

T.C.
ISPARTA UYGULAMALI BİLİMLER ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

**AVOKADO (*Persea americana* Mill.) GENOTİPLERİNİN SSR
MARKÖRLERİ İLE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

Müge ÖZEREN

**Danışman
Prof. Dr. Yaşar KARAKURT**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI
ISPARTA - 2019**



© 2019 [Müge ÖZEREN]

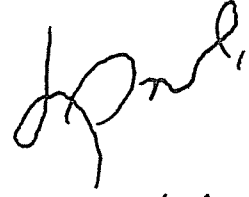
TEZ ONAYI

Müge ÖZEREN tarafından hazırlanan "**Avokado (*Persea americana* Mill.) Genotiplerinin SSR Markörleri İle Moleküler Karakterizasyonu**" adlı tez çalışması aşağıdaki jüri üyeleri önünde Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü **Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'** nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak başarı ile savunulmuştur.

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



Jüri Üyesi **Prof. Dr. Lütfi PIRLAK**
Selçuk Üniversitesi



Jüri Üyesi **Dr. Öğr. Üyesi Halime ÜNLÜ**
Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi



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

TAAHHÜTNAME

Bu tezin akademik ve etik kurallara uygun olarak yazıldığını ve kullanılan tüm literatür bilgilerinin referans gösterilerek tezde yer aldığını beyan ederim.

Müge ÖZEREN



İÇİNDEKİLER

	Sayfa
İÇİNDEKİLER.....	i
ÖZET	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ	v
ÇİZELGELER DİZİNİ	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	vii
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Dünyada ve Türkiye’de Avokado Yetiştiriciliğinin Genel Durumu	1
1.2. Moleküler Markörlerin Meyvecilikte Kullanım Alanları.....	2
2. LİTERATÜR ÖZETİ.....	4
3. MATERYAL VE YÖNTEM	11
3.1. Materyal.....	11
3.2. Yöntem	11
3.2.1. DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması.....	11
3.2.2. DNA izolasyonu.....	11
3.2.3. SSR analizi.....	12
3.2.4. Moleküler verilere ait analizler	14
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	15
4.1. Avokado Genotiplerinde SSR Analiz Sonuçları.....	15
5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR.....	19
KAYNAKLAR	23
ÖZGEÇMİŞ.....	28

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

AVOKADO (*Persea americana* Mill.) GENOTİPLERİNİN SSR MARKÖRLERİ İLE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Müge ÖZEREN

Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi
Lisansüstü Eğitim Enstitüsü
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Yaşar KARAKURT

Bu tez çalışmasında moleküler markörlerden SSR tekniği kullanılarak avokado genotipleri arasındaki farklılıkları ortaya koymak amaçlanmıştır. Avokadonun *Lauraceae* familyasına ait *Persea* cinsi içerisinde yer aldığı bilinmektedir. Çalışma kapsamında Akdeniz Bölgesinde yetiştirilen Antalya ilinin dahil olduğu Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden 5 çeşit avokado ve Japonya'dan getirilen 7 çeşit avokado moleküler analizler için kullanılmıştır. Bu amaçla avokado 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 avokado çeşitleri arasında iki ana grup ortaya çıkmış ve %60 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Çalışmada JP4 ve JP6, JP5 ve JP7 arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir. Zutano ve Hass çeşitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilmemiş ve bu iki çeşit bir arada gruplanmıştır. JP1, JP2, JP3, Bacon çeşitleri tek başına bir alt grup oluşturmuştur. Toplam allel sayısının 152, spesifik allel sayısının 53 adet olduğu ve bant büyüklüğünün ise 179 ile 283 bp arasında değiştiği belirlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,03 ile 0,85 arasında değişim göstermiştir.

Türkiye'de avokado türüne ait SSR bulguları, bölgede bundan sonraki ıslah çalışmalarına ebeveyn seçiminde bir basamak oluştururken, avokado genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında, avokado genotiplerinin karakterizasyonunda kullanılabilir.

Anahtar Kelimeler: Moleküler karakterizasyon, SSR, avokado.

2019, 28 sayfa

ABSTRACT

M.Sc. Thesis

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF AVOCADO (*Persea americana* Mill.) GENOTYPES USING SSR MARKERS

Müge ÖZEREN

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

Supervisor: Prof. Dr. Yaşar KARAKURT

The aim of the study is to determine the differences among avocado genotypes using SSR technique. Avocado is known as *Persea* in *Lauraceae* family. Within the scope of the study, five types of avocado from the Western Mediterranean Agricultural Research Institute, which includes the province of Antalya grown in the Mediterranean Region, have been used for molecular analysis. For this purpose, samples of genotypes in avocado species were taken under suitable conditions and molecular analyzes were carried out in Isparta University of Applied Sciences Faculty of Agricultural Sciences and Technologies at Agricultural Biotechnology Laboratory.

As a result of analysis with SSR markers, according to UPGMA method, two main groups emerged between avocado varieties and it was determined that they were similar in 60%. In the study, close correlation was observed between JP4 and JP6, JP5 and JP7. Polymorphisms that can distinguish between Zutano and Hass varieties could not be produced and these two types were grouped together. JP1, JP2, JP3, Bacon varieties formed a single subgroup. The total number of alleles was determined as 152, the specific allele number was 53, and the band size was determined to be between 179 and 283 bp. Polymorphic information content (PBI) ranged between 0.03 and 0.85.

The result showed that SSR findings of avocado can be used in the characterization of the genotype, creating a step in parent choice and the comparison of the genetic collection in avocado.

Keywords: SSR, Avocado, Molecular characterization

2019, 28 pages

TEŐEKKÜR

Tez konunun belirlenmesinde, arařtırma ve yön tayini ve tezin tamamlanmasında her zaman destek olan değerli hocam Prof. Dr. Yařar KARAKURT'a, laboratuvar çalışmalarında bana ayırdığı değerli zamanı için Arş. Gör. Damla GÜVERCİN'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

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

Müge ÖZEREN
ISPARTA, 2019



ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa
Şekil 4.1. SSR primer çiftleri ile avokado genotip/çeşitlerinin UPGMA metodu ile gruplandırılması	16



ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa
Çizelge 3.1. Avokado genotipleri için kullanılan primer çiftleri	12
Çizelge 4.1. Avokadoda 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	15
Çizelge 4.2. Avokado genotipleri arasında Dice coefficient metoduna göre hesaplanan benzerlik değerleri	17



SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

A	Adenin
Bp	Baz çifti
C	Sitozin
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
FAO	Food and Agriculture Organization (Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü)
G	Guanin
He	Beklenen heterozigotluk
Ho	Gözlenen heterozigotluk
kb	Kilobaz
M	Molar
µl	Mikro litre
ng	Nanogram
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
pH	Power of Hydrogen (Hidrojenin Gücü)
rpm	Rotation per minute-Dakikada döngü sayısı
SSR	Simple Sequence Repeats (Basit tekrar dizileri)
T	Timin
TBE	Tris-borate-edta
Tm	Erime sıcaklığı
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
UPGMA	Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean

1. GİRİŞ

1.1. Dünyada ve Türkiye’de Avokado Yetiştiriciliğinin Genel Durumu

Avokado (*Persea americana* Mill.), Orta Amerika'ya ve Meksika'ya özgü, 24 kromozomlu (n = 12) daima yeşil bir subtropik meyve ağacıdır. Avokado (*Persea americana* Mill.)'nun anavatanı Orta Amerika ülkeleri, Güney Amerika'nın kuzey sahilleri ve Batı Hint Adalarıdır. Herdemyeşil subtropik bir meyve türü olan avokado, Dünya üzerinde 5 kıtada 50'ye yakın ülkede yetiştirilmektedir (Zentmyer, 1987; Knight, 2002). Dünya'da 2017 yılı toplam avokado üretim alanı 587.278 hektar ve toplam üretim miktarı ise 5.924.398 ton olarak kaydedilmiştir. Üretimde ilk sırayı; Meksika, Dominik Cumhuriyeti, Endonezya, Kolombiya, Brezilya, Kenya, Venezuela, Şili, A.B.D. ve Guetemela gibi ülkeler almaktadır (FAOSTAT, 2019).

Türkiye'nin avokado üretimi 2016 yılı değerlerine göre 1950 ton, 2017 yılında 2765 ton ve 2018 yılında ise 3164 ton olup, en fazla üretim Antalya ve Mersin illerinde gerçekleştirildiği belirlenmiştir (TÜİK, 2019). Ülkemiz avokado üretim değerleri incelendiğinde, son on yılda üretim alanında yaklaşık 5 kat, üretim miktarında ise yaklaşık 3 kat artış görülmüştür (TÜİK, 2019). Avokadolar, dünyada birkaç ülkede son derece farklılaşan çevrelerde, önemli ticari tarımsal ürün olarak yetiştirilmektedir (Bower ve Cutting, 1988). Yetiştiricilik alanlarının sınırlı olması nedeniyle birçok ülke avokadoyu dışalımla karşılamaktadır. Gerçekten de avokado yüksek besin değeri ve kendine özgü tadıyla, pazarda yüksek fiyatla alıcı bulmaktadır (Anonim, 1984; Crane, 1989).

Ülkemizde ise avokadonun ticari yetiştiriciliğinin yaygınlaştırılması amacıyla; 1970'li yılların başında FAO aracılığıyla Kaliforniya'dan 4 çeşit ('Fuerte', 'Hass', 'Bacon' ve 'Zutano') getirilerek Antalya, Dalaman, Alata, Adana ve İskenderun ekolojik koşullarında denemeye alınmıştır. Antalya ve Alanya koşullarında 1969-1983 yılları arasında yapılan bir denemede; 'Fuerte', 'Hass', 'Bacon', ve 'Zutano' çeşitlerinin bölgeye adapte olabildikleri ve çeşide özgü karakterleri gösterdikleri belirtilerek, bu çeşitlerin ticari yetiştiriciliklerinin yapılabileceği

sonucuna varılmıştır (Doğrular vd., 1983). Demirkol (1998), Akdeniz sahil kuşağındaki bazı alanların avokado yetiştiriciliği için oldukça uygun olduğunu bildirmiştir. Avokado meyvesi, antioksidan vitaminler olarak bilinen A, C ve E vitaminlerince oldukça zengindir. Bu vitaminler kandaki düşük yoğunluktaki lipoproteinlerin (LDL) oksidasyonunu azaltarak kalp hastalıklarını azaltmada olumlu rol oynamaktadır. Ayrıca, meyve yüksek çözülebilir lif içeriğine sahiptir. Avokadonun gıda endüstrisinde tüketilmesinin yanında yağ içeriklerinden dolayı, kozmetik endüstrisinde de kullanılmaktadır (Morton, 1987).

1.2. Moleküler Markörlerin Meyvecilikte Kullanım Alanları

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).

Bu tez çalışmasında 12 avokado genotipi kullanılmış olup, 13 SSR (Simple Sequence Repeats) 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. LİTERATÜR ÖZETİ

Avokado, dünyada birkaç ülkede son derece birbirinden farklı özellikler taşıyan çevre koşullarında, önemli ticari tarımsal ürün olarak yetiştirilmektedir (Bower ve Cutting, 1988). Bu türün yetiştiriciliğine Türkiye'nin Akdeniz sahil kuşağındaki bazı alanlar oldukça uygundur. Dünya avokado üretim ve ticaretinde ilk sıraları alan Meksika, ABD, Dominik Cumhuriyeti, İsrail, Güney Afrika vb. ülkelerin coğrafi konumu ile tüketimin yoğun yapıldığı ülkeler dikkate alındığında, ülkemizin tüketim pazarlarına yakınlığı ve ekolojik koşulları bu meyve türü üzerinde çalışmaların yoğunlaştırılması gerektiği gerçeğini ortaya çıkarmaktadır. Ülkemizde ticari avokado yetiştiriciliğinin yaygınlaşabilmesi için, popüler ticari çeşitlerin ülkemize getirtilerek denenmesi gerekmektedir. Bu amaçla yapılan ilk çalışmalara ait bulgular Doğrular vd., (1983); Kaplankıran ve Tuzcu (1994); Demirkol (1995); Toplu vd., (1998) tarafından bildirilmiştir.

Polimeraz zincir reaksiyonun (PCR) bulunmasından sonra DNA markörleri kullanılarak 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 tekniği olup bitkilerde fiziksel haritalamada kullanılmış ve PCR teknolojisinin keşfiyle beraber RAPD, AFLP, SSR gibi teknikler geliştirilmiş, bu teknikler popülasyon genetiği çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Althoff vd., 2007).

Solanum chilense bitkisinde yapılan çalışmada RAPD, SCAR, CPS belirteç yöntemleri ile ToMoV virüsüne karşı dayanıklılık geni olan Ty-3 belirlenmiştir. Kahverengi pas dayanıklılık genlerine ait belirteçlerinin belirlenmesinde SSR ve diğer DNA belirteçleri başarılı bir şekilde kullanılmıştır. SSR belirteçleri iki farklı ekmeklik buğday popülasyonunda kullanılarak Lr13 genine ait belirteç belirlenmiş; Slovakya kışlık buğday çeşitlerinde Lr13 geni SSR belirteçleriyle araştırılmış ve Lr13 genine ait belirteci belirlemek için PstIAFLP tekniği kullanılmıştır (Kafkas ve Perl-traves, 2000).

Antep fıstığında Simple Sequence Repeats (SSR) primeri geliřtirmek için Kerman çeřidinin DNA'sı kullanılarak genomik kütüphane oluřturulmuřtur. Arařtırcılar CA, CT ve CTT tekrarlarını kullanarak sekanslamaya hazır klonlar elde etmiřlerdir. Bu kütüphanelerden faydalanarak dizayn edilen primer çiftlerinden 25 tanesinin sentezinin yapıldığı ve primerlerin deęişik orijinli Antep fıstığı çeřitlerinde Li-Cor sekanslama ünitesi kullanılarak test edildiğini bildirmiřlerdir (Ahmad vd., 2003).

SSR ve Sequence-related Amplified Polymorphism (SRAP) yöntemleri kullanılarak *P. atlantica*, *P. integerrima* ve iki türler arası melez olan PioneerGold-II ve UCB-I bitkilerinde çalışılmıřtır (Ahmad vd., 2005).

Farklı bölgelerden toplanan 307 mango genotipi ile yapılan çalışmada, genom kütüphanesinden faydalanılarak (GA)_n ve (GT)_n tekrarlarını içeren SSR primerleri geliřtirilmiřtir (Duval vd., 2005).

Gökırmak vd. (2004), fıındıkta SSR primerlerini kullanarak genetik benzerlik çalışması yapmıřlardır. Çalışmada *C. avellana* türüne ait 274 genotip 10 SSR primeri kullanılarak incelenmiřtir. Arařtırılan genotiplerden 84'ünün aynı klonlar olabileceği yapılan çalışmalar sonucunda bildirilmiřtir. Böylece bu popülasyonda yürütülecek bir ıslah veya yetiřtiricilik çalışmasında seçilecek genotipler hakkında önemli bilgiler saęlanmıřtır.

Çin'in 'Xinjiang Uygur Özerk Bölgesi' Ily Vadisindeki kayısı popülasyonlarının genetik yapısı SSR markörleri kullanılarak arařtırılmıřtır. Çalışmada 3 farklı lokasyonda bulunan 81 yabancı kayısı tipi 8 SSR markörüyle incelenmiřtir. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılığın coęrafi bölgelerinin birbirlerine uzaklıklarıyla önemli derecede iliřkili olduęu ortaya çıkmıřtır. Elde edilen dendogramda tiplerin 3 alt grupta toplandıkları ve alt grupların genellikle aynı bölgedeki tipler tarafından oluřturuldukları gözlemlenmiřtir. Ayrıca Ily Vadisinde yabancı kayısı tiplerinin yüksek çeřitliliğinin korunduęu tespit edilmiřtir (Tian-Ming vd., 2007).

Avokado'nun (*Persea americana* Mill) Guatemala, Meksika ve Batı Hindistan ırkları olmak üzere üç ırkı bilinmektedir. Her ırkın kendilerine özgü özellikleri vardır ve mevcut ticari çeşitler bu ırklardan veya ırklar arasındaki melezlemelerden elde edilmiştir. Yapılan bir çalışmada 14 mikrosatellite lokusu kullanılarak, Florida, Miami'de bulunan National Germplasm Repository'de (NGR) muhafaza edilen 224 çeşit (394 bitki) ve Irvine, Kaliforniya'da bulunan Kaliforniya Üniversitesindeki South Coast Field Station'dan alınan 34 klon arasındaki genetik çeşitlilik araştırılmıştır. 14 mikrosatellite lokusunun lokus başına ortalama 18,8 allele ve 0,83 ortalama genetik farklılığa sahip oldukları belirlenmiştir. Birçok benzersiz allel olmasına rağmen, yararlı ırka özgün bir markör bulunamamıştır. Ana Koordinat Analizi (PCA) Guatemala ve Meksika ırklarını iki ayrı kümeye ayırmıştır. Batı Hindistan ırkı da benzersiz bir ana küme oluşturmuştur. PCA kullanılarak ırk tayininde veya ırklar arası hibrit statüsünde 50 aksiyon için (%19.7) bir değişiklik önerilmiştir. Hatasız gen çeşitliliği tahmini Meksika ve Guatemala ırklarında en yüksek, Batı Hindistan grubunda ise daha düşük olduğu belirlenmiştir (Schnell vd.,2003). Bu yüzden genetik çeşitliliğinin artırılması için batı Hindistan gen kaynaklarının daha fazla toplanması gerektiği ileri sürülmüştür.

RAPD analizi, avokado (*Persea americana* Mill.) 'nun üç ekolojik ırkını temsil eden 16 aksiyonu üzerinde ve *P. schiedeana* Nees'in bir aksiyonu üzerinde gerçekleştirilmiştir. Önceden seçilmiş 22 primer, avokado aksiyonlarının RAPD analizinde 133 polimorfik DNA fragmanı üretmiştir. Her avokado aksiyonunu ayırt edebilecek bir primer tanımlanmıştır. Meksika, Guatemala ve Batı Hint ırklarının her biri için potansiyel olarak ırklara özgü belirteçler tespit edilmiştir. Jaccard'ın benzerlik matrisi oluşturulmuş ve UPGMA (ağırlıklı çift gruplu aritmetik ortalamalar yöntemi) kullanılarak bir dendrogram hazırlanmıştır. Avokado aksiyonları arasındaki benzerlik % 46 ile % 85 arasında değişmiştir. En düşük benzerlik (% 22 ile % 29 arasında) *P. schiedeana* ve herhangi bir *P. americana* aksiyonu arasında ortaya çıkmıştır. Avokado aksiyonlarındaki ortalama benzerlik, Meksika ırkında % 75, Batı Hindistan ırkında % 71 ve Guatemala ırkında % 73 olarak bulunmuştur. Irklar arasındaki ortalama benzerlik % 53 ile % 58 arasında değişmiştir. Dendrogram avokado

ırklarını temsil eden üç grup ortaya koymuştur. Bu sonuçlar, avokadonun sırasıyla Meksika, Batı Hindistan ve Guatemala ırklarına karşılık gelen *drymifolia*, *americana* ve *guatemalensis* olmak üzere *P. americana*'nın üç alt türe ayrılması ile uyumlu bulunmuştur ve *P. Schiedeana* 'nin ayrı tür durumunu onaylamıştır. Böylece, RAPD belirteçlerinin avokadonun sınıflandırılması ve avokado gen kaynaklarının genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi için yararlı olabileceği sonucuna varılmıştır (Fiedler vd., 1998).

SSR DNA markörlerinin ortaya çıkarılması, avokado genomik DNA kütüphanesinin (*Persea americana* M.) yapımına dayandığı ileri sürülmektedir. Kütüphane, dört dinükleotit probu (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, yirmi altı farklı primer çifti sentezlenmiştir. SSR A1E11'in on bir alleli bulunurken A3F8'in sekiz alleli olduğu ileri sürülmüştür. Avokadodaki SSR Mendel kalıtım yoluyla tespit edilmiştir (Lavi vd., 1994).

İspanya'nın Malaga bölgesinin E.E.la Mayara bölümünde bulunan 75 avokado genotipi, 16 SSR markörü ile karakterize edilmiştir. Elde edilen 156 fragmentin allel ortalaması 9.75 ve her bir lokusun 4 ile 16 arasında olduğu bulunmuştur. SSR markörlerinin 0.36'dan daha aşağıda olduğu belirtilen heterozigoti seviyesinin 0,5'den daha yüksek olduğunu bulmuşlardır. SSR'ların 0.18 heterozigotluk ortalamasını pozitif Wright's tespit indeksi (F) ile 16 lokusun 15'inde görülmüştür. Nei ve Li benzerlik indeksini baz alarak UPGMA programını kullanarak dendogram oluşturmuşlardır. Dendogramda avokado genotiplerinin içerisinde hibrit çeşitlerin fazla olması nedeniyle bootstrap değerinin düşük olduğunu ve genotiplerin ırklarından farklı gruplarda bulunarak sınıflandırıldığını belirtmişlerdir. Çalışılan genotiplerin tümünü 'Hass' ve eklenen iki çeşidin mutasyonları hariç, kullanılan SSR'ların kombinasyonları ile ayırmışlardır. SSR'ların kombinasyonlarının avokado genotiplerini karakterize etmede bilgi verici olduğunu belirtmişlerdir (Alcaraz ve Hormaza, 2007).

Gana'da yetiştirilen avokadolarda orijin ve genetik ilişkileri araştırmak amacıyla 172 avokado populasyonun ve 24 avokado genotipinin 12 SSR markörü kullanılarak moleküler karakterizasyonları yapılmıştır. Araştırmacıların kullanmış oldukları populasyon Batı Indian ırkına yakın bulunur iken, Meksika ve Guetemala ırklarına uzak bulunmuştur. Populasyon içindeki genetik çeşitlilik düşük bulunmuştur (Acheampong vd., 2008).

Borrone vd. (2007), yapmış oldukları çalışmada avokadoda kullanılabilir mikrosatellit sayısını artırmak amacıyla 27 avokado genotipinden 70 SSR markörü karakterize etmişlerdir. Elde edilen allel sayısı 2 ile 17 arasında değişirken, lokus başına düşen allel sayısı 17.1 olarak belirlenmiştir. İzole edilen primerlerin genetik karakterizasyon, haritalama, markörler yardımı ile seleksiyon çalışmalarında kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Borrone vd. (2006), *Persea americana* Miller'a ait genotipleri tanımlamada kullanılabilecek SSR markörleri geliştirmişlerdir. Avokadoların hedef sekanslarını taramış ve 6183 sekans bilgisinin içerisinde, büyüklükleri baz alınarak 100'ünü kullanmışlardır. Avokadonun genetik haritasını oluşturmak amacıyla 100 SSR markörü kullanmışlardır.

Ramirez vd. (2005), yapmış oldukları çalışmada Küba'da yetişen avokado genotiplerinin, agro-morfolojik özellikler, AFLP ve SSR markörleri ile tanımlamışlardır. Avokado ırklarını sınıflandırmak amacıyla 22 agro-morfolojik özelliği, Principal Component ve Classification Analysis programları ile analiz etmişlerdir. Genotiplerin arasındaki farklılığı belirlemede 12 AFLP ve 16 SSR markörü kullanmışlardır. Genotiplerin arasındaki benzerliği belirlemede UPGMA genetik benzerlik indeksini kullanmışlardır. AFLP ve SSR markörlerinin genotipler arasındaki benzerlikleri saptamada ve polimorfizmi belirlemede iyi sonuç verdiğini belirtmişlerdir. SSR markörlerinin yüksek heterozigotluk seviyesine sahip olduğunu bulmuşlardır. Antil, Guetamala ırkları ve onlara ait hibritlerin beklediklerinden farklı yerlerde kümelenmiş olduğunu görmüşlerdir. AFLP ve SSR markörlerinin ve fenotipik özelliklerin korelasyonuna bakarak,

genotiplerin benzerlik derecelerini saptamada AFLP ve SSR markörlerinin yararının tartışılması gerektiğini ileri sürmüşlerdir.

Taah vd. (2003), yaptıkları bir çalışmada; Gana'da bulunan avokado çeşitlerinin morfolojik ve moleküler tanımlanmasını gerçekleştirmişlerdir. Araştırmacılar, bu bölgede tüm avokado ırklarının bulunduğunu bildirmişlerdir. Araştırmada moleküler yöntem olarak AFLP markörleri kullanılmış ve moleküler çalışmaların halen devam etmekte olduğu bildirilmiştir.

Kobayashi vd. (2000), yaptıkları bir çalışmada; Hass çeşidi bulunan bahçelerde yabancı dölleme oranını belirlemek amacıyla RAPD markör sistemlerini çalışmışlardır. Çalışmada, polen kaynağı olan Bacon, Fuerte ve Zutano çeşitlerine özgü spesifik RAPD primerleri kullanılmıştır. Son olarak, yabancı dölleme ve meyve verimi arasındaki ilişkiyi araştırmak için deneme ağaçlarından elde edilen verim girdilerini toplamışlardır. Elde edilen verilerin doğrusal analizleri Fuerte iklim bölgesinden bağımsız Hass anaç ağaçlarının etkili polen taşıyıcı olduğu görülmüştür. Analizler ayrıca, yabancı dölleme oranının potansiyel bir polen kaynağından uzaklığa güçlü bir şekilde bağımlı olduğu görülmüştür. Yabancı dölleme ve verim arasında zayıf bir pozitif korelasyon olduğu belirtilmiştir.

Furnier vd. (1990), avokadoda filogenetik çalışmalar yapmak amacıyla kloroplast DNA ve ribozomal DNA'nın RFLP markörlerini kullanmışlardır. Araştırmacıların sonuçları Berg vd. (1973)'nin avokadolarda yapmış oldukları sınıflandırma ile uyumlu bulunmuştur.

Lavi vd. (1991), avokado genetik kaynaklarını mini satelit markörleri kullanarak tanımlamışlardır. Bu çalışmada; ırklar arasındaki farklılığı ortaya koymuşlar, 26 avokado genotiplerine ait DNA parmak izlerini belirlemişlerdir.

Lewis vd.(1992), Hass, Fuerte, Edranol çeşitlerinin aralarındaki ilişkiye RAPD DNA markörleri ile bakmışlardır. Avokado DNA'sının benzer sekans bölgelerinden DNA primerini tasarlamışlardır. PCR ürünlerini elektroforez ile

ayırmiş ve bantların varlığına ve yokluđuna bakarak analiz etmişlerdir. Yaptıkları analiz sonucunda Fuerte ve Edranol çeşitlerinin birbirleri ile yakın ilişkili olduklarını saptamışlardır. RAPD markörlerinin linkage genetik harita oluşturmada büyük avantaj sağlayacağını belirtmişlerdir.

Gross-German ve Viruel (2013), 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 mikrosatellitin 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 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. Analiz edilen tüm genotipler, 6.36×10^{-50} 'lik bir benzerlik değeri artan olasılıkla kesin olarak ayırt edilebilir. Tüm sonuçlar, katılımcılar botanik ırklarına dayanarak atanan üç grubun varlığına karar vermişlerdir, tespit edilen varyasyonun% 25'i gruplar arasında bölünmüş durumda olduğu görülmüştür. Her grup içindeki çeşitlilik analizi, ırka özgü belirteçler olarak yararlı olan benzersiz alellerin tanımlanmasına izin verilmiştir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Bu çalışma 2018 yılında Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

3.1. Materyal

Araştırmanın materyalini Akdeniz bölgesindeki Antalya ilinden seçilen 5 genotip ve Japonya'dan getirilen 7 genotip oluşturmuştur.

Antalya ilinden seçilmiş genotipler: Hass, Bacon, Fuerte, Zutano, Ettinger

Japonya 'dan seçilmiş genotipler: JP1, JP2, JP3, JP4, JP5, JP6, JP7

3.2. Yöntem

3.2.1. DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması

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

3.2.2. DNA izolasyonu

Avokado 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 ekleyip nazikçe tüpler 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 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 buffer (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 λ-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 13 SSR primer çifti kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. Avokado genotipleri için kullanılan primer çiftleri

SSR	Forward (İleri)	Reverse (Geri)
UDO99-008	AAA AAC ACA ACC CGT GCA AT	AAA TTC CTC CAA GCC GAT CT
DCA4	TTAACTTTGTGCTTCTCCA	CC AGTGACAAAAGCAAAG
GAPU59	CCCTGCTTTGGTCTTGCTAA	CAAAGGTGCACTTTCTCTCG
GAPU103	TGAATTTAACTTTAAACCCACACA	GCATCGCTCGATTTTATCC
GAPU47	GATCAGCTTAGTCTCATATTCTCTCTC	CCTCGACTGATTTACACACCA
Ch05e03	CGAATATTTTCACTCTGACTGGG	CAAGTTGTTGTAAGTCTCCGAC
GD147	TCCCGCCATTTCTCTGC	AAACCGCTGCTGCTGAAC
GD15	CGAAAGTGAGCAACGAACTCC	ACTCCATCATCGGGTGGTG
RİM019	ATTCAAGAGCTTAACTGTGGGC	CAATATGCCATCCACAGAGAAA
RİM036	AGCAACCACCACCTCAACTAAT	CTAGCAGAATCACCTGAGGCTT
AVD 001	GTTTCCAAGCGACTCACGAG	GATTCCATGCTGAATTGCCG
AVD 006	GGGAGAGATGTATTGAGCA	ACTTGGTCGTAGATTGTAAT
AVD 013	TTGCCAGTGGAACCTCAAAA	ACCCAACCAAAGATTTCAAT

UD099-008, DCA4 Primer Çiftleri İçin PCR Reaksiyonu:

PCR reaksiyonu toplam hacim 50 µl olacak şekilde aşağıdaki bileşenlerden meydana gelmiştir. Reaksiyon koşulu 3 µl DNA, 1 µl dNTPs, 4 µl MgCl₂, 1 µl Taq DNA polimeraz, 2 µl her bir primer, 1 X PCR buffer'dan (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH: 8.3, 1.1 mM MgCl₂, 0.01% gelatin) 5 µl ve son konsantrasyon ddH₂O ile tamamlanarak oluşturulmuştur. PCR protokolü, 95°C'de 3dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 95°C'de 60 sn, 52°C'de 60 sn, 72°C'de 60 sn ve son olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. PCR işleminden sonra PCR ürünleri % 2,2 'lik agaroz jel içerisinde 90 volt elektrik akımı altında 1 saat 15 dakika süreyle yürütülmüştür (Dirlewanger vd., 2002; Fathi vd., 2008).

GAPU59, GAPU103, GAPU47, Ch05e03, GD147, GD15, RİM019, RİM036 Primer Çiftleri İçin PCR Reaksiyonu:

PCR reaksiyonu toplam hacim 20 µl olacak şekilde aşağıdaki bileşenlerden meydana gelmiştir. Reaksiyon koşulu 1,2 µl DNA, 1 µl dNTPs, 1,2 µl MgCl₂, 0,5 µl Taq DNA polimeraz, 0,8 µl her bir primer, 1 X PCR buffer'dan (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH: 8.3, 1.1 mM MgCl₂, 0.01% gelatin) 2 µl ve son konsantrasyon ddH₂O ile tamamlanarak oluşturulmuştur. PCR protokolü, 95°C'de 3dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 95°C'de 60 sn, 52°C'de 60 sn, 72°C'de 60 sn ve son olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. PCR işleminden sonra PCR ürünleri % 2,2 'lik agaroz jel içerisinde 90 volt elektrik akımı altında 1 saat 15 dakika süreyle yürütülmüştür (Dirlewanger vd., 2002; Fathi vd., 2008).

AVD 001, AVD 006, AVD 013 Primer Çiftleri İçin PCR Reaksiyonu:

PCR reaksiyonu toplam hacim 20 µl olacak şekilde aşağıdaki bileşenlerden meydana gelmiştir. Reaksiyon koşulu 1,2 µl DNA, 1 µl dNTPs, 1,2 µl MgCl₂, 0,5 µl Taq DNA polimeraz, 0,8 µl her bir primer, 1 X PCR buffer'dan (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH: 8.3, 1.1 mM MgCl₂, 0.01% gelatin) 2 µl ve son konsantrasyon ddH₂O ile tamamlanarak oluşturulmuştur. PCR protokolü, 95°C'de 3dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 95°C'de 60 sn, 52°C'de 60 sn, 72°C'de 60 sn ve son

olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. PCR işleminden sonra PCR ürünleri % 2,2 'lik agaroz jel içerisinde 90 volt elektrik akımı altında 1 saat 15 dakika süreyle yürütülmüştür (Dirlewanger vd., 2002; Fathi vd., 2008).

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), allel frekansı, beklenen heterozigotluk (He), gözlenen heterozigotluk (Ho) oranı, sessiz (null) allel frekansı (r) ve tespit olasılığı (Probability of Identity) (PI) 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

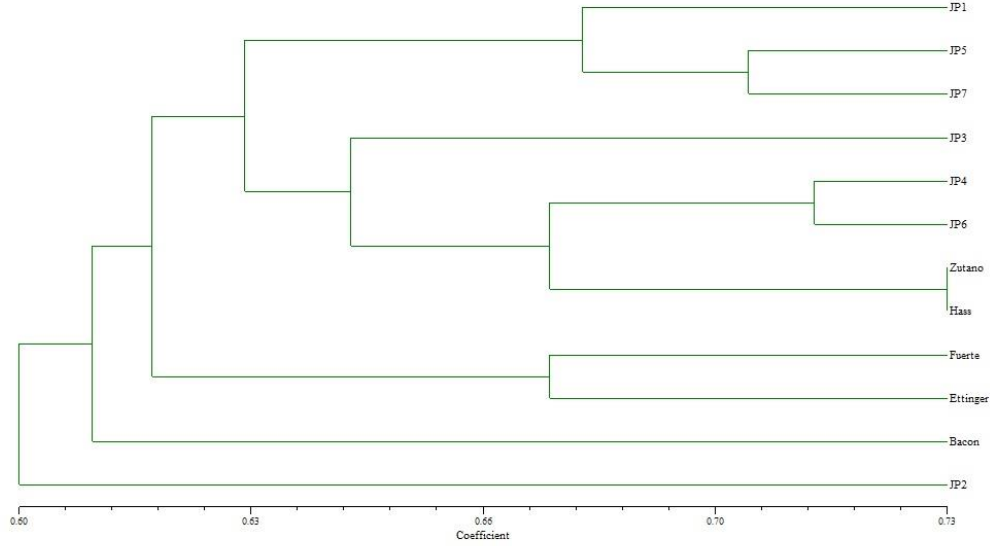
4.1. Avokado Genotiplerinde SSR Analiz Sonuçları

Çizelge 4.1. Avokadoda SSR primer kombinasyonlarından elde edilen allel sayısı, bant büyüklüğü, gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk durumu, tespit olasılığı (TO) ve polimorfik bilgi içeriği (PBİ) değerleri

Primer	Allel sayısı	Spesifik Allel Sayısı	Bant Büyüklüğü (bç)	Ho	He	TO	PBİ
UD099-008	12	5	224-421	0,666	0,712	0,09	0,85
DCA4	10	3	151-392	0,73	0,82	0,34	0,611
GAPU59	7	2	211-303	0,65	0,77	0,814	0,72
GAPU103	11	4	146-315	0,714	0,802	0,271	0,652
GAPU47	9	3	136-244	0,58	0,61	0,33	0,562
Ch05e03	13	5	150-203	0,736	0,712	0,08	0,81
GD147	16	4	116-161	0,862	0,832	0,071	0,80
GD15	3	1	139-153	0,018	0,022	0,948	0,03
RİM019	15	4	159-226	0,530	0,864	0,221	0,448
RİM036	16	6	211-352	0,630	0,851	0,159	0,418
AVD 001	16	7	203-280	0,65	0,85	0,07	0,79
AVD 006	14	6	295-362	0,67	0,84	0,08	0,84
AVD 013	10	3	186-264	0,64	0,66	0,31	0,513
Toplam	152	53					
Ortalama	11,6	4,07	179-283	0,62	0,71	0,29	0,61

Avokadoda 13 SSR primer çifti kullanılarak genotipler arasındaki farklılık belirlenmeye çalışılmıştır. SSR analizi sonucunda toplam allel sayısı 152, spesifik allel sayısı 53 adet ve bant büyüklüğü ise ortalama 179-283 bç arasında belirlenmiştir. Locus başına allel sayısı 3-16 arasında, ortalama 11 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. En fazla allel sayısı GD147 (16 adet), RİM036 (16 adet) ve AVD 006 (16 adet), en yüksek gözlenen GD147 (0,862) ve beklenen heterozigotluk değeri (0,864) RİM019

primerlerinde tespit edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,03 ve 0,85 arasında değişim göstermiştir. En düşük PBI değeri (0,03) GD15 primer çiftinde, en yüksek (0,85) ise UDO99-008 primer çiftinden elde edilmiştir. En düşük tespit olasılığı (0,07) AVD 001, en yüksek (0,948) GD15 primer çiftinde belirlenmiştir.



Şekil 4.1. SSR primer çiftleri ile avokado genotip/çeşitlerinin UPGMA metodu ile gruplandırılması

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 coefficient değerleri 0.519-0.731 arasında değişmiştir. Avokado genotipleri arasında yapılan grup analizinde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 2 alt gruptan meydana gelmiştir. İlk grupta JP1, JP5, JP7, ikinci grupta JP3, JP4, JP6, Zutano, Hass yer almıştır. İkinci ana grup 3 alt gruba ayrılır. İlk alt grupta Fuerte ve Ettinger, ikinci alt grupta Bacon, üçüncü alt grupta JP2 yer almıştır. Zutano ve Hass çeşitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilmemiş ve bu iki çeşit bir arada gruplanmıştır. JP1, JP2, JP3, Bacon çeşitleri tek başına bir alt grup oluşturmuştur. Çalışmada JP4 ve JP6, JP5 ve JP7 arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir.

Çizelge 4.2. Avokado genotipleri arasında Dice coefficient metoduna göre hesaplanan benzerlik değerleri

	JP1	JP2	JP3	JP4	JP5	JP6	JP7	Zutano	Fuerte	Hass	Ettinger	Bacon
JP1	1.000											
JP2	0.654	1.000										
JP3	0.615	0.558	1.000									
JP4	0.548	0.606	0.683	1.000								
JP5	0.692	0.596	0.654	0.625	1.000							
JP6	0.606	0.606	0.625	0.712	0.548	1.000						
JP7	0.663	0.606	0.644	0.692	0.702	0.615	1.000					
Zutano	0.596	0.596	0.673	0.721	0.654	0.644	0.702	1.000				
Fuerte	0.635	0.558	0.615	0.587	0.577	0.663	0.606	0.596	1.000			
Hass	0.615	0.635	0.596	0.663	0.615	0.663	0.702	0.731	0.519	1.000		
Ettinger	0.577	0.577	0.615	0.683	0.615	0.606	0.683	0.692	0.673	0.577	1.000	
Bacon	0.567	0.567	0.625	0.635	0.587	0.538	0.615	0.663	0.587	0.644	0.606	1.000

Avokadoda genotipler için benzerlik matrisi Dice coefficient metodu kullanılarak NTSYS-pc programı yardımıyla hesaplanmıştır. Tüm genotipler kullanılarak hesaplanan Dice coefficient değerleri Çizelge 4.2.' te verilmiştir.

Bulunan benzerlik katsayıları 0.519-0.731 arasında değişim göstermiştir. Elde edilen en düşük değerler Hass ve Fuerte arasında 0.519, Bacon ve JP6 arasında 0.538 olarak belirlenmiştir. Hass ve Zutano arasındaki benzerlik katsayısı 0.731 olarak en yüksek benzerlik değeri olarak tespit edilmiştir. Zutano ve JP4 arasındaki benzerlik katsayısı 0.721, JP6 ve JP4 arasında 0.712 olarak belirlenmiştir. Benzerlik katsayıları 0.50-0.59 arasında değişen 20 adet, 0.60-0.68 arasında 40 adet, 0.70-0.73 arasında 5 adet örnek bulunmuştur. En yüksek sayıda benzerlik katsayısına 0.60-0.68 değerleri arasında ulaşılmıştır.

5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR

Değişen çevre koşullarına karşın hızla büyümekte olan dünya nüfusunun beslenme 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, uluslararası 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 çeşitliğinin kaynağını oluşturmaktadır.

Sistematikçiler bitkilerde daha doğru sistematik oluşturmak amacıyla moleküler belirteçler kullanmaktadır. Bu yolla gerçek 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 orijinli türlerin ortaya çıkarılabilmesi için daha etkili bir yöntem oluşturacaktır. 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 (restriction fragment length polymorphism); diğeri ise PCR (polymerase chain reaction)'ye dayalı SSR (simple sequence repeats), RAPD (random amplified polymorphic DNA), AFLP (amplified fragment length polymorphism) ve SRAP (sequence related amplified polymorphism) teknikleridir. Yeni yaygınlaşmaya başlayan ve sağlık

bilimlerindeki arařtırmaların öncülük ettiđi SNP (single nucleotide polymorphism), DNA zincirindeki tek nükleotit farklılıđını kullanmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005; Vardar-Kanlıtepe vd., 2010).

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

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

Meyve türlerinde genetik çeşitlilik ve akrabalık ilişkilerinin belirlenmesinde mikrosatelitler (SSR markörleri) özel bir yere ve öneme sahiptir. Her tür için geliştirilen mikrosatelitler tür içi genetik çeşitlilik ve akrabalıđı daha objektif bir şekilde tespit edebilmektedir. Ayrıca bir tür için geliştirilen mikrosatelitler yakın akraba türler için de transfer edilebilir veya kullanılabilir özelliktedir. Örneđin *Prunus* cinsinde şeftali için geliştirilen bir SSR markörü diđer türler (kayısı, erik, kiraz vs.) içinde kullanılmaktadır (Mnejja ve Garcia-Mas, 2005).

Fiedler vd. (1998)'nin çalışmış oldukları UBC-20, UBC-39, UBC-40, UBC-42 primerlerinde bazı genotiplerde bant gözlenmemiş; bu yüzden deđerlendirmeye

alınmamışlardır. Alcaraz ve Hormaza (2007), SSR markörleri ile İspanya'da yetişen 75 avokado genotipi üzerinde yaptıkları çalışmada; ırkların grup oluşturmadıklarını görmüşlerdir. Lavi vd. (1994), kütüphanenin AG probu ile taranmasıyla 101 pozitif klon ve her 7.9 kbp'de 1 bulunduğunu tespit etmişlerdir. CA probu ile 41 pozitif klon GC probu ile 31 klon tespit etmişlerdir. Toplam 123 farklı klon sekanslanmıştır. Otuz farklı primer çifti sentezlenmiş; bunların 4 çifti ilk taramasında PCR ürünü vermediğini tespit etmişlerdir. Çeşitler arasında bir lokusun varsayılan allel sayısı ALE11 lokusunda 11, A3F8 lokusunda 8 olduğu bilinmektedir. Acheampong vd. (2008), yaptıkları araştırmada 12 SSR polimorfik olduğu ve 172 Ganalı popülasyonunda 53 allel ürettiği belirlenmiştir. Araştırmacıların kullanmış oldukları popülasyon Batı Indian ırkına yakın bulunur iken, Meksika ve Guetemala ırklarına uzak bulunmuştur. Popülasyon içindeki genetik çeşitlilik düşük bulunmuştur. Grossgerman vd. (2013)'nin yapmış oldukları çalışmada analiz edilen 40 markör (25 SSR ve 15 EST-SSR), 5'ten (LMAV.27, LMAV.34 ve ESTAVGA.01) 18'e (LMAV.07, LMAV.31) değişen toplam 455 allel tespit etmişlerdir. Gözlemlenen allelerin yüksek bir oranı, farklı alt popülasyonlar arasında gözlemlenmiştir. Çeşitliliğe uğramış genotiplere avokado ırk ilişkilerinin çıkarımları, çeşitlilik dağılımının yorumlanmasını değiştiren ve genetik ilişkilerini bozan bir etken içerdiği söylenmiştir. Bu nedenle, "saf ırklar" olarak düşünülen "genotipler" iki ya da daha fazla gen havuzunu farklılaştırıldığını belirtmişlerdir.

Mevcut olan bu çalışmada da avokado genotiplerinin akrabalık ilişkilerini belirlemek amacı ile SSR moleküler markör tekniği kullanılmış olup, 12 avokado genotipinin moleküler karakterizasyonu yapılmış, genotipler arasındaki genetik ilişki ortaya konulmuştur. Moleküler incelemeye alınan 12 avokado genotiplerinin birbirleri içerisinde benzerlikleri olmasıyla birlikte farklılıkları da ortaya çıkmıştır.

Çalışmada toplam allel sayısı 152, spesifik allel sayısı 53 adet ve bant büyüklüğü ise ortalama 179-283 bp arasında belirlenmiştir. Lokus başına allel sayısı 3-16 arasında, ortalama 11 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek

olduđu tespit edilmiştir. Benzerlik dendrogramı incelendiđinde alıřmada kullanılan eřitlerin % 60 oranında benzerlik gsterdiđi belirlenmiştir. Avokado eřitleri arasında yapılan analizde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi iinde 2 alt gruptan meydana gelmiştir. İlk grupta JP1, JP5, JP7, ikinci grupta JP3, JP4, JP6, Zutano, Hass yer almıştır. İkinci ana grup 3 alt gruba ayrılır. İlk alt grupta Fuerte ve Ettinger, ikinci alt grupta Bacon, üçüncü alt grupta JP2 yer almıştır. Zutano ve Hass eřitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilememiş ve bu iki eřit bir arada gruplanmıştır. JP1, JP2, JP3, Bacon eřitleri tek başına bir alt grup oluşturmuştur. alıřmada JP4 ve JP6, JP5 ve JP7 arasında yakın korelasyon olduđu gözlemlenmiştir.

Bu alıřmadan elde edilen sonuçlar, avokado genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında, avokado genotiplerinin karakterizasyonunda ve gelecekte yapılacak ıřlah programlarında ebeveyn seçiminde kullanılmasına olanak sağlayacaktır.

Son yıllarda PCR'a dayalı yeni markör sistemlerinin geliştirilmesi pek ok bitki türünde olduđu gibi avokado meyvesinde de yapılacak olan moleküler ıřlah alıřmalarında stratejik rol oynayacaktır. Teknolojinin gelişmesi ile analiz başına harcanan emek ve maliyet azalacaktır. Bunun sonucu olarak ıřlah süreci kısaltarak alıřılan meyvelere ait daha kesin ve detaylı bilgiler elde edilecektir.

Elde edilen sonuçlara göre avokado genotiplerinin tanımlama ve sınıflandırmalarının yapılabilmesi için SSR markörlerinin kullanışlı olduđu sonucuna varılmıştır. Bu alıřmanın devamı olarak diđer DNA markör tekniklerinin de (AFLP, ISSR, SNP vb.) avokado türüne uygulanmasında devam edilmesi önerilmektedir.

KAYNAKLAR

- Acheampong, A.K., Akromah, R., Ofori, F.A., 2008. Genetic Characterization of Ghanaian Avocados Using Microsatellite Markers. *Journal of American Society for Horticultural Science*, 133(6), 801-809.
- Ahmad, R., Ferguson, L., Southwick, SM., 2003. Identification of Pistachio (*Pistacia vera* L.) Nuts With Microsatellite Markers. *Journal of American Society Horticultural Science*, 128 (6), 898- 903.
- Ahmad, R., Ferguson, L., Southwick, SM., 2005. Molecular Marker Analyses of Pistachio Rootstocks by Simple Sequence Repeats and Sequence Related Amplified Polymorphisms. *Journal Horticultural Science Biotechnology*, 80 (3), 382-6.
- Aka Kaçar, YA., 2004. Moleküler Markörlerin *Prunus* Türlerinde Kullanımı. *Alatarım* , 3(2),15-22.
- Alcaraz, M.L., Hormaza, J.I., 2007. Molecular Characterization and Genetic Diversity in an Avocado Collection of Cultivars and Local Spanish Genotypes Using SSRs.–*Hereditas*, 144, 244 -253.
- Althoff, D.M., Gitzendanner, M.A., and Segraves, K.A., 2007. The Utility of Amplified Fragment Length Polymorphisms in Phylogenetics: a Comparison of Homology Within and Between Genomes. *Systematic Biology*, 56, 477–484.
- Andersen, JR., Lübberstedt, T., 2003. Functional Markers in Plants. *Trends in Plant Science* 8(11), 554-560.
- Anonim, 1984. Değişik Ülkelerdeki T.C. Büyükelçilikleri ile Yapılan Yazışmalardan Elde Edilen Bilgiler.
- Borrone, J.W., Viola, H., Ploetz, R., Schnell, R.J., 2006. The Development of Microsatellite Markers for *Persea americana* (avocado). *Proceedings of Florida State Horticultural Society*, 119, 38-40.
- Bower, J.P., Cutting, J.G., 1988. Avocado Fruit Development and Ripening Physiology. In: J. Janick (Editör) *Horticultural Reviews*, 10, 229– 271.
- Crane, A., 1989. Field Notes From Abroad-Israel. *California Avocado Society Yearbook*, 73,137-139.
- Çalışkan, M., 2005. RAPD Analizi İle Güllerde Genetik Tanımlama. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 81s, Ankara.
- Demirkol, A., 1995. Antalya ve Dalaman Koşullarında Avokado Çeşitlerinin Adaptasyonu. Türkiye II. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi,761-766, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Adana.

- Demirkol, A., 1998. Avocado Growing in Turkey. World Avocado Congress III, 22–27 October 1995, Tel-Aviv, Israel, 451–456.
- Demirkol, A., 2002. Bazı Avokado Çeşitlerinin Antalya Koşullarında Gösterdiği Fenolojik ve Pomolojik Özellikler ve Verim Durumları. Anadolu Journal of Aegean Agricultural Research Institute, 12(2), 49–64.
- Dirlewanger, E., Cosson, P., Tavaud, M., Aranzana, MJ., Poizat, C., Zanetto, A., Arus, P., Laigret, F., 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, 105, 127-138.
- Doğrular, H.A., Tuncay, M., Şengüler, A., 1983. Antalya ve Alanya Koşullarında Avokado Çeşitlerinin Adaptasyonu. (Ara sonuç raporu), Yayınlanmamış, Turunçgiller Araştırma Enstitüsü, Antalya.
- Duval, MF., Bunel, J., Sitbon, C., 2005. Risterucci MA. Development of Microsatellite Markers for Mango (*Mangifera indica* L.). Molecular Ecology Notes, 824-6.
- Ercisli, S., Agar, G., Orhan, E., Yıldırım, N., Hizarci, Y., 2007. Interspecific Variability of RAPD and Fatty Acid Composition of Some Pomegranate Cultivars (*Punica granatum* L.) Growing in Southern Anatolia Region in Turkey. Biochemical Systematics and Ecology, 35(11), 764-769.
- FAOSTAT, 2019. Statistical Database of the Food and Agriculture Organization of the United Nations. Erişim tarihi:12.03.2019. <http://faostat.fao.org/>.
- Fathi, A., Gherayazi, B., Haghazari, A., Ghaffari, M.R., Pirseyedi, S.M., Kadkhodaei, S., Naghavi, M.R., Mardi, M., 2008. Assesment of the Genetic Diversity of Almond (*Prunus dulcis*) Using Microsatellite Markers and Morphological Traits. Iranian Journal of Biotechnology, 2.
- Fiedler, J., Bufler, G., Bangerth, F., 1998. Genetic relationships of avocado (*Persea americana* Mil.) using RAPD markers. Euphytica, 101,249-255.
- Furnier, G.R., Cummings, M.P., Clegg M.T., 1990. Evolution of The Avocados as Revealed by DNA Restriction Fragment Variation. Journal Heredity, 81,183–188.
- Gökırmak, T., Mahlenbacher, S.A., Bassil, NV., 2004. Investigation of Genetic Diversity Among European Hazelnut (*Corylus avellenna*) Cultivars Using SSR Markers. VI. International Congress on Hazelnut, Spain.
- Gross-German, E., Viruel, M.A., 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. Spain, 9, 539-555.

- Gulen, H., Ipek, A., Ergin, S., Akcay, M.A., 2010. Assessment of genetic relationships among 29 introduced and 49 local sweet cherry accessions in Turkey using AFLP and SSR markers. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 85 (5), 427–431.
- Gupta, P.K., Rustgi, S., 2004. Molecular Markers form the Transcribed/expressed Region of the Genome in Higher Plants. *Funct Integr Genomics*, 4, 139-162.
- Güleç, T.E., Yıldırım, A., Sönmezoğlu, Ö.A., 2010. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 3(2), 67-79.
- Gülşen, O., Mutlu, N., 2005. Bitki Biliminde Kullanılan Genetik Markırlar ve Kullanım Alanları. *Alatarım*, 4(2),27-37.
- Joshi, S.P., Gupta, V.S., Aggarwal, R.K., Ranjekar, P.K., Brar, D.S., 2000. Genetic Diversity and Phylogenetic Relationship as Revealed by İnter Simple Sequence Repeat (ISSR) Polymorphism in The Genus *Oryza*. *Theor. Appl. Genet.*, 100, 1311–1320.
- Kafkas, S., Perl-Traves, R., 2000. Kaska N. Unusual *Pistacia Atlantica* Desf. (*Anacardiaceae*) Monoecious Sex Type in The Yunt Mountains of The Manisa Province of Turkey. *Israil Journal of Plant Science*, 48, 277- 80.
- Kaplankıran, M., Tuzcu, Ö., 1994. Bazı Avokado Çeşitlerinin Adana Koşullarında Gösterdikleri Özellikler. *Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 9 (2), 103–112.
- Knight, Jr. R. J., 2002. History, Distribution and Uses. In: A. W. Whiley, B. Schaffer and B. N. Wolstenholme (Editör), *The Avocado: Botany, Production and Uses*; Cabi Publishing, 1, 1–10.
- Kobayashi, M., Lin, J.Z., Davis, J., Francis L., Clegg, M.T., 2000. Quantitative Analysis of Avocado Outcrossing and Yield in California Using RAPD Markers. *Scientia Horticulturae*, 86,2, 135-149.
- Lavi, U., Hillel, J., Vainstein, A., Lahav, E., and Sharon, D., 1991. Application of DNA Fingerprints for İdentification and Genetic Analysis of Avocado. *Journal of American Society for Horticultural Science*, 116, 1078-1081.
- Lavi, U., Akkaya, M., Bhagwat, A., Lahav, E., Cregan, P.B., 1994. Methodology of Generation and Characteristics of Simple Sequence Repeat DNA Markers in Avocado (*Persea americana* M.)*. *Euphytica*, 80,171-177.
- Lewis, E.,1992. Identification of Avocado Cultivars with RAPD Markers. *Inligtingsbulletin Instituut vir Tropiese en Subtropiese Gewasse*, 241, 7-9.

- Minch, E., Ruiz-Linares, A., Goldstein, D.B., Feldman, M., Cavalli-Sforza, L.L., 1995. Microsat (version 1.4d): a Computer Program for Calculating Various Statistics on Microsatellite Allele data. Stanford, California, Stanford University.
- Mnejja, M., Garcia-Mas, 2005. Development and Transportability Across Prunus Species of 42 Polymorphic Almond Microsatellites. *Molecular Ecology Notes*. Spain, 531–535.
- Morton, J., 1987. Avocado in Fruits of Warm Climates, 91-102.
- Pınar, H., Unlu, M., Ercisli, S., Uzun, A., Bircan, M., Yılmaz, K.U., Agar, G., 2013. Determination of genetic diversity among wild grown apricots from Sakit valley in Turkey using SRAP markers. *Journal of Applied Botany and Food Quality*, 86, 55-58.
- Ramirez, I.M., Fuentes, J.L., Rodriguez, N.N., Coto, O., Cueto, J., Becker, D., Rohde, W., 2005. Diversity Analysis of Cuban Avocado Varieties Based on Agromorphological Traits and DNA Polymorphisms [Persea americana Mill.]. *Plant Genetics and Breeding; Mathematical and Statistical Methods; Crop Husbandry*.
- Rao, V.R., Hodgkin, T., 2002. Genetic Diversity and Conservation and Utilization of Plant Genetic Resources. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 68(1), 1-19.
- 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.
- Schnell , R.J., Brown, J.S., Olano, E.J., Power, and Krol, C.A., Kuhn, D.N., Motamayor, J.C., 2003. Evaluation of Avocado Germplasm Using Microsatellite Markers . *Journal of American Society of Horticultural Science*, 128 (6),881-889.
- Selli, F., Bakır, M., İnan, G., Aygün, H., Boz, Y., Yaşasın, A.S., Özer, C., Akman, B., Söylemezoğlu, G., Kazan, K., Ergül, A., 2007. Simple Sequence Repeat-Based Assessment of Genetic Diversity in 'Dimrit' and 'Gemre' Grapevine Accessions from Turkey. *Vitis*, 46(4),182-187.
- Taah, K.J., Alderson, P.G., Power, J.B., 2003. Molecular Approaches for The Characterisation of Ghanaian Avocado Pear (Persea americana Mill.) Germplasm. *Proceedings Word Avocado Congress*, 69-72.
- Tian-Ming H, Xue-Sen C, Zheng X, Jiang-Sheng G, Pei-Jun L, Wen L, Qing L, Yan W, 2007. Using SSR Markers to Determine the Population Genetic Structure of Wild Apricot (Prunus armeniaca L.) in the Ily Valley of West China. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54(3), 563-572.

Toplu, C., Demirkeser, T. H., Kaplankıran, M., Demirkol, A., Baturay, S. G., Yanar, M., 1998. Bazı Avokado Çeşitlerinin İskenderun Koşullarında Gösterdikleri Verim Durumları ve Kalite Parametreleriyle Büyüme Şekilleri, 15(2).

TÜİK, 2019. Bitkisel Üretim İstatistikleri. Erişim
<http://tuikapp.tuik.gov.tr/bitkiselapp/bitkisel.zul>
Tarihi:12.03.2019

Vardar-Kanlıtepe, Ç., Aras, S., Cansaran-Duman, D., 2010. Bitki Islahında Moleküler Belirteçlerin Kullanımı ve Gen Aktarımı. Türkiye Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi, 33-43.

Yamamoto, Y., Kobayashi, Y., Y., Matsumoto, H., 2001. Lipid Peroxidation is an Early Symptom Triggered by Aluminum, But Not The Primary Cause of Elongation İnhibition in Pea Roots. Plant Physiol, 125, 199-208.

Yılmaz, KU., Yanar, M., Ercisli, S., Sahiner, H., Taskin, T., Zengin, Y., 2010. Genetic Relationships Among Some Hawthorn (*Crataegus* spp.) Species and Genotypes. Biochemical Genetics, 48 (9-10), 873-878.

Wagner, H.W., Sefc, K.M., 1999. Identity 1.0. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Science, Vienna.

Weber, J.L., 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.

Weising, K., Bayermann, B., Ramser, J., Kahl, G., 1991. Plant DNA Fingerprinting with Radioactive Dioxigenated Oligonucleotide Probes Complementary to Simple Repetitive DNA Sequences. Electrophoresis, 12, 159-169.

Wünsch, A., 2009. Cross-transferable Polymorphic SSR Loci in Prunus Species. Scientia Horticultural, 120,348-352.

Zentmyer, G. A., 1987. Avocados Around The World. California Avocado Society Yearbook, 71, 63-77.

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Müge Özeren
Doğum Yeri ve Yılı : ANTALYA 01.01.1995
Yabancı dili : İngilizce
E-posta : mugeozeren@hotmail.com

Eğitim Durumu

Lise : 75.Yıl Cumhuriyet Lisesi
Lisans : Süleyman Demirel Üniversitesi

Mesleki Deneyim

Süleyman Demirel Üniversitesinde laboratuvar stajyeri olarak hücre duvarını parçalayıcı enzimlerin analizinde görev aldım. (2015)