

ÖZET

HİBRİT ÇEŞİT GELİŞTİRMEDE KULLANILACAK SOĞAN (*Allium cepa* L.) GENOTİPLERİNDE ÇEKİRDEK ERKEK KISIRLIK GENİ ALLELLERİ İLE BAĞLI MOLEKÜLER MARKIRLARIN BAĞLANTI POZİSYONUNUN TESPİTİ

TEKELİ, Fadime Özen

Niğde Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Genetik Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Ali Fuat GÖKÇE

Eylül 2015, 106 sayfa

Bu tez çalışmasında soğan (*Allium cepa* L.) ve şalot (*Allium ascalonicum* L.) türlerinden olmak üzere toplamda 120 adet bireysel soğan genotipi bitkisel materyal olarak kullanılmıştır. 68 adet erkek kısır (S-*msms*, A hattı) ve 16 adet idameci (N-*msms* B hattı) soğan genotipleri resesif *ms* allel kaynağı olarak kullanılmıştır. Sitotipini ve erkek kısırılık lokusuna bağlı moleküler markır allellerinin frekans dağılımını belirlemek için ise; 36 adet sitotipi ve çekirdek genotipi bilinmeyen şalot genotipi kullanılmıştır. Sitoplazma tipleri yönünden 64 tanesi S-, 13 tanesi N-, 5 tanesi ise karışık (S-, N- veya T-); şalotlarda 5 tanesi S-, 23 tanesi N-, 8 tanesi ise T-sitoplazmik çıkmıştır. GAF08 ile GAF09 primer kombinasyonunun ürettiği 659 bç bant ve GAF10 ile GAF11 primer kombinasyonunun ürettiği 490 bç bant bağlantı eşitsizliğinde bulunmuştur. Ayrıca 659 bç ve 490 bç bant kendi aralarında da bağlantı eşitsizliğinde bulunmuştur. Şalotlarda ise GAF08 ile GAF09 primer kombinasyonunun ürettiği 659 bç bant ve GAF10 ile GAF11 primer kombinasyonunun ürettiği 490 bç bant bağlantı eşitsizliğinde bulunmuştur.

Anahtar kelimeler: Allium cepa L., hibrit çeşit, moleküler markır, bağlantı pozisyonu

SUMMARY

DETECTION OF LINKAGE PHASE OF THE MOLECULAR MARKERS AND NUCLEAR MALE STERILITY GENE ALLELES IN ONION (*Allium cepa* L.) GENOTYPES TO BE USED FOR HYBRID CULTIVAR DEVELOPMENT

TEKELI, Fadime Ozen

Nigde University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Agricultural Genetic Engineering

Supervisor: Assistant Professor Ali Fuat GOKCE

September 2015, 106 pages

Total of 120 individual onion genotypes were used as plant material from onion (*Allium cepa* L.) and shallot (*Allium ascalonicum* L.) species in this theses research. Sixtyeight male sterile (S-*msms*, A line) and 16 maintainer (N-*msms*, B line) were used as recessive (*ms*) allele sources. Additionally 36 individual shallot genotypes were used to determine cytotype and distribution of male sterility locus linked molecular marker allele frequencies from shallot. Regarding cytotypes 64 genotypes were in S-, 13 genotypes were in N-, 5 genotypes were in mixed (S-, N-, or T-) cytoplasmic; out of 36 shallot genotypes determined, 5 genotypes were in S-, 23 genotypes were in N-, and 8 genotypes were in T-cytoplasmic type. Nuclear recessive *ms* allele was found at linkage disequilibrium with 659 bp and 490 bp bands produced by GAF08 with GAF09 and GAF10 with GAF11 primer combination, respectively. Additionally, 659 bp and 490 bp bands were at linkage disequilibrium as well. The 659 bp and 490 bp bands produced by the GAF08 with GAF09 and GAF10 with GAF11 primer combinations, respectively, were found in linkage disequilibrium in shallot genotypes.

Keywords: Allium cepa L., hybrid cultivar, molecular marker, linkage phase