

ÖZET

SOĞAN (*Allium cepa* L.) ISLAH PROGRAMINDA ADAY HATLARIN OLUŞTURULMASI VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

HANCI, Fatih

Niğde Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Genetik Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman

:Yrd. Doç. Dr. Ali Fuat GÖKÇE

Ağustos 2016, 203 sayfa

Bu doktora tez çalışması 96 soğan (*Allium cepa* L.) genotipinin performanslarını belirlemek, aralarındaki morfolojik ve moleküler farklılıkları ortaya koymak amacıyla, 2012 ve 2015 yılları arasında yürütülmüştür. Morfolojik özelliklerin belirlenmesi için, UPOV tanımlama listesinde belirtilen 31 karakter incelenmiştir. Temel bileşenler analizinde, ilk üç bileşen varyasyonun % 44,93'ünü açıklamıştır. Öklid uzaklıklarına göre Ward yöntemiyle yapılan kümeleme analizinde, genotipler iki ana gruba ayrılmıştır. En yüksek korelasyon katsayıları, yalancı gövde çapı ile baş ağırlığı ($r = 0,84$) arasında bulunmuştur. Genotipler, 46 SSR primer çifti kullanılarak moleküler olarak karakterize edilmiştir. Taranan bu belirteçlerden 308 allel elde edilmiş, bunların 303 tanesi polimorfik bulunmuştur. UPGMA analiziyle oluşturulan dendrogramda, 96 genotip beş gruba ayrılmış, Dice benzerlik katsayıları 0,407 ile 0,767 arasında değişmiş, ortalama olarak 0,587 bulunmuştur.

Anahtar Sözcükler: Soğan, karakterizasyon, genetik çeşitlilik, moleküler belirteç, temel bileşenler analizi

SUMMARY

DEVELOPMENT OF CANDIDATE INBRED LINES AND THEIR MOLECULAR CHARACTERIZATION IN ONION (*Allium cepa* L.) BREEDING PROGRAM

HANCI, Fatih

Nigde University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Agricultural Genetic Engineering

Supervisor : Assistant Professor Dr. Ali Fuat GÖKÇE

August 2016, 203 pages

This PhD thesis study was performed to evaluate performance of 96 onion (*Allium cepa* L.) genotypes, and to determine morphological and molecular diversity among them between 2012 and 2015. Related to the morphological characterization, 31 traits were investigated according to UPOV descriptor list. The first three Eigen values explained the 44,93% of total variation evaluated by Principal Component Analysis (PCA). The genotypes were grouped into two main clusters based on Euclidean distance following Ward's method in UPGMA cluster analysis. The highest correlation coefficients were observed between diameter of pseudostem and bulb weight ($r=0,84$). Genotypes were molecularly characterized by using 46 SSR primer pairs. By screening with these markers, 308 alleles were identified, 303 of which were polymorphic. A dendrogram based on UPGMA analysis grouped the 96 genotypes into five main clusters with Dice's similarity coefficient ranging from 0,407 to 0,767 with an average of 0,587.

Keywords: Onion, characterization, genetic diversity, molecular markers, principal component analysis