



Tarım Bilimleri Dergisi
Tar. Bil. Der.

Dergi web sayfası:
www.agri.ankara.edu.tr/dergi

Journal of Agricultural Sciences

Journal homepage:
www.agri.ankara.edu.tr/journal

Selekte Edilmiş Bazı Yerel Taze Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyonu

Kamile ULUKAPI^a, Ahmet Naci ONUS^b

^aAkdeniz Üniversitesi, Teknik Bilimler Meslek Yüksek Okulu, Organik Tarım Programı, Antalya, TÜRKİYE

^bAkdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Antalya, TÜRKİYE

ESER BİLGİSİ

Araştırma Makalesi – Bitkisel Üretim DOI: 10.1501/Tarimbil_0000001216

Sorumlu Yazar: Kamile ULUKAPI, E-posta: kamileonal@akdeniz.edu.tr, Tel: +90(242) 310 67 68

Geliş Tarihi: 15 Ağustos 2012, Düzeltmelerin Gelişi: 25 Şubat 2013, Kabul: 04 Mart 2013

ÖZET

Moleküler markörler fasulyede yapılan genetik benzerlik ve farklılık çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından selekte edilen 33 bodur taze fasulye hattının moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Fasulye hatlarının moleküler karakterizasyonu için Karakterize Edilmiş Çoğaltılan Alanlar (SCAR) ve Basit Tekrarlı Sekanslar (SSR) DNA moleküler analiz teknikleri kullanılmıştır. SSR primer çiftlerinin yaklaşık %73'ü polimorfik bantlar vermiş ve primer çiftlerinin polimorfizm bilgi içeriği (PBI) 0.047-0.373 arasında değişim göstermiştir. SCAR primer çiftlerinin tamamı araştırma yapılan bitkiler için polimorfik bulunurken PBI değerleri 0.071-0.379 arasında gerçekleşmiştir. Genotipler arasındaki genetik benzerlik indeksi ise 0.52–0.98 arasında değişmiştir. Kümeleme analizinin (PCO) sonuçlarına göre, üzerinde çalışılan genotipler arasındaki genetik farklılığın yüksek olmadığı ve tüm genotiplerin And dağları gen havuzu ile daha yakın bir genetik ilişkiye sahip olabileceği sonucuna varılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Taze fasulye; Moleküler analiz; SSR; SCAR; Genetik ilişki

Molecular Characterization of Some Selected Landrace Green Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotypes

ARTICAL INFO

Research Article – Crop Production

Corresponding Author: Kamile ULUKAPI, E-mail: kamileonal@akdeniz.edu.tr, Tel: +90(242) 310 67 68

Received: 15 August 2012, Received in Revised Form: 25 February 2013, Accepted: 04 March 2013

ABSTRACT

Molecular markers are widely used to investigate the genetic diversity among bean species. This study was conducted to reveal the molecular characterization of 33 dwarf green bean landraces selected by Karadeniz Agricultural Research Institute. Genotypes were evaluated using Sequence Characterized Amplified Region (SCAR) and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. Approximately 73% of the SSR markers gave polymorphic bands and the polymorphism

information content (PIC) was between 0.047 and 0.373. All of the SCAR markers were polymorphic and the PIC showed variation from 0.071 to 0.379. Genetic similarity index among green bean genotypes varied between 0.52 and 0.98. Principle coordinate analysis indicated that genetic diversity among the genotypes was not high and all selected genotypes had a close genetic relationship with Andean gene pool.

Keywords: Green bean; Molecular analysis; SSR; SCAR; Genetic relationship

© Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi

1. Giriş

Phaseolus vulgaris kültürü yapılan fasulyelerin %90'nını oluşturmaktadır ve *Phaseolus* cinsinin en önemli üyesidir. Orta Amerika kökenli bir sebze türü olan fasulyenin iki gen havuzu bulunmaktadır. Bunlar Orta Amerika (Mesoamerica) ve Güney Amerika (Andean) bölgeleridir (Gepts 2008). *P. vulgaris*, kendine döllenmesi, basit diploid yapıya ($2n=22$) ve nispeten küçük genoma sahip olması ve iyi geliştirilmiş moleküler haritası bulunması gibi özellikleri nedeniyle genomik çalışmalar için oldukça cazip bir türdür ve genetik transformasyon çalışmalarının hedef bitkisi durumundadır (Murray et al 2002; Torres et al 2004). Ayrıca, fasulye tarımı, azot biriktirme özelliğine sahip olması ve toprağın yapısını düzeltmesi nedeniyle çevrecilik ve sürdürülebilir tarım uygulamalarının yaygınlaştığı günümüzde daha da önemli hale gelmektedir (Direk et al 2002; Ülker & Ceyhan 2006).

Türkiye önemli bir taze fasulye üreticisidir ve açıkta taze fasulye yetiştiriciliğinin en yaygın olduğu il Samsun'dur. Üretim özellikle Çarşamba ovasında yoğunlaşmış olup bölge şartlarına uyumu çok sayıda yerel tip bulunmaktadır ve büyük bir populasyon zenginliği söz konusudur (Madakbaş 2007). Bu zenginliğin korunması, hem yeni çeşitlerin geliştirilmesine hem de genetik kaynakların gelecek nesillere aktarılmasına olanak sağlayacaktır (Balkaya & Yanmaz 2001). İslah programlarında genetik çeşitliliğin dar olması bazı ürünlerden beklenen genetik ilerleme oranını sınırlandırmaktadır ve bu durum fasulye için de geçerlidir. Genetik çeşitlilik kaynağı olarak gen bankalarında depolanmış germplazmın kullanımı yüksek verimli çeşitlerin geliştirilmesini kesinlikle etkileyecektir (Broughton et al 2003). Gen kaynağının kullanılabilmesi

için kültüre alınmış türlerin ve bunların yabancı akrabalarının genetik çeşitliliğin dağılımı ve yayılımının detaylıca bilinmesi gerekmektedir. Bu ise DNA polimorfizmine dayanan teknolojilerin kullanılmasını içeren bazı yöntemler aracılığıyla daha etkin başarılabilir. DNA moleküler markörleri (DNA işaretleyicileri), çeşitler arasındaki farklılık ve benzerliklerin tespit edilmesi veya çeşitlerle ebeveynleri arasındaki benzerliklerin veya farklılıkların belirlenmesinde oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır (Karaca et al 2002).

Türkiye'de geniş koleksiyona sahip gen kaynaklarındaki fasulye populasyonları arasındaki ilişkiler morfolojik markörlerle belli oranda tanımlanmış olmakla birlikte tamamı moleküler yöntemlerle etkin bir şekilde tanımlanmadığı için populasyon içi veya populasyonlar arasındaki genetik varyasyon tam olarak ortaya konulamamıştır. Bu çalışmada Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından selekte edilmiş bazı taze fasulye genotiplerinin ve yurtdışından temin edilen farklı gen havuzlarına ait bazı fasulye çeşitlerinin SSR ve SCAR primerleri kullanılarak genetik tanımlamaları yapılmıştır. Böylece, üzerinde çalışılan yerel populasyon içindeki genetik varyasyonunun ortaya konulması ve ıslah çalışmalarında kullanılacak bireylerin seçiminin kolaylaştırılması amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Yöntem

2.1. Materyal

Çalışmada bitkisel materyal olarak toplam 39 adet taze fasulye genotipi kullanılmıştır. Bunun 33 adedini Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü (KTAE) tarafından selekte edilen yerel taze fasulye

hatları, 2 adedini bölgede yaygın olarak yetiştirilen ticari çeşitler ile 2 adedi And Dağları gen havuzuna ve 2 adedi Orta Amerika gen havuzuna ait olan toplam 4 adet Amerikan çeşidi oluşturmuştur (Çizelge 1). Yerli taze fasulye hatlarının tamamı bodur büyüme formunda olup Samsun ili Çarşamba ovasında bulunan Çarşamba, Terme, Tekkeköy ve Ladik ilçelerinde yetiştirilen yerel tiplerinden selekte edilmiştir.

2.2. DNA izolasyonu

Genomik DNA izolasyonu için bitkiden alınan 0.5 mg genç yaprak örneği sıvı azotta öğütülmüş ve CTAB metodu kullanılarak ekstraksiyon gerçekleştirilmiştir (Doyle & Doyle 1988). Ekstrakte edilen DNA'ların miktarı ve saflığı %1'lik (w/v) agaroz jelde yürütülerek ve spektrofotometrede (NanoDrop ND-1000) ölçülerek (A_{260}/A_{280} ve A_{260}/A_{230}) belirlenmiştir.

2.3. SSR ve SCAR analizleri

Çalışmada 22 adet SSR ve 6 adet SCAR primer çifti kullanılmıştır. Primerler belirlenirken yayınlanmış primer bilgilerinden yararlanılmış ve mümkün olduğunca fasulyede belirli yetiştiricilik özellikleriyle ilişkili olanlar seçilmiştir (Çizelge 2; Çizelge 3) (Yu et al 2000; Gaitan-Solis et al

2002; Blair et al 2003; da Silva 2003; Guerra-Sanz 2004; Sicard et al 2005; Texeira et al 2005; Blair et al 2006; Benchimol 2007; Chediak et al 2007; Anonim 2008; Mahuku et al 2009). PCR karışımı 120 ng genomik DNA, 1.92 μ M primer, 0.28 mM dNTP mix, 2 unit Taq DNA polymerase (Bioron), 2.5 mM $MgCl_2$ ve 3 μ l 10X buffer'dan oluşmuştur. Reaksiyon toplam hacmi ise 25 μ l'dir. SSR primerleri için termal cycling programı 94 °C'de 3 dakika 1 döngü, 94 °C'de 30 saniye, 66 °C'de 45 saniye (her döngüde sıcaklık 1 °C düşürülmüştür) ve 72 °C'de 2 dakika 10 döngü olacak şekilde ön PCR yapılmıştır. Daha sonra 94 °C'de 30 saniye, 61 °C'de 45 saniye, 72 °C'de 2 dakika olacak şekilde 10 döngü yapılmış ve 72 °C'de 10 dakika ile PCR sonlandırılmıştır. SCAR primerleri için kullanılan termal cycling programı ise 94 °C'de 3 dakika 1 döngü, 94 °C'de 30 saniye, 52 °C'de 45 saniye, 72 °C'de 2 dakika 10 döngü ve son olarak 72 °C'de 10 dakika olacak şekilde oluşturulmuştur. PCR ürünleri yüksek çözünürlüklü %2'lik (SCAR) veya %4'lük (SSR) NuSieve Agaroz jelde sırasıyla 2-3 saat 80 V veya 4-6 saat 70 V elektrik akımında yürütülmüş ve işlemi takiben 0.5 μ g ml^{-1} EtBr çözeltisinde boyanmıştır.

Çizelge 1- Moleküler karakterizasyon çalışmasında kullanılan 39 taze fasulye genotipi ve kodları

Table 1- The thirty nine green bean genotypes and their codes used in the molecular characterization

Kod	Genotipler	Kod	Genotipler	Kod	Genotipler	Kod	Genotipler
1	KO	11	T2	21	TK57	31	Ç22
2	Ç7	12	Ç24	22	Ç33	32	X-1
3	T11	13	L	23	T9	33	TK1
4	Ç22	14	TK32	24	Ç42	34	T7
5	TK47	15	TK12	25	Ç16	35	TA (SÇ)
6	T26	16	TK12'	26	TK15	36	Cornell 49-242 (MA)
7	Ç14	17	T23	27	T6	37	Widusa (MA)
8	TK2	18	TK44	28	TK7	38	Kaboon(A)
9	Ç44	19	Ç28	29	Ç31	39	Redland (A) Pioneer
10	TK59	20	Ç20	30	UB (SÇ)		

2.4. Genetik analizler

Agaroz jel üzerinde görüntülenen SSR ve SCAR bantları, var (1) veya yok (0) şeklinde kaydedilerek binom veri matrisi oluşturulmuştur. Genotipler arasındaki genetik benzerlik MVSP software programı (versiyon 3.130, Kovach Computing Service, Pentraeth, UK) kullanılarak

Nei & Li (1979)'ye göre hesaplanmış ve UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) metoduna göre dendogram elde edilmiştir. Ayrıca Principle Coordinate (PCO) kümeleme analizi gerçekleştirilmiştir. Primerlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PBI) Tehrani et al (2008)'e göre hesaplanmıştır.

Çizelge 2- SSR analizlerinde kullanılan primer çiftlerinin büyüklüğü, erime sıcaklığı, gen ilişkisi ve sekans dizilişi

Table 2- Size, melting temperature, gene relation and sequence of SSR primer pairs

Primer	Büyük- lük (bp)	T _m (°C)	İlişkili olduğu gen	Baz dizilişi
BM146	281	58	-	F GAGATGAGTCCTTCCCTACCC R TGCAGACACAATTTATGAAGGC
BM210	166	52	Cyclopropane yağ asidini sentezleyen genle benzerlik içerir	F ACCACTGCAATCCTCATCTTTG R CCCTCATCCTCCATTCTTATCG
PH7B3	161	49	Patojen ilişkili protein	F AGTCGCCATAGTTGAAATTTAGGTG R CTTATATAAACGTGAGCATATGTATCATTC
PH10B11	157	49	Patojen ilişkili protein	F GAGGGTGTTCCTACTATTGTCCTG R TTCATGGATGGTGGAGGAACAG
DROUGH1	213	55	-	F CAGACATGCAAATTTGGAAC R GGAGCACCAAAGATCATAGA
BMd-8	176	47	Giberellin20-oxidase	F TTCATCCTCTCTCCGAACCTT R CTTTTGTGGCTGAGACATGGT
BMd-45-AIA	129	47	IAA-protein eşleşmesi	F GGTTGGGAAGCCTCATACAG R TAGTCCTTGCTTTCTTTTGC
BMd-48	131	47	Beta-glucan bağlayıcı protein	F CCCCACCAACTCTTCTTCC R CAGAATTGACTTGGCGAGAA
SSR-IAC14	221	56	-	F GCTGCATGTTTATCCACCTT R TTGTTACTCACCCACCATAC
SSR-IAC26	148	56	-	F TTGGATGGCAATAAAAATAGCA R TGTTGGACTCAAAGGTGTTCTC
SSR-IAC63	210	59.8	-	F TCGTAGCACTAAGATGGAAGA R GTTTTGTGAACTGTTGAATGTG
SSR-IAC84	154	60	-	F TTGCACTTGTGTTTATGGA R CACAATGACGACAGATGACAGA
SSR-IAC116	185	60	-	F AGACATTGTTGATACGGGAGAT R CACCTTGACTTGCCTTTGAC
PV-atcc001	171	49	Beta-phaseolin	F ATGCATGTTCCAACCCTTCTC R GGAGTGGAACCTTGCTCTCATC
PV-aaat001	203/158	49/50	-	F TGGAGCCATCTGTCTTACCAC R GAGCACGAGTCACGTTTGCAAC
PV-ag004	201	48	Phytohemagglutinin pseudogene	F TTGATGACGTGGATGCATTGC R AAAGGGCTAGGGAGGTAAGTTGG
PV-atcc003	176	49	Alpha-phaseolin	F TCTCCATGCATGTTCCAACCAC R GGAGTGGAACCTTGCTCTCATC
PV-tttc001	161	50	Nitrat indirgeyici	F TTTACGACCCGAGCACCAC R TGGACTCATAGAGGCGCAGAAAG
PV-gaat001	164	49	Ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase / oxygenase'ın alt ünitesi	F AAGGATGGGTCCCGTGCTTG R CACGGTACACGAAACCATGCTATC
PVat007	192	49	NADP'ye bağımlı malik enzim	F AGTTAAATATACGAGGTTAGCCATAATC R CATTCCCTTACACATTCACCG
PV-at008	161	49	Ribonuclease benzeri hastalık geni ile ilgili protein	F AGTCGCCATAGTTGAAATTTAGGTG R CTTATATAAACGTGAGCATATGTATCATTC
PV-atct001	193	49	Arcelin-Köşe yaprak lekese dayanıklılık	F CAATTAACAACCAACCAATA R TTTCCCGCATAGAATATGTGAGA

Çizelge 3- SCAR analizlerinde kullanılan primer çiftlerinin büyüklüğü, erime sıcaklığı, fonksiyonu ve sekans dizilişi

Table 3- Size, melting temperature, function and sequence of SCAR primer pairs

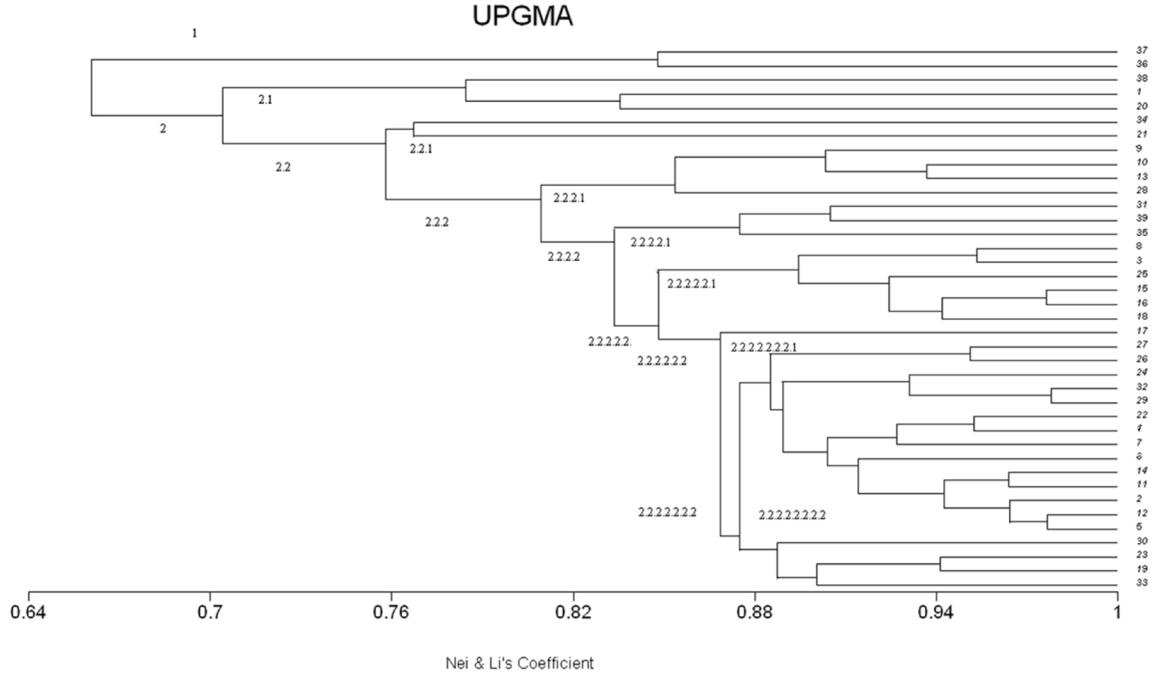
Primer	Büyükük (bp) / form	T _m (°C)	Fonksiyonu	Baz dizilişi
SAP6	820 cis	52	Bakteriyel yanıklığa dayanıklılığın tespiti	F GTCACGTCTCCTTAATAGTA R GTCACGTCTCAATAGGCAAA
SB10	525 cis	52	Fasulye hale yanıklığına dayanıklılığın tespiti	F CTGCTGGGACAATACCAAGTC R CTGCTGGGACTCTCTTAC
SI19	460 cis	52	Fasulye pasına dayanıklılığın tespiti	F AATGCGGGAGATATTAAGGAAAAG R AATGCGGGAGTTCAATAGAAAAACC
Phs	çoklu	52	Phaseolin 'T' ve 'S' allellerinin tespiti, Bakteriyel yanıklığa ve Beyaz çürüklüğe dayanıklılığın tespiti	F AGCATATTCTAGAGGCCTCC R GCTCAGTTCCTCAATCTGTTC
SY20	830 cis	52	Antraknozun bazı ırklarına dayanıklılığın tespiti	F AGCCGTGGAAGGTTGTTCAT R CCGTGGAACAACACACAAT
SN02	890 cis	52	Köşeli yaprak lekesine dayanıklılığın tespiti	F ACCAGGGGCATTATGAACAG R ACCAGGGGCAACATACTATG

3. Bulgular ve Tartışma

Taze fasulye genotiplerinden elde edilen DNA miktarı 162.8-772.9 ng/μl arasında değişmiştir. Absorbans değerleri ekstrakte edilen DNA'ların analizler için yeterince saf olduğunu ($A_{260/280} = 1.82-2.00$ ve $A_{260/230} = 0.88-1.87$) göstermiştir. Çalışmada 22 SSR ve 6 SCAR primeri kullanılarak toplam 85 farklı allel tespit edilmiştir. SSR primerlerinin yaklaşık %27'si monomorfik (PV-aaat001, SSR-IAC26, SSR-IAC63, SSR-IAC84, BMD-8 ve BMD-48) iken %73'ü polimorfik bantlar vermiştir. Polimorfizm bilgi içeriği 0.047 (PV-atcc001) ile 0.373 (SSR-IAC116) arasında değişmiştir. PBİ değeri 0.25'in üzerinde olan primerler PH7B3 (0.27), Drough1 (0.35), PV-at008 (0.31) ve SSR-IAC116 (0.373) olmuştur. En fazla (8 adet) polimorfik bant verenler PV-at007 ve PV-at008 primerleridir. Bunu 6 polimorfik bant ile PV-ag004 ve PH7B3 SSR primerleri izlemiştir. SCAR primerlerinin tamamı polimorfik bulunmuştur. PBİ değerleri 0.379 (SB10) ile 0.071 (SAP6) arasında değişmiş ve 0.25'in üzerinde PBİ değerine sahip primerler SB10 ve Phs (0.257) olmuştur. SCAR primerlerinden SB10, 6 polimorfik bant ile (5 allel) en ayırt edici primer olmuştur.

PV-at007 primerinin verdiği bant profili (8 allel) bu primerin karakterizasyon çalışmaları için kullanılabilir olduğunu göstermektedir. Sicard et al (2005) yaptıkları bir çalışmada PH7B3 primeri ile birlikte PH10B11 primerini kullanmış ve her iki primerin de hem *P. vulgaris* hem de *P. coccineus* türleri için polimorfik olduğunu tespit etmiştir. PH10B11 primeri PH7B3 primerine göre daha fazla polimorfizm gösterirken, çalışmamızda PH7B3 primeri daha fazla polimorfik bant (6 allel) vermiştir. Bu sonuç PBİ değeri (0.27) düşük olmasına rağmen üzerinde çalışılan bitkilerin karakterizasyonunda PH7B3 primer çiftinin daha etkin olduğunu ortaya koymaktadır.

Taze fasulye genotipleri arasındaki genetik benzerlik indeksi 0.52-0.98 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4). SSR ve SCAR primerleri ile oluşturulan dendrogramda (Şekil 1) hat ve çeşitler öncelikle 2 ana gruba ayrılmıştır. İlk grupta Orta Amerika gen havuzuna ait olan Cornell 49-242 (36) ve Widusa (37) çeşitleri yer almıştır. Bu iki çeşit diğer gruptan 0.66 genetik benzerlik indeksi (genetic similarity) ile ayrılmıştır. Antraknoz ayırıcı setinde yer alan ve And Dağları gen havuzuna ait olan Kaboon (38) çeşidi ile yine And Dağları gen havuzunda yer alan ve bir Amerikan çeşidi olan



Şekil 1- SSR ve SCAR markörleri kullanılarak oluşturulmuş 39 adet taze fasulye genotipinin UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic average) dendrogramı

Figure 1- Dendrogram with UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic average) of 39 green bean genotypes based on SSR and SCAR data

Redland Pioneer (39) çeşidi ise denemeye alınan tüm hat ve çeşitler ile birlikte aynı ana grup altında toplanmıştır. Üzerinde çalışılan genotipler ile And Dağları gen havuzuna ait çeşitlerin (Kaboon ve Redland Pioneer) aynı ana grupta yer alması ve Orta Amerika gen havuzuna ait olan Cornell 49-242 ve Widusa çeşitlerinden farklı bir ana grup oluşturması, Karadeniz bölgesinden selekte edilen genotiplerin And Dağları gen havuzu ile daha yakın bir genetik ilişkiye sahip olabileceğini göstermektedir. PCO grafiğinde de Cornell 49-242 (36) ve Widusa (37) çeşitlerinin diğer genotiplerden tamamen ayrıldığı görülmektedir. Grafiğin orta kısmında yer alan kümelenme ise dendrogramdaki geniş alt grupları temsil etmektedir (Şekil 2). Dendrogramda ikinci ana grup birçok alt gruptan oluşmuş ve genetik benzerlik indeksi 0.71–0.98 arasında değişim göstermiştir (Çizelge 4). En yakın genetik ilişkiye

sahip genotiplerin (0.98); TK47 (5) ve Ç24 (12), Ç31 (29) ve X-1 (32), TK12 (16) ve TK12' (15) olduğu tespit edilmiştir. KO (1) genotipi, Samsun merkezden toplanarak araştırmaya dahil edilen tek genotiptir ve bu benzerlik indeksi sonuçlarından da anlaşılacağı gibi Terme, Tekkeköy ve Çarşamba ilçelerinden toplanan genotipler ile en uzak ilişkili genotip olması bakımından dikkat çekicidir.

Karadeniz Bölgesinde belli bir coğrafyadan toplanan ve teksel seleksiyona tabi tutulan genotiplerin araştırmada kullanılması genotipler arasındaki genetik uzaklığın yüksek olmayacağı öngörüsünü oluşturmaktadır. Benzer şekilde Sarıkamış et al (2009) SSR ve morfolojik markörleri kullanarak Van'ın Erciş ve Gevaş ilçelerindeki taze fasulye genotipleri arasında çok yakın genetik ilişki olduğunu belirlemiştir. Lioi et al (2005) SSR

Teşekkür

Projeyi destekleyen Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimine, bitkisel materyali sağlayan Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne ve çalışma süresince yaptığı katkılardan dolayı Doç. Dr. Mehmet Karaca'ya teşekkür ederiz.

Kaynaklar

- Anonim (2008). Available: http://www.css.msu.edu/bic/PDF/SCAR_markers_2010.pdf
- Balkaya A & Yanmaz R (2001). Bitki genetik kaynaklarının muhafaza imkanları ve tohum gen bankalarının çalışma sistemleri. *Ekoloji Çevre Dergisi* **10**(39): 25-30
- Benchimol L L, De Campos T, Carbonell S A M, Colombo C A, Chioratto A F, Formighieri E F, Gouvea L R L & De Souza A P (2007). Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of Mesoamerican and Andean origins using new developed microsatellite markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* **54**(8): 1747-1762
- Blair W M, Pedraza F, Buendia H F, Gaitan S E, Beebe S E, Gepts P & Tohme J (2003). Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean *Phaseolus vulgaris*. *Theoretical and Applied Genetics* **107**: 1362-1374
- Blair W M, Giraldo M C, Buendia H F, Tovar E, Duque M C & Beebe S E (2006). Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics* **113**: 100-109
- Broughton W J, Hernandez G, Blair M, Beebe S, Gepts P & Vanderleyden J (2003). Beans (*Phaseolus vulgaris*) - Model Food Legumes. *Plant and Soil* **252**: 55-128
- Chediak G L, Brondani R P V, Peloso M J D, Melo L C & Brondani C (2007). Análise de Pureza genética de sementes de feijoeiro comum utilizando marcadores microsatélites em sistema de genotipagem multiplex. Available: http://www.cnpaf.embrapa.br/publicacao/bolimpesquisa/bolpesq_28.pdf
- Da Silva G F, Dos Santos J B & Ramalho M A P (2003). Identification of SSR and RAPD markers linked to a resistance allele for angular leaf spot in the common bean (*Phaseolus vulgaris*) line ESAL 550. *Genetics and Molecular Biology* **26**(4): 459- 463
- Direk M, Bayramoğlu Z & Paksoy M (2002). Konya ilinde fasulye üretiminde karşılaşılan sorunlar ve çözüm önerileri. *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi* **16**(30): 21-27
- Doyle J J & Doyle L H (1988). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* **12**(1): 13-15
- Gaitán-Solis E, Duque M C, Edwards K J & Tohme J (2002). Microsatellite repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*): Isolation, characterization, and cross-species amplification in *Phaseolus* spp. *Crop Science* **42**: 2128-2136
- Gepts P (2008). Tropical Environments, Biodiversity, and the Origin of Crops. In: P Moore & R Ming (Eds.), *Genomics of Tropical Crop Plants*, Springer, pp. 1-20
- Guerra-Sanz J M (2004). New SSR markers of *Phaseolus vulgaris* from sequence databases. *Plant Breeding* **123**: 87-89
- Karaca M, Saha Ss, Zipf A, Jenkins JN & Lang DJ (2002). Genetic diversity among forage bermudagrass (*Cynodon spp.*): Evidence from chloroplast and nuclear DNA fingerprinting. *Crop Science* **42**: 2118-2127
- Lioi L, Piergiovanni AR, Pignone D, Puglisi S, Santantonio M & Sonnante G (2005). Genetic diversity of some surviving on-farm Italian common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces. *Plant Breeding* **124**: 576-581
- Madakbaş S Y, Ergin M, Özçelik H & Küçükumuzlu B (2007). Orta Karadeniz Bölgesinde yetiştirilen bazı bodur taze fasulye populasyonlarından seçilen Bodur Ayşe Kadın özelliğinde saf hatların bazı morfolojik ve tarımsal özelliklerinin belirlenmesi. *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi* **21**(41): 68-73
- Mahuku G S, Iglesias A M & Jara C (2009). Genetics of angular leaf spot resistance in the Andean common bean accession G5686 and identification of markers linked to the resistance genes. *Euphytica* **167**(3): 381-396
- Murray J, Larsen J, Michaels T E, Schaafsma A, Vallejos C E & Pauls K P (2002). Identification of putative genes in bean (*Phaseolus vulgaris*) genomic (Bng) RFLP clones and their conversion to STSs. *Genome* **45**: 1013-1024
- Nei M & Li W H (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **76**: 5269-5273
- Sarıkamış G, Yaşar F, Bakır M, Kazan K & Ergül A (2009). Genetic characterization of green bean (*Phaseolus*

- vulgaris*) genotypes from eastern Turkey. *Genetics and Molecular Research* **8**(3): 880-887
- Sicard D, Nanni L, Porfiri O, Bulfon D & Papa R (2005). Genetic Diversity of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* L. Landraces in Central Italy. *Plant Breeding* **124**: 464-472
- Tehrani M S, Mardi M, Saeidi H, Gharehyazi B & Assadi M (2008). Transferability of genomic and EST-Microsatellites from *Festuca arundinacea* Schreb. to *Lolium persicum* Boiss. *International Journal of Botany* **4**(4): 476-480
- Teixeira F F, Santos J B, Ramalho M A P, Abreu A F B, Guimaraes C T & Oliviera A C (2005). QTL Mapping for angular leaf spot in common bean using microsatellite markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* **5**(3): 272-278
- Torres R I G, Villalobos R A, Gaitan-Solis E & Debouck D G (2004). Wild common bean in Central Valley of Costa Rica: Ecological distribution and molecular characterization. *Agronomía Mesoamericana* **15**(2): 145-153
- Ülker M & Ceyhan E (2006). Konya ilinde fasulye tarımında karşılaşılan problemler ve çözüm önerileri. *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi* **20**(49): 73-82
- Yu K, Park S J, Poysa V & Gepts P (2000). Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *The American Genetic Association* **91**: 429-434