

## ÖZET

### PATATESTE (*Solanum tuberosum* L.) BAZI AGRONOMİK VE MORFOLOJİK ÖZELLİKLERİN İLİŞKİ HARITALAMASI

ZIA, Muhammad Abu Bakar  
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Tarımsal Genetik Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman :Prof. Dr. Mehmet Emin ÇALIŞKAN

Temmuz 2018, 187 sayfa

Yeni nesil dizileme (NGS) tekniklerindeki son gelişmeler, DNA dizilemesini hem daha hassas hale getirmiş hem de maliyetini aşağı çekmiştir. Farklı ıslah programlarından temin edilen 237 farklı patates genotipi kullanılarak yapılan bu çalışmada, esas olarak patateste 20 önemli agronomik ve morfolojik özellik açısından bir ilişki haritası oluşturulması amaçlanmıştır. Ayrıca patates ıslah programlarında kullanılacak, her bir özelliğe ilişkili özgün SNP markörlerinin bulunması hedeflenmiştir. İlave olarak tetraploid patateste ilişki haritalaması çalışmaları için farklı istatistiksel modellerin karşılaştırılması yapılmıştır. Fenotipik verilerin elde edildiği tarla denemeleri, 2016 ve 2017 yıllarında beş kontrol çeşidi kullanılarak augmented deneme desenine göre göre yapılmıştır. Genel lineer model, popülasyon yapısı ve ilişki analizi içeren karışık lineer model kullanılarak, 16 farklı SNP markörünün genotiplerimiz ile ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Bazı özellikler için ise hiçbir ilişki saptanmamıştır. Bu çalışma, özgün ve daha önce bilinmeyen gen ve markörlerin belirlenmesinde, polimorfizmlerin genom boyu tespiti ile bilgi temelli bir ilişki haritalamasının birleştirilmesi yaklaşımının önemini ortaya koymuştur. Bu çalışmada bulunan markörler, doğrulama çalışmalarından sonra patates ıslah çalışmalarında aday markörler olarak kullanılabilirler.

*Anahtar Sözcükler:* Yeni nesil dizileme, ilişkilendirme haritası, SNP, patates

## SUMMARY

### ASSOCIATION MAPPING OF SOME AGRONOMIC AND MORPHOLOGICAL TRAITS IN POTATO (*Solanum tuberosum* L.)

ZIA, Muhammad Abu Bakar  
Niğde Ömer Halisdemir University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Agricultural Genetic Engineering

Supervisor :Prof. Dr. Mehmet Emin ÇALIŞKAN

July 2018, 187 pages

Recent progress in next generation sequencing (NGS) techniques has made DNA sequencing as high throughput and very cost effective. This study is mainly aimed to perform an association mapping in potato for 20 important agronomic and morphological traits using 237 diverse potato genotypes from different breeding programs. It was aimed to explore novel Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markers which could be used as selection marker in potato breeding programs related with each trait in potato. It was also compared the effectiveness of different statistical models for association mapping studies in tetraploid potato. Field experiments for phenotypic data were conducted in 2016 and 2017 in augmented design using five check cultivars. Using a general linear model, mixed linear model including population structure and kinship for association analysis, 16 different SNP markers were found to be associated to the phenotypic trait. Some of the traits also remained unassociated. This study shows the value of combining a knowledge-based association mapping approach with genome-wide discovery of polymorphisms as a tool for the detection of novel and non-obvious candidate genes and markers. The markers found in this study can be used as candidate markers after validation for potato breeding studies in the future.

*Keywords:* Next generation sequencing, association mapping, SNP, Phenotyping, potato