



Van Gölü Havzası Fasulye Genotipleri (*Phaseolus vulgaris* L.) Arasındaki Genetik Çeşitliliğin Fenotipik ve Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi

Aytekin Ekinçalp^{1*} Suat Şensoy²

¹Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Başkale Meslek Yüksekokulu, 65080 Van, Türkiye

²Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, 65080 Van, Türkiye

MAKALE BİLGİSİ

Araştırma Makalesi

Geliş 02 Mart 2018

Kabul 09 Haziran 2018

Anahtar Kelimeler:

Fasulye

Genetik çeşitlilik

Belirteç

Fenotipik ve moleküler karakterizasyon

Van Gölü Havzası

*Sorumlu Yazar:

E-mail: aytekinçalp@gmail.com

Ö Z

Van Gölü havzasının değişik yörelerinden toplanmış olan 95 fasulye genotipinin genetik akrabalık ilişkileri hem fenotipik hem de moleküler yöntemlerle incelenmiştir. Fenotipik yöntemde, 71 adet morfolojik özellik incelenmiş ve bunlar arasında yüksek korelasyon gösterenler değerlendirme dışı bırakılarak fasulye genotiplerine ait 61 adet ölçüm veya gözlemden yararlanılmış; moleküler yöntemde ise 28 primerden elde edilen 219 adet polimorfik ISSR belirteci ve 10 primerden elde edilen 76 adet polimorfik RAPD belirteci kullanılmıştır. Fasulye genotipleri arasındaki genetik akrabalık dereceleri, fenotipik ve moleküler veriler kullanılarak elde edilen değişik matrislerden (Öklid ve Jaccard katsayı matrisleri) dendrogram oluşturularak incelenmiştir. Fenotipik olarak incelenen genotiplerin %69,5'inin Güney Amerika (Andean) ve %30,5'inin Orta Amerika (Mesoamerican) orijinli olduğu ve genotipler arasında yüksek genetik çeşitliliğin olduğu saptanmıştır. Fenotipik ve moleküler verilerin birlikte incelenmesi sonucunda, Güney Amerika ve Orta Amerika orijinli genotiplerin; bodur ve sırk genotiplerin; beyaz, diğer tek renkli ve çok renkli tohumlara sahip genotiplerin ayrı kümelenmelerde yer aldıkları gözlenmiştir.

Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology, 6(7): 893-902, 2018

Determination of Genetic Diversity Using Phenotypic and Molecular Methods among Bean Genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.) in Lake Van Basin

ARTICLE INFO

Research Article

Received 02 March 2018

Accepted 09 June 2018

Keywords:

Bean

Genetic diversity

Marker

Phenotypic and molecular characterization

Lake Van Basin

*Corresponding Author:

E-mail: aytekinçalp@gmail.com

ABSTRACT

The genetic relationships among 95 bean genotypes collected from different districts of Lake-Van Basin were determined by both phenotypic and molecular markers. In the phenotypic method, 71 morphological traits were examined and those with high correlations were excluded from the evaluation; then 61 measurements or observations of bean genotypes were employed. In the molecular method, 219 polymorphic ISSR markers obtained from 28 primers and 76 polymorphic RAPD markers obtained from 10 primers were employed. The genetic relationships among the bean genotypes were studied by examining dendrogram resulted from Euclidean distance obtained from phenotypic data and Euclidean distance and Jaccard's coefficient obtained from molecular data. In the phenotypic characterization, the genotypes were originated 69.5 % to South America (Andean) and 30.5 % to Central America (Mesoamerican), and there were high genetic diversity among the genotypes. In the evaluation of combined phenotypic and molecular data, it was observed that the genotypes originated from Andean and Mesoamerican; dwarf and climbing genotypes; genotypes with white, other one-colored, and mottled seeds were clustered separately.

DOI: <https://doi.org/10.24925/turjaf.v6i7.893-902.1884>

Giriş

Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), dünyada taze bakla üretimi olarak 1.557.233 ha alanda 23.595.714 ton; kuru tane üretimi olarak ise 29.392.817 ha alanda 26.833.394 ton (Anonim, 2016) olarak en fazla ekim ile üretimi yapılan yemeklik tane baklagil bitkisidir (Blair ve ark., 2006; Galvan ve ark., 2006; Benchimol ve ark., 2007). Dünya taze fasulye üretiminde birinci sırayı Çin alırken, ülkemiz 615.094 ton ile dördüncü sırada yer almaktadır (Anonim, 2016). Dünyada ve ülkemizde bu denli yaygın yetiştiriciliği yapılan ve büyük bir genetik varyasyon gösteren fasulyenin baklagiller arasındaki bu önemli konumu gün geçtikçe artış göstermektedir. Tarımsal üretim bakımından önemli bir yere sahip olan fasulye, sağlıklı bir yaşam için gerekli olan protein, vitamin ve mineralleri içermesinden dolayı da öne çıkmaktadır (Kaçar ve ark., 2004; Marotti ve ark., 2006; Ekincialp ve Şensoy, 2018).

Fasulyenin dünyada üretimi, Kuzey ve Orta Amerika, Güney Amerika, Doğu ve Güney Afrika, Batı ve Güney Doğu Avrupa ve Doğu Asya olmak üzere beş bölgede yapılmaktadır (Adams ve ark., 1985). Orta Amerika ve Güney Amerika fasulyenin iki ana gen merkezidir (Singh, 2001; Rodino ve ark., 2003; Chacon ve ark. 2005; Benchimol ve ark., 2007; Chiorato ve ark., 2007; Marotti ve ark., 2006; Kwak ve Gepts 2009). Blair ve ark. (2006), Orta Amerika (Mesoamerican) gen havuzuna ait olan fasulyelerin biyokimyasal ve morfolojik yönden farklılıklar göstererek Durango, Jalisco ve Mesoamerica ırklarını içine aldıklarını Güney Amerika (Andean) gen havuzuna ait olan fasulyelerin ise Peru, Nueva Granada ve Şili ırklarından oluştuğunu bildirmişlerdir.

Türkiye, Vavilov'un açıklamış olduğu çeşitlilik ve orijin merkezlerinden Akdeniz ve Yakın Doğu Merkezleri ile örtüştüğünden dolayı bitki genetik kaynakları yönünden çok özel bir konumda bulunmaktadır (Şehirali ve ark., 2005). Türkiye aynı zamanda topografya, iklim ve jeomorfolojik yönden geniş çeşitlilik göstermesinden dolayı, habitat tipleri yönünden de zengindir ve bu durum, bitki türlerinin sayısına ve endemizm oranına da yansımıştır. Türkiye'de bulunan bitki taksonları sayısının 10.754'e ulaştığını ve bunların da 3.708 adedinin (%34,8) endemik olduğu açıklanmıştır (Vural, 2003). Günümüzde yaşanan gelişmeler arasında en önemli doğal kaynağın genetik kaynaklar olduğunu söyleyebiliriz. Bu anlamda içinde bulunduğumuz coğrafyanın barındırdığı doğal kaynaklara sahip çıkmamız gerekmektedir. Bunun sağlanması içinde çeşitliliğin korunması, tanımlanması, değerlendirilmesi, kullanılabilir hale getirilmesi ve kullanılması çalışmaları gerçekleştirilebilir (Şehirali ve ark., 2005).

Bir bitkiyi ya da bitki grubunu morfolojik anlamda diğerlerinden ayıran özellikler morfolojik belirteç (marker, markır, markör, işaretleyici vb.) olarak değerlendirilir. Meyve kabuğu, çiçeğin şekli, yaprağın şekli, bitki, meyve ve tohum gibi özellikler bu grup belirteçleri oluşturur (Gülşen ve Mutlu 2005).

Protein belirteçleri ile analiz yapılması, morfolojik karakterlerin kullanılmasını tamamlayıcı niteliktedir. Protein belirteçleriyle analiz, populasyonlardaki değişimleri morfolojik markörlere oranla daha güvenle göstermektedir (Şehirali ve ark., 2005). Fakat bu

belirteçlerin az sayıda bulunmaları, çevre koşullarından etkilenmeleri gibi nedenlerden dolayı geniş çapta kullanılmamaktadırlar (Onus 1999; Akashi ve ark., 2002).

DNA markör teknolojisindeki ilerleme olağanüstü boyutlara ulaşmıştır. DNA markörleri, filogenetik analizlerden genlerin klonlanmasına kadar çeşitli analizlerde çok değerli araçlar sağlamışlardır. PCR bazlı belirteçler tarafından kolaylaştırılan yüksek yoğunluklu moleküler haritaların gelişimi, hemen hemen tüm karakterlerin haritalanması ve etiketlenmesini mümkün kılmıştır (Kumar, 1999; Furan ve Gebeloğlu 2017). Ayrıca DNA markörleri sayı olarak fazla ve çevre şartlarından etkilenmemekle birlikte RAPD ve ISSR markörleri fasulyelerde genetik çeşitliliği belirlemede sıkça kullanılmaktadır (Erdinc ve ark., 2013; Erdinc ve ark., 2017). Fasulyede de moleküler belirteçlerin kullanılmasıyla yapılan genetik ve haritalama çalışmalarının da sayısı her geçen gün artmaktadır (Duran ve ark., 2005; Cruz ve ark., 2005; Sicard ve ark., 2005; Angioi ve ark., 2010; Khaidizar ve ark., 2012; Ceylan ve ark., 2014; Madakbaş ve ark., 2016).

Van gölü havzası, Türkiye'nin en büyük gölü ile bu gölün etrafındaki dağlarla çevrili olmasından dolayı Doğu Anadolu bölgesinin en büyük mikro klima olma özelliğini taşımaktadır. Havza, bu özelliğinden dolayı yetiştiricilik alanında gerekli olan şartları bünyesinde bulundurmaktadır. Van gölü havzasında fasulye bitkisi saf olmayan bir populasyon olarak bulunmakta ve bölgedeki yetiştiricilik alanında da önemli bir yer teşkil etmektedir

Materyal ve Yöntem

Çalışmada Van Gölü havzasının farklı bölgelerinden toplanan 95 adet fasulye genotipi fenotipik ve moleküler yöntemlerle incelenmiştir. Kullanılan genotiplerle ilgili kimlik bilgileri Çizelge 1'de verilmiştir. Çalışmanın fenotipik safhasında çıkış süresi, sarılma başlangıcı ve gücü, büyüme şekli, çiçeklenme süresi, fizyolojik olgunlukta gövdede boğum sayısı, taze bakla hasat süresi, yaprakta antosiyanin oluşumu, yaprak rengi, yaprakta pürüzlülük, orta yaprakçığın boyu, orta yaprakçığın şekli, orta yaprakçığın uç şekli, fizyolojik olgunlukta yaprak varlığı, brakte boyu, brakte rengi, brakte şekli, bayrak rengi, kanatçıkların açılma durumu, çiçek tomurcuğu uzunluğu ve genişliği, çiçek sapı uzunluğu, stil çıkıntısı, ilk çiçeğin bulunduğu boğum sayısı, salkımdaki çiçek tomurcuğu sayısı, salkımdaki bakla sayısı, baklanın bitkideki durumu (bodur tiplerde), ilk bakla yüksekliği (bodur tiplerde), bakla zemin rengi, baklanın zemin renginin koyuluğu, ikinci renk, gevreklik, kılçıklılık, olgunlaşmamış tohum rengi, bakla boyu, eni ve et kalınlığı, bakla gaga uzunluğu, gaganın kıvrılması, bakla yüzeyinin yapısı, baklanın kıvrım şekli, bakla kıvrımının iç ve dış bükey oluşu, baklada tohumun belirginlik durumu, baklada pürüzlülük, taze baklada tohum sayısı, baklanın uç şekli, bakla uç şeklinin yönü, baklanın enine kesiti, yüz tane ağırlığı, tohum boyu, eni ve yüksekliği, tohum şekli, böbrek tiplerde kavis derecesi, tohumun sırt ve yandan şekli, tohumun ana rengi, tohumda baskın ikinci renk, damarlanma, hilum halkasının rengi ve tohumun parlaklığı olmak üzere toplam 61 adet özellik incelenmiştir.

Çizelge 1 Çalışmada kullanılan fasulye genotiplerine ait pasaport bilgileri

Table 1 Passport information of bean genotypes used in the study

| Genotip No | Temin edildiği yer | Bitki görünümü | Genotip No | Temin edildiği yer | Bitki görünümü |
|------------|-------------------------|----------------|------------|-------------------------|----------------|
| G1 | Van-Merkez | Sırk | G-50 | Van-Gevaş | Sırk |
| G2 | Van-Merkez | Sırk | G-51 | Van-Gevaş | Sırk |
| G3 | Van-Merkez | Sırk | G-52 | Van-Gevaş | Sırk |
| G4 | Van-Merkez | Sırk | G-53 | Van-Gevaş | Sırk |
| G5 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-54 | Van-Gevaş | Sırk |
| G6 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-55 | Van-Gevaş | Sırk |
| G7 | Bitlis-Tatvan-Gevar | Sırk | G-57 | Van-Gevaş | Sırk |
| G8 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-58 | Van-Gevaş | Sırk |
| G9 | Bitlis-Hizan | Sırk | G-59 | Van-Gevaş | Bodur |
| G10 | Bitlis-Tatvan-Gevar | Sırk | G-60 | Van-Gevaş | Sırk |
| G11 | Bitlis-Hizan | Bodur | G-61 | Van-Gevaş | Sırk |
| G12 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-62 | Van-Gevaş | Bodur |
| G13 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-63 | Bitlis-A.cevaz | Sırk |
| G14 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-64 | Bitlis-Adilcevaz | Sırk |
| G15 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-65 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G16 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-66 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G17 | Bitlis-Tatvan | Sırk | G-67 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G18 | Van-Erciş-Purmak | Sırk | G-68 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G19 | Van-Erciş-Çelebibağı | Sırk | G-69 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G20 | Van-Erciş | Sırk | G-70 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G21 | Van-Erciş-Tekevler mah. | Sırk | G-71 | Bitlis- Adilcevaz | Bodur |
| G22 | Van-Erciş-Tekevler mah. | Sırk | G-72 | Bitlis- Adilcevaz | Sırk |
| G23 | Van-Erciş-Tekevler mah | Sırk | G-73 | Bitlis-Adilcevaz | Sırk |
| G24 | Van-Erciş-Tekevler mah | Sırk | G-74 | Bitlis-Adilcevaz | Sırk |
| G25 | Van-Erciş-Tekevler mah | Sırk | G-75 | Bitlis-Adilcevaz | Sırk |
| G26 | Van-Erciş | Sırk | G-76 | Bitlis-Adilcevaz | Bodur |
| G27 | Van-Erciş | Sırk | G-77 | Bitlis-Adilcevaz | Bodur |
| G28 | Van-Erciş | Sırk | G-78 | Bitlis-Adilcevaz | Bodur |
| G29 | Van-Gevaş-G.konak | Bodur | G-79 | Standart-Melisa | Sırk |
| G30 | Van-Gevaş | Sırk | G-80 | Standart-Aysel | Bodur |
| G31 | Van-Gevaş | Sırk | G-81 | Standart-Alman Ayşe | Sırk |
| G32 | Van-Gevaş | Sırk | G-82 | Standart-Karacaşehir-90 | Sırk |
| G33 | Van-Gevaş | Sırk | G-84 | Standart-Şehirali-90 | Bodur |
| G34 | Van-Gevaş | Sırk | G-85 | Standart-Şeker fasulye | Sırk |
| G35 | Van-Gevaş | Sırk | G-86 | Standart-Önceler 98 | Bodur |
| G36 | Van-Gevaş | Sırk | G-87 | Standart-Efsane | Bodur |
| G37 | Van-Gevaş | Sırk | G-88 | Standart-Magnum | Bodur |
| G39 | Van-Gevaş | Sırk | G-89 | Standart-Lodi | Bodur |
| G40 | Van-Gevaş | Sırk | G-90 | Van-Edremit | Sırk |
| G41 | Van-Gevaş | Sırk | G-91 | Van-Edremit | Sırk |
| G42 | Van-Gevaş | Sırk | G-92 | Van-Edremit | Sırk |
| G43 | Van-Gevaş | Sırk | G-93 | Van-Edremit | Sırk |
| G44 | Van-Gevaş | Sırk | G-94 | Van-Edremit | Sırk |
| G46 | Van-Gevaş | Sırk | G-95 | Van-Bahçesaray | Bodur |
| G47 | Van-Gevaş | Sırk | G-96 | Van-Bahçesaray | Sırk |
| G48 | Van-Gevaş | Sırk | G-97 | Van-Bahçesaray | Sırk |
| G49 | Van-Gevaş | Sırk | G-98 | Van-Bahçesaray | Sırk |
| | | | G-99 | Van-Bahçesaray | Sırk |

Genotipler arasındaki genetik akrabalık derecesinin moleküler yöntemlerle belirlenmesinde baz uzunluğu 11-23 mer arasında değişen 28 adet ISSR primeri (Metais ve ark., 2000; Marotti ve ark., 2006) ve baz sayısı 10 mer olan 10 adet RAPD primeri kullanılmıştır (Tiware ve ark., 2005; Martins ve ark., 2006; Marotti ve ark., 2006). (Çizelge 2). İzolasyon işlemi Doyle ve Doyle (1987)'nin geliştirdiği CTAB (cetyltrimethylammonium bromide) metodundan uyarlanan bir yöntemle yapılmıştır. PCR reaksiyonu için (20 µl son hacimli) hedef DNA (30 ng),

1,5 mM MgCl₂, 0,2 µM Primer, 0,2 mM dNTPs, 1x PCR buffer (100 mM Tris-HCl, pH 8,8, 50 mM KCl), 1 ünite Taq DNA polimeraz enzimi kullanılmıştır (Yıldız ve ark., 2011).

ISSR analizleri PCR döngü programı, Marotti ve ark. (2006)'na göre uyarlanarak, 94°C'de 3 dakika, 94°C'de 1 dakika 38,0-60,6°C de 1 dakika (primerin bağlanma sıcaklığına bağlı olarak), 72°C'de 2 dakika) × 45 döngü, 72°C de 7 dakika olmuştur.

Çizelge 2 Çalışmada kullanılan ISSR ve RAPD primerleri

Table 2 ISSR and RAPD primers used in this study.

| ISSR | Dizi 5'-3' | Baz Sayısı | Yapışma Sıcaklığı(°C) | PIC değerleri |
|-------------|---------------------------|------------|-----------------------|---------------|
| 1F* | (CA) ₈ RG | 18 | 54,8 | 0,49 |
| 3F | (GA) ₈ YT | 18 | 52,6 | 0,31 |
| 4F | (GA) ₈ YC | 18 | 54,8 | 0,46 |
| 7F | (AG) ₈ YC | 18 | 54,8 | 0,49 |
| 8F | (AC) ₈ YA | 18 | 52,6 | 0,39 |
| 10F | (GT) ₈ YC | 18 | 54,8 | 0,49 |
| 809 | GAGGAGAGAGAGAGAGG | 18 | 55,2 | 0,45 |
| 813 | (CT) ₈ T | 17 | 50,4 | 0,46 |
| 826 | (AC) ₈ C | 17 | 52,8 | 0,50 |
| 835 | (AG) ₈ CTC | 19 | 56,7 | 0,40 |
| 889 | AGTCGTAGTACACACACACAC | 23 | 60,6 | 0,46 |
| ISSR3 | (ACTG) ₄ | 16 | 49,2 | 0,44 |
| ISSR5 | VHV(CT) ₈ | 19 | 55,9 | 0,50 |
| ISSR6 | VDV(GT) ₈ | 19 | 55,9 | 0,47 |
| ISSR7 | VHV(CA) ₈ | 19 | 55,9 | 0,40 |
| LOL7 | (GA) ₆ CC | 14 | 44 | 0,49 |
| LOL8 | (GT) ₆ CC | 14 | 44 | 0,38 |
| LOL9 | (CAC) ₃ GC | 11 | 38 | 0,49 |
| LOL10 | (GAG) ₃ GC | 11 | 38 | 0,34 |
| LOL12 | (GTG) ₃ GC | 11 | 38 | 0,49 |
| PHV6 | CCA(CT) ₈ | 19 | 56,7 | 0,47 |
| SOLA2 | DDC(GAC) ₄ GA | 17 | 56,8 | 0,50 |
| SOLA3 | DBHC(GAC) ₄ GA | 18 | 59 | 0,49 |
| SOLA4 | VHVG(TG) ₇ | 18 | 55,2 | 0,42 |
| SOLA5 | DBD(AC) ₇ | 17 | 51,1 | 0,39 |
| SOLA6 | BDBCACCACCACCACCAC | 18 | 59,7 | 0,34 |
| SOLA9 | (AC) ₈ G | 17 | 52,8 | 0,44 |
| SOLA11 | GAGC(AAC) ₄ AA | 18 | 49,1 | 0,50 |
| RAPD | | | | |
| OPAA-04 | AGG ACT GCT C | | | 0,50 |
| OPAA-15 | ACG GAA GCC C | | | 0,35 |
| OPAA-17 | GAG CCC GAC T | | | 0,32 |
| OPEE-07 | AGA TGC AGC C | | | 0,49 |
| OPB5 | TGC GGC TGA G | | | 0,39 |
| OPD07 | ACG GAT CCT G | | | 0,33 |
| OPE14 | GGC TGC GAC A | | | 0,49 |
| OPF1 | AGG CAG AGC A | | | 0,46 |
| FAG R-5 | GGT CGATCT G | | | 0,50 |
| FAG R-6 | AGG CAG AGC A | | | 0,38 |

RAPD yönteminde PCR döngüsü ise Galvan ve ark., (2006)'na göre uyarlanarak 3 aşamalı olmuş ve buna göre döngü 94°C de 1 dakika, (94°C de 45 saniye, 36°C de 1 dakika, 72°C de 1 dakika) × 45 döngü, 72°C de 7 dakika olmuştur.

PCR ürünleri, agoroz jel elektroforezinde (%1,5 etidyum bromit ile boyanan agoroz jelde 90 V'da TBE (Tris-Borate-EDTA) tamponu içerisinde ISSR tekniği için 2,5 saat, RAPD tekniği için 2 saat koşturularak) moleküler ağırlıklarına göre ayrılmış, UV altında görünür hale getirilmiş, genotiplerin oluşturduğu değişik parmak izleri, bant varlığı var (1) yok (0) şeklinde belirlenmiştir (Tiwari ve ark., 2005; Martins ve ark., 2006). Her primer için, PIC (polymorphism information content) $PIC = (1 - \pi^2)/n$ formülüne (Weir, 1990) göre hesaplanmıştır (Çizelge 2).

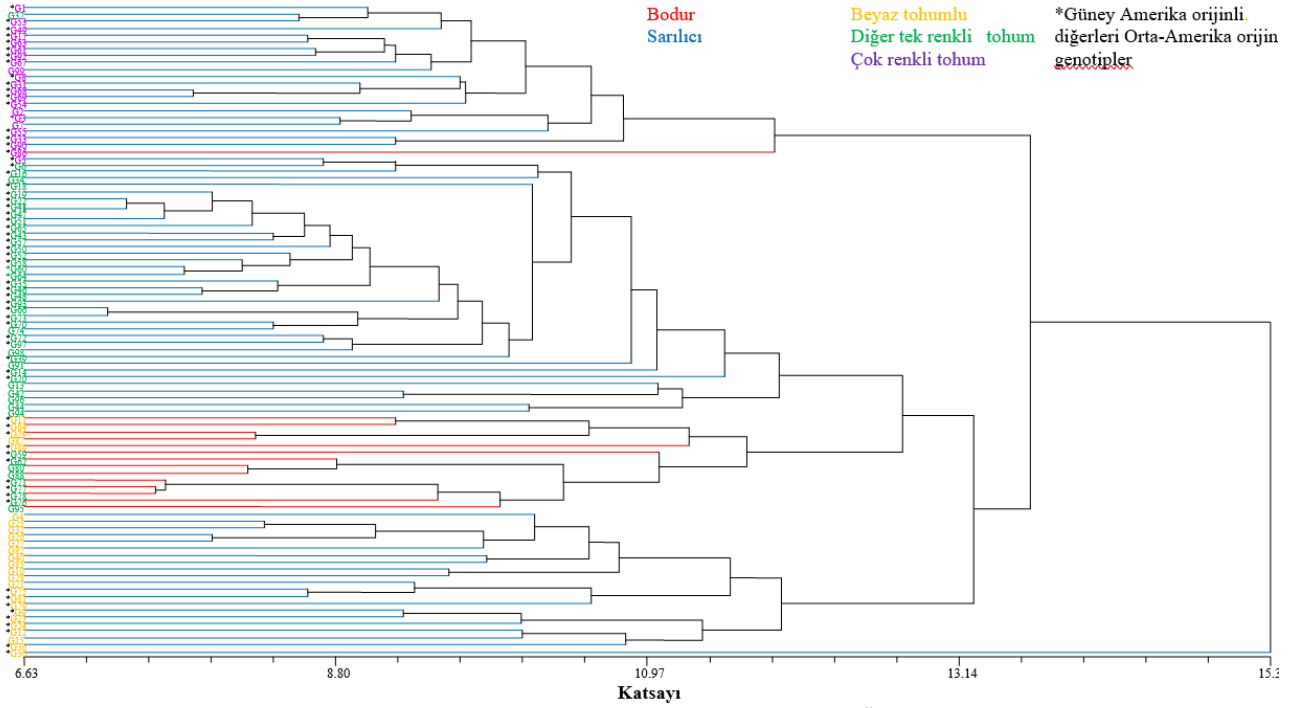
Fasulye genotipleri bölge, orjin, tohum rengi ve büyüme özelliklerine göre ayrılarak ayrı populasyonlar oluşturulmuş ve POPGENE paket programı kullanılarak genotipler arasındaki genetik varyasyon belirlenmiştir (Çizelge 3) (Yeh ve ark. 1997). Genetik çeşitlilik için Nei

ve Shannon genetik çeşitlilik indeksi kullanılmıştır (Cruz ve ark., 2005; Sensoy ve ark., 2007; Blair ve ark., 2007).

Genotipler arasındaki uzaklığın belirlenmesinde fenotipik ve moleküler veriler birlikte kullanılarak Öklid benzerlik indeksleri ile benzerlik matrisi oluşturulmuştur. Benzerlik matrisi kullanılarak, NTSYSpc-2.02k paket programında ağırlıklı olmayan aritmetik ortalama eş grup metoduna (UPGMA: *Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average*) göre kümeleme (cluster) analizi yapılarak dendrogram elde edilmiştir (Şekil 1) (Rohlf, 1997).

Bulgular ve Tartışma

ISSR yönteminde 28, RAPD yönteminde 10 olmak üzere toplam 38 primer kullanılmıştır. Bu primerlerden RAPD yönteminde 76 adet polimorfik ve 5 adet monomorfik; ISSR yönteminde de 219 adet polimorfik ve 6 adet monomorfik bantın varlığı (1), yokluğu ise (0) şeklinde değerlendirilmiştir.



Şekil 1 Birleştirilmiş fenotipik-moleküler akrabalık derecesinin belirlenmesinde Öklid matrisi kullanılarak UPGMA ile elde edilmiş dendrogram

Figure 1 The dendrogram, obtained by UPGA with Euclidean in the determination of genetic relatedness using combined phenotypic and molecular data

Birleştirilmiş fenotipik-moleküler Öklid çalışmasında, genotipler arasındaki en yakın benzerlik ($6,633E+14$) G41 ve G47 (Van-Gevaş orijinli) genotipleri arasında belirlenmiş ve bu genotipleri sırasıyla G66 ile G73 ($7,211E+14$) (Bitlis-Adilcevaz orijinli) ve daha sonra da G47 ile G51 ($7,280E+14$) (Van-Gevaş orijinli) arasındaki benzerlik takip etmiştir. Genotipler arasındaki en uzak benzerlik ($1,806E+15$) G30 ve G53 (Van-Gevaş orijinli) genotipleri arasında belirlenmiş ve bu genotipleri sırasıyla G30, G37 ($1,766E+15$) (Van-Gevaş orijinli) ile G30, G49 ($1,758E+15$) (Van-Gevaş orijinli) arasındaki benzerlikler takip etmiştir.

Birleştirilmiş fenotipik-moleküler Öklid çalışmasında genotipler arasında diğer genotiplere benzerliği ortalama olarak en yüksek olan genotip G47 ($1,110E+15$) (Van-Gevaş orijinli) olarak belirlenmiş ve bu genotipi G41 (Van-Gevaş orijinli) ile G51 (Van-Gevaş orijinli) genotipleri ($1,128E+15$), daha sonra ise G64 ($1,129E+15$) (Bitlis-Adilcevaz orijinli) genotipi takip etmiştir. Genotipler arasında diğer genotiplere benzerliği ($1,514E+15$) ortalama olarak en düşük olan genotip G30 (Van-Gevaş orijinli) olarak belirlenmiş ve bu genotipi G89 ($1,378E+15$) (Standart çeşit-Lodi) ve daha sonra da G12 ($1,373E+15$) (Bitlis-Tatvan orijinli) genotipi takip etmiştir.

Birleştirilmiş fenotipik-moleküler Öklid çalışmasında elde edilen dendrogramın incelenmesiyle, G30 (Van-Gevaş orijinli) genotipinin diğer genotiplerden çok farklı bir dallanma ve pozisyonda olduğu belirlenmiştir. Geriye kalan diğer genotipler iki gruba ve bu genotiplerde kendi aralarında iki alt gruba ayrılmıştır. Ayrıca, bodur-sarıcı, beyaz, diğer tek renkli ve çok renkli tohumlar ve Orta Amerika (Mesoamerican) ile Güney Amerika (Andean)

orijinli genotiplerde kendi aralarında grup oluşturmuşlardır.

Van Gölü havzası fasulye genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik değişik populasyonlara ayrılarak ISSR, RAPD ve ISSR-RAPD belirteçleri kullanılarak ayrıca belirlenmiştir. (Çizelge 3).

Fasulye genotiplerinde ISSR verileri üzerinde istatistiksel varyasyon ölçütleri genele göre yüksek genetik çeşitlilik ve oldukça yüksek bir polimorfizm göstermiştir. ISSR verilerinden elde edilen genetik çeşitlilik ve polimorfizm oranı, RAPD ve birleştirilmiş ISSR-RAPD verileri ile değerlendirilen genotiplere göre nispeten daha yüksek olarak belirlenmiştir. Yörelere göre istatistiksel varyasyon ölçütlerinin, genotiplerdeki populasyon yapısının genotiplerin alındıkları yerlere bağlı olarak farklılık içerdiklerini göstermiştir. Bitlis-Tatvan başta olmak üzere Van-Gevaş ve Van-Erciş genotipleri arasında diğer yörelere göre nispeten daha yüksek bir genetik çeşitlilik belirlenmiştir.

Özellikle Van-Gevaş genotipleri arasındaki polimorfizm oranı oldukça yüksek bulunmuştur. Tohum renklerine göre hemen hemen aynı oranda bir genetik çeşitlilik bulunmuş ve polimorfizm oranı açısından beyaz ve diğer tek renkli genotiplerin aynı oranda yüksek bir polimorfizm gösterdikleri görülmüştür. Gen havuzuna göre Güney Amerika ve Orta Amerika populasyonlarındaki genetik çeşitlilik hemen hemen aynı bulunmuş ve her iki populasyonda da oldukça yüksek çıkan polimorfizm değeri Güney Amerika grubunda çok daha yüksek bir oranda belirlenmiştir. Büyüme şekline göre sarılıcı genotipler bodur genotiplerden daha yüksek bir genetik çeşitlilik göstermiş ve sarılıcı genotipler de polimorfizm oranı oldukça yüksek bulunmuştur.

Çizelge 3 Fasulye genotipleri arasında değişik populasyonlara göre ölçülen bazı varyasyon ölçütleri
Table 3 The some variation values among the bean genotypes measured by different population

| Populasyon | ISSR | | | | RAPD | | | ISSR-RAPD | | |
|-----------------------|------|--------|--------|-------|--------|--------|-------|-----------|--------|-------|
| | N* | H | I | P | H | I | P | H | I | P |
| Genel | 95 | 0,2368 | 0,3677 | 98,17 | 0,2103 | 0,3226 | 93,42 | 0,23 | 0,3561 | 96,95 |
| Yörelere göre | | | | | | | | | | |
| Van-Merkez | 4 | 0,1632 | 0,2423 | 43,84 | 0,1029 | 0,1490 | 25,00 | 0,1477 | 0,2183 | 38,98 |
| Van-Bahçesaray | 5 | 0,1107 | 0,1681 | 33,33 | 0,0756 | 0,1143 | 22,37 | 0,1017 | 0,1542 | 30,51 |
| Van-Edremit | 5 | 0,1100 | 0,1640 | 30,14 | 0,1099 | 0,1623 | 28,95 | 0,1100 | 0,1636 | 29,83 |
| Van-Erciş | 11 | 0,2088 | 0,3197 | 69,41 | 0,1857 | 0,2834 | 60,53 | 0,2029 | 0,3104 | 67,12 |
| Van-Gevaş | 31 | 0,2138 | 0,3320 | 80,82 | 0,1942 | 0,2980 | 73,68 | 0,2088 | 0,3232 | 78,98 |
| Bitlis-Adilcevaz | 16 | 0,1703 | 0,2580 | 54,34 | 0,1681 | 0,2510 | 51,32 | 0,1698 | 0,2562 | 53,56 |
| Bitlis-Tatvan | 13 | 0,2214 | 0,3379 | 73,06 | 0,1872 | 0,2766 | 52,63 | 0,2126 | 0,3221 | 67,80 |
| Standart çeşit | 10 | 0,1795 | 0,2722 | 55,71 | 0,1712 | 0,2578 | 53,95 | 0,1774 | 0,2685 | 55,25 |
| Tohum renklerine göre | | | | | | | | | | |
| Beyaz | 26 | 0,2323 | 0,3594 | 85,84 | 0,2007 | 0,3115 | 80,26 | 0,2242 | 0,3471 | 84,41 |
| Diğer tek renkli | 47 | 0,2231 | 0,3471 | 86,76 | 0,1954 | 0,2995 | 77,63 | 0,2160 | 0,3348 | 84,41 |
| Çok renkli | 22 | 0,2073 | 0,3155 | 68,95 | 0,1769 | 0,2679 | 61,84 | 0,1994 | 0,3032 | 67,12 |
| Gen havuzuna göre | | | | | | | | | | |
| Güney Amerika | 66 | 0,2231 | 0,3469 | 92,69 | 0,2080 | 0,3187 | 88,16 | 0,2192 | 0,3396 | 91,53 |
| Orta Amerika | 29 | 0,2353 | 0,3618 | 83,11 | 0,1889 | 0,2889 | 71,05 | 0,2233 | 0,3433 | 80,00 |
| Büyüme şekline göre | | | | | | | | | | |
| Bodur | 15 | 0,1925 | 0,2946 | 65,30 | 0,1988 | 0,3033 | 68,42 | 0,1941 | 0,2969 | 66,10 |
| Sarılcı | 80 | 0,2382 | 0,3689 | 96,35 | 0,2033 | 0,3095 | 85,53 | 0,2292 | 0,3536 | 93,56 |

N*= Populasyondaki genotip sayısı, H=Nei'nin genetik çeşitlilik indeksi, I= Shannon'un genetik çeşitlilik indeksi, P= Polimorfizm oranı

RAPD verileri üzerinde istatistiksel varyasyon ölçütleri genele göre yüksek genetik çeşitlilik ve polimorfizm oranı da oldukça yüksek bir değerde görülmüştür. Yörelere göre Van-Gevaş ve Van-Erciş genotipleri genetik çeşitlilik ve polimorfizm oranı bakımından diğer populasyonlara göre daha yüksek bulunmuştur. Tohum renklerine göre beyaz ve diğer tek renkli genotiplerdeki genetik çeşitlilik benzer oranda bulunmuş ve beyaz tohum rengine sahip genotiplerdeki polimorfizm oranı daha yüksek olarak belirlenmiştir. Gen havuzuna göre Güney Amerika orijinli genotipler Orta Amerika orijinli genotiplere göre daha fazla genetik çeşitlilik ve polimorfizm göstermiştir. Büyüme şekillerine göre genetik çeşitlilik bakımından her iki populasyonda benzer değerleri göstermiş fakat polimorfizm oranı sarılcı genotiplerde yüksek oranda bulunmuştur.

Birleştirilmiş ISSR-RAPD verileri üzerinde değerlendirilen fasulye genotiplerindeki genetik çeşitlilik ve polimorfizm oranı genele göre yüksek bulunmuştur. İstatistiksel varyasyon ölçütleri, değerlendirilen genotiplerdeki populasyon yapısının genotiplerin yörelere bağlı olarak farklılık içerdiklerini göstermiştir. Van-Erciş, Van-Gevaş ve Bitlis-Tatvan genotipleri benzer oranda ve en yüksek genetik çeşitlilik ile polimorfizmi göstermiştir. Van-Edremit ve Van-Erciş genotiplerinde benzer oranda genetik çeşitlilik ve polimorfizm oranı göstermiştir. Bitlis-Tatvan genotiplerinin genetik çeşitlilik ve polimorfizm oranı Bitlis-Adilcevaz populasyonunun genotiplerine göre daha yüksek bulunmuştur. Tohum renklerine göre beyaz ve diğer tek renkli genotipler benzer oranda genetik çeşitlilik ve aynı oranda da yüksek polimorfizm göstermişlerdir. Gen havuzuna göre, benzer oranda bir genetik çeşitliliğin yanında yine Andean grubu genotiplerinin yüksek polimorfizm değeri göze çarpmıştır. Büyüme şekillerine göre sarılcı genotipler, bodur

genotiplere göre daha yüksek genetik çeşitlilik ve oldukça yüksek bir polimorfizm oranı göstermiştir.

Fasulye genotipleri arasındaki genetik akrabalık derecelerinin belirlenmesinde fenotipik ve moleküler yöntemlerden yararlanılmıştır. Fenotipik karakterizasyonda fasulye genotiplerine ait 71 adet ölçüm veya gözlem sonuçlarından yararlanılmıştır.

Moleküler yöntemde, sağlıklı okunabilir bantlar veren 28 ISSR ve 10 RAPD primerlerinden yararlanılmıştır. Daha sonra, primerlerden elde edilen bantların varlığı (1) ya da yokluğu (0) şeklinde belirlenerek, ISSR primerlerinden 219, RAPD primerlerinden ise 76 adet polimorfik belirteç moleküler karakterizasyonda kullanılmıştır. Çalışmada ISSR ve RAPD belirteçlerinin kullanılma nedeni, ISSR belirteçlerinin SSR, AFLP ve RAPD belirteçlerinin çoğu avantajını içeren hızlı, basit bir metot olması ve yüksek derecede polimorfizm göstermesi (Pradeep Reddy ve ark., 2002; Gostimsky ve ark., 2005); RAPD belirteçlerinin ise genetik kaynaklar arasındaki çeşitlilik, bitki populasyonundaki bireyler arasındaki ilişkilerin tespitinde ve genetik haritalama çalışmalarında en fazla kullanılan yöntemlerden birisi olmasının yanında diğer yöntemlere göre daha kullanışlı hızlı ve ucuz olmasıdır. (Sensoy ve ark., 2007; Gostimsky ve ark., 2005; Gülşen ve Mutlu, 2005; Jose ve ark., 2009).

Tiwari ve ark. (2005), Himalaya'dan topladıkları 99 fasulye genotipini 60 RAPD primerinden seçtikleri 10 primer ile incelemişlerdir. Çalışmada 123 adet bant elde etmişler ve bu bantların 121 tanesi polimorfik çıkmıştır. Başka bir çalışmada, Marotti ve ark. (2006), 16 adet İtalyan fasulyesinin genetik farklılığını ve 4 ticari çeşitle akrabalık derecelerini RAPD ve ISSR belirteçleri ile araştırmışlardır. ISSR'de %85, RAPD'de %69 oranında yüksek yoğunluklu polimorfik bant elde etmişlerdir. Yapılan bu çalışmada ise RAPD yönteminde %95,00 ve

ISSR yönteminde ise %97,32 oranında polimorfik bant elde edilmiştir. Yapılan bu çalışmalara bakıldığında, ISSR ve RAPD yöntemlerinin genetik ayırtmayı belirlemede önemli belirteçler olduğu kanısına varılmaktadır. Ayrıca Galvan ve ark. (2005), bizim yaptığımız çalışmayla diğer çalışmaların uyumlu olarak, fasulye genotipleri arasındaki genetik akrabalık derecelerinin ve genetik varyasyonun belirlenmesinde ISSR yönteminin RAPD' e göre daha başarılı olduğunu bildirmişlerdir.

Sarıkamış ve ark., (2009) Van ili Erciş ve Gevaş ilçelerinden topladıkları 28 fasulye genotipini 10 SSR markırı ve 7 morfolojik özelliğe bakarak incelemiş ve bu bölgelerdeki genotiplerin benzerlik oranlarının %98'in altında olmadığını belirtmişlerdir. Oysaki bizim çalışmamızda çok sayıda moleküler ve fenotipik belirteçlerden elde edilen sonuçlarda yöre fasulyeleri arasında çok yakın benzerlikler bulunamamıştır. Bu durum yöreler arasındaki zengin genetik çeşitlilikten kaynaklanmaktadır.

Gen kaynakları yönetiminde morfolojik ve moleküler verilerin birlikte kullanılması daha iyi bir karakterizasyon sağlamaktadır (Chiorato ve ark., 2006). Bu anlamda çalışmada elde edilen fenotipik-moleküler verilerin birleştirilmesiyle oluşturulan 356 belirteçli veri Öklid katsayısına göre değerlendirilmiştir. Birleştirilmiş fenotipik-moleküler verilerden elde edilen dendrogram, genotipler arasındaki en yakın benzerliklerin G41-G47 (6,633E+14) (Van-Gevaş orijinli), G66-G73 (7,211E+14) (Bitlis-Adilcevaz orijinli) ve G47-G51 (7,280E+14) (Van-Gevaş orijinli) arasında; genotipler arasındaki en uzak benzerliklerin de G30-G53 (1,806E+15) (Van-Gevaş orijinli), G30-G37 (1,766E+15) (Van-Gevaş orijinli) ve G30-G49 (1,758E+15) (Van-Gevaş orijinli) arasında olduğunu göstermiştir. Elde edilen verilerin fenolojik verilerle genelde uyumlu olduğu belirlenmiştir.

Genotipler arasında diğer genotiplere benzerliği ortalama olarak en yüksek olanlar; G47 (1,110E+15) (Van-Gevaş orijinli), G41 (1,128E+15) (Van-Gevaş orijinli), G51 (1,128E+15) (Van-Gevaş orijinli) ve G64 (1,129E+15) (Bitlis-Adilcevaz orijinli); en düşük olan genotipler ise G30 (1,514E+15) (Van-Gevaş orijinli), G89 (1,378E+15) (Standart çeşit-Lodi), ve G12 (1,373E+15) (Bitlis-Tatvan orijinli) olarak belirlenmiştir. Genotipler arasında diğer genotiplere benzerliği ortalama olarak en düşük olan G30 (en uzun çiçek tomurcuğu, en fazla tomurcuk sayısı, en geniş bakla eni, en iri tohum, en uzun tohum ve en yüksek yüz tane ağırlığı), G89 (en kısa bitki boyu ve en kısa ilk bakla yüksekliği) ve G12 (farklı brakte rengi) genotiplerinin ekstrem özellikleri göze çarpmıştır.

Ayrıca yine G30 (Van-Gevaş orijinli) genotipinin diğer genotiplerden çok farklı bir dallanma ve pozisyonda olduğu ve geriye kalan diğer genotiplerin iki gruba ve bu genotiplerinde kendi aralarında iki alt gruba ayrıldığı göze çarpmıştır. Bunun yanında birleştirilmiş fenotipik-moleküler dendrogram incelendiğinde, bodur (%15,8)-sarılıcı (%84,2), beyaz (%27,36)- diğer tek renkli (%49,47) ve çok renkli tohumlar (%23,00) ve Orta Amerika (%30,5)-Güney Amerika (%69,5) orijinli genotiplerin kendi aralarında grup oluşturmaları dikkati çeken bulgular arasında yer almıştır. Fasulyenin iki ana gen merkezi olarak Orta Amerika ve Güney Amerika gösterilmektedir (Singh, 2001; Chacon ve ark., 2005; Benchamol ve ark., 2007). Çalışmada bu iki gen havuzuna

ait genotipleri belirlemek amacıyla yüz tane ağırlıkları üzerinden tohum büyüklükleri esas alınmıştır. Yüz tane ağırlığı 40 gramın üzerinde olanlar Güney Amerika (Andean), 40 gramın altında olanlar ise Orta Amerika (Mesoamerican) orijinli olarak sınıflandırılmıştır (Singh, 2001). Elde edilen veriler ışığında bu iki gen havuzuna ait genotiplerin farklı şekilde grup oluşturmaları önemli bir bulgu olarak değerlendirilmiştir. Bu çalışmada incelenen fasulye genotiplerinin 66 tanesinin Güney Amerika, 29 tanesinin de Orta Amerika orijinli genotipler olduğu belirlenmiştir. Bizim çalışmamızda elde ettiğimiz verilerin tam tersi olarak, Madakbaş ve ark. (2009), ülkemizdeki tüm fasulyelerin Güney Amerika orijinli olduklarını belirtmişlerdir.

Her ne kadar fasulye kendine döllen bir bitki olsa da %10'a varan bir yabancı döllenme oranı gösterebilmektedir (Tertivanidis ve ark., 2008). Bizim çalışmamızda bu iki gen havuzu kümelenmeleri dışına çıkan genotiplere de rastlanmıştır. Bunun nedeninin de genotiplerin toplandığı yörelerdeki ve araştırmamızın yürütüldüğü alandaki rastladığımız büyük yabancı arıların çiçekleri parçalayarak açmasıyla yabancı döllenmenin oluşması ve bunun sonucunda da genetik etkileşimin ve açılımın gerçekleşmesine neden olduğu düşünülmektedir. Nitekim Asfaw ve ark. (2009)'nın Doğu Afrika'dan (Etiyopya ve Kenya) topladıkları 192 yerel genotipi SSR belirteçleri ve morfolojik yönden inceledikleri çalışmada, genotiplerin Orta Amerika ve Güney Amerika gruplarına ayrıldığını ve ayrıca bu iki grup arasında da rekombinant genotipler olduğunu belirlemişlerdir. Lioi ve ark. (2005), İtalya'da yürüttükleri çalışmada, analiz edilen bütün popülasyonların Güney Amerika ve Orta Amerika olmak üzere 2 gen grubuna ayrılarak, popülasyonlar arasında önemli bir heterojenlik oluştuğunu belirlemişlerdir. Ayrıca Rodino ve ark. (2003)'nın İberia yarımadasından elde ettikleri 188 yerel çeşidin kantitatif ve kalitatif özelliklerini inceledikleri bir çalışmada da çeşitlerin %74,7'sinin Güney Amerika, %16,8'inin Orta Amerika, %8,4'ünün ise bu iki gen merkezi arasındaki rekombinantlar olduğunu belirlemişlerdir. Bizim çalışmamızda ise Orta ve Güney Amerika genotipleri arasında %10 civarında rekombinant bireyler olduğu düşünülmektedir.

Bütün genotipler arasındaki varyasyon değerleri ISSR (H= 0,24, I= 0,37 ve polimorfizm=%98), RAPD (H = 0,21, I = 0,32 ve polimorfizm= %93) ve birleştirilmiş ISSR-RAPD (H = 0,23, I = 0,36 ve polimorfizm %97) verilerinin hepsinde yüksek çıkması Van Gölü havzasındaki zengin genetik çeşitliliği ortaya koymaktadır.

Yörelere göre ISSR moleküler verilerle incelenen fasulye genotiplerinde farklı moleküler verilerle farklı sonuçlar elde edilmiş ve en fazla genetik çeşitlilik Bitlis-Tatvan (H= 0,22, I = 0,34 ve polimorfizm= %73), Van-Gevaş (H = 0,21, I = 0,33 ve polimorfizm= %81) ve Van-Erciş (H = 0,21, I = 0,32 ve polimorfizm= %69) ilçelerinde belirlenmiştir. Yörelere göre Van-Gevaş ilçesindeki yüksek polimorfizm dikkat çekmiştir. Fasulye genotiplerindeki yüksek genetik çeşitlilik, genellikle Van Gölü havzasında fasulye yetiştiriciliğinin en yoğun olarak yapıldığı Van-Gevaş, Bitlis-Tatvan ve Van-Erciş ilçelerinde öne çıkmıştır. Yörelere göre RAPD verileri ile değerlendirilen fasulye genotiplerindeki genetik

varyasyon değerleri, ISSR verileri ile benzer olarak Van-Gevaş ve Van-Erciş ilçelerinde daha yüksek bulunmuştur. Bu bölgeler daha öncede belirtildiği gibi yoğun fasulye yetiştiriciliği yapılan yöreler arasında yer almaktadır. Birleştirilmiş ISSR-RAPD verileri üzerinde değerlendirilen fasulye genotiplerindeki genetik varyasyon ve polimorfizm yörelerine bağlı olarak farklılıklar içererek, Van-Erciş, Van-Gevaş ve Bitlis-Tatvan genotipleri benzer oranda ve en yüksek genetik varyasyonu göstermiştir. Aynı ilin farklı ilçeleri arasında genetik varyasyon değerleri arasındaki farklılıklarda dikkat çekmektedir. Duarte ve ark. (1999) fasulyelerin kültüre alındıkları bölgeler içindeki genetik varyasyonu 0,085 olarak bulurken, bölgeler arasındaki genetik varyasyonu da 0,26 olarak belirlemişlerdir. Çalışmamızda ISSR verileriyle tohum renklerine göre genetik çeşitlilik genelde birbirine paralel olarak belirlenmiş ve polimorfizm oranı açısından beyaz (polimorfizm= %86) ve diğer tek renkli (polimorfizm %87) genotiplerin benzer oranda yüksek bir polimorfizm göstermeleri beyaz ve diğer tek renkli tohumu sahip fasulye genotiplerinin havzadaki varyasyonunun zenginliğini öne çıkarmıştır. RAPD verileriyle tohum renklerine göre beyaz ve diğer tek renkli genotiplerdeki genetik çeşitlilik, benzer ve çok renkli tohumlulara göre fazla oranda bulunmuştur. Bu bulgularla yine ISSR moleküler verilerinin de yansıttığı gibi beyaz ve diğer tek renkli tohumlu genotiplerin bu bölgelerdeki zengin genetik çeşitliliğinin ortaya çıktığı görülmektedir. Yine ISSR ve RAPD verilerine paralel olarak tohum renklerine göre beyaz ve diğer tek renkli genotipler benzer oranda genetik çeşitlilik ve aynı oranda da yüksek polimorfizm göstermiştir. ISSR verileriyle gen havuzuna göre genetik varyasyon değerleri (Güney Amerika- $H = 0,22$, $I = 0,35$ ve polimorfizm= %93), (Orta Amerika- $H = 0,24$, $I = 0,36$ ve polimorfizm= %83) her iki gen havuzunda da paralel olarak belirlenmiştir.

ISSR-RAPD verileriyle gen havuzuna göre, benzer oranda bir genetik çeşitliliğin yanında yine Güney Amerika grubu genotiplerinin yüksek polimorfizm değeri göze çarpmıştır. Blair ve ark. (2006), Güney Amerika ve Orta Amerika gen havuzlarına ait fasulye genotiplerinin genetik varyasyonunu karşılaştırmış ve Güney Amerika gen havuzuna ait genotiplerin (0,356) Orta Amerika gen havuzuna ait genotiplerden (0,302) daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu bulmuşlardır. Cruz ve ark., (2005) Meksika'daki yabani fasulye genotipleri arasındaki genetik varyasyonu $H=0,14$, $I=0,29$ olarak belirlemişlerdir. Blair ve ark., (2007) Güney Amerika gen havuzu içinde genetik varyasyonu Kolombiya genotiplerinde $H= 0,49$, $I= 0,54$ ISSR olarak ve en yüksek değeri Peru (0,39), Nueva Granada (0,38) en düşük değeri ise Şili de (0,32) belirlemişlerdir. Büyüme şekline göre sarılıcı genotiplerin bodur genotiplerden daha yüksek bir genetik çeşitlilik göstermesi ve sarılıcı genotiplerin de polimorfizm oranının oldukça yüksek çıkması havzadaki sarılıcı genotiplerin oluşturduğu genetik çeşitliliğin boyutunu ortaya çıkarmıştır. RAPD verileriyle büyüme şekillerine göre genetik çeşitlilik bakımından her iki popülasyon da benzer değerleri göstermiş, fakat polimorfizm oranı sarılıcı genotiplerde yüksek bulunmuştur. ISSR-RAPD verileriyle büyüme şekillerine göre sarılıcı genotiplerin, bodur genotiplere göre daha yüksek genetik çeşitlilik ve oldukça yüksek bir

polimorfizm oranı göstermesinin sarılıcı genotip sayısının fazla olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Yapılan bu çalışmada Van Gölü havzasındaki yerel fasulye popülasyonunun zengin bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu, fenotipik ve moleküler belirteçler yardımıyla belirlenmiştir. Çalışma sonucunda Van Gölü havzası fasulye genotiplerinin büyük çoğunluğunun (%69,5) Güney Amerika (Andean) gen havuzuna ait olduğu tespit edilmiştir. Her ne kadar popülasyonun bulunduğu gen havuzu içinde heterojenliğin (%10 civarında rekombinant genotipler) olduğu düşünülse de yine de elde edilen bu sonuçla, popülasyonun içinde olduğu gen havuzunun bilinmesi fasulyede yapılacak olan bütün tarımsal faaliyetlerde yol göstermesi açısından yararlı olabilecektir.

Teşekkür

Bu araştırma makalesi 2009-FBE-D017 proje numarası ile Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığınca desteklenen Aytekin Ekincialp'ın doktora tezinden uyarlanmıştır.

Kaynaklar

- Adams MW, Coyne DP, Davis JHC, Grahaw PH, Francis CA. 1985. Common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: Grain Legume Crops. R.J. Summeffeld and E.H. Roberts (eds.), Collins Professional and Technical Books.
- Akashi Y, Fukuda N, Wako T, Masuda M, Kato K. 2002. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo* L., based on the analysis of five isozymes. *Euphytica*, 125: 385-396.
- Angioi SA, Rau D, Attene G, Nanni L, Bellucci E, Logozzo G, Negri V, Spagnoletti Zeuli PL, Papa R. 2010. Beans in Europe: origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. *Theor. Appl. Genet.*, 121: 829-843.
- Anonim, 2016. FAOSTAT. Statistic Database. <http://faostat.fao.org/>
- Asfaw A, Blair MW, Almekinders C. 2009. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the East African highlands. *Theor Appl. Genet.*, 120: 1-12.
- Benchimol LL, Campos T, Carbonell SAM, Colombo CA, Chioratto AF, Formighieri EF, Gouvea LRL, Souza AP. 2007. Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of Mesoamerican and Andean origins using new developed microsatellite markers. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 54: 1747-1762.
- Blair MW, Diaz JM, Hidalgo R, Diaz LM, Duque MC. 2007. Microsatellite characterization of andean races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 116: 29-43.
- Blair MW, Giraldo MC, Buendia HF, Tovar E, Duque MC, Beebe SE. 2006. Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 113: 100-109.
- Ceylan A, Ocal N, Akbulut M. 2014. Genetic diversity among the Turkish common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.) as assessed by SRAP, POGP and cpSSR markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 54: 219-229.
- Chacon SMI, Pickersgill B, Deboucq DG. 2005. Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and the origin of the Mesoamerican and Andean cultivated races. *Theor. Appl. Genet.*, 110: 432-444.

- Chiorato AF, Carbonell SAM, Dias LAS, Moura RR, Chiavegato MB, Colombo CA. 2006. Identification of common bean (*Phaseolus vulgaris*) duplicates using agromorphological and molecular data. *Genetics and Molecular Biology*, 29 (1): 105-111.
- Chiorato FC, Carbonell AMC, Benchimol LL, Chiavegato MB, Dias LAS, Colombo CA. 2007. Genetic diversity in common bean accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data. *Sci. Agric. (Piracicaba, Braz)*, 64 (3):256-262.
- Cruz PE, Gepts P, Garcia-Marin PC, Villareal DZ. 2005. Spatial distribution of genetic diversity in wild populations of *Phaseolus vulgaris* L. Guanajuato and Michoacan, Mexico. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52: 589-599.
- Doyle JJ, Doyle JL. 1987. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. *Phytochem. Bull.*, 19: 11-15.
- Duarte JM, Santos JB, Melo LC. 1999. Genetic divergence among common bean cultivars from different races based on RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology*, 22 (3): 419-426.
- Duran LA, Blair MW, Giraldo MC, Macchiavelli R, Prophete E, Nin JC, Beaver JC. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. *Crop Science*, 45: 1320-1328.
- Ekincialp A, Şensoy S. 2018. Phenotypic and molecular determination of anthracnose disease resistance in Lake Van Basin's bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.). *Legume Research*, 41(1): 135-142.
- Erdinc C, Ekincialp A, Yıldız M, Kabay T, Türkmen O, Sensoy S. 2013. Molecular genetic diversity in Lake Van basin melons (*Cucumis melo* L.) based on RAPD and ISSR markers. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 23(3): 264-270.
- Erdinc C, Turkmen O, Dasgan HY, Sensoy S. 2017. Phenotypic and molecular genetic diversity among some Turkish bean genotypes. *JAPS, Journal of Animal and Plant Sciences*, 27(6): 1963-1973.
- Furan MA, Gebologlu MD. 2017. Yetiştiriciliği Yapılan Bazı Türk Kışniş (*Coriandrum sativum* L.) Çeşitlerinde Genetik Çeşitliliğin ISSR ve SRAP Markörleri Yardımıyla Değerlendirilmesi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 27 (2): 245-251.
- Galvan MZ, Menendez-Sevillano MC, De Ron AM, Santalla M, Balatti PA. 2005. Analysis of diversity in wild and cultivated common beans from Argentina. *Annu. Rpt. Bean Improvement Coop.*, 48: 14-15.
- Galvan MZ, Menendez-Sevillano MC, De Ron AM, Santalla M, Balatti PA. 2006. Genetic diversity among wild common beans from Northwestern Argentina based on morpho-agronomic and RAPD data. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53: 891-900.
- Gostimsky SA, Kokaeva ZG, Konovalov FA. 2005. Studying plant genome variation using molecular markers. *Russian Journal of Genetics*, 41(4): 378-388.
- Gülşen O, Mutlu N. 2005. Bitki biliminde kullanılan genetik markörler ve kullanım alanları. *Alatarım*, 4 (2): 27-37.
- Jose FC, Sudheer Mohammed MM, Thomas G, Varghese G, Selvaraj N, Dorai M. 2009. Genetic diversity and conservation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) landraces in Nilgiris. *Current Science*, 97 (2): 227-235.
- Kaçar O, Çakmak F, Çöplü N, Azkan N. 2004. Bursa koşullarında bazı kuru fasulye çeşitlerinde (*Phaseolus vulgaris* L.) bakteri aşılama ve değişik azot dozlarının verim ve verim unsurları üzerine etkisinin belirlenmesi. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 18 (1): 207-218.
- Khaidizar MI, Haliloglu K, Elkoca E, Aydin M, Kantar F. 2012. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces grown in Northeast Anatolia of Turkey assessed with Simple Sequence Repeat Markers. *Turk. J. Field Crops.*, 17(2):145-150.
- Kumar LS. 1999. DNA markers in plant improvement: An overview. *Biotechnology Advances*, 17: 143-182.
- Kwak M, Gepts P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). *Theor. Appl. Genet.*, 118: 979-992.
- Lioi L, Piergiovanni AR, Pignone D, Puglisi S, Santantonio M, Sonnante G. 2005. Genetic diversity of some surviving on farm Italian common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces. *Plant Breeding*, 124: 576-581.
- Madakbas SY, Sarıkamış G, Başak H, Karadavut U, Yüksel Özmen C., Daşçı MG, Çayan S. 2016. Genetic characterization of green bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions from Turkey with SCAR and SSR markers. *Biochem. Genet.*, 54: 495-505.
- Madakbaş SY, Hız MC, Gültekin Y, Sayar MT. 2009. STS/SCAR belirteçler kullanılarak taze fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) hat ve çeşitlerinde antraknoza (*Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc&Magnus) Lambs. Scrib) dayanıklılık genlerinin tespiti üzerine araştırmalar. XVI. Biyoteknoloji Kongresi, 13-16 Aralık 2009, Antalya, 162-166.
- Marotti I, Bonetti A, Minelli M, Catizone P, Dinelli G. 2006. Characterization of some Italian common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces by RAPD, semi-random and ISSR molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54 (1): 175-188.
- Martins SR, Vences FJ, Saenz de Miera LE, Barroso MR, Carnide V. 2006. RAPD analysis of genetic diversity among and within Portuguese landraces of common white bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Scientia Horticulturae*, 108: 133-142.
- Metais I, Aubry C, Hamon B, Jalouzot R, Peltier D. 2000. Description and analysis of genetic diversity between commercial bean lines (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 101: 1207-1214.
- Onus AN. 1999. *Capsicum*'da bazı marker genler arasında linkage çalışmaları. Türkiye III. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, 14-17 Eylül, Ankara, 474-477.
- Pradeep Reddy M, Sarla N, Siddiq EA. 2002. Inter simple sequence repeat ISSR polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 128: 9-17.
- Rodino AP, Santalla M, Ron AMD, Singh SP. 2003. A core collection of common bean from the Iberian peninsula. *Euphytica*, 131: 165-175.
- Rohlf FJ. 1997. NTSYS-Pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exeter Software, New York.
- Sarıkamış G, Yaşar F, Bakır M, Kazan K, Ergül A. 2009. Genetic characterization of green bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes from eastern Turkey. *Genetics and Molecular Research*, 8 (3): 880-887.
- Sensoy S, Büyükalaca S, Abak K. 2007. Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on phenotypic characters and RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54(6): 1351-1365.
- Sicard D, Nanni L, Porfiri O, Bulfon D, Papa R. 2005. Genetic diversity of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* L. Landraces in central Italy. *Plant Breeding*, 124: 464-472.
- Singh SP. 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A Review. *Crop Science*, 41: 1659-1675.
- Şehirali S, Özgen M, Karagöz A, Sürek M, Adak S, Güvenç İ, Kenar D. 2005. Bitki genetik kaynaklarının korunma ve kullanımı. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası VI. Teknik Kongresi, 253-273.

- Tertivanidis K, Koutita O, Papadopoulos I, Tokatlidis IS, Tamout EG, Pappa-Michailidou V, Koutsika-Sotiriou M. 2008. Genetic diversity in bean populations based on random amplified polymorphic DNA markers. *Biotechnology*, 7 (1): 1-9.
- Tiwari M, Singh NK, Rathore M, Kumar N. 2005. RAPD markers in the analysis of genetic diversity among common bean germplasm from Central Himalaya. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52: 315-324.
- Vural M. 2003. Türkiye'nin tehlike altındaki bitkileri. FAO/BM Tematik Grubu, Türkiye'de Biyolojik Çeşitlilik ve Organik Tarım Çalıştay Raporu, 15-16 Nisan 2003, 168-183.
- Weir BS. 1990 Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data. Sinauer Associates, Sunderland.
- Yeh FC, Yang RC, Boyle TBJ, Ye ZH, Mao JK. 1997. POPGENE, the user Friendly Shareware for Population Genetic Analysis. University of Alberta, Canada. Molecular Biology and Biotechnology Centre.
- Yıldız M, Ekbic E, Keles D, Sensoy S, Abak K. 2011. Use of ISSR, SRAP and RAPD markers to assess genetic diversity in Turkish melons, *Scientia Horticulturae*, 130: 349-353.