

EK-1

**Susam (Sesamum indicum L.)’da Genomik ve Metabolomik
Karakterizasyon**

Proje No: 108O478

**PROF. DR. SAMİ DOĞANLAR
PROF. DR. ANNE FRARY
PROF. DR. BÜLENT UZUN
ŞEYMUS FIRAT**

Ağustos 2012

İZMİR

ÖNSÖZ

Susam (*Sesamum indicum* L.) Asya, Afrika, Güney ve Kuzey Amerika'nın tropik ve sub-tropik bölgelerinde yetiştirilen önemli bir yağlık tohumlu bitki türüdür. Tohumlarında içerdiği önemli bazı bileşikler nedeni ile besin değeri ve sağlık açısından da giderek popülaritesi artan bir ürün durumuna gelmektedir. Tarımı daha çok az gelişmiş ülkelerde yapıldığı için ekonomik öneme sahip diğer türlere kıyasla bilimsel çalışmalar açısından ihmal edilmiş bir üründür. Önerilen bu proje ile susam bitkisi için genomik araçların geliştirilmesi esas olarak amaçlanmıştır. Bu amaç için bir Türk susam çeşiti (Muganlı-57) kullanılarak genomik dizileme (sekanz) yapılmıştır. Bu diziler kullanılarak susam için genomik SSR markörleri geliştirilmiştir. Ayrıca, halka açık gen veritabanlarından susam için depolanmış diziler kullanılarak EST-SSR markörleri geliştirilmiştir. Geliştirilen bu markörler proje kapsamında Türk ve dünya susam germplazmaları için genetik çeşitlilik analizlerinin yapılmasında ve ürün için bir moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulmasında kullanılmıştır. Bu proje TÜBİTAK tarafından Doç. Dr. Sami DOĞANLAR'a sağlanan destekle tamamlanmıştır (TÜBİTAK 108O478).

İÇİNDEKİLER

ÖZET	7
ABSTRACT	8
1. GİRİŞ	9
2. GENEL BİLGİLER	10
3. GEREÇ VE YÖNTEM	12
3.1. Çalışmada Kullanılan Bitkisel Materyaller	12
3.2. Morfolojik Karakterizasyon	16
3.3. SSR Markörlerinin Geliştirilmesi	17
3.3.1. EST Dizilerinden SSR Markörlerinin Geliştirilmesi	18
3.3.2. Genomik Dizilerden SSR Markörlerinin Geliştirilmesi	18
3.4. AFLP Analizleri	19
3.5. Veri Analizleri	20
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	21
4.1. Türk Susam Koleksiyonundaki Genetik Çeşitliliğinin Belirlenmesi	21
4.1.1. Morfolojik Karakterizasyon	21
4.1.2. Moleküler Karakterizasyon	49
4.1.2.1. SSR Analizleri	50
4.1.2.2. AFLP Analizleri	52
4.2. Susam İçin Moleküler Genetik Bağlantı Haritasının Oluşturulması	57
4.2.1. Populasyonların Oluşturulması	57
4.2.2. Susam İçin Moleküler Genetik Bağlantı Haritasının Oluşturulması	59
4.2.3. Genomik-SSR Markörlerinin Geliştirilmesi	68
4.2.4. HRM Analizleri	70
4.2.5. Susam F2 populasyonunda Moleküler Genetik Bağlantı Haritasının Oluşturulması	73
4.2.6. Susam Dünya Koleksiyonunda Genetik Çeşitliliğin SSR Markörleri İle İncelenmesi	77
4.2.7. Almanya'da Proje Kapsamında Yürütülen Aktiviteler	81
4.2.7.1. RIL Populasyonlarının Geliştirilmesi	81
4.2.7.2. AFLP Analizleri	81
4.2.7.3. HPLC Analizleri	82
5. SONUÇLAR	84
KAYNAKLAR	85
PROJE ÖZET BİLGİ FORMU	88

TABLO LİSTELERİ

Tablo 1. Türk Susam Genotipleri (tohum örnekleri), Pedigri Numaraları, Kaynaklar ve Lokasyonları	13
Tablo 2. Çalışmada Kullanılan ve Değişik Ülkelere Ait Susam Tohum Örnekleri	15
Tablo 3. Genetik Haritalama Çalışmasında Kullanılan RIL Populasyonunun Listesi	16
Tablo 4. 2009 ve 2010 Yıllarında Ölçülen Morfolojik Karakterlerin Ortalamaları	23
Tablo 5. 2009 Yılında Yetiştirilen Susam Tohum Örneklerinin Agro-morfolojik Karakterlerine Ait Elde Edilen Veriler	24
Tablo 6. 2010 Yılında Yetiştirilen Susam Tohum Örneklerinin Agro-morfolojik Karakterlerine Ait Elde Edilen Veriler	30
Tablo 7. Susam Tohum Örneklerinin Agro-morfolojik Karakterlerine Ait Elde Edilen 2009 ve 2010 Yılları Ortalama Verileri	36
Tablo 8. AFLP Primer Kombinasyonları, Polimorfik Parçacık Sayısı ve PIC Oranı	52
Tablo 9 RIL Populasyonunun Listesi	57
Tablo 10. RIL Populasyonu DNA Miktarları	59
Tablo 11. F2 Populasyonu DNA Miktarı	63
Tablo 12. Polimorfik Bulunan AFLP Primer Kombinasyonları ve Fragment Sayıları	66
Tablo 13. RIL Populasyonu AFLP Markörleri Ki-square Değerleri	67
Tablo 14. Genomik - SSR Motifleri ve Sayısı	69
Tablo 15. Susam İçin Geliştirilen HRM Protokolü	72
Tablo 16 <i>Sesamum indicum</i> Afrika ve <i>Sesamum indicum</i> Kore Arasında Polimorfik SSR İşaretleyicileri	73
Tablo 17 <i>Sesamum indicum</i> Muganlı ve <i>Sesamum alatum</i> Arasında Polimorfik SSR İşaretleyicileri	74
Tablo 18 Muganlı 57 x alatum F2 Populasyonunda siSSR51 Markörüyle 21 Bireyde Elde Edilen Ürün Büyüklükleri	75
Tablo 19 Genetik Çeşitlilik Analizinde Kullanılan SSR İşaretleyicilerinin Polimorfizm Bilgi İçeriği Değerleri	78

ŞEKİL LİSTELERİ

Şekil 1. 2009 Yılı Genetik Materyalin Ekileceği Tarla Parsellerinin Hazırlanması ve Ekimi	21
Şekil 2. 2009 Yılı Denemede Kullanılan Materyallerin İlk Çıkış ve Çiçeklenme Öncesi Durumları	22
Şekil 3. 2010 Yılı Genetik Materyalin Ekileceği Tarla Parsellerinin Hazırlanması ve Ekimi	22
Şekil 4. 2010 Yılı Denemede Kullanılan Materyallerin İlk Çıkış ve Çiçeklenme Öncesi Durumları	22
Şekil 5. 160 Susam Genotipi İçin Büyüme Şekli Histogram Analizi	42
Şekil 6. 160 Susam Genotipi İçin Dallanma Durumu Histogram Analizi	42
Şekil 7. 160 Susam Genotipi İçin Kapsül Çatlatma Durumu Histogram Analizi	42
Şekil 8. 160 Susam Genotipi İçin Sap Tüylüğü Histogram Analizi	43
Şekil 9. 160 Susam Genotipi İçin Yaprak Tüylüğü Histogram Analizi	43
Şekil 10. 160 Susam Genotipi İçin Yaprak Koltuğunda Çiçek Sayısı Histogram Analizi	44
Şekil 11. 160 Susam Genotipi İçin Kapsülde Karpel Sayısı Histogram Analizi	44
Şekil 12. 160 Susam Genotipi İçin Kapsül Tüylülüğü Histogram Analizi	45
Şekil 13. 160 Susam Genotipi İçin İlk Çiçek Tarihi Histogram Analizi	45
Şekil 14. 160 Susam Genotipi İçin % 50 Çiçeklenme Tarihi Histogram Analizi	46
Şekil 15. 160 Susam Genotipi İçin İlk Kapsül Yüksekliği Histogram Analizi	46
Şekil 16. 160 Susam Genotipi İçin Bitki Boyu Histogram Analizi	47
Şekil 17. 160 Susam Genotipi İçin Bitkide Dal Sayısı Histogram Analizi	47
Şekil 18. 160 Susam Genotipi İçin Kapsül Sayısı Histogram Analizi	48
Şekil 19. 160 Susam Genotipi İçin Kapsülde Tohum Sayısı Histogram Analizi	48
Şekil 20. 2009 ve 2010 Yıllarında Susam Genotipleri İçin Toplanan Agro-morfolojik Karakterlere Ait Veriler İçin Temel Bileşenler Analizi (PCA)	49
Şekil 21. Susam Genetik Kaynaklarının Temsil Eden Bazı Susam Genotiplerinin Bitki Büyütme Odasındaki Gelişme Durumları	50
Şekil 22. 160 Susam Genotipinde SSR Sonuçlarına Göre Oluşturulan Filogenetik Ağaç	51
Şekil 23. 160 Susam Genotipinde AFLP Sonuçlarına Göre Oluşturulan Filogenetik Ağaç	54
Şekil 24a. 160 Susam Genotipinde AFLP Sonuçlarına Göre Grup A İçin Oluşturulan ve Daha İyi Okunabilmesi İçin Yeniden Çizilen Filogenetik Ağaç	55
Şekil 24b. 160 Susam Genotipinde AFLP Sonuçlarına Göre Grup B İçin Oluşturulan ve Daha İyi Okunabilmesi İçin Yeniden Çizilen Filogenetik Ağaç	55
Şekil 24c. 160 Susam Genotipinde AFLP Sonuçlarına Göre Grup C İçin Oluşturulan ve Daha İyi Okunabilmesi İçin Yeniden Çizilen Filogenetik Ağaç	56
Şekil 25 AFLP Verileri İle Susam Genotipleri İçin Oluşturulan Temel Bileşen Analizleri Sonuç Grafiği	56
Şekil 26 Sesamum indicum x Sesamum alatum Arasında Yapılan Melezleme Çalışmaları Sonucunda Elde Edilen Bitkilerin Yaprak, Çiçek ve Meyveleri Gösterilmiştir	58
Şekil 27 Geliştirilen F ₁ 'lerin Gerçek Melez Olduğunu Göstermek Üzere siSSR18 Markörüyle Yapılan Moleküler Çalışma.	59

Şekil 28 AFLP Primer Kombinasyonunun Anaçlara ve Bazı RIL Populasyonuna Ait Bitkilere Uygulanması	66
Şekil 29 Genomik dizilerden belirlenen SSR motif oranları	70
Şekil 30 İki siSSR Primerinin Africa-3 ve Korea-1 Hatlarındaki HRM Grafikleri Verilmiştir	70
Şekil 31 HRM Analizi Sonucu Polimorfik Bulunan Bir SSR Markörünün Populasyona Uygulanması	72
Şekil 32 A- <i>Sesamum indicum</i> Muganlı 57 siSSR575: 146bp; B- <i>Sesamum alatum</i> siSSR575: 142bp	74
Şekil 33 A- <i>Sesamum indicum</i> Afrika siSSR991: 176bp ve 186 bp (bi-alelik); B- <i>Sesamum indicum</i> Kore siSSR 991: 176bp	75
Şekil 34 AlatumXMuganlı F2 Populasyonu siSSR51 İşaretleyicisi Kapiler Elektorforez Sanal Jel Görüntüleri.	76
Şekil 35 Susam İçin Oluşturulan SSR ve AFLP ye Dayalı Genetik Bağlantı Haritası	77
Şekil 36 73 Susam Genotipinde SSR Sonuçlarına Göre Oluşturulan Filogenetik Ağaç. Germplazm (PI) Numaralarına Göre Oluşturulmuştur	79
Şekil 37 73 Susam Genotipinde SSR Sonuçlarına Göre Oluşturulan Filogenetik Ağaç. Toplandıkları Ülkelere Göre Oluşturulmuştur	80

ÖZET

Susam (*Sesamum indicum* L.) eski dünya’da orijin almış insanlar tarafından kullanılan en eski yağ bitkilerinden birisidir. Son zamanlarda, besin içerikleri ve sağlıkla ilgili özellikleri açısından ilgi çeken bir ürün durumuna gelmiştir. Susam yağı tedavi amaçlı olarak tıbbi uygulamalarda ve ilaç yapmında yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. Ürünün bu önemine rağmen, susam ıslahı, genetiği ve moleküler biyolojisi ile ilgili olarak çok az sayıda araştırma yapılmıştır. Bu durumun sebeplerinden bir tanesi, susam için geliştirilmiş genomik araçların yeterli miktarda olmamasıdır. Önerilen projede bu eksikliği gidermek için susam için genetik araçların geliştirilmesine çalışılmıştır. Bu amaç için Türkiye’de genel ekim alanı bulan bir susam çeşidi olan *Sesamum indicum* cv. Muganlı-57 çeşitinden elde edilen DNA kullanılarak genomik dizileme yapılmıştır ve elde edilen bu diziler 3101 adet SSR markörünün geliştirilmesinde kullanılmıştır. Ayrıca, halka açık gen veritabanlarında mevcut bulunan EST dizilerinde markör geliştirme çalışmalarında kullanılmıştır. Bu çalışma sonucunda 318 adet EST-SSR markörü geliştirilmiştir. Geliştirilen genomik ve EST-SSR markörleri sayıları 160 civarında olan Türk ve 73 adet dünya susam genotiplerinin çeşitlilik analizlerinde kullanılmıştır. Ayrıca, beş adet AFLP primer kombinasyonunda Türk susam çeşitlerinin genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılmıştır. İlâveten, bu materyaller toplamda 17 morfolojik ve agronomik karakter bakımından kantitatif olarak incelenmiştir ve susam tanımlama klavuzuna (IPGRI ve NBPGR 2004) göre değerlendirilmiştir. Geliştirilen bu markörler, ayrıca, *Sesamum indicum* için ilk moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulmasında da kullanılmıştır. Bu amaç için iki haritalama populasyonu geliştirilmiştir. İlk populasyon bir F6-RIL populasyonu olup *Sesamum indicum* var. Korea-1 (Acc. No: 92-3091) x *Sesamum indicum* var. Africa-3 (Acc. No: 95-223) melezlemesinden oluşturulan türleriçi (intraspecific) melezlemelerden türetilmiştir. Ayrıca, *Sesamum indicum* cv. Muganlı 57 x *Sesamum alatum* melezlemesinden türetilen bir F2 populasyonu da çalışmada kullanılmıştır. Genetik bağlantı haritası oluşturmak için proje kapsamında geliştirilen toplam 3419 Genomik-SSR and EST-SSR markörleri haritalama populasyonunun ebevenylerinde testlenmiştir. Türleriçi populasyonda polimorfizm seviyesi çok düşük düzeyde kalmıştır. Türlerarası populasyonda da polimorfizm seviyesi düşük olmasına rağmen bir moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulmasına imkan vermiştir.

ANAHTAR KELİMELER: Susam, Genetik çeşitlilik analizleri, Genetik bağlantı haritası, Mikrosatelitler, SSR, AFLP, Kantitatif Karakter Lokus Analizi, Metabolik Analizler

ABSTRACT

Sesame (*Sesamum indicum* L.) originated in the Old World and is one of the oldest oil seed plants used by humans. Recently sesame has become of more interest for its nutrient and health qualities. Sesame oil is extensively used in therapeutic medical treatments and in production of medicine. Despite this importance very little research has been regarding sesame breeding, genetics and molecular biology. One reason for this is the lack of genomic tools developed for sesame. The project helped to fill this need by developing genomic tools for sesame. In the project, genomic DNA from Muganli-57, a *S. indicum* cultivar that is widely grown in Turkey, was sequenced. The DNA sequence was used to design 3101 SSR markers. Markers were also developed using the publicly available sesame EST sequences from Genbank. This part of the work resulted in 318 EST-SSR markers. The developed genomic and EST-SSR markers were used to analyze the diversity of approximately 160 Turkish and 73 world sesame genotypes. In addition, five AFLP primer combinations were used to analyze the genetic diversity of Turkish sesame accessions. This material was analyzed for 17 morphological and agronomic characters according to the sesame descriptors handbook (IPGRI and NBPGR 2004). The molecular markers were also used to construct the first molecular genetic linkage map for *S. indicum*. Two mapping populations were developed for this purpose. The first population was a F6-RIL population developed from the intraspecific cross *Sesamum indicum* var. Korea-1 (Acc. No: 92-3091) x *Sesamum indicum* var. Africa-3 (Acc. No: 95-223). The second population was an interspecific F2 from the cross *Sesamum indicum* cv. Muganlı 57 x *Sesamum alatum*. A total of 3419 genomic and EST SSRs developed in the project were tested on the parents of the mapping populations. Marker polymorphism within *S. indicum* was very low. Interspecific polymorphism was also low but was sufficient for construction of a molecular genetic linkage map.

KEYWORDS: Sesame, Genetic Linkage Map, Microsatellites, SSR, AFLP, Quantative Trait Loci, Metabolic Analysis

1. Giriş

Susam (*Sesamum indicum* L., 2n=26) Pedaliaceae familyasında yer almaktadır. Pedaliaceae 16 cins ve 60 tür içeren küçük bir familyadır. 60 türün 37'si *Sesamum* genusuna aittir. Susam kendine döllen bir bitkidir fakat yabancı döllenme oranı %4'e kadar çıkabilmektedir (PATHIRANA 1994). Böcek yoğunluğunun fazla olduğu durumlarda çok daha fazla yabancı döllenme oranının oluşması muhtemeldir. Susam özellikle Asya ve Afrika başta olmak üzere çoğunlukla gelişmekte olan ülkelerde yetiştirilen tarihsel olarak eski bir bitki türüdür. Susam ihmal edilmiş bir bitki olarak değerlendirilmesine rağmen, sulamsızın yetiştirilmesi, yüksek sıcaklıklarda tohum ve iyi verim verebilmesi gibi özellikleri nedeni ile üreticiler için avantajlı bir bitkidir (BHAT ve ARK. 1999). 2006 yılı rakamlarına bakıldığında, susam dünyada 7.5 milyon hektar alanda yetiştirilmiştir. Yüksek kalite ve besleyici değeri ile susam yağı oldukça değerli bir üründür (BEDIGIAN 2003). Susam tohumları tahin yapımında, şekerlemelerde ve pastacılıkta yaygın olarak kullanılmaktadır.

Halen Mevcut genetik çeşitliliğe dayanarak susamın Hindistan'dan orijin aldığı düşünülmektedir (BEDIGIAN 2003), ancak susamın bir çok yabancı türü Afrika'da bulunmaktadır (VAN RHEENEN 1981). Günümüze kadar, susam germplasm koleksiyonlarının genetik çeşitliliği hakkında çok az çalışma bulunmaktadır. Bitki çeşitliliğinin sürdürülebilirliği ve çalışılması için germplasm koleksiyonlarının kullanılması ve değerlendirilmesi gerekmektedir. Dünya genelinde 1400 bitki gen bankası koleksiyonlarında yaklaşık 1.5 milyon tohum örneği korunmaktadır. Bu materyallerin saklanması, üretimi ve çoğaltılması yoğun işgücü gerektirmekte, pahalı ve zaman alıcı olmaktadır. Ne var ki, bu tür genetik materyallerin korunması insanlığın geleceği açısından elzemdir. Bitki germplasm kaynaklarının insanlık ve gelecek nesiller açısından önemi Norveç'te 8 milyon dolar yatırımla oluşturulan global tohum mahzeni / korunağı ile daha iyi anlaşılabilir (http://en.wikipedia.org/wiki/Svalbard_Global_Seed_Vault). Bitki genetik kaynaklarının saklanması, bu materyallerin kullanımı bakımından bir anlam ifade etmektedir. Bunların mutlaka karakterize edilmesi gerekmektedir. Germplasm karakterizasyonunun yapılabilmesinde farklı tipteki analizlere ihtiyaç duyulmaktadır. Örneğin, klasik olarak bitkiler bazı morfolojik ve tarımsal özellikleri bakımından incelenmiştir. Ancak, son yirmi yıldır, DNA düzeyinde genetik çeşitlilik çalışmaları özellikle benzerlik tayinlerinde, genotiplerin belirlenmesinde ve ıslah ve koruma programları için tohum örneği seçimlerinde zorunlu hale gelmiştir. Son zamanlarda, metabolik çeşitlilik analizleri bitkilerde biyolojik çeşitliliğin karakterizasyonu için yeni bir yaklaşım olarak ortaya çıkmıştır. Moleküler genetik çeşitlilik analizleri germplasm koleksiyonlarının karakterizasyonu ve idaresine yardımcı olmak üzere geniş bir şekilde kullanılmaktadır. Bu tip analizler genetik olarak farklı materyallerin ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanımına ve aynı zamanda çekirdek koleksiyonlarının oluşturulmasına imkan sağlamaktadırlar. Çekirdek koleksiyon tüm koleksiyonun bir alt grubudur (genellikle % 10) ve en az sayıda birbirinin aynı olan birey ile tüm genetik çeşitliliği ifade etmektedir (FRANKEL 1984). Çekirdek koleksiyonları küçük, idaresi nispeten kolay ve daha ekonomik oldukları için bütün koleksiyona göre daha iyi düzeyde ve tam anlamıyla karakterize edilebilmektedir. Örneğin, XIURONG ve ark. (2000) Çin'de susam için bir çekirdek koleksiyon oluşturmuşlardır. Çalışmada 4000'den fazla genotip (tohum örneği) değerlendirilmiş ve 453 genotip çekirdek koleksiyon oluşturmak için seçilmiştir. Oluşturulan çekirdek koleksiyon altı kalitatif özellik bakımından orijinal tohum örnekleri içerisinde bulunan toplam çeşitliliğinin %98'ini yansıtmaktadır.

Metabolomik bir organizma veya organizmanın spesifik organ veya dokuları tarafından üretilen bütün metabolitlerin kalitatif ve kantitatif olarak karakterizasyonun yapılabildiği analitik bir yaklaşımdır (HALL 2006). Bitki biyokimyası ile ilgili bilgilerimizin artması ve bitkilerin çevrelerine gösterdikleri tepkilerin anlaşılmasına ilaveten, yeni keşfedilmiş ikincil metabolitlerin ortaya çıkarılması ve kullanımında, üstün özelliklere sahip bitki genotiplerinin seçilmesinde, aroma ve hastalıklara dayanıklılık gibi değişik özelliklerinin belirlenmesinde önemli potansiyel bir uygulama alanı bulmaktadırlar (HALL 2005). Metabolitler veya pathwayları bir kez belirlendiğinde, moleküler harita üzerinde ilgili genleri kolaylıkla belirlemek mümkündür.

Moleküler genetik bağlantı haritaları modern bitki ıslahında son derece güçlü bir teknik olan işaretleyiciye dayalı seleksiyon yapılmasına ve ayrıca bitki biyoteknolojisinin yeni uygulamalarına temel oluşturacak aday genlerin haritaya dayalı klonlanmasına imkan sağlamıştır. Bu tür haritalar birçok majör ve minör bitkilerde geliştirilmiştir. Fakat, susamda moleküler genetik bağlantı haritası bulunmamaktadır. Susam için oluşturulacak bir moleküler genetik bağlantı haritası işaretleyiciye dayalı seleksiyon ile ıslah programlarını hızlandıracak ve bir çok karakterin seçici olarak manipülasyonuna yol açacaktır.

2. Genel Bilgiler

Susam yağ bitkileri içerisinde bilinen en eski kültür bitkisidir (MABBERLEY ve ark. 1997) ve Hindistan'dan köken aldığı bildirilmektedir (BEDIGIAN 2003). Susam beş bin yıldan fazla bir süredir %50 yağ ve %25 protein içeren tohumları için yetiştirilmektedir (BISHT ve ark. 1998). Yüksek düzeyde besleyici özelliğinin yanında, susam tohumları oksidasyon nedeniyle oluşan acılıktan yağının bozulmasını önleyen doğal antioksidanlar içermektedir (BEDIGIAN 2003). Bu antioksidanlar arasında sesamin, sesamol, sesamolin, glikozitler ve benzeri bileşikler yer almaktadır. Bu bileşikler piperonyl kısmı içeren fenilpropanoid lignanlardır ve diğer yağ bitkilerinde bulunmamaktadırlar (BEDIGIAN 2003). Yüksek kalitedeki yağı nedeniyle, susam “yağ bitkilerinin kraliçesi” olarak bilinmektedir (BEDIGIAN 2000). Susam tohumları yağ ve tahin üretiminde, değişik yemeklerde, şekerleme ve pasta yapımında kullanılmaktadır. Tohumların yağı alındıktan sonra kalan küspesi besleyici bir hayvan yemidir (BHAT ve ark. 1999).

Besleyici özelliklerinin yanında, susamın yağının insan sağlığı açısından bir çok yararlı etkilere sahip olduğu olduğu bilinmektedir. Sağlık açısından susamın önemi susam yağı ve sesamin, sesamol ve sesamolin gibi lignanlarının antioksidant etkilerinden dolayı olduğu düşünülmektedir. SHAHIDI ve ark. (2006) beyaz ve siyah susam tohumlarında toplam fenolik bileşikler, antioksidan kapasite ve serbest radikal tutma kapasitelerini ölçmüş ve tohumların bu özellikler bakımından değişik ve önemli düzeylerde aktivasyon gösterdiğini belirtmiştir.

Susam tohumlarının veya ununun tüketimi ile insan (CHEN ve ark. 2005) ve farelerde (VISAVADIYA ve NARASIMHACHARYA 2008) kolesterol seviyesinin azalması ilişkili bulunmuştur. Bunlara ilaveten, susam ve içeriklerinin tüketimi ile kan plazmasında E vitamini konsantrasyonunda artma ilişkili bulunmuş (FRANK 2005) ve ayrıca antikansorejen (KAPADIA ve ark. 2002) ve antimutagenik (KAUR ve SAINI 2000) etkilerinin olduğu bildirilmektedir. Susam bitki ve insan patojenlerine karşı da koruyucu etkilere sahip olduğu bilinmektedir. Susam tohum peptidleri insanlarda idrar yolu enfeksiyonlarına yol açan *Klebsiella* sp. isimli gram negatif bakteriye karşı

antimikrobiyal etkiye sahip olduđu bulunmuştur (COSTA ve ARK. 2007). Susam bitkisinin farklı kısımlarından çıkarılan özütlerin *Fusarium oxysporum* ve *Macrophomina phaseolina* gibi toprak kökenli fungal patojenlerin gelişimini engellediđi gözlenmiştir (LAURENTIN 2007). İlginç bir şekilde, sorgum ile münavebeli yetiştirildiğinde susamın *Striga* türü gibi bazı kök parazitlerine karşı da etkili olduđu bulunmuştur (HESS ve DODO 2004). Sonuç olarak, susam ve bünyesinde bulunan farklı bileşiklerin bitki korumada yeni uygulamalar için potansiyel taşıması ile tarım ve insan sađlığı açısından çok yararlı etkilerinin olduđu görölmektedir.

Susam temel olarak dünyanın tropik ve subtropik bölgelerinde yetiştirilmektedir (ASHRI 1998). Dünya toplam susam ekim alanı 7.5 milyon hektar ve üretimi 3.4 milyon ton olup Çin, Hindistan ve Myanmar dünya toplam susam üretiminin % 50'den fazlasını yani 3 milyon tondan fazla susam üretimini gerçekleştirmişlerdir (FAO 2006). Türkiye 42.5 bin hektar arazide susam ekimi yapmakta ve yıllık toplam 26.5 bin ton susam üretimi gerçekleştirmektedir (FAO 2006). Gelişmekte olan ülkelerde susam küçük üreticilerin bitkisi olarak bilinir (BHAT ve ark. 1999). Eski bir bitki olmasına rağmen, susam kapsüllerini çatlatması ve indeterminant gelişimi nedeniyle makinalı hasada uygun değildir (UZUN ve ark. 2003). Türkiye dahil olmak üzere bir çok ülkede ıslah edilmiş çeşitler henüz tam anlamıyla kabul görmemiştir. Bunun yerine adaptasyon gücü yüksek yerel çeşitler tercih edilmektedir (BAYDAR ve ark. 1999). Lokal varyetelerin kullanımı susamda genetik çeşitliliđi korurken, determinant (UZUN ve ark. 2002, UZUN ve ÇAĞIRGAN 2006) ve kapsülü çatlamayan (UZUN ve ark. 2003) çeşitlerin gelecekteki kullanımı bu çeşitliliđin korunmasını engelleyecektir. Genetik çeşitliliđin korunması, susamın insan sađlığı ve tarımdaki faydalarının çok daha iyi anlaşılmasında ve ileriki ıslah çalışmalarının yapılabilmesinde gerekli bir konudur.

Susam CGIAR gibi deđişik uluslararası araştırma organizasyonlarının çalıştığı bir bitki deđildir ve bunun bir sonucu olarak çok az genetik çalışma yapılan bitkiler arasındadır. Susam kolleksiyonlarındaki genetik çeşitliliđi morfolojik ve/veya moleküler seviyede inceleyen sadece birkaç çalışma bulunmaktadır. Genetik çeşitliliđin bir belirleyicisi olarak morfolojik varyasyon çalışılmış ve gen bankaları için çekirdek koleksiyonların seçilmesinde yararlı olduđu görölmüştür (BISHT ve ark. 1998). Buna ilaveten, bu tür çalışmalar yüksek verim, yağ ve yağ asidi içeriđi gibi istenen agronomik karakterleri taşıyan bireylerin seçilmesi ve bulunmasında yararlı olmaktadır (BAYDAR ve ark. 1999). Genel olarak, susam morfolojik varyasyon bakımından oldukça zengin bir bitkidir (BEDIGIAN ve ark.1986; BISHT ve ark. 1998; XIURONG ve ark. 2000). Moleküler düzeyde yapılan çođu çalışmalar, morfolojik seviyedekilerle genellikle uyum içindedir. BHAT ve ark. (1999) Hindistan ve diđer ülkelerden getirilen bazı eksotik susam genotiplerinin genetik çeşitliliđini RAPD işaretleyicileri kullanarak belirlemişlerdir. Hindistan materyalinin dışarıdan getirilenlerden çok daha fazla çeşitliliđe sahip olması nedeniyle susamın Hindistan'dan köken aldığına işaret etmişlerdir. RAPD işaretleyicileri Türk susam genotiplerinin çeşitliliđini incelemek için de kullanılmıştır (ERCAN ve ark. 2004). Bu çalışmada, toplam 38 genotip (köy çeşiti) dört deđişik bölgeden toplanmıştır ve bu genotipleri ayırtetmek için yedi adet işaretleyicinin yeterli olduđu bulunmuştur. Kuzey batıdan toplanan genotiplerin çok daha fazla genetik çeşitliliđe sahip olduđu görölmüştür. Susamda genetik çeşitliliđi belirlemede AFLP analizi de kullanılmıştır. Bir çalışmada, Venezuela germplazm koleksiyonundan sađlanan 32 genotip, 8 AFLP primer kombinasyonu ile test edilmiş ve bu analizler sonunda toplam 457 lokus skorlanmıştır. Bu skorlanan işaretleyicilerden % 93'ünün polimorfik olduđu bulunmuştur (LAURENTIN ve KARLOVSKY 2006). Bu şekilde

belirlenen yüksek polimorfizm seviyesi susamın geniş bir genetik çeşitliliğe sahip olduğunu göstermiştir. ALI ve ark. (2007) dünyanın değişik bölgelerinden toplanan 96 susam genotipinde AFLP analizi ile daha düşük bir polimorfizm (35%) seviyesi gözlemlenmiştir. Bu çalışmada, genotipler coğrafik orijinlerine ve morfolojik özelliklerine göre sınıflandırılmıştır. Ayrıca, bazı SSR işaretleyicileri susam'da geliştirilmiş, test edilmiş ve yüksek düzeyde polimorfik bulunmuştur (DIXIT ve ark. 2005). Tersine, ISSR (inter simple sequence repeats) işaretleyicileri ise Kore ve bazı dış kaynaklı susam materyallerinde genetik çeşitlilik için çalışılmış ve yapılan bu çalışmada daha az polimorfizm bulunmuştur (33%) (KIM ve ark. 2002). İzoenzimler susamda genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılan ilk tip işaretleyicilerdir. Bununla birlikte, sadece bir enzim sistemi polimorfik bulunmuş ve çalışılan genotipler içerisinde çok az bir genetik varyasyon görülmüştür (ISSHIKI ve UMEZAKI 1997).

Susamda kapalı kapsüllük mutant karakterine bağlı bir AFLP işaretleyicisinin belirlendiği çalışma (UZUN ve ark. 2003) hariç tutulursa, genetik çeşitlilik çalışmalarından başka, susamda moleküler genetik araştırma neredeyse yok denecek kadar azdır. Karakteri kontrol eden genle ilgili olan moleküler işaretleyici ilgili özelliğin işaretleyici yardımıyla seleksiyonunu sağlamada ilk adımdır. Diğer taraftan, susamda halen moleküler genetik bağlantı haritası mevcut değildir. Susamın metabolik karakterizasyonu da oldukça ihmal edilmiş konular arasındadır. Fenilpropanoid liganları, yağ asitleri ve susam yağının diğer özellikleri ile ilgili birçok çalışmanın yapılmış olmasına rağmen, sadece LAURENTIN ve ark. (2008) susam metabolitleri hakkında geniş bir inceleme yapmıştır. Bu çalışmada, susamdaki kimyasal çeşitlilik dört genetik varyasyon merkezindeki genetik çeşitliliğin büyük bir kısmını temsil edecek şekilde seçilmiş 10 farklı susam genotipinin tohumlarından elde edilen özütlerin hedef gösterilmeden metabolik profillenmesi ile incelenmiştir. Metabolik çeşitlilik profili AFLP analizi ile belirlenen genetik çeşitlilik profili ile karşılaştırılmıştır. Genomik ve metabolik seviyelerdeki çeşitlilik oranlarındaki farklılık susam'daki genom çeşitliliğinin metabolik karakterlerin ıslahı için genotiplerin seçiminde kullanılacak uygun bir kriter olmadığını göstermiştir. Bu nedenle, ikincil metabolit üretimini kontrol eden lokuslarla ilişkili olan moleküler işaretleyicilerin belirlenmesi ıslah çalışmalarının etkinliğini artıracaktır.

3. Gereç ve Yöntem

3.1. Çalışmada Kullanılan Bitkisel Materyaller

Proje kapsamında yürütülen susam çeşitleri ve yabani akrabaları arasındaki genetik varyasyon düzeyinin belirlenmesi çalışması iki alt konu halinde çalışılmıştır. Birinci alt çalışmada toplam 160 adet Türk susam tohum örneği (germplazm) kullanılmıştır. Tohum örneklerine ait tohumlar Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından sağlanmıştır. Ayrıca, tür dışı kontrol amaçlı bir adet yabani susam türünde (*Sesamum alatum*) çalışmaya eklenmiştir. Çalışmada kullanılan Türk susam genotipleri (tohum örnekleri), pedigrî numaraları, elde edildiği kaynaklar ve toplandığı lokasyonları Tablo 1'de verilmiştir.

Tablo 1. Türk susam genotipleri (tohum örnekleri), pedigri numaraları, kaynaklar ve lokasyonları

Pedigri Numarası (PI)	Türü	Kaynak	Lokasyon	Pedigri Numarası (PI)	Türü	Kaynak	Lokasyon
170747	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238449	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170745	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238450	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170744	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	165021	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170743	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	167115	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170742	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	167224	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170739	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	167248	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170738	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170733	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170737	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238451	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170735	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238453	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238487	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238455	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238470	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238456	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170722	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238417	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170718	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238416	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170717	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179486	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170715	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179484	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238469	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179483	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238468	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179482	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238466	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238419	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238448	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238420	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238447	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238422	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238446	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238435	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
177071	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238438	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
177070	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238439	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
175908	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238440	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
175907	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	167343	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238429	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170710	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238428	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170708	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238430	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179033	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238431	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179032	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238432	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179031	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238433	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	177541	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238426	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	177540	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238423	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170759	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238458	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170758	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238434	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170757	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170730	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170755	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170729	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170748	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
205229	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170749	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
205225	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170752	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
205228	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170753	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
205227	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170760	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238471	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170761	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238473	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170762	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238474	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	240852	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238475	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	240853	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238476	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	240854	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238477	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	240856	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238478	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	263373	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238479	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	263375	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye

238481	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	177072	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238482	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	204623	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238483	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	182295	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238485	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	182294	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238486	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	182293	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
179481	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179490	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
240850	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179489	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
240848	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179488	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
240847	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	179487	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170726	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238465	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170725	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238464	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170724	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238463	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
170723	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170727	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
240846	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238462	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
240845	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238461	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
240844	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238460	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
238488	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170728	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
179035	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	238459	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
179034	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	170732	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye
175906	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 39695	<i>S. indicum</i>	AARI	İçel
174355	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 52540	<i>S. indicum</i>	AARI	İzmir
174354	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 45543	<i>S. indicum</i>	AARI	K. Maraş
174353	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 52533	<i>S. indicum</i>	AARI	Kars
173101	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 42635	<i>S. indicum</i>	AA I	Kırklareli
173100	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 50128	<i>S. indicum</i>	AARI	Kütahya
170769	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 45596	<i>S. indicum</i>	AARI	Malatya
170768	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 64094	<i>S. indicum</i>	AARI	Manisa
170767	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 45673	<i>S. indicum</i>	AARI	Mardin
170765	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 39716	<i>S. indicum</i>	AARI	Muğla
170764	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 37513	<i>S. indicum</i>	AARI	Siirt
170763	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 45707	<i>S. indicum</i>	AARI	Şanlıurfa
238445	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 3835	<i>S. indicum</i>	AARI	Tekirdağ
238444	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 68905	<i>S. indicum</i>	AARI	Uşak
238442	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye		<i>S. alatum</i>		
238441	<i>S. indicum</i>	USDA	Türkiye	TR 61609	<i>S. indicum</i>	AARI	Aydın
Orhangazi	<i>S. indicum</i>	AARI	Türkiye	TR 38106	<i>S. indicum</i>	AARI	Balıkesir
Tan-99	<i>S. indicum</i>	AARI	Türkiye	TR 76589	<i>S. indicum</i>	AARI	Bilecik
Kepsut-99	<i>S. indicum</i>	AARI	Türkiye	TR 42870	<i>S. indicum</i>	AARI	Bursa
Osmanlı	<i>S. indicum</i>	AARI	Türkiye	TR 68411	<i>S. indicum</i>	AARI	Çanakkale
Cumhuriyet	<i>S. indicum</i>	AARI	Türkiye	TR 61027	<i>S. indicum</i>	AARI	Denizli
TR 45524	<i>S. indicum</i>	AARI	Adana	TR 45642	<i>S. indicum</i>	AARI	Diyarbakır
TR 45572	<i>S. indicum</i>	AARI	Adıyaman	TR 38253	<i>S. indicum</i>	AARI	Edirne
TR 39702	<i>S. indicum</i>	AARI	Antalya	TR 45599	<i>S. indicum</i>	AARI	Elazığ
TR 42145	<i>S. indicum</i>	AARI	Gaziantep				

Projenin ikinci alt kısmında dünya koleksiyonu Sesamum indicum türünü içeren 64 değişik tohum örneği (germplazm) ile temsil edilmiş olup germplazmlara ait tohumlar USDA – USA'den temin edilmiştir (Tablo 2).

Tablo 2. Çalışmada kullanılan ve değişik ülkelere ait susam tohum örnekleri.

Kolleksiyon (PI)	Numarası	Toplandığı Ülke	Kolleksiyon Numarası (PI)	Toplandığı Ülke
PI161385		Kore	PI 189082	Kamerun
PI154298		Meksika	PI 643459	Tacikistan
PI250099		Mısır	PI 258372	Rusya
PI543241		Bolivya	PI 158038	Çin
PI 153509		Venezuela	PI 200427	Pakistan
PI229668		Arjantin	PI 209965	Ethiopia
PI263441		Japonya	PI 599444	US, California
PI304259		ABD, Virjin Adaları	PI 234424	Taiwan
PI207665		Japonya	PI 195122	China
PI490024		Tayland	PI 254705	US, Texas
PI234427		Tayvan	PI 157155	India, Delhi
PI433863		Nijerya	PI 200105	Egypt
PI239001		Yunanistan	PI 207667	Japan
PI323306		Pakistan	PI 198155	Egypt
PI251294		Ürdün	PI 211088	Afganistan
PI254698		Güney Amerika	PI 231034	Mozambique
PI198158		Rusya	PI 490072	South Korea
PI179485		Irak	PI 253984	Syria
PI158769		Venezuela	PI 186509	Nigeria
PI 200428		Pakistan	PI 210687	Somali
PI 490114		Sudan	PI 189081	Kamerun
PI 186511		Nijerya	PI 238988	Greece
PI 211627		Afganistan	PI 189229	Zaire
PI 231033		Mozambik	PI 163595	Guatemala
PI 164491		Hindistan	PI 321096	Kenya
PI 164142		Hindistan	PI 253424	Israel
PI 184671		Liberya	PI 251704	Former Soviet Union
PI 306695		İtalya	PI 224663	Libya
PI 207664		Japonya	PI 288852	Nepal
PI 250029		İran	PI 203150	Ürdün
PI 229667		Arjantin	PI 200106	Myanmar
PI 250030		İran	PI 254703	Venezuela

Sesamum indicum için geliştirilecek ilk moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulması için iki haritalama popülasyonu kullanılmıştır. Bu popülasyonlardan birincisi proje ortağı Prof. Dr. Petr KARLOVSKY – University of Göttingen, Almanya tarafından geliştirilen F6-RIL popülasyonudur. Bu popülasyonun geliştirilmesi için *Sesamum indicum* var. Korea-1 (Acc. No: 92-3091) x *Sesamum indicum* var. Africa-3 (Acc. No: 95-223) melezlemesinden oluşturulan türleriçi (intraspecific) melezler kullanılmıştır. Altı değişik melez kombinasyonundan elde edilen melezler kendilenerak toplam 180 bitkiden oluşan bir F2 ve daha sonraki çalışmalarda geliştirilen ve 119 bitkiden meydana gelen bir F6-RIL popülasyonu oluşturulmuştur. Tablo 3 oluşturulan RIL popülasyonunu listelemektedir.

Tablo 3. Genetik haritalama çalışmasında kullanılan RIL popülasyonunun listesi.

F6A-1	F6B-1	F6C-1	F6D-1	F6E-2	F6F-4
F6A-2	F6B-3	F6C-2	F6D-3	F6E-3	F6F-5
F6A-3	F6B-4	F6C-3	F6D-5	F6E-5	F6F-7
F6A-4	F6B-5	F6C-4	F6D-6	F6E-6	F6F-8
F6A-5	F6B-6	F6C-5	F6D-8	F6E-7	F6F-9
F6A-6	F6B-7	F6C-6	F6D-10	F6E-8	F6F-11
F6A-7	F6B-8	F6C-7	F6D-12	F6E-9	F6F-12
F6A-8	F6B-10	F6C-8	F6D-13	F6E-10	F6F-13
F6A-9	F6B-11	F6C-9	F6D-14	F6E-11	F6F-14
F6A-10	F6B-12	F6C-10	F6D-15	F6E-12	F6F-15
F6A-11	F6B-13	F6C-12	F6D-17	F6E-14	F6F-16
F6A-12	F6B-14	F6C-14	F6D-18	F6E-15	F6F-18
F6A-13	F6B-15	F6C-15	F6D-19	F6E-16	F6F-20
F6A-15	F6B-17	F6C-16	F6D-20	F6E-17	F6F-21
F6A-16	F6B-18	F6C-17	F6D-22	F6E-18	F6F-22
F6A-17	F6B-19	F6C-18		F6E-19	F6F-23
F6A-18	F6B-20	F6C-19		F6E-24	F6F-24
F6A-19	F6B-21	F6C-20		F6E-25	
F6A-21	F6B-22	F6C-21		F6E-26	
F6A-25	F6B-24	F6C-22			
F6A-26	F6B-25	F6C-23			
F6A-29	F6B-26	F6C-24			
	F6B-27	F6C-28			

Ayrıca, B planı kapsamında çalışmada kullanılmak üzere *Sesamum indicum* cv. Muganlı 57 x *Sesamum alatum* melezlemesinden türetilen ikinci bir popülasyon (F2 popülasyonu) daha kullanılmıştır.

3.2. Morfolojik Karakterizasyon

Morfolojik karakterizasyon çalışmaları için USDA – ABD ve Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Ulusal Gen Bankasından temin edilmiş bulunan yaklaşık 160 civarında susam çeşiti kullanılmıştır (Tablo 1). Agro-morfolojik analizlerin gerçekleştirilebilmesi için her bir genotipe ait en az 10 adet bitki Batı Akdeniz Araştırma Enstitüsü – Antalya deneme tarlalarında yetiştirilmiştir. Denemelerde kullanılacak tarla arazisi 36° 52' N enlem ve 30° 50' E boylamda ve deniz seviyesinden 15 m yukarıda yer almaktadır. Yıllık yağış ortalama 1060 mm ve yıllık ortalama sıcaklık 18 °C civarındadır. Her bir genotip 5 m uzunluğunda ve 2 sıradan oluşan parsellerde yetiştirilmiştir. Ekim işlemi için sıra arası 70 cm ve sıra üzeri 10 cm olarak ayarlanmıştır. Susam genotipleri augmented deneme deseninde dört kontrollü olarak Haziran ayında ekilmiştir. Toplamda 17 morfolojik ve agronomik karakter Susam Tanımlama Klavuzuna (IPGRI ve NBPGR 2004) göre değerlendirilmiştir. Bu verilere de temel bileşen ve kümeleme analizi uygulanarak moleküler ve agro-morfolojik veriler kıyaslanmıştır. Ölçülecek agro-morfolojik özellikler ve skorum sistemi aşağıda verilmiştir:

1. Büyüme tipi: İndeterminant (1), Determinant (2).
2. Sap Tüylülüğü: Tüysüz (0), Seyrek Tüylü (3), Tüylü (5), Çok tüylü (7).
3. Dallanma Durumu: Dallanmıyor (0), Dallanıyor (1).
4. Yaprak Tüylülüğü: Tüysüz (0), Seyrek Tüylü (3), Tüylü (5), Çok tüylü (7).

5. Yaprak Koltuğunda Çiçek Sayısı: Tek Çiçekli (1), Çok çiçekli (2).
6. Kapsülde karpel sayısı: İki karpelli (1) dört karpelli (2).
7. Kapsül tüylülüğü: Tüysüz (0), Seyrek Tüylü (3), Tüylü (5), Çok tüylü (7).
8. Kapsül Çatlatma Durumu: Çatlamayan (1), Kısmen çatlayan (2), Tamamen çatlayan (3).
9. İlk çiçek tarihi: Her bir parseldeki genotiplerin ekimden itibaren, ilk çiçeklerin görülmeye başladığı döneme kadar geçen süre (gün).
10. % 50 çiçeklenme tarihi: Her bir parseldeki genotiplerin ekimden itibaren, % 50'sinin çiçeklenmeye başladığı döneme kadar geçen süre (gün).
11. İlk kapsül yüksekliği: Toprak yüzeyinden bitkinin ilk kapsüllerin çıktığı boğuma kadar olan uzaklığın ölçümü (cm).
12. Bitki boyu: Toprak yüzeyinden bitkinin en üst kısmına kadar olan uzaklığın ölçümü (cm).
13. Bitkide dal sayısı: Üzerinde en az bir adet kapsül bulunduran dalların sayısı (adet/bitki).
14. Bitkide kapsül sayısı: Bitki üzerinde bulunan gelişmesini tamamlamış kapsüllerin sayısı (adet/bitki).
15. Kapsülde dane sayısı: Ana sapın orta bölgesinden alınan kapsüllerin içerisindeki tohumların sayısı (adet/kapsül).
16. 1000 tohum ağırlığı: Her bir genotipten elde edilen 1000 tohumun ağırlığı (g).
17. Tohum verimi: Bitkilerin alt yapraklarının sararıp, kapsülleri çatlamadan önce her bir parseldeki bitkilerin sökülüp veya bağ makasıyla kesilip, kurutulduktan sonra çırılması ve elde edilen tohumların üç gün 40 °C'de kurutularak tartılmasıyla elde edilmiştir.

Türk susam koleksiyonunun genetik çeşitliliğinin belirlenmesi: Toplam 150 genotip Menemen Ulusal Gen Bankasından temin edilecektir. Her bir genotipten enaz 10 bitki DNA ekstraksiyonu için serada yetiştirilecektir. DNA, Promega Wizard Genomic DNA Purification Kit kullanılarak her bir bitkinin genç yapraklardan izole edilecektir. DNA kalitesi ve konsantrasyonu spektrofotometrede ölçülecektir. Her bir genotipe ait 10 bitkiden elde edilen DNA'lar eşit miktarlarda karıştırılarak her bir hat için DNA havuzları oluşturulacak ve bu DNA'lar analizlerde kullanılacaktır. SSR analizleri birinci bölümde tanıtıldığı şekilde yapılacaktır. Yaklaşık olarak 50 işaretleyici farklı tohum örnekleri üzerinde test edilecektir. Susam genotiplerinin moleküler genetik çeşitliliğini belirlemede AFLP analizi de kullanılacaktır. Bu analizler için Invitrogen AFLP Core Reagent ve Starter Primer Kitleri kullanılacaktır. Yaklaşık olarak 10 primer kombinasyonu havuzlanmış DNA örneklerinde çalışılacaktır. Primer kombinasyonları önceki çalışmalardan yararlanılarak seçilecektir (UZUN ve ark. 2003; LAURENTIN ve KARLOVSKY 2006; ALI ve ark. 2007) Seçici amplifikasyonu takiben PCR ürünleri Beckman Coulter CEQ-8800 DNA Analysis System ile analiz edilecektir. Elde edilen SSR ve AFLP verileri NTSYS programında (ROHLF 1998) kullanılmak üzere 1 ve 0 olarak skorlanacaktır. Jaccard's benzerlik katsayısı (similarity coefficient) ve UPGMA ile genotiplerin genetik çeşitliliği belirlenecek ve kümeleme analizi yapılacaktır.

3.3. SSR markörlerinin geliştirilmesi

Bu amaç için NCBI ve TIGR gibi veribankalarından elde edilen EST dizileri kullanılmıştır. Ayrıca, proje kapsamında geliştirilen genomik diziler de markör geliştirilmesinde uygulanmıştır.

3.3.1. EST dizilerinden SSR markörlerinin geliştirilmesi

Toplam 583 EST sekanızı ve 1248 singleton (kendi dışında diğer hiç bir sekanza benzerlik göstermeyen sekanzlar) TIGR (Genomik Araştırma Enstitüsü)'den (Plant Transcript Assemblies database (ftp://ftp.tigr.org/pub/data/plantta/Sesamum_indicum/)) ve 3328 EST sekanızı NCBI (National Center for Biotechnology Information)'dan indirilmiştir. Aralarında birbirinin tekrarı olan ham EST sekanzlerini içeren diziler CAP3 sekanzleri gruplama programı (HUANG ve MADAN 1999) kullanılarak daha geniş CONTIG ler içerisinde gruplanarak monte edilmiştir. CAP3 programı bir çok dosyalar oluşturmaktadır. Bu dosyalardan bir tanesi bir çok EST dizisini daha geniş diziler halinde biraraya getirerek oluşturulmuş contigleri içermektedir. Diğer bir dosyada ise contigler içerisinde biraraya getirilemeyen EST dizileri (singlet olarak isimlendirilmektedir) yer almaktadır. Daha ileri analizler için dizi içeren dosyalar FASTA formatına transform edilir (PEARSON ve LIPMAN 1988). Fasta formatında kaydedilen bu diziler BatchPrimer3 (<http://probes.pw.usda.gov/cgi-bin/batchprimer3/batchprimer3.cgi>) programı kullanılarak SSR dizileri bakımından taranmıştır. Bu program her bir sekanzdan SSR motifleri içeren dizileri belirlediği gibi bu dizilerden SSR primerlerinin dizaynını da sağlamıştır.

3.3.2. Genomik dizilerinden SSR markörlerinin geliştirilmesi

SSR markörü geliştirilmesi için ülkemizde geniş bir ekim alanı bulan *Sesamum indicum* cv. Muganlı-57 çeşiti kullanılmıştır. Bu amaç için yaklaşık 30 civarında Muganlı-57 çeşidine ait bitki DNA'ları çıkarılmış ve dizi analizleri için Roche-ABD Firmasına gönderilmiştir. Dizileme çalışmasında genomik shotgun dizileme teknolojisi (ROCHE 454 GS-FLX sistemi) kullanılmıştır. Bu amaç için susam bitkisine ait DNA'lar izole edilmiş ve saflaştırılan DNA'lar GS-FLX sistemde shotgun metodu ile dizilemeye tabi tutulmuştur. Bu sistemle yapılan iki okumada toplam 190.975,720 baz çifti dizilenmiştir. Ortalama dizi okuma uzunluğu 355 bp olarak belirlenmiştir. Bu şekilde elde edilen ham genomik diziler birbirinin aynısı yada birbirini tamamlayıcı diziler olabileceği için bu dizilerin daha büyük kontigler içerisinde toplanması sağlanmıştır. Bu amaç için öncelikle bütün diziler vektör dizileri bakımından SeqClean programı kullanılarak taranmıştır (CHEN ve ark. 2007). Bu program dizilerdeki klonlama vektörlerine ait muhtemel kalan dizilerin ortadan kaldırılması için geliştirilmiştir. Basit dizi tekrarları sekanz montajlaması veya biraraya toplanması işlemleri için zararlı olduğu için bu tekrar dizileri belirlendikten sonra RepMasker programı (JURKA ve ark. 1992) kullanarak analiz dışı bırakılmıştır ancak tekrarların orijin ve konumları daha sonraki işlemler için saklanmıştır. Bu şekilde temizlenen diziler daha sonra CAP3 montajlama programı (HUANG ve ark. 1999) kullanılarak daha büyük diziler (contigs) haline getirilmiştir. Daha sonra, bu dizileri, öncelikle herhangi bir contig ile örtüşen tüm klonları bulmak için, BLAST programı (ALTSCHUL ve ark. 1990) kullanılarak genoma lokalize edilmiştir. Geriye kalan genomik diziler CAP3 programı kullanılarak montajlama işlemine eklenmiştir. Bu adımda, maskelenen tekrarlar yeniden tanımlanmış ve böylece contig ve singlet'ler içerisindeki konumları ortaya çıkarılmıştır. Contig içerisinde montaj edilen (biraraya getirilen) diziler kullanılarak genomik SSR primerleri dizayn edilmiştir. Proje kapsamında öngörülen SSR üreticilerinin geliştirilmesi için sekanzlar BatchPrimer3 (<http://probes.pw.usda.gov/cgi-bin/batchprimer3/batchprimer3.cgi>) (FRANK ve ark. 2008) kullanılarak SSR'lar bakımından taranmıştır. Bu program herbir sekanzdan SSR primerlerinin dizaynını da sağlamıştır. En iyi primerler tekrarı sayısı, erime sıcaklığı ve ürün büyüklüğüne göre seçilmiştir. Primerler 22 ila 28 nukleotid büyüklüğü arasında ve 55°C -

70°C erime sıcaklığında, 100-700 bp büyüklüğü arasında PCR ürünü verecek şekilde seçilmiştir. SSR analizi için gerekli PCR çalışmaları için toplam 25 µl karışım kullanılmıştır. Her bir PCR karışımı 2,5 µl 10 X tampon çözeltisi, 0,5 µl dNTP, 0,25 µl Taq, 18,75 µl dH₂O, 2 µl DNA ve 0,5 µl ileri (forward), ve 0,5 µl geri (reverse) primerlerini içerecek şekilde hazırlanmıştır. SSR analizleri için gerekli olan DNA konsantrasyonu olarak yaklaşık 50 ng/µl uygulanmıştır. Çalışmada SSR analizleri için uygulanan PCR protokolü 94 °C'de 5 dakika ön denaturation ve ardında 94 °C'de 45 saniye denaturing uygulanmıştır. Daha sonra 50 °C'de 1 dakika süreyle annealing uygulanmıştır. Bir sonraki adım olarak, 72 °C'de 1 dakika süreyle extension uygulanmıştır ve en son adım olarak, 72 °C'de 5 dakika süreyle son uzatma (extension) şeklinde uygulanmıştır. Elde edilen PCR ürünleri öncelikle 1 X TAE tampon çözeltisinde hazırlanmış %3'lük agaroz jelde yürütülmüş ve UV ışığı altında görüntülenmiştir.

3.4. AFLP Analizleri

Susam genetik kaynaklarının genotiplenmesi ve bağlantı haritasının çözünürlüğünün artırılmasında AFLP markörleri (VOS ve ark. 1995) kullanılmıştır. AFLP analizinde ilk adım olarak genomik DNA'lar restriksiyon enzimleri ile kesilmiştir. Bunun için, 5 µl DNA (~250 ng), 5 µl 5x reaksiyon tampon çözeltisi, 2 µl *EcoRI*/*MseI* ve 13 µl steril dH₂O içeren karışım 1.5 µl mikrosantrifüj tüpü içerisine konmuş, karıştırılmış ve 2 saat süreyle 37°C'de inkübe edilmiştir. Yapılan denemeler sonucunda susam için en uygun DNA konsantrasyonu olarak 300 ng belirlenmiştir. Daha sonra, restriksiyon endonuklease aktivitesini inaktif hale getirmek için, bu karışım 15 dakika süreyle 70°C'de tutulmuştur. İkinci aşamada, 24 µl adaptör bağlama solüsyonu ve 1 µl T4 DNA ligase enzimi DNA karışımına eklenmiş ve iki saat süreyle 20°C'de inkübe edilmiştir. Bağlama karışımı 1:10 oranında TE tampon çözeltisi (10 µl mixture + 90 µl TE tampon çözeltisi) ile dilüsyon edilmiştir. Üçüncü aşama ön amplifikasyon reaksiyonunun hazırlanması aşamasıdır. Bu aşamada, 40 µl ön amplifikasyon primer karışımı, ön aşamada hazırlanmış olan 5 µl dilüsyon edilmiş kalıp DNA, 5 µl 10x PCR tampon çözeltisi + Mg ve 1 µl *Taq* DNA polymerase enzimi içeren karışım 0.5 ml. mikrosantrifüj tübü içerisine eklenmiş ve iyice karıştırılmıştır. Santrifügasyondan sonra, karışım müteakip profil (94°C/30 saniye, 56°C/1 dakika, 72°C/1 dakika ve 20 döngü; 4°C'de tutulur) kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Bu PCR reaksiyonundan 3 µl ürün alınmış ve 147 µl TE tampon çözeltisi içerisinde dilüsyon edilmiştir. Son aşama seçici AFLP amplifikasyonu aşamasıdır. Bu aşamada, iki reaksiyon karıştırılmıştır. İlk karışım (karışım 1) 2.5 µl işaretlenmiş *EcoRI* primeri, 1.5 µl *MseI* primeri (dNTP içerir) ve 1 µl steril dH₂O içermiştir. İkinci karışım (karışım 2) 2 µl 10x PCR tampon çözeltisi + Mg, 0.1 µl *Taq* DNA polymerase enzimi ve 79 µl steril dH₂O içermiştir. PCR reaksiyonunu başlatmak için, üçüncü aşamadan elde edilen 5 µl dilüsyon edilmiş PCR ürünü, 5 µl karışım 1 ve 10 µl karışım 2 bir PCR tüpü içerisine konulmuş ve müteakip touchdown profili kullanılarak çoğaltılmıştır (94°C/30 saniye, 65°C/30 saniye, 72°C/60 saniye; sonra 12 döngü PCR yapılmıştır. Bu işlem için her bir döngüde bağlanma sıcaklığı 0.7°C düşürülmüştür, son olarak, 94°C/30 saniye, 56°C/30 saniye, 72°C/1 dakika profili olan 23 döngülük bir PCR daha yapılmıştır. Bütün bu PCR'lar sonrası, iki dilüsyon daha yapılmıştır. İlk dilüsyon; 1:3 PCR ürünü/dH₂O (7 µl PCR + 14 µl dH₂O) dilüsyonudur. İkinci dilüsyon; 27 µl örnek yükleme solüsyonu (SLS), 0.5 µl işaretleyici standartı 600 bp ve ilk dilüsyondan 3 µl kullanarak 1:10 hazırlanan dilüsyondur. Susam için yapılan çalışmalarda sadece ikinci dilüsyonun yapılması uygun bulunmuştur. Hazırlanan örnekler dizi analizi cihazı kabına yüklenmiş ve bir damla mineral yağ ile kaplanmıştır. Daha sonra, örneklerin yüklendiği kap

Beckman-Coulter Genetic Analysis System CEQTM8800 içerisine yerleştirilmiştir. Frag-4 metodu AFLP analizleri (ayırışma 90 °C, 120 saniye; capillary 50 °C; injeksiyon 2.0 kV, 30 saniye; ayırışma 4.8 kV, 60 dakika) için kullanılmıştır. Bu aşamadan sonra, sonuçlar istenmeyen veya düşük kalite örnekleri çıkarmak için filtrelenmiştir. Çalışmada AFLP analizleri için susam'da çalıştığı daha önceki çalışmalarda gösterilen 5 primer kombinasyonu (LAURENTIN ve ark. 2006) (*Mse*ICAT/*Eco*RIACA, *Mse*ICAG/*Eco*RIACA, *Mse*ICAC/*Eco*RIACA, *Mse*ICAA/*Eco*RIACA, *Mse*ICTC/*Eco*RIACA).

3.5. Veri Analizleri

Morfolojik karakterlerin ortalamaları, standart hataları ve dağılımlar her bir susam tohum örneği için ortalama değerlerden hesaplanmıştır. Temel bileşenler analizi (PCA = Principal components analysis) JMP 7.0 software (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA) programı kullanılarak uygulanmıştır. Moleküler verilerinin analizi için örnekler (SSR ve AFLP lokusları) sırasıyla 1 ve 0 olarak numaralandırılan piklerin (bantların) varlık veya yoklukluklarına göre genotiplendirilmiştir. Her bir SSR ve AFLP lokusları (fragmenti) için polimorfik bilgi içeriği hesaplanmıştır. Bu bilgi için $PIC_i = 2 f_i (1-f_i)$ formülü kullanılmıştır. Bu formüle göre f_i değeri i markörü için varolan bantların sıklığı olarak ifade edilmiştir (ROLDAN-RUIZ ve ark. 2000). Analiz edilen bu veriler daha sonra dendogram çizimi için kullanılmıştır. NTSYS-pc versiyonu 2.2j (Applied Biostatics Inc, Setauket, New York, ABD) programı (ROHLF 1998) örnekler arasındaki benzerlik ve farklılıkları belirlemek amacıyla bir matris oluşturmak amacıyla kullanılmıştır. Bu yazılım aritmetik ortalama kullanarak yapılan ölçülmemiş çift grup yönteminde (UPGMA = unweighted-pair group method arithmetic average) içeren birkaç gruplandırma metodunu içermektedir ve verilerin korelasyonu ile bileşenlerin iki yada üç boyutlu çizimlerini içeren dendogramların oluşturulmasını sağlamaktadır. Dendogram çizebilmesi için kalitatif veriler örnekler arasında benzerlik ve farklılığı belirleyen bir matris oluşturulması amacıyla kullanılmıştır. Bu amaç için seçilen yöntem Dice yöntemidir (DICE 1945) ve bu yöntem örneklerin katsayı benzerliklerinin hesaplanmasına dayanmaktadır (MOHAMMADI ve PRASANNA 2003, GULSEN ve ark. 2007). Tanımlanan benzerlik matrisi daha sonrasında yazılımda bulunan SHAN modülü kullanılarak yapılan UPGMA gruplandırma yöntemi ile bir dendogram çizmek amacıyla kullanılmıştır. Gruplandırmanın etkinliğini belirlemek amacıyla kofenetik korelasyon katsayısı MANTEL (1967) yöntemi ile hesaplanmıştır. İkinci adım olarak, temel bileşen analizleri (PCA = Principle Component Analysis) örneklerin çoklu düzlemlerde örneklerin organizasyonunu temsil eden iki boyutlu ve üç boyutlu grafikleri oluşturmak amacıyla kullanılmıştır (MOHAMMADI ve PRASANNA 2003). Bu amaçla verilerin korelasyon matrisi yazılımdaki SMINT modülü ile hesaplanmıştır. Eigen modülü kullanarak Eigen değerler hesaplanmıştır ve temel koordinatlar analizi (PcoA) yapılmıştır. AFLP ve SSR işaretleyicileri kullanılarak elde edilen genotipik veriler moleküler genetik bağlantı haritası oluşturulması ve QTL analizlerinin yapılmasında kullanılmıştır. Moleküler genetik bağlantı haritasının (bağlantı gruplarının ve işaretleyici sıralarının belirlenmesi) oluşturulmasında Mapmaker v. 2 (LANDER ve ark. 1987) ve JoinMap v. 4 (STAM 1993) programları; QTL analizlerinin yapılmasında MapQTL v. 5 (VAN OOIJEN ve MALIEPAARD 1996) ve Qgene v. 4 (NELSON 1997) programları kullanılmıştır.

4. Bulgular ve Tartışma

4.1. Türk susam koleksiyonundaki genetik çeşitliliğinin belirlenmesi

4.1.1. Morfolojik Karakterizasyon

Türk susam koleksiyonundaki mevcut genetik varyasyon (çeşitliliğin) düzeyinin belirlenmesi amacıyla USDA ve ETAE Gen Bankalarından temin edilen yaklaşık 200 civarında susam tohum örneği (germplazm) tarla şartlarında yetiştirilerek bazı agro-morfolojik karakterler bakımından değerlendirilmiştir. Çalışmada çimlenmesi sağlanabilen yaklaşık 160 susam genotipi kullanılmıştır (Tablo 1). Susam genetik materyalleri ekim öncesinde tek tek hazırlanmış, ekim planı yapılmış ve gözlem klasörleri oluşturulmuştur. Her bir genotipe ait tohumlar, 5 metre ve iki sıradan oluşan parsellere yetecek şekilde kese kağıtlarına konulmuş ve numaralandırılmıştır. Mayıs ayı içerisinde tarla sulanmış ve tava geldikten sonra ekim yatağı ince bir şekilde hazırlanmıştır (Şekil 1, 2 ve 3). Tüm susam koleksiyonuna ait bitkiler 22 Haziran 2009 ve 18 Haziran 2010 tarihlerinde iki yıl süreyle tavlı toprağa Augmented Deneme Deseninde BATEM'in Aksu'daki Tarla Bitkileri Birimi deneme arazilerine ekilmiştir. Bitki çıkışları gayet iyi bir şekilde gerçekleşmiştir (Şekil 2, 4). Çıkışı takiben parsellerde seyreltme yapılmıştır. Seyreltme esnasında sıra üzerindeki yabancı otlar alınmıştır. Sıra arası ara çapasıyla işlenerek bitkilerin kendi genetik performans ve özelliklerini gösterebilecekleri uygun yetiştirme şartları sağlanmıştır. Tüm genotiplerde; ilk çiçek tarihi, % 50 çiçeklenme tarihi, ilk kapsül yüksekliği, bitki boyu, bitkide dal sayısı, bitkide kapsül sayısı, kapsülde dane sayısı, 1000 tohum ağırlığı, tohum verimi, dallanma durumu, sap tüylülüğü, yaprak tüylülüğü, yaprak koltuğundaki çiçek sayısı, büyüme tipi, kapsüldeki karpel sayısı, kapsül tüylülüğü, kapsül çatlatma durumu olmak üzere toplamda 15 agro-morfolojik karakterin ölçümü gerçekleştirilmiştir.



Şekil 1. 2009 yılı genetik materyalin ekileceği tarla parsellerinin hazırlanması ve ekimi

- Deneme parsellerinin hazırlanması
- Yarı mekanize ekim makinesi ile genotiplerin ekimi



Şekil 2. 2009 yılı denemede kullanılan materyallerin ilk çıkış ve çiçeklenme öncesi durumları.



Şekil 3. 2010 yılı genetik materyalin ekileceği tarla parsellerinin hazırlanması ve ekimi

- c) Deneme parsellerinin hazırlanması
- d) Yarı mekanize ekim makinesi ile genotiplerin ekimi



Şekil 4. 2010 yılı denemede kullanılan materyallerin ilk çıkış ve çiçeklenme öncesi durumları

2009 ve 2010 yıllarında yapılan bu çalışmalarda 15 agro-morfolojik karakter 160 susam genotipinde kantitatif olarak incelenmiştir. Üzerinde çalışma yapılan karakterler susam ıslah ve genetiği için önemli karakterlerdir. Tablo 4 Türk Susam Koleksiyonunun agro-morfolojik karakterler bakımından 2009 ve 2010 yılları ortalama değerleri ve varyasyon değerleri verilmiştir.

Tablo 4. 2009 ve 2010 yıllarında ölçülen morfolojik karakterlerin ortalamaları.

Karakterler	Ortalamalar \pm Standart Hata	Minimum	Maksimum
Büyüme Tipi	1.0 \pm 0.0	1	1
Sap Tüylüğü	3.22 \pm 0.07	3	7
Dallanma durumu	1.0 \pm 0.0	1	1
Yaprak Tüylülüğü	3.05 \pm 0.02	3	5
Yaprak Koltuğunda çiçek sayısı	1.02 \pm 0.01	1	2
Kapsülde karpel sayısı	1.0 \pm 0.0	1	2
Kapsül tüylülüğü	3.17 \pm 0.06	3	7
Kapsül çatlatma durumu	3.0 \pm 0.0	3	3
İlk çiçek tarihi	35.5 \pm 0.26	29	45.5
% 50 Çiçeklenme tarihi	39.08 \pm 0.30	32	49
İlk Kapsül Yüksekliği	36.28 \pm 0.58	19	56.5
Bitki Boyu	101 \pm 1.01	70.5	132

Bitkide dal Sayısı	3.66±0.05	2	5.5
Bitkide kapsül sayısı	73.22±1.64	38.5	197
Kapsülde Dane Sayısı	52.23±0.94	42.5	84

Tablolardan (5, 6 ve 7) da görüldüğü gibi ölçülen ve özellikle kantitatif kalıtım gösteren bazı agro-morfolojik karakterler bakımından genotipler arasında önemli derecede farklılıklar gözlenmiştir. Ancak, ölçülen bazı karakterler bakımından susam genotipleri arasında herhangi bir fenotipik varyasyon belirlenmemiştir. Örneğin, ilk kapsül yüksekliği, Bitkide kapsül sayısı, Bitki Boyu, Bitkide dal Sayısı, Kapsülde Dane Sayısı, İlk çiçek tarihi ve % 50 Çiçeklenme tarihi gibi karakterler bakımından genotipler arasında varyasyon gözlenmiştir. Buna karşılık, Sap Tüylüğü, Yaprak Tüylüğü, Yaprak Koltuğunda çiçek sayısı, Kapsülde karpel sayısı ve Kapsül tüylülüğü gibi karakterler bakımından sadece bir kaç genotip varyasyon gösterirken Büyüme Tipi, Dallanma durumu ve Kapsül çatlatma durumu gibi karakterler bakımından genotipler arasında varyasyon gözlenmemiştir. Çalışma kapsamında yapılan fenotipik gözlem analizlere göre, büyüme tipi, dallanma durumu ve kapsül çatlatma durumu bakımından Türk susam tohum örnekleri arasında varyasyon gözlenmemiştir (Şekil 5, 6 ve 7).

Tablo 5. 2009 yılında yetiştirilen susam tohum örneklerinin agro-morfolojik karakterlerine ait elde edilen veriler.

Kod No	PI No	Orijin	Büyüme. tipi	Sap tıylülüğü	Dallanma durumu	Yaprak tıylülüğü	Yaprak koluğunda çiçek sayısı	Kapsüde karpel sayısı	Kapsül tıylülüğü	Kapsül çatlatma durumu	İlk çiçek tarihi	% 50 çiçeklenme tarihi	İlk kapsül yüksekliği	Bitki boyu	Bitkide dal sayısı	Bitkide kapsül sayısı	Kapsüde dane sayısı	1000 tohum ağırlığı	Tohum verimi g/3.5 m ²
S1	PI 170747	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	22	75	4	86	18	3.4	40.25
S2	PI 170745	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	25	83	2	53	18	3.0	69.48
S3	PI 170744	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	33	20	70	2	38	20	2.9	40.82
S4	PI 170743	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	13	62	4	100	17	3.1	42.02
S5	PI 170742	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	20	75	3	56	19	2.4	6.36
S6	PI 170739	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	43	38	70	5	10	19	3.1	3.09
S7	PI 170738	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	18	55	3	33	19	3.0	13.7
S8	PI 170737	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	17	48	2	26	18	2.6	13.9
S10	PI 238487	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	20	67	3	43	17	2.8	73.79
S11	PI 238470	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	34	25	77	3	76	19	3.1	48.74
S13	PI 170718	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	35	108	5	119	19	3.8	81.94
S15	PI 170715	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	35	105	5	106	19	3.4	79.1
S16	PI 238469	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38	32	74	2	53	18	3.0	104.31
S17	PI 238468	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	49	28	100	2	54	18	3.2	49.72
S18	PI 238466	Türkiye	1	3	1	5	1	1	7	3	38	49	33	95	3	55	18	3.2	51.73
S19	PI 238448	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	46	30	110	4	96	19	3.0	13.91
S20	PI 238447	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	45	34	70	3	46	19	3.0	16.54
S21	PI 238446	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	33	85	3	47	19	3.5	31.11
S24	PI 175908	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	27	80	3	62		3.1	70.73
S26	PI 238449	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	15	48	2	11	19	2.5	22.83
S27	PI 238450	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	36	44	25	83	3	28	18	3.0	23.85
S29	PI 167115	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	42	47	28	60	2	37	18	2.1	22.19
S33	PI 238451	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	35	39	35	85	4	52	18	2.8	63.25

S34	PI 238453	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	32	35	25	95	3	67	19	2.6	86.5
S36	Muganlı-57	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	35	39	35	113	3	87	19	3.5	127.08
S37	PI 238417	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	32	36	27	72	4	69	18	2.7	6.65
S39	PI 179486	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	42	48	47	98	3	31	18	2.0	9.52
S40	PI 179484	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	35	39	25	85	3	62	18	2.1	45.34
S43	PI 238419	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	44	44	98	3	53	18	3.4	52.09
S44	PI 238420	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43	28	85	3	46	18	3.0	48.9
S45	PI 238422	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43	28	100	3	51	19	3.3	79.9
S46	PI 238435	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	32	35	20	75	3	42	20	2.6	116.41
S47	PI 238437	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	30	88	2	42	19	3.0	37.6
S48	PI 170711	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41	43	90	3	35	19	3.5	20.42
S49	PI 170713	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41	40	103	3	72	18	2.8	128.48
S50	PI 170714	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	44	35	95	2	25	19	1.9	15.23
S51	PI 238438	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	38	43	35	105	4	57	20	3.4	74.61
S52	PI 238439	Türkiye	1		1	3	1	1	3	3	37	39	20	77	4	78	19	3.0	47.6
S53	PI 238440	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	22	89	3	64	17	3.1	142.33
S54	PI 167343	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	32	92	4	64	17	2.4	69.22
S55	PI 238429	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	43	46	48	100	3	66	17	3.4	30.2
S56	PI 238428	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	41	44	43	109	4	99	17	3.1	53.32
S57	PI 238430	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	35	93	3	68	18	2.9	113.55
S58	PI 238431	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41	25	90	3	59	19	2.8	17.62
S59	PI 238432	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	44	38	110	4	102	17	2.7	114.42
S60	PI 238433	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33	22	93	2	53	18	3.1	150.73
S61	PI 238426	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	32	34	30	98	4	82	18	2.4	58.34
S62	PI 238423	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	27	118	3	46	18	3.0	129.42
S63	PI 238458	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	25	100	2	50	18	3.1	42.72
S64	PI 238434	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	35	88	4	87	20	2.3	58.08
S65	PI 170730	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	42	44	45	93	4	72	18	2.0	21.06
S66	PI 170729	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	34	90	3	79	19	3.8	53.26
S67	PI 205229	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	22	92	4	61	18	2.9	61.23

S68	PI 205225	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37	32	100	3	59	18	3.2	59.23
S69	PI 205228	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	40	95	2	28	17	2.5	11.82
S70	PI 205227	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	38	103	3	48	21	2.9	24.09
S71	PI 238471	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	36	39	35	104	3	85	19	2.8	70.19
S72	PI 238473	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	46	40	115	3	59	18	2.1	18.75
S73	PI 238474	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	20	93	5	134	20	2.7	55.84
S74	PI 238475	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	45	110	3	41	19	2.6	8.98
S76	PI 238477	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	48	98	5	87	19	2.7	61.95
S77	PI 238478	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	18	57	4	73		2.9	107.68
S78	PI 238479	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	60	100	4	45		2.9	45.12
S79	PI 238481	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	42	45	38	55	3	36		3.2	35.67
S80	PI 238482	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	47	13	68	3	43		2.9	76.87
S81	PI 238483	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	30	32	35	80	5	40		2.9	81.86
S82	PI 238485	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	23	76	3	72		2.8	103.19
S83	PI 238486	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	44	35	83	3	73		3.0	51.11
S84	PI 179481	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	39	97	3	61		3.0	68.31
S85	PI 240850	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	58	105	2	36		2.3	15.84
S86	PI 240848	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	35	95	2	46		2.3	12.38
S87	PI 240847	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	40	65	3	68		3.0	89.4
S88	PI 170726	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	38	90	3	47		3.1	45.41
S89	PI 170725	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	25	75	3	45		2.6	13.92
S90	PI 170724	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	20	55	2	94		3.1	142
S91	PI 170723	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	23	68	4	38		3.2	35.42
S92	PI 240846	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	30	75	3	32		2.9	26.62
S93	PI 240845	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	25	108	3	31		2.6	14.03
S94	PI 240844	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	45	48	34	80	4	15		2.4	5.96
S95	PI 238488	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	28	64	3	34		2.6	26.32
S97	PI 179034	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	26	65	3			2.8	15.38
S98	PI 170710	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38	28	59	2			3.0	54.33
S99	PI 170708	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	35	28	75	4	62		2.5	69.76

S101	PI 179032	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	44	20	60	4	48		2.9	34.73
S104	PI 177540	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	43	35	60	3	36		2.6	20.09
S105	PI 170759	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	40	77	4	34		3.1	32.5
S106	PI 170758	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	33	75	3	46		2.6	42.89
S107	PI 170757	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	40	75	4	31		2.5	10.14
S109	PI 170748	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	45	20	60	3	44		2.8	23.23
S110	PI 170749	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	23	63	3	39		3.3	38.51
S111	PI 170752	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	23	69	2	46		1.6	5.61
S113	PI 170760	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	44	40	77	3	52		2.5	12.88
S115	PI 170762	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	40	80	5	42		2.6	10.69
S116	PI 240852	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	37	20	70	3	32		3.5	26.81
S117	PI 240853	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	25	77	3	80	17	3.6	40.16
S118	PI 240854	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	38	32	67	3	65	18	3.3	56.86
S119	PI 240856	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	34	37	20	58	2	33	18	3.0	63.73
S120	PI 263373	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	23	78	3	34	18	1.9	3.96
S121	PI 263375	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	46	25	83	3	78	19	2.4	7.03
S122	PI 177072	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	28	75	3	58	18	2.9	23.2
S123	PI 204623	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	38	87	5	102	20	3.4	17.33
S124	PI 182295	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	43	65	3	21	19	2.0	7.65
S128	PI 179489	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	50	97	4	27	18	3.5	10.84
S131	PI 238465	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	22	95	4	60	19	2.6	81.66
S132	PI 238464	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38	23	80	4	62	19	3.3	44.2
S133	PI 238463	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	45	75	4	25	18	3.6	17.06
S134	PI 170727	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	34	76	3	38	20	2.7	45.77
S135	PI 238462	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	45	97	4	55	17	3.4	35.56
S136	PI 238461	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	30	72	2	33	17	2.9	35.41
S137	PI 238460	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	30	96	6	89	18	2.7	9.76
S139	PI 238459	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	20	70	3	55	19	3.6	57.47
S140	PI 170732	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	33	83	3	46	18	2.5	32.1
S145	PI 173101	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32	34	78	4	25	20	3.2	14.24

S146	PI 173100	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	44	46	44	87	2	18	19	3.0	1.25
S147	PI 170769	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	38	33	77	3	30	19	3.2	40.9
S148	Özberk	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	32	68	4	45	18	3.4	60.98
S149	PI 170767	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	48	103	3	44	18	3.3	143.11
S150	PI 170765	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	38	105	2	39	18	3.0	18.74
S153	PI 238445	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	35	90	4	60	19	3.2	63.21
S154	PI 238444	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	28	77	3	27	20	3.1	97.34
S155	PI 238442	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	30	39	30	68	2	36	19	3.1	16.04
S156	PI 238441	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	45	77	2	48	18	3.6	55.56
S157	ORHANGAZI	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	36	39	35	105	3	46	18	3.6	91.67
S158	TAN-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	40	107	6	79	19	3.0	84.91
S159	KEPSUT-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	38	48	112	2	35	20	3.5	92.11
S160	OSMANLI-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	28	95	3	63	19	3.4	71.39
S161	TR 45524	Adana	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	43	100	5	63	17	2.8	107.98
S162	TR 45572	Adıyaman	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	33	95	3	61	17	3.8	69.51
S163	TR 39702	Antalya	1	3	1	3	1	1	3	3	36	38	28	88	4	67	17	2.5	86.48
S164	TR 61609	Aydın	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	40	93	2	42	17	3.5	81.9
S165	TR 38106	Balıkesir	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	20	73	2	26	18	3.4	70.17
S166	TR 76589	Bilecik	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	23	80	3	37	18	3.6	91.4
S167	TR 42870	BURSA	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33	15	78	3	32	17	3.1	43.47
S168	TR 68411	Çanakkale	1	3	1	3	1	1	3	3	31	36	30	75	3	33	18	3.8	67.34
S169	TR 61927	Denizli	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	23	67	2	24	18	3.3	37.79
S170	TR 45642	Diyarbakır	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	35	97	5	65	18	3.6	106.85
S171	TR 38253	Edirne	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32	23	55	2	21	18	3.0	7.16
S173	TR 42145	Gaziantep	1	3	1	3	1	1	3	3	31	29	30	95	3	38	18	4.2	55.66
S174	TR 39695	İçel	1	3	1	3	1	1	3	3	36	38	25	68	4	65	19	2.9	97.62
S175	TR 52540	İzmir	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	28	100	2	21	18	3.7	42.2
S176	TR 45543	Maraş	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	30	77	4	34	18	3.3	86.62
S177	TR 52533	Kars	1	3	1	3	1	1	3	3	37	38	31	90	3	38	17	3.5	82.23
S178	TR 42635	Kırklareli	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	28	98	4	30	21	3.6	41.92

S179	TR 50128	Kütahya	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	20	87	4	57	19	3.4	79.38
S180	TR 45596	Malatya	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37	33	81	5	45	18	3.1	19.39
S181	TR 64094	Manisa	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	40	85	2	21	20	3.0	16.58
S182	TR 45673	Mardin	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41	32	82	2	27	19	3.0	13.34
S183	TR 39716	Muğla	1	3	1	3	1	1	3	3	29	41	25	88	4	53	21	3.2	37.87
S184	TR 37513	Siirt	1	3	1	3	1	2	3	3	38	42	45	102	3	33	19	3.1	30.58
S185	TR 45707	Şanlıurfa	1	3	1	3	1	1	3	3	39	42	33	103	5	52	19	3.8	101.62
S186	TR 38356	Tekirdağ	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	22	65	3	29	21	3.5	36.92
S187	TR 68905	Uşak	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33	18	80	3	29	20	3.5	27.3
S188	Cumhuriyet	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	40	105	3	52	19	3.6	55.34
Mug	Muganlı 57	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	35	28.7	91	3.7	48	18.7	3.6	93.44
Özb		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	37.67	31.3	93	3.3	34.67	19	3.4	78.62
Göl		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37.67	32	110	4.7	61	18.7	3.1	52.83
Tan		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38	28.3	104	3.7	52.67	18.7	2.9	48.4

Tablo 6. 2010 yılında yetiştirilen susam tohum örneklerinin agro-morfolojik karakterlerine ait elde edilen veriler.

Kod No	PI No	Orijin	Büyüme. tipi	Sap tūylūğū	Dallanma durumu	Yaprak tūylūğū	Yaprak koltuğunda çiçek sayısı	Kapsülde karpel sayısı	Kapsül tūylūğū	Kapsül çatlatma durumu	İlk çiçek tarihi	% 50 çiçeklenme tarihi	İlk kapsül yüksekliđi	Bitki boyu	Bitkide dal sayısı	Bitkide kapsül sayısı	Kapsülde dane sayısı
S1	PI 170747	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	30	98	4	99	72
S2	PI 170745	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	30	100	4	95	72
S3	PI 170744	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41	25	100	6	171	80
S4	PI 170743	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41	33	93	4	92	68
S5	PI 170742	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	45	38	90	4	86	76
S6	PI 170739	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	44	35	160	1	127	76
S7	PI 170738	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	30	105	4	111	76
S8	PI 170737	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	25	93	4	103	72
S10	PI 238487	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	33	95	4	85	72
S11	PI 238470	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	47	40	107	4	110	68
S13	PI 170718	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	41	45	38	135	5	102	76
S15	PI 170715	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	45	112	5	135	76
S16	PI 238469	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41	32	123	6	129	76
S17	PI 238468	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	45	40	113	5	111	72
S18	PI 238466	Türkiye	1	3	1	5	1	1	7	3	38	49	40	128	5	80	76
S19	PI 238448	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	46	50	115	6	93	72
S20	PI 238447	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	45	38	117	6	115	72
S21	PI 238446	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	35	113	4	99	72
S24	PI 175908	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	37	145	4	92	76
S25	PI 175907	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	40	55	115	5	89	76
S26	PI 238449	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	38	115	5	116	76
S27	PI 238450	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	36	44	38	122	4	97	76

S28	PI 165021	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	42	37	120	5	109	76
S29	PI 167115	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	42	47	50	110	6	119	76
S31	PI 167248	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	39	45	130	4	141	72
S32	PI 170733	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	29	43	70	119	6	147	76
S33	PI 238451	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	35	39	45	117	3	87	72
S34	PI 238453	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	32	35	37	115	3	136	76
S35	PI 238455	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	30	36	30	127	4	111	76
S36	Muganlı-57	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	35	39	43	110	3	91	76
S37	PI 238417	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	32	35	30	127	4	86	72
S39	PI 179486	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	42	48	45	118	4	112	76
S40	PI 179484	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	35	39	38	138	3	64	72
S43	PI 238419	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	45	43	130	5	140	72
S44	PI 238420	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43	30	115	4	116	72
S45	PI 238422	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43	45	147	4	89	76
S46	PI 238435	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	32	35	30	100	5	101	80
S47	PI 238437	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	33	124	4	102	76
S48	PI 170711	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41	35	128	3	94	76
S49	PI 170713	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41	40	145	5	119	72
S50	PI 170714	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	45	50	168	3	97	76
S51	PI 238438	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	38	44	43	139	5	113	80
S52	PI 238439	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	38	83	4	64	76
S53	PI 238440	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	35	108	4	98	68
S54	PI 167343	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	33	105	5	97	68
S55	PI 238429	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	43	47	43	122	5	110	68
S56	PI 238428	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	41	45	35	109	5	67	68
S57	PI 238430	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	67	158	5	105	72
S58	PI 238431	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41	58	150	4	75	76
S59	PI 238432	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	45	50	135	5	119	68
S60	PI 238433	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33	35	105	4	122	72
S61	PI 238426	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	32	34	43	122	5	119	72

S62	PI 238423	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	45	125	4	124	72
S63	PI 238458	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	48	131	4	113	72
S64	PI 238434	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	38	133	4	141	80
S65	PI 170730	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	42	45	50	118	5	81	72
S66	PI 170729	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	35	112	4	97	76
S67	PI 205229	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	29	36	30	95	4	69	72
S68	PI 205225	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37	45	163	4	137	72
S69	PI 205228	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	53	139	4	112	68
S70	PI 205227	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	40	138	4	111	84
S71	PI 238471	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	36	39	38	110	4	89	76
S72	PI 238473	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	46	45	140	4	95	72
S73	PI 238474	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	30	110	4	94	80
S74	PI 238475	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	45	132	4	94	76
S75	PI 238476	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	38	40	98	4	72	76
S76	PI 238477	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	33	120	5	122	76
S77	PI 238478	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	38	120	4	128	72
S78	PI 238479	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	45	37	125	6	161	72
S79	PI 238481	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	35	39	33	122	4	119	76
S80	PI 238482	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	29	36	32	115	4	81	80
S81	PI 238483	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	34	37	33	131	4	100	76
S82	PI 238485	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	33	118	4	112	76
S83	PI 238486	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	30	115	4	120	72
S84	PI 179481	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	30	108	5	178	76
S85	PI 240850	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	46	35	108	4	99	80
S86	PI 240848	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	20	95	4	83	76
S87	PI 240847	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	35	122	4	100	68
S88	PI 170726	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	38	40	130	4	110	68
S89	PI 170725	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37	73	153	4	97	68
S90	PI 170724	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	37	143	4	84	68
S91	PI 170723	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	35	43	122	5	149	72

S92	PI 240846	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	65	150	5	165	76
S93	PI 240845	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	46	138	4	71	68
S94	PI 240844	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	46	48	40	163	4	159	72
S95	PI 238488	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	45	138	4	82	72
S97	PI 179034	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	48	128	4	197	72
S98	PI 170710	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38	40	125	3	83	80
S99	PI 170708	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	35	37	122	3	81	72
S101	PI 179032	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	44	40	132	4	129	72
S103	PI 177541	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	43	43	138	4	148	76
S104	PI 177540	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	43	43	128	5	127	84
S105	PI 170759	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	53	140	5	138	72
S106	PI 170758	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	32	115	4	120	76
S107	PI 170757	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	45	108	5	116	72
S108	PI 170755	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	37	42	118	4	113	76
S109	PI 170748	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	45	65	138	5	88	68
S110	PI 170749	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	45	112	4	92	84
S111	PI 170752	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	50	137	5	80	72
S112	PI 170753	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	42	28	112	5	109	72
S113	PI 170760	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32	33	103	5	109	72
S115	PI 170762	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	44	46	28	89	5	93	72
S116	PI 240852	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	35	90	4	79	76
S117	PI 240853	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	43	115	4	66	68
S118	PI 240854	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	40	100	4	72	72
S119	PI 240856	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	35	39	45	115	5	62	72
S120	PI 263373	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	48	143	3	80	72
S121	PI 263375	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	55	128	4	90	76
S122	PI 177072	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	50	125	3	79	72
S123	PI 204623	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	45	140	4	77	80
S127	PI 179490	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	55	125	4	73	76
S128	PI 179489	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	40	135	3	133	72

S129	PI 179488	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	53	100	4	68	72
S131	PI 238465	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	55	133	5	93	76
S132	PI 238464	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38	53	110	4	77	76
S133	PI 238463	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	68	135	4	99	72
S134	PI 170727	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	43	100	4	89	80
S135	PI 238462	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35	38	95	5	92	68
S136	PI 238461	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	35	108	4	106	68
S137	PI 238460	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	35	88	3	70	72
S138	PI 170728	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	37	95	4	87	76
S139	PI 238459	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32	43	105	5	72	76
S140	PI 170732	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	60	110	4	84	72
S143	PI 174354	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	41	92	155	4	79	72
S144	PI 174353	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	42	50	95	5	69	76
S145	PI 173101	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32	45	100	4	59	80
S146	PI 173100	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	44	46	50	140	5	88	76
S147	PI 170769	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	55	126	4	60	76
S148	Özberk	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	73	140	3	73	72
S149	PI 170767	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	50	132	3	63	72
S150	PI 170765	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	48	128	3	49	72
S153	PI 238445	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	40	118	5	81	76
S154	PI 238444	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39	23	85	3	66	80
S155	PI 238442	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	31	32	75	105	3	48	76
S156	PI 238441	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45	55	120	3	66	72
S157	ORHANGAZI	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	33	41	45	100	3	52	72
S158	TAN-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	42	53	98	5	67	76
S159	KEPSUT-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32	47	110	2	66	80
S160	OSMANLI-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	44	46	55	118	5	118	76
S161	TR 45524	Adana	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	53	131	5	83	68
S162	TR 45572	Adıyaman	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	43	102	3	72	68
S163	TR 39702	Antalya	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36	32	110	3	56	68

S164	TR 61609	Aydın	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	50	125	4	73	68
S165	TR 38106	Balıkesir	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	30	130	3	72	72
S166	TR 76589	Bilecik	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	50	104	4	65	72
S167	TR 42870	Bursa	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33	23	78	3	49	68
S168	TR 68411	Çanakkale	1	3	1	3	1	1	3	3	31	36	35	111	4	80	72
S169	TR 61927	Denizli	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	22	95	3	73	72
S170	TR 45642	Diyarbakır	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	40	105	3	58	72
S171	TR 38253	Edirne	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32	40	115	3	56	72
S173	TR 42145	Gaziantep	1	3	1	3	1	1	3	3	31	35	38	117	2	55	72
S174	TR 39695	İçel	1	3	1	3	1	1	3	3	36	38	33	90	4	59	76
S175	TR 52540	İzmir	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	40	122	4	89	72
S176	TR 45543	Maraş	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38	35	97	6	93	72
S177	TR 52533	Kars	1	3	1	3	1	1	3	3	37	38	53	133	3	53	68
S178	TR 42635	Kırklareli	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39	30	110	4	126	84
S179	TR 50128	Kütahya	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36	30	97	3	48	76
S180	TR 45596	Malatya	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37	40	120	3	56	72
S181	TR 64094	Manisa	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	55	132	3	62	80
S182	TR 45673	Mardin	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42	43	113	5	61	76
S183	TR 39716	Muğla	1	3	1	3	1	1	3	3	29	42	40	105	4	54	84
S184	TR 37513	Siirt	1	3	1	3	1	2	3	3	38	43	43	100	4	59	76
S185	TR 45707	Şanlıurfa	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43	45	97	4	52	76
S186	TR 38356	Tekirdağ	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39	35	90	4	52	84
S187	TR 68905	Uşak	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33	30	97	4	49	80
S188	Cumhuriyet	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39	42	105	4	65	76
Mug		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.4	37.4	39	99.4	3.4	86.4	74.4
Özb		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.2	37.6	38.6	97.2	3.8	75.8	75.2
Göl		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.6	37.4	41.2	119	4.4	89.8	75.2
Tan		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.8	38	45.6	116	3.6	84.4	72.8

Table 7. Susam tohum örneklerinin agro-morfolojik karakterlerine ait elde edilen 2009 ve 2010 yılları ortalama verileri.

Kod No	PI No	Orijin	Büyüme. tipi	Sap tülülüğü	Dallanma durumu	Yaprak tülülüğü	Yaprak koltuğunda çiçek sayısı	Kapsülde karpel sayısı	Kapsül tülülüğü	Kapsül çatlatma durumu	İlk çiçek tarihi	% 50 çiçeklenme tarihi	İlk kapsül yüksekliği	Bitki boyu	Bitkide dal sayısı	Bitkide kapsül sayısı	Kapsülde dane sayısı
S1	PI 170747	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31.5	33.5	26.0	86.5	4.0	92.5	45.0
S2	PI 170745	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.5	37.0	27.5	91.5	3.0	74.0	45.0
S3	PI 170744	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.5	37.0	22.5	85.0	4.0	104.5	50.0
S4	PI 170743	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37.5	40.0	23.0	77.5	4.0	96.0	42.5
S5	PI 170742	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38.5	43.5	29.0	82.5	3.5	71.0	47.5
S6	PI 170739	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	43.5	36.5	115.0	3.0	68.5	47.5
S7	PI 170738	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36.5	39.0	24.0	80.0	3.5	72.0	47.5
S8	PI 170737	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34.5	37.0	21.0	70.5	3.0	64.5	45.0
S10	PI 238487	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.5	38.5	26.5	81.0	3.5	64.0	44.5
S11	PI 238470	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37.5	40.5	32.5	92.0	3.5	93.0	43.5
S13	PI 170718	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42.0	36.5	121.5	5.0	110.5	47.5
S15	PI 170715	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	37.0	40.0	108.5	5.0	120.5	47.5
S16	PI 238469	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.5	32.0	98.5	4.0	91.0	47.0
S17	PI 238468	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	40.5	47.0	34.0	106.5	3.5	82.5	45.0
S18	PI 238466	Türkiye	1	3	1	5	1	1	7	3	38	49.0	36.5	111.5	4.0	67.5	47.0
S19	PI 238448	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	46.0	40.0	112.5	5.0	94.5	45.5
S20	PI 238447	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	45.0	36.0	93.5	4.5	80.5	45.5
S21	PI 238446	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	34.0	99.0	3.5	73.0	45.5
S24	PI 175908	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39.0	32.0	112.5	3.5	77.0	76.0
S26	PI 238449	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	26.5	81.5	3.5	63.5	47.5
S27	PI 238450	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	36	44.0	31.5	102.5	3.5	62.5	47.0
S29	PI 167115	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	42	47.0	39.0	85.0	4.0	78.0	47.0
S33	PI 238451	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	35	39.0	40.0	101.0	3.5	69.5	45.0

S34	PI 238453	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	32	35.0	31.0	105.0	3.0	101.5	47.5
S36	Muganlı-57	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	35	39.0	39.0	111.5	3.0	89.0	47.5
S37	PI 238417	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	32	35.5	28.5	99.5	4.0	77.5	45.0
S39	PI 179486	Türkiye	1	7	1	3	1	1	3	3	42	48.0	46.0	108.0	3.5	71.5	47.0
S40	PI 179484	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	35	39.0	31.5	111.5	3.0	63.0	45.0
S43	PI 238419	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	44.5	43.5	114.0	4.0	96.5	45.0
S44	PI 238420	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43.0	29.0	100.0	3.5	81.0	45.0
S45	PI 238422	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	43.0	36.5	123.5	3.5	70.0	47.5
S46	PI 238435	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	32	35.0	25.0	87.5	4.0	71.5	50.0
S47	PI 238437	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	31.5	106.0	3.0	72.0	47.5
S48	PI 170711	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41.0	39.0	109.0	3.0	64.5	47.5
S49	PI 170713	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41.0	40.0	124.0	4.0	95.5	45.0
S50	PI 170714	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	44.5	42.5	131.5	2.5	61.0	47.5
S51	PI 238438	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	38	43.5	39.0	122.0	4.5	85.0	50.0
S52	PI 238439	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39.0	29.0	80.0	4.0	71.0	47.5
S53	PI 238440	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39.0	28.5	98.5	3.5	81.0	42.5
S54	PI 167343	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.0	32.5	98.5	4.5	80.5	42.5
S55	PI 238429	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	43	46.5	45.5	111.0	4.0	88.0	42.5
S56	PI 238428	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	41	44.5	39.0	109.0	4.5	83.0	42.5
S57	PI 238430	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.5	51.0	125.5	4.0	86.5	45.0
S58	PI 238431	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41.0	41.5	120.0	3.5	67.0	47.5
S59	PI 238432	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	42	44.5	44.0	122.5	4.5	110.5	42.5
S60	PI 238433	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33.0	28.5	99.0	3.0	87.5	45.0
S61	PI 238426	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	32	34.0	36.5	110.0	4.5	100.5	45.0
S62	PI 238423	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36.0	36.0	121.5	3.5	85.0	45.0
S63	PI 238458	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	36.5	115.5	3.0	81.5	45.0
S64	PI 238434	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36.0	36.5	110.5	4.0	114.0	50.0
S65	PI 170730	Türkiye	1	3	1	3	1	1	5	3	42	44.5	47.5	105.5	4.5	76.5	45.0
S66	PI 170729	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	34.5	101.0	3.5	88.0	47.5
S67	PI 205229	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32.5	37.5	26.0	93.5	4.0	65.0	45.0

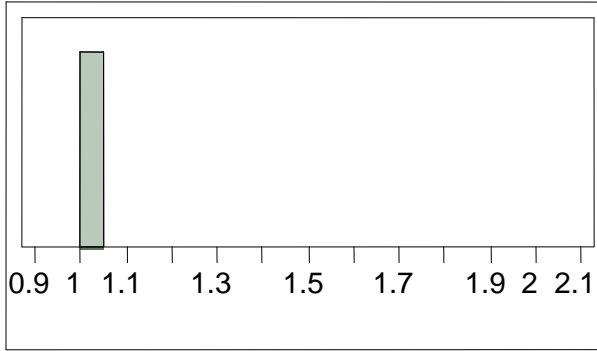
S68	PI 205225	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37.0	38.5	131.5	3.5	98.0	45.0
S69	PI 205228	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	46.5	117.0	3.0	70.0	42.5
S70	PI 205227	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.0	39.0	120.5	3.5	79.5	52.5
S71	PI 238471	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	36	39.0	36.5	107.0	3.5	87.0	47.5
S72	PI 238473	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	46.0	42.5	127.5	3.5	77.0	45.0
S73	PI 238474	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	25.0	101.5	4.5	114.0	50.0
S74	PI 238475	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39.0	45.0	121.0	3.5	67.5	47.5
S76	PI 238477	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32.5	35.5	40.5	109.0	5.0	104.5	47.5
S77	PI 238478	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.5	39.0	28.0	88.5	4.0	100.5	72.0
S78	PI 238479	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	42.0	48.5	112.5	5.0	103.0	72.0
S79	PI 238481	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	38.5	42.0	35.5	88.5	3.5	77.5	76.0
S80	PI 238482	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	41.5	22.5	91.5	3.5	62.0	80.0
S81	PI 238483	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	32	34.5	34.0	105.5	4.5	70.0	76.0
S82	PI 238485	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	35.5	28.0	97.0	3.5	92.0	76.0
S83	PI 238486	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	37.5	41.5	32.5	99.0	3.5	96.5	72.0
S84	PI 179481	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37.0	34.5	102.5	4.0	119.5	76.0
S85	PI 240850	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	42.5	46.5	106.5	3.0	67.5	80.0
S86	PI 240848	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37.0	27.5	95.0	3.0	64.5	76.0
S87	PI 240847	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	37.5	93.5	3.5	84.0	68.0
S88	PI 170726	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34.5	38.5	39.0	110.0	3.5	78.5	68.0
S89	PI 170725	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.5	49.0	114.0	3.5	71.0	68.0
S90	PI 170724	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36.0	28.5	99.0	3.0	89.0	68.0
S91	PI 170723	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31.5	35.0	33.0	95.0	4.5	93.5	72.0
S92	PI 240846	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45.0	47.5	112.5	4.0	98.5	76.0
S93	PI 240845	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45.0	35.5	123.0	3.5	51.0	68.0
S94	PI 240844	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	45.5	48.0	37.0	121.5	4.0	87.0	72.0
S95	PI 238488	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	36.5	101.0	3.5	58.0	72.0
S97	PI 179034	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.0	37.0	96.5	3.5	197.0	72.0
S98	PI 170710	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38.0	34.0	92.0	2.5	83.0	80.0
S99	PI 170708	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	35.0	32.5	98.5	3.5	71.5	72.0

S101	PI 179032	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	44.0	30.0	96.0	4.0	88.5	72.0
S104	PI 177540	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	43.0	39.0	94.0	4.0	81.5	84.0
S105	PI 170759	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32.0	46.5	108.5	4.5	86.0	72.0
S106	PI 170758	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	32.5	95.0	3.5	83.0	76.0
S107	PI 170757	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	42.5	91.5	4.5	73.5	72.0
S109	PI 170748	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	45.0	42.5	99.0	4.0	66.0	68.0
S110	PI 170749	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.0	34.0	87.5	3.5	65.5	84.0
S111	PI 170752	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	36.5	103.0	3.5	63.0	72.0
S113	PI 170760	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38.0	36.5	90.0	4.0	80.5	72.0
S115	PI 170762	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41.0	34.0	84.5	5.0	67.5	72.0
S116	PI 240852	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.5	37.5	27.5	80.0	3.5	55.5	76.0
S117	PI 240853	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34.5	37.0	34.0	96.0	3.5	73.0	42.5
S118	PI 240854	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	37.0	36.0	83.5	3.5	68.5	45.0
S119	PI 240856	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	34.5	38.0	32.5	86.5	3.5	47.5	45.0
S120	PI 263373	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39	41.5	35.5	110.5	3.0	57.0	45.0
S121	PI 263375	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42.5	40.0	105.5	3.5	84.0	47.5
S122	PI 177072	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36.0	39.0	100.0	3.0	68.5	45.0
S123	PI 204623	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	41.5	113.5	4.5	89.5	50.0
S128	PI 179489	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	45.0	116.0	3.5	80.0	45.0
S131	PI 238465	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	38.5	114.0	4.5	76.5	47.5
S132	PI 238464	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	38.0	38.0	95.0	4.0	69.5	47.5
S133	PI 238463	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45.0	56.5	105.0	4.0	62.0	45.0
S134	PI 170727	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	34	39.0	38.5	88.0	3.5	63.5	50.0
S135	PI 238462	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	35.0	41.5	96.0	4.5	73.5	42.5
S136	PI 238461	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36.0	32.5	90.0	3.0	69.5	42.5
S137	PI 238460	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32.0	32.5	92.0	4.5	79.5	45.0
S139	PI 238459	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32.0	31.5	87.5	4.0	63.5	47.5
S140	PI 170732	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	43	45.0	46.5	96.5	3.5	65.0	45.0
S145	PI 173101	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32.0	39.5	89.0	4.0	42.0	50.0
S146	PI 173100	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	44	46.0	47.0	113.5	3.5	53.0	47.5

S147	PI 170769	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.5	38.0	44.0	101.5	3.5	45.0	47.5
S148	Özberk	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	38	42.0	52.5	104.0	3.5	59.0	45.0
S149	PI 170767	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	36.0	49.0	117.5	3.0	53.5	45.0
S150	PI 170765	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	43.0	116.5	2.5	44.0	45.0
S153	PI 238445	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38.0	37.5	104.0	4.5	70.5	47.5
S154	PI 238444	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	25.5	81.0	3.0	46.5	50.0
S155	PI 238442	Türkiye	1	3	1	3	2	1	3	3	30.5	35.5	52.5	86.5	2.5	42.0	47.5
S156	PI 238441	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	39.5	42.0	50.0	98.5	2.5	57.0	45.0
S157	ORHANGAZİ	Türkiye	1	5	1	5	1	1	7	3	34.5	40.0	40.0	102.5	3.0	49.0	45.0
S158	TAN-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.5	40.5	46.5	102.5	5.5	73.0	47.5
S159	KEPSUT-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33	35.0	47.5	111.0	2.0	50.5	50.0
S160	OSMANLI-99	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	40	42.5	41.5	106.5	4.0	90.5	47.5
S161	TR 45524	Adana	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38.0	48.0	115.5	5.0	73.0	42.5
S162	TR 45572	Adıyaman	1	3	1	3	1	1	3	3	36.5	40.0	38.0	98.5	3.0	66.5	42.5
S163	TR 39702	Antalya	1	3	1	3	1	1	3	3	34.5	37.0	30.0	99.0	3.5	61.5	42.5
S164	TR 61609	Aydın	1	3	1	3	1	1	3	3	35.5	39.0	45.0	109.0	3.0	57.5	42.5
S165	TR 38106	Balıkesir	1	3	1	3	1	1	3	3	33.5	36.5	25.0	101.5	2.5	49.0	45.0
S166	TR 76589	Bilecik	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36.0	36.5	92.0	3.5	51.0	45.0
S167	TR 42870	Bursa	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33.0	19.0	78.0	3.0	40.5	42.5
S168	TR 68411	Çanakkale	1	3	1	3	1	1	3	3	31	36.0	32.5	93.0	3.5	56.5	45.0
S169	TR 61927	Denizli	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38.0	22.5	81.0	2.5	48.5	45.0
S170	TR 45642	Diyarbakır	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	37.5	101.0	4.0	61.5	45.0
S171	TR 38253	Edirne	1	3	1	3	1	1	3	3	30	32.0	31.5	85.0	2.5	38.5	45.0
S173	TR 42145	Gaziantep	1	3	1	3	1	1	3	3	31	32.0	34.0	106.0	2.5	46.5	45.0
S174	TR 39695	İçel	1	3	1	3	1	1	3	3	36	38.0	29.0	79.0	4.0	62.0	47.5
S175	TR 52540	İzmir	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.0	34.0	111.0	3.0	55.0	45.0
S176	TR 45543	Maraş	1	3	1	3	1	1	3	3	35	38.0	32.5	87.0	5.0	63.5	45.0
S177	TR 52533	Kars	1	3	1	3	1	1	3	3	37	38.0	42.0	111.5	3.0	45.5	42.5
S178	TR 42635	Kırklareli	1	3	1	3	1	1	3	3	36	39.0	29.0	104.0	4.0	78.0	52.5
S179	TR 50128	Kütahya	1	3	1	3	1	1	3	3	32	36.0	25.0	92.0	3.5	52.5	47.5

S180	TR 45596	Malatya	1	3	1	3	1	1	3	3	34	37.0	36.5	100.5	4.0	50.5	45.0
S181	TR 64094	Manisa	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39.0	47.5	108.5	2.5	41.5	50.0
S182	TR 45673	Mardin	1	3	1	3	1	1	3	3	38	41.5	37.5	97.5	3.5	44.0	47.5
S183	TR 39716	Muğla	1	3	1	3	1	1	3	3	29	41.5	32.5	96.5	4.0	53.5	52.5
S184	TR 37513	Siirt	1	3	1	3	1	2	3	3	38	42.5	44.0	101.0	3.5	46.0	47.5
S185	TR 45707	Şanlıurfa	1	3	1	3	1	1	3	3	39	42.5	39.0	100.0	4.5	52.0	47.5
S186	TR 38356	Tekirdağ	1	3	1	3	1	1	3	3	37	39.0	28.5	77.5	3.5	40.5	52.5
S187	TR 68905	Uşak	1	3	1	3	1	1	3	3	31	33.0	24.0	88.5	3.5	39.0	50.0
S188	Cumhuriyet	Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35	39.0	41.0	105.0	3.5	58.5	47.5
Mug		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.2	36.2	33.8	95.2	3.5	67.2	46.5
Özb		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	35.26	37.6	35.0	95.1	3.6	55.2	47.1
Göl		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.8	37.5	36.6	114.8	4.5	75.4	46.9
Tan		Türkiye	1	3	1	3	1	1	3	3	33.9	38.0	37.0	109.8	3.6	68.5	45.7

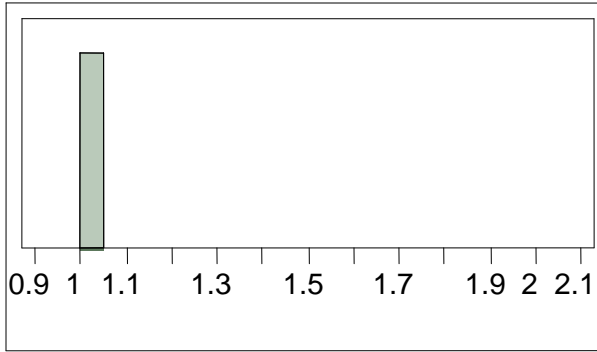
Büyüme Şekli



Ortalama	1
Standart Sapma	0
Standart Hata Ortalaması	0
<95% Ortalama	1
>95% Ortalama	1
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 5. 160 susam genotipi için büyüme şekli histogram analizi

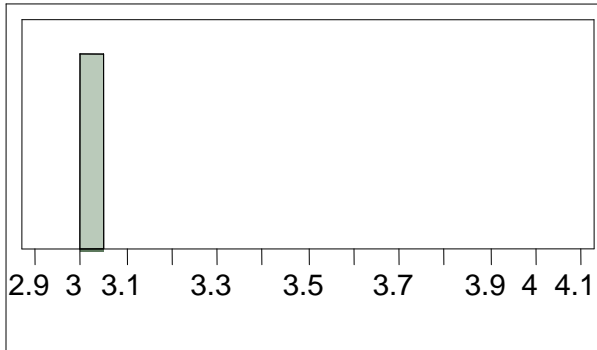
Dallanma



Ortalama	1
Standart Sapma	0
Standart Hata Ortalaması	0
<95% Ortalama	1
>95% Ortalama	1
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 6. 160 susam genotipi için dallanma durumu histogram analizi

Kapsül Çatlaması

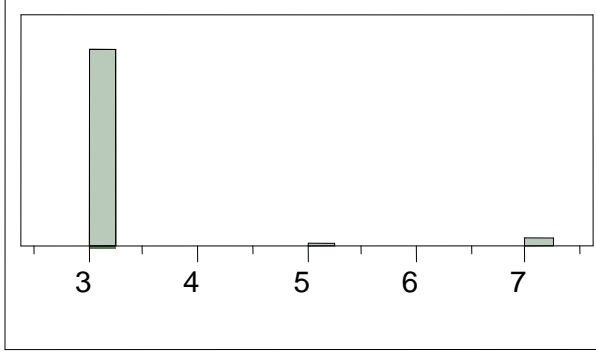


Ortalama	3
Standart Sapma	0
Standart Hata Ortalaması	0
<95% Ortalama	3
>95% Ortalama	3
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 7. 160 susam genotipi için kapsül çatlatma durumu histogram analizi

Sap tüylülüğü karakteri bakımından sadece bir kaç genotip arasında varyasyon gözlenmiştir. Çalışmada kullanılan genotiplerin büyük bir kısmı saplarında sadece bir kaç tüy oluşturmuştur. Bu nedenle bu genotiplere 3 skala değeri verilmiştir. Buna karşın 3 susam genotipi sap tüylülüğü bakımından 5 skala değeri alırken 7 susam genotipi bu karakter bakımından 7 skala değeri almıştır. Ortalama sap tüylülüğü skala değeri ise 3.21 olarak belirlenmiştir (Şekil 8).

Sap Tüylülüğü

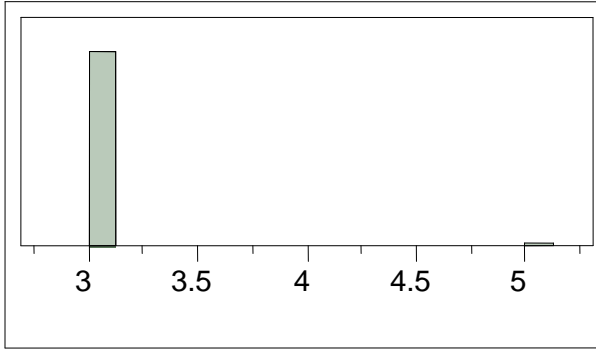


Ortalama	3.20
Standart Sapma	0.86
Standart Hata Ortalaması	0.07
<95% Ortalama	3.35
>95% Ortalama	3.08
	160

Şekil 8. 160 susam genotipi için sap tüylülüğü histogram analizi

Yaprak tüylülüğü karakteri bakımından sadece 5 genotip varyasyon göstermiştir. Geri kalan genotipler arasında bu karakter için varyasyon gözlenmemiştir. Yaprak tüylülüğü için ortalama skala değeri 3.05 olarak belirlenmiştir (Şekil 9).

Yaprak Tüylülüğü

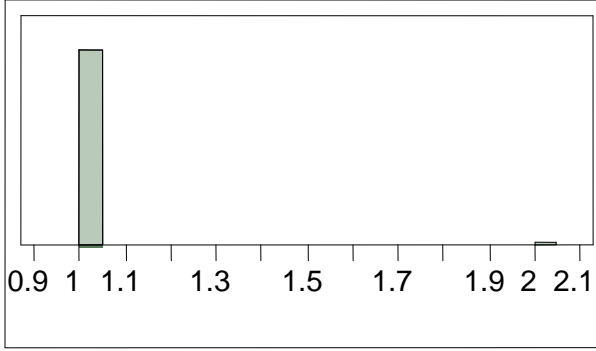


Ortalama	3.05
Standart Sapma	0.32
Standart Hata Ortalaması	0.03
<95% Ortalama	3.10
>95% Ortalama	3.00
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 9. 160 susam genotipi için yaprak tüylülüğü histogram analizi

Yaprak koltuğunda çiçek sayısı karakteri bakımından sadece 5 genotip varyasyon göstermiştir ve bu karakter için ortalama skala değeri 1.02 olarak belirlenmiştir (Şekil 10).

Yaprak Koltuğunda Çiçek Sayısı

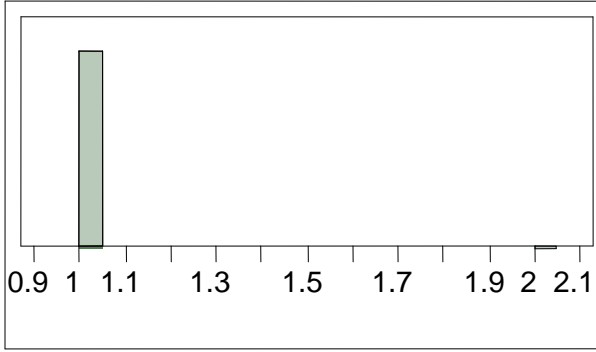


Ortalama	1.03
Standart Sapma	0.12
Standart Hata Ortalaması	0.01
<95% Ortalama	1.05
>95% Ortalama	1.00
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 10. 160 susam genotipi için yaprak koltuğunda çiçek sayısı histogram analizi

Kapsülde karpel sayısı bakımından 1 genotip hariç genotipler arasında varyasyon gözlenmemiştir (Şekil 11).

Kapsülde Karpel Sayısı

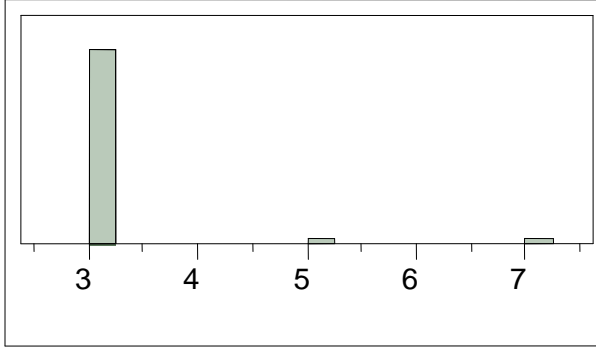


Ortalama	1.03
Standart Sapma	0.08
Standart Hata Ortalaması	0.01
<95% Ortalama	1.02
>95% Ortalama	0.99
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 11. 160 susam genotipi için kapsülde karpel sayısı histogram analizi

Kapsül tüylülüğü karakteri için gözlenen varyasyon sap tüylülüğü karakterindeki varyasyona benzemektedir. Susam genotiplerinin çoğu bu karakter bakımından 3 skala değerine sahip olmuştur. Bununla birlikte, 5 susam genotipi 5 skala değerine sahip olurken 4 genotip bu karakter bakımından 7 skala değerine ulaşmıştır. Bu karakter bakımından ortalama skala değeri 3.16 olarak belirlenmiştir (Şekil 12).

Kapsül Tüylülüğü



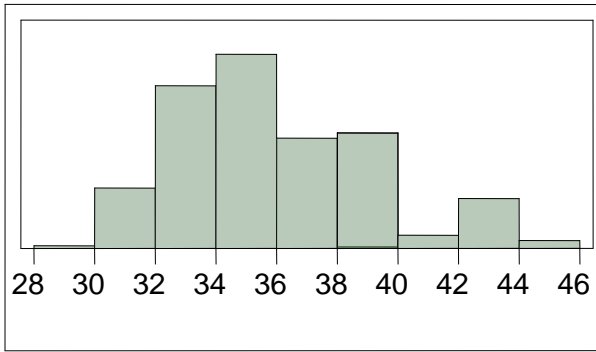
Ortalama	3.17
Standart Sapma	0.72
Standart Hata Ortalaması	0.06
<95% Ortalama	3.28
>95% Ortalama	3.05
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil

12. 160 susam genotipi için kapsül tüylülüğü histogram analizi

İlk çiçek açma tarihi bakımından Türk susam genotipleri arasında varyasyon gözlenmiştir. Bu karakter bakımından ortalama dağılım değeri 29-45.5 arasında değişiklik göstermiştir. Çalışmada kullanılan susam genotiplerinin çoğu 35. günde ilk çiçeklerini açmışlardır. Bu karakter bakımından ortalama değer 35.6 gün olarak belirlenmiştir (Şekil 13).

İlk Çiçek Tarihi

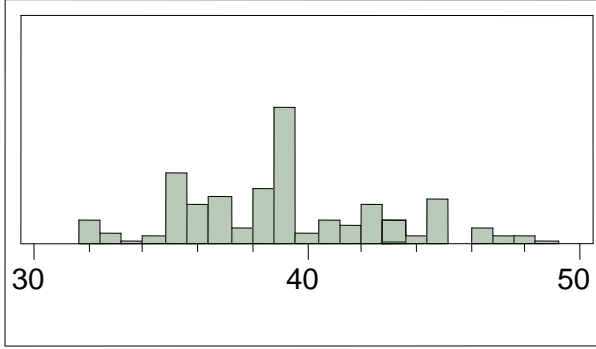


Ortalama	35.58
Standart Sapma	3.34
Standart Hata Ortalaması	0.27
<95% Ortalama	36.11
>95% Ortalama	35.05
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 13. 160 susam genotipi için ilk çiçek tarihi histogram analizi

%50 çiçeklenme tarihi bakımından susam genotipleri arasında geniş boyutlu bir varyasyon belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan susam genotiplerinin çoğu 39. günde %50 çiçeklenmeyi sağlamışlardır. Bu karakter bakımından ortalama değer 39.1 gün olarak belirlenmiştir (Şekil 14).

%50 Çiçeklenme Tarihi

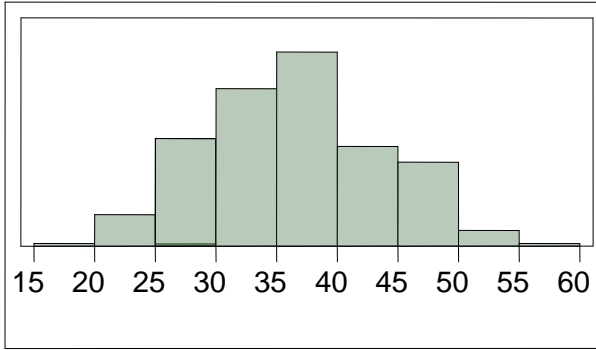


Ortalama	39.09
Standart Sapma	3.76
Standart Hata Ortalaması	0.30
<95% Ortalama	39.68
>95% Ortalama	38.49
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 14. 160 susam genotipi için % 50 çiçeklenme tarihi histogram analizi

İlk kapsül yüksekliği karakteri bakımından susam genotipleri arasında geniş boyutlu bir varyasyon belirlenmiştir. Bu karakter bakımından ortalama dağılım değeri 19 ile 56.5 cm. arasında değişiklik göstermiştir. Bu karakter bakımından en çok gözlenen değer 36.5 cm olarak belirlenmiştir (Şekil 15).

İlk Kapsül Yüksekliği

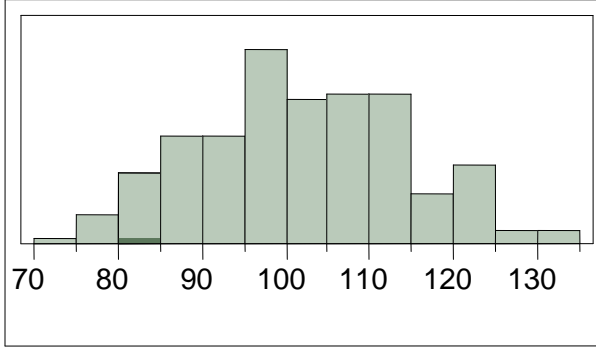


Ortalama	36.28
Standart Sapma	7.34
Standart Hata Ortalaması	0.59
<95% Ortalama	37.44
>95% Ortalama	35.12
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 15. 160 susam genotipi için ilk kapsül yüksekliği histogram analizi

Bitki boyu karakteri bakımından da susam genotipleri arasında geniş boyutlu bir varyasyon gözlenmiştir. Bu karakter bakımından ortalama dağılım değeri 70.5 ile 132 cm. arasında değişiklik göstermiştir. Bu karakter bakımından gözlenen ortalama değer 101.4 cm olarak belirlenmiştir (Şekil 16).

Bitki Boyu

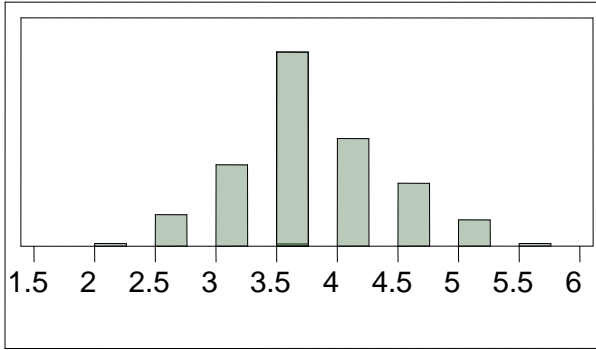


Ortalama	101.42
Standart Sapma	12.57
Standart Hata Ortalaması	1.01
<95% Ortalama	103.41
>95% Ortalama	99.43
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 16. 160 susam genotipi için bitki boyu histogram analizi

Çoğu kantitatif olarak kalıtım gösteren karakterlerde olduğu gibi Bitki boyu karakteri bakımından da susam genotipleri arasında geniş boyutlu bir varyasyon gözlenmiştir. Bu karakter bakımından ortalama dağılım değeri 2 ile 5.5 adet arasında değişiklik göstermiştir. Bu karakter bakımından gözlenen ortalama değer 3.7 adet olarak belirlenmiştir (Şekil 17).

Bitkide Dal Sayısı

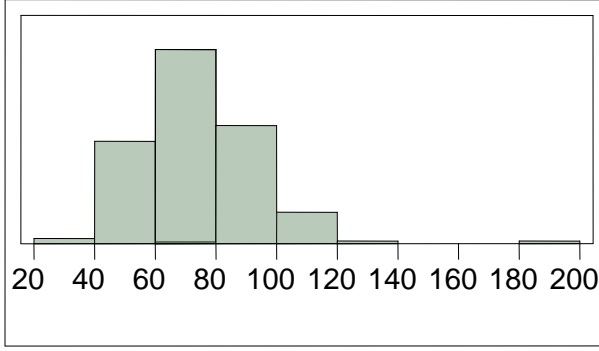


Ortalama	3.67
Standart Sapma	0.64
Standart Hata Ortalaması	0.05
<95% Ortalama	3.77
>95% Ortalama	3.56
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 17. 160 susam genotipi için bitkide dal sayısı histogram analizi

Kapsül sayısı karakter bakımından susam genotipleri arasında varyasyon mevcuttur ve bu karakter bakımından ortalama dağılım değeri 38.5 ile 197 adet arasında değişiklik göstermiştir. Kapsül sayısı karakteri bakımından gözlenen ortalama değeri 73.2 adet olarak belirlenmiştir (Şekil 18).

Kapsül Sayısı

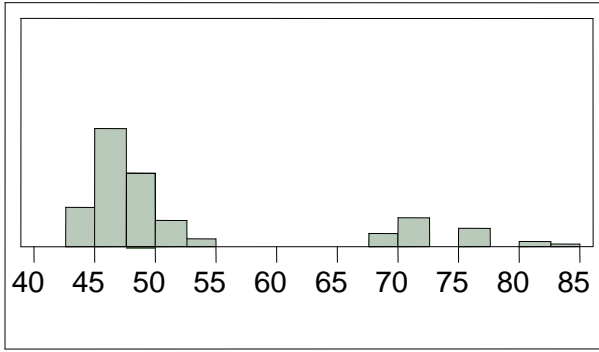


Ortalama	73.23
Standart Sapma	20.55
Standart Hata Ortalaması	1.65
<95% Ortalama	76.48
>95% Ortalama	69.98
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 18. 160 susam genotipi için kapsül sayısı histogram analizi

Kapsülde Dane Sayısı karakteri bakımından da susam genotipler yüksek düzeyde varyasyon göstermiştir. Bu karakter bakımından ortalama dağılım değeri 42.5 ile 84 adet arasında değişiklik göstermiştir. Kapsülde dane sayısı karakteri bakımından gözlenen ortalama değeri 52.2 adet olarak belirlenmiştir (Şekil 19).

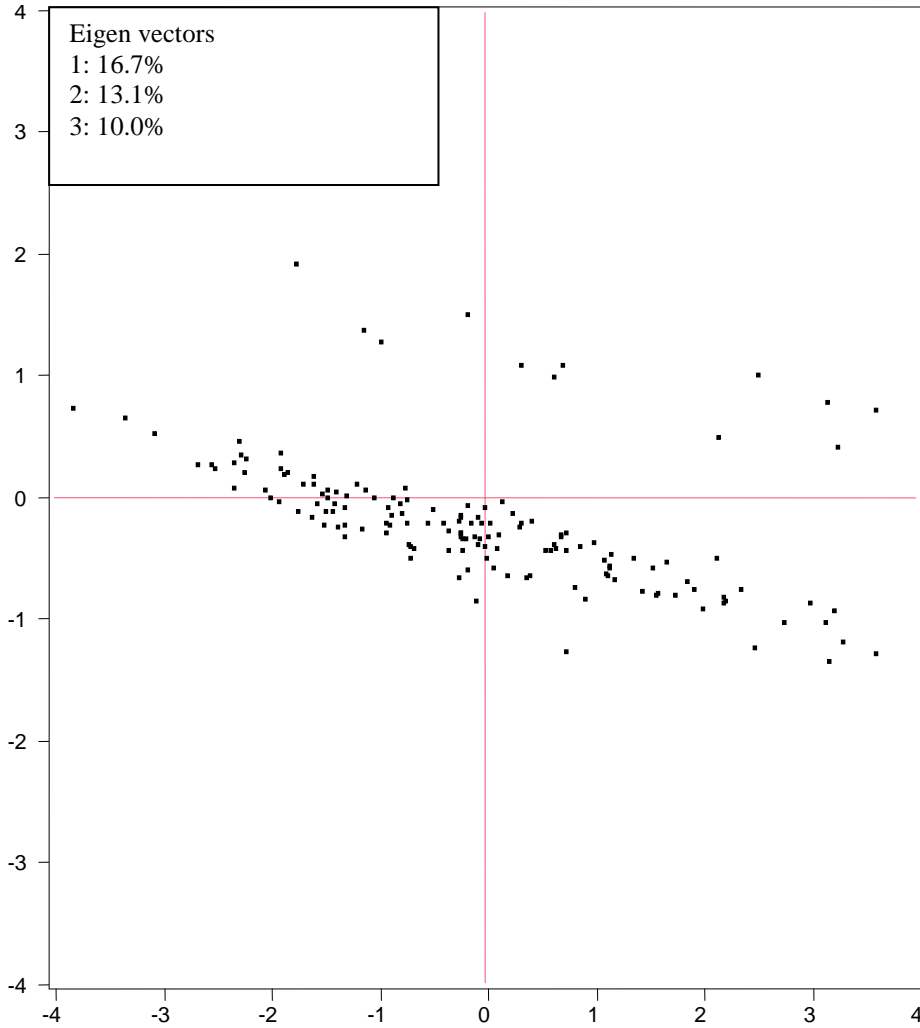
Kapsülde Tohum Sayısı



Ortalama	52.24
Standart Sapma	11.76
Standart Hata Ortalaması	0.94
<95% Ortalama	54.10
>95% Ortalama	50.38
Toplam Bitki Sayısı	160

Şekil 19. 160 susam genotipi için kapsülde tohum sayısı histogram analizi

Genel olarak bakıldığında kantitatif özellikte olan karakterlerde daha geniş boyutlu varyasyon gözlenirken kalitatif karakterlerde ise varyasyon düzeyi oldukça düşük kalmıştır. Susam popülasyonlarında gözlenen varyasyon düzeyini grafiksel olarak göstermek için 2009 ve 2010 yıllarında toplanan agro-morfolojik karakterlere ait birleştirilmiş değerler üzerinde temel bileşenler analizi (PCA) uygulanmıştır (Şekil 20). Bu analizlere göre, ilk Eigen vektörü tohum örnekleri (genotipler) arasında %16.73'lük varyasyon olduğunu açıklamıştır. Çiçeklenme tarihi ile ilgili karakterler bu vektörle en yüksek korelasyonu göstermiştir ($r = 0.52-0.53$). İkinci Eigen vektörü susam tohum örnekleri arasında %13.1'lük varyasyon olduğunu açıklamıştır ve yaprak ve kapsül tüylülüğü karakterleri bu vektör ile en yüksek korelasyonu göstermiştir ($r = 0.64-0.65$). Üçüncü Eigen vektörü susam genotipleri arasında %10'luk bir varyasyon olduğunu göstermiştir. Kapsül ve dal sayısı karakterleri bu vektörle en yüksek korelasyonu göstermiştir ($r = 0.55-0.62$). İki boyutlu grafik bir kaç genotipin susam genotiplerinin çoğunun yer aldığı ana gruptan oldukça uzakta yer aldıklarını göstermektedir. Bu sonuçlar ana grup uzağında yer alan bazı susam tohum örneklerinin morfolojik olarak diğer genotiplerden oldukça farklı olduklarını ortaya koymaktadır.



Şekil 20. 2009 ve 2010 yıllarında susam genotipleri için toplanan agro-morfolojik karakterlere ait veriler için temel bileşenler analizi (PCA)

4.1.2. Moleküler Karakterizasyon

Türk susam genotipleri arasındaki genetik varyasyon düzeyini belirlemek için 160 adet susam tohum örneği viyollere ekilmiş ve bitki büyütme odasında DNA izolasyonu için yetiştirilmiştir. Şekil 21 bitki büyütme odasında yetiştirilmekte olan bazı susam genotiplerinin resimlerini göstermektedir. DNA izolasyonu için 4-6 gerçek yapraklı devreye ulaşan bitkilerin taze yakrak dokuları toplanmıştır. Yapraklar daha sonra homojenizatör (Tissue Lyser-Qiagen) ile parçalanmış ve Promega kiti kullanılarak izole edilmiştir. Bazı genotiplerin DNA izolasyonunda FULTON ve ark (1995) tarafından tanıtılan mikro izolasyon yöntemi kullanılmıştır. Elde edilen DNA'lar TE tampon çözeltisi içerisinde çözülmüş ve kalite ve miktarları Nanodrop ND-1000 spektrofotometresi ile ölçülmüş ve -20 °C'de muhafaza altına alınmıştır.



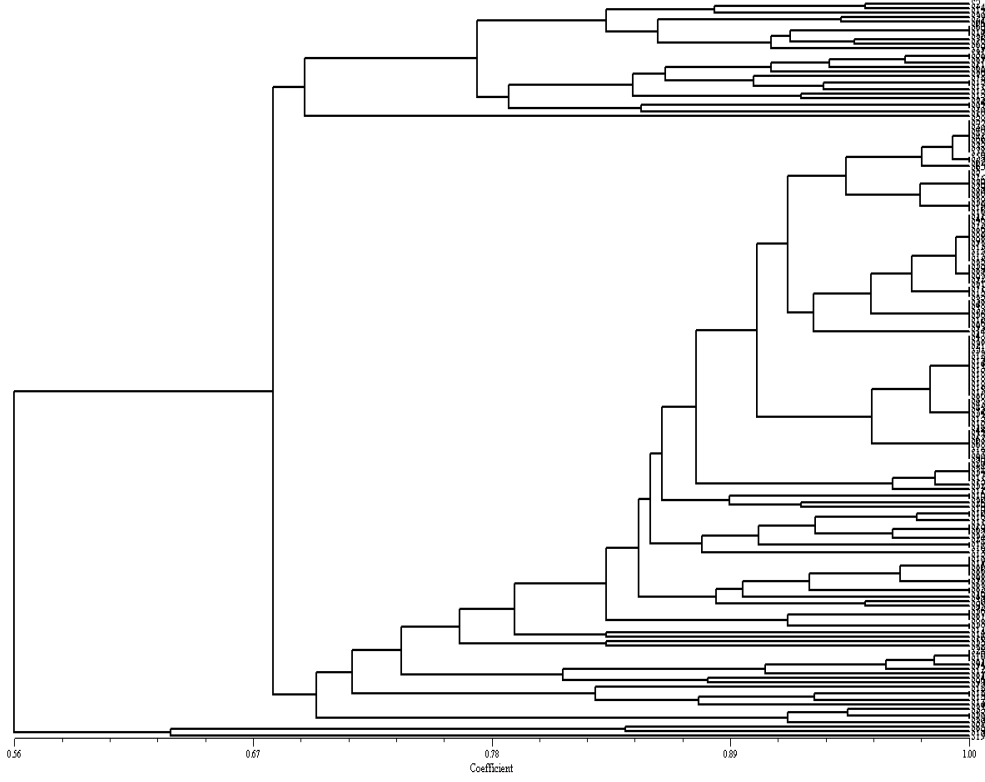
Şekil 21. Susam genetik kaynaklarının temsil eden bazı susam genotiplerinin bitki büyütme odasındaki gelişme durumları

4.1.2.1. SSR analizleri

Moleküler karakterizasyon çalışmalarında proje kapsamında geliştirilen EST-SSR markörleri kullanılmıştır. Çalışmada proje kapsamında geliştirilen toplam 318 SSR marköründen survey çalışmaları neticesinde bazı genotipler arasında polimorfik görünen 30 SSR markörü testlenmiştir. Bu markörlerden 5 tanesi susam genotipleri arasında iyi düzeyde polimorfizm sağlamıştır. Bu nedenle, susam genotiplerinin moleküler karakterizasyonunda bu 5 EST-SSR markörü kullanılmıştır. SSR analizleri için gerekli PCR çalışmaları için toplam 25 µl karışım kullanılmıştır. Her bir PCR karışımı 2,5 µl 10 X tampon çözeltisi, 0,5 µl dNTP, 0,25 µl Taq, 18,75 µl dH₂O, 2 µl DNA ve 0,5 µl ileri (forward), ve 0,5 µl geri (reverse) primerlerini içerecek şekilde hazırlanmıştır. SSR analizleri için gerekli olan DNA konsantrasyonu olarak yaklaşık 50 ng/µl uygulanmıştır. Çalışmada SSR analizleri için uygulanan PCR protokolü 94 °C'de 5 dakika ön denaturation ve ardından 94 °C'de 45 saniye denaturing uygulanmıştır. Daha sonra 50 °C'de 1 dakika süreyle annealing uygulanmıştır. Bir sonraki adım olarak, 72 °C'de 1 dakika süreyle extension uygulanmıştır ve en son adım olarak, 72 °C'de 5 dakika süreyle son uzatma (extension) şeklinde uygulanmıştır. Elde edilen PCR ürünleri öncelikle 1 X TAE tampon çözeltisinde hazırlanmış %3'lük agaroz jelde yürütülmüş ve UV ışığı altında görüntülenmiştir. Çalışmada kullanılan SSR işaretleyicilerinden hiç birisi agaroz jelde polimorfizm göstermediği için DNA fragmentlerinin ayrıştırılmasında Qiaxcel capillary electrophoresis sistemi (Qiagen) kullanılmıştır.

Bu çalışmada, toplam 160 susam genotipi kullanılmıştır. Çalışmada toplam 30 SSR markörü uygulanmış ancak sadece 5 EST-SSR markörü iyi düzeyde polimorfizm göstermiştir. Bu 5 EST-SSR markörü toplam 19 polimorfik allel üretmiştir ve çeşitlilik analizleri bu 19 polimorfik allel kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu markörlerin PCR ları sonucunda 145 ile 1575 bp uzunluğunda ürünler elde edilmiştir. Elde edilen ürünler kapillar elektroforezde yürütülmüş ve numerik veriler oluşturulmuştur. EST-SSR sonuçlarına göre, 160 ulusal susam tohum örneklerine ait bir filogenetik ağaç DICE matrisi ve UPGMA (Unweighted Pair Group Method) aritmetik ortalama katsayısı kullanılarak SHAN modülüne göre, NTSYS-pc version 2.2 software programı kullanılarak çizilmiştir (Şekil 22). Data matrisi ile oluşturulan dendogramı kıyaslamak için MANTEL testi uygulanmıştır. Bu teste göre örneklere ait genotipik veriler ve dendogram arasındaki korelasyon kabul edilebilir sınırlarda (0.78) olduğu belirlenmiştir. Dendogram skalası 0.68 ile 1.00 arasında değişiklik göstermiş olup ortalama benzerlik skalası 0.81'dir. EST-SSR

markörleri kullanılarak elde edilen bu sonuçlara göre, Türk susam tohum örnekleri (germplazmaları) arasındaki genetik varyasyon düzeyinin oldukça düşük olduğunu gözlenmiştir. 19 polimorfik allel kullanılarak oluşturulan dendograma göre, Türk susam tohum örnekleri 3 grup içerisinde yer almıştır (Şekil 22).



Şekil 22. 160 susam genotipinde SSR sonuçlarına göre oluşturulan filogenetik ağaç

Birinci grup içerisinde toplam 26 susam tohum örneği yer almıştır. Proje kapsamında genetik haritalama popülasyonunun bir anacı olan Afrika-3 nolu tohum örneği bu birinci grup içerisinde yer almıştır ve iki adet Türk tohum örneği ile birebir benzerlik göstermiştir. Ayrıca, bu grup içerisinde yer alan 9 susam genotipide birebir birbirine benzer genotiplerdir. İkinci grup en büyük grup olup toplam 135 susam genotipi içermektedir. İlginç bir şekilde, bu grup içerisinde yer alan 109 genotip birbirine benzer genotiplerdir. Bu sonuçta, USDA ve ETAE gen bankalarında yer alan susam genetik kaynaklarının çoğunun kopya olduklarını göstermektedir. Üçüncü grupta ise sadece bir adet Türk susam genotipi yer almaktadır. Ayrıca, bu grup içerisinde yine proje kapsamında genetik harita oluşturma projesinde kullanılan popülasyonun diğer anacı olan Korea-1 hattı da yer almaktadır. Yine bu sonuçlardan, Türk susam genotiplerinin Afrika susam genotiplerine daha benzer oldukları çıkarılmaktadır. Bu çalışmada kullanılan yabancı susam türü *Sesamum alatum* ise hiç bir gruba dahil olmamıştır. Bu çalışma sonunda elde edilen ön verilere göre Türk susam genetik kaynakları arasında son derece düşük düzeyde polimorfizm olduğu saptanmıştır. Ancak, çalışmada sadece 19 polimorfik allelin sonuçlarının değerlendirildiği de unutulmamalıdır. Bu nedenle, yine proje kapsamında geliştirilecek olan genomik DNA orijinli ve daha çok sayıda SSR markörünün kullanılması uygun olacaktır.

4.1.2.2. AFLP Analizleri

Çalışmada AFLP analizleri için susam'da çalıştığı daha önceki çalışmalarda gösterilen 5 primer kombinasyonu (LAURENTIN ve ark. 2006) (*Mse*ICAT/*Eco*RIACA, *Mse*ICAG/*Eco*RIACA, *Mse*ICAC/*Eco*RIACA, *Mse*ICAA/*Eco*RIACA, *Mse*ICTC/*Eco*RIACA), *Sesamum indicum* türüne ait 160 susam tohum örneği arasındaki genetik çeşitliliği tayin etmek amacı ile kullanılmıştır. *Sesamum alatum* türüne ait 1 genotip ise türdışı kontrol olarak çalışmaya eklenmiştir.

Çalışmada kullanılan AFLP primer kombinasyonları toplam 148 polimorfik DNA parçacığı (band) üretmiştir. Kombinasyon başına düşen polimorfik band sayısı 14 ile 46 arasında değişiklik göstermiştir (Tablo 8). Sonuç olarak, beş AFLP primer kombinasyonu ile toplam 23.236 genotipik veri toplanmıştır (160 susam tohum örneği x 148 polimorfik parçacık sayısı). E-ACA/M-CAT kombinasyonu en fazla polimorfik parçacık üreten kombinasyon olmuştur. Elde edilen veriler var / yok şeklinde skorlanmıştır. Her bir AFLP markörü için, parçacıklar MATSUOKA ve ark. (2002) tarafından tanıtılan metod kullanarak farklı allel'leri temsil eden bin'lere bölünmüştür. Her bir markör için polimorfizm bilgi içeriği (PIC- Polymorphism Information Content) değeri SAAL ve WRICKE (1999) tarafından tanıtılan formüle göre hesaplanmıştır: Bu formüle göre:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$$

p_i i 'inci allel'in sıklığını (*frequency*) ve k ise her lokus için farklı allel'lerin toplam sayısını vermektedir.

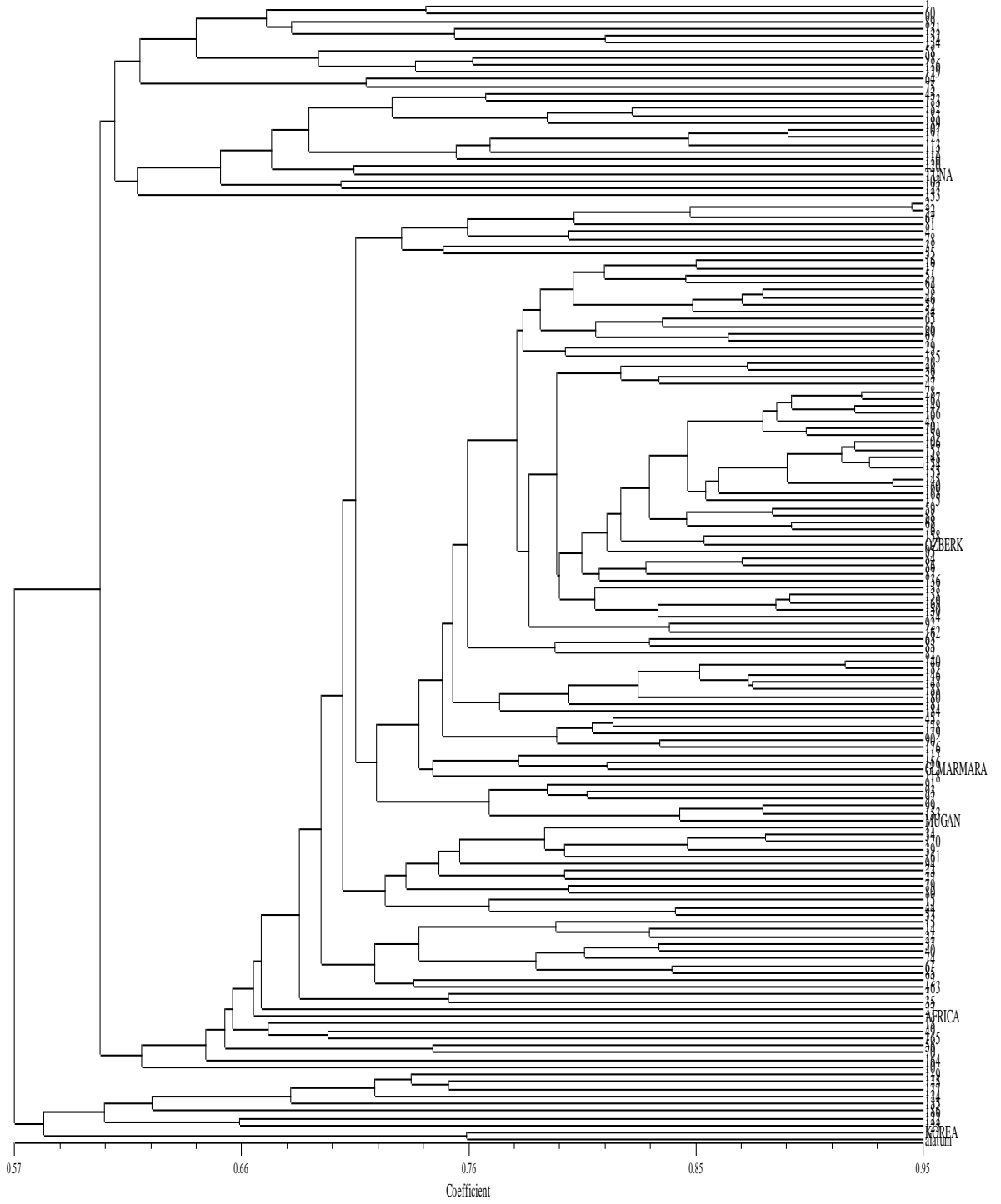
Çalışmada Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) değerleri her bir parçacık için hesaplanmıştır. E-ACA/M-CAA ve E-ACA/M-CAT kombinasyonları en fazla polimorfizm üreten primer kombinasyonları olup, sırasıyla, 0.35 ve 0.32 ortalama PIC değeri vermişlerdir.

Tablo 8. AFLP primer kombinasyonları, polimorfik parçacık sayısı ve PIC oranı

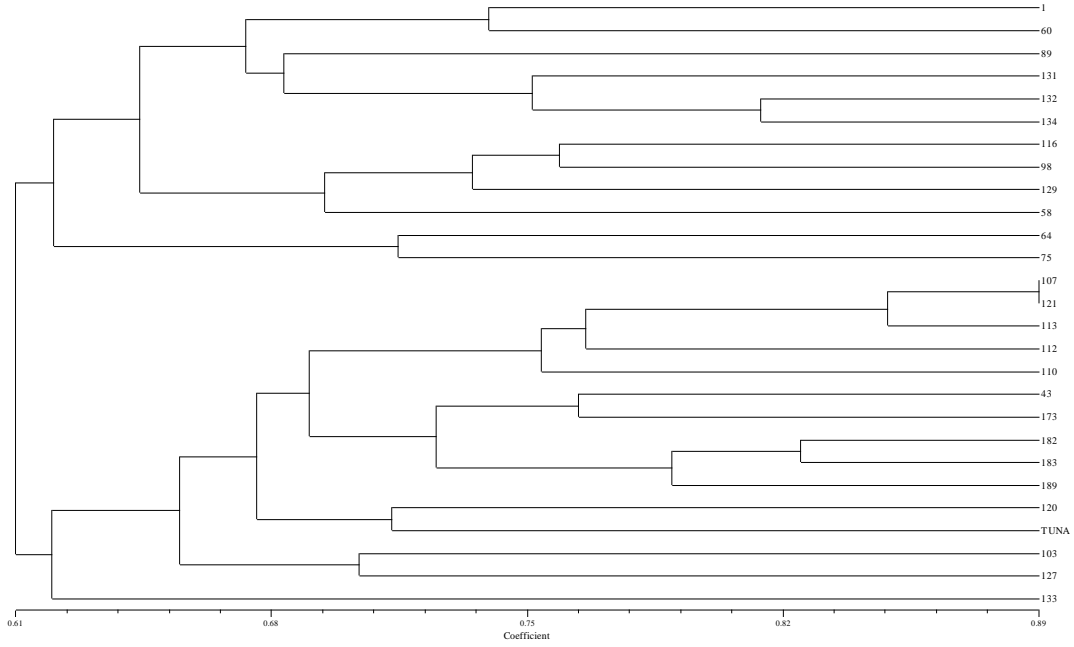
Kombinasyon	Fragment Sayısı	Ortalama PIC \pm SE	PIC Oranı
E-ACA M-CAG	14	0.29 \pm 0.64	0.08-0.48
E-ACA M-CAC	34	0.29 \pm 0.03	0.01-0.50
E-ACA M-CAA	29	0.35 \pm 0.02	0.06-0.50
E-ACA M-CTC	25	0.27 \pm 0.03	0.01-0.44
E-ACA M-CAT	46	0.32 \pm 0.02	0.08-0.50

Bütün genotiplerin özgün bir lokus için AFLP değerleri: var (present) için 1, yok (absent) için 0 gibi değerlerle skorlanmıştır. Bu veriler Nei'nin genetik benzerlik indeksinin (The Nei index of genetic similarity) hesaplanmasında kullanılmıştır (NEI ve LI 1979). Elde edilen bu değerler the NTSYS computer programı (ROHLF 1998) ile yapılan aritmetik ortalama kullanılarak yapılan ölçülmemiş çift grup yöntemi (UPGMA - unweighted pair-group methodu) uygulanarak susam tohum örnekleri arasındaki genetik ilişkiyi gösteren bir dendrogram oluşturulmasında kullanılmıştır. AFLP sonuçlarına göre, 158 susam tohum örneği (genotipi) ve 1 yabancı susam türü (farklı türdışı olarak) için filogenetik ağaç; NTSYS-pc 2.2 software programında, DICE matriksi temel olarak alınıp, SHAN modülünde, UPGMA (Unweighted Pair Group Method) aritmetik ortalaması kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 23). Farklı işaretleyicilerle oluşturulan nümerik datanın karşılaştırılması MANTEL (1967) testi ile yapılmıştır. Bu teste

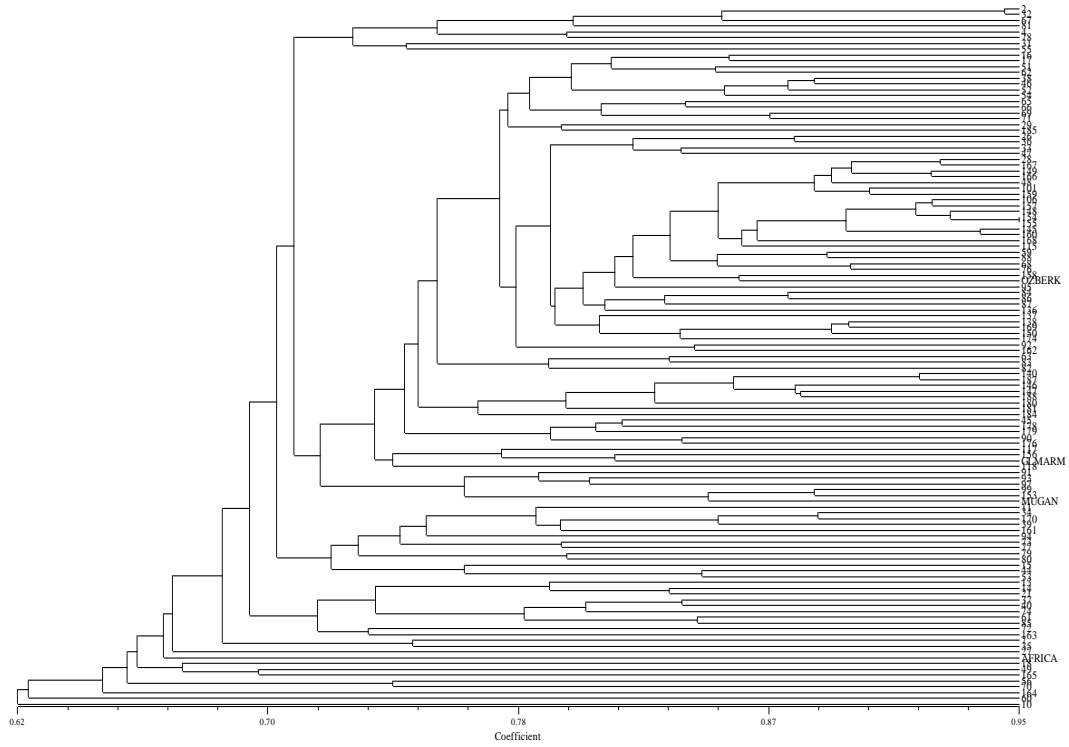
göre, genotipik veriler ile dendogram arasındaki korelasyon oldukça yüksek bulunmuştur ($r = 0.79$). Dendogram skalası (örnekler arasındaki genetik benzerlik oranı) %57-95 arasında değişiklik göstermiştir. Oluşturulan dendograma göre Türk susam tohum örnekleri 3 ana grup içerisine bölünmüştür (Şekil 23). Çalışmada çok sayıda tohum örneği kullanıldığı için bütün verilerin gösterildiği dendogram çok okunaklı bir durumda değildir. Bu nedenle, her bir grup yeniden çizilmiştir ve bu grupları gösteren dendogramlar Şekil 24 a-c'de verilmiştir. Grup A (Şekil 24a) toplam 27 susam genotipinden oluşmaktadır ve grubu oluşturan bireyler arasındaki genetik benzerlik oranı %69-89 arasında değişiklik göstermiştir. Grup A yaklaşık %62'lik bir minimum benzerlik oranı ile iki ana alt gruba ayrılmıştır. Grup B (Şekil 24b) dendogramdaki en geniş grup olup toplam 121 susam genotipi (tohum örneği) içermektedir. Dolayısıyla, Türk susam tohum örneklerini oluşturan genotiplerin %76'sı bu grup içerisinde yer almıştır. Bu grup içerisindeki genetik benzerlik oranı yaklaşık %62-95 arasında değişiklik göstermiştir. Projede moleküler genetik harita oluşturulmasında kullanılacak olan popülasyonun anaçlarından birisi olan ve Afrika orijinli susam genotipinde denemeye eklenmiştir. Bu genotip dendogramda B grubu içerisinde yer almıştır. Bu dendograma göre, Afrika orijinli bu tohum örneği Türk susam germplazmları ile çok yakın ilişkili bulunmuştur. Grup C (Şekil 24c) dendogramdaki en küçük grup olup aynı zamanda genetik olarak en farklı genotiplerin yer aldığı bir durumdadır. Grup içerisinde toplam 10 adet susam genotipi yer almıştır ve bu genotipler arasındaki minimum genetik benzerlik oranı %45 olarak bulunmuştur. Aynı zamanda, bu grup çalışmada kullanılan 3 adet Türk susam genotipleri dışındaki susam genotiplerinden 2'sini içermektedir. Bu genotiplerden birisi projede moleküler genetik harita oluşturulmasında kullanılacak olan haritalama popülasyonunun anaçlarından birisi olan ve Kore orijinli olan susam genotipidir. Diğer susam genotipi ise kültür susam'ının yabani bir akrabası olan *Sesamum alatum*'dur. Bu iki tohum örneği (*S. alatum* ve Korea-1) birbirleriyle %76 ve en yakın Türk susam genotipiyle ise %58.5 benzerlik göstermektedir. *Sesamum alatum* çalışmada dendogramı köklendirmek amacıyla grup dışı (outgroup) olarak yer almıştır ve dendogramdaki pozisyonu incelendiğinde Türk susam genotipleri için uygun bir tür dışı genotip olarak karşımıza çıkmaktadır. Projede moleküler genetik harita oluşturulmasında kullanılmış olan ve haritalama popülasyonunun anaçlarından birisi olan Kore orijinli genotipin (Korea-1) dendogramdaki pozisyonu incelendiğinde ise haritalama popülasyonunun diğer bir anacı olan Afrika kökenli genotiple (Africa-3) genetik olarak oldukça farklı olması bu iki susam genotipinin genetik olarak oldukça polimorfik olduklarını ve genetik bağlantı haritası oluşturulması için son derece uygun anaçlar olduklarını göstermektedir.



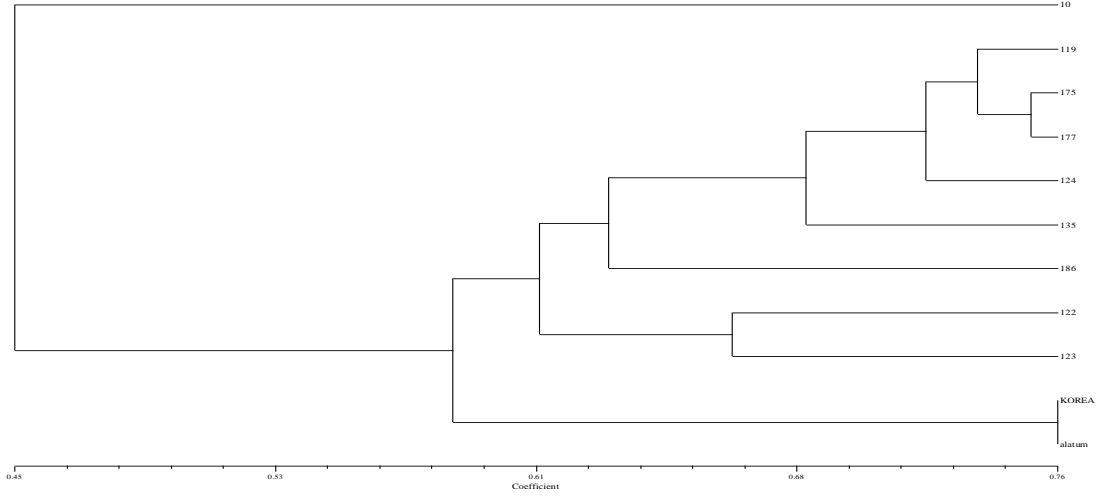
Şekil 23. 160 susam genotipinde AFLP sonuçlarına göre oluşturulan filogenetik ağaç



Şekil 24a. 160 susam genotipinde AFLP sonuçlarına göre Grup A için oluşturulan ve daha iyi okunabilmesi için yeniden çizilen filogenetik ağaç

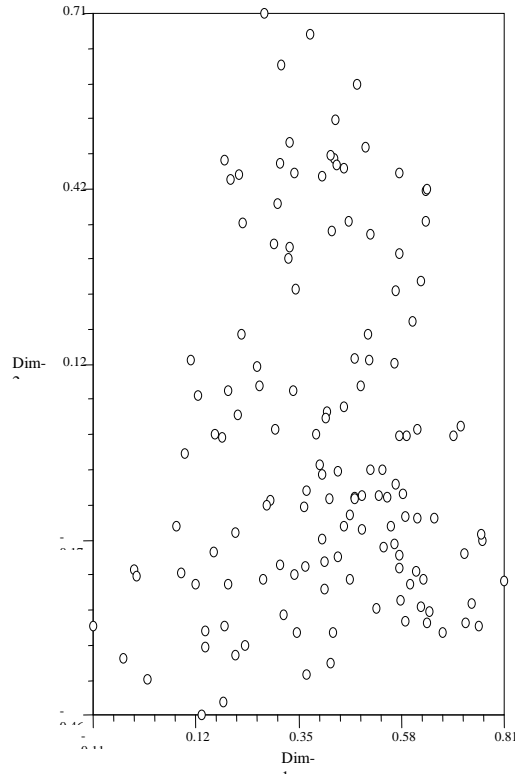


Şekil 24b. 160 susam genotipinde AFLP sonuçlarına göre Grup B için oluşturulan ve daha iyi okunabilmesi için yeniden çizilen filogenetik ağaç



Şekil 24c. 160 susam genotipinde AFLP sonuçlarına göre Grup C için oluşturulan ve daha iyi okunabilmesi için yeniden çizilen filogenetik ağaç

AFLP verileri için PCA (Principal Component Analysis = temel bileşenler analizi) analizi yapılmış ve 2D ve gösterimleri çizilmiştir ve bunlar Şekil 25 gösterilmiştir. PCA analizi sonucu oluşturulan birinci, ikinci ve üçüncü eksenler sırası ile toplam değişikliliğin (varyasyonun), %21.9, %7.5 ve %6.3'ünü açıklamaktadır. PCA eğrisi incelendiğinde susam tohum örnekleri arasında dendogramda homojen bir dağılım olduğu ve dendogramda gözlenenlerin dışında başka açık bir grup oluşmadığını göstermektedir.



Şekil 25. AFLP verileri ile susam genotipleri için oluşturulan temel bileşen analizleri sonuç grafiği

4.2. Susam için moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulması

4.2.1. Populasyonların oluşturulması

Sesamum indicum için geliştirilecek moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulması için iki haritalama populasyonu geliştirilmiştir. Bu populasyonlardan birincisi proje ortağı Prof. Dr. Petr KARLOVSKY tarafından geliştirilen F2 ve F6-RIL populasyonudur. Bu populasyonun geliştirilmesi için *Sesamum indicum* var. Asya (Korea 1) x *Sesamum indicum* var. Afrika (Africa 3) melezlemesinden oluşturulan türleriçi (intraspecific) melezler kullanılmıştır. Projede F2 populasyonu kullanılarak moleküler genetik haritanın oluşturulması öngörülmüştür. Ancak, proje ortağı Dr. Karlovsky RIL populasyonlarını da geliştirince, genetik haritanın RIL populasyonlarında oluşturulması uygun görülmüştür. Çünkü, bu populasyonlar (F6-RIL) büyük oranda homojen hale geldiği için hem genetik harita oluşturulması ve hemde QTL çalışmaları için en ideal populasyonlardan biri durumundadır. Bu nedenle, projede F2 yerine F6-RIL populasyonlarının kullanılması daha uygun bulunmuştur. Bu populasyonun geliştirilmesi için altı değişik melez kombinasyonundan elde edilen F1 melezleri altı generasyon kendilenerak toplam 119 bitkiden meydana gelen F6-RIL populasyonu oluşturulmuştur. Tablo 9 oluşturulan RIL populasyonunu listelemektedir.

Tablo 9. RIL populasyonunun listesi

F6A-1	F6B-1	F6C-1	F6D-1	F6E-2	F6F-4
F6A-2	F6B-3	F6C-2	F6D-3	F6E-3	F6F-5
F6A-3	F6B-4	F6C-3	F6D-5	F6E-5	F6F-7
F6A-4	F6B-5	F6C-4	F6D-6	F6E-6	F6F-8
F6A-5	F6B-6	F6C-5	F6D-8	F6E-7	F6F-9
F6A-6	F6B-7	F6C-6	F6D-10	F6E-8	F6F-11
F6A-7	F6B-8	F6C-7	F6D-12	F6E-9	F6F-12
F6A-8	F6B-10	F6C-8	F6D-13	F6E-10	F6F-13
F6A-9	F6B-11	F6C-9	F6D-14	F6E-11	F6F-14
F6A-10	F6B-12	F6C-10	F6D-15	F6E-12	F6F-15
F6A-11	F6B-13	F6C-12	F6D-17	F6E-14	F6F-16
F6A-12	F6B-14	F6C-14	F6D-18	F6E-15	F6F-18
F6A-13	F6B-15	F6C-15	F6D-19	F6E-16	F6F-20
F6A-15	F6B-17	F6C-16	F6D-20	F6E-17	F6F-21
F6A-16	F6B-18	F6C-17	F6D-22	F6E-18	F6F-22
F6A-17	F6B-19	F6C-18		F6E-19	F6F-23
F6A-18	F6B-20	F6C-19		F6E-24	F6F-24
F6A-19	F6B-21	F6C-20		F6E-25	
F6A-21	F6B-22	F6C-21		F6E-26	
F6A-25	F6B-24	F6C-22			

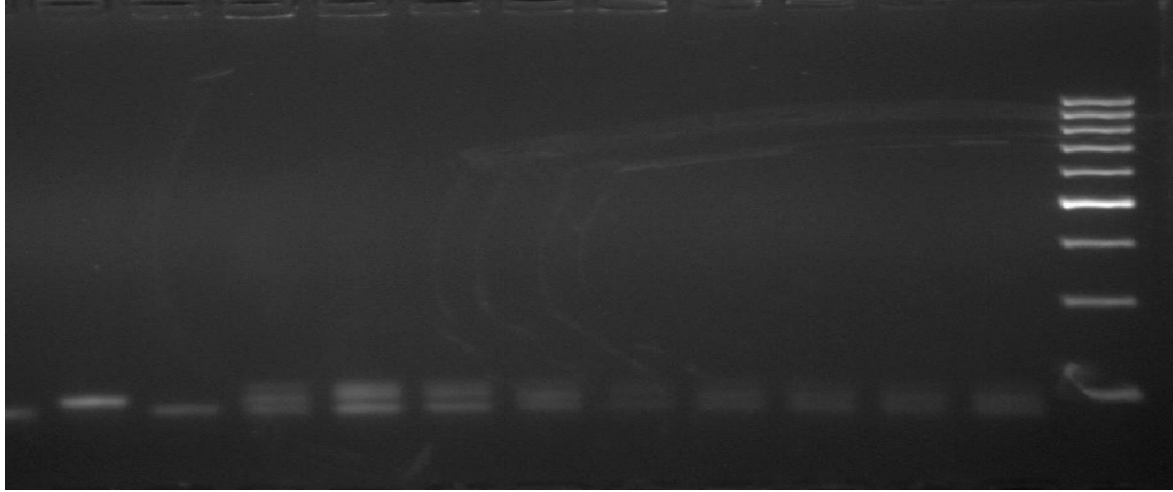
F6A-26	F6B-25	F6C-23			
F6A-29	F6B-26	F6C-24			
	F6B-27	F6C-28			

Çalışmada kullanılacak ikinci populasyon ise *Sesamum indicum* cv. Muganlı-57 x *Sesamum alatum* türlerarası (interspecific) melezlemesinden geliştirilen bir F2 populasyonudur. Bu amaç için yaklaşık 30'ar F1 bitkisi hem İYTE'de ve hemde Antalya'da seralara ekilmiş ve kendilenerek F2 tohumları elde edilmiştir. Şekil 26 F1 bitkilerinin yaprak, çiçek, kapsül ve tüm bitki görüntülerini vermektedir. Denemeler esnasında *Sesamum alatum* bitkileri çiçek oluşturmadığı için çiçek ve kapsül resimleri verilmemiştir. Ancak, F1 bitkileri Muganlı-57 gibi çiçek oluşturmuş ve kapsül üretebilmiştir. Susam'da değişik yabancı türlerle yapılan türlerarası melezleme çalışmaları mevcut bulunmaktadır. Genelde bu iki türün melezleme çalışmalarında ovule kültürü gibi doku kültürü metodları bitki elde edilmesi için kullanılmıştır. Ancak, bu çalışmada *indicum* x *alatum* arasında yapılan melezleme çalışmasından seksüel olarak melezleme başarılı ve fertil hibrit geliştirilebilmiştir.



Şekil 26. *Sesamum indicum* x *Sesamum alatum* arasında yapılan melezleme çalışmaları sonucunda elde edilen bitkilerin yaprak, çiçek ve meyveleri gösterilmiştir.

Ayrıca, proje kapsamında geliştirilen bu melez bitkilerin gerçek melez olup olmadıklarını daha iyi anlamak için moleküler olarak karakterizasyonu yapılmıştır. Bu amaç için proje kapsamında geliştirilen bir SSR markörü kullanılmıştır. Şekil 27 bu çalışma sonunda elde edilen sonuçları vermektedir. Bu sonuca görede elde edilen F1 lerin gerçek melez oldukları ispat edilmiştir.



A B F1 F1 F1 F1 F1 F1 F1 F1 F1 F1

Şekil 27. Geliştirilen F₁'lerin gerçek melez olduğunu göstermek üzere siSSR18 markörüyle yapılan moleküler çalışma. A: *Sesamum indicum* cv. Muganlı-57; B : *Sesamum alatum*; F1: Sesamum alatum X Sesamum indicum cv. Muganlı-57.

4.2.2. Susam için moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulması

Önerilen proje kapsamında yer alan susam için moleküler genetik bağlantı haritası oluşturulması için iki değişik yapıda populasyon kullanılmaktadır. Bu populasyonlardan birincisi türleriçi melezleme (*Sesamum indicum* var. Korea 1 x *Sesamum indicum* var. Afrika-3) çalışmalarından türetilen bir RIL populasyonudur bu populasyon Prof. Dr. Petr Karlovsky tarafından geliştirilmiştir. Tablo 10 RIL populasyonundan elde edilen DNA miktarlarını listelemektedir.

Tablo 10. RIL populasyonu DNA miktarları

Genotip RIL	ng/ul	A260	A280	260/280	260/230
Korea-1	169721	33,944	15,704	2.16	2.17
Africa-3	138974	27,795	12,789	2.17	2.18
a1	109700	21,940	10,607	2.07	1.98
a2	163220	32,644	15,323	2.13	2.24
a1	108890	21,778	10,524	2.07	1.98
a3	72393	14,479	6,800	2.13	2.01
a4	80844	16,169	7,621	2.12	2.15
b7	150589	30,118	14,355	2.10	2.14
c4	111529	22,306	10,503	2.12	2.09
d1	44610	8,922	4,548	1.96	1.83
a5	163701	32,740	15,511	2.11	2.18
a6	115443	23,089	11,022	2.09	2.09
a7	121638	24,328	11,430	2.13	2.15
a8	98607	19,721	9,202	2.14	2.00
a9	137646	27,529	13,046	2.11	2.16

a10	117419	23,484	10,916	2.15	2.14
a11	153702	30,740	14,460	2.13	2.12
a12	120286	24,057	11,405	2.11	2.11
a13	156452	31,290	14,784	2.12	2.08
a15	127792	25,558	12,105	2.11	2.11
a16	51875	10,375	4,896	2.12	2.17
a17	139843	27,969	13,190	2.12	2.12
a18	171585	34,317	16,388	2.09	2.07
a19	28977	5,795	3,032	1.91	1.71
a21	262235	52,447	24,982	2.10	2.18
a25	25371	5,074	2,494	2.03	1.52
a19	29772	5,954	3,096	1.92	1.65
a26	59313	11,863	5,746	2.06	1.94
a29	185868	37,174	17,448	2.13	2.09
b1	65726	13,145	6,317	2.08	1.99
b3	177782	35,556	16,712	2.13	2.15
b4	137640	27,528	13,191	2.09	1.94
b5	114286	22,857	10,814	2.11	2.11
b6	152004	30,401	14,361	2.12	2.17
b7	150458	30,092	14,212	2.12	2.14
b8	102935	20,587	9,693	2.12	2.07
b10	169886	33,977	16,249	2.09	2.08
b11	138200	27,640	13,036	2.12	2.19
b12	110715	22,143	10,511	2.11	2.04
b13	1780	-0.356	1,435	-0.25	8.28
b14	219246	43,849	20,787	2.11	2.22
b13	128290	25,658	12,157	2.11	2.05
b15	241932	48,386	23,026	2.10	2.15
b17	89062	17,812	8,780	2.03	1.89
b18	109417	21,883	10,331	2.12	2.08
b20	207497	41,499	20,057	2.07	2.07
b21	29138	5,828	2,969	1.96	1.75
b21	31932	6,386	3,285	1.94	1.72
b22	101405	20,281	9,556	2.12	2.06
b24	274346	54,869	26,296	2.09	2.14
b25	42876	8,575	4,251	2.02	1.65
b26	437	0.087	0.061	1.43	1.92
b27	110201	22,040	10,246	2.15	2.17
c1	223286	44,657	21,315	2.10	2.02
c2	141586	28,317	13,265	2.13	2.10
c3	111493	22,299	10,683	2.09	1.92

c4	111233	22,247	10,437	2.13	2.06
c5	112967	22,593	10,994	2.06	2.00
c6	109292	21,858	10,397	2.10	1.87
c7	83784	16,757	8,635	1.94	1.73
c8	32155	6,431	3,164	2.03	1.84
c9	348835	69,767	34,445	2.03	2.07
c8	31964	6,393	3,153	2.03	1.83
c10	32817	6,563	3,474	1.89	1.28
c12	133531	26,706	13,008	2.05	1.94
c14	93618	18,724	9,141	2.05	1.95
c15	87227	17,445	8,480	2.06	2.02
c14	91571	18,314	8,901	2.06	2.03
c15	86041	17,208	8,245	2.09	2.10
c15	86873	17,375	8,387	2.07	2.09
c16	59600	11,920	5,618	2.12	2.00
c17	223976	44,795	21,451	2.09	2.14
c18	68397	13,679	6,873	1.99	1.96
c8	40045	8,009	4,068	1.97	1.56
c19	97637	19,527	9,200	2.12	1.84
c20	158585	31,717	15,103	2.10	2.14
c22	96055	19,211	9,175	2.09	1.94
c23	259330	51,866	24,639	2.11	2.17
c24	123590	24,718	11,806	2.09	1.94
c28	102081	20,416	9,567	2.13	1.99
d1	30335	6,067	3,411	1.78	1.11
d3	41880	8,376	4,279	1.96	1.63
d1	45384	9,077	4,678	1.94	1.75
d5	83519	16,704	8,145	2.05	1.78
d5	83503	16,701	8,201	2.04	1.75
d6	88326	17,665	8,857	1.99	2.01
d8	46120	9,224	4,735	1.95	2.05
d10	42960	8,592	4,402	1.95	1.76
d12	88169	17,634	8,381	2.10	1.97
d13	92161	18,432	8,928	2.06	1.82
d14	176638	35,328	16,924	2.09	2.07
d15	203601	40,720	19,406	2.10	2.16
d17	215551	43,110	20,515	2.10	2.17
d19	197384	39,477	18,745	2.11	2.10
d20	187256	37,451	17,682	2.12	2.09
d22	295529	59,106	28,445	2.08	2.16
e2	85175	17,035	8,208	2.08	1.95

e3	213259	42,652	20,333	2.10	2.12
e5	209201	41,840	20,009	2.09	2.11
e6	83062	16,612	8,246	2.01	1.86
e7	94139	18,828	9,390	2.01	1.67
e8	90134	18,027	8,894	2.03	2.02
e9	153818	30,764	14,757	2.08	2.04
e10	150744	30,149	14,553	2.07	1.97
e11	179040	35,808	16,986	2.11	2.19
e12	169131	33,826	16,107	2.10	2.15
e15	58910	11,782	5,823	2.02	2.05
e16	278634	55,727	26,657	2.09	2.15
e17	112837	22,567	10,634	2.12	2.17
e18	154071	30,814	14,525	2.12	2.16
e19	277953	55,591	26,567	2.09	2.16
e24	128582	25,716	12,070	2.13	2.02
e25	233146	46,629	21,680	2.15	2.18
f4	190148	38,030	17,883	2.13	2.12
f5	166922	33,384	15,399	2.17	2.13
f7	102956	20,591	9,451	2.18	2.03
f8	236868	47,374	22,247	2.13	2.02
f9	101641	20,328	9,868	2.06	1.93
f11	187404	37,481	17,449	2.15	2.15
f12	65850	13,170	6,197	2.13	2.02
f13	192660	38,532	17,745	2.17	2.23
f14	218779	43,756	21,119	2.07	2.06
f15	163609	32,722	15,275	2.14	2.05
f16	248491	49,698	23,154	2.15	2.14
f18	191243	38,249	18,003	2.12	2.13
f20	143947	28,789	13,294	2.17	2.13
f21	254152	50,830	23,765	2.14	2.18
f22	117955	23,591	10,766	2.19	2.18
f23	137872	27,574	12,671	2.18	2.20
f24	132987	26,597	12,235	2.17	2.13
f26	165370	33,074	15,187	2.18	2.20
cd18	167019	33,404	15,403	2.17	2.05

Tablo 10'dan da görüldüğü gibi RIL popülasyonundan elde edilen DNA miktar ve kaliteleri oldukça iyi düzeydedir ve haritalama çalışmaları için uygundur. Projede kullanılacak ikinci popülasyon ise *Sesamum indicum* cv. Muganlı 57 x *Sesamum alatum* türlerarası (interspecific) melezlemesinden geliştirilen bir F2 popülasyonudur. Bu popülasyona ait bitkilerden elde edilen DNA miktarları Tablo 11'de listelenmiştir.

Tablo 11. F2 populasyonu DNA miktarı

Genotip F2	ng/ul	260/280	260/230	Genotip F2	ng/ul	260/280	260/230
1	375.66	1.54	0.8	51	277.14	1.7	0.8
2	420.71	1.8	1.06	52	302.11	1.5	0.58
3	309.09	1.42	0.59	53	281.08	1.77	0.77
4	497.52	1.52	0.89	54	249.77	1.67	0.7
5	393.79	1.87	1.13	55	195.59	1.47	0.53
6	308.35	1.34	0.57	56	323.67	1.83	1.05
7	356.37	1.72	0.87	57	156.3	1.54	0.72
8	359.79	1.72	0.98	58	178.2	1.67	0.77
9	335.39	1.77	1.08	59	199	1.74	0.81
10	387.81	1.62	0.75	60	132.33	1.75	0.68
11	298.51	1.66	0.78	61	144.45	1.7	0.85
12	349.56	1.4	0.65	62	156.29	1.57	0.66
13	321.88	1.32	0.6	63	180.02	1.68	0.87
14	236.02	1.57	0.66	64	226.63	1.82	0.72
15	288.07	1.41	0.57	65	531.41	1.57	0.83
16	188.47	1.37	0.53	66	191.3	1.57	0.6
17	162.86	1.47	0.43	67	324.54	1.49	0.66
18	287.07	1.54	0.58	68	519.21	2.02	1.67
19	301.91	1.28	0.6	69	22.19	2.08	1.13
20	231.07	1.52	0.5	69	8.75	2.04	0.86
21	285.48	1.97	0.89	69	221.57	1.71	0.88
22	316.37	1.71	0.84	70	391.16	1.86	0.98
23	196.19	1.52	0.54	71	397.29	1.69	0.81
24	359.53	1.65	0.68	72	139.48	1.8	0.62
25	246.45	1.94	0.95	73	173.64	1.51	0.47
26	192.77	1.84	0.69	74	201.34	1.85	0.81
27	283.82	1.51	0.73	75	263.78	1.83	1.02
28	321.29	1.64	0.69	76	261.22	1.48	0.66
29	321.82	1.38	0.62	77	454.73	1.6	0.78
30	367.69	1.55	0.74	78	216.37	2.13	1.36
31	253.54	1.21	0.49	79	278.79	1.52	0.52
32	262.7	1.29	0.53	80	401.48	1.79	0.83
33	314.93	1.47	0.6	81	507.8	1.83	0.95
34	98.5	1.66	0.63	82	152.44	2.01	0.84
35	109.83	1.58	0.58	82	137.31	2.03	0.86
37	244.89	1.54	0.59	83	411.17	1.94	1.09
38	194.85	1.56	0.51	84	277.47	1.87	0.97
39	275.54	1.65	0.71	85	391.84	1.6	0.77

40	310.77	1.65	0.67	86	619.44	1.71	0.84
41	332.82	1.41	0.58	87	499.65	1.83	1.13
42	369.7	1.63	0.77	88	298.67	1.75	0.77
43	281.41	1.64	0.58	89	264.95	1.96	1.18
44	188.57	1.47	0.46	90	327.28	1.85	0.93
45	205.87	1.67	0.65	91	120.22	1.72	0.62
46	194.4	1.37	0.52	91	457.79	1.41	0.93
47	507.03	1.6	0.83	92	278.25	1.63	0.57
48	307.29	1.25	0.54	93	351.71	1.77	0.92
49	247.51	1.28	0.58	94	414.57	1.77	0.9
50	436.24	1.52	0.85	95	330.32	1.83	1
96	161.1	1.73	0.71	146	151.53	1.81	0.82
97	56.25	2	1.06	147	228.04	1.78	1.1
98	287.7	1.96	1.19	148	177.76	1.72	0.68
99	356.3	2.03	1.4	149	167.09	1.81	0.97
100	259.81	1.88	0.95	150	487.24	1.79	1.05
101	386.94	2.01	1.4	151	123.81	1.35	0.5
102	197.05	1.65	0.59	152	686.29	2.12	1.64
103	303.62	1.99	1.33	153	859.47	2.11	1.61
104	77.37	1.62	0.56	154	671.13	2.09	1.51
105	128.99	1.81	0.7	155	496.53	1.82	1.04
106	98	1.8	0.57	156	630.58	1.9	0.96
108	91.47	1.81	0.69	157	204.96	1.53	0.6
109	172.11	1.83	0.88	158	602.74	1.93	1.05
110	391.6	1.92	1.1	159	777.65	2.12	1.59
111	72.19	1.97	0.34	160	406.59	1.58	0.81
112	33.39	1.8	0.6	161	741.46	2.12	1.4
113	110.21	1.58	0.64	162	247.04	1.68	0.74
114	144.92	1.66	0.54	163	37.17	1.61	0.57
115	258.78	1.76	0.74	164	306.36	2.02	1.44
116	200.82	1.87	0.91	165	364.8	2.04	1.39
117	162.98	1.62	0.59	166	522.14	1.99	1.4
118	84.75	1.69	0.58	167	261.31	1.61	0.86
119	333.51	1.95	1.18	168	508.87	2.03	1.61
120	88.25	1.41	0.53	169	190.6	1.58	0.67
121	103.86	1.83	0.43	169	113.43	1.61	0.61
122	108.06	1.38	0.42	170	123.03	1.57	0.6
123	317.32	1.63	0.67	171	193.08	1.68	0.74
124	144.98	1.36	0.52	172	194.99	1.79	0.84
125	179.9	1.56	0.62	173	143.62	1.32	0.48
126	260.53	1.65	0.61	174	284.8	1.58	0.66

127	136.09	1.61	0.59	175	275.1	1.67	0.69
128	191.24	1.62	0.55	176	245.33	1.69	0.69
129	171.92	1.72	0.61	177	261.36	1.73	0.73
130	261.2	1.7	0.66	178	190.28	1.77	0.73
131	127.16	1.59	0.51	179	208.61	1.72	0.67
132	220.53	1.53	0.55	180	115.22	1.28	0.49
133	366.85	1.62	0.73	181	129.11	1.65	0.56
134	193.58	1.41	0.5	182	115.56	1.57	0.64
135	185.47	1.67	0.65	183	51.41	1.48	0.5
136	246.61	1.81	0.76	184	225.07	1.29	0.53
137	186.64	1.56	0.56	185	254.94	1.32	0.55
138	156.49	1.56	0.56	185	387.97	1.76	0.91
139	196.62	1.72	0.61	186	276.06	1.27	0.56
140	223.72	1.51	0.6	187	286.86	1.48	0.63
141	211.82	1.64	0.69	188	305.95	1.58	0.64
142	197.6	1.6	0.69	189	239.68	1.57	0.63
143	182.37	1.4	0.48	190	202.93	1.91	1.21
144	184.73	1.48	0.5	191	164.1	1.74	0.61
144	162.03	1.5	0.55	192	226.54	1.64	0.65
145	115.47	1.82	0.78	193	189.84	1.5	0.54
200	449.49	1.68	0.95				
<i>S.alatum</i> -1	150.36	1.59	0.6	F1-1	312.01	1.65	0.73
<i>S.alatum</i> -2	48.45	1.74	0.47	F1-2	765.44	2.15	1.83
<i>S.alatum</i> -3	334.12	2.04	1.53	F1-3	397.04	2.03	1.55
<i>S.alatum</i> -4	223.63	1.82	1.06	F1-4	592.86	2.03	1.72
<i>S.alatum</i> -5	218.67	1.61	0.72	F1-5	371.43	1.91	1.22
<i>S.alatum</i> -6	129.03	1.85	0.93	F1-6	1214.03	2.13	1.77
<i>S.alatum</i> -7	44.8	1.33	0.46	F1-7	344.31	1.89	1.13
<i>S.alatum</i> -8	63.68	1.91	0.98	F1-8	304.71	1.81	1
<i>S.alatum</i> -9	293.19	2.06	1.64	F1-9	1673.11	2.14	2.01
<i>S.alatum</i> -10	142.78	1.67	0.79	F1-10	385.98	1.89	1.34
Muganlı-1	428.91	1.98	1.11	Muganlı-6	116.07	1.75	0.5
Muganlı-2	493.98	2.23	2.4	Muganlı-7	216.26	1.63	0.7
Muganlı-3	174.46	1.94	0.97	Muganlı-8	308.6	1.82	1.08
Muganlı-4	200.5	1.55	0.7	Muganlı-9	292.65	1.85	1.07
Muganlı-5	172.33	1.59	0.64	Muganlı-10	198.39	1.63	0.77

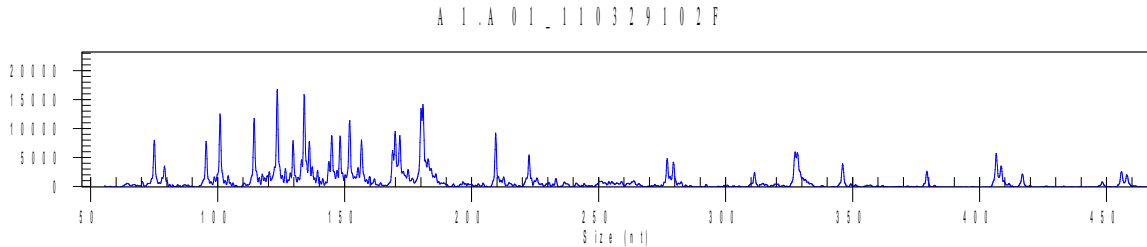
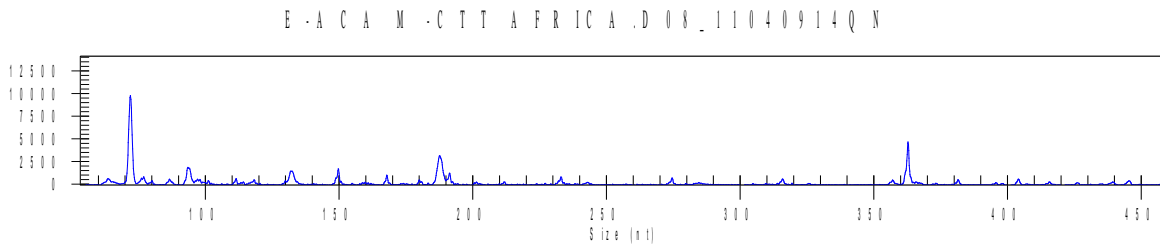
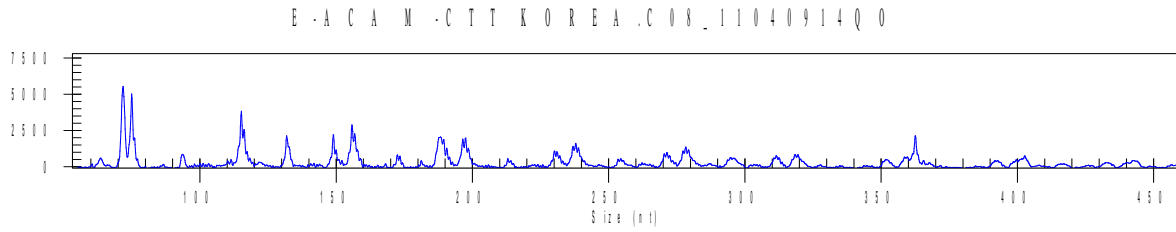
Tablo 11'den de görüldüğü gibi F2 populasyonundan elde edilen DNA miktar ve kaliteleri oldukça iyi düzeydedir ve haritalama çalışmaları için uygundur.

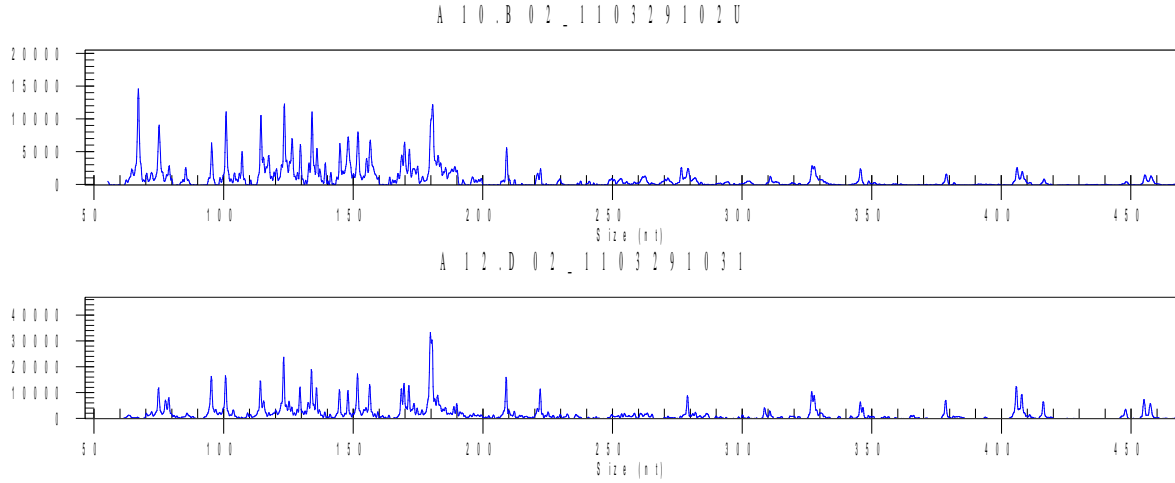
Haritalama çalışmalarına RIL populasyonunda AFLP analizleri ile başlanmıştır. AFLP analizleri için öncelikle mevcut 64 primer kombinasyonundan 59 adeti ebevenlerde polimorfizm testlemesine tabi tutulmuştur. Bu çalışma sonucunda 27 primer kombinasyonu polimorfik bulunmuştur. Polimorfik bulunan primer kombinasyonlardan 7 adeti bütün populasyona uygulanmıştır. Tablo 12’de polimorfik bulunan primer kombinasyonları ve fragment sayıları verilmiştir.

Tablo 12. Polimorfik bulunan AFLP primer kombinasyonları ve fragment sayıları

Kombinasyonlar	Fragment Sayısı	Polimorfik Fragment Sayısı	Polimorfizm Miktarı (%)
E-ACA M-CAT	60	28	47
E-AAC M-CAG	17	9	53
E-ACA M-CTT	46	10	22
E-ACG M-CAG	19	4	21
E-ACA M-CAC	38	8	21
E-ACA M-CAA	10	8	80
E-ACA M-CTC	62	5	8

Aşağıdaki şekillerde ise bir AFLP primer kombinasyonunun anaçlara ve bazı RIL populasyonuna ait bitkilere uygulanması verilmiştir.





Şekil 28. AFLP primer kombinasyonunun anaçlara ve bazı RIL populasyonuna ait bitkilere uygulanması

RIL populasyonunda elde edilen genotipik verilerin Ki-Square değerleri hesaplanmıştır (Tablo 13).

Tablo 13. RIL populasyonu AFLP markörleri Ki-square değerleri

Primer Kombinasyonları	Fragment Uzunlukları (AFLP lokusları)	P değeri
EACAMCAT	71	<0,001
EACAMCAT	72	0,15
EACAMCAT	119	0,10
EACAMCAT	121	0,04
EACAMCAT	122	0,54
EACAMCAT	123	0,06
EACAMCAT	128	0,01
EACAMCAT	135	0,35
EACAMCAT	147	<0,001
EACAMCAT	152	<0,001
EACAMCAT	167	<0,001
EACAMCAT	168	0,35
EACAMCAT	170	0,53
EACAMCAT	178	0,83
EACAMCAT	191	0,01
EACAMCAT	192	0,10
EACAMCAT	207	<0,001
EACAMCAT	233	<0,001
EACAMCAT	319	<0,001
EACAMCAT	320	0,29
EACAMCAT	328	0,75
EACAMCAT	346	0,60
EACAMCAT	380	<0,001
EACAMCAT	400	0,11
EACAMCAT	407	0,01
EACAMCAT	409	<0,001
EACAMCAT	417	<0,001
EACAMCAT	440	0,34
EACAMCTC	77	0,12
EACAMCTC	87	0,41
EACAMCTC	107	0,12

EACAMCTC	232	<0,001
EACAMCTC	233	<0,001
EACAMCAA	77	<0,001
EACAMCAA	86	<0,001
EACAMCAA	89	<0,001
EACAMCAA	93	<0,001
EACAMCAA	98	<0,001
EACAMCAA	120	<0,001
EACAMCAA	125	<0,001
EACAMCAA	129	<0,001
EAACMCAG	72	<0,001
EAACMCAG	94	<0,001
EAACMCAG	112	0,17
EAACMCAG	157	<0,001
EAACMCAG	186,5	<0,001
EAACMCAG	189,5	<0,001
EAACMCAG	197	<0,001
EAACMCAG	224	0,60
EAACMCAG	238	<0,001
EACAMCTT	74	0,30
EACAMCTT	80	<0,001
EACAMCTT	84	<0,001
EACAMCTT	87	<0,001
EACAMCTT	93	<0,001
EACAMCTT	130	<0,001
EACAMCTT	139	<0,001
EACAMCTT	156	<0,001
EACAMCTT	172	<0,001
EACAMCTT	174	<0,001
EACAMCTT	202	<0,001
EACGMCAG	76	<0,001
EACGMCAG	180	<0,001
EACGMCAG	201	<0,001
EACGMCAG	234	0,12
EACAMCAC	75	<0,001
EACAMCAC	113	<0,001
EACAMCAC	133	<0,001
EACAMCAC	176	<0,001
EACAMCAC	197	0,01
EACAMCAC	198	<0,001
EACAMCAC	199	<0,001
EACAMCAC	325	<0,001

Ki kare sonuçlarına göre 21 markör bir RIL populasyonundan beklenen 1:1 mendel açılımına uygunluk göstermiştir. 52 markör de açılım değeri bu orandan sapma göstermiştir. Bütün bu analizler sonucunda AFLP markör sisteminde bu populasyonda genetik harita oluşturma konusunda yetersiz kaldığına kanaat getirilmiştir.

4.2.3. Genomik-SSR markörlerinin geliştirilmesi

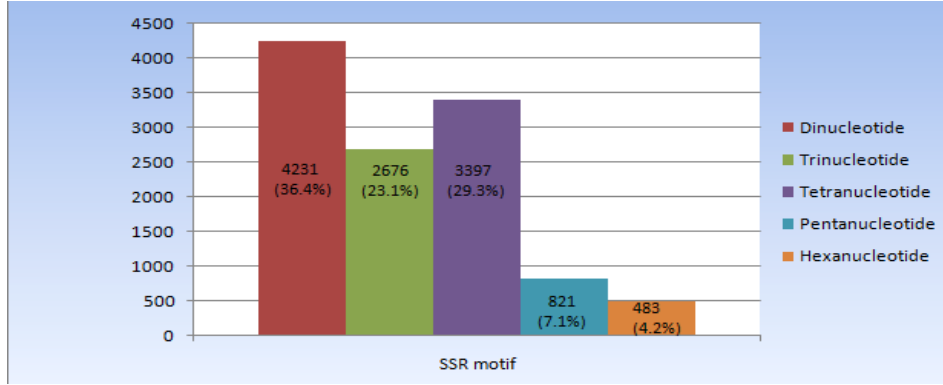
Proje kapsamında öngörülen SSR markörü geliştirilmesi için ülkemizde geniş bir ekim alanı bulan *Sesamum indicum* cv. Muganlı-57 çeşiti kullanılmıştır. Bu amaç için yaklaşık 30 civarında Muganlı çeşitine ait bitki DNA'ları

çıkarılmış ve dizi analizleri için ROCHE Firması (454 Life Sciences, Branford, CT, USA) dizileme merkezine gönderilmiştir. Dizileme çalışmasında genomik shotgun dizileme teknolojisi (Roche 454 GS-FLX sistemi) kullanılmıştır. Bu amaç için susam bitkisine ait DNA'lar izole edilmiş ve saflaştırılan DNA'lar GS-FLX sistemde shotgun metodu ile dizilemeye tabi tutulmuştur. Bu dizileme çalışma sonuçlarına göre, genomik dizileri içeren sff. dosya formatı *sff_extract* programı (http://bioinf.comav.upv.es/_downloads/sff_extract_0_2_8) kullanılarak FASTA formatına dönüştürülmüştür. Bu sistemle yapılan iki okumada toplam 190.975.720 baz çifti dizilenmiştir. Ortalama dizi okuma uzunluğu 355 bp olarak belirlenmiştir. Bu şekilde elde edilen ham genomik diziler birbirinin aynısı yada birbirini tamamlayıcı diziler olabileceği için bu dizilerin daha büyük kontigler içerisinde toplanması sağlanmıştır. Bu amaç için öncelikle bütün diziler vektör dizileri bakımından SeqClean (CHEN ve ark. 2007) ve *sff_extract* programları kullanılarak taranmıştır. Bu programlar dizilerdeki klonlama vektörlerine ait muhtemel kalan sekanzların ortadan kaldırılması için geliştirilmiştir. Basit dizi tekrarları sekanz montajlaması veya biraraya toplanması işlemleri için zararlı olduğu için bu tekrar dizileri belirlendikten sonra RepMasker programı (JURKA ve ark. 1992) kullanarak analiz dışı bırakılmıştır ancak tekrarların orijin ve konumları daha sonraki işlemler için saklanmıştır. Bu şekilde temizlenen genomik diziler daha sonra CAP3 (HUANG ve ark. 1999) ve MIRA (CHEVREUX et al. 1999) montajlama programları kullanılarak daha büyük diziler (contigs) haline getirilmiştir. Herhangi bir contig ile örtüşen ve ilgili genoma yerleştirilecek olan klonları bulmak için BLAST programı (ALTSCHUL ve ark. 1990) kullanılmıştır. Geriye kalan genomik diziler CAP3 (HUANG ve ark. 1999) programı kullanılarak montajlama işlemine eklenmiştir. Bu adımda, maskelenen tekrarlar yeniden tanıtılmış ve böylece contig ve singlet'ler içerisindeki konumları ortaya çıkarılmıştır. Contig içerisinde montaj edilen (biraraya getirilen) genomik diziler kullanılarak SSR motiflerinin belirlenmesi ve bu motifleri çevreleyen SSR primerlerinin dizayn edilmesinde BatchPrimer3 programı (FRANK ve ark. 2008) kullanılmıştır (<http://probes.pw.usda.gov/cgi-bin/batchprimer3/batchprimer3.cgi>). En iyi primerler, tekrarı sayısı (uzunluğu), erime (melting) sıcaklığı ve ürün büyüklüğüne göre seçilmiştir. Primerler 22 ila 28 nukleotid büyüklüğü arasında ve 55° ve 70°C erime sıcaklığında seçilmiştir. Primerler 100 ila 700 bp büyüklüğü arasında PCR ürünü verecek şekilde geliştirilmiştir. Proje kapsamında öngörülen SSR üretleyicilerin geliştirilmesi için sayıları yaklaşık 700.000 dolayında olan genomik diziler kullanılmıştır. Bu çalışmalar sonucunda sayıları yaklaşık 700.000 civarında olan susam spesifik genomik dizileri değişik sayıda dizi içeren 140.000 civarında büyük contigler haline getirilmiştir. Montajlanamayan genomik DNA dizileri (singletons) analiz dışı bırakılmıştır. Toplam 140.000 civarında olan contig sekanzlardan 11.000 civarında SSR tekrar motifleri belirlenmiştir. Bu tekrarlar arasında dinucleotide, trinucleotide, tetranucleotide, pentanucleotide ve hexanucleotide gibi değişik motifler yer almıştır. En fazla dinucleotide motifi şeklindeki tekrarlara rastlanmıştır (Tablo 14, Şekil 29). Bu çalışma sonucunda toplam 3.101 başarılı genomic-SSR primerleri geliştirilmiştir.

Tablo 14. Genomik - SSR motifleri ve sayısı

Toplam Sekanz Sayısı	140.669
Belirlenen SSR Sayısı	11.608
Belirlenen dinucleotide motifli SSR sayısı	4.231
Belirlenen trinucleotide motifli SSR sayısı	2.676
Belirlenen tetranucleotide motifli SSR sayısı	3.397

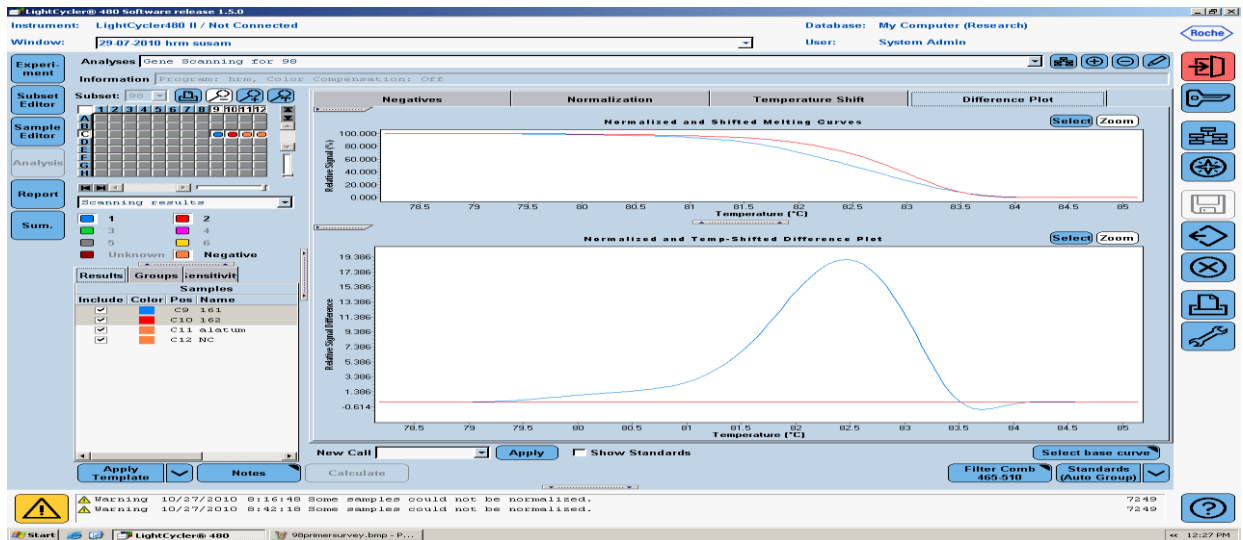
Belirlenen pentanucleotide motifli SSR sayısı	821
Belirlenen hexanucleotide motifli SSR sayısı	483
Başarılı Primer Çifti Oluşturulan Sekanzların Sayısı	2.549
Primer belirlenemeyen sekanzların sayısı	138.120
Geliştirilen toplam SSR sayısı	3.101

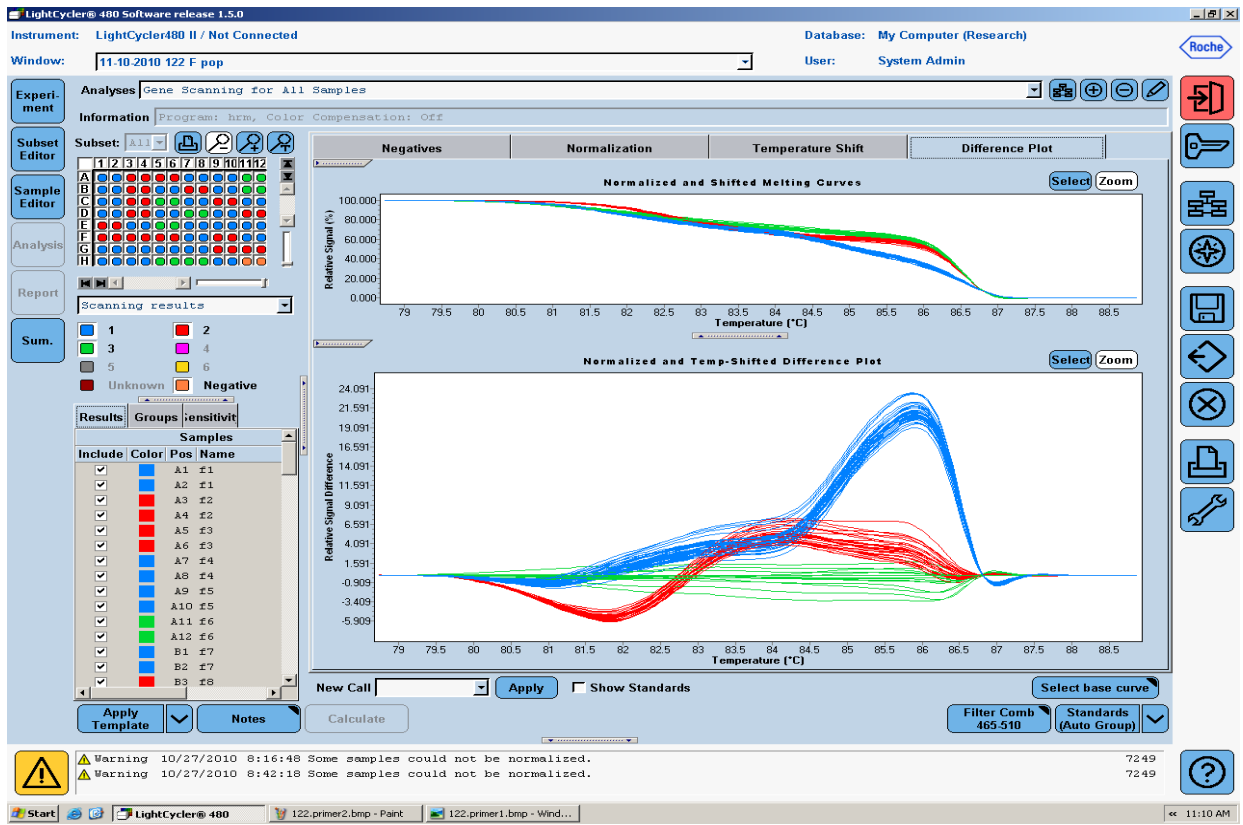
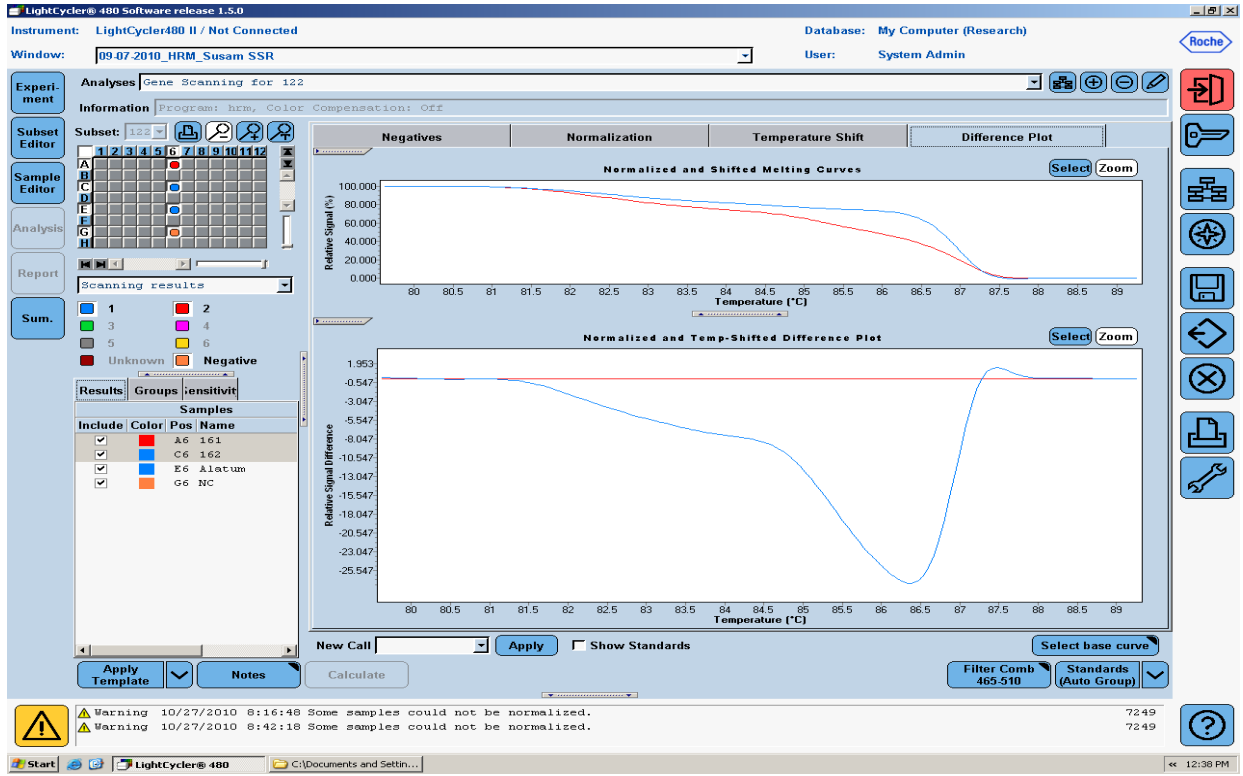


Şekil 29. Genomik dizilerden belirlenen SSR motif oranları

4.2.4. HRM analizleri

Susam'da agaroz jelde ayrıştırılmayan bazı SSR primer ürünlerinin ayrıştırılması için HRM (High Resolution Melting Analysis) analizi uygulaması ilk kez testlenmiştir. Aşağıdaki şekillerde susam için geliştirilen iki adet SSR primeri ile elde edilen PCR ürünlerinin Roche LC480 II cihazında yapılan HRM analizi sonuçları verilmiştir (Şekil 30).





Şekil 30. İki siSSR primerinin Africa-3 ve Korea-1 hatlarındaki HRM grafikleri verilmiştir.



Şekil 31 HRM analizi sonucu polimorfik bulunan bir SSR markörünün popülasyona uygulanmasını göstermektedir.

Bu çalışmalar sonucunda susam'da ilk kez HRM analizi için uygun bir protokol geliştirilmiştir. Bu protokole göre PCR analizleri için 10 ng DNA kullanılmıştır. HRM analizleri için yapılacak PCR çalışmalarında aşağıdaki Tablo 15'te verilen parametrelere uygun olarak hazırlanmıştır.

Tablo 15. Susam için geliştirilen HRM protokolü

	STOK	ARA STOK	FINAL	1*HACİM
HRM mix	2x	-	x	10 µl
F primer	10 µM	2.5 µM	0.2 µM	1.0 µl
R primer	10 µM	2.5 µM	0.2 µM	1.6 µl
Mg	25 mM	-	3 mM	2.4 µl
Su	-	-	-	1.4 µl
DNA	-	-	-	3 µl

Hazırlanan PCR karışımı özel PCR kaplarındaki her bir kuyucuğa 17 µl master mix gelecek şekilde konmuştur. Daha sonra DNA örnekleri master mix'in üzerine eklenmiştir. PCR kapları sıkıca seal ile kapatıldıktan sonra 3000 rpm de 2

dakika süreyle santrifuj edilmiştir. Bu işlemden sonra örnekler cihaza yüklenmiştir. PCR çalışmaları sonunda, cihazda bulunan “Gene Scanning” analiz programı seçilerek açılan pencereden analizi yapılacak altgruplar seçilmiştir. “Normalization” sekmesinden baseline ayarlandıktan sonra “Difference Plot” sekmesinden referans örnek seçilmiştir. En sonunda “Calculate” komutu seçilerek HRM eğrileri oluşturulmuştur.

4.2.5. Susam F2 populasyonunda moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulması

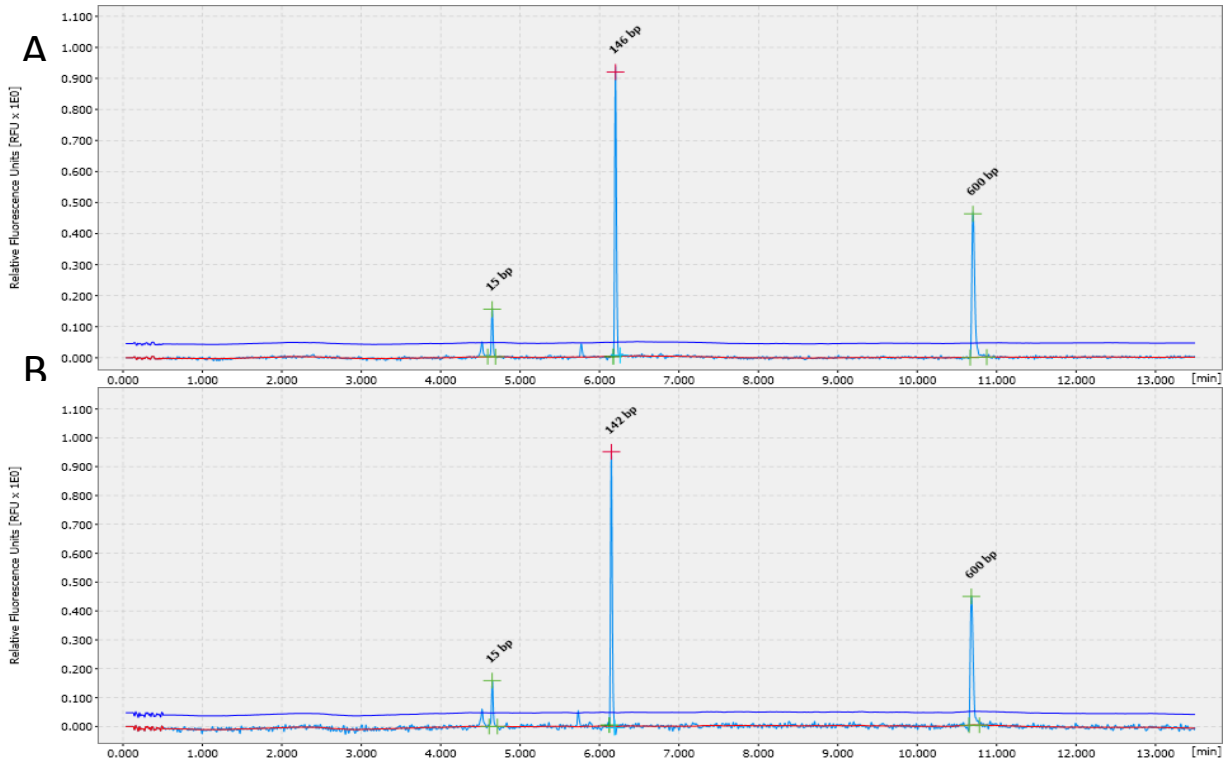
Moleküler genetik bağlantı haritasını oluşturmak üzere çalışmada proje kapsamında geliştirilen türlerarası F2 populasyonu ve genomik SSR işaretleyici sistemi kullanılmıştır. Bu amaçla, *Sesamum indicum* genomik DNA dizilim analizleri gerçekleştirilmiş ve elde edilen diziler, SSR işaretleyicileri geliştirmek üzere basit dizi tekrarları yönünden taranmıştır. Dizilimlerin taranması neticesinde, SSR işaretleyicilerini çoğaltan 1000 adet SSR primer çifti dizayn edilmiştir. Haritalama popülasyonlarının ebeveynleri olan *Sesamum indicum* çeşitleri ve *Sesamum alatum* yaprak doku örneklerinden DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Elde edilen DNA örnekleri, dizayn edilen primer çiftleri ile SSR işaretleyicilerinin çoğaltılması üzere kalıp DNA olarak kullanılmıştır. Elde edilen PCR ürünleri, QiAxcel Advanced System Kapiler Elektroferez cihazı ile yüksek çözünürlükte görüntülenmiş ve her bir SSR işaretleyicisi, haritalama popülasyon ebeveynleri arasında polimorfizm sergileyenlerin tespit edilmesi üzere analiz edilmiştir. 1000 adet SSR işaretleyicisinin analiz edilmesi neticesinde, intra-spesifik haritalama popülasyonu ebeveynleri olan Afrika ve Kore çeşitleri arasında 90 adet polimorfik SSR işaretleyicisi tespit edilmiştir (Tablo 16). Inter-spesifik haritalama popülasyonu ebeveynleri olan *Sesamum indicum* Muganlı 57 çeşidi ve *Sesamum alatum* arasında polimorfizm sergileyen 120 adet SSR işaretleyicisi belirlenmiştir (Tablo 17). *Sesamum indicum* Muganlı 57 ve *Sesamum alatum* DNA örneklerinden çoğaltılan polimorfik siSSR575 işaretleyicisinin kapiler elektroferogram görüntüleri, Şekil 32’de örnek olarak verilmektedir. *Sesamum indicum* Afrika ve *Sesamum indicum* Kore DNA örneklerinden çoğaltılan polimorfik siSSR991 işaretleyicisinin kapiler elektroferogram görüntüleri ise Şekil 33’te örnek olarak verilmektedir.

Tablo 16. *Sesamum indicum* Afrika ve *Sesamum indicum* Kore arasında polimorfik SSR işaretleyicileri

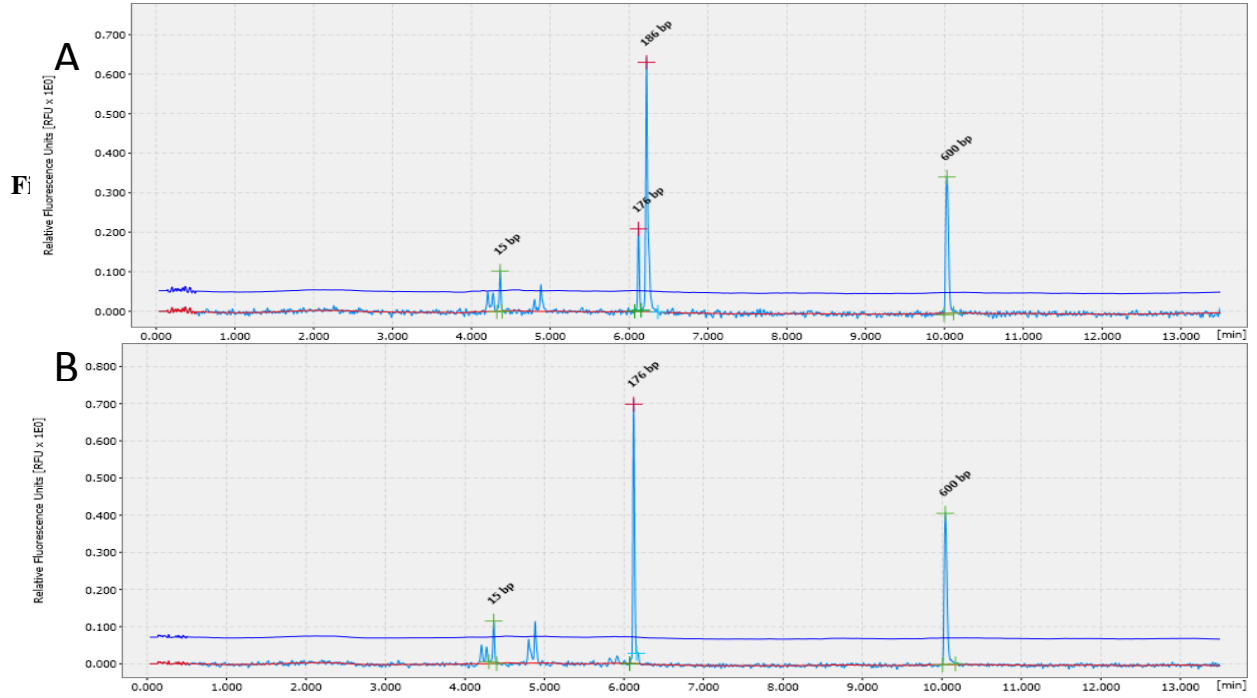
siSSR 17	siSSR 388	siSSR 628	siSSR 764	siSSR 981
siSSR 42	siSSR 393	siSSR 654	siSSR 725	siSSR 993
siSSR 51	siSSR 402	siSSR 566	siSSR 813	siSSR 978
siSSR 60	siSSR 410	siSSR 567	siSSR 827	siSSR 981
siSSR 86	siSSR 414	siSSR 590	siSSR 844	siSSR 993
siSSR 216	siSSR418	siSSR 631	siSSR 847	siSSR 864
siSSR 236	siSSR425	siSSR 670	siSSR 852	siSSR 867
siSSR 255	siSSR 433	siSSR 673	siSSR 855	siSSR 791
siSSR 265	siSSR 437	siSSR 679	siSSR 880	siSSR 812
siSSR 283	siSSR450	siSSR 682	siSSR 892	siSSR 949
siSSR 294	siSSR482	siSSR 686	siSSR 908	siSSR 963
siSSR 299	SiSSR485	siSSR 692	siSSR 916	siSSR 975
siSSR 302	siSSR521	siSSR 694	siSSR 921	siSSR 991
siSSR 314	siSSR 525	siSSR 708	siSSR 924	siSSR 462
siSSR 317	siSSR526	siSSR 709	siSSR 925	siSSR 382
siSSR 329	siSSR 538	siSSR 721	siSSR 945	siSSR 621
siSSR362	siSSR 582	siSSR 722	siSSR 968	siSSR 763
siSSR 372	siSSR 604	siSSR 738	siSSR 972	siSSR 978

Tablo 17. *Sesamum indicum* Muganlı ve *Sesamum alatum* arasında polimorfik SSR işaretleyicileri

siSSR 17	siSSR 392	siSSR 579	siSSR 725	siSSR 849	siSSR 980
siSSR 36	siSSR 393	siSSR 582	siSSR 730	siSSR 860	siSSR 983
siSSR 42	siSSR 397	siSSR 584	siSSR 731	siSSR 863	siSSR 991
siSSR 51	siSSR 402	siSSR 591	siSSR 733	siSSR 864	siSSR 388
siSSR 82	siSSR 410	siSSR 595	siSSR 736	siSSR 866	siSSR 390
siSSR 86	siSSR 414	siSSR 604	siSSR 758	siSSR 867	siSSR 575
siSSR 111	siSSR 422	siSSR 606	siSSR 767	siSSR 872	siSSR 577
siSSR 114	siSSR 425	siSSR 620	siSSR 782	siSSR 876	siSSR 709
siSSR 130	siSSR 433	siSSR 621	siSSR 786	siSSR 883	siSSR 721
siSSR 160	siSSR 437	siSSR 624	siSSR 791	siSSR 892	siSSR 844
siSSR 178	siSSR 456	siSSR 628	siSSR 801	siSSR 908	siSSR 846
siSSR 183	siSSR 462	siSSR 634	siSSR 808	siSSR 916	siSSR 975
siSSR 199	siSSR 485	siSSR 640	siSSR 811	siSSR 924	siSSR 977
siSSR 223	siSSR 487	siSSR 654	siSSR 812	siSSR 925	
siSSR 228	siSSR 491	siSSR 666	siSSR 814	siSSR 926	
siSSR 236	siSSR 493	siSSR 670	siSSR 817	siSSR 933	
siSSR 242	siSSR 499	siSSR 673	siSSR 823	siSSR 934	
siSSR 305	siSSR 522	siSSR 679	siSSR 825	siSSR 945	
siSSR 314	siSSR 524	siSSR 685	siSSR 826	siSSR 949	
siSSR 317	siSSR 525	siSSR 686	siSSR 829	siSSR 956	
siSSR 329	siSSR 538	siSSR 692	siSSR 835	siSSR 962	
siSSR 346	siSSR 541	siSSR 694	siSSR 838	siSSR 963	
siSSR 372	siSSR 549	siSSR 708	siSSR 843	siSSR 974	



Şekil 32. A- *Sesamum indicum* Muganlı 57 siSSR575: 146bp; B- *Sesamum alatum* siSSR575: 142bp



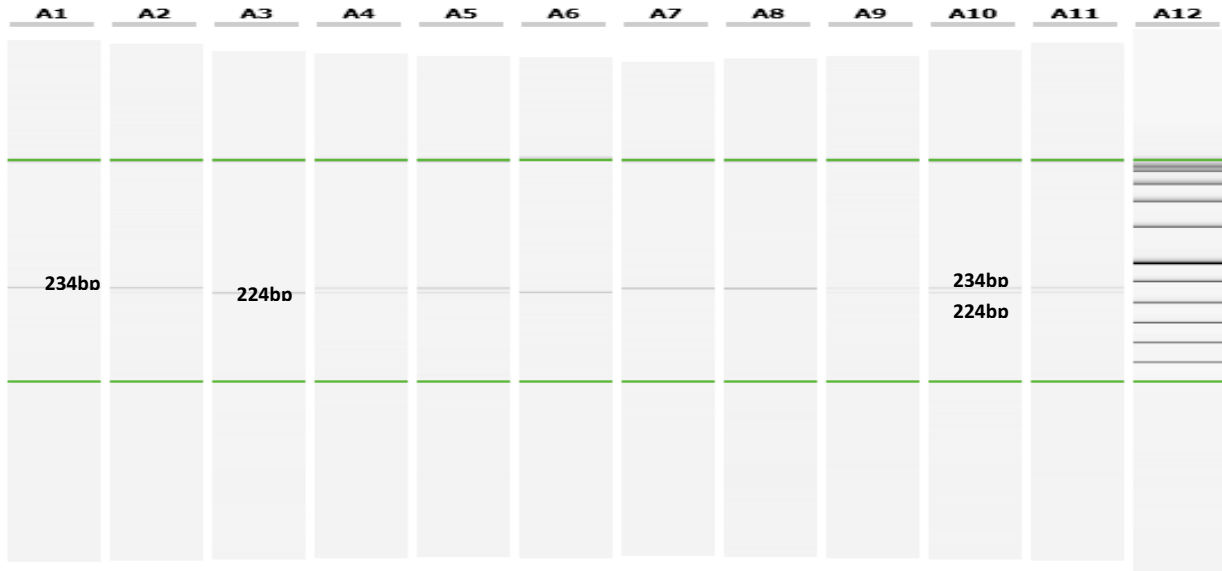
Şekil 33. A- *Sesamum indicum* Afrika siSSR991: 176bp ve 186 bp (bi-alelik); B- *Sesamum indicum* Kore siSSR 991: 176bp.

Sesamum indicum cv. Muganlı 57 ve *Sesamum alatum* ebeveynleri arasında polimorfizm gösteren siSSR51 işaretleyicisi, Muganlı 57 X alatum F2 populasyonuna ait 44 adet birey üzerinde testlenmiş ve populasyonda açılım gösterdiği görülmüştür. SiSSR51 işaretleyicisinin populasyon bireyelerine ait DNA örneklerinden çoğalttığı işaretleyici alelleri, Tablo 18’de verilmektedir. Şekil 34, siSSR51 işaretleyicisinin F2 populasyonuna ait 11 bireyde gösterdiği açılımın kapiler elektroforezi sanal jel bantlarını göstermektedir.

Tablo 18. Muganlı 57 x S. alatum F2 populasyonunda siSSR51 markörüyle 21 bireyde elde edilen ürün büyüklükleri

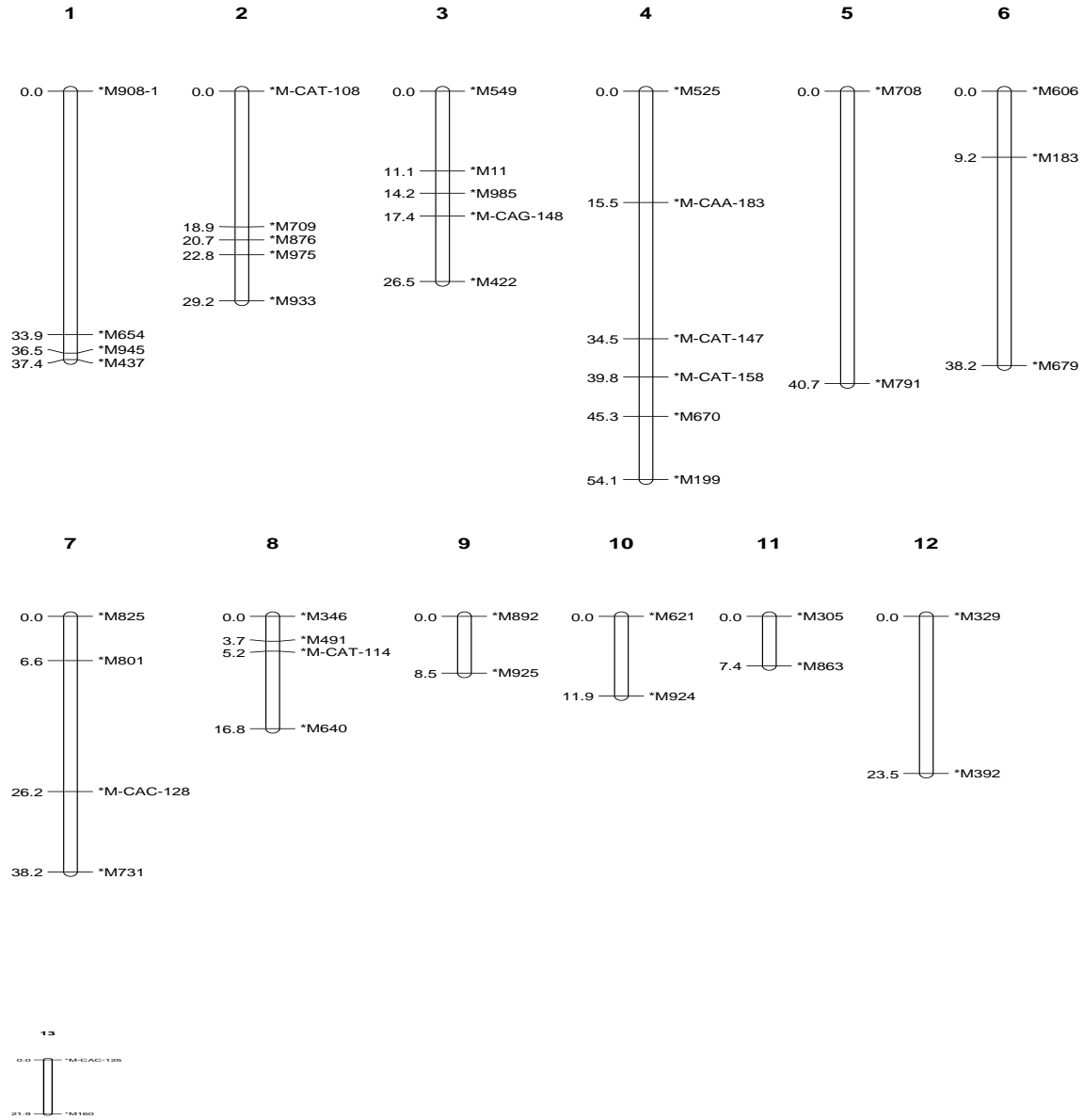
Muganlı	234bp	22	224-234bp
Alatum	224-234bp	23	224-234bp
1	234bp	24	224-234bp
2	224-234bp	25	224bp
3	224bp	26	234bp
4	224bp	27	234bp
5	224-234bp	28	224-234bp
6	224bp	29	224-234bp
7	234bp	30	224bp
8	234bp	31	224bp
9	224-234bp	32	234bp
10	224-234bp	33	224-234bp
11	224-234bp	34	224-234bp
12	224-234bp	35	224-234bp

13	224bp	36	224-234bp
14	224bp	37	224-234bp
15	234bp	38	224bp
16	224-234bp	39	224-234bp
17	224-234bp	40	234bp
18	224bp	41	234bp
19	234bp	42	224bp
20	234bp	43	224bp
21	224bp	44	234bp



Şekil 34. A1-A11; siSSR51 Kapiler Elektorforez Sanal Jel görüntüleri. A12; 25-500bp uzunluk standardı

Genomik SSR larla yürütülen anaç survey çalışmalarında türlerarası populasyon için bulunan 120 civarındaki polimorfik SSR markörlerinin populasyona uygulanması sonucunda sadece 63 adeti F2 populasyonunda açılım göstermiştir. Bu çalışma sonucunda elde edilen markör bilgileri Mapmaker programı (LANDER ve ark. 1987) kullanılarak analiz edilmiştir ve susam için 13 bağlantı grubundan oluşan bir moleküler genetik haritası oluşturulmuştur (Şekil 35). Bağlantı grupları içerisinde 35 SSR markörü yer almıştır. Diğer 28 SSR markörü mevcut bağlantı gurpları içerisinde yerleştirememiştir. Genetik haritanın çözünürlüğünü artırmak için daha sonra 5 AFLP primer kombinasyonu populasyona uygulamıştır. Bu analizler sonucunda 8 polimorfik lokus populasyon açılım göstermiştir.



Şekil 35. Susam için oluşturulan SSR ve AFLP ye dayalı genetik bağlantı haritası

4.2.6. Susam Dünya Koleksiyonunda Genetik Çeşitliliğin SSR markörleri ile İncelenmesi

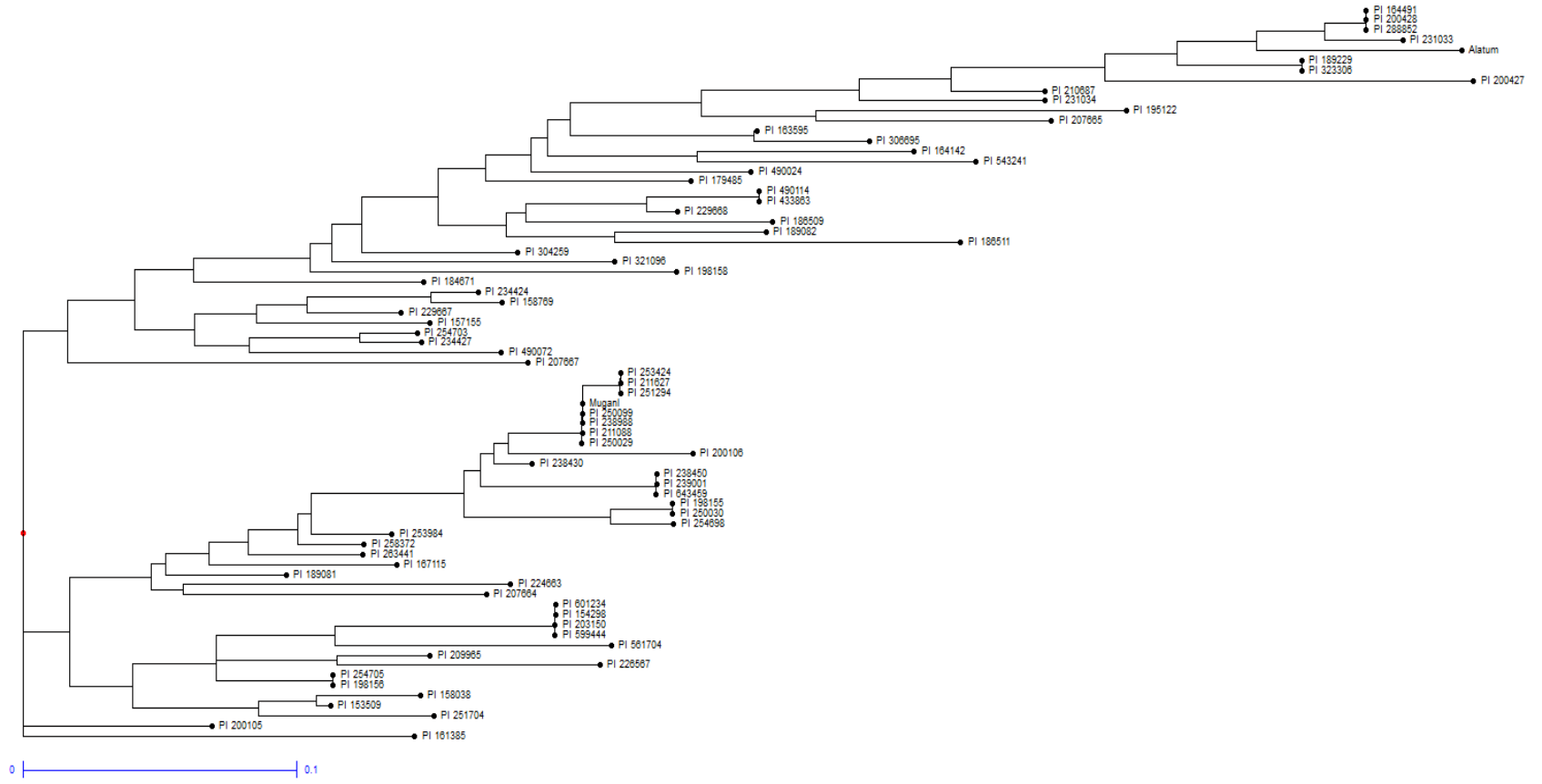
Proje kapsamında çeşitli coğrafik orijinlerden toplanmış olan ve USDA'den temin edilen 73 adet susam genotipi proje kapsamında geliştirilen genomik-SSR markörleri kullanılarak genetik olarak profillenmiştir. Genetik çeşitlilik analizi gerçekleştirilen susam çeşitlerinin coğrafi orjinlerine göre listesi Tablo 1'de verilmiştir. Çalışmada kullanılan genomik-SSR markörlerinin bilgi verme seviyeleri (PIC = Polimorfic Information Content), SAAL ve WRICKE (1999) tarafından tanımlanan yöntemle göre herbir markörün polimorfizm bilgi içeriği değerinin (PIC) hesaplanması ile ortaya çıkarılmıştır. Genetik çeşitlilik analizinde kullanılan 10 SSR işaretleyicisi, 23 adet polimorfik bant üretmiştir.

Makörlerin polimorfizm bilgi içeriği değerleri 0.254 (siSSR223) ve 0.497 (siSSR437) arasında değişiklik göstermiştir. SSR markörlerinin ortalama polimorfizm bilgi içeriği değeri (PIC) 0.409 olarak belirlenmiştir (Tablo 19). SSR işaretleyicilerinin susam genotiplerine uygulanması ile elde edilen veriler, Darwin programı ile analiz edilmek üzere, her bir polimorfik SSR bandı için, bandın genotipte üretilip üretilmemesine göre 1/0 biçiminde skorlanmıştır. Genetik çeşitlilik, DICE benzerlik katsayısı ve Neighbor-joining algoritmalarının kullanılması ile Darwin programında analiz edilmiştir. Analiz neticesinde elde edilen dendogram ile uzaklık matrisi arasındaki korelasyon, MANTEL testi uygulanarak belirlenmiştir.

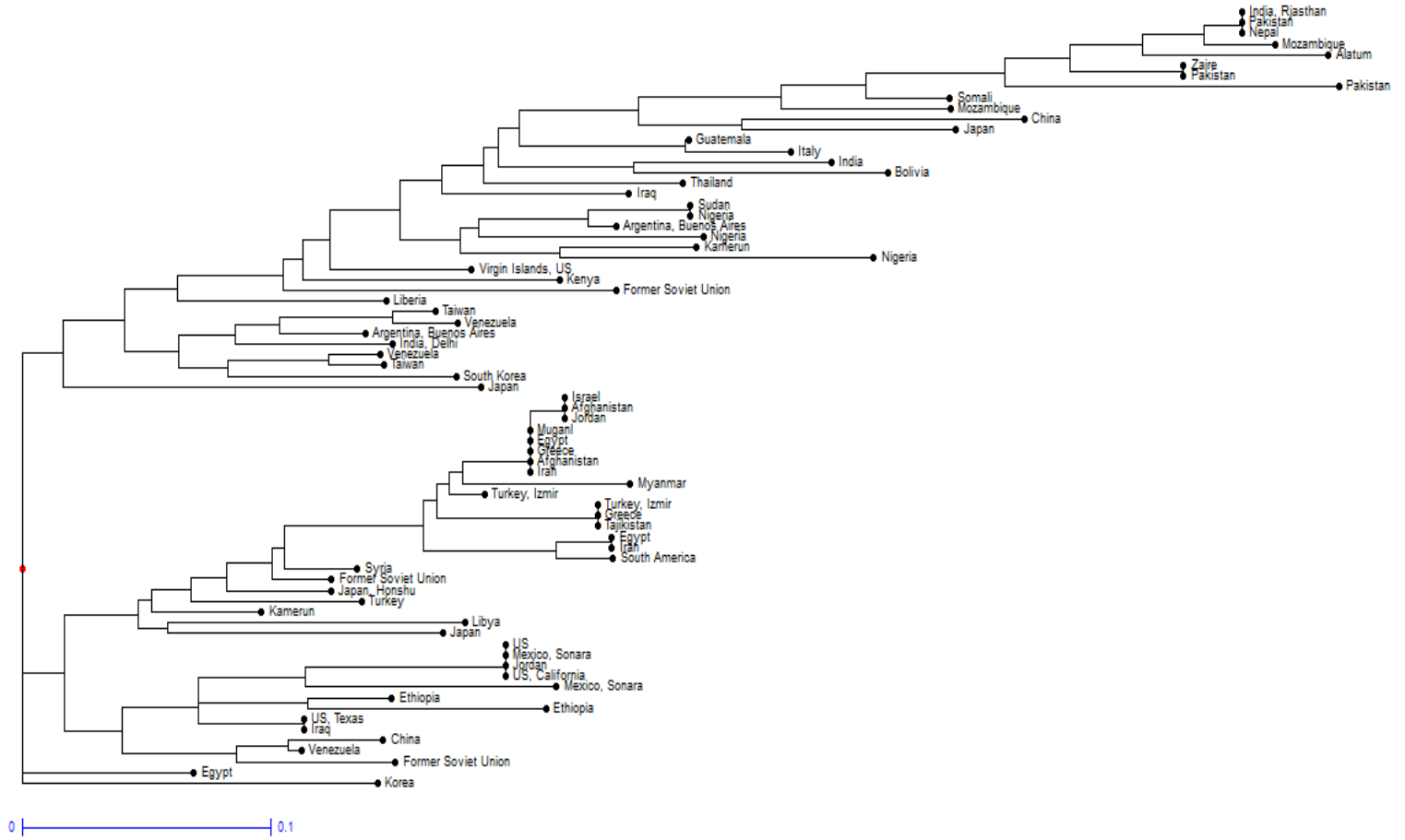
Tablo 19. Genetik Çeşitlilik Analizinde Kullanılan SSR İşaretleyicilerinin Polimorfizm Bilgi İçeriği Değerleri

SSR markörleri	PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği)
siSSR111	0.447
siSSR223	0.254
siSSR346	0.422
siSSR437	0.497
siSSR491	0.336
siSSR801	0.434
siSSR924	0.476
siSSR945	0.394
siSSR975	0.455
siSSR991	0.376
Ortalama PIC	0.4091

MANTEL testi, dendogram ve uzaklık matrisi arasında kuvvetli korelasyon olduğunun ortaya koymuştur ($r = 0.9425$). Genetik çeşitliliğe dayalı oluşturulan dendogram, Şekil 36'da verilmektedir. Çalışmada değerlendirilen 73 susam genotipi için hesaplanan ortalama genetik farklılık değeri 0.393'tür. Dünya susam genotipleri arasında hesaplanan genetik farklılık değerleri, 0 ile 0.91 değerleri arasında değişim göstermiştir. En yüksek genetik uzaklık değeri (0.91), Mozambik orijinli çeşit PI231033 ile Mısır orijinli PI198155 ve İran orijinli PI250030 çeşitleri arasında hesaplanmıştır. PI231033 (Mozambik) çeşidinin, PI198155 (Mısır) ve PI250030 (İran) çeşitleri ile genetik uzaklığı gözönüne alındığında, bu çeşitlerin genetik haritalama çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabilecek uygun genotipler oldukları öngörülmektedir. Genetik çeşitliliğe dayalı dendogramın, iki ana kümeden oluştuğu görülmektedir (Şekil 36a, b). 36 adet susam genotipi A kümesinde, 37 genotip ise B kümesinde konumlanmaktadır. A kümesinin, çeşitler arası genetik uzaklık değerleri göz önüne alındığında, B kümesine göre daha fazla genetik çeşitlilik barındırdığı görülmektedir. Analizi gerçekleştirilen toplam 73 adet susam genotipinin, genotipik olarak eşdeğer oldukları belirlenen çeşitler göz önüne alındığında, 56 farklı susam genotipini temsil etmekte olduğu görülmektedir.



Şekil 36. 73 susam genotipinde SSR sonuçlarına göre oluşturulan filogenetik ağaç. Germplazm (PI) numaralarına göre oluşturulmuştur.



Şekil 37. 73 susam genotipinde SSR sonuçlarına göre oluşturulan filogenetik ağaç. Toplandıkları ülkelere göre oluşturulmuştur.

4.2.7. Almanya’da proje kapsamında yürütülen aktiviteler

4.2.7.1. RIL populasyonlarının geliştirilmesi

Sesamum indicum cv. Korea 1 x *Sesamum indicum* cv. Africa 3 melezlemesinden elde edilen F2 generasyonuna ait bireyler beş generasyon kendilenerak F6-RIL populasyonu oluşturulmuştur. Bu populasyonun anaçları olan Korea-1 ve Africa-3 Venezuela Ulusal Gen Bankasından temin edilmiştir. Susam, tohum ekimi ile hasat zamanı arasındaki sürenin 3-4 ay arasında değiştiği jenerasyon süresi kısa olan bir bitki türüdür ancak Almanya’daki sera koşulları altında her bir jenerasyon yaklaşık 6 ayda tamamlanmıştır. Susam kendine tozlaşan bir bitkidir ve düşük oranda da olsa (%4.02-5.10) yabancı tozlaşma rapor edilmiştir (PATHIRANA 1994). Bu sebeple, çalışmada tozlama işlemleri kontrollü gerçekleştirilmiştir. Ebeveynlerden Africa-3 mor renkte, Korea-1 ise sarı renkte çiçeğe sahiptir. 120 adet F6 bitkisinin her birinden üç adet (360) bitki yetiştirilmiş ve çiçek rengi bakımından skorlanmıştır. RIL’lerin %97.5’inin bu özellik bakımından homozigot olup, sarı ya da mor renkte (%46.15 mor, %53.85 sarı) çiçek üretmişlerdir. RIL’lerin %2.5’i, her iki tipte çiçek üretmiştir.

4.2.7.2. AFLP analizleri

AFLP ile yapılan önceki çalışmada (LAURENTIN ve KARLOVSKY 2006) bu iki anaç arasında Jaccard uzaklığının 0.57 olduğu belirlenmiştir. Bu durum bu iki anaçın AFLP analizleri açısından polimorfik olduğunu göstermiştir. Genetik haritalama çalışmalarında kullanılmak üzere bu populasyona ait tohumlar İYTE’ne gönderilmiştir. Bu arada, Alman grubu susam’da AFLP analizleri konusunda daha önceki yapılmış çalışmaları olması nedeniyle bu analizleri kendi bünyesinde yapmayada başlamıştır. Bu amaç için her iki ebeveyn ve RIL populasyonuna ait bitkilerin yaprak örnekleri hasat edilmiş ve dondurularak kurutulmuştur. Yaklaşık 50 mg dondurulmuş yaprak örneğinden DNA ekstraksiyonu, GINWAL ve NEHA (1990) tarafından modifiye edilmiş setil trimetil amonyum bromid (CTAB) yöntemi ile gerçekleştirilmiştir. Yöntemin modifikasyonu, 8M lityum klorit çözeltisi eklenmesini (300µl/1ml CTAB) ve %2’lik yerine %4’lük polifenolpirolidin (PVP) kullanılmasını içermektedir. DNA konsantrasyonu, %2’lik agaroz jelinde belirlenmiştir. AFLP analizleri VOS ve ark. (1995) tarafından tanımlanmış olan yöntem ile, aşağıdaki basamaklar izlenerek gerçekleştirilmiştir:

1. Genomik DNA’nın parçalanması: Beş mikrolitre genomik DNA, 10 µl reaksiyon hacmi içerisinde, 2µl Tango tamponu (10x) ile, 0.3µl *EcoRI* (10u/µl) ve 0.125µl *Mse* (10u/µl) ile parçalanmıştır. Reaksiyon, 37°C’de 1.5 saat inkübasyonu takiben 65°C’de 1.5 saat inkübasyon ile gerçekleştirilmiştir.
2. Adaptörlerin bağlanması: Parçalanmış DNA, 0.05µl *EcoRI* adaptörü (25µM), 0.5µl *Mse* adaptörü (25µM), 0.25µl ligasyon tamponu (10x), 0.05µl T4 ligaz (5u/µl) ve 1.65 µl ddH₂O ile 37°C’de 3 saat inkübe edilerek adaptörlerin bağlanması gerçekleştirilmiştir. 3 saatlik inkübasyonun ardından örnek, ön-çoğaltma işlemine tabi tutulmak üzere 10 kez seyreltilmiştir.
3. Ön-amplifikasyon: Ön çoğaltma, 5µl seyreltilmiş ligasyon karışımı ve 0.12 µl E-primer (25µM) (5’-GACTGCGTACCAATTCA-3’), 0.12µl M-primer (25µM) (5’-GATGAGTCCTGAGTAAC-3’), 3.02µl ddH₂O, 0.5µl MgCl₂ (50mM), 1µl PCR tamponu (10x), 0.2µl dNTP karışımı (10 mM) ve 0.04µl Taq (5u/ µl) içeren 5µl

çoğaltma karışımı ile, 25 döngüden oluşan (25 döngü: denatürasyon: 94°C, 30s; tavlama: 56°C, 1dk; uzama: 72°C, 1dk) PCR programı ile gerçekleştirilmiştir.

4. Seçici Amplifikasyon: Seçici amplifikasyon, 2.5µl seyreltilmiş ön-amplifikasyon ürünü ve 0.3µl E-primer (20 µM)(sırası ile D680, D750, D635 boya ile etiketlenmiş EcoRI-AGC, EcoRI-ACC, EcoRI-ACA 3 nükleotit uzantı), 0.3µl M-primer (20µM)(CA 2 nükleotit uzantılı M-primer), 5.66µl ddH₂O, 0.5µl MgCl₂ (50mM), 1µl PCR tamponu (10x), 0.2µl dNTP karışımı (10 mM) ve 0.08µl Taq (5u/ µl) içeren 7.5µl amplifikasyon karışımı ile, ((denatürasyon: 94°C, 30s; tavlama: 65°C, 30s/dt-0.7°C/döngü; uzama: 72°C, 1dk; 11 döngü) (30 döngü: denatürasyon: 94°C, 30s; tavlama: 56°C, 1dk; uzama: 72°C, 1dk)) şeklindeki PCR programı ile gerçekleştirilmiştir.
5. DNA fragmanlarının ayrılması: Beckman Coulter CQ 8000 AFLP dizilim analiz cihazı, DNA parçalarının ayrıştırılmasında kullanılmıştır. Her bir amplifikasyondan 2.5µl, 30µl örnek yükleme solüsyonu, 1µl işaretleyici standardı (600bp) ve bir damla mineral yağ ile karıştırılarak cihazın örnek kabına yüklenmiştir. Üretici tarafından işaretleyici standardı 600 için önerilmekte olan Frag4 ayırma metodu izlenmiştir.

AFLP analizlerinde 3 primer kombinasyonu kullanılmıştır. Üç primer kombinasyonu kullanılarak yapılan analizler sonucunda toplam 670 DNA band üretilmiş ve bu bandlardan 123 adeti anaçlar arasında polimorfik bulunmuştur. RIL popülasyonuna ait bireylerinde, ebeveynlerde polimorfik olan bantların mevcudiyetine ilişkin negatif bir korelasyona rastlanmamıştır. RIL popülasyonuna ait tüm bitkilerde, Korea-1 için enaz %30 ya da Africa-3 için enaz %25 oranında ebeveyn genomlarına ait polimorfik bantların kalıtımlamış olmaları ilgi çekicidir. Bu durum, rekombinasyon olaylarının istatistiksel bir sonucu olup, rekombinasyon olaylarının sayısı, bu çalışmada görüntülenmiş olan işaretleyici sayısından çok daha yüksek düzeydedir. En önemlisi, hiç bir RIL hattın ebeveynlerden birine ait AFLP paternine eş bir AFLP paterni göstermemiştir ve bu durum, ilk melezleme işlemi sırasında herhangi bir kendine tozlaşma olayının olmadığını kanıtlamaktadır. Rekombinant saf hat (RIL) olarak varsayılan tüm hatlar gerçek rekombinantlardır. Hiçbir RIL hattın, ebeveynlerinin genomunda bulunan monomorfik AFLP işaretleyicilerinin tamamını taşımadığı görülmüştür. Diğer yandan, tüm RIL hatların, ebeveynlerden herhangi birinde var olmayan yeni AFLP işaretleyicilerine sahip oldukları gözlenmiştir. RIL hatlarda var olmayan monomorfik işaretleyiciler ve ebeveynlerde gözlemlenmemiş olan yeni işaretleyicilerin varlığı, AFLP işaretleyicisi olarak çoğaltılan fragmanlar içerisinde meydana gelen rekombinasyon olayları ile açıklanabilir. Şayet belli bir restriksiyon enzimi kesme bölgesinde rekombinasyon meydana geldi ise (restriksiyon bölgesi zarar görecektir), bu restriksiyon bölgesi tarafından potansiyel olarak belirlenmiş olan her iki işaretleyici çoğaltılamayacak ve RIL hatlarda var olmayacaktır. Diğer yandan, yapılan analizlerde RIL hatlarda var olup, her iki ebeveynde var olmayan fragmanlarında mevcut olduğu gözlenmiştir. Bu durum melezlemeler sırasında yeni restriksiyon enzimi kesme bölgeleri oluşup rekombinasyon sonucu ortadan kaybolabileceği ile açıklanmaktadır. Bütün bu karmaşık durumlara rağmen AFLP sisteminin susam haritalama popülasyonlarında kullanımı gerçekleştirilecektir.

4.2.7.3. HPLC analizleri

Proje kapsamında öngörüldüğü şekilde RIL-F6 popülasyonu Full Scan MS detection sistemine sahip HPLC sistemi kullanılarak metabolik olarak profillenmiştir. Anaçlardan 15 polimorfik sinyal elde edilmiştir. Polimorfik bulunan

metabolik sinyallerin analizi için için 6 adet RIL popülasyonuna ait birey kullanılmıştır. Bu tip analizler için zaman zaman “metabolik parmakizi” terimi kullanılmaktadır (FIEHN 2002) ancak, parmak izi bireyleri/genotipleri ayırtmada, işaretleyicilerin her birini ayrı olarak analiz etmeksizin kullanılmaktadır. Bu sebeple çalışmada “hedef seçmeden metabolik profillemeye” terimi kullanılmıştır. Ham verilerin CODA ve Perl skriptleri ile işlenmesinin ardından negatif modda toplam 503 adet sinyal tespit edilmiştir. Veriler, minimum sinyal yoğunluğu için yüksek bir limit belirlenmesi (75,000) ve gürültü için 0, optimum şekildeki kromatografi eğrisi için 1, değerleri arasında değişen değerler tanımlayan bir kalite faktörü (MSQ) tanımlanması ile en belirgin ve tekrar edilebilen sinyallere indirgenmiştir. Bu analizde, MSQ değeri olarak, 0.8 limit olarak belirlenmiştir. Tekrar edilebilirlik, bir sonraki eleme kriteri olarak uygulanmış, yalnızca her üç biyolojik replikadan elde edilebilen sinyaller sayılmıştır. Bu seleksiyon prosedürü sonucunda, 15 polimorfik sinyal (yalnızca bir ebeveynde var olan) ve 40 monomorfik sinyal (her iki ebeveynde var olan) elde edilmiştir. Eğrilerin manuel incelenmesi, seleksiyon prosedürü sonucu elde edilen 55 sinyale ait iyonların moleküler ağırlıklarının bariz şekilde yüksek olduğunu ortaya koymuştur. Bu durum muhtemelen sabit bir yoğunluk eşiği belirlenmiş olmasından kaynaklanmaktadır. Sinyal yoğunluğu MS dedektörünün duyarlılık eğrisinden dolayı m/z oranı ile korelasyon göstermektedir. Dedektör duyarlılığına göre normalize edilmiş yoğunlukların kullanılması bu etkiyi düzeltebilir ancak, bu çalışmada analitik sinyal üreten iyonların molekül ağırlıklarının bir önemi bulunmamaktadır. Polimorfik sinyal sayısının monomorfik sinyal sayısına göre nispeten düşük olması, ebeveynlerin metabolik profillerinin genotipe özel bileşenlerden çok ortak bileşenleri içerdiğini göstermiştir. Polimorfik sinyaller, beklendiği üzere RIL hatlar arasında rastgele biçimde ayrılmıştır. Korea-1 ebeveyninde var olan iki polimorfik sinyal, hiçbir RIL hatta görülmemiştir ancak, bu durum yalnızca az sayıda RIL’in incelenmesinden kaynaklanıyor olabilir. RIL’lerde gözlemlenmiş polimorfik sinyallerin toplam sayısı dikkat çekici biçimde sabittir. Biri hariç bütün RIL’ler 3 ya da 4 sinyal üretmiştir ve bu sayı her bir ebeveyn için ortalama polimorfik sinyal sayısından oldukça düşüktür. RIL’lerdeki düşük metabolik sinyal sayısı, biyosentezlerine pek çok unsurun (enzimler, düzenleyici sinyaller) katılıyor olması ile açıklanabilir. Bu ön çalışmalar neticesinde projede diğer hatların karakterizasyonu da gerçekleştirilecektir.

5. Sonuç

1. Proje kapsamında Türk ve dünya susam koleksiyonları kullanılarak yapılan genetik çeşitlilik analizlerinde susam için genetik varyasyon düzeyinin fazla olmadığı sonucu EST-SSR, genomik-SSR ve AFLP analizleri ile ortaya konmuştur.
2. Türk susam genotipleri arasında agro-morfolojik karakterler gözönünde bulundurularak yapılan genetik çeşitlilik analizlerinde özellikle kantitatif kalıtım gösteren karakterler bakımından genotipler arasında sınırlı düzeyde varyasyon gözlenmiş olmasına rağmen kalitatif karakterler bakımında Türk koleksiyonu açılım göstermemiştir.
3. Proje kapsamında susam genomu için ilk kez genomik diziler oluşturulmuştur ve bu diziler kullanılarak yeni SSR markörleri geliştirilmiştir. Geliştirilen markörler genetik çeşitlilik ve haritalama çalışmalarında kullanılmıştır. Ayrıca, halka açık veribankalarından temin edilen EST dizileri kullanılarak SSR markörleri geliştirilmiştir. Bu markörler de genetik çeşitlilik analizlerinde ve haritalama çalışmalarında kullanılmıştır. Böylece, moleküler genetik çalışmalar için ihmal edilmiş bir tür olan susam genomu için yeni genomik araçlar geliştirilmiştir.
4. Susam genetik çalışmalarına kullanılacak HRM protokolü proje kapsamında geliştirilmiştir.
5. Proje kapsamına düşük çözünürlükte genomik-SSR ve AFLP markörlerine dayalı bir moleküler genetik bağlantı haritası oluşturulmuştur. Bu haritanın çözünürlüğünün artırılması çalışmalarına laboratuvarımızda bir doktora çalışması kapsamında devam edilecektir.

EK-2

Yararlanılan Kaynaklar

1. Baydar H (2005) Breeding for the improvement of the ideal plant type of sesame. *Plant Breeding* 124:263-267.
2. Baydar H, Turgut İ, Turgut K (1999) Variation of Certain Characters and Line Selection for Yield, Oil, Oleic and Linoleic Acids in the Turkish Sesame (*Sesamum indicum* L.) Populations. *Tr. J. of Agriculture and Forestry* 23: 431-441.
3. Bedigian D (2003) Evolution of sesame revisited: domestication, diversity and prospects. *Genetic Resources and Crop Evolution* 50: 779 – 787.
4. Bhat KV, Babrekar PP. and Lakhanpaul S (1999) Study of genetic diversity in Indian and exotic sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Euphytica* 110: 21–33.
5. Bisht IS, Mahajan RK, Loknathan TR, Agrawal RC (1998) Diversity in Indian sesame collection and stratification of germplasm accessions in different diversity groups. *Genetic Resources and Crop Evolution* 45: 325-335.
6. Chen PR, Chien KL, Su TC, Chang CJ, Liu TL, Cheng H, Tsai C (2005) Dietary sesame reduces serum cholesterol and enhances antioxidant capacity in hypercholesterolemia. *Nutrition Research* 25: 559–567.
7. Costa FT, Neto SM, C Bloch Jr., Franco OL (2007) Susceptibility of Human Pathogenic Bacteria to Antimicrobial Peptides from Sesame Kernels. *Current Microbiology* 55:162–166.
8. Dixit A, Jin MH, Chung JW, Yu JW, Chung HK, Ma KH, Park YJ and Cho EG (2005) Development of polymorphic microsatellite markers in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Molecular Ecology Notes* 5: 736–738.
9. Ercan AG, Taskin M and Turgut K (2004) Analysis of genetic diversity in Turkish sesame (*Sesamum indicum* L.) populations using RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 51: 599–607.
10. Frank J. (2005) Beyond vitamin E supplementation: An alternative, strategy to improve vitamin E status. *Journal of Plant Physiology* 162: 834-843.
11. Fulton TM, Van der Hoeven R, Eannetta NT, Tanksley SD (2002) Identification, analysis and utilization of conserved ortholog set markers for comparative genomics in higher plants. *The Plant Cell* 14: 1457-1467.
12. Hall RD (2006) Plant metabolomics: from holistic hope, to hype, to hot topic. *New Phytol* 169:453-468.
13. Hess DE, Dodo H (2004) Potential for sesame to contribute to integrated control of *Striga hermonthica* in the West African Sahel. *Crop Protection* 23: 515–522.
14. Hettwer U, Laurentin H and Karlovsky P (2005) Determination of antioxidative furofuran lignans in sesame seeds by HPLC-MS. 2nd International Symposium on Recent Advances in Food Analysis, Prague, November 2-4, Abstract LP15.
15. Isshiki S and Umezaki T (1997) Genetic variations of isozymes in cultivated sesame (*Sesamum indicum* L.). *Euphytica* 93: 375–377.

16. Kapadia GJ, Azuine MA, Tokuda H, Takasaki M, Mukainaka T, Konoshima T and Nishino H (2002) Chemopreventive effect of resveratrol, sesamol, sesame oil and sunflower oil in the epstein–barr virus early antigen activation assay and the mouse skin two-stage carcinogenesis. *Pharmacological Research* 45: 500-505.
17. Kaur IP, Saini A (2000) Sesamol exhibits antimutagenic activity against oxygen species mediated mutagenicity. *Mutation Research* 470: 71–76.
18. Kim DH, Zur G, Danin-Poleg Y, Lee SW, Shim KB, Kang CW and Kashi Y (2002) Genetic relationships of sesame germplasm collection as revealed by inter-simple sequence repeats. *Plant Breeding* 121: 259-262.
19. Laurentin H (2007) Genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.): molecular markers, metabolic profiles and effect of plant extracts on soil-borne pathogenic fungi. Dissertation: <http://webdoc.sub.gwdg.de>.
20. Laurentin H, Karlovsky P (2006) Genetic relationship and diversity in a sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm collection using amplified fragment length polymorphism (AFLP). *BMC Genetics* 7/10: 1-13.
21. Laurentin H, Karlovsky P (2007) AFLP fingerprinting of sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars: identification, genetic relationship and comparison of AFLP informativeness parameters. *Genetic Resources and Crop Evolution* 54: 1437-1446.
22. Laurentin H, Ratzinger A, Karlovsky P (2008): Relationship between metabolic and genomic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.). *BMC Genomics*, accepted for publication.
23. Shahidi F, Liyana-Pathirana CM., Wall DS. (2006) Antioxidant activity of white and black sesame seeds and their hull fractions. *Food Chemistry* 99: 478–483.
24. Sharmila V, Ganesh SK, Gunasekaran M (2007) Generation mean analysis for quantitative traits in sesame (*Sesamum indicum* L.) crosses. *Genetics and Molecular Biology* 30: 80-84.
25. Stam P (1993) Construction of integrated genetic linkage maps by means of a new computer package: Joinmap. *Plant Journal* 3: 739-744.
26. Uzun B, Çağiran Mİ, (2006) Comparison of determinate and indeterminate lines of sesame for agronomic traits. *Field Crops Research* 96:13-18.
27. Uzun B, Ülger S and Çağiran Mİ (2002) Comparison of Determinate and Indeterminate Types of Sesame for Oil Content and Fatty Acid Composition. *Turk J Agric For* 26: 269-274.
28. Uzun B., Lee D., Doniniand P., Çağirgan M. (2003) Identification of a molecular marker linked to the closed capsule mutant trait in sesame using AFLP. *Plant Breeding* 122: 95-97.
29. Van Ooijen and Maliepaard (1996) MapQTL version 3.0: Software for the calculation of QTL positions on genetic maps. *Plant Genome IV Abstracts*, World Wide Web site: <http://www.intl-pag.org>.
30. Van Ooijen and Voorrips (2001) JoinMap® 3.0: Software for the calculation of genetic linkage maps. *Plant Research International*, Wageningen, the Netherlands.
31. Visavadiya NP., Narasimhacharya A.V.R.L. (2008) Sesame as a hypocholesteraeamic and antioxidant dietary component. *Food and chemical toxicology. Food Chem Toxicol* 46: 1889-1895.
32. Were BA, Onkawre OA, Gudu S, Welander M, Carlsson AS (2006) Seed oil content and fatty acid composition in East African sesame (*Sesamum indicum* L.) accessions evaluated over 3 years. *Field Crops Research* 97:254–260.

33. Xiurong Z, Yingzhongl Z, Yong C, Xiangyun F, Qingyuanl G, Mingde Z and T Hodgkin (2000)
Establishment of sesame germplasm core collection in China. *Genetic Resources and Crop Evolution* 47:
273–279.

TÜBİTAK
PROJE ÖZET BİLGİ FORMU

Proje No: 108O478
Proje Başlığı: Susam (<i>Sesamum indicum</i> L.)’da Genomik ve Metabolomik Karakterizasyon
Proje Yürütücüsü ve Araştırmacılar: Prof. Dr. Sami Doğanlar, Prof. Dr. Anne Frary, Prof. Dr. Bülent Uzun, Şeymuz Fırat
Projenin Yürütüldüğü Kuruluş ve Adresi: İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji & Genetik Bölümü, Urla, İzmir 35430
Destekleyen Kuruluş(ların) Adı ve Adresi: İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü, Fen Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, Urla, İzmir
Projenin Başlangıç ve Bitiş Tarihleri: 01.12.2008 – 01.12.2011
Öz (en çok 70 kelime) Proje kapsamında genomik ve EST dizilerinden toplam 3419 adet SSR primeri geliştirilmiştir. Geliştirilen bu markörler Türk ve dünya susam koleksiyonundan temin edilen toplam 233 adet genotip kullanılarak genetik çeşitlilik analizi yapılmıştır. Ayrıca, Türk susam genetik kaynakları 17 adet agro-morfolojik karakter bakımından incelenmiştir. İlaveten, proje kapsamında geliştirilen markörler susam genomu için moleküler genetik bağlantı haritasının oluşturulmasında kullanılmıştır.
Anahtar Kelimeler: Susam, SSR, AFLP, HRM, genetik çeşitlilik, bağlantı haritası
Fikri Ürün Bildirim Formu Sunuldu mu? Evet <input type="checkbox"/> Gerekli Değil <input checked="" type="checkbox"/> Fikri Ürün Bildirim Formu’nun tesliminden sonra 3 ay içerisinde patent başvurusu yapılmalıdır.
Projeden Yapılan Yayınlar: <ol style="list-style-type: none">1. Frary A, Doğanlar S (2011) Development of Resources for Genetic Analysis. Göttingen University, Almanya (Seminer).2. Tekin P, Çelik I, Gültekin V, Allmer J, Frary A, Doganlar S (2011) Genomic SSR marker development from genomic sequence of sesame. The International Congress on Bioinformatics and Biomics, May 18-22, 2011, Kuşadası, Türkiye.3.
Ekte Bulunan “ARDEB Başarı Öyküsü Formu”, “Kazanımlar” Bölümünde Belirtilen Kriterlere Göre Proje Çıktılarınızın Başarı Öyküsü Niteliği Taşındığını Düşünüyorsanız “ARDEB Başarı Öyküsü Formu”nu doldurunuz.