

## DEĞİŞİK MUZ KLONLARI ARASINDAKİ GENETİK VARYASYONLARIN RAPD MARKÖRLERİ İLE BELİRLENMESİ<sup>1</sup>

Hamide GÜBBÜK<sup>2</sup>

Mustafa PEKMEZCİ<sup>3</sup>

### ÖZET

Bu araştırmada, değişik muz klonları arasındaki genetik farklılıklar Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markörleri ile belirlenmiştir. Araştırma bulguları primer başına düşen toplam bant sayısının 1-10 adet arasında, bantların uzunluğunun ise 400-2140 bp arasında değiştiğini göstermiştir. Klonlar arasında en yüksek polimorfizm, Grand Nain ile Basrai muz klonları arasında belirlenmiştir. Petit Nain ile Dwarf Cavendish ve Williams ile Basrai muz klonları ise bir birbirlerine en yakın klonlar olarak saptanmıştır. Ayrıca denenen klonlardan Poyo, diğer klonların hepsinden farklı bir grup içerisinde yer almıştır.

### GİRİŞ

Ülkemizde muz yetiştiriciliği, Akdeniz kıyı şeridinde yer alan ve mikroklima özelliği gösteren Antalya'nın Alanya ve Gazipaşa ilçelerinde açıkta, İçel'in Anamur ve Bozyazı ilçelerinde ise açıkta ve örtüaltında uzun yıllardan bu yana ekonomik olarak sürdürülmektedir. Fakat son yıllarda Antalya'nın Alanya ilçesinde de özellikle taban arazilerde örtüaltı muz yetiştiriciliğinin giderek yaygınlık kazanmaya başlamıştır. Ülkemizde yapılan muz yetiştiriciliğinde uzun yıllardan bu yana yoğun olarak Dwarf Cavendish muz klonu kullanılmaktadır. Oysaki bizim gibi subtropik iklim koşullarında muz yetiştiriciliği yapan bazı ülkelerde, Dwarf Cavendish muz klonuna alternatif olarak Grand Nain, Williams ve Petit Nain muz klonları kul-

lanılmaktadır (5). Muz yetiştiriciliği yapan diğer ülkelerde kullanılan bu klonların, ülkemiz koşullarında adaptasyonlarına başlamadan önce klonlar arasındaki genetik farklılıkların belirlenmesi, adaptasyon çalışmalarına ışık tutacaktır.

Musa genomu içerisinde farklı cinsler bulunmaktadır. Bu cinsler içerisinde en büyük grubu *Eumusa* cinsi oluşturmaktadır. Kültürü yapılan muzlar iki farklı diploid tür olan *Musa accuminata* ve *Musa balbisiana*'nın melezlenmesi ile oluşmuştur (6). Bu türlerden *Musa accuminata* A genomuna, *Musa balbisiana* ise B genomuna sahiptir. Kültürü yapılan birçok muz klonu ve plantainlar triploid olup, kromozom sayısı  $2n=3x=33$ 'dür. Muzlarda Cavendish grubuna giren klonlar genellikle AAA, Plan-

<sup>1</sup>Yayın Kuruluna geliş tarihi: Ağustos, 2001

<sup>2</sup>Dr., Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü ANTALYA

<sup>3</sup>Prof. Dr., Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü ANTALYA

tainler AAB ve bir çok pişirilerek yenen muz klonları ise ABB genomuna sahiptir (16).

Muzlarda, Musa cinsine giren türlerde genotipik farklılıkların belirlenmesinde değişik moleküler markörlerden yararlanılmaktadır. Bu markörler arasında, izoenzim analizleri, sekonder metabolitler, Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP), Variable Number of Tandem Repeat (VNTR), Simple Sequence Repeat (SSR), Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Sequence-Tagged Microsatellite Sites (STMSs) ve Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) teknikleri yer almaktadır (4,9). Bu markörler, ayrı genotipe sahip bireylerin genetik haritalarının çıkartılmasında, çeşit ayırımında ve doku kültürü ile çoğaltılan bitkilerde meydana gelen somaklonal varyasyonların belirlenmesinde kullanılmaktadır (4,7,15,17,). Bu markörler arasında en yaygın olarak kullanılan RAPD'dir (2,7). Zira RAPD'in diğer markörlere göre bazı avantajları bulunmaktadır. Bu avantajların en önemliler arasında, reaksiyonlarda nanogram (ng) düzeyinde DNA'ya ihtiyaç duyulması, primerlerin tesadüfi olarak seçilmesi ve bu seçimde belli bir sekans bilgisine gereksinim duyulmamasını ve polimeraz zincir reaksiyonu ürünlerinin (PCR) agaroz jel üzerinde ayrıştırılarak ethidium bromide ile boyandıktan sonra ultraviyole (UV) ışık kaynağı altında görüntülenmesi, sonuçların daha kısa sürede alınması ve maliyetinin ucuz olmasını sayabiliriz. Bu tekniğin en önemli dezavantajı ise bazen sonuçların tekrarlanmasında karşılaşılan güçlüklerdir.

Jarret ve ark. (9), *Musa acuminata* cinsine giren 29 diploid muz klonu arasındaki polimorfizmi RAPD markerleri kullanarak belirlemişlerdir. Araştırmacılar, denemeye alınan klonlar arasında uzunlukları 600 bp ile 2000 bp arasında değişen 48 adet polimorfik bant saptamışlardır. Klonlar arasındaki genetik uzaklık ise Unweighted Paired Group analiz yöntemine (UPGMA) göre belirlenmiştir.

Howell ve ark. (8), pişirilmeden yenen muz klonları ile plantainler arasındaki polimorfizmin derecesini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada RAPD tekniğini kullanmışlardır. Çalışmada, %60'a eşit yada %60'dan fazla guanin-sitozin içeren primerler seçilmiştir. Araştırma

sonucunda, pişirilmeden yenen ve plantain muz klonları arasındaki polimorfizm saptanmıştır.

Damasco ve ark. (3) tarafından yapılan çalışmada, materyal olarak doku kültürü ile çoğaltılmış New Guinea Cavendish ve Williams klonlarına ait 59 adet bodur ve 57 adet normal bitki kullanılmıştır. Araştırmada, bodur bitkilerin erken dönemde RAPD markörleri ile teşhisi amaçlanmıştır. Araştırma sonucunda, bodur ve normal bitkiler arasında % 28.8 oranında polimorfizm saptanmıştır. Bu çalışma sonucunda, RAPD markörlerinin doku kültürü ile çoğaltılan bitkilerde bodur bitkilerin erken dönemde tanılanmasında kullanılabileceği bildirilmiştir.

Shoseyov ve ark. (15), Grande Naine, Williams ve Nathan muz klonları ile bunların somaklonal varyantları arasındaki farklılıkları, RAPD markörleri ile tanılamayı amaçlamışlardır. Araştırma sonucunda, klonlar ve bunların somaklonal varyantları arasında düşük düzeyde polimorfizm saptanmıştır. Klonlar arasında saptanan polimorfizm, Williams'da %7.16, Grande Naine'de % 6.29 ve Nathan'da %3.2 olarak saptanmıştır.

Menancio-Hautea ve ark. (11), Musa ve Abaca cinsine giren muz klonlarında, doku kültürü ile çoğaltılan bitkilerde mutant ve normal bitkilerin ayırımında RAPD markörlerini kullanmışlardır. Çalışmada 12 primer kullanılmış ve sonuçta, Musa cinsine giren klonlarda bodur ve normal bitkilerin ayırımında RAPD markerlerinin başarı ile kullanılabileceği bildirilmiştir. Abaca cinsine giren klonlarda ise değişik yörelerden alınan türlerde çok yüksek varyasyon saptanmıştır.

Bhat ve Jarret (1), Musa cinsine giren ve 6 genomik gruba sahip (AA, AB, AAA, AAB, ABB, ABBB) 57 muz klonu üzerinde yaptıkları çalışmada, genotipik farklılıkları RAPD markörleri ile belirlemeye çalışmışlardır. Çalışmada primerlerin bazıları amplifikasyon açısından iyi sonuç vermiş ve bant sayısı, primerlere göre değişmekle birlikte 1-24 arasında, bantların uzunlukları ise 2900 bp ile 3000 bp arasında değişim göstermiştir.

Grajal-Martín ve ark. (7), Musa cinsine giren yabancı türler, AAA grubuna giren kültür çeşitleri ile AAB ve ABB grubuna giren plantainlerde, RAPD tekniğini kullanarak geno-

tipik farklılıkları belirlemiştir. Çalışmada Cavendish grubuna giren muz klonları arasında moleküler düzeyde farklılık saptanmamıştır. Buna karşın, Grand Nain muz klonunda oldukça büyük, standart ve ekstra bodura yakın 3 farklı tip belirlenmiştir.

Bu araştırmada, ülkemiz koşullarında yaygın olarak yetiştirilen Dwarf Cavendish muz klonu ile yetiştirilme şansı olan Grand Nain, Petit Nain, Williams, Poyo ve Basrai muz klonları arasındaki genotipik farklılıkların, değişik primerlerler kullanılarak RAPD markörleri ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu araştırma temel bir araştırma olup, ülkemiz koşullarında daha ileri ki yıllarda muz konusunda yapılacak ıslah çalışmalarına ışık tutacak ve özellikle gerek seleksiyon ıslahı ve gerekse diğer ıslah yöntemleri ile elde edilecek bireylerin tanılanmasına büyük katkı sağlayacaktır.

## MATERYAL VE METOT

### Materyal

Bu araştırmada deneme materyali olarak, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümünden sağlanan Grand Nain, Petit Nain, Williams, Poyo ve Basrai muz klonları ile Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Araştırma ve Uygulama arazisinde bulunan muz serasından sağlanan Dwarf Cavendish muz klonu kullanılmıştır. Araştırma, 1996-1998 yılları arasında Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakül-

tesi Biyoteknoloji Laboratuvarında yürütülmüştür.

### Metot

DNA ekstraksiyonunda, değişik muz klonlarına ait 40-50 cm boyundaki yavru bitkilerin en genç yaprakları kullanılmıştır. DNA ekstraksiyonu Pancholi (13)'ye göre yapılmış ve DNA miktarının saptanmasında spektrofotometrik yöntem kullanılmıştır. Klonlar arasındaki varyasyonların saptanmasında genomik DNA 25 ng, MgCl<sub>2</sub> 2.5 mM, Taq polimeraz 1.25 Unite, Primer 10 µM, dNTP her bir nükleotitden 0.4 mM (dATP, dCTP, dGTP ve dTTP) ve 50 mM KCl, 1 mM Tris-HCl (pH:9) ile %1 triton X-100 içeren 1X PCR tamponu kullanılmıştır. Çalışmada 10 farklı primer kullanılmış (13) ve bu primerlerin baz dizilişleri Çizelge 1'de verilmiştir.

PCR çalışmalarında reaksiyon hacmi 25 µl tutulmuş ve reaksiyon karışımı PCR tüplerine transfer edildikten sonra üzerlerine 25 µl mineral yağ ilave edilerek PCR makinasına yerleştirilmiştir. PCR makinası, denatürasyon 94°C 2.30 dakika, annealing 35°C 1.30 dakika, extension 72°C 2.00 dakika ve 1 döngü; Denatürasyon 94°C 2.30 dakika, annealing 35°C 1.30 dakika, extension 72°C 2.00 dakika ve 44 döngü; Extension 72°C 10.00 dakika ve 1 döngü olacak şekilde programlanmıştır.

Değişik muz klonlarına ait DNA örnekleri ekstraksiyondan hemen sonra % 0.8 agoroz jelde 1xTAE (tris-acetate-EDTA-

Çizelge 1. RAPD analizinde kullanılan primerlerin sekans dizilişleri.

Table 1. Sequence of RAPD primers (%).

Kod Numarası	Code Number	5'	3'
MP1			CCCAAGGTCC
MP3			CCAGATGCAC
MP5			TCAGGGAGGT
MP6			AAGACCCCTC
MP7			AGATGCAGCC
MP8			TCACCACGGT
MP12			TTATCGCCCC
MP14			TGCGGCTGAG
MP17			CTACTGCCGT
MP10			CACCAGGTGA

tamponunda yürütülmüş ve DNA konsantrasyonları spektrofotometrede belirlenmiştir. PCR ürünleri ise % 1.5 agoroz jelde, 50 volt'da 3 saat ayrıştırılmış ve 1 saat ethidium bromid ile boyanarak, UV ışık kaynağı altında görüntülenip termal kağıda fotoğrafı çekilmiştir.

Klonlar arasındaki genetik ilişki, Cluster analiz yöntemine göre belirlenmiştir. Çalışmada, Cluster analiz yöntemlerinden Unweighted Pair

Group Method of Arithmetic Analysis (UPGMA) yöntemi kullanılmıştır (12). Bu yöntemde, DNA bantlarının varlığı (1) ve yokluğuna göre (0) önce klonlar arasındaki benzerlik bir klon diğeri ile kıyaslanarak primerlere göre aşağıda belirtilen formüle göre hesaplanmış ve kullanılan primerlerin ortalamaları alınarak benzerlik matrisi oluşturulmuş ve daha sonra dendogram çıkarılmıştır.

$$\text{Benzerlik Oranı (Nei ve Li katsayısı, 1979)} = \frac{2x \text{ ortak bant sayısı (A ve B)}}{A + B \text{ (bant sayısı)}}$$

## SONUÇLAR

Araştırmada öncelikle klonların arasındaki genetik farklılıkların belirlenmesi amacıyla RAPD parametrelerinin optimizasyonu gerçekleştirilmiş ve sonuçta her bir RAPD reaksiyonu için optimum DNA konsantrasyonu 25 ng, taq polimeraz 1,25 Unite, MgCl<sub>2</sub> 2.5 mM ve dNTP ise 0.4 mM (her bir nükleotitten) olarak belirlenmiştir.

Değişik muz klonlarında 10 farklı primer kullanarak saptanan toplam, monomorfik ve polimorfik bant sayıları Çizelge 2'de verilmiştir. Bu çizelgede de görüldüğü gibi primer başına düşen toplam bant sayısı 1-10 adet,

monomorfik bant sayısı 1-6 adet ve polimorfik bant sayısı ise 0 ile 7 adet arasında değişim göstermiştir. Primer Başına düşen toplam bant sayısı 10 adet ile MP5 primerinde, monomorfik bant sayısı 6 adet ile MP10 primerinde ve polimorfik bant sayısı ise 7 adet ile MP5 primerinde en yüksek olarak saptanmıştır.

Denenen primerlerden MP1 primerinde bantların uzunlukları, 400 bp ile 1988 bp arasında saptanmıştır. Bu primerde, Grand Nain ve Dwarf Cavendish ile Petit Nain, Poyo, Williams ve Basrai muz klonları kendi aralarında monomorfik bant oluşturdukları gözlenmiştir (Şekil 1). MP3 primerinde bantların uzunlukları 500 bp ile 1988 bp arasında saptanmış ve bu

Çizelge 2. Değişik muz klonları arasında 10 primer kullanılarak RAPD analizine göre saptanana polimorfizm.

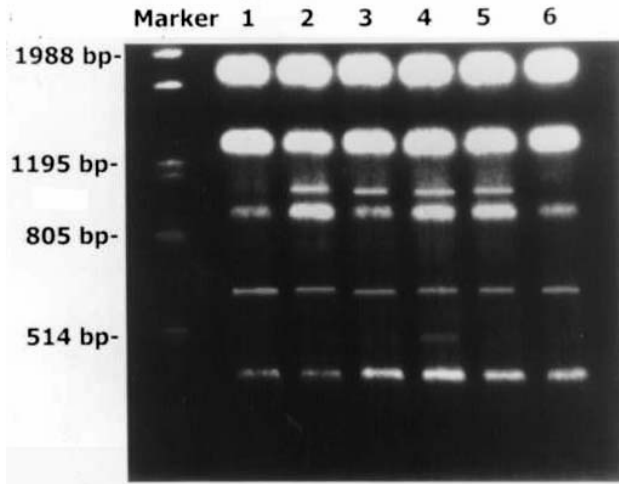
Table 2. Observed polymorphism with 10 primers used according to RAPD analysis in different banana clones.

Primer	Toplam bant sayısı <i>Number of total bands</i>	Monomorfik bant sayısı <i>Number of monomorphic bands</i>	Polimorfik bant sayısı <i>Number of polymorphic bands</i>
MP1	7	5	2
MP3	8	2	6
MP5	10	3	7
MP6	4	3	1
MP7	1	1	-
MP8	4	3	1
MP10	8	6	2
MP12	5	4	1
MP14	7	2	5
MP17	7	3	4
Toplam <i>Total</i>	61	32	29

primer Petit Nain ve Dwarf Cavendish muz klonlarında monomorfik bant oluştururken, diğer klonlar arasında polimorfik bant oluşturmuştur. Denenen diğer primerlerden MP5 primerinde bantların uzunlukları 350 bp ile 1988 bp arasında değişim göstermiştir. Bu primer, Basrai ve Dwarf Cavendish muz klonlarında monomorfik bant oluşturmuş, diğer klonlarda ise polimorfik bant oluşturmuştur. MP6 primerinde bantların uzunlukları 700 bp ile 2140 pb arasında değişim göstermiştir. Bu primer Basrai dışındaki tüm klonlar arasında monomorfik bant oluşturmuştur. Denenen primerlerden sadece MP7 primeri tüm muz klonlarında monomorfik bant oluşturmuştur. MP8 primerinde, uzunluğu 600 bp ile 1195 bp arasında değişen bantlar elde edilmiş ve bu primer Grand Nain ile Dwarf Cavendish'de polimorfik, diğer muz klonlarında ise monomorfik bant oluşturmuştur. MP10 primerinde bantların uzunlukları, 514 bp ile 2010 bp arasında değişim göstermiş ve bu primer MP8 primerinde olduğu gibi sadece Grand Nain ve Dwarf Cavendish muz klonlarında polimorfik bant oluşturmuştur. MP12 primerinde bantların uzunlukları 700 bp ile 1700 bp arasında saptanmıştır. Bu primer

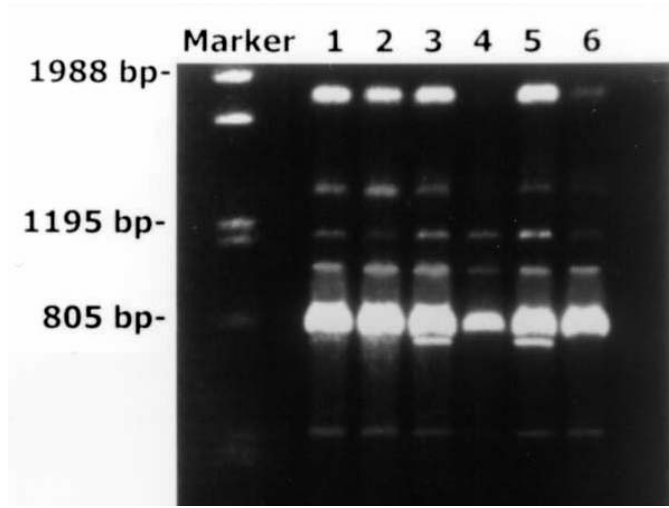
Petit Nain ve Basrai muz klonlarında polimorfik, diğer klonlarda ise monomorfik bant oluşumuna neden olmuştur. MP14 primerinde bantların uzunlukları 468 bp ile 1900 bp arasında değişim göstermiştir. Bu primer, Grand Nain ile Petit Nain'de monomorfik bant oluştururken, diğer klonlarda polimorfik bant oluşturmuştur. Araştırmada kullanılan MP17 primerinde ise bantların uzunlukları 514 bp ile 1988 bp arasında değişim göstermiş ve bu primer, Grand Nain, Petit Nain ve Dwarf Cavendish muz klonları ile Poyo ve Basrai muz klonlarında monomorfik, Williams muz klonunda ise polimorfik bant oluşturmuştur (Şekil 2).

RAPD çalışmalarında, PCR amplifikasyonu sonucu 6 farklı muz klonunda Nei ve Li (12) katsayılarına göre oluşturulan benzerlik matrisi değerleri Çizelge 3'de verilmiştir. Bu çizelgede de görüldüğü gibi klonlar arasında en yüksek benzerlik Petit Nain ve Dwarf Cavendish muz klonları arasında saptanmış ve bunu Basrai ve Petit Nain muz klonları izlemiştir. En düşük benzerlik matrisi değeri ise Grand Nain ve Basrai muz klonları arasında saptanmıştır.



Şekil 1. Değişik muz klonlarında MP1 primerinde oluşan amplifikasyon ürünleri (soldan sağa; Marker, 1: Grande Nain, 2: Petit Nain, 3: Poyo, 4: Williams, 5: Basrai, 6: Dwarf Cavendish). PCR ürünleri %1.5 agoroz jelde yürütülmüş ve ethidium bromid ile boyanmıştır.

Figure 1. Amplification products obtained in different banana clones by using MP1 primer (left to right; Marker, 1: Grand Nain 2: Petit Nain, 3: Poyo, 4: Williams, 5: Basrai, 6: Dwarf Cavendish). Amplification products were seperated on 1.5% agarose gels and stained with ethidium bromide.



Şekil 2. Değişik muz klonlarında MP17 primerinde oluşan amplifikasyon ürünleri (soldan sağa; Marker, 1: Grand Nain, 2: Petit Nain, 3: Poyo, 4: Williams, 5: Basrai, 6: Dwarf Cavendish). PCR ürünleri %1.5 agoroz jelde yürütülmüş ve ethidium bromid ile boyanmıştır.

Figure 2. Amplification products obtained in different banana clones by using MP17 primer (left to right; Marker, 1: Grand Nain, 2: Petit Nain, 3: Poyo, 4: Williams, 5: Basrai, 6: Dwarf Cavendish). Amplification products were separated on 1.5% agarose gels and stained with ethidium bromide.

Değişik muz klonlarında, benzerlik matrisine göre hesaplanan polimorfizm oranları Çizelge 3'de verilmiştir. Polimorfizm oranı, %17 ile Basrai ve Grand Nain muz klonları arasında en yüksek saptanmış ve bunu %16.20 ile

Williams ve Poyo muz klonları izlemiştir. En düşük polimorfizm oranı ise %4.00 ile Dwarf Cavendish ve Petit Nain muz klonları arasında saptanmıştır.

Çizelge 3. Değişik muz klonlarında Nei ve Li katsayılarına göre oluşturulan benzerlik matrisi değerleri.

Table 3. Similarity matrix in different banana clones according to Nei's and Li's coefficient.

	1	2	3	4	5	6
1	1					
2	0.924	1				
3	0.868	0.866	1			
4	0.871	0.910	0.838	1		
5	0.830	0.937	0.842	0.890	1	
6	0.929	0.960	0.858	0.857	0.866	1

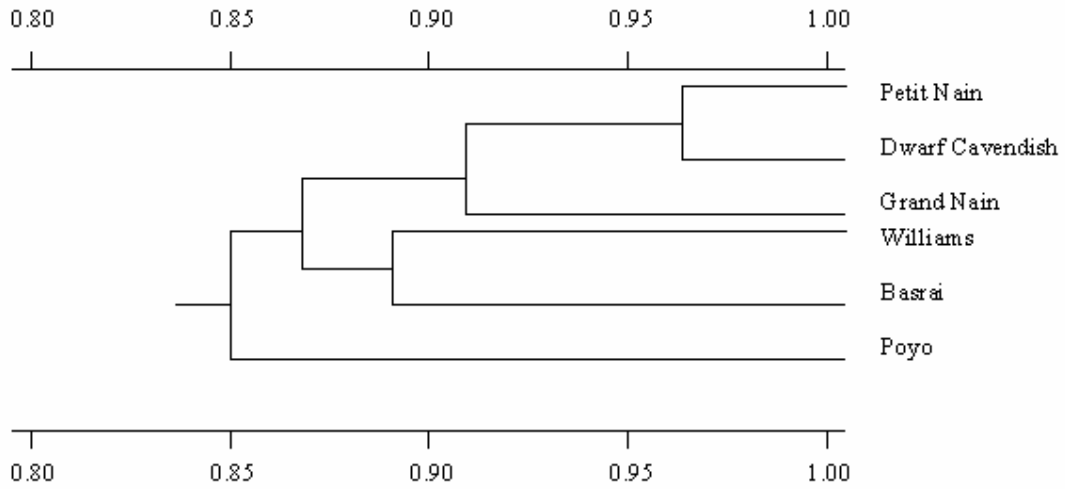
1: Grand Nain, 2: Petit Nain, 3: Poyo, 4: Williams, 5: Basrai, 6: Dwarf Cavendish

Çizelge 4. Değişik muz klonlarında Nei ve Li katsayılarına göre hesaplanan polimorfizm oranları (%).

Table 4. Polymorphism rates in different banana clones calculated according to the similarity matrix (%).

	1	2	3	4	5	6
1	1					
2	7.60	1				
3	13.20	13.40	1			
4	12.90	8.40	16.20	1		
5	17.00	6.30	15.80	11.00	1	
6	7.10	4.00	14.20	14.30	13.40	1

1: Grand Nain, 2: Petit Nain, 3: Poyo, 4: Williams, 5: Basrai, 6: Dwarf Cavendish



Şekil 3. Değişik muz klonlarında RAPD amplifikasyon ürünlerinden Cluster (UPGMA) analizi kullanılarak oluşturulan dendrogram.

Figure 3. Dendrogram obtained by using cluster (UPGMA) analysis from amplification products in different banana clones.

### TARTIŞMA

Farklı primerler kullanılarak değişik muz klonlarında saptanan bant sayıları aynı primerleri kullanan Pancholi (13)'nin bulguları ile uyum içerisinde bulunmuştur. Zira bu araştırmacı, ITC1123, ITC0632 ve Psang Awak muz klonlarında yaptığı çalışmada, primer başına düşen bant sayısının 1-9 adet arasında değiştiğini bildirmiştir. Araştırma bulgularımız sonucu saptanan bantların uzunlukları ise Kaammer ve ark. (10) ile Pancholi (13)'nin bulgularına yakın bulunmuştur.

Değişik muz klonları arasında saptanan benzerlik oranları, Grajel-Martin ve ark. (7)'nin bulguları ile uyum içerisinde bulunmuştur. Ni-

tekim bu araştırmacılar, AAA genomuna sahip Cavendish alt grubuna giren Lacatan, Williams, Petit Nain, Grand Nain, Robusta ve Valley muz klonları arasında bizim bulgularımızda olduğu gibi oldukça yüksek oranda bir benzerlik saptamışlardır. Araştırma bulgularımız sonucunda saptanan polimorfizm oranları ayrıca Shoseyov ve ark (15)'nin bulguları ile de paralellik göstermiştir. Bu araştırmacılar, Grand Nain, Williams ve Natha muz klonları ile bunların somaklonal varyantları arasında düşük düzeyde polimorfizm saptamışlardır.

Değişik muz klonlarında, Nei ve Li (12) katsayıları dikkate alınarak Cluster analizine göre oluşturulan dendrogramda, Dwarf Cavendish ve Petit Nain muz klonlarının birbirlerine en yakın

klonlar olduđu ve Grand Nain muz klonunda bu klonlar ile aynı grup içerisinde yer aldığı belirlenmiştir. Poyo muz klonu bütün muz klonlarından farklı bir grup içerisinde yer almıştır. Bu klonlar ile ilgili olarak Pekmezci ve ark. (14) tarafından Bozyazı ve Gazipaşa ekolojik koşullarında yürütülen çalışmada, morfolojik özellikler bakımından birbirlerine en yakın klonların Dwarf Cavendish olduđu ve bu iki klonun arazi koşullarında daha bodur büyüdüğü, Poyo muz klonunun ise diğer tüm muz klonlarından daha uzun boylu bir klon olduđu saptanmıştır.

Bu araştırma sonucunda, muzlarda RAPD parametrelerinin optimizasyonu gerçekleştirilmiş ve değişik muz klonları arasındaki genetik farklılıklar değişik primerler kullanılarak belir-

lenmiştir. Klonlar arasında en yüksek benzerlik, Dwarf Cavendish ile Petit Nain muz klonları arasında, en yüksek polimorfizm ise Basrai ile Grand Nain muz klonları arasında saptanmıştır. Bu araştırma sonucunda elde edilen bulgular, somaklonal varyasyona oldukça eğilimli olan muz bitkisinde, ülkemiz koşullarında özellikle seleksiyon ıslahı ile ilgili olarak yürütülen çalışmalara önemli katkı sağlayacaktır. Son yıllarda ülkemizde muz plantasyonlarının tesisinde meristem kültürü ile çoğaltılmış muz fidanlarının kullanımına başlanmıştır. Bu bulgular ayrıca meristem kültürü ile çoğaltılmış bitkilerde somaklonal varyasyon gösteren bitkilerin araziye dikilmeden önce erken dönemde teşhisine de olanak sağlayacaktır.

## SUMMARY

### DETERMINATION OF GENETIC VARIATIONS AMONG BANANA CLONES VIA RAPD MARKERS

**In this research, genetic variation among banana clones were revealed by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers. The results showed that the band number per primer varied between 1-10 and that lengths of the bands changed between 400-2140 bp. The highest level of polymorphism among clones was found between Grand Nain and Basrai banana clones. Petit Nain with Dwarf Cavendish and Williams with Basrai banana clones were found to be close relatives with each other. In all tested banana clones, Poyo banana clone was identified as a different clone.**

## LİTERATÜR KAYNAKLARI

1. Bhat, K. V. and R.L.Jarret, 1996. Random Amplified Polymorphic DNA and Genetic Diversity in Indian Musa Germplasm. *Musarama, Vol: 9, No:1, Abstract No: 3833.*
2. Castiglione, S., G.Wang, P.H. Bao., W.Li, C. Giordoni, E. de Stanchina, G.Damiani, C. Bandi, S.Bisoffi and F.Sala, 1994. RAPDs for the Assesment of DNA Plasticity and Genetic Diversity; Experiences With Rice, Poplar and Apple. *Current Topics in Mol. Genet. (Life Sci. Adv.) 2, 219-243.*
3. Damasco, P. O., G.C.Graham, R.J.Henry, W. Adkins, K.Smith and I.D.Godwin, 1996. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Detection of Dwarf off-types in Micropropagated Cavendish (*Musa* spp. AAA) Bananas. *Plant Cell Reports, 118-123.*
4. Ford-Lloyd, B.V., D.Kaemmer, G.Kahl and P.J.L.Lagode, 1996. Molecular Marker Assisted Analysis of the Musa Genome Complex. *INIBAP Networking Banana and Plantain, Annul Report, 24-28.*
5. Galan-Sauco, V., J.Cabrera-Cabrera, P.M. Hernandez-Delgado and M.C.Rodriguez Pastor, 1998. Comparison of Protected and open-air cultivation of Grand Nain and Dwarf Cavendish bananas. *Proceedings of the First International Symposium on Banana in the Subtropics. Acta Horticulturea, 490 : 445-454.*
6. Gowen, S., 1995. Bananas and Plantains. *Chapman and Hall, 2-6, Boundary Row, London, 612 p.*



7. Grajal – Martin, M.J., G.Siverio– Grillo and A.Marrero– Dominguez, 1998. The Use of Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) for Study of Genetic Diversity and Somaclonal Variation in Musa. *Proceedings of the First International Symposium on Banana in the Subtropics. Acta Horticulturae*, 490: 247-259.
8. Howell, C.E., H.J.Newbury, R.L.Swennen, L.A.Withers and B.V.Ford-Lloyd, 1994. The Use of RAPD for Identifying and Classifying Musa Germplasm. *Genome*, 37, 328-332.
9. Jarret, R.L., D.Vuylsteke, N.J.Gawel, R.B. Pimental and L.J.Dunbar, 1993. Detecting Genetic Diversity in Diplod Bananas Using PCR and Primer from a Highly Repetitive DNA Sequence. *Euphytica*, 68:69-76.
10. Kaemmer, D., R.Afza, K.Weising, G.Kahl and F.J.Novak, 1992. Oligonucleotide and Amplification Fingerprinting of Wild Species and Cultivars of Banana (*Musa* spp.). *Bio Technology*, 10 :1030-1035.
11. Menancio-Hautea, D., R.P.Laude, E.Perez, and R.F.Bader, 1996. PCR Based Fingerprinting of Bananas of Other *Musa* species in the Phillippines for Breeding *in vitro* Culture Applications. *Musarama*, Vol. 9., No:2, Abst. No: 3994.
12. Nei, N. and W.Li, 1979. Mathematical Model for Studying Genetic Variation in Terms of Restriction Endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 76: 5269-5273. U.S.A.
13. Pancholi, N. 1995. Aspects of Tissue Culture in Relation to Banana Improvement and Germplasm Conservation. (PhD thesis) *The University of Reading, Department of Agricultural Botany, School of Plant Sciences*, 301 pp.
14. Pekmezci, M., H.Gübbük ve M.Erkan. Soğuklara Dayanıklı Bazı Önemli Muz Klonlarının Doku Kültürü Yöntemi ile Çoğaltılması ve bu Klonların Değişik Muz Üretim Yörelere Adaptasyonu Üzerinde Araştırmalar. *Akdeniz Üniversitesi Araştırma Fonu Projesi Sonuç raporu (Yayınlanmamış)*, 76 s.
15. Shoseyov, O., G.Tsabary and O.Reuveni, 1996. Detection of *in vitro* Somaclonal Dwarf Variants of Banana Cultivar (*Musa*) by RAPD Makers. *International Society for Horticultural Sciences (Commission Biotechnology). Third International Symposium on In Vitro Culture and Horticultural Breeding. June 16-21, Jerusalem, Israel.*
16. Simmonds, N.W., 1996. Bananas. 2<sup>nd</sup> ed. *Longman, London.* 512 pp.
17. Walther, R., A.Ilan, A.Lerer, A.Dioudeuoni and E.Khayat, 1996. Analysis of Somaclonal Variation in Tissue Culture Banana Plants (*Musa* AAA cv. Grand Naine). *International Society for Horticultural Sciences (Commission Biotechnology). Third International Symposium On In Vitro Culture and Horticultural Breeding, June 16-21, Jerusalem, Israel.*