17. Hasat indeksi için belirlenen QTL'lerin LOD değerleri grafiği

Bezelyede yapılan daha önceki çalışmalarda birçok farklı özellik için QTL belirleme araştırmaları gerçekleştirilmiştir. Verim ve verim bileşenlerine ek olarak canlı ve cansız stres faktörlerine karşı da QTL çalışmaları yürütülmüştür. Bezelyede yatmaya dayanıklılığın bitki boyu ile ilişkisinin araştırıldığı bir çalışmada, yatmaya dayanıklılık özelliği LG3'te (Tar'an vd. 2003), bezelyede yanıklık hastalığına karşı kantitatif özellik

lokusu LG2, LG3, LG5 ve LG6’da (Prioul vd. 2004; Jha vd. 2016), tohum rengi, dane ağırlığı, dane verimi, biyolojik verim, protein içeriğı, canavar otuna dayanıklılık, kök çürüklüğü ve külleme hastalığına karşı dayanıklılık ile ilgili birçok özellik için 7 bağlantı grubunun tümünde QTL’ler bildirilmiştir (Timmerman-Vaughan vd. 1996; Pilet-Nayel vd. 2002; Ta’ran vd. 2004; Valderrama vd. 2004; Fondevilla vd. 2007a,b). Daha sonraki yapılacak arařtırmalarda aynı bağlantı grubunda haritalanan QTL’lerin birlikte çalışılması, kullanılan markörlerin işlevselliğini güçlendirebilecektir.





Şekil 4.18. *P. sativum* ve *P. fulvum* türler arası melezinden ilerletilen F₄ RIL popülasyonunda CIM yöntemine göre tespit edilen QTL'ler (flo: çiçeklenme zamanı, PH: bitki boyu, NP: bitkide bakla sayısı, NS: baklada dane sayısı, PL: bakla boyu, HX: hasat indeksi).

Çizelge 4.5. *P. sativum* ve *P. fulvum* türler arası melezinden ilerletilen F₄ RIL popülasyonunda tespit edilen QTL'lere ait bilgiler

Karakter	QTL	Bağlantı grubu (LG)	Harita konumu (cM)	R ²	İlişkili markör	Genetik etki		Gen davranışı	QTL kaynağı
						Add	Dom	d / a	
Çiçeklenme zamanı	<i>FLO2.1</i>	LG2	0-2 cM	0.13	AA205	6.5	-6.9	1.06 D	<i>P. sativum</i>
	<i>FLO2.2</i>	LG2	30-32 cM	0.13	AA372.1	6.5	-4.6	0.71 KD	<i>P. sativum</i>
Bitki boyu	<i>PH3.1</i>	LG3	0-12 cM	0.16	AD73	-28.6	47.2	1.65 ÜD	<i>P. fulvum</i>
Bitkide bakla sayısı	<i>NP2.1</i>	LG2	0-2 cM	0.16	AA205	10.4	-17.9	1.72 ÜD	<i>P. sativum</i>
	<i>NP2.2</i>	LG2	26-30 cM	0.13	AD148	10.6	-24.3	2.29 ÜD	<i>P. sativum</i>
	<i>NP2.3</i>	LG2	46-46 cM	0.13	AA153	11.0	-3.3	0.30 KD	<i>P. sativum</i>
	<i>NP4.1</i>	LG4	38-38 cM	0.14	AB45	12.7	11.2	0.88 D	<i>P. sativum</i>
	<i>NP5.1</i>	LG5	38-38 cM	0.14	AA99	10.0	-23.1	2.31 ÜD	<i>P. sativum</i>
	<i>NP6.1</i>	LG6	2-12 cM	0.17	AB20; AD51-2	9.2	463.5	50.38 ÜD	<i>P. sativum</i>
Baklada dane sayısı	<i>NS6.1</i>	LG6	16-16 cM	0.13	AC76a	1.8	19.8	11.0 ÜD	<i>P. sativum</i>
Bakla boyu	<i>PL4.1</i>	LG4	36-36 cM	0.12	AA92	0.42	0.47	1.1 D	<i>P. sativum</i>
Hasat indeksi	<i>HX3.1</i>	LG3	0-8 cM	0.13	AD73	8.0	-3.2	0.39 KD	<i>P. sativum</i>
	<i>HX5.1</i>	LG5	38-38 cM	0.12	AA99	3.6	-15.8	4.38 ÜD	<i>P. sativum</i>
	<i>HX6.1</i>	LG6	8-8 cM	0.12	AD51-2	4.0	-300.2	75.0 ÜD	<i>P. sativum</i>

R²: açıklanan fenotipik varyasyon oranı; Add: QTL'in hangi ebeveynden geldiğini ve etki derecesini göstermektedir. + değerler *P. sativum*'u, - değerler *P. fulvum*'u temsil etmektedir. D: Dominans; KD: Kısmi dominans; ÜD: Üstün dominans

5. SONUÇLAR

P. sativum × *P. fulvum* türler arası melezlemeler F₁'den F₅'e kadar ilerletilmiştir. Elde edilen sonuçlar ve öneriler aşağıda sıra halinde verilmiştir:

F₂ popülasyonunda çimlenmeden sonra 13-17 gün içerisinde çiçeklenen süper erkenci bireyler F₄₋₅'de 24-25 gün içinde çiçeklenerek durulmuşlardır. F₅ popülasyonunda süper erkenci bireyler, kısa gün koşulları altında erkenci anaç *P. sativum*'dan yaklaşık bir ay ve geç çiçeklenen diğer anaç *P. fulvum*'dan iki ay daha erkenci oldukları belirlenmiştir.

Süper erkenci genotiplerin, çiçeklenme (h^2 = %82) ve bakla bağlama zamanı (h^2 = %80) özellikleri bakımından oldukça yüksek dar anlamda kalıtım derecesine sahip oldukları bulunmuştur. Bu durum süper erkenci çeşitlerin geliştirilmesi için açılan popülasyonlarda erken dönemde seleksiyon yapılabileceğini göstermektedir.

Çalışma kapsamında incelenen agro-morfolojik özellikler için de önemli transgresif açılımlar elde edilmiştir. Transgresif açılımlardan üstün döllerin seçilebileceği düşünülmüştür.

Turuncu çiçek renginin beyaz çiçek rengine baskın olduğu belirlenmiştir. Ancak F₂ popülasyonunda turuncu, pembe ve beyaz çiçek renkleri olmak üzere 12:3:1 oranında açılım gösterdiği ve çalışılan popülasyonda çiçek rengi için dominant epistasi olduğu ortaya konmuştur.

Erkencilik üzerine doğrudan en fazla etki eden özelliklerin bakla bağlama gün sayısı ve bitki boyu olduğu belirlenmiştir. Bakla bağlama gün sayısı erkencilik olarak adlandırdığımız fenolojik özelliğin en önemli diğer yarısı olarak kanıtlanmıştır. Süper erkenci genotiplerin kısa boylu olmasından dolayı da erkencilik ile bitki boyu arasında doğrudan ilişki kurulmuş olduğu düşünülmüştür.

Bezelye ıslah çalışmalarında yaygın olarak kullanılan SSR markörler ile ülkemizde, bezelyede ilk defa türler arası melezlemeden geliştirilen popülasyonda genetik bağlantısı haritası oluşturulmuştur. QTL analizinde hem Composite interval haritalama (CIM) hem de Simple interval haritalama (SIM) yöntemleri kullanılmıştır.

Ebeveynler arasında polimorfik olan kırk dört adet SSR, 7 kromozom üzerinde haritalanarak toplam 262.6 cM uzunluğunda genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Erkencilik ve önemli agro-morfolojik özellikler için 5 kromozom üzerinde toplam 14 QTL belirlenmiştir. Erkencilik için LG2 üzerinde fenotipik varyansın toplam %26'sını açıklayan iki adet QTL belirlenmiştir. Çiçeklenme zamanı, bitki boyu ve önemli verim bileşenleri için yeni QTL'ler belirlenerek literatüre önemli katkılar sağlanmıştır.

Belirlenen QTL'ler ile ilişkili bulunan AA205, AA372.1, AD148, AA153, AB45, AA99, AB20, AD51-2, AC76a, AA92, AD73 ve AD61 SSR markörleri, çalışılacak özelliğe göre, daha sonradan yapılacak markör destekli seleksiyon çalışmalarında kullanılmalarına katkı sağlayacaktır.

Yabani türlerin kültüre alınmış türlerle melezlenmesinden elde edilen yararlı bireyler, yabani türlerin genetik kaynak olarak önemini ortaya koymaktadır.

6. KAYNAKLAR

- Adhikari, K. N., Khan, T. N., Stefanova, K., and Pritchard, I. 2014. Recurrent breeding method enhances the level of blackspot *Didymella pinodes* Berk. and Blox. Vestergr. resistance in field pea *Pisum sativum* L. in southern Australia. *Plant Breeding*, 1334, 508-514.
- Ali, S. M., Sharma, B., and Ambrose, M. J. 1994. Current status and future strategy in breeding pea to improve resistance to biotic and abiotic stresses. In *Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes* pp. 540-558. Springer, Dordrecht.
- Ambrose, M. 1996. Grain legume collections and activities in the UK. In *Citation: Gass, T., M. Ambrose, J. Le Guen, A. Hadjichristodoulou and S. Blixt, compilers. 1996. Report of a Working Group on Grain Legumes. First meeting, 14-16 July 1995, Copenhagen, Denmark. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. ISBN 92-9043-289-6* p. 104.
- Arumintyas, E. and Murfet, I. 1994. Flowering in *Pisum*: a further gene controlling response to photoperiod. *Journal of Heredity* 85, 12-17.
- Aryamanesh, N., Zeng, Y., Byrne, O., Hardie, D. C., Al-Subhi, A. M., Khan, T., ... and Yan, G. 2014. Identification of genome regions controlling cotyledon, pod wall/seed coat and pod wall resistance to pea weevil through QTL mapping. *Theoretical and applied genetics*, 1272, 489-497.
- Aubert, G., Morin, J., Jacquin, F., Loridon, K., Quillet, M. C., Petit, A., ... and Burstin, J. 2006. Functional mapping in pea, as an aid to the candidate gene selection and for investigating synteny with the model legume *Medicago truncatula*. *Theoretical and Applied Genetics*, 1126, 1024-1041.
- Aydin, H., Sari, D., Sari, H., Eker, T., Aykurt, C., and Toker, C. 2021. Polen
- Aznar-Fernández, T., Cimmino, A., Masi, M., Rubiales, D., and Evidente, A. 2019. Antifeedant activity of long-chain alcohols, and fungal and plant metabolites against pea aphid *Acyrtosiphon pisum* as potential biocontrol strategy. *Natural product research*, 3317, 2471-2479.
- Baird, W.V., A. Abbott, R. Ballard, B. Sosinski, and S. Rajapakse. 1997. DNA Diagnostics in Horticulture. P. 111-130. In P. Gresshoff ed. Current topics in plant molecular biology: Technology transfer of plant biotechnology. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Barber, H. Physiological genetics of *Pisum* II. *Heredity* 13, 33-60 1959.
- Barilli, E., Satovic, Z., Rubiales, D., and Torres, A. M. 2010. Mapping of quantitative trait loci controlling partial resistance against rust incited by *Uromyces pisi* Pers. Wint. in a *Pisum fulvum* L. intraspecific cross. *Euphytica*, 1752, 151-159.
- Bastianelli, D., Grosjean, F., Peyronnet, C., Duparque, M., and Regnier, J. M. 1998. Feeding value of pea *Pisum sativum* L. 1. Chemical composition of different categories of pea. *Animal Science*, 673, 609-619.

- Beckmann, J. S., and Soller, M. 1990. Toward a unified approach to genetic mapping of eukaryotes based on sequence tagged microsatellite sites. *Bio/technology*, 810, 930-932.
- Ben Ze'ev, N., and Zohary, D. 1973. Species relationships in the genus *Pisum* L. *Israel Journal of Botany*.
- Berry, G. J. and Aitken, Y. Effect of photoperiod and temperature on flowering in pea *Pisum sativum* L.. *Funct. Plant Biol.* 66, 573-587 1979.
- Bobkov, S. V., and Selikhova, T. N. 2019. Obtaining pea interspecific hybrids for use in marker assistant selection on high protein quality. *Legumes and Groat Crops*.
- Boyer, J. S. 1982. Plant productivity and environment. *Science*, 2184571, 443-448.
- Burstin, J., Deniot, G., Potier, J., Weinachter, C., Aubert, G., and Barranger, A. 2001. Microsatellite polymorphism in *Pisum sativum*. *Plant Breeding*, 1204, 311-317.
- Burstin, J., Marget, P., Huart, M., Moessner, A., Mangin, B., Duchene, C., ... and Duc, G. 2007. Developmental genes have pleiotropic effects on plant morphology and source capacity, eventually impacting on seed protein content and productivity in pea. *Plant physiology*, 1442, 768-781.
- Byrne, O. M., Hardie, D. C., Khan, T. N., Speijers, J., and Yan, G. 2008. Genetic analysis of pod and seed resistance to pea weevil in a *Pisum sativum* × *P. fulvum* interspecific cross. *Australian Journal of Agricultural Research*, 599, 854-862.
- Cazzola, F., Bermejo, C. J., Guindon, M. F., and Cointy, E. 2020. Speed breeding in pea *Pisum sativum* L., an efficient and simple system to accelerate breeding programs. *Euphytica*, 21611, 1-11.
- Chahota, R. K., Kishore, N., Dhiman, K. C., Sharma, T. R., and Sharma, S. K. 2007. Predicting transgressive segregants in early generation using single seed descent method-derived micro-macrosperma genepool of lentil *Lens culinaris* Medikus. *Euphytica*, 1563, 305-310.
- Change, P.C. IPCC. 2018. Global warming of 1.5 C. *World Meteorological Organization, Geneva, Switzerland*, 10.
- Chimwamurombe, P. M., and Khulbe, R. K. 2011. Domestication. *Biology and Breeding of Food Legumes. MA, USA: CABI, Cambridge*, 19-34.
- Clark, A. 2007. Managing cover crops profitably in *Sustainable agriculture research and education program handbook series* ed. Clark, A, College Park.
- Clement, S. L., McPhee, K. E., Elbersen, L. R., and Evans, M. A. 2009. Pea weevil, *Bruchus pisorum* L. Coleoptera: Bruchidae, resistance in *Pisum sativum* × *Pisum fulvum* interspecific crosses. *Plant Breeding*, 1285, 478-485.
- Colasanti, J., and Sundaresan, V. 2000. 'Florigen' enters the molecular age: long-distance signals that cause plants to flower. *Trends in Biochemical Sciences*, 255, 236-240.
- Compant, S., Van Der Heijden, M. G., and Sessitsch, A. 2010. Climate change effects on beneficial plant-microorganism interactions. *FEMS microbiology ecology*, 732, 197-214.
- Cousin, R. 1997. Peas *Pisum sativum* L.. *Field Crops Research*, 531-3, 111-130.

- Davis, P.H. 1970. Flora of Turkey and the East Aegean Islands. Vol. 3. *Flora of Turkey and the East Aegean Islands. Vol. 3.*
- de los Reyes, B. G. 2019. Genome shock, transgressive segregation, and salinity tolerance in rice: Genetics or epigenetics? *Journal of the Korean Breeding Society*, 27-27.
- DeMason, D. A., Chetty, V., Barkawi, L. S., Liu, X., and Cohen, J. D. 2013. Unifoliata-Afila interactions in pea leaf morphogenesis. *American journal of botany*, 1003, 478-495.
- deVicente, M. C., and Tanksley, S. D. 1993. QTL analysis of transgressive segregation in an interspecific tomato cross. *Genetics*, 1342, 585-596.
- Dirlewanger, E., Isaac, P. G., Ranade, S., Belajouza, M., Cousin, R., and De Vienne, D. 1994. Restriction fragment length polymorphism analysis of loci associated with disease resistance genes and developmental traits in *Pisum sativum* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 881, 17-27.
- Doyle, J.J., Doyle, J.I. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 12: 13-15.
- Dumont, E., Fontaine, V., Vuylsteker, C., Sellier, H., Bodèle, S., Voedts, N., ... and Delbreil, B. 2009. Association of sugar content QTL and PQL with physiological traits relevant to frost damage resistance in pea under field and controlled conditions. *Theoretical and applied genetics*, 1188, 1561-1571.
- El-Shaieny, A. H. A., and Ibrahim, E. M. 2017. Selection for productivity and earliness of *Pisum sativum* L. under late sowing. *Journal of American Science*, 133, 167-172.
- Ellis, T.H.N., Turner, L., Hellens, R.P., Lee, D., Harker, C.L., Enard, C., Domoney, C., and Davies, D.R. 1992. Linkage maps in pea. *Genetics*, 1303: 649-663.
- Elzebroek T., and Wind K. 2008. Guide to cultivated plants. CAB International, Oxfordshire, UK.
- Esen, A., Sari, H., Erler, F., Adak, A., Sari, D., Eker, T., ... and Toker, C. 2019. Screening and selection of accessions in the genus *Pisum* L. for resistance to pulse beetle *Callosobruchus chinensis* L.. *Euphytica*, 2154, 1-9.
- Esposito, M. A., Milanesi, L. A., Martin, E. A., Cravero, V. P., Lopez, A. F. S., and Cointy, E. L. 2007. Principal component analysis based on morphological characters in pea *Pisum sativum* L.. *Int. J. Plant Breed*, 12, 135-137.
- Evans, L.T. 1996. *Crop evolution, adaptation and yield*. Cambridge university press.
- FAOSTAT 2021. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>
- Feng, J., Hwang, R., Chang, K. F., Conner, R. L., Hwang, S. F., Strelkov, S. E., ... and Xue, A. G. 2011. Identification of microsatellite markers linked to quantitative trait loci controlling resistance to *Fusarium* root rot in field pea. *Canadian Journal of Plant Science*, 911, 199-204.
- Ferrari, B., Romani, M., Aubert, G., Boucherot, K., Burstin, J., Pecetti, L., ... and Annicchiarico, P. 2016. Association of SNP markers with agronomic and quality traits of field pea in Italy. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 523, 83-93.

- Fondevilla, S., Almeida, N. F., Satovic, Z., Rubiales, D., Patto, M. C. V., Cubero, J. I., and Torres, A. M. 2011. Identification of common genomic regions controlling resistance to *Mycosphaerella pinodes*, earliness and architectural traits in different pea genetic backgrounds. *Euphytica*, 1821, 43-52.
- Fondevilla, S., ÅVila, C. M., Cubero, J. I., and Rubiales, D. 2005. Response to *Mycosphaerella pinodes* in a germplasm collection of *Pisum* spp. *Plant breeding*, 1243, 313-315.
- Fondevilla, S., Cubero, J. I., and Rubiales, D. 2007b. Inheritance of resistance to *Mycosphaerella pinodes* in two wild accessions of *Pisum*. In *Ascochyta blights of grain legumes* pp. 53-58. Springer, Dordrecht.
- Fondevilla, S., Fernández-Aparicio, M., Satovic, Z., Emeran, A. A., Torres, A. M., Moreno, M. T., and Rubiales, D. 2010. Identification of quantitative trait loci for specific mechanisms of resistance to *Orobanche crenata* Forsk. in pea *Pisum sativum* L.. *Molecular Breeding*, 252, 259-272.
- Fondevilla, S., Torres, A. M., Moreno, M. T., and Rubiales, D. 2007a. Identification of a new gene for resistance to powdery mildew in *Pisum fulvum*, a wild relative of pea. *Breeding Science*, 572, 181-184.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations FAO. 2017. The future of food and agriculture: Trends and challenges.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations FAO. 2018. The State of Food Security and Nutrition in the World, Building climate resilience for food security and nutrition.
- Foucher, F., Morin, J., Courtiade, J., Cadioux, S., Ellis, N., Banfield, M. J., and Rameau, C. 2003. DETERMINATE and LATE FLOWERING are two TERMINAL FLOWER1/CENTRORADIALIS homologs that control two distinct phases of flowering initiation and development in pea. *The Plant Cell*, 1511, 2742-2754.
- Gali, K. K., Sackville, A., Tafesse, E. G., Lachagari, V. B., McPhee, K., Hybl, M., ... and Warkentin, T. D. 2019. Genome-wide association mapping for agronomic and seed quality traits of field pea *Pisum sativum* L.. *Frontiers in plant science*, 10, 1538.
- Gawłowska, M., Knopkiewicz, M., Świącicki, W., Boros, L., and Wawer, A. 2020. Quantitative trait loci for stem strength properties and lodging in two pea bi-parental mapping populations *Pisum sativum* L.. *Crop Science*.
- Ghosh, S., Watson, A., Gonzalez-Navarro, O. E., Ramirez-Gonzalez, R. H., Yanes, L., Mendoza-Suárez, M., ... and Hickey, L. T. 2018. Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. *Nature protocols*, 1312, 2944-2963.
- Goodwin, M. 2008. Crop Profile for Chickpea in Canada.
- Grant, V. 1978. *Genetics of flowering plants*. Columbia University Press.
- Griton, E.T. Field pea. 1980. In: Fehr, W.R., and H.H. Hadley. ed Hybridization of crop plants. Madison: American Society of Agronomy 347-356.

- Guindon, M. F., Martin, E., Cravero, V., and Cointry, E. 2019a. Transgressive segregation, heterosis and heritability for yield-related traits in a segregating population of *Pisum sativum* L. *Experimental Agriculture*, 554, 610-620.
- Guindon, M. F., Martin, E., Cravero, V., Gali, K. K., Warkentin, T. D., and Cointry, E. 2019b. Linkage map development by GBS, SSR, and SRAP techniques and yield-related QTLs in pea. *Molecular Breeding*, 394, 1-16.
- Gur, A., and Zamir, D. 2004. Unused natural variation can lift yield barriers in plant breeding. *PLoS Biol*, 210, e245.
- Hamon, C., Baranger, A., Coyne, C. J., McGee, R. J., Le Goff, I., L'Anthoëne, V., ... and Pilet-Nayel, M. L. 2011. New consistent QTL in pea associated with partial resistance to *Aphanomyces euteiches* in multiple French and American environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 1232, 261-281.
- Hamon, C., Coyne, C. J., McGee, R. J., Lesné, A., Esnault, R., Mangin, P., ... and Pilet-Nayel, M. L. 2013. QTL meta-analysis provides a comprehensive view of loci controlling partial resistance to *Aphanomyces euteiches* in four sources of resistance in pea. *BMC plant biology*, 131, 1-19.
- Hance, S. T., Grey, W., and Weeden, N. F. 2004. Identification of tolerance to *Fusarium solani* in *Pisum sativum* ssp. *elatius*. *Pisum Genetics*, 36, 9-13.
- Hecht, V., Knowles, C. L., Vander Schoor, J. K., Liew, L. C., Jones, S. E., Lambert, M. J., and Weller, J. L. 2007. Pea LATE BLOOMER1 is a GIGANTEA ortholog with roles in photoperiodic flowering, deetiolation, and transcriptional regulation of circadian clock gene homologs. *Plant physiology*, 1442, 648-661.
- Helbaek, H. 1959. Domestication of food plants in the Old World. *Science*, 1303372, 365-372.
- Hoey, B. K., Crowe, K. R., Jones, V. M., and Polans, N. O. 1996. A phylogenetic analysis of *Pisum* based on morphological characters, and allozyme and RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 921, 92-100.
- Hu, F., Tan, Y., Yu, A., Zhao, C., Fan, Z., Yin, W., ... and Cao, W. 2020. Strip width ratio expansion with lowered N fertilizer rate enhances N complementary use between intercropped pea and maize. *Scientific reports*, 101, 1-11.
- Huang, S., Gali, K. K., Tar'an, B., Warkentin, T. D., and Bueckert, R. A. 2017. Pea phenology: crop potential in a warming environment. *Crop Science*, 573, 1540-1551.
- Huang, X., and Han, B. 2014. Natural variations and genome-wide association studies in crop plants. *Annual review of plant biology*, 65, 531-551.
- Irzykowska, L., and Wolko, B. 2004. Interval mapping of QTLs controlling yield-related traits and seed protein content in *Pisum sativum*. *Journal of applied genetics*, 453, 297-306.
- Irzykowska, L., Wolko, B., and Swiecicki, W. K. 2002. Interval mapping of QTLs controlling some morphological traits in pea. *Cellular and Molecular Biology Letters*, 72A, 417-422.

- Jansen, R. C., and Stam, P. 1994. High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. *Genetics*, 1364, 1447-1455.
- Jensen, J. 1989. Estimation of recombination parameters between a quantitative trait locus QTL and two marker gene loci. *Theoretical and Applied Genetics*, 785, 613-618.
- Jha, A. B., Tar'an, B., Stonehouse, R., and Warkentin, T. D. 2016. Identification of QTLs associated with improved resistance to ascochyta blight in an interspecific pea recombinant inbred line population. *Crop Science*, 566, 2926-2939.
- Jing, R., Vershinin, A., Grzebyta, J., Shaw, P., Smýkal, P., Marshall, D., ... and Flavell, A. J. 2010. The genetic diversity and evolution of field pea *Pisum* studied by high throughput retrotransposon based insertion polymorphism RBIP marker analysis. *BMC Evolutionary Biology*, 101, 1-20.
- Karaca, A. C., Low, N., and Nickerson, M. 2011. Emulsifying properties of chickpea, faba bean, lentil and pea proteins produced by isoelectric precipitation and salt extraction. *Food Research International*, 449, 2742-2750.
- Khan, M. R. A., Mahbub, M. M., Reza, M. A., Shirazy, B. J., and Mahmud, F. 2016. Selection of field pea *Pisum sativum* L. genotypes through multivariate analysis. *Scientia Agriculturae*, 163, 98-103.
- King, W. and Murfet, I. Flowering in *Pisum*: a sixth locus, Dne. *Annals of Botany* 56, 835-846 1985.
- Knapp, S. J., Bridges, W. C., and Birkes, D. 1990. Mapping quantitative trait loci using molecular marker linkage maps. *Theoretical and applied genetics*, 795, 583-592.
- Knight, J. D. 2012. Frequency of field pea in rotations impacts biological nitrogen fixation. *Canadian Journal of Plant Science*, 926, 1005-1011.
- Koide, Y., Sakaguchi, S., Uchiyama, T., Ota, Y., Tezuka, A., Nagano, A. J., ... and Kishima, Y. 2019. Genetic properties responsible for the transgressive segregation of days to heading in rice. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 95, 1655-1662.
- Kooyers, N. J. 2015. The evolution of drought escape and avoidance in natural herbaceous populations. *Plant Science*, 234, 155-162.
- Koseoglu, K., Adak, A., Sari, D., Sari, H., Ceylan, F. O., and Toker, C. 2017. Transgressive segregations for yield criteria in reciprocal interspecific crosses between *Cicer arietinum* L. and *C. reticulatum* Ladiz. *Euphytica*, 2136, 116.
- Kosterin, O. E., and Bogdanova, V. S. 2008. Relationship of wild and cultivated forms of *Pisum* L. as inferred from an analysis of three markers, of the plastid, mitochondrial and nuclear genomes. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 555, 735-755.
- Kosterin, O. E., and Bogdanova, V. S. 2015. Reciprocal compatibility within the genus *Pisum* L. as studied in F1 hybrids: 1. Crosses involving *P. sativum* L. subsp. *sativum*. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 625, 691-709.
- Kosterin, O. E., and Bogdanova, V. S. 2020. Reciprocal compatibility within the genus *Pisum* L. as studied in F 1 hybrids. 3. Crosses involving *P. abyssinicum* A. Br. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 674, 967-983.

- Kosterin, O. E., Bogdanova, V. S., and Galieva, E. R. 2019. Reciprocal compatibility within the genus *Pisum* L. as studied in F 1 hybrids: 2. Crosses involving *P. fulvum* Sibth. et Smith. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 662, 383-399.
- Krajewski, P., Bocianowski, J., Gawłowska, M., Kaczmarek, Z., Pniewski, T., Święcicki, W., and Wolko, B. 2012. QTL for yield components and protein content: a multienvironment study of two pea *Pisum sativum* L. populations. *Euphytica*, 1833, 323-336.
- Kujur, A., Bajaj, D., Saxena, M. S., Tripathi, S., Upadhyaya, H.D., Gowda, C.L.L., ... and Parida, S.K. 2013. Functionally relevant microsatellite markers from chickpea transcription factor genes for efficient genotyping applications and trait association mapping. *DNA research*, 204, 355-374.
- Kumar, H., and Singh, R. B. 1981. Genetic analysis of adult plant resistance to powdery mildew in pea *Pisum sativum* L.. *Euphytica*, 301, 147-151.
- Kumar, M., Jeberson, M. S., Singh, N. B., and Sharma, R. 2017. Genetic analysis of seed yield and its contributing traits and pattern of their inheritance in fieldpea *Pisum sativum* L. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 66, 172-181.
- Ladizinsky, G., and Abbo, S. 2015. The *Pisum* genus. In *The search for wild relatives of cool season legumes* pp. 55-69. Springer, Cham.
- Lamprecht, H. 1948. The variation of linkage and the course of crossing over. *Agr. Hortique Genet*, 6, 10-48.
- Lamprecht, H. 1958. Genetics of *Pisum* [Translated by Amstutz E.]. *Califonia Packing, San Leandro, CA*.
- Lander, E. S., and Botstein, D. 1989. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics*, 1211, 185-199.
- Lee, M. 1995. DNA markers and plant breeding programs. *Advances in agronomy*, 55, 265-344.
- Lejeune-Henaut, I., Hanocq, E., Bethencourt, L., Fontaine, V., Delbreil, B., Morin, J., ... and Giauffret, C. 2008. The flowering locus *Hr* colocalizes with a major QTL affecting winter frost tolerance in *Pisum sativum* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 1168, 1105-1116.
- Levitt, J. 1980. Responses of Plants to Environmental Stress in *Chilling, Freezing, and High Temperature Stresses* ed. Levitt, J 23-64 Academic Press. 1980.
- Levy, Y. Y. and Dean, C. 1998. The transition to flowering. *Plant Cell* **10**, 1973-1990.
- Li, H., Ye, G., and Wang, J. 2007. A modified algorithm for the improvement of composite interval mapping. *Genetics*, 1751, 361-374.
- Li, Q., Park, C., Endo, T., and Kijima, A. 2004. Loss of genetic variation at microsatellite loci in hatchery strains of the Pacific abalone *Haliotis discus hannai*. *Aquaculture*, 2351-4, 207-222.
- Liew, L. C., Hecht, V., Laurie, R. E., Knowles, C. L., Vander Schoor, J. K., Macknight, R. C., and Weller, J. L. 2009. DIE NEUTRALIS and LATE BLOOMER 1

- contribute to regulation of the pea circadian clock. *The Plant Cell*, 2110, 3198-3211.
- Liu, R., Fang, L., Yang, T., Zhang, X., Hu, J., Zhang, H., ... and Zong, X. 2017. Marker-trait association analysis of frost tolerance of 672 worldwide pea *Pisum sativum* L. collections. *Scientific reports*, 71, 1-10.
- Loridon, K., McPhee, K., Morin, J., Dubreuil, P., Pilet-Nayel, M. L., Aubert, G., ... and Burstin, J. 2005. Microsatellite marker polymorphism and mapping in pea *Pisum sativum* L.. *Theoretical and Applied Genetics*, 1116, 1022-1031.
- Luo, Z. W., and Kearsey, M. J. 1989. Maximum likelihood estimation of linkage between a marker gene and a quantitative locus. *Heredity*, 633, 401-408.
- Mahmoud, S. H., Gatehouse, J. A., and Boulter, D. 1984. Inheritance and mapping of isoenzymes in pea *Pisum sativum* L.. *Theoretical and applied genetics*, 686, 559-566.
- Makasheva, R.K. 1979. Gorokh pea. *Kulturnaya flora SSR*, 1-324.
- Marx, G. A. 1977. A genetic syndrome affecting leaf development in *Pisum*. *American Journal of Botany*, 643, 273-277.
- Maxted, N., and Ambrose, M. 2000. Peas *Pisum* L.. U: Plant genetic resources of legumes in the Mediterranean ured. Maxted N. and Bennet S.
- McPhee, K. 2003. Dry pea production and breeding. *Food, Agri Environ*, 1, 64-69.
- McPhee, K. E. 2007. Pea. In *Pulses, Sugar and Tuber Crops*pp. 33-47. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Mendel, G. 1865. Versuche über pflanzen-hybriden. *Vorgelegt in den Sitzungen*.
- Mendel, G. 1866. Versuche über pflanzenhybriden. verhandlungen des naturforschenden vereines in brünn, bd. IV für das jahr 1865. *Abhandlungen*, 3-47.
- Mikić, A., Perić, V., Đorđević, V., Srebrić, M., and Mihailović, V. 2009. Anti-nutritional factors in some grain legumes. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 255-6-2, 1181-1188.
- Mohan, M., Nair, S., Bhagwat, A., Krishna, T. G., Yano, M., Bhatia, C. R., and Sasaki, T. 1997. Genome mapping, molecular markers and marker-assisted selection in crop plants. *Molecular breeding*, 32, 87-103.
- Moose, S.P. and Mumm, R.H. 2008. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. *Plant Physiol.* 147: 969-977.
- Muehlbauer, F. J., Kaiser, W. J., and Simon, C. J. 1993. Potential for wild species in cool season food legume breeding. *Euphytica*, 731, 109-114.
- Murfet, I. Flowering in *Pisum*. Three distinct phenotypic classes determined by the interaction of a dominant early and a dominant late gene. *Heredity* 26, 243-257 1971.
- Murfet, I. The Influence of Genes ar and n on Senescence in *Pisum sativum* L. *Annals of Botany* 55, 675-683 1985.

- Murfet, I.C. 1973. Flowering in *Pisum*. Hr, a gene for high response to photoperiod. *Heredity*, 312, 157-164.
- Murfet, I.C., and Reid, J.B. 1993. Developmental mutants. *Peas: genetics, molecular biology and biotechnology*, 165-216.
- Naim-Feil, E., Toren, M., Aubert, G., Rubinstein, M., Rosen, A., Eshed, R., ... and Abbo, S. 2017. Drought response and genetic diversity in *Pisum fulvum*, a wild relative of domesticated pea. *Crop Science*, 573, 1145-1159.
- Nasiri, J., Haghazari, A., and Saba, J. 2009. Genetic diversity among varieties and wild species accessions of pea *Pisum sativum* L. based on SSR markers. *African Journal of Biotechnology*, 815.
- Nisar, M., and Ghafoor, A. 2010. Inheritance studies of *Pisum sativum* F1, F2 and F3 generation based morphological traits and selection of high yielding powdery mildew resistant lines. *Legume Genomics and Genetics*, 1.
- Ochatt, S. J., Benabdelmouna, A., Marget, P., Aubert, G., Moussy, F., Pontécaille, C., and Jacas, L. 2004. Overcoming hybridization barriers between pea and some of its wild relatives. *Euphytica*, 1373, 353-359.
- Onyekachi, O. G., Boniface, O. O., Gemlack, N. F., and Nicholas, N. 2019. The Effect of Climate Change on Abiotic Plant Stress: A Review. *Abiotic and Biotic Stress in Plants*.
- Oskoueian, R., Osaloo, S. K., Maassoumi, A. A., Nejadshattari, T., and Mozaffarian, V. 2010. Phylogenetic status of *Vavilovia formosa* Fabaceae-Fabeae based on nrDNA ITS and cpDNA sequences. *Biochemical Systematics and Ecology*, 383, 313-319.
- Parida, S. K., Dalal, V., Singh, A. K., Singh, N. K., and Mohapatra, T. 2009. Genic non-coding microsatellites in the rice genome: characterization, marker design and use in assessing genetic and evolutionary relationships among domesticated groups. *BMC genomics*, 101, 1-14.
- Paterson, A. H., Tanksley, S. D., and Sorrells, M. E. 1991. DNA markers in plant improvement. *Advances in agronomy*, 46, 39-90.
- Pekşen, E., ve Artık, C. 2005. Antibesinsel maddeler ve yemelik tane baklagillerin besleyici değerleri. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 202, 110-120.
- Pérez-de-Luque, A., Jorrín, J., Cubero, J. I., and Rubiales, D. 2005. Orobanche crenata resistance and avoidance in pea *Pisum* spp. operate at different developmental stages of the parasite. *Weed Research*, 455, 379-387.
- Pilet-Nayel, M. L., Muehlbauer, F. J., McGee, R. J., Kraft, J. M., Baranger, A., and Coyne, C. J. 2005. Consistent quantitative trait loci in pea for partial resistance to *Aphanomyces euteiches* isolates from the United States and France. *Phytopathology*, 9511, 1287-1293.
- Poehlman, J. M., and Sleper, D. A. 1995. Breeding Field Crops. 4th Iowa State University Press. Ames, USA P, 494.
- Powell, W., G.C. Machray, ve J. Provan, 1996. Polymorphism Revealed by Simple Sequence Repeats. *Trends in Plant Science*, 17, 215-221.

- Powell, W., Thomas, W. T. B., Baird, E., Lawrence, P., Booth, A., Harrower, B., ... and Waugh, R. 1997. Analysis of quantitative traits in barley by the use of amplified fragment length polymorphisms. *Heredity*, 791, 48-59.
- Prioul-Gervais, S., Deniot, G., Receveur, E. M., Frankewitz, A., Fourmann, M., Rameau, C., ... and Baranger, A. 2007. Candidate genes for quantitative resistance to *Mycosphaerella pinodes* in pea *Pisum sativum* L.. *Theoretical and Applied Genetics*, 1146, 971-984.
- Prioul, S., Frankewitz, A., Deniot, G., Morin, G., and Baranger, A. 2004. Mapping of quantitative trait loci for partial resistance to *Mycosphaerella pinodes* in pea *Pisum sativum* L., at the seedling and adult plant stages. *Theoretical and Applied Genetics*, 1087, 1322-1334.
- Rick, C. M., and Smith, P. G. 1953. Novel variation in tomato species hybrids. *The American Naturalist*, 87837, 359-373.
- Rieseberg, L. H., Archer, M. A., and Wayne, R. K. 1999. Transgressive segregation, adaptation and speciation. *Heredity*, 834, 363-372.
- Rubiales, D., Fernandez-Aparicio, M., Moral, A., Barilli, E., Sillero, J. C., and Fondevilla, S. 2009. Disease resistance in pea *Pisum sativum* L. types for autumn sowings in Mediterranean environments.
- Sadras, V. O., Lake, L., Kaur, S., and Rosewarne, G. 2019. Phenotypic and genetic analysis of pod wall ratio, phenology and yield components in field pea. *Field Crops Research*, 241, 107551.
- Sari, H., Sari, D., Eker, T., Aydinoglu, B., Canci, H., Ikten, C., ... and Toker, C. 2020. Inheritance and expressivity of neoplasm trait in crosses between the domestic pea *Pisum sativum* subsp. *sativum* and tall wild pea *Pisum sativum* subsp. *elatius*. *Agronomy*, 1012, 1869.
- Sarrantonio, M. 1994. *Northeast cover crop handbook*. Rodale Institute.
- Sax, K. 1923. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. *Genetics*, 86, 552.
- Schiermeier, Q. 2019. Eat less meat: UN climate-change report calls for change to human diet. *Nature*, 5727769, 291-292.
- Shavrukov, Y., Kurishbayev, A., Jatayev, S., Shvidchenko, V., Zotova, L., Koekemoer, F., ... and Langridge, P. 2017. Early flowering as a drought escape mechanism in plants: How can it aid wheat production?. *Frontiers in plant science*, 8, 1950.
- Shreya, S., Ainmisha, S., and Vashanti, R. P. 2017. Transgressive segregation study in F₃ population of four groundnut crosses. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6, 2054-2059.
- Singh, A., Singh, S., and Babu, J. D. P. 2011. Heritability, character association and path analysis studies in early segregating population of field pea *Pisum sativum* L. var. *arvense*. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 51, 86-92.
- Singh, S. K., and Srivastava, S. B. L. 2001. Comparison of Direct and Indirect Effects of Yield Traits on Yield in Tall and Dwarf Genotypes of Pea *Pisum sativum* L.. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 142, 201-202.

- Smartt, J. 1990. *Grain legumes: evolution and genetic resources*. Cambridge university press.
- Smith, J.S.C., and Smith, O.S. 1992. Fingerprinting crop varieties. *Adv. Agron.* 47:85-129.
- Smýkal, P., Aubert, G., Burstin, J., Coyne, C. J., Ellis, N. T., Flavell, A. J., ... and Warkentin, T. D. 2012. Pea *Pisum sativum* L. in the genomic era. *Agronomy*, 22, 74-115.
- Smykal, P., Coyne C.J., Ambrose M.J., Maxted N., Schaefer, H., Blair, M.W., Berger, J., Greene, S.L., Nelson, M.N., Besharat, N., et al. 2015. Legume crops phylogeny and genetic diversity for science and breeding. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 34: 43-104.
- Smýkal, P., Kalendar, R., Ford, R., Macas, J., and Griga, M. 2009. Evolutionary conserved lineage of Angela-family retrotransposons as a genome-wide microsatellite repeat dispersal agent. *Heredity*, 1032, 157-167.
- Smýkal, P., Kenicer, G., Flavell, A. J., Corander, J., Kosterin, O., Redden, R. J., ... and Ellis, N. T. 2011. Phylogeny, phylogeography and genetic diversity of the *Pisum* genus.
- Smýkal, P., Trněný, O., Brus, J., Hanáček, P., Rathore, A., Roma, R. D., ... and Toker, C. 2018. Genetic structure of wild pea *Pisum sativum* subsp. *elatus* populations in the northern part of the Fertile Crescent reflects moderate cross-pollination and strong effect of geographic but not environmental distance. *PloS one*, 133, e0194056.
- Srivastava, R. K., and Saxena, K. B. 2019. The earliest maturing pigeonpea [*Cajanus cajan* L. Millspaugh] germplasm bred at ICRISAT. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 664, 763-766.
- Şehirali, S. 1988. *Yemeklik dane baklagiller*. Ankara: Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi.
- Takuno, S., Terauchi, R., and Innan, H. 2012. The power of QTL mapping with RILs. *PloS one*, 710, e46545.
- Tanksley, S. D. 1993. Mapping polygenes. *Annual review of genetics*, 271, 205-233.
- Tanksley, S. D., and McCouch, S. R. 1997. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *science*, 2775329, 1063-1066.
- Tar'an, B., Warkentin, T., Somers, D. J., Miranda, D., Vandenberg, A., Blade, S., ... and Penner, G. 2003. Quantitative trait loci for lodging resistance, plant height and partial resistance to mycosphaerella blight in field pea *Pisum sativum* L.. *Theoretical and Applied Genetics*, 1078, 1482-1491.
- Tar'an, B., Warkentin, T., Somers, D. J., Miranda, D., Vandenberg, A., Blade, S., and Bing, D. 2004. Identification of quantitative trait loci for grain yield, seed protein concentration and maturity in field pea *Pisum sativum* L.. *Euphytica*, 1363, 297-306.
- Thoday, J. M. 1961. Location of polygenes. *Nature*, 1914786, 368-370.

- Timmerman-Vaughan, G. M., McCallum, J. A., Frew, T. J., Weeden, N. F., and Russell, A. C. 1996. Linkage mapping of quantitative trait loci controlling seed weight in pea *Pisum sativum* L.. *Theoretical and applied genetics*, 933, 431-439.
- Timmerman-Vaughan, G. M., Mills, A., Whitfield, C., Frew, T., Butler, R., Murray, S., ... and Wilson, D. 2005. Linkage mapping of QTL for seed yield, yield components, and developmental traits in pea. *Crop Science*, 454, 1336-1344.
- Timmerman-Vaughan, G. M., Moya, L., Frew, T. J., Murray, S. R., and Crowhurst, R. 2016. Ascochyta blight disease of pea *Pisum sativum* L.: defence-related candidate genes associated with QTL regions and identification of epistatic QTL. *Theoretical and Applied Genetics*, 1295, 879-896.
- Timmerman-Vaughan, G. M., Moya, L., Frew, T. J., Murray, S. R., and Crowhurst, R. 2016. Ascochyta blight disease of pea *Pisum sativum* L.: defence-related candidate genes associated with QTL regions and identification of epistatic QTL. *Theoretical and Applied Genetics*, 1295, 879-896.
- Tiwari, K. R., Penner, G. A., Warkentin, T. D., and Rashid, K. Y. 1997. Pathogenic variation in Erysiphe pisi, the causal organism of powdery mildew of pea. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 193, 267-271.
- Tiwari, S. K., Singh, H. L., Kumar, R., Nigam, H. K., and Singh, A. P. 2001. A postmortem of selection parameters in pea *Pisum sativum* L.. *Crop Res*, 22, 237-242.
- Toker, C., and Mutlu, N. 2011. Breeding for abiotic stresses. *Biology and breeding of food legumes*, 241-261.
- Toker, C., and Sari, H. 2020, February. Phylogenetic relationship among taxa in the genus *Pisum* L. based on morphological traits. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* Vol. 458, No. 1, p. 012043. IOP Publishing.
- Toker, C., Canci, H., and Yildirim, T. 2007. Evaluation of perennial wild *Cicer* species for drought resistance. *Genetic resources and crop evolution*, 548, 1781-1786.
- Toker, C., Tomlekova, N. B., Kozgar, M. I., and Wani, M. R. 2014. Mutagenesis for resistance to abiotic stresses: chickpea as model crop. *Mutagenesis: exploring novel genes and pathways*. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, 215-238.
- Tonguç, M., Şanlı, A., ve Muharrem, K. 2009. Bezelye *Pisum sativum* L.'de Külleme Hastalığı, Kontrolü ve Dayanıklılık Kaynakları. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 181-2, 55-59.
- Tzitzikas, E. N., Vincken, J. P., de Groot, J., Gruppen, H., and Visser, R. G. 2006. Genetic variation in pea seed globulin composition. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 542, 425-433.
- Ubayasena, L., Bett, K., Tar'an, B., Vijayan, P., and Warkentin, T. 2010. Genetic control and QTL analysis of cotyledon bleaching resistance in green field pea *Pisum sativum* L.. *Genome*, 535, 346-359.
- Valderrama, M. R., Román, B., Satovic, Z., Rubiales, D., Cubero, J. I., and Torres, A. M. 2004. Locating quantitative trait loci associated with *Orobanche crenata* resistance in pea. *Weed Research*, 444, 323-328.

- van Ooijen, J. W. 1992. Accuracy of mapping quantitative trait loci in autogamous species. *Theoretical and applied genetics*, 847-8, 803-811.
- van Ooijen, J. W. 2011. Multipoint maximum likelihood mapping in a full-sib family of an outbreeding species. *Genetics research*, 935, 343-349.
- Vanhala, T., Normann, K. R., Lundström, M., Weller, J. L., Leino, M. W., and Hagenblad, J. 2016. Flowering time adaption in Swedish landrace pea *Pisum sativum* L.. *BMC genetics*, 171, 1-13.
- Vega, U., and Frey, K. J. 1980. Transgressive segregation in inter and intraspecific crosses of barley. *Euphytica*, 293, 585-594.
- Vershinin, A. V., Allnutt, T. R., Knox, M. R., Ambrose, M. J., and Ellis, T. N. 2003. Transposable elements reveal the impact of introgression, rather than transposition, in *Pisum* diversity, evolution, and domestication. *Molecular biology and evolution*, 2012, 2067-2075.
- Vito, M. D., and Perrino, P. 1978. Reaction of *Pisum* spp. to the attacks of *Heterodera goettingiana*. *Nematologia Mediterranea*, 61, 113-118.
- Voorrips, R. E. 2002. MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *Journal of heredity*, 931, 77-78.
- Watson, A., Ghosh, S., Williams, M. J., Cuddy, W. S., Simmonds, J., Rey, M. D., ... and Hickey, L. T. 2018. Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nature plants*, 41, 23-29.
- Watts, L. E., Stevenson, E., and Crampton, M. J. 1970. Inheritance of flowering time in six pea cultivars *Pisum sativum* L.. *Euphytica*, 193, 405-410.
- Weeden, N. F., and Marx, G. A. 1984. Chromosomal locations of twelve isozyme loci in *Pisum sativum*. *Journal of Heredity*, 755, 365-370.
- Weeden, N. F., and Marx, G. A. 1987. Further genetic analysis and linkage relationships of isozyme loci in the pea: Confirmation of the diploid nature of the genome. *Journal of Heredity*, 783, 153-159.
- Weeden, N. F., Swiecicki, W. K., Timmerman, G., and Ambrose, M. 1993. Guidelines for future mapping studies in *Pisum*. *Pisum Genet*, 254.
- Weller, J. I. 1986. Maximum likelihood techniques for the mapping and analysis of quantitative trait loci with the aid of genetic markers. *Biometrics*, 627-640.
- Weller, J. L. and Ortega, R. Genetic control of flowering time in legumes. *Frontiers in Plant Science* 6, 207 2015.
- Weller, J. L., Hecht, V., Liew, L. C., Sussmilch, F. C., Wenden, B., Knowles, C. L., and Vander Schoor, J. K. 2009. Update on the genetic control of flowering in garden pea. *Journal of experimental botany*, 609, 2493-2499.
- Weller, J. L., Liew, L. C., Hecht, V. F., Rajandran, V., Laurie, R. E., Ridge, S., ... and Lejeune-Hénaut, I. 2012. A conserved molecular basis for photoperiod adaptation in two temperate legumes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 10951, 21158-21163.

- White, O. E. 1917. Studies of inheritance in *Pisum*. II. *The present state of knowledge of heredity and variation in peas*. *Proc. Am. Philos. Soc.* 567, 487-588.
- Winter, P., Benko-Iseppon, A. M., Hüttel, B., Ratnaparkhe, M., Tullu, A., Sonnante, G., ... and Muehlbauer, F. J. 2000. A linkage map of the chickpea *Cicer arietinum* L. genome based on recombinant inbred lines from a *C. arietinum* × *C. reticulatum* cross: localization of resistance genes for fusarium wilt races 4 and 5. *Theoretical and Applied Genetics*, 1017, 1155-1163.
- Yadav, B., Tyagi, C. S., and Singh, D. 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. *Annals of applied biology*, 1332, 227-235.
- Yu, J., Gu, W. K., Provvidenti, R., and Weeden, N. F. 1995. Identifying and mapping two DNA markers linked to the gene conferring resistance to pea enation mosaic virus. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 1205, 730-733.
- Zeng, Z. B. 1993. Theoretical basis for separation of multiple linked gene effects in mapping quantitative trait loci. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 9023, 10972-10976.
- Zeng, Z. B. 1994. Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics*, 1364, 1457-1468.
- Zohary, D., and Hopf, M. 1973. Domestication of pulses in the Old World: legumes were companions of wheat and barley when agriculture began in the Near East. *Science*, 1824115, 887-894.
- Zohary, D., and Hopf, M. 2000. *Domestication of plants in the Old World: The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley* No. Ed. 3. Oxford University Press.

ÖZGEÇMİŞ

HATİCE SARI

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Doktora	Akdeniz Üniversitesi
2016-2021	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Antalya
Doktora	Ondokuz Mayıs Üniversitesi
2015-2016 (Yatay geçiş)	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Samsun
Yüksek Lisans	Ondokuz Mayıs Üniversitesi
2012-2015	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Samsun
Lisans	Ondokuz Mayıs Üniversitesi
2008-2012	Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Samsun

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Araştırma Görevlisi	Akdeniz Üniversitesi
2016-2021	Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Antalya

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

1. Sari, H., Sari, D., Eker, T., Toker, C. 2021. De novo super-early progeny in interspecific crosses *Pisum sativum* L.× *P. fulvum* Sibth. et Sm. *Scientific Reports*, 11(1), 1-14. Q1

2. Bimurzayev, N., Sari, H., Kurunc, A., Doganay, K. H., Asmamaw, M. 2021. Effects of different salt sources and salinity levels on emergence and seedling growth of faba bean genotypes. *Scientific Reports*, 11(1), 1-17. Q1
3. Aydin, H., Sari, D., Sari H., Eker, T., Aykurt, C., Toker, C. 2021. Phylogenetic relationships among *Pisum* L. species distributed in Asia Minor inferred from pollen and seed coat morphology. *Grana*, 1-9. Q3.
4. Toker, C., Berger, J., Eker, T., Sari, D., Sari, H., Gokturk, R. S., ... von Wettberg, E. J. 2021. *Cicer turcicum*: A New *Cicer* Species and Its Potential to Improve Chickpea. *Frontiers in Plant Science*, 12, 587. Q1
5. Chrigui, N., Sari, D., Sari, H., Eker, T., Cengiz, M. F., Ikten, C., Toker, C. 2021. Introgression of Resistance to Leafminer (*Liriomyza cicerina* Rondani) from *Cicer reticulatum* Ladiz. to *C. arietinum* L. and Relationships between Potential Biochemical Selection Criteria. *Agronomy*, 11(1), 57. Q1
6. Sari, H., Sari, D., Eker, T., Zeybek, A., Toker, C. 2021. Effect of seed priming on germination of relict beautiful vavilov, *Vavilovia formosa* (Stev.) Al. Fed. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 34(1), 101-108.
7. Sari, H., Sari, D., Eker, T., Aydinoglu, B., Canci, H., Ikten, C., ... Toker, C. 2020. Inheritance and Expressivity of Neoplasm Trait in Crosses between the Domestic Pea (*Pisum sativum* subsp. *sativum*) and Tall Wild Pea (*Pisum sativum* subsp. *elatius*). *Agronomy*, 10(12), 1869. Q1
8. Kivrak, K. G., Eker, T., Sari, H., Sari, D., Akan, K., Aydinoglu, B., ... Toker, C. 2020. Integration of extra-large-seeded and double-podded traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Agronomy*, 10(6), 901. Q1
9. Toker, C., Sari, H. (2020, February). Phylogenetic relationship among taxa in the genus *Pisum* L. based on morphological traits. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* (Vol. 458, No. 1, p. 012043). IOP Publishing.
10. Esen, A., Sari, H., Erler, F., Adak, A., Sari, D., Eker, T., Canci, H., İkten, C., Kahraman, A., Toker, C. 2019. Screening and selection of accessions in the genus *Pisum* L. for resistance to pulse beetle (*Callosobruchus chinensis* L.). *Euphytica*, 215: 82. Q2
11. Ceylan, F.O., Adak, A., Sari, D., Sari, H., Toker, C. 2019. Unveiling of suppressed genes in interspecific and backcross populations derived from mutants of *Cicer* species. *Crop and Pasture Science*, 70 (3): 254-262. Q2
12. Celmeli, T., Sari, H., Canci, H., Sari, D., Adak, A., Eker, T., Toker, C. 2018. The nutritional content of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in comparison to modern carieties. *Agronomy*, 8: 166. Q1

13. Sari, H., Sari, D., Adak, A., Çancı, H., İkten, C., Erler, F., et al. 2018. Assessment of leaf miner [*Liriomyza cicerina* Rond. (Diptera: Agromyzidae)] resistance in *Cicer echinospermum* P.H. Davis genotypes. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 31: 71-75.
14. Toker, C., Bakir, M., Sari, H., Sari, D., Adak, A., Eker, T., Cancı, H., Mutlu, N. 2018. Relationship between transgressive segregations and genetic distances based on SRR markers in *Pisum* species (Özet). *Journal of Biotechnology*, 280: S28 Q1
15. Toker, C., Adak, A., Sari, D., Sari, H., Ceylan, F.O., Cancı, H., İkten, C., Erler, F. 2018. Registration of AWC 612M chickpea mutant germplasm line resistant to leaf miner (*Liriomyza cicerina*). *Journal of Plant Registrations*, 13 (1): 87-90. Q4
16. Ceylan, F.Ö., Sari, H., Sari, D., Adak, A., Erler, F., Toker, C. 2018. Revealing of resistant sources in *Cicer* species to chickpea leaf miner, *Liriomyza cicerina* (Rondani). *Phytoparasitica*, 46: 635-643. Q3
17. Eker, T., Erler, F., Adak, A., İmrek, B., Güven, H., Tosun, H.S., Sari, D., et al. 2018. Screening of chickpea accessions for resistance against the pulse beetle, *Collosobruchus chinensis* L. (Coleoptera: Bruchidae). *Journal of Stored Products Research*, 76: 57. Q1
18. Talip, M., Adak, A., Kahraman, A., Berger, J., Sari, D., Sari, H., et al. 2018. Agromorphological traits of *Cicer reticulatum* Ladizinsky in comparison to *C. echinospermum* P.H. Davis in terms of potential to improve cultivated chickpea (*C. arietinum* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 65: 951-962. Q3
19. Adak, A., Çancı, H., İnci, N., Ceylan, F.Ö., Sari, D., Sari, H., et al. 2018. Essential selection criteria for dual uses of red pea (*Lathyrus cicera* L.). *Legume Research*, 41: 1-5. Q4
20. Adak, A., Sari, D., Sari, H., Toker, C. 2017. Gene effects of *Cicer reticulatum* on qualitative and quantitative traits in the cultivated chickpea, *Plant Breeding*, 136: 939-947. Q2
21. Köseoğlu, K., Adak, A., Sari, D., Sari, H., Ceylan, F.O., Toker, C. 2017. Transgressive segregations for yield criteria in reciprocal interspecific crosses between *Cicer arietinum* L. and *C. reticulatum* Ladiz. *Euphytica*, 213 (116). Q2

Kitap/Kitap bölümleri

1. Bakir, M., Sari, D., Sari, H., Waqas, M., & Atif, R. M. (2021). Chickpea Wild Relatives: Potential Hidden Source for the Development of Climate Resilient Chickpea Varieties. In *Wild Germplasm for Genetic Improvement in Crop Plants* (pp. 269-297). Academic Press.

Ulusal bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler

1. Sari H., Toker C., "Importance of Legumes in Nutrition", III. International Eurasian Agriculture and Natural Sciences Congress, 2019, ANTALYA.
2. Sari H., Toker C., "Importance of legumes in nitrogen fixation", III. International Eurasian Agriculture and Natural Sciences Congress, 2019, ANTALYA.
3. Toker C., Sari H., "Classification of Legumes Revisited", III. International Eurasian Agriculture and Natural Sciences Congress, 2019, ANTALYA.
4. Toker C., Sari H., "Impact of mutants in food legumes on food supply", III. International Eurasian Agriculture and Natural Sciences Congress, 2019, ANTALYA.
5. Maruf A., Sari D., Sari H., Eker T., Toker C., "Impact of Wild Cicer Species on Production under Climate Change", Proceedings of The Third International Conference on Sustainable Innovation (ICoSI 2019).
6. Toker C., Sari D., Sari H., Çat A., Çatal M., "Diagnosis of ascochyta blight in *Pisum sativum* subsp. *elatius* via molecular techniques", Uluslararası Katılımlı Türkiye VII. Bitki Koruma Kongresi.
7. Toker C., Sari H., Sari D., İkten C., "A new neoplasm in tall wild peas that cannot triggered by pea weevil, *Bruchus pisorum* L. (Bruchidae: Coleoptera)", Uluslararası Katılımlı Türkiye VII. Bitki Koruma Kongresi.
8. Toker C., Erler F., Sari D., Sari H., "Phenotyping of *Cicer* species for resistance to *Callosobruchus chinensis* L.", Uluslararası Katılımlı Türkiye VII. Bitki Koruma Kongresi, Muğla, TÜRKİYE, , vol.1, pp.33-37.
9. Toker C., Kahraman A., Aydoğan A., Akan K., Mart D., Sari D., et al., "Chickpea breeding in Turkey", 7th International Food Legumes Research Conference, Marrakesh, FAS, , pp.76-76.
10. Sari, D., Sari, H., Eker, T., İkten, C., Uzun, B., Toker, C. Phenotyping for cold tolerance in RILs derived from an interspecific cross between *Cicer arietinum* L. and *C. reticulatum* Ladiz. 7th International Legume Conference, 28 August-2 September 2018, Sendai, Japan.
11. Sari, H., Erler, F., Ceylan, F.Ö., Sari, D., Adak, A., İkten, C., et al. Screening of chickpea accessions for resistance against the chickpea leaf miner, *Liriomyza cicerina* (Rondani). 1. International Gap Agriculture & Livestock Congress, 25-27 April 2018, vol.1, no.1, pp.222-222, Şanlıurfa, Turkey.
12. Sari, H., Esen, A., Erler, F., Adak, A., Sari, D., Eker, T. et al. Evaluation of *Pisum* species for resistance to the pulse beetle, *Callosobruchus chinensis* L., 1st International GAP Agriculture and Livestock Congress, UGAP 2018, pp.222-222, 25 Nisan-27 June 2018, Şanlıurfa, Turkey.

13. Çancı, H., Sari, H., Sari, D., Adak, A., Doğdu, V., Toker, C. Xenia and metaxenia in seeds of interspecific crosses among *Pisum* species, EUCARPIA, Section Genetic Resources, "Crop diversification in a changing world. Mobilizing the green gold of plant genetic resources. pp: 140-140, 8-11 May 2017, Montpellier, France.
14. Sari, D., Sari, H., Adak, A., Çatal, M., Toker, C. Detection of ascochyta blight caused by *Ascochyta rabiei* in *Cicer isauricum* by using internal transcribed spacer sequences. VIII. International Scientific Agricultural Symposium (Agrosym 2017), pp.208-208, 5-8 October, Jahorina, Bosnia and Herzegovina.
15. Erler, F., Eker, T., İmrek, B., Güven, H., Toker, C., Tosun, H.S., Sari, D. Evaluation of chickpea genotypes for resistance against the pulse beetle, *Callosobruchus chinensis* L. (Coleoptera: Bruchidae). International Congress of the New Approaches and Technologies for Sustainable Development, pp:326-327, 21-24 September 2017, Isparta, Turkey.
16. Doğdu, V., Çancı, H., Sari, H., Sari, D., Adak, A., Toker, C. Transgressions in reciprocal interspecific crosses between the cultivated pea and its wild species.", The 4th International Conference "Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology" (PlantGen2017), pp: 24-24, 29 May - 2 June 2017, Almaty, Kazakhstan.
17. Sari, D., Adak, A., Sari, H., Toker, C. Distribution of the genus *Lens* Miller in Turkey and its importance for plant breeding, International Symposium on Biodiversity and Edible Wild Species, pp: 199-199, 3-5 Nisan 2017, Antalya, Turkey.
18. Sari, H., Sari, D., Adak, A., Toker, C. Distribution of wild *Pisum* species and the genus *Vavilovia* in Turkey", In International Symposium on Biodiversity and Edible Wild Species, pp.200-200, 3-5 April 2017, Antalya, Turkey.
19. Adak, A., Sari, D., Sari, H., Toker, C. Ecogeography and breeding achievement of wild *Cicer* species in Turkey, International Symposium on Biodiversity and Edible Wild Species, 3-5 Nisan 2017, Antalya, Turkey.
20. Köseoğlu, K., Adak, A., Sari, D., Sari, H., Baloğlu, F.Ö., Toker, C. Fruitful segregations in reciprocal interspecific crosses between the cultivated chickpea and its progenitor, EUCARPIA Genetic Resources 2017, 8-11 May 2017, Montpellier, France.
21. Toker, C., Sari, D., Sari, H., Çancı, H., İnci, N., Ceylan, F.Ö. et al. Interaction between Fe-deficiency chlorosis and temperature in chickpea (*Cicer arietinum* L.), Plant Nutrition, Growth & Environment Interactions III , 20-21 February 2017, Vienna, Austria.