T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BAHÇE BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

SOĞAN (*Allium cepa* L.) GENETİK KAYNAKLARININ MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Yüksek Lisans Tezi

Arif BAĞCI

Danışman

Prof. Dr. Ahmet BALKAYA

Bu çalışma Ondokuz Mayıs Üniversitesi tarafından OMÜ-BAP 1903.20.001 proje numarası ile desteklenmiştir.

SAMSUN
2023

TEZ KABUL VE ONAYI

Arif BAĞCI tarafından, **Prof. Dr. Ahmet BALKAYA** danışmanlığında hazırlanan **"SOĞAN (*Allium cepa* L.) GENETİK KAYNAKLARININ MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU"** başlıklı bu çalışma, jürimiz tarafından tarihinde yapılan sınav sonucunda oy birliği ile başarılı bulunarak Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

	Unvanı Adı Soyadı **Üniversitesi** **Ana Bilim/Ana Sanat Dalı**	**Sonuç**
Başkan (Danışman)	Prof. Dr. Ahmet BALKAYA Ondokuz Mayıs Üniversitesi Bahçe Bitkileri Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Doç. Dr. Ali Tevfik UNCU Necmettin Erbakan Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Dr. Öğr. Üyesi Dilek KANDEMİR Ondokuz Mayıs Üniversitesi Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü	☒ Kabul ☐ Ret

Bu tez, Enstitü Yönetim Kurulunca belirlenen ve yukarıda adları yazılı jüri üyeleri tarafından uygun görülmüştür.

Prof. Dr. Ahmet TABAK
Enstitü Müdürü

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK BEYANI

Hazırladığım Yüksek Lisans tezinin bütün aşamalarında bilimsel etiğe ve akademik kurallara riayet ettiğimi, çalışmada doğrudan veya dolaylı olarak kullandığım her alıntıya kaynak gösterdiğimi ve yararlandığım eserlerin Kaynaklar'da gösterilenlerden oluştuğunu, her unsurun enstitü yazım kılavuzuna uygun yazıldığını ve TÜBİTAK Araştırma ve Yayın Etiği Kurulu Yönetmeliği'nin 3. bölüm 9. maddesinde belirtilen durumlara aykırı davranılmadığını taahhüt ve beyan ederim.

Etik Kurul Gerekli mi ?

Evet ☐ (Gerekli ise ekler kısmına ekleyiniz)

Hayır ☒

03 / 01 / 2023
Arif BAĞCI

TEZ ÇALIŞMASI ÖZGÜNLÜK RAPORU BEYANI

Tez Başlığı : SOĞAN (*Allium cepa* L.) GENETİK KAYNAKLARININ MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Yukarıda başlığı belirtilen tez çalışması için şahsım tarafından 28.12.2022 tarihinde intihal tespit programından alınmış olan özgünlük raporu sonucunda;

Benzerlik oranı : % 9

Tek kaynak oranı : % 2 çıkmıştır.

03 / 01 / 2023
Prof. Dr. Ahmet BALKAYA

ÖZET

SOĞAN (*Allium cepa* L.) GENETİK KAYNAKLARININ MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Arif BAĞCI
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Lisansüstü Eğitim Enstitüsü
Bahçe Bitkileri Ana Bilim Dalı
Yüksek Lisans, Şubat/2023
Danışman: Prof. Dr. Ahmet BALKAYA

Soğan genetik kaynaklarının karakterizasyonu ve genetik çeşitlilik düzeylerinin belirlenmesinde morfolojik tanımlayıcılar ve moleküler analiz yöntemlerinden yararlanılmaktadır. Çeşitliliği ortaya çıkaran varyasyonlar daha çok soğan sekli, soğan rengi, soğan kabuk kalınlığı, soğan et rengi, soğan iriliği vb. gibi özelliklerden kaynaklanmaktadır. Bu çalışmada, Dünya'nın farklı lokasyonlarından toplanmış olan yerel soğan genetik kaynaklarının UPOV (Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerini Koruma Birliği) kriterlerine göre morfolojik tanımlamaları, morfolojik varyasyon düzeylerinin belirlenmesi ve SSR yöntemine göre moleküler karakterizasyonu ile genetik çeşitlilik yönünden mevcut durumunun ortaya konulması hedeflenmiştir. Tez çalışmasında, ilk olarak dünyanın farklı yerlerinden toplanmış olan ve ABD Tarım Bakanlığı bünyesinde bulunan ve Tohum Gen Bankasında (USDA-ARS-National Plant Germplasm System NPGS) temin edilen toplam 52 adet soğan genotipinden oluşan bir gen havuzu oluşturulmuştur. Araştırma sonucunda, soğan genetik kaynaklarının, morfolojik varyasyon yönünden yüksek düzeyde fenotipik çeşitlilik gösterdiği belirlenmiştir. Elde edilen verilere, Küme ve Temel Bileşen Analizi uygulanmıştır. Soğan genotiplerinde küme analizi sonucunda akrabalık ilişkilerini gösteren bir dendrogram elde edilmiştir. Ayrıca, Temel Bileşen Analizi sonucunda on temel bileşen ekseninin toplam varyasyonun %81.05'ini gösterdikleri belirlenmiştir. Soğan genotiplerinde yapılan moleküler analiz sonucunda, 19 SSR primerinden toplam 188 adet polimorfik SSR aleli elde edilmiştir. Soğan genotiplerinde, SSR markörleri ile yapılan analizler sonucunda, Unweighted Neighbor-Joining metoduna göre genotipler, 2 farklı genetik gruba ayrılmıştır. Soğan genotipleri arasında genetik uzaklık değerlerinin, 0.12-0.82 arasında değiştiği bulunmuştur. Bu çalışma sonucunda morfolojik ve moleküler karakterizasyonları yapılmış olan soğan genotipleri gelecekte hibrit soğan çeşit ıslah programında nitelikli materyaller olarak değerlendirilecektir.

Anahtar Sözcükler: *Allium cepa*, Morfolojik karakterizasyon, Fenotipik çeşitlilik, SSR, Genetik çeşitlilik

ABSTRACT

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF ONION (*Allium cepa* L.) GENETIC SOURCES

Arif BAĞCI
Ondokuz Mayıs University
Institute of Graduate Studies
Department of Horticulture
Master, February/2023
Supervisor: Prof. Dr. Ahmet BALKAYA

Morphological descriptors and molecular analysis methods are used to characterize onion genetic resources and determine genetic diversity levels. The variations that reveal the variety are mostly onion shape, onion color, onion skin thickness, onion flesh color, onion size, etc. due to features such as In this study, morphological definitions and morphological variation levels of local onion genetic resources collected from different locations of the world according to UPOV (International Union for Conservation of New Plant Varieties) criteria were investigated. and molecular characterization according to the SSR method, it is aimed to reveal the current situation in terms of genetic diversity. In the thesis study, it was first collected from different parts of the world and in the Seed Gene Bank (USDA-ARS- National A gene pool consisting of a total of 52 onion genotypes from the Plant Germplasm System NPGS was established. As a result of the research, it was determined that onion genetic sources showed a high level of phenotypic variation in terms of morphological variation. Cluster and Principal Component Analysis were applied to the obtained data. As a result of cluster analysis in onion genotypes, a dendrogram showing kinship relations was obtained. In addition, as a result of Principal Component Analysis, it was determined that ten principal component axes represented 81.05% of the total variation. As a result of molecular analysis of onion genotypes, a total of 188 polymorphic SSR alleles were obtained from 19 SSR primers. As a result of analyzes with SSR markers in onion genotypes, Unweighted Genotypes were divided into 2 different genetic groups according to the Neighbor-Joining method. Genetic distance values between onion genotypes were found to vary between 0.12 and 0.82. As a result of this study, onion genotypes, whose morphological and molecular characterizations were made, will be evaluated as qualified materials in the hybrid onion variety breeding program in the future.

Keywords: *Allium cepa*, Morphological characterization, Phenotypic diversity, SSR, Genetic diversity

ÖN SÖZ VE TEŞEKKÜR

Akademik ve mesleki kariyerimin ilerlemesinde değerli fikirleri ve tecrübeleriyle katkı sunan, tez konumun belirlenmesinde ve tez çalışmamın her aşamasında desteğini esirgemeyerek bana yol gösteren danışman hocam Prof. Dr. Ahmet BALKAYA'ya teşekkürlerimi sunarım.

Tezin moleküler çalışmalarında tecrübesini, desteklerini ve yardımlarını esirgemeyen Doç. Dr. Ali Tevfik UNCU'ya ve ekibine teşekkür ederim.

Tez çalışmasında istatistik analizlerinin yapılmasında yardımlarını ve tecrübelerini esirgemeyen Doç. Dr. Onur KARAAĞAÇ'a teşekkür ederim. Tez çalışmam boyunca katkı ve yardımlarını esirgemeyen Dr. Öğr. Üyesi Dilek KANDEMİR'e ve Öğr. Gör. Dr. Hatice Şeyma YÜCEL'e teşekkür ederim.

Tez çalışmasını OMÜ-BAP 1903.20.001 nolu projeyle destekleyen OMÜ Bilimsel Araştırma ve Geliştirme Destekleme Programına, ayrıca yapmış olduğumuz Özel sektör-Üniversite projesinde yer alan Eymen Tohumculuk firmasına maddi ve teknik desteklerinden dolayı teşekkür ederim.

Yüksek lisans tezinin arazi ve laboratuvar çalışmalarında benden yardımlarını esirgemeyen öncelikle ekip arkadaşlarım Güldane Tuğba ŞAHİN'e ve Kübra PALA'ya ayrıca lisans ve lisansüstü eğitim gören öğrencilerine de teşekkür ederim.

Eğitim-öğretim hayatım boyunca birçok fedakârlık göstererek beni destekleyen, bana güç veren, her zorlukta yanımda olan ve tezimin her aşamasında gerek fiilen gerek maddi ve manevi desteğini esirgemeyen başta babam Prof. Dr. Seydi Ahmet BAĞCI'ya, annem Kadriye BAĞCI'ya, kardeşlerim Psk. Dan. Ayşenur ÇİFCİ'ye ve Nazlı Hilal BAĞCI'ya sonsuz teşekkürlerimi sunuyorum.

Arif BAĞCI

İÇİNDEKİLER

TEZ KABUL VE ONAYI i
BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK BEYANI ii
TEZ ÇALIŞMASI ÖZGÜNLÜK RAPORU BEYANI ii
ÖZET iii
ABSTRACT iv
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR v
İÇİNDEKİLER vi
SİMGELER VE KISALTMALAR vii
ŞEKİLLER DİZİNİ viii
TABLOLAR DİZİNİ ix
1. GİRİŞ 1
2. KAYNAK ÖZETLERİ 6
2.1. Soğan Genetik Kaynaklarının Morfolojik Karakterizasyonu Ve Varyasyon Düzeylerinin Belirlenmesine Yönelik Çalışmalar 6
2.2. Soğan Genetik Kaynaklarının Moleküler Karakterizasyonu Ve Varyasyon Düzeylerinin Belirlenmesine Yönelik Çalışmalar 13
3. MATERYAL VE YÖNTEM 20
3.1. Materyal 20
3.2. İklim Özellikleri 21
3.3. Yöntem 23
3.3.1. Soğan Genetik Kaynaklarının Morfolojik Karakterizasyonu 26
3.3.2. Soğan Genetik Kaynaklarında Morfolojik Varyasyon Düzeyinin Belirlenmesi 34
3.3.3. Soğan Genetik Kaynaklarının SSR Yöntemi İle Moleküler Karakterizasyonu 35
4. BULGULAR VE TARTIŞMA 41
4.1. Soğan Genetik Kaynaklarının Morfolojik Karakterizasyonu 41
4.1.1. Yeşil (Taze) Döneme Ait Morfolojik Karakterizasyon Sonuçları 41
4.1.2. Hasat (Kuru) Dönemine Ait Morfolojik Karakterizasyon Sonuçları 47
4.2. Soğan Genetik Kaynaklarında Morfolojik Varyasyon Düzeyinin Belirlenmesi 59
4.2.1. Soğan Genetik Kaynaklarının İncelenen Özellikler Yönünden Temel Bileşen Analizi İle Değerlendirilmesi 59
4.2.2. Soğan Genetik Kaynaklarının Küme Analizi İle Gruplandırılması 62
4.2.3. Soğan Genetik Kaynaklarının Temel Bileşen Analizi Ve Küme Analizi Sonuçlarının Birlikte Değerlendirilmesi 68
4.3. Soğan Genetik Kaynaklarının Moleküler Karakterizasyonu 70
5. SONUÇ VE ÖNERİLER 82
KAYNAKLAR 86
ÖZGEÇMİŞ 92

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

C*	: Chroma
H°	: Hue
r	: Korelasyon
rpm	: Revolutions per minüte
µl	: Mikrolitre

Kısaltmalar

AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
BAP	: Bilimsel Araştırma ve Geliştirme Destekleme Programı
CIE	: International Commission on Illumination
COPH	: Cophenetic Correlation Coefficients
cpDNA	: Chloroplast DNA
CTAB	: Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
DARwin	: http://darwin.cirad.fr/product.php
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
EST-SSR	: Expressed sequence tag-derived simple sequence repeat
EtBr	: Etidyum Bromid
FAO	: Food and Agriculture Organization of the United Nations
HTSS	: High total soluble solid content
ILP	: Intron Length Polymorphic
IPGRI	: The International Plant Genetic Resources Institute
ISSR	: Inter-Simple Sequence Repeat
mtDNA	: Mitochondrial DNA
NJ	: Neighbor Joining
NPGS	: National Plant Germplasm System
NTSYS	: Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System
OMÜ	: Ondokuz Mayıs Üniversitesi
PCR	: Polymerase Chain Reaction
PIC	: Polymorphism information content
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
SAHN	: Sequential, Agglomerative, Hierarchical, Nonoverlapping
SÇKM	: Suda Çözünür Kuru Madde

SIMINT	: Similarity Matrices
SNP	: Single Nucleotid Polymorphism
SRAP	: Sequence-Related Amplified Polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeats
TAE	: Tris, Asetat, and EDTA
TB	: Temel Bileşen
TBA	: Temel Bileşen Analizi
TBE	: Tris, Borate, and EDTA
TTSM	: Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
UPGMA	: Unweighted Paired Group Method Using Arithmetic Averages
UPOV	: International Union for the Protection of New Varieties of Plants
USDA-ARS	: United States Department of Agriculture-Agricultural Research Service

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Samsun ilinin 2021 yılı Nisan-Ekim ayı dönemlerine ait ortalama yağış ve oransal nem değerleri 21

Şekil 3.2. Denemenin yürütüldüğü Samsun ilinin 2021 yılı Nisan-Ekim ayı dönemlerine ait minimum, optimum ve maksimum sıcaklık değerlerinin değişimi 22

Şekil 3.3. Yetiştirme ortamının hazırlanışı 23

Şekil 3.4. Tohum ekimi için çizilerin açılışı ve tohum ekiminin genel görünümü 23

Şekil 3.5. Denemenin tohum ekimi sonrası sera içerisinde genel görünümü 24

Şekil 3.6. Soğan genotiplerinde çıkış sonrası seyreltme işlemi 24

Şekil 3.7. Soğan genotiplerine kompoze ve üre gübresinin uygulanması..... 25

Şekil 3.8. Morfolojik karakterizasyon çalışmasının yürütüldüğü deneme alanının genel bir görünümü..... 25

Şekil 3.9. Yaprak sayılarının belirlenmesi 26

Şekil 3.10. Soğan genotiplerinde yaprak uzunluğunun cetvel ile ölçülmesi..... 26

Şekil 3.11. Soğan genotiplerinde yaprak genişliğinin dijital kumpas ile ölçümü 27

Şekil 3.12. Soğan genotiplerinde yapraklarda mumsuluk durumunun genel görünümü .. 27

Şekil 3.13. Soğan genotiplerinde kranklanma durumunun genel görünümü 28

Şekil 3.14. Yaprak renk yoğunluğunu belirlemek için örnek alımı ve L a b değerlerinin ölçümü 29

Şekil 3.15. L a b değerlerinin üç boyutlu görünümü..... 29

Şekil 3.16. Soğan genotiplerinde gövde uzunluğu ölçümü..... 29

Şekil 3.17. Gövde çapının dijital kumpas ile ölçümü 30

Şekil 3.18. Soğan boyunun cetvel ile ölçümü..... 30

Şekil 3.19. Soğan çapının dijital kumpas ile ölçümü 30

Şekil 3.20. Soğan çap pozisyonun belirlenmesi..... 31

Şekil 3.21. Soğan genotiplerinde SÇKM içeriğinin dijital refraktometre ile ölçümü..... 31

Şekil 3.22. Soğan genotiplerinde kabuk renginin dijital olarak ölçümü 32

Şekil 3.23. Soğan genotiplerinde kök diski pozisyonunun sınıflandırılması 32

Şekil 3.24. Kök disk çapının dijital kumpas ile ölçümü 32

Şekil 3.25. Soğan genotiplerinde boyun genişliğinin dijital kumpas ile ölçümü 33

Şekil 3.26. Soğan genotiplerinin şekilleri yönünden sınıflandırılması 33

Şekil 3.27. Soğan genotipinde hasattan genel görünüm 34

Şekil 3.28. Moleküler karakterizasyon için örnek toplama ve paketlemeden bir görünüm..... 35

Şekil 3.29. DNA izolasyonu aşamasında örneklerin parçalanması..... 36

Şekil 3.30. DNA izolasyonu aşamasında üst fazın alınması ve isopropanal ekleme işleminden görünümler..... 36

Şekil 3.31. DNA izolasyonu işleminden görünümler 37

Şekil 3.32. DNA izolasyonu işleminde kolona alma ve DNA'ların eldesinden görünümler 37

Şekil 3.33. Jel hazırlama, elektroforez ve görüntüleme işlemlerinin aşamaları..... 39

Şekil 4.1. Küme analizine göre soğan genotiplerinin genetik gruplandırmaları 64

Şekil 4.2. İlk üç TB ekseni değerine göre soğan genotiplerinin birbirleri ile benzerlik durumlarının üç boyutlu diyagramda gösterimi 69

Şekil 4.3. Soğan gen kaynaklarının ACM373 isimli markör ile genotiplenmesi sonuçlarını gösterir virtual jel görüntüsü 71

Şekil 4.4. Çeşitlilik analizinde kullanılan benzememezlik (Dissimilarity) matrisine ait genotiplerin korelasyonu ile dağılımı 72

Şekil 4.5. Gen havuzunu oluşturan soğan genotiplerinin Temel Bileşen Analiz sonucuna göre dağılımları 79

Şekil 4.6. Soğan genotipleri arasındaki genetik ilişkileri temsil eden NJ genetik çeşitlilik ağacı..... 80

TABLOLAR DİZİNİ

Tablo 3.1. Soğan genotiplerinin kodları, kayıt (accession) numaraları ve orijinleri..... 20
Tablo 3.2. Moleküler karakterizasyonunda kullanılan SSR markörlerinin listesi 38
Tablo 3.3. PCR çalışmalarında kullanılan bileşenler ve reaksiyon derişimleri 38
Tablo 3.4. Optimize edilmiş sıcaklık döngü düzeni (Termal cycler programı) 39
Tablo 4.1. Soğan genotiplerinin yaprak boyutları..... 42
Tablo 4.2. Soğan genotiplerinin bazı yaprak özelliklerine ait sonuçlar..... 43
Tablo 4.3. Soğan genotiplerine ait görsel yaprak rengi ve dijital olarak renk özellikleri . 45
Tablo 4.4. Soğan genotiplerine ait gövde uzunluğu ve gövde genişliği özellikleri yönünden dağılışları 47
Tablo 4.5. Soğan genotiplerinin ebatları yönünden dağılışları 48
Tablo 4.6. Soğan genotiplerinin kabuk kalınlığı ve kabuk rengi yönünden dağılışları 50
Tablo 4.7. Soğan genotiplerinin bazı kalite özellikleri yönünden dağılışları..... 51
Tablo 4.8. Soğan genotiplerinin kabuk rengi yoğunluğu yönünden dağılışları 53
Tablo 4.9. Soğan genotiplerin kök diskinin pozisyonu, çapı ve baskın büyüme noktası sayısı yönünden dağılışları 55
Tablo 4.10. Soğan ağırlığı, boyun genişliği, şekli ve hasat olum zamanları yönünden dağılışları 57
Tablo 4.11. Soğan genotipleriyle ilişkili özelliklerin temel bileşen analizine (TBA) göre değerlendirilmesi 61
Tablo 4.12. Küme analizi sonucunda elde edilen grup ve alt gruplarda soğan genotiplerinin dağılışı 62
Tablo 4.13. Küme analizi sonucunda aynı grupta yer alan soğan genotiplerinin özellikleri..... 65
Tablo 4.14. Çalışma kapsamında kullanılan markör bilgileri ve alel sayıları..... 71
Tablo 4.15. DARwin 6 analizi sonucunda soğan genotipleri arasındaki genetik benzerlik indeksi 73
Tablo 4.16. TBA analizlerinde hesaplanan varyasyonel koordinatların genotipler için dağılımı..... 78

1. GİRİŞ

Soğan (*Allium cepa* var. *cepa* L.), kültürü yapılan ilk tarım bitkilerindendir. Bu tür, *Allium* cinsi içerisinde *Amaryllidaceae* familyasında yer almaktadır. Yemeklik soğan ve yakın akraba türler (şalot, sarımsak, pırasa, Frenk soğanı, Çin soğanı) *Allioideae* alt familyası altında sınıflandırılmıştır (Costa vd., 2020). Bu cins içerisinde 1000'den fazla tür vardır (Jones ve Mann, 1963; Gökçe, 2011). Literatürde bunlardan 150'sinin Türkiye topraklarında doğal olarak yetiştiği belirtilmiştir (Gökçe, 2001). Soğanın gen merkezleri Hindistan, Türkmenistan, İran, Afganistan, Tacikistan, Pakistan, Çin'in batısı, Özbekistan ve Anadolu olarak kabul edilmektedir (Karaağaç ve Balkaya, 2017; Bağcı vd., 2021; Gökçe, 2022).

Soğan, kuru baş soğanı ve taze yeşil yaprakları tüketilen bir sebze türüdür. Soğanlar; çiğ olarak salatalarda, pişirilerek yemeklerde, kurutularak toz baharat olarak cips, kraker gibi benzeri işlenmiş gıdalarda, doğranıp dondurularak toplu yemek üreticilerinde olmak üzere farklı şekillerde değerlendirilen iştah açıcı bir sebzedir (Gökçe, 2022). İştah açıcılığının yanı sıra vitaminler; A vitamini (0.015 mg), B1 (0.03-0.05 mg), B2 (0.04-0.07 mg), B6 (0.02-0.05 mg), C vitamini (9-28 mg) ve mineraller; kalsiyum (20-32 mg), demir (0.2-0.5 mg), magnezyum (14-15 mg), fosfor (44-45 mg), potasyum (40-130 mg) ve kükürt (70 mg) yönünden iyi bir beslenme kaynağı olarak bilinmektedir (Şalk vd., 2008). Günay (1992) ideal bir soğanda (100 g); 8 g su, 8.9 g şekerli maddeler, 12 g kuru madde, 0.1 g yağ, 1.2 g protein ve 42 g kalorisi olduğunu bildirmiştir. Ayrıca soğan antiseptik özelliğini içerisinde barındığı kükürtlü maddelerden kazanmaktadır. Bu özelliği ile bademcik iltihaplarına karşı dayanıklılık göstermesinin yanı sıra grip, bronşit ve astım gibi hastalıklara da vücut direncini arttırdığı bilinmektedir (Şalk vd., 2008).

Soğan dünyada Antarktika kıtası hariç diğer tüm bölgelerde yetiştirilmektedir. Dünya 2020 yılı baş soğan üretimi 104.554.458 ton, yeşil soğan üretimi ise 4.452.728 tondur (FAO, 2022). Dünyada majör soğan üreticisi ülkeler sırasıyla Hindistan (26.738.000), Çin (23.723.552 ton), ABD (3.821.044 ton), Mısır (3.155.649 ton), Türkiye (2.280.000 ton) ve İran (2.064.317 ton)'dır. Ülkemizde hemen hemen her bölgede soğan yetiştiriciliği yapılmaktadır. İç Anadolu Bölgesi (1.039.961 ton), Karadeniz Bölgesi (668.397 ton) ve Akdeniz Bölgesi (376.145 ton) en fazla soğan üretiminin gerçekleştirildiği bölgelerdir. Soğan üretiminde Ankara İli, 865.269 ton

üretim miktarı ile ilk sıradadır. Bu ili, Çorum (295.503 ton), Amasya (286.078 ton) ve Hatay (167.653 ton) illeri izlemektedir (TÜİK, 2022).

Dünya soğan ticaretinde, önemli soğan üreticisi ülkeler önde gelen ithalatçı ülkeler arasında da görülmektedir. Bunun dışında bazı ülkelerde ise çoğunlukla soğan ithalatı ve ihracatı yapılmaktadır. Kuru soğan ithalat miktarı bakımından, 2010-2019 yılları ortalamalarına göre; ilk üç sırada Malezya (496.749 ton), ABD (477.648 ton) ve Bangladeş (338.454 ton) olmuştur. İhracat miktarlarına göre ise Hindistan (1.440.155 ton), Hollanda (1.336.741 ton) ve Çin (787.830 ton) ilk sıralarda yer almıştır (FAO, 2022). Ülkemizde soğan ihracat ve ithalat değerleri arasında açık vardır. Ülkemizin işlenmiş ve taze soğan ihracatında 94.113 ton şatış ile yaklaşık 2.5 milyon $ getiri sağlanırken, buna karşılık ithalatında ise 56.667 ton ile 3.6 milyon $ dolar çıktı gerçekleşmiştir (TÜİK, 2019).

Soğanlarda tohumdan tohuma bir neslin elde edilmesi iki yıl sürmektedir. Birinci gelişme sezonunda yaprak dipleri çevresel faktörlerin uyarmasıyla şişkinleşerek soğan oluşturmaya başlar. Çevresel faktörlerin başında gün uzunluğu ve sıcaklık gelmektedir. Şişkinleşen yaprak dipleri baş soğanın halkalarını oluşturur. Hasat olgunluğuna gelen soğanlarda yalancı gövde yatar ve yapraklar kurumaya başlar. İkinci gelişme döneminde ise baş soğanlar, yeni yaprakları oluşturduktan sonra en içteki yaprağın dibinden çiçek sapı sürgünü çıkmaktadır. Bu çiçek sapının üzerinde yüzlerce çiçekten oluşan bir çiçek topu meydana gelmektedir. Çiçeklerin tozlanıp döllenmesi ile tohum oluşturarak ikinci büyüme sezonu tamamlanmış olur (Gökçe, 2022). Türkiye'de yıl içerisinde baş soğan hasadı, Nisan ayında başlamakta ve bölgelere göre değişmekle birlikte Ekim-Kasım aylarında soğan hasadı tamamlanmaktadır. Akdeniz illerinin sahil alanlarında özellikle erkenci soğanlar, ülkenin iç bölgeleri ve yüksek rakımlı arazilerinde ise orta veya geççi soğan çeşitleri yetiştirilmektedir (Gökçe vd., 2011).

Ülkemizde soğan üretimde kullanılan çeşit sayıları, her geçen gün artış göstermektedir. Soğan üretiminde kullanılan hibrit çeşitlerin payı da son yıllarda artmaya başlamıştır. Ancak, halen tarımsal üretimde açık tozlanan soğan çeşitlerinin kullanımı daha fazla yaygındır. TTSM (2021) verilerine göre, ülkemizde şimdiye kadar tescil edilmiş ya da üretim izni alınmış toplam 207 soğan çeşidi bulunmaktadır. Bunların %18'i hibrit çeşittir. Ülkemizde son yıllarda hibrit çeşitlerin kullanım oranı artmaya başlamıştır. Ayrıca her geçen yıl ülkemizde kullanılan yerli çeşitlerin oranı

artmaya başlamış ve yabancı çeşitlere oranı yaklaşık %50'ye yaklaşmaktadır (Bağcı vd., 2021).

Yerel bitki genetik kaynakları, farklı ekolojilere adaptasyon yetenekleri, biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı dayanıklılıkları, yüksek besin ve kalite içeriklerine sahip olmaları nedeniyle çeşit ıslah programları için önemli ve eşsiz nitelikte kaynaklardır (Balkaya ve Yanmaz, 2001; Karaağaç ve Balkaya, 2017). Islahçılar soğan bitkisinde mevcut tür ve genetik çeşitlilikten yararlanarak, adaptasyon, verim, kalite ve dayanıklılık yönünden istenilen özelliklere sahip bitki çeşitlerinin seçilmesi veya çeşitlerin geliştirilmesi yolunda önemli başarılar elde etmişlerdir. Soğan yetiştiriciliği yapılan ülkelerde zaman içerisinde genetik çeşitlilik meydana gelmiş ve birçok farklı özelliklere sahip yerel çeşitler meydana gelmiştir. Çeşitli yollarla bir bölgeye gelen bitkisel materyal, bulunduğu yere adapte olmakta ve burada geçirdiği zaman sürecinde çevrenin de etkisiyle mevcut genetik yapısında zamanla belirgin değişiklikler ortaya çıkmaktadır. Bitki ıslahı çalışmalarında morfolojik varyasyonların başlangıç popülasyonlarında genetik ilerlemenin sağlanmasında büyük bir önemi bulunmaktadır. Bu nedenle, genetik materyalde morfolojik varyasyon ve fenotipik çeşitlilik düzeyinin belirlenmesi ve doğru bilinmesi önemlidir. Çünkü mevcut popülasyonda tür içerisindeki varyasyon ve fenotipik çeşitlilik düzeylerinin bilinmesi çeşit ıslah programlarının daha kısa sürede tamamlanmasını ve yeni çeşitlerin daha erken sürelerde elde edilmesine olanak sağlamaktadır (Yuguda vd., 2017). Soğan popülasyonları içerisinde fenotipik çeşitlilik oldukça fazladır. Soğan genotipleri arasında çeşitliliği ortaya çıkaran varyasyonlar daha çok soğan sekli, soğan kabuk rengi, soğanda acılık durumu, soğan et rengi ve soğan büyüklüğü vb. gibi özelliklerden kaynaklanmaktadır (Bağcı vd., 2021). Bitkisel genetik kaynaklarının korunmasında ve çeşit ıslah programlarının daha etkin biçimde kullanılmasında bitki özelliklerinin belirlenmesi ile aksesyonların oluşturulması ve bunların ıslah programlarında yararlanılması ile ilişkilidir. Bu nedenle, genetik kaynaklardan etkin bir şekilde yararlanabilmek için öncelikle bir ülkenin sahip olduğu bitkisel gen havuzu içerisindeki fenotipik ve genotipik çeşitliliğin ayrıntılı olarak araştırılması gerekmektedir (Che vd., 2003). Dünya'nın birçok ülkesinde farklı araştırıcılar tarafından soğan genetik kaynaklarının toplanması, karakterizasyonu ve fenotipik çeşitlilik düzeylerini belirlenmesi amacıyla çok sayıda çalışma yürütülmüştür (Mousavizadeh vd., 2006; Gvozdanovic vd., 2013; Sumalan vd., 2014; Sunil vd.,

2014; Yuguda vd., 2017; Sudha vd., 2019; Bağcı vd., 2021; Manjunathagowda vd., 2021).

Soğan ıslah çalışmalarında yapılan morfolojik tanımlamalar, hem uzun zaman almakta hem de bazı morfolojik karakterlerin kalıtım derecesinin düşük olması nedeniyle yanlış yorumlamalara neden olmaktadır. Ayrıca özelliklerin çevre koşullarından kolaylıkla etkilenmesi dolayısıyla genotipik özellikleri ile fenotipik özellikleri arasında zamanla belirgin farklılıklar olması sonucunda tam doğru kesin sonuçlara bazen ulaşılamamaktadır (Okumus ve Balkaya, 2007; Karaağaç ve Balkaya, 2010). Bu sorunun üstesinden gelmek ve ıslahçının daha doğru teşhislere ulaşabilmesi için günümüzde biyoteknolojik moleküler tekniklerden yararlanılmaktadır. DNA polimorfizim analizleri, gen havuzlarının genetik benzerlik ve farklılıklarını araştırmak ve ortaya koymak için güçlü bir araç olarak kullanılmaktadır (Powell vd., 1996). Yaklaşık son 30 yıldan beri çok farklı moleküler markör teknikler geliştirilmiştir. Bunlardan bazıları sırasıyla; RAPD (Random Amplified Polimorphic DNAs), SSR (Simple Sequense Repeats), RFLP (Restriction Fragment Polymorphism), AFLP (Amplified Fragment Length Polimorphism), SRAP (Sequense-related amplified polymorphism) ve SNP (Single Nucleotid Polymorphism) teknikleridir. Birçok bitki türünde bu teknikler, seri biçimde kolaylıkla ve başarıyla kullanılmaktadır. SSR (Simple Sequence Repeat) diye bilinen basit sekans tekrarları, varyasyon seviyesi düşük olan türlerde genetik çeşitliliğin araştırılmasında, çeşitlerin tespit edilmesinde ve genetik haritaların oluşturulmasında son derece etkin bir şekilde kullanılmaktadır (Staub vd., 1996). Kromozomların üzerinde genlerin bulunduğu özel kısımlar için fazla oranda alel üretebilmesi, tekrarlanabilir olması, aynı türe dahil olan çeşitler ile aynı cinse dahil türler arasında aktarımının sağlanabilmesi ve ülkelerin genetik veri tabanlarının kıyaslanmasına izin vermesi gibi oldukça önemli avantajlara sahip olması nedeni ile SSR tekniği, karakterizasyonda önceki DNA primerlerine (RFLP, RAPD, AFLP, SRAP vb.) göre daha fazla kullanılmaktadır (Acunalp, 2012). SSR yönteminin sağladığı bu avantajlardan dolayı farklı bitki tür ve çeşitlerinde yüksek oranda başarılı bir şekilde uygulandığı birçok araştırıcı tarafından bildirilmiştir (Röder vd., 1995; Geleta vd., 2005; İzgi, 2022). Moleküler markör teknolojisi sayesinde aynı materyallerin tohum gen bankasına girişi ve dublikasyonları engellenmektedir. Koleksiyon içerisindeki çeşitlilik ve genetik ilişkiler belirlenerek, büyük koleksiyonlarda alellik zenginliğin önemli bir kısmını en az örnekle temsil

edebilen çekirdek (core) koleksiyonlar oluşturulabilmektedir. Moleküler karakterizasyon ile yapılan ön seçimden sonra, çekirdek koleksiyonlarda yer alan materyallerde agronomik öneme sahip karakterler açısından daha detaylı morfolojik değerlendirmeler yapılmaktadır (Dodds ve Watanabe, 1990; Ferreira, 2006).

Bu tez çalışmasında, dünyanın farklı lokasyonlarından toplanmış olan soğan gen kaynaklarının morfolojik ve moleküler karakterizasyonun yapılması amaçlanmıştır. Ayrıca morfolojik ve moleküler özelliklere ait verilerin analizi sonucunda elde edilen benzerlik matrisinin UPGMA yöntemi ile gruplandırılması ile soğan genotipleri arasındaki fenotipik çeşitlilik, morfolojik varyasyon düzeyi ve genetik ilişkinin tespit edilmesi de hedeflenmiştir. Bitki özellik belgeleri tanımlanmış olan soğan genotiplerinin, yakın gelecekte üniversite ve özel sektör işbirliğiyle hibrit çeşit ıslah programlarında değerlendirilmesi amaçlanmaktadır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

2.1. Soğan Genetik Kaynaklarının Morfolojik Karakterizasyonu ve Varyasyon Düzeylerinin Belirlenmesine Yönelik Çalışmalar

Marotti ve Piccaglia (2002), farklı renklerdeki (beyaz, sarı ve kırmızı) 12 soğan çeşidinde taze soğan verimleri ve flavonoid içerikleri yönünden morfolojik karakterizasyon çalışması yürütmüşlerdir. Araştırıcılar; taze soğan verimlerinin sarı renkli 'Santana' ve 'Castillo' soğan çeşitlerinde $m^{2'}$de 3.1-6.7 kg arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Flavonoid içeriği bakımından en yüksek serbest quersetin ($C_{15}H_{10}O_7$) miktarı, 'Tropea rossa tonda' çeşitinde (557.8 mg kg^{-1}) belirlenmiştir. Toplam flavonoid miktarı yönünden ise 'Dorata Density' soğan çeşidinde (979.1 mg kg^{-1}) en yüksek değer tespit edilmiştir. Araştırma sonucunda; sarı renkli 'Castillo' soğan çeşidinin en yüksek soğan verimine (6,7 kg m^2) sahip olduğu saptanmıştır.

Martínez vd (2005), Kuzeybatı İspanya'dan toplanan yerel çeşit soğan koleksiyonlarında acılık analizi yapmışlardır. Çalışmada, 18 adet yerel soğan çeşidi kullanılmıştır. Pirüvik asit içerikleri yönünden de acılık analizi yapılmıştır. Analiz sonucunda; 18 adet yerel soğan çeşidinin beşi 'ekstra tatlı', dördü 'tatlı', yedi tanesi 'orta keskinlikte' ve ikisi ise 'acı' olarak gruplandırılmıştır.

Mousavizadeh vd (2006), İran yerel soğan çeşitlerinde morfolojik ve agronomik çeşitlilik durumunu belirlemek üzerine bir araştırma yürütmüşlerdir. Çalışmada, 20 yerel soğan çeşidi ve 2 adet hibrit çeşit kullanılmıştır. Denemeler iki yıl boyunca tesadüf bloklarında deneme deseninde üç tekerrürlü olarak kurulmuştur. Bitki başına soğan verimi, soğan kuru ağırlığı, kuru madde oranı, soğan çapı, soğan uzunluğu, merkez sayısı, şekil indeksi, yaprak sayısı ve yaprak uzunluğu gibi özellikler incelenmiştir. Varyans analizinde, tüm özellikler için önemli düzeyde farklılıklar olduğu belirlenmiştir. Küme analizinde, Ward yöntemi kullanılarak incelenen özellikler dört küme olarak gruplandırılmıştır. Temel bileşen analizinde, ilk üç temel eksenin toplam fenotipik varyasyonun %83.42'sini oluşturduğu saptanmıştır. Birinci ana eksende soğan kuru ağırlığı, soğan çapı, yaprak uzunluğu, bitki başına soğan verimi, yaprak sayısı ve kuru madde özellikleri öne çıkmıştır. İkinci temel eksende ise soğan boyu, şekil indeksi ve yaprak sayısı özelliklerinin varyasyon üzerine önemli düzeyde katkılar sağladığı belirlenmiştir.

Herrera-Corredor ve Carrillo-Castañeda (2007), bazı soğan çeşitlerinin fiziksel özellikleri ve tohum performanslarını esas alarak karakterizasyon yapmışlardır. Çalışmada, 5 soğan çeşidinde (Cristal White Wax, Toro, Red Burgundy, Cojumatlán ve Contessa) 100 tohum

ağırlığı, çimlenme hızı, çimlenme oranı ve tohumlarda bulunan protein içerikleri incelenmiştir. Cristal White Wax soğan çeşidinin tohum ağırlığı (0.3 g) değerinin diğerlerinden daha düşük olduğu belirlenmiştir. Diğer soğan çeşitlerinin ortalama tohum ağırlıkları 0.4 g olarak tespit edilmiştir. Cristal White Wax çeşidinin en düşük tohum çimlenme oranı (%56) ve en geç çimlenen (T50 değerleri 78 saat) soğan çeşidi olduğu tespit edilmiştir. Diğer çeşitlerde bu süre 52 saat olarak belirlenmiştir. Bütün soğan çeşitlerinde SDS-PAGE elektroforez yöntemi ile tohumlarda proteinlerin sayıları ve dağılımları da tespit edilmiştir. Tora ve Red Burgundy çeşitlerinde protein sayıları yönünden en yüksek farklılığın olduğu (sırasıyla 27 ve 14) saptanmıştır. Ayrıca, Jaccard Benzerlik katsayısına göre Cojumatlán ve Cristal White Wax soğan çeşitleri arasında en yüksek akrabalık ilişkisinin (0.95) olduğu bulunmuştur.

Mallor vd (2011), İspanya'daki 86 yerel soğan genetik kaynağının morfolojik, fiziksel-kimyasal özellikleri bakımından karakterizasyonunu yapmışlardır. Araştırmada; soğan ağırlığı, şekli, sertlik, suda çözünebilir kuru madde miktarı, acılık değeri ve şeker içeriği özellikleri incelenmiştir. Araştırma sonuçları, incelenen tüm özellikler arasında yüksek düzeyde varyasyon olduğunu göstermiştir. Korelasyon analizinde; soğanda acılık miktarı ve SÇKM (r=0.34), sertlik (r=0.32) ve sükroz içeriği (r=0.34); fruktoz ve glikoz içeriği (r=0.79); sükroz içeriği ve SÇKM (r=0.57); SÇKM miktarı ve soğan ağırlığı (r=-0.35); fruktoz ve sükroz içerikleri (r=-0.22) ve ağırlık ve sükroz içeriği (r=-0.43) arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde korelasyon olduğu bulunmuştur. Ayrıca kümeleme analizinde; ilk ana grupta sert, acı ve iri soğan çeşitlerinin yer aldığı belirlenmiştir. İri-orta ve daha az acılık değerine sahip soğan çeşitleri ise 2. grupta yer almıştır. Acı, yüksek SÇKM içeriğine sahip ve küçük çeşitler ise 3. grupta kümelenmiştir. Araştırıcılar, gelecekte soğan ıslah programlarında bu aksesyonların çeşit adayı olarak değerlendirilebileceğini bildirmişlerdir.

Manbachi vd (2012), İran'da Doğu Azerbaycan, Tahran, Razavi Khorasan ve Zanjan bölgelerinden topladıkları 23 soğan genotipinin morfolojik özelliklerinin belirlenmesi ve bunların ıslah programlarında kullanılabilirlik durumlarının tespit edilmesi amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. Soğan genotipleri, 4 tekerrürlü olarak 2010 yılında dikilmiştir. Araştırma sonucunda; Red Rey2, Azar Gokan2, Red Rey4 ve yerel Neyshaboor2 soğan genotiplerinin en yüksek verim değerlerine sahip oldukları ve incelenen özellikler yönünden yüksek düzeyde varyasyon gösterdikleri belirlenmiştir. İncelenen tüm soğan genotiplerinin düşük kuru madde içeriklerine sahip oldukları ve bu nedenle endüstri için uygun olmadıkları bildirilmiştir. Küme analizi sonucunda, 23 soğan genotipi 3 ana gruba ayrılmıştır. Araştırıcılar

özellikle 1. grupta yer alan soğan genotiplerinin ileride çeşit ıslah çalışmalarına önemli katkılar sağlayacağını belirtmişlerdir.

Wamser vd (2012), Brezilya'nın Santa Catarina eyaletinde yetiştirilen soğan genotiplerinde morfolojik karakterizasyon yapmışlardır. Ayrıca soğan genotipleri arasında var olan genetik değişkenlik düzeyi belirlenmiştir. Çalışmada, 15 soğan genetik kaynağı kullanılmıştır. Deneme, Ituporanga ve Lages lokasyonlarında tesadüf bloklarında 3 tekerrürlü olarak kurulmuştur. Çalışmada; yalancı gövdenin uzunluğu, gövde başına düşen yaprak sayısı, gövde çapı, soğan çapı, soğan boyu, soğan ağırlığı, boy:çap oranı, soğan şekli, çiçeklenme oranı özellikleri incelenmiştir. Veriler çoklu varyans analizine tabi tutulmuştur. Araştırma sonuçları, istatiksel olarak genotip x çevre interaksiyonunun önemli düzeyde etkili olduğunu göstermiştir. Elde edilen sonuçlara göre kullanılan morfolojik ve agronomik özelliklerin, genotiplerin tanımlanmasında yeterli olduğu bildirilmiştir.

Gvozdanovic vd (2013), Sırbistan soğan genetik koleksiyonunda fenotipik çeşitlilik düzeylerini incelemişlerdir. Bu araştırmada, IPGRI soğan bitki özellik belgesi kriterlerine göre 30 soğan genotipinde mumsuluk, soğan şekli, diklik derecesi, yaprak rengi, soğan şekli bakımından popülasyon homojenliği, soğan kabuk rengi, iç rengi, kabuk kalınlığı, soğanda bölünme eğilimi ve çiçeklenme zamanı gibi özellikler bakımından incelemeler yapılmıştır. Temel bileşen analizi sonuçları, incelenen özellikler bakımından genetik varyabilitenin yüksek olduğunu göstermiştir. Soğan genotiplerinde özellikle kabuk rengi, et rengi ve soğan kabuk kalınlıkları yönünden yüksek düzeyde genetik varyabilitenin bulunduğu saptanmıştır.

Sumalan vd (2014), Romanya’nın Timiş Bölgesinde bulunan bazı kırmızı soğan yerel çeşitlerinde fenotipik çeşitlilik düzeylerinin belirlenmesi üzerine bir çalışma yürütmüşlerdir. Bu bölgede yetiştirilen yerel soğan çeşitleri, abiyotik stres faktörlerine özellikle tuzlu koşullara adaptasyon yeteneği yüksek olan genetik materyallerdir. Bu araştırmada incelenen 15 kırmızı soğan genotipinde incelenen özellikler bakımından önemli düzeyde farklılıklar olduğu belirlenmiştir. Araştırma sonucunda; kırmızı soğan genotiplerinden Sânmartinu S. 18, Livezile 151, PeciuNou 99 ve Uivar 305 genotipleri ümitvar soğan çeşit adayları olarak seçilmişlerdir.

Sunil vd (2014), Hindistan Peninsular Bölgesinin fadarklı lokasyonlarından toplanan soğan germplazm koleksiyonunda fenotipik çeşitlilik ve genetik varyasyon düzeyini belirlemek amacıyla bir çalışma yapmışlardır. Araştırmada, 23 soğan hattı ve kontrol olarak üç ticari çeşit (Nasik Red, Light Red ve White Marglobe) kullanılmıştır. Denemede bitki boyu, yaprak sayısı, yaprak uzunluğu, yaprak genişliği, erken çiçeklenme oranı, başta halka sayısı, suda çözünebilir

kuru madde, baş ağırlığı gibi morfolojik özellikler incelenmiştir. Araştırma sonucunda, incelenen özelliklerin birçoğunun yüksek varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Yapılan korelasyon analizinde, en yüksek pozitif korelasyon değeri, başta halka sayısı (depo yaprak sayısı) ile baş ağırlığı arasında ve en yüksek negatif korelasyon ise yaprak uzunluğu ile yaprak genişliği arasında ve yaprak uzunluğu ile sapa kalkma yüzdesi arasında olduğu tespit edilmiştir. Temel bileşen analizinde toplam varyasyonun ilk 4 eksende toplam %99.76'ya ulaştığı belirlenmiştir. İlk temel bileşen ekseninde %97.04 oranında varyasyonun olduğu saptanmıştır. Üçüncü ve dördüncü temel eksenin toplam varyansa %0.39 ve %0.39 olarak katkı sağladığı tespit edilmiştir. Araştırıcılar soğan ağırlıkları yönünden IC 571959, IC 564056, IC 571927, IC 571919 ve IC 564059 hatlarının soğan ıslah programı için ümitvar genotipler olduğunu bildirmişlerdir.

Antofie ve Sand Sava (2016), Romanya'da Güneydoğu Transilvanya'da bulunan 'Roşie de Făgăraş' yerel soğan çeşidinde morfolojik karakterizasyon yapmışlardır. Araştırmada, üç farklı lokasyondan toplanan yerel çeşitlerde UPOV Standardı TG/46/7'ye göre morfolojik özellikler yönünden tanımlamaları yapılmıştır. Araştırıcılar, yerel 'Roşie de Făgăraş' soğan çeşidinin orta boy bir kırmızı soğan çeşidi olarak pazara girme şansının yüksek olduğunu bildirmişlerdir.

Hancı ve Gökçe (2016), Türk soğan genotiplerinde temel bileşen analizini kullanarak genetik çeşitlilik düzeyini araştırmışlardır. Çalışmada Türkiye'nin farklı lokasyonlarından toplanan 96 adet soğan genetik materyali toplanmıştır. Temel bileşen analizinde, 31 kantitatif özellik kullanılmıştır. Temel bileşen analizi sonuçlarına göre; eigen değeri ilk eksende en yüksek (7.74) bulunmuştur. Bunu ikinci eksen (3.25) ve üçüncü eksen (2.33) izlemiştir. Toplam varyans yüzdesi ilk eksende (%24.98) en yüksek olup, bunu ikinci eksen (%10.50) ve üçüncü eksen (%7.52) takip etmiştir. Eigen değerleri >1 olan dokuz temel eksende, soğan aksesyonları arasında genetik varyabilite oranı %71.84 olarak bulunmuştur. İlk temel eksende yer alan özelliklerden soğan ağırlığı (0.33) ve yalancı gövde çapı (0.30) genotipler arasında varyasyonun ortaya çıkmasında en önemli iki özellik olduğu bildirilmiştir.

Antofie ve Sand Sava (2017), bazı kırmızı soğan yerel çeşitlerinde morfolojik karakterizasyon yapmışlardır. Çalışmada, 'de Turda' ve 'de Buzău' kırmızı soğan yerel çeşitleri, UPOV bitki özellik belgesi TG/46/7'ye göre tanımlanmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, 'de Buzău'nun büyük boy soğanlar ve 'de Turda soğan çeşidinin ise orta boy soğanlar oluşturduğu belirlenmiştir. Her iki kırmızı soğan çeşidinin de UPOV TG/46/7 kriterlerine göre farklı ve durulmuş nitelikte stabil özelliklere sahip genetik materyaller olduğu bildirilmiştir.

Yuguda vd (2017), Kuzey Nijerya'da yetiştirilen 8 soğan çeşidini fenotipik özellikleri yönünden incelemişlerdir. Soğanlarda oluşan fenotipik çeşitlilik, soğan çeşitlerinden oluşan genetik koleksiyonların daha etkin değerlendirilmesine olanak sağlamaktadır. Denemede yer alan genetik materyaller Kuzey Nijerya'daki farklı soğan yetiştirme bölgelerinden toplanmıştır. Bunların yaprak ve soğan özellikleri incelenmiştir. Çeşitler arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde farklıklar olduğu belirlenmiştir. En yüksek yaprak uzunluğu (60.54 cm) ve yaprak indeksi değeri, Wuyan bijimi soğan çeşidinde ölçülmüştür.

Aryakia vd (2018), İran'da bulunan yabani soğan türlerinde tür içi ve türler arası çeşitlilik düzeyini belirlemek amacıyla morfolojik karakterizasyon yapmışlardır. Çalışmada, 13 türden 41 soğan aksesyonu 23 kalitatif ve 6 kantitatif özellik yönünden incelenmiştir. Bu özellikler esas alınarak benzerlik dendrogramı oluşturulmuştur. Araştırma sonuçları; kalitatif morfolojik tanımlama kriterlerinin tür içi morfolojik çeşitliliğin değerlendirilmesinde kullanılabileceğini göstermiştir. Bununla birlikte, 6 kantitatif özelliğin tohumların taksonomik olarak düzenlenmesinde ayırt edici olmadığı saptanmıştır. Araştırıcılar elde edilen sonuçların, tohum gen bankalarının yönetiminde ve gelecekte yeni soğan çeşitlerinin geliştirilmesi için ıslah programlarında yararlı olabileceğini belirtmişlerdir.

Dangi vd (2018), kısa gün tropikal koşullarında soğan genotiplerinde morfolojik ve biyokimyasal özellikler bakımından karakterizasyon çalışması yürütmüşlerdir. Araştırmada gen havuzu (58 adet soğan genotipi); yerel çeşitler, açık tozlaşan çeşitler, hibritler ve diğer ıslah materyallerinden oluşmuştur. Genotipler; 13 kantitatif, 9 kalitatif ve 4 biyokimyasal özellik yönünden incelenmiştir. Morfolojik ve biyokimyasal özellikler bakımından yüksek düzeyde genetik varyabilitenin bulunduğu belirlenmiştir. En yüksek verim ve toplam kuru madde içeriği, Pusa White Flat (PWF) çeşidinde tespit edilmiştir. Arka Kalyan çeşidinde ise en yüksek SÇKM (%15.7) içeriği ölçülmüştür. Red Creole3 soğan çeşidinde ise en yüksek piruvik asit (6.32 µmol/ml) değeri belirlenmiştir. En yüksek toplam fenolik içeriği (36.96 mg/g FW) ise Juni çeşidinde saptanmıştır. Araştırma sonucunda, pazarlanabilir verim ile morfolojik özellikler arasında önemli düzeyde korelasyon olduğu belirlenmiştir. Piruvik asit ile SÇKM ($r = 0.35$) arasında yüksek korelasyon katsayıları saptanmıştır.

Beşirli ve Azimi (2018), 2011-2016 yılları arasında Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 40 farklı soğan genetik kaynaklarından oluşturulan popülasyondan tohum üretimi yapmak ve elde edilen tohumlarda kalite özelliklerinin belirlenmesi amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. Denemede, her bir populasyonda tohum üretim amaçlı olarak 20 baş soğan kullanılmıştır. Soğan başları izolasyon kabinlerinde yetiştirilmiştir. İzolasyon kabinlerinde

tozlaşma çalışmaları her sabah 09:00-10:00 saatleri arasında yapılmıştır. Üretim periyodunda her bir popülasyona ait çiçek sapı sayısı (adet/baş), çiçek sapı uzunluğu (cm), tohum verimi (g), 1000 tane tohum ağırlığı, 1 gramdaki tohum sayısı ve çimlenme oranı (%) özellikleri belirlenmiştir. Araştırma sonucunda; bir baş soğandan 1-14 adet arasında çiçek sapı çıktığı, ortalama 0.5-167.64 g arasında tohum verimi alındığı tespit edilmiştir. Ayrıca ortalama çiçek sapı uzunluğunun 41.0-130.66 cm, 1000 tane tohum ağırlığının 2.65-3.95 g arasında ve 1 gramdaki tohum sayısının ise 275-341 adet arasında değişim gösterdiği saptanmıştır. Tohumlarda çimlenme oranı değerlerinin soğan genotiplerinde, %82-100 arasında olduğu belirlenmiştir.

Bayar (2019), Diyarbakır'da yetiştirilen yerel soğan genotiplerinin morfolojik yönden tanımlamalarını yapmıştır. Araştırma, Dicle Üniversitesi Ziraat Fakültesi Uygulama ve Araştırma alanında 2010-2011 yıllarında yürütülmüştür. Çalışmada genetik materyal olarak Diyarbakır'ın ilçelerinden toplanan 25 adet yerel soğan genotipi kullanılmıştır. Araştırmada incelenen 25 adet genetik materyalin özellikleri UPOV kriterlerine göre belirlenmiştir. Yapılan gözlem ve ölçümler sonucunda soğan genotipleri arasında birçok özellik bakımından çok önemli düzeyde farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. Araştırıcılar; G12, G13, G14 ve G15 soğan genotiplerinin bölgeye uygun ümitvar soğan çeşit adayları olarak değerlendirilebileceğini bildirmişlerdir.

Çalışan (2019), hibrit soğan tohumu üretiminde ana ve baba adayları geliştirme olanağı olan ve 1995 yılında başlayarak son 15 yılda geliştirilen saf hatlarda morfolojik karakterizasyon çalışması yürütmüştür. Araştırmada, Türkiye'de üretimi yapılmakta olan 10 soğan çeşidi (Bereket, Burgaz, Hazar, Metan 88, MT 101, MT 102, Redambosta, Seç, Seyhan ve Valenciana) kullanılmıştır. İncelenen özellikler sırasıyla; sap sayısı, bitki çıkış tarihleri, sap uzunluğu ve soğan verimleridir. Morfolojik karakterizasyon sonunda Metan 88 ve Seç çeşitleri en uzun sap oluşturan ve yüksek verim elde edilen çeşitler olarak belirlenmiştir.

Sönmez ve Beşirli (2019), Marmara Bölgesi'nde soğan üretimi için en iyi uzun gün ve kısa gün soğan çeşitlerini belirlemek amacıyla Atatürk Bahçe Kültürleri Merkez Araştırma Enstitüsü'nde bir çalışma yürütmüşlerdir. Araştırma, tesadüf blokları deneme desenine göre 4 çeşit ve 4 tekerrürlü olarak düzenlenmiştir. Kısa gün soğan çeşitleri (K1, K2, K3 ve K4) sonbaharda, uzun gün soğan çeşitleri (U1, U2, U3 ve U4) ise ilkbaharda tohum ekimleri yapılmıştır. Yeşil (taze) dönemde incelenen özellikler; yalancı gövdedeki yaprak sayısı, mumluluk, yaprak tutumu, kranklanma, yeşil rengin yoğunluğu, yaprak uzunluğu, yaprak genişliği ve yalancı gövde uzunluğudur. Hasat sonrası ise; soğan boyutu, soğan çapı, yüksekliği,

şekli, boyunun çapa oranı, taban rengi, boyun genişliği, pul kalınlığı, soğan başına merkez sayısı ve soğanların kuru madde içeriği özellikleri incelenmiştir. Elde edilen sonuçlara göre, kısa gün soğan çeşitlerinde K4 çeşidi en yüksek verim (67.200 kg ha-1) ve ortalama soğan ağırlığı (240 g ağırlığı) ile en iyi performansı göstermiştir. Uzun gün soğan çeşitleri arasında, U1 çeşidinin soğan ağırlığı 161.5 g ve verim değeri 54.380 kg ha-1; U4 çeşidinin soğan ağırlığı 155.9 g ve verim değerinin ise 52.470 kg ha-1 olduğu bulunmuştur. Araştırıcılar; K1, U1 ve U4 çeşitlerinin Marmara bölgesinde soğan üretimi için en ümit var soğan çeşitleri olduğunu bildirmişlerdir.

Azimi vd (2020), ülkemizde Doğu Anadolu ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinden toplanan soğan genetik kaynaklarında morfolojik karakterizasyon yapmışlardır. Çalışmada yer alan 20 soğan genotipi; Adıyaman (5), Diyarbakır (1), Elazığ (4), Kahramanmaraş (7), Malatya (1) ve Şanlıurfa (2) illerinden toplanmıştır. İncelenen özellikler, Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerini Koruma Birliği (UPOV) kriterlerine göre belirlenmiştir. Araştırma sonucunda, soğan genotiplerinde kabuk renginin; beyaz, kırmızımsı ve kahverengimsi-sarımsı renklerde, soğan şeklinin; oval, dairesel basık olduğu, soğan et renginin; beyaz, kırmızımsı ve sarı renklerde olduğu saptanmıştır. Ayrıca bitki boyunun; 31.9-64.4 cm arasında değişim gösterdiği tespit edilmiştir. Soğan ağırlığının; 30.06-186.2 g ve bitki başına yaprak sayısının ise; 6.1-16.6 arasında dağılış gösterdiği saptanmıştır.

Manjunathagowda vd (2021), S1 kademesinde kendilenmiş soğan hatları arasındaki genetik çeşitlilik ve varyabiliteyi incelemişlerdir. S1 kademesinde, incelenen özelliklerde yüksek düzeyde fenotipik ve genotipik varyasyon katsayıları ortaya çıkmaktadır. Araştırıcılar soğanda genetik ilerleme için, erken sapa kalkan, gövde üzerinde mor leke oluşumunun az olduğu, thrips zararlısına dayanıklı ve en yüksek verime sahip genotiplerin seçiminin yapılmasının önemli olduğu bildirmişlerdir. Ayrıca soğan genotiplerinde veya hatlarında genetik ilerleme için doğrudan toptan seleksiyonun daha etkili olabileceği vurgulanmıştır. Genetik mesafenin, küme analizinde elde edilen dendrogramda II-IV grupları arasında yüksek düzeyde olduğu bulunmuştur. Bu nedenle, bu gruplardan ebeveyn hatlarının seleksiyonunun, heterosis ıslahı için daha uygun olacağı bildirilmiştir.

Prashanthi vd (2021), Hindistan'da soğan genetik kaynaklarında genetik çeşitlilik düzeyini belirlemek amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. Bu amaçla, tesadüf blokları deneme deseninde 40 soğan genotipi 10 özellik bakımından incelenmiştir. Küme analizi sonucunda soğan genotipleri, 12 küme halinde gruplandırılmıştır. En yüksek D2 değeri, VII ve VIII (150.67) grupları arasında olduğu belirlenmiştir. Bunu grup VIII (149.97) kümesi izlemiştir. En

düşük D2 değerinin ise grup III ve grup II (13.56) arasında olduğu bulunmuştur. Dendrogramda; grup I'de 17 genotip, Grup V'de 6 genotip, Grup VIII'de 5 genotip, Grup IV'te 4 genotip ve Grup II, III, VI, VII, IX, X, XI ve XII'de ise birer genotip yer almıştır. D2 analizi sonuçları; 1770, 1774, Bhima Shwetha, W-125 ve 1772'nin en farklı niteliklere sahip soğan ebeveynleri olduğunu göstermiştir. Araştırıcılar, bu genotiplerin soğanın verimliliğini artırmak için çeşit ıslah programında ebeveyn olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

2.2. Soğan Genetik Kaynaklarının Moleküler Karakterizasyonu ve Varyasyon Düzeylerinin Belirlenmesine Yönelik Çalışmalar

Mahajan vd (2009), soğan çeşitlerinde SSR markörler kullanarak moleküler yönden genetik parmak izlerini incelemişlerdir. Bu çalışmada, 14 kısa gün ve 2 uzun gün soğan çeşidi olmak toplam 16 soğan çeşidi kullanılmıştır. Araştırma sonucunda, 21 primer çiftinin polimorfik olduğu ve 64 farklı alele sahip olduğu belirlenmiştir. Araştırma sonucunda; Nashik Red ve Poona Red çeşitlerinin birbirinden ayırt edilemeyecek kadar %100 benzerlik gösterdikleri tespit edilmiştir. N-53 ve Bombay Red soğan çeşitlerinin ise %95 benzer bantlara sahip olduğu saptanmıştır. Bu çeşitleri %91.3 benzer bantlar ile Arka Niketan ve Poona Red soğan çeşitleri ve %90.5 benzer band oranı ile de Arka Niketan ve Nashik Red soğan çeşitleri izlemiştir. Ayrıca SSR moleküler analiz yöntemi için Jaccard benzerlik katsayıları hesaplanmış ve buna göre soğan genotiplerinin akrabalık yönünden 5 ana grupta kümelendikleri bulunmuştur. Araştırıcılar elde edilen bu araştırma sonuçlarının, soğan çeşitlerinin DNA parmak izlerinin belirlenmesi ve hibrit soğan çeşitlerinin geliştirilmesi için uygun ebeveynlerin seçilmesinde oldukça yararlı bilgiler içerdiğini bildirmişlerdir.

Fombellida vd (2010), İspanya'da, Palencia ve Burgos bölgelerinde yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan 'Horcal' yerel soğan çeşidinde morfolojik ve moleküler karakterizasyon ile genetik varyabilite düzeylerinin belirlenmesi amacıyla 2006-2008 yılları arasında bir çalışma yürütmüşlerdir. Denemede ikisi ticari çeşit olmak üzere toplam 34 soğan genotipi incelenmiştir. Araştırma sonucunda, Horcal soğan genotiplerinin morfolojik uniformitesinin yeterli düzeyde olduğu belirlenmiştir. İncelenen 34 soğan genotipinden, 13 tanesinde genetik varyabilite düzeyleri AFLP moleküler markörler kullanılarak incelenmiştir. Jaccard benzerlik katsayısı kullanılarak UPGMA algoritması ile küme analizi yapılmıştır. Bu analiz sonucunda %44.5 benzerlik oranına sahip olan ve biri 4 soğan genotipi, diğeri ise 9 soğan genotipinden oluşan iki ana grubun kümelendiği belirlenmiştir. Elde edilen bu sonuçların, morfolojik karakterizasyon sonuçlarını destekler nitelikte olduğu bulunmuştur.

Maniruzzaman vd (2010), soğan çeşitlerinde RAPD yöntemi kullanılarak moleküler karakterizasyon çalışması yürütmüşlerdir. Araştırmada polimorfizm düzeyinin belirlenebilmesi için 10 soğan çeşidi kullanılmıştır. PCR amplifikasyon ürünlerinden elde edilen polimorfizim sonuçlarına göre soğan genotipleri arasında benzerlikleri ortaya koyan dendrogram oluşturulmuştur. İncelenen soğan çeşitleri arasında 12 primer çifti bakımından toplam 168 bandın bulunduğu belirlenmiştir. Araştırma sonucunda; Bermis ve India çeşitlerinin birbirinden oldukça farklı soğan çeşitleri olduğu buna karşın, Faridpuri ve Bhati çeşitlerinin ise en yüksek benzerlik seviyesine sahip soğan çeşitleri oldukları bulunmuştur.

Santos vd (2010), soğan çeşitlerinde mikrosatellit markörlar kullanılarak moleküler karakterizasyon yapmışlardır. Bu çalışmada, Brezilya'da tropik ve subtropik koşullarda yetiştiriciliğe uygun 44 soğan çeşidi kullanılmıştır. Jaccard'ın benzerlik katsayı kullanılarak oluşturulan dendrogramda, soğan genotipleri arasındaki genetik benzerlikler belirlenmiştir. Araştırmada soğan genotiplerinde toplam DNA içerikleri, CTAB 2x protokolüne göre ekstrakte edilmişlerdir. PCR ürünleri ise %6'lık denatüre edilmiş poliakrilamid jelde analiz edilmiştir. Araştırma sonucunda soğan genotiplerinde heterozigoti oranı tüm SSR bileşenleri için 0.58 olarak belirlenmiştir. Soğan çeşitleri arasında en yüksek sayıda benzer aleller, Yellow Granex ve Henry's Special PRR çeşitler arasında bulunmuştur. En az sayıda benzer alel sayısı ise Baia Periforme Super Precoce ve Excel soğan çeşitleri arasında tespit edilmiştir. Ayrıca elde edilen dendrogramda soğan çeşitlerinin 7 ana grup içinde kümelendikleri bildirilmiştir.

Khar vd (2011), Hindistan'da yetiştiriciliği yapılan kısa gün soğan çeşitleri ve yakın akraba *Allium* türleri arasında mikrosatellit markörler kullanılarak genetik çeşitlik düzeyinin belirlenmesi amacıyla bir çalışma yapmışlardır. Araştırma sonucunda, 60 SSR marköründen %10'undan amplifikasyon edildiği ve EST-SSR yöntemine göre karşılaştırıldığında markörlerin %53.3'ünden amplifikasyon ortaya çıktığı belirlenmiştir. Ayrıca incelenen kısa gün ve uzun gün soğan çeşitlerinin 5 farklı grup olarak kümelendikleri tespit edilmiştir. *Allium roylei* aksesyonlarının, kendi aralarında %35.5 oranında farklılık indeksine sahip olduğu belirlenmiştir. Yine *A. fistulosum* aksesyonları da kendi içerisinde yakın benzerlikler oluşturmuşlardır. Araştırıcılar, elde edilen bu sonuçların kısa gün soğan çeşitlerinde genetik çeşitlilik düzeyinin belirlenmesinde ve çeşit ıslah programlarında yararlı olabileceğini belirtmişlerdir.

Liu ve Wu (2013), Kuzeydoğu Çin'in üç eyaletinde yaygın olarak yetiştirilen patates soğanı çeşitlerinde (*Allium cepa* L. var. *aggregatum* G. Don) fenotipik ve genetik çeşitlilik düzeylerinin belirlenmesi üzerine bir çalışma yürütmüşlerdir. Denemede 49 genetik materyal

kullanılmıştır. Bu genotipler, 23 fenotipik karakter yönünden incelenmiştir. Fenotipik çeşitlilik verilerine göre yapılan küme analizinde, soğan genotiplerinin 5 farklı gruba ayrıldığı belirlenmiştir. Araştırmada, 17 SSR markörü kullanılarak toplam 143 polimorfik band elde edilmiştir. Her bir primerde tespit edilen polimorfik band sayılarının 6-12 arasında değiştiği ve ortalama band sayısının ise 8.82 olduğu belirlenmiştir. Araştırma sonuçları, soğan genotipleri arasında polimorfizim oranının %93.5 olduğunu göstermiştir. Ayrıca genotipler arasında genetik benzerlik katsayılarının 0.4969-0.86116 arasında değiştiği bulunmuştur. Moleküler karakterizasyon sonuçlarına göre soğan çeşitlerinin 6 grup içerisinde sınıflandırıldığı belirlenmiştir. Araştırıcılar, morfolojik ve moleküler karakterizasyon sonuçlarının birlikte değerlendirilmesinin soğan genotiplerinin tanımlanması ve genetik çeşitliliğin ortaya konulmasında daha doğru sonuçlar vereceğini bildirmişlerdir.

Özokutanoğlu (2013), moleküler markör kullanarak bazı yerel soğan (*Allium cepa* L.) çeşitlerinde ve ıslah edilen saf hatlarda stoplazmaların belirlemesin amaçlamışlardır. Tez çalışmasında, 10 adet ticari soğan popülasyonu (Bereket, Beyaz Bilek, Hazar, Kapıdağ Moru, Karbeyazı, Metan 88, MT 101, Seç, Seyhan ve Viktorya) ile 60 adet saf hat olmak üzere toplam 70 genotip kullanılmıştır. İlk aşamada yerel soğan popülasyonu ile saf ıslah hatlarının stoplazmaları belirlenmiştir. Daha sonra, S-sitoplazmaya sahip bireyler arasından hibrit tohum üretimi için erkek kısır ana hat ile N-sitoplazmaya sahip bireylerin arasından da idameci hatların seçim olasılıkları saptanmıştır. Araştırma sonucunda toplam 70 soğan genotipinin; cpDNA yönünden 54 tanesinin S-, 16 tanesinin N-; mtDNA yönünden 51 tanesinin S-, 14 tanesinin N-, 3 tanesinin G- ve 2 tanesinin de T-sitoplazmik yapıda oldukları tespit edilmiştir.

Mallor vd (2014), İspanya'da yerel soğan çeşitleri arasında genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla SSR markörler kullanarak bir çalışma yürütmüşlerdir. Araştırmada, deneme materyalleri İspanya Zaragoza Tohum Gen Bankasında muhafaza edilen 85 adet yerel soğan çeşidi ve 6 adet farklı *Allium* türünden oluşmaktadır. Genetik çeşitliliğinin belirlenmesi için 18 set SSR, 16 EST-SRR ve 2 genomik SSR markör kullanılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre 18 SSR marköründen 12 tanesinin denemede yer alan soğan aksesyonlarının tamamını ayırt etmekte kullanılabileceği ve polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışmada, İspanya soğan çeşitlerinde ortalama SSR başına 3.9 alel olmak üzere toplamda 47 alelin bulunduğu tespit edilmiştir. Ayrıca 6 adet farklı *Allium* türü için toplam 45 alelin olduğu bildirilmiştir. Taksonomik sınıflandırma sonucunda, 91 *Allium* aksesyonlarının dendrogramda 6 grup içerisinde kümelendiği belirlenmiştir. Her bir küme içerisinde yer alan gruplar arasında genetik mesafenin 0.69 olduğu tespit edilmiştir. Araştırıcılar, soğan genetik kaynaklarında belirlenen

genetik varyabilitenin önemli düzeyde olduğunu ve bunun soğan ıslah programı için oldukça yararlı olduğunu belirtmişlerdir.

González Pérez vd (2015), Kuzeybatı İspanya'dan toplanan soğan yerel çeşitlerinden oluşturulan koleksiyonda soğan kalite özelliklerini ve populasyonda var olan genetik çeşitlilik düzeylerini incelemişlerdir. Denemede 17 soğan çeşidi, mikrosatellit markörler tarafından belirlenmiştir. Tüm soğan koleksiyonunda 11 polimorfik markörle, 32 alel bulunduğu saptanmıştır. Her bir lokusta ortalama 2.9 alel olduğu tespit edilmiştir. İnceleme sonucunda, lokusların büyük çoğunluğunun yüksek düzeyde heterozigot oldukları belirlenmiştir. Çoklu değişken analizler kullanılarak Oimbra'nın en ayırt edici farklı soğan genotipi olduğu saptanmıştır. Diğer 16 genotipin ise bazı soğan özellikleri yönünden belirgin farklılıklar gösterdikleri bulunmuştur. Araştırmada; yerel soğan çeşitlerinin acılık ve toplam kuru madde içerikleri yönünden yüksek düzeyde farklılıklar gösterdikleri saptanmıştır. Acılık yönünden yapılan sınıflandırmada, 5 yerel soğan çeşidinin tatlı, 9 tanesinin orta acı ve 3 tanesinin ise acı olduğu tespit edilmiştir. Araştırıcılar, incelenen soğan genetik koleksiyonun tüketici isteklerine uygun yeni soğan çeşitlerinin geliştirilmesi için önemli düzeyde heterojen bir gen havuzu olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Kanbur (2015), SSR moleküler işaretleyicileri kullanılarak Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan soğan çeşitleri arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amacıyla bir tez çalışması yürütmüştür. Araştırmada 36 adet soğan çeşidi incelenmiştir. Soğan çeşitleri arasındaki genetik farklılık analizi için 18 adet SSR markör kullanılmıştır. Araştırma sonucunda, soğan çeşitleri arasında genetik benzerlik oranların %52-91 arasında değiştiği belirlenmiştir. Ayrıca benzerlik matrisine göre oluşturulan dendrogramda, %80 ve üzerinde benzerlik gösteren 9 grup ve % 90 üzerinde benzerlik gösteren 5 grup olduğu tespit edilmiştir. Araştırıcı 2 farklı firmadan temin edilen soğan çeşitlerinin %95 oranında benzer olduğunu bildirmiştir. Bu durum, benzer genotipe sahip çeşitlerin her iki firma tarafından da çoğaltılıp satıldığını göstermektedir.

Nikhil vd (2015), yirmi iki soğan genotipinde ISSR markörler kullanarak moleküler karakterizasyon çalışması yürütmüşlerdir. Araştırmada, 15 adet ISSR primeri kullanılarak soğan gen havuzundaki çeşitlilik düzeyi belirlenmiştir. Araştırma sonucunda; 69'u polimorfik ve 12'si monomorfik band olmak üzere toplam 81 band elde edilmiştir. Ayrıca, genetik akrabalık yönünden Sel 10 ve CSKO 1175 soğan genotiplerinin en uzak, Phule Samarth ve Sel 24 genotiplerinin ise en yakın ve benzer soğan genotipleri oldukları tespit edilmiştir.

Hancı ve Gökçe (2016), yaptıkları çalışmada, SSR markörleri kullanılarak Türk soğanı

germplazmında moleküler karakterizasyon ile tanımlamalarını ve genetik çeşitlilik düzeyini incelemişlerdir. Araştırmada, 83'ü Türk yerel soğan çeşidi, 3'ü ıslah hattı ve 10 tanesi ticari çeşit olmak üzere toplam 96 genetik materyal kullanılmıştır. Soğan aksesyonları arasında genetik varyabilite, 46 mikrosatellit lokusunda değerlendirilmiştir. Araştırma sonucunda, 303'ü polimorfik olmak üzere toplam 308 alel olduğu belirlenmiştir. Ayrıca bu çalışmada UPGMA analizine göre oluşturulan dendrogramda, 96 soğan genetik materyalinin 5 ana grup içerisinde kümelendiği saptanmıştır. Dice benzerlik katsayısının soğan genotiplerinde 0.407-0.767 arasında değiştiği ve ortalama benzerlik katsayısının ise 0,587 olduğu bulunmuştur. Araştırma sonuçları, incelenen soğan aksesyonları arasında 46 SSR marköründen 44 tanesinin genetik olarak ayırt etmede yeterli düzeyde ve polimorfik olduğunu göstermiştir.

Nikhil ve Jadhav (2017), moleküler markörler kullanılarak soğan genotiplerinin genetik tanımlamalarını yapmışlardır. Araştırmada yirmi soğan genotipinden oluşan bir gen havuzu kullanılmıştır. Bu çalışmada yer alan soğan genotiplerinin akrabalık ilişkileri yönünden 15 ISSR primeri kullanılarak benzerlik ve farklılıkları incelenmiştir. Denemede PCR amplifikasyonu sonucunda ortaya çıkan polimorfizim, UPGMA dendrogramı kullanılarak değerlendirilmiştir. Elde edilen dendrogramda, soğan genotipleri benzerliklerine göre farklı gruplarda kümelenmiştir. Araştırıcılar; mevcut gen havuzunda moleküler karakterizasyon sonucunda 75'i polimorfik ve 12 tanesi monomorfik band olmak üzere toplam 87 band elde edildiğini bildirmişlerdir. N-2-4-1 ve BRBO 1005 soğan genotipleri arasında genetik benzerliğin en uzak olduğu, BRBO 1026 ve BRBO 1025 soğan genotiplerinin ise yüksek düzeyde benzerlik gösterdikleri saptanmıştır.

Karić vd (2018), Bosna Hersek'te yaygın olarak yetiştirilen 5 soğan çeşidinde SSR markörleri kullanarak genetik çeşitlilik düzeylerini incelemişlerdir. Çalışmada, soğan genotiplerinin genetik benzerlik düzeylerinin belirlenmesi amacıyla 7 SSR markör kullanılmıştır. SSR markörleri arasındaki polimorfik ilişki; PIC değeri ve heterozigotiden yararlanılarak belirlenmiştir. Araştırma sonucunda, toplam 30 band elde edilmiştir. Bunların %56.7'sinin polimorfik band olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, soğan genotiplerinde PIC değeri 0.435 ve heterozigoti değeri ise 0 ile 0.785 arasında değişim göstermiştir. Soğan genotiplerinde Jaccard benzerlik katsayısının 0.14-0.55 arasında olduğu belirlenmiştir. Araştırıcılar; yerel soğan çeşitlerinde moleküler karakterizasyonda SSR analizi sonucunda genetik benzerlik ve farklılıkların kolaylıkla ayırt edilebildiğini bildirmişlerdir.

Sudha vd (2019), Hindistan'dan toplanan soğan germplazmında RAPD ve ISSR markörler kullanarak genetik çeşitlilik düzeyini belirlemişlerdir. Araştırmada, dokuz soğan genotipi incelenmiştir. Temel bileşen analiz sonucunda; çimlenme oranı, kök uzunluğu, fide uzunluğu ve plumula uzunluğunun soğan çeşitlerinin ayırt edilmesinde öne çıkan özellikler olduğu belirlenmiştir. Moleküler analiz çalışmaları sonucunda soğan genotiplerinde, 18 RAPD primeri kullanarak toplam 52 band elde edilmiştir. Ayrıca, ISSR moleküler analizinde ise 10 ISSR primerin 6 tanesinden toplam 28 farklı polimorfik band olduğu belirlenmiştir. Araştırıcılar, soğan çeşitlerinde fenotipik, genetik ve biyokimyasal değişkenlerin kullanımı sonucunda soğan ıslah programlarında başarı oranının artacağını bildirilmişlerdir.

Villano vd (2019), SNP markörler kullanılarak moleküler düzeyde genetik çeşitliliği ortaya koymak amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. Denemede kullanılan 73 soğan aksesyonunun dünyanın farklı yerlerinden toplanan yabani türler, yerel çeşitler ve ticari çeşitlerden oluştuğunu belirtmişlerdir. Araştırıcılar, SNP database markörler kullanarak örneklerin coğrafi orijinlerine bağlı olarak gen havuzlarının tanımlanabileceğini bildirilmiştir.

Ijeomah vd (2020), tarafından yapılan çalışmada *A. fistulosum* türüne ait soğan genotiplerinde DNA markörler kullanılarak genetik çeşitlilik düzeyi değerlendirilmiştir. Araştırıcılar denemede, 10 soğan çeşidi ile 1 SSR ve 3 ISSR markör kullanmışlardır. Araştırma sonucunda, dört markör kullanılarak toplam 26 polimorfik band elde edilmiştir. UPGMA dendrogramında oniki soğan çeşidinin iki ana gruba ayrıldığı belirlenmiştir. Ayrıca, SPO06 ve SPO04 soğan genotipleri arasında genetik benzerliğin bulunmadığı saptanmıştır. Araştırıcılar, kullanılan SSR markörlerinin soğan genotiplerinde genetik varyasyonun ortaya konulmasında yeterli olduğunu bildirmişlerdir.

Labate vd (2020), soğan genotiplerinde SNP markörlerin geliştirilmesi amacıyla genotiplerde sekanslama yapmışlardır. Araştırma sonucunda, ebeveyn olarak kullanılan F2 generasyonu 46 soğan bitkisinde SNP'ler tanımlanmıştır. Araştırıcılar, belirlenen bu SNP'lerin genetik karakterizasyonda ve markör yardımlı seleksiyonda yararlı olduğunu belirtmişlerdir.

Singh vd (2021), beyaz soğan genotiplerinin, toplam kuru madde içeriği yönünden morfolojik ve moleküler olarak karakterizasyonu yapmışlardır. Araştırıcılar yüksek kuru madde içeriğine sahip soğan genotiplerinin sanayide daha fazla tercih edildiğini belirtmişlerdir. Çalışmada, 35 adet yüksek kuru madde içeriğine sahip beyaz soğan genotipi için 23 SSR ve ILP kullanılarak moleküler karakterizasyonu gerçekleştirmişlerdir. UPGMA dendrogramına göre soğan genotiplerinin 2 farklı küme içerisinde gruplandığı belirlenmiştir. Toplam kuru

madde içeriği ve DNA verilerine göre Bhima-shweta ve WHT-12L-HT15-Reject-M-7'nin aynı grup içerisinde kümelendiği tespit edilmiştir. Diğer soğan genotipleri ise farklı kümeler içerisinde yer almıştır. Sonuç olarak, toplam kuru madde içerikleri yönünden WHTB-7G-GT-15-SC-M-7 (HTSS %18.80), WHT-2B-GT-18-SC-M-7 (HTSS %18.51), WHTS-4D-GT-18-MC-M-7 (HTSS %18.49), WHTB-3C-GT-18-MC-M-7 (HTSS %18.27) ve WHTS-11K-Pickle-SC-M-7 (HTSS %17.68) genotipleri ümitvar olarak belirlenmiştir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Tez çalışması, Nisan 2021-Haziran 2022 tarihleri arasındaki dönemde OMÜ-BAP 1903.20.001 kodlu Sanayi İşbirliği Araştırma Projesi kapsamında yürütülmüştür. Projenin bir kısmı, yüksek lisans tez çalışması olarak gerçekleştirilmiştir. Proje, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü ve Eymen Tohumculuk katkılarıyla yürütülmüştür. Çalışmanın morfolojik karakterizasyon kısmı, OMÜ Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümüne ait çoğaltma serasında yapılmıştır. Moleküler karakterizasyon kısmı ise Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü uygulama laboratuvarında gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonrası selekte edilen soğan genotiplerinde kendileme ve tohum üretimleri, Eymen Tohumculuk deneme alanlarında ve Ondokuz Mayıs Üniversitesi araştırma ve uygulama arazisinde yürütülmüştür.

3.1. Materyal

Bu çalışmada, genetik materyal olarak dünyanın farklı yerlerinden toplanmış olan ve ABD Tarım Bakanlığı bünyesinde Tohum Gen Bankasında (USDA-ARS-National Plant Germplasm System NPGS) muhafaza edilen 52 soğan genotipi kullanılmıştır. Tez çalışmasında kullanılan soğan genotiplerine ait kayıt (accession) bilgileri, Tablo 3.1'de verilmiştir.

Tablo 3.1. Soğan genotiplerinin kodları, kayıt (accession) numaraları ve orijinleri

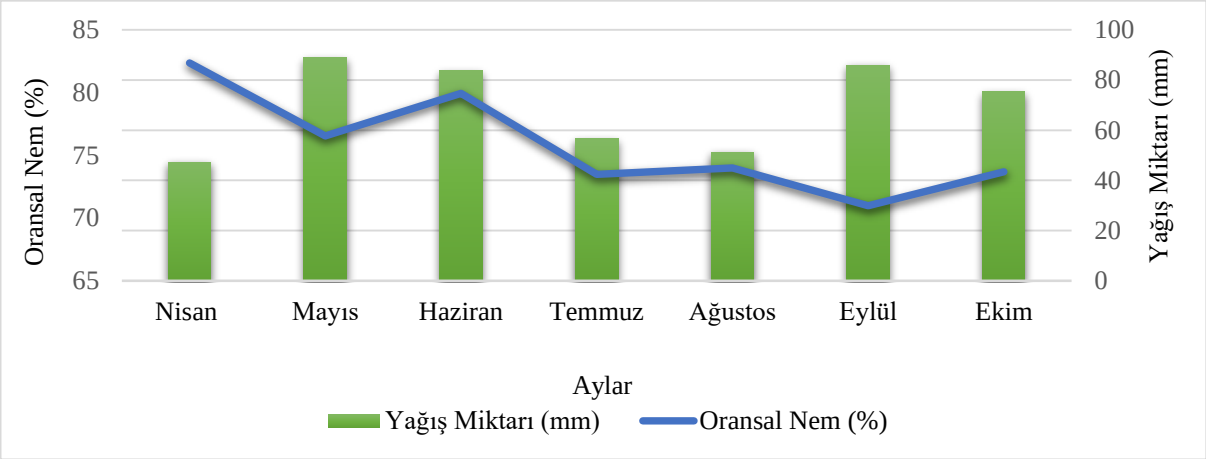
Genotip Kodu	Kayıt (Accession) Numarası	Orijini	Genotip Kodu	Kayıt (Accession) Numarası	Orijini
U1	PI 546221	ABD	**U17**	PI 354095	Kuzey Makedonya
U2	PI 546235	ABD	**U18**	PI 354099	Kuzey Makedonya
U3	PI 546253	ABD	**U19**	PI 262926	Rusya
U4	PI 546264	ABD	**U20**	PI 262981	Hollanda
U5	PI 546291	ABD	**U21**	PI 264320	İspanya
U6	PI 656877	ABD	**U22**	PI 264327	İspanya
U7	PI 656883	ABD	**U23**	PI 264632	Hollanda
U8	PI 688219	ABD	**U24**	PI 546208	ABD
U9	PI 546140	ABD	**U25**	PI 546221	ABD
U10	PI 546150	ABD	**U26**	PI 546291	ABD
U11	PI 546174	ABD	**U27**	PI 656877	ABD
U12	PI 546186	ABD	**U28**	PI 656883	ABD
U13	PI 344257	Türkiye	**U29**	PI 688219	İspanya
U14	PI 344259	Türkiye	**U30**	PI 546118	ABD
U15	PI 354090	Kuzey Makedonya	**U31**	PI 546140	ABD
U16	PI 354093	Kuzey Makedonya	**U32**	PI 546150	ABD

Tablo 3.1. (devam)

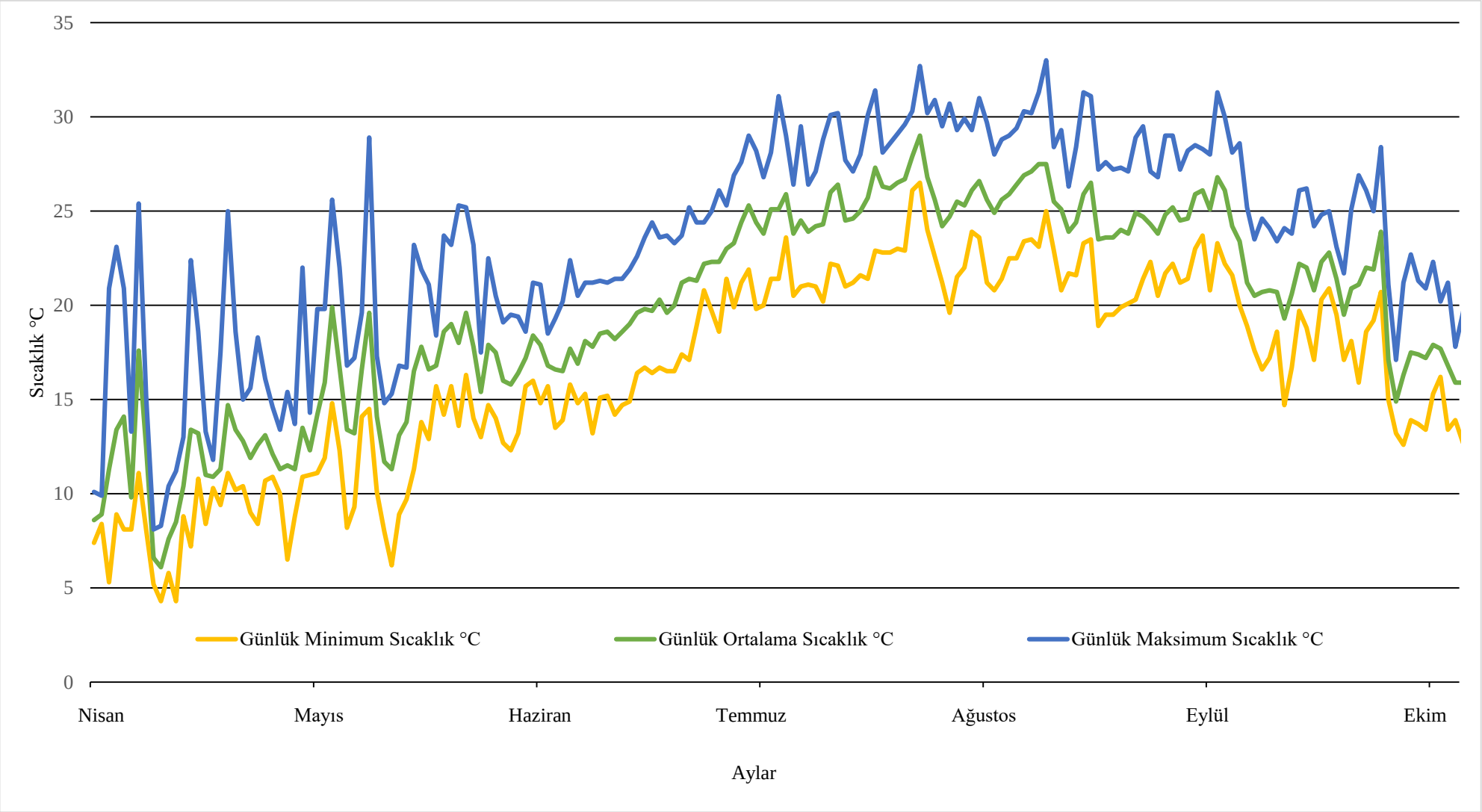
Genotip Kodu	Kayıt (Accession) Numarası	Orijini	Genotip Kodu	Kayıt (Accession) Numarası	Orijini
U33	PI 546174	ABD	**U43**	PI 258956	Şili
U34	PI 546182	ABD	**U44**	PI 262898	ABD
U35	PI 357221	Kuzey Makedonya	**U45**	PI 262916	Rusya
U36	PI 368354	Kuzey Makedonya	**U46**	PI 262921	Rusya
U37	PI 368362	Kuzey Makedonya	**U47**	PI 262924	Rusya
U38	PI 368363	Kuzey Makedonya	**U48**	PI 264649	Almanya
U39	PI 379070	Sırbistan	**U49**	PI 264777	İtalya
U40	PI 249903	İspanya	**U50**	PI 273212	Polonya
U41	PI 256329	Brezilya	**U51**	PI 276324	Norveç
U42	PI 257276	İspanya	**U52**	PI 288900	Macaristan

3.2. İklim Özellikleri

Soğan genotiplerinde morfolojik karakterizasyon çalışmalarının yürütüldüğü 2021 yılı Nisan-Ekim ayları arasındaki döneme ait iklim verileri, Samsun Meteoroloji 10. Bölge Müdürlüğünden alınmıştır (Anonim, 2022). Tez çalışmasının yürütüldüğü döneme ait, ortalama yağış değerleri ve oransal nem değerleri Şekil 3.1'de ve sıcaklık değerleri ise Şekil 3.2'de sunulmuştur.



Şekil 3.1. Samsun ilinin 2021 yılı Nisan-Ekim ayı dönemlerine ait ortalama yağış ve oransal nem değerleri



Şekil 3.2. Denemenin yürütüldüğü Samsun ilinin 2021 yılı Nisan-Ekim ayı dönemlerine ait minimum, optimum ve maksimum sıcaklık değerlerinin değişimi

3.3. Yöntem

Soğan genotiplerinin morfolojik karakterizasyon çalışmasında bitki yetiştiricilikleri plastik kasalarda yürütülmüştür. Böylece toprak yapısına bağlı kalmaksızın uniform yapıda soğan genotiplerinin yetiştirilmesi sağlanmıştır.

Deneme, sera içerisinde 09.04.2021 tarihinde kurulmuştur. Plastik kasalar, 400*600*170 mm ebatlarındadır. Yetiştirme ortamı olarak 2:1 oranında torf ve perlit harç karışımı hazırlanılarak kullanılmıştır (Şekil 3.3).

Şekil 3.3. Yetiştirme ortamının hazırlanışı

Soğan genotiplerinde tohum stoklarının sınırlı olması nedeniyle, her bir genotip için iki tekerrürlü olarak plastik kasalara 3'er çizi ve her çiziye 5'er tohum olacak şekilde toplamda 30 adet tohum ekimi gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.4).

Şekil 3.4. Tohum ekimi için çizilerin açılışı ve tohum ekiminin genel görünümü

Tohum ekimi sonrası soğan genotiplerinde sulama ve diğer bakım işlemleri (ilaçlama, gübreleme vb.) kontrollü olarak yapılmıştır (Şekil 3.5).

Şekil 3.5. Denemenin tohum ekimi sonrası sera içerisinde genel görünümü

Soğan genotiplerinde bitki çıkışlarının takibi yapılarak sık ekim yapılan genotiplerde daha sonra seyreltme işlemleri gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.6).

Şekil 3.6. Soğan genotiplerinde çıkış sonrası seyreltme işlemi

Seyreltme sonrası büyüme ve gelişmelerine bağlı olarak her bir yetiştirme kasasına bir hafta arayla önce 17.05.2021 tarihinde, 20 litre suda çözdürülmüş 40-50 g kompoze gübre (N-P-K, 20-20-20) ve ardından 25.05.2021 tarihinde ise 5-10 g arasında üre uygulaması yapılmıştır (Şekil 3.7). Soğanda kök çürüklüğü (*Fusarium oxysporium*) için fungisit ve beyaz sinek (*Trialeurodes vaporariorum*) için insektisit uygulamaları yapılmıştır**.**

Şekil 3.7. Soğan genotiplerine kompoze ve üre gübresinin uygulanması

Soğan genotiplerinin bulunduğu kasalar, serada artan sıcaklıklar nedeniyle bitkilerin zarar görmemesi, büyüme ve gelişmenin devam etmesi için 22.06.2021 tarihinde sera dışına alınmıştır (Şekil 3.8).

Şekil 3.8. Morfolojik karakterizasyon çalışmasının yürütüldüğü deneme alanının genel bir görünümü

3.3.1. Soğan Genetik Kaynaklarının Morfolojik Karakterizasyonu

Morfolojik karakterizasyon çalışmaları UPOV (Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerini Koruma Birliği) TG/46/7 kriterlerine göre yeşil (taze) soğan döneminde (11 özellik) ve kuru soğan döneminde (17 özellik) olmak üzere toplam 28 kriter yönünden incelenmiştir. Bu değerlendirme kriterleri, aşağıda ayrıntılı olarak verilmiştir.

3.3.1.1. Yeşil (Taze) Soğan Olgunluk Döneminde İncelenen Morfolojik Özellikler

a. Yaprak sayısı: Soğan bitkisinde yeşil dönemde 06.07.2021 tarihinde yapraklar adet olarak sayılmıştır. Buna göre genotipler yaprak sayısı yönünden az, orta ve çok olarak gruplandırılmıştır (Şekil 3.9).

Şekil 3.9. Yaprak sayılarının belirlenmesi

b. Yaprak uzunluğu (cm): Yaprak uzunlukları cetvel ile ölçülmüştür. Elde edilen sonuçlara göre soğan genotipleri yaprak uzunlukları yönünden kısa, orta ve uzun olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 3.10).

Şekil 3.10. Soğan genotiplerinde yaprak uzunluğunun cetvel ile ölçülmesi

c. Yaprak genişliği (mm): Yaprak genişlikleri dijital kumpas ile ölçülmüştür. Elde edilen sonuçlara göre soğan genotipleri dar, orta ve geniş olarak gruplara ayrılmıştır (Şekil 3.11).

Şekil 3.11. Soğan genotiplerinde yaprak genişliğinin dijital kumpas ile ölçümü

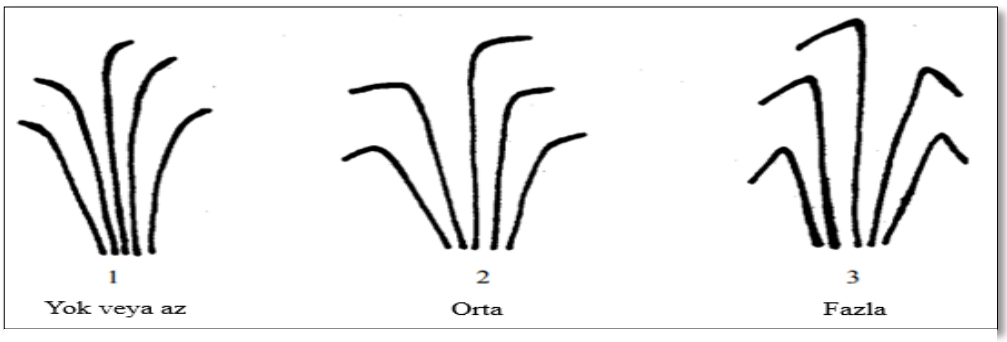
d. Yaprakların duruşu: Bitki üzerinde oluşan yaprakların duruşu; dik, yarı dik ve yatay şeklinde sınıflandırılmıştır.

e. Yapraklarda mumsuluk durumu: Soğan genotiplerinin yapraklarında mumsuluk durumu var veya yok şeklinde belirlenmiştir (Şekil 3.12).

Şekil 3.12. Soğan genotiplerinde yapraklarda mumsuluk durumunun genel görünümü

f. Yapraklarda mumsuluk derecesi: Soğan genotiplerinin yapraklarındaki mumsuluk düzeyi az, orta ve çok olarak değerlendirilmiştir.

g. Yapraklarda kıvırcıklık (kranklanma) durumu: Yapraklarda kranklanma durumu yok veya az, orta ve fazla şeklinde belirlenmiştir (Şekil 3.13).

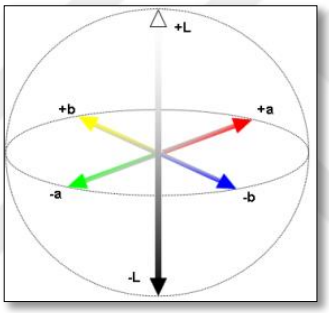


Şekil 3.13. Soğan genotiplerinde kranklanma durumunun genel görünümü

h. Yaprak rengi: Görsel olarak açık yeşil, yeşil ve koyu yeşil tonlarında sınıflandırılmışlardır.

i. Yaprak rengi yoğunluğu: Dijital renk ölçme cihazı (kromametre) ile yaprak renginin L a b, hue ve kroma değerleri ölçülmüştür (Şekil 3.14). Renklerin belirlenmesinde veya aralarındaki farklılık seviyelerinin cihazlar kullanılarak ifade edilmesinde CIE (International Commission on Illumination=Uluslararası Aydınlatma Komisyonu) tarafından belirlenen ve "1976 CIE L*, a*, b* veya CIE L a b üç nokta ölçüm yöntemi" olarak isimlendirilen yöntem yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu yöntemde, kromametre (dijital renk ölçüm cihazı) olarak isimlendirilen cihazlarla, örnekler üzerinden ölçümler yapılmakta ve sayısal veriler elde edilmektedir. L*/L ışık geçirgenlik, a*/a kırmızı, -a*/-a yeşil, b*/b sarı, -b*/-b mavi renk değerini ifade etmektedir (Batu vd., 1997) (Şekil 3.15). CIE L a b uzayında, a* ve b* eksenleri birbirlerine dik açı yapmaktadır. Diğer bir eksen olan L*, açıklık/koyuluğun ölçüsüdür ve a*/b* eksenlerince oluşturulan düzleme dik uzanmaktadır. Kırmızıdan sarıya doğru artış gösteren dönme açısı "h" (hue), rengin bir ölçüsüdür. h = 0° kırmızı renk tonunu, h = 90° sarı renk tonunu, h = 270° mavi bir renk tonunu ifade etmektedir. Belirli 10 parlaklıktaki (L* değerindeki) bir rengin canlılığını C* değeri (kroma) ifade eder. Bu yöntemde renkler, L*, a* ve b* koordinatları ile veya L*, C* ve h değerleri ile tanımlanmaktadır. L*'nin değerleri, siyahtan beyaza doğru 0 (sıfır)' dan 100'e kadar olan sayısal veriler ile açıklanmaktadır (Acar, 2009).

Şekil 3.14. Yaprak renk yoğunluğunu belirlemek için örnek alımı ve L a b değerlerinin ölçümü



Şekil 3.15. L a b değerlerinin üç boyutlu görünümü

j. Gövde uzunluğu (cm): Soğan genotiplerinde gövde uzunlukları cetvel ile ölçülmüş ve elde edilen sonuçlara göre genotipler kısa, orta ve uzun gövdeli şeklinde gruplara ayrılmıştır (Şekil 3.16).

Şekil 3.16. Soğan genotiplerinde gövde uzunluğu ölçümü

k. Gövde genişliği (mm): Bitkilerde gövde çapları, dijital kumpas ile ölçülmüş ve buna göre soğan genotipleri dar, orta ve geniş gövdeli şeklinde sınıflara ayrılmıştır (Şekil 3.17).

Şekil 3.17. Gövde çapının dijital kumpas ile ölçümü

3.3.1.2. Kuru soğan olgunluk döneminde incelenen morfolojik özellikler

a. Soğan boyu (cm): Soğan boyları cetvel ile ölçülmüştür. Buna göre genotipler kısa, orta ve uzun olarak gruplandırılmıştır (Şekil 3.18).

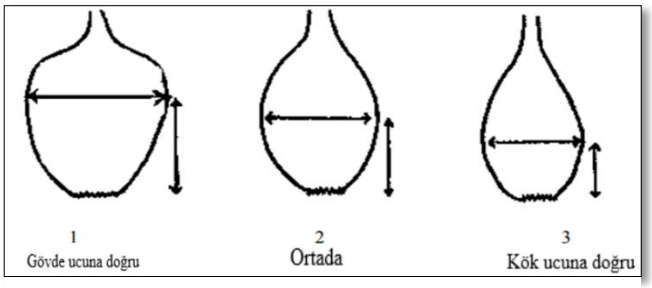
Şekil 3.18. Soğan boyunun cetvel ile ölçümü

b. Soğan çapı (cm): Soğanların çapı dijital kumpas ile ölçülmüş ve elde edilen değerlere göre genotipler dar, orta ve geniş olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 3.19).

Şekil 3.19. Soğan çapının dijital kumpas ile ölçümü

c. Soğan şekil indeksi: Soğan genotiplerinin boy ve çap değerleri ile şekil indeksi (boy/çap) katsayıları hesaplanmıştır.

d. Soğan çapının pozisyonu: Sınıflandırma; gövde ucuna doğru, ortada ve kök ucuna doğru şeklinde yapılmıştır (Şekil 3.20).



Şekil 3.20. Soğan çap pozisyonun belirlenmesi

e. Kabuk kalınlığı: Soğan kabuk kalınlığı duyusal olarak ince, orta ve kalın şeklinde belirlenmiştir.

f. Kabuk rengi: Açık sarı, sarı, açık kahverengi, kahverengi ve koyu kahverengi renk tonlarında tanımlanmıştır.

g. Soğan et rengi: Görsel olarak beyaz ve kirli beyaz şeklinde tanımlanmıştır.

h. Soğan et sıkılığı: Duyusal olarak yumuşak, orta ve sıkı olarak belirlenmiştir.

i. Suda çözünebilir kuru madde içeriği (SÇKM): Soğan genotiplerinin rendelenmesiyle elde edilen özsuyunun dijital refraktometre cihazında ölçümü sonucunda belirlenmiştir. Elde edilen verilere göre soğan genotipleri suda çözünebilir kuru madde içerikleri yönünden az, orta ve çok şeklinde sınıflandırılmıştır (Şekil 3.21).

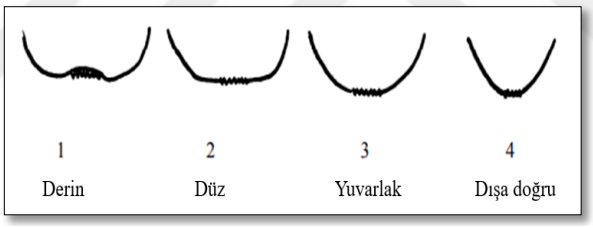
Şekil 3.21. Soğan genotiplerinde SÇKM içeriğinin dijital refraktometre ile ölçümü

j. Organoleptik analizi: Soğan genotiplerinde tadım testleri yapılmış ve buna göre acı veya tatlı şeklinde gruplandırılmıştır.

k. Kabuk rengi yoğunluğu: Dijital olarak, Minolta CR–410 tristimulus (kromametre) renk ölçer aleti kullanılarak belirlenmiştir (Şekil 3.22).

Şekil 3.22. Soğan genotiplerinde kabuk renginin dijital olarak ölçümü

l. Kök diskinin pozisyonu: Derin-düz-yuvarlak ve dışa doğru şeklinde tanımlanmıştır (Şekil 3.23).



Şekil 3.23. Soğan genotiplerinde kök diski pozisyonunun sınıflandırılması

m. Kök diski çapı (mm): Soğanların kök disk çapı değerleri dijital kumpas ile ölçülmüştür. Buna göre soğan genotipleri küçük, orta ve büyük şeklinde değerlendirilmiştir (Şekil 3.24).

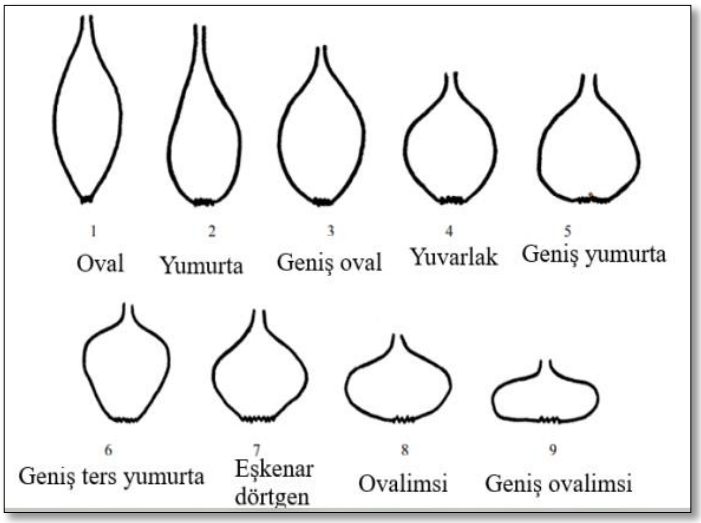
Şekil 3.24. Kök disk çapının dijital kumpas ile ölçümü

n. Ortalama soğan ağırlığı (g): Her bir genotipten üç adet soğanın 0.1 g hassasiyetindeki dijital tartı ile ağırlıkları belirlenmiştir. Ortalama ağırlık sonuçlarına göre soğan irilikleri küçük, orta ve büyük şeklinde sınıflandırılmıştır.

o. Soğan boyun genişliği (mm): Soğanların boyun genişliği dijital kumpas ile ölçülmüştür. Elde edilen değerlere göre genotipler çok dar, dar, orta, geniş ve çok geniş olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 3.25).

Şekil 3.25. Soğan genotiplerinde boyun genişliğinin dijital kumpas ile ölçümü

p. Soğan şekli: Oval, yumurta, geniş oval, yuvarlak, geniş yumurta, geniş ters yumurta, eşkenar dörtgen, ovalimsi ve geniş ovalimsi şeklinde tanımlanmıştır (Şekil 3.26).



Şekil 3.26. Soğan genotiplerinin şekilleri yönünden sınıflandırılması

r. Hasat olum zamanı (Bitkilerin %80'ninde yaprakların yattığı zaman): Soğan genotiplerinde ilk hasatlara 16.08.2021 tarihinde başlanmıştır. Olgunlaşma süresi yönünden soğan genotipleri erkenci, vakitli ve geçci olarak gruplandırılmıştır (Şekil 3.27).

Şekil 3.27. Soğan genotipinde hasattan genel görünüm

3.3.2. Soğan Genetik Kaynaklarında Morfolojik Varyasyon Düzeyinin Belirlenmesi

Soğan genotiplerinde morfolojik özelliklerin çok yönlü incelenmesi, bize farklı özellikler bakımından gözlemlenen çeşitliliğin belirlenmesi bakımından belirgin olarak fikir verilmesine olanak sağlamaktadır. Son yıllarda, çoklu değişken analizleri olarak adlandırılan sayısal taksonomik sınıflandırma yöntemleri ile populasyonlardaki var olan morfolojik varyasyon düzeyi belirlenebilmektedir (Tan, 2005).

Elde edilen verilerin istatistiksel değerlendirilmesi, Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System (NTSYS-pc version 2.2; Exeter Software, New York, NY) paket programında yapılmıştır (Rohlf 1993). İncelenen soğan genotipleri arasındaki morfolojik varyasyon büyüklüğünü tespit etmek için Temel Bileşen Analizi (TBA) uygulanarak Temel Bileşen (TB) eksenleri ve bunlara ait varyans ve kümülatif varyans oranları ile özellik bazında ortaya çıkan ana bileşenlerdeki ağırlık değerlerini belirten faktör katsayıları elde edilmiştir (Balkaya vd., 2009). TBA, genotipler arasındaki karakteristik varyansın derecesini belirlemek için kullanıldı. Faktör analizi yöntemlerinden biri olan TBA, faktörler veya bileşenler olarak adlandırılan daha küçük değişken kümeleriyle ilişkili çok sayıda değişkenin azaltılmasıdır. Eigen değeri > 1 olan faktörleri çıkarmak için faktör eksenlerinin ortogonal dönüşü kullanılmıştır (Mohan vd., 2016). NTSYS'deki EIGEN modülünü kullanarak genotipler arasındaki ilişkileri test etmenin başka bir yolunu sağlamak için üç boyutlu (3B) bir TBA oluşturuldu.

İlk üç eksendeki kümülatif varyasyonun yeterli büyüklükte olduğu tespit edildikten sonra genotiplerin birbirleri ile benzerlik ve farklılıklarını gösteren küme analizi yapılmıştır. Satır verileri standardize edilerek bir mesafe matrisini hesaplamak için SIMINT modülü kullanılmıştır. Daha sonra SAHN (Sequential, Agglomerative, Hierarchical, Nonoverlapping) kümeleme yöntemi modülünde ağırlıksız çift grup yöntemi aritmetik ortalama (UPGMA) yöntemine dayalı bir dendrogram oluşturmak için bir mesafe matrisi kullanılmıştır. Bir küme analizinin mesafe matrisini ne kadar iyi temsil ettiğini görmek için ağaç matrisini ultra metrik mesafeler matrisine dönüştürmek için COPH modülü kullanılmıştır. Son olarak, UPGMA analizi için üretilen bu ultra metrik mesafeleri ve mesafe matrisini karşılaştırmak için MXCOMP modülü kullanılmıştır (Huamán ve Spooner 2002). Morfolojik karakterizasyon çalışmasında, incelenen özellikler bakımından *Allium cepa* türüne ait 52 adet soğan genotipinde dağılış sıklıkları belirlenmiş ve gruplara ayrılmıştır.

3.3.3. Soğan Genetik Kaynaklarının SSR Yöntemi ile Moleküler Karakterizasyonu

Tez çalışmasının ikinci kısmı olan soğan genetik kaynaklarının moleküler karakterizasyonu kısmına 09.06.2021 tarihinde Ondokuz Mayıs Üniversitesi çoğaltma serasında yetiştirilen bitkilerden örneklerin alınması ile başlanmıştır (Şekil 3.28). Moleküler karakterizasyon çalışması, Necmettin Erbakan Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölüm laboratuarında Doç. Dr. Ali Tevfik Uncu gözetiminde Konya'da yürütülmüştür.

Şekil 3.28. Moleküler karakterizasyon için örnek toplama ve paketlemeden bir görünüm

3.3.3.1. DNA İzolasyonu

Soğan genetik kaynaklarında, DNA izolasyonu işlemi DNA Kit prosedürü takip edilerek yapılmıştır. DNA izolasyonuna ilişkin tüm aşamalar aşağıda maddeler halinde verilmiştir.

a. DNA izolasyonu için genç dönemde yeşil kısımları alınan soğan örnekleri mekanik parçalama işlemi için -20 ºC'den çıkartılmıştır. Çıkarılan örnekler her bir genotip numarasının yazılı olduğu ependorf tüplere pens yardımıyla hafif bir parçalama işlemi uygulanarak yerleştirilmiştir. Daha sonra tüp içerisine ikişer adet TissueLyser metal boncuk ve 800 µl P1 Buffer ilave edilerek ağzı kapatılmıştır. TissueLyser'a konulan örnekler 15 dakika süreyle saniyede 20 frekans şiddetinde olacak şekilde mekanik parçalama işlemi gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.29).

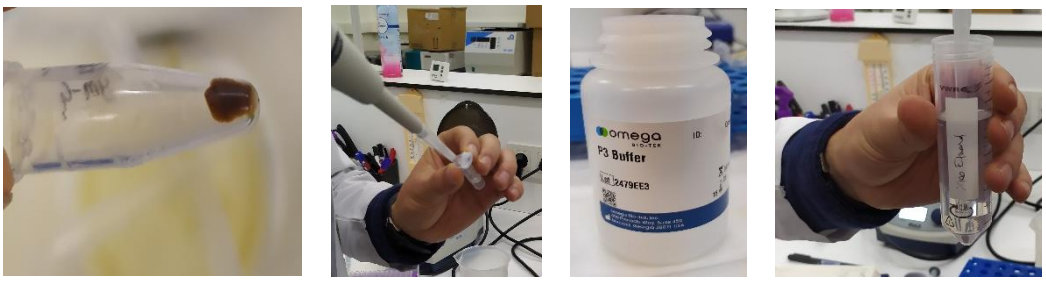
Şekil 3.29. DNA izolasyonu aşamasında örneklerin parçalanması

b. İkinci aşamada ise mekanik parçalama işlemi sonrası örnekler, 65 °C'de 30 dakika süre boyunca inkübe edilmiştir. Daha sonra 140 µl P2 Buffer eklenerek vorteksleme işlemi gerçekleştirilmiştir. Örnekler vorteksleme işlemi sonrası 1000 rpm devirde 10 dakika süreyle santrifüj işlemine tabi tutulmuştur. Santrifüj sonrası oluşan süpernatant (tüp içerisinde üstteki kalan sıvı kısım), 1.5 ml mikrosantrifüj tüplere alınmıştır ve içerisine 450 µl Isopropanal eklenmiştir. Ardından örneklerde tekrar vorteksleme işlemi yapılarak +4 °C'de 20 dakika süreyle bekletilmiştir (Şekil 3.30).

Şekil 3.30. DNA izolasyonu aşamasında üst fazın alınması ve isopropanal ekleme işleminden görünümler

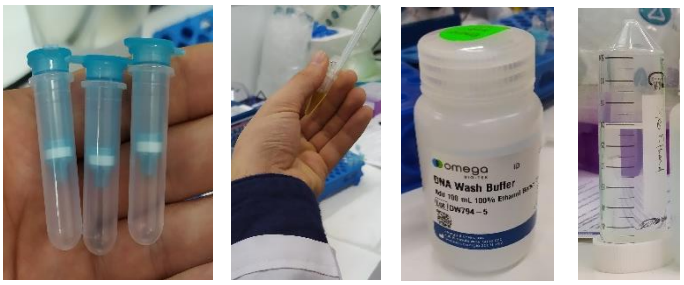
c. Üçüncü aşamada ise buzdolabından çıkarılan örnekler iki dakika süreyle santrifüj işlemine tabi tutulmuştur. Süpernatant (üstteki sıvı kısım) dökülerek pellet (DNA çökeltisi) mikrosantrifüj tüp içerisinde bırakılmıştır. Tüp içerisindeki pelletlere 300 µl sterilize edilmiş ve 65 °C sıcaklıktaki su ilave edilmiştir. Ardından 30 dakika süreyle her beş dakikada bir vorteksleme yapılacak şekilde 65 °C'de inkübatöre alınmıştır.

İnkübasyon sonrası 150 µl P3 Buffer ve 300 µl Etanol ilave edilerek vorteksleme işlemi yapılmıştır (Şekil 3.31).



Şekil 3.31. DNA izolasyonu işleminden görünümler

d. Dördüncü aşamada ise örneklerin kolona alınma işlemi gerçekleştirilmiştir. Kolona alınan örnekler 1000 rpm devirde 1 dakika boyunca santrifüj edilmiştir. Daha sonra kolonlara 500 µl DNA Wash Buffer ilave edilerek 1 dakika süreyle yeniden santrifüj işlemi uygulanmıştır. Kolonun alt kısmında biriken sıvı dökülerek yeniden 500 µl DNA Wash Buffer ilave edilmiş ve 1 dakika boyunca santrifüj işlemi gerçekleştirilmiştir. Ardından ependorf tüpteki sıvı boşaltılıp tekrardan 2 dakika süre boyunca 1000 rpm devirde santrifüj işlemi yapılmıştır. Kolonun altındaki tüpler atılarak üstteki filtre 1.5 ml'lik tüplere takılmıştır. Her bir ependorf tüpe, 65 °C'de ısıtılmış 100 µl Elution Buffer ilave edilerek 1 dakika boyunca santrifüj edilmiştir. Son olarak kolonun filtre kısmı çöpe atılarak ependorf tüpün kapağı kapatılmıştır ve elde edilen DNA örnekleri önce 1 gün boyunca +4 °C'de bekletilmiş ve daha sonra kullanılmak üzere -20°C'de muhafazaya alınmıştır (Şekil 3.32).



Şekil 3.32. DNA izolasyonu işleminde kolona alma ve DNA'ların eldesinden görünümler

3.3.3.2. PCR Çalışmalarında Kullanılan SSR Primerleri ve Baz Dizinleri

Tez çalışmasında, Baldwin vd. (2012) tarafından geliştirilen SSR markörler çeşitlilik ve popülasyon yapısı analizlerinde kullanılmıştır. Markör seti, double haploit soğan genotipinin düşük temsilde sekanslanması sonucu geliştirilmiş DNA sekanslarının içinden 16 adet SSR motifine prime dizayn edilerek oluşturulmuştur.

PIC değeri en yüksek 16 SSR markörü set olarak belirlenmiştir. Çalışma kapsamında bu set kullanılmıştır (Tablo 3.2).

Tablo 3.2. Moleküler karakterizasyonunda kullanılan SSR markörlerinin listesi

SSR markörü	Primer İleri	Primer Geri
ACM374	GATTTGCGGGTCGTTACACT	AAAGCAAAATAAAGCCATTGTCA
ACM387	ACGCACACTATTTGGGAAGG	GAGGAATAGAGAAGGCTGCG
ACM401	AACCGTGCGTAATTTCAACC	CGATGATCCCTCGTAGCTG
ACM407	AAACATACATAGTAAATACCGCATCA	ATCCAATGGTCCATGGCTTA
ACM408	AGATCGAACCATTTATCTCACTTT	CGGAGTAGAGATATTGCTTTCAGTT
ACM409	GCAGTTTCTTCATTCCCCAA	CAAATTGTATTTGACTAGCTATCCTCA
ACM437	TTCGAGACAAACCCGAGACT	GATTCATGGTGGTTTTTGGC
ACM438	AATGGCTTTTCCAAAGACGA	CCAGAATCAATTCAACCCTCA
ACM439	AAATGAAATACTGGAAAGAATAATTGA	ACCCTTAGCCATGAACCTCC
ACM440	ACAACTCCCTTCATGCCTCT	TCCAAGATCGAAGCAAAACC
ACM443	TGGTGCTTGCTATGTTTTGC	CCCTAGGCCAAGCTTACTTGT
ACM446	TCAAGAATTCTGTTGCATCTTGT	AATAAGACCGCAGAAACGAAA
ACM449	GTAAAGGTGTAATAGGAATGAATCG	TACAAAGAAACACACGCGCT
ACM450	AAACACCGCTTGTTTCGTCT	GGTAGCGGCAATAACAAGGA
ACM465	AGGGGGAGAAAGTGCTAACAA	CTGAAGTTCTGAATCTCCCCC
ACM373	AGGTTAAGAAGTTGAATGGTCTG	AAATGGACAAGTGGCATTCA

PCR çalışması, 0.2 ml'lik ependorf tüplerde toplam 20 µl'lik reaksiyon hacminde gerçekleştirilmiştir. Kullanılan bileşenler, Tablo 3.3'de ayrıntılı biçimde verilmiştir.

Tablo 3.3. PCR çalışmalarında kullanılan bileşenler ve reaksiyon derişimleri

Bileşen	Reaksiyon Derişimi
Buffer	2 µl
$MgCl_2$	1,5 µl
Taq	0,3 µl
dNTP	0,50 µl
Primer F	0,75 µl
Primer R	0,75 µl
DNA	1 µl
ddH_2O	

3.3.3.3. Jel Hazırlama ve Elektroforez Uygulamasının Yapılışı

DNA için %1.8'lik Agarose jel hazırlamanın aşamaları ve elektroforezde yürütme aşamaları aşağıda maddeler halinde sıralanmıştır (Şekil 3.33).

a. 1.8 g Agarose, 100 ml'ye TAE & TBE ile tamamlanmıştır.

b. Agarose tamamen eriyinceye kadar mikrodalgada kaynatılmıştır.

c. Biraz soğuduktan sonra EtBr (Red safe) konularak hafifçe karıştırılmıştır (2 µl EtBr).

d. Tanka taraklar yerleştirildikten sonra jel tanka dökülmüş, 20 dk bekletilmiştir.

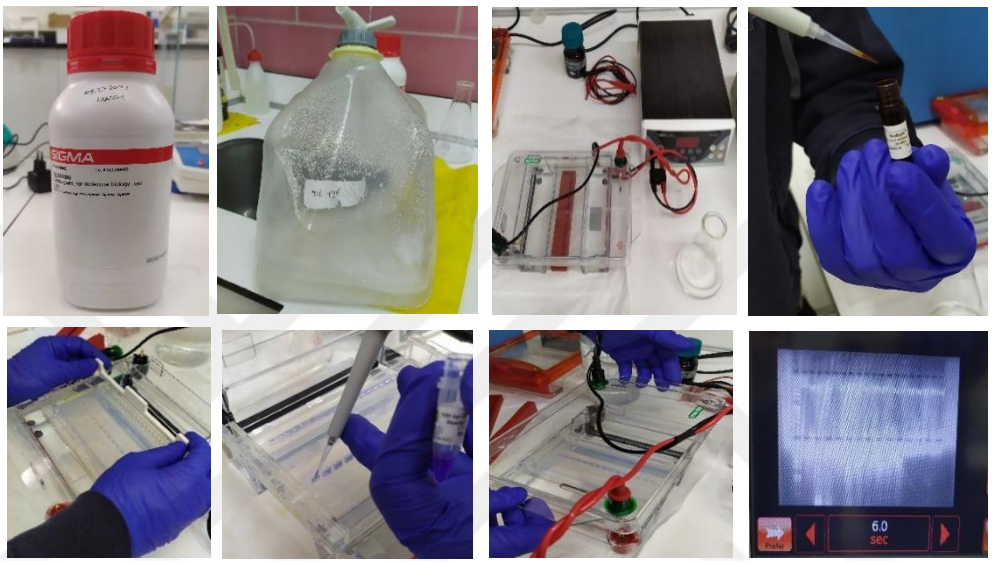
e. Taraklar sağ-sol yaparak çıkarılmıştır.

f. İlk kutucuğa 2 µl DNA Ladeer yüklenmiştir.

g. Diğer kutucuklara 10 µl pcr + 2 µl buffer blue yüklenmiştir.

h. Örnekler 100 voltta 60 dk süreyle koşturma işlemi yapılmıştır.

i. Görüntüleme işlemi yapılmıştır.



Şekil 3.33. Jel hazırlama, elektroforez ve görüntüleme işlemlerinin aşamaları

3.3.3.4. Termal Cycler Programı

Polimeraz zincir reaksiyonu ürünleri daha sonra bir QIAxcel Advanced yüksek çözünürlüklü kapiler elektroforezi üzerinde gerçekleştirilmiştir. Basit dizi tekrar alelleri QIAxcel ScreenGel yazılımı kullanılarak görselleştirilmiş ve skorlanmıştır (Tablo 3.4).

Tablo 3.4. Optimize edilmiş sıcaklık döngü düzeni (Termal cycler programı)

Sıcaklık (°C)	Süre	İşlem	Döngü Sayısı
95°C	5 dk	Başlangıç denatürasyon	35
95°C	1 dk	Denatürasyon	35
35°C	1 dk	Annealing (Bağlanma)	35
72°C	1 dk	Extension (Uzama)	35
95°C	1 dk	Annealing (Bağlanma)	35
50°C	1 dk	Extension (Uzama)	35
72°C	1 dk	Extension (Uzama)	35
72°C	10 dk	Final uzama	35

3.3.3.5. İncelenen Soğan Gen Havuzuna Ait Genetik Çeşitlilik Veri Analiz Yöntemleri

Bütün genotiplerin özgün bir lokus için her bir mikrosatellite değerleri: var (present) için 1, yok (absent) için 0 değerlerle skorlanmıştır. Bu veriler Nei'nin genetik benzerlik indeksinin (The Nei index of genetic similarity) hesaplanmasında kullanılmıştır (Nei ve Li 1979). SSR markör verileri kullanılarak soğan genetik çeşitliliğinin belirlenmesi, DARwin 6 (Perrier ve Jacquemoud-Collet 2006) yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Popülasyon yapısı, SSR verileri kullanılarak Structure (Pritchard vd. 2000) veri işleme programı ile belirlenmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Tez çalışması, üç ana kısımdan oluşmuştur. İlk kısımda, soğan genotiplerine ait morfolojik karakterizasyon sonuçları verilmiştir. İkinci kısımda, mevcut popülasyonda yer alan soğan genotiplerinde morfolojik varyasyon ve fenotipik çeşitlilik düzeyine ilişkin sonuçlar değerlendirilmiştir. Son kısımda ise, soğan gen havuzunda moleküler karakterizasyon çalışmalarına ait sonuçlar verilmiştir.

4.1. Soğan Genetik Kaynaklarının Morfolojik Karakterizasyonu

4.1.1. Yeşil (Taze) Döneme Ait Morfolojik Karakterizasyon Sonuçları

4.1.1.1. Yaprak Özelliklerine Ait Sonuçlar

Çalışmada yer alan soğan genotiplerinde incelenen yaprak özelliklerine ait sonuçlar, Tablo 4.1-4.3 arasında verilmiştir. Tablo 4.1 incelendiğinde yaprak sayısı/bitki yönünden soğan genotiplerinde 7.0-13.2 arasında değişimin olduğu tespit edilmiştir. Yaprak sayısının en fazla U39 genotipinde (13.2 adet) ve en az ise U21 (7.0 adet) genotipinde olduğu belirlenmiştir. Soğan genotiplerinde yaprak sayılarının büyük bir çoğunluğunun ortalama 10 adetin altında olduğu bulunmuştur. Sunil vd (2014), Hindistan Peninsular Bölgesinde yapmış oldukları çalışmada soğan genotiplerinde en düşük ve en yüksek yaprak sayısının 6.4-11.6 adet arasında değişim gösterdiğini tespit etmişlerdir. Sönmez ve Beşirli (2019), Marmara Bölgesinde soğan üretimi için en iyi uzun gün ve kısa gün soğan çeşitlerini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada en az yaprak sayısının U2 genotipinde (7.5 adet) ve en yüksek K4 genotipinde (9.2 adet) bulunduğunu bildirmişlerdir. Azimi vd (2020), Türkiye'nin Doğu Anadolu ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinden toplanan soğanlarda yaprak sayılarının 6.1-16.6 adet arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Araştırma sonuçları, genotiplere göre değişmekle birlikte belirtilen literatürler ile uyum göstermiştir.

Yaprak uzunluğu yönünden soğan genotipleri, 40.6-69.0 cm arasında dağılış göstermiştir (Tablo 4.1). Yaprak uzunluğu yönünden en uzun olan genotipler sırasıyla U8 (69.0 cm), U35 (65.0 cm) ve U1 (62.0 cm) olarak sıralanmıştır. Yaprak uzunluğu yönünden en kısa olan genotipler ise U52 (40.6 cm) ve U13 (41.4 cm) genotipleri olmuştur (Tablo 4.1). Sunil vd (2014), IC 564084 genotipinde yaprak uzunluğunu en kısa (39.3 cm) ve IC 571927 genotipinde (55.8 cm) ise en uzun olduğunu bildirmişlerdir. Yuguda vd (2017), Kuzey Nijerya'da yetiştirilen 8 soğan çeşidi

arasında en uzun yaprak uzunluğunun 60.5 cm olduğunu tespit etmişlerdir. Sönmez ve Beşirli (2019) ise uzun gün ve kısa gün soğan çeşitleri içerisinde K4 genotipinin (29.1 cm) en uzun yaprak uzunluğuna sahip olduğunu bildirmişlerdir. Belirtilen literatürler ile araştırma sonuçlarında yaprak uzunlukları yönünden oluşan farklılıklar genotip farklılığı ve çevre koşullarından kaynaklanmış olabilir.

Tablo 4.1. Soğan genotiplerinin yaprak boyutları

No	Yaprak sayısı (adet)/Bitki	Yaprak uzunluğu (cm)	Yaprak genişliği (mm)	No	Yaprak sayısı (adet)/Bitki	Yaprak uzunluğu (cm)	Yaprak genişliği (mm)
U1	8.6±1.5	62.0±3.1	14.6±1.1	**U27**	10.6±1.3	60.2±4.0	12.0±1.3
U2	8.4±1.1	59.0±3.7	13.3±3.0	**U28**	8.8±0.8	60.0±2.6	15.8±0.7
U3	9.4±0.9	57.2±5.5	14.5±1.4	**U29**	8.6±0.9	55.2±1.1	14.6±2.0
U4	8.2±0.8	50.2±1.9	11.3±2.3	**U30**	7.4±1.3	54.4±5.6	9.4±1.0
U5	8.0±0.1	54.8±4.3	11.6±1.6	**U31**	9.8±1.9	57.8±2.6	11.0±2.1
U6	9.0±1.2	59.4±3.1	12.1±2.2	**U32**	9.4±2.0	54.2±3.2	11.7±0.8
U7	8.0±1.0	60.8±0.8	12.7±2.6	**U33**	10.0±1.9	55.8±3.7	13.3±1.4
U8	9.8±1.1	69.0±5.7	13.3±2.2	**U34**	10.2±1.8	54.4±1.1	12.1±2.2
U9	9.0±2.2	50.0±8.5	9.9±1.3	**U35**	9.6±1.5	65.0±3.5	14.6±1.2
U10	9.4±0.9	52.0±5.2	11.9±1.4	**U36**	11.4±2.4	54.0±1.4	9.0±0.9
U11	8.6±1.1	57.6±3.7	12.6±2.6	**U37**	8.6±0.9	52.4±1.4	10.3±1.3
U12	9.2±1.3	54.8±4.4	12.3±1.5	**U38**	11.8±1.3	59.6±1.7	9.7±2.3
U13	9.6±1.1	41.4±1.7	9.2±1.5	**U39**	13.2±3.4	58.6±1.7	10.3±2.2
U14	11.0±2.2	49.8±6.3	11.4±0.8	**U40**	9.8±1.1	59.6±0.9	15.4±2.8
U15	9.2±0.8	57.8±5.5	10.7±2.2	**U41**	8.4±0.9	45.0±1.9	11.3±2.1
U16	11.2±1.3	52.0±4.5	9.6±1.4	**U42**	8.6±0.9	46.2±3.5	7.8±1.6
U17	9.2±1.3	50.8±4.1	12.7±1.1	**U43**	9.2±0.8	56.4±1.8	10.2±0.5
U18	8.8±1.8	49.4±2.2	10.6±2.1	**U44**	9.8±0.8	56.4±4.8	14.0±2.4
U19	11.8±2.6	54.6±2.3	11.3±1.7	**U45**	9.2±1.3	56.6±2.1	11.4±2.4
U20	8.8±1.1	49.0±3.0	12.4±2.2	**U46**	9.0±1.0	55.8±3.8	11.1±2.3
U21	7.0±1.0	58.4±4.9	12.2±2.3	**U47**	9.6±1.3	59.6±1.8	9.3±2.0
U22	9.8±2.1	56.0±2.6	13.7±0.6	**U48**	10.4±2.1	60.8±0.8	10.5±2.3
U23	9.0±1.2	53.6±1.1	13.2±2.2	**U49**	8.0±1.2	59.6±0.6	7.7±0.8
U24	9.6±1.5	52.0±2.6	12.6±2.0	**U50**	8.6±1.1	60.2±1.6	10.7±2.4
U25	8.6±1.8	57.0±5.6	15.0±3.3	**U51**	9.2±0.8	55.2±1.6	9.7±1.7
U26	9.6±0.6	55.2±1.9	12.3±2.2	**U52**	9.4±1.7	40.6±1.5	9.4±1.4

Tez çalışmasında yaprak genişliği yönünden yapılan incelemede; en geniş yaprak genişliği U28 soğan genotipinde (15.8 mm) ölçülmüştür. Bunu U40 (15.4 mm) ve U25 (15.0 mm) genotipleri izlemiştir. İncelenen genotiplerin yaprak genişliklerinin büyük bir kısmının 11.0-15.4 mm arasında olduğu saptanmıştır. Soğan popülasyonunun %34.6'sının yaprak genişliklerinin 11.0 mm'nin altında olduğu belirlenmiştir. Yaprak genişliği yönünden en dar olan genotipler, U49 (7.7 mm) ve U42 (7.8 mm) genotipleri olmuştur (Tablo 4.1). Sunil vd (2014), soğan genotiplerinin

yaprak genişliği değerlerinin 9.8-17.4 mm arasında olduğunu belirtmişlerdir. Sönmez ve Beşirli (2019), kısa gün soğan çeşitlerinden K4 genotipinin (13.4 mm) ve uzun gün soğan çeşitlerinden ise U1 genotipinin (13.4 mm) en geniş yaprak genişliğine sahip olduğunu bildirmişlerdir. Bu literatürler, araştırma sonuçları ile genotiplere göre değişmekle birlikte genel olarak uyum göstermiştir.

Araştırmada; soğan genotiplerinin yaprak duruşu yönünden % 73.1'nin dik yapıda olduğu belirlenmiştir. Mevcut popülasyonda soğan genotiplerinin sadece %17.3'ünde mumsuluk görülmediği tespit edilmiştir (Tablo 4.2). Mumsuluk görülen genotipler arasında %90.7'sinde mumsuluğunun çok fazla ve belirgin olduğu bulunmuştur. Yapraklarda kranklanma bakımından soğan genotiplerinin %51.9'unda kranklanmanın oldukça fazla düzeyde olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.2). Gvozdanovic vd (2013), Sırbistan soğan genetik koleksiyonundan temin edilen 30 soğan genotipinin yaprak duruşu yönünden yarı dik ve dik yapıda olduklarını tespit etmişlerdir. Araştırmada, Rekord-2 ve Jubilej-50 çeşitleri dışında tüm soğan genotiplerinde mumsuluk görüldüğünü bildirmişlerdir. Literatürler ile araştırma sonuçlarının birbirini destekler nitelikte olduğu görülmüştür.

Tablo 4.2. Soğan genotiplerinin bazı yaprak özelliklerine ait sonuçlar

No	Yaprakların duruşu	Mumsuluk	Mumsuluk derecesi	Kranklanma
U1	Yarı dik	Var	Çok	Çok
U2	Yarı dik	Var	Çok	Çok
U3	Yarı dik	Yok	Az-yok	Çok
U4	Yarı dik	Var	Orta	Orta
U5	Yarı dik	Var	Çok	Orta
U6	Dik	Var	Çok	Az
U7	Dik	Var	Çok	Orta
U8	Yarı dik	Var	Orta	Az
U9	Yarı dik	Var	Orta	Az
U10	Dik	Yok	Az-yok	Az
U11	Dik	Var	Çok	Çok
U12	Dik	Yok	Az-yok	Az
U13	Yarı dik	Var	Çok	Az
U14	Dik	Var	Çok	Az
U15	Dik	Var	Çok	Orta
U16	Yarı dik	Var	Çok	Orta
U17	Dik	Var	Çok	Orta
U18	Dik	Var	Çok	Orta
U19	Dik	Var	Çok	Orta
U20	Dik	Var	Çok	Çok

Tablo 4.2. (devam)

No	Yaprakların duruşu	Mumsuluk	Mumsuluk derecesi	Kranklanma
U21	Dik	Yok	Az-yok	Orta
U22	Dik	Yok	Az-yok	Çok
U23	Dik	Var	Çok	Az
U24	Dik	Var	Çok	Az
U25	Yarı dik	Var	Çok	Çok
U26	Dik	Yok	Az-yok	Çok
U27	Dik	Var	Çok	Çok
U28	Dik	Var	Çok	Çok
U29	Dik	Var	Çok	Çok
U30	Dik	Var	Çok	Çok
U31	Yarı dik	Var	Çok	Çok
U32	Dik	Yok	Az-yok	Az
U33	Dik	Var	Çok	Çok
U34	Dik	Var	Çok	Çok
U35	Dik	Var	Çok	Çok
U36	Dik	Var	Çok	Az
U37	Dik	Var	Çok	Az
U38	Dik	Var	Çok	Az
U39	Dik	Var	Çok	Orta
U40	Dik	Yok	Az-yok	Çok
U41	Yarı dik	Var	Çok	Orta
U42	Dik	Var	Çok	Çok
U43	Dik	Yok	Az-yok	Çok
U44	Dik	Var	Az-yok	Çok
U45	Dik	Var	Çok	Orta
U46	Dik	Var	Çok	Çok
U47	Dik	Var	Çok	Çok
U48	Dik	Var	Çok	Çok
U49	Yarı dik	Var	Çok	Çok
U50	Yarı dik	Var	Çok	Çok
U51	Dik	Var	Çok	Çok
U52	Dik	Var	Çok	Çok

Tez çalışmasında yer alan soğan genotiplerinde yaprakların renkleri görsel olarak ve dijital renk ölçüm aleti Minalto chroma meter ile ölçülerek belirlenmiştir. Görsel inceleme sonucunda soğan genotiplerinde yaprak renklerinin; açık yeşil, yeşil ve koyu yeşil tonlarında oldukları görülmüştür. Yapılan değerlendirme sonucunda, soğan genotiplerinin %7.7'sinin açık yeşil, %30.8'nin yeşil ve %61.5'inin ise koyu yeşil yaprak renklerine sahip olduğu saptanmıştır (Tablo 4.3).

Tablo 4.3. Soğan genotiplerine ait görsel yaprak rengi ve dijital olarak renk özellikleri

No	Yaprak rengi	L	a	b	Hue°	Kroma°
U1	Koyu yeşil	37.4±3.5	-4.5±1.1	-0.4±1.2	185.0	4.5
U2	Koyu yeşil	35.0±1.1	-3.3±1.8	-1.7±1.6	207.0	3.7
U3	Yeşil	37.3±2.7	-6.8±2.8	3.2±3.1	155.2	7.5
U4	Koyu yeşil	38.5±2.8	-5.3±0.9	0.5±1.3	174.9	5.4
U5	Koyu yeşil	40.4±3.3	-5.6±1.3	1.6±1.5	164.4	5.8
U6	Koyu yeşil	45.6±3.1	-9.1±0.5	4.9±1.4	151.6	10.4
U7	Koyu yeşil	32.2±3.8	-9.3±2.3	7.1±3.7	142.7	11.7
U8	Yeşil	38.3±2.9	-10.7±0.8	9.9±0.6	137.1	14.6
U9	Koyu yeşil	41.5±2.9	-7.6±1.8	4.4±1.6	149.9	8.8
U10	Açık yeşil	42.2±1.5	-8.6±1.3	5.7±2.3	146.5	10.3
U11	Koyu yeşil	35.2±4.7	-8.9±3.1	7.2±3.3	141.2	11.4
U12	Yeşil	42.6±4.9	-8.9±2.2	6.1±2.6	145.6	10.8
U13	Koyu yeşil	38.5±2.2	-7.3±1.5	2.5±1.6	161.5	7.7
U14	Koyu yeşil	45.1±6.3	-6.8±2.3	2.9±3.7	156.8	7.4
U15	Koyu yeşil	41.5±2.6	-7.4±1.5	2.6±1.6	160.8	7.9
U16	Koyu yeşil	39.1±1.8	-5.6±1.3	1.1±1.7	168.7	5.7
U17	Yeşil	38.9±2.6	-8.5±4.6	4.6±4.9	151.7	9.6
U18	Koyu yeşil	39.5±4.3	-5.9±2.5	1.3±3.0	167.2	6.1
U19	Yeşil	36.5±2.4	-10.3±2.4	7.4±3.7	144.2	12.7
U20	Koyu yeşil	28.4±3.5	-6.5±3.4	2.8±4.6	157.2	7.1
U21	Açık yeşil	41.7±3.1	-9.2±0.8	6.0±1.1	146.8	11.0
U22	Yeşil	36.4±3.8	-6.0±3.7	1.7±4.2	163.9	6.2
U23	Koyu yeşil	44.1±3.5	-8.8±2.0	4.0±3.2	155.3	9.6
U24	Yeşil	42.3±4.1	-9.0±2.4	6.7±3.2	143.3	11.2
U25	Koyu yeşil	40.5±4.1	-6.3±2.1	1.9±2.7	163.3	6.6
U26	Yeşil	44.7±2.1	-8.7±2.1	6.1±3.1	145.0	10.6

Gvozdanovic vd (2013), soğan genotiplerinin yaprak rengi yönünden yeşil ve morumsu yeşil tonlarında olduğunu ancak yaprakların en çok koyu yeşil renge sahip olduklarını bildirmişlerdir. Yaprak renklerindeki yoğunluklar, hue ve kroma açısı değerleri yönünden tespit edilmiştir. İncelenen soğan genotiplerinde hue açısı yönünden en düşük U8 (137.1°) genotipinin ve en yüksek U2 (207.0°) genotipinin olduğu belirlenmiştir. Kroma açısı yönünden en yüksek U8 genotipi (14.6°) olduğu saptanmıştır. Ölçüm sonuçlarına göre soğan genotiplerinin yaprak renkleri arasında belirgin farklılıklar olduğu gözlemlenmiştir. Tablo 4.3'de a ve b'nin + ve - yönde artan değerleri rengin koyulaştığını gösterdiğinden soğan genotipleri arasında belirgin farklılıklar olduğu anlaşılmaktadır.

Tablo 4.3. (devam)

No	Yaprak rengi	L	a	b	Hue°	Kroma°
U27	Koyu yeşil	42.5±2.3	-7.7±1.7	3.4±1.9	155.9	8.4
U28	Koyu yeşil	39.4±2.2	-7.2±1.2	3.1±1.6	156.5	7.8
U29	Yeşil	34.2±3.7	-8.1±0.9	5.6±1.6	145.2	9.9
U30	Koyu yeşil	41.2±3.2	-6.8±1.4	2.6±1.7	159.3	7.3
U31	Koyu yeşil	36.1±1.9	-4.9±1.6	0.5±1.5	174.9	5.0
U32	Koyu yeşil	42.6±4.3	-5.5±3.1	3.2±4.5	150.0	6.4
U33	Koyu yeşil	32.3±2.8	-7.5±1.1	4.1±1.3	151.2	8.6
U34	Yeşil	34.1±8.5	-7.9±1.3	6.1±3.2	142.4	10.0
U35	Koyu yeşil	34.4±1.6	-8.0±0.7	5.7±1.3	144.7	9.8
U36	Açık yeşil	35.0±2.4	-9.2±0.4	6.8±0.7	143.6	11.5
U37	Koyu yeşil	41.0±3.3	-7.1±0.7	2.8±1.2	158.5	7.6
U38	Yeşil	36.8±3.4	-4.5±2.9	0.1±3.9	178.3	4.5
U39	Koyu yeşil	42.1±3.1	-8.4±2.0	5.1±2.3	148.8	9.8
U40	Koyu yeşil	36.4±3.2	-6.6±1.9	1.7±2.2	165.3	6.8
U41	Koyu yeşil	37.8±3.6	-4.9±1.0	0.7±2.4	172.3	4.9
U42	Koyu yeşil	27.8±1.9	-6.7±0.6	2.9±0.6	156.9	7.3
U43	Yeşil	38.1±2.9	-5.6±2.8	0.9±4.7	171.0	5.7
U44	Koyu yeşil	37.7±1.6	-7.8±1.9	4.7±1.8	148.5	9.1
U45	Yeşil	38.3±2.5	-5.9±2.0	1.6±2.0	164.6	6.1
U46	Koyu yeşil	43.3±5.2	-7.4±1.8	3.3±3.5	155.6	8.1
U47	Açık yeşil	33.2±2.1	-8.1±1.5	4.9±2.0	149.2	9.5
U48	Yeşil	43.5±5.5	-8.8±2.7	4.6±4.0	152.3	10.0
U49	Koyu yeşil	38.8±2.4	-6.1±1.9	0.3±2.6	176.8	6.1
U50	Yeşil	39.2±3.5	-7.9±0.8	5.4±1.4	145.5	9.7
U51	Koyu yeşil	45.9±2.7	-7.9±2.3	4.2±2.8	152.1	9.0
U52	Yeşil	37.5±3.1	-6.4±1.5	2.0±2.2	162.8	6.7

4.1.1.2. Soğan Gövde Özelliklerine Ait Sonuçlar

Araştırmada soğan gövde özelliklerine ait ölçülen sonuçlar, Tablo 4.4'de verilmiştir. Gövde uzunluğu yönünden incelendiğinde soğan genotiplerinin, 7.2-17.6 cm arasında değişim gösterdikleri belirlenmiştir. En uzun ve en kısa gövde uzunluğuna sahip genotipler sırasıyla U35 (17.6 cm) ve U4 (7.2 cm) genotipleri olmuştur. Sönmez ve Beşirli (2019), kısa gün soğan çeşitlerinden K4 genotipinin gövde uzunluğunun ortalama 5.5 cm değerinde olduğunu belirlemişlerdir. Uzun gün soğanlarda ise gövde uzunlukları, 1.8-2.1 cm arasında değişim göstermiştir. Araştırma sonuçlarıyla belirtilen literatürler arasında oluşan farklılık, çevrenin etkisi ve genotiplerden kaynaklandığı düşünülebilir.

Gövde genişlikleri yönünden ise en geniş genotiplerin sırasıyla U8 (23.3 mm), U17 (22.2 mm) ve U35 (21.7 mm) genotipleri olduğu saptanmıştır. En dar genotipler;

U49 (13.8 mm) ve U42 (14.0 mm) olmuştur (Tablo 4.4). Sönmez ve Beşirli (2019), en geniş gövdenin kısa gün soğanlarında 12.6 mm ve uzun gün soğanlarında 15.8 mm ölçüldüğünü bildirmişlerdir.

Tablo 4.4. Soğan genotiplerine ait gövde uzunluğu ve gövde genişliği özellikleri yönünden dağılışları

No	Gövde uzunluğu (cm)	Gövde genişliği (mm)	No	Gövde uzunluğu (cm)	Gövde genişliği (mm)
U1	13.2±1.8	20.6±1.7	**U27**	10.6±1.7	18.5±2.7
U2	9.6±2.1	17.4±1.8	**U28**	10.6±1.1	18.0±1.1
U3	9.8±1.8	20.8±2.3	**U29**	12.0±1.5	17.6±2.0
U4	7.2±1.6	17.4±2.5	**U30**	11.2±2.8	16.3±3.6
U5	8.8±1.3	16.0±1.2	**U31**	11.6±2.5	17.6±2.3
U6	10.2±1.8	19.4±0.3	**U32**	11.4±2.1	16.7±2.5
U7	10.4±2.2	17.8±2.2	**U33**	13.2±1.5	19.0±3.5
U8	12.2±3.0	23.3±5.6	**U34**	11.0±1.0	21.0±2.0
U9	9.4±2.3	16.7±4.8	**U35**	17.6±2.5	21.7±3.1
U10	10.8±1.1	20.7±1.5	**U36**	11.6±1.7	17.9±1.4
U11	9.6±2.1	19.5±3.3	**U37**	10.0±1.6	18.2±1.9
U12	8.6±2.3	17.6±1.5	**U38**	11.2±2.2	18.5±1.1
U13	7.2±1.3	15.7±3.1	**U39**	8.6±1.1	21.4±2.0
U14	10.2±1.9	17.8±2.1	**U40**	11.6±2.7	20.6±2.1
U15	10.2±2.1	16.0±1.9	**U41**	11.6±1.5	18.5±2.2
U16	10.2±1.5	17.1±1.9	**U42**	8.0±1.9	14.0±1.7
U17	10.6±0.9	22.2±2.6	**U43**	9.4±0.9	17.3±1.0
U18	8.4±1.7	15.8±2.2	**U44**	9.4±2.3	18.9±2.4
U19	10.0±1.4	19.9±2.4	**U45**	9.8±1.5	18.6±1.6
U20	8.6±1.5	16.7±2.5	**U46**	9.2±0.8	16.2±1.9
U21	10.6±2.7	17.5±3.0	**U47**	10.4±0.6	19.1±2.1
U22	11.4±1.1	17.8±1.1	**U48**	9.8±0.8	19.9±2.8
U23	11.0±1.2	17.6±2.8	**U49**	10.8±1.9	13.8±2.0
U24	12.0±1.9	18.3±3.2	**U50**	10.0±1.6	17.6±1.8
U25	13.2±2.6	20.3±4.4	**U51**	12.4±1.8	19.2±2.0
U26	10.0±2.9	20.1±3.6	**U52**	7.8±1.1	17.6±3.0

4.1.2. Hasat (Kuru) Dönemine Ait Morfolojik Karakterizasyon Sonuçları

Tez çalışmasında soğan boyunun 34.5-91.0 mm arasında dağılış gösterdikleri saptanmıştır (Tablo 4.5). Mevcut popülasyonda soğan boyunun %76.9'unun 62.0 mm'nin altında olduğu belirlenmiştir. En uzun soğan boyu 91.0 mm ile U8 genotipi olurken bunu 74.0 mm ile U40 genotipi izlemiştir. En kısa soğan boyuna sahip genotiplerin ise U16 (34.5 mm) ve U27 (36.2 mm) olduğu bulunmuştur. Antofie ve Sand Sava (2016), yerel soğan çeşitlerinde soğan boylarının 65-120 mm arasında değişim gösterdiğini ve bunların %78'inden (236 soğan) fazlasının 70.0-100.0 mm aralığında olduğunu bildirmişlerdir. Antofie ve Sand Sava (2017), yerel 'de Turda' ve 'de Buzău' kırmızı soğan çeşitlerinde soğan boyunun 92.0-152.0 mm arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Araştırıcılar, ortalama soğan boyunun 120.0 mm olduğunu

ve %85'nin de 120-140 mm arasında olduğunu belirlemişlerdir. Diğer bir çeşit 'de Turda' için ise soğan boyları 42.0-90.0 mm arasında değişim göstermiştir. Ortalama soğan boyu, 66.0 mm olarak bulunmuştur. Sönmez ve Beşirli (2019), kısa ve uzun gün soğan çeşitlerinde yapmış oldukları çalışmada soğan boyu yönünden en yüksek değerin K4 genotipinde 74.0 mm olduğunu ve bunu sırasıyla U4 (60.0 mm) ve U1 (58.0 mm) genotiplerinin izlediğini belirtmişlerdir.

Tablo 4.5. Soğan genotiplerinin ebatları yönünden dağılışları

No	Boy (mm)	Çap (mm)	Şekil indeksi (boy/çap)	No	Boy (mm)	Çap (mm)	Şekil indeksi (boy/çap)
U1	53.5±2.0	56.9±3.3	0.9	U27	36.2±5.3	55.1±1.6	0.6
U2	49.5±1.4	59.0±9.7	0.8	U28	53.5±1.5	59.7±3.5	0.8
U3	68.4±6.8	73.8±3.9	0.9	U29	51.0±1.4	61.1±3.2	0.8
U4	54.1±3.0	59.5±8.1	0.9	U30	55.2±1.5	52.0±1.3	0.9
U5	46.4±4.6	54.3±6.2	0.8	U31	42.5±3.9	65.3±2.4	0.6
U6	55.2±8.0	58.9±7.1	0.9	U32	72.7±2.0	66.1±1.5	1.1
U7	49.8±3.8	55.9±3.3	0.8	U33	57.2±4.7	61.9±7.6	0.9
U8	91.0±5.5	81.5±8.5	1.1	U34	64.1±7.3	68.8±7.9	0.9
U9	58.5±4.0	80.5±6.5	0.7	U35	46.1±2.5	72.5±4.1	0.6
U10	59.7±1.8	64.1±6.1	0.9	U36	38.6±0.9	51.4±1.3	0.7
U11	43.9±2.2	69.6±2.4	0.6	U37	46.7±2.1	67.9±3.5	0.6
U12	63.7±8.5	65.1±1.5	0.9	U38	38.7±3.1	58.6±8.2	0.6
U13	37.0±5.4	56.2±3.5	0.6	U39	47.0±5.1	70.9±0.5	0.6
U14	46.0±4.0	57.5±3.6	0.7	U40	74.0±3.6	72.8±2.7	1.1
U15	40.6±4.5	62.2±8.5	0.6	U41	68.3±3.5	69.7±2.6	0.9
U16	34.5±4.5	58.9±3.4	0.5	U42	61.6±6.1	62.5±5.5	0.9
U17	55.5±3.6	68.1±3.8	0.8	U43	72.0±3.6	68.1±1.3	1.1
U18	42.7±3.0	55.9±0.9	0.7	U44	72.3±4.0	67.3±1.1	1.1
U19	49.6±4.0	56.4±4.1	0.8	U45	53.6±5.5	68.2±5.4	0.7
U20	39.6±4.4	60.9±4.8	0.6	U46	46.1±5.3	56.6±5.6	0.8
U21	60.5±4.4	68.1±2.7	0.8	U47	52.7±3.4	69.1±2.1	0.7
U22	70.2±0.1	71.7±7.2	0.9	U48	61.6±1.2	52.5±3.0	1.1
U23	47.7±1.7	57.4±3.5	0.8	U49	48.1±3.6	64.2±3.3	0.7
U24	43.6±4.5	63.5±5.8	0.6	U50	48.1±1.1	52.9±2.8	0.9
U25	57.6±1.5	66.7±4.3	0.8	U51	63.5±2.6	57.2±4.1	1.1
U26	63.6±5.8	65.5±0.2	0.9	U52	56.3±3.5	51.5±8.9	1.1

Araştırma sonuçlarıyla belirtilen literatürlerde kullanılan genotiplerin farklılığından dolayı sonuçlar genel olarak benzerlik göstermemiştir.

Soğan çapı yönünden en geniş genotip, 81.5 mm ile U8 olmuştur. En dar genotipin ise 51.4 mm ile U36 olduğu tespit edilmiştir. Mevcut popülasyonun soğan çapı ortalamasının 66.5 mm olduğu saptanmıştır. Populasyonun %65.4'ünün belirlenen ortalamanın altında kaldığı görülmüştür. Antofie ve Sand Sava (2016), üç

farklı lokasyonda yaptıkları ölçümlerde ortalama soğan çapları yönünden Recea bölgesinde 78.0 mm, Mândra'da 87.0 mm ve Beclean'da 90.0 mm olarak değişim gösterdiğini bildirmişlerdir. Antofie ve Sand Sava (2017), soğan çapı yönünden, 'de Buzău' çeşidinin 42.0-63.0 mm (ortalama 50.0 mm) ve 'de Turda' çeşidinin ise 38.0-59.0 mm (ortalama 49.0 mm) arasında dağılış gösterdiğini belirlemişlerdir. Sönmez ve Beşirli (2019), soğan çapları yönünden en geniş soğan çapını K4 genotipinde (81.0 mm) ölçmüşlerdir. Soğan çapı yönünden araştırma sonuçları ile literatür sonuçları genotiplere göre değişmekle birlikte genel olarak uyum göstermiştir.

Araştırma sonucunda soğan şekil indeksi değerlerinin (boy/çap) 0.5-1.1 arasında olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.4). Mallor vd (2011), İspanya'daki 86 yerel soğan genetik kaynağının soğan şekil indeksi (SŞİ) değerlerinin 0.5-2.5 arasında dağılış gösterdiğini tespit etmişlerdir. Soğan genotiplerinin çoğunlukla (%87.2), SŞİ değerinin 1'den düşük olduğu saptanmıştır. Antofie ve Sand Sava (2016), soğan şekil indeksinin (boy:çap) genotiplere göre 1.1-2.7 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Belirtilen literatürler ve araştırma sonuçları arasındaki farklılıklar genotipik yapı, yetiştirme koşulları, kültürel uygulamalar ve çevre şartlarından kaynaklanabilir.

Soğan genotipleri kabuk kalınlığı yönünden değerlendirildiğinde, ince ve orta kalınlıkta olduğu tespit edilmiştir. Mevcut popülasyonun %28.8'nin orta kalınlıkta ve %71'2'sinin ise ince kabuk kalınlığına sahip olduğu belirlenmiştir. Kabuk kalınlığı, hasat ve depolama süresiyle doğru orantılı olduğu için ince kabuk yapısındaki soğanlarda erkencilik görülür, bu da üreticiler tarafından istenilen bir özelliktir. Ancak ince kabuklu soğanların depolama süresinin kısa olmasından dolayı tüketiciler tarafından çok tercih edilmez. Kışlık soğanlar çoğunlukla kalın ve orta kalın kabuklu yapıdadır. Gvozdanovic vd (2013), 30 soğan genotipinde kabuk kalınlığı yönünden 1 genotipin kalın, 7 genotipin ince kabuklu ve 22 genotipin ise orta kalınlıkta olduğunu bildirmişlerdir.

Soğan genotiplerinin kabuk renkleri görsel olarak belirlenmiştir. İnceleme sonucunda genotiplerin 5 tanesinin açık sarı, 7 tanesinin sarı, 24 tanesinin açık kahverengi, 12 tanesinin kahverengi ve 4 tanesinin de koyu kahverengi kabuk renginde olduğu tespit edilmiştir (Tablo 4.6). Mallor vd (2011), soğan genotiplerinde kabuk renginin kahverengi (%53.5), mor (%25.6) ve beyaz (%16.3) renk tonlarında olduğunu belirtmişlerdir. Gvozdanovic vd (2013), soğan genotiplerinin kabuk rengi yönünden birçok renkte olduklarını gözlemlemişlerdir. Araştırıcılar; soğan genotiplerinin, 1 adet

beyaz, 1 adet sarı, 1 adet kahverengi, 1 adet diğer renkler, 3 adet koyu mor, 6 adet açık kahverengi ve 9 adet sarımsı açık kahverengi vb. şeklinde dağılış gösterdiklerini bildirmişlerdir. Azimi vd (2020), 20 adet soğan genotipinde kabuk renginin; beyaz, kırmızımsı ve kahverengimsi-sarımsı renklerde olduğunu tespit etmişlerdir.

Soğan genotiplerinde et rengi, görsel olarak beyaz ve kırmızımsı olarak belirlenmiştir. Kırmızımsı et renginin sadece U16 ve U24 genotiplerinde olduğu tespit edilmiştir. (Tablo 4.7). Mallor vd (2011), soğan genotiplerinde et rengi ile ilgili olarak çoğunlukla beyaz (%75.6) ve kırmızımsı (%22.1) renk tonlarında olduğunu belirlemişlerdir. Azimi vd (2020), soğan genotiplerinin et rengi yönünden beyaz, sarı ve kırmızımsı renklerde olduğunu belirlemişlerdir.

Tablo 4.6. Soğan genotiplerinin kabuk kalınlığı ve kabuk rengi yönünden dağılışları

No	Kabuk kalınlığı	Kabuk rengi	No	Kabuk kalınlığı	Kabuk rengi
U1	İnce	Sarı	**U27**	İnce	Açık sarı
U2	İnce	Açık kahverengi	**U28**	İnce	Açık kahverengi
U3	Orta	Kahverengi	**U29**	Orta	Açık kahverengi
U4	İnce	Açık sarı	**U30**	İnce	Açık kahverengi
U5	İnce	Sarı	**U31**	İnce	Açık kahverengi
U6	Orta	Kahverengi	**U32**	Orta	Açık kahverengi
U7	İnce	Kahverengi	**U33**	İnce	Sarı
U8	İnce	Açık kahverengi	**U34**	İnce	Açık sarı
U9	İnce	Açık kahverengi	**U35**	İnce	Kahverengi
U10	İnce	Açık sarı	**U36**	Orta	Açık kahverengi
U11	Orta	Koyu kahverengi	**U37**	Orta	Açık kahverengi
U12	İnce	Açık kahverengi	**U38**	İnce	Açık kahverengi
U13	İnce	Açık kahverengi	**U39**	İnce	Açık kahverengi
U14	Orta	Kahverengi	**U40**	İnce	Kahverengi
U15	İnce	Sarı	**U41**	Orta	Açık kahverengi
U16	Orta	Koyu kahverengi	**U42**	İnce	Açık kahverengi
U17	İnce	Açık kahverengi	**U43**	İnce	Kahverengi
U18	İnce	Kahverengi	**U44**	İnce	Koyu kahverengi
U19	Orta	Açık kahverengi	**U45**	İnce	Kahverengi
U20	İnce	Açık kahverengi	**U46**	İnce	Açık kahverengi
U21	İnce	Sarı	**U47**	İnce	Açık kahverengi
U22	İnce	Açık kahverengi	**U48**	İnce	Kahverengi
U23	Orta	Açık kahverengi	**U49**	Orta	Kahverengi
U24	Orta	Koyu kahverengi	**U50**	İnce	Sarı
U25	Orta	Açık kahverengi	**U51**	İnce	Açık sarı
U26	İnce	Kahverengi	**U52**	İnce	Sarı

Tez çalışmasında soğan genotipleri et sıklığı yönünden incelenmiş ve mevcut popülasyonun %92.3'nün sıkı yapılı olduğu tespit edilmiştir (Tablo 4.7). Mallor vd (2011), incelenen soğan genotiplerinde et sıkılığı değerlerinin 3-9 kg cm^{-2} arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Ayrıca 'Liria' olarak bilinen BGHZ-0323 soğan genotipinin, sıkılık yönünden en düşük değere (3 kg cm^{-2}) sahip olduğu belirlenmiştir.

Araştırmada soğan genotiplerinin % SÇKM değerlerinin %6.7-16.9 arasında değişim gösterdiği saptanmıştır. En yüksek % SÇKM değerine sahip genotip, %16.9 ile U15 genotipi olmuştur. Araştırma sonucunda, tüm soğan genotiplerinde ortalama % SÇKM değerleri %11.8 olarak belirlenmiştir (Tablo 4.7). % SÇKM değerinin, Jaime vd (2001), %7.2-15.8. Dhumal vd (2007), %11.3-13.3. Vågen ve Slimestad (2008), %6.8-12.3 ve Rodríguez Galdón vd (2009), ise %4.9-8.6 arasında değişim gösterdiğini bildirmişlerdir. Sharma vd (2014), 18 Kore soğan çeşidinde %5.7-11.0 arasında değişen SÇKM değerleri ölçmüşlerdir. Dangi vd (2018), yerel çeşitler, açık tozlaşan çeşitler, hibritler ve diğer ıslah materyallerinden oluşan 58 soğan materyalinden en yüksek kuru madde yüzdesinin Arka Kalyan'da (%15.7) ve en düşük Superex'te (%4.1) olduğunu saptamışlardır. Sönmez ve Beşirli (2019), kısa gün çeşitlerinden K4 genotipinin %8.6 ve uzun gün soğan çeşitlerinde ise U2 genotipinin %15.6 en yüksek SÇKM değerlerine sahip olduklarını bildirmişlerdir. Belirtilen literatürler, araştırma sonuçlarına yakın ancak daha düşük değerlerde çıkmıştır. Bunun sebebi soğan genotipleri çevre ve kültürel uygulamalardan kaynaklanabilir.

Tablo 4.7. Soğan genotiplerinin bazı kalite özellikleri yönünden dağılışları

No	Et rengi	Et sıklığı	SÇKM	Organoleptik analiz
U1	Beyaz	Sıkı	10.6	Acı
U2	Beyaz	Sıkı	10.4	Acı
U3	Beyaz	Sıkı	8.3	Tatlı
U4	Beyaz	Sıkı	11.3	Acı
U5	Beyaz	Orta	9.9	Acı
U6	Beyaz	Sıkı	11.6	Tatlı
U7	Beyaz	Sıkı	10.1	Acı
U8	Beyaz	Sıkı	10.9	Acı
U9	Beyaz	Sıkı	9.4	Tatlı
U10	Beyaz	Sıkı	7.3	Tatlı
U11	Beyaz	Sıkı	10.9	Tatlı
U12	Beyaz	Sıkı	10.4	Tatlı
U13	Beyaz	Sıkı	13.5	Acı
U14	Beyaz	Sıkı	16.2	Acı
U15	Beyaz	Sıkı	16.9	Acı

Tablo 4.7. (devam)

No	Et rengi	Et sıklığı	SÇKM	Organoleptik analiz
U16	Kırmızımsı	Sıkı	12.0	Tatlı
U17	Beyaz	Sıkı	11.4	Acı
U18	Beyaz	Sıkı	13.3	Acı
U19	Beyaz	Sıkı	15.4	Acı
U20	Beyaz	Sıkı	11.4	Tatlı
U21	Beyaz	Orta	9.5	Acı
U22	Beyaz	Sıkı	8.7	Tatlı
U23	Beyaz	Sıkı	10.8	Tatlı
U24	Kırmızımsı	Sıkı	10.4	Tatlı
U25	Beyaz	Sıkı	11.7	Tatlı
U26	Beyaz	Sıkı	8.8	Acı
U27	Beyaz	Sıkı	16.0	Tatlı
U28	Beyaz	Sıkı	8.2	Tatlı
U29	Beyaz	Sıkı	9.6	Tatlı
U30	Beyaz	Sıkı	13.1	Acı
U31	Beyaz	Sıkı	11.3	Tatlı
U32	Beyaz	Sıkı	7.4	Tatlı
U33	Beyaz	Sıkı	12.7	Acı
U34	Beyaz	Sıkı	13.3	Tatlı
U35	Beyaz	Sıkı	12.9	Tatlı
U36	Beyaz	Orta	13.4	Acı
U37	Beyaz	Sıkı	11.3	Acı
U38	Beyaz	Sıkı	12.9	Acı
U39	Beyaz	Sıkı	13.3	Acı
U40	Beyaz	Sıkı	7.0	Tatlı
U41	Beyaz	Sıkı	10.1	Tatlı
U42	Beyaz	Orta	6.7	Tatlı
U43	Beyaz	Sıkı	8.6	Tatlı
U44	Beyaz	Sıkı	8.4	Tatlı
U45	Beyaz	Sıkı	10.5	Tatlı
U46	Beyaz	Sıkı	12.6	Acı
U47	Beyaz	Sıkı	13.0	Tatlı
U48	Beyaz	Sıkı	13.1	Acı
U49	Beyaz	Sıkı	10.3	Tatlı
U50	Beyaz	Sıkı	14.0	Tatlı
U51	Beyaz	Sıkı	12.5	Tatlı
U52	Beyaz	Sıkı	10.4	Acı

Tez çalışmasında soğan genotipleri organoleptik analizi ile acı ve tatlı olarak değerlendirilmiştir. Organoleptik analiz sonucunda soğan genotiplerinin %55.8'nin tatlı ve %44.2'sinin ise acı olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.7). Martínez vd (2005), Kuzeybatı İspanya'da yapmış oldukları çalışmada 18 yerel soğan çeşidinin tadım testi yönünden; 5'inin 'ekstra tatlı', 4'ünün 'tatlı', 7 tanesinin 'orta keskinlikte' ve 2'sinin ise 'acı' olduğunu belirlemişlerdir. Mallor vd (2011), acılık yönünden soğan genotiplerinde sırasıyla BGHZ-0227 genotipi (3.0 µmol g^{-1} FW) ve BGHZ-4086

genotipinde (5.4 µmol g^{-1} FW) düşük ortalama keskinlik görülürken, BGHZ-1354 genotipinin (18.1 µmol g–1 FW) en keskin tat özelliğinde olduğunu tespit etmişlerdir. González Pérez vd (2015), 17 soğan çeşidini acılık yönünden değerlendirmişler ve beş yerel soğan çeşidinin tatlı, dokuz tanesinin orta acı ve üç tanesinin ise acı olarak sınıflandırmışlardır. Dangi vd (2018) ise 58 soğan genotipinden, 'Red Creole 3' soğan çeşidinde en yüksek piruvik asit (6.32 µmol/ml) içeriğinin olduğunu bildirmişlerdir. Araştırma sonuçlarının, belirtilen literatürlerle genel olarak uyumlu oldukları ifade edilebilir.

Tablo 4.8. Soğan genotiplerinin kabuk rengi yoğunluğu yönünden dağılışları

No	L	a	b	Hue	Kroma
U1	37.4±3.5	-4.5±1.1	-0.4±1.2	79,3	31,3
U2	35.0±1.1	-3.3±1.8	-1.7±1.6	78,1	38,4
U3	37.3±2.7	-6.8±2.8	3.2±3.1	80,4	26,1
U4	38.5±2.8	-5.3±0.9	0.5±1.3	78,8	31,1
U5	40.4±3.3	-5.6±1.3	1.6±1.5	79,3	30,6
U6	45.6±3.1	-9.1±0.5	4.9±1.4	69,3	37,1
U7	32.2±3.8	-9.3±2.3	7.1±3.7	76,9	35,6
U8	38.3±2.9	-10.7±0.8	9.9±0.6	56,0	7,5
U9	41.5±2.9	-7.6±1.8	4.4±1.6	81,7	18,9
U10	42.2±1.5	-8.6±1.3	5.7±2.3	86,3	25,9
U11	35.2±4.7	-8.9±3.1	7.2±3.3	75,3	28,0
U12	42.6±4.9	-8.9±2.2	6.1±2.6	68,3	16,8
U13	38.5±2.2	-7.3±1.5	2.5±1.6	77,5	17,5
U14	45.1±6.3	-6.8±2.3	2.9±3.7	54,1	13,8
U15	41.5±2.6	-7.4±1.5	2.6±1.6	85,2	39,6
U16	39.1±1.8	-5.6±1.3	1.1±1.7	63,6	25,6
U17	38.9±2.6	-8.5±4.6	4.6±4.9	76,7	33,3
U18	39.5±4.3	-5.9±2.5	1.3±3.0	76,7	29,1
U19	36.5±2.4	-10.3±2.4	7.4±3.7	42,8	11,4
U20	28.4±3.5	-6.5±3.4	2.8±4.6	76,0	30,4
U21	41.7±3.1	-9.2±0.8	6.0±1.1	90,1	19,5
U22	36.4±3.8	-6.0±3.7	1.7±4.2	69,3	10,8
U23	44.1±3.5	-8.8±2.0	4.0±3.2	77,1	28,1
U24	42.3±4.1	-9.0±2.4	6.7±3.2	56,9	27,8
U25	40.5±4.1	-6.3±2.1	1.9±2.7	60,7	15,5
U26	44.7±2.1	-8.7±2.1	6.1±3.1	74,7	13,1

Soğan genotiplerinde kabuk rengi yoğunlukları, Minalto chroma meter renk ölçüm aleti ile belirlenmiştir (Tablo 4.8). Araştırmada soğan genotiplerinin ortalama hue açısı değerinin 72.2^{o} ve ortalama kroma açısı değerinin ise 23.7^{o} olduğu saptanmıştır. Kroma açısı değeri yönünden en küçük değer, 7.5^{o} ile U8 genotipi ve en yüksek ise 39.6^{o} ile U15 genotipi tespit edilmiştir. Soğan genotipleri hue açısı değerleri yönünden karşılaştırıldığında U45 genotipinin en düşük (31.7^{o}) ve U27 genotipinin ise en yüksek (91.9^{o}) olduğu saptanmıştır. Ölçüm sonuçlarına göre soğan genotiplerinin kabuk renk yoğunlukları arasında belirgin farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. Tablo 4.8'de a ve b'nin + ve - yönde artan değerleri rengin koyulaştığını gösterdiğinden soğan genotipleri arasında belirgin farklılıkların olduğu verilerden kolaylıkla anlaşılmaktadır.

Tablo 4.8. (devam)

No	L	a	b	Hue	Kroma
U27	37.4±3.5	-4.5±1.1	-0.4±1.2	91,9	30,8
U28	35.0±1.1	-3.3±1.8	-1.7±1.6	73,5	31,0
U29	37.3±2.7	-6.8±2.8	3.2±3.1	80,8	29,0
U30	38.5±2.8	-5.3±0.9	0.5±1.3	81,0	39,2
U31	40.4±3.3	-5.6±1.3	1.6±1.5	82,0	37,5
U32	45.6±3.1	-9.1±0.5	4.9±1.4	76,2	22,7
U33	32.2±3.8	-9.3±2.3	7.1±3.7	52,9	11,7
U34	38.3±2.9	-10.7±0.8	9.9±0.6	62,7	11,5
U35	41.5±2.9	-7.6±1.8	4.4±1.6	84,0	32,1
U36	42.2±1.5	-8.6±1.3	5.7±2.3	79,2	34,6
U37	35.2±4.7	-8.9±3.1	7.2±3.3	80,3	31,4
U38	42.6±4.9	-8.9±2.2	6.1±2.6	83,4	17,6
U39	38.5±2.2	-7.3±1.5	2.5±1.6	76,1	22,8
U40	45.1±6.3	-6.8±2.3	2.9±3.7	54,8	9,8
U41	41.5±2.6	-7.4±1.5	2.6±1.6	67,9	14,8
U42	39.1±1.8	-5.6±1.3	1.1±1.7	83,3	24,5
U43	38.9±2.6	-8.5±4.6	4.6±4.9	67,0	12,5
U44	39.5±4.3	-5.9±2.5	1.3±3.0	72,2	13,4
U45	36.5±2.4	-10.3±2.4	7.4±3.7	31,7	9,5
U46	28.4±3.5	-6.5±3.4	2.8±4.6	73,5	28,6
U47	41.7±3.1	-9.2±0.8	6.0±1.1	70,7	31,5
U48	36.4±3.8	-6.0±3.7	1.7±4.2	59,9	19,3
U49	44.1±3.5	-8.8±2.0	4.0±3.2	82,4	33,3
U50	42.3±4.1	-9.0±2.4	6.7±3.2	56,0	15,6
U51	40.5±4.1	-6.3±2.1	1.9±2.7	81,5	16,0
U52	44.7±2.1	-8.7±2.1	6.1±3.1	55,4	9,8

Tablo 4.9 incelendiğinde soğan genotiplerinde kök diskinin pozisyonunun derin, düz ve dışa doğru şeklinde olduğu görülmektedir. Genotipler içinde sadece U13 ve U16'nın derin kök disk yapısına sahip olduğu ve popülasyonun %21.2'sinin düz ve %75'nin ise dışa doğru olduğu tespit edilmiştir. Araştırmada, kök disk çapının 7.8-19.5 mm arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. En geniş kök disk çapı U8 genotipinde (19.5 mm) ölçülmüştür. Bunu U26 (16.4 mm) ve U40 (16.3 mm) genotipleri izlemiştir. En dar kök disk çapı ise 7.8 mm ile U5 genotipinde tespit edilmiştir (Tablo 4.9). Sönmez ve Beşirli (2019), kısa gün soğan çeşitlerinden K4 genotipinde en geniş kök disk çapı (12.68 mm) ve uzun gün soğan çeşitlerinden ise U2 (17,00 mm) ve U4 (14,88 mm) genotiplerinin en geniş kök disk çapına sahip olduğunu bildirmişlerdir. Belirtilen literatür sonucu, araştırma sonuçları ile uyum göstermiştir. Baskın büyüme noktası sayısı yönünden ise soğan genotipleri arasında belirgin bir farklılık gözlemlenmemiştir (Tablo 4.9).

Tablo 4.9. Soğan genotiplerin kök diskinin pozisyonu, çapı ve baskın büyüme noktası sayısı yönünden dağılışları

No	Kök diskinin pozisyonu	Kök disk çapı (mm)	Baskın Büyüme Noktasının Sayısı
U1	Dışa doğru	12.2±1.6	1
U2	Düz	13.2±2.0	1
U3	Dışa doğru	15.3±1.7	1
U4	Dışa doğru	13.5±0.9	1
U5	Dışa doğru	7.8±2.9	1
U6	Dışa doğru	12.8±1.3	1
U7	Dışa doğru	10.4±2.0	1
U8	Dışa doğru	19.5±3.0	1
U9	Dışa doğru	11.5±1.0	1
U10	Dışa doğru	12.4±0.3	1
U11	Düz	14.4±1.8	1
U12	Dışa doğru	13.9±0.8	1
U13	Derin	12.8±2.4	1
U14	Düz	14.1±1.4	1
U15	Düz	12.3±2.2	1
U16	Derin	12.0±1.2	1
U17	Dışa doğru	16.0±0.7	1
U18	Düz	10.6±1.1	1
U19	Dışa doğru	14.3±1.6	1
U20	Düz	11.9±1.7	1
U21	Dışa doğru	15.5±1.1	1
U22	Dışa doğru	14.3±3.3	1
U23	Dışa doğru	11.3±1.5	1
U24	Dışa doğru	11.7±3.3	1
U25	Dışa doğru	12.4±0.5	1
U26	Dışa doğru	16.4±0.8	1

Tablo 4.9. (devam)

No	Kök diskinin pozisyonu	Kök disk çapı (mm)	Baskın Büyüme Noktasının Sayısı
U27	Dışa doğru	12.0±2.3	1
U28	Dışa doğru	14.6±1.0	1
U29	Dışa doğru	13.0±2.7	1
U30	Dışa doğru	12.1±1.1	1
U31	Dışa doğru	13.7±3.8	1
U32	Dışa doğru	15.0±0.5	1
U33	Dışa doğru	12.0±1.6	1
U34	Dışa doğru	15.6±1.0	1
U35	Düz	12.4±1.7	1
U36	Dışa doğru	12.9±1.4	1
U37	Düz	11.1±0.3	1
U38	Düz	10.8±1.9	1
U39	Düz	10.0±0.5	1
U40	Dışa doğru	16.3±3.1	1
U41	Düz	13.2±0.2	1
U42	Dışa doğru	11.5±1.9	1
U43	Dışa doğru	13.3±0.9	1
U44	Dışa doğru	13.7±0.5	1
U45	Dışa doğru	11.6±2.4	1
U46	Dışa doğru	11.6±0.6	1
U47	Dışa doğru	14.9±1.1	1
U48	Dışa doğru	12.4±1.3	1
U49	Dışa doğru	11.7±1.1	1
U50	Dışa doğru	12.2±1.1	1
U51	Dışa doğru	11.5±0.6	1
U52	Dışa doğru	13.8±1.1	1

Tez çalışmasında yer alan soğan genotipleri, soğan ağırlıkları yönünden 53.3-281.3 g arasında dağılım göstermişlerdir (Tablo 4.10). Mevcut popülasyonun %55.8'inin 100 g ve üzerinde olduğu belirlenmiştir. En iri genotipler, U8 (281.3 g) ve U9 (212.3 g) olmuştur. En hafif soğan genotipi ise U36 (53.3 g) olarak belirlenmiştir. Mallor vd (2011), yaptıkları çalışmada ortalama soğan ağırlıkları yönünden en hafif genotiplerin BGHZ-1877 (19.1 g) ve BGHZ-0225 (59.0 g) olduğunu buna karşın BGHZ-4222 (443.5) ve BGHZ-3745 (588.3) soğan genotiplerinin ise en iri ve ağır olduklarını saptamışlardır. Sunil vd (2014), soğan ağırlıklarının 44.6-179.1 g arasında değişim gösterdiğini ve ortalama soğan ağırlığının 108.6 g olduğunu bildirmişlerdir. Bir başka çalışmada, Hancı ve Gökçe (2016) Türkiye'nin farklı lokasyonlarından topladıkları 96 soğan genetik kaynağında soğan ağırlıklarının 15.0-251.2 g arasında değiştiğini ve ortalama ağırlığın 82.6 g olduğunu belirtmişlerdir. Sönmez ve Beşirli (2019), kısa gün soğan çeşitlerinden K4 genotipinin soğan ağırlığının 164.43 g ve dekara ortalama verimin 6575.50 kg da^{-1} olduğunu tespit etmişlerdir. Uzun gün soğan

çeşitleri arasında en ağır (149.38 g) ve en yüksek ortalama verime (5973.75 kg da^{-1}) sahip genotipin U4 olduğu saptanmıştır. Azimi vd (2020), incelenen genotiplerde soğan ağırlığının; 30.06-186.2 g arasında değişim gösterdiğini tespit etmişlerdir. Belirtilen literatürler ile araştırma sonuçlarının arasındaki farklılıkların, genotiplerin farklı olması ve çevresel etkilerden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Tablo 4.10. Soğan ağırlığı, boyun genişliği, şekli ve hasat olum zamanları yönünden dağılışları

No	Soğan boyun genişliği (mm)	Soğan şekli	Soğan ağırlığı (g)	Hasat olum zamanı/Gün
U1	14.8±0.4	Yuvarlak	104.3±9.2	Erkenci / 129
U2	11.3±0.2	Eşkenar dörtgen	91.3±35.2	Erkenci / 129
U3	11.2±2.1	Geniş yumurta	183.6±36.4	Erkenci / 136
U4	13.1±2.1	Eşkenar dörtgen	100.3±28.2	Erkenci / 129
U5	10.8±1.9	Yuvarlak	81.6±22.1	Erkenci / 129
U6	15.0±1.4	Yuvarlak	99.6±32.7	Erkenci / 129
U7	12.2±.1.1	Yuvarlak	84.0±13.8	Erkenci / 129
U8	28.3±5.1	Yuvarlak	281.3±46.8	Geçci / 150
U9	13.5±1.2	Geniş yumurta	212.3±46.8	Erkenci / 129
U10	8.3±0.1	Yuvarlak	129.6±30.2	Erkenci / 136
U11	18.9±3.1	Ovalimsi	116.6±13.8	Erkenci / 136
U12	13.3±4.7	Yuvarlak	128.0±8.5	Vakitli / 144
U13	9.8±0.9	Ovalimsi	68.3±11.9	Geçci / 150
U14	12.2±0.8	Ovalimsi	73.0±10.5	Geçci / 150
U15	12.6±2.1	Geniş ovalimsi	86.6±29.0	Erkenci / 129
U16	12.0±1.4	Geniş ovalimsi	68.0±13.2	Erkenci / 136
U17	16.0±1.2	Geniş yumurta	131.0±20.9	Erkenci / 136
U18	10.8±0.5	Geniş yumurta	72.6±5.5	Erkenci / 136
U19	15.9±1.4	Eşkenar dörtgen	67.3±14.3	Geçci / 150
U20	12.1±2.5	Geniş ovalimsi	79.6±18.2	Erkenci / 136
U21	20.2±3.6	Yuvarlak	145.6±18.8	Erkenci / 136
U22	15.4±4.3	Geniş yumurta	176.0±24.2	Geçci / 150
U23	12.2±1.8	Yuvarlak	82.3±11.1	Erkenci / 136
U24	11.7±0.8	Eşkenar dörtgen	95.3±15.3	Erkenci / 136
U25	14.5±3.1	Yuvarlak	135.6±22.4	Vakitli / 144
U26	15.1±2.7	Eşkenar dörtgen	130.3±9.4	Geçci / 150

Tez çalışmasında soğan boyun genişliği yönünden en geniş genotip, 28.3 mm değer ile U8 genotipi olmuştur (Tablo 4.10). Bunu U21 (20.2 mm) ve U11 (18.9 mm) genotipleri izlemiştir. En dar boyun genişliği ise U49 (7.2 mm) ile U37 (7.8 mm) genotiplerinde ölçülmüştür. Soğanlar şekilsel olarak incelendiğinde yuvarlak, eşkenar dörtgen, ovalimsi, geniş yumurta, geniş ovalimsi ve geniş ters yumurta şeklinde dağılış göstermişlerdir. Yuvarlak şekilli soğanların tüm popülasyonda %36.5'lik bir oranda olduğu belirlenmiştir. Bunu %19.2'ar oranda eşkenar dörtgen ve ovalimsi şekilli

soğanlar izlemiştir. Geriye kalan diğer şekiller ise mevcut popülasyonun %25'ini oluşturmuştur. Mallor vd (2011), soğan genotiplerini şekil yönünden; büyük bir çoğunluğunun (%87.2) yassı, eşkenar dörtgen veya geniş oval soğanlar olduğunu saptamışlardır.

Tablo 4.10. (devam)

No	Soğan boyun genişliği (mm)	Soğan şekli	Soğan ağırlığı (g)	Hasat olum zamanı/Gün
U27	11.8±0.9	Ovalimsi	59.6±9.8	Erkenci / 129
U28	10.3±1.3	Geniş ters yumurta	104.3±15.3	Erkenci / 136
U29	8.5±2.3	Yuvarlak	107.6±18.2	Erkenci / 136
U30	13.7±1.0	Eşkenar dörtgen	93.3±5.1	Erkenci / 129
U31	13.1±0.2	Ovalimsi	104.0±15.3	Erkenci / 129
U32	14.4±1.0	Yuvarlak	144.0±7.9	Vakitli / 144
U33	15.4±5.4	Ovalimsi	85.3±21.9	Vakitli / 144
U34	18.5±2.5	Eşkenar dörtgen	129.3±41.7	Vakitli / 144
U35	10.3±2.4	Ovalimsi	126.3±14.7	Erkenci / 136
U36	12.6±1.7	Ovalimsi	53.3±9.2	Erkenci / 129
U37	7.8±1.3	Ovalimsi	118.0±22.8	Erkenci / 136
U38	8.5±1.3	Geniş ovalimsi	72.0±32.3	Vakitli / 144
U39	14.3±1.0	Geniş ovalimsi	112.0±1.0	Vakitli / 144
U40	14.9±2.8	Yuvarlak	190.3±29.4	Geçci / 150
U41	11.6±1.3	Geniş yumurta	159.3±20.2	Geçci / 150
U42	10.1±1.1	Yuvarlak	125.0±33.8	Erkenci / 129
U43	12.5±1.8	Yuvarlak	149.3±6.1	Geçci / 150
U44	11.6±1.2	Yuvarlak	158.3±11.2	Geçci / 150
U45	14.2±2.9	Eşkenar dörtgen	125.6±29.9	Geçci / 150
U46	10.7±0.2	Eşkenar dörtgen	79.3±17.6	Erkenci / 136
U47	11.1±0.3	Yuvarlak	130.3±13.6	Erkenci / 136
U48	13.5±0.7	Yuvarlak	67.3±5.5	Vakitli / 144
U49	7.2±2.4	Eşkenar dörtgen	104.0±9.1	Erkenci / 136
U50	11.7±0.2	Ovalimsi	58.3±6.1	Vakitli / 144
U51	16.1±2.7	Yuvarlak	89.0±18.5	Vakitli / 144
U52	9.3±1.1	Geniş ters yumurta	68.0±34.7	Vakitli / 144

Gvozdanovic vd (2013), soğan şekli yönünden 30 soğan genotipinin; 3 tanesinin düz, 10 tanesinin düz daire, 4 tanesinin eşkenar dörtgen, 7 tanesinin daire, 2 tanesinin geniş eliptik ve 4 tanesinin ise uzun eliptik olarak sınıflandırdıklarını bildirmişlerdir. Azimi vd (2020), soğan şeklinin genotiplere göre dairesel basık ve oval şekilde olduğunu belirtmişlerdir.

Soğan genotipleri, 129-150 gün arasında değişen sürelerde hasat edilmişlerdir (Tablo 4.10). Hasat olum zamanı yönünden incelenen soğan genotiplerinin,

%57.6'sının erkenci, %21.2'sinin vakitli ve %21.2'sinin de geçci olduğu belirlenmiştir. Soğanlar erken gelişme devresinde serin havaya (12-13 ^{o}C) ihtiyaç duyarken, baş bağlamaya başladığı zaman (18-21 ^{o}C) ve başın büyümesi (24-27 ^{o}C) için de daha yüksek sıcaklıklara ihtiyaç duyar. Erkenci soğanlar 10-12 saat gün uzunluğunda baş bağlamaya başlar. Bu yüzden soğuk bölgelerde tam olarak gelişemez bu da üreticiler için istenmeyen bir durumdur. Geçci soğanlar ise 13-15 saat gün uzunluğuna gereksinim duyarlar. Farklı olgunlaşma sürelerine sahip olan bu genotipler ülkemizin değişik yerlerinde kullanılabileceklerdir.

4.2. Soğan Genetik Kaynaklarında Morfolojik Varyasyon Düzeyinin Belirlenmesi

4.2.1. Soğan Genetik Kaynaklarının İncelenen Özellikler Yönünden Temel Bileşen Analizi ile Değerlendirilmesi

Genotipler arasında var olan morfolojik varyasyonların, bitki ıslahı çalışmalarında büyük bir önemi vardır (Balkaya vd., 2010). Çünkü gen havuzlarında bulunan mevcut varyasyonların ve fenotipik çeşitlilik düzeylerinin bilinmesi ve bunların çeşit ıslah programlarına uygulanması başarıyı artıran temel ve önemli unsurlardır (Bliss, 1981). Temel bileşen analizi, sebze ıslahında çok boyutlu alan içinde genotipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edebilecek bir eksen ya da eksenler dizisi üzerindeki genotip izdüşümlerinin görüntülenmesi şeklinde uygulanmaktadır (Balkaya vd., 2010; Karaağaç, 2013). Bu analiz yöntemi ile karşılıklı etkileşim halinde bulunan çok sayıda değişkene ait verilerin boyutları indirgenerek daha kolay bir şekilde yorumlanabilir hale getirilmesi mümkün olabilmektedir (Karaağaç, 2013).

Dünyanın farklı bölgelerinden toplanmış soğan popülasyonları içerisindeki mevcut varyasyon düzeyinin belirlenmesi ve bunların ıslah programlarında kullanımı üzerine birçok araştırma yürütülmüştür (Mousavizadeh vd., 2006; Maniruzzaman vd., 2010; Sunil vd., 2014; Manjunathagowda vd., 2021). Bu araştırmalarda, çoklu değişken analizleri olarak adlandırılan sayısal taksonomik sınıflandırma yöntemlerinden yararlanılmıştır (Wamser vd., 2012; González Pérez vd., 2015; Bağcı vd., 2021). Literatürlerde, temel bileşen analizi (TBA) analizinde eigen değerleri 1'den büyük olan temel bileşen eksenlerinin oldukça güvenilir olduğu bildirilmiştir (Mohammadi ve Prasanna, 2003; Özdamar, 2004; Balkaya vd., 2010; Kanal ve Balkaya, 2021). Tez çalışmasında, TBA sonucunda soğan genotiplerinde eigen değeri

1'den büyük olan 10 bağımsız TB ekseni belirlenmiştir. Çalışmada, incelenen ilk 10 temel bileşenin eigen değerlerine ait katsayıların, 1.06-8.61 arasında değiştiği bulunmuştur (Tablo 4.11). Araştırma sonucunda, soğan popülasyonunda toplam varyasyon düzeyinin %81.05 olduğu belirlenmiştir. Soğan popülasyonlarında varyasyon düzeyleri ve genetik çeşitlilik durumlarının belirlenmesi ile ilgili birçok araştırma yapılmıştır. Mousavizadeh vd (2006), İran yerel soğan çeşitlerinde morfolojik ve agronomik çeşitlilik durumunu belirlemek üzerine bir araştırma yürütmüşlerdir. Bu çalışmada, temel bileşen analizinde, ilk üç temel eksenin toplam fenotipik varyasyonun %83.42'sini oluşturduğu saptanmıştır. Sunil vd (2014), Hindistan Peninsular Bölgesinin farklı yerlerinden toplanan soğan germplazm koleksiyonunda temel bileşen analizinde toplam varyasyonun ilk 4 eksende %99.76'ya ulaştığını bildirmişlerdir. Hancı ve Gökçe (2016), Türk soğan genotiplerinde TBA sonucunda, soğan aksesyonları arasında genetik varyabilite oranının %71.84 olduğunu tespit etmişlerdir. Araştırma sonuçları, belirlenen varyasyon düzeyinin literatürler ile genel olarak uyumluluk göstermiştir. Ayrıca elde edilen bu sonuçlar, sarı kabuklu soğan popülasyonun heterojen bir gen havuzuna sahip olduğunu ortaya koymuştur. Bu durum, soğan genotiplerinin çok farklı coğrafik orijinlere sahip olmasından kaynaklanbilir.

Özdamar (2004), temel bilesen analizinde faktör katsayılarının güvenilir düzeyde olabilmesi için, temel bilesen eksenlerinin toplam varyasyonun 2/3'ünü açıklaması gerektiğini bildirmiştir. Temel Bileşen Analiz sonuçları incelendiğinde; toplam varyasyonun 2/3'ünün, ilk dört temel bilesen ekseni tarafından (%54.56) fazlasıyla açıklandığı görülmektedir (Tablo 4.11). Literatürde, temel bileşen analizinde, incelenen özelliklerin temel bileşenlerdeki ağırlık değerlerinin 0.3 ve üzerinde olduğu takdirde önemli ağırlığa sahip oldukları kabul edilmiştir (Karaağaç 2006). Analiz sonucunda toplam varyasyonun %23.92'sini kapsayan birinci temel bileşen (TB) ekseninde, yüksek katsayıya sahip olan; yaprak rengi (-0.85), yaprak genişliği (0.31), yapraklarda mumsuluk (0.88), mumsuluk derecesi (-0.89), soğan ağırlığı (0.41), soğan boyu (0.44), soğan çapı (0.34), soğan şekil indeksi (0.32), soğan kök disk çapı (0.39), SÇKM (-0.62) ve soğan şekli (-0.31) özelliklerinin varyasyonun oluşmasına en fazla katkıyı yaptıkları belirlenmiştir (Tablo 4.11).

Tablo 4.11. Soğan genotipleriyle ilişkili özelliklerin temel bileşen analizine (TBA) göre değerlendirilmesi

	Temel bileşen eksenleri									
Eigen değeri (Özdeğer)	8.61	4.56	3.81	2.66	2.30	2.02	1.56	1.46	1.14	1.06
Varyasyon, %	23.92	12.67	10.57	7.40	6.38	5.61	4.33	4.07	3.16	2.94
Kümülatif varyasyon, %	23.92	36.59	47.16	54.56	60.94	66.55	70.88	74.95	78.11	81.05
	Faktör katsayıları									
Özellikler	**TB 1**	**TB 2**	**TB 3**	**TB 4**	**TB 5**	**TB 6**	**TB 7**	**TB 8**	**TB 9**	**TB 10**
Yaprak sayısı	-0.07	0.24	**-0.40**	0.17	-0.55	0.02	0.13	0.14	0.02	-0.01
Yaprak rengi	**-0.85**	-0.21	0.17	-0.05	-0.14	0.00	-0.06	0.07	-0.05	0.04
Yaprak rengi L	0.12	0.02	-0.05	0.10	0.08	0.01	**0.86**	0.17	-0.15	-0.10
Yaprak rengi a	-0.01	**-0.96**	0.04	-0.08	-0.08	0.04	-0.11	0.00	0.00	0.06
Yaprak rengi b	0.04	**0.96**	-0.07	0.11	0.06	-0.04	0.03	-0.09	0.07	-0.03
Kroma açısı	0.02	**0.96**	-0.04	0.12	0.08	-0.05	0.07	-0.07	0.03	-0.08
Hue açısı	-0.07	**-0.94**	0.11	-0.02	-0.04	-0.01	-0.02	-0.01	-0.06	-0.14
Yaprak uzunluğu	-0.01	0.16	0.16	**0.74**	0.10	0.10	-0.06	-0.11	-0.11	-0.09
Yaprak genişliği	**0.31**	-0.01	-0.01	0.69	0.19	-0.16	-0.14	-0.05	0.22	0.03
Gövde uzunluğu	-0.12	0.08	0.06	**0.70**	0.08	0.09	0.02	-0.04	0.29	0.27
Gövde genişliği	0.10	**0.33**	-0.26	0.70	-0.02	-0.01	0.02	-0.23	0.03	-0.13
Yaprakların duruşu	-0.23	**-0.50**	0.07	-0.06	0.09	-0.10	0.12	-0.56	0.00	-0.05
Yapraklarda mumsuluk	**0.88**	-0.01	-0.12	0.04	0.15	0.13	0.09	-0.01	0.05	0.06
Mumsuluk derecesi	**-0.89**	-0.03	0.17	-0.03	-0.19	-0.16	-0.09	0.18	0.05	-0.04
Yapraklarda kranklanma	-0.07	-0.24	-0.04	0.30	0.17	0.13	**-0.68**	0.18	-0.13	0.08
Soğan ağırlığı	**0.41**	0.09	-0.19	0.20	0.27	0.15	-0.03	-0.75	-0.01	0.16
Soğan boyu	**0.44**	0.08	-0.42	0.18	0.58	0.14	-0.04	-0.37	-0.12	0.04
Soğan çapı	**0.34**	0.12	-0.15	0.24	-0.06	0.13	-0.08	-0.75	0.09	0.28
Soğan şekil indeksi (Boy / Çap)	**0.32**	0.00	-0.41	0.09	0.71	0.11	-0.03	0.05	-0.23	-0.08
Soğan boyun genişliği	0.05	**0.37**	-0.26	0.31	0.25	-0.01	-0.01	-0.48	0.09	-0.42
Soğan kök disk çapı	**0.39**	0.24	-0.28	0.29	0.10	-0.08	-0.13	-0.45	-0.19	-0.19
SÇKM	**-0.62**	0.15	-0.05	0.13	-0.42	0.08	0.18	0.22	0.05	-0.35
Kabuk rengi L	-0.09	-0.12	**0.94**	-0.02	-0.04	0.11	0.00	0.07	0.01	-0.08
Kabuk rengi a	-0.27	0.05	-0.05	0.07	0.06	**-0.89**	-0.02	0.13	-0.06	-0.03
Kabuk rengi b	-0.16	-0.09	**0.95**	0.04	-0.07	-0.04	0.01	0.09	-0.05	-0.03
Kroma açısı	-0.19	-0.08	**0.93**	0.05	-0.08	-0.12	0.01	0.11	-0.05	-0.03
Hue açısı	0.16	-0.07	**0.77**	-0.09	-0.09	0.49	0.09	-0.02	0.01	0.07
Kabuk kalınlığı	-0.14	0.07	0.04	-0.04	0.00	**-0.43**	0.42	-0.06	0.33	0.37
Et rengi	-0.07	-0.01	-0.05	0.07	**0.30**	0.72	-0.12	0.02	-0.12	-0.15
Et sıklığı	-0.07	-0.17	-0.28	**0.50**	-0.25	-0.17	0.17	-0.01	-0.28	0.17
Soğan çapının pozisyonu	0.04	0.13	-0.09	0.16	-0.19	-0.07	-0.03	0.00	**0.87**	0.00
Soğan gövde ucu şekli	-0.01	0.17	-0.13	0.16	**0.70**	0.03	0.09	-0.20	0.24	-0.18
Kök diskinin pozisyonu	0.16	0.26	0.00	0.17	**0.70**	0.08	-0.10	0.13	-0.29	0.11
Soğan şekli	**-0.31**	-0.07	0.03	-0.01	-0.79	-0.04	-0.06	0.08	0.06	-0.17
Organoleptik analiz	0.14	0.00	-0.04	0.12	0.08	-0.11	-0.13	-0.12	-0.01	**0.85**
Hasat olum zamanı	0.17	-0.04	**-0.90**	0.04	0.00	0.12	0.07	-0.07	0.01	-0.10

Toplam varyasyonun %12.67'sini temsil eden ikinci ekseninde yaprak rengi a katsayısı (-0.96), yaprak rengi b katsayısı (0.96), yaprak rengi kroma açısı değeri (0.96), yaprak rengi hue açısı değeri (-0.94), gövde genişliği (0.33), yaprakların duruşu (-0.50) ve soğan boyun genişliği (0.37) özelliklerinin önemli düzeyde varyabilite

gösterdikleri saptanmıştır. Toplam varyasyonun %10.57'sini temsil eden üçüncü TB ekseninde ise yaprak sayısı (-0.40), kabuk rengi L (0.94), kabuk rengi b katsayısı (0.95), kabuk rengi kroma açısı değeri (0.93^{o}), kabuk rengi hue açısı değeri (0.77^{o}) ve hasat olum zamanı (-0.90) gibi özelliklerin de morfolojik tanımlamada dikkate alınması gereken kriterler olarak öne çıkmıştır. Toplam varyasyonun %7.40'ını temsil eden dördüncü TB ekseninde ise yaprak uzunluğu (0.74), gövde uzunluğu (0.70) ve et sıklığı (0.50) özelliklerinin varyasyonun oluşmasına katkı yaptıkları belirlenmiştir. Soğan genotiplerinde; yapraklarda kranklanma, et rengi, kabuk kalınlığı, soğan gövde ucu şekli, kök diskinin pozisyonu, soğan çapının pozisyonu ve organoleptik analizi özelliklerinin TB katsayılarının düşük olduğu tespit edilmiştir. Bu özelliklerdeki dar varyasyonun; söz konusu genotiplerin tohum gen bankasına alınmadan önce üretici elinde selekte edilmiş olmasından kaynaklanabileceği düşünülmektedir.

4.2.2. Soğan Genetik Kaynaklarının Küme Analizi ile Gruplandırılması

Küme analizi sonucunda soğan genotipleri arasında ''Gruplar arası benzerlik'' yöntemine göre oluşturulan dendrogram, Şekil 4.1'de verilmiştir. Mohammadi ve Prasanna (2003), küme analizinde, toplam varyasyonun %25'i veya daha fazlası TBA'daki ilk iki veya üç eksen tarafından açıklandığında daha duyarlı ve güvenilir olduğunu bildirmişlerdir.

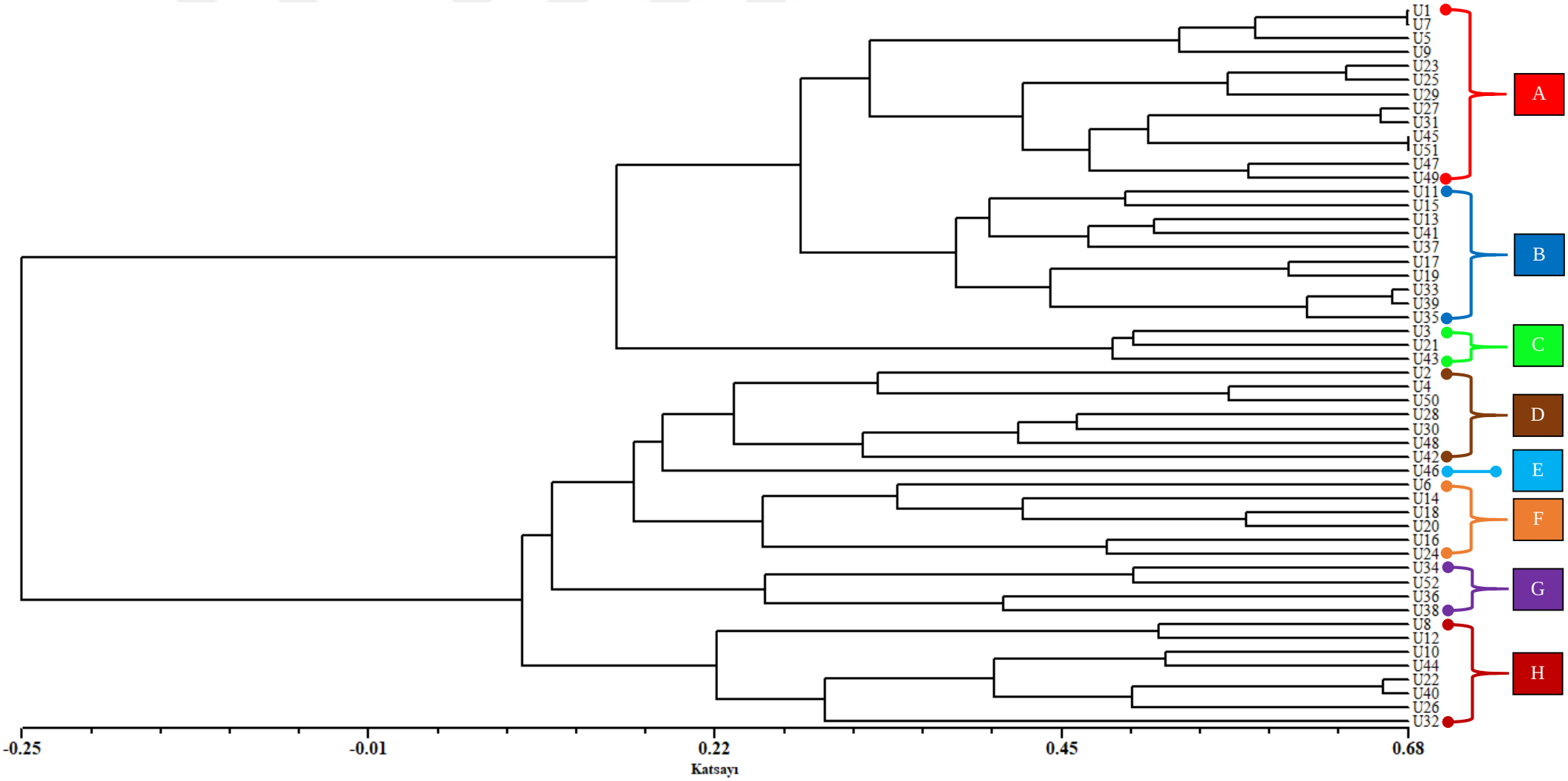
Küme analizi sonucunda elde edilen dendogramda soğan genotipleri arasındaki farklılık katsayılarının, -0.25 ile 0.68 arasında değiştiği belirlenmiştir. Otuz altı morfolojik özellik kullanılarak yapılan küme analizi sonucunda, gen havuzunda yer alan soğan genotiplerinin 8 ana grup ve 21 alt grup içerisinde dağılış gösterdikleri tespit edilmiştir (Tablo 4.12; Şekil 4.1).

Tablo 4.12. Küme analizi sonucunda elde edilen grup ve alt gruplarda soğan genotiplerinin dağılışı

Grup	Alt Grup	Genotipler	Toplam Genotip Sayısı
A	4	U1,U7,U5,U9, U23,U25,U29, U27,U31,U45,U51,U47,U49	13
B	4	U11,U15,U13,U41,U37, U17,U19,U33,U39,U35	10
C	1	U3,U21,U43	3
D	3	U2,U4,U50, U28,U30,U48,U42	7
E	1	U46	1
F	3	U6,U14,U18,U20, U16,U24	6
G	2	U34,U52, U36,U38	4
H	3	U8,U12, U10,U44 U22,U40,U26, U32	8
Toplam	**21**		**52**

Grup A: En fazla genotipin kümelendiği grup olarak belirlenmiştir (Tablo 4.12). Dendrograma göre Grup A içerisinde 13 soğan genotipinin, 4 alt grupta dağıldığı tespit edilmiştir (Şekil 4.1). Grupta yer alan tüm genotiplerin (%100) koyu yeşil renge sahip olduğu belirlenmiştir. Ortalama yaprak genişliği 11.7 mm olarak belirlenmiştir (Tablo 4.13). Grup A'da bulunan genotipler, ortalama gövde uzunluğu değeri (11.0 cm) yönünden tüm gruplar içerisinde en uzun olduğu tespit edilmiştir. Mumsuluk yönünden Grup A'da bulunan soğan genotiplerinin tamamında (%100) mumsuluk bulunurken bu genotiplerin %92.3'inde mumsuluğun fazla düzeyde olduğu bulunmuştur. Bu grupta yer alan genotiplerin ortalama soğan ağırlığı değeri 109.2 g olmuştur. Soğan genotipleri arasındaki çeşitliliği ortayan koyan diğer bir özellik olan soğan boyu ve çapının ortalaması Grup A'da sırasıyla 50.9 mm ve 62.5 mm olarak ölçülmüştür. Kök disk çapı ortalamasının ise 11.8 mm değeri ile tüm gruplardan daha az olduğu belirlenmiştir. Bu grupta yer alan genotiplerde soğan kök disk pozisyonu yönünden genotiplerin tamamının dışa doğru olduğu saptanmıştır. Grup A'da yer alan genotiplerin ortalama % SÇKM değeri %11.2 olarak bulunmuştur. Ayrıca Grup A'da yer alan genotiplerin yaprak duruşu yönünden dik ve yarı dik yapıda oldukları saptanmıştır (Tablo 4.13).

Grup B: Bu grup, Grup A'dan sonra en fazla genotipin (10 genotip) kümelendiği grup olmuştur (Tablo 4.12). Genotipler, 4 alt grup içerisinde kümelenmiştir. Ortalama gövde genişliği yönünden 19.2 mm değeri ile ikinci sırada yer almıştır. Ortalama soğan ağırlığı, 107.2 g olarak ölçülmüştür. Grup B'de yer alan genotiplerin tamamında mumsuluk yüksek düzeyde (%100) bulunmuştur. Ortalama % SÇKM içeriği, %12.8 değeriyle tüm gruplar içerisinde üçüncü sırada olduğu belirlenmiştir. Ayrıca en yüksek % SÇKM değerine sahip olan U15 (%16.9) genotipi, bu grup içerisinde yer almıştır. Et sıklığı yönünden grupta yer alan genotiplerin tamamının sıkı yapıda olduğu belirlenmiştir. Organoeliptik analiz yönünden ise soğan genotiplerinin çoğunun acı (%70) olduğu tespit edilmiştir (Tablo 4.13).



Şekil 4.1. Küme analizine göre soğan genotiplerinin genetik gruplandırmaları

Tablo 4.13. Küme analizi sonucunda aynı grupta yer alan soğan genotiplerinin özellikleri

Özellikler*	Küme Grupları							
	A	B	C	D	E	F	G	H
1	9.0±0.8	9.8±1.5	8.5±1.3	8.6±0.9	9.0	9.7±1.1	10.7±1.1	9.6±0.2
2	3	2,3	1,2	3	3	2,3	3	1,2
3	38.4±5.0	37.8±3.2	39.0±2.3	37.8±5.1	43.3	40.0±6.3	35.8±1.6	40.1±3.3
4	-7.0±1.5	-7.8±1.4	-7.2±1.8	-6.6±1.8	-7.4	-7.2±1.5	-7.0±2.0	-7.8±1.7
5	3.0±2.3	4.2±2.2	3.3±2.6	2.5±2.4	3.3	3.3±2.2	3.8±3.2	4.9±2.7
6	7.7±2.2	9.0±2.2	8.1±2.7	7.3±2.2	8.1	8.0±2.3	8.2±3.2	9.4±2.9
7	160.0±13.0	153.5±9.7	157.7±12.3	164.6±20.7	155.6	157.5±9.6	156.8±17.2	150.2±9.7
8	57.0±3.4	53.9±6.9	57.3±1.0	55.8±5.7	55.8	51.9±3.9	52.2±8.1	57.2±5.2
9	11.7±2.2	11.6±1.6	12.3±2.2	11.3±2.6	11.1	11.5±1.2	10.1±1.4	13.1±1.3
10	11.0±1.4	10.9±2.9	9.9±0.6	9.5±1.4	9.2	9.9±1.3	10.4±1.8	10.7±1.2
11	18.0±1.8	19.2±2.2	18.5±2.0	17.2±1.8	16.2	17.5±1.3	18.7±1.5	19.5±2.1
12	1,2	1,2	1,2	1,2	1	1,2	1	1,2
13	1	1	2	1	1	1	1	1,2
14	2,3	3	1	2,3	3	3	3	1,2
15	1,2,3	1,2,3	2,3	2,3	3	1,2,3	1,3	1,3
16	109.2±37.8	107.1±29.6	159.5±21.0	91.4±22.6	79.3	81.4±13.1	80.7±33.4	167.2±51.5
17	50.9±7.1	49.2±9.1	67.0±5.9	54.8±5.3	46.1	43.6±6.9	49.4±12.8	70.9±9.6
18	62.5±7.5	65.5±5.9	70.0±3.3	56.9±4.3	56.6	59.3±2.7	57.6±8.2	69.3±5.9
19	0.8±0.1	0.7±0.1	0.9±0.2	0.9±0.1	0.8	0.7±0.1	0.8±0.2	1.0±0.1
20	12.3±2.5	13.3±3.4	14.6±4.9	12.0±1.5	10.7	12.3±1.4	12.2±4.5	15.2±5.8
21	11.8±1.7	12.9±1.7	14.7±1.2	12.8±1.0	11.6	12.2±1.2	13.3±2.0	15.2±2.2
22	11.2±1.8	12.8±2.1	8.8±0.6	11.0±3.0	13.3	9.3±1.3	13.4±1.9	10.4±2.2
23	71.0±20.1	61.2±21.3	61.8±17.0	72.1±24.2	68.3	65.1±12.1	56.1±22.3	47.5±12.7
24	5.4±2.9	5.7±1.8	3.1±2.7	7.2±2.3	8.1	10.3±3.4	4.8±1.9	4.3±1.4
25	25.8±9.5	23.2±10.9	18.9±7.1	27.2±9.8	27.4	25.0±8.0	17.4±11.7	14.2±6.8
26	26.7±8.8	24.3±10.0	19.4±6.8	28.4±9.1	28.6	27.3±7.7	18.4±11.3	15.0±6.4
27	75.1±14.9	71.9±13.8	79.2±11.6	72.9±10.7	73.5	66.1±9.6	70.2±13.3	69.7±10.4
28	1,2	1,2	1,2	1	1	1,2	1,2	1,2
29	2	2	2	2	2	1,2	2	2
30	2,3	3	2,3	2,3	3	3	2,3	3
31	1,2	2,3	2,3	1,2	2	2,3	1,2	2
32	2,3,4	2,3,4	3,4	2,3,4	3	2,3,4	2,3	3,4,5
33	3	1,2,3	3	2,3	3	1,2,3	2,3	3
34	4,5,7,8	5,7,8,9	4,5	4,6,7,8	7	4,5,7,8,9	6,7,8,9	4,5,7
35	1,2	1,2	1,2	1,2	1	1,2	1,2	1,2
36	1,2,3	1,2,3	1,3	1,2	1	1,3	1,2	1,2,3

***1:** Yaprak sayısı, **2:** Yaprak rengi, **3:** Yaprak rengi L, **4:** Yaprak rengi a, **5:** Yaprak rengi b, **6:** Yaprak rengi kroma açısı, **7:** Yaprak rengi hue açısı, **8:** Yaprak uzunluğu (cm), **9:** Yaprak genişliği (mm), **10:** Gövde uzunluğu (cm), **11:** Gövde genişliği (mm), **12:** Yaprakların duruşu, **13:** Yapraklarda mumsuluk, **14:** Mumsuluk derecesi, **15:** Yapraklarda kranklanma, **16:** Soğan ağırlığı (g), **17:** Soğan boyu (mm), **18:** Soğan çapı (mm), **19:** Soğan şekil indeksi (Boy/Çap), **20:** Soğan boyun genişliği (mm), **21:** Soğan kök disk çapı (mm), **22:** SÇKM, **23:** Kabuk rengi L, **24:** Kabuk rengi a, **25:** Kabuk rengi b, **26:** Kabuk rengi kroma açısı, **27:** Kabuk rengi hue açısı, **28:** Kabuk kalınlığı, **29:** Et rengi, **30:** Et sıklığı, **31:** Soğan çapının pozisyonu, **32:** Soğan gövde ucu şekli, **33:** Kök diskinin pozisyonu, **34:** Soğan şekli, **35:** Organoleptik analizi, **36:** Hasat olum zamanı

Grup C: Dendrograma göre en az sayıda genotipin (3 genotip) kümelendiği ikinci grup olarak tespit edilmiştir (Tablo 4.12). Bu grupta yer alan genotiplerin ortalama yaprak sayısı (8.5 adet) değeri yönünden tüm gruplara kıyasla en düşük olduğu bulunmuştur. Ayrıca ortalama yaprak uzunluğu değerinin (57.3 cm), tüm gruplar arasında en yüksek düzeyde olduğu saptanmıştır. Bu grupta yer alan genotiplerin % SÇKM değerinin (%8.8) tüm gruplar içerisinde en düşük seviyede olduğu bulunmuştur. Genotiplerin tamamında mumsuluk görülmemiştir. Mumsuluk olmayan tek grup olarak belirlenmiştir. En yüksek kabuk rengi hue açısı değeri (79.2^{o}), Grup C'de saptanmıştır. Ortalama yaprak genişliği 12.3 mm ile tüm gruplar içerisinde en geniş ikinci grup olmuştur. Grup C'de yer alan genotiplerin tamamında soğan kök disk pozisyonlarının dışa doğru olduğu görülmüştür. Grup C, soğan çapı yönünden en yüksek (70.0 mm) ortalamaya sahiptir (Tablo 4.13).

Grup D: Bu grupta yer alan 7 adet soğan genotipi, üç alt grup içerisinde kümelenmiştir. Bu grupta yer alan genotiplerin, yaprak rengi yönünden Grup A'da olduğu gibi tamamının (%100) koyu yeşil renkli olduğu belirlenmiştir. Yapraklarda kranklanma (2.9) yönünden tüm gruplar arasında en fazla değere sahip olmuştur. En yüksek ortalama yaprak rengi hue açısı değeri (164.6^{o}), Grup D'de bulunmuştur. Hue açısı yönünden en yüksek olmasına karşın, yaprak rengi kroma açısı (7.3^{o}) değeri yönünden tüm gruplar arasında en düşük seviyede olmuştur. Ortalama kabuk kalınlığı yönünden diğer tüm grupların aksine tamamının (%100) ince formda soğan kabuk yapısına sahip olduğu tespit edilmiştir. Ortalama soğan ağırlığı, 91.4 g'dır. Bu grupta yer alan genotiplerin çoğunluğunun (%71.4) erkenci özellikte oldukları belirlenmiştir (Tablo 4.13).

Grup E: Küme analizi sonucunda, tüm gruplar içerisinde sadece 1 genotipten (U46) oluşan tek grup olarak tespit edilmiştir. (Tablo 4.12). Ortalama soğan ağırlığı değerinin (79.3 g) tüm gruplar arasında en düşük ağırlıkta olduğu tespit edilmiştir. En kısa ortalama gövde uzunluğuna (9.2 cm) sahiptir. Eşkenar dörtgen şekillidir (Tablo 4.13). Hasat olum zamanı yönünden 129 gün ile erkenci bir genotiptir.

Grup F: Bu grup, 6 adet soğan genotipinden oluşmaktadır. Grup F'de bulunan soğan genotipleri, 3 alt grup içerisinde kümelenmiştir. Bu grupta yer alan soğan genotiplerinin ortalama soğan boyunun (43.6 mm), diğer gruplara göre en kısa olduğu bulunmuştur (Tablo 4.12). Grup F'nin ortalama kabuk rengi hue açısı değerinin (66.1^{o}) tüm gruplar arasında en düşük seviyede olduğu saptanmıştır. Genotiplerin tamamının

et sıklığı yönünden sıkı bir yapıda olduğu belirlenmiştir. Bu kümede yer alan genotiplerin %83.3'lük bir oranla erkenci soğan genotipleri oldukları tespit edilmiştir. Soğan şekli yönünden 5 farklı şekil bu grupta yer almıştır. Soğan çapının pozisyonu özelliği, gövde ucuna doğru, ortada ve kök ucuna doğru şeklinde olduğu bulunmuştur (Tablo 4.13).

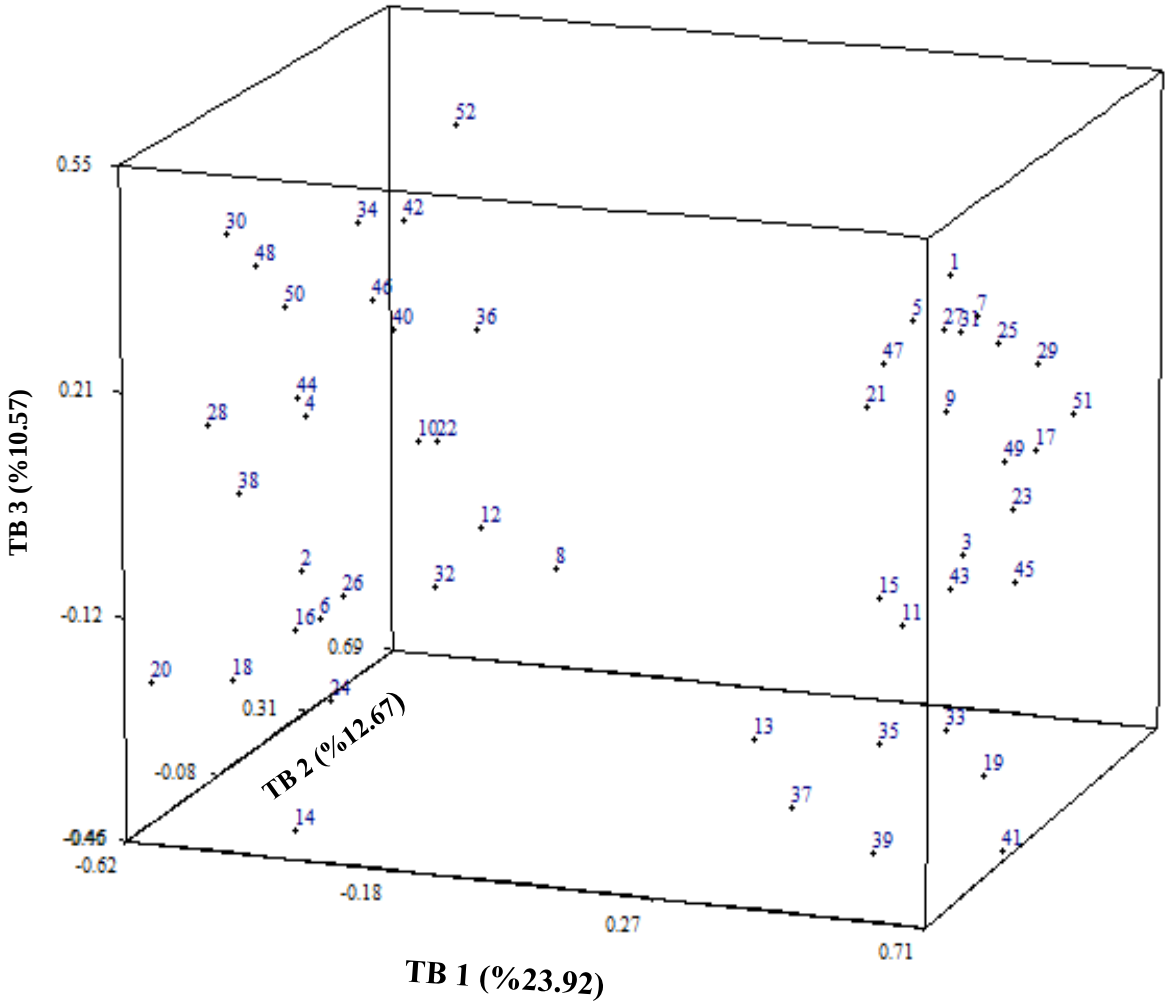
Grup G: Dendogramda 4 soğan genotipi, 2 alt grup içerisinde kümelenmiştir (Tablo 4.12). Bu grupta yer alan genotiplerin ortalama yaprak sayısı (10.7 adet) yönünden tüm gruplar içerisinde en fazla sayıda olduğu bulunmuştur. Yaprak rengi yönünden genotiplerin tamamı koyu yeşil renktedir. Ayrıca, Grup G'de yer alan genotiplerin tamamının yaprak duruşu yönünden dik yapıda olduğu tespit edilmiştir. Grup B ve Grup F'de olduğu gibi genotiplerin tamamında mumsuluk olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.13). Ayrıca tüm gruplar içerisinde en yüksek % SÇKM değerine (%13.4) sahip olduğu bulunmuştur.

Grup H: Küme analizi sonucunda, Grup A ve B'den sonra en fazla genotipin (8 genotip) kümelendiği üçüncü grup olmuştur (Tablo 4.12). Genotipler 3 alt grupta dağılış göstermiştir. Bu grupta yer alan genotiplerin yaprak renkleri, açık yeşil ve yeşil renk tonlarındadır. Grup H'de ortalama yaprak rengi hue açısının (150.2^{o}) diğer tüm gruplar arasında en düşük seviyede olduğu buna karşın; ortalama kroma açısı (9.4^{o}) değerinin ise en yüksek düzeyde olduğu bulunmuştur. Ortalama yaprak uzunluğu (57.2 cm) yönünden en uzun ikinci grup olduğu belirlenmiştir. Bu gruptaki genotiplerin ortalama yaprak genişliği değeri (13.1 mm), tüm gruplar içinde en yüksek saptanmıştır. Ortalama soğan ağırlığının (167.2 g) en fazla olduğu grup olarak tespit edilmiştir. Ayrıca soğan ağırlığı yönünden bütün soğan genotipleri içerisinde en yüksek ağırlığa sahip olan U8 (281.3 g) genotipi, Grup H'de yer almıştır. Grup H, 70.9 mm ortalama soğan boyu değeri ile tüm gruplar içerisinde en uzun genotiplere sahip olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, ortalama soğan boyun genişliği (15.2 mm) ve ortalama kök disk çapı (15.2 mm) değerleri ölçülmüş, Grup H'nin tüm gruplar içerisinde en yüksek değerlere sahip grup olduğu görülmüştür. Soğan kök disk pozisyonu yönünden Grup H'de yer alan genotiplerin Grup A ve C'de olduğu gibi tamamında kök disk pozisyonlarının dışa doğru olduğu tespit edilmiştir. Kabuk kalınlıkları yönünden ise grupta yer alan genotiplerin %87.5'inin ince kabuklu olduğu saptanmıştır. Ayrıcac, Grup H genotiplerinin çoğuınlukla arzu edilen şekil olan yuvarlak şekilli soğanlar oldukları belirlenmiştir (Tablo 4.13).

Birçok araştırıcı tarafından farklı ıslah amaçları doğrultusunda oluşturulmuş olan soğan popülasyonları, küme analizi ile gruplandırılmıştır. Mousavizadeh vd (2006), İran yerel soğan çeşitlerinde 20 yerel çeşit ve 2 adet hibrit çeşitten oluşturulan popülasyonun 4 ana grupta kümelendiğini belirlemişlerdir. Mallor vd (2011), İspanya'daki 86 yerel soğan genotipini morfolojik, fiziksel-kimyasal özellikleri bakımından 3 ana grupta gruplandırmışlardır. Küme analizi sonucunda ilk ana grupta sert, acı ve iri soğan çeşitlerinin yer aldığı belirlenmiştir. İri-orta ve daha az acılık değerine sahip soğan çeşitleri ise 2. grupta yer almıştır. Acı, yüksek SÇKM içeriğine sahip ve küçük çeşitler ise 3. grupta kümelenmiştir. Manbachi vd (2012), İran'da Doğu Azerbaycan, Tahran, Razavi Khorasan ve Zanjan bölgelerinden topladıkları 23 soğan genotipinin küme analizi sonucunda, 3 ana gruba ayrıldığını bildirmişlerdir. Araştırıcılar, özellikle 1. grupta yer alan genotiplerin soğan ıslah çalışmalarına önemli katkılar sağlayacağını belirtmişlerdir. Manjunathagowda vd (2021), S1 kademesinde kendilenmiş soğan hatları arasındaki genetik çeşitlilik ve varyabilite düzeylerini incelemişlerdir. Küme analizi sonucunda; II-IV grupları arasında yüksek düzeyde farklılık olduğu bulunmuştur. Araştırma sonuçları, genotip sayılarına ve farklı çevrelere göre oluşturulan popülasyonda oluşan grup sayısı yönünden yukarıda belirtilen literatürlerle benzerlikler göstermiştir.

4.2.3. Soğan Genetik Kaynaklarının Temel Bileşen Analizi Ve Küme Analizi Sonuçlarının Birlikte Değerlendirilmesi

Araştırma sonucunda, soğan genotiplerinde küme analizinde ortaya çıkan gruplar ile temel bilesen analizinde elde edilen genotiplere ait faktör katsayılarına ait 3 boyutlu TBA grafiğinde benzer koordinatlarda yer aldıkları söylenebilir (Şekil 4.2). Bu çalışmada çoklu değişken analizleri ile dünyanın farklı ülkelerinden toplanmış olan soğan genotiplerinde fenotipik çeşitlilik düzeyleri tespit edilmiştir. Soğan tiplerinde morfolojik varyasyon kaynaklarının hangi kriterlerde yoğunlaştığı belirlenmiştir. Araştırma sonuçları, soğan genotiplerinin gruplara göre dağılışının hangi eksenlerde yer alan özelliklerden kaynaklandığı belirgin olarak görünmektedir. Bu tez çalışmasında soğan genotiplerinin temin edildiği alan içerisinde genotipler arasında yeşil ve kuru hasat dönemi özellikleri bakımından yüksek düzeyde varyasyona sahip olduğu belirlenmiştir. Benzer özelliklere sahip olan soğan genotipleri, aynı gruplar içerisinde kümelenmiştir. Bu sonuçlar birbirine çok benzer genotiplerin elemine edilmesinde önemli düzeyde yardımcı olacaktır.



Şekil 4.2. İlk üç TB ekseni değerine göre soğan genotiplerinin birbirleri ile benzerlik durumlarının üç boyutlu diyagramda gösterimi

Tez çalışmasında analiz sonucunda morfolojik özellikler genetik akrabalık yönünden birbirine en uzak genotiplerin belirlenmiş olmması ileride bunlar arasında yapılacak melezlemeler sonucunda pozitif heterosis oranının yüksek çıkma olasılığını artırmış olacaktır. Bu durum, soğan ıslahında hibrit çeşit ıslahı çalışmalarının hızlı yürütülmesine önemli katkılar sağlayacaktır.

Araştırmada çoklu değişken analizleri sonucunda genotiplerin, orijinleri ile arasında benzerlikler saptanmamıştır. Bu durum; orijin yerlerine introdüksiyon ile çok daha önceden getirildiğini göstermektedir. Buna ek olarak aynı ülkelerde fakat farklı ekolojilerde üretici elinde seleksiyonla farklılaşmış olmasından da kaynaklanabilir.

Kültüre alınmış bitki türlerinde mevcut varyasyonun bilinmesi ve fenotipik çeşitliliği oluşturan dağılış durumun ortaya konulması, çeşit ıslah programlarının

geliştirilmesinde çok önemlidir (Gil ve Ron 1992; Balkaya ve Ergün 2008). Çeşit ıslahı çalışmalarında temel yöntem, geniş bir genetik varyasyon oluşturarak istenilen özelliklere sahip bitkilerin seçilmesidir. Soğan genotipleri arasındaki özellikler yönünden dağılışlarının tam olarak ortaya konulması ileride çeşit ıslah stratejilerinin oluşturulmasında önemli yararlar sağlayacaktır.

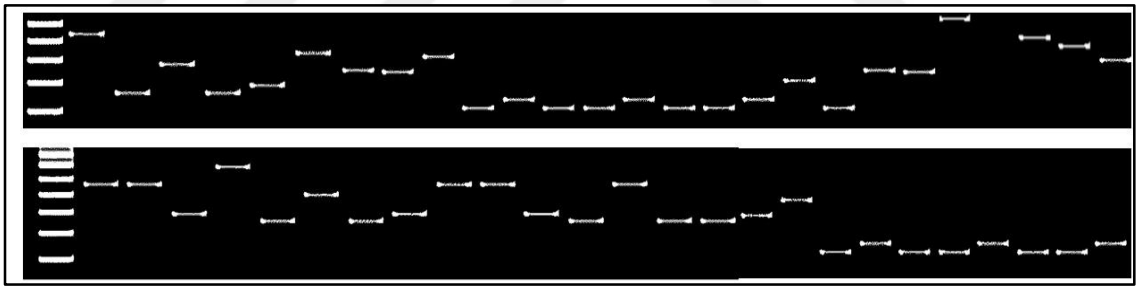
Araştırma sonuçları, belirtilen bu özelliklere sahip soğan genetik materyalleri ile yeni ıslah programlarının planlanmasını ve heterojen bir gen havuzunun oluşturulmasında ıslahçılara yardımcı olabilecektir. Gelecekte, soğan genotipleri içerisinde seleksiyon ıslahı çalışması ile ümitvar olarak belirlenen genotiplerde çeşit ıslahına yönelik seleksiyon ve ümitvar soğan genotiplerinin tohumluk üretimi çalışmalarına üniversite ve özel sektör işbirliğiyle devam edilmesi planlanmaktadır. Böylece yakın gelecekte nitelikli yeni hibrit çeşitlerin geliştirilmesi mümkün olacaktır.

4.3. Soğan Genetik Kaynaklarının Moleküler Karakterizasyonu

Genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılmak üzere toplam 51 adet soğan genotipinden yüksek moleküler ağırlıkta ve kalitede genomik DNA izole edilmiştir. Daha sonra 19 adet SSR markörü kullanılarak genetik çeşitlilik çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Tez kapsamında toplam 188 adet polimorfik SSR aleli üretilmiştir (Tablo 4.14). En yüksek sayıda aleli, ACM373 isimli markör 20 adet polimorfik alel üretmiştir (Şekil 4.3). Baldwin vd (2012), çalışmada kullanılan markörleri geliştirmiştir ve aynı araştırmalarında da benzer olarak ACM373 (20 alel) ve ACM443 (16 alel) adlı markörler en çok aleli üretirken, ACM451 (5 alel) ve ACM452 (5 alel) markörler en az alel ürettiği belirlenmiştir. Bu araştırma kapsamında üretilen alel verisi manuel olarak skorlanmıştır. Daha sonra veri DarWin 6 yazılımı kullanılarak bir benzememezlik (Dissimilarity) matrisine dönüştürülmüştür. Her bir genotipi arasındaki genetik uzaklıklar hesaplanmıştır. Genotipler arası en düşük uzaklık U32 ve U52 ile U24 ve U38 genotipleri arasında 0.12 olarak ölçülmüştür (Tablo 4.15). Ayrıca U10 ve U12 genotipi arasında genetik benzerlik 0.15 olarak saptanmıştır. U10, U12 ve U32 genotiplerinin Amerika orijinli, U24 isimli genotipin Türkiye orijinli, U38 genotipi İran orijinli ve U52 genotipinin ise Macaristan orijinli olduğu tespit edilmiştir.

Tablo 4.14. Çalışma kapsamında kullanılan markör bilgileri ve alel sayıları

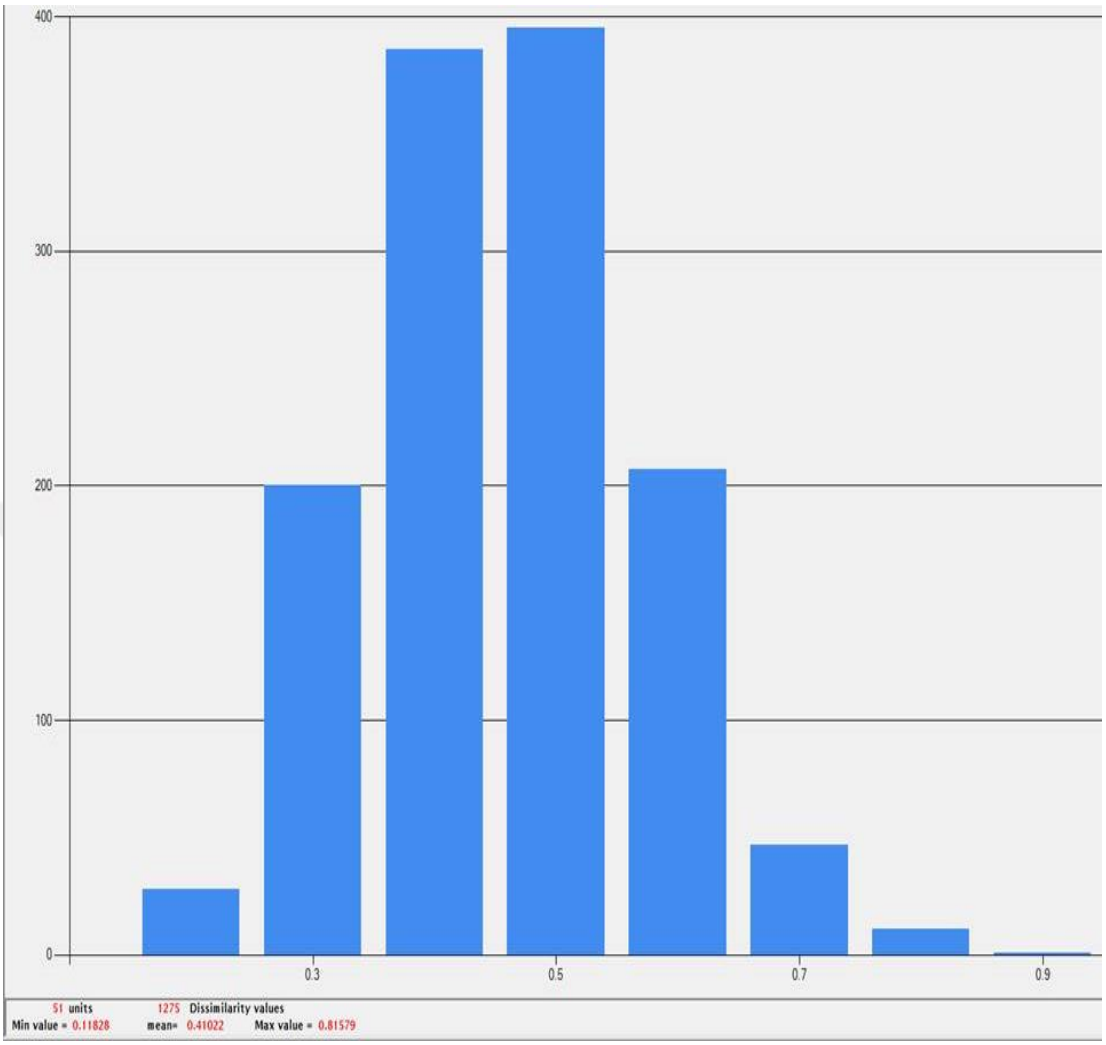
SSR Markör Adı	Primer İleri	Primer Geri	Alel sayısı
ACM374	GATTTGCGGGTCGTTACACT	AAAGCAAAATAAAGCCATTGTCA	6
ACM387	ACGCACACTATTTGGGAAGG	GAGGAATAGAGAAGGCTGCG	11
ACM401	AACCGTGCGTAATTTCAACC	CGATGATCCCTCGTAGCTG	10
ACM407	AAACATACATAGTAAATACCGCATCA	ATCCAATGGTCCATGGCTTA	11
ACM409	GCAGTTTCTTCATTCCCCAA	CAAATTGTATTTGACTAGCTATCCTCA	6
ACM428	GACCGAGAGCGTAAAAATGC	GAAGCGTTGGATGTCCATATT	12
ACM435	AACCGTGCGTAATTTCAACC	CGATGATCCCTCGTAGCTG	12
ACM436	ATCTCCTCCGATTCTGCGTT	GGACTGGTGTGAGCAACAAA	11
ACM437	TTCGAGACAAACCCGAGACT	GATTCATGGTGGTTTTTGGC	6
ACM439	AAATGAAATACTGGAAAGAATAATTGA	ACCCTTAGCCATGAACCTCC	10
ACM440	ACAACTCCCTTCATGCCTCT	TCCAAGATCGAAGCAAAACC	6
ACM443	TGGTGCTTGCTATGTTTTGC	CCCTAGGCCAAGCTTACTTGT	16
ACM446	TCAAGAATTCTGTTGCATCTTGT	AATAAGACCGCAGAAACGAAA	12
ACM449	GTAAAGGTGTAATAGGAATGAATCG	TACAAAGAAACACACGCGCT	13
ACM450	AAACACCGCTTGTTTCGTCT	GGTAGCGGCAATAACAAGGA	8
ACM451	CTTCCACTTTTCGATTCTCCA	TCTTCCTCATCGAAAACTCCA	5
ACM452	ATCGGGGGTTTGGAATAAAA	ACGTGATAGGGTGGCTGAAC	5
ACM465	AGGGGGAGAAAGTGCTAACAA	CTGAAGTTCTGAATCTCCCCC	8
ACM373	AGGTTAAGAAGTTGAATGGTCTG	AAATGGACAAGTGGCATTCA	20



Şekil 4.3. Soğan gen kaynaklarının ACM373 isimli markör ile genotiplenmesi sonuçlarını gösterir virtual jel görüntüsü

Tez çalışması kapsamında incelenen soğan gen havuzu içeresinde ortalama çeşitlilik 0.41 olarak ölçülmüş ve en yüksek genetik uzaklık ise U41 genotipi ile U45 genotipi arasında 0.82 olarak ölçülmüştür. En yüksek ikinci en uzak genetik uzaklık ise U41 genotipi ile U37 genotipi ve U47 genotipi ile U41 genotipi arasında 0.78 olduğu belirlenmiştir. Genetik uzaklıklar incelendiğinde, U37 genotipinin Kuzey Makedonya orijinli, U41 nolu genotipin Brezilya orijinli, U45 genotipinin ise Rusya orijinli oldukları saptanmıştır. Üç ayrı noktadan temsil edilen bu genotipler en uzak genetik ilişkiye sahip olarak ölçülmüştür. Genetik çeşitliliğin benzememezlik hesabı

ile dağılımı göz önüne alındığında genotiplere ait alel çeşitliliğin benzer bir motifte dağıldığı gözlemlenmiştir (Şekil 4.4).



Şekil 4.4. Çeşitlilik analizinde kullanılan benzememezlik (Dissimilarity) matrisine ait genotiplerin korelasyonu ile dağılımı

Tablo 4.15. DARwin 6 analizi sonucunda soğan genotipleri arasındaki genetik benzerlik indeksi

Genotip	U8	U9	U10	U11	U12	U13	U14	U15	U16	U17	U18	U19	U1	U20	U21	U22	U23	U2	U24	U25	U26
U9	0.45																				
U10	0.42	0.38																			
U11	0.51	0.60	0.44																		
U12	0.37	0.30	0.15	0.43																	
U13	0.26	0.44	0.38	0.51	0.28																
U14	0.28	0.57	0.42	0.50	0.36	0.30															
U15	0.26	0.44	0.30	0.46	0.21	0.18	0.32														
U16	0.36	0.48	0.35	0.43	0.35	0.23	0.38	0.32													
U17	0.29	0.42	0.38	0.49	0.35	0.23	0.37	0.25	0.26												
U18	0.23	0.48	0.37	0.48	0.30	0.21	0.29	0.16	0.25	0.21											
U19	0.23	0.38	0.41	0.53	0.37	0.33	0.35	0.32	0.41	0.31	0.29										
U1	0.50	0.39	0.33	0.39	0.39	0.46	0.53	0.38	0.29	0.39	0.42	0.49									
U20	0.46	0.52	0.41	0.53	0.52	0.47	0.43	0.49	0.43	0.42	0.50	0.51	0.40								
U21	0.16	0.45	0.43	0.48	0.37	0.30	0.32	0.30	0.37	0.30	0.23	0.32	0.49	0.45							
U22	0.23	0.43	0.44	0.55	0.34	0.20	0.33	0.22	0.32	0.25	0.26	0.32	0.46	0.50	0.31						
U23	0.52	0.60	0.48	0.49	0.52	0.43	0.55	0.51	0.41	0.52	0.51	0.51	0.45	0.46	0.57	0.54					
U2	0.58	0.35	0.37	0.48	0.41	0.46	0.56	0.45	0.36	0.54	0.53	0.56	0.30	0.48	0.61	0.51	0.41				
U24	0.23	0.47	0.41	0.49	0.35	0.25	0.30	0.24	0.40	0.22	0.17	0.18	0.50	0.55	0.24	0.23	0.54	0.57			
U25	0.32	0.40	0.43	0.41	0.36	0.22	0.36	0.28	0.26	0.26	0.27	0.27	0.42	0.52	0.35	0.28	0.42	0.47	0.24		
U26	0.54	0.49	0.43	0.60	0.46	0.41	0.49	0.43	0.37	0.46	0.43	0.51	0.36	0.42	0.53	0.48	0.47	0.38	0.47	0.48	
U27	0.35	0.55	0.35	0.47	0.30	0.25	0.40	0.26	0.20	0.32	0.20	0.36	0.40	0.52	0.39	0.31	0.47	0.54	0.32	0.29	0.41
U28	0.29	0.42	0.29	0.47	0.33	0.25	0.33	0.24	0.24	0.27	0.17	0.32	0.38	0.50	0.33	0.30	0.38	0.40	0.28	0.28	0.41
U29	0.41	0.49	0.45	0.46	0.42	0.44	0.42	0.42	0.49	0.49	0.47	0.38	0.37	0.53	0.42	0.50	0.53	0.44	0.43	0.47	0.51
U3	0.56	0.42	0.40	0.37	0.43	0.60	0.58	0.51	0.52	0.60	0.53	0.62	0.34	0.44	0.56	0.58	0.57	0.38	0.63	0.58	0.58
U30	0.58	0.33	0.35	0.39	0.40	0.57	0.62	0.48	0.51	0.46	0.57	0.50	0.33	0.43	0.55	0.60	0.50	0.33	0.58	0.52	0.48

Tablo 4.15. (devam)

Genotip	U8	U9	U10	U11	U12	U13	U14	U15	U16	U17	U18	U19	U1	U20	U21	U22	U23	U2	U24	U25	U26
U31	0.33	0.49	0.32	0.47	0.29	0.37	0.49	0.36	0.41	0.39	0.36	0.27	0.44	0.59	0.43	0.38	0.53	0.47	0.36	0.39	0.63
U32	0.39	0.49	0.48	0.45	0.47	0.42	0.45	0.39	0.38	0.40	0.39	0.23	0.47	0.56	0.36	0.41	0.44	0.50	0.34	0.35	0.60
U33	0.27	0.53	0.41	0.47	0.38	0.29	0.30	0.26	0.40	0.35	0.28	0.22	0.51	0.50	0.30	0.30	0.47	0.52	0.16	0.26	0.48
U34	0.20	0.49	0.45	0.49	0.34	0.30	0.26	0.22	0.39	0.30	0.24	0.20	0.52	0.49	0.20	0.29	0.55	0.58	0.19	0.32	0.52
U4	0.51	0.42	0.33	0.38	0.44	0.45	0.51	0.47	0.33	0.41	0.50	0.50	0.21	0.26	0.50	0.53	0.35	0.30	0.55	0.42	0.41
U35	0.60	0.44	0.39	0.49	0.48	0.55	0.64	0.57	0.43	0.51	0.57	0.51	0.33	0.36	0.59	0.66	0.38	0.39	0.67	0.52	0.46
U36	0.26	0.42	0.38	0.57	0.35	0.24	0.39	0.25	0.29	0.28	0.20	0.30	0.49	0.55	0.30	0.27	0.49	0.51	0.28	0.27	0.53
U37	0.24	0.39	0.29	0.49	0.20	0.17	0.35	0.16	0.21	0.17	0.19	0.28	0.39	0.45	0.27	0.20	0.51	0.46	0.22	0.23	0.46
U38	0.28	0.46	0.34	0.41	0.32	0.28	0.30	0.21	0.36	0.26	0.23	0.22	0.40	0.52	0.31	0.28	0.47	0.47	0.12	0.19	0.46
U39	0.27	0.59	0.37	0.52	0.38	0.33	0.33	0.33	0.36	0.38	0.29	0.35	0.53	0.59	0.33	0.36	0.52	0.53	0.24	0.34	0.49
U40	0.32	0.47	0.47	0.53	0.42	0.38	0.40	0.38	0.41	0.32	0.31	0.28	0.56	0.62	0.35	0.40	0.54	0.60	0.22	0.33	0.51
U41	0.71	0.49	0.35	0.46	0.49	0.62	0.70	0.67	0.57	0.62	0.72	0.67	0.42	0.46	0.73	0.71	0.44	0.48	0.76	0.66	0.59
U42	0.34	0.42	0.38	0.47	0.34	0.36	0.37	0.35	0.35	0.34	0.33	0.32	0.42	0.48	0.35	0.35	0.51	0.50	0.28	0.27	0.45
U43	0.42	0.49	0.37	0.44	0.43	0.48	0.45	0.38	0.42	0.46	0.42	0.45	0.40	0.50	0.43	0.45	0.51	0.49	0.41	0.47	0.37
U5	0.45	0.37	0.40	0.45	0.46	0.47	0.45	0.42	0.29	0.47	0.45	0.53	0.32	0.42	0.48	0.47	0.45	0.37	0.54	0.44	0.42
U44	0.29	0.52	0.47	0.53	0.40	0.26	0.32	0.33	0.33	0.33	0.28	0.23	0.54	0.68	0.30	0.37	0.52	0.53	0.21	0.28	0.49
U45	0.31	0.55	0.44	0.52	0.42	0.40	0.30	0.35	0.52	0.35	0.30	0.24	0.51	0.55	0.33	0.35	0.62	0.65	0.19	0.34	0.55
U46	0.27	0.33	0.41	0.58	0.31	0.25	0.36	0.26	0.29	0.20	0.22	0.34	0.44	0.52	0.31	0.24	0.57	0.52	0.29	0.29	0.42
U47	0.38	0.65	0.53	0.48	0.49	0.44	0.41	0.40	0.38	0.36	0.31	0.33	0.53	0.66	0.40	0.45	0.47	0.66	0.23	0.38	0.51
U48	0.34	0.47	0.34	0.49	0.33	0.27	0.40	0.30	0.33	0.29	0.30	0.37	0.40	0.60	0.33	0.28	0.50	0.52	0.29	0.29	0.48
U49	0.41	0.53	0.35	0.42	0.31	0.30	0.36	0.27	0.27	0.32	0.29	0.37	0.38	0.47	0.40	0.36	0.34	0.40	0.33	0.27	0.44
U50	0.40	0.49	0.40	0.33	0.36	0.40	0.49	0.33	0.28	0.26	0.35	0.32	0.33	0.46	0.42	0.40	0.49	0.45	0.40	0.34	0.56
U6	0.48	0.43	0.34	0.54	0.49	0.44	0.52	0.43	0.31	0.26	0.40	0.48	0.27	0.41	0.48	0.50	0.41	0.40	0.49	0.42	0.35
U52	0.36	0.42	0.34	0.41	0.37	0.35	0.44	0.30	0.35	0.37	0.35	0.22	0.37	0.53	0.38	0.37	0.41	0.44	0.33	0.29	0.54
U7	0.49	0.33	0.36	0.39	0.36	0.46	0.59	0.40	0.33	0.43	0.48	0.49	0.19	0.31	0.46	0.53	0.47	0.35	0.62	0.47	0.43

Tablo 4.15. (devam)

Genotip	U27	U28	U29	U3	U30	U31	U32	U33	U34	U4	U35	U36	U37	U38	U39
U28	0.28														
U29	0.53	0.45													
U3	0.54	0.51	0.59												
U30	0.59	0.51	0.49	0.23											
U31	0.37	0.41	0.44	0.53	0.45										
U32	0.44	0.37	0.53	0.48	0.42	0.30									
U33	0.37	0.32	0.44	0.63	0.58	0.36	0.30								
U34	0.38	0.34	0.46	0.60	0.55	0.42	0.33	0.19							
U4	0.46	0.41	0.48	0.35	0.33	0.52	0.51	0.56	0.54						
U35	0.52	0.45	0.51	0.40	0.29	0.51	0.46	0.58	0.60	0.31					
U36	0.34	0.23	0.50	0.57	0.55	0.41	0.37	0.31	0.27	0.52	0.56				
U37	0.21	0.27	0.51	0.54	0.49	0.29	0.34	0.26	0.25	0.46	0.56	0.21			
U38	0.35	0.29	0.41	0.52	0.46	0.30	0.27	0.16	0.20	0.46	0.56	0.29	0.21		
U39	0.36	0.30	0.42	0.68	0.66	0.40	0.40	0.19	0.28	0.56	0.57	0.32	0.31	0.22	
U40	0.43	0.33	0.39	0.65	0.53	0.47	0.44	0.30	0.28	0.58	0.57	0.30	0.38	0.31	0.33

Tablo 4.15. (devam)

Genotip	U27	U28	U29	U3	U30	U31	U32	U33	U34	U4	U35	U36	U37	U38	U39
U41	0.67	0.55	0.53	0.39	0.33	0.55	0.61	0.71	0.78	0.32	0.29	0.67	0.63	0.62	0.65
U42	0.35	0.35	0.49	0.48	0.48	0.48	0.42	0.34	0.31	0.43	0.44	0.38	0.31	0.28	0.38
U43	0.47	0.35	0.38	0.49	0.43	0.55	0.45	0.39	0.44	0.44	0.47	0.44	0.43	0.39	0.33
U5	0.42	0.35	0.57	0.35	0.40	0.61	0.47	0.48	0.47	0.35	0.40	0.38	0.39	0.44	0.52
U44	0.37	0.33	0.41	0.67	0.60	0.42	0.35	0.20	0.20	0.57	0.58	0.26	0.30	0.26	0.23
U45	0.46	0.36	0.49	0.58	0.58	0.46	0.42	0.21	0.21	0.60	0.65	0.38	0.37	0.24	0.32
U46	0.35	0.28	0.49	0.58	0.49	0.45	0.47	0.38	0.30	0.51	0.57	0.24	0.23	0.33	0.39
U47	0.37	0.33	0.56	0.66	0.64	0.49	0.40	0.32	0.30	0.62	0.61	0.41	0.40	0.30	0.33
U48	0.30	0.33	0.51	0.58	0.51	0.40	0.40	0.36	0.37	0.47	0.57	0.38	0.27	0.29	0.37
U49	0.31	0.28	0.51	0.48	0.45	0.40	0.36	0.29	0.31	0.40	0.49	0.38	0.26	0.27	0.35
U50	0.36	0.36	0.53	0.49	0.40	0.25	0.28	0.38	0.36	0.36	0.42	0.40	0.29	0.34	0.46
U6	0.44	0.31	0.51	0.49	0.34	0.55	0.52	0.54	0.46	0.23	0.39	0.42	0.38	0.38	0.53
U52	0.37	0.29	0.48	0.45	0.36	0.23	0.12	0.30	0.33	0.43	0.40	0.31	0.29	0.19	0.34
U7	0.45	0.46	0.37	0.29	0.22	0.43	0.45	0.60	0.54	0.25	0.26	0.49	0.42	0.47	0.61

Tablo 4.15. (devam)

Genotip	U40	U41	U42	U43	U5	U44	U45	U46	U47	U48	U49	U50	U6	U52
U41	0.71													
U42	0.33	0.65												
U43	0.42	0.52	0.45											
U5	0.47	0.51	0.38	0.38										
U44	0.23	0.71	0.34	0.46	0.52									
U45	0.30	0.82	0.34	0.49	0.59	0.27								
U46	0.31	0.68	0.35	0.40	0.45	0.34	0.38							
U47	0.27	0.78	0.36	0.49	0.48	0.27	0.34	0.42						
U48	0.39	0.62	0.41	0.46	0.49	0.34	0.38	0.26	0.44					
U49	0.37	0.63	0.31	0.44	0.39	0.33	0.37	0.41	0.30	0.37				
U50	0.43	0.60	0.45	0.51	0.47	0.43	0.40	0.43	0.39	0.41	0.28			
U6	0.51	0.37	0.43	0.46	0.33	0.49	0.57	0.42	0.51	0.39	0.38	0.37		
U52	0.45	0.50	0.38	0.41	0.40	0.36	0.42	0.42	0.43	0.38	0.35	0.28	0.44	
U7	0.60	0.31	0.49	0.45	0.36	0.62	0.64	0.49	0.68	0.49	0.47	0.34	0.32	0.36

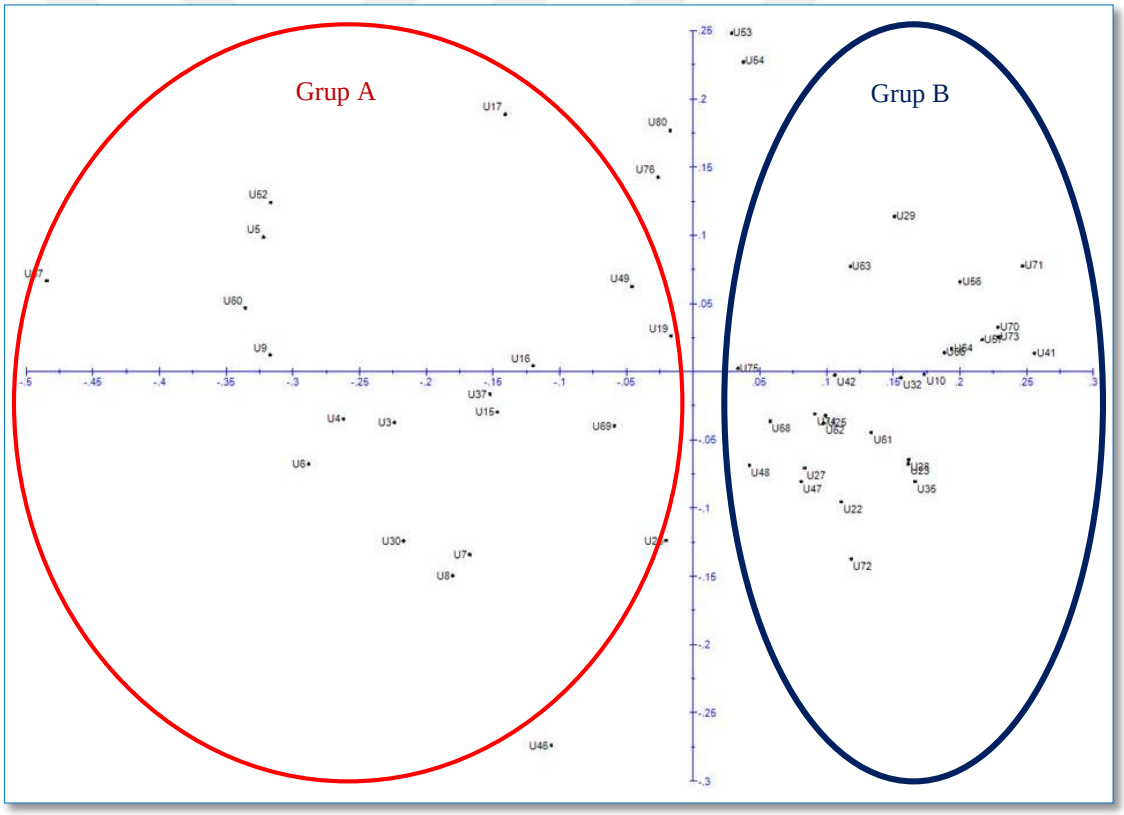
Çalışma sonucunda üretilen markör verisi NJ birleştirme yöntemi kullanılarak hem genetik çeşitlilik dendogramı çizilmiş hem de TBA analizleri ile genotiplerin iki boyutlu uzayda dağılım grafiği çizilmiştir. TBA analizleri sonucunda dağılımın iki ana gruba göre olduğu görülmekte ve dağılımın Avrupa, Asya ve Amerika kıtalarının gruplanması şeklinde olduğu gözlemlenmektedir (Şekil 4.5). TBA dağılımında en uzak genotip; U41 ve U45 nolu genotiplerdir. Sırası ile genotipler Brezilya ve Rusya kökenli olup U67 genotipi tüm genotiplere göre daha yüksek varyasyon içermektedir. TBA dağılımı için ölçülen koordinat değerleri ve genotiplerin görece dağılımları Tablo 4.16'da verilmiştir.

Tablo 4.16. TBA analizlerinde hesaplanan varyasyonel koordinatların genotipler için dağılımı

No	TB1	Cos²	TB2	Cos²	TB3	Cos²	TB4	Cos²	TB5	Cos²
U8	0,17	481	0,00	0	0,08	97	0,04	26	0,04	32
U9	-0,15	175	-0,03	7	0,26	555	0,08	46	-0,05	22
U10	-0,12	236	0,00	0	0,07	70	0,02	8	-0,07	71
U11	-0,14	146	0,19	261	-0,12	100	0,01	1	0,11	95
U12	-0,02	5	0,03	13	0,15	401	0,01	1	-0,07	81
U13	0,11	248	-0,10	183	0,04	28	-0,07	95	-0,10	188
U14	0,16	277	-0,07	48	-0,02	4	0,10	100	0,09	87
U15	0,10	252	-0,03	26	0,08	175	-0,03	23	0,01	1
U16	-0,02	9	-0,12	343	-0,06	74	-0,15	471	-0,03	22
U17	0,08	148	-0,07	106	0,06	65	-0,09	157	0,01	5
U18	0,16	590	-0,06	94	0,03	17	-0,06	79	0,03	23
U19	0,15	386	0,11	219	0,04	21	0,04	31	-0,03	12
U1	-0,22	606	-0,04	17	0,00	0	-0,03	12	0,02	7
U20	-0,22	313	-0,12	102	0,01	1	0,05	14	0,19	247
U21	0,16	328	0,00	0	0,08	94	0,05	39	0,10	137
U22	0,17	377	-0,08	89	0,12	185	-0,05	39	0,00	0
U23	-0,15	159	-0,02	2	-0,27	502	-0,06	24	-0,10	69
U2	-0,26	505	-0,03	9	-0,01	0	0,00	0	-0,10	79
U24	0,26		0,01	3	0,01	3	0,04	31	0,00	0
U25	0,11	233	0,00	0	-0,02	8	-0,08	129	-0,03	13
U26	-0,11	83	-0,27	548	-0,09	54	0,10	72	-0,03	6
U27	0,08	93	-0,08	92	-0,03	16	-0,16	360	-0,01	2
U28	0,04	51	-0,07	136	-0,05	77	-0,02	17	-0,06	105
U29	-0,05	16	0,06	30	0,01	1	0,27	576	-0,12	108
U3	-0,32	583	0,10	55	0,08	36	0,01	1	0,20	222
U30	-0,32	729	0,12	112	0,08	42	0,05	21	0,06	24
U31	0,03	9	0,25	644	0,10	109	-0,10	103	-0,13	175
U32	0,04	17	0,23	598	-0,05	27	-0,08	65	0,03	12
U33	0,20	612	0,07	66	-0,08	93	0,06	55	0,00	0
U34	0,22	715	0,02	8	0,02	3	0,04	19	0,11	182
U4	-0,29	778	-0,07	43	-0,04	18	-0,03	9	0,05	21
U35	-0,34	717	0,05	14	-0,10	66	0,01	1	-0,02	2
U36	0,13	280	-0,04	31	0,06	56	-0,04	32	-0,06	48
U37	0,10	300	-0,04	44	0,10	285	-0,11	382	-0,01	5

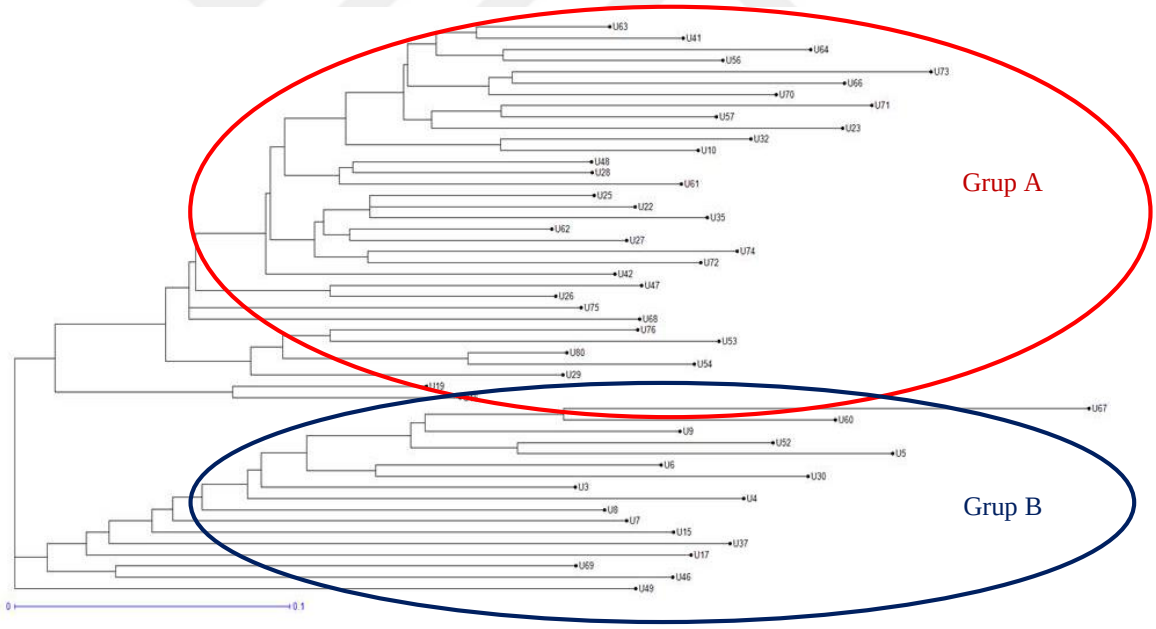
Tablo 4.16. (devam)

No	TB1	Cos²	TB2	Cos²	TB3	Cos²	TB4	Cos²	TB5	Cos²
U38	0,12	424	0,08	181	-0,02	8	0,01	5	0,00	0
U39	0,19	432	0,02	3	-0,11	133	0,09	94	-0,12	167
U40	0,19	374	0,01	2	-0,05	21	0,13	184	-0,03	9
U41	-0,48	904	0,07	17	-0,03	3	0,06	13	-0,16	99
U42	0,06	50	-0,04	20	-0,02	7	0,04	26	0,10	148
U43	-0,06	34	-0,04	15	-0,06	39	0,22	446	-0,01	1
U5	-0,17	268	-0,13	172	-0,06	35	-0,01	1	0,11	124
U44	0,23	646	0,03	13	-0,08	74	0,05	32	-0,10	129
U45	0,25	560	0,08	55	0,01	2	0,10	95	0,14	167
U46	0,12	206	-0,14	276	0,14	289	0,01	1	-0,03	14
U47	0,23	424	0,03	5	-0,24	453	-0,02	4	0,06	32
U48	0,09	112	-0,03	13	0,05	36	-0,07	74	-0,09	99
U49	0,03	22	0,00	0	-0,13	311	-0,09	170	0,05	41
U50	-0,03	10	0,14	290	-0,01	2	-0,18	457	0,07	75
U6	-0,18	338	-0,15	233	-0,04	19	-0,06	40	-0,02	3
U52	-0,02	6	0,18	626	-0,01	1	-0,06	84	-0,04	37
U7	-0,32	908	0,01	1	0,12	128	-0,04	14	0,02	2



Şekil 4.5. Gen havuzunu oluşturan soğan genotiplerinin Temel Bileşen Analiz sonucuna göre dağılımları

Son olarak genetik ilişkilerin açıklanması için genotipler arası ilişkileri göstermek üzere bir kümeleme analiz yapılmıştır. Ağırlık atanmadan (unweighted) aleller; bir komşu birleştirme (Neighbor Joining (NJ)) algoritması kullanılarak genetik çeşitlilik ağacı çizilmiştir (Şekil 4.6). Genetik çeşitlilik ağacına göre gen havuzu soğanın üreme biyolojisi de göz önüne alındığında böylesi bir bitki için ortalamanın üzerinde olduğu (0.41) söylenebilir. Genetik çeşitlilik dendogramı iki ana kümeye ayrılmış olup A kümesi 34 adet genotipten oluşmakta olup kümenin yarısından fazlası Amerika Birleşik Devletleri orijinli genotiplerden oluşmaktadır. A kümesinin içerisinde Kuzey Makedonya, Türkye, İspanya, Rusya, Macaristan ve Polonya orijinli genotipler de bulunmaktadır. B kümesini içerisinde Amerika Birleşik Devletleri başta olmak üzere toplamda 18 genotip gruplanmıştır. B kümesinde sadece U20 ve U23 nolu iki adet Hollanda orijinli genotip bu kümeye girmiştir. Genetik çeşitlilik ağacına göre; U29 nolu genotip B kümesine alt dış grup olarak bağlanmaktadır. U29 genotipi İspanya kökenlidir. Genel dağılım olarak üç ana kıta arasında genotiplerin kümelendiği görülmektedir (Şekil 4.6).



Şekil 4.6. Soğan genotipleri arasındaki genetik ilişkileri temsil eden NJ genetik çeşitlilik ağacı

Genetik çeşitlilik ilişiklerini detaylı bir şekilde gösteren genetik çeşitlilik ağacı yukarıda verilmiştir. Ayrıca skorlama verisi sonucu ölçülen benzememezlik hesabı ile çizilen ağacın ve ölçülen genetik uzaklıkların doğruluğunu ve korelasyonunu hesaplamak üzere mental testi yapılmış ve Cophenetic r: 0.9485 olarak yüksek bir mental test değeri hesaplanmıştır. Moleküler genetik çalışmalar sonucunda soğan ıslah çalışmalarına destek olabilecek genetik uzaklık ilişiklerine ait veriler üretilmiş olup, kullanılan SSR markörleri gen kaynaklarını yüksek çözünürlükte karakterize etmiş olup, çalışma sonuçları soğan ıslah çalışmalarını destekler nitelikte veriler üretmiştir.

Genetik çeşitlilik ağacı incelendiğinde birbirine en yakın çıkan U32 ile U52 genotipi sırasıyla Amerika ve Macaristan orijinlidir. Bu genotipler morfolojik karakterizasyonda oluşturulan dendrogramda da yakın çıkmıştır. Böylece genotipler arasındaki yakınlık ve uzaklıklar moleküler olarak da desteklenmiştir. Genetik çeşitlilik ağacında en uzak olan U41 genotipi tüm genotipler içerisinde sadece Brezilya orijinli olan soğan genotipi olarak tespit edilmiştir.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Ülkemizde kışlık sebze türlerinde kullanılan çeşitlerin büyük kısmı yurt dışından ithal edilen çeşitlerden oluşmaktadır. Ülkemizde soğan çeşit ıslahı çalışmaları konusunda diğer bitki türlerine göre önemli düzeyde büyük bir boşluk bulunmaktadır. Bunun içinde ivedilikle yerli hibrit soğan tohumu üretiminin geliştirilmesine yönelik çeşit ıslah programlarının sayısının artmasına gereksinim vardır. Bu tez çalışması ile ülkemizde hibrit çeşit ıslahına yönelik programın ilk aşaması tamamlanmıştır. Bu çalışma ile Dünyanın farklı lokasyonlarından toplanan soğan genetik materyalleri hem UPOV kriterlerine göre morfolojik karakterizasyonları yapılmış ve hem de SSR yöntemlerine göre moleküler karakterizasyonu tamamlanmıştır. Oluşturulan soğan gen havuzunun hem fenotipik varyasyon ve hem de genetik çeşitlilik yönünden oldukça zengin olduğu belirlenmiştir. Tez çalışması sonucunda elde edilmiş olan önemli sonuçlar ve bazı öneriler aşağıda özetlenmiştir.

a. Tez çalışmasında dünyanın farklı lokasyonlarından toplanan soğan genotiplerinin hem morfolojik hem de moleküler özellikleri yönünden belirgin farklılıklar gösterdikleri saptanmıştır. Tez çalışması sonrasında, diğer soğan ıslahçılarınında yararlanabilmesi amacıyla incelenen soğan genotiplerine ait bitki özellik belgeleri renkli bir katalog haline getirilecektir.

b. Soğan genetik kaynakları yaprak boyutları (yaprak sayısı, yaprak uzunluğu ve yaprak genişliği) yönünden geniş bir dağılış göstermişlerdir. En fazla yaprak sayısına sahip genotipler ise U39 (13.2 adet), U38 (11.8 adet) ve U19 (11.8 adet), en az yaprak sayısına sahip genotipler; U21 (7.0 adet), U30 (7.4 adet) ve U5 (8.0 adet) olarak tespit edilmiştir. Yaprak uzunlukları yönünden soğan genotipleri, 40.6 cm (U52) - 69.0 cm (U8) arasında dağılış göstermiştir. Soğan genotipleri arasında yaprak uzunluğu yönünden yaklaşık 1.7 kat oranında yüksek düzeyde farklılıkların olduğu bulunmuştur. En fazla yaprak genişliğine sahip soğan genotipler U28 (15.8 mm) ve U40 (15.4 mm), en dar yaprak genişliğine sahip genotipler; U49 (7.7 mm) ve U42 (7.8 mm) olarak saptanmıştır (Tablo 4.1).

c. Soğan genetik kaynaklarının yaprak duruşları yönünden %73.1'inin dik yapıda ve %26.9'unun ise yarı dik yapıda olduğu belirlenmiştir. Yaprak rengi yoğunlukları incelenen soğan genotiplerinde hue açısı değeri yönünden en düşük olan genotipler; U8 (137.0^{o}), U11 (141.2^{o}) ve U34 (142.4^{o}), hue açısı değeri yönünden en yüksek olan

genotipler; U2 (207.0^o), U1 (185.0^o) ve U38 (178.3^o) oldukları tespit edilmiştir. Kroma açısı yönünden en yüksek U8 genotipi (14.6^o) olduğu saptanmıştır (Tablo 4.3). Ölçüm sonuçlarına göre soğan genotiplerinin yaprak renkleri arasında belirgin farklılıklar olduğu gözlemlenmiştir.

d. Tez çalışmasında soğan genotiplerinin gövde uzunluğu yönünden 7.2-17.6 cm arasında değişim gösterdikleri saptanmıştır. En uzun ve en kısa gövde uzunluğuna sahip genotipler sırasıyla U35 (17.6 cm) ve U4 (7.2 cm) genotipleri olmuştur. Gövde genişlikleri yönünden ise en geniş genotiplerin sırasıyla U8 (23.3 mm), U17 (22.2 mm) ve U35 (21.7 mm) genotipleri olduğu belirlenmiştir. En dar soğan genotipleri; U49 (13.8 mm) ve U42 (14.0 mm) olmuştur (Tablo 4.4).

e. Soğan boyu yönünden genotipler 34.5-91.0 mm arasında dağılış gösterdikleri belirlenmiştir (Tablo 4.5). Mevcut popülasyonda soğan boyunun %76.9'unun 62.0 mm'nin altında olduğu belirlenmiştir. En uzun soğan boyu U8 (91.0 mm) ve U40 (74.0 mm) genotipi olmuştur. En kısa soğan boyuna sahip genotipler; U16 (34.5 mm) ve U27 (36.2 mm) olduğu tespit edilmiştir. Soğan çapı yönünden en geniş genotip, 81.5 mm ile U8 olmuştur. En dar genotipin ise 51.4 mm ile U36 olduğu saptanmıştır. Gelecekte hibrit çeşit geliştirmeye yönelik çalışmalarda soğan boyutları yönünden tüketici istekleri üzerine iri yapıda soğan çeşit adaylarının eldesinde kullanılabilecekleri öngörülmektedir.

f. Soğan genotipleri kabuk kalınlığı yönünden değerlendirildiğinde, ince ve orta kalınlıkta olduğu tespit edilmiştir. Mevcut popülasyonun %28.8'nin orta kalınlıkta ve %71'2'sinin ise ince kabuk kalınlığına sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.6). Tez çalışmasında soğan genotiplerinin % SÇKM değerleri yönünden %6.7-16.9 arasında değişim gösterdiği saptanmıştır. En yüksek % SÇKM değerine sahip genotip, %16.9 ile U15 genotipi olmuştur. Organoleptik analiz sonucunda soğan genotiplerinin %55.8'nin tatlı ve %44.2'sinin ise acı olduğu belirlenmiştir (Tablo 4.7).

g. Soğan genotiplerinde kabuk rengi yoğunlukları yönünden yapılan incelemede; kroma açısı değeri yönünden en küçük değer, 7.5^o ile U8 genotipi ve en yüksek ise 39.6^o ile U15 genotipi olduğu tespit edilmiştir. Hue açısı değerleri yönünden U45 genotipinin en düşük (31.7^o) ve U27 genotipinin ise en yüksek (91.9^o) değere sahip olduğu saptanmıştır. Ölçüm sonuçlarına göre soğan genotiplerinin kabuk renk yoğunlukları arasında belirgin farklılıklar olduğu tespit edilmiştir.

h. Tez çalışmasında yer alan soğan genotipleri, soğan ağırlıkları yönünden; en iri genotipler, U8 (281.3 g) ve U9 (212.3 g) olmuştur. En hafif soğan genotipi ise U36 (53.3 g) olarak belirlenmiştir. Soğanlar şekilsel olarak incelendiğinde yuvarlak, eşkenar dörtgen, ovalimsi, geniş yumurta, geniş ovalimsi ve geniş ters yumurta şeklinde dağılış gösterdikleri saptanmıştır. Tüm popülasyonun; %36.5'i yuvarlak şekilli, %19.2'şer oranda eşkenar dörtgen ve ovalimsi şekilli soğanlar olarak belirlenmiştir. Geriye kalan diğer şekiller ise mevcut popülasyonun %25'ini oluşturmuştur. Soğan genotipleri, 129-150 gün arasında değişen sürelerde hasat edilmişlerdir (Tablo 4.10). Hasat olum zamanı yönünden incelenen soğan genotiplerinin, %57.6'sının erkenci, %21.2'sinin vakitli ve %21.2'sinin de geçci olduğu belirlenmiştir. Tez çalışmasında kullanılan soğan genetik kaynaklarının farklı olgunlaşma sürelerine sahip olmaları, gelecekte hibrit soğan çeşit çalışmalarında farklı bölgelerde değerlendirilebilecekleri düşünülmektedir. Soğan genotipleri ağırlıkları yönünden, açık tozlanan genotipler olmasına rağmen hibrit çeşitlerin verimine yakın olması sebebiyle gelecekte yapılacak hibrit soğan çeşit çalışmalarında değerlendirilmeleri amaçlanmaktadır.

i. Soğan genotiplerinde, morfolojik özelliklerini kapsayan 36 adet kantitatif ve kalitatif özellik yönünden birbirinden bağımsız 10 adet temel bileşen ekseni oluşturulmuştur. Tez çalışmasında, soğan genotipleri arasındaki morfolojik varyasyon değeri, toplam varyasyonun %81.05'ini oluşturmuştur (Tablo 4.11). Çalışmada, incelenen ilk 10 temel bileşenin eigen değerlerine ait katsayıların, 1.06-8.61 arasında değiştiği bulunmuştur. Ayrıca ilk dört temel eksende yer alan ve 0.3'den daha büyük katsayılara sahip olan yaprak rengi, yaprak genişliği, yapraklarda mumsuluk, mumsuluk derecesi, soğan ağırlığı, soğan boyu, soğan çapı, SÇKM ve soğan şekli gibi özelliklerinin diğer özelliklere göre soğan genotipleri arasında farklılıkların oluşmasına neden olan temel özellikler olduğu saptanmıştır.

j. Soğan genotiplerinde moleküler analiz sonucunda 19 adet SSR markörü kullanılarak toplam 188 adet polimorfik SSR aleli üretilmiştir (Tablo 4.14). Unweighted Neighbor-Joining metoduna göre soğan genotipleri, moleküler analiz sonucunda 2 ana gruba ayrılmıştır. Farklı uzunluklarda dendrogram dalları, soğan genotiplerinin genetik farklılıklarının fazla olduğunu göstermiştir (Şekil 4.6). DARwin 6 programı ile soğan genotiplerinde genetik uzaklık değerlerinin 0.12-0.82 arasında değiştiği bulunmuştur. (Şekil 4.4). Genotipler arası en düşük uzaklık U32 ve U52 ile

U24 ve U38 genotipleri arasında 0.12 olarak ölçülmüştür ve en yüksek genetik uzaklık ise U41 genotipi ile U45 genotipi arasında 0.82 olarak ölçülmüştür (Tablo 4.15).

k. Morfolojik ve moleküler karakterizasyon sonucunda elde edilen dendrogramlar ve alt kümelerde yer alan genotiplerin genel olarak benzer oldukları tespit edilmiştir. Morfolojik karakterizasyon sonuçları, moleküler karakterizasyon ile desteklenmiştir. Ayrıca karakterizasyon sonucunda oluşan gruplarda yer alan genotiplerin orijinleriyle direkt bir ilişkinin olmadığı da belirlenmiştir.

Ülkemizde soğan genotiplerinin kışlık sebze alanında yerli çeşit ıslah programlarında değerlendirilmesi son yıllarda en yeni güncel konulardan birisi olmuştur. Bu kapsamda, hem morfolojik hem moleküler karakterizasyon ile soğan genotiplerinin bitki özellik belgeleri oluşturulmuş ve yakın gelecekte yerli çeşit ıslah programlarında farklı hedefler doğrultusunda kullanımları mümkün hale gelmiştir. Ayrıca tez çalışması sonucunda soğan genotiplerine ait gen havuzunda heterotik gruplar elde edilmiştir. Gelecekte, heterotik gruplar içerisinde yer alan soğan genotiplerinin hibrit soğan çeşit ıslahında farklı ıslah programlarında değerlendirilmesi planlanmaktadır. Bu amaç doğrultusunda kendileme ve seleksiyon ıslahı çalışması devam etmektedir.

KAYNAKLAR

Acar, K., (2009). Fluoresans renkler içeren boyama reçetesi tahmin algoritmalarında başarının artırılmasına yönelik yeni bir yöntem, Doktora Tezi, Marmara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul, s. 37.

Acunalp, S., (2012). Ekonomik öneme sahip yerli kiraz (*Prunus avium* L.) genotiplerinin SSRs (Simple Sequence Repeats)'a dayalı genetik karakterizasyonu (Doctoral dissertation, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Biyoteknoloji Enstitüsü, Ankara).

Anonim, 2021., Samsun Meteoroloji 10. Bölge Müdürlüğü. http://samsun.mgm.gov.tr/(Erişim tarihi: 24. 12.2021)

Antofie, MM, and Sand, Sava, C., (2016). The standard characterization of the Romanian onion landrace 'Roşie de Făgăraş'. Bulletin of the University of Agricultural Sciences & Veterinary Medicine Cluj-Napoca. Horticulture, 73(2).

Antofie, MM, and Sand, Sava, C., (2017). Standard characterization of red onion landraces 'de Buzău'and 'de Turda'. Scientific Papers Series: Management, Economic Engineering in Agriculture and Rural Development.

Aryakia, E., Karimi, HR., Naghavi, M. R., and Shahzadeh Fazeli, S. A. (2016). Morphological characterization of intra-and interspecific diversity in some Iranian wild Allium species. Euphytica, 211(2), 185-200.

Azimi, MH., Beşirli, G., Sönmez, İ., Daş, R., Karabulut, E., Tuna, T., Şimşek, M., Albayrak, B., Polat, Z., Gökçe, Öztürk, NZ., Gökçe, AF., Alan, AR., Çelebi, Toprak, F., Aras, V., Ünlü, M., and Gündüz, O., (2020). Morphological characterization of onion (*Allium cepa* L.) germplasm collected from east and southern east Anatolian Regions, 3rd International Agricultural Congress, 5-9 March, Türkiye, pp: 13.

Bağcı, A., Karaağaç, O., ve Balkaya, A., (2021). Soğan ıslahında generasyon ilerlemesi ve tohum üretim sürecini hızlandırma teknikleri. *Journal of the Institute of Science and Technology*, 11(özel sayı): 3438-3446.

Baldwin, S., Pither-Joyce, M., Wright, K., Chen, L., and McCallum, J. (2012). Development of robust genomic simple sequence repeat markers for estimation of genetic diversity within and among bulb onion (*Allium cepa* L.) populations. *Molecular Breeding*, *30*(3), 1401-1411.

Balkaya, A. ve Yanmaz, R. (2001). Bitki genetik kaynaklarının muhafaza imkanları ve tohum gen bankalarının çalışma sistemleri. Ekoloji Çevre Dergisi, 10:39, 25-30.

Balkaya, A. and Ergün, A. (2008). Diversity and use of pinto bean (*Phaseolus vulgaris*) populations from Samsun, Turkey, New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science, 36, 189-197.

Balkaya, A., Yanmaz, R., Özbakir, M. (2009). Evaluation of variation in seed characters of Turkish winter squash (*Cucurbita maxima*) populations. New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science, 37 (3). 167-178.

Balkaya, A., Özbakır, M. ve Karaağaç, O. (2010). Karadeniz Bölgesinden toplanan bal kabağı (*Cucurbita moschata* Duch.) populasyonlarının karakterizasyonu ve meyve özelliklerindeki varyasyonun değerlendirilmesi. Ankara Tarım Bilimleri Dergisi, 16:1, 17-25.

Batu, A., Thompson, A.K., Ghafir, S.A.M. and Rahman, N.A.A., "Minolta ve hunter renk ölçüm aletleri ile domates, elma ve muzun renk değerlerinin karşılaştırılması", Gıda 22(4), 301-307, 1997.

Bayar M R (2019). Diyarbakır'da yetiştirilen bazı yerli soğan (*Allium Cepa* L.) genotiplerinin morfolojik karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Dicle Üniversitesi. s, 56.

Beşirli G, Azimi M H (2018). Soğan (*Allium cepa* L.) gen kaynaklari populasyonlarinda tohum çoğaltim çalişmalari ve kalite özelliklerinin belirlenmesi. Uluslararası Katılımlı Türkiye 6. Tohumculuk Kongresi, 10-13 Eylül 2018, Niğde. pp: 266-270.

Bliss, F.A. (1981). Utilization of vegetable germplasm (Ploidy levels). HortScience 16:2, 129-132.

Che, K., Zhan, Q., Xing, Q., Wang, Z., Jin, D., He, D., & Wang, B. (2003). Tagging and mapping of rice sheath blight resistant gene. Theoretical and Applied Genetics, 106(2), 293-297.

Costa L, Jimenez H, Carvalho R, Carvalho-Sobrinho J, Escobar I and Souza G (2020). Divide to conquer: evolutionary history of *Allioideae* Tribes (*Amaryllidaceae*) is linked to distinct trends of karyotype evolution. Frontiers in Plant Science, 11: 320.

Çalışan A (2019). Soğanlarda (*Allium Cepa* L.) hibrit tohum üretimi için geliştirilen saf hatların karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bursa Uludağ Üniversitesi. s, 30.

Dangi R, Khar A, Islam S and Kumar A (2018). Characterization and association of phenotypic and biochemical traits in onion under short day tropical conditions. Indian Journal of Horticulture, 75(2): 226-236.

Dodds, J. H., & Watanabe, K. (1990). Biotechnological tools for plant genetic resources management. Diversity, 6(3-4), 26-28.

Dhumal, K., Datir, S., & Pandey, R. (2007). Assessment of bulb pungency level in different Indian cultivars of onion (*Allium cepa* L.). *Food Chemistry*, *100*(4), 1328-1330.

FAO., (2022). Crop Production Statistics. Food and Agriculture Organization. https://www.fao.org/faostat/en/home (Erişim Tarihi: 13.05.2022).

Ferreira, C. (2006). Gene expression programming: mathematical modeling by an artificial intelligence (Vol. 21). Springer. 217-477.

Fombellida, A., Garrido, F., López, F., Collado, M., & Godoy, M. (2010, August). Morphological characterization and genetic variability of the local line'Horcal'onion. In *XXVIII International Horticultural Congress on Science and Horticulture for People (IHC2010): III International Symposium on 918* (pp. 603-609).

Galdón, B. R., Rodríguez, C. T., Rodríguez, E. R., and Romero, C. D. (2009). Fructans and major compounds in onion cultivars (*Allium cepa*). *Journal of Food Composition and Analysis*, *22*(1), 25-32.

Geleta, L. F., Labuschagne, M. T., and Viljoen, C. D. (2005). Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum* L.) estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism markers. *Biodiversity and Conservation*, *14*(10), 2361-2375.

Gil, J., and Ron, A. D. (1992). Variation in Phaseolus vulgaris in the Northwest of the Iberian Peninsula. *Plant Breeding*, *109*(4), 313-319.

González-Pérez S, Mallor C, Garcés-Claver A, Merino F, Taboada A, Rivera A and Silvar C (2015). Exploring genetic diversity and quality traits in a collection of onion (*Allium cepa* L) landraces from north-west Spain. Genetika, 47(3), 885-900.

Gökçe AF (2001). Molecular tagging of male-fertility restoration locus and its selection in onion (*Allium cepa* L.). Ph.D. Thesis. University of Wisconsin-Madison 1575 Linden Drive 53705 Madison, WI, USA.

Gökçe, AF., (2011). Soğan Yetiştiriciliği, Bahçe Tarımı II Editörler: Şeniz V, Erdoğan B, Anadolu Üniversitesi Yayınları. pp:167-170.

Gökçe, AF., (2022). Soğan Islahı, Sebze Islahı Cilt IV Allioideae (Soğangiller), Editörler: Abak K, Balkaya A, Ellialtıoğlu ŞŞ, Düzyaman E, Gece Kitaplığı. pp: 21-115.

Günay, A., (1992). Özel Sebze Yetiştiriciliği. Cilt II. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü.

Gvozdanović-Varga, J., Vasić, M., Červenski, J., Petrović, A., and Moravčević, D., (2013). Phenotypic diversity of basic characteristics of genotypes from the Serbia onion collection. Genetika, 45(1): 101-108.

Hancı, F., and Gökçe, A., (2016). Molecular characterization of Turkish onion germplasm using SSR markers. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 52(2): 71-76.

Herrera-Corredor, C., Carrillo-Castañeda, G., (2007). Characterization of onion (*Allium cepa* L.) varieties based on physical properties and seed performance. Agrociencia, 41(7), 755-762.

Huamán, Z., and Spooner, DM., (2002). Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum* sect. Petota). American Journal of Botany, 89(6): 947-965.

Ijeomah, C., Amuda, O., Babatunde, B., and Abutu, P., (2020). Evaluation of genetic diversity of spring onions (*Allium fistulosum*) based on DNA markers. *J. Exp. Agric. Int*, *42*, 23-33.

İzgi, Y., (2022). Türkiye orijinli lale (*Tulipa* spp.) genotiplerinin moleküler karakterizasyonu, kendine uyuşmazlık durumları, türler arası melez uyuşum oranları ve melez tohum özelliklerinin belirlenmesi. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Ana Bilim Dalı, Samsun. 166 s.

Jaime, L., Martín-Cabrejas, M. A., Mollá, E., López-Andréu, F. J., and Esteban, R. M., (2001). Effect of storage on fructan and fructooligosaccharide of onion (*Allium cepa* L.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *49*(2), 982-988.

Jones, HA., and Mann, LK., (1963). Classification and Identification In: Onions and their allies. Interscience Publishers, Inc. New York pp: 24-46.

Kanal, A., and Balkaya, A., (2021). *Capsicum baccatum* türüne ait biber popülasyonunun karakterizasyonu ve morfolojik varyasyon düzeyinin belirlenmesi. Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 26(2): 278-291.

Kanbur, E., (2015). SSR Moleküler Işaretleyicileri Kullanılarak Türkiye'de Yetiştiriciliği Yapılan Soğan Çeşitleri Arasındaki Genetik Ilişkinin Belirlenmesi (Doktora Tezi, Bursa Uludağ Üniversitesi (Türkiye)).

Karaağaç O (2006). Bafra kırmızı biber gen kaynaklarının (*Capsicum annuum* var. *conoides* Mill.) karakterizasyonu ve değerlendirilmesi. Yüksek Lisans Tezi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, pp:129.

Karaağaç, O., and Balkaya, A., (2010). Bafra kırmızı biber popülasyonlarının (*Capsicum annuum* L. var. *conoides* (Mill.) Irish) tanımlanması ve mevcut varyasyonun değerlendirilmesi. Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi, 25(1): 10-20.

Karaağaç, O., (2013). Karadeniz Bölgesinden toplanan Kestane Kabağı (*Cucurbita maxima* Duchesne) ve Bal Kabağı (*Cucurbita moschata* Duchesne) genotiplerinin karpuza anaçlık potansiyellerinin belirlenmesi. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, pp:258.

Karaağaç, O., ve Balkaya, A., (2017). Türkiye'de yerel sebze çeşitlerinin mevcut durumu ve ıslah programlarında değerlendirilmesi. Türktob Dergisi, 23(3): 8-15.

Karić, L., and Golzardi, M., (2018). Genetic diversity assessment of *Allium cepa* L. cultivars from Bosnia and Herzegovina using SSR makers. *Genetics and Molecular Research*, *17*(1).

Khar, A., Lawande, K. E., and Negi, K. S., (2011). Microsatellite marker based analysis of genetic diversity in short day tropical Indian onion and cross amplification in related *Allium* spp. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *58*(5), 741-752.

Labate, J. A., Glaubitz, J. C., and Havey, M. J., (2020). Genotyping by sequencing for SNP marker development in onion. *Genome*, *63*(12), 607-613.

Liu, S., and Wu, F., (2013). Phenotype and genetic diversity in potato onion cultivars from three provinces of northeast China. *Biochemical Systematics and Ecology*, *49*, 77-86.

Mahajan, V., Jakse, J., Havey, M. J., and Lawande, K. E., (2009). Genetic fingerprinting of onion cultivars using SSR markers. *Indian Journal of Horticulture*, *66*(1), 62-68.

Mallor, Gimenez, C., Carravedo, Fantova, M., Estopañán, MuNoz, G., and Mallor, Gimenez, F., (2011). Characterization of genetic resources of onion (*Allium cepa* L.) from the Spanish secondary centre of diversity. Spanish Journal of Agricultural Research, 9(1): 144-155.

Mallor, C., Arnedo-Andrés, M. S., and Garcés-Claver, A., (2014). Assessing the genetic diversity of Spanish Allium cepa landraces for onion breeding using microsatellite markers. *Scientia Horticulturae*, *170*, 24-31.

Manbachi, M., Khodadadi, M., Abdoosi, V., Rahmatizadeh, A., and Majdi, S., (2012). Survey of yield and bulb quantitative and qualitative traits in Iranian onion morphotypes. International Journal of Agricultural Science and Research, 3(1): 31-38.

Maniruzzaman, M., Haque, M. E., Haque, M. M., Sayem, M. A., and Al-Amin, M., (2010). Molecular characterization of onion (*Allium cepa*) using RAPD markers. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, *35*(2), 313-322.

Manjunathagowda, DC., Anjanappa, M., Jayaswall, K., Venugopalan, R., Kumar, A., Shankarappa, KS., and Lingaiah, HB., (2021). Variability and genetic diversity among selfed lines (S1) of onion (*Allium cepa* L.). Indian Journal of Traditional Knowledge Volume 20(2): 563-568.

Marotti, M., and Piccaglia, R., (2002). Characterization of flavonoids in different cultivars of onion (*Allium cepa* L.). Journal of food science, 67(3), 1229-1232.

Martínez, AR., Paz, JF., and Ares, JA., (2005). Evaluation of local onion lines from northwest Spain. Spanish Journal of Agricultural Research, 3(1), 90-97.

Mohammadi, SA., and Prasanna, BM., (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. Crop Science, 43(4): 1235-1248.

Mohan, V., Gupta, S., Thomas, S., Mickey, H., Charakana, C., Chauhan, VS., and Sharma, R., (2016). Tomato fruits show wide phenomic diversity but fruit developmental genes show low genomic diversity. PloS one, 11(4): e0152907.

Mousavizadeh, SA., Moghadam, M., Tourchi, M., Mohammadi, SA., and Masiha, S., (2006). Morphological and agronomic diversity in Iranian onion landraces. Iranian Journal of Agricultural Sciences, Volume 37(1): 193-202.

Nei, M., and Li, W. H., (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences, 76(10), 5269-5273.

Nikhill, BSK., Jadhay, AS., and Kute, NS., (2015). Molecular characterization of onion (*Allium cepa* L.) using ISSR markers. *Ecol. Environ. Internat*, *21*, 199-203.

Nikhil, BSK., and Jadhav, AS., (2017). Characterization of onion (*Allium cepa* L) genotypes using molecular markers. *Int J Trop Agric*, *35*, 25-31.

Okumus, A., and Balkaya, A., (2007). Estimation of genetic diversity among Turkish kale populations (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) using RAPD markers. *Russian Journal of Genetics*, *43*(4), 411-415.

Özdamar K (2004). Paket Programlar ile İstatiksel Veri Analizi (Çok Değişkenli Analizler), Eskişehir, pp: 528.

Özokutanoğlu, E., (2013). Moleküler Markör Kullanarak Bazı Yerel Soğan (*Allium cepa* L.) Çeşitlerinde ve Islah Edilen Saf Hatlarda Sitoplazmaların Belirlenmesi. Doktora Tezi, Bursa Uludağ Üniversitesi. Türkiye.

Perrier, X., and Jacquemoud-Collet, JP., (2006). DARwin–dissimilarity analysis and representation for windows. Version, 5, 158.

Powell, W., Machray, G. C., and Provan, J., (1996). Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in plant science*, *1*(7), 215-222.

Prashanthi, M., Lakshminarayana, D., Mallesh, S., Nikhil, BSK., and Sathish, G., (2021). Genetic diversity in onion (*Allium cepa* L.). The Pharma Innovation Journal. 10(12): 1667-1670.

Pritchard, JK., Stephens, M., and Donnelly, P., (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155(2), 945-959.

Rohlf, FJ., (1993). Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exeter Software, Dept. Of Ecology and Evolution, State University of New York.

Röder, MS., Plaschke, P., Konig, SU., Borner, A., Sorrells, M.E., Tanksley, S.D. and Ganal, MW., (1995). Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. Molecular and General Genetics, 246, 327-333.

Saal, B., and Wricke, G., (1999). Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome*, *42*(5), 964-972.

Santos, CAF., Oliveira, VR., Rodrigues, MA., and Ribeiro, HLC., (2010). Molecular characterization of onion cultivars using microsatellite markers. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, *45*, 49-55.

Sharma, K., Assefa, AD., Kim, S., Ko, EY., Lee, ET., and Park, SW., (2014). Evaluation of total phenolics, flavonoids and antioxidant activity of 18 Korean onion cultivars: a comparative study. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, *94*(8), 1521-1529.

Singh, PR., Mahajan, V., Verma, A., Sagar, R., Jayaswall, K., Shukla, N., and Singh, M., (2021). Identification and characterization of white onion (*Allium cepa* L.) genotypes for high total soluble solid content through molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *68*(3), 957-967.

Sönmez, İ., and Beşirli, G., (2019). New onion (*Allium cepa* L.) cultivars for long-and short-day periods. In XXX International Horticultural Congress IHC2018: II International Symposium on Root and Tuber Crops: Value Added Crops for the 1251 pp. 129-134.

Staub, JE., Serquen, FC., and Gupta, M., (1996). Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. *HortScience*, *31*(5), 729-741.

Sudha, GS., Ramesh, P., Sekhar, AC., Krishna, TS., Bramhachari, PV., and Riazunnisa, K., (2019). Genetic diversity analysis of selected Onion (*Allium cepa* L.) germplasm using specific RAPD and ISSR polymorphism markers. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, *17*, 110-118.

Sumalan, R., Ion, D., Popescu, I., Schmidt, B., Sumalan, R., Camen, D., and Ciulca, S., (2014). Assessment of phenotypic diversity for some red onion landraces from Timiş County. Annals of the University of Craiova-Agriculture, Montanology, Cadastre Series, Volume 44.

Sunil, N., Kumar, V., Reddy, MT., and Kamala, V., (2014). Phenotypic diversity and genetic variation within a collection of onion (*Allium cepa* L.) germplasm from Peninsular India. Electronic Journal of Plant Breeding, 5(4): 743-751.

Şalk, A., Arın, L., Deveci, M., ve Polat, S., (2008). Özel sebzecilik. Namık Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi, 448.

Tan, Ş., (2005). Bitki ıslahında istatistik ve genetik metotlar. Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü (Yayın 121), 129-145, Menemen, İzmir.

TTSM., (2021). (Tohumluk Tescil Ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü) (https://www.tarimorman.gov.tr/BUGEM/TTSM)(Erişim tarihi: 13.05.2022)

TÜİK., (2019). (Türkiye İstatistik Kurumu)(http//www.tuik.gov.tr)(Erişim tarihi: 13.05.2022).

TÜİK., (2022). (Türkiye İstatistik Kurumu)(http//www.tuik.gov.tr)(Erişim tarihi: 13.05.2022).

Vågen, IM., and Slimestad, R., (2008). Amount of characteristic compounds in 15 cultivars of onion (*Allium cepa* L.) in controlled field trials. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, *88*(3), 404-411.

Villano, C., Esposito, S., Carucci, F., Iorizzo, M., Frusciante, L., Carputo, D., and Aversano, R., (2019). High-throughput genotyping in onion reveals structure of genetic diversity and informative SNPs useful for molecular breeding. *Molecular Breeding*, *39*(1), 1-11.

Wamser, GH., Arruda, B., Stinghen, JC., Rozzetto, DS., Bertoldo, JG., Lannes, SD., and Coimbra, JLM., (2012). Caracterização e estimativa da variabilidade genética de genótipos de cebola. Horticultura Brasileira, 30, 327-332.

Yuguda, UA., Ismaila, M., Zhigila, DA., and Karu, E., (2017). Phenotypic evaluation of eight onion (*Allium cepa* L.) cultivars grown in northern Nigeria. Bima Journal of Science and Technology, 1(02):12-16.

ÖZGEÇMİŞ

Arif BAĞCI, Konya Mahmut Sami Ramazanoğlu Anadolu İmam Hatip Lisesi'ni bitirdikten sonra Samsun Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümünden 28.05.2018 tarihinde mezun oldu. 2019 yılında OMÜ LEE Bahçe Bitkileri Ana Bilim Dalında Yüksek Lisans programına girdi. Arif BAĞCI, iyi/orta derecede İngilizce bilmektedir. (Uluslararası Katılımlı Türkiye 7. Tohumculuk Kongresi (online),Uygulamalı Bitki Doku Kültürleri Kursu (online), Girişimcilik, Liderlik, Markalaşma ve Kariyer, Stres Yönetimi sertifikaları bulunmaktadır.) (18.01.2023).

İletişim Bilgileri

ORCID ID : 0000-0001-9604-219X

Yayınlar:

1. **Bağcı, A.,** Karaağaç, O., ve Balkaya, A. (2021). Soğan Islahında Generasyon İlerlemesi ve Tohum Üretim Sürecini Hızlandırma Teknikleri. *Journal of the Institute of Science and Technology, 11*(özel sayı), 3438-3446.
2. **Bağcı, A.,** Balkaya, A., Kandemir, D., and Karaağaç, O. (2022). Phenotypic Diversity of Red and White Onion Genetic Resources Collected from Different Countries. Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics, 8(2), 86-100.