

**T.C.
ERCIYES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

**STARK EARLY ORANGE (SEO), ZARD,
ORDUBATBENZERİ KAYISI ÇEŞİTLERİNDE YÜKSEK
KAPASİTELİ DNA DİZİLEME ANALİZİ**

**Hazırlayan
Muhammed Ali KÖSE**

**Danışman
Doç.Dr. Kahraman GÜRCAN**

Yüksek Lisans Tezi

**Haziran 2019
KAYSERİ**

**T.C.
ERCIYES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

**STARK EARLY ORANGE (SEO), ZARD,
ORDUBATBENZERİ KAYISI ÇEŞİTLERİNDE YÜKSEK
KAPASİTELİ DNA DİZİLEME ANALİZİ**

(Yüksek Lisans Tezi)

**Hazırlayan
Muhammed Ali KÖSE**

**Danışman
Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN**

**Bu çalışma, Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu
(TUBİTAK) tarafından 214 0 400 kodlu proje ve Erciyes Üniversitesi
Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından FYL-2019-8468 kodlu
proje ile desteklenmiştir.**

**Haziran 2019
KAYSERİ**

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK

Bu çalışmadaki tüm bilgilerin, akademik ve etik kurallara uygun bir şekilde elde edildiğini beyan ederim. Aynı zamanda bu kural ve davranışların gerektirdiği gibi, bu çalışmanın özünde olmayan tüm materyal ve sonuçları tam olarak aktardığımı ve referans gösterdiğimi belirtirim.

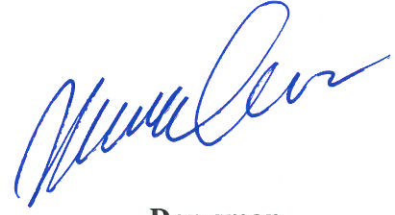
Muhammed Ali KÖSE



“Stark Early Orange (SEO), Zard, Ordubatbenzeri Kayısı Çeşitlerinde Yüksek Kapasiteli DNA Dizileme Analizi” adlı Yüksek Lisans Tezi, Erciyes Üniversitesi Lisansüstü Tez Önerisi ve Tez Yazma Yönergesi’ ne uygun olarak hazırlanmıştır.



Hazırlayan
Muhammed Ali KÖSE



Danışman
Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN



Tarımsal Biyoteknoloji ABD Başkanı

Prof. Dr. Mehmet ARSLAN

Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN danışmanlığında Muhammed Ali KÖSE tarafından hazırlanan “Stark Early Orange (SEO), Zard, Ordubatbenzeri Kayısı Çeşitlerinde Yüksek Kapasiteli DNA Dizileme Analizi” adlı bu çalışma jürimiz tarafından Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalında Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

30.07.2019

JÜRİ:

Danışman Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN

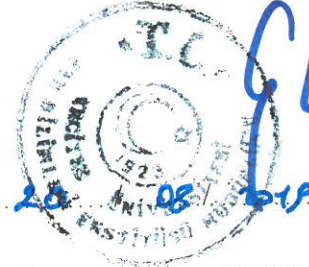
Üye : Prof. Dr. Mehmet ARSLAN

Üye : Prof. Dr. Salih KAFKAS

(Handwritten signatures of Prof. Dr. Mehmet Arslan and Prof. Dr. Salih Kafkas)

ONAY:

Bu tezin kabulü Enstitü Yönetim Kurulunun 20.08.2019 tarih ve 2019/48-15 sayılı kararı ile onaylanmıştır.



Prof. Dr. Mehmet AKKURT

Enstitü Müdürü

TEŐEKKÜR

Beni bu alıŐmayı yapmaya ynlendirerek her aŐamasında yardımlarını esirgemeyen, bu srete bana her konuda destek veren ve benden ilgilerini eksik etmeyen, bilgilerinden faydalanmamı saĐlayan, bana her zaman sabırla yaklaŐan deĐerli danıŐman hocam Sayın Do. Dr. Kahraman GRCAN 'a,

Bu tez alıŐmasına maddi destek veren Trkiye Bilimsel ve Teknik AraŐtırma Kurumu'na (Proje No: 214 O 400) ve Erciyes niversitesi Bilimsel AraŐtırma Projeleri Birimi'ne (Proje No: 8468) teŐekkr ederim.

Tm yaŐamım boyunca maddi ve manevi desteklerini benden esirgemeyen, iyi ve kt gnlerimde her daim yanımda olan, bana her zaman sabırla yaklaŐan ve hibir fedakrlıktan kaınmayan anneme, babama, kardeŐlerime, her konuda destekim olan Necati ETİNSAĐ ve Onur CANBULAT 'a ok teŐekkr ederim.

Muhammed Ali KSE

Haziran 2019, KAYSERİ

STARK EARLY ORANGE (SEO), ZARD, ORDUBATBENZERİ KAYISI ÇEŞİTLERİNDE YÜKSEK KAPASİTELİ DNA DİZİLEME ANALİZİ

Muhammed Ali KÖSE

Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü
Yüksek Lisans Tezi, Haziran 2019
Danışman: Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN

ÖZET

Kayısı (*Prunus armeniaca*), bir erkek determinant (F-box proteinleri; SFB'ler) ve bir dişi determinant (ribonükleaz, S-RNase) olmak üzere, çok lokuslu ve çok alleli gametofitik kendine uyumsuzluk (GSI) sergiler. Türkiye kayısılarının S lokus nükleotid dizileri ise henüz belirlenmemiştir. Yapılan bu çalışmada Erciyes üniversitesi Ulusal Kayısı Genetik Kaynakları Parselinde yer alan 241 kayısı çeşidinin S allel profili çıkartılmış ve Ordubatbenzeri, Stark Early Orange ve Zard kayısı çeşitlerinin yüksek kapasiteli DNA dizisi elde edilmiş, Hacihaliloğlu genomunu referans alınarak S-RNase ve SFB gen dizileri belirlenmiş, filogenetik analizler yapılmıştır. PCR çalışması ile belirlenen alleller, S-RNase ve SFB gen dizileri üzerinde belirlenmiş, polimorfizm kaynakları bulunmuştur.

Anahtar Kelimeler: Genetik çeşitlilik, kendine uyumsuzluk (Self Incompatibility), kendine uyumluluk (Self compatibility).

**STARK EARLY ORANGE (SEO), ZARD, ORDUBAT-LIKE APRICOT TYPES
HIGH CAPACITY DNA SEQUENCE ANALYSIS**

Muhammed Ali KÖSE

Erciyes University, Graduate School of Natural and Applied Sciences

Master Thesis, June 2019

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Kahraman GÜRCAN

ABSTRACT

Apricot (*Prunus armeniaca*) exhibits multi-locus and multi-allele gametophytic self-incompatibility (GSI), including a male determinant (F-box proteins; SFBs) and a female determinant (ribonuclease, S-RNase). The S locus nucleotide sequences of Turkish apricots have not yet been determined. In this study, S allele profile of 241 apricot accessions in Erciyes University National Apricot Genetic Resources Parcel was determined and high capacity DNA sequence of Ordubat-like, Stark Early Orange and Zard apricot varieties were obtained and S-RNase and SFB gene sequences were determined by mapping the sequence reads to reference to Hacıhaliloğlu genome, and finally phylogenetic analysis were performed. Alleles determined by PCR were found in S-RNase and SFB gene sequences and polymorphic sites were detected.

Keywords: Genetic diversity, Self Incompatibility, Self compatibility.

İÇİNDEKİLER

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK.....	i
YÖNERGEYE UYGUNLUK SAYFASI.....	ii
KABUL VE ONAY	Hata! Yer işareti tanımlanmamış.
ONAY:.....	iii
TEŞEKKÜR	iv
ÖZET	v
ABSTRACT	vi
İÇİNDEKİLER.....	vii
KISALTMALAR ve SİMGELER.....	x
TABLolar LİSTESİ.....	xi
ŞEKİLLER LİSTESİ	xii
GİRİŞ	1

1. BÖLÜM

GENEL BİLGİLER ve LİTERATÜR ÇALIŞMASI

1.1. Kayısı Hakkında Genel Bilgiler	3
1.1.1. Kayısının Sistematığı	3
1.1.2. Kayısının Döllenme Biyolojisi.....	4
1.1.4.Eşeyssel Uyuşmazlık.....	7
1.1.5. Yüksek kapasiteli DNA dizileme (High-Throughput Sequencing - HTS).....	12
1.1.6. LİTERATÜR ÇALIŞMASI.....	13

2. BÖLÜM

YÖNTEM VE MATERYAL

2.1. Bitkisel Materyal.....	24
2.1.1. Çalışmada Tüm Genom Analizi Yapılan Kayısı Çeşitleri Hakkında Bilgiler.....	24
2.2. Örneklerden CTAB yöntemi ile DNA izolasyonu;.....	25
2.3. Dna Konsantrasyonunun Belirlenmesi.....	26
2.4. Qubit Analizi	26
2.5. S Allel Spesifik PCR Uygulamaları	27
2.6. Örneklerin Fragman Analizi	27
2.7. Yüksek kapasiteli DNA dizileme (High-Throughput Sequencing - HTS).....	28
2.7.1 HTS Verilerinin Geneious Programına Aktarılması.....	28
2.7.2.HTS Verilerinin Geneious Programında Birleştirilmesi İşlemi	29
2.7.3.HTS Verilerinin Geneious Programında Filtrelenmesi ve Temizlenmesi	29
2.7.4.Yeni S-RNaz, SFB Genlerinin Keşfedilmesi ve Filogenetik Sınıflandırılma	29

3. BÖLÜM

BULGULAR

3.1.Bitkisel Materyal.....	31
3.2.DNA Kalitesi ve Saflığı Belirlenmesi	31
3.2.1. Uyumsuzluk Durumlarının Belirlenmesi	33
3.2.2. Yüksek kapasiteli dizileme (High-Throughput Sequencing - HTS) Sonuçları	46
3.2.3. HTS Verilerinin Birleştirilmesi Sonuçları	47
3.3. S-RNaz Geninin Dizi Analizi ve filogenetik sınıflandırma	49
3.4. SFB Geninin Dizi Analizi	58

4. BÖLÜM

TARTIŞMA-SONUÇ ve ÖNERİLER

4.1.Tartışma	65
4.1.1. S-Rnase ve SFB Geninin Dizi Analiz Karşılaştırılması	69
KAYNAKÇA.....	71
ÖZGEÇMİŞ	79



KISALTMALAR ve SİMGELER

ABD	Amerika Birleşik Devletleri
ABI	Otomatik DNA Dizi Analiz Cihazı
bp	Baz Çifti
CTAB	Setil Trimetil Amonyum Bromit
°C	Santigrat Derece
dNTP	Deoksiribonükleozit Trifosfat
DNA	Deoksiribonükleik Asit
EDTA	Etilendiamin Tetraasetik asit
HCl	Hidroklorik Asit
g	Gram
KCl	Potasyum Klorür
Mg⁺²	Magnezyum
MgCl₂	Magnezyum Klorür
ml	Mililitre
M	Molar
mM	Milimolar
µl	Mikrolitre
ng	Nanogram
NaCl	Sodyum Klorür
Na₂S₂O₅	Sodyum Metabisülfat
(NH₄)₂SO₄	Amonyum Sülfat
PCR	Polimeraz zincir reaksiyonu
PVP	Polivinilpirolidon
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
rRNA	Ribozomal DNA
Rpm	Dakikadaki Dönüş Sayısı
S-RNase	S-Ribonuclease
Sc	Self-Compatibility
SI	Self-Incompatibility
Taq	Thermus aquaticus
Tris	Tris (Hidroksil Metil) Aminometan
Tris-HCl	Tris Hidroklorür
U	Enzim Birimi
UV	Ultraviyole
%	Yüzde

TABLOLAR LİSTESİ

Tablo 2.1. S-alellerinin belirlenmesin de kullanılan primerler.....	27
Tablo 3.1. <i>S-RNase</i> geninin birinci ve ikinci intron bölgesindeki SRC- F / SRC-R, EM-PC2consFD/ EM-PC3consRD primerlerinin yaklaşık uzunlukları	32
Tablo.3.2. Kullanılan Primere Göre Baz Çifti Boyutu ve S-Genotip Değerleri.....	34
Tablo 3.3 241 kayısı genotipine de bulunan S allellerinin sayısı SX1: bilinmeyen allel SX2: bilinmeyen allel	43
Tablo 3.4 241 kayısı genotipine de bulunan S allellerinin yüzdesi SX1: bilinmeyen allel SX2: bilinmeyen allel	44
Tablo 3.5: Erciyes üniversitesi Ulusal Kayısı Genetik Kaynakları Parselinde yer alan kayısıların kendiyle uyusurluk uyusmazlık durumları.....	45
Tablo 3.7. Birleştirme İşlemi sonucunda Elde edilen okumaların Verileri.....	47
Tablo 3.8. Geneious programı ile filtreleme ve temizleme işlemi sayısal verileri.....	48
Tablo 3.9. S-RNaz geninin <i>Prunus armeniaca</i> 'lar arasında en yüksek ve en düşük benzerlikleri.....	49
Tablo 3.10. Hacıhalilolu(HH),Ordubatbenzeri(OB) Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerin S-RNaz'ların primir bölgelerinde belirlenen baz büyüklükleri.....	57
Tablo 3.11. SFB geninin <i>Prunus armeniaca</i> 'lar arasında en yüksek ve en düşük benzerlikleri.....	58
Tablo 4.1. Hacıhalilolu, Stark Early Orange, Ordubatbenzeri ve Zard çeşitlerinin nükleotidleri üzerinde belirlenen baz uzunlukları ve PCR sonucunda belirlenen baz uzunlukları.....	66

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 1.1. Heteromorfik Uyuşmazlık (Pin ve Thrum Tipi Uyuşmazlıklar).....	8
Şekil 1.2. <i>Stilusta</i> ilerleyen polen tüplerinin uçları şişmekte veya boru ucu patlamaktadır	9
Şekil 1.3. Gametofitik Kendiyle Uyuşmazlığın Bitkide Genetik Yapısı	10
Şekil 1.4. Kendiyle Uyuşmazlık Kaynakları. Aynı intron büyüklüğüne sahip alleller allele özgü primerler kullanılarak bölümlere ayrılmıştır	11
Şekil 2.1. Verileri birleştirme, filtreleme ve temizleme işlemi basamakları.....	29
Şekil.3.1. Dört kayısı örneğinin DNA jel görüntüsü	31
Şekil.3.2. Dört kayısı DNA'nın spektrofotometrik ölçüm sonucu OD260/280 değeri 1.8/2.00, OD260/230 değeri 1.3/1.6 arasında kaliteli DNA elde edilmiştir.....	32
Şekil 3.3. EM-PC2consFD ve EM-PC3consRD primeri ile çoğaltılan S-RNase geninin ikinci intronu	33
Şekil 3.3. SRC-F - SRC-R primeri ile çoğaltılan S-RNase geninin ikinci intronu. Allel uzunluklarının doğru elde edilmesi için okumlara kapılar elotroforezde gerçekleştirilmiştir.	33
Şekil 3.3. AprSC8R- PaConsI F primer çifti ile çoğaltılan SC/S8-RNase alleli.....	33
Şekil 3.3. AprFBC8-F -AprFBC8-R primer çifti ile çoğaltılan, SFBC/8 allelerini ayırmada kullanılan HVb bölgesi	34
Şekil 3.4. S-RNase nükleotidinin SEO kayısı çeşidi ile karşılaştırılması sonucunda primer bölgeleri.....	50
Şekil 3.5. Genbankta kayıtlı GU586228.1, KF951503.2, KF975455.2, HQ615602.1 ve DQ422947.2 accession numaraları ile karşılaştırma sonucunda Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerinin S-RNase'lerinde belirlenen primerler ve (C1,C2, RHV C3, RC4,C5) bölgeleri	56
Şekil 3.6. Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerinden elde edilen S-RNase dizileri ile NCBI (ulusal biyoteknoloji bilgi merkezi) veri bankasında kayıtlı <i>Prunus armeniaca</i> S-lokus S-RNase'leri ile elde edilen filogenetik sınıflandırma	57
Şekil 3.7. SFB nükleotidinin SEO kayısı çeşidi ile karşılaştırılması sonucunda primer bölgesi.....	59
Şekil 3.8. Genbankta kayıtlı FJ377727.1, DQ887488.1, HQ615603.1, EU652887.1, EU652885.1, EU652884.1 ve DQ422946.1 accession numaraları ile karşılaştırma	

sonucunda Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerin SFB'lerinin tespit edilen bölgeleri. 63



GİRİŞ

Türkiye, dünya üzerinde hem meyve tür ve çeşit sayısı hem de üretim miktarı açısından önemli meyve üreticisi ülkeleri arasında yer almaktadır. Bu meyve türleri içerisinde renk, tat, aroma bakımından tercih edilen meyvelerden birisi de kayısıdır. Ülkemiz de Doğu Karadeniz Bölgesi ile Doğu Anadolu'nun çok yüksek kesimleri dışında hemen hemen her bölgesinde iklimsel özellikleri yönünden kayısı yetiştiriciliği için uygun alanlar bulunmaktadır.

Dünyada yılda toplam 4.257.241 ton taze kayısı üretilmekte olup, bu miktarın 985.000 tonu Türkiye tarafından üretilmektedir. Bu üretim miktarıyla Türkiye, dünya kayısı üretiminde yaklaşık %23.14'lük payla birinci sıradadır. Türkiye'yi Özbekistan, İtalya, Cezayir ve İran takip etmektedir. Kayısı üretiminin çoğunluğu kurutmalık olarak değerlendirilmekte, 90 ülkeye her yıl 100 bin tonu aşkın kuru kayısı ihracatıyla 300-350 milyon dolar döviz elde edilmektedir [1,2].

Türkiye de kayısı üretimi son yıllarda artış göstermiş olmakla birlikte halen yeterli seviyeye ulaşamamıştır. Kayısı yetiştiriciliğinde her yıl düzenli ve iyi düzeyde ürün elde edilmesi temel amaçtır. Eşeysel uyumsuzluk meyve türlerinin çoğunda görülen, düzenli meyve verimin düşüren önemli sorunlardan birisidir. Meyvelerde tozlaşma ve meyve tutumunun randımanlı gerçekleşmesi için erkek ve dişi çiçeklerin oluşumlarını normal seviyede tamamlamaları, tozlanan ve tozlayıcı çeşitler arasında eşeysel bir uyumsuzluğun var olmaması gerekmektedir [3].

Kendi kendine tozlaşmayı engelleyen ve karşılıklı tozlaşmayı zorlayan uyumsuzluk hermafrodit bitkilerde bulunan genetiksel bir mekanizmadır [4]. Uyumsuzluk polende ve pistilde mevcut S allelleri tarafından yönetilmektedir. Bir çeşitte uyumsuzluk allellerinin tanımlanması ıslahçılar tarafından yapılan kontrollü tozlaşma denemeleriyle ortaya çıkarılabilmektedir. Ancak çiçeklenme döneminde sürenin kısıtlı olması nedeniyle ve hava şartlarının olumsuz olduğu durumlarda bu yöntemden sonuç alınamamaktadır [6].

Yapılan çalışmalarla uyumsuzluğun basit bir multiallelik S lokusu tarafından kontrol edildiği tespit edilmiştir. S lokusu Pistilde korunmuş (C1, C2, C3, RC4, C5) ve yüksek değişken (RHV) bölgelerinden oluşmaktadır. Polende ise F-box, değişken bölge (V1,V2) ve yüksek değişken bölge (HV_a, HV_b) olmak üzere 5 bölgeden oluşmaktadır. S lokusu Pistilde iki intron ile kesintiye uğramaktadır. Romero ve arkadaşları (2004)' de yaptıkları çalışmada birinci intron bölgesini belirlemek için SRC-F/ SRC-R, Sutherland ve arkadaşları (2004) 'de ikinci intron bölgesini belirlemek için EM-PC2consFD/ EM-PC3consRD primerlerini geliştirmişlerdir. Sonneveld (2003), Halasz(2010) 'da geliştirdikleri PaConsI-F/ AprSC8R primerler ile SC/S8 allelerini belirlemişlerdir. Halasz ve arkadaşları (2010)'da yaptıkları çalışmada polende ifade edilen kendine uyumsuz S8 aleli ile kendine uyuşur SC allelini birbirinden ayıramadığından bahsetmişlerdir. Araştırmacılar bu sorunu aşmak için AprFBC8-F/ AprFBC8-R primerlerini geliştirmişlerdir. Uyuşmaz genotipler stilusta ribonükleaz analizleri dışında bu dört primer çifti kullanılarak S allelleri spesifik PCR ile belirlenebilmektedir [2,5,7,].

Birçok meyve türünde tüm genom fiziksel haritaları tamamlandı, genom analizleri yapılmıştır. Tüm genom dizisi çıkarılan canlılarda moleküler ve ıslah çalışmaların ölçeği büyümüştür. Bu çalışmada 241 kayısı çeşit ve tipinde kendine uyumsuzluk alleleri belirlenmiştir. 4 kayısı çeşidi (Hacıhaliloğlu, Ordubatbenzeri, Stark Early Orange (SEO), Zard) tüm genomu DNA okumaları üretilmiştir. SEO kendine uyuşur, Hacıhaliloğlu, Ordubatbenzeri ve Zard kendine uyumsuz çeşittir. Genbank'ta kayıtlı S-RNaz ve SFB genleri ile Hacıhaliloğlu çeşidi tüm genomu okumaları eşleştirilmiştir. Hacıhaliloğlu çeşidi için elde edilen S-RNaz ve SFB genleri ile diğer üç çeşit için ayrı ayrı S-RNaz ve SFB lokusları belirlenmiştir. GenBank'ta kayıtlı kayısı S-RNaz ve SFB genleri ile bu çalışmada elde edilen gen bölgeleri nükleotid seviyesinde karşılaştırılmış ve filogenetik analiz yapılmıştır.

1. BÖLÜM

GENEL BİLGİLER ve LİTERATÜR ÇALIŞMASI

1.1. Kayısı Hakkında Genel Bilgiler

1.1.1. Kayısının Sistematığı

Takım : Rosales

Familya : Rosaceae (Gülgiller)

Alt Familya : Prunoidae

Cins : *Prunus*

Alt Cins : Prunophora

Tür : *Prunus armeniaca* L

Rosaceae, ılıman iklim kuşağında yetişen en önemli bitki ailelerinden birisidir. Rosaceae ailesi elma, şeftali, erik, badem, armut ve kiraz gibi ekonomik olarak önemli meyveleri bünyesinde bulundurmaktadır [8,9].

Prunus cinsinde 230 tür bulunur. Bu türlerin büyük bir çoğunluğu ılıman iklim kuşağına adapte olmuşsa da 35 türü eski dünya tropik kuşağına ve 25 türü ise yenedünya tropik kuşağına endemiktir. *Prunus* cinsinde yer alan kayısı bu aile içinde ekonomik olarak önemli ve iyi çalışılmış ağaç türlerinden biridir. Türkiye, kayısı, kiraz ve vişne üretiminde dünya lideridir.(Tablo1.1). Badem de ise ilk dört ülke içinde yer almaktadır. (FAO, 2017).

Tablo 1.1. runus cinsi meyve türlerinde ülkelerin üretim değerleri (FAO 2017)

Kayısı		Kiraz - Vişne		Badem	
Ülkeler	Üretim(ton)	Ülkeler	Üretim(ton)	Ülkeler	Üretim(ton)
Türkiye	985.000	Türkiye	672.132	ABD	1.029.655
Özbekistan.	532.565	ABD	398.140	İspanya	255.503
İtalya	266.372	İran	140.081	İran	111.845
Cezayir	256.890	Özbekistan	136.609	Türkiye	90.000
İran	239.712	Şili	126.642	İtalya	79.599
Pakistan	178.957	İtalya	118.259	Avustralya	75.373
İspanya	162.872	İspanya	114.433	Tunus	67.000
Fransa	148.500	Yunanistan	89.600	Cezayir	61.943
Afganistan	131.816	Ukrayna	70.860	Çin	47.875
Yunanistan	106.600	Romanya	55.490	Libya	34.404

Son yıllarda yapılan araştırmalar kayısıda uyumsuzluk durumunun tahmin edildiğinden daha karmaşık olduğunu göstermektedir. Ticari üretimi yapılan bazı kayısı çeşitlerin mevcut uyumsuzluk durumlarının bilinmemesi ciddi ekonomik kayıplara neden olmaktadır. Kendine uyumsuzluk; çeşidin kendi poleniyle meyve bağlamasını engellediği için yetiştiricilikte tercih edilmez [1].

1.1.2. Kayısının Döllenme Biyolojisi

Kayısının her bir çiçek tomurcuğundan bir adet çiçek meydana gelir. Çiçek tomurcukları saf haldedir. Bunlarda sadece çiçek meydana gelir. Kayısı hermafrodit (erselik) çiçek yapısına sahip olup erkek ve dişi organ aynı çiçek üzerinde yer almaktadır. Çiçekler beş çanak, beş taç yaprak, 20-35 erkek (stamen) organ ve bir dişi (pistil) organdan bulunur. Bazı çiçeklerde iki dişi organı görülebilir. Pistil stigma, stilus ve ovaryumdan oluşmaktadır [2,10].

Dişi organ (pistil), tohum taslaklarını koruyan bir veya daha fazla karpelden meydana gelmiştir. Karpelin kapalı bir çukur meydana getirdiği yer yumurtalık (ovaryum), ince bir kolon olarak geliştiği yer boyuncuk (stilus), genişlediği üst yüzey tepelik (stigma) olarak adlandırılmaktadır. *Prunus* L. cinsinin çiçeklerinde stigmanın üzeri, tek sıralı papilla hücrelerinden meydana gelmiştir. Bu papilla hücreleri tam çiçeklenme

zamanında turgor durumundadırlar. Bunlar tam çiçeklenmeden bir iki gün sonra büzülme belirtileri göstermekte ve üç, dört gün sonra da turgorunu kaybetmektedir.

Tepecik (stigma) tam çiçeklenme sırasında bir sıvı salgılamakta ve bu yüzden nemli ve parlak görünmektedir. Gerek *Prunus*larda ve gerekse *Malus* Mill., *Pyrus* L. ve *Ribes* L. cinslerinde stigmalar ıslaktır [11,12]. Buna karşılık *Juglans* L. ve *Rubus* L. cinslerinin stigmaları kurudur [13]. Polenler stigma üzerinde bulunan bu sıvı tarafından tutulmaktadır. Aynı zamanda stigma üzerinde bulunan bu sıvı polenlerin çimlenmesini de kolaylaştırmaktadır. Ovaryum içinde iç duvara tutunmuş ovuller (tohum taslakları) bulunmaktadır. Kayısı çiçeğinde diğer *Prunus* türlerinin çiçeklerinde olduğu gibi genellikle tek tohum üretilmesine rağmen iki ovul mevcuttur [14]. Bunlardan biri döllenecek ve tohum oluşturacak olan primer ovul, diğeri ise genellikle ölen sekonder ovuldür [15]. Ovuller embriyo kesesinin değişmesi sonucu meydana gelmektedirler. Bir ovul üç kısımdan meydana gelir. Bunlar; besin dokusu (nucellus), besi dokuyu bir kılıf gibi örten iki zar (integumentler), ovulü plasentaya bağlayan ince uzun bir sap (funikulus)'dır. integumentlerin ucundaki açıklık mikropil olarak adlandırılmaktadır. Ovulün çok erken gelişme fazında besin dokusu içerisinde büyük bir hücre belirlemektedir. Diploid olan bu hücre makrospor ana hücrelidir. Makrospor ana hücreli mayoz bölünme ile dört hücre (gon) meydana getirir. Bu gonların üç tanesi kaybolur, bir tanesi kalır. Bu hücreye makrospor denir çünkü embriyoyu bu hücre meydana getirmektedir. Makrospor mitoz bölünmeyle iki hücre meydana getirir. Bu hücrelerden biri aşağı diğeri yukarı kutba gider. Bu hücreler iki kere mitoz bölünme geçirerek dörder hücre meydana getirirler. Dörtlü gruplardan birer nükleus orta kısma gelerek birleşip embriyo kesesi sekonder diploid nükleusunu meydana getirirler. Geri kalan üçer nükleus birer zarla çevrilerek hücre haline geçerler. Bu üçerli gruplardan mikropile yakın olanlardan iki tanesi sinerjit, ortadaki ise yumurtadır. Diğer kutuptakiler antipod hücreleridir. Böylece embriyo kesesi döllenmeye hazır duruma gelmiştir [10,16,17]. Döllenmeden sonra karpeller meyveye, ovuller ise tohuma dönüşmektedir.

Stamen, anter ve filamentlerden meydana gelmektedir. Erkek organlar olgunlaşınca anterlerdeki polen keselerinde polen ana hücreleri oluşmaktadır. Polen ana hücrelerinin nükleusları (2n) mayoz bölünme ile dört adet hücre (n) (mikrospor) meydana getirmektedirler [18]. Bu hücrelere polen adı verilmektedir. Polenler tozlaşmada görev almaktadır. Polen keseleri olgunlaşınca patlar ve polenler etrafa dağılır [19].

Olgunlaşmış polen tanesi çeperi genellikle bir iç duvar (intin), bir dış tabaka (ekzin) ve çimlenme yarığında (kolpus) oluşmaktadır. İntin polen çeperinin en değişmez elemanı olup bütün türlerin polen tanesinde mevcuttur ve polisakkaritlerden ibarettir [17]. Bir polen tanesinde biri küçük biri büyük olmak üzere iki hücre bulunur. Bunlardan büyük olanına vejetatif, küçük olanına generatif hücre denir [10,16].

Polenin generatif hücresinin mitoz bölünmesi ile oluşan iki sperm hücresinden birisi yumurta hücresini dölleyerek embriyoyu, diğeri ise diploid embriyo kesesi sekonder nukleusu ile birleşerek endospermi oluşturur. Böylece çifte dölleme olayı meydana gelir ve oluşan yapı daha sonra tohumu meydana getirir.

Tozlaşma olayı kısaca, polenin anterden stigmaya taşınmasıdır. Kayısı çiçeklerinin tozlanmasında böceklerin rolü % 5-10 arasında değişmektedir. Kayısı çiçeklerinin renkli olması nedeniyle başta arılar olmak üzere diğeri böcekleri kendine çekmektedir. Kayısı çiçeklerinin böcekleri kendine çeken diğeri özellikleri ise kokulu olması ve nektar ihtiva etmesidir [2].

Stigma üzerine taşınan polen stigma yüzeyinde bulunan sıvı yardımıyla çimlenir. Çimlenen polende çim porlarından dışarıya doğru bir çıkıntı (polen tüpü) meydana gelir [15]. Polen tüpünün sadece uç kısmında canlı sitoplazma vardır [20]. Polen tüpünün iç duvarlarında kallos vardır. Polen tüpü gelişip polen içeriği bu tüpün içine aktıktan sonra kalloslar tüp içinde yer yer kümeleşip tüpü tıkırlar. Böylece kallos tıplar oluşur. Gelişmesini tamamlamış bir polen tüpünün uç kısmında da kallos tıpa vardır [21]. Stigma ve stilusta polen tüpü gelişmesi hücreler arasında ilerleme şeklinde olmaktadır. Polen tüpünün tohum taslağına doğru gelişme nedeninin kimyasal, elektriksel, hidrotropik ya da plasentada Ca içeriğinin artması olduğu belirlenmiştir. İletim dokusu içerisinde geniş hücreler arası boşluklar bulunmaktadır. Özellikle bu boşluklarda pektik bir madde bulunmamaktadır. Çünkü bu madde, polen tüpünün büyümesi sırasında parçalanmaktadır. İletim dokusunda mevcut olan nişasta, antezisten birkaç gün sonra hidrolize olmaktadır [22].

Polenin stigma üzerinde çimlenmesi ve polen tüpünün stilus içinde ilerleyişi hava sıcaklığı ile yakından ilişkilidir. Polen stigma üzerinde çimlendikten sonra hava sıcaklığına bağlı olarak 2-6 gün içerisinde mikropile ulaşmaktadır [2].

1.1.4.Eşeyssel Uyuşmazlık

Eşey organları ve gametler normal yapıda oldukları ve canlı döllenenmiş tohum oluşturma yeteneğinde buldukları halde, genetik yapı nedeniyle, polen ve stilus arasındaki etkileşim sonucu polenin çimlenememesi veya polen tüpünün stilus içindeki gelişiminin engellenmesine **eşeyssel uyusmazlık (incompatibility)** denir.

Bir bitkinin polenleri fonksiyonel olmalarına rağmen, aynı bitkinin yumurtasını veya aynı çeşide ait diğer bitkilerin yumurtalarını dölleyemiyorsa bu olaya **kendine uyusmazlık (self-incompatibility)** olarak tanımlanmaktadır. Bir bitkinin fonksiyonel polenlerinin aynı tür içindeki diğer çeşitlerin yumurtalarını dölleyememesi ise **birbiriyle uyusmazlık (cross-incompatibility)** olarak tanımlanmaktadır. Kendine uyusmazlık hermafrodit bitkilerde bulunan genetiksel bir mekanizmadır [17]. Karşılıklı tozlaşmaya zorlayan ve kendilemeyi engelleyen faktörlerden en önemlisi uyusmazlıktır. Uyuşmazlık 2' ye ayrılır;

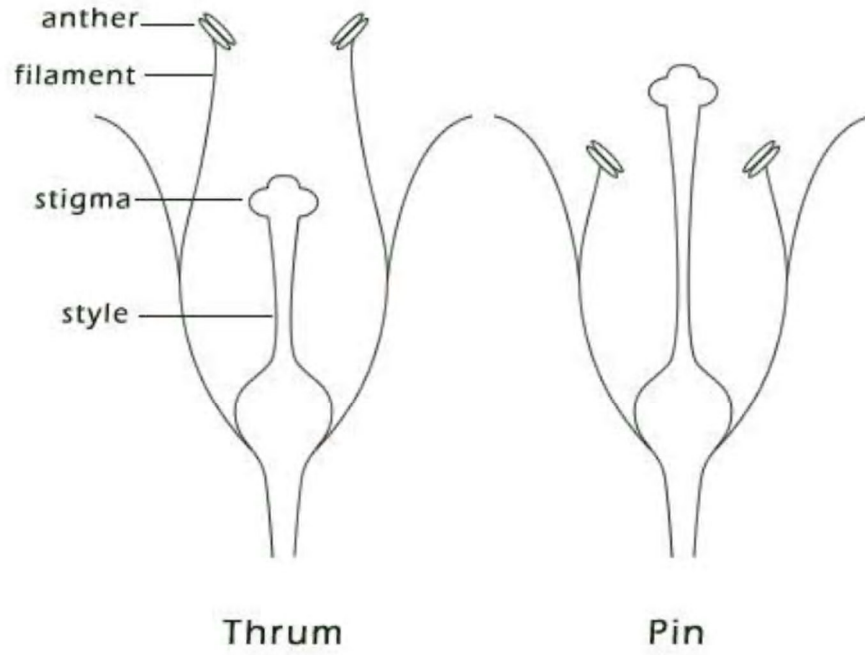
1) Heteromorfik uyusmazlık;

Anter ve stilusun farklı uzunlukta olmasından kaynaklanan uyusmazlığa heteromorfik uyusmazlık denir [23]. Heteromorfik uyusmazlığın Pin ve Thrum tipi olmak üzere 2 tipi bulunmaktadır (Şekil 1.1.).

a) Thrum; anterin stigmadan daha yüksek olduğu pozisyon,

b) Pin; stigmanın anterden daha yüksekte olduğu duruma denir.

Bu karakter iki aleli (S, s) bulunan basit bir S lokusunun kontrolü altındadır [24]. Pin tiplerinde genotip ss, Thrum tiplerinde ise Ss olup S geni s genine tam dominanttır [25].



Şekil 1.1. Heteromorfik Uyuşmazlık (Pin ve Thrum Tipi Uyuşmazlıklar)

2) Homomorfik uyuşmazlık; Anter ve stilus aynı uzunluktadır. Homomorfik uyuşmazlık tamamen genetiksel kaynaklı olup, sayıları her bitki için değişebilen bir seri allelomorfik uyuşmazlık genleri ($S_1, S_2, S_3, \dots, S_n$) tarafından kontrol edilmektedir. Somatik hücreler diploid özellikte olduğundan; 2 adet S uyuşmazlık geni içerir. Birisi ana, öteki ise baba bireyden gelir. Eşey hücreleri ise haploid özellikte olduğundan, 1 adet S geni içerirler. Tozlanma olayı gerçekleştiikten sonra stigmaya ulaşan çiçek tozundaki 1 adet S geni ile dişiçik borusundaki somatik hücrelerde bulunan 2 adet S genlerinden birinin benzeşmesi durumunda (Örneğin; S_1 ve S_1S_2) uyuşmazlık görülür. Çiçek tozundaki S geni ile dişiçik borusunun somatik hücrelerindeki S genlerinin tamamen farklı tipte olması durumunda (Örneğin; S_1 ve S_2S_3) ise çim borusu normal büyümesine devam ederek, başka bir sorunda yoksa döllenme olayını gerçekleştirir [26].

Homomorfik uyuşmazlık 2 farklı şekilde gerçekleşebilir:

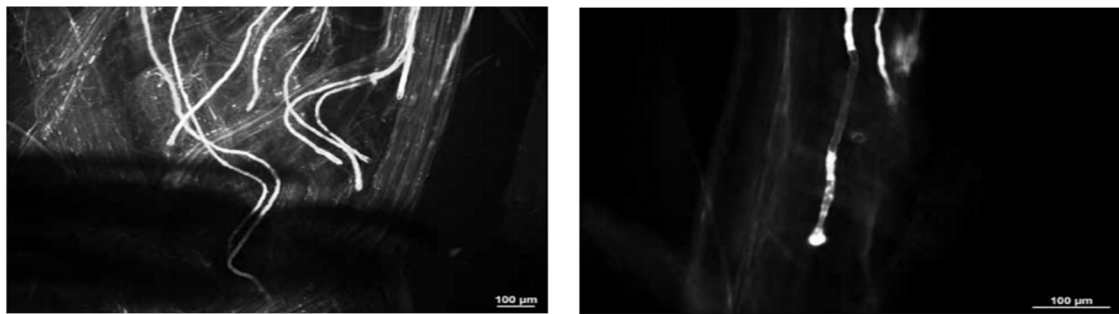
a) Gametofitik Uyuşmazlık

b) Sporofitik Uyuşmazlık

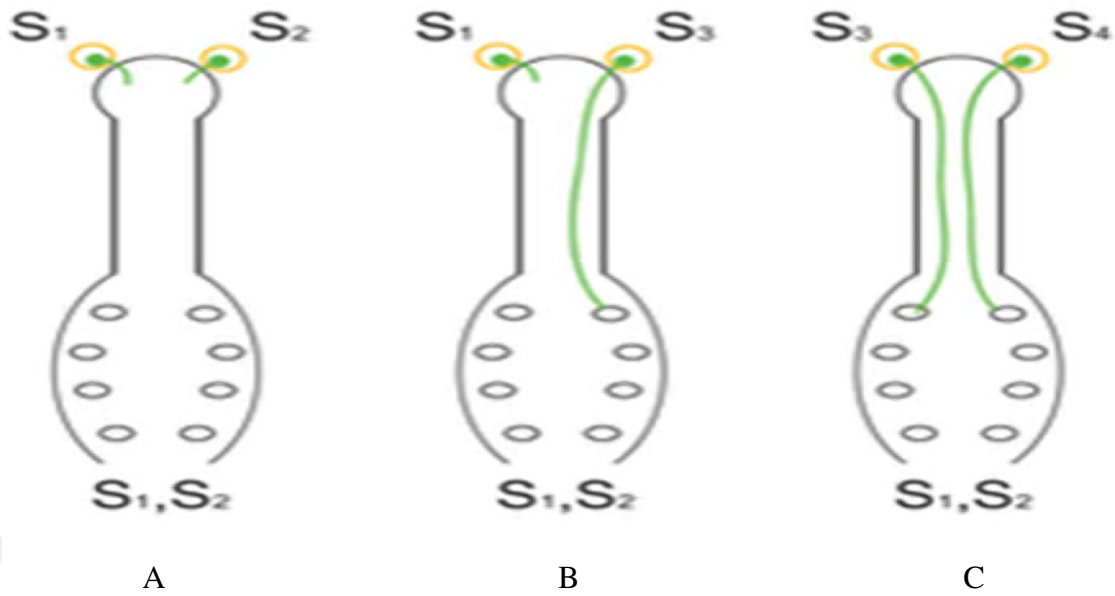
Gametofitik uyuşmazlık 1925 'de East ve Magelsdorf tarafından *Nicotiana sanderea*' da bulunmuştur. Daha sonra birçok kültür bitkisinde gametofitik uyuşmazlık bulunduğu belirlenmiştir. Gametofitik kendine uyuşmazlığın en yaygın uyuşmazlık tipi olduğu ve 60-90 familyada bu tip uyuşmazlığa rastlandığı bildirilmektedir [4,27].

Gametofitik uyuşmazlıkta çiçek tozu stigma üzerinde çimlendikten sonra, oluşan çim borusu stigmayı delerek uzamaya başlar. Bünyesinde bulunan besin maddelerini kullanan çiçek tozu ancak belirli bir uzunlukta çim borusunu oluşturabilir. S genlerinin aynı yapıda olması halinde çim borusunun, dişicik borusundan difüzyon yoluyla su ve besin maddesi alımı ile ilgili biyokimyasal reaksiyonları katalizleyen enzimler sentezlenemez. Bu durumda, çim borusu büyümesi dişicik borusu içinde belirli bir noktada durur. Yani, engelleme olayı, dişicik borusu içinde gerçekleşir [26].

Eşeyssel uyuşmazlık gametofitik tipte olup çoğunlukla stilusta oluşmaktadır [28]. **Şekil 1.2'**da görüldüğü gibi Stilusta ilerleyen polen tüpleri uyuşmazlık durumunda bir süre ilerledikten sonra ya uçları şişmekte veya boru ucu patlamaktadır [3,29].



Şekil 1.2. Stilusta ilerleyen polen tüplerinin uçları şişmekte veya boru ucu patlamaktadır [44].



Şekil 1.3. Gametofitik Kendiyle Uyuşmazlığın Bitkide Genetik Yapısı

- 1) A Şeklin de S₁ ve S₂ alleli taşıyan polenle S₁ ve S₂ alleli taşıyan pistil karşılaşmış uyuşmazlık oluşmuştur.
- 2) B Şeklin de S₁ allelleri karşılaşmış uyuşmazlık olmuştur.
- 3) C Şeklin de polen ve pistilin taşıdıkları S allelleri tamamen birbirinden farklıdır uyuşmazlık durumu oluşmamıştır.

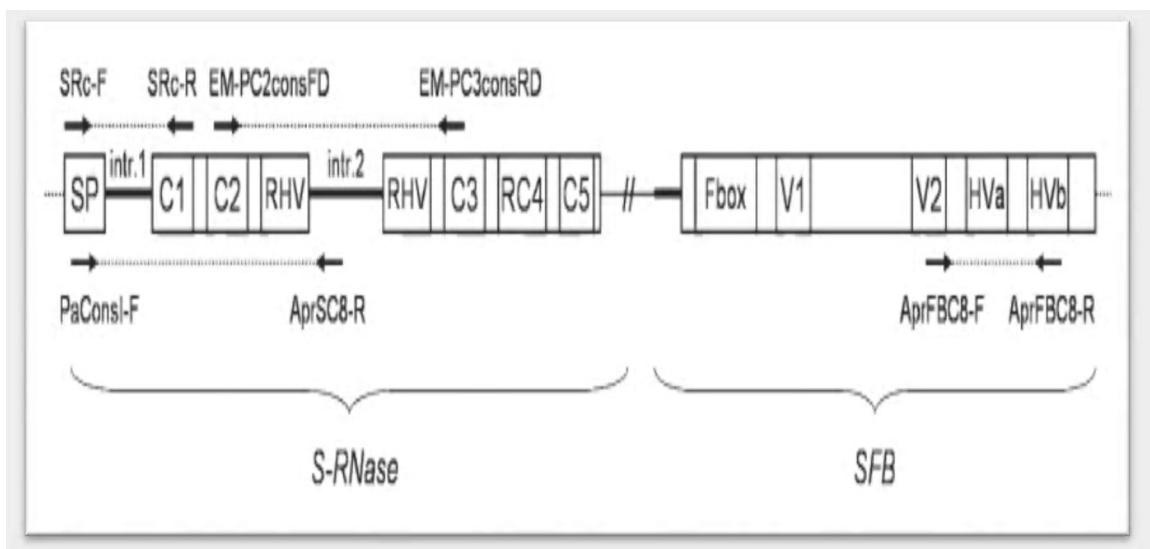
Sporofitik uyuşmazlıkta ise polenin uyuşmazlık özelliği polenin üretildiği bitki tarafından belirlenmektedir. Gametofitik uyuşmazlıktaki gibi tek bir lokustaki allel gen serisi tarafından yönetilmektedir. Burada alleller dominans veya bağımsız etki gösterebilmektedirler. Sporofitik uyuşmazlık gametofitik uyuşmazlığa göre daha nadir görülmektedir. Sporofitik uyuşmazlığı olan bitkilerde polen stigma yüzeyinde çimlenemezken gametofitik uyuşmazlıkta bazen çimlenir ve stilus içerisine girer ancak polen tüpü büyümesi belli noktalarda durur [30].

S lokusunun pistilde ribonükleaz aktivitesine sahip glikoproteinleri (S-RNases) kodlayan bir gen içerdiği tespit edilmiştir [31, 1]. Ribonükleaz aktivitesine sahip glikoproteinler pistilde S özgüllüğünü tanımlar. Her S haploidi bir S RNaz kodlar. Stilusta polen tüpünün ilerlediği yolda S RNazlar bulunduğundan ovüle doğru stigmada ve stilus boyunca tüpün büyümesi doğrudan S RNazlarla ilişkilidir [32 1]. Uyuşmazlık varsa RNazlar polen tüpünün büyümesini engellemektedirler. Polende rRNA genleri

transkribe edilememekte ve polen tüpünün gelişmemesine neden olmaktadır. Örneğin; S₁ RNazlar S₁ poleninde yıkılmaya neden olurken diğer genotiplerde yıkım yapmaz [27,1]. Kendine uyşur çeşitlerde RNaz miktarı kendine uyşmaz çeşitlere oranla daha az miktarda RNaz bulunduğu tespit edilmiştir [31,1].

Prunus S RNaz kodlayıcı bölgesi 2 intron ile kesintiye uğramaktadır. Bu özellik S allel analizlerini hızlandırmak için önemli fayda sağlamaktadır [33,34,1]. S allel tanımlanması PCR amplifikasyonu ve amplifiye olan S RNaz geninin iki intronunun bant büyüklüklerinin belirlenmesi ile gerçekleştirilmektedir [35,1]. İki intronun allellerinin dizisi ve uzunlukları **Şekil 1.4.’de** olduğu gibi birbirinden farklıdır. Fakat aynı intron büyüklüğüne sahip farklı alleller S allel spesifik PCR veya sekans analizleri gibi metotlarla belirlenebilmektedir [36,1]. Farklı S allellerinin aminoasit dizileri karşılaştırıldığında nükleotid bileşimlerinde çok küçük farklılıklar olduğu görülmüştür [37, 1].

Kendine uyşmazlık sistemleri stilusta ribonükleaz kodlayan S lokusu bölgesi dışında polende F Box proteinlerinin kontrolü altındadır [38]. S RNazlar pistilde, F Box genlerinin polende ifade edildiği saptanmış ve yapılan çalışmalarla her iki gene de uygun primerler dizayn edilerek markır destekli seleksiyon uygulamaların da kullanılmaktadır [39, 1].



Şekil 1.4. Kendiyle Uyuşmazlık Kaynakları. Aynı intron büyüklüğüne sahip alleller allele özgü primerler kullanılarak bölümlere ayrılmıştır [3, 40].

Sc (Self compatibility) alleli, SI (Self incompatibility) allellere dominanttır. Kendine uyuşur bireyler genelde kendine uyuşmaz türlerde meydana gelen mutasyonlar sonucunda oluşmaktadır. Bu mutasyon spontan olabilir veya X ışınlarının etkisiyle de meydana getirilebilir [41,42,1]. Yapılan çalışmalar neticesinde Sc haplotipinin, S8 haplotipinin kısmi polen mutanlığı olduğu ve bir insersiyon mutasyonu sonucunda ortaya çıktığı tespit edilmiştir [43,44, 1].

1.1.5. Yüksek kapasiteli DNA dizileme (High-Throughput Sequencing - HTS)

DNA dizileme, bir DNA örneğindeki nükleotit bazlarının (A, G, C ve T) diziliminin eksiksiz ve doğru olarak belirlenmesidir. Gen yapısı ve genetik kontrol mekanizmaları hakkında birçok bilgi edinmemizi sağlamıştır. Günümüz teknolojisi sayensin de yüksek kapasiteli DNA dizileme yöntemiyle DNA dizileme oldukça büyük yollar kaydetmiştir.

yüksek kapasiteli DNA dizileme teknolojilerinin yüksek doğruluk ve ultra hızlı olarak dizileme yapabilme kapasiteleri sayesinde; daha az maliyet ve daha kısa bir süre içinde derin okuma seviyesine ulaşmakta olup, dizileme sistemlerinin daha da gelişmesi ile ortaya çıkan bir yenilik olarak kabul edilmektedir [45].

İnsan genom projesinin tamamlanmasından sonra, yüksek kapasiteli DNA dizileme olarak adlandırılan dizileme yöntemleri geliştirilmeye başlanmıştır. İlk olarak 2005 yılında, 454 platformu *Life Sciences* tarafından piyasaya sürülmüştür. 2011 yılında ise 3 major YND platformu daha geliştirilmiştir: *Ion Torrent's PGM*, *Pacific Biosciences' RS (Pac Bio)* ve *the Illumina MiSeq* [46].

Günümüzde en çok kullanılan yüksek kapasiteli DNA dizileme platformlarından biri *Illumina* sistemidir. Bu platformların temel basamakları; taslak (*template*) hazırlama, dizileme, görüntüleme ve elde edilen verilerin analiz edilmesidir [47].

yüksek kapasiteli DNA dizileme yöntemi, bir örnekten elde edilen DNA'nın milyonlarca fragmanının eş zamanlı olarak dizilenmesi esasına dayanan yüksek sayıda dizileme yöntemidir. Bu teknoloji sayesinde, organizmanın DNA dizisine ilişkin milyarlarca nükleotid dizisi birkaç gün içinde belirlenebilmektedir [48].

1.1.6. LİTERATÜR ÇALIŞMASI

Aşkın (1989), Ege Bölgesi'nde yetişen Tokaloğlu ve Şam kayısı çeşitlerinde yapmış olduğu çalışmada kendine uyumsuz olduğunu belirlemiştir. Araştırmacı bu kayısı çeşitlerinin çiçek tozu çim borularının normal süreçte geliştiği ancak yumurtalık içinde dallanma ve kıvrımlar oluştuğunu böylelikle tohum taslağına ulaşamadığını bildirmiştir. Tokaloğlu ve Şam kayısı çeşitlerinin kendilenmesi sonucu meyve tutumunun % 0.46 - % 0.65 arasında olduğu saptanmıştır [49,50].

Burgos ve ark., (1998), 9 kayısı çesidi ("Goldrich", "Hargrand", "Lambertin", "Harcot", "Sunglo", "Pepito", "Gitano", "Moniqui", "Colorao") arasında yapılan melezlemelerden elde edilen yavruların kendine uyumsuzluk durumlarını belirlemek için kendileme ve polen tüpü büyüme testleri yapmışlardır. Sonuç olarak "Colorao çeşidinde ScS5, "Gitano"da S5, "Pepito"da ScS2, "Moniqui"de S2S6, "Harcot"ta S1S4, "Sunglo"da S2S3, "Goldrich"de S2S1, "Hargrand"da S2S1 ve "Lambertin"de S2S1 alellerinin varlığı saptanmıştır. "Pepito" kendine uyuşan bir çeşitken "Gitano" ve "Moniqui" kendine uyuşmamaktadır. "Gitano" × "Pepito" ' dan oluşan yavruların % 50' si kendine uyumsuz olduğu, "Moniqui" × "Pepito" yavrularının ise % 100'ü kendine uyuşur olduğu tespit edilmiştir [49,51].

İ.Bolat ve ark (1994) , Erzincan'da yetiştirilen "Hasan bey" kayısı çeşidinde yaptığı bir çalışmada serbest tozlanmanın, kendilemenin ve bazı çeşitlerle yapılan melezlemenin meyve tutum etkisine bakılmıştır. Bu çalışmayla "Hasan bey" çeşidinin kendine uyuşur ve kendine uyumsuz tipler tespit edilmiştir. Melezlemenin kendileme ve serbest tozlaşmalara nazaran meyve tutum yüzdesinin daha yüksek olduğu belirlenmiştir [52].

Karyiannis ve ark., (1999), "Bebeco" (kendine uyuşur) X "Veecot" (kendine uyumsuz) X "Sunglo"nun resiprokal çaprazlanmasından elde edilen yavrular arasında uyumsuzluk durumu incelenmiştir. Sonuçlara göre "Bebeco" çeşidinin Sc aleli bakımından heterozigot olduğunu tespit etmişlerdir. "Sunglo" ve "Veecot" çeşitlerinde var olan uyumsuzluk alellerinin "Bebeco" çeşidinde olmadığı ve farklı alleller taşıdığı tespit edilmiştir [53].

Badanes ve ark., (2000)'ına göre moleküler tekniklerle kayısıda yapılan seleksiyon çalışmalarını hızlandırıp zaman kazandırdığı ortaya konulmuştur. Bu amaçla yapılan çalışmalarla, çöğürlerde kendine uyumsuzlukla ilgili primerlerin taranması sonucu Sc (kendine uyuşma) alelleriyle ilişkili 2 marker saptanmıştır. Belirlenen markırlarla

kendine uyumsuz genotiplerin belirlenmesi için uzun süre beklemeden tespit edileceği bildirilmiştir [54].

Tao ve ark., (2000), yaptıkları bir araştırmada kendine uyşur ve kendine uyşmaz kayısı DNA'larının S-RNaz genine özgü geliştirilen oligonükleotitler ile PCR yapılarak çoğaltılmıştır. Sonuç olarak kendiyile uyşur olanlar 1500 bp büyüklüğünde bir bant elde edildiği, kendiyile uyşmaz kayısı çeşitlerinde ise bu bantın oluşmadığı saptanmıştır [55].

Tao ve ark., (2002), Japon kayısılarının melezlemesiyle elde edilen yirmi altı yavru bireylerin kendileme, polen tüpü büyüme testi ve S allel spesifik PCR uygulaması yapmışlardır. "1 K0-26" genotipi hariç Sc aleline taşımayan bütün genotiplerde meyve oluşmadığını belirlemişlerdir. "Koshinoume" (S3Sc) X "Benisashi" (S7Sc) melezlemesi sonucu, S3S7 alellere sahip ve Sc aleli içermeyen "1 K0-26" çeşidin kendileme sonucu meyve tuttuğu ve ebeveynleri gibi polen tüpü büyüme testlerinde uygun gelişim gösterdiği saptanmıştır. "1K0-26" çeşidinde bulunan S3 veya S7 haplotiplerinin polen S alellerinin Sc haploidine değişebileceği ve kendine uyşur hale gelmiş olabileceği önerilmektedir [56]

Albuquerque ve ark., (2002) , On kayısı çeşidi "Canino", "Priana", "Beliana", "Currot", "Mauricio V-4", "Goldrich", "Harcot", "Sunglo", "Pepito" ve "Colorao" ile yapılan bir araştırmada kayısıların S alelleri moleküler metotlarla tanımlanmıştır. "Goldrich", "Harcot" , "Sunglo" kuzey Amerika , "Pepito" ve "Colorao" İspanya çeşitlerinde S1, S2,S3, S4, S5 ve Sc alelleri için kontrol kullanılarak çalışmayı gerçekleştirmişler. On kayısıda kendine uyşma durumunu belirlemek amacıyla çaprazlama yapılarak, meyve tutma oranı ve stilusta polen tüpü büyümesi incelenmiştir. Nonequilibrium pH gradient electrofocusing (NEpHGE) metoduyla kayısı çeşitlerinde S alellerini belirlemişlerdir. Sonuç olarak "Goldrich" çeşidinde S1S2, "Harcot" S1S4, "Sunglo" S1S4, "Pepito" ScS2, "Colorao" ScS5, "Priana" S2S7, "Beliana" ScS7, "Mauricio" ScS1, "V4"ScSc, "Canino" ScS2, "Currot" ScSc alelleri var olduğunu bulmuşlar [57].

S. Vilanova ve ark (2003) , yaptıkları çalışmada kayısıda AFLP ve SSR markırları kullanılarak genetik bağlantı haritası oluşturmuşlardır. Haritada , "Stark Early Orange" X "Tyrimthos" melezlemesinden elde edilen F1 ("Lito") 'nun kendiyile tozlaşmasından oluşan 76 adet F2 popülasyonundan oluşturulmuştur. "Lito" kendine uyşmaz bir çeşit

özelliği göstermektedir. Toplamda 211 markır kullanılarak (180 AFLP, 29 SSR) yapılan çalışmada PPV'ye dayanlı özelliği, G1 bağlantı grubunda ve kendine uyumsuzluk özelliği ise G6 bağlantı grubunda olduğunu ortaya çıkarmışlardır [58].

Yamane ve ark., (2003), (“Erdi Botermo”, “Rheinische Schattenmorelle”) 2 kiraz çeşidi olan bu çeşitlerin melez bitkilerinde mutasyona geçirmiş olan S6 haploidinin S lokus bölgesinin incelendiği bir araştırmada S-RNaz ifadesinin analizi için Real Time PCR yöntemi kullanılmış ve dizi analizleri gerçekleştirilmiştir. S6 mutant haploidinde farklılığı ortaya çıkarmak için S6 ile mutant S6 haplotiplerinin S lokus bölgelerini kıyaslamışlardır. Sonuç olarak çalışmada mutant S6 haploidinde S6 RNaz bölgesinde -797 pozisyonunda yaklaşık olarak 2600 bp'lık insersiyon bulunduğu saptanmıştır [59].

Sutherland ve ark., (2004), Daha önce yapılan çalışmalarda uyumsuzluk allelleri belirlenen bazı kayısı, badem ve kiraz çeşitlerinde yeni 2 primer kombinasyonu kullanılarak S allel spesifik PCR yöntemi gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda bu primerlerin 7 S alelini (S1, S2, S3, S4, S5, S6, Sc) çoğalttığı gösterilmiştir. Kullanılan bu primerlerin *Prunus* genotiplerine uygun olduğu, yeni S alellerinin ortaya çıkarılmasında, popülasyon genetiği çalışmalarında ayrıca S allel bazlı gen akışı çalışmalarında kullanılabilceği önerilmiştir [60].

Ikeda ve ark., (2004), Yaptıkları çalışmada SFB genini, *Prunus*'ta (Rosaceae) S-RNaz bazlı gametofitik kendine uyumsuzluk (GSI) reaksiyonunda polen determinantı olarak uygun S-haplotip spesifik varyasyona sahip bir F-box proteinini kodladığını bildirmişlerdir. *Prunus* SFB'yi daha iyi karakterize edebilmek için, tatlı kirazdan (*P. avium*), SFB1, SFB2, SFB4 ve SFB5'i allellerini klonlayıp dizilemişlerdir. Sonuç olarak bu alleller, klonlanan diğer dokuz SFB aleline benzer şekilde olduğunu göstermişlerdir. Dört yeni klonlanmış aleli içeren *Prunus* SBF'lerin bir amino asit dizisinde, 384 bölgeden 121'i korunmuş ve 65 inde ise küçük değişiklikler olduğu gözlemlenmiştir. SBF'lerdeki amino asit benzerliği % 66.0 ile % 82.5 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Norm değişkenlik endekslerine (NVI) dayanarak, korunmayan alanların 34'ü oldukça değişken olarak kabul edilmiştir. Değişken bölgelerin çoğu C-terminal bölgesinde yer aldığı bildirilerek elde ettikleri NVI grafiğinde, iki değişken ve iki hiper değişken bölge olduğunu göstermişlerdir [61].

Romero ve ark.,(2004) , Rosaceae'deki gametofitik kendi kendine uyumsuzluk (GSI) sistemi, S-lokusunda yer alan iki gen tarafından kontrol edildiği öne sürülmüştür. Biri

S-RNaz ve yakın zamanda tanımlanan bir polende ekspres edilmiş S-haplotip spesifik Fbox (SFB) genidir. Ancak, kayısındaki (*Prunus armeniaca* L.) bu genler henüz tanımlanmamıştır. Yaptıkları bu çalışmada 3 farklı kayısıda toplam 21 kb'lık S-haploidinde S-lokus bölgesi sekansını elde etmişlerdir. Bu parçalar, diğer *Prunus* türlerinde bulunan S-RNaz ve F-box genlerine homolog olan, temel gen yapı özelliklerini ve tanımlanmış amino asit alanlarını koruyan genleri içerdiğini göstermişlerdir. Sonuç olarak F-box ve S-RNaz genleri arasındaki fiziksel mesafe tam olarak S2-haplotipte (2.9 kb) belirlemişler ve bu genlerin bağlandığını doğrulayan yaklaşık olarak (<49 kb) büyüklüğünde S1-haplotipinde çıkarmışlardır. 5' bölgelerin sekans analizi sonucunda S-RNaz geninde varsayılan korunmuş bir TATA box bölgesi olduğunu göstermişlerdir. Tanımlanan üç S-RNaz alleli (S1, S2 ve S4), yüksek bir allel sekans (% 75.3 amino asit) çeşitliliğine sahip olduğu ve kayısı F-box alelik varyantları (SFB1, SFB2 ve SFB4) (79.4). % amino asit) oldukça haplotip spesifik bir yapıda olduğunu bildirmişlerdir. Yaptıkları Organ spesifik ekspresyonu çalışmasında S1 ve S2-RNazlar polen ve yaprakta ekspres edildiğini SFB1 ve SFB2'nin ise sadece polende edildiğini sonuçlarına eklemişlerdir [62].

Vilanova ve ark., (2005), 16 kayısı genotipi ile yaptıkları bir çalışmada 2 primer kombinasyonu kullanarak S allel spesifik PCR uygulaması gerçekleştirmişlerdir. Yapılan PCR ve dizileme işlemlerinden sonra sonuç olarak kayısı genomunda C1 ve C2 S RNaz korunmuş bölgelerinin olduğunu gözlemişlerdir [33].

Halasz ve ark., (2005), gerçekleştirdiği çalışmada NEpHGE ve PCR ile stilus ribonukleazlarını analiz ederek 27 kayısı genotipi kullanılarak S alellerinin belirlendiği bir çalışmada 2 primer çifti kullanılmıştır. Çalışma sonucunda "Hargrand" çeşidinde S10S11, "Harcot"da S1S4, "Goldrich"de S1S2, "Voski"de S11S13, "Kechpshar" da S2S15, "Zard"da S15S16, "Korai zamatos"ta S12S13, "Hybrid 8"de S13, "NJA8"de Sc veya S8 alellerini belirlemişlerdir [63].

Jie ve ark., (2005), ("Badan", "Hongyu", "Katy", "Hongfeng", "Xinshiji" ve "Honghebao") 6 kayısıda gerçekleştirdikleri bir çalışmada 9 S alelini belirlemişlerdir. Yaklaşık olarak 420 bp'da S1, 740 bp'da S2, 350 bp'da S3, 800 bp'da S4, 390 bp'da S5, 900 bp'da S6, 460 bp'da S7, 300 bp'da S8 ve 850 bp'da S9 alelleri tanımlamışlardır. Elde edilen verilere göre "Badan" çeşidinde S1S2, "Hongyu"da S3S4, "Katy"de S5S6, "Hongfeng" ve "Xinshiji"de S7S8, "Honghebao"da S8S9 alel çiftlerini

ortaya koymuşlardır. Bu çeşitlerin uyuşma durumları yapılan kendileme ve melezleme deneyleriyle de desteklenmiştir. “Badan”, “Hongyu”, “Hongfeng”, “Xinshiji”, “Honghebao” bu beş çeşidin tozlaşmadan sonra meyve tutma oranlarına bakıldığında % 0 ile %0.6 arasında olduğundan, kendine uyuşmaz çeşitler olarak kaydetmişlerdir. % 17.6 “Katy” çeşidinin meyve tutma yüzdesiyle kendine uyuşur olduğu bildirmişlerdir [9].

S. Vilanova ve ark., (2006) Prunus'un kendiyile uyuşur mutasyonlardaki polen-S fonksiyonunun kaybı, son zamanlarda S-haplodine özgü F-box (SFB) genlerindeki delesyon veya insersiyonlarla olduğunu ilişkilendirmişlerdir. Bu çalışmada; Currot (SCSC) ve Canino (S2SC) olarak kendine uyuşur iki kayısı çeşidini çalışmışlardır. Yaptıkları dizi analizi, SC-RNaz'ın değişmemesine rağmen, SFBC geninde 358-bp'lik bir insersiyonun bulunduğunu bildirmişlerdir. Prunus SFB proteinlerine (yaklaşık% 62) sekans benzerliğine sahip önceden karakterize edilmemiş bir proteini şifreleyen yeni bir F-box gen sınıfını bu çalışmada tanımlamışlardır [44].

Pedryc ve ark., (2006), kökenleri farklı kayısı çeşitleriyle 2 primer kullanarak gerçekleştirdikleri S alel spesifik PCR uygulamaları sonucunda ; Amerika, Orta Asya ve Avrupa kökenli çeşitlerde keşfedilen yeni 3 S aleli (S17, S18, S19) ortaya çıkarmışlardır. Sonuç olarak Çin orijinli kayısı çeşitlerinde en fazla s alel varyasyonu görülmüştür. Araştırmacılar 7 aleli (S9, S10, S12, S13, S15, S17 ve S18) klonlamışlardır [64].

Chen ve ark., (2006), “Katy” X “Xinshiji”, “Katy” X “Hongfeng” ve “Katy” X “Taianshuixing” melez kombinasyonlarına ait sırasıyla 52, 21, 34'den oluşan melez bitkiler de kendileme ve izolasyon çalışmaları gerçekleştirerek uyuşmazlık mekanizmasının kalıtımını tespit etmişlerdir. Tozlaşmadan sonra meyve döneminde yapılan sayımlarına göre “Katy” çeşidinin kendine uyuşur, “Xinshiji”, “Hongfeng” ve “Taianshuixing” çeşitlerinin kendine uyuşmaz oldukları bildirilmiştir. “Katy” “Hongfeng” kombinasyonunun SC:SI oranının 9:12, “Katy” “Taianshuixing” kombinasyonunun 13:21, “Katy”“Xinshiji” kombinasyonunun 27:25, olduğu saptanmıştır. Aynı zamanda “Katy” X “Xinshiji”de melezlemesi sonucunda oluşan 21 melezinde S alel spesifik PCR uygulamaları gerçekleştirerek S alellerini belirlemişlerdir. “Katy” çeşidinde yaklaşık olarak 700 bp'da S8 aleli bulunmuştur, bu allelin olmaması durumunda Sc alelinin bulunduğu tespit edilmiştir. “Xinshiji”

çeşidinde 750 bp’da S9, 300 bp’da S10 alellerinin bulunduğu saptanmıştır. Sonuç olarak F1 bitkilerinde (ScS9, ScS10, S8S9, S8S10) oluşan 4 farklı S genotipinin bu bitkilerinde görülme oranının 10:6:4:7 olduğu belirlenerek Sc alelinin SI aleline dominantlığı ortaya çıkarmışlardır [65].

Halasz ve ark., (2007), 39 kayısı çeşidi ve melezi üzerinde yaptıkları bir çalışmada kendileme, polen tüpü büyüme testleri, S-RNaz’ın dizi analizleri, SFB alellerinin keşfi ve S alel spesifik PCR uygulamaları gerçekleştirmişlerdir. 24 çeşitte Sc (2800 bp), S2 (700 bp), S8 (2800 bp) ve S9 (500 bp) alellerini belirlemek için 2 primer çifti kullanmışlardır. S8 haplotipinde meydana gelen polen kısmi mutasyonu sonucunda Sc haplotipinin oluştuğunu belirlemişlerdir. Sc ve S8 alellerinin PCR ürünlerinin fragment büyüklüklerinin eşit ve ilk intronlarının dizilerinin aynı olduğu saptanmıştır. Bu nedenle kullanılan primerlerle iki alelin birbirinden ayırt edilmesinin çok zor olduğunu tespit ederek yeni kullandıkları primer çiftleriyle Sc haplotipini ortaya çıkardığını bildirmişlerdir [43].

Pedryc ve ark., (2008), Macaristan’da yaptığı çalışmalarda 12 yeni S allelini belirlemiştir. Araştırmacı kayıslarda kendiyile uyuşmanın orijini ve mekanizmasını anlamak için birçok araştırmacının çalıştığını da vurgulamıştır [66].

Halasz ve ark., (2008), Kendine uyuşur çeşit ile (“Cegledi arany” (ScS9)) kendine uyuşmaz (“Cegledi orias” (S8S9)) çeşidi kendileme ve çapraz tozlama işlemleri yaparak bu çeşitlerinin çaprazlanması sonucunda % 0 ve % 2.9 arasında meyve tutumu gözlenirken, resiprokal çaprazında % 40 meyve tutumu olduğu gözlenmiştir. Bunun sonucunda S8 alelinin polen fonksiyonundaki bir kayıptan ileri geldiği belirlenmiştir. Sc ve S8 alellerinin cDNA’ları klonlanıp ve dizilenerek kodlayıcı bölgelerini karşılaştırmışlardır. SFB8 (S haplotip spesifik F Box) alelinin *Prunus* cinsinde ve kayısıda doğal olarak meydana gelen Sc alelinin bilinen ilk progenitör aleli olduğu saptanmıştır. Filogenetik analizler Sc haplotipinin S8SI genotipli bir çeşitten evrimleştiği ve SI’nın tanımlanmamış bir uyuşmazlık aleli olduğu bildirilmiştir. Çalışmanın sonucu olarak, uyuşma alelinin (Sc) uyuşmazlık allelinden değişimler nedeniyle meydana geldiği bildirilmiştir [67].

Yılmaz ve ark., (2008), 96 yerli Türkiye kayısısında, kendiyile uyuşma (Sc) alelini tespit etmek için S alel spesifik PCR uygulamaları gerçekleştirmiştir. Araştırma sonucunda 96 genotipten 33 tanesinde (“07-K-11”, “07-K-09”, “07-K-01”, “Abuzer

Gülen”, “07-K-15”, “07-K-14”, “12-Kadiođlu”, “Seftaliođlu”, “Tokalođlu Yalova”, “Turfanda Eski Malatya”, “GÜ-13”, “Kayseri (PA)”, “Đmrahor”, “GÜ-8”, “92-58-01”, “Mektep”, “Ethembey”, “Turfanda İzmir”, “Aliođlu-49”, “Adilcevaz-1”, “Alyanak”, “Çölođlu”, “Tevfik Yıldırım”, “Karacabey”, “Yerli Đzmir”, “GÜ-50”, “Mehmet Yüksel 1860”, “Çekirge 52”, “Kayısı Eriđi”, “Hacıkız”, “92-58-02”, “Yeđen Eski Malatya”, “Çanakkale”) 353 bp’lık Sc alelini gösteren bant elde etmişlerdir [49].

Zhang ve ark. (2008), Çin’de yetiştirilen 16 kayısı çeşidinin S genotipleri *Rosaceae* S RNaz genlerinin korunmuş C2 ve C3 bölgelerini temel alan bir primer kombinasyonu kullanılarak S alel spesifik PCR yöntemiyle saptanmıştır. Araştırmacılar bu primer kombinasyonlarını kullanılarak 12 S RNaz aleli belirlemişlerdir. Buna göre genotiplerde 647 bp S9, 266 bp S10, 464 bp S11, 360 bp S12, 401 bp S13, 492 bp S14, 469 bp S15, 481 bp S16, 487 bp S17, 1337 bp S 18, 546 bp S19, 1934 bp S20 alellerinin varlığı tespit edilmiştir. Yapılan DNA dizileme işlemleri neticesinde elde edilen baz dizileri gen bankasında taranmış ve S11 ile S20 arasındaki 10 alelin yeni S alelleri olduğu tespit edilmiştir [68].

Wu ve ark., (2009) , (*Prunus armeniaca* L.), *Rosaceae* familyasındaki diğer meyve türlerinde olduğu gibi, en az iki bağlantılı gen (S-RNase geni ve polenle eksprese edilen SFB (veya SLF)) içeren tek bir lokus tarafından kontrol edilen gametofitik kendine uyumsuzluğu (GSI) göstermektedir. Yaptıkları bu çalışmada 14 yerli Çin kayısı çeşidinin S-genotiplerini belirlemek için, *Prunus* S-RNase ve SFB konsensüs dizilerinden tasarladıkları primerler kullanılarak PCR yapmışlardır. PCR ürünlerinin klonlanmasından ve sekanslanmasından sonra, 14 kayısı çeşidinin hepsinin S-genotipleri belirlemişler ve sekiz S-RNase aleli ve dokuz SFB aleli tanımlamışlardır. Sekiz yeni S-RNase aleli için çıkarılan amino asit dizisi *P. armeniaca*’da % 66.4 - 100 iken, SFB alellerinin benzerliği % 73.7 - 98.6 olduğunu rapor etmişlerdir [69].

Feng ve ark., (2009), “Katy” (Sc) ve “Xinshiji” (SI) ebeveynleri ve bunların altı melez bitkisi ile yapılan bir çalışmada S alel spesifik PCR uygulamaları gerçekleştirilerek melez bitkilerin uyumsuzluk durumları ve uyumsuzluk mekanizmasının kalıtımı incelenmiştir. Çalışmada *Rosaceae* familyasındaki S RNaz genlerinin C1 ve C5 korunmuş bölgelerine göre dizayn edilen bir çift primer kullanılması ile “Katy” çeşidinde 928 bp büyüklüğünde 1 (S8), “Xinshiji” çeşidinde 992 bp ve 583 bp büyüklüklerinde 2 (S9, S10) bant görülmüştür [70].

Marti ve ark., (2010), İspanyol yerel badem çeşitleri olan ve kendine uyuşur oldukları bilinen “Vivot” ve “Blanquerna” çeşitlerinde kendileme, izolasyon ve polen tüpü gelişim testleri gerçekleştirerek uyuşmazlık durumlarını incelemişlerdir. “Vivot” çeşidinin S23Sc genotipine sahip olduğu bilinmekte ve kendine uyuşur olması beklenmektedir. Ancak “Vivot” badem çeşidinde kendilemeden sonra polen tüpü büyümesinin stilusun ortalarında durduğu ve polen tüpünün stilus tabanına erişemediği, “Blanquerna” çeşidinde ise kendilemeden sonra polen tüpünün stilus tabanına eriştiği ve birçok çiçekte ovaryuma girdiği tespit edilmiştir. Yapılan izolasyon çalışmalarının da kendileme sonuçlarını doğruladığı rapor edilmiştir. “Blanquerna” çeşidinde yüksek meyve tutma oranı (% 20.5) bu çeşidin Sc aleli taşıdığını ve kendine uyuşur olduğunu gösterdiği, “Vivot” çeşidinde ise meyve tutma oranının yaklaşık % 0.8 olduğu ve bu çeşidin kendine uyuşmaz olduğu tespit edilmiştir. “Vivot” çeşidinin Sc aleli taşımaya rağmen uyuşmaz olması Sc alelinin aktif ve inaktif olmak üzere iki formu olduğunu ve bu çeşitte inaktif halde bulunduğunu ortaya çıkarmıştır. Sc alelinin inaktif hale geçmesine C2 ve C5 korunmuş bölgelerde meydana gelen mutasyonların neden olduğu tespit edilmiştir [71].

Halasz ve ark., (2010), Malatya bölgesinden elde ettikleri 55 yerli kayısı çeşidinde gerçekleştirdikleri S alel spesifik PCR uygulamalarında dört primer kombinasyonu kullanmışlardır. Çalışmada S alelleri bilinen altı Macar kayısı çeşidi kontrol grubu olarak yer almıştır. Yerli çeşitler alelleri bilinen kontrol çeşitleriyle karşılaştırıldığında 11 çeşitte 900 bp uzunluğunda S2 aleli, 7 çeşitte 310 bp uzunluğunda S3 aleli, 13 çeşitte 1300 bp uzunluğunda S6 aleli, 8 çeşitte 820 bp uzunluğunda S7 aleli, 5 çeşitte 1700 bp uzunluğunda S11 aleli, 9 çeşitte 1250 bp uzunluğunda S13 aleli, 9 çeşitte 1980 bp uzunluğunda S19 aleli bulunduğu belirlenmiştir. Çalışmada geç olgunlaşma özelliğine sahip olan “Levent” genotipinde S6S19 alellerinin bulunduğu ve bu kayısı genotipinin kendine uyuşmaz olduğu bildirilmiştir [72].

Xu ve ark., (2010), Çin’de yetişen 24 *Prunus mume* çeşidinde S alellerini belirlemek için yaptıkları bir çalışmada alel spesifik PCR ve DNA dizileme teknikleri kullanmışlardır. Çalışmada 340 bp ve 2200 bp arasında baz büyüklüğüne sahip olan ve 10 tanesi yeni olan 17 adet S RNaz aleli belirlenmiş ve S17, S18, S19, S20, S21, S22, S23, S24, S25 ve S26 alelleri yeni aleller olarak tespit edilerek gen bankasına

kaydedilmiştir. Çalışma sonucunda *Prunus mume* türünde S RNaz'ın yüksek oranda polimorfik olduğu rapor edilmiştir [73].

Halasz ve ark., (2010) bu durumu, bazı genotiplerin kendine verimlilik alleli Sc'yi taşımamasına rağmen, kendine verimli genotipler gibi davranması halinde, bu genotiplerde fonksiyonsuz S-lokuslarına sebep olan bir mutasyon olabileceği şeklinde açıklamışlardır. Bassi ve ark. (2006) ise meydana gelen bu olayın çiçekte pistil içerisindeki ribonükleaz enzimi konsantrasyonuna bağlı olduğunu belirtmişlerdir. Araştırmacılar beslenme ve sıcaklık gibi çevre faktörlerine bağlı olarak ribonükleaz sentezinin bloke edilerek, aktif haldeki uyuşmazlık geninin inaktif hale dönüşüp, tohum taslaklarının döllenmesine müsaade edildiğini ve böylece uyuşmazlık durumunun geçici olarak ortadan kalktığını bildirmişlerdir. Ayrıca Halasz ve ark., (2010) kayıslarda çeşitler arası uyuşmazlık kombinasyonları olduğunu bildirmişler ve bu kombinasyon sayılarının zamanla artabileceğini de ifade etmişlerdir [9,65,72,74].

Wu ve ark. (2011), (“Harcot” (S1S4), “Katy” (S8Sx), “Jiguang” (S8S9)) 3 kayısı çeşidi ve bu çeşitlerden çaprazlamalarla elde edilmiş olan 5 kombinasyonda (“Katy” X “Harcot”, “Harcot” X “Katy”, “Katy” X “Jiguang”, “Jiguang” X “Katy” ve “Katy” X “Katy”) uyuşmazlık durumunu belirlemek amacıyla bir çalışma yapılmıştır. “Katy” çeşidinin arazi çalışmaları sonucunda kendine uyuşur olarak bilinen bir çeşit olduğu ve Çin’de ıslah programlarında uyuşmazlık düzeyinin azaltılması amacıyla kullanıldığı bildirilmiştir. Araştırmacılar “Katy” çeşidinin kredilenmesi neticesinde meyve tutma oranını % 7.41 olarak kaydetmişler ve daha önceki çalışmalarda “Katy” çeşidinin bir aleli S8 olarak belirlenirken ikinci aleli tespit edilememiştir. Bu çalışmada “Katy” çeşidinin ikinci aleli S1 olarak belirlenmiştir. Bir çift uyuşmazlık aleli taşımamasına rağmen “Katy” çeşidinin kendine uyuşur bir çeşit olması çeşitteki uyuşmazlık mekanizmasının duraksadığı ve polende S aktivitesinde bir kayıp meydana geldiği tespit edilmiştir. Kayısıda S lokusun dışında bazı modifiyeli faktörlerin gametofitik uyuşmazlık mekanizmasını etkilediği belirlenmiştir [75].

Gu ve ark., (2012), çalışmasında S24-RNase ve SFB24 allelleri *Prunus armeniaca* cv. Chuanzhong (Çin kayısı) elde edilen amino asit dizilerinin karşılaştırılarak, *P. armeniaca* S24-haplotipinin farklı SFB allellere sahip olduğunu, ancak *P. armeniaca* S4-haplotip ile tek bir S-RNase alelini paylaştığını tespit etmişler. *P. armeniaca* S24-RNase haplotipinin sırasıyla S1-RNase *P. tenella* (cüce badem) ve S1-RNase *P. mira*

(pürüzsüz çukur şeftali) ile tek ve üç farklı allelleri olduğu belirlenerek SFB24 ve SFB4'ün işlevselliği polen tüpü büyümesi ve *P. tenella* ve *P.mira*'nın kontrollü arazi testlerinde gösterilmiş ve bu İki melezlemenin genetik analizi, yavrularında 1:1 iki S-genotip sınıflarına ayrıldığını, yarı uyşurluk için beklenen oranların doğru olduğunu göstermişlerdir. Sonuç olarak, S24-haplotipinin allelik fonksiyonunun, kendine uyşur olmaması durumunda S4-haplotipininki ile aynı olduğunu göstermişler. Böylece, bu iki *Prunus S* haplotipi aslında aynı S-haplotipinin iki nötr varyantları olduğunu ortaya çıkarmışlardır [76].

Ossama ve ark., (2013), Fas'taki farklı ekosistemlerinden yerel kayısıların (*Prunus armeniaca* L.) S-lokusundaki genetik çeşitlilik ve S-allellerin diğer bölgelerle görülme sıklığı karşılaştırılmış, sonucunda 55 kayısı çeşitlerinin s genotiplerine bakılarak 37 tanesinin kendine uyşur olduğu belirlenmişler burada en sık görülen SC allei olduğu daha sonra S13, S7, S11, S2, S20, S8, ve S6 olarak tespit etmişler. Bu allellerden S8, S11, S13 ve S20, daha önce sadece İran Kafkasya' da tespit edilmiş ve Avrupa'da bulunmamıştır [77].

Pei-Pei ve ark., (2013), Kendisiyle tozlaşması sağlanarak "Zaohong" un SC allellini belirlemişler. Çapraz tozlaşma denemeleri ile , "Zaohong" un SC'sinin polen fonksiyonunun kaybından kaynaklandığını, dolayısıyla "Zaohong" un S-genotipinin S2S15 olduğunu tespit etmişler. Ayrıca S-lokus genlerinin RT-PCR'a dayanan ekspresyon analizi, 'Xiyeqing' ile karşılaştırıldığında transkript seviyesinde herhangi bir farklılık ortaya koymamış aynı S haplotipleri ile kendine uyumlu bir çeşit olduğu belirlenmiş ve S-lokus genleri hariç, daha önceden tanımlanmamış bir proteini kodlayan yeni bir F-box gen tipi, yüksek dizi benzerliğine sahip (% 61.03-64.65), *Prunus SFB* genlerine tanımlanmışlardır [78].

Murathan ve ark., (2016), çalışmasında, Fransız yerel çeşitlerinden biri olan Paviot'tan türetilmiş 77 tane F1'lerin S-alelleri ve Türkiye kayısı çeşitlerinden biri olan Kabaası, S-RNaz intron bölgeleri polimeraz zincir reaksiyonu ile tanımlanmış ve Paviot dişi ebeveyninin ScS2 genotipine sahip olduğunu ve Kabaası erkek ebeveyni S1S9 allellere sahip olduğunu ortaya çıkarmışlardır. F1'lerin kırk üçü, SCS9 veya ScS1 allelleri göstererek kendileri uyşur allelleri taşıdıklarını tespit etmişler ve geriye kalan otuz dördü, S2S1 veya S2S9 allelleri göstererek kendileri uyşmaz olduklarını,

allel oranlarını ise SCS1% 31.2, S1S2% 27.3, ScS9% 24.7 ve S2S9% 16.8 olarak belirlemişlerdir [79].

Gürcan ve ark., (2016) ,da yaptığı çalışmasında 90 tane kayısı çeşidinin 85 tanesinde Avrupa kayışlarında da tanımlı 9 adet S alleli belirlenmiş, Tokalog˘lu’’ ve ‘‘Tokalog˘lu Erzincan’’ çeşitlerinde ise daha önce tanımlanmamı 1200 bp büyüklüğünde agaroz jelde bir görüntü elde etmişlerdir. Yapılan bu çalışmada kendine uyumsuzluk S8 aleli ve S8 allelin kısmi mutanıtı olan SC allelini belirlemek için kullanılan AprSC8 primer çiftini kullanarak 42 kayısı çeşidinde 550 bp, 12 tanesinde 400 bp ve 3 tanesin de ise 600 bp büyüklüğünde bant görüntüsü elde etmişlerdir [80].

Sara ve ark., (2018), Bu çalışmada, farklı üreme programlarından ve ülkelerden gelen geleneksel ve yeni geliştirilen çeşitler dahil olmak üzere 92 kayısı çeşidinin bir grubunun tozlaşma durumlarını ve çeşitler arasındaki uyumsuzluk ilişkileri S-allellerinin PCR analizi ile belirlenmiş. Sonuç olarak 68 kayısı çeşidinin kendine (in) uyuşurluğu ve 74 çeşitlik S-RNaz genotipi ilk kez burada bildirilmiş ve Çeşitlerin yaklaşık yarısı (47) kendine uyuşur ve diğeri 45 kendisiyle uyuşmaz olarak belirlemişlerdir [81].

2. BÖLÜM

YÖNTEM VE MATERYAL

2.1. Bitkisel Materyal

Tez çalışması 2016-2019 yılları arasında Erciyes Üniversitesi Genom ve Kök Hücre Merkezi Bitki Biyoteknolojisi laboratuvarında yürütülmüştür. Bitkisel materyal olarak Erciyes Üniversitesi Kayısı Koleksiyon Bahçesinde bulunan 241 çeşit ve tip çalışılmıştır. Bitkilerden alınan taze yaprak örnekleri azot tanklarına konularak Erciyes Üniversitesi Genom ve Kök Hücre Merkezi Bitki Biyoteknolojisi Laboratuvarı'na getirilmiştir.

2.1.1. Çalışmada Tüm Genom Analizi Yapılan Kayısı Çeşitleri Hakkında Bilgiler

Hacıhaliloğlu, kayısı kendine uyuşmaz olup Türkiye'nin en önemli kurutmalık çeşididir. Ülkemizde iç Anadolu bölgesinin Malatya şehrinde üretimi yapılan kayısı ağaçlarının yaklaşık % 73'nü oluşturmaktadır. Ağaç tipi uzun boylu, dik, dalları yayvan, çok kuvvetli ve hızlı büyür. Meyve verimi orta düzeyde, dona, yaz kurağına ve hastalıklara (monilya ve çil) karşı hassastır. Meyveleri 25 - 35 g ağırlıkta ve orta iriliktir. Meyvesi az sulu, çok tatlı, aromalı, pH 4.5 - 4.8, Suda çözümlü kuru madde miktarı (SÇKM) % 24 - 28 ve toplam asitlik % 0.20 - 0.40'dır.

Ordubatbenzeri, çeşidi kendine uyuşmazdır. Tam çiçeklenme 31 Mart-6 Nisan tarihleri arasında, meyve olgunlaşma ise 20 Haziran-25 Temmuz tarihleri arasındadır. Kendileme sonucunda meyve tutumu % 05-35.4 oranında, serbest tozlaşmada ise % 19.2-34.2 oranındadır. Meyvelerinin ortalama ağırlıkları 24.9-62.1 g arasında değişmektedir ayrıca bu çeşidin suda çözümlü kuru madde miktarı (S.Ç.K.M.) % 135-18.3, ve asit miktarları % 0.32-122, değerleri arasındadır.

Stark Early Orange (SEO) kendine uyuşur bir Amerikan çeşididir. Ağaç tipi küçük, geniş, dik yapraklı bir meyve ağacıdır (5-7 m, 4-6 m genişliğinde). Çiçeklenme dönemi

Mart-Nisan. Meyveleri yuvarlak, orta büyüklükte (5-6 cm), yumuşak tüylü, kabuk turuncu, kısmen kırmızı, turuncu, sulu, tatlıdır.

Zard, adı verilen Orta Asya çeşidi Farsça'da "sarı" anlamına gelmektedir, şu anda koleksiyonumuzdaki geç çiçek açan ve geç olgunlaşan kayısılarından biridir. Zard'ın dona karşı daha toleranslı olduğu ve diğer kayısılarına göre daha yüksek bir ısı gereksinimine ihtiyaç duyduğu bilinmektedir. Meyveleri küçük, 3.5 ila 4.0 cm ve yumuşak olgunlaştığında yeşil-sarı renktedir. Etli kısımları yumuşak, sulu ve % 22-24 arasında katı madde oranı içerir ve bu kayısı çeşidi kendine uyuşmazdır.

Çalışmada seçilen kayısı çeşitlerinde;

- i. 241 kayısı çeşit ve tipinde kendine uyuşmazlık durumlarının belirlenmesi ve 4 çeşitte (Hacıhaliloğlu, SEO, Ordubatbenzeri, Zard) tüm genomun dizilenmesini sağlamak için CTAP yöntemi kullanılarak DNA izolasyon işlemi gerçekleştirilmiştir [96,97].
- ii. 214 O 400' nolu proje kapsamında elde edilmiş olan Hacıhaliloğlu kayısı verileri çalışmada kullanılmıştır.
- iii. Belirtilen çeşitlerin ham genom dizileri ile Hacıhaliloğlu'nun S-RNaz ve SFB genleri kıyaslanmış ve bu çeşitlerin S-RNaz ve SFB genleri belirlenmiştir.
- iv. Genbank 'ta kayıtlı *Prunus armeniaca* S-RNaz ve SFB genleri ile nükleotid analizi ve filogenetik sınıflandırma yapılmıştır.

2.2. Örneklerden CTAB yöntemi ile DNA izolasyonu;

- a) Bu CTAB yönteminde; 0.5 mg genç yaprak örneği, içerisinde sıvı azot bulunan havanda iyice ezilerek 1.5 mililitrelik eppendorf tüpüne alınmıştır.
- b) Eppendorf tüpünün içerisine 0.7 ml CTAB tampon çözeltisi (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, β -mercaptoethanol, % 0.1 Na₂S₂O₅) ilave edilerek sıcaklığı 65C'de olan su banyosuna konulmuştur.
- c) Su banyosundan çıkarılan örnekler oda sıcaklığında 5-10 dk bekletilmiştir.
- d) Her bir eppendorf tüp içerisine, ekstraksiyon tamponu (CTAB) ile eşit oranda, 0.7 ml kloroform:isoamyl alkol (24 : 1) ilave edilmiştir.
- e) Tüpler buzun içine alınarak oda koşullarında 15 dk. tutulduktan sonra 14.000 rpm'de 15 dk. süre ile santrifüj edilmiştir.

- f) Üstteki faz yeni bir eppendorf tübe aktarılmış ve içerisine 1 ml soğuk (-20C'de bekletilmiş) isopropanol ilave edilerek tüp yavaşça çevrilip DNA'nın çökmesi sağlanmıştır.
- g) Daha iyi bir çökme sağlamak için örnekler 2 saat -70 0C'de veya 1 gece -20 0C'de bekletilmiştir.
- h) Daha sonra tüpler 10.000 rpm'de 10 dk süre ile santrifüj edilerek tüp içerisindeki isopropanol boşaltılmıştır.
- i) Tüpün içerisine, içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan, 0.5 ml %76'lık etanol yıkama tampon çözeltisi ilave edilir ve 1-2 saat +4 °C'de bekletilir.
- j) Yıkanan DNA 1-2 saat oda sıcaklığında bekletilerek alkol uzaklaştırılır ve saf suda çözdürülmüştür.

2.3. Dna Konsantrasyonunun Belirlenmesi

İzole edilen DNA'nın miktarı, konsantrasyonu belli jel-elektroforez yöntemiyle UV altında karşılaştırılarak belirlenmiştir. DNA konsantrasyonu için toplam hacmi 20 µl olacak şekilde 2 µl stok DNA, 4 µl jel yükleme boyası ve 14 µl saf su konularak örnekler hazırlanmıştır. Hazırlanan örnekler % 0.8 konsantrasyondaki agaroz jel üzerindeki kurucuklara yerleştirilmiş ve 1 xTBE tampon çözeltisi (89 mM Tris-Cl, 89 mM borik asit, 20 mM EDTA) içerisinde elektroforeze tabi tutularak 90 voltta 60 dakika koşurma işlemi gerçekleştirilmiştir.

2.4. Qubit Analizi

DNA'lar izole edildikten sonra miktarının ölçümü için nanodrop (Thermo, Multiscan Go) kullanılmış ve DNA kalitesi A260/A280 oranlarına göre belirlenmiştir. Daha sonra DNA saflığı ölçümü Qubit cihazında Qubit protokolü uygulamasıyla belirlenmiştir. Protokol şu şekildedir; ilk olarak 199 µl Qubit buffer ve 1 µl Qubit reagent eklenerek mix hazırlanıp, Qubit ölçüm tüplerine 198 µl paylaşılır ve 2 µl DNA eklenerek 2 dk oda sıcaklığında ve karanlıkta bekletilmiştir. Daha sonra örnekler cihazda okutulup değerler ng/µl cinsinden cihaz tarafından hesaplanarak DNA saflık sonuçları elde edilmiştir.

2.5. S Allel Spesifik PCR Uygulamaları

Stark Early Orange, Zard, Ordubatbenzeri ve Hacıhaliloğlu kayısı genotiplerde S alellerinin belirlenmesi amacıyla Sonneveld ve ark. (2003), Romero ve ark. (2004), Sutherland ve ark. (2004) ve Halasz ve ark. (2007,2010)' da geliştirdiği primer çiftleri kullanılarak PCR uygulamaları gerçekleştirilmiştir. DNA örneklerinde kullanılan primerler Tablo 2.1'de verilmiştir [98,99].

Tablo 2.1. S-alellerinin belirlenmesinde kullanılan primerler

e EM-PC2consFD	TCACMATYCATGGCCTATGG
EM-PC3consRD	AWSTRCCRTGYTTGTTCCATTC
s SRc-F	CTC GCT TTC CTTGTT CTT GC3
SRc-R	GGC CAT TGT TGC ACA AAT TG
PaConsI-F	C/A)CT TGT TCT TG(C/G) TTT (T/C)GC TTT CTT C
AprSC8R	CTAATAACTAAATGCTAAAGAGCA
AprFBC8-F	CATGGAAAAGCTGACTTATGG
AprFBC8-R	GCCTCTAATGTCATCTACTCTTAG

Reaksiyon karışımının nihai hacmi 25µL olup, 75 mM Tris-HCl (pH=8.8), 20 mM (NH₄)₂SO₄, 2 mM MgCl₂, % 0.1 Tween 20, 100 mM her bir dNTP's, 0.2 mM her bir primer, 1.0 U *Taq* DNA polimeraz ve 30 ng DNA 1X PCR ya sahip bir tampon içermektedir. PCR reaksiyon koşulları şu şekildedir: Başlangıç periyodu 94 °C 2 dakika ve 35 devir 94 °C 10 saniye, 58 °C 2 dakika ve 68 °C 2 dakika, her devirde 10 saniyelik artış.

2.6. Örneklerin Fragman Analizi

241 kayısı çeşit ve tipin S-RNaz geninde birinci intronunda bulunan bazı büyüklüklerinin belirlenmesi için SRc-F/ SRc-R primerleri kullanılarak PCR yapılmıştır. PCR örnekleri ABI 3500 Genetik analiz cihazına yüklenerek belirlenmiştir.

Örneklerin ABI 3500 Genetik analiz cihazına yükleme aşamaları;

- 1) SRc-R (5'-GGC CATTGT TGC ACA AAT TG-3') e SRc-F (5'-CTC GCT TTC CTT GTT CTT GC-3') primerlerini kullanarak S allelerini belirlemek için

SRc-F primerinin 5' ucuna 19 bazlık (CACGACGTTGTAAAACGAC) M13 primeri eklenmiştir.

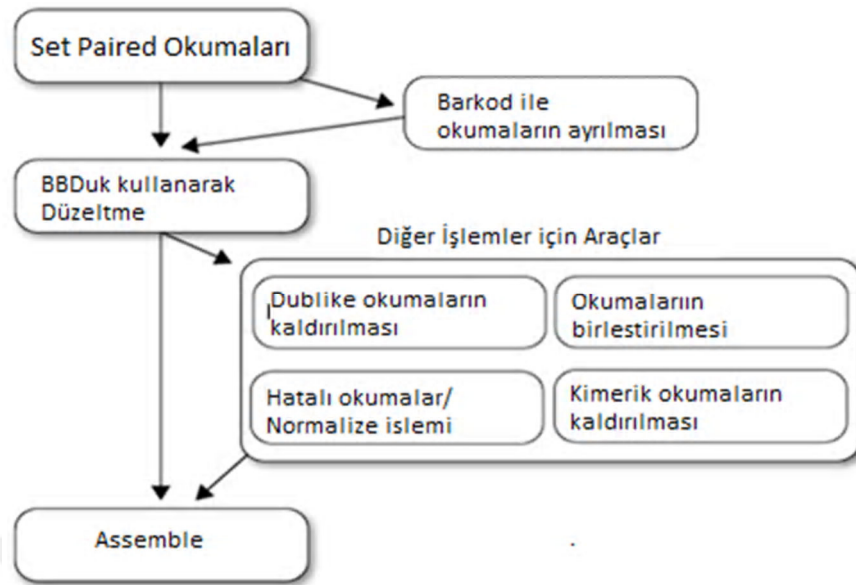
- 2) M13 eklenmiş olan primerler ve VIC-NED-PET-FAM boya primerleri ile yukarıda belirtilen döngüde PCR uygulaması yapılmıştır.
- 3) PCR ürününden 1 µL alınıp ddH₂O (steril safsu) 1/50 oranında seyreltilmiştir.
- 4) Her bir örnek için HiDi bufferdan 8.8 µL, LIZ (standart) 0.2 µL eklenip 1/50 oranında seyreltilmiş PCR ürününden 1 µL yükleme tabaklarına konulduktan sonra 3-5 defa pipetaj yapılmıştır.
- 5) Hazırlanan tabaktaki hava kabarcıklarını almak için 1000 rpm de 10 saniye santrifüj yapılmıştır.
- 6) DNA çift sarmalının ayrılması için 95 C 'de 5 dk. PCR cihazında tutularak ayrışması sağlanmıştır.
- 7) PCR cihazından çıktığı andan itibaren direk 3-5 dk buz içerisinde bekleterek DNA çift sarmalının birleşmesi önlenmiştir. Daha sonra sonuçlar Genemapper programına yükleyip baz uzunlukları belirlenmiştir.

2.7. Yüksek kapasiteli DNA dizileme (High-Throughput Sequencing - HTS)

Bu tez çalışmasında öncelikle 214 O 400 nolu projede Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN'ın yürütücülüğü ile gerçekleştirilen ve projeden elde edilen Hacıhaliloğlu çeşidinin tüm genom okumaları kullanılmıştır. Hacıhaliloğlu çeşidinin genomu ile Genbank'ta kayıtlı S-Rnaz (DQ422947) ve SFB (DQ422946) genleri karşılaştırmasıyla Hacıhaliloğlundu bu genlerin dizileri elde edilmiştir. Çalışmada Ordubatbenzeri, SEO ve Zard çeşitlerinin okumaları elde edilmiştir bu okumlarda Hacıhaliloğlundu S-Rnaz ve SFB genleri ile eşleştirilerek her dört çeşitte gen dizileri elde edilmiştir.

2.7.1 HTS Verilerinin Geneious Programına Aktarılması

NGS dizileme sonucunda oluşan veriler Illumina okumalarını (fastq.) formatında ileri (forward) ve geri (reverse) olarak iki farklı şekilde elde edilmiştir. Genellikle standart Illumina adaptörleri, işlemi gerçekleştirenler tarafında kesilmiş olmaktadır. Çalışmada ham verilerin birleştirilmesi, temizlemesi ve filtrelemesi işlemler Şekil 2.1'de gösterilen basamaklar takip edilerek gerçekleştirilmiştir.



Şekil 2.1. Verileri birleştirme, filtreleme ve temizleme işlemi basamakları

2.7.2.HTS Verilerinin Geneious Programında Birleştirilmesi İşlemi

Geneious 10 programına verilerin aktarılması işleminden sonra bu verilerin birleştirilmesi basamağına geçilmiştir. Verilerin birleştirilmesi için 'Sequence → Set paired reads' basamağı seçilerek standart belirlenen algoritmalar ile yapılmıştır.

2.7.3.HTS Verilerinin Geneious Programında Filtrenmesi ve Temizlenmesi

Genomun birleştirilmesinden sonra dizi uçlarındaki hatalı, düşük kaliteli okumalar düzgün bir genom dizilemesini önlemektedir. Bunun için okumaların düzeltilmesi önemli olmaktadır. Geneious 10 programında BBDuk düzeltme aracı bulunmaktadır. BBDuk aracında bir "Q" değeri bulunmakta ve bu Phred puanı olarak bilinmektedir (değiştirilmiş Mott algoritması). Illumina okumalar için minimum Q değerinin 20'ye ayarlanmasını önermektedir. Geneious 10 programında Annotate & Predict → Trim menüsü kullanılarak çalışmadaki ham veriler analiz edilmiştir.

2.7.4.Yeni S-RNaz, SFB Genlerinin Keşfedilmesi ve Filogenetik Sınıflandırılma

Illumina ile dizilenmiş olan kayısı genomları, Geneious programı kullanılarak filtrelenip temizlendikten sonra Geneious 10 programı kullanılarak, Genbank'tan indirdiğimiz S-Rnaz (DQ422947) ve SFB (DQ422946) genleri ile Hacıhaliloğlu'nun genomu eşleştirilerek referans dizileri elde edilmiştir. Ardından diğer üç çeşitde S-Rnaz ve SFB genleri belirlenerek Bioedit programında eşleştirilmesiyle primer bölgeleri tespit edilmiştir. GenBank'ta kayıtlı *Prunus armeniaca* S genleri ve elde ettiğimiz S-RNase ve

SFB genleri ile Mega 6 programında Neighbor-joining (NJ) seçilerek filogenetik sınıflandırma elde edilmiştir.



3. BÖLÜM

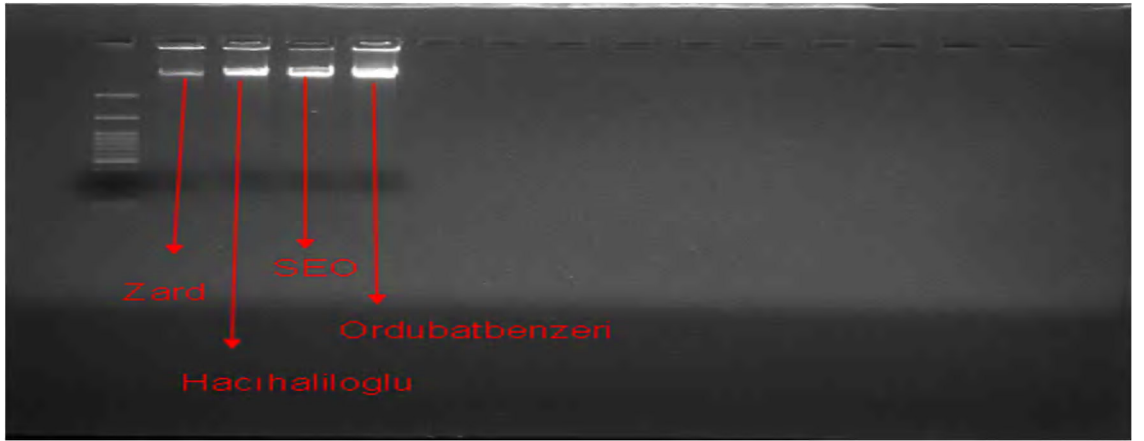
BULGULAR

3.1.Bitkisel Materyal

Bu tez çalışmasında Erciyes üniversitesi Ulusal Kayısı Genetik Kaynakları Bahçesinden toplanan 241 çeşit ve tipin kendine uyumsuzluk durumları moleküler markörler kullanılarak belirlenmiştir.

3.2.DNA Kalitesi ve Saflığı Belirlenmesi

Çalışmada kullanılan örneklerden yüksek kalitede DNA dizileri elde etmek için daha önceden bahsedildiği gibi CTAB yöntemi ile DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Elde edilen DNA'nın konsantrasyonu, kalitesi ve saflığı belirlenmiştir. DNA'ların jel ve konsantrasyon sonuçları gösterilmiştir.



Şekil.3.1. Dört kayısı örneğin DNA jel görüntüsü

DNA konsantrasyonu ve kalitesi spektrofotometrik ile ng/ μ l olarak ölçülerek (protein molekülleri, polisakkaritler ve fenoller gibi farklı kontaminasyonlar) DNA'nın saflığı Şekil 3.2'de gösterilmiştir.

Ready				Wiping: On(Total 90)			Pathlength: 0.2mm		
Sample Name	Date Time	Check	Judge	Nucleic Acid Conc(ng/ μ L)	OD260/280	OD260/230	OD260	OD280	OD230
Ordubatbenzer	17.03.12 15:16:05	<input type="checkbox"/>		3160,10	2,02	1,64	64,263	32,331	39,660
S.E.O	17.03.12 15:15:12	<input type="checkbox"/>		1672,11	1,97	1,52	34,210	17,737	22,791
HacıHaliloglu	17.03.12 15:14:25	<input type="checkbox"/>		3230,70	1,96	1,34	73,050	41,423	56,675
zard	17.03.12 15:13:37	<input type="checkbox"/>		2019,63	1,96	1,43	43,250	23,515	31,057

Şekil 3.2. Dört kayısı DNA'nın spektrofotometrik ölçüm sonucu OD260/280 değeri 1.8/2.00, OD260/230 değeri 1.3/1.6 arasında kaliteli DNA elde edilmiştir.

Geriye kalan 237 çeşit kayısıdan aynı kalitede DNA miktarları elde edilerek daha önceki çalışmalarda tanımlanan S allelerine göre sonuçlar elde edilmiştir. *S-RNase* geninin birinci ve ikinci intron bölgesindeki SRC- F / SRC-R, EM-PC2consFD/ EM-PC3consRD primerlerini kullanarak belirlenen S allellerin uzunlukları verilmiştir [62,60].

Tablo 3.1. *S-RNase* geninin birinci ve ikinci intron bölgesindeki SRC- F / SRC-R, EM-PC2consFD/ EM-PC3consRD primerlerinin yaklaşık uzunlukları

EM-PC2consFD/ EM-PC3consRD		SRC-R / SRC-F	
S ₃	~310	S ₃	~268
S ₁₂	~370	S ₁₂	~262
S ₉ veya S ₂₀	~500	S ₉	~204
S ₇	~820	S ₂₀	~222
S ₂	~900	S ₇	~402
S ₁₃	~1250	S ₂	~332
S ₆	~1300	S ₁₃	~378
S ₁₁	~1700	S ₆	~424
S ₁₉	~1980	S ₁₁	~304
S ₈ veya S _c	~2800	S ₁₉	~334
S _x	~1270	S ₈ veya S _c	~353
		S _x	~236

14	4203	268/304	310/1700	-	150/500	S3/S11
15	Gü-52	200/424	500/1300	-	150/500	S9/S6
16	Zard	332/332	-	-	150/150	S2/-
17	Marküleşti	378/378	-	550/-	500/500	S13/-
18	Aurora	402/-	820/-	600/-	150/500	S7/-
19	K3812	268/354	310/-	550/-	150/150	S3/SC
20	1342	268/424	310/1980	-	150/500	S3/SX1
21	69k	354/378	1250/-	550/-	150/150	SC/S13
22	14	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
23	Y6	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
24	Kuru Kabuk	200/402	500/820	-	150/500	S7/S9
25	Teyfik Yıldırım	268/354	310/-	550/-	150/150	S3/SC
26	Gül-50	200/354	500/-	550/-	150/150	S9/SC
27	İribitingen	200/378	500/1250	-	-	S9/S13
28	Turfanda	354/402	820/-	550/-	150/150	SC/S7
29	1292	354/354	-	550/-	150/150	SC/S8
30	62-K	328/354	900-	550/-	150/150	S2/S8
31	Fracasso	354/402	-	550/-	500/500	SC/S7
32	Çanakkale	354/354	-	550/-	500/500	SC/-
33	67-K	354/378	1250/-	550/-	500/500	SC/S13
34	Akçadag Güneş	268/354	280/-	550/-	150/150	S3/S8
35	Ziraat Okulu	328/354	900/-	550/-	150/150	S2/S8
36	Casno Dren	268/354	280/-	550-	150/150	S3/S8
37	X1 Zerdali	268/268	310/-	-	150/500	S3/-
38	Hungry Best	268/354	280-	550/-	150/500	S3/SC
39	Çöloğlu	200/354	500/-	550/-	150/150	S9/S8
40	Paşamişmiş	200/222	500/-	-	150/500	S9/S22

41	64-K	354/378	-/1250	550/-	150/500	SC/S13
42	4202	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
43	Eb	304/378	1700/1250	-	150/500	S11/S13
44	3803	268/424	280/-	-	150/500	S3/S6
45	Sefer Çoban	424/-	-/1250	-	150/500	S6/S13
46	92.23.01	354/354	1980/-	550/-	500/500	SC/S19
47	Erivan	354/354	1980/-	550/-	150/150	S8/S19
48	Seo	354/-	-	550/-	150/500	SC/-
49	1345	354/354	-	550/-	500/500	SC/-
50	11	-	820/900	600/-	150/500	S7/S2
51	63-K	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
52	Royal	354/354	2800/-	550/-	150/150	S8/SC
53	Paviot	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
54	Sogancı	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
55	Gü-13	200/354	500/-	550/-	150/150	S9/S8
56	Çekirge 52	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
57	Hasanbey	-	900/-	-	500/500	S2/-
58	K-3811	-	1700/900	450/-	500/500	S11/S2
59	Kayısı Eriği	304/354	1700/-	450/-	500/500	S11/SC
60	Gü-100	260/-	370/1300	-	500/500	S12/S6
61	692-K	354/378	1250/-	550/-	500/500	SC/S13
62	Palumella	354/402	-	550/-	500/500	SC/S7
63	Kayısı Eriği 2	268/354	280/-	550/-	150/150	S3/S8
64	6	354/402	820/-	550/-	500/500	SC/S7
65	615	260/-	370/1300	-	150/500	S12/S6
66	1294	402/-	820/-	-	150/500	S7/-
67	Wilson D	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
68	Bebeco	354/402	820/-	550-	-	SC/S7

69	10	402/-	820/1980	600/-	150/500	S7/S19
70	Mektep	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
71	66-K	354/402	820/-	550/-	500/500	SC/S7
72	Şeftalicioglu	200/354	500/-	550/-	150/150	S9/S8
73	2244	260/-	370/-	-	150/500	S12/-
74	2619	-	900/-	-	150/500	S2/-
75	7	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
76	2254	-	900/-	-	150/500	S2/-
77	3808	354/-	2800/-	550/-	150/500	SC/S8
78	Proyma	402/402	820/1980	-	150/500	S7/S19
79	1032	354/378	-/1250	550/-	500/500	SC/S13
80	2240-şekerpare	378/-	-/1980	-	150/500	S13/S19
81	93,22,02	260/260	370/1980	-	150/500	S12/S19
82	12	402/402	820/1700	-	150/500	S7/S11
83	Ninfa	354/402	-/820	550/-	500/500	SC/S7
84	Levent	424/424	1300/1700	-	500/500	S6/S11
85	Kırmızı	260/--	370/-	-	150/500	S12/-
86	5	260/-	370/-	-	-	S12/-
87	6/-1	200/-	500	-	500/500	S9/-
88	3	354/402	-/820	550/-	150/150	S8/S7
89	2241	200/-	500/-	400/-	150/150	S9/-
90	Cafona	354/402	-	550/-	500/500	SC/S7
91	Rakowsky	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
92	1343 İtalya	354/-	2800/-	550/-	500/500	SC/-
93	K5104	220/260	-/370	-	150/500	S20/S12
94	1298	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
95	Sakit 4	424/-	1300/1980	-	150/500	S6/S19
96	22--3	304/354	1700/-	550/-	150/150	S11/-

97	Gü-2	378/402	1250/820	550/-	150/150	S13/S7
98	K691	200/260	500/370	550/-	500/500	S9/S12
99	2250	424/424	1300/1300	-	150/150	S6/-
100	5103	268/424	280/1980	550/-	-	S3/SX1
101	Canino	-	900/-	-	500/500	S2/-
102	1296	402/424	820/1980	-	500/500	S7/SX1
103	61k	354/424	1980/-	-	150/150	S8/SX1
104	K3813	354/354	-	-	500/500	SC/-
105	SınırdakiKayıs 1	236/378	1250/-	-	500/500	SX2/S1 3
106	X3-Zerdali	200/220	500/-	-	500/500	S9/S20
107	X2-Zerdali	-	370/-	-	500/500	S12/-
108	68k	262/304	370/-	-	500/500	S12/S11
109	2	-	820/1980	600/-	500/500	S7/S19
110	17	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
111	1860	354/354	-	550/-	500/500	SC/-
112	Y-1	-	820/900	-	500/500	S7/S2
113	K5002	-	900/-	550/-	150/150	S2/-
114	11/1-2p	-	820/900	-	500/500	S7/S2
115	Zerdali	-	900/-	550/-	500/500	S2/-
116	K3812	268/354	280/-	550/-	150/150	S3/S8
117	Güz Eriği	424/424	1300/1980	-	500/500	S6/SX1
118	Yerli İzmir	354/402	820/-	550/-	500/500	SC/S7
119	Gü-8	260/378	370/1250	-	150/150	S12/S13
120	Adilcevaz-3	222/354	500/-	550/-	500/500	S20/SC
121	A Erik	260/378	820/1250	-	500/500	SX2/S1 3
122	TokalioğluYal ova	328/354	900/-	550/-	500/500	S2/SC

123	Alkaya	200/200	500/-	-	150/150	S9/-
124	22--6	268/378	280/1250	-	500/500	S3/S13
125	K4204	260/378	370/1250	-	500/500	S12/S13
126	Mahmut Ölmez	200/378	500/1250	-	500/500	S9/S13
127	K5105	304/328	1700/900	-	500/500	S11/S2
128	693k	328/354	900/-	550/-	500/500	S2/SC
129	K0613	222/328	-/900	-	500/500	S20/S2
130	Y-11	328/424	900/-	-	500/500	S2/S6
131	1299	268/424	280/-	-	150/150	S3/S6
132	Luizet	354/354	-	-	150/500	SC/S8
133	Y-12	304/-	1700/-	-	500/500	S11/-
134	Alioglu-49	262/354	370/-	550/-	500/500	S12/-
135	8	202/262	500/370	-	150/500	S9/S12
136	1343	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
137	İsmiailoglu	-/304	370/1700	-	150/500	S12/S11
138	143813	354/354	-	550/-	500/500	SC/-
139	5001	262/424	370/1980	-	500/500	S12/SX 1
140	1295	236/328	1250/900	550/-	500/500	SX2/S2
141	Abuzer Gülen	-/402	1250/820	-	500/500	S13/S7
142	1342	268/424	280/1980	-	150/500	S3/SX1
143	TufandaEskiM alatya	354/402	-/820	550/-	150/500	SC/S7
144	Kabaşı	200/378	500/1250	-	150/500	S9/S13
145	İmprahor	268/424	280/1980	-	500/500	S3/SX1
146	1297	354/354	-	550/-	150/150	S8/-
147	Y4	328/378	900/1250	-	500/500	S2/S13
148	Sekerpare Benzeri	268/424	280/1300	-	500/500	S3/S6

149	92,58,02	222/354	500/-	550/-	150/500	S20/SC
150	2256	202/354	500/-	550/-	500/500	S9/SC
151	Y-3	328/378	900/1250	-	500/500	S2/S13
152	1297 Alanya	354/354	-	550/-	150/150	S8/-
153	Harcot	-/402	310/-	-	150/150	S3/S7
154	31k03	268/378	310/-	-	150/500	S3/S12
155	1302	268/424	280/1980	-	150/500	S3/SX1
156	12 Tokaloğlu	268/424	280/1980	-	500/500	S3/SX1
157	Yegen Eski Malta	304/354	1700/-	550/-	500/500	S11/SC
158	2252	378/402	-/820	-	150/150	S13/S7
159	2234	268/424	280/1300	-	500/500	S3/S6
160	6--4	268/-	310/820	-	150/150	S3/S7
161	1293	354/354	-	550/-	150/150	S8/-
162	Ordubat	268/-	310/820	-	150/500	S3/S7
163	Geç Aprikoz	-/304	1300/1700	-	150/500	S6/S11
164	1346	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
165	01.K.13	328/424	900/1980	-	500/500	S2/SX1
166	Tokaloglu	402/-	820/1300	-	500/500	S7/S6
167	Şekerpare İğdir	268/-	280/1300	-	500/500	S3/S6
168	No:1 Zerdali Okul	304/328	1700/900	-	500/500	S11/S2
169	K4207	354/354	-	550/-	150/150	S8/S8
170	Sam	354/402	-/820	550/-	150/500	SC/S7
171	K618	328/424	900/1300	-	150/500	S2/S6
172	Mahmut Eriği	378/424	1250/-	-	500/500	S13/S6
173	1364	268/402	280/820	-	150/500	S3/S7
174	2251	268/424	280/1980	-	500/500	S3/SX1
175	Adilcevaz-4	378/424	1250/-	-	500/500	S13/S6

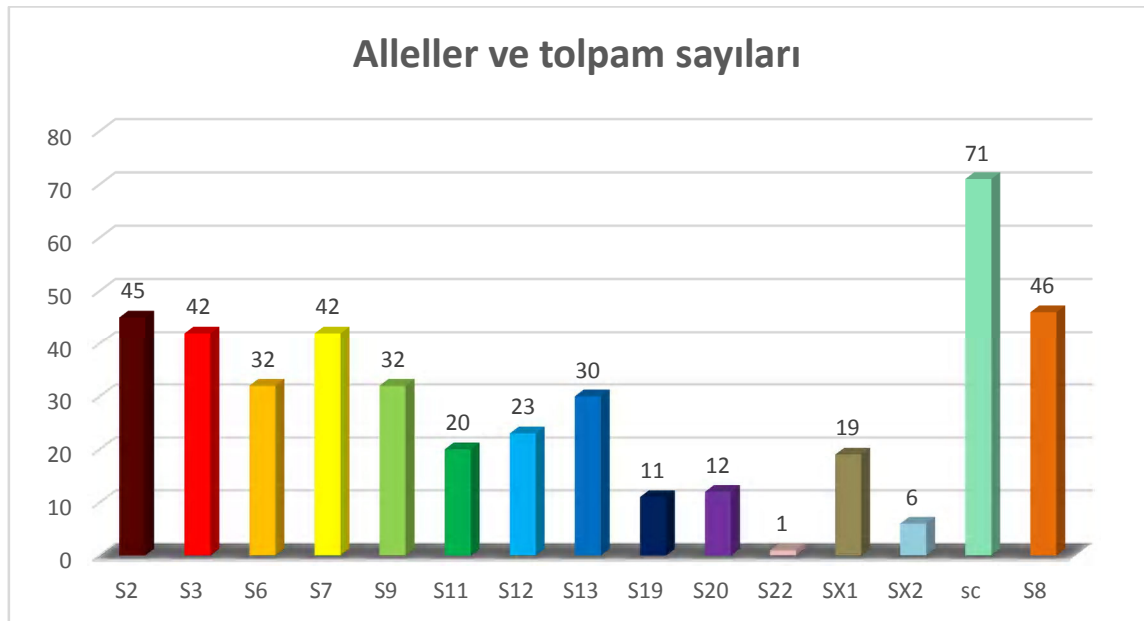
176	Adilcevaz-2	262/268	370/280	-	150/500	S12/S3
177	Sakit-7	354/424	1980/-	550/-	150/500	SC/SX1
178	Şekerpare	268/424	280/1300	-	150/500	S3/S6
179	Y5	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
180	Kayseri(Pa)	268/354	280/-	550/-	500/500	S3/SC
181	İmrahor	268/424	280/1980	-	150/500	S3/SX1
182	Mektep 8	354/354	2800/-	550/-	150/500	SC/S8
183	Çataloglu	200/424	500/-	-	150/150	S9/S6
184	Apligoz	328/378	900/1250	-	150/500	S2/S13
185	1295 Tokaloglu	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
186	31.K.05	262/-	-/310	-	150/500	S12/S3
187	2437	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
188	23	202/354	500/	550/-	150/500	S9/-
189	1344	354/402	820/-	550/-	150/500	SC/S7
190	K4205	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
191	K691	262/354	370/-	550/-	150/150	S12/SC
192	2246	304/-	1700/900	550/-	500/500	S11/S2
193	Karacabey	200/-	-/310	550/-	500/500	S9/S3
194	Roxana	354/354	500/-	550/-	500/500	SC/-
195	07.K.11	202/260	500/-	-	500/500	S9/S12
196	07.K.15	236/402	1250/-	550/-	500/500	SX2/S7
197	1344	354/354	1300/1980	550/-	150/500	S6/S19
198	Sakit-1	268/-	-/820	-	150/500	S3/S7
199	13	328/-	-/1300	-	-	S2/S6
200	Perfection	354/354	-	550/-	-	SC/-
201	ZerdaliÇolaklı İzmir	260/-	-/900	-	500/500	S2/S12
202	1860	328/354	-	550/-	500/500	S2/SC

203	2242	328/354	370/500	-	150/500	SC/S8
204	2620	354/354	820/1300	-	150/150	S8/-
205	2249	354/402	1300/-	550/-	150/150	S8/-
206	Sivas(Pa)	- /424	280/1980	-	-	S3/SX1
207	K621	- /378	900/-	550/-	-	S2/S13
208	2239	200/354	-	550/-	150/500	S9/SC
209	2257	268/424	280/-	-	150/500	S3/S6
210	Sakit 3	268/424	280/1980	-	150/500	S3/SX1
211	K0617	304/328	1700/900	-	150/150	S11/S2
212	K0616	328/354	900/-	550/-	150/150	S2/S8
213	2243	268/402	280/-	-	-	S3/S7
214	Köfte Kayısı	220/268	500/-	-	500/500	S20/S3
215	Xx Zerdali	200/220	-	550/-	500/500	S9/S20
216	1260 Mehmet	354/354	1250/1700	-	500/500	S13/S11
217	K3860	304/424	-/500	-	150/500	S6/S11
218	Hachhaliloglu	200/424	280/-	-	150/500	S9/S6
219	K3811	200/424	900/-	-	-	S9/S6
220	1344	304/328	-	-	150/150	S11/S2
221	92.58.01	354/402	-	550/-	150/150	S8/S7
222	K4206	220/354	500/-	-	150/150	S20/S8
223	Ambrossia	202/222	500/-	-	-	S9/S20
224	Y10	354/354	-	550/-	150/500	SC/S8
225	K5104	222/262	-/370	-	150/150	S20/S12
226	Erkanoglu Erik	354/402	820/-	550/-	150/500	SC/S7
227	1298 Ankara	354/354	-	550/-	500/500	SC/-
228	2235 Hacı Kaya	202/222	500/-	400/-	-	S9/S20
229	Adilcevaz-5	200/378	500/1250	-	500/500	S9/S13
230	Tokaloglu	236/402	1250/820	-	-	SX2/S7

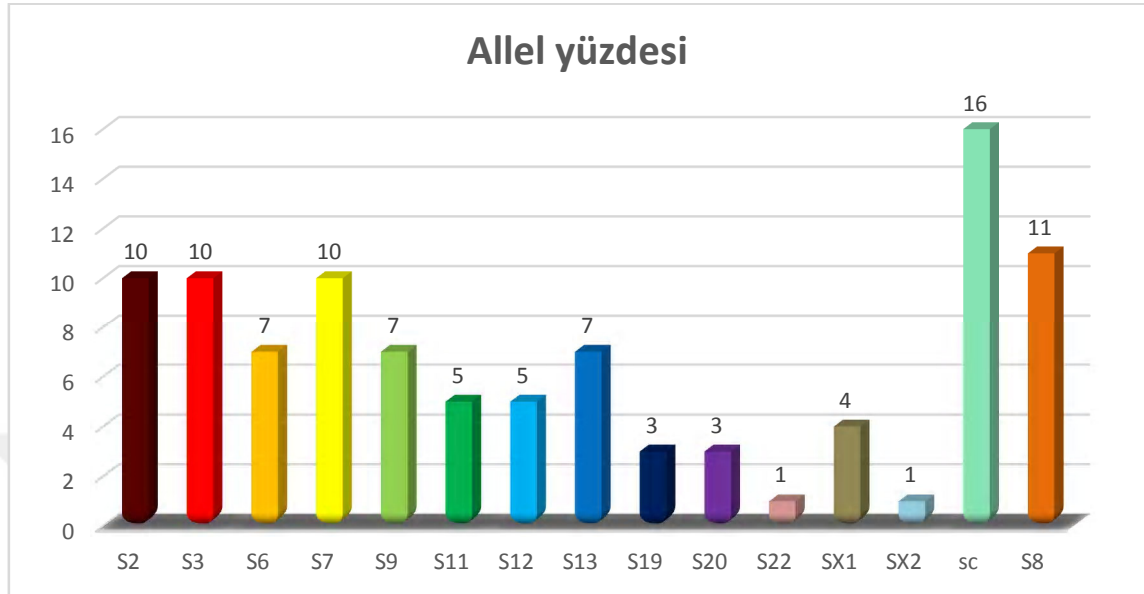
	Erzincan					
231	Aprigoz-2	304/378	-/1250	-	-	S11/S13
232	92.58.03	200/236	500/1250	-	150/150	S9/SX2
233	8 Zerdali	200/354	500/-	550/-	150/150	S9/S8
234	1296 Datca Güzeli	402/424	820/1980	-	-	S7/SX1
235	2236	268/424	310/1300	-	500/500	S3/S6
236	1346	354/354	-	550/-	150/150	S8/-
237	65k	328/424	-/1980	-	-	S2 /SX1
238	Çataloglu-2	328/424	-	-	-	S2/S6
239	Palsteyn	200/424	-	-	-	S9/S6
240	Priona	328/402	-	-	-	S2/S7
241	P.Colomer	402/402	-	-	500/500	S7/-

SX1: bilinmeyen allel SX2: bilinmeyen allel

Tablo 3.3 241 kayısı genotipine de bulunan S allellerinin sayısı SX1: bilinmeyen allel
SX2: bilinmeyen allel



Tablo 3.4 241 kayısı genotipine de bulunan S allellerinin yüzdesi SX1: bilinmeyen allel
SX2: bilinmeyen allel



Bu çalışmada kayısı çeşit ve tiplerinde kendine uyşurluk ve uyşmazlık durumları belirlenmiştir. Belirlenen primer kombinasyonlarıyla yapılan PCR çalışmaları sonucunda elde edilen PCR ürünleri elektroforez işleminden geçirilerek jel görüntüleri alınmış ve bant büyüklükleri markörlerle karşılaştırılarak tespit edilmiştir. Jel görüntülerinde mevcut bantlar daha önceki yapılan çalışmalarla karşılaştırılarak S allelleri belirlenmiştir ve PCR ürünleri ABI cihazına yüklenerek de allellerin bp büyüklükleri ortaya çıkartılmıştır. Bu çalışma sonuçlara göre kendine uyşurluk, kendine uyşmazlık durumu ve yeni belirlenen S alleli taşıyan kayısı çeşitleri **tablo 3.5.**' de verilmiştir.

Tablo 3.5: Erciyes üniversitesi Ulusal Kayısı Genetik Kaynakları Parselinde yer alan kayısların kendiyle uyumsuzluk uyumsuzluk durumları

Kendiyle Uyuşur	Kendiyle Uyuşmaz (1)	Kendiyle Uyuşmaz (2)	Yeni Belirlenen S Alleli Taşıyanlar
23a, Ethembey	Polinois, İribitingen	11/1-2p, K4204	Tekeler
Hacı Kız, 1346	5101, Gü-52	Zerdali, 2, 17, Y-1	1342
Tyinthe, Paviot	Silistre Rona	K3812, Gü-8	5103
K3812, 64k, 14, Y6	Güz-103, 6--4	Güz Eriği, 1299	1296
Teyfik Yıldırım	Castelbrite, Tokaloglu	K5105, K0613	61k
Gül-50,Tufanda	Ordubat Benzeri	Y-12, 1302	Sınırdaki Kayısı
1292,Fracasso	Tekeler, Aurora	Alioglu-49, 5001	Güz Eriği
Çanakkale	Zard, 4203	İsmailoglu, 8	A Erik
Akçadag Güney	Markuleşti, Çataloglu	Abuzer Gülen, Y-3,2234	5001
Hungry Best	A Erik, 22-6, Alkaya	1342, 01.K.13	1295
64-K, 4202, 92.23.01	Mahmut Ölmez, Y-11	İmprahor, 1295	1342
Seo,1345	62-K, 1342, Kuru Kabuk	12,971,342	İmprahor
Çekirge52, Royal	Ziraat Okulu	Sekerpere Benzeri	1302
Kayısı Eriği	Casno Dren, Erivan	Çataloglu-2, P.Colomer	12 Tokaloğlu
692-K, 6, 66-K	X1 Zerdali, Y4, 2252	1297 Alanya,12 Tokaloğlu	01.K.13
Palumella	Çöloglu, 3803, Eb	Harcot, 31k03	2251
Wilson D	Paşamişmiş	Palsteyn, Priona	Sakit-7
Bebeco, Mektep	Şekerpere Iğdır	1293, Ordubat	İmprahor
3808, 1032.Ninfa	Sefer Çoban, 93.22.02	Geç Aprikoz	07.K.15
Cafona	No:1 Zerdali Okul	K4207, 1364	Sivas(Pa)
1343 İtalya	63-K, 11 , Paviot	K618, 2251	Sakit 3
1298, K3813, 1860	Şekerpere , İmprahor	Mahmut Eriği	Tokaloglu Erzincan
Yerli İzmir	Sogancı, 2244	Adilcevaz-4	92.58.03
Adilcevaz-3	Gü-13, 615, Aprigoz-2	Adilcevaz-2	1296 Datca Güzeli
Tokaloğlu Yalova	Hasanbey, 2619	2236, 65k, 1346	65k
693k, 1343	K-3811, 1294	Apligoz, 31.K.05	
Luizet, Sakıt-7	Gü-100, 10, 2235hacı Kaya	Karacabey	
143813, Kabaşi	Kayısı Eriği 2,Adilcevaz-5	07.K.11, 23	

Tufanda Eski Malatya	Şeftalicioglu, 7	07.K.15, 2246	
92, 58, 02	Proyma, 2254	Sakit-1, 13	
2256, Sam, 2437	2240-Şekerpare, 12	Zerdali Çolaklı İzmir	
Yegen Eski Malatya	Tokaloglu Erzincan	Sivas(Pa) , 1344	
1346, Y5, 1344	Levent, 5, K5002	K621, 2257	
Kayseri(Pa)	Kırmızı, 3, K0617, 2620	Sakit 3, 2249	
Mektep 8	Rakowsky, 2241	8 Zerdali, 92.58.03	
1295 Tokaloglu	K5104, 6/1, Köfte Kayısı	1296 Datca Güzeli	
K4205, 1860	Sakit 4, 22-3	Xx Zerdali, K0616	
K691.2242	Canino, 1296, 61k	1260 Mehmet	
Perfection	Sınırdaki Kayısı	K3860, 2243	
Y10, 2239, Roxana	X3-Zerdali, Gü-2	Hacihaliloglu	
Erkanoglu Erik	X2-Zerdali, K691	K3811, 1344, K4206	
1298 Ankara	68k, 2250, 5103	92.58.01, K5104	

3.2.2. Yüksek kapasiteli dizileme (High-Throughput Sequencing - HTS) Sonuçları

Tez çalışmasında HTS ile elde edilen ham veriler birleştirilmeden önce Geneious programına iki dosya halinde yüklenmiştir. SEO için 51.925.278, Ordubatbenzeri için 62.931.347, Zard için 62.649.448 çift yönlü okumalar elde edilmiştir.

Tablo 3.6. SEO, Ordubatbenzeri, Zard çeşitlerinin ileri ve geri okuma Verileri

Örnek İsimleri	Okuma Sayısı	% GC	Nükleotid Sayısı
SEO_ileri okuma sayısı	51.925.278	% 39.1	13.033.244.778
SEO_geri okuma sayısı	51.925.278	% 39.3	13.033.244.778
Ordubatbenzeri_ileri okuma sayısı	62.931.347	% 38.7	15.795.768.097
Ordubatbenzeri_geri okuma sayısı	62.931.347	% 39.0	15.795.768.097
Zard_ileri okuma sayısı	62.649.448	% 39.0	15.725.011.448
Zard_geri okuma sayısı	62.649.448	% 39.3	15.725.011.448

3.2.3. HTS Verilerinin Birleştirilmesi Sonuçları

Geneious 10 programında verilerin birleştirilmesi sonucunda SEO çeşidi için 251 nükleotidden oluşan 103.850.556 kaliteli okuma elde edilmiştir. Okumanın GC oranı 39.2 ve nükleotid sayısı 26.066.489.556'dır. Ordubatbenzeri'nde 251 nükleotidden oluşan 125.862.694 kaliteli okuma elde edilmiştir. GC oranı 38.9 ve toplam nükleotid sayısı 31.591.536.194'dür. Zard çeşidi için ise 251 nükleotidden oluşan 125.298.896 okuma sayısı elde edilmiştir. GC oranı 39.2 ve nükleotid sayısı 31.450.022.896'dır (Tablo 3.2.3).

Tablo 3.7. Birleştirme İşlemi sonucunda Elde edilen okumaların Verileri

Örnek Adı	Okuma sayısı	GC Oranı(%)	Nükleotid Sayısı
SEO	103.850.556	39.2 %	26.066.489.556
Ordubatbenzeri	125.862.694	38.9 %	31.591.536.194
Zard	125.298.896	39.2 %	31.450.022.896

3.2.4.Hts Sonrası Örneklerin Filtreleme, Temizleme İşlemi Sonuçları S-RNaz Ve SFB Allellerinin Belirlenmesi

Genom sıralamasından sonra dizi uçlarındaki hatalı, düşük kaliteli okumalar düzgün bir genom dizilemesini önlemektedir. Bunun için okumaların düzeltilmesi önemli olmaktadır. Geneious 10 programında BBDuk düzeltme aracında uygun algoritmaları kullanarak temizleme işlemleri gerçekleştirilmiştir.

Temizleme işlemlerinden sonra, SEO örneği için 94.975.040 temiz okuma sayısı elde edilmiştir ve GC oranı 38.6'dır. Toplam nükleotid sayısı ise 19.806.141.708'dir. Ordubatbenzeri için 116.835.356 ile GC oranı 38.3 olan temiz okuma elde edilmiştir. Toplam nükleotid sayısı ise 24.656.268.363'tür. Zard çeşidinden ise toplam 113.792.588 temiz okuma sayısı ile GC oranı 38.5 olarak tespit edilmiş ve toplam nükleotid sayısı ise 23.863.224.916 elde edilmiştir (Tablo 3.8).

Tablo 3.8. Geneious programı ile filtreleme ve temizleme işlemi sayısal verileri

Örnek Adı	Okuma sayısı	GC Oranı(%)	Nükleotid Sayısı
SEO	94.975.040	38.6 %	19.806.141.708
Ordubatbenzeri	116.835.356	38.3 %	24.656.268.363
Zard	113.792.588	38.5 %	23.863.224.916

Hacıhaliloğlu'nda elde edilen 354.411.380 temiz okuma sayısı ile S-RNaz ve SFB dizileri ile karşılaştırılmıştır. 353.660.646 eşleştirilmiş kullanılmayan okuma GC oranı 38.7, 362.252 eşleştirilmemiş kullanılmayan okuma ile GC oranı 31.6, 750.734 kullanılan okumlardan da GC oranının 27.4 olarak belirlenmiştir. Kullanılan okumalardan 18.541 tanesi S-RNaz ile 269.943 tanesi de SFB ile eşleştirilmiştir. S-RNaz ve SFB dizileri sırasıyla 5.227, 3.150 nükleotid uzunluğunda ve GC oranları 28.7, 28.3 olarak belirlenmiştir.

SEO örneği için 94.975.040 temiz okuma sayısı ile S-RNaz ve SFB dizileri ile karşılaştırılma sonucunda 94.771.490 eşleştirilmiş kullanılmayan okuma GC oranı 38.6, 97.836 eşleştirilmemiş kullanılmayan okuma ile GC oranı 32.00, 203.550 kullanılan okumlardan da GC oranının 27.7 olarak belirlenmiştir. Kullanılan okumalardan 32.615 tanesi S-RNaz ile ve 73.101 tanesi de SFB ile eşleştirilmiştir. S-RNaz ve SFB dizileri sırasıyla 5.230, 3.150 nükleotid uzunluğunda ve GC oranları 29.9, 28.5 olarak belirlenmiştir.

Ordubatbenzeri için 116.835.356 temiz okuma sayısı ile S-RNaz ve SFB dizileri ile karşılaştırılma sonucunda 116.589.456 eşleştirilmiş kullanılmayan okuma GC oranı 38.3, 119.008 eşleştirilmemiş kullanılmayan okuma ile GC oranı 31.8, 245.900 kullanılan okumlardan da GC oranının 27.6 olarak belirlenmiştir. Kullanılan okumalardan 39.066 tanesi S-RNaz ile ve 87.828 tanesi de SFB ile eşleştirilmiştir. S-RNaz ve SFB dizileri sırasıyla 5.191, 3.152 nükleotid uzunluğunda ve GC oranları 30.5, 28.7 olarak belirlenmiştir.

Zard çeşidinden ise toplam 113.792.588 temiz okuma sayısı ile S-RNaz ve SFB dizileri ile karşılaştırılma sonucunda 113.555.110 eşleştirilmiş kullanılmayan okuma GC oranı 38.6, 115.268 eşleştirilmemiş kullanılmayan okuma ile GC oranı 32.00, 237.478

kullanılan okumlardan da GC oranın 27.7 olarak belirlenmiştir. Kullanılan okumalardan 37.948 tanesi S-RNaz ile ve 84.264 tanesi de SFB ile eşleştirilmiştir. S-RNaz ve SFB dizileri sırasıyla 5.221, 3.164 nükleotid uzunluğunda ve GC oranları 30.00, 28.9 olarak belirlenmiştir.

3.3. S-RNaz Geninin Dizi Analizi ve filogenetik sınıflandırma

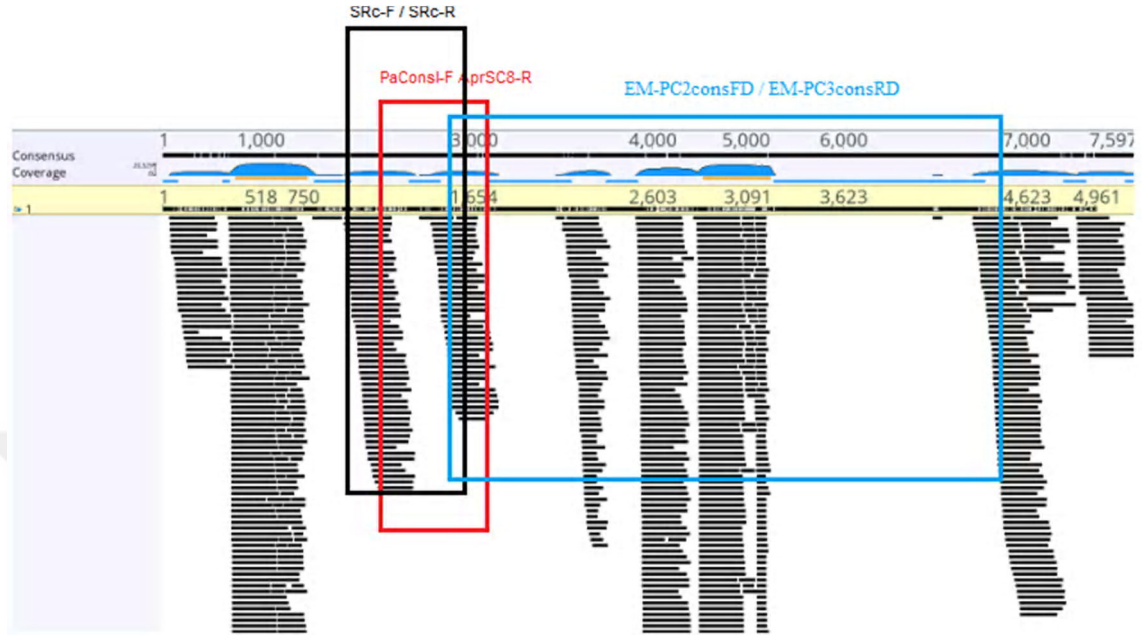
Elde edilen S-RNaz nükleotid dizileri, Rosaceae'deki S-RNaz' ların tipik birincil yapısını temsil ettiğini ortaya koymuştur. Beş korunmuş bölge (C1,C2, C3, RC4 ve C5) ve bir hipervariable (HV) bölgesi şekil 3.5.'de gösterilmiştir. Hacıhaliloglu, Stark Early Orange, Zard ve Ordubatbenzeri kayısı çeşitlerinde belirlenen S-RNazlar yeni S allellerini ayırt edebilecek derece uzunlukta, yüksek polimorfizm göstermişlerdir.

Bu kayısı çeşitlerinin S-RNaz'larını NCBI (Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi) veri bankasında *Prunus armeniaca* S-RNaz genleriyle karşılaştırdığımızda en düşük %79.98 en yüksek 94.55 arasından benzerlik gösterdiğini tespit edilmiştir.

Tablo 3.9. S-RNaz geninin *Prunus armeniaca*'lar arasında en yüksek ve en düşük benzerlikleri

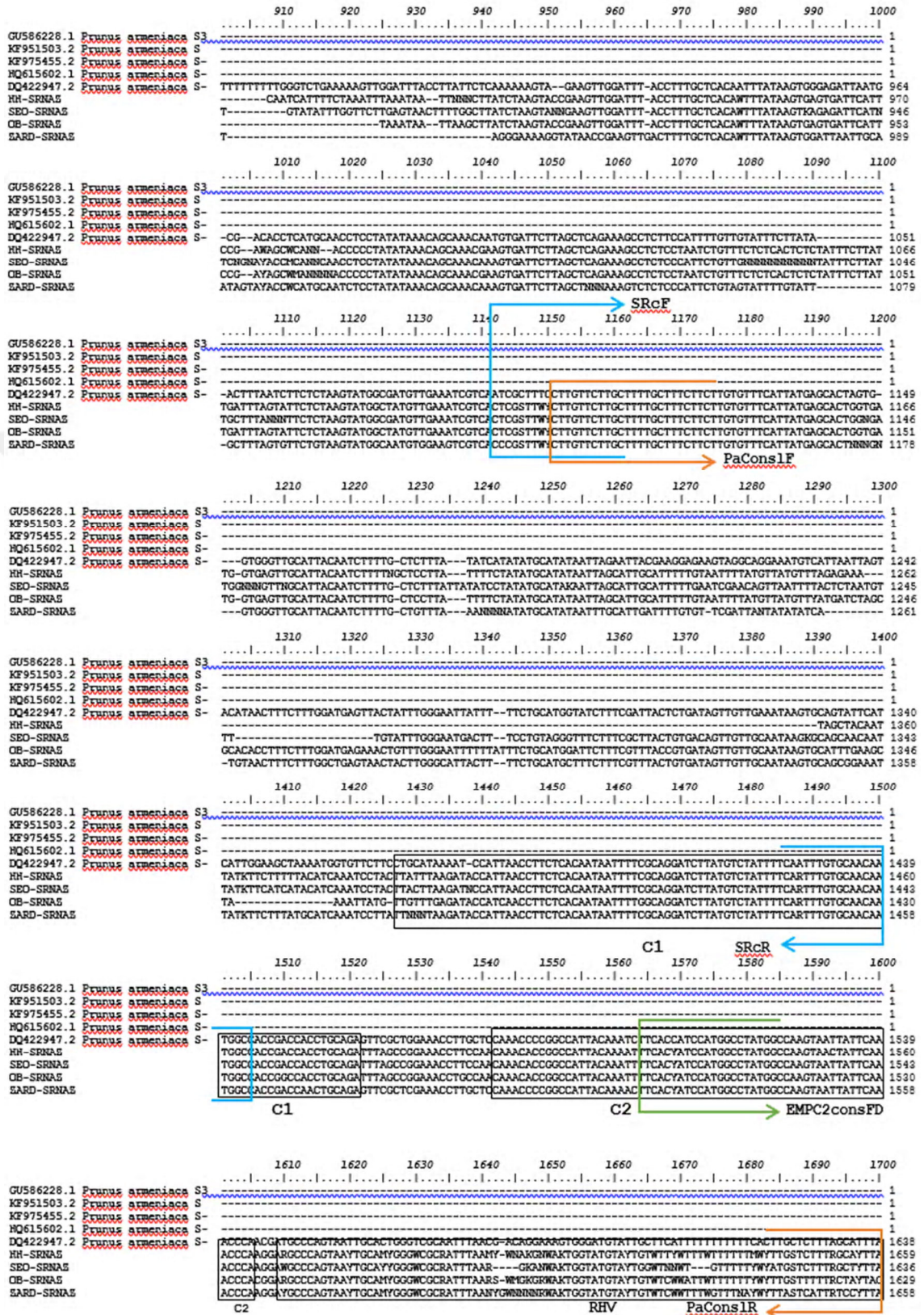
Örnekler	Accession	%
HH	KF951503.2	90.63
	EU516388.1	82.41
SEO	EU570210.1	91.16
	DQ422947.2	79.98
OB	KF951503.2	91.35
	AY587564.1	81.98
ZARD	EF173401.1	94.55
	DQ422947.2	81.61

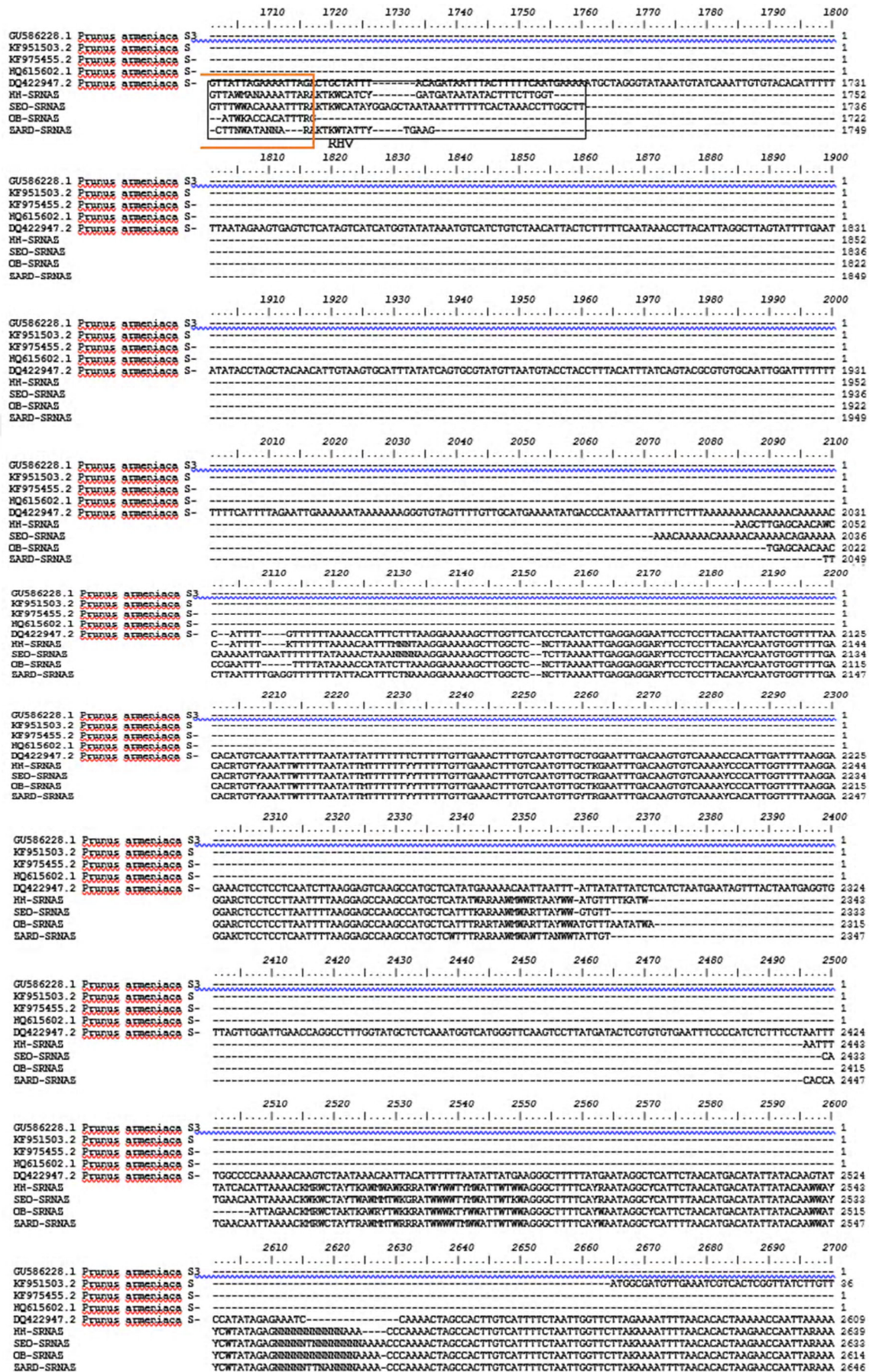
S-RNaz nükleotidinin SEO kayısı çeşidi ile karşılaştırılması sonucunda primer bölgeleri Şekil 3.4'de gösterilmiştir.



Şekil 3.4. S-RNaz nükleotidinin SEO kayısı çeşidi ile karşılaştırılması sonucunda primer bölgeleri

NCBI (Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi)'da GU586228.1, KF951503.2, KF975455.2, HQ615602.1 ve DQ422947.2 accession numaraları ile kayıtlı S-RNaz genleri ile eşleştirme sonucunda RHV bölgesi ile C3 bölgesi arasında bu 4 çeşitte (Hacıhalilolu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard) nükleotid dizileri belirlenememiştir.





Accession	Organism	Region	Coordinates	Sequence	Position				
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	2710	CTGGCTTTGCTTCTCTGTTTCATTAGAGCACTGGTGAGGGTGGTGGATTACAATCTTTTCGCTCTTATTTCTATATGCAATAAATGACA	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			136				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				AGAACAAAGCGGCTAGTTTTGGGTTTTTTCCTCTCAAAATAGGCCTATATGGGATTTATAATAATGTCATGCCAAAATGGACTTTTTTAATAAAA	2709				
SEO-SRNAS				ATGCAAGTGGCTAGTTTTGGGTTTTTCT---CTYCAAATAGGCCTATATGGGTTTGTATAATATGTCATGCCAAAATGGRTTWTWVWYMAA	2735				
OB-SRNAS				ATGCAAGTGGCTAGTTTTGGGTTTTTCT---CTYCAAATAGGCCTATATGGGTTTGTATAATATGTCATGCCAAAATGGRTTWTWVWYMAA	2729				
SARD-SRNAS				ATGCAAGTGGCTAGTTTTGGGTTTTTCT---CTYCAAATAGGCCTATATGGGTTTGTATAATATGTCATGCCAAAATGGRTTWTWVWYMAA	2710				
2810	2820	2830	2840	2850	2860	2870	2880	2890	2900
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	2910	TTGCAATTTGTAATTTATGTTATGTTAGAGAAATGTTGTTGTTGTCGATGATATATAGGTAATGGAGGACTTGTATCAACGCAACTTCCTTT	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			236				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				CCTATATTTGAAATTTTCAATTTTCATCTTGTGTTGTGTTGATATAGATTTAGAATTAGATAATGTTGATTTATCTAAGATAAATGCTCTC	2809				
SEO-SRNAS				CCTAATTTTWWYVWFYVDSKCYVTTTTSTVW	2835				
OB-SRNAS				CCTAATTTTWWYVWFYVDSKCYVTTTTSTVW	2829				
SARD-SRNAS				CCTAATTTTWWYVWFYVDSKCYVTTTTSTVW	2810				
2910	2920	2930	2940	2950	2960	2970	2980	2990	3000
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3110	GGATGAGTAACATTTGGAACTTTTGGTGTGCAAGGTTTCTTTCGTTACTCTGATAGTGTGTCATAAGTGCAATTAAGTGCAGATTTCATTATTGGTAGTACAA	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			336				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				TTATCATATTTATATACCACATCTTTATACCCTCTATATGGCAGTGTGGGTGAACACCACACATCAATAAAATATGTAATATTTCTTTCTTTTAT	2909				
SEO-SRNAS				TTACCAATTTGTAACACATCTTTATACCCTCTATATGGCAGTGTGGGTGAACACCACACATCAATAAAATATGTAATATTTCTTTCTTTTAT	2935				
OB-SRNAS				TTACCACATTTGTAACACATCTTTATACCCTCTATATGGCAGTGTGGGTGAACACCACACATCAATAAAATATGTAATATTTCTTTCTTTTAT	2929				
SARD-SRNAS				TTACCACATTTGTAACACATCTTTATACCCTCTATATGGCAGTGTGGGTGAACACCACACATCAATAAAATATGTAATATTTCTTTCTTTTAT	2910				
3010	3020	3030	3040	3050	3060	3070	3080	3090	3100
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3210	TTATGTTCTTTATACATCAATCTACTTATTAAGATACCATCAACTTCTCAAAATATTTGGCAGGATCTTATGTCATTTCAATTTGGCACACA	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			436				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				GATTTATCCAGTATTTATTTTCTAATATCTTAATAAAATACACTTCATCGATTTAATGATGTCATATAAATGGACATGTCATCATGTTGGT	3009				
SEO-SRNAS				GATTTATCCAGTATTTGTTTCTAATATCTTAATAAAATACACTTCATCGATTTAATGATGTCATATAAATGGACATGTCATCATGTTGGT	3035				
OB-SRNAS				GATTTATCCAGTATTTGTTTCTAATATCTTAATAAAATACACTTCATCGATTTAATGATGTCATATAAATGGACATGTCATCATGTTGGT	3029				
SARD-SRNAS				GATTTATCCAGTATTTGTTTCTAATATCTTAATAAAATACACTTCATCGATTTAATGATGTCATATAAATGGACATGTCATCATGTTGGT	3010				
3110	3120	3130	3140	3150	3160	3170	3180	3190	3200
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3310	ATGCCACCGCATCCGTCAGATTAGCCGGAAACCCTCCACAAACCCCGCCATTACAATAATTCACATTCATGGCCTATGGCCAAGTAACTATCA	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			536				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				ATAGAAATGTOGGAATAAAATGTGGTAAGTGTAGCATTACTCTTAACTAAATAAAGCTCCAGCAATTTGTACTTATG--TGATATATATATATATATA	3108				
SEO-SRNAS				ATAGAAATGTOGGAATAAAATGTGGTAAGTGTAGCATTACTCTTAACTAAATAAAGCTCCAGCAATTTGTACTTATG--TGATATATATATATATATA	3134				
OB-SRNAS				ATAGAAATGTOGGAATAAAATGTGGTAAGTGTAGCATTACTCTTAACTAAATAAAGCTCCAGCAATTTGTACTTATG--TGATATATATATATATATA	3128				
SARD-SRNAS				ATAGAAATGTOGGAATAAAATGTGGTAAGTGTAGCATTACTCTTAACTAAATAAAGCTCCAGCAATTTGTACTTATG--TGATATATATATATATATA	3109				
3210	3220	3230	3240	3250	3260	3270	3280	3290	3300
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3410	AACCCATGGAAGCCAGTAACGCACTGGGAGCCAATTTAAACAATTTGTAATGCAATTTGTTCAATTTTTATTTTCACTTGCTTTTTATGCACTAGATTGAC	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			636				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			28				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				TATATATATATATAT--TRTATHTATTKAAATRWVW	3208				
SEO-SRNAS				TATATATATATATAT--TRTATHTATTKAAATRWVW	3227				
OB-SRNAS				TATATATATATATAT--TRTATHTATTKAAATRWVW	3227				
SARD-SRNAS				TATATATATATATAT--TRTATHTATTKAAATRWVW	3228				
3310	3320	3330	3340	3350	3360	3370	3380	3390	3400
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3510	CACATTTAGCTGATTTTGAAGCTATGTCATTTAAATAGCCACTTTGTTTATATTTGCTTTAATAACCTTTTATGAACTAGGTTCAATTAATTTGG	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			736				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			128				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				ATGCCAATTTAGAACATCTAATTTTATTGAATGGTTTAGTGGAAAATTTGACATCTTGCCCTAAATCCCTACCACCGGATGTTTTAAATATTTTAGT	3308				
SEO-SRNAS					3331				
OB-SRNAS					3327				
SARD-SRNAS					3308				
3410	3420	3430	3440	3450	3460	3470	3480	3490	3500
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3610	TATCGAATTTTCACATTCCTATTTCTCTGCTTACCTCCGTTCTTTCTTCTTGATCTTTGTAATTCCTGCTCCCTCATCCATGCCATTCATATGAAATCA	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			836				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			228				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				TATTTTATCATAAACACTAATAAAGTAGCACTATAAAGGATAAAAGGCACTCTAATAATCGCTTGRAATTATTTTATTTAAAAAAGCAAC	3408				
SEO-SRNAS					3431				
OB-SRNAS					3427				
SARD-SRNAS					3408				
3510	3520	3530	3540	3550	3560	3570	3580	3590	3600
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3710	AATGTCATCAGGATAAACAACCAAAATGAAAGGCAAAATGGTATACCCATAGGTATCAGCTCCCTTAAGTTTGTACTAGAACCTACATAAATT	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			936				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			324				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				AGATTTTGTCCCTAAAACAAGTGGCCAAATAAATTTATCTATATATAAAGGTAAGATGTTTAAAGTGAAAACATCAAAAACACACAACCTCCCT	3508				
SEO-SRNAS					3531				
OB-SRNAS					3527				
SARD-SRNAS					3508				
3610	3620	3630	3640	3650	3660	3670	3680	3690	3700
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3	3810	GCTTGGATGGAGGTTGAAATGGGTTTTCTTTGATAGGGCCGCCAAACGGAAATTTTTTTTATCTTTTCCCTCCTCCCTCCATTTT	1				
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S			1036				
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			424				
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			24				
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S-			1				
HH-SRNAS				TGGGTATAAATACTAAAATATATACATTTTCAATTAATAACGGATAACATGGTACATTAATAATTTAAATCAAAATAAATTTAAAGAGCATGT	3608				
SEO-SRNAS					3631				
OB-SRNAS					3627				
SARD-SRNAS					3608				
3810	3820	3830	3840	3850	3860	3870	3880	3890	3900

		3710	3720	3730	3740	3750	3760	3770	3780	3790	3800		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											1
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1136
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											512
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											108
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											3706
HH-SRNAS												3725
SD-SRNAS												3706
OB-SRNAS												3726
SARD-SRNAS												3726
		3810	3820	3830	3840	3850	3860	3870	3880	3890	3900		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											1
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1236
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											610
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											202
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											3806
HH-SRNAS												3829
SD-SRNAS												3825
OB-SRNAS												3806
SARD-SRNAS												3826
		3910	3920	3930	3940	3950	3960	3970	3980	3990	4000		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											1
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1336
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											702
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											294
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											3906
HH-SRNAS												3929
SD-SRNAS												3925
OB-SRNAS												3906
SARD-SRNAS												3936
		4010	4020	4030	4040	4050	4060	4070	4080	4090	4100		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											80
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1436
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											758
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											390
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											4006
HH-SRNAS												4029
SD-SRNAS												4025
OB-SRNAS												4006
SARD-SRNAS												4036
		4110	4120	4130	4140	4150	4160	4170	4180	4190	4200		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											173
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1530
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											896
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											483
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											4106
HH-SRNAS												4129
SD-SRNAS												4125
OB-SRNAS												4106
SARD-SRNAS												4136
		4210	4220	4230	4240	4250	4260	4270	4280	4290	4300		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											262
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1630
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											572
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											4206
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											4229
HH-SRNAS												4225
SD-SRNAS												4206
OB-SRNAS												4236
SARD-SRNAS												4236
		4310	4320	4330	4340	4350	4360	4370	4380	4390	4400		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											358
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1727
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											1083
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											668
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											4303
HH-SRNAS												4324
SD-SRNAS												4322
OB-SRNAS												4303
SARD-SRNAS												4334
		4410	4420	4430	4440	4450	4460	4470	4480	4490	4500		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											458
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1827
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											1185
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											768
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											4403
HH-SRNAS												4424
SD-SRNAS												4422
OB-SRNAS												4403
SARD-SRNAS												4434
		4510	4520	4530	4540	4550	4560	4570	4580	4590	4600		
GU586228.1	<i>F. armeniacus</i>											558
KF951503.2	<i>F. armeniacus</i>											1927
KF975455.2	<i>F. armeniacus</i>											1285
HQ615602.1	<i>F. armeniacus</i>											868
DQ422947.2	<i>F. armeniacus</i>											4503
HH-SRNAS												4524
SD-SRNAS												4522
OB-SRNAS												4503
SARD-SRNAS												4534

EMPC3scoisRD ← G3

RC4

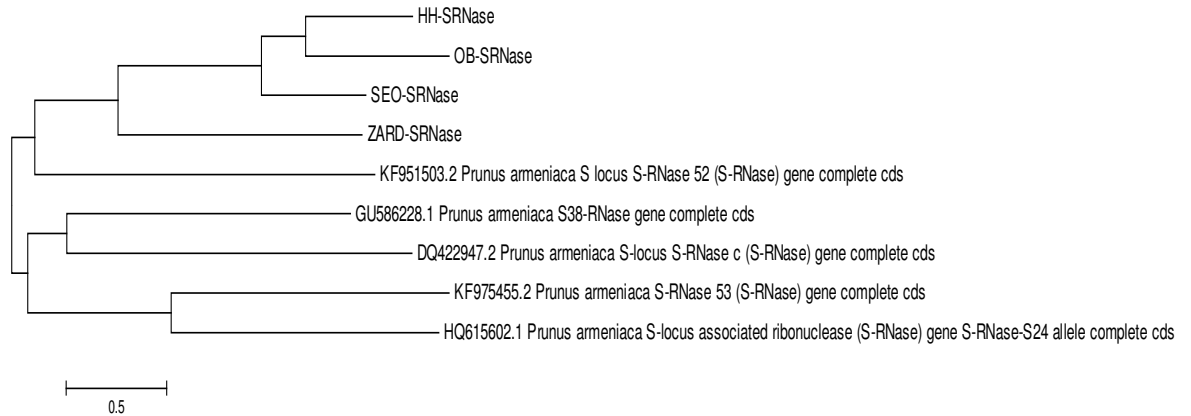
			4610	4620	4630	4640	4650	4660	4670	4680	4690	4700	
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3										645
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										2003
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1385
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S										95
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										4578
HH-SRNAS												4600
SEO-SRNAS												4609
OB-SRNAS												4578
SARD-SRNAS												4604
RC4													
			4710	4720	4730	4740	4750	4760	4770	4780	4790	4800	
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3										677
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										2076
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1485
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1029
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										4652
HH-SRNAS												4674
SEO-SRNAS												4693
OB-SRNAS												4652
SARD-SRNAS												4674
C5													
			4810	4820	4830	4840	4850	4860	4870	4880	4890	4900	
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3										677
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										2116
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1584
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1072
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										4741
HH-SRNAS												4772
SEO-SRNAS												4777
OB-SRNAS												4750
SARD-SRNAS												4772
C5													
			4910	4920	4930	4940	4950	4960	4970	4980	4990	5000	
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3										677
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										2116
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1586
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1072
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										4833
HH-SRNAS												4864
SEO-SRNAS												4873
OB-SRNAS												4842
SARD-SRNAS												4869
C5													
			5010	5020	5030								
GU586228.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S3										677
KF951503.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										2116
KF975455.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1586
HQ615602.1	<i>Prunus armeniaca</i>	S										1072
DQ422947.2	<i>Prunus armeniaca</i>	S										4872
HH-SRNAS												4902
SEO-SRNAS												4910
OB-SRNAS												4880
SARD-SRNAS												4908

Şekil 3.5. Genbankta kayıtlı GU586228.1, KF951503.2, KF975455.2, HQ615602.1 ve DQ422947.2 accession numaraları ile karşılaştırma sonucunda Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerin S-RNaz'larında belirlenen primerler ve (C1,C2, RHV C3, RC4,C5) bölgeleri

Tablo 3.10. Hacıhaliloglu(HH),Ordubatbenzeri(OB) Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerin S-RNaz'ların primir bölgelerinde belirlenen baz büyüklükleri

Örnekler	SRcF SRc-R	EMPC2consFD/EMPC3cons RD	PaConslF AprSC8R	AprFBC8F/A prFBC8R
HH	266	1655	461	507
SEO	334	1414	528	507
OB	343	1354	537	507
ZARD	344	1334	540	507

Bu 4 kayısı çeşitleri ile Genbankta kayıtlı GU586228.1, KF951503.2, KF975455.2, HQ615602.1, DQ422947.2 accession numaraları *Prunus armeniaca*'larla elde edilen filogenetik sınıflandırmada Hacıhaliloglu(HH) , Ordubatbenzeri (Ob) aynı Stark Early Orange (Seo),ve Zard çeşidi ise farklı grubta grupta yer almıştır.



Şekil 3.6. Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerinden elde edilen S-RNaz dizileri ile NCBI (ulusal biyoteknoloji bilgi merkezi) veri bankasında kayıtlı *Prunus armeniaca* S-lokus S-RNazları ile elde edilen filogenetik sınıflandırma

3.4. SFB Geninin Dizi Analizi

Prunus'taki diğer SFB genlerinde olduğu gibi, kayısı genotiplerimiz de bulunan N-terminal bölgesinde yer alan bir F-box alanı, iki değişken bölge (V1, V2) ve iki HV bölgesi (HVa, HVb) gösterilmiştir.

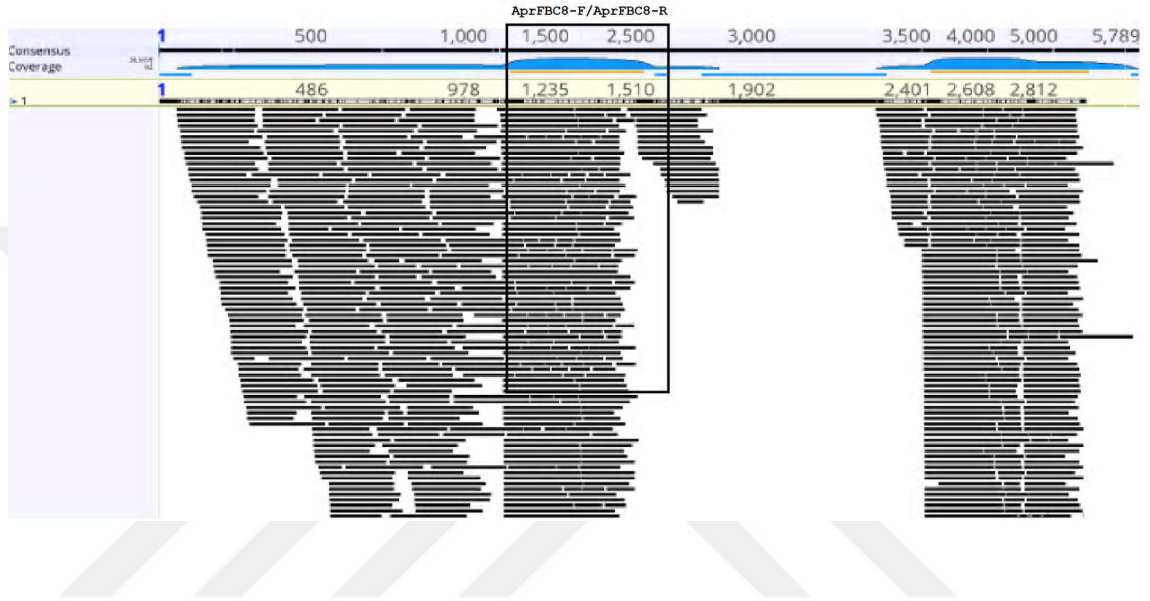
Dört çeşitte elde edilen SFB genlerini NCBI (Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi) veri bankasında karşılaştırdığımızda *Prunus armeniaca* SFB genlerine genlerine en düşük %84.61 en yüksek 92.35 arasından benzerlik gösterdiğini tespit edilmiştir.

Bu 4 çeşitte ortak olarak en yüksek benzerlik Genbankta KP938528.2 accession numarası ile kayıtlı gene benzerlik göstermiştir. HH, SEO ve Zard çeşidi referans olarak aldığımız DQ422946.1 accession numaralı SFB genine en düşük benzerlik göstermiştir. OB kayısı çeşidi ise bu 3 kayısıdan farklı AY587565.1 accession numaralı gene en düşük benzerliği göstermiştir. (Tablo 3.11.).

Tablo 3.11. SFB geninin *Prunus armeniaca*'lar arasında en yüksek ve en düşük benzerlikleri

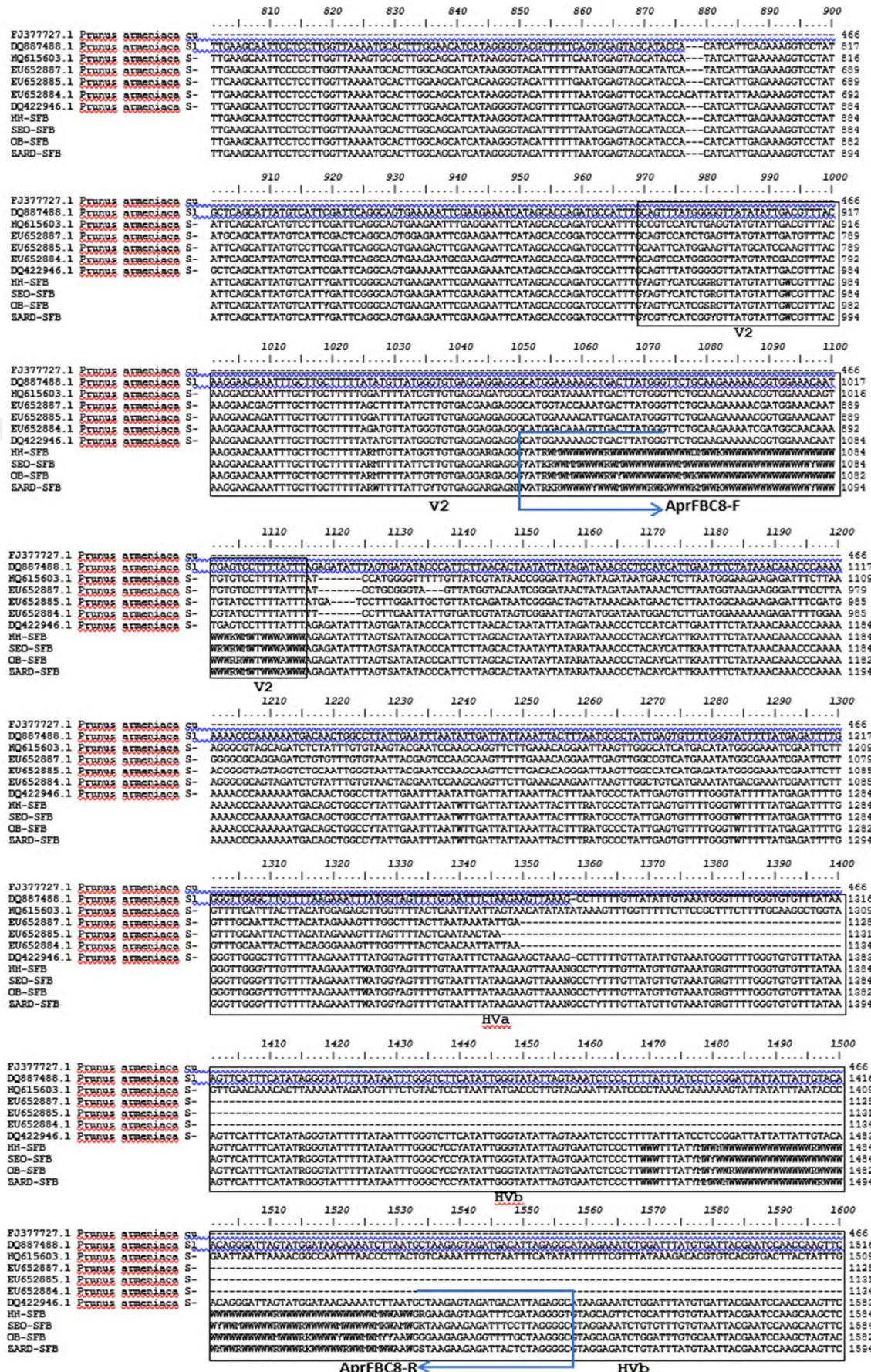
Örnekler	Accession	%
HH	KP938528.2	92.11
	DQ422946.1	84.81
SEO	KP938528.2	92.14
	DQ422946.1	85.12
OB	KP938528.2	92.35
	AY587565.1	84.61
ZARD	KP938528.2	89.35
	DQ422946.1	85.03

SFB nükleotidinin SEO kayısı çeşidi ile karşılaştırılması sonucunda primer bölgeleri Şekil 3.7 'da gösterilmiştir. Bu 4 çeşit için (Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard) AprFBC8-F/ AprFBC8-R primerinde baz büyülüğü aynı şekilde tespit edilmiştir.(Tablo 3.10.)

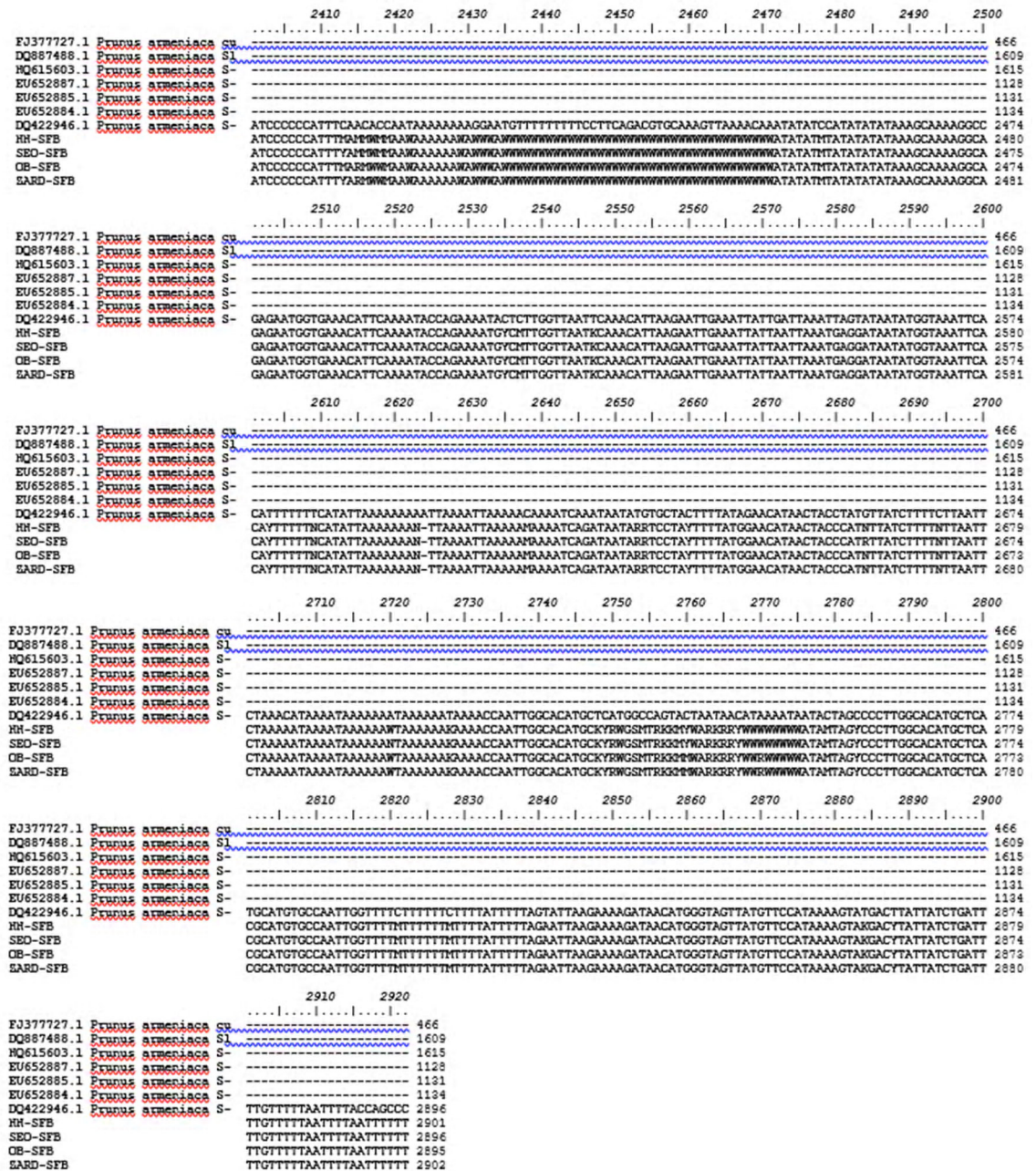


Şekil 3.7. SFB nükleotidinin SEO kayısı çeşidi ile karşılaştırılması sonucunda primer bölgesi

NCBI (Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi)'da FJ377727.1, DQ887488.1, HQ615603.1, EU652887.1, EU652885.1, EU652884.1 ve DQ422946.1 accession numaraları ile kayıtlı SFB genleri ile eşleştirme sonucunda primer bağlanma bölgesinden sonra yaklaşık olarak 500 bp lık bölgede bu 4 çeşit için (Hacıhaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard) nükleotid dizileri belirlenememiştir.

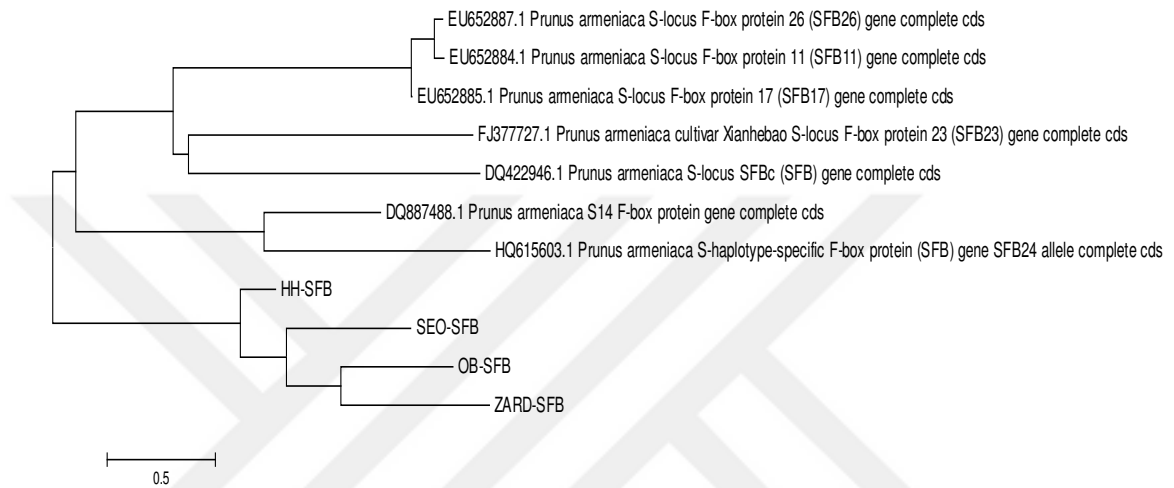


			1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670	1680	1690	1700	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	TTGAAACGGGAATTGAGTTGGCCACATCAAAATATGGCGAAATCGAATCTTGTTCGAATTACTTACGTAGAAAGTTGGTTTACTCAATAATT-ATT										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- AAATTTTTTATTATATATATAAAACATAAAATTTGAAACCAACAAATAAAATACTAAAAAATAAAAAATGGTCTTTGGCGTCAATGGTGGCT										1609
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- TTGAAACGGGAATTGAGTTGGCCACATCAAAATATGGCGAAATCGAATCTTGTTCGAATTACTTACGTAGAAAGTTGGTTTACTCAATAATT-ATT										1682
HH-SFB			S- TTGAAACAGGAATTGAGTTGGCAGTCAAAATATGGCGAAATCGAATCTTGTTCGAATTACTTACATAGAAAGTTGGTTTACTCAATTGT-ATC										1680
SED-SFB			S- TTGAAACAGGAATTGAGTTGGCAGTCAAAATATGGCGAAATCGAATCTTGTTCGAATTACTTACATAGAAAGTTGGTTTACTCAATTNNW-ATT										1683
OB-SFB			S- GTGAAACTGGAATTAAGTTGGCAGTCAAAATATGGCGAAATCGAATCTTGTTCGAATTACTTACGTAGAAAGTTGGTTTACTCAATAATTAGT										1682
SARD-SFB			S- TTGAAACAGGAATTGAGTTGGCAGTCAAAATATGGCGAAATCGAATCTTGTTCGAATTACTTACATAGAAAGTTGGTTTACTCGATAATT-ATC										1693
			1710	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780	1790	1800	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- GCAATC										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- AAACAGATGTATAAAGTTTGTGTATTGTTTTCCTTCCTGGTATTATTGCAATATAATGATGCTTGAGTCGAAACCTAAATAGATAGTTGCTATTAT										1782
HH-SFB			S- AAACAGATGTATACAGATTGTTCCCCCTCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTG										1780
SED-SFB			S- AAACAGATGTATACAGATTGTTTTCCTCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT										1783
OB-SFB			S- AAACAGATGTATAGAGATTT										1782
SARD-SFB			S- AAAGAGATGTATAAAGTTTTTTTANNNNNTCTCTCTCTGTTCTTTTGYAATGATCTCTCTGTTGGCAACTTAAGCTCGTAATNTATTATA-----										1793
			1810	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- TAAACTAGAATTTTCAGTAGGCCACCAAGAAATCCCACTGTTGCAAAAAATATGGTCTCAAATGATGAGATTAGCGTGGCTAGAGAAATTAG										1882
HH-SFB			S-										1880
SED-SFB			S-										1883
OB-SFB			S-										1882
SARD-SFB			S-										1892
			1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990	2000	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- GGTTCCTGCTAAATGAATAACAAGCCATCAAAATAAAGCTTCAATGAAAATATTAAAAAGAAATGGACCCTACTTCACTTTGCTTTGCTATT										1982
HH-SFB			S-										1980
SED-SFB			S-										1982
OB-SFB			S-										1982
SARD-SFB			S-										1993
			2010	2020	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090	2100	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- GCTATATTAGATGAACCTTATTGATTAAAGATTTCTTCAACTATGATTAAGAGAGAGTGGCAAAAAGTTGGAGTTTGGTAATTGAAAAGGAGAA										2082
HH-SFB			S-										2080
SED-SFB			S-										2083
OB-SFB			S-										2082
SARD-SFB			S-										2093
			2110	2120	2130	2140	2150	2160	2170	2180	2190	2200	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- ACAGAGTTGAGTGAATGACGCTGAACTTAGCAAAATAATCTTATACATACCTTCGATAAAAATAAAAAATTTCTTATAAATACTAACTCATAGACT										2182
HH-SFB			S-										2180
SED-SFB			S-										2183
OB-SFB			S-										2182
SARD-SFB			S-										2193
			2210	2220	2230	2240	2250	2260	2270	2280	2290	2300	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- ATAGCTGATGGACAAAAAATACTTGCAAAATATATGTTATATTAATATTTTAT-----GTGTAATTAAAGGAATGTTGATGATTAGTCTTGTGA										2274
HH-SFB			S- -----GACTAAAAATGATGTTAATGCAATTAATATATATGAGYANGNNNATAAATTKAATTTGGGGTTTTTTTGTGCTTGATGA										2280
SED-SFB			S- -----GASCTATAATTTGATTTGGGGTTTTTTTGTGCTGATGA										2275
OB-SFB			S- -----ATAAATTTGATTTGGGGTTTTATGCTGCTGATGA										2274
SARD-SFB			S- -----TATAATTTGATTTGGGGTTTTTTGTGCTGATGA										2281
			2310	2320	2330	2340	2350	2360	2370	2380	2390	2400	
FJ377727.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>										466
DQ887488.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S1										1609
HQ615603.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1615
EU652887.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1128
EU652885.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1131
EU652884.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S-										1134
DQ422946.1	<i>Prunus</i>	<i>americana</i>	S- GATTCCTAATTGGAATGGCGCTACCTTTGATGATGATTTGTTAAGAGTTCTAGAACTGCTATTGCTCTATCTTTTAAATTTTTGTGTGTTAGGGGTTA										2374
HH-SFB			S- GATTCCTAGCTGGGTTGAGCTACCTTTGATGATGATTTGTTAAGAGTTCTAGAACTGCTATTGCTCTATCTTTTAAATTTTTGTGTGTTAGGGGTTA										2380
SED-SFB			S- GATTCCTAGCTGGAATGAGCTACCTTTGATGATGATTTGTTAAGAGTTCTAGAACTGCTATTGCTCTATCTTTTAAATTTTTGTGTGTTAGGGGTTA										2375
OB-SFB			S- GATTCCTAGCTGGAATGAGCTACCTTTGATGATGATTTGTTAAGAGTTCTAGAACTGCTATTGCTCTATCTTTTAAATTTTTGTGTGTTAGGGGTTA										2374
SARD-SFB			S- GATTCCTAGCTGGGTTGAGCTACCTTTGATGATGATTTGTTAAGAGTTCTAGAACTGCTATTGCTCTATCTTTTAAATTTTTGTGTGTTAGGGGTTA										2381



Şekil 3.8. Genbankta kayıtlı FJ377727.1, DQ887488.1, HQ615603.1, EU652887.1, EU652885.1, EU652884.1 ve DQ422946.1 accession numaraları ile karşılaştırma sonucunda Hacihaliloglu(HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerin SFB’lerinin tespit edilen bölgeleri.

NCBI (ulusal biyoteknoloji bilgi merkezi) veri bankasında kayıtlı *Prunus armeniaca* S-lokus SFB'leri ile 4 kayısı çeşidinde elde ettiğimiz SFB dizileri ile oluşturulan filogenetik sınıflandırma iki gruba ayrılarak Hacihaliloglu(HH), Stark Early Orange (SEO) Ordubatbenzeri (OB), ve Zard aynı grupta yer almıştır.



Şekil 3.9. Hacihaliloglu (HH), Ordubatbenzeri (OB), Stark Early Orange (SEO) ve Zard kayısı çeşitlerinden elde edilen SFB dizileri ile NCBI (ulusal biyoteknoloji bilgi merkezi) veri bankasında kayıtlı *Prunus armeniaca* S-lokus SFB'leri ile elde edilen filogenetik sınıflandırma

4. BÖLÜM

TARTIŞMA-SONUÇ ve ÖNERİLER

4.1.Tartışma

Ticari olarak meyve yetiştiricilikte her yıl düzenli ürün alınması temel amaçtır. Ülkemizde, kayısı yetiştiriciliğinde ekolojik ve çevresel faktörle dışında uyumsuzluk gibi biyolojik faktörler de kayısı verimini olumsuz etkilemektedir. Meyve oluşumunda tozlaşma ve dölllenme büyük önem arz etmektedir. Bundan dolayı da öncelikle dişi ve erkek çiçeklerin olgunlaşmalarını normal olarak tamamlamaları, tozlayıcı ve tozlanan çeşitler arasında eşeysel uyumsuzluğun olmaması gerekmektedir [3].

Bu çalışmada Erciyes üniversitesi Ulusal Kayısı Genetik Kaynakları Parselinden toplanan 241 çeşit ve tipten uygun kalitede DNA elde edilip S allel spesifik PCR uygulaması yapılarak eşeysel uyumsuzluk durumu belirlenmiştir. Tüm genom dizilemesi yapılan Hacıhaliloglu ile birlikte Stark Early Orange, Zard, Ordubatbenzeri kayısılarının dişi determinantları (S-RNaz) ve erkek determinantları (SFB) belirlenmiştir. PCR çalışmalarında belirlenen 4 çeşit için (Hacıhaliloglu, Stark Early Orange, Ordubatbenzeri ve Zard) kullanılan primerlerde baz uzunlukları ile DNA dizilemesi yapılan bu çeşitlerde tespit edilen baz büyüklükleri arasındaki farklar gözlemlenmiştir bunun sebebi kullanılan primerlerin bağlanma bölgelerinde polimorfilik göstermesinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Tablo 4.1 'de bp uzunlukları farkı verilmiştir.

Tablo 4.1. Hacıhaliloglu , Stark Early Orange, Ordubatbenzeri ve Zard çeşitlerinin nükleotidleri üzerinde belirlenen baz uzunlukları ve PCR sonucunda belirlenen baz uzunlukları

Örnekler	SRc-F/SRc-R	EMPC2consFD/EMPC3consRD	PaConsIF AprSC8R	AprFBC8-F/AprFBC8R
Nükleotid dizileri belirlenen 4 kayısındaki allel boyları				
HH	266	1655	461	507
SEO	334	1414	528	507
OB	343	1354	537	507
ZARD	344	1334	540	507
Pcr sonucundan belirlenen allel boyları				
HH	200/424	280	-	150/500
SEO	354	-	550	150/150
OB	424	1300/1980	-	150/500
ZARD	332	-	-	150/500

Abacı (2011) ,Yaptığı Çalışmasında “Paviot”, “Levent” ebeveynleri ve bunların 89 F1 bireyinde yapılan S allel spesifik PCR uygulamaları sonucunda bireylerin uyumsuzluk durumları ve uyumsuzluğun kalıtımını ortaya çıkartmışlardır. “Paviot” çeşidinde Sc uyusurluk aleli bulunduğu ve çeşidin kendine uyşur olduğu ancak “Levent” genotipinin Sc aleli taşımadığı ve kendine uyşmaz olduğu tespit ederek “Levent” genotipinde S52Sx alellerinin varlığı belirlemişlerdir. Çalışmada yer alan 89 F1 bireyinin 33 tanesinde Sc aleli bulunduğu ve bu bitkilerin kendine uyşur olduğunu belirlenmişlerdir. Yaptığımız çalışmada “Paviot” un birinci intronunda 354 bp ikinci intronunda 900 bp büyüklüğünde bantlar elde edilerek SCS2 alelleri belirlenmiştir. “Levent” çeşidinde ise PCR ürünlerinin elektroforez işlemi sonucunda elde ettiğimiz bantlara ve PCR ürünlerini ABI3500 cihazına yükleyerek elde ettiğimiz pik büyüklüklerine bakarak birinci intronunda 424 bp ikinci intronunda 1300/1700 bp lar elde edilerek bu genotipinde S6S11 alelleri tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda “Paviot” SCS2 allelini aynı şekilde belirlendiği ancak “Levent” çeşidin de ise belirlenen S52 ve belirlenemeyen SX alellerin de rastlanmamıştır bu da kendine uyşma durumunun kayıslarda oldukça karmaşık olduğunu göstermektedir.

Yılmaz (2008) yaptığı çalışmada Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan 96 kayısı genotipinde uyşma (Sc) alelini belirlemek amacıyla S allel spesifik PCR uygulamalarının

gerçekleştirildiği bir çalışmada 96 genotipten 33 tanesinde (“07-K-11”, “07-K-09”, “07-K-01”, “Abuzer Gülen”, “07-K-15”, “07-K-14”, “12-Kadioğlu”, “Seftalioğlu”, “Tokaloğlu Yalova”, “Turfanda Eski Malatya”, “GÜ-13”, “Kayseri (PA)”, “İmrahor”, “GÜ-8”, “92-58-01”, “Mektep”, “Ethembey”, “Turfanda İzmir”, “Alioğlu-49”, “Adilcevaz-1”, “Alyanak”, “Çöloğlu”, “Tevfik Yıldırım”, “Karacabey”, “Yerli İzmir”, “GÜ-50”, “Mehmet Yüksel 1860”, “Çekirge 52”, “Kayısı Eriği”, “Hacıkız”, “92-58-02”, “Yeğen Eski Malatya”, “Çanakkale”) Sc tespit edildiği bildirilmiştir.

Yaklaşık 15–20 yıl öncesine kadar kayısıda 3–5 çeşidin kendine uyuşmaz olduğu bilinmekle birlikte son yıllarda yapılan araştırmalarda kayısıda uyusmazlık durumunun sanıldığından çok daha fazla çeşitte var olduğu yapılan moleküler çalışmalarda ortaya konmuştur.

Pedryc ve ark., (2006), kökenleri farklı kayısı çeşitleriyle 2 primer kullanarak gerçekleştirdikleri S allel spesifik PCR uygulamaları sonucunda ; Amerika, Orta Asya ve Avrupa kökenli çeşitlerde keşfedilen yeni 3 S aleli (S17, S18, S19) ortaya çıkarmışlardır. Sonuç olarak Çin orijinli kayısı çeşitlerinde en fazla s allel varyasyonu görülmüştür. Araştırmacılar 7 aleli (S9, S10, S12, S13, S15, S17 ve S18) klonlamışlardır. Yaptığımız bu çalışmada keşfedilen yeni 3 (S17, S18, S19) S allelinden sadece S19 allelini (“Castelbrite”, “**Ordubat Benzeri**” , “92.23.01” , “Erivan”, “10” , “Proyma”, “2240-Şekerpare”, “93.22.02”, “Sakit 4”, “2 “ve “1344”) 11 çeşitte tespit edilmiştir.

Zhang ve ark. (2008), Çin’de yetiştirilen 16 kayısı çeşidinin S genotipleri *Rosaceae* S RNaz genlerinin korunmuş C2 ve C3 bölgelerini temel alan bir primer kombinasyonu kullanılarak S alel spesifik PCR yöntemiyle saptanmıştır. Araştırmacılar bu primer kombinasyonlarını kullanılarak 12 S RNaz aleli belirlemişlerdir. Buna göre genotiplerde 647 bp S9, 266 bp S10, 464 bp S11, 360 bp S12, 401 bp S13, 492 bp S14, 469 bp S15, 481 bp S16, 487 bp S17, 1337 bp S 18, 546 bp S19, 1934 bp S20 alellerinin varlığı tespit edilmiştir. Yapılan DNA dizileme işlemleri neticesinde elde edilen baz dizileri gen bankasında taranmış ve S11 ile S20 arasındaki 10 alelin yeni S alelleri olduğu tespit edilmiştir.

241 kayısı çeşit ve tipte belirlediğimiz S alellere bakarak belirlenen bu 12 S alellerinden S9 (%7), S11 (%5), S12 (%5), S13 (%7) ,S19 (%3) ve S20 (%3) oranında

bulunduğu tespit edilmiştir. Ancak S10, S14 , S15, S16 ,S17 , S18 allellerinin varlığı çalıştığımız 241 kayısı çeşit ve tipte rastlanmamıştır.

Xu ve ark., (2010), Çin’de yetişen 24 *Prunus mume* çeşidinde S allellerini belirlemek için yaptıkları bir çalışmada allel spesifik PCR ve DNA dizileme teknikleri kullanmışlardır. Çalışmada 10 tane yeni S RNaz aleli belirlenmiş ve S17, S18, S19, S20, S21, S22, S23, S24, S25 ve S26 allelleri gen bankasına kaydedilmiştir. Çalışma sonucunda *Prunus mume* türünde S RNaz’ın yüksek oranda polimorfik olduğu rapor edilmiştir. Yaptığımız bu çalışmada 241 çeşit ve tipte sadece S19,S20,S22 allerine sırasıyla 11, 12, ve 1 tane belirlenmiştir.

Ossama ve ark., (2013), Fas'taki farklı ekosistemlerinden yerel kayısıların (*Prunus armeniaca* L.) S-lokusun da ki genetik çeşitlilik ve S-allellerinin diğer bölgelerle görülme sıklığı karşılaştırılmış, sonucunda 55 kayısı çeşitlerinin S genotiplerine bakılarak 37 tanesinin kendine uyuşur olduğu belirlenmişlerdir. Burada en sık görülen SC aleli olduğu daha sonra S13, S7, S11, S2, S20, S8 ve S6 olarak tespit etmişlerdir. Yaptığım çalışmada ise %16 oranından en yüksek oranla SC aleli olduğu daha sonra S8 %11, S2 %10, S3 %10, S7 %10 oranında takip etmekte olduğu belirlenmiştir.

Murathan ve ark., (2016), çalışmasında, Fransız yerel çeşitlerinden biri olan Paviot'tan türetilmiş 77 tane F1’lerin S-allelleri ve Türkiye kayısı çeşitlerinden biri olan Kabaası, S-RNaz intron bölgeleri polimeraz zincir reaksiyonu ile tanımlanmış ve Paviot dışı ebeveyninin ScS2 genotipine sahip olduğunu ve Kabaası erkek ebeveyni S1S9 allellere sahip olduğunu ortaya çıkarmışlardır. S allellerini belirlediğimiz bu çalışmada ise Kabaası çeşidinin birinci intronu 200/378 bp ve ikinci intronunda 500/1250 bp büyüklüğün de tespit edilerek Avrupa kayısılarından tanımlanan S9S13 allelleri belirlenmiştir.

Gürcan ve ark., (2016) ,da yaptığı çalışmasında 90 tane kayısı çeşidinin 85 tanesinde Avrupa kayışlarında da tanımlı 9 adet S alleli belirlenmiş, Tokalog’lu’’ ve ‘‘Tokalog’lu Erzincan’’ çeşitlerinde ise daha önce tanımlanmamı 1200 bp büyüklüğünde agoroz jelde bir görüntü elde etmişlerdir. Yapılan bu çalışmada kendine uyumsuzluk S8 aleli ve S8 allelin kısmi mutantı olan SC allelini belirlemek için kullanılan AprSC8 primer çiftini kullanarak 42 kayısı çeşidinde 550 bp, 12 tanesinde 400 bp ve 3 tanesin de ise 600 bp büyüklüğünde bant görüntüsü elde etmişlerdir.

Sara ve ark., (2018), Bu çalışmada, farklı üreme programlarından ve ülkelerden gelen geleneksel ve yeni geliştirilen çeşitler dahil olmak üzere 92 kayısı çeşidinin bir grubunun S-allellerinin PCR analizi ile belirlenmiş. Sonuç olarak çeşitlerin yaklaşık yarısı (47) kendine uyuşur ve diğer 45 kendiyile uyuşmaz olarak belirlemişlerdir.

Elde edilen sonuçlar ile literatür sonuçları karşılaştırıldığında çalışmalar arasında farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. 2010 yılında Halasz'ın yaptığı bir çalışmada SC' nin S8 allelinin bir mutanıtı olduğunu tespit etmişlerdir. Kullanılan pirimerlerden SRC-R ve SRC-F bu iki alleli bir birinden ayırt edemediğini belirlemişlerdir. Yapılan çalışmalarda bu sorunu çözmek için (AprFBC8) primer çiftinden faydalanmışlardır. Jie (2005) ile Chen (2006) yaptıkları çalışmada bazı kayısı genotiplerin uyuşmazlık alleli taşımasına rağmen arazi çalışmalarında kendine uyuşur bireyler gibi davrandığını bildirmişlerdir. Kendine uyuşur olarak bilenen bazı genotiplerin kendileme çalışmalarında sonuç elde edemediklerini rapor etmişlerdir. Kendine uyuşma durumunun kayıslarda oldukça komplike olduğu araştırmacılar tarafından bildirilmiştir.

4.1.1. S-Rnase ve SFB Geninin Dizi Analiz Karşılaştırılması

Bu çalışmada Hacıhaliloglu, Ordubatbenzeri, Stark Early Orange ve Zard kayısı çeşitlerin **S-RNaz ve SFB'** leri belirlenmiştir. Genotiplerin S-RNaz ve SBF genleri, diğer *Prunus* da bulunanlarla tipik özellikleri göstermişlerdir. Romero (2004) yaptığı çalışmasında kayısı S-RNaz genlerinde RHV alanının yüksek değişkenliğe sahip olduğunu bildirmiştir. F-box motifi N-terminal bölgesinde bulunmuş ve tüm *Prunus* SFB genleri arasında korunmuştur. İkeda (2004), Romero (2004) yaptıkları bir çalışmada belirlenen bölgeler arasında HVa, HVb'nin C-terminal bölgesinde yer aldığını ve değişken bölgelerin SFB genlerine dağılmış olsa da, değişken alanların esas olarak C-terminal bölgesinde bulunduğunu bildirmişlerdir. Yaptığımız bu çalışmada **S-Rnase ve SFB'** lerin belirlenmesi dizi çeşitliliği zenginleştirir ve *Rosaceae'deki* S-RNase ve SFB genlerinin daha geniş bir filogenetik analizlerin yapılmasına katkıda bulunacaklardır.

Vilanova ve ark., (2005), 16 kayısı genotipi ile yaptıkları bir çalışmada 2 primer kombinasyonu kullanarak S alel spesifik PCR uygulaması gerçekleştirmişlerdir. Yapılan PCR ve dizileme işlemlerinden sonra sonuç olarak kayısı genomunda C1 ve C2 S RNase korunmuş bölgelerinin olduğunu gözlemişlerdir.

Wu ve ark., (2009) ,yaptıkları bu çalışmada 14 yerli Çin kayısı çeşidinin S-genotiplerini belirlemek için, Prunus S-RNase ve SFB konsensüs dizilerinden tasarladıkları primerler kullanılarak PCR yapmışlardır. Çalışma sonucunda Sekiz yeni S-RNaz aleli için çıkarılan amino asit dizisi P. armeniaca'da % 66.4 - 100 iken, SFB alellerinin benzerliği % 73.7 - 98.6 olduğunu rapor etmişlerdir. Yaptığımız kaliteli DNA dizi analizinden sonra Hacihaliloğlu, Ordubatbenzeri, Stark Early Orange ve Zard kayısı çeşitlerinde belirlenen S-RNaz ve SFB' lerin NCBI ' da kayıtlı *Prunus armeniaca* S-RNaz genlerine benzerliği en düşük %79.98 en yüksek % 94.55 oranında iken SFB benzerliği en düşük %84.61 en yüksek %92.35 arasında olduğu tespit edilmiştir.

Bu yüksek lisans tez çalışmasında daha öncede dizilenmiş olan Hacihaliloğlu'nu referans alınarak Ordubatbenzeri, Stark Early Orange ve Zard kayısı çeşitlerinin yüksek kapasiteli DNA dizileme analizi yapılmıştır. Erciyes üniversitesi Ulusal Kayısı Genetik Kaynakları Bahçesinde yer alan 241 kayısı çeşit ve tipin 69 tanesi kendine uyuşur 172 tanesinde kendine uyuşmaz olarak belirlenip S allel profilinin çıkartılmıştır. 241 kayısı çeşit ve tiplerinde 13 farklı S alleli tespit edilmiştir [SC (%16), S2 (%10), S3 (%10), S6 (%7), S7 (%10), S8 (%11), S9 (%7), S11 (%5), S12 (%5), S13 (%7) ,S19 (%3), S20 (%3) ve S22 (%1)], S allellerinin % 5'i ise Avrupa kayısılarında tanımlanan 20 adet S allelinden farklı olduğu için tanımlanamamıştır. Bu çeşit ve tiplerde SC (71), S2 (45), S3 (42), S6 (32), S7 (42), S8 (46), S9 (32), S11 (20), S12 23), S13 (30) ,S19 (11), S20 (12) ve S22 (1) tane belirlenmiştir bunlara ek olarak SX1(19), SX2(6) tane bilinmeyen allell tespit edilmiştir. Yüksek kapasiteli DNA dizileme analizi yapılan bu 4 çeşitte (Hacihaliloğlu'nu Ordubatbenzeri, Stark Early Orange ve Zard) S-RNaz ve SFB allelleri tanımlanmıştır. Bu sonuçlara göre S-lokus gen yapısının diğer Prunus türlerinde bildirilenlere benzer olduğunu gösterilmiştir. Dört çeşitte belirlenen nükleotid dizilerinin uzunluklarındaki allel boyları ile PCR çalışma sonucunda belirlenen allel boyları arasındaki farklılıkların primerlerin bağlanma bölgelerinin polimorfiklik göstermesinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Kayısındaki S-RNaz ve SFB alellerinin tanımlanması, Prunus'taki gen ürünlerinin, primer yapılarının daha net bir görüntüsünün elde edilmesi ve Prunus cinsindeki GSI bileşenlerinin filogenetik ilişkilerinin derinlemesine çalışılması için değerli bilgiler sağlamaktadır. Dahası, S-lokus genlerinin doğru karakterizasyonu, kayısıda çok erken aşamalarda ıslah çalışmalarında ebeveynlerin belirlenmesinde veya yeni çeşitlerin S-genotiplerini belirlemek için spesifik PCR primerlerin gelişmesine olanak sağlayacaktır.

KAYNAKÇA

1. Abacı, Z.T., 2011. Bazı Kayısı Genotiplerinde Eşeyssel Uyuşmazlık Durumlarının Arazi Koşullarında ve Moleküler Tekniklerle Araştırılması, **İnönü Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü**, Doktora Tezi, Malatya.
2. **Asma, B. M., 2000.** Kayısı Yetiştiriciliği, Evin Ofset. Malatya.
3. Williams RR ., 1970. The effect of supplementary pollination on yield. In: R.R. Williams, R.R. Wilson (Eds.), Towards Regulated Cropping. **Grower Books, London, UK**, pp. 7–10.
4. Özçağırın R., 1989. Meyve ağaçlarında tozlanma olayı ve tozlayıcı böcekler. **Ege Üniversitesi Ziraat Dergisi**, **26**: 265-273.
5. Meneses, C., A. Orellana., 2013. Using genomics to improve fruit quality. **Biological research**, **46**: 347-352.
6. Arumuganathan, K., E. Earle., 1991. Nuclear DNA content of some important plant species. **Plant molecular biology reporter**, **9**: 208-218.
7. Özçağırın, R., Ünal, A., Özeker, E., İsfendiyaroglu, M., 2004. Ilıman İklim Meyve Türleri Sert Çekirdekli Meyveler, Cilt 1, **Ege Üniversitesi Basımevi**, 67, 92, Bornova, İzmir.
8. L. Burgos, O. Pe´rez-Tornero, J. Ballester, E. Olmos., 1998. Detection and inheritance of stlyar ribonucleases associated with incompatibility aleles in apricot. **Sexual Plant Reproduction**, **11**: 153-158.
9. Jie, Q., Shupeng, G., Jixiang, Z., Manru, G., Huairui, S., 2005. Identification of Self-Incompatibility Genotypes of Apricot (*Prunus armeniaca* L.) by S-allele-specific PCR Analysis. **Biotechnology Letters**, **27**: 1205-1209.
10. Y. Akman., 2010. Botanik “Bitki Biyolojisi”, **Palme Yayıncılık**. Ankara.
11. M. Cresti, F. Ciampolini, E. Pacini, G. Sarfatti., B. Donini., 1976. Ultrastructural features of *Prunus avium* L. pollen tube in vivo I. the compatible pollen tube. **Caryologia**, **32**: 433–440.
12. M. Cresti, F. Ciampolini., S. Sansavini., 1980. *Ultrastructural and histochemical features of pistil of Malus Communis: The stlyar transmitting tissue.* **Scientia Horticulturae**, **12**: 327–337.

13. S.F. Anavari R. Stösser., 1978. Study of pollen tube growth and state ovules in sour cherries under the fluorescent microscope. **Mit. Klosterneuburg Rebe und Wein Obstbau and Früchteverwertung**, **28**: 28–30.
14. J.Rodrigo., M. Herero., 2002. The onset of fruiting in apricot (*Prunus armeniaca* L.).**Journal of Applied Botany**,**76**: 13-19
15. D. Bradbury., 1929. A comparative study of the developing and aborting fruits of *Prunus cerasus*. **American Journal of Botany**, **16**: 525–542
16. M. Ünal., 2006., Bitki (Angiosperm) Embriyolojisi. Nobel Yayınları.
17. S. Ağaoğlu, H. Çelik, M. Çelik, Y. Fidan, Y. Gülsen, A. Günay, N. Halloran, İ. Köksal., R. Yanmaz., 2001. Genel Bahçe Bitkileri, **Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Eğitim, Arastırma ve Gelistirme Vakfı Yayınları, Ankara**, 56.
18. S. Bozcuk., 2009. Genel Botanik. Hatiboğlu Yayınevi, Ankara.
19. S. Sehirali., 2002. M. Özgen, Bitki Islahı, Ankara, 67-68.
20. P. Maheswari., 1950. An Introduction to the Embryology of Angiosperms. **Mc. GRAW –HILL Book Comp. Inc. New York**.
21. M. Ayfer., 1967. Antepfıstığında megasporogenesis, megagametogenesis, embriyogenesis ve bunlarla meyve dökümleri arasındaki münasebetler. **Tarım Bakanlığı Teknik Kitap**, No: 414, Dizergonca Matbaası, İstanbul.
22. R. Stösser., J. Neubeller., 1980. Vrandierungen von kahlenhydraten in den griffen von kirschenblüten. **Gartenbauwissenschaft**, **45**: 97–101.
23. **<http://www.biyolojidersnotlari.com/bitkilerde-cicek-yapisi-tozlasma-dollenme-tohum-ve-meyve-olusumu.html> (E.T.01.05.2019)**
24. S. Özbek., 1989. Genel Meyvecilik. Çukurova Üniv. Ziraat Fak. Yay. No:21, Adana.
25. M. N. Westwood., Temperate-Zone Pomology., W. H. Freeman ., Company San 1978. **Francisco, USA**.

26. B. M. Asma.,2008. Determination of pollen viability, germination ratios and morphology of eight apricot genotypes, **African Journal of Biotechnology**, **7**: 4269-4273.
27. **J.M. Legave., 1978.** Essais d'interpretation de necrose florales avant la floraison chez l'abricoiter en relation avec une etude des besoins en froid des bourgeons pourla levee de dormance. **Annales de Amelioration des Plantes**, **28**: 593-607.
28. J.H. Brewbaker., 1957. Pollen cytology and self incompatibility systems in plant. **Journal of Heredity**, **48**: 271-277.
29. J. Heslop-Harrison., 1975. Incompatibility and the pollen-stigma interaction, **Annual Review of Plant Physiology**, **26**: 403-425.
30. E.G. Williams., A.E. Clarke., R.B. Knox., 1994. Genetic control of selfincompatibility and reproductive development in flowering plants, advanced in cellular and molecular biology of plants. **Kluwer Academic, Dordrecht**.
31. McClure, B.A., Ebert, P.R., Anderson, M.A., Simpson, R.J., Sakiyama, F., Clarke, A.E., 1989. Style self incompatibility gene products of *Nicotiana glauca* are ribonucleases. **Nature**, **342**: 955-957.
32. Jahnen, W., Batterham, M.P., Clarke, A.E., Moritz R.L., Simpson, R.J., 1989. Identification, isolation and N-terminal sequencing of style glycoproteins associated with self-incompatibility in *Nicotiana glauca*. **The Plant Cell**, **1**: 493-499.
33. Vilanova, S., Romero, C., Llacer, G., Badenes M.L., 2005. Identification of self incompatibility aleles in apricot by PCR and sequence analysis, **Journal of America Society for Horticultural Science**, **130**: 893-898.
34. Iqbal B. and Kohn, J.R., 2001. Evolutionary relationships among self-incompatibility RNases. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, **98**: 13167-13171.
35. Sonneveld, T., Tobutt, K.R. and Robbins, T.P., 2003. Alele-specific PCR detection of sweet cherry self-incompatibility (S) aleles S1 to S16 using consensus and alele-specific primers. **Theoretical and Applied Genetics**, **107**: 1059-1070.

36. Sonneveld, T., Robbins T.P. and Tobutt K.R., 2006. Improved discrimination of self-incompatibility S-RNase alleles in cherry and high throughput genotyping by automated sizing of first intron polymerase chain reaction products. **Plant Breeding**, **125**: 305-307.
37. Anderson, M.A., Ebert, P.R., Altschuler M. and Clarke, A.E., 1989. Molecular genetics of self incompatibility in flowering plants. in plant reproduction: from floral induction to pollination, **The American Society of Plant Physiologists Symposium Series**.
38. Bassi, D., Viti, R., Bartolini, S., 2005. Recent advances on environmental and physiological challenges in apricot growing. Proceedings of The XIIIth International Symposium on Apricot Breeding and Culture. **Acta Horticulturae**, **717**: 23-31.
39. R. Boskovic and K. R. Tobutt., 1996. Correlation of stlyar ribonuclease zymograms with incompatibility alleles in sweet cherry. **Euphytica**, **90**:(1996), 245-250.
40. Halasz, J., Pedryc, 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):410-417.
41. Lewis D. and Crowe L. K., 1954. The induction of self-fertility in tree fruits. **The Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, **29**: 220-225.
42. Lansari, A., Lezzoni, A., 1990. A preliminary analysis of self incompatibility in sour cherry. **HortScience**, **25**: 1636–1638.
43. Halasz, J., Pedryc A. and Hegedus, A., 2007. Origin and dissemination of the pollen-part mutated Sc haplotype that confers self-compatibility in apricot (*Prunus armeniaca*). **New Phytologist**, **176**:793–803.
44. Vilanova, S., Badenes, M.L., Burgos, L., Martinez-Calvo J., 2006. G. Llacer and C. Romero. Self-compatibility of two apricot selections is associated with two pollenpart mutations of different nature. **Plant Physiology**, **142**:629–641.
45. Garber, M., Grabherr, M.G., Guttman, M. and Trapnell, C. 2011. Computational methods for transcriptome annotation and quantification using RNA-seq. **Nature Methods**, **8**; 469-477.

46. Quail, M. A., Smith, M., Coupland, P. ve ark. (2012). A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. **BMC genomics**, **13**; 341.
47. Liu, L., Li, Y., Li, S. ve ark. (2012). Comparison of next-generation sequencing systems. **BioMed Research International**.
48. Mardis, E.R. 2008. Next-Generation DNA Sequencing Methods. **Annual Review of Genomics and Human Genetics**, **9**; 387-402.
49. Yılmaz, K.U., 2008. Bazı Yerli Kayısı Genotiplerinin Fenolojik, Morfolojik ve Pomolojik Özellikleri ile Genetik İlişkilerinin ve Kendine Uyuşmazlık Durumlarının Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi, **Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü**, Doktora Tezi, Adana.
50. Aşkın, A., 1989. Meyvecilikte Soğuklama İhtiyacı ve Ekolojik Koşullar İle Pazar İsteklerine Uygun Olarak Çeşit Seçimi. TYUAP **Ege-Marmara Dilimi Toplantısı. ETAE-Menemen**, İzmir
51. Burgos, L., Berenguer, T., Egea, J., 1993. Self and Cross Compatibility Among Apricot Cultivars. **HortScience**, **28** (2):148-150.
52. Bolat, I., Gülerüz, M., 1993. Selection of Late Maturation Wild Apricot (*P.armeniaca* L.) Forms on Erzincan Plain. **ISHS, Xth International Symposium on Apricot Culture, Izmir / Turkey. Acta Hort**, **384**:183-187.
53. Karyiannis., A. Tsaftaris., 1999. Investigation on the inheritance of selfincompatibility in apricot (*Prunus armeniaca* L.) among F1 generation descendant. **Acta Horticulturae**, **488**: 295-301.
54. M.L. Badanes, M.A. Hurdato, F. Sanz, D.M. Archelos, L. Burgos, J. Egea, G. Llacer., 2000. Searching for molecular markers linked to male sterility and selfcompatibility in apricot. **Plant Breeding**, **119**: 157-160.
55. R. Tao, T. Habu, H. Yamane, A. Sugiura, K. Iwamoto. Molecular markers for self-compatibility in Japanese apricot (*Prunus mume*). **HortScience**, **35**:(2000), 1121-1123.
56. R. Tao, T. Habu, A. Namba, H. Yamane, F. Fuyuhiko, K. Iwamoto, A. Sugiura., 2002. Inheritance of Sf-RNase in Japanese apricot (*Prunus mume*) and its relation to self-compatibility. **Theoretical and Applied Genetics**, **105**:222–228.

57. N. Albuquerque, J. Egea, O. Pe´rez-Tornero, L. Burgos., 2002. Genotyping apricot cultivars for self-(in)compatibility by means of RNases associated with S alleles. **Plant Breeding**, **121**: 343-347.
58. S. Vilanova, C. Romero, D. Abernathy, A.G. Abbott, L. Burgos, G. Llacer., M.L. Badenes., 2003. Construction and application of a bacterial artificial chromosome (BAC) library of *Prunus armeniaca* L. for the identification of clones linked to the self incompatibility locus. **Molecular Genetics and Genomics**, **269**:685–691.
59. Yamane, H., Ushijima, K., Sassa H. and Tao R., 2003. The use of the S haplotype-specific F-box protein gene, SFB, as a molecular marker for S-haplotypes and self-compatibility in Japanese apricot (*Prunus mume*). **Theoretical and Applied Genetics**, **107**: 1357–1361.
60. Sutherland, B.G., Robbins, T.P., Tobutt, K.R., 2004. Primers amplifying a range of *Prunus* S-alleles. **Plant Breed**, **123**: 582–584.
61. Ikeda K, Igc B, Ushijima K, Yamane H, Hauck NR, Nakano R, Sassa H, Iezzoni AF, Kohn JR, Tao R.,2004. Primary structural features of the S haplotype-specific F-box protein, SFB, in *Prunus*. **S. Plant Reprod**, **16**: 235–243.
62. Romero, C., Vilanova, S., Burgos, L., Martinez-Calvo, J., Vicente, M., Llacer, G., Badenes, M.L., 2004. Analysis of the S-locus structure in *Prunus armeniaca* L.: Identification of S-haplotype specific S-RNase and F-box genes. **Plant Mol. Biol**, **56**:145–157.
63. Halasz, J., Hegedus, A., Herman, R., Stefanovits-Banyai, 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.
64. A. Pedryc, J. Halasz, R. Herman, M. Toth, E. Stefanovits-Banyai, A. Hegedős., 2006. Gyümölcsfáink termékenyülése a XXI. Századi nemesítési célok tükrében. **XII. Növénynemesítési Tudományos Napok, Budapest**, 36.
65. Chen, X., Wu, Y., Chen, M., He, T., Feng, J., Liang, Q., Liu, W., Yang, H., Zhang, L., 2006. Inheritance and Correlation of Self-compatibility and Other Yield Components in the Apricot Hybrid F1 Populations. **Euphytica**, **150**: 69-74.

66. Pedryc, A., 2008. How To Do Apricot Breeding and Research Work at A Small Department in A Big University. **XIV. International Symposium on Apricot Breeding and Culture**, 16-20 June 2008, Matera (Italy), Abstracts Book.
67. J. Halasz, A. Pedryc and A. Hegedus., 2008. The self-incompatibility locus of apricot helps to clarify several evolutionary aspects, **Proceedings of the fourteenth international symposium on apricot breeding and culture**, Matera/Italy, 2008.
68. L.J. Zhang, X.S. Chen, X.L. Chen, C.Y. Zhang, X.L. Liu, Z.J. Ci, H. Zhang, C.J. Wu, C.Q. Liu., 2008. Identification of self-incompatibility (S-) genotypes of Chinese apricot cultivars. **Euphytica**, **160**: 241–248.
69. J. Wu, C. Gu, S. L. Zhang, S. J. Zhang, H. Q. Wu., W. Heng., 2009. Identification of S-haplotype-specific S-RNase and SFB alleles in native Chinese apricot (*Prunus armeniaca* L.), **The Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, **84**:6, 645-652.
70. Feng, J.R., Chen, X.S., Yuan, Z.H., Zhang, L.J., Ci, Z.J., Liu, X.L., Zhang, C.Y., 2009. Primary molecular features of self-incompatible and self-compatible F1 seedling from apricot (*Prunus armeniaca* L.) Katy × Xinshiji. **Molecular Biology Reports**, **36**: 263–272.
71. Marti, A.F., Hanada, T., Alonso, J.M., Yamane, H., Tao, R., Company, R.S., 2010. The almond Sf haplotype shows a double expression despite its comprehensive genetic identity. **Scientia Horticulturae**, **125**: 685–691.
72. Halasz, J., Fodor, A., Pedryc, A., Hegedus. A., 2010. S-genotyping of Eastern European almond cultivars: Identification and characterization of new (S36-S39) self-incompatibility ribonuclease alleles. **Plant Breeding**, **129**:227–232.
73. 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**:459–463.
74. Bassi, D., Bartolini, S., Viti, R., 2006. Recent Advances on Environmental and Physiological Challenges in Apricot Growing. **Acta Horticulturae**, **717**: 23-32.

75. J. Wu, C. Gu, Y.H. Du, H.Q. Wu, W.S. Liu, N. Liu, J. Lu and S.L. Zhang. *Selfcompatibility of 'Katy' apricot (Prunus armeniaca L.) is associated with pollenpart mutations. Sexual Plant Reproduction, 24:(2011), 23–35.*
76. Gu, C., Wu J., Yang, Y.N., Two Different Prunus SFB Alleles Have the Same Function in the Self-incompatibility Reaction Zhang College of Horticulture, **Nanjing Agricultural University, No. 1 Weigang Rd. Nanjing, 210095, Jiangsu Province, People's Republic of China.**
77. Ossama K., Attila H., Rafel S., Company, and Júlia H., 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, 13:196-202.**
78. Pei-Pei W., Zhi-Hong G., Zhao-Jun N., Zhen Z., Bin-Hua C., 2013., Self-compatibility in 'Zaohong' Japanese apricot is associated with the loss of function of pollen S genes. **Mol Biol Rep, 40:6485–6493.**
79. Zehra ,T.M., Salih K., Bayram M.A., 2016. Inheritance of S-genotypes in Paviot × Kabaasi apricot F1 progenies, **Biotechnology &Biotechnological Equipment**, DOI: 10.1080/13102818.2016.1199288.
80. K. Gurcan., S. Teber., S.i Ercisli., K.U. Yilmaz,. 2016. Genotyping by Sequencing (GBS) in Apricots and Genetic Diversity Assessment with GBS-Derived Single-Nucleotide Polymorphisms (SNPs). **Biochem Genet, 54:854–885.**
81. Sara H., Jorge L., José, I., Hormaza, Maria, H., Javier, R., 2018. Optimizing Production in the New Generation of Apricot Cultivars: Self-incompatibility, S-RNase Allele Identification, **and Incompatibility Group Assignment, 42:8565–6912.**

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı: Muhammed Ali KÖSE
Uyruğu: Türkiye (T.C)
Doğum Tarihi ve Yeri: 07.04.1993
Medeni Durum: Bekar
e-mail: muhammedkoseali@gmail.com
Yazışma Adresi: Erciyes Üniversitesi Betül Ziya EREN Genom Ve Kök Hücre Merkezi

EĞİTİM

Derece	Kurum	Mezuniyet Tarihi
Yüksek Lisans	Erciyes Üniversitesi, Tarımsal Biyoteknoloji	2019
Lisans	Erciyes Üniversitesi, Tarımsal Biyoteknoloji	2016
Lise	Argıncık Mesleki ve Teknik Anadolu Lisesi, Kayseri	2011

YABANCI DİL

İngilizce

PROJELER

- MUHAMMED ALİ KÖSE** (Yürütücü) 2209-A Üniversite Öğrencileri Araştırma Projeleri Destek programı (kayısı'da polimorfik SSR/mikrosallit primerlerin geliştirilmesi)
- MUHAMMED ALİ KÖSE** (Bursiyer) 2542 - Shotgun DNA Dizileme ile Kayısı Tüm Genom Fiziksel Harita (Genom) Analizi ve RNAseq Transkriptom Profilleme Yoluyla Kayısı Tüm Gen Setinin Anotasyonu
- MUHAMMED ALİ KÖSE** (Bursiyer) PROJE NO: 1180548- Endemik Plum Pox Virüsü (PPV) Dideron, Marcus, ve Rec İzolatlarında Ful Genom,

Rekombinasyon, Filogenetik Analizler ve Yeni Irkların Önerilmesi İle PPV-T
İrkinda Konukçu ve Patajonite Analizleri

YAYINLAR

1. **Köse M. Ali.**, Çetinsay N., Gürcan Kahraman (2017). "De novo transcriptome assembly and SSR marker development in apricot (*Prunus armeniaca*)", Turkish Journal Of Agriculture And Forestry, vol.41, pp.305-315.
2. Gürcan Kahraman, Mehlenbacher Shawn, **Köse Muhammed Ali**, Balık Hüseyin (2017). Population structure analysis of European hazelnut (*Corylus avellana*). Acta horticulture. ISHS A. Hort. 1226: [10.17660/ActaHortic.2018.1226.12](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1226.12)
3. **Köse Muhammed Ali**, Gürcan Kahraman (2017). Genetic characterization in local Hazelnut (*CorylusAvellana*) accessions of Hizan in Turkey. Acta horticulture. ISHS A. Hort. 1226: [10.17660/ActaHortic.2018.1226.14](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1226.14)
4. **Köse Muhammed Ali**, Gürcan Kahraman (2017). Genetic diversity and genetic comparison of Hazelnuts (*Corylus avellana*) of Kayseri province of Turkey to major accessions of Azerbaijan,Georgia, Italy, Spain, and Turkey. Acta horticulture. ISHS A. Hort. 1226: [10.17660/ActaHortic.2018.1226.13](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1226.13)

SEMPOZYUM VE KONGRELER

- 1) **Köse, M.A.**, Gürcan, K., Çetinsay N., 2016. Polymorphic Expressed Sequence Tag Simple Sequence Repeat EST SSR Markers in Apricot. III International Symposium on Horticulture in Europe - SHE2016. 17-21 October, 2016, Chania, Crete (Greece). Abstract book, P.
- 2) **Köse, M.A.**, Gürcan, K., Mehlenbacher S., Balık H., 2017. Population structure analysis of European hazelnut (*Corylus avellana*). IX International Congress on Hazelnut Samsun, Turkey 15-19 August, 2017. Abstract book, P.
- 3) **Köse, M.A.**, Gürcan, K., 2017. Genetic characterization in local Hazelnut(*CorylusAvellana*) accessions of Hizan in Turkey. IX International Congress on Hazelnut, Samsun, Turkey 15-19 August, 2017 Abstract book, P.

- 4) **Köse, M.A.**, Gürcan, K., 2017. Genetic diversity and genetic comparison of Hazelnuts (*Corylus avellana*) of Kayseri province of Turkey to major accessions of Azerbaijan, Georgia, Italy, Spain, and Turkey. IX International Congress on Hazelnut, Samsun, Turkey 15-19 August, 2017. Abstract book, P
- 5) **Köse M.A.**, Çetinsığ, N., Canbulat, O., Gürcan K., 2018. Pakistan Kayısıları (*Prunus armeniaca*) S lokusu allellerinin Türkiye kayısıları ile karşılaştırılması. Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi *1. Bitki Islahı ve Genetiği Öğrenci Kongresi Niğde (Tukey)*, Özet Kitapçığı ss 25
- 6) Canbulat, O., Çetinsığ, N., **Köse, M.A.**, Gürcan, K., 2018. Goji berry 'de in vitro Bitki Rejenerasyon Protokolünün Oluşturulması. Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi *1. Bitki Islahı ve Genetiği Öğrenci Kongresi Niğde (Tukey)*, Özet Kitapçığı ss 25
- 7) Çetinsığ, N., Canbulat, O., **Köse, M.A.**, Gürcan, K., 2018. Yerel Kayısı (*Prunus armeniaca*) Popülasyonlarında Plum Pox Virüsü Dayanıklılığı ve Kendine Uyuşmazlığın Moleküler Markörler ile Belirlenmesi. Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi *1. Bitki Islahı ve Genetiği Öğrenci Kongresi Niğde (Tukey)*, Özet Kitapçığı ss 20
- 8) Çetinsığ, N., Canbulat, O., **Köse, M.A.**, Teber, S., Caymaz, F., Gürcan, K., 2018. Türkiye Kayısı (*Prunus armeniaca*) Germplasm'ında Plum pox virüs'üne Dayanıklı Yeni Kayısı Çeşitleri. *Türkiye VII. Bitki Koruma Kongresi (Uluslararası Katılımlı), 14-17 Kasım 2018, Muğla, Türkiye*, Özet Kitapçığı ss 109