



ÇORUH VADİSİ'NDE BULUNAN ZERDALI
(Prunus armeniaca L.)
GENOTİPLERİNİN MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU

Fatma HANAY DOĞAN

Yüksek Lisans Tezi
Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı
Meyve Yetiştirme ve Islahı Bilim Dalı
Prof. Dr. Sezai ERCİŞLİ
2019
Her hakkı saklıdır

ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ÇORUH VADİSİ'NDE BULUNAN ZERDALI (*Prunus armeniaca* L.)
GENOTİPLERİNİN MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Fatma HANAY DOĞAN

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI
Meyve Yetiştirme ve Islahı Bilim Dalı

ERZURUM
2019

Her hakkı saklıdır



T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



TEZ ONAY FORMU

**ÇORUH VADİSİ'NDE BULUNAN ZERDALİ (*Prunus armeniaca* L.)
GENOTİPLERİNİN MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

Prof. Dr. Sezai ERCİŞLİ danışmanlığında, Fatma HANAY DOĞAN tarafından hazırlanan bu çalışma 25/07/2019 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı – Meyve Yetiştirme ve Islahı Bilim Dalı'nda Yüksek Lisans Tezi olarak **oybirliği/oy çokluğu (3./3.)** ile kabul edilmiştir.

Başkan: Prof. Dr. Sezai ERCİŞLİ

İmza:

Üye: Doç. Dr. Şeyda ÇAVUŞOĞLU

İmza:

Üye: Dr. Ögt. Üyesi Gürsel ÖZKAN

İmza:

Yukarıdaki sonuç;

Enstitü Yönetim Kurulunun 12./ 09./ 2019 tarih ve 36./ 87 nolu kararı ile onaylanmıştır.


Prof. Dr. Mehmet KARAKAN
Enstitü Müdürü

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaklardan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak olarak kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

ÇORUH VADİSİNDE BULUNAN ZERDALİ (*Prunus armeniaca* L.) GENOTİPLERİNİN MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Fatma HANAY DOĞAN

Atatürk Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı
Meyve Yetiştirme ve Islahı Bilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Sezai ERCİŞLİ

Son yıllarda tüm dünyada olduğu gibi Türkiye’de de meyve genetik kaynakları tehdit altındadır. Tehdide maruz kalan en önemli meyvelerden biri de zerdalidir. Zerdalinin doğal olarak yetiştiği Çoruh Vadisi’nde son yıllarda yaygınlaşan yol ve baraj yapım çalışmalarının artması zerdali genetik kaynaklarının kaybolma riskini de beraberinde getirmiştir. Yapılan bu çalışmada amaç; Çoruh Vadisi’nde doğal olarak yetişen ve kaybolma tehdidi altında bulunan zerdali genetik kaynakları arasında üstün özelliklere sahip olan tiplerin seçimi ve seçilen bu tipler üzerinde moleküler analizler yaparak karakterlerini ortaya koymaktır. Böylece yok olma tehlikesi altındaki bu tipler koruma altına alınarak gelecek nesillere aktarılması sağlanacaktır. Çalışmada Çoruh Vadisi’nde farklı özelliklere sahip zerdali tipleri seçilmiş ve seçilen tipler üzerinde yapılan moleküler çalışmalarda, ıslah açısından önemli varyasyonlar gözlemlenmiştir. Seçilen bu tipler arasındaki genetik farklılıklar moleküler teknik (SSR) ile S allel kompozisyonları tespit edilerek belirlenmiştir. 25 adet ümitvar zerdali genetiğinin moleküler karakterizasyonunda güncel bir teknik olan SSR tekniği kullanılmış ve genotiplerinin moleküler karakterizasyonu sağlanmıştır. 16 SSR lokusu değerlendirildiğinde toplam 67 adet allel elde edilmiş ve bunların 64 adedi polimorfik bulunmuştur. Primer başına düşen toplam allel sayısı 2 ile 6 arasında olup lokus başına düşen polimorfik bant sayısı yine 2 ile 6 arasında değişim göstermiştir. Ayrıca çalışmada genotiplerin birbiriyle ve Şalak, Abul, Hacıhaliloğlu ve Hasanbey Kayısı çeşitleriyle akrabalık ilişkileri de ortaya konmuştur. Öte yandan bölgede zerdaliler S allel kompozisyonu bakımından oldukça zengin bir çeşitlilik ortaya koymuştur. 25 zerdali tipinde toplam 8 adet farklı S allel tespit edilmiş olup S allellerin %30’u S₂, %22’si S₉, %16’sı S₃, %12’si S₇, %10’u S₁₂, %6’sı S₄ ve %2’si ise S₆ ve S₁₃ olarak ortaya çıkmıştır.

2019, 30 sayfa

Anahtar Kelimeler: *Prunus armeniaca* L., kayısı, zerdali, moleküler karakterizasyon

ABSTRACT

Master Thesis

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF WILD APRICOT (*Prunus armeniaca* L.) GENOTYPES IN ÇORUH VALLEY

Fatma HANAY DOĞAN

Ataturk University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Horticulture
Fruit Cultivation and Breeding Department

Supervisor: Prof. Dr. Sezai ERCİŞLİ

Fruit genetic resources in Turkey as well as all over the world in recent years is threatened. one of the most important fruits exposed to the threat is wild apricot. The increase in road and dam construction work, which has become widespread in the Çoruh Valley where wild apricot is grown naturally, has also brought with it the risk of the loss of the genetic resources. The aim of this study is; Choosing the species that have superior properties among the genetic sources of wild apricot which are naturally grown in the Çoruh Valley and threatened with disappearance and to make the molecular analysis on these selected types. Thus, these types under the risk of extinction will be protected and transferred to future generations. In the study, wild apricot types with different characteristics were selected in Çoruh Valley and significant variations in breeding were observed in molecular studies on selected species. The genetic differences between these types were determined by determining the molecular allele (SSR) and the S allele composition. In the molecular characterization of wild apricot genetics, 25 SSR techniques have been used. molecular characterization of genotypes has been made. When 16 SSR loci were evaluated, a total of 67 alleles were obtained and 64 of them were polymorphic. The total number of alleles per primer was between 2 and 6 and the number of polymorphic bands per locus varied between 2 and 6. In addition, the kinship relations between genetics and each of Şalak, Abul, Hacıhaliloğlu and Hasanbey Apricot varieties were also revealed. On the other hand, wild apricots in the region showed a rich variety in terms of S allele composition. A total of 8 different S alleles were identified in 25 wild apricot types, 30% of S alleles were S₂, 22% S₉, 16% S₃, 12% S₇, 10% S₁₂, 6% S₄ and 2% was S₆ and S₁₃.

2019, 30 pages

Keywords: *Prunus armeniaca* L., apricot, wild apricot, molecular characterization

TEŐEKKÜR

Yüksek Lisans tez çalışmam sırasında kıymetli bilgi, birikim ve tecrübeleri ile bana yardımlarını esirgemeyen danışman hocam Sayın Prof. Dr. Sezai ERCİŐLİ'ye sonsuz teşekkür ve saygılarımı sunarım.

Çalışmayı 1110664 nolu projeye destekleyen TÜBİTAK'a şükranlarımızı arz ederiz.

Yüksek Lisans öğrenimim boyunca gösterdikleri destek, sabır ve yardımlarından dolayı Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü çalışanlarına ve Bahçe Bitkileri Bölümü hocalarıma teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmalarım sırasında bana her konuda destek olan iş arkadaşlarıma ve Ziraat Mühendisi Melek ÖZKAN'a teşekkür ve sevgilerimi sunarım.

Beni bu günlere getiren ve her türlü fedakarlığı gösteren çok kıymetli aileme ve bana her zaman destek olan eşim Ahmet DOĞAN'a sevgi, saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Fatma HANAY DOĞAN

Temmuz, 2019

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	v
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ	viii
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ	8
2.1. Kayısı ve Zerdalilerde Moleküler Çalışmalar	8
2.1.1. S allel kompozisyonunun belirlenmesi (S genotipleme) ve kendine verimliliğin tespiti	8
2.1.2. SSR yöntemi ile genetik ilişkilerin belirlenmesi	10
3. MATERYAL ve YÖNTEM.....	13
3.1. Materyal.....	13
3.2. Yöntem	13
3.2.1. Yaprak örneklerinin alınması	13
3.2.2. DNA izolasyonu	13
3.2.3. SSR analizleri	14
3.2.3.a. Verilerin değerlendirilmesi.....	14
3.2.4. S allel kompozisyonlarının belirlenmesi	16
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA.....	17
4.1. SSR Analizi	17
4.2. S Allel Analizi	20
5. SONUÇ ve ÖNERİLER.....	25
KAYNAKLAR	26
ÖZGEÇMİŞ	31

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

%	Yüzde
(NH ₄) ₂ SO ₄	Amonyum sülfat
°	Derece
°C	Santigrat derece
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
cal	Kalori
Cl	Klor
CTAB	Cetyl trimethylammonium bromide
da	Dekar
dATP	Deoksiadenozin trifosfat
dCTP	Deoksisitidin trifosfat
dGTP	Deoksiguanosin trifosfat
DNA	Deoksiribo Nükleik asit
dTTP	Deoksitimidin trifosfat
EDTA	Etilendiamin tetraasetik asit
<i>et al.</i>	et alii
FAO	Food and Agriculture Organization
g	Gram
GSI	Gametofitic self-incompatibility
ha	Hektar
HCl	Hidrojen klorür
ISSR	Inter Simple Sequence Repeat
İSP	İspir
kg	Kilogram
km ²	Kilometrekare
l	Litre
m	Metre
mg	Miligram
MgCl ₂	Magnezyum klorür

mM	Milimolar
ng	Nanogram
PCR	Polymerase Chain Reaction
pH	Power of Hydrogen
PPV	Plum Pox Virus
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism
RNase	Ribonuclease
SC	Self Compatible
SI	Self Incompatibility
SRc-F	5'-CTC GCT TTC CTT GTT CTT GC-3'
SRc-R	5'-GGC CAT TGT TGC ACA AAT TG-3'
SSR	Simple Sequence Repeats
T	Ton
TBE	Tris borate edta
TÜBİTAK	Türkiye Bilimsel Ve Teknolojik Araştırma Kurumu
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
UV	Ultraviyole
UZ	Uzundere
vb.	ve benzeri
vd.	ve diğerleri
WWF	World Wildlife Fund
YUS	Yusufeli
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
µM	Mikromol

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1. 25 zerdali genotipinde PS12A02 primerinin amplifikasyon ürünleri.....	18
Şekil 4.2. Zerdali tipleri ve kültür kayısı çeşitlerini içeren dendogram.....	20
Şekil 4.3. S allel jel görüntüsü	24



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. 100 gr. yaş ve kuru kayısı meyvesinin besin içeriği	2
Çizelge 1.2. Ülkelerin yıllara göre kayısı üretim miktarları	3
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan SSR primerleri ve baz dizilimleri	15
Çizelge 4.1. SSR primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen toplam allel sayıları, polimorfik allel sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve primerlerin ayırma gücü.....	18
Çizelge 4.2. Zerdali genotipleri ile kayısı çeşitlerinin S allel kompozisyonları	22
Çizelge 4.3. Zerdali genotiplerinin S allel oranları.....	23
Çizelge 4.4. Zerdali genotipleri ve kayısı çeşitlerinin S allel uyumsuzluk gruplaması	23

1. GİRİŞ

Kayısı (*Prunus armeniaca* L.), gülgiller familyasından olup ağaçları 2-10 m yüksekliğinde, dikensi ve tüysüzdür. Yaprakları uzunca ve mızraksı, kenarları dişli, ucu sivri veya küttür. Çiçekleri beyaz veya pembe renklidir ve yapraklardan daha önce meydana gelir. Meyveleri, üzeri tüylü, sarımsı-turuncu renklerde, etli, sulu, hoş kokulu, cevizden biraz irice, sert ve tek çekirdekli, eriksidir (Anonim 2019). Kayısı, sıcak, iyi havalanmış, geçirgenliği fazla, derin ve besin maddelerince zengin; tınlı, kumlu ve humuslu toprakları sever. Kışın soğuk, yazın sıcak iklimleri sever (Anonim 2011a). Çoğu zaman kayısıdan farklı bir meyve olarak düşünülen zerdali ise kayısının yabanisine verilen isimdir (Anonim 2017a). Kayısı, taze, kurutularak ve dondurularak tüketilebildiği gibi meşrubat, reçel, konserve, çerez, pulp, marmelat, pestil, pastacılık, ilaç ve kozmetik sanayi gibi birçok sektörde hammaddeyi teşkil etmektedir (Asma 2000). Kayısı çekirdeğinden badem yağı ve esans üretilmekle birlikte yakacak olarak da kullanılabilir.

İnsan sağlığı açısından pek çok faydası olan kayısının en önemli bileşenlerinden biri karotenoid grubu maddelerdir. Bu maddeler kırmızı, turuncu ve sarı renkli doğal pigmentlerdir. Organizmada antioksidan özellik gösteren ve provitamin-A etkisine sahip olan karotenoidlerin en önemlisi sayılan β -karoten, ince bağırsaklarda karoten oksijenaz enzimi ile retinal, retinol ve retinoik aside dönüşür ve böylece bağışıklık sistemi, görme olayı, epitel dokunun biresiminde ve yenilenmesinde önemli rol oynar. β -karoten içeriği oldukça yüksek olan kayısı, diğer besin maddelerince de olabildiğince besleyici ve zengindir. Kayısı, içerdiği zengin demir bakımından kansızlığın tedavisinde kullanılır. Vücuttaki ve kandaki toksinlerin atılmasına yardımcı olur. Kayısının en önemli özelliklerinden birisi de içeriğinde yüksek miktarda bulunan pektin ve selüloz sayesinde kabızlığı önlemesi ve kolon sağlığı için hayati bir önem taşımasıdır (Anonim 2014). Kayısı, aynı zamanda fenolik maddelerce de oldukça zengin olan bir meyvedir. Özellikle de önemli ölçüde antioksidan içerikli oldukları bilinen, flavonoid grubu maddelerce oldukça zengindirler. Böylece kalp hastalıkları dahil olmak üzere bir çok ciddi hastalığa

sebepler olan oksidatif stresin dengelenmesini sağlar. Ayrıca bu antioksidanlar, vücutta kılcal damar duvarlarının yapısını muhafaza etmede önemli rol oynarlar (Anonim 2017b).

Çizelge 1.1. 100 gr. yaş ve kuru kayısı meyvesinin besin içeriği (Anonim 2004)

İÇERİK	TAZE	KURU
Su (g)	78,26	25,0
Enerji (cal)	80,22	294
Protein (g)	0,78	3,61
Yağ (g)	0,97	0,5
Karbonhidrat (g)	19,30	66,5
Vitamin B1 (mg)	0,025	0,1
Vitamin B2 (mg)	0,03	0,16
Vitamin C (mg)	10	12
Demir (mg)	0,52	3,88
Çinko (mg)	0,32	0,61
Kalsiyum (mg)	9,2	22
Sodyum (mg)	0,3	1,25
Potasyum (mg)	292	1269
Fosfor (mg)	23	108
Magnezyum (mg)	9,4	47,8
Karoten (mg)	1,0	2,5
Niasin (mg)	0,67	2,81

*Hacıhaliloğlu çeşidi baz alınmıştır.

Yapılan araştırmalar, kayısının (*Prunus armeniaca* L.) anavatanının Orta Asya ve Çin'in batısını (Doğu Türkistan) kaplayan çok geniş bir alan olduğunu ortaya koymaktadır. Anadolu'ya gelişinin ise iki bin yıldan daha fazla bir geçmişinin olduğu tahmin edilmektedir (Osmanoğlu vd 2014). Ayrıca Anadolu'nun, birçok meyve türünün olduğu gibi kayısının da anavatanı olduğu bildirilmiştir (Janick and Moore 1975; Bostan 1994). Kayısı, anavatanı ülkemiz olmamasına rağmen, oldukça geniş bir yayılma alanı bulmuş ve hem taze hem de kuru olarak tüketilen önemli meyve türlerinden birisi haline gelmiştir.

Birçok meyvenin gen merkezi olan yurdumuz, kayısının da ilk kültüre alındığı yerlerdendir (Sykes 1972).

Kayısı, dünyanın hemen hemen her bölgesinde yetiştiriliyor olsa da özellikle Akdeniz'e yakın olan bölgelerde, Orta Asya, Amerika, Avrupa ve Afrika kıtalarında daha çok yayılmış ve buralarda yetiştirme alanları bulmuştur (Anonim 2015a). Günümüzde kayısı yetiştiriciliğinin daha yoğun olarak yapıldığı yerler Akdeniz ülkeleri ve Avrupa'dır. Ayrıca İran, Pakistan, Özbekistan, Cezayir ve Fas'ta önemli miktarda kayısı üretimi yapılmaktadır. Dünya yaş ve kuru kayısı üretiminde Türkiye birinci sıradadır (Anonim 2015b). Kayısı, fazla nemden olumsuz etkilendiği için ülkemizin, Karadeniz Bölgesi'nin nem oranı yüksek olan doğu kısımları ile kış soğuklarının şiddetli geçtiği Doğu Anadolu Bölgesinin yüksek kısımları dışındaki hemen hemen her yerinde yetiştirilebilmektedir. Ülkemiz hem gen kaynakları hem de üretim alanları bakımından büyük bir potansiyele sahiptir. Ayrıca sahip olduğumuz ağaç sayısı ve üretim miktarı da giderek artış göstermiştir. Türkiye'yi İran ve Özbekistan izlemektedir (Anonim 2018).

Çizelge 1.2. Ülkelerin yıllara göre kayısı üretim miktarları (ton) (FAO 2019)

Ülkeler	2013	2014	2015	2016	2017
Türkiye	811.609	278.210	696.100	730.000	985.000
Özbekistan	430.000	547.000	606.000	596.820	532.565
İtalya	198.290	222.690	217.569	237.021	266.372
Cezayir	319.784	216.941	293.486	256.771	256.890
İran	457.308	241.569	241.569	270.516	239.712
Pakistan	177.630	170.504	172.933	177.094	178.957
İspanya	131.800	136.446	153.667	139.605	162.872
Fransa	133.646	175.760	159.375	110.850	148.500
Afganistan	90.000	90.000	87.686	17.894	131.816
Fas	119.670	90.274	103.955	71.156	112.538
Yunanistan	74.718	90.038	94.799	92.300	106.600
Mısır	99.931	97.522	94.831	89.792	96.226
Ermenistan	89.019	41.710	116.328	62.054	87.320
Japonya	123.700	111.400	97.900	92.700	86.800
Ukrayna	134.970	64.520	64.900	81.290	86.680
Toplam	3.392.075	3.343.441	3.963.404	3.766.079	4.257241

Kayısı üretiminde yıllar itibariyle görülen dalgalanmaların en önemli nedeni ilkbahar geç donlarıdır. İlkbahar geç donları, tüm dünyada ve ülkemizde kayısı yetiştiriciliğinde karşılaşılan en önemli sorunların başında gelmektedir. Kayısı ağaçları ilkbahar geç donlarından büyük ölçüde zarar görmekte ve çoğu zaman rekolteyi geç donlar belirlemektedir. Don olayının çok etkili olduğu dönemlerde kayısı rekoltesinde önemli derecede düşüşler yaşanırken, hava koşullarının iyi olduğu dönemlerde de rekolte artışlar meydana gelebilmektedir. İlkbahar geç donlarından korunmanın en etkili yolu don tehlikesinin bulunduğu rutubetli, taban araziler ve soğuk havanın biriktiği vadi içlerinde kayısı bahçesi tesis edilmemesidir. Bunun yanı sıra geç çiçeklenme özelliğine sahip dayanıklı çeşitlerin kullanımı da alınacak önlemlerin başında gelir. Bu konuda oldukça geniş bir genetik varyasyon gösteren zerdaliler büyük dikkat çekmektedir (Ercişli 2004; Ercişli 2007).

2017 yılı TÜİK verilerine göre ülkemizin kayısı üretimi 985.000 ton'dur. Kayısı, ülkemizde Karadeniz Bölgesi'nin nem oranı yüksek olan doğu kısımları ile kış soğuklarının çok şiddetli geçtiği Doğu Anadolu Bölgesi'nin yüksek yaylaları dışında kalan hemen hemen her yerde yetiştirilmekle birlikte, en önemli kayısı üretim merkezimiz Malatya'dır. Ülkemizdeki toplam kayısı üretiminin yaklaşık yarısı Malatya tarafından sağlanmaktadır. Malatya, gerek ağaç sayısı gerekse yaş ve kuru kayısı üretimi bakımından sadece ülkemizin değil dünyanın da en önemli kayısı üretim merkezlerindedir (Anonim 2015b).

Ülkemizde kayısı üretimi yapılan diğer iller ise; Iğdır, Kayseri, Kahramanmaraş, Elazığ, Erzincan, İçel, Konya, Sivas, Nevşehir ve Ankara'dır. Bu illerden Malatya, Elazığ ve Sivas'ta kurutmalık, diğerlerinde ise sofralık amaca yönelik üretim ağırlık kazanmaktadır. Son yıllarda Kahramanmaraş'ın Elbistan, Elazığ'ın Baskil, Sivas'ın Gürün ve Adıyaman'ın Gölbaşı ilçelerinde kuru kayısı üretimine yönelik çok sayıda kayısı bahçesi kurulmuştur (Anonim 2011b).

Türkiye Dünya üzerinde 4 büyük kayısı eko-coğrafik gruplardan İran-Kafkasya ile Avrupa eko-coğrafik grupları arasında bir geçit teşkil etmektedir. Bu özelliğinden dolayı

da kayısı konusunda çalışan arařtırıcıların dikkatini çekmektedir. Ülkemizde kayısı çeřitlerinin tohumlarından elde edilen zerdali ağaçları arasında, açılım özelliklerinden dolayı büyük çeřitlilikler mevcut olup kayısı çeřitlerimiz zerdaliler arasında yapılan seleksiyonlar sonucu elde edilmişlerdir.

Meyvecilikte gerek çeřitleri gerekse seleksiyon çalışması sonucu seçilen çeřit adaylarını karakterize etmede daha önce morfolojik özellikler kullanılmaktaydı (Casas *et al.* 1999; Zamani *et al.* 2007). Ancak son yıllarda gen düzeyinde genotipler arasında farklılığı belirleyen moleküler teknikler daha fazla uygulama alanı bulmuştur. Bunda en önemli etken morfolojik özelliklerin çevre ve iklim faktörlerinden kolayca etkilenmesinin yanında, bitkinin gelişme dönemine göre morfolojik özelliklerin değişmesi ve ayrıca morfolojik gözlemlerin de kişiden kişiye değişebilmesidir (Casas *et al.* 1999; Zamani *et al.* 2007). Buna karşılık moleküler tekniklerin çevreden etkilenmemeleri, bitkinin her gelişme devresinde kullanılabilmeleri, daha güvenilir bilgi verebilmeleri ve daha geniş varyasyon göstermeleri, bu tekniklerin son yıllarda daha çok yaygınlaşmasını sağlamıştır (Rafalski *et al.* 1996; Yılmaz 2008). Moleküler teknikler sayesinde bitkilerin ıslah süreleri kısaltılabilmekte, genetik varyasyonlar araştırılmakta ve türler taksonomik olarak tanımlanarak, filogenetik akrabalıkları bulunabilmektedir (Lowe *et al.* 1996).

PCR esaslı moleküler markörler dominant ve ko-dominant olarak iki grupta incelenmekte ve ko-dominant markör olan SSR, meyve türlerine ait genotip ve çeřitleri etkili bir şekilde ayırt edebilmektedir (Wünsch 2009). SSR markörleri sert çekirdekli meyve türlerinde özellikle genetik çeřitlilik, genetik akrabalık, genetik haritalama vb. özelliklerin tespitinde yoğun bir şekilde kullanılmaktadır (Cipriani *et al.* 1999; Downey and Iezzoni 2000; Sosinski *et al.* 2000; Testolin *et al.* 2000). SSR veya mikrosatellitler 1-6 baz uzunluğunda kısa tekrar dizileri olup, yüksek canlılarda genoma özgünlük göstermektedir. SSR'ler ko-dominantlık ve diğer DNA markörlerine göre yüksek polimorfik özelliği ile bitki tanımlama ve diğer genomik çalışmalarda önemli avantajlar sağlamaktadır. Birçok meyve türünde geniş bir SSR veritabanı oluşmuş olup, sert çekirdekli meyve türlerinde geliştirilen SSR markörler birbirleri için transfer edilebilir

özellik taşımakta ve kayısıda moleküler karakterizasyon çalışmalarında kullanılabilir (Hormaza 2002; Romero *et al.* 2006).

Son yıllarda biyoteknolojide yaşanan gelişmeler, bitki ıslahçılarının geleneksel fenotipik-pedigree temelli seçim sistemlerine göre daha etkili seleksiyon yöntemleri geliştirmelerini sağlamıştır. Meyvecilikte son yıllarda bitki ıslahçıları tarafından kullanılan ve ıslah süresini kısaltan moleküler tekniklerden birisi ve en etkili Markör Yardımıyla Seçim (MAS) tekniğidir. Teknik, farklı meyve türlerinde verimlilik, meyve ve ağaç özellikleri, hastalıklara dayanım, abiyotik stres şartlarına tolerans ve kalite gibi ıslahçıların ilgisini çeken karakterleri belirlemede markörlerin (işaretleyiciler) bulunmasını ve kullanılmasını içermektedir. Teknik, indirek bir seleksiyon tekniği olup, ilgili karakterin geliştirilen bir markör yardımıyla belirlenmesini amaçlamaktadır (Testolin 2003).

Bu yolla geliştirilen bir markör, melez populasyonlarda uzun generasyon süresini beklemeden, üzümde çekirdeksizlik (Adam-Blondon *et al.* 2001), armutlarda meyve şekli (Calenge and Durel 2006), şeftalilerde meyve boyutları (Etienne *et al.* 2002), bademlerde çiçek rengi (Jauregui 1998), kabuk sertliği ve kendine verimlilik (Arus *et al.* 1999; Sanchez-Perez *et al.* 2005), kayısıda şarka hastalığına dayanım (Sicard *et al.* 2008), çileklerde nötr gün (Weebadde *et al.* 2008) gibi özellikleri belirleyebilmektedir. MAS yöntemi geleneksel veya klasik ıslah metotlarının başarısını ve hızını artırıcı tekniklerin başında gelmektedir. Markör destekli seleksiyon agronomik olarak önem arz eden ve birden fazla gen veya lokus tarafından kontrol edilen karakterlerin etkin bir şekilde belirlenmesini sağlar (Testolin 2003).

Kayısı yetiştiriciliği, ülkemizde yakın bir tarihe kadar tohumla yapıldığından Anadolu'da oldukça büyük bir genetik zenginlik bulunmaktadır. Özellikle Erzurum iline bağlı İspir, Tortum, Uzundere ve Artvin iline bağlı Yusufeli ilçelerini içine alan Çoruh Vadisi'nde doğal olarak bulunan yabani meyve türlerini kullanım kültürü, tohumdan kayısı yetiştiriciliğinin yoğunlaşmasına yol açmıştır. Bu anlamda Çoruh Vadisi, zerdalilerde birçok bitkisel karakter yönünden geniş varyasyon potansiyeline sahip, bölgesel anlamda zerdaliler için genetik çeşitlilik merkezi konumunda olan önemli yerlerden birisi haline

gelmiştir. Tamamı çekirdekten yetişmiş bu genetik zenginlik içerisinde meyve özellikleri çok iyi olan tipleri seleksiyon yolu ile seçip tanımlamak, ülkemiz kayısı yetiştiriciliği açısından çok önemlidir. Fakat ne yazık ki son yıllarda ülkemizde zerdali ağaçlarında hızlı bir azalış söz konusudur.

Zerdalilerde sahip olduğumuz çeşitlilikler iklim değişikliği, tarım politikaları, insan aktiviteleri, küreselleşme vb. nedenlerle yeterince değerlendirilememiş olup zerdali genetik kaynaklarımızda hızla kaybolmaktadır. Zerdalice zengin Çoruh Vadisi'nde de baraj yapımları nedeniyle zerdali ağacı sayısında düşüşler yaşanmıştır. Çoruh Vadisi'nde bulunan zerdali genotipleri, değişen iklim koşullarında gen kaynağı olarak gıda güvencesini sağlayabilecek unsurlar olmaları yanında, farklı tat zenginlikleri ve farklı kullanım biçimleriyle de bölgenin ve dolayısıyla ülkemizin kültürel mirasını da oluşturmaktadırlar.

Sahip olduğu jeolojik, jeomorfolojik, iklimsel özellikleri ve zengin biyolojik çeşitliliği ile dikkat çeken Çoruh Vadisi, WWF (Dünya Doğayı Koruma Vakfı) tarafından belirlenen ve dünyanın biyolojik çeşitlik bakımından özel öneme sahip olan 200 ekolojik bölgesi arasında bulunan Kafkasya Ekolojik Bölgesi içinde yer almaktadır. Çoruh Vadisi ülkemizdeki önemli 9 bitki alanından birisidir. Çoruh Havzası, 19.748 km² yüzölçümünde olup Türkiye'nin kuzeydoğusunda bulunmaktadır. 39°-52' ile 41°-32' enlemleri ve 39°-40' ile 42°-35' boylamları arasındadır. Havzayı kuzeyden Doğu Karadeniz Dağları, batıdan Giresun Dağları, güneyden Otlukbeli, Dumlu, Kargapazarı, Güllü, Allahuekber Dağları, doğudan ise Yalnızçam Dağları ve Gürcistan sınırlandırmaktadır (Erdoğan vd 2014).

Bu çalışmada, Çoruh Vadisi'nde bulunan zerdali genetik kaynakları moleküler olarak karakterize edilmişlerdir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

2.1. Kayısı ve Zerdalilerde Moleküler Çalışmalar

2.1.1. S allel kompozisyonunun belirlenmesi (S genotipleme) ve kendine verimliliğin tespiti

Kayısı (*Prunus armeniaca* L.), Rosaceae familyasına ait diğer meyve türlerinde olduğu gibi tek bir multi-allel S lokusu tarafından kontrol edilen gametofitik kendine kısırlık (GSI) sistemine sahiptir. GSI sisteminde, polen tanesi ve pistilde aynı kompozisyona sahip alleler varsa, polen tüpü gelişmesine engel olarak kendine uyumsuzluğa sebep olurlar. Kayısının anayurdu kabul edilen Çin Cumhuriyeti'nde kayıların kendine kısırlık olmasına rağmen, birçok Avrupa grubu kayıların kendine verimli olmalarını, Sc-haplotip çiçek tozu çim borusu geni içerisindeki fonksiyon kaybına sebep olan bir mutasyonla açıklamışlardır (Halasz *et al.* 2005; Halasz *et al.* 2010).

Kayısı çeşit ve genotiplerinde S allellerin belirlenmesi özellikle bahçe tesisinde döllenme biyolojisi bakımından önem taşıdığı gibi, kayısı çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliği belirlemede de önem taşımaktadır. PCR esaslı S-allel belirleme çalışmaları ilk defa Janssens *et al.* (1995) tarafından elmada geliştirilmiştir. Bu metot daha sonra badem (Ortega *et al.* 2005), kiraz (Sonneveld *et al.* 2001; Wiersma *et al.* 2001; Sonneveld *et al.* 2003; Wünsch and Hormaza 2004), Japon armudu (Norioka *et al.* 2001) ve kayısı (Yaegaki *et al.* 2001; Entani *et al.* 2003; Vilanova *et al.* 2005; Hajilou *et al.* 2006)'da uygulanmış ve günümüzde meyve türlerinde başarıyla uygulanmaya devam edilmektedir. Özellikle kayısıda son yıllarda bu konuda önemli gelişmeler sağlanmıştır. Kuzey Amerika ve İspanyol çeşitlerinde kendine kısırlıkla (SI) ilgili 7 S alleli kendine verimlilikle ilgili 1 S alleli belirlenmiş ve bu alleler S₁-S₇ ve Sc olarak adlandırılmışlardır (Alburquerque *et al.* 2002). Vilanova *et al.* (2005) daha sonra kayısıda sekiz yeni S-allelini PCR yaklaşımıyla belirlemişlerdir.

Zhang *et al.* (2008), Çin'de bulunan 16 kayısı çeşidini S allel kompozisyonuna göre değerlendirmişlerdir. Araştırmacılar, EM-PC2consFD + EMPC3consR primer kombinasyonunun S genotipleme çalışmasında en etkili olduğunu tespit etmişlerdir. Araştırmacılar 3 çeşidin S₉S₁₀, 2'şer çeşidin S₁₁S₁₈ ve S₁₂S₁₄ kompozisyonuna sahip olduğunu belirlemişlerdir.

Halasz *et al.* (2010), Macaristan'da yetiştirilen ve S allel kompozisyonu belli olan 6 kayısı çeşidi ile Türkiye'de bulunan 55 kayısı çeşidini S allel kompozisyonu bakımından S-RNase intron bölgelerini esas alarak PCR temelinde karşılaştırmışlardır. Araştırmacılar 51 çeşitte kesin, 4 çeşitte kısmi S allel kompozisyonunu belirlemişlerdir. Çalışmada 32 farklı S allel kompozisyonu ortaya çıkmış olup bunlardan 28 adedi kayısıda ilk defa tespit edilen kendine uyumsuz gruplar olmuştur. İncelenen 55 çeşitten ancak 7 tanesi kendisiyle uyumlu bulunmuştur. Çalışmada Macar çeşitlerinde tespit edilen 5 allel Türk çeşitlerinde de bulunmuş olup, araştırmacılar Türk çeşitlerinin Macar çeşitlerinin meydana gelişinde önemli paya sahip olduğunu ortaya koymuşlardır.

Xu *et al.* (2010), Japon kayısılarında (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) yürüttükleri S allel kompozisyonu belirleme çalışmasında, Çin'de bulunan 24 Japon kayısı çeşidini PCR yaklaşımıyla değerlendirmişlerdir. Araştırmacılar çalışma sonunda 10 adet yeni S alleli belirleyerek bunları S₁₇, S₁₈, S₁₉, S₂₀, S₂₁, S₂₂, S₂₃, S₂₄, S₂₅ ve S₂₆ olarak adlandırmışlardır.

Halasz *et al.* (2013), Erzincan ovasında bulunan 63 zerdali genotipinin S allel kompozisyonlarını belirlemişlerdir. Çalışmada kullanılan 63 zerdali genotipi kayısılarda daha önce belirlenen 10 farklı allele sahip olmuştur. Ayrıca SX ve SY olarak işaretlenen yeni 2 allel de belirlenmiştir. S₂ alleli en sık rastlanılan allel grubunu oluşturmuş (19 genotipte) olup bunu S₈ (17), S₁₉ (16), S₃ (13), S₁₂ (11), S₆ (10), ve S₇ (10) takip etmiştir. S₉, S₁₁ ve S₁₃ allelerine 8 genotipte rastlanılmıştır. Çalışmada kendine uyumlu SC alleleline rastlanılmamış olup bütün genotipler kendine uyumsuz bulunmuşlardır.

Kodad *et al.* (2013), Fas'ta bulunan 55 kayısı çeşidinin S allel kompozisyonunu belirlemişlerdir. 55 çeşitten 37 tanesi kendine uyumlu olarak bulunmuştur. Çalışmada SC

germplazmda en yüksek rastlanılan S alleli olmuştur. Diğer en sık rastlanılan S alleler ise sırasıyla S₁₃, S₇, S₁₁, S₂, S₂₀, S₈ ve S₆ olmuştur. Çalışmada kayısı çeşitlerinin bazılarında tespit edilen S₈, S₁₁, S₁₃ ve S₂₀ allelleri daha önce İran-Kafkasya grubunda da belirlenmiş olup, Avrupa'daki kayısı germplazmasında bulunmamaktadır.

Lachkar *et al.* (2013), Tunus'ta bulunan 8 lokal ve ıslah çalışmasıyla elde edilen 4 yeni kayısı çeşidinin S allel kompozisyonunu ve uyumsuzluk gruplarını belirlemişlerdir. Çalışmada bütün lokal çeşitler 'Oud Rhayem', 'Oud Hmida', 'Bouthani Ben Friha', 'Bedri Ahmar', 'Oueld El Oud', 'Hamidi', 'Bouk Ahmed', ve 'Adedi Ahmar' kendine uyumsuz bulunurken, 4 yeni çeşitten 3 tanesi 'Sayeb', 'Asli', ve 'Raki' kendine uyuşur bulunmuştur. Çalışmada kayısılar için yeni 3 karşılıklı uyumsuz grup (CIG XV (S₇S₈), CIG XVI (S₇S₁₁), ve CIG XVII (S₈S₁₂)) belirlenmiştir.

2.1.2. SSR yöntemi ile genetik ilişkilerin belirlenmesi

Kayısılarda son yıllarda genetik akrabalık düzeyinin belirlenmesinde en fazla kullanılan tekniklerden birisi SSR (Simple Sequence Repeats)'dir. SSR yöntemi basit tekrar dizileri tekniği olup, bu teknikte polimorfizm oranı oldukça yüksektir. Ancak çalışılan genomdaki tekrarlanan nükleik asit dizilimlerinin belirlenmesi ve bunların primer olarak kullanılması gibi bir ön çalışmayı gerektirmektedir. Bunlarda farklı olarak bu teknik radyoaktif madde kullanımını da gerektirir. Bu yönlerden SSR yöntemi kullanımda sınırlayıcı özelliklere sahiptir (Powell *et al.* 1996).

Hormaza (2002), değişik coğrafik alanlardan selekte ettiği 48 kayısı genotipi, genetik ilişkileri belirlemek ve karakterize etmek için farklı Prunus türlerinde geliştirilmiş 37 SSR primer çifti ile çalışmıştır. Bu primer çiftlerinin 31'i %100 polimorfizm göstermiş ve bu primerlerin 20'si 48 kayısı genotipinin tanımlanmasında kullanılmıştır. 20 primer de toplam 82 allel çifti belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan tüm genotiplerin birbirinden farklı olduğu belirlenmiştir.

Zhebentyayeva *et al.* (2003) yaptığı çalışma ile şeftaliler (*Prunus persica* (L.) Batsch) için 30 adet SSR primeri geliştirmiş ve bunları 74 kayısı çeşidinin amplifikasyonunda kullanmışlardır. 12 primer çifti oldukça elverişli bulunmuş ve 14 polimorfik SSR lociyi amplife etmiştir. Polimorfizm düzeyi öteki ko-dominant markör sistemlerinde (izozim, RFLP markörleri) tanımlanmış seviyelerden daha fazla bulmuştur. Ortalama 107'nin üzerinde allel tanımı yapılmıştır.

Vilanova *et al.* (2003) yaptıkları çalışmada kayıslarda AFLP ve SSR markörlerini kullanarak genetik haritalama analizi yapmışlardır. Haritada Stark Early Orange ve Tyrinthe arasında yapılan melezleme orijinli bireysel F1'lerin (Lito) kendiyle tozlanmasından ortaya çıkan F2 populasyonu ile çalışılmıştır. Lito x Lito olarak dizayn edilmiş bu familya, agronomik olarak iki önemli özellikle ayrılmaktadırlar. Sharka'ya (PPV) dayanıklı ve kendiyle-uyuşmazlık.

Toplam 211 markör (180 AFLP, 29 SSR ve iki agronomik özellik) 11 bağlantı grubu oluşturmuştur. PPV'ye dayanıklılık özelliği ile kendiyle-uyuşmazlık özelliği de haritalanmıştır.

Romero *et al.* (2006) Szent Istvan Üniversitesi'nde (Macaristan-Budapeşte) kayısı germplazm koleksiyon bahçesinde bulunan 9 kayısı çeşidi ile IVIA'da (İspanya-Valencia) muhafaza edilen Kuzey Amerika ve Güney Avrupa ülkelerinden 11 kayısı çeşidi üzerinde SSR moleküler markörleri kullanarak Macar kayısılarıyla Güney Avrupa grubuna kadar olan ilişkiyi belirlemek amacıyla yaptığı çalışmada, şeftali için geliştirilen 20 SSR primer çifti farklılıkların belirlenmesi için kullanılmıştır. Cegledi Orias ve Szegedi Mammut çeşitleri arasında farklılık bulunmuştur. Bu çeşitlerde pomolojik analizlerde de benzer sonuçlar bulunmuş olup, muhtemelen aynı çeşitler olduğu düşünülmüştür. Yine aynı çalışmada, Rozsabarack grubu kayısılar olarak belirtilen Borsifele Kesei Rozsa ve Rozsakajszi çeşitlerinin, bazı fenotipik farklılıkları olan aynı çeşidin farklı klonları olduğu ifade edilmiştir.

96 kayısı genotipinin genetik farklılıkları, akrabalık durumları ve kendiyile uyuşma durumlarını belirlemeye yönelik planlanan çalışmada SSR, ISSR ve RAPD yöntemleri kullanılmış ve içlerinde en yüksek polimorfizm oranına %98 ile SSR'de rastlanmıştır. Bunu sırasıyla %88 ve %77 ile diğer yöntemler izlemiştir. SRc-R ve SRc-F primer çiftleri ise kendine verimlilik allelinin belirlenmesinde kullanılmıştır. 33 genotipte Sc alleli bulunurken, Hacıhaliloğlu, Kabaası, Çataloğlu, Soğancı, Hasanbey gibi Türkiye'nin önemli kayısı çeşitlerinde Sc (kendine verimlilik) alleli bulunmadığı ifade edilmiştir (Yılmaz 2008).

Türkiye kayısı için önemli üretim ve ihracat merkezi olmasına rağmen bu geniş populasyon hakkında çok fazla bilgi bulunmamaktadır. Bu çalışma kapsamında 25 yerli ve 4 yabancı kayısı çeşidi 8 SSR markörü (UDAP-401, UDAP-404, UDP96-010, UDP96-019, UDP98-406, Pchgms1, Pchgms2 ve Pchgms3) kullanılarak genetik bakımdan incelenmiş ve 51 allel elde edilmiştir. SSR lokusundaki allel çeşitliliği ve bu çeşitlerdeki heterozigotluk oranın kayısı için aynı lokuslarda kullanılan diğer çalışmalardan daha yüksek olduğu bulunmuştur. Bu çeşitlerin coğrafi dağılımı ve genetik akrabalık arasında herhangi bir ilişki tespit edilmemiştir (Akpınar vd 2010).

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

Çalışma, Çoruh Vadisi'nde bulunan Erzurum iline bağlı İspir, Tortum ve Uzundere ilçeleri ile Artvin iline bağlı Yusufeli ilçesinde yürütülmüştür. Materyal olarak vadideki mevcut zerdali popülasyonları ve bu popülasyonlarda bulunan genotipler kullanılmıştır. Vadide yetiştirilen başlıca kayısı çeşitleri (Şalak, Abul, Hacıhaliloğlu ve Hasanbey) tüm analizlerde zerdalilerle karşılaştırma yapmak üzere kontrol amacıyla denemeye dahil edilmiştir. Araştırmada önceden belirlenen 25 üstün vasıflı birey incelenmiştir. Çalışmada seçilen zerdali tiplerine buldukları ilçelerin baş harfleri (YUS, UZ, İSP) ile birlikte 1'den başlayarak numara verilmiştir.

3.2. Yöntem

3.2.1. Yaprak örneklerinin alınması

Seleksiyonda seçilen zerdali genotipleri ile standart kayısı çeşitlerine (Hasanbey, Hacıhaliloğlu, Şalak ve Abul) ait yaprak örnekleri Çoruh Vadisi'nden alınarak kese kağıtlarına konulduktan sonra soğuk zincirde Erzurum Atatürk Üniversitesi'ne zaman geçirilmeden götürülmüştür. Alınan bu yaprak örnekleri ilk olarak su ile ve daha sonrasında da %50'lik etil alkol ile yıkandıktan sonra kurutulma işlemi yapılmıştır. Daha sonra -196°C'lik sıvı azot ile hızlı dondurularak, DNA izolasyon çalışması için -86°C'de derin dondurucuda muhafaza altına alınmıştır.

3.2.2. DNA izolasyonu

DNA ekstraksiyonu Doyle and Doyle (1987)'nin geliştirdiği CTAB yöntemine göre yapılmıştır.

3.2.3. SSR analizleri

25 µM amplifikasyon reaksiyonu 30 ng DNA, 2 mM MgCl₂, 20 mM (NH₄)₂SO₄, %0.1 Tween 20, 100 µM dATP, pH=8.8, 100 µM dTTP, 100 µM dGTP, 100 µM dCTP, her bir primerden 0.2 µM, 1.0 unite Taq DNA polymerase ve 75 mM Tris-HCl içermektedir. Sıcaklık ve döngü şartları olarak, 94°C'de 2 dk. ön ayırma işleminden sonra, 35 döngü boyunca örnekler, ayırma işlemi için 92°C'de 45 sn. primerin DNA'ya birleşme için 55°C'de 1 dk. ve uzama aşaması için 72°C'de 2 dk. tutulmuştur. Örneklerin son uzama aşaması için 72°C'de 5 dk. bekletilmiştir (Hormaza 2002).

SSR metodun da Sosinski *et al.* (2000), Cipriani *et al.* (1999), Testolin *et al.* (2000) ve Downey ve Iezzoni (2000) tarafından geliştirilen 16 adet primer kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan primerlerin baz dizilimleri Çizelge 3.1'de verilmiştir.

Elde edilen PCR ürünleri 1xTBE tampon çözeltisi (89 mM borik asit, 20 mM EDTA, 89 mM Tris-Cl) kullanılarak %3'lük yüksek çözünürlükteki agaroz (Metaphor) jelde (4 baza kadar olan farklılık gösteren) yürütülerek ethidium bromit ile boyanarak ve UV ışını altında fotoğrafları çekilmiştir.

3.2.3.a. Verilerin değerlendirilmesi

SSR amplifikasyon ürünleri yok (0) ya da var (1) şeklinde değerlendirme yapılarak, elde edilen veriler NTSYSpc 2.11V (Rohlf 2004) adlı bilgisayar yazılım programında analiz yapılmıştır. Her bir markör tekniğinden elde edilen veriler hem ayrı hem de birlikte değerlendirilmiştir. Jaccard (1912)'a göre genetik benzerlik indeksleri 2.11V yazılım programı ile hesaplama yapılmıştır. Dendogram oluşturulmasında UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) metodu kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan SSR primerleri ve baz dizilimleri

Lokus adı	Referans	Baz Dizilimi (5'-3')
pchgms1	Sosinski <i>et al.</i> 2000	GGG TAA ATA TGC CCA TTGTGC AAT C GGA TC TTG AAC TAC GTC AAT CCT C
pchgms2	Sosinski <i>et al.</i> 2000	GTC AAT GAG TTC AGT GTC TAC ACT C AAT CAT AAC ATC ATT CAG CCA CTG
pchgms3	Sosinski <i>et al.</i> 2000	ACG GTA TGT CCG TAC ACT CTC CAT G CAA CCT GTG ATT GCT CCT ATT AAA C
pchgms4	Sosinski <i>et al.</i> 2000	ATC TTC ACA ACC CTA ATG TC GTG GAG GCA AAA GAC TTC AAT
UDP96-001	Cipriani <i>et al.</i> 1999	AGT TTG ATT TTC TGA TGC ATC C TGC CAT AAG GAC CGG TAT GT
UDP96-003	Cipriani <i>et al.</i> 1999	TTG CTC AAA AGT GTC GTT GC ACA CGT AGT GCA ACA CTG GC
UDP96-005	Cipriani <i>et al.</i> 1999	GTA ACG CTC GCT ACC ACA AA CCT GCA TAT CAC CAC CCA G
UDP96-008	Cipriani <i>et al.</i> 1999	TTG TAC ACA CCC TCA GCC TG TGC TGA GGT TCA GGT GAG TG
UDP96-010	Cipriani <i>et al.</i> 1999	CCC ATG TGT GTC CAC ATC TC TTG ATG ATT CCA TGC GTC TC
UDP96-019	Cipriani <i>et al.</i> 1999	TTG GTC ATG AGC TAA GAA AAC A TAG TGG CAC AGA GCA ACA CC
UDP97-402	Cipriani <i>et al.</i> 1999	TCC CAT AAC CAA AAA AAA CAC C TGG AGA AGG GTG GGT ACT TG
UDP98-405	Cipriani <i>et al.</i> 1999	ACG TGA TGA ACT GAC ACC CA GAG TCT TTG CTC TGC CAT CC
UDP98-406	Cipriani <i>et al.</i> 1999	TCG GAA ACT GGT AGT ATG AAC AGA ATG GGT CGT ATG CAC AGT CA
UDP98-409	Cipriani <i>et al.</i> 1999	GCT GAT GGG TTT TAT GGT TTT C CGG ACT CTT ATC CTC TAT CAA CA
UDP98-021	Testolin <i>et al.</i> 2000	AAGCAGCAATTGGCAGAATC GAATATGAGACGGTCCAGAAGC
PS12A02	Downey and Iezzoni 2000	GCCACCAATGGTTCTTCC AGCACCAGATGCACCTGA

3.2.4. S allel kompozisyonlarının belirlenmesi

S genotipleme çalışmasında EM-PC2consFD + EMPC3consR primer kombinasyonları kullanılmıştır (Zhang *et al.* 2008).



4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

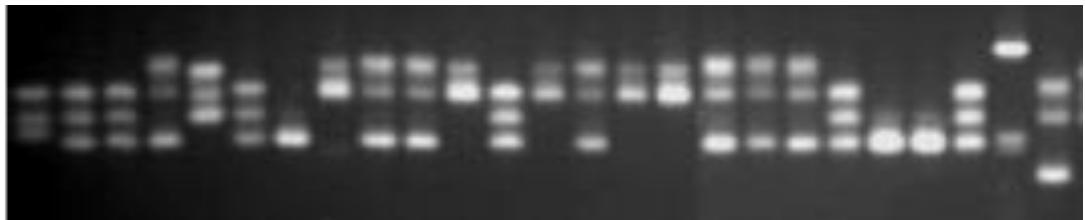
Çoruh Vadisi'nde bulunan Yusufeli, İspir, Uzundere ve Tortum ilçelerinde, zerdalilerin yoğun olduğu populasyonlarda yapılan seleksiyon çalışmasında seçilen 25 adet ümitvar tip üzerinde yapılan moleküler çalışmalara ait sonuçlar alt başlıklar halinde verilmiştir.

4.1. SSR Analizi

Projede seçilen 25 adet ümitvar (seçilmiş) zerdali genotipinin moleküler karakterizasyonunda güncel bir teknik olan SSR tekniği kullanılmış ve genotiplerin moleküler karakterizasyonu sağlanmıştır. Şekil 4.1'de 25 zerdali genotipinde PS12A02 SSR primerinin amplifikasyon ürünleri, Çizelge 4.1'de ise 16 SSR primerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen toplam allel sayıları, polimorfik allel sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve primerlerin ayırma gücü verilmiştir. Çizelge 4.1'de ifade edildiği gibi, çalışmada kullanılan 16 SSR lokusu değerlendirildiğinde, toplam 67 adet allel elde edilmiş ve bunların 64 adedi polimorfik bulunmuştur. Primer başına düşen toplam allel sayısı 2 ile 6 (ortalama 4.19) arasında değişim göstermiştir. Lokus başına düşen polimorfik bant sayısı ise yine 2 ile 6 (ortalama 4.00) arasında değişim göstermiştir. Toplam allel sayısı açısından, UDP96-008 lokusu en az sayıda (2 adet) ve UDP96-003 ve UDP96-409 en fazla sayıda (6) toplam allel vermiştir. Çalışmada UDP96-001, UDP96-003 ve UDP96-019 SSR lokusları dışındaki tüm lokuslardaki toplam allel sayısı ile polimorfik allel sayısı birbirinin aynısı olmuş yani 13 lokusun polimorfizm oranı %100.0 bulunmuştur. SSR analizlerinde kullanılan primer çiftlerinin ortalama polimorfizm oranı çalışmada %95.0 olarak bulunmuştur. Hormaza (2002) yaptığı çalışmada farklı coğrafik alanlardan seçilmiş 48 kayısı genotipinde kullandığı 20 SSR primer çiftinden toplam 82 allel elde etmiştir. Primerler çalışılan tüm genotipleri birbirinden ayırt edilebilmiştir. Araştırmacı primer başına düşen ortalama allel sayısının 4.10 olduğunu bildirmiş ve elde ettiğimiz sonuç Hormaza (2002)'nin elde ettiği sonuçlarla uyumludur.

Çizelge 4.1. SSR primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen toplam allel sayıları, polimorfik allel sayıları, polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği ve primerlerin ayırma gücü

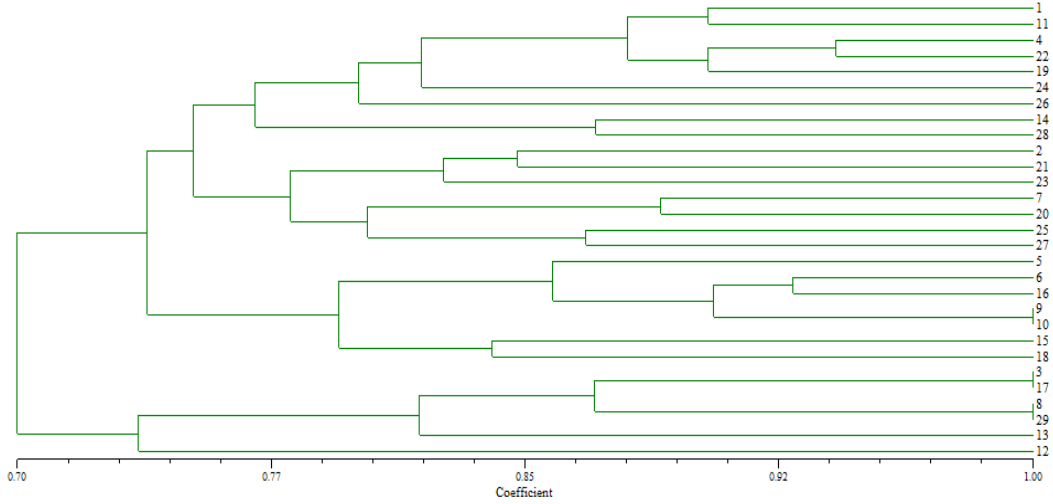
Lokus adı	Toplam allel sayısı	Polimorfik allel sayısı	Polimorfizm oranı (%)	Polimorfizm bilgi içeriği	Ayrırma gücü
pchgms1	4	4	100	0.503	1.064
pchgms2	5	5	100	0.723	0.886
pchgms3	4	4	100	0.581	1.022
pchgms4	5	5	100	0.570	0.976
PS12A02	5	5	100	0.460	1.196
UDP96-001	3	2	67	0.840	0.670
UDP96-003	6	5	83	0.805	0.716
UDP96-005	5	5	100	0.609	0.848
UDP96-008	2	2	100	0.867	0.390
UDP96-010	4	4	100	0.779	0.658
UDP96-019	3	2	67	0.540	1.016
UDP97-402	4	4	100	0.803	0.910
UDP98-021	3	3	100	0.669	0.810
UDP98-405	3	3	100	0.820	0.648
UDP98-406	5	5	100	0.740	1.076
UDP98-409	6	6	100	0.905	0.882
Toplam	67	64	-	-	
Ortalama	4.19	4.00	95	0.701	13.77



Şekil 4.1. 25 zerdali genotipinde PS12A02 primerinin amplifikasyon ürünleri

Yine Hormaza (2002)'nin çalışmasında kullandığı ve bu çalışmada da kullanılan SSR primerlerinin allel büyüklükleri ile her primerin 25 zerdali genotipinde ortaya çıkardığı allel sayıları da Hormaza (2002)'nin yaptığı çalışmaya benzerlik göstermiştir. Araştırmacı pchgms-1 lokusundan 4 allel belirlerken bu çalışmada 4, pchgms-2'den 5 allel belirlerken bu çalışmada 5, pchgms-4'ten 3 allel belirlerken bu çalışmada 4, UDP 96-001'den 2 allel belirlerken bu çalışmada 3, UDP 96-008'den 2 allel belirlerken bu çalışmada 2, UDP 98-021'den 3 allel belirlerken bu çalışmada 4, UDP 98-406'dan 4 allel belirlerken bu çalışmada 5 ve UDP 98-409'dan 8 allel belirlerken bu çalışmada 6 allel belirlenmiştir. Burada allel sayılarındaki farklılıkların sebebi iki çalışmada kullanılan genotiplerin farklı olmasından kaynaklanmaktadır.

Çalışmada genotiplerin birbirleriyle ve Şalak, Abul, Hacıhaliloğlu ve Hasanbey kayısı çeşitleriyle olan akrabalık ilişkileri de ortaya konmuştur (Şekil 4.2). Şekil 4.2'de ifade edildiği gibi dendogramda zerdali tipleri ve kültür kayısı çeşitleri 2 ana kolda toplanmıştır. 1. kolda zerdali tiplerinden 3, 8, 12, 13 ve 17 ile Hasanbey kayısı çeşidi yer almıştır. 1. ana kol kendi içerisinde 2 alt kola ayrılmış ve 1. alt kolda 12 nolu zerdali tipi, diğer alt kolda ise 3, 8, 13 ve 17 nolu zerdali tipleri ile Hasanbey yer almıştır. 2. alt kolda yer alan 3 ve 17 nolu tipler %100 ve ayrıca Hasanbey ile 8 nolu tip %100 benzerlik göstermişlerdir. 2. ana kolda kendi arasında 2 alt kola ayrılmış olup, 1. alt kolda yer alan 9 ve 10 nolu zerdali genotipleri %100 benzerlik göstermiştir. Yılmaz (2008) ülkemizde yetiştirilen 96 kayısı genotipinde yaptığı SSR analizinde Sakıt-2 ile Dört Yol-1 (1.00), Sakıt-1 ile Dört Yol-1 (1.00), Sakıt-1 ile Sakıt-2 (1.00), 07-K-01 ile 07-K-09 (1.00) %100 benzer bulmuştur. Diğer birbirine en yakın genotipleri ise Şekerpare İğdir ile Şekerpare Benzeri (0.97) ve Çanakkale ile Mehmet Yüksel 1860 (0.95) olarak bulmuştur. Araştırmacı genetik olarak en uzak genotipleri Şam ile İmrahor (0.24), Turfanda İzmir ile GÜ-8 (0.24) ve Sivas (PA) ile 92-23-01 (0.24) olarak belirlemiştir.



Şekil 4.2. Zerdali tipleri ve kültür kayısı çeşitlerini içeren dendrogram

4.2. S Allel Analizi

Çalışmada seçilen 25 adet zerdali genotipinin S allel kompozisyonları Çizelge 4.2’de, S allel oranları Çizelge 4.3’te ve tiplerin S allel uyumsuzluk gruplaması ise Çizelge 4.4’te verilmiştir. S allel jel görüntüsü ise Şekil 4.3’te gösterilmiştir. Bölgede zerdalilerde S allel kompozisyonu bakımından oldukça zengin bir çeşitlilik ortaya çıkmıştır. 25 zerdali tipinde toplam 8 adet farklı S allel (S2, S3, S4, S6, S7, S9, S12 ve S13) tespit edilmiş olup, S allelerin %30’u S2, %22’si S9, %16’si S3, %12’si S7, %10’u S12, %6’sı S4 ve %2’si ise S6 ve S13 olarak ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.2 ve Çizelge 4.3). Genotiplerden 1, 17, 18, 19, 21, 24 ve 29 ile Hasanbey çeşidi S2S9 kompozisyonuna sahip olup birbirleriyle %100 uyumsuz bulunmuşlardır. S2S9 kompozisyonuna sahip 1, 17, 18, 19, 21, 24 ve 29 nolu genotipler ile Hasanbey çeşidi S2S3 kompozisyonuna sahip 5 nolu genotip, S2S7 kompozisyonuna sahip 13, 15 ve 16 nolu genotipler, S2S12 kompozisyonuna sahip 20, 22 ve 34 nolu genotipler ve S2S4 kompozisyonuna sahip 28 nolu genotip ile %50 uyumsuz bulunmuşlardır (Çizelge 4.4). Ayrıca S2S9 kompozisyonuna sahip genotipler S3S9 kompozisyonuna sahip 12 ve 27, S4S9 kompozisyonuna sahip 26 ve S6S9 kompozisyonuna sahip 35 nolu genotiplerle de %50 uyumsuz bulunmuşlardır (Çizelge 4.4). Bahçe tesisinde tiplerin S allel kompozisyonlarının dikkate alınması verimlilik için büyük önem taşımaktadır.

Halasz *et al.* (2010), Malatya meyvecilik istasyonu ulusal kayısı gen bankasında bulunan kayısı çeşitlerinin S allel kompozisyonunu belirlemişlerdir. Araştırmacılar inceledikleri kayısı çeşitlerinde daha önce kayısıda belirlenen 12 adet S allele rastlamışlardır. S allellerden S9, 18 çeşitte yer alarak en sık görülen allel olmuştur, S9 allelini 14 çeşitte görülen S8, 12 çeşitte görülen S6, 9 çeşitte görülen S2, S13 ve S19, 8 çeşitte görülen S7, 6 çeşitte görülen S3, 5 çeşitte görülen S11 ve S12 takip etmiştir. S20 alleli sadece 2 çeşitte görülmüştür. Halasz *et al.* (2013), Erzincan ovasında bulunan 63 zerdali genotipinde yaptıkları S allel çalışmasında S2 alleli en sık rastlanılan allel grubu olarak belirlemişlerdir (19 genotipte). S2 allelini sırasıyla S8 (17), S19 (16), S3 (13), S12 (11), S6 (10), ve S7 (10) takip etmiştir. S9, S11 ve S13 alleleri 8 genotipte rastlanılmıştır. Çalışmada kendine uyşur SC alleleline rastlanılmamış olup bütün genotipler kendine uyşmaz bulunmuşlardır. Araştırma sonuçlarımız özellikle Halasz *et al.* (2013) ile paralellik arz etmektedir. Kodad *et al.* (2013), Fas'ta bulunan 55 kayısı çeşidinin S allel kompozisyonunu belirlemişler ve en sık rastlanılan S allelerin ise sırasıyla S13, S7, S11, S2, S20, S8 ve S6 olduğunu ifade etmişlerdir. Halasz *et al.* (2007), kayısılarda allel zenginliğinin Çin'den Batı Avrupa'ya doğru gittikçe azaldığını, bazı özel allelerin özel bölgelerde toplandığını ve bu özel allelerden S10-S14 arasında yer alanların Ermenistan orjinli olduğunu (Halasz *et al.* 2005), S8, S9, S19 ve S20 allelerinin Macar kayısılarına özgü olduğunu (Halasz *et al.* 2007) belirlemişlerdir. Çalışmada üzerinde çalıştığımız 25 genotipte tespit ettiğimiz S12 (%10) ve S13 (%2) Ermenistan sınırına yakın olmamızdan kaynaklanmaktadır. Yine %22 oranında tespit ettiğimiz S9 alleli Türk ve Macar kayısıları arasındaki ilişkiyi ortaya koymakta ve Macaristan'a kayısıların 15. ve 16. yüzyılda Türkiye'den gittiği savını güçlendirmektedir (Faust *et al.* 1998).

Çizelge 4.2. Zerdali genotipleri ile kayısı çeşitlerinin S allel kompozisyonları

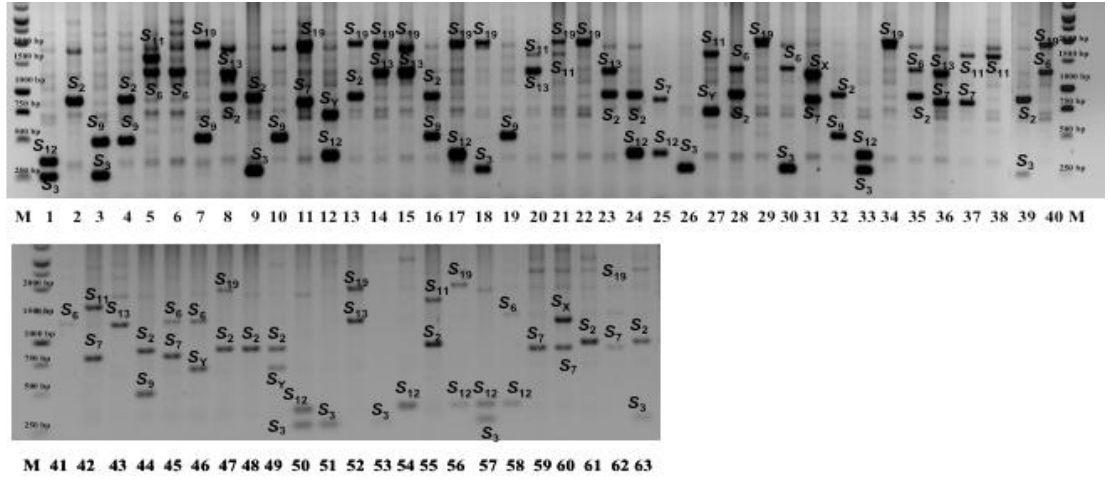
Genotip	1. İntron	2. İntron
1	S2	S9
3	S3	S12
4	S3	S12
5	S2	S3
6	S7	S13
7	S3	S7
12	S3	S9
13	S2	S7
15	S2	S7
16	S2	S7
17	S2	S9
18	S2	S9
19	S2	S9
20	S2	S12
21	S2	S9
22	S2	S12
24	S2	S9
25	S3	S7
26	S4	S9
27	S3	S9
28	S2	S4
29	S2	S9
33	S3	S4
34	S2	S12
35	S6	S9
Şalak	S11	S13
Abul	S6	S19
Hacıhaliloğlu	S9	S13
Hasanbey	S2	S9

Çizelge 4.3. Zerdali genotiplerinin S allel oranları

S allel	Oran (%)
S2	30
S3	16
S4	6
S6	2
S7	12
S9	22
S12	10
S13	2

Çizelge 4.4. Zerdali genotipleri ve kayısı çeşitlerinin S allel uyumsuzluk gruplaması

S allel grubu	Genotip
S2S9	1, 17, 18, 19, 21, 24, 29, Hasanbey
S3S12	3, 4
S2S3	5
S7S13	6
S3S7	7, 25
S3S9	12, 27
S2S7	13, 15, 16
S2S12	20, 22, 34
S4S9	26
S2S4	28
S3S4	33
S6S9	35
S11S13	Şalak
S6S19	Abul
S9S13	Hacı Haliloğlu



Şekil 4.3. S allel jel görüntüsü

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Bu çalışma ile Çoruh Vadisindeki zerdali popülasyonundan ümitvar genotipler belirlenmiştir. Bu genotiplerden daha iri meyveler oluşturan İSP33, yüksek meyve eti sertliğine sahip İSP16, daha geç çiçeklenen ve meyvelerini daha geç olgunlaştıran İSP27 ve İSP35 çoğaltılarak kontrol altına alınmıştır.

Böylece hem yok olma tehlikesi ile karşı karşıya olan zerdali tipleri koruma altına alınmış hem de gelecek nesillere aktarılmış olacaktır. Bununla birlikte bu çalışma, ileride yapılacak ıslah çalışmalarına da temel teşkil edecektir. Ayrıca bu çalışma ülkemizin zerdali genetik kaynaklar bakımından paha biçilmez bir hazineyi barındırdığını da tekrar ortaya koymuştur.

KAYNAKLAR

- Adam-Blondon, A.F., Lahogue-Esnault, F., Bouqueti, A., Boursiquoti, J.M., This, P.2001. Usefulness of two SCAR markers for marker-assisted selection of seedless grapevine cultivars, *Vitis*, 40 (3), 147-5.
- Akpınar, A.E., Koçal H., Ergül, A., Kazan, K., Şelli, M.E., Bakır, M., Aslantaş, Ş.,Kaymak,S.,Sarıbaş, R. 2010. SSR-based molecular analysis of economically important Turkish apricot cultivars, *Genetics and Molecular Research*, 9(4), 324-2.
- Albuquerque, N., Egea, J., Perez-Tornero, O. and Burgo, L. 2002. “Genotyping apricotcultivars for self- (in) compatibility by means of RNases associated with *S*-alleles”,*Plant Breeding*, 121,343-7.
- Anonim, 2004. Türkiye Ziraat Odaları Birliği Kayısı Raporu.,<https://docplayer.biz.tr/10252575-Turkiye-ziraat-odaları-birliği-kayısı-raporu-kayısı-agu.html> (10.05.2019)
- Anonim, 2011a. MEB, Bahçecilik, Kayısı Yetiştiriciliği, 2011, 621EEH039. http://www.megep.meb.gov.tr/mte_program_modul/moduller_pdf/Kay%C4%B1s%C4%B1%20Yeti%C5%9Ftiricili%C4%9Fi.pdf (03.12.2018).
- Anonim, 2011b. Kayısı Lokumu Üretimi ve Beslenmedeki Önemi, https://www.researchgate.net/publication/268420832_Kayısı_Lokumu_Üretimi_Ve_Beslenmedeki_Onemi (10.01.2019)
- Anonim, 2014. Kayısının Faydaları, <https://www.acil.net/kayısının-faydaları/> (05.03.2019)
- Anonim, 2015a. Kayısının Tarihçesi, <http://www.malatyakultur.com/malatya-tanitim/malatya-kayısı> (01.04.2019)
- Anonim, 2015b. Kayısı Raporu, Türkiye Kayısı Üretim ve Pazarlaması, Hata! Köprü başvurusu geçerli değil. (20.03.2019).
- Anonim, 2017a. Kayısı ile Zerdali Arasındaki Fark, <http://www.bitkicenter.com/zerdali-ve-kayısı-arasındaki-fark/>(17.01.2019)
- Anonim, 2017b. Kayısının Faydaları, <http://iyigeleniyecekler.com/kayısının-faydaları/> (18.12.2018).
- Anonim 2018. Tarım ve Orman Bakanlığı, Bitkisel Üretim Genel Müdürlüğü, Ulusal Kayısı Çalıştayı, 2014, Malatya.
- Anonim, 2019. Kayısı Ağacı, <http://www.ebitki.com/index.php?hq=Prunus%20armeniaca&gr=Latince> (11.02.2019).
- Arus, P., Ballester, J., Jauregui, B., Joobeur, T., Truco, M.J. and Vicente, M.C. 1999. European Prunus mapping project: update of marker development in almond, *Acta Hort* 484:331-336.
- Asma, B.M. 2000. Kayısı Yetiştiriciliği. İnönü Üniversitesi, Malatya, s. 243.
- Bostan, 1994.” Bazı Kayısı Çeşitlerinin Bingöl Bölgesindeki Gelişim Durumlarının Belirlenmesi, Araştırma Makalesi / Research Article Iğdır Üni. Fen Bilimleri Enst. Der. / Iğdır Univ. J. Inst. Sci. & Tech. 4(1): 21-28, 2014.
- Calenge, F., Durel, C.-E. 2006. Both stable and unstable QTLs for resistance to powdery mildew are detected in apple after four years of field assessments, *Molecular Breeding*, 17, 1-11.

- Casas, A.M., Igartua, E., Balaguer, G., Moreno, M.A. 1999. Genetic diversity of *Prunus* rootstocks analyzed by RAPD markers, *Euphytica*, 110, 139-9.
- Cipriani, G., Lot, G., Huang, W.G., Marrazzo, M.T., Peterlunger, M.T., Testolin, R. 1999. "AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: Isolation, characterization and cross-species amplification in *Prunus*, *Theoretical and Applied Genetics*, 99, 65-2.
- Downey, S.L., Iezzoni, A.F. 2000. Polymorphic DNA markers in black cherry (*Prunus serotina*) are identified using sequences from sweet cherry, peach and sour cherry, *Journal of American Society for Horticultural Science*, 125, 76-80.
- Doyle, J.J., Doyle, J.L. 1987. A rapid isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue", *Phytochemical Bulletin*, 19, 11-5.
- Entani, T., Iwano, M., Shiba, H., Che, F.S., Isogai, A., Takayama, S. 2003. Comparative analysis of the self-incompatibility (S-) locus region of *Prunus mume*: identification of a pollen-expressed F-box gene with allelic diversity, *Genes Cells*, 8, 203-13.
- Ercisli, S. 2004. A Short Review of the Fruit Germplasm Resources of Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51, 419-435.
- Ercisli, S. 2007. Apricot culture in Turkey, *Scientific Research and Essays*, 4(8), 715-719.
- Erdoğan Ü., Çakmakçı R., Çakmakçı S. 2014. Çoruh Vadisinin Yabani Meyveleri, *Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi*, 2014., BİBAD, 7 (1): 49-52.
- Etienne, C., Rothan, C., Moing, A., Plomion, C., Bodène, C., Svanella-Dumas L., Cosson, P., Pronier, V., Monet, R., Dirlewanger, E. 2002. Candidate genes and QTLs for sugar and organic acid contents in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch], *Theoretical and Applied Genetics*, 105, 145-159.
- FAO, 2019. Food And Agriculture Organization Of The United Nations, <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> (27.03.2019)
- Faust, M., Suranyi, D., Nyujto, F. 1998. Origin and Dissemination of Apricot. *Horticultural reviews*, John Wiley and Sons, Inc. 22, 225-66.
- Hajilou, J., Grigorian, V., Mohammadi, S.A., Nazemmieh, A., Romero, C., Vilanova, S., Burgos, L. 2006. Self- and cross-(in) compatibility between important apricot cultivars in northwest Iran, *Journal Horticultural Science & Biotechnology*, 81, 513-17.
- Halász, J., Hegedűs, A., Hermán, R., Stefanovits-Bányai, E., Pedryc, A. 2005. "New self-incompatibility alleles in apricot (*Prunus armeniaca* L.) revealed by stylar ribonuclease assay and S-PCR analysis". *Euphytica*, 145, 57-66.
- Halasz, J., Hegedus, A., Szikriszt, B., Ercisli, S., Orhan, E., Unlu, H.M. 2013. The S-genotyping of wild-grown apricots reveals only self-incompatible accessions in the Erzincan region of Turkey. *Turkish Journal of Biology*, 37, 733-740.
- Halasz, J., Pedryc, A., A., Ercisli, S., Yilmaz, K.U., Hegedus, A. 2010. S-genotyping supports the genetic relationships between Turkish and Hungarian apricot germplasm, *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 135 (5), 410-7.
- Halász, J., Pedryc, A., Hegedűs, A. 2007. "Origin and dissemination of the pollen-part mutated S_C-haplotype that confers self-compatibility in apricot (*Prunus armeniaca*)". *New Phytologist*, 176, 793-803.

- Hormaza, J.I. 2002. "Molecular characterization and similarity relationships among apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes using Simple Sequence Repeats", *Theoretical and Applied Genetics*, 104,321-8.
- Janick, J., Moore, J.M., 1975. *Apricots. Advances in fruit breeding*. West Lafayette, Purdue, Research Foundation, USA.
- Janssens, G.A., Goderis, I.G., Broekaert, W.F., Broothaerts, W. 1995. A molecular method for S-allele identification in apple based on allele-specific PCR, *Theoretical Applied Genetics*, 91, 691-8.
- Jáuregui, B. 1998. "Localización de marcadores moleculares ligados al melocotonero" PhD Thesis. University of Barcelona. Barcelona, Spain. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 53,1841-56.
- Kodad, O., Hegedús, A., Rafel Socias i Company., Halász, J. 2013. "Self-(in)compatibility genotypes of Moroccan apricots indicate differences and similarities in the crop history of European and North African apricot germplasm". *BMC Plant Biology*, 13,196.
- Lachkar, A., Fattouch, S., Ghazouani, T., Halász, J., Pedryc, A., Hegedús, A., Mars, M. 2013. "Identification of self-(in)compatibility S-alleles and new cross-incompatibility groups in Tunisian apricot (*Prunus armeniaca* L.) cultivars". *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 88, 497-501.
- Lowe, A.J., Hinotte, O., Guarino, L. 1996. Standardization of molecular genetic techniques for the characterization of germplasm collections: The case of Random amplified Polymorphic DNA (RAPD), *Plant Genetic Resources Newsletter*. 107, 50-4.
- Norioka, N., Katayama, H., Matsuki, T., Ishimizu, T., Takasaki, T., Nakanishi, T., Norioka, S. 2001. Sequence comparison of the 5 Flanking regions of Japanese pear (*Pyrus pyrifolia*) SRNases associated with gametophytic self-incompatibility, *Sexual Plant Reproduction*, 13, 289-1.
- Ortega, E., Sutherland, B.G., Dicenta, F., Bonkovit, R., Tobutt, K. 2005. Determination of incompatibility genotypes in almond using first and second intron consensus primers: detection of new S-alleles and correction of reported S genotypes, *Plant Breeding*, 124, 188-6.
- Osmanoğlu A., Kaya T., Demirhan B., 2014. Bazı Kayısı Çeşitlerinin Bingöl Bölgesindeki Gelişim Durumlarının Belirlenmesi, Araştırma Makalesi / Research Article Iğdır Üni. Fen Bilimleri Enst. Der. / Iğdır Univ. J. Inst. Sci. & Tech. 4(1): 21-28, 2014.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., Rafalski, A. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis, *Molecular Breeding*, 2, 225-38.
- Rafalski, J.A., Vogel, J.M., Morgante, M., Powell, W., Andre, C., Tingey, S.V. 1996. Generating new DNA markers in plants. In *Non-mammalian genomic analysis: A practical guide*. Edited by B. Birren and E. Lai. Academic Press, New York.
- Rohlf, F.J. 2004. *NTSYS-pc, Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.01*. Exeter Publishing, Ltd., Setauket, New York.
- Romero, C., Llacer, G., Badanes, M.L., Pedryc, A. 2006. "Relationship among apricot cultivars from Hungary and a South European pool determined by SSR markers", *Acta Horticulturae*, 701, 233-40.

- Romero, C., Llacer, G., Badanes, M.L., Pedryc, A. 2006. Relationship among apricot cultivars from Hungary and A South European pool determined by SSR markers, *Acta Horticulturae*, 701, 233-40.
- Sanchez-Perez, R., Ruiz, D., Dicenta, F., Egea, J., Martinez-Gomez, P. 2005. Application of Simple Sequence Repeat (SSR) markers in apricot breeding: Molecular characterization, protection and genetic relationships. *Scientia Horticulturae*, 103, 305-15.
- Sicard, O., Marandel, G., Sorinao, J. M., Lalli, D. A., Lambert, P., Salava, J., Badanes, M. L. Abbott, A., Decroocq, A. 2008. Flanking the major *Plum pox virus* resistance locus in apricot with co-dominant markers (SSRs) derived from candidate resistance genes, *Tree Genetics and Genomes*, 4, 359-65.
- Sonneveld, T., Robbins, T.P., Boskovic, R., Tobutt, K.R. 2001. Cloning of six cherry self-incompatibility alleles and development of allele-specific PCR detection, *Theoretical and Applied Genetics*, 102, 1046-5.
- Sonneveld, T., Tobutt, K.R., Robbins, T.P. 2003. Allele-specific PCR detection of sweet cherry self-incompatibility (S) alleles S1 to S16 using consensus and allele-specific primers, *Theoretical Applied Genetics*, 107, 1059-70.
- Sosinski, B., Gannavarapu, M., Hager, L.D., Brick, L.E., King, G.J., Ryder, C.D., Rajapakse, S., Baird, W.V., Ballard, R.E., Abbott, A.G. 2000. "Characterization of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L) Batsch].", *Theoretical and Applied Genetics*, 101, 421-8.
- Sykes, J.T. 1972., Propagation and collection techniques for fruit germplasm, *Plant Propagater* 18: 15-19.
- Testolin, R. 2003. Marker-assisted selection in stone fruits, *Acta Horticulturae*, 622, 163-76.
- Vilanova, S., Romero, C., Abbott, A.G., Llacer, G., Badanes, M.L. 2003. "An Apricot (*Prunus armeniaca* L.) F2 progeny linkage map based on SSR and AFLP markers, mapping plum pox virus resistance and self-incompatibility traits", *Theoretical and Applied Genetics*, 107, 239-47.
- Testolin, R., Marrazzo, T., Cipriani, G., Quarta, R., Verde, I., Dettori, M.T., Pancaldi, M., Sansavini, S. 2000. "Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars", *Genome* 43, 512-20.
- Vilanova, S., Romero, C., Abbott, A.G., Llacer, G., Badanes, M.L. 2003. An Apricot (*Prunus armeniaca* L.) F2 progeny linkage map based on SSR and AFLP markers, mapping plum pox virus resistance and self-incompatibility traits, *Theoretical and Applied Genetics*, 107, 239-47.
- Vilanova, S., Romero, C., Llacer, G., Badanes, M.L. 2005. Identification of self-(in) compatibility alleles in apricot by PCR and sequence analysis, *Journal American Society Horticultural Sciences* 130 (6), 893-8.
- Weebadde, C. K., Wang, D., Finn, C. F., Lewers, K. S., Luby, J. J., Bushakra, J., Sjulín, T. M., Hancock, J. F. 2008. Using a linkage mapping approach to identify QTL for day-neutrality in the octoploid strawberry, *Plant Breeding*, 7, 94-1.
- Wiersma, P.A., Wu, Z., Zhou, L., Hampson, C., Kappel, F. 2001. "Identification of new self-incompatibility alleles in sweet cherry (*Prunus avium* L.) and clarification of incompatibility groups by PCR and sequencing analysis", *Theoretical and Applied Genetics*, 102, 700-8.

- Wünsch, A. 2009. SSR Markers for fingerprinting *Prunus* species, *Acta Horticulturae*, 814, 689-4.
- Wünsch, A., Hormaza, J.I. 2004. S-allele identification by PCR analysis in sweet cherry cultivars, *Plant Breeding*, 123, 327-1.
- Xu, J., Gao, Z., Zhang, Z. 2010. "Identification of S-genotypes and novel S-RNase alleles in Japanese apricot cultivars native to China", *Scientia Horticulturae*, 123, 459-3.
- Yaegaki, H., Shimada, T., Moriguchi, T., Hayama, H., Haji, T., Yamaguchi, M. 2001. Molecular characterization of S-RNase genes and S-genotypes in the Japanese apricot (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.), *Sexual Plant Reproduction*, 13, 251-7.
- Yılmaz, K.U., 2008. Bazı Yerli Kayısı Genotiplerinin Fenolojik, Morfolojik ve Pomolojik Özellikleri ile Genetik İlişkilerinin ve Kendine Uyuşmazlık Durumlarının Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi, TÜBİTAK-TOVAG Proje, Çukurova Üniversitesi, Adana.
- Zamani, Z., Sarkhosh, A., Fatahi, R. and Ebadi, A. 2007. Genetic relationships among pomegranate genotypes studied by fruit characteristics and RAPD markers, *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 82, 11-8.
- Zhang, L.J., Chen, X.S., Chen, X.L., Zhang, C.Y., Liu, X.L., Ci, Z.J., Zhang, H., Wu, C.J., Liu, C.Q. 2008. "Identification of self-incompatibility (S-) genotypes of Chinese apricot cultivars", *Euphytica* 160, 241-8.
- Zhebentyayeva, T.N., Reighard, G.L., Gorina, V.M., Abbott, A.G. 2003. "Simple Sequence Repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot germplasm", *Theoretical and Applied Genetics*, 106, 435-4.

ÖZGEÇMİŞ

1986 yılında Erzurum merkezde doğdu. 1992 yılında Erzurum'da ilköğretimine başladı. İlk ve orta öğretimini yine Erzurum'da tamamladı. Yükseköğretimine 2005 yılında Erzurum Atatürk Üniversitesi Ziraat Mühendisliği programında başladı, 2009 yılında Bahçe Bitkileri Bölümünden mezun oldu. Aynı yıl Atatürk Üniversitesi Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı'nda lisansüstü öğrenimine başladı. Yine aynı yıl Pazaryolu İlçe Gıda, Tarım ve Hayvancılık Müdürlüğü'ne Ziraat Mühendisi olarak atandı. 2013 yılında Kayseri İli Hacılar İlçe Gıda, Tarım ve Hayvancılık Müdürlüğü'nde görev yapmaya başladı. 2015 yılında Erzurum İli Yakutiye İlçe Gıda, Tarım ve Hayvancılık Müdürlüğü'nde çalışmaya başladı ve halen çalışmaktadır. Evli ve bir çocuk annesidir.