

**T.C.  
ISPARTA UYGULAMALI BİLİMLER ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ**

**YÜKSEK LİSANS  
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

**EKONOMİK ÖNEME SAHİP ZEYTİN (*Olea europaea* L.)  
GENOTİPLERİNİN SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEATS)'A  
DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU**

**Hadiye SELÇUK**

**Danışman  
Prof. Dr. Yaşar KARAKURT**

**ISPARTA - 2019**



© 2019 [Hadiye SELÇUK]

## TEZ ONAYI

**Hadiye SELÇUK** tarafından hazırlanan bu tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

**İmza**

**Başkan Prof. Dr. Yaşar KARAKURT**  
Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi

**Üye Prof. Dr. Semra KILIÇ**  
Süleyman Demirel Üniversitesi

**Üye Doç. Dr. Muhammet TONGUÇ**  
Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi

.....

.....

.....

Yukarıdaki Jüri kararı Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun .... / .... / ....  
tarih ve ..... / ..... sayılı kararıyla onaylanmıştır.

**Prof.Dr. Yusuf UÇAR**  
**Enstitü Müdürü**

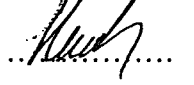
## ETİK BEYANI

Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak ve bilimsel ahlak ve geleneklere aykırı düşecek bir yol ve yardıma başvurmaksızın hazırladığım bu tez çalışmasında;

Tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu, tez çalışmasında yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi, kullanılan verilerde ve ortaya çıkan sonuçlarda herhangi bir değişiklik yapmadığımı, bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu, tezime ilgili yaptığım bu beyana aykırı bir durumun saptanması durumunda, ortaya çıkacak tüm ahlaki ve hukuki sonuçlara katlanacağımı bildirir, aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi beyan ederim.

27/05/2019

**Hadiye SELÇUK**



## İÇİNDEKİLER

	<b>Sayfa</b>
İÇİNDEKİLER .....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	v
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	vii
1. GİRİŞ .....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ .....	3
3. MATERYAL VE YÖNTEM .....	15
3.1. Materyal .....	15
3.2. Yöntem.....	15
3.2.1. DNA İzolasyonu İçin Yaprak Örneklerinin Alınması .....	15
3.2.3. SSR Analizi.....	16
3.2.4. Moleküler Verilere Ait Analizler.....	18
4. ARAŞTIRMA BULGULARI .....	19
4.1. Zeytin Genotiplerinde SSR Analiz Sonuçları .....	19
5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR .....	24
KAYNAKLAR .....	29
ÖZGEÇMİŞ .....	34
İÇİNDEKİLER .....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	v
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	vii
1. GİRİŞ .....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ .....	3
3. MATERYAL VE YÖNTEM .....	15
3.1. Materyal .....	15
3.2. Yöntem.....	15
3.2.1. DNA İzolasyonu İçin Yaprak Örneklerinin Alınması .....	15
3.2.3. SSR Analizi.....	16
3.2.4. Moleküler Verilere Ait Analizler.....	18
4. ARAŞTIRMA BULGULARI .....	19
4.1. Zeytin Genotiplerinde SSR Analiz Sonuçları .....	19
5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR .....	24
KAYNAKLAR .....	29
ÖZGEÇMİŞ .....	34

## ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

# EKONOMİK ÖNEME SAHİP ZEYTİN (*Olea europaea* L.) GENOTİPLERİNİN SSR(SİMPLE SEQUENCE REPEATS)'A DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU

Öğrencinin Hadiye SELÇUK

Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi  
Lisansüstü Eğitim Enstitüsü  
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Yaşar KARAKURT

Bu tez çalışmasında moleküler markörlerden SSR tekniği kullanılarak zeytin genotipleri arasındaki farklılıkların ortaya konulması amaçlanmıştır. Zeytin Oleaceae familyasına ait *Europaea* cinsi içerisinde yer almaktadır. Çalışma kapsamında yerel fidan yetiştirme firmalarından temin edilen zeytin fidanları moleküler analizler için kullanılmıştır. Bu amaçla zeytin türünde yer alan genotiplere ait numuneler uygun koşullarda alındıktan sonra Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarında moleküler analizleri gerçekleştirilmiştir.

SSR markörleri ile yapılan analizler sonucunda UPGMA metoduna göre zeytin çeşitleri arasında yapılan analizde iki ana grup ve %70 benzerlik ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 3 alt gruptan meydana gelmiştir. İlk grupta Gemlik, Domat ile Kalamata, ikinci grupta Ayvalık, Bodur arbequine ile Çekişte ve üçüncü grupta Sarı ulak yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grubu Yamalak sarısı ve Manzila oluştururken, ikinci alt grupta Memecik yer almıştır. Toplam allel sayısının 113, spesifik allel sayısının 44 adet olduğu ve bant büyüklüğünün ise 180 ile 297 bp arasında değiştiği belirlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,515 ile 0,83 arasında değişim göstermiştir.

Türkiye’de zeytin türüne ait SSR bulguları, bölgede bundan sonraki ıslah çalışmalarına ebeveyn seçiminde bir basamak oluşturmada, zeytin genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında ve zeytin genotiplerinin karakterizasyonunda kullanılabilir.

**Anahtar Kelimeler:** Belirteç , Genetik Karakterizasyon , Genotip, SSR, Zeytin

2019, 34 sayfa

## **ABSTRACT**

**M.Sc.Thesis**

### **MOLECULAR CHARACTERIZATION OF OLIVE (OLEA EUROPAEA L.) GENOTYPES WITH ECONOMIC IMPORTANCE IN TURKEY USING SSR MARKERS**

**Hadiye SELÇUK**

**Isparta University of Applied Sciences  
The Institute of Graduate Education  
Department of Agricultural Biotechnology**

**Supervisor: Prof. Dr. Yaşar KARAKURT**

In this thesis, it is aimed to determine the differences among olive genotypes by using SSR technique among molecular marker techniques. Olive is classified within the *Europaea* genus in the *Oleaceae* family. Olive seedlings obtained from the local seedlings production firms were used for the molecular analysis. For this purpose, the leaf samples of olive genotypes were taken under suitable conditions and the molecular analyzes were carried out at the laboratory of the Agricultural Biotechnology department, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Isparta University of Applied Sciences.

As a result of the analyses with SSR markers, two main groups emerged between olive genotypes according to the UPGMA method and they demonstrated 70% similarity. The first main group consisted of 3 sub-groups. While Gemlik, Domat and Kalamata formed the first group, Ayvalık and Bodur arbequine were in the second sub-group, and Sarı ulak was in the third sub-group. The second main group was divided into 2 sub-groups. While the first sub-group contained Yamalak sarısı and Manzila, the second sub-group had Memecik. The total and specific numbers of alleles were determined as 113 and 44 respectively, and the band sizes ranged from 180 to 297 bp. Polymorphic information content (PBI) changed between 0.515 and 0.83.

The results obtained could be used in the characterization of the olive genotypes, in choosing the suitable parents in breeding programs, in the determination of the distribution areas of olive genotypes and in the comparison of genetic collections of olive.

**Key Words:** Genetic Characterization, Genotype , Marker , Olive, SSR

**2019, 34 pages**

## **TEŐEKKÜR**

Tezimin y¼r¼t¼lmesinde ve alıŐma s¼resince desteęini ve emeęini hibir zaman esirgemeyen tez danıŐmanım sayın Prof. Dr. YaŐar KARAKURT'a teŐekk¼rlerimi sunarım.

Tezimin her aŐamasında beni yalnız bırakmayan aileme sonsuz sevgi ve saygılarımı sunarım.

**Hadiye SELUK**  
ISPARTA, 2019





## ŞEKİLLER DİZİNİ

	<b>Sayfa</b>
Şekil 1.1. Farklı primerler ile yapılan PCR ve Elektroforez Jel görüntüsü.....	19
Şekil 2.1. SSR primer çiftleri ile zeytin genotip/çeşitlerinin UPGMA Metodu ile gruplandırılması.....	21



## ÇİZELGELER DİZİNİ

	<b>Sayfa</b>
Çizelge 1.1. Zeytin genotipleri için kullanılan primer çiftleri.....	18
Çizelge 2.1. Zeytinde SSR primer kombinasyonlarından elde edilen allel sayısı, bant büyüklüğü, gözlenen ( $H_o$ ) ve beklenen ( $H_e$ ) heterozigotluk durumu, tespit olasılığı (TO) ve polimorfik bilgi içeriği (PBI) değerleri.....	20
Çizelge 2.2. Zeytin genotipleri arasında Dice coefficient metoduna göre hesaplanan benzerlik değerleri .....	23



## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

A	Adenin
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism(Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi)
Bp	Baz çifti
C	Sitozin
CAP	Cleaved Amplified Polymorphic Sequence
cDNA	Koplementer Deoksiribo Nükleik Asit
CTAB	Cetyl Tri Methyl Ammonium Bromide
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	Deoksi Nükleotid Tri Fosfat
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
G	Guanin
He	Beklenen heterozigotluk
Ho	Gözlenen heterozigotluk
ISSR	Inter Simple Sequence Repeat(Basit Kısa Tekrar Dizisi)
kb	Kilobaz
M	Molar
MAS	Marker Yardımlı Seleksiyon
µl	Mikro litre
ng	Nanogram
PBI	Polimorfik Bilgi İçeriği
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
pH	Power of Hydrogen (Hidrojenin Gücü)
QTL	Kantitatif Karakter Lokusu
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA(Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism(Kesilen Parça Uzunluğu Polimorfizmi)
rpm	Rotation per minute(Dakikada döngü sayısı)
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms(Tek nükleotid polimorfizmleri)
SRAP	Sequence-Related Amplified Polymorphism(Sekansa bağlı kuvvetlendirilmiş polimorfizm)
SSR	Simple Sequence Repeats (Basit tekrar dizileri)
T	Timin
TBE	Tris-Borate-Edta
Tm	Erime sıcaklığı
TO	Tespit Olasılığı
TSWV	Tomato Spotted Wilt Virus(Domates lekeli solgunluk virüsü)
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
UPGMA	Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean

## 1. GİRİŞ

Akdeniz kültürünün bir sembolü olan zeytin (*Olea europaea* L.), tarih boyunca bölgede kurulan uygarlıkların temel besin kaynaklarından birini oluşturmuştur. Zeytinin anavatanının ve gen merkezinin Güneydoğu Anadolu Bölgesi'ni de içine alan Yukarı Mezopotamya olduğu ifade edilmektedir (Özkaya et al. 2006). Son yıllarda yapılan çalışmalarla Hatay, Kahramanmaraş ve Mardin şeridinde zeytin ağacının en alt türüne rastlanmış olması bu varsayımı desteklemektedir.

Zeytin, yaklaşık olarak 30 cins ve 600 tür ihtiva eden Oleaceae familyasına (ailesine) bağlıdır. *Olea* cinsi, *europaea* türü ve *sativa* alt türüne (subspecies) ait olan ve diğer bir alt tür *oleaster*'e ait olan yabancı zeytinden ayırt edilen kültür zeytini, Akdeniz çevresinde yayılmış durumdadır. *Olea europaea*'nın özelliklerinin farklılaşması ve kendiliğinden nesilden nesile geçmesi sonucunda türediği söylenmektedir.

*Olea* cinsinin bütün türlerinde 23 ( $2n=46$ ) kromozom vardır. *Olea europaea*'ya ait mevcut türler çok fazladır. 2000'den fazla çeşide sahip olduğu tahmin edilen zeytin gibi, çeşit zenginliği olan çok az kültür bitkisi olduğu söylenebilir. Daha büyük meyveli, daha fazla yağ oranı içeren, zararlılara daha dayanıklı v.b. gibi verimli genetik oluşumların ıslahına izin veren kültür sistemleri gelişirken, bazı çeşitlerin kaybolduğu ve yeni çeşitlerin doğal olarak nesilden nesile geçmesi ile kendiliğinden oluştuğu da bir olasılıktır. Özellikle zor iklim koşullarında, gerek dışarıdan gen akışı, gerekse yeni genlerle dejenere olmuş (değişmiş) özel çeşitlerin mevcudiyeti sebebiyle çeşitler kendi kendine oluşabilmektedir.

Bitkilerdeki genetik varyasyonların belirlenmesi ve bunların sınıflandırılmasında öncelikli olarak morfolojik, fizyolojik ve sitolojik özellikler kullanılmış olup, daha sonra bu aşamayı daha da kısaltmak amacı ile biyokimyasal markörler geliştirilmiştir. Son zamanlarda ise moleküler seviyede çalışmalar hız kazanmıştır (Scarano vd., 2002).

Son yıllarda gen kaynaklarının korunması için yapılan biyokimyasal ve morfolojik çalışmalar yetersiz olup, moleküler markör çalışmaları önem kazanmıştır. Basit dizi tekrarı (SSR- Simple Sequence Repeat) olarak bilinen mikrosatellit markörler; uluslararası veri paylaşımı, ko-dominant ve kararlı markör olması, yüksek polimorfizm göstermesi, bilgilendirici, tekrar edilebilir ve otomasyona uygun oluşu, türler arası geçişkenlik özelliğini barındırması ve bilgilendirici bir markör sistemi

olmasından dolayı ön plana çıkmaktadır (Weber ve May, 1989; Yamamoto vd., 2001; Wünsch ve Hormaza, 2002).

Son yıllarda meydana gelen teknolojik gelişmeler ile moleküler markörler meyveciliğin geliştirilmesi ve korunması amacıyla birçok çalışmada kullanılmaktadır. Günümüzde moleküler markörler diğer bitkilerle benzer şekilde meyvelerde; genotipik tanımlama, sistematik ve karakterizasyon, genetik ve QTL (Quantitative Trait Loci) haritalaması, markör yardımıyla seleksiyon ve genetik kaynaklarının belirlenmesi ve korunması gibi konularda kullanılmaktadır (Andersen ve Lübberstedt, 2003; Aka Kaçar, 2004; Vardarkanlıtepe vd., 2010).

Markör destekli seleksiyon (MAS) ile ıslah çalışmaları ile özel bir fenotipik karaktere indirilebilmekte, ıslah çalışmaları daha kısa sürede ve daha az işgücü ile tamamlanabilmekte ve bunların yanı sıra gereksinim duyulan populasyon büyüklüğü de klasik ıslaha nazaran çok daha küçük olmaktadır (Gupta ve Rustgi, 2004).

Biyokimyasal (izoenzim) ve RAPD gibi DNA tabanlı analizler çok çeşitli araştırmacı grupları tarafından yapılmıştır (Pontikis et al. 1980; Quazzani et al. 1993, Trujillo and Rallo 1995, Bagoni et al. 1994, Fabbri et al. 1995, Claros et al. 2000, Özkaya et al. 2004, Özkaya et al. 2006). İzoenzimlerin translasyon sonrası değişimler göstermesi nedeniyle güvenilirliğinin az olması ve RAPD tekniğinin tekrarlanabilirliğinin düşük olması, araştırmacıları daha kesin ve güvenilir sonuçlar alabilecekleri teknikler (SSR ve AFLP gibi) kullanmaya zorlamıştır. Bunlardan SSR markörleri, polimorfizm oranlarının yüksek oluşu, tekrarlanabilirliği ve kodominant karakterli oluşlarından dolayı tercih edilmektedirler.

Bu tez çalışmasında 10 zeytin genotipi kullanılmış olup, 10 SSR primeri ile genetik tanımlamaları yapılmıştır. Elde edilen genetik bulgular ile populasyon içi genetik benzerlikler, akrabalık dereceleri, populasyona ait DNA kimlik bilgilerinin (allel verileri) tespit edilmesi amaçlanmıştır.

## 2.KAYNAK ÖZETLERİ

Günümüzde moleküler markerlerle farklı bitki türlerinde bir çok çalışmalar yapılmıştır. Bu amaçla değişik markörler kullanılmıştır. Yapılan bu çalışmalardan bazıları aşağıdaki şekilde özetlenmiştir.

SSR DNA markörlerinin geliştirilmesi, avokado genomik DNA kütüphanesinin (*Persea americana* M.) kullanılarak yapılmıştır. Kütüphane, 4 dinükleotit probu olan (AG), (AT), (GC) ve (CA) ile taranmıştır. Pozitif klonlar, basit dizi tekrarlarının (SSR) mevcudiyetinin geçerliliğini doğrulamak ve basit dizi tekrarının yanındaki dizilere dayanan polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) primerleri üretmek üzere dizilenmiştir. İlk taramada bir PCR ürünü veren, 26 farklı primer çifti sentezlenmiştir. SSR A1E11'in 11 alleli bulunurken A3F8'in 8 alleli olduğu görülmüştür. Avokadodaki SSR'lar Mendel kalıtımına uygun dağılım göstermiştir. (Lavi vd., 1994).

RAPD yöntemi kullanılarak gen bankasında bulunan Frantoio zeytin çeşidinin genetik yayılımı ve morfolojik karakter özellikleri belirlenmek üzere bir çalışma yapılmıştır. Çalışmalar sırasında 11 genotipin Frantoio çeşidiyle benzer genotipe sahip olduğu saptanmıştır. Celinle di Nardo, Taggiasca, Razza, Sargano, Coreggiolo, Cima di Bionto, Ogliarola, Lecce, Minuta, Razzola, Casaliva ve Raja sabina çeşitlerinin sinonim olduğu ortaya konulmuştur. Araştırmalar sonucunda, *Olea europaea* türleri arasında yapılan yanlış tanımlandırmaların ve adlandırılmaların DNA markör yöntemleri ile önüne geçilebileceği bildirilmiştir (Vergari ve ark., 1998).

*Malus domestica* tipi 66 bitki arasında genetik tanımlamanın yapılması amacıyla 8 SSR primer çifti kullanılmıştır. Kullanılan primer çiftleri 7 genotip haricinde farklılığı kesin şekilde ortaya koymuşlardır. Ayrıca koleksiyonda 2 yanlış isimlendirilmiş genotip belirlenmiştir (Hokanson et al. 1998).

Çeşitlerin tanımlandırmadaki farklılıkların fenotipik veya genotipik kaynaklı olduğu konusundaki araştırmaların agronomik verileri yetersiz kalmaktadır. Son yıllarda PCR'a dayalı moleküler işaretleyici (marker) teknikleri kullanılarak bu eksiklikler tamamlanmaya çalışılmaktadır. Moleküler işaretleyiciler bitki tür ve

çeşitlerin genotipik özelliklerinin araştırılması çalışmalarında ağırlık kazanmıştır. Yapılan çalışmalarda GA genomik kütüphaneleri taranarak 43 pozitif klon elde edilmiştir ve 13 adet mikrosatellit lokusu için primerler dizayn edilmiştir. Kullanılan bu primerler ile 46 zeytin çeşidinde SSR polimorfizmi ortaya çıkmıştır. Bu 46 çeşitten 42 tanesi 5 mikrosatellit tarafından tam olarak tanımlanmıştır. Araştırmaya göre, çeşitlerin %88'i sadece 3 mikrosatellitle bile tanımlanabilmiştir (Rallo et al. 2000).

Bilinen 3 zeytin çeşidine ait 22 klondan sinonim olduğu şüphelenilen 17 klon İsrail, İtalya, Amerika ve Avustralya'dan getirilmiştir. Genetik farklılıklar RAPD tekniği ile belirlenmiş ve örneklerin UPGMA kullanılarak benzerlikleri bulunmuştur. Manzanilla ve Kalamata deneme içinde %98'lik benzerlik göstermiştir. Bununla beraber, Verdale diğer tiplerden %80'den daha az benzerlik ve yüksek genetik değişkenlik göstermiştir. Picual ve Nevadilo grubun %69'unu kapsamıştır. Coregiola ve Frontoio ve hatta Verdale gruplarının arasındaki ilişki genetik uzaklığın büyüklüğü göz önünde bulundurulduğunda, bu sonuçların oluşturduğu gruba ait bazı kültürlerin ayrı kültür olmasının muhtemel olduğu belirtilmiştir (Genet , 1999).

Yapılan başka bir çalışmada zeytinde GA/CT'ce zenginleştirilmiş kütüphaneler kullanılarak, SSR lokusları tespit edilmiştir. 20 SSR lokusunun tespit edildiği çalışmada, araştırmacılar 20 zeytin genotipinde bunları kullandıklarında toplam 57 adet allele ulaşırlarken, 10 lokusda polimorfizm yakalamışlardır (Carriero ve ark. , 2002).

İtalya'nın bir çeşidi olan Frontoio'nun genomik kütüphanelerinde AC/GT ve AG/CT zengin tekrarların olduğu 52 SSR primeri 60 klon üzerinde çalışılmış ve aynı zamanda parmak izi tekniği uygulanmıştır (Cipriani ve ark., 2002).

Zeytin tanımlamalarında en uygun markör sistemini belirlemek amacı ile İspanya ve İtalya kökenli 32 zeytin genotipini tanımlayan SSR markörlerinin en etkili markörler oldukları, bunun yanında AFLP markörlerinin reaksiyon başına oluşturduğu çok sayıdaki polimorfik bant nedeni ile zeytin tanımlamalarındaki önemleri de vurgulanmıştır. Kuzey İtalya bölgesinde yetiştirilen bazı zeytin çeşitlerinin morfolojik ve genetik karakterizasyonunu yapan Rotondi ve ark. (2003), SSR ve AFLP markör verileri ile morfolojik verilerin benzerlik gösterdiğini, morfolojik

ayrımrlarla tanımlanamayan sinonim ve homonimlerin DNA markörleri aracılığı ile ayırt edilebildiklerini ortaya koymuşlardır (Belaj ve ark., 2003).

Zeytinde ilk haritalama çalışmaları olarak bildirdikleri araştırmalarında steroil-ACP desaturaz geni ile ilgili bağlanma gruplarını oluşturmak amacı ile 95 zeytin hibridinde değişik markörleri kullanmışlardır. Araştırmacılar 21 AFLP primer kombinasyonundan 304 polimorfik bant elde ederlerken, 7 SSR lokusunun haritalanmasında kuvvetli bağlantılar oluşturulduğunu belirtmişlerdir (La Rosa ve ark. , 2003).

Antep fıstığında Simple Sequence Repeats (SSR) primeri geliştirmek için Kerman çeşidinin DNA'sı kullanılarak genomik kütüphane oluşturulmuştur. Araştırmacılar CA, CT ve CTT tekrarlarını kullanarak sekanslamaya hazır klonlar elde etmişlerdir. Bu kütüphanelerden faydalanarak dizayn edilen primer çiftlerinden 25 tanesinin sentezinin yapıldığı ve primerlerin değişik orijinli Antep fıstığı çeşitlerinde Li-Cor sekanslama ünitesi kullanılarak test edildiğini bildirmişlerdir (Ferguson vd., 2003).

Zeytin çeşitlerinin genetik varyasyonlarının SSR ve moleküler markörlerle tanımlanması çalışmasında; zeytin çeşitlerinin farklılık ve genotip belirleme çalışmaları için 14 adet geliştirilmiş SSR markörü kullanılmıştır. Allel büyüklükleri ve mikrosatellit optimizasyonundan sonra ortalama lokus başına 6.8 allel olacak şekilde, 19 çeşitte 96 allel saptanmıştır. Mikrosatellitler genotiplerin karakteristik özelliklerini belirlemede güvenilir sonuçlar vermiştir. Kullanılan AFLP analizlerinde, 8 primer çiftinin kombinasyonu kullanılmıştır. Genotiplerde AFLP ve SSR markörlerinin karşılaştırılması yapılmıştır. Çeşitler arasındaki uzaklık Jaccards benzerlik katsayısı kullanılarak hesaplanmış ve UPGMA metodu kullanılarak dendogramları oluşturulmuştur. Her iki moleküler teknikte de Tuscan tipleri ile Sloveia tipleri arasında belirgin bir uzaklık tespit edilmiş, diğer bölgesel çeşitlerle düşük miktarda da olsa bile benzerlikler tespit edilmiştir ( Bandelj ve ark. , 2004).

38 zeytin genotipinin moleküler tanımlanması çalışmasında, Portekiz'den 30 genotip ve Akdeniz ülkelerinden 8 genotipin genetik farklılığını belirlemek amacıyla ISSR, SSR, AFLP teknikleri kullanılmıştır. Bant görüntüleri ve allel değerleri UPGMA



istatistik programına göre analiz edilmiş ve dendogram çizilmiştir. 38 genotip birbirinden ayırt edilmiştir (Gemmas ve ark. , 2004).

Sicilya zeytin genotiplerinin genetik farklılıklarını belirlemek için DNA parmak izine dayalı SSR çalışmasında; Sicilya'nın 7 bölgesinden toplanan 30 zeytin genotipinin yanında referans zeytin genotipleri de eklenmiştir. GAPU, UDO, DCA serisine ait 12 floresan işaretli primerler kullanılıp otomatik kapiller sekans sistemi ile parça uzunlukları standart çeşitlere göre saptanmıştır. Elde edilen verilere göre 2 genotip sinonim olarak belirlenmiştir (La Mantia , 2005).

Japonya'da farklı ülkelerden alınan elma anaçları koleksiyonunu temsil eden toplam 66 anaçın genetik tanımlanmasında SSR primerleri kullanılmıştır. Çalışmada 1 veya 2 amplifiye olmuş fragman meydana getirilmiş ve bu durum anaçların ayırt edilmesini mümkün kılmıştır (Oraguzie et al. 2005).

SSR markörler ile zeytinyağı zirai-besin zincirinin karakterizasyonunun yapılması amacıyla yapılan çalışmada, modern tarımsal ve besin biliminde DNA parmakizinin artan uygulaması, yenilebilir ticari numunelerdeki kültürlerin ve türlerin doğruluğunun kanıtı olduğu belirtilmiştir. Bu çalışmada, PDO yağlarını içine alan, Campania'da yaygın bir çeşit olan Pisciotana kültürüne ait zeytinyağıyla ilişkili olan ve sert çekirdekli olan genetik doğruluğunun kanıtlanması için bir metod tanımlanmıştır. Tanımlama birkaç polimorfik DNA mikrosatellitlerinin kapiller elektroforezine dayanarak yapılmıştır. Seçilen SSR'ların tekrarlanabilir olduğunu, tek anlamlı olarak ortaya çıkarmada ve burada analiz edilmiş zeytin yağındaki bileşenler gibi spesifik genetik materyalin varlığının doğrulanmasında güvenilir olduğunu ortaya koymuşlardır. Elde edilen sonuçların SSR markörlerinin zeytinyağı zirai besin zincirinde kullanılan materyal dizisinin tanımlanması için uygun olduğunu ve bundan dolayı kullanımları, tüketicileri korumada ve kalite kontrol uygulamasında önemli bir araç olduğunu ispat ettiklerini belirtmişlerdir (La Mura ve ark. , 2006).

Güney İtalya kökenli 39 zeytin kültüründe genetik çeşitliliğe dayanan morfolojik ve moleküler SSR markörleri ile çalışma yapılmıştır. İtalya'daki zeytin endüstrisi yerli kültürlerden kurulmaktadır ve el değmemiş zeytin yağlarının kalite özellikleri, kaynak genotipinden güçlü bir şekilde etkilenmektedir. Bu amaçla, 4 SSR markörü;

Campania'dan 16, Calabria'dan 15 ve Sicilya'dan 8 olmak üzere toplam 39 yerli kültürün farklılığının araştırılmasında kullanılmıştır. Genetik uzaklık dendogramlarla hesaplanmıştır. Sonuçlar, Güney İtalya zeytin gametlerinin zenginliğini ve yüksek derecede genetik farklılığı göstermiştir (Marra ve ark. ,2006).

Suriye genotiplerinin genetik farklılığının SSR ve AFLP markörleri ile belirlenmesi çalışmasında; Suriye'nin 42 yerli genotipi 2 AFLP ve 22 SSR primeri ile analiz edilmiştir. Toplamda 48 polimorfik AFLP bandı ve 45 polimorfik SSR bandı elde edilmiştir. Elde edilen veriler JACCARD genetik benzerlik katsayısı ile SAHN gruplandırma metoduna başvurulmuş ayrıntılı bir şekilde incelenmiştir. Sonuçta genetik akrabalık durumu oluşturulmuş dendogramla detaylandırılmıştır (Montemurro et al. , 2006).

İtalya ve Akdeniz de zeytinin tarımsal üretim için stratejik öneminden dolayı ilgi ve asıl önceliği zeytin genomunun organizasyonu ve analizinin oluşturduğu vurgulanmıştır. Bir bağlantı haritalama programı, incelemeler için QTL tanımını hedef alan gruplar tarafından geliştirilmiştir. Genetik bağlantı haritası, *Spilocaea oleagina* ve *Verticillium dahliae*'ye karşı direnç gösterme gibi yüksek iki heterozigot kültürden elde edilen populasyon çaprazlamasından geliştirilmiştir. Genetik harita 569 AFLP, 279 RAPD, 62 SSR ve 6 SNP'ye dayanarak oluşturulmuş ve önemli metabolik yol üzerinde bulunan genlerin sekansı ile tanımlanmıştır. MAPMARKER/EXP v.3.0 programı kullanılarak resmedilmiştir. Sonuçlar 3:1 oranında ayrılan (heterozigot x heterozigot) AFLP'leri ve kodominant SSR ve SNP markörleri içeren Join Map 3.0 programı tarafından sonradan analiz edilmiştir. 42 bağlantı grubu dişi atalar için, 28'i erkek atalar için elde edilmiştir. Dişi haritası için kapsam yüzdesi %68.3 iken, erkekler için %67.2 bulunmuştur (Ricciolini et al. , 2006).

Rajda Ben-Ayed ve ark. (2014), parmak izi için 8 adet mikrosatellit belirteç kullanarak 15 Tunus zeytin (*Olea europaea* L.) çeşidi arasında genetik benzerlik değerlendirmesi yapmışlardır. Soulela 1 ve Soulela 2 çeşitlerinden 32 adet seçilmiş, 2 bilinmeyen allel açığa çıkarılmış ve SSR başına allel sayısı 2 (UDO 12) - 6 (GAPU71A) arasında değişmiştir. Kümeleme analizinde 3 ana küme halinde çeşitler gruplandırılmış ve 2 sinonim olgu (Zalmati ve Chemlali; Rkhami ve Chetoui)

çözölmüştür (Chemlali Tataouine). DNA Genetik analizleri; yaprak ekstreleri, yağ ve embriyoların 2 bilinmeyen kùltivarları ve 2 büyük Tunus zeytin çeşidinde (Chemlali ve Chetoui) çalışılmıştır. Sonuç olarak, bu iki doğal çeşidin güvenilir tanımlanmasında bu belirteçlerin kullanılabileceđi belirtilmiştir.

Polimeraz zincir reaksiyonun (PCR) bulunmasından sonra DNA markörleri kullanarak gen etiketleme, genetik haritalama, harita temelli tarımsal açıdan önemli genlerin belirlenmesi, genetik çeşitlilik çalışmaları, filogenetik analizler, markörler yardımıyla seleksiyon (MAS) çalışmaları kolaylaşmıştır (Joshi vd., 2000). RFLP, ilk moleküler markör tekniđi olup bitkilerde fiziksel haritalamada kullanılmış ve PCR teknolojisinin keşfiyle beraber RAPD, AFLP, SSR gibi teknikler geliştirilmiş, bu teknikler popülasyon genetiđi çalışlarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Althoff vd., 2007).

İran'da 56 badem çeşidi 35 SSR ve 14 morfolojik primer kullanarak analiz edilmiştir. Çalışmada kullanılan 35 SSR primerinden 25 adedi polimorfik bulunurken, toplam 215 allel elde edilmiş ve lokus başına allel sayısı 2-16 arasında (ortalama 8,76) belirlenmiştir. SSR analizine dayalı olarak badem genotipleri dendogramda 5 ana gruba ayrılmıştır. SSR lokuslarında ortalama beklenen heterozigotluk CPTCT3'de 0,92 ile UDP96-008'de 0,17 arasında bulunmuştur. Gözlenen heterozigotluđun en yüksek seviyesi XAM18 ve CPPCT22'de en düşük ise UDP96-008'de belirlenmiştir. Çalışmada gözlenen en yüksek polimorfik lokus (%71), lokus başına ortalama allel sayısı (8,76), beklenen heterozigotluk (0,775), ortalama PIC (0,475) ve PI (0,258) deđerleri SSR primerlerinin çalışılan badem genotipleri arasındaki genetik varyasyonu tanımlayabilmektedir. Tüm lokuslarda yüksek heterozigotluk seviyesi (0,697) bademin karşılıklı tozlaşması ve kendine uyumsuzluk özelliđinden kaynaklanabileceđi ifade edilmiştir. Bu çalışmada elde edilen polimorfik SSR lokus yüzdesi (%71) RFLP için kabul edilenden (%21) daha yüksek olduđu için SSR primerlerinin bademde çeşit tanımlamada daha iyi bir sistem olduđu vurgulanmıştır (Fathi et al., 2008).

Klemantin mandarininde genetik bağlantı haritasının oluşturulması amacıyla C. maxima ve C. clementina popülasyonu kullanılmıştır. Chandler pummelo x Clemenules melezlemesinden elde edilen 190 melez birey 46 SSR mörkörü

kullanılarak amplifiye edilmiştir. Bu çalışma uluslararası bir projenin parçası niteliğinde gerçekleştirilmiştir. İki Fransız kuruluşu (CIRAD ve INRA), Amerika'dan iki grup (UF-CREC ve UCR), İspanya'dan (IVIA), Fas (INRA) ve Türkiye'den Çukurova Üniversitesi bu uluslararası projeye dâhil olmuştur. Projenin ana hedefi Turunçgil Genom Haritasını oluşturmaktır. Genetik haritanın oluşturulmasında I. aşama analizlerinde, tez kapsamında çalışılan 46 SSR primeri kullanılmış ve 310 cM uzunluğunda elde edilen 9 bağlantı grubunda 26 markör haritalanmıştır. Projeye katılan tüm partnerlerden elde edilen veriler birleştirilerek II. aşama analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu analizler sonucunda otuz üç primer tez kapsamında çalışılan primerler olmak üzere 247 SSR primeri ile genetik harita oluşturulmuştur. Genetik haritada 247 markör 10 gruba dağılmıştır (Turunç , 2010).

'Meeker' kırmızı ahududu çeşidi (*Rubus ideaus*) ve 'Marion' böğürtlen çeşitlerinden (*Rubus hybrid*) izole edilen 12 SSR primeri 48 ahududu ve 48 böğürtlen genotipinde genetik ilişkilerin belirlenmesi için analiz edilmiştir. Çalışmada RhM031 primeri ahudududa herhangi bir sonuç ortaya koymazken, RiG001 primeri böğürtlen ve hibrit tiplerde amplifikasyon oluşturmamıştır. Başarılı amplifikasyon oluşturan 12 SSR primerinde primer çifti başına elde edilen PCR ürünlerinin sayısı böğürtlen ve hibritlerde ahududuya göre daha yüksek bulunmuştur. Bu değerler böğürtlende 3-29 arasında, kırmızı ahudududa 1-15 arasında belirlenmiştir. Yüksek gözlenen ve beklenen heterozigotluk, yüksek polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve düşük melezleme katsayısına dayalı en iyi SSR lokusu sırasıyla RiM019, RhM003 ve RhM011'de elde edilmiştir (Castillo and Reed, 2010).

Antepfistığında dört farklı motif ile zenginleştirilerek oluşturulan genomik kütüphanenin kullanılmasıyla ortaya çıkan SSR lokuslarından yeni ISSR primerlerinin antepfistığı, ceviz, elma, kayısı ve kiraz türlerinde test edilmesi ile geliştirilmesi amaçlanmıştır. Çalışmada herbir türden sekiz çeşit veya genotip ile birlikte yeni dizayn edilen 137 adet ISSR primeri kullanılmıştır. British Columbia üniversitesi tarafından geliştirilen 36 ISSR primeri de karşılaştırma amaçlı kullanılmıştır. Yeni geliştirilen ISSR primerleri ile antepfistığında, 618'i polimorfik olmak üzere toplam 791 bant, cevizde 395'i polimorfik olmak üzere toplam 613 bant, elmada, 496'sı polimorfik olmak üzere toplam 696 bant, kayısıda, 429'u polimorfik olmak üzere toplam 666 ve kirazda ise 281'i polimorfik olmak üzere

toplam 514 bant elde edilmiştir. Elden edilen toplam bant sayısı ve polimorfizm seviyesi bakımından yeni geliştirilen ISSR primerleri UBC primerleri ile benzer özellik göstermişlerdir (Karadut et al., 2013).

Hırvatistan, Türkiye ve Kuzey Kıbrıs Türk Cumhuriyeti'nden temin edilen 50 adet keçiboynuzu (*Ceratonia siliqua* L.) genotipinin genetik ilişkileri 5 SSR primeri ile araştırılmış ve tartışılmıştır. SSR analizleri sonucunda elde edilen toplam allel sayısı 16 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen 16 allelin tamamının polimorfik sonuçlar verdiği gözlenerek polimorfizm oranının %100 olduğu tespit edilmiştir. Genotipler arasındaki genetik benzerlik oranının 0,46 ile 1,00 arasında değiştiği görülmüştür. Dendrogram iki ana gruba ayrılmış ve bu ana kolların birinde Adana-Kozan'dan temin edilen bir genotip ile Kuzey Kıbrıs Türk Cumhuriyetinden elde edilen Kalkanlı 4 genotipi yer almıştır. Diğer ana kolda ise çalışmada kullanılan diğer tüm genotipler kümelenmiştir. Bu iki ana kolun birbirine olan yakınlığı yaklaşık olarak %46 oranında tespit edilmiştir. Çalışmada kullanılan değişik orjinli genotiplerin birbirinden tam olarak ayrılmadığı tespit edilmiştir (Ercişli , 2014).

Bazı tarımsal karakterler ve zeytinyağı yağ asitlerinin içeriği basit tekrarlı dizisi (SSR) ve ilişkili SSR işaretçileri kullanılarak tespit edilmiştir. SSR markör analizi zeytin çeşitleri arasındaki genetik varyasyonun yüksek oranda olduğunu göstermiştir. UPGMA dendrogramı zeytin çeşitlerinin coğrafi köken temelinin ortak olmadığını göstermiştir. Yağlı çeşitlerin zeytinyağı asit bileşenleri belirlenmiştir. Sonuçlar varyasyonun zeytin çeşitlerinde yağ asidi kompozisyonu açısından yüksek olduğunu göstermiştir. Örneğin, oleik asit içeriği 57.76 dan standart sapma % 5,10 ile %76.9 arasında değişmiştir. Zeytin yağı yağ asitleri arasında korelasyon gözlenmiştir. Örneğin, çok yüksek negatif korelasyon (-0,812) oleik ve linoleik asitler arasında tespit edilmiştir. Yapı analizinde zeytin çeşitleri için iki gen havuzu ( $K = 2$ ) belirlenmiştir. Bu gen havuzları için çeşitlerin belirlenmesi coğrafi kökene dayalı olarak yapılmamıştır. Stearik, oleik, linoleik ve linolenik zeytinyağı asitlerinin gruplandırılması SSR ile yapılmış; En yüksek gruplar ( $p < 0.001$ ) oleik asit de *ssrOeUA-DCA14* ve stearik asit de *GAPU71B* olduğunu göstermiş ve zeytinde markör-destekli seleksiyon için kullanılabilir olduğu bulunmuştur ( İpek et al. , 2015).

Cezayir'in zeytin ekili farklı bölgelerinden örneklenmiş zeytin ağaçlarının genetik çeşitliliğini değerlendirmek için nükleer mikrosatellit işaretçiler kullanılmıştır. *Olea europaea* L. çeşitlerinde genetik ilişkiyi incelemek için toplam 11 polimorfik mikrosatellit işaretleyiciler kullanılmıştır. Lokus başına allel sayısı 6 ila 21 arasında değişmiş ve ortalama 11 allel olmuştur. Çalışılan her belirteçle genotipler arasında yüksek genetik çeşitlilik gözlenmiştir. 3 mikrosatellit belirteç 20 zeytin çeşidini ayırt etmek için yeterli olmuştur. Toplam 129 tekrarlanabilir bant üretilmiş ve çeşitler dokuz gruba kümelenebilmiştir. Homonimler ve aynı katılımların arasındaki allel farklılıkları tespit edilmiştir. Bu çalışmada elde edilen bilgiler Cezayirdeki zeytin çeşitlerinin kökenine biraz ışık tutmuştur (Abdessemed et al. , 2015).

Ulusal zeytin gen bankasındaki 96 genotip DNA'ya dayalı yöntemler olan RAPD, AFLP ve SSR markör teknikleri uygulanarak moleküler düzeyde tanımlanmıştır. SSR markör analizinde 14 primerden 62 polimorfik bant elde edilmiştir. Her teknikten elde edilen veriler ile genetik uzaklık matrisi ve dendrogram oluşturulmuştur. Ayrıca üç tekniğin verilerinin birleştirilmesi sonucunda toplam 1196 adet polimorfik bant değerlendirilerek dendrogram ve genetik uzaklık matrisi elde edilmiştir. İncelenen 96 genotipte AFLP markör analizinde popülasyonda genetik uzaklık bakımından en düşük değer 0.15, en yüksek değer 0.71 olmuştur. SSR markör analizinde ise en düşük ve en yüksek genetik uzaklık değerleri ise 0.00 ile 0.87 olarak saptanmıştır. RAPD, AFLP ve SSR markör analizi verileri birlikte değerlendirilerek elde edilen genetik uzaklık matrisinde, en düşük değer 0.14, en yüksek değer ise 0.70 olarak belirlenmiştir (Çetinet al. , 2017).

Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü (BATEM) ve Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsüne (KTAE) ait 35 adet kendilenmiş cin mısır hattı moleküler analize tabi tutulmuştur. Moleküler karakterizasyon için 21 adet SSR primeri kullanılmış ve hatlar arasındaki genetik uzaklıklar tespit edilmeye çalışılmıştır. Araştırma sonucunda; kümeleme analizi ile elde edilen dendrograma göre cin mısır hatları 2 ana ve 5 alt gruba ayrılmıştır. Çalışmada kullanılan hatlar 0.44 ile 0.95 aralığında benzerlik göstermişlerdir. Çalışmada kullanılan hatlardan 9 ve 28 nolu hatlar yakın akraba bulunur iken, 1 ve 23 nolu hatların uzak akraba olduğu tespit edilmiştir. Elde edilen bu sonuca göre BATEM ve KTAE'ye ait kendilenmiş cin

mısır hatları arasında genetik olarak bir varyasyonun olduğu tespit edilmiştir (Öztürk, 2017)

Avokado gen kaynaklarının moleküler karakterizasyonu, moleküler markörlerin ilk gelişimi ile başlamış olmasına rağmen, üç botanik ırk arasındaki genetik ilişkiler hala belirsiz olarak ifade edilmiştir. Burada, avokadoda (*Persea americana* Mill) 47 yeni mikrosatellit gelişimini ve çözülmemiş soruları ele almak için dikkatlice tasarlanmış çeşitli genetik çalışmaların sonuçlarını bildirmişlerdir. Kırk yüksek kalitede, tek loküslü belirteçler (25 basit dizi tekrarı (SSR) ve 15 ifade edilmiş sekans etiketi-SSR (EST-SSR)), tanımlanan üç botanik ırkını temsil eden seçilmiş 42 gruptan oluşan bir grupta değerlendirilmiştir. Toplam 455 allel (her lokus için 11.4 allel) tespit edilmiştir. Ortalama beklenen ve gözlenen heterozigotlukların ortalaması sırasıyla 0.831 ve 0.674 olarak belirlenmiştir. Tüm katılımcılar botanik ırklara dayanarak belirlenen üç grup olduğuna karar vermişler ve elde edilen varyasyonun% 25'inin gruplar arasında bölünmüş durumda olduğu görülmüştür. Her grup içindeki çeşitlilik analizi, spesifik belirteçler kullanılarak yapılmış , allelerin tanımlanması sağlanmıştır.(Gross-German ve Viruel, 2013)

Çanakkale ilinde ıspanak üretimi yapılan alanlarda Hıyar mozaik virüsü (Cucumber mosaic virus; CMV) enfeksiyonunun belirlenmesi ve karakterizasyonu amacı ile 2016–2017 yılları üretim sezonunda arazi çıkışları gerçekleştirilmiştir. Yapılan arazi çıkışlarında virüs ve virüs benzeri simptom gösteren 66 ıspanak örneği toplanmıştır. Toplanan örnekler CMV varlığının belirlenmesi amacıyla DAS-ELISA yöntemi ile test edilmiştir. Testlemeler sonucunda örneklerden dört tanesi CMV ile enfekteli olarak bulunmuştur. Enfekteli bulunan izolatlar arasından bir tanesi rastgele seçilerek moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Moleküler karakterizasyon çalışmaları sonucunda Çanakkale CMV ıspanak izolatu dünya CMV izolatları ile nükleotid düzeyinde %87–98 ve aminoasit düzeyinde ise %91–99 oranında benzerlik göstermiştir. Ayrıca gerçekleştirilen filogenetik analizler sonucunda bu izolatın altgrup IA'da yer aldığı belirlenmiştir (Kurtoğlu , S.Korkmaz , 2018)

Araştırma, Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü yem bitkileri ıslah programı kapsamında geliştirilen elit domuz ayrığı klonlarının akrabalık derecelerini ve genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla yürütülmüştür. Çalışmada 32 genotip ve 24

SSR primeri kullanılmıştır. Moleküler analiz sonucunda SSR primerleri toplamda 126 allel üretmiştir. Allel sayısı 3 ila 7 arasında değişmiş ve lokus başına düşen ortalama allel sayısı 5,25 olarak bulunmuştur. Elde edilen allel büyüklükleri ise 101 bp ile 354 bp arasında değişmiş ve polimorfizm oranı her primer için %100 olarak gerçekleşmiştir. Bireyler arasında uzaklık derecesi Jaccard genetik uzaklık katsayısı kullanılarak elde edilmiş ve 0,21 ile 0,84 arasında değişmiş ve genetik çeşitlilik seviyesi yüksek bulunmuştur. Genotiplerden elde edilen 126 allelin 28'nin nadir alleller olduğu ortaya çıkmıştır. Jaccard genetik uzaklık katsayısı kullanılarak yapılan neighbor joining analizi sonucunda oluşturulan dendrogram 3 ana gruba ayrılmıştır. A grubu en büyük grubu oluşturmuş ve bünyesinde 15 genotip barındırmıştır. B grubu orijini aynı bölge olan 13 genotiple ikinci büyük grubu oluşturmuştur. C grubu ise en küçük grup olup orijini Türkiye'nin kuzeyi olan genotipleri barındırmıştır. Moleküler analizler domuz ayrığı genotiplerinin önemli derecede genetik varyasyon taşıdığı ve ıslah programı için değerli kaynaklar olduğunu ortaya koymuştur. Bunlara ek olarak, SSR tekniğinin domuz ayrığı genotiplerini moleküler olarak tanımlamada oldukça uygun ve etkili bir teknik olduğu sonucuna varılmıştır (Cömertpay , H.Özpınar , 2018).

Çalışmada F<sub>2</sub> aşamasındaki iki popülasyona ait genotipler SCAC568 CAPS markeri kullanılarak test edilmiştir. Her iki popülasyondan toplam 110 adet F<sub>2</sub> bitkisine ait genomik DNA SCAC568 CAPS markeri ile PCR'da çoğaltılmış ve elde edilen PCR ürünleri XbaI ya da TaqI enzimleri ile kesilmiştir. Kesim ürünleri % 2'lik agaroz jelde ayrıştırılarak UV altında görüntülenmiştir. Çalışma sonuçları popülasyonlardan bir tanesine ait F<sub>2</sub> genotiplerinde heterozigot ve homozigot düzeyde beklenen genotipik açılımı (1RR:2Rr:1rr) verirken diğer popülasyonda F<sub>2</sub> seviyesinde beklenen açılımın elde edilebilmesi için her iki enzime ait kesim sonuçlarının birlikte değerlendirilmesi sonucu dayanıklı ve hassas bireylerin heterozigot ve homozigot seviyede ayırt edilebileceğini göstermiştir. Sonuçlar açılım gösteren F<sub>2</sub> popülasyonlarında SCAC568 CAPS markerinin TSWV'ye karşı hassas ve dayanıklı genotiplerin belirlenmesinde, iki enzime kesim yapılarak başarılı bir şekilde kullanılabilceğini teyit etmiştir (İtken, 2019).

Triploid üreme, çekirdeksiz melezleri elde etmenin etkili bir yoludur. Yapay üremeye ek olarak, bazı triploid çeşitler Citrus cinsinde doğal olarak bulunur.



Japonya'da patentli yeni bir limon eşidi olan Sarı an; açık tozlaşan 'Villafranca' meyvesinin küçük tohumlarından seçilmiştir ve ebeveyni bilinmemektedir. Sarı anın ebeveynini karakterize etmek için, muhtemel ebeveyn çeşitler SSRs marker kullanılarak genotiplendirildi ve ebeveyn ilişkileri tri-allel marker genotiplerinin kalıtımıyla belirlendi. Sonuç olarak, Sarı anın polen veren ebeveyni, aynı meyve bahçesindeki anne ağacından 40 metre uzakta büyüyen Yaz Taze olarak belirlenmiştir. Uzun bir ekim tarihine sahip Tahiti misket limonunun ebeveyni de benzer şekilde değerlendirilmiş ve Meksika misket limonunun ebeveyn olduğu doğrulanmıştır. (Michiharu Nakano , 2019)



### **3. MATERYAL VE YÖNTEM**

Bu çalışma 2017 yılında Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

#### **3.1. Materyal**

Araştırmanın materyalini Öntuğ Fidancılık Tarım Ürünleri Gıda Sanayi Ticaret Ltd. Şti firmasından temin edilen 10 genotip oluşturmuştur.

Bu genotipler; Ayvalık, Çekişte, Memecik, Sarı ulak, Yamalak sarısı, Gemlik, Domat , Manzila, Bodur Arbequine ve Kalamatadır.

#### **3.2. Yöntem**

##### **3.2.1. DNA İzolasyonu İçin Yaprak Örneklerinin Alınması**

DNA izolasyonu için hastalık ve zararlılardan uzak ve yeni açmakta olan genç yapraklar kullanılmıştır. Yapraklar uygun koşullarda laboratuvara getirildikten sonra DNA izolasyonuna kadar -80°C de muhafaza edilmiştir.

##### **3.2.2. DNA İzolasyonu**

Zeytin DNA'sı 50-60 mg yaprak materyalinden, CTAB ekstraksiyon protokolü kullanılarak izole edilmiştir (Weising vd., 1991). Bu amaçla, yaprak örnekleri porselen havan içinde sıvı azot kullanılarak parçalanmıştır. Örnekler üzerine 500 µl DNA izolasyon tampon çözeltisi (1M Tris-HCl pH 8.0, 0.5 M EDTA, 5 M NaCl, 20 g CTAB) ve 0.8 g PVP, 100µl β-mercaptoethanol ilave edilmiş ve örnekler bir müddet daha tampon çözeltisi içinde ezildikten sonra eppendorf tüplerine alınmıştır. Homojenize örnekler 55°C su banyosu içerisinde 1 saat süreyle inkübe edilmiş ve inkübasyon boyunca örnekler belli aralıklarla karıştırılmıştır. İnkübasyondan sonra örneklere 500 µl kloroform eklenip tüpler yavaşça karıştırıldıktan sonra 16 rcf 'de 7 dakika santrifüj edilerek, süpernatant yeni eppendorf tüplerine aktarılmıştır. Süpernatant üzerine 0.08 hacminde soğuk 7.5 M amonyum asetat ve 0.54 hacminde

soğuk izopropanol ilave edilerek karıştırılmış ve 30-40 dakikalık süreyle buz üstünde inkübe edilmiştir. Çözelti 16 rcf 'de 3 dakika santrifüj edilerek süpernatant uzaklaştırılmıştır. Sonra çökelti (pellet) önce 700 µl % 70'lik soğuk etanol ilave edilerek karıştırılmış, sonra 16 rcf 'de 1 dakika santrifüj edilerek sıvı kısmı atılmıştır. Pelete 700 µl % 95'lik soğuk etanol ilave edilerek karıştırılmış ve 16 rcf 'de 1 dakika santrifüj edilerek süpernatant uzaklaştırılmıştır. Daha sonra peletin ağız kısmı aşağıya gelecek şekilde 15 dakika kurutulmuştur ve kuruyan DNA'nın üzerine 50 µl TE tampon çözeltisi (1 M Tris-HCl pH 8.0, 0.5 M EDTA) konularak DNA oda sıcaklığında çözülmüştür. DNA kalitesi ve konsantrasyonu her örneğin %1,2'lik agaroz jel elektroforezinde koşturulan standart  $\lambda$ -DNA' larla mukayese edilmesi suretiyle ve de spektrofotometre de 260 ile 280 nm dalga boylarında okumayla kontrol edilmiştir.

### **3.2.3. SSR Analizi**

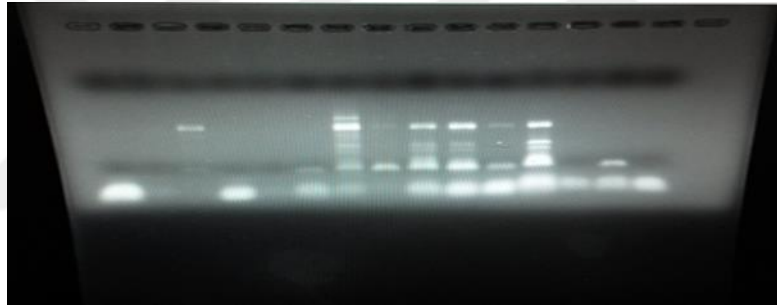
Çalışmada daha önceden gerçekleştirilen birçok araştırma kapsamında kullanılan ve başarılı sonuçların alındığı SSR primerleri arasından seçilen 10 SSR primer çifti kullanılmıştır.( Çizelge 1.1.)

<b>SSR</b>	<b>Forward (İleri)</b>	<b>Reverse (Geri)</b>
<b>GAPU103</b>	TGAATTTAACTTTAAACCCA CACA	GCATCGCTCGATTTTTATCC
<b>GAPU101</b>	CATGAAAGGAGGGGGACAT A	GGCACTTGTTGTGCAGATTG
<b>UDO99-011</b>	TGACTCCCTTTAAACTCARC AGG	TGCGCATGTAGATGTGAATAT G
<b>UDO99-012</b>	TCACCATTCTTAACTTCACA CCA	TCAAGCAATTCCACGCTATG
<b>GAPU47</b>	GATCAGCTTAGTCTCATATT CTCTCTC	CCTCGACTGATTTACACACCA
<b>UDO 11</b>	TET- CTTAACTTTGTGCTTCTC	AGTGACAAAAGCAAAAAGAC
<b>UDO12</b>	TCACCATT <sub>Cn</sub> - AACTTCACACCA	TCAAGCAATTCCACGCTATG
<b>UDO24</b>	GGATTTATTAAGCAAAAC ATACAAA	CAATAACAAATGAGCATGAT AAGACA
<b>DCA3</b>	(FAM)CCAAGCGGAGGTGTAT ATTGTTAC	TGCTTTTGTCTGTTTGAGAT GTTG
<b>DCA4</b>	(FAM)TTAACTTTGTGCTTCTC CATATCC	AGTGACAAAAGCAAAAAGACT AAAGC
<b>DCA 09</b>	TET- ATCAAAGT <sub>d</sub> TCCTTCTCATTT CG	GATCC <sub>rr</sub> CCAAAAGTATAACCT CTC
<b>DCA16</b>	TTAGGTGGGATTCTGTAGAT GGTTG	TTTAGGTGAGTTCATAGAAT TAGC
<b>GAPU 59</b>	CCCTGCTTTGGTCTTGCTAA	CAAAGGTGCACTTTCTCTCG
<b>GAPU 71</b>	GATCATTTAAAATATTAGAG AGAGAGAGA	TCCATCCATGCTGAACTT
<b>UDO99-008</b>	AAAAACACAACCCGTGCAAT	AAATTCCTCCAAGCCGATCT

Çizelge 1.1. Zeytin genotipleri için kullanılan primer çiftleri

Yukarıda belirtildiği şekilde her bir genotipten çıkarılan DNA'lar 10 SSR primer kombinasyonu (Faizo ve ark., 2003; Fukino ve ark., 2008) ile amplifiye edilmiştir. PCR reaksiyonu toplam hacim 15 µl olacak şekilde aşağıdaki bileşenlerden meydana getirilmiştir. Reaksiyon koşulu 1 µl DNA (20 ng DNA), 1 µl dNTP (0.1 mM dNTPs), 1.5 µl MgCl<sub>2</sub> (2.5 mM MgCl<sub>2</sub>), 0.2 µl Taq DNA polimeraz (0.6 U Taq DNA polymerase), 2 µl her bir primer (0.3 µM her bir primer), 1.5 µl (1 X ) PCR buffer ve 5.8 µl ddH<sub>2</sub>O şeklinde hazırlanmıştır.

PCR protokolü, 94°C'de 5 dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 94°C'de 30 sn, 55°C'de 30 sn, 72°C'de 60 sn ve son olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. PCR işleminden sonra PCR ürünleri % 2'lik agaroz jel içerisinde 90 volt elektrik akımı altında 1 saat 45 dakika süreyle yürütülmüştür (Dirlewanger vd., 2002; Fathi vd., 2008).(Şekil 1.1.)



Şekil 1.1.Farklı primerler ile yapılan PCR ve Elektroferez Jel görüntüsü

#### 3.2.4. Moleküler Verilere Ait Analizler

Araştırmada kullanılan genotiplere ait genetik analizler Selli vd. (2007)'de belirtildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Buna göre; genetik parametreler (her lokusa ait allel sayısı (n), spesifik allel sayısı, beklenen heterozigotluk (He), gözlenen heterozigotluk (Ho) oranı, polimorfik bilgi içeriği(PBI) ve tespit olasılığı(TO)) IDENTITY 1.0 (Wagner ve Sefc, 1999) yazılım programı ile, benzerlik oranı indeksi ise Microsat (Minch ve ark., 1995) programı kullanılarak tespit edilmiştir. Genotiplere ait dendogram NTSYS (versiyon 2.02g, Exeter Software, Setauket, NY) yazılım programıyla oluşturulmuş ve görüntülenmiştir. Dendogram için UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic means) yöntemi kullanılmıştır.

## 4. ARAŞTIRMA BULGULARI

### 4.1. Zeytin Genotiplerinde SSR Analiz Sonuçları

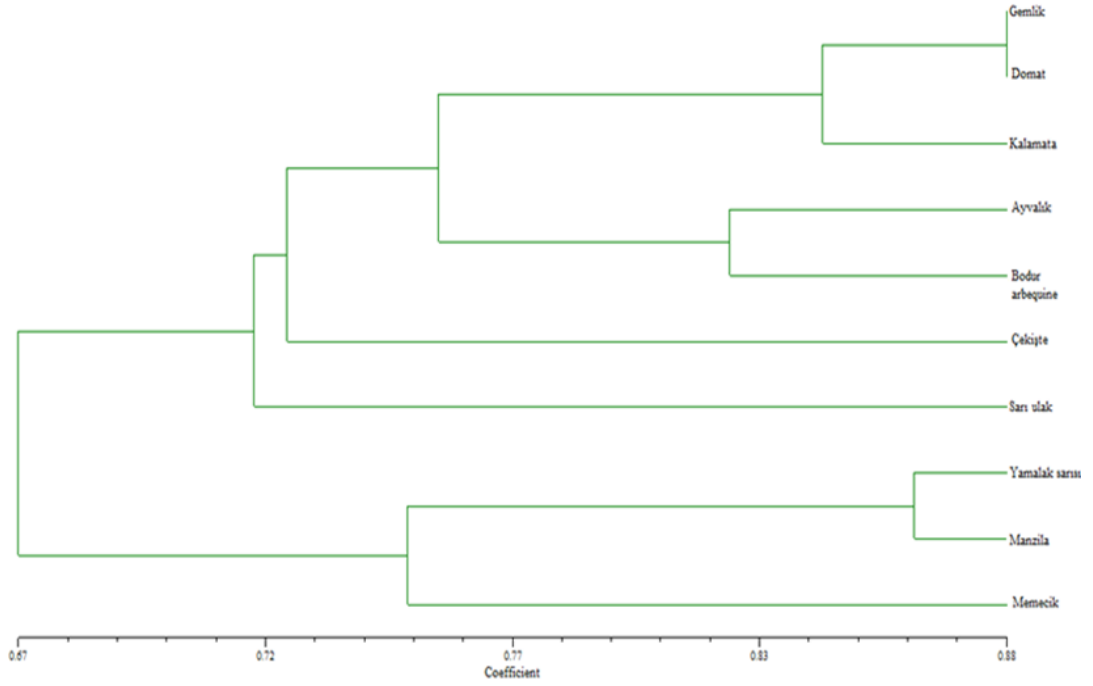
Primer	Allel sayısı	Spesifik Allel Sayısı	Bant Büyüklüğü (bç)	Ho	He	TO	PBI
UDO99-008	12	5	219-419	0,672	0,714	0,09	0,83
DCA4	10	3	149-390	0,74	0,85	0,36	0,613
GAPU59	7	3	214-306	0,62	0,74	0,811	0,73
GAPU103	11	5	144-313	0,712	0,801	0,274	0,650
GAPU47	9	3	134-246	0,60	0,62	0,34	0,564
GAPU101	12	5	146-205	0,724	0,711	0,07	0,79
DCA16	15	5	119-172	0,859	0,831	0,074	0,81
UDO99-011	14	6	201-288	0,64	0,86	0,08	0,81
UDO99-012	12	5	291-368	0,66	0,86	0,07	0,83
UDO24	11	4	184-266	0,65	0,68	0,33	0,515
<b>Toplam</b>	<b>113</b>	<b>44</b>					
<b>Ortalama</b>	<b>11,3</b>	<b>4,4</b>	<b>180-297</b>	<b>0,688</b>	<b>0,767</b>	<b>0,25</b>	<b>0,71</b>

Çizelge 2.1. Zeytinde SSR primer kombinasyonlarından elde edilen allel sayısı, bant büyüklüğü, gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk durumu, tespit olasılığı (TO) ve polimorfik bilgi içeriği (PBI) değerleri

Zeytinde 10 SSR primer çifti kullanılarak genotipler arasındaki genetik farklılık belirlenmiştir. SSR analizi sonucunda toplam allel sayısı 113, spesifik allel sayısı 44 adet ve bant büyüklüğü ise ortalama 180-297 bç arasında belirlenmiştir. Locus başına allel sayısı 7-15 arasında, ortalama 11,3 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. DCA16 ve GAPU101 primerlerinde beklenen heterozigotluk (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha düşük görülmüştür. En

fazla allel sayısı DCA16 (15 adet) ve UDO99-011 (14 adet), en yüksek beklenen heterozigotluk UDO99-011 (0,86) ve UDO99-012 (0,86) primer çiftlerinden, gözlenen heterozigotluk değeri ise DCA16 (0,859) primerinde tespit edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,515 ve 0,83 arasında değişim göstermiştir. En düşük PBI değeri (0,515) UDO24 primer çiftinde, en yüksek (0,83) ise UDO99-008 ve UDO99-012 primer çiftlerinden elde edilmiştir. En düşük tespit olasılığı (0,07) ile GAPU101 ve UDO99-012, en yüksek (0,811) GAPU59 primer çiftinde belirlenmiştir. Spesifik allel sayısı ile toplam allel sayısı arasındaki orantıya göre tespit olasılığı değişmektedir. Tespit olasılığı (TO) GAPU59 primer çiftinin toplam allel sayısı 7 , spesifik allel sayısı da 3 olduğu için 0,811 ile en yüksek değer çıkmaktadır:

Dice benzerlik değeri kullanılarak çeşit ve genotiplerin birbirleri ile olan ilişkilerini açığa çıkarmak için gruplandırma analizi UPGMA metodu kullanılarak NTSYS-pc programı ile yapılmıştır. Elde edilen gruplandırmanın benzerlik değerleri 0.58-0.88 arasında değişmiştir. Zeytin genotipleri arasında yapılan grup analizinde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 4 alt gruptan meydana gelmiştir. İlk grupta Gemlik, Domat ve Kalamata, ikinci grupta Ayvalık ve Bodur Arbequine, üçüncü grupta Çekişte ve dördüncü grupta Sarı ulak yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grupta Yamalak sarısı ve Manzila, ikinci alt grupta Memecik yer almıştır. Gemlik ve Domat çeşitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilmemiş ve bu iki çeşit bir arada gruplanmıştır. Çekişte, Sarı ulak, Memecik çeşitleri tek başına bir alt grup oluşturmuştur. Çalışmada Gemlik-Domat ve Kalamata, Ayvalık ve Bodur arbequine, Yamalak sarısı ve Manzila arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir.( Şekil 2.1.)



Şekil 2.1. SSR primer çiftleri ile zeytin genotip/çeşitlerinin UPGMA metodu ile gruplandırılması

Zeytinde genotipler için benzerlik matrisi Dice coefficient metodu kullanılarak NTSYS-pc programı yardımıyla hesaplanmıştır. Tüm genotipler kullanılarak hesaplanan Dice coefficient değerleri Çizelge 2.2.' te verilmiştir.

Bulunan benzerlik katsayıları 0.58-0.88 arasında değişim göstermiştir. Elde edilen en düşük değerler Sarı ulak ve Memecik ile Manzila ve Bodur arbequine arasında 0.58 olarak belirlenmiştir. Domat ve Gemlik arasındaki benzerlik katsayısı 0.88 olarak en yüksek benzerlik değeri olarak tespit edilmiştir. Manzila ve Yamalak sarısı arasındaki benzerlik katsayısı 0.86, Gemlik ve Kalamata arasında 0.84 olarak belirlenmiştir. Benzerlik katsayıları 0.58 olan 2 adet, 0.62-0.68 arasında değişen 16 adet, 0.70-0.76 arasında 17 adet, 0.80-0.88 arasında 10 adet örnek bulunmuştur. En yüksek sayıda benzerlik katsayısına 0.70-0.76 değerleri arasında ulaşılmıştır.



	<b>Ge mlik</b>	<b>Kala mata</b>	<b>Sarı ulak</b>	<b>Yam alak sarısı</b>	<b>Manz ila</b>	<b>Meme cik</b>	<b>Ayva lık</b>	<b>Dom at</b>	<b>Bodur arbequ ine</b>	<b>Çe kişte</b>
<b>Gemlik</b>	1,00									
<b>Kalamata</b>	0,84	1,00								
<b>Sarı ulak</b>	0,80	0,76	1,00							
<b>Yamalak sarısı</b>	0,64	0,76	0,64	1,00						
<b>Manzila</b>	0,62	0,70	0,66	0,86	1,00					
<b>Memecik</b>	0,66	0,66	0,58	0,74	0,76	1,00				
<b>Ayvalık</b>	0,70	0,70	0,62	0,70	0,68	0,76	1,00			
<b>Domat</b>	0,88	0,84	0,68	0,68	0,70	0,66	0,82	1,00		
<b>Bodur arbequin e</b>	0,80	0,72	0,72	0,64	0,58	0,66	0,82	0,80	1,00	
<b>Çekişte</b>	0,72	0,80	0,72	0,72	0,66	0,62	0,62	0,72	0,76	1,00

Çizelge 2.2. Zeytin genotipleri arasında Dice coefficient metoduna göre hesaplanan

benzerlik değerleri

## 5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR

Değişen çevre koşullarına karşın hızla büyümekte olan dünya nüfusunun beslenmesi sorunu, küresel ısınma ve iklim değişikliği şeklinde kendini gösteren küresel sorunlar, bitki genetik kaynaklarının önemini ve değerini ortaya koymaktadır. Artan dünya nüfusunun gıda gereksinimi günümüze dek bir ölçüde girdi kullanımı ve yüksek verimli çeşitler geliştirmek yolu ile karşılanmaktadır (Rao ve Hodgkin, 2002; Güleç vd., 2010). Geçtiğimiz yüzyılın ikinci yarısı çevre sorunlarının sınır aşan niteliğinin tüm dünyada belirgin bir şekilde hissedilmesine paralel olarak, uluslar arası düzeyde çözümlerin geliştirilmesine yönelik çalışmaların da yoğunlaştığı bir dönemdir.

Genetik kaynaklar, canlıların gelişimini yönlendiren genleri içerir. Bu genlerin farklı kombinasyonları şimdiye kadar yapılmış, gelecekte yapılacak bitki ve meyve ıslahı çalışmaları için son derece önemli olan genetik çeşitliliğin kaynağını oluşturmaktadır.

Sistematikçiler bitkilerde yapılan çalışmalarda daha doğru sonuçlar elde etmek amacıyla moleküler belirteçler kullanmaktadır. Bu yolla türler, cinsler ve familyalar arası genetik farklılıkların düzeyi daha etkin olarak belirlenmektedir. Ana-baba tarafından katılan karakterlerle mitokondri ve kloroplast gibi genellikle sadece anadan geçen karakterlerin taksonomi çalışmalarında, kombinasyon halinde kullanımı, muhtemel hibrit türlerin ortaya çıkarılabilmesi için daha etkili bir yöntem olmaktadır. Ayrıca moleküler belirteçler büyük yatırımlar yaparak çeşit geliştiren firma veya ıslahçı haklarının korunmasında da etkin olarak kullanılabilir (Çalışkan, 2005).

Temelde, iki farklı DNA belirteç tekniği mevcuttur. Birincisi DNA hibridizasyonuna dayalı RFLP; diğeri ise PCR'ye dayalı SSR, RAPD, AFLP ve SRAP teknikleridir. Yeni yaygınlaşmaya başlayan ve sağlık bilimlerindeki araştırmaların öncülük ettiği SNP, DNA zincirindeki tek nükleotid farklılığını kullanmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005; Vardar-Kanlıtepe vd., 2010).

Gelişmiş canlılarda henüz görevleri bilinmeyen, ancak düzenleyici rollere sahip olduğu düşünülen rastgele tekrarlanan DNA bölgeleri vardır. Tekrarlanan DNA'ların sağındaki ve solundaki zincirler o dizine özgüdür, yani spesifiktir. Bu dizinler SSR primerlerini dizayn etmek için kullanılarak belli bir lokus PCR'le klonlanıp çoğaltılır. PCR ürünleri ise jeller üzerinde büyüklüklerine göre ayrıldıktan sonra floresan, gümüş nitrat veya etidium bromid yöntemlerinden birisi ile tespit edilir. Polimorfizm, kaynağını tekrar sayıdan alır ve aynı sayıdaki tekrarları temsil eden her bant, farklı bir allele işaret eder. Tekrar sayısındaki farklılıkların kaynağı ise DNA replikasyonu sırasındaki kaymalardır (slippage). SSR belirteçleri genetik haritalama, genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Farklı meyve türleri üzerinde daha önce yapılan moleküler çalışmalarda RAPD, AFLP, SRAP, ISSR ve SSR markörlerinin türlere ait çeşit ve genotipleri birbirlerinden ayırmada ve genetik çeşitliliği belirlemede yüksek tekrarlanabilirlik ve multipleks oranı nedeniyle başarılı bir şekilde kullanıldığı tespit edilmiştir (Ercişli, 2007; Zamani, 2007; Kafkas, 2008; Yılmaz, 2010; Gulen, 2010; Pınar, 2013).

Bitki türlerinde genetik çeşitlilik ve akrabalık ilişkilerinin belirlenmesinde mikrosatelitler özel bir yere ve öneme sahiptir. Her tür için geliştirilen mikrosatelitler tür içi genetik çeşitlilik ve akrabalığı daha objektif bir şekilde tespit edebilmektedir. Ayrıca bir tür için geliştirilen mikrosatelitler yakın akraba türler için de transfer edilebilir veya kullanılabilir özelliktedir.

Yapılan bir çalışmada zeytinde GA/CT'ce zenginleştirilmiş kütüphaneler kullanılarak, gerçek anlamda ilk SSR lokusları tespit edilmiştir. 20 SSR lokusunun tespit edildiği çalışmada, araştırmacılar 20 zeytin genotipinde bunları kullandıklarında toplam 57 adet allele ulaşırlarken, 10 lokusta polimorfizm yakalamışlardır (Carriero ve ark., 2002). Frontoio'nun genomik kütüphanelerinde AC/GT ve AG/CT zengin tekrarların olduğu 52 SSR primeri 60 klon üzerinde çalışılmış ve aynı zamanda parmak izi tekniği uygulanmıştır (Cipriani ve ark., 2002). Kuzey İtalya bölgesinde yetiştirilen bazı zeytin çeşitlerinin morfolojik ve genetik karakterizasyonunu yapan Rotondi ve ark. (2003), SSR ve AFLP markör verileri ile morfolojik verilerin benzerlik gösterdiğini, morfolojik ayrımlarla tanımlanamayan sinonim ve homonimlerin DNA markörleri aracılığı ile ayırt edilebildiklerini ortaya

koymuşlardır (Belaj ve ark., 2003). Portekiz'den 30 genotip ve Akdeniz ülkelerinden 8 genotipin genetik farklılığını belirlemek amacıyla ISSR, SSR, AFLP teknikleri kullanılmış, bant görüntüleri ve allel değerleri UPGMA istatistik programına göre analiz edilmiş ve dendogram çizilmiştir. 38 genotip birbirinden ayırt edilmiştir (Gemmas ve ark. , 2004). DNA parmak izine dayalı SSR çalışmasında; Sicilya'nın 7 bölgesinden toplanan 30 zeytin genotipi GAPU, UDO, DCA serisine ait 12 floresan işaretli primerler kullanılıp otomatik kapiller sekans sistemi ile parça uzunlukları standart çeşitlere göre saptanmıştır. Elde edilen verilere göre 2 genotip sinonim olarak belirlenmiştir (La Mantia, 2005). *Olea europaea* L. çeşitlerinde genetik ilişkiyi incelemek için toplam 11 polimorfik mikrosatellit işaretleyicilerin kullanıldığı çalışmada, lokus başına allel sayısı 6 ila 21 arasında değişmiş ve ortalama 11 allel tespit edilmiş ve her belirteçle genotipler arasında yüksek genetik çeşitlilik gözlenmiştir. 3 mikrosatellit belirtecin 20 zeytin çeşidini ayırt etmek için yeterli olduğu sonucuna varılmış ve toplam 129 tekrarlanabilir bant üretilerek çeşitler 9 gruba kümelenebilmiştir. Homonimler ve aynı katılımların arasındaki allel farklılıkları tespit edilmiştir (Abdessemed S. et al. ,2015). Sicilya zeytin genotiplerinin genetik farklılıklarını belirlemek için DNA parmak izine dayalı SSR çalışmasında; GAPU, UDO, DCA serisine ait 12 floresan işaretli primerler kullanılıp otomatik kapiller sekans sistemi ile parça uzunlukları standart çeşitlere göre saptanmıştır. Elde edilen verilere göre 2 genotip sinonim olarak belirlenmiştir (La Mantia , 2005).

Mevcut olan bu çalışmada da zeytin genotiplerinin akrabalık ilişkilerini belirlemek amacı ile SSR moleküler markör tekniği kullanılmış olup, 10 zeytin genotipinin moleküler karakterizasyonu yapılmış, genotipler arasındaki genetik ilişki ortaya konulmuştur. Moleküler incelemeye alınan 10 zeytin genotiplerinin birbirleri içerisinde benzerlikleri olmasıyla birlikte farklılıkları da ortaya çıkmıştır.

Çalışmada toplam allel sayısı 113, spesifik allel sayısı 44 adet ve bant büyüklüğü ise ortalama 180-297 bp arasında belirlenmiştir. Lokus başına allel sayısı 7-15 arasında, ortalama 11,3 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun ( $H_e$ ) gözlenen heterozigotluktan ( $H_o$ ) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Benzerlik dendrogramı incelendiğinde çalışmada kullanılan çeşitlerin en az % 70 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Zeytin çeşitleri arasında yapılan analizde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 3 alt gruptan

meydana gelmiştir. İlk grupta Gemlik, Domat ve Kalamata, ikinci grupta Ayvalık, Bodur arbequine ve Çekişte, üçüncü grupta ise Sarı ulak yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grupta Yamalak sarısı ve Manzila bulunurken, ikinci alt grupta Memecik yer almıştır. Gemlik ve Domat çeşitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilmemiş ve bu iki çeşit bir arada gruplanmıştır. Çekişte, Sarı ulak ve Memecik çeşitleri tek başına bir alt grup oluşturmuştur. Çalışmada Ayvalık ve Bodur arbequine, Yamalak sarısı ve Manzila arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir.

Elde edilen sonuçlara göre zeytin genotiplerinin tanımlama ve sınıflandırmalarının yapılabilmesi için SSR markörlerinin kullanışlı olduğu sonucuna varılmıştır. Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar, zeytin genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında, zeytin genotiplerinin karakterizasyonunda ve gelecekte yapılacak ıslah programlarında ebeveyn seçiminde kullanılabilme özelliğine sahiptir.

Son yıllarda PCR'a dayalı yeni markör sistemlerinin geliştirilmesi pek çok bitki türünde olduğu gibi zeytin meyvesinde de yapılacak olan moleküler ıslah çalışmalarında stratejik rol oynayacaktır. Teknolojinin gelişmesi ile analiz başına harcanan emek ve maliyet azalacaktır. Bunun sonucu olarak ıslah süreci kısaltarak çalışılan meyvelere ait daha kesin ve detaylı bilgiler elde edilecektir.

## KAYNAKLAR

- Abdussemmed S. ,Muzzaupo, I. (2015).Cezayir zeytin arasındaki genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi (Olea europaea L.) çeşitlerinin SSR belirleyicisini kullanarak, Constantine, Cezayir.
- Ahmet ÖZTÜRK(2017). Kendilenmiş Cin Mısır Hatlarının SSR Primerler Kullanılarak Moleküler Karakterizasyonu, Süleyman Demirel University Journal of Natural and Applied Sciences Volume 21, Issue 2, 570-577, 2017.
- Alba, V., Montemurro, C., Sabetta,W., Pasqualone, A., Blanco, A., (2009). SSR-based identification key of cultivars of Olea europaea L. diffused in Southern-Italy.Sci. Hort. 123, 11e16.
- Albayrak, G.,Gözükırmızı, N.(1999). RAPD Analysis of Genetic Variation in Barley. Tr. J. Of Agriculture and Forestry, 23: 627-630.
- Ali Kurtoğlu , Savaş Korkmaz (2018). Çanakkale İli Ispanak Üretim Alanlarındaki Hıyar Mozaik Virüsü (Cucumber Mosaic Virus; CMV) Enfeksiyonunun Belirlenmesi ve Moleküler Karakterizasyonu, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi , Çanakkale.
- Ali Fathi, Behzad Ghareyazi, Ali Haghazari, Mohammad Reza Ghaffari, Seyed Mostafa Pirseyedİ, Saeid Kadkhodaei, Mohammad Reza Naghavi, Mohsen Mardi,(2008). Assessment of the Genetic Diversity of Almond (Prunus dulcis) Using Microsatellite Markers and Morphological Traits Article 4, Volume 6, Issue 2, Spring 2008, Page 98-106.
- Amirbakhtiar,N., Shiran, B., Moradi, H., Sayed-Tabatabaei, B.E.(2005). Molecular Characterization of Almond Cultivars Using Microsatellite Markers. ;Acta Hort. 726.
- Angiolillo, A.,Mencuccini, M., Baldoni, L.(1999). Olive (Olea europaea L.) genetic diversity assessed by amplified fragment length polymorphisms. Theor. Appl. Genet.98, 411–421
- Badjakov, I., Todorovska, E., Kondakova, V., Boicheva, R., Atanassov, A. (2006). Assesment the Genetic Diversity of Bulgarian Raspberry Germplasm Collection by Microsatellite and RAPD Markers. Journal of Fruit and Ornamental Plant Research. 14:61-76.
- Belaj A, Trujillo I, De La Rosa R, Rallo L. (2001). Polymorphism and discrimination capacity of randomly amplified polymorphic markers in an olive germplasm bank. J Am Soc Hort Sci 126:64–71.
- Ben Ayed R, Grati-Kamoun N, Moreau F, Rebai A. (2009). Comparative study of microsatellite profiles of DNA from oil and leaves of two Tunisian olive cultivars. Eur Food Res Technol 229:757–762.
- Carriero, F., Fontanazza, G., Cellini, F., Giorio, G.(2002). Identification of simple

sequence repeats (SSRs) in olive (*Olea europaea* L.). *Theor. Appl. Genet.* 104,301e307.

C. A. Pontikis, M. Loukas & G. Kousounis(1980). The use of Biochemical Markers to Distinguish Olive Cultivars. *Journal of Horticultural Science* Volume 55, 1980 - Issue 4.

Çetin, A.Mısırlı, B.Tanyolaç (2017). Zeytin (*Olea europaea* L.) Genotiplerinin DNA Markörleri Yardımı ile Karakterizasyonu. Bornova Zeytincilik Araştırma Enstitüsü,Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü,Ege Üniversitesi Mühendislik Fakültesi Biyomühendislik Bölümü, İzmir, Türkiye.

Dunja Bandelj,Jernej Jakše,Branka Javornik.(2004). Assessment of genetic variability of olive varieties by microsatellite and AFLP markers, *Euphytica* April 2004, Volume 136, Issue 1, pp 93–102.

David M Althoff , Matthew A Gitzendanner , Kari A Segraves, (2007). The Utility of Amplified Fragment Length Polymorphisms in Phylogenetics: A Comparison of Homology within and between Genomes, *Systematic Biology*, Volume 56, Issue 3, June 2007, Pages 477–484.

Ebru Sakar, Menşure Çelik (2012). Molekuler analysis of olive germplasms grown in Adıyaman based on SSR markers,Harran üniversitesi Ziraat fakültesi Bahçe bitkileri bölümü ,Şanlıurfa.

Eduardo Gross-German,Maria Angeles Viruel,(2013). Molecular characterization of avocado germplasm with a new set of SSR and EST-SSR markers: genetic diversity, population structure, and identification of race-specific markers in a group of cultivated genotypes , *Tree Genetics & Genomes*, Volume 9, Issue 2, pp 539–555.

Elman Bahar ve ark.(2019). Ganos Dağları Doğal Florasında Bulunan Kültür Asmalarının (*Vitis vinifera* L.) Moleküler ve Ampelografik Karakterizasyonu , *Journal of Tekirdag Agricultural Faculty Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*Ocak/January 2019, 16(1) Başvuru/Received: 28/02/17 Kabul/Accepted: 23/09/18 DOI: 10.33462/jotaf.399858 , 2018 , Tekirdağ.

E. Dirlewanger, P. Cosson, M. Tavaud, M. Aranzana, C. Poizat ,A. Zanetto, P. Arús, F. Laigret.(2002). Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.), *Theoretical and Applied Genetics*,July 2002, Volume 105, Issue 1, pp 127–138.

Ferda Akansu(2008). Bazı standart ve kilis ili zeytin (*olea europaea* l.) çeşitlerinin srs (simple sequence repeats) markörler aracılığıyla genetik tanımlanması, Ankara.

Furnier, G.R., Cummings M.P., and Clegg M.T. (1990). Evolution of The Avocados as Revealed by DNA Restriction Fragment Variation. *J Hered* ,81,183–188.

- F. P. Marra & T. Caruso & F. Costa (2012). Genetic relationships, structure and parentage simulation among the olive tree (*Olea europaea* L. subsp. *europaea*) cultivated revealed by SSR markers , in Southern Italy.
- Giuseppina Las Casas , Francesco Scollo. (2014). Molecular characterization of olive (*Olea europaea* L.) Sicilian cultivars using SSR markers, University of Catania, Via Valdisavoia 5, 95123 Catania, Italy.
- Gomes, S., Martins-Lopes, P., Lopes, J., Guedes-Pinto, H. (2009). Assessing genetic diversity in *Olea europaea* L. using ISSR and SSR Markers. *Plant Mol. Biol.*.
- Gönül Cömerkan , Hüseyin Özpinar (2018). Elit Domuz Ayırığı (*Dactylis glomerata* L.) Genotiplerinde Genetik Çeşitliliğin SSR Markörleri ile Belirlenmesi, *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 7(1): 127-133, 2019, İzmir.
- Gülşen, O. ve Mutlu, N. (2005). Bitki Biliminde Kullanılan Genetik Markırlar ve Kullanım Alanları. *Alatarım*, 4(2):27-37.
- Gupta ve Rustgi,(2004). Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants, *Functional & Integrative Genomics* ,Volume 4, Issue 3, pp 139–162.
- G. Cipriani, M. T. Marrazzo, R. Marconi, A. Cimato, R. Testolin, (2002). Microsatellite markers isolated in olive (*Olea europaea* L.) are suitable for individual fingerprinting and reveal polymorphism within ancient cultivars, *Theoretical and Applied Genetics*, February 2002, Volume 104, Issue 2–3, pp 223–228.
- Hatice İtken ( 2019) . Farklı genetik kaynaklardan elde edilen F2 biber genotiplerinde (*Capsicum annuum* L.) TSWV'ye dayanıklılığın moleküler analizi, *MEDITERRANEAN AGRICULTURAL SCIENCES* (2019) 32(1) , Akdeniz Üniversitesi , Antalya.
- Innocenzo Muzzalupo, Francesca Pisani (2015). Direct DNA amplification from virgin olive oil for traceability and authenticity.
- Isabel Trujillo & Maria A. Ojeda & Nieves M. Urdiroz (2012). Identification of the Worldwide Olive Germplasm Bank of Córdoba (Spain) using SSR and morphological markers, Spain.
- İpek, A. İpek. (2014). Zeytin yağı yağ asidi içeriği ile zeytin çekirdeği genetik çeşitlilik analizinin SSR markörleri ile ilişkilendirilmesi, Şırnak Üniversitesi, Şırnak, Türkiye.
- Jeppe R. Andersen Thomas Lübberstedt (2003). Functional markers in plants, *Science Direct*. Volume 8, Issue 11, November 2003, Pages 554-560.
- Jean Pierre Genet, Monique Savignac, (1999). Recent developments of palladium(0) catalyzed reactions in aqueous medium, *Journal of Organometallic Chemistry* Volume 576, Issues 1–2, 15 March 1999, Pages 305-317.



- Karadut (2013). Antepfıstığı SSR lokuslarından yeni ISSR primerlerinin geliştirilmesi , Çorum.
- Karahan (2014). Bazı keçiboynuzu(*Ceratonia siliqua* L.) genotiplerinin SSRs (basit dizi tekrarları)'a dayalı genetik karakterizasyonu, Erzurum.
- Korzun, V.(2003). Molecular Markers and Their Applications in Cereals. Marker Assisted Selection: A Fast Track to Increase Genetic Gain in Plant and Animal Breeding.Session I: MAS In Plants.
- Köse, M.T.(2008). Türkiye Acurlarının (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) Genetik ve Morfolojik Karakterizasyonu, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Adana.
- Luciana Baldoni Nicola Tosti Claudia Ricciolini Angjelina Belaj Sergio Arcioni Giorgio Pannelli, (2006). Genetic Structure of Wild and Cultivated Olives in the Central Mediterranean Basin. *Annals of Botany*, Volume 98, Issue 5, November 2006, Pages 935–942.
- Linosa, N. Nikoloudakis. (2014). Genetic structure of the Greek olive germplasm revealed by RAPD,ISSR and SSR markers., Agricultural University of Athens, Iera Odos 75,118 55 Athens, Greece.
- Michiharu Nakano ve ark. (2019) . Determining the parental combinations of the triploid acid citrus cultivars ‘Yellow Bell’ and ‘Tahiti lime’ using DNA marker analyses , Elsevier *Scientia Horticulturae* Volume 246, 27 February 2019, Pages 893-897 , Meksika.
- M. Gonzalo ClarosRemedios CrespilloMaría L. AguilarFrancisco M. Cánovas, (2000). DNA fingerprinting and classification of geographically related genotypes of olive-tree (*Olea europaea* L.) *Euphytica* November 2000, Volume 116, Issue 2, pp 131–142.
- N. Ouazzani R. Lumaret P. Villemur F. Di Giusto, (1993). Leaf Allozyme Variation in Cultivated and Wild Olive Trees (*Olea europaea* L.), *Journal of Heredity*, Volume 84, Issue 1, January/February 1993, Pages 34–42.
- N. C. Oraguzie,Email author,H. IwanamiJ. SoejimaT. Harada,A. Hall, (2005), Inheritance of the Md-ACS1 gene and its relationship to fruit softening in apple (*Malus × domestica* Borkh.) , Inheritance of the Md-ACS1 gene and its relationship to fruit softening in apple (*Malus × domestica* Borkh.).
- Nina R.F. Castillo , Barbara M. Reed , Julie Graham , Felicidad Fernández-Fernández and Nahla Victor Bassil ,(2010). Microsatellite Markers for Raspberry and Blackberry in *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 271–278, Volume 135: Issue 3.
- Özkaya, E.Çakır, M.Ulaş (2006). Mardin, Şırnak İlleri Zeytinlerinin (*Olea europaea* L.) Seleksiyon Yolu İle Islahı ve Seçilen Tiplerin Moleküler Markörler

Aracılığıyla Genetik Tanımlanması Üzerine Araştırmalar, Ankara üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü –Ankara.

- Omrani-Sabbaghi, A., Shahriari, M., Falahati-Anbaran, M., Mohammadi, S.A., Nankali, A., Mardi, M., Ghareyazie, B. (2007). Microsatellite markers based assessment of genetic diversity in Iranian olive (*Olea europaea* L.) collections. *Sci. Hortic.* 112, 439–447.
- Ramiz Obaid, Hassan Abu-Qaoud & Rami Arafeh. (2014). Molecular characterization of three common olive (*Olea europaea* L.) cultivars in Palestine, using simple sequence repeat (SSR) markers, Biotechnology Research Center, Palestine Polytechnic University, Hebron, Palestine.
- Rayda Ben-Ayed Cinderella Sans-Grout. (2014). Genetic Similarity Among Tunisian Olive Cultivars and Two Unknown Feral Olive Trees Estimated Through SSR Markers, New York.
- R. Ahmad, L. Ferguson, S.M. Southwick, (2003). Molecular marker analyses of pistachio rootstocks by Simple Sequence Repeats and Sequence-Related Amplified Polymorphisms, *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, Volume 80, 2005 - Issue 3.
- R. Ben Ayed, K. Ennouri, H. Ben Hassen, A. Rebai, (2015). Molecular phylogeny to specify Zalmati and Chemlali Tataouine Tunisian olive cultivars, Volume 18(6). Published June, 01, 2015, ISSN 2286-5314.
- Scarano, M. T. Abbate, L., Ferrante, S., Lucretti, S., Tusa, N. 2002. ISSR-PCR Technique: a Useful Method for Characterizing New Allotetraploid Somatic Hybrids of Mandarin. *Plant Cell Rep*, 20: 1162-1166.
- Sefc, K.M., Steinkellner, H., Wagner, H.W., Glössl, J. and Regner, F. (1997). Application of Microsatellite Markers to Parentage Studies in Grapevine. *Vitis*.
- Shiran, B., Sorkheh, K., Rouhi, V., Gradziel, T.M., Martinez-Gomez, P. (2007). Molecular Characterization of Iranian Almond Cultivars and Related Wild Species Using Amplified Fragment-Length Polymorphism (AFLPs), Iranian.
- Shiran, B., Amirbakhtiar, N., Kiani, S., Mohammadi, Sh., Sayed-Tabatabaei, B.E., Moradi, H. (2007). Molecular Characterization and Genetic Relationship among Almond Cultivars Assessed by RAPD and SSR Markers. *Scientia*.
- Stafne, E.T., Clark, J.R., Weber, C.A., Graham, J., Lewers, K.S. (2005). Simple sequence repeat (SSR) markers for genetic mapping of raspberry and blackberry. *J. Amer. Hort.*, 130 (5): 722-728.
- SC Hokanson, AK Szewc-McFadden, WF Lamboy, JR McFerson, (1998). Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus × domestica* borkh. core subset collection, *Theoretical and Applied Genetics*, October 1998, Volume 97, Issue 5–6, pp 671–683.

- Turunç . (2010). Klemantin mandarininde (citrus clementina blanco) SSR markörleri ile genetik haritalama , Adana.
- Treuren, R.V., Kemp, H., Erusting, G., Jongejans, B., Houtman, H., Visser, L. (2010) . Microsatellite genotyping of apple (malus x domestica Borkh.) genetic resources in the Netherlands: Application in Collection Management and Variety Identification, *Genet. Resour. Crop Evol.*, 57(6): 853-865
- Uri Lavi, Mahinur Akkaya, Arvind Bhagwat, Emanuel Lahav, Perry B. Cregan. (1994). Methodology of generation and characteristics of simple sequence repeat DNA markers in avocado (*Persea americana* M.) *Euphytica*, Volume 80, Issue 3, pp 171–177.
- V. Ramanatha , Hodgkin, (2002). Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources, *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, Volume 68, Issue 1, pp 1–19.
- Vardar-Kanlıtepe, Ç., Aras, S., Cansaran-Duman (2010). Application of the molecular marker and gene transfer in plant breeding. *CAB Direct*. 20103267519.
- Wagner, H.W. and Sefc, K.M., 1999. *Identity 1.0*. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Science, Vienna.
- Weber, J.L. and May, P.E. 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American Journal of Human Genetics*, 44: 388-396.
- Wichmann, B., Gali, Zs., Molnar, S., Galbacs, Zs., Kiss, E., Szabo, T., Heszky, L., (2007). Molecular Identification of Old Hungarian Apple Varieties.
- Wünsch, A., Hormaza, J.I. (2007). Characterization of Variability and Genetic Similarity of European Pear Using Microsatellite Loci Developed in Apple. *Scientia Horticulturae*, 113(1): 37-43.
- Xu, Y., Ma., RC., Xie, H., Liu, JT., Cao, MQ. (2004). Development of SSR markers for the phylogenetic analysis of almond trees from China and the Mediterranean region. *Genome*, 47: 1091-1104.
- Xueyao Tian , Jiwei Zheng , Zhongyi JiaoJie , ZhouKaiyue, HeBaosong Wang, Xudong He. (2019). Transcriptome sequencing and EST-SSR marker development in *Salix babylonica* and *S. Suchowensis* .
- Y. Aka Kaçar (2004). *dergipark.gov.tr*. Moleküler Markörlerin *Prunus Türlerinde* Kullanımı. Alatarım.
- Yamamoto, Y., Kobayashi, Y., Matsumoto, H. 2001. Lipid peroxidation is an early symptom triggered by aluminum, but not the primary cause of elongation inhibition in pea roots. *Plant Physiol*, 125: 199–208.

Zeinalabedini, M., Majourhat, K., Khayam-Nekoui, M., Grigorian, V., Toorchi, M., Dicenta, F., Martínez-Gomez, P. (2007). Molecular characterization of almond cultivars and related wild species using nuclear and chloroplast DNA markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, Vol.5 (3&4) : 242-247

Zahra Noormohammadi, Isabel Trujillo. (2014). Genetic structure of Iranian olive cultivars and their relationship with Mediterranean's cultivars revealed by SSR markers. Department of Biology, School of Basic Sciences, Islamic Azad University, Tehran, Iran  
Agronomy Department, Córdoba University, Córdoba, Spain.



## ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Hadiye SELÇUK  
Doğum Yeri ve Yılı : Afyonkarahisar, 1992  
Medeni Hali : Evli  
Yabancı Dili : İngilizce  
E-posta : y11430139513@stud.sdu.edu.tr

### Eğitim Durumu

Lise : Dinar Anadolu Lisesi, 2000  
Lisans : SDÜ, Ziraat Fakültesi, 2014

### Mesleki Deneyim

SDÜ GÜLAR 2012-2013  
Multi Tohum Tar. San. Tic. A.ş. 2018-..... (halen)