



**İĞDIR'DA YETİŞEN YEREL ŞEFTALİ
GENOTİPLERİNİN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİNİN
BELİRLENMESİ**

Serap DEMİREL
Yüksek Lisans Tezi

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI
I. Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Mücahit PEHLUVAN
II. Danışman: Prof. Dr. Rafet ASLANTAŞ
2018

**T.C.
IĞDIR ÜNİVERSİTESİ**

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**IĞDIR'DA YETİŞEN YEREL ŞEFTALİ GENOTİPLERİNİN GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ**

Serap DEMİREL

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

IĞDIR

2018

Her hakkı saklıdır

Dr. Öğr. Üyesi Mücahit PEHLUVAN ile Prof. Dr. Rafet ASLANTAŞ'ın ortak danışmanlığında Serap DEMİREL tarafından hazırlanan bu çalışma .31.08.2018..... tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından oybirliği/~~oy çokluğu~~ ile Bahçe Bitkileri Anabilim Dalında Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Prof. Dr. Rafet ASLANTAŞ...İmza:

Üye: Doç. Dr. Süleyman TEMEL...İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Mücahit PEHLUVAN...İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Ayten EROĞLU...İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Mustafa Kenan GECER...İmza

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulunun 04. / 12 /2018 tarih ve 2018/ 189 sayılı kararı ile onaylanmıştır.

(İmza)

Doç. Dr. Süleyman TEMEL

Enstitü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada orijinal olmayan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Serap DEMİREL



Bu çalışma İğdır Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Merkezi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 2017-FBE-L22

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

ÖZET

İĞDIR'DA YETİŞEN YEREL ŞEFTALİ GENOTİPLERİNİN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

DEMİREL, Serap

Yüksek Lisans Tezi, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

1. Tez Danışmanı: Dr. Öğr. Üyesi Mücahit PEHLUVAN

2. Tez Danışmanı: Prof. Dr. Rafet ASLANTAŞ

Temmuz 2018, 66 sayfa

Bu çalışmada, Iğdır ilinin Zeferan ve Ağşeftali isimleri ile bilinen yerel şeftali genotipleri arasındaki genetik farklılıkların ISSR moleküler mrkörleri yardımıyla ortaya konmuştur. 54 adet şeftali genotipi 32 polimorfik ISSR primeri ile amplifikasyona tabi tutulmuştur. En yüksek polimorfizm değeri UBC-813, UBC-814, UBC-825, UBC-844, UBC-857, UBC-866 ve UBC-868 primerlerinden (%100) elde edilirken, en düşük polimorfizm değeri UBC-819 ve UBC-847 primerlerinden (% 33,3) elde edilmiştir. Genotipler arasındaki Jaccard benzerlik katsayısı 0,40 ile 0,89 arasında hesaplanmıştır. Moleküler veriler ile gerçekleştirilen UPGMA ve PCA analizleri sonucunda genetik açıdan birbirine en uzak genotiplerin Zaferan 6 ve Ağşeftali 18, birbirine en yakın genotiplerin ise Ağşeftali 6 ve Ağşeftali 16 olduğu belirlenmiştir. Ayrıca gerçekleştirilen moleküler analizler sonucunda Iğdır ili yerel genotipleri olan Ağşeftali ve Zaferan arasında genetik farklılık bakımından belirgin bir ayrım olmadığı ortaya konmuştur. Ağşeftali ve Zaferan şeftali genotiplerinden genetik benzerlik olarak birbirinden farklı olanların yapılacak olan ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabilceği, ayrıca gerçekleştirilecek olan germplasm koruma çalışmalarına bilgi sağlayabilceği kanısına varılmıştır.

Anahtar kelimeler: Iğdır, şeftali, moleküler markör, ISSR, genetik çeşitlilik

ABSTRACT

IDENTIFICATION OF GENETIC DIVERSITY OF LOCAL PEACH GENOTYPES IN THE İĞDIR

DEMİREL, Serap

Master Thesis, Horticulture Main Discipline

Thesis Advisors: Assist. Prof. Mücahit PEHLUVAN

Prof. Dr. Rafet ASLANTAŞ

August 2018, 66 pages

In this study, genetic diversities between local peach genotypes which is known as Zeferan and Ağşeftali in Iğdir province were detected as ISSR molecular markers. 54 peach genotype were subjected to amplification with 32 polymorphic ISSR primers. UBC-813, UBC-814, UBC-825, UBC-844, UBC-857, UBC-866 and UBC-868 primers have the highest polymorphism values (100%). However, the lowest polymorphism values were obtained from UBC-819 and UBC-847 primers (33,3%). The coefficient of Jaccard similarity among genotypes was calculated between 0,40 and 0,89. In consequence of UPGMA and PCA analyzes performed with molecular data, One another most distant genotypes were genetically identified as Zaferan 6 and Ağşeftali 18, but the closest genotypes were identified as Ağşeftali 6 and Ağşeftali 16. In addition, the molecular analyzes carried out has been revealed that there is no significant difference in terms of genetic diversity between Ağşeftali and Zaferan which are local genotypes of Iğdir Province. It is suggest that those are different from each other in terms of genetic similarities from Ağşeftali and Zaferan genotypes will use as parent in the future breeding studies and will also provide information in future germplasm conservation studies.

Key words: Iğdir, peach, molecular marker, ISSR, genetic diversity

ÖNSÖZ Ve TEŞEKKÜR

Iğdır ilinde şeftali yetiştiriciliği meyvecilikte önemli bir yere sahiptir. Bu çalışma Iğdır'da Zaferan ve Ağşeftali isimleri ile bilinen yerel şeftalileri moleküler düzeyde tanımlamak amacıyla yürütülmüştür. Genetik olarak birbirine uzak ve yakın şeftali genotiplerinin belirlenmesi gerçekleştirilecek olan ıslah çalışmaları için kayda değer bilgi sağlayacaktır.

Bu çalışmada bana her türlü kolaylığı ve yardımı sağlayan danışman hocam Doktor Öğretim Üyesi Mücahit PEHLUVAN'a en içten teşekkürlerimi sunmayı bir borç bilirim. Ayrıca ikinci danışman hocam saygı değer Prof. Dr. Rafet ASLANTAŞ'a teşekkür ederim.

Ayrıca 2017-FBE-L22 kodlu lisansüstü projesini finansal olarak destekleyen Iğdır Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne, Iğdır ve Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Anabilim dalı öğretim üyeleri ve Fen Bilimleri Enstitü çalışanlarına teşekkür ederim.

Ayrıca Iğdır Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde Araştırma Görevlisi olan meslektaşım ve eşim Arş. Gör. Fatih DEMİREL'e her türlü süreçte yanımda olduğu ve beni desteklediği için sonsuz teşekkür ederim. Ayrıca geleceğimin şekillenmesinde en büyük katkısı olan annem, kardeşim Serpil ve Selda COMART'a tüm kalbimle teşekkür etmek ve minnattarlığımı dile getirmek isterim. Ve son olarak oğlum Metehan'ın bakımını üstlenerek akademik hayatımın aksamamasına neden olduğu için teyzem Ayten ÖNER'e teşekkür ederim.

Serap DEMİREL

Ağustos, 2018

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ Ve TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER	iv
SİMGELER Ve KISALTMALAR DİZİNİ	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ	10
3. MATERYAL Ve METOT	16
3.1. Bitki Materyali.....	16
3.1.1. Genomik DNA izolasyonu.....	16
3.1.2. DNA yoğunluğunun belirlenmesi.....	20
3.2. PCR Reaksiyonu ve Agaroz Jel Elektroforezi	20
3.2.1. ISSR PCR reaksiyonu	20
3.2.2. Agaroz jel elektroforezi.....	23
3.3. Moleküler ve İstatiksel Analizler.....	26
4. BULGULAR Ve TARTIŞMA	27
4.1. ISSR Markörlerinin Değerlendirilmesi.....	27
4.2. Jaccard Benzerlik Katsayısına Göre Şeftali Genotiplerinin Genetik Çeşitliliğinin Tanımlanması	29
4.3. ISSR Moleküler Verileri ile Oluşturulan UPGMA Dendogramının Değerlendirilmesi	34
4.4. Temel Bileşenler Analizinin (PCA= Principal Component Analysis) Değerlendirilmesi	45
5. SONUÇ Ve ÖNERİLER	49
KAYNAKLAR	51
ÖZGEÇMİŞ	67

SİMGELER Ve KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

%.....	Yüzde
(NH ₄) ₂ SO ₄	Amonyum sülfat
cM.....	Centimorgan
dH ₂ O.....	Distile Su
dk.....	Dakika
Mb.....	Mega Baz
Mg.....	Miligram
MgCl ₂	Magnezyum klorür
ml.....	Mili litre
mM.....	Mili molar
ng.....	Nanogram
nm.....	Nanometre
M.....	Molar
mA.....	Miliamper
MgCl ₂	Magnezyum klorür
mM.....	Milimolar
ng.....	Nanogram
nM.....	Nanomol
°C.....	Santigrat
pH.....	Power of Hydrogen
r.....	Kopenetik korelasyon katsayısı
rpm.....	Revolutions per minute (dakikadaki devir sayısı)
sn.....	Saniye
TBE.....	Tris-borate-EDTA
TE.....	Tris-EDTA
Tris-HCl.....	2-Amino-2-hydroxymethyl-propane-1,3-diol
UV.....	Ultraviyole
v/v.....	Volume/Volume

µl	Mikrolitre
2-D	Two dimesion (İki boyut)
3-D	Tree dimesion (Üç boyut)

Kısaltmalar

AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism (Niceliksel özellik lokusu)
Bç	Baz çifti
CTAB	Setiltri-metil amonyum bromür
dATP	Deoxyadenosine triphosphate (Deoksiadenozin trifosfat)
dCTP	Deoxycytine triphosphate (Deoksisitidin trifosfat)
dGTP	Deoxyguanosine triphosphate (Deoksiguanozin trifosfat)
DNA	Deoxyribonucleic acid (Deoksiribonükleik asit trifosfat)
dNTP	Deoxynucleotide (Deoksiribonükleotit)
dTTP	Deoxythymidine triphosphate (Deoksitimidin trifosfat)
EDTA	Etilen diamintetraasetikasit
EST	Expressed Sequence Tags
FAO	Food and Agriculture Organization
GPS	Global Positioning System
He	Beklenen heterozigotluk
Ho	Gözlenen heterozigotluk
IMA	İnter-microsatellite amplification
ISSR	Inter Simple Sequence Repeat= Basit Dizi Tekrarları Arası
kb	Kilo baz

M	Markör
MAS	Markör destekli seleksiyon
NTSYS	Numerical taxonomy multivariate analysis system (Değişkenli Sayısal Taksonomi Analiz Sistemi)
PcoA	Principal Coordinate Analysis
PCR	Polymerase Chain Reaction(Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
QTL	Quantitative Trait Locus
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)
RFLP	Restriction fragment length polymorphism (Sınırlayıcı Enzim Parça Uzunluğu Çeşitliliği)
RNA	Ribonucleic acid
SNP	Single nucleotide polymorphism (Tek Nükleotit Polimorfizm)
SSR	Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarları)
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
UPGMA	Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 1.1. 2016 yılı dünya meyve üretimi (FAO, 2016)	4
Şekil 4.1. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-827 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü	31
Şekil 4.2. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-844 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü	31
Şekil 4.3. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-868 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü	32
Şekil 4.4. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-840 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü	32
Şekil 4.5. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-810 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü	33
Şekil 4.6. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-813 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü	33
Şekil 4.7. Şeftali genotiplerine ait UPGMA dendrogramı	44
Şekil 4.8. Şeftali genotiplerinde ISSR markör verileriyle gerçekleştirilen temel bileşen analizi sonucu oluşturulan 2-D grafik	45
Şekil 4.9. Şeftali genotiplerinde ISSR markör verileriyle gerçekleştirilen temel bileşen analizi sonucu oluşturulan 3-D grafik	46

ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa No
Çizelge 3.1: Bu çalışmada kullanılan şeftali genotiplerine ait mevcut bilgiler.....	18
Çizelge 3.2: Çalışmada kullanılan şeftali örneklerinin DNA yoğunluğunu gösteren nanodrop sonuçları.....	21
Çizelge 3.3: Analizlerde kullanılan ISSR primerleri için PCR döngü koşulları	23
Çizelge 3.4: Çalışmada kullanılan ISSR moleküler markörleri.....	24
Çizelge 4.1: Polimorfik olduğu tespit edilen ISSR primerlerine ait bant profilleri..	28
Çizelge 4.2: Şeftali genotiplerine ait Jaccard benzerlik katsayısı	35
Çizelge 4.3: PCA sonucu ilk 3 ana bileşenin eigen değerleri	47

1. GİRİŞ

Şeftali (*Prunus persica* L.) ılıman iklim kuşağından subtropik ve tropikal bölgelere kadar yetişen, 430' dan fazla tür içeren ve diploid yapıda olan *Prunus* cinsine ait bir meyve türüdür (Redher, 1940). Şeftali genellikle 35° ve 45° enlemleri arasında her iki yarım kürede yetişen ve tomurcukların dormansisi için soğuklanma ihtiyacı duyan bir meyve türüdür (Scorza and Sherman, 1996).

Prunus cinsinin en yaygın kabul edilmiş sınıflandırması Rehder tarafından 1940 da gerçekleştirilmiş olup, *Prunus* cinsinin 5 alt cinsten oluştuğu kabul edilmektedir; *Amygdalus*, *Cerasus*, *Prunus*, *Laurocerasus* and *Padus*. *Prunus* cinsinin bütün üyeleri gibi şeftali bazı haploid hatları geliştirilmiş olsa da diploid türlerdir (Toyama, 1974). *Prunus* sistemetiği aşağıdaki gibidir;

Alem : Bitki

Şube : Magnoliophyta

Sınıf : Magnoliopsida

Takım : Rosales

Familya : Rosaceae

Alt familya : Amygdaloideae

Cins : *Prunus*

Alt Cins : *Amygdalus*

Prunus cinsi ekonomik olarak önemli sert çekirdekli ve sert kabuklu meyve ağaçlarını içeren kışın yaprak döken yada her daim yeşil ağaç ve çalılardan oluşan 200'ün üzerinde tür içermektedir. Kayısı (*Prunus armeniaca* (L.)), erik (*Prunus domestica* (L.)), Japon eriği (*Prunus salivina* (Lindl.)), vişne (*Prunus cerasus* (L.)) ve kiraz (*Prunus avium* (L.)) önemli sert çekirdekli meyvelerdendir (Chen *et al.*, 2013).

Şeftaliye ilk kez Linne tarafından, anavatanının Persia (İran) olduğu düşünüldükçe, *Amygdalus persica* ismi verilmiş, ancak yazılı kaynaklar ve arkeolojik bilgiler göz önüne alınarak anavatanının Çin olduğu, günümüzden en az 4000 yıl önce muhtemelen Kun Lun dağlarının kuzey tarım havzasında kültüre alınmış ve hala burada

büyük bir genetik çeşitliliğin mevcut olduğu belirtilmiştir. Çinden rapor edilen bilgilere göre Mao Tao adı ile bilinen yabani şeftalinin en eski şeftali formu olabileceği ve bugünkü kültür şeftalilerinin atası olabileceği belirtilmiştir (Rieger, 2006). Batıya şeftalinin yayılımı milattan önce birinci ve ikinci yüzyıl süresince Çin'den İran'a İpek Yolu ticareti boyunca devam etmiştir (Hedrick *et al.*, 1917). Daha sonra şeftali İran'dan Akdeniz havzasına seyahat etmiştir. Millattan önce 1. yüzyılda şeftalinin İtalya'ya ulaşmış olduğu ve o dönemlerle eş zamanlı olarak Danube nehri ve Karadeniz bölgesi boyunca Fransaya ulaşmış olduğu düşünülmektedir (Werneck, 1956). Suriye'nin işgali süresince Romalılar Akdeniz Bölgesi'ne şeftalinin girişini sağlamış, bunu takiben Şeftali Fransa ve İtalya'dan Doğu ve Batı Avrupa'ya yayılmıştır. 1500'lerin ikinci yarısı civarında Şeftali Avrupa'dan İspanyol sömürgeciler tarafından Güney Amerika'ya taşınmış ve yetiştiriciliği Meksika bölgesine hızla yayılmıştır. 1600'lü yılların sonlarında şeftali girişleri Florida'da ve Güney Amerika'nın doğu ve batı kıyılarında da gerçekleşmiştir (Faust and Timon, 1995). Kuzey Batı Amerika'ya şeftalinin ikinci bir girişi bir kaç şeftali çeşidinin 1850'lerin ortalarında Çin'den direkt olarak getirilmesiyle olmuştur (Chin *et al.*, 2014). Bunlardan biri mevcut ticari şeftali çeşitlerinin atası olarak kabul edilen Chinese Cling isimli çeşittir (Scorza ve Sherman, 1996). Chinese Cling isimli çeşit, Elberta isimli çeşidin orijini olan fakat ismi bilinmeyen bir çeşit tarafından açık tozlanmıştır (Faust and Timon, 1995). Elberta çeşidi iri meyvesi ve meyve kalitesi ile ve aynı zamanda standart verimi ile ABD'de ve şeftali yetiştiriciliği önemli olan bir çok ülkede popüler çeşit olmaya başlamıştır. Bu şeftali çeşidi ıslah programlarında ebeveyn hattı olarak yoğun bir şekilde kullanılmıştır. Islah programlarında bir kaç progenitörün yoğun olarak kullanılması ve şeftalinin kendine uyuşur olmasıyla birlikte batıda şeftali genetik çeşitliliğin düşük seviyede olması sebebiyle bir darboğaz olduğu gözlenmiştir. Ayrıca şeftalinin kendine tozlanan bir tür olması yüksek derecede homozigotluk göstermesine neden olmuştur. (Baird *et al.*, 1996). 1991-2001 yılları süresince şeftali ve nektarin çeşitleri %43-61 kontrollü melezlemelerle, %15-21 açık tozlaşma ile, %4-5'i tomurcuk mutasyonu ve geriye kalanı ise türler arası melezlemeler ile oluşturulmuştur (Infante *et al.*, 2008). Diğer *Prunus* türleri ile karşılaştırıldığında kendine tozlanabilir olmasından ve kültüre alma süresince gerçekleştirilen seçilimden dolayı şeftalide tüm genom düzeyinde ve hatta bazı spesifik allellerde genetik çeşitlilik düşük seviyededir (Glemin *et al.*, 2006; Doebley *et al.*,

2006). Yeni ıslah metodlarının gelişmesi üzerinde Mendel kanunlarının etkisinden sonra, Kuzey Amerikalı ıslahçılar yeni çeşitler üretmeye başlamıştır. Son zamanlarda Çin şeftali genetik kaynaklarının ve yerel çeşitlerinin ıslah programları için varyasyon oluşturulabilmesi adına temel kaynak olabileceği düşünülmektedir. (Xie *et al.*, 2010).

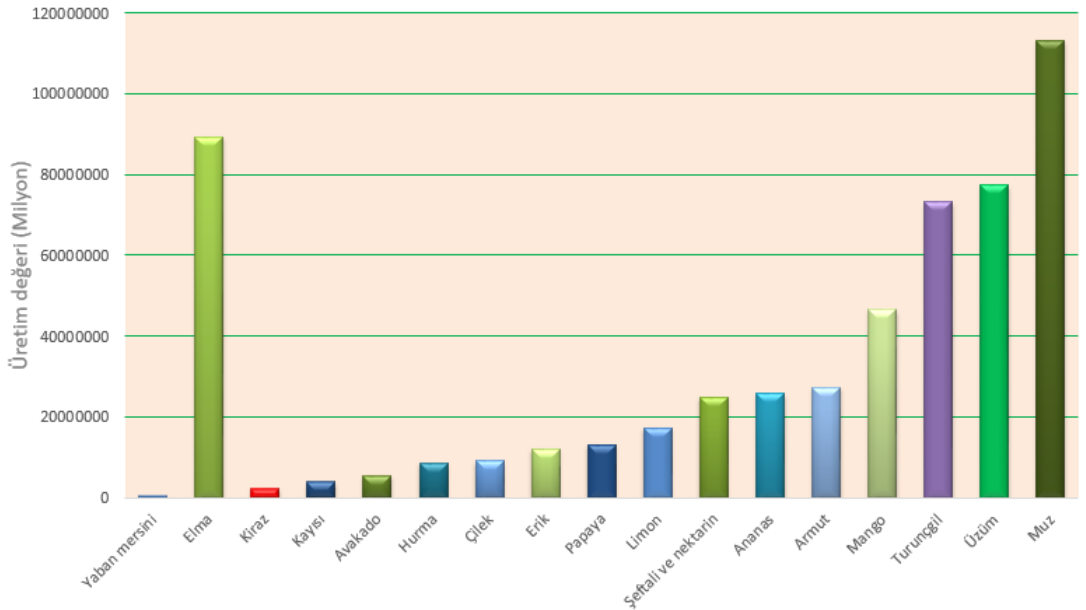
Rus botanikçi ve bitki ıslahçısı Nikolai I. Vavilov (1887–1942) bir türün genetik çeşitliliğinin en yüksek seviyesinin bitkilerin merkezi orijinlerinin bulunduğu yerde olduğunu göstermiştir. Sürdürülebilirlik ve verimliliği garanti altına almaya yardım eden biyoçeşitlilik özellikle tarımda önemlidir. Böylece gelecek ıslah projeleri için genetik çeşitliliğin karakterize edilmesi ve korunması önemli bir konu olmuştur. *Prunus* türleri Kuzey Çin'e özgü olmakla birlikte buradan Asya aracılığıyla Avrupa'ya ve daha sonra Amerika kıtasına yayılmıştır. Bu süreç içerisinde sert çekirdekli meyve türleri yerel iklim şartlarına adapte olmuş, ancak genetik çeşitlilik ise erozyona uğramıştır. Yerel olarak adapte olmuş genotiplerin genetik çeşitliliğini belirlemek ve hem yabani akrabaları hem de ıslah programlarından ortaya çıkan çeşitler ile ilişkileri ortaya çıkarmak için birçok çalışma yapılmıştır. Günümüzde, *Prunus* cinsine ait türlerin orijinine ait birincil ve ikincil merkezlerde bulunan ve yüksek genetik çeşitlilik seviyesine sahip olan çeşitlerin ıslah programlarında kullanılmasıyla genetik havuzun zenginleştirilmesi amacı üzerinde durulmaktadır (Aranzana *et al.*, 2012).

Şeftali farklı ekolojik koşullara kolaylıkla adaptasyon sağlaması, kısa sürede meyveye yatması, hasat periyodunun uzun olması ve değişik tüketim şekillerinin olmasından dolayı dünya üzerinde geniş bir alana yayılmıştır (Özçağırın ve ark., 2004). Şeftali türü farklı araştırmacılar tarafından; yuvarlak ve tüylü (*P. persica* var. *vulgaris* Maxim), yuvarlak ve tüysüz (*P. persica* var. *nectarina* Maxim) ve basık meyveli (*P. persica* var. *platycarpa* L.H. Bailey) olarak farklı gruplara ayrılmaktadır (LaRue, 1989; Cheng *et al.*, 2001). Nektarin ayrı bir tür olmayıp, *Prunus persica* türü içindeki üç ayrı kültür formundan tüysüz şeftaliler içerisinde yer almaktadır. Nektarinlerin şeftalilerden spontan tomurcuk mutasyonu sonucunda ortaya çıktığı bildirilmektedir (Özçağırın ve ark., 2004).

Şeftali diğer meyveler ile karşılaştırıldığında dünya toplam üretimi bakımından 8. sırada yer almaktadır (Şekil 1.1). Dünya şeftali ve nektarin üretimi bir önceki yıllara göre artarak 2016 yılında 24,9 milyon tona ulaşmıştır. 2016 FAO verilerine göre;

dünyada yaklaşık 800 milyon ton meyve üretilmiş olup, ülkemizde ise yaklaşık olarak 18 milyon ton (dünya üretiminin %2,25'i) üretilmiştir. 2017 yılı şeftali ve nektarin üretimimiz 771 bin 459 ton civarındadır (Anonymous, 2018). 2010 yılı TÜİK verilerine göre ülkemizde şeftali üretim alanının ve üretim miktarının neredeyse yarısı Marmara Bölgesi'nde gerçekleştirilmektedir. Marmara Bölgesi içerisinde en fazla üretim 123,802 ton ile Bursa ilinde gerçekleşmektedir ve bunu sırasıyla Mersin, Çanakkale, İzmir, Adana, Bilecik ve Aydın illerimiz izlemektedir (Anonim, 2010). Ancak 2016 yılında; Türkiye 674 bin ton şeftali üretmiş ve bu üretimin yaklaşık olarak 118 bin tonu Adana-Mersin illeri, 104 bin tonu Bursa-Eskişehir-Bilecik illeri tarafından sağlanmıştır (Anonim, 2016).

Kuzeydoğu Anadolu Bölgesinin verimli ovalarından birisine sahip olan ve tarım potansiyeli yüksek olan Iğdır ili 640.218 da tarım arazisine sahiptir. Iğdır'da genel olarak sert ve yumuşak çekirdekli meyve türleri yetiştirilmektedir. Bölgede yetiştirilen meyveler yerel ve ticari çeşitlerinden meydana gelmektedir. Aras Havzası ve Iğdır çok eski tarihlerde (12. yüzyıl) ticaret ve göç yolları üzerinde bulunmasından dolayı (Eskikurt, 2014) ve sahip olduğu mikro-klima nedeni ile meyve genetik kaynakları bakımından incelenmesi gereken bir yöredir. İlde yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan meyveler kayısı, elma, şeftali, armut, kiraz, vişne ve erikdir.



Şekil 1.1. 2016 yılı dünya meyve üretimi (FAO, 2016)

Şeftali, tüm genom sekansının bulunması, birçok genin genomda pozisyonunun bilinmesi, genomik fiziksel haritalarının olması gibi özellikleri bakımından genetik olarak iyi karakterize edilmiş Rosaceae familyası içerisindeki türlerden birisidir (Arus *et al.*, 2012). Şeftali diploid bir genoma sahip meyve türüdür. Şeftali genomu 8 çift koromozom içermektedir ($2n=2x=16$) (Jelenkovic and Harrington, 1972). *Fragaria vesca* (dağ çileği) (Shulaev *et al.*, 2011), *Malus x domestica* (elma) (Velasco *et al.*, 2010) ve son zamanlarda genomu sekanslanmış olan *Prunus mume* (Japon kayısı) (Zhang *et al.*, 2012) gibi meyve türleri ile karşılaştırıldığında şeftali genomunun küçük olduğu ($\approx 227\text{Mb}$) (Verde *et al.*, 2013), ancak *Arabidopsis thaliana* ile karşılaştırıldığında yaklaşık iki kat büyük genoma sahip olduğu belirlenmiştir. Haploid şeftali genomu yaklaşık 265.000.000 - 295.000.000 bç iken, elmanın 799.000.000 ve mısırın 2.716.000.000 bç büyüklüğünde genoma sahip olması şeftali genomunun küçüklüğünü karşılaştırmak açısından önemlidir (Scorza and Sherman, 1996). Verde *et al.* (2013), tarafından yayınlanan referans şeftali genomu hem bu tür için hem de diğer akraba türleri için genetik çalışmaların ilerlemesinde kayda değer bir araç olmuştur.

Şeftalinin diğer önemli bir özelliği kendine uyşur (self-compatible) bir tür olmasından dolayı ıslahçılar için yeni genetik varyasyonlar ortaya çıkarılmasında melezlemelere uygun olmasıdır (Byrne, 1990). Çoğu meyve türü ile karşılaştırıldığında şeftali 2-3 yıl gibi kısa bir gençlik kısırlığı periyoduna sahiptir. Tüm bu sebeplerden dolayı şeftalide önemli bir çok genin kalıtım durumu belirlenmiştir (Monet *et al.*, 1996).

Bitkilerdeki genetik çeşitlilik önceleri görsel olarak tanımlanmaktaydı. Morfolojik karakterizasyonların kayda değer şekilde fazla olmasına rağmen, meyve genetik koleksiyonlarının geniş miktarda olması ve yeni çeşitlerin sayısının hızlı artması genetik çeşitliliğin belirlenmesinde yeni tekniklerin kullanılmasına yol açmıştır. Bitki genomunda fazla bulunması ve daha doğru sonuçlar vermesinden dolayı bitki koleksiyonlarındaki çeşitliliği daha hızlı ve etkili analiz etmek moleküler markörler ile mümkün olmuştur. Moleküler markörler yabani ve kültürü yapılan türler ile yakın akraba türler arasındaki ilişkiyi analiz etmek için ve genetik koleksiyonlarda farklılığı tanımlamak ve çeşitlerin belirlenmesi için geniş ölçüde kullanılmaktadır.

Bitki ıslahında kullanılan ilk moleküler markör tekniği izoenzimler üzerine dayanmaktadır (Tanksley *et al.*, 1983). İzoenzimler katalitik aktiviteye sahip fakat

elektiriksel bir alanda moleküler ağırlık ve hareketlilik bakımından orijinalinden farklılık gösteren enzimin yapısal çeşitleridir. Hareketlilik farklılıkları bir geni kodlayan dizilimde polimorfizmden kaynaklanabilir. İzoenzimler ilk olarak 1957’de (Hunter and Markert, 1957) tanımlanmış, ancak 1966’da (Brewbacker, 1966) bitkilerde ve 1985’ de sert çekirdekli meyvelerde (Parfitt *et al.*, 1985) ilk kez moleküler markör olarak kullanılmıştır. İzoenzimler güvenilir ve tekrar üretilebilir ko-dominant markörlerdir, ancak türlerde sınırlı sayıda düşük polimorfizme sahip olmaları dezavantajıdır. Geçmişte izoenzimler genetik çeşitlilik çalışmalarında geniş ölçüde kullanılan moleküler markörler arasında yer almaktaydı. Sert çekirdekli meyve türlerinde günümüze kadar kullanılan çalışmalar; Kayısı’da (*Prunus armeniaca*): Badenes *et al.*, (1996), Battistini and Sansavini (1991); Manganaris *et al.*, (1995); Milotavic *et al.*, (2009), Kiraz ve vişne populasyonlarında: Beaver *et al.*, (1995); Mariette *et al.*, (1997); Pashkoulov *et al.*, (2000); Gomary and Paule (2001), Şeftalide (*Prunus persica*): Durham *et al.*, (1987); Messequer *et al.*, (1987); Iba *et al.*, (1993); Monet *et al.*, (1994) tarafından yapılmıştır. İzoenzimlerin kullanımı Restriction fragment length polymorphism (Sınırlayıcı Enzim Parça Uzunluğu Çeşitliliği=RFLP) (Dettori *et al.*, 2000), Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA=RAPD) (Ortiz *et al.*, 1997), Amplified Fragment Length Polymorphism (Niceliksel özellik lokusu=AFLP) (Aranzana *et al.*, 2003) gibi daha büyük polimorfizm oranına sahip olan daha bilgi verici DNA markörleri tarafından kısa sürede baskılanmıştır, ancak hala düşük genetik çeşitlilik seviyesini tanımlamak amacıyla kolay ve ucuz olması bakımından kullanılmaktadır (Aranzana *et al.*, 2012).

Moleküler markörlerin kullanımı tarımsal biyoteknoloji, bitki biyolojisi, yetiştiriciliği ve ıslahı konularında çalışanlar açısından oldukça geniş bir alana yayılmıştır. Son 20 yılda geliştirilen moleküler markörlerin dünyada ve ülkemizde kullanım alanları arasında en yaygın olarak kullanımı bitki tür ve çeşit isimlerinin doğruluğunun araştırılması amacı ile yürütülen çalışmalar da olmuştur (Ergül, 2000). 1960’lı yıllardan sonra DNA yapı ve işleyişinin ortaya çıkarılmasıyla hızla gelişmeye başlayan moleküler biyoloji ve moleküler markör teknolojileri, bitkilerin genetik yapılarının aydınlatılması, moleküler karakterizasyon, filogenetik çalışmalar, gen haritalamaları ve markör destekli seleksiyon (MAS) teknikleriyle, diğer alanlarda

olduğu gibi tarımda da yeni bir dönem başlatmıştır. Ayrıca canlıların genetik yapısında, geleneksel ıslah metotlarıyla ve doğal üreme-çoğalma süreçleriyle elde edilemeyen değişiklikler yapılması da mümkün hale gelmiştir (Güngören, 2012).

1990'ların sonlarından beri SSR (Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarları)) genetik çeşitlik çalışmaları için popüler markör olmuştur. Bu markörler genomda dağınık halde bulunan iki ile dört nükleotit sekans motiflerinin yüksek derecede polimorfik rastgele tekrarlarını içeren genetik bölgelerin Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile (Polymerase Chain Reaction=PCR) amplifikasyonu üzerine dayalı markörlerdir. Bu markörler düşük çeşitlilik gösteren türlerde bile oldukça polimorfiktirler. Sert çekirdekli meyvelerde SSR primerlerinin gelişimi ilk kez Ciprinai *et al.*, (1999) tarafından yayınlandı ve takibinde Sosinski *et al.*, (2000); Testolin *et al.*, (2000); Aranzana *et al.*, (2002); Dirlewanger *et al.*, (2002) SSR primerlerini geliştirdi. Bu markörler başlangıç olarak şeftali genomik sekanslarından geliştirildi ve kısa süre sonra *P. avium* (Cantini *et al.*, 2001; Clarke and Tobutt 2003), *P. cerasus* (Downey and Iezzoni 2000; Cantini *et al.*, 2001) *P. domestica* (Decroocq *et al.*, 2004) ve *P. armeniaca* (Lopes *et al.*, 2002; Hagen *et al.*, 2004; Messina *et al.*, 2004; Vilanova *et al.*, 2006) gibi diğer *Prunus* türlerinde de geliştirilmiştir. SSR'lar kültür ve yabani türler arasındaki ilişki çalışmalarının yanı sıra sert çekirdekli meyve kültür genetik koleksiyonlarında çeşitlerin tanımlaması ve farklılıkları belirleme çalışmaları için de geniş ölçüde kullanılmaktadır. Başlangıçtaki esas handikap sekans bilgisinin gerekli olmasıydı. Sekans bilgisi sağlandıktan sonra SSR'lar hem SSR kütüphanesinin gelişmesi hem de Expressed Sequence Tags (EST) sekanslama ile keşfedilmiştir.

Sekanslama teknolojisindeki son gelişmeler ve maliyetteki sürekli azalış SSR ların hızlı bir şekilde keşfine izin veren sekansların kitlesel üretimine neden olmuştur. Örneğin; Şeftali tüm genom sekansı son zamanlarda yayınlanmış ve rastgele tekrar desenlerini tanımlamak için Tandem Repeat Finder gibi online araçlar dizayn edilmiştir. Ayrıca yeni nesil sekanslama olarak bilinen kitlesel sekanslama teknolojileri geniş miktardaki Tek Nükleotit Polimorfizm'inin (Single Nucleotide Polymorphism=SNP) tanımlanmasına neden olmuştur. Bu polimorfizmler genom boyunca dağılmış olarak bulunmaktadır ve genetik varyasyonun esası olarak rapor edilmiştir. Günümüzde SNP markörleri hayvan ve insan genom analizlerinde geniş ölçüde kullanılmaktadır.

Bitkilerdeki kullanımı, özellikle sert çekirdekli meyve türlerindeki kullanımı başlangıç dönemlerinde yer almaktadır. Şeftali için ESTree ve Rosacea için genomik GDR, veri tabanları günümüzde çeşitlilik analizleri ve haritalama için kullanışlı olan şimdiye kadar çalışılmış binlerce SNP içermektedir. Son zamanlarda şeftali genom sekansının serbest bırakılması binlerce SNP'in keşfine izin veren şeftali yeniden sekanslama stratejilerinin dizaynını tetiklemiştir. Uluslararası bir girişim çerçevesinde 9000 SNP'in bir seti iki uluslar arası projenin (RosBREED and FruitBreedomics) parçası olarak şeftali genetik çeşitliliği, bağlantı haritası ve ilişki harita analizleri için bir genotipleme çipine dahil edilmek üzere seçilmiştir. Şeftali model bir Rosaceae türüdür, dolayısıyla sonuçların diğer yakın akraba sert çekirdekli meyvelere transfer edilebileceği beklenmektedir (Verde *et al.*, 2012).

RAPD; sentetik olarak üretilen primerlerin yardımıyla (genelde 10 baz uzunluğunda) PCR işlemiyle tesadüfi DNA parçası çoğaltımını sağlayan moleküler markörlerdir. Kullanılan primerler hem ileri (forward) hem de geri (reverse) primer görevi görür ve çoğaltılan DNA parçacıklarının büyüklüğü genelde 0.5–5 kilo baz (kb) arasında değişmektedir. Polimorfizm, primerlerin bağlanma bölgelerinin çeşitliliğine ve buna bağlı olarak oluşan farklı uzunluktaki DNA parçacıklarına bağlıdır (Williams *et al.*, 1990). RAPD markör sisteminin avantajı düşük miktarda DNA'ya gereksinim duyması, zaman tüketiminin az olması, primer tasarımının kolay olması, RAPD markörlerinin genomda dağılımlarının bol ve bütün genoma dağılmış olmasıdır. Ancak RAPD makör sisteminin dezavantajı ise tekrarlanabilirliğinin az olması ve bilgilendirme gücünün düşük olmasıdır.

ISSR (Inter Simple Sequence Repeat= Basit Dizi Tekrarları Arası) markörleri, ikili, üçlü, dörtlü ve beşli tekrarlanan nükleotidlere sahip primerlerdir ve bu primerler ile iki mikrosatellit arası bölge çoğaltılmaktadır (Zietkiewicz *et al.*, 1994). ISSR markörleri ile genomik lokuslar farklı bant büyüklüklerinde çoğaltılmakta, primerler genelde 3' veya 5' uçlarının sonlarındaki mikrosatellit bölgelerine uzanan 1–4 dejenere nükleotit içermekte ve uzunlukları genellikle 15–30 nükleotit arasında değişmektedir. ISSR primerlerindeki GC oranının fazla olması bağlanma sıcaklığının (annealing temperature) yüksek olmasına yol açarken, ayrıca genoma kararlı bir şekilde bağlanmasına da neden olmaktadır. Bu nedenle her bir primerin DNA'ya yapışma sıcaklığı içeriğindeki baz

kompozisyonuna göre belirlenir. ođaltılmıř PCR rnleri genelde 200–2000 baz ifti (b) arası uzunluktadır. ISSR, dominant bir markrdr ve sekans bilgisine ihtiya duyulmadan primer dizaynı yapılabilmesi nemli bir avantajdır (Joshi *et al.*, 2000). Yksek polimorfizm ve retkenlik gstermesi ISSR analizlerini genetik benzerlik, gen haritalama ve taksonomi alıřmalarında uygulanabilir kılmaktadır (Gupta *et al.*, 1994; Zietkiewicz *et al.*, 1994). ISSR markrlerinin polimorfizm seviyesi genellikle yksek olmasına rađmen kullanılan ynteme gre de deđiřkenlik gstermektedir (Kojima *et al.*, 1998). ISSR markr sisteminde de RAPD markr sisteminde olduđu gibi tekrarlanabilirlik dřktr ve benzer byklkte ođaltılan DNA paracıklarının homolog olmaması ise dezavantajlarıdır (Kesawat and Das, 2009). ISSR molekler markrleri eřitlerin tanımlanması, germplasm karakterizasyonu, filogenetik iliřki analizi, genetik eřitlilik alıřmaları, genetik bađlantı haritası oluřturma, dođal populasyon eřitliliđinin deđerlendirilmesi ve markr yardımlı seleksiyon (MAS) gibi farklı amalar iin zeytin (Terzopoulos *et al.*, 2005), erik (Lisek *et al.*, 2007), limon (Shahsavari *et al.*, 2007), ve dut (Vijayan and Chatterjee, 2003; Vijayan *et al.*, 2006a, 2006b) gibi farklı meyve trlerinde kullanılmıřtır.

Iđdır yresindeki řeftali genetik eřitliliđinin srdrlebilir standart retim ve farklı genetik kaynakların korunabilmesi iin molekler karakterizasyon nemlidir. Altay (2016), tarafından Iđdır’da řeftali genotiplerinin morfolojik tanımlamaları yapılmıřtır. Ancak, Iđdır ilinde yetiřtirilen yerel řeftali genotiplerinde molekler alıřmaların yok denecek kadar az olması bizim alıřmamızın nemini ortaya koymaktadır.

Bu alıřma ile Iđdır ekolojik kořullarında yetiřtirilen yerel řeftalilerin ISSR molekler markrleri aracılıđı ile genomik DNA seviyesinde eřitliliđin ve benzerlik iliřkisinin ortaya konulması amalanmıřtır. Bu bilgiler ıřıđında gelecekte Iđdır yerel řeftalilerinin ıřlah alıřmaları iin arařtırmacılara potansiyel bir ıřlah materyali olup olmayacađının tespiti mevcut alıřma kapsamında ayrıca hedeflenmiřtir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Bitki ıslahçıları ve araştırmacılar güncel pazar ihtiyacını karşılayan çeşitler geliştirmenin yanı sıra abiyotik ve biyotik strese dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi için sürekli olarak farklı bir gen havuzuna ihtiyaç duymaktadır. Genetik çeşitliliğin yetersiz olduğu durumda, genetik çeşitliliği arttırmak için farklı ve yeni örneklerin gen havuzuna eklenmesi gereklidir. Moleküler markörler ile yapılan genetik çalışmalar mevcut genetik farklılığı ya da genetik benzerliği ortaya koymak ve yeni genotipleri tanımlamak için kritik adımdır (Aksu, 2015).

Şeftalide farklı genetik çeşitlilik çalışmaları mevcut olan genetik kaynakları korumak, genetik varyasyonu ortaya çıkarmak ve bitki ıslahçıları için bilgi ve materyal sağlamak amacıyla gerçekleştirilmiştir. Şeftalinin kendine uyşur olmasından (Byrne *et al.*, 2012) ve ıslah programlarında kullanılan ebeveyn materyalin az sayıda olmasından dolayı hem Batı (Aranzana *et al.*, 2003a, Aranzana *et al.*, 2010) hem de Doğu şeftali koleksiyonlarında (Cao *et al.*, 2012; Li *et al.*, 2013) gerçekleştirilen genetik çeşitlilik çalışmaları ticari çeşitlerde genetik çeşitliliğin az olduğunu ortaya çıkarmıştır. Ticari çeşitlerde her bir SSR lokusunun allel sayısı 2,9 ile 7,3 arasında, gözlenen heterozigotluk seviyesinin (H_o) ise 0,21 ile 0,45 değerleri arasında olduğu belirlenmiştir. Erik ve kirazda ise lokus başına 4,1-12,1 ortalama allel sayısı elde edilmiş, heterozigotluk %53-74 değerleri arasında değişmiştir. Diğer *Prunus* türlerine göre şeftalide elde edilen düşük heterozigotluk değerlerinin şeftalinin kendine uyşur olmasından kaynaklandığı bildirilmiştir (Carrasco *et al.*, 2013).

Warburton *et al* (1996), RAPD markörlerini kullanarak Amerika Birleşik Devletleri, Latin Amerika, Hindistan, Pakistan, Rusya, Japon ve Çin'e özgü şeftali çeşitleri arasındaki genetik ilişkiyi ortaya koymak için çalışmışlardır. Araştırmacılar çalışmalarında çeşitliliğin sınırlı seviyede olduğunu bulmuşlar ve genetik çeşitliliği genişletmek için Asya'ya özgü materyallerin kullanılması gerektiğini öne sürmüşlerdir.

Rangjin *et al* (2010), Çin'in Zhejiang eyaletinden 94 şeftali örneğini 34 polimorfik SSR markörü ile analiz etmişlerdir. Genetik çeşitlilik analizi sonucu örnekler iki ana kümede toplanmıştır. Lokus başına allel sayısı ortalama 2,85 olarak bulunmuştur. Gözlenen heterozigotluk değeri 0,05 ve 0,84 aralığında değişirken,

ortalama deęeri 0,48 olarak tespit edilmiřtir. Bu alıřmada analiz edilen řeftali rneklerinin %94 oranda benzer olduęu, Fenghua yerel eřitlerinin Sahanghaishuimi den kken aldıęı ortaya konmuřtur.

Cheng and Huang (2009), tarafından in'den toplanan yerel ve ticari řeftaliden oluřan toplam 32 rnek genetik eřitlilik ve akrabalıęı deęerlendirmek amacıyla 7 SSR markr kullanılarak analiz edilmiřtir. 7 primer ifti 8 lokus oęaltmıř olup ortalama allel sayısı 3,12 iken ortalama beklenen heterozigotluk (He) 0,450 olarak bulunmuřtur. Ayrıca yerel ve ticari řeftali rnekleri arasında Shannon index'i 0,728 olarak tespit edilmiřtir. Genetik eřitlilięin bu seviyesinin kayısı, kiraz gibi *Prunus* trleri ile karřılařtırıldıęında daha dřk olduęu belirtilmiřtir. Kmeleme analizinde UPGMA aęacında 32 rneęin pedigri bilgisiyle uyumlu olarak iki ana grupta toplandıęı grlmřtir. Kullanılan molekler markrlerin molekler karakterizasyon iin uygulanabilir olduęu grlmřtir.

Dirlewanger *et al* (2002), tarafından gerekleřtirilen bir alıřmada 27 řeftali ve 21 kiraz eřidi SSR markrleri ile analiz edilmiřtir. PCR amplifikasyonu sonucunda kullanılan btn SSR primerleri alıřmada kullanılan řeftali ve kiraz rneklerinin DNA'larını oęaltmıřtır. řeftali ve kiraz DNA'sını oęaltan 33 SSR markrnn 13 tanesi hem řeftali hem de kirazda polimorfizm gsterirken, 19 SSR markr sadece řeftalide ve 1 SSR markr da kirazda polimorfizm gstermiřtir. řeftalide lokus bařına allel sayısı 1 ile 9 aralıęında ve ortalama allel sayısı 4,2 iken, kiraz da ortalama allel sayısı 2,8 ve her bir lokus bařına allel sayısı 1 ile 9 aralıęında bulunmuřtur. SSR markrlerinin, *Prunus* cinsinde sinteni analizlerinde gl markr sistemi olduęu belirtilmiřtir.

Xu *et al* (2006), AFLP molekler markrlerini atası olarak bilinen (yerel) Japon řeftali eřitlerinin genetik eřitlilięini ve genetik iliřkisini ortaya koymak amacıyla kullanmıřlardır. 16 AFLP primer kombinasyonu ile toplam 837 bant ve %17,5 polimorfizm ile 164 polimorfik bant elde edilmiřtir. Arařtırmacılar alıřma sonucunda kmeleme analizi 'Kiyomi' ve 'Jichigethsuto' eřitleri hari tm ticari řeftali eřitlerinin 3 alt grubu ieren ana bir grup oluřturduęunu ve 6 yerel eřitin 4 tanesinin ticari Japon řeftali eřitlerinden genetik olarak uzak olduęunu ortaya koymuřlardır.

AFLP sonuçlarının pedigri sonuçları ile birleştirildiğinde Japon şeftali çeşitleri arasındaki genetik ilişkinin daha iyi anlaşılacağı öne sürülmüştür.

Wünsch *et al* (2006), tarafından İspanya'ya ait yerel şeftali çeşitlerinin genetik çeşitliliğinin ortaya konduğu çalışmada 85 örnek 42 SSR markörü kullanılmıştır. Bu SSR markörleri arasından 10 tanesi şeftali çeşitlerini tanımlamak ve onlar arasında genetik benzerliği hesaplamak için seçilmiştir. Seçilen SSR markörleri 35 farklı DNA parçasını çoğaltmıştır. Elde edilen moleküler verilerden hesaplanan genetik benzerlik analizi sonucunda düz ve beyaz etli şeftalilerin geriye kalanlardan açıkça ayrıldığı rapor edilmiştir. Elde edilen moleküler sonuçların İspanya'ya ait koleksiyonların sürdürülmesi ve muhafazası açısından önem taşıdığı belirtilmiştir.

Yılmaz *et al* (2009), tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada *Prunus* cinsine ait 16 genotipin genetik çeşitliliği ve aralarındaki filogenetik ilişkiyi araştırmak amacıyla ISSR markörlerini kullanmışlardır. 20 ISSR markörüyle PCR sonucunda polimorfizm oranı %57 ile %100 arasında olan 180 polimorfik ISSR bandı elde edilmiştir. Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) analizi ve temel bileşen analizi (principal coordinate analysis=PcoA) gerçekleştirilmiş olup, analizler sonucunda kayısı genotiplerinin daha düşük genetik varyasyon gösterdiği, kayısı ve erik melezi olan Plumcot'un kayısıdan ziyade eriğe daha yakın olduğu ortaya konmuştur.

Aranzana *et al* (2002), 14 şeftali ve 11 nektarinden oluşan 25 genotipte 35 SSR markörünü kullanmış, bu markörlerden 24 tanesinin polimorfik olduğunu belirtmişlerdir. Polimorfik SSR markörler ile toplam 82 allel bulunmuş ve ortalama %37 oranında heterozigotluk gözlenmiştir. Sping Lady ve Queencrest dışındaki tüm çeşitler kullanılan markörler ile ayrı ayrı tanımlanabilmiştir. Sadece 3 SSR markörünün bir genotip hariç 24 genotipi tanımlayabilmek için yeterli olduğu belirtilmiştir. Kümeleme analizi tüm nektarinleri tek grupta toplamıştır. Şeftaliler, 82 allelin içindeki 75 allel ile nektarinlerden daha değişken bulunmuştur. Şeftali ıslahı ve genetiğinde mikrosatellitlerin güçlü ve güvenilir markörler olduğu araştırmacılar tarafından rapor edilmiştir.

Zhebentyayeva *et al* (2003), şeftali için geliştirilen 12 SSR moleküler markörünü kullanarak Avrupa, Çin ve Orta Asya kökenli kayısı genotiplerini tanımlamışlardır. Araştırmacılar UPGMA'ya dayalı dendogram sonucu kayısının kültüre alınması ile ilgili farklı bölgelerin bulunduğunu, incelenen genotiplerin sağlandığı bölge ile ilişkilerinin az olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca çalışmada Çin kökenli genotiplerin *Prunus armeniaca* var. *ansu* Maxim alt türünde yer aldığı rapor edilmiştir.

Carrasco *et al* (2012), 35 ISSR ve 27 SSR markörleri ile toplam 97 SSR alleli ve 232 binary ISSR lokusundan elde edilen moleküler veriler ile 29 Japon erik çeşidinin genetik karakterizasyonunu analiz etmişlerdir. Japon erikleri güçlü bir saporofitik kendine uyumsuz sisteme sahip çapraz tozlanan türlerdir (Okie and Weinberg, 1996). Dolayısıyla diğer *Prunus* türleri ile karşılaştırıldığında Japon erik çeşitlerinde yüksek genetik çeşitlilik gözlemlendiği rapor edilmiştir.

Chalak *et al* (2006), tarafından Lübnan'ın farklı bölgelerinde yayılış gösteren 27 şeftali çeşidinin moleküler ve morfolojik karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Bazı çeşitlere ait DNA kalitesi iyi olmadığından dolayı moleküler analizlerde 20 çeşit kullanılmış ve DNA analizleri 16 SSR markörleri ile gerçekleştirilmiş olup lokus başına ortalama allel sayısı 4,5 olarak bulunmuştur. Hem kalitatif hem de SSR verileri üzerine dayalı gerçekleştirilen analizler sonucunda oluşturulan dendrogram şeftalileri başlıca 5 ana grupta toplamıştır. Bir birine en yakın çeşit Abi ve Moukhmalı çeşitleri olup, Beccogue çeşidi tüm çeşitlere en uzak olarak dendogramda kümelenmiştir. Lübnan şeftali çeşitleinin karakterizasyonunun ilk raporu olan bu çalışmada kullanılan markörlerin daha önceki çalışmalar (Testolin *et al.*, 2000; Aranzana *et al.*, 2002; Dirlewanger *et al.*, 2002) ile tutarlı sonuçlar verdiği ortaya konmuştur.

Şeftalide gerçekleştirilen bir gen haritalama çalışmasında çok yıllık bitkilerde pratik olarak kullanılabilen, ekonomik açıdan önemli agronomik özelliklerin belirlenmesi amacıyla moleküler markörler kullanılmıştır. Çalışmada, Ferjalou Jalousia ve Fantasia melezi (F x J) olan bir F1 bitkisinden kendileme yapılarak elde edilen F2 popülasyonu kullanılmıştır. 4 farklı agronomik karakter (polen kısırlığı, şeftali/nektarin, yassı/yuvarlak meyve, asitli/asitsiz meyve) 270 markör kullanılarak Mendel açılımı belirlenmeye çalışılmıştır. Çalışmada 50 RFLP, 115 AFLP, 92 RAPD, 8 IMA (inter-microsatellite amplification) ve 1 izoenzim markörü kullanılmıştır. Çalışma sonunda

elde edilen haritanın şeftalide QTL (Quantitative Trait Locus) çalışmalarında, özellikle de meyvenin kuru madde içeriği ve asit içeriğinin belirlenmesinde kullanılabileceği bildirilmiştir (Dirlewanger *et al.*, 1998).

Yamamoto *et al* (2001), Akame ve Juseitou şeftali çeşitlerini melezleyerek F2 popülasyonunda genetik harita oluşturarak 13 morfolojik karakteri analiz etmişlerdir. Çalışmada yaklaşık 1020 cM'ı (centimorgan) kapsayan 9 morfolojik ve 83 DNA temelli olmak üzere 92 markör ve 11 SSR markörü haritalanmıştır. Bu 13 morfolojik karakter ile ilişkili olan çeşitli DNA markörleri tespit edilmiş ve bu markörlerin MAS seleksiyonunda kullanılabileceği belirlenmiştir.

Yamamoto *et al* (2005), Akame ve Juseito şeftali çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen 126 F2 popülasyonunda 94 SSR, 14 STSs, 34 AFLP, 24 RAPDs, 3 ISSR ve dokuz fenotipik özelliği kullanılarak bir haritalama çalışması yürütmüştür. Bu harita, sekiz bağlantı grubunda yer alan 178 markörden oluşmuştur. Kök ur nematoduna dayanıklılık, çiçek rengi (Fc) ve ete yapışıklık (F) gibi özelliklerin haritada bağlantı noktaları ortaya konmuştur. Morfolojik özellikler ile ilişkili genlerle bağlantılı bulunan markörlerin, markör yardımcı seleksiyonda (MAS) kullanılabileceği vurgulanmıştır.

Yoon *et al* (2006), Çin, Japonya, Kuzey Amerika ve Güney Kore' nin farklı ekolojik bölgeden orijinlenen 96 şeftali ve nektarin genotipi arasındaki genetik ilişkiyi incelemiştir. Çalışmada şeftali ve kiraz için daha önce geliştirilmiş olan 108 SSR markörü taranmış ve 33 tanesi analizler için seçilmiştir. Seçilen 33 SSR markörü 96 genotipte polimorfizm göstermiş olup lokus başına ortalama 8,6 allel sayısı ile toplam 283 allel çoğaltılmıştır. Nei' nin (1972) genetik farklılığı üzerine dayalı UPGMA kümeleme analizi sonucu genotipler ekolojik orijinlerine karşılık gelen 6 gruba toplanmıştır. Grup-I Kuzey ve Kuzey-Batı Çine ait yerel çeşitlerin olduğu iki alt gruba ayrılmıştır. Çin'in güneyi, Japonya ve Kuzey Amerika genotiplerinin yer aldığı grup-II 4 alt gruba ayrılmıştır. Kuzey ve Kuzey-Batı Çin yerel çeşitleri Güney Çin'in yerel çeşitlerinden daha fazla farklılık göstererek birlikte gruplanmışlardır. Ayrıca Japon ve Kuzey-Amerikan genotiplerinin Güney-Çin'in yerel çeşitleri ile yakın filogenetik ilişkiye sahip olduğu ortaya konmuştur.

Son zamanlarda Çin'e özgü şeftali genetik koleksiyonlarında farklı çeşitlilik çalışmaları yürütülmektedir. Çin'e özgü ticari çeşitlerde çeşitlilik düşük seviyede olmasına rağmen, yerel çeşitler analiz edildiğinde çeşitlilik seviyesinin kayda değer oranda arttığı gözlenmektedir. Li *et al* (2008), çalışmalarında 51 örneği içine alan *P. perisca* ya ait bir koleksiyonu kullanarak geleneksel Çin adlandırması ile meyve karakteristiklerine göre şeftali çeşitlerini 6 gruba ayırmış ve örnekleri daha ayrıntılı olarak SSR analizleri ile incelemiştir. 22 polimorfik SSR primeri toplam 111 allel üretmiştir. Locus başına ortalama allel sayısı 5 olarak belirlenmiştir. UPGMA dendrogramında çeşitler 5 grupta toplanmıştır. Geleneksel Çin adlandırılmasına göre aynı guruba ait çeşitler UPGMA dendrogramında farklı gruplarda kümelenirken farklı gruba ait çeşitler ise dendrogramda aynı grupta kümelenmiştir. Genetik çeşitlilik seviyesi Çin'e ait yerel çeşitlerde daha fazla bulunmuştur.

3. MATERYAL Ve METOT

3.1. Bitki Materyali

İğdır tarım açısından önemli olan ilkbahar yağışlarının fazla, yazların sıcak kışların soğuk olduğu karasal iklime sahip olmasının yanında, kendine özgü mikro klimaya sahiptir (Karaoğlu, 2011). Çalışmada kullanılan şeftali materyalleri İğdır ili Merkez ve Karakoyunlu ilçelerinden yöre halkına ait bahçelerden toplanmıştır. 2016 yılında İğdır’da yürütülen çalışma esas alınarak örnekler toplanmıştır (Altay, 2016). İğdır’da yetiştirilen yerel şeftali popülasyonları içerisinde farklı tür ve form olup olmadığı ve farklı tipteki genotiplerin tespiti ve bu tespit edilen genotiplerden DNA materyalini içeren yaprak örneklerini toplamak amacıyla arazi çalışmaları 2016 Ağustos ayında gerçekleştirilmiştir. Arazi çalışmalarında genotiplerin bulunduğu rakım ve koordinatlar GPS ile kaydedilmiş ve şeftali genotiplerine farklı kodlar verilmiştir. Çalışmada 28 adet Zaferan şeftali genotipi, 24 Adet Ağşeftali genotipi ve 2 adet standart çeşit (Rich lady ve Royal glory) olmak üzere 54 genotip kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan Rich lady ve Royal glory standart çeşitleri yöre halkının en fazla kullandığı çeşit olduğu için seçilmiştir. Kullanılan bitki materyali hakkında mevcut bilgi Çizelge 3.1’de verilmiştir. Toplanan Bitki materyalleri Erciyes Üniversitesi Genom ve Kök Hücre Merkezi Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarına transfer edilmiş ve kullanılıncaya kadar -20 °C’de saklanmıştır.

3.1.1. Genomik DNA izolasyonu

Genetik materyalin izole edilmesinde Gülşen *et al* (2005), tarafından modifiye edilen Doyle and Doyle (1990), CTAB toplam DNA ekstraksiyon protokolü aşağıdaki adımlar ile uygulanmıştır.

1. Daha önce kullanılıncaya kadar -20 °C’de bulunan şeftali yapraklarından yaklaşık olarak 100 mg tartılmıştır
2. 100 mg bitki dokusu havan içerisine alınmış üzerine 1 ml CTAB DNA izolasyon çözeltisi eklenmiştir
3. Homojenizasyon işlemi için havan eli yardımıyla bitki dokuları ezilmiştir
4. Homojenat 2 ml’lik eppendorf tüplere aktarılmıştır.

5. Tüpler 65 °C'de 60 dakika su banyosunda bırakılmıştır.
6. Su banyosunda esnasında tüpler ters düz edilerek her 15 dakikada bir hafifçe çalkalanmıştır.
7. 60 dk sonunda tüpler, oda sıcaklığında yaklaşık 10-15 dk kadar soğumaya bırakılmıştır.
8. Daha sonra tüplerin üzerine 0,4 ml kloroform:izoamil alkol karışımı (24:1) eklenmiştir.
9. Tüpler tekrar ters düz edilerek yaklaşık 10 dk nazikçe karıştırılmıştır.
10. Daha sonra tüpler 7 dk 14000 rpm'de santrifüje tabi tutulmuştur.
11. Santrifüj sonrasında tüplerin üst kısmı (süpernatant) alınıp, 1,5 ml'lik yeni eppendorf tüplere transfer edilmiştir.
12. Tüplerin üzerine 500 µl soğuk isopropanol ilave edilmiş ve hamojen hale getirilecek şekilde karıştırılmıştır.
13. Sonrasında tüpler 3 dk süre ile 14000 rpm'de santrifüje tabi tutulmuş ve DNA'nın çökmesi sağlanmıştır.
14. Pellet (DNA) dipte kalacak şekilde üstte kalan sıvı uzaklaştırılmıştır.
15. Pellet üzerine içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan % 76'lik etil alkol eklenerek yıkama işlemi gerçekleştirilmiştir.
16. Tekrar 10 mM amonyum asetat bulunan % 76'lik etil alkol eklenerek tüpler +4 °C derecede bir gece bekletilmiştir.
17. Bekletilen tüpler 3 dk'da 14000 rpm'de santrifüje tabi tutularak yıkama işlemi gerçekleştirilmiştir.
18. Son yıkama işleminin ardından süpernatant uzaklaştırılmıştır
19. Tüpler DNA'nın kuruması için yaklaşık yarım saat oda sıcaklığında ters çevrilerek bekletilmiştir.
20. Elde edilen pellet (DNA çökeltisi) üzerine 100 µl TE (pH:8) ilave edilmiştir.

21. Son olarak, tüpler pellet çözünene kadar oda sıcaklığında gece boyunca bekletilmiştir. Ardından ortamda bulunan RNA'yı uzaklaştırmak için 1mg/ml Rnase' dan 5 µl eklenerek tüpler 37 °C'de 30 dk bekletilmiştir.

Çizelge 3.1. Bu çalışmada kullanılan şeftali genotiplerine ait mevcut bilgiler

No	Genotip adı	İlçe	Köy/Mah	Kişi
1	Zaferan10	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
2	Ağşeftali7	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
3	Ağşeftali10	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
4	Ağşeftali5	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
5	Ağşeftali16	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
6	Ağşeftali17	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
7	Ağşeftali6	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
8	Ağşeftali18	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
9	Ağşeftali19	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
10	Ağşeftali8	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
11	Ağşeftali20	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
12	Ağşeftali14	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
13	Ağşeftali13	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
14	Zaferan 8	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
15	Ağşeftali11	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
16	Ağşeftali15	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
17	Ağşeftali12	Merkez	Necefali	Erkut ZOR
18	Ağşeftali21	Merkez	Melekli	Tuğay BAĞRI
19	Zaferan9	Merkez	Melekli	Tuğay BAĞRI
20	Zaferan18	Merkez	Melekli	Tuğay BAĞRI
21	Zaferan20	Merkez	Melekli	Tuğay BAĞRI
22	Ağşeftali22	Merkez	Melekli	Tuğay BAĞRI
23	Ağşeftali23	Merkez	Melekli	Tuğay BAĞRI
24	Ağşeftali2	Merkez	Küllük	Latif YURTSEVEN
25	Zaferan1	Merkez	Küllük	Latif YURTSEVEN
26	Ağşeftali3	Merkez	Küllük	Latif YURTSEVEN

Çizelge 3.1'in devamı

No	Genotip adı	İlçe	Köy/Mah	Kişi
27	Zaferan16	Merkez	Akyumak	Abbas ARAT
28	Zaferan13	Merkez	Akyumak	Abbas ARAT
29	Zaferan15	Merkez	Akyumak	Abbas ARAT
30	Zaferan14	Merkez	Akyumak	Abbas ARAT
31	Zaferan11	Merkez	Akyumak	Abbas ARAT
32	Zaferan12	Merkez	Akyumak	Abbas ARAT
33	Zaferan26	Merkez	Küllük	Süleyman ÇATAK
34	Zaferan27	Merkez	Küllük	Süleyman ÇATAK
35	Zaferan28	Merkez	Küllük	Süleyman ÇATAK
36	Ağşeftali1	Merkez	Küllük	Süleyman ÇATAK
37	Zaferan24	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
38	Ağşeftali9	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
39	Zaferan29	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
40	Zaferan17	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
41	Zaferan30	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
42	Ağşeftali24	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
43	Zaferan22	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
44	Zaferan19	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
45	Zaferan25	Karakoyunlu	Zülfikar	Ercan KARACA
46	Zaferan6	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
47	Zaferan5	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
48	Zaferan3	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
49	Zaferan7	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
50	Zaferan4	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
51	Zaferan2	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
52	Ağşeftali4	Merkez	Küllük	Ali OKTAY
53	Royal glory	Karakoyunlu	Taşburun	Servet KULU
54	Rich lady	Merkez	Necafali	Mehmet AYDIN

3.1.2. DNA yoğunluğunun belirlenmesi

Moleküler çalışmalarda, çalışmada kullanılacak olan materyale ait DNA'nın kalitesi ve yoğunluğu çalışmanın gidişatını büyük oranda etkilemektedir. DNA yoğunluğunun yapılacak çalışmaya uygun olup olmadığı ve DNA'nın kirlilik derecesi çalışmanın sonucunu etkileyeceğinden dolayı DNA yoğunluğunun ve kalitesinin moleküler çalışmalara başlamadan önce tespit edilmesi gereken bir parametrelerdir. DNA yoğunluğunun belirlenmesi amacıyla BioSpec-nono Shimadzu Biotech spektrofotometre cihazı kullanılmıştır. Cihaza çalışmada kullanılacak her bir örneğin DNA solusyonundan 1 µl eklenmiş ve DNA saflığı ve yoğunluğu ile ilgili bilgi veren 260 ve 280 nm dalga boylarındaki absorbans değerleri ölçülmüştür. 260 ve 280 nm dalga boylarındaki absorbans oranının yaklaşık olarak 1.8 olması beklenmektedir (William *et al.*, 1997). A260 ve A280 değerleri ölçüldükten sonra örneklerin DNA yoğunluğuna göre örneklere ait DNA konsantrasyonu 20 ng/µl olacak şekilde sulandırılarak çalışma solüsyonu hazırlanmıştır (Çizelge 3.2). Stok DNA örnekleri ise tekrar kullanılincaya kadar -20 °C'de muhafaza edilmiştir.

3.2. PCR Reaksiyonu ve Agaroz Jel Elektrofrezisi

3.2.1. ISSR PCR reaksiyonu

Şeftali genomik DNA'sı kalıp DNA olarak kullanılmış ve ISSR moleküler markörü ile PCR işlemi gerçekleştirilerek DNA parçaları çoğaltılmıştır. PCR tüpleri içerisinde ISSR Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) bileşenleri 7.6 µl dH₂O, 1 µl primer (10 pmol), 2 µl 10X PCR buffer, 1 µl MgCl₂ (25 mM), 1.5 µl dNTP (2 mM), 0.4 µl Taq DNA polymerase (5 U/µl) ve 1.5 µl DNA (20 ng/µl) olmak üzere toplam hacim 15 µl olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyon bileşenlerini PCR tüplerinin alt kısmında toplamak için santrifüj yapılmıştır. Reaksiyon karışımının bulunduğu tüpler PCR reaksiyonunu gerçekleştiren ısı döngüsü sağlayan thermal cycler adı verilen cihaza yerleştirilmiştir. Çizelge 3.3'de ki döngüler izlenerek PCR ürünleri elde edilmiştir.

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan şeftali örneklerinin DNA yoğunluğunu gösteren nanodrop sonuçları

Örnek no	Örnek ismi	Nükleik asit konsantrasyonu	OD260/280	OD260/230
1	Zaferan10	456.33	2.01	1.58
2	Ağşeftali7	300.36	1.99	1.86
3	Ağşeftali10	402.47	2.03	1.75
4	Ağşeftali5	361.14	2.01	1.92
5	Ağşeftali16	535.48	2.02	1.96
6	Ağşeftali17	147.77	1.87	1.23
7	Ağşeftali6	327.92	1.97	1.91
8	Ağşeftali18	633.89	1.95	1.69
9	Ağşeftali19	187.90	2.05	1.81
10	Ağşeftali8	109.09	2.10	1.65
11	Ağşeftali20	246.76	2.06	1.77
12	Ağşeftali14	204.07	1.93	1.79
13	Ağşeftali13	274.54	1.85	1.99
14	Zaferan 8	385.65	1.89	1.17
15	Ağşeftali11	327.98	2.15	1.24
16	Ağşeftali15	150.00	2.01	1.28
17	Ağşeftali12	466.57	1.99	1.68
18	Ağşeftali21	1031.48	2.04	1.32
19	Zaferan9	259.43	1.92	1.75
20	Zaferan18	327.89	1.88	1.69
21	Zaferan20	507.68	2.00	1.03
22	Ağşeftali22	161.88	1.98	1.95
23	Ağşeftali23	564.56	1.85	1.75
24	Ağşeftali2	600.92	1.99	1.19
25	Zaferan1	809.25	2.06	1.57
26	Ağşeftali3	282.59	2.02	1.38
27	Zaferan16	649.26	1.78	1.33

Çizelge 3.2'nin devamı

Örnek no	Örnek ismi	Nükleik asit konsantrasyonu	OD260/280	OD260/230
28	Zaferan13	532.65	1.98	1.74
29	Zaferan15	425.58	1.86	1.45
30	Zaferan14	253.55	1.88	1.32
31	Zaferan11	258.25	2.00	1.50
32	Zaferan12	221.09	2.08	1.57
33	Zaferan26	227.02	2.10	1.33
34	Zaferan27	805.43	1.87	0.88
35	Zaferan28	328.90	1.98	1.72
36	Ağşeftali1	643.08	1.82	1.05
37	Zaferan24	205.80	1.92	1.31
38	Ağşeftali9	210.34	1.85	1.07
39	Zaferan29	344.10	2.01	1.72
40	Zaferan17	271.58	1.81	0.96
41	Zaferan30	364.87	2.08	1.68
42	Ağşeftali24	772.32	1.99	1.23
43	Zaferan22	243.70	1.76	0.91
44	Zaferan19	365.04	1.96	1.15
45	Zaferan25	248.33	2.06	1.09
46	Zaferan6	594.36	1.95	1.67
47	Zaferan5	148.29	1.90	0.92
48	Zaferan3	540.52	1.99	1.07
49	Zaferan7	345.23	1.97	0.98
50	Zaferan4	459.10	1.85	0.96
51	Zaferan2	447.14	1.85	1.18
52	Ağşeftali4	254.96	1.85	0.88
53	Royal glory	477.98	1.91	0.86
54	Rich lady	269.75	2.01	1.93

Çalışmada ilk olarak 8 farklı şeftali genotipinde ISSR primerleri ile PCR reaksiyonları gerçekleştirilmiş olup bu primerler arasından en iyi amplifikasyonu ve polimorfizmi veren primerler belirlenerek tüm şeftali genotiplerinin DNA'sını

çoğaltmada kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan tüm ISSR markörlerine ait bilgiler Çizelge 3.4’de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Analizlerde kullanılan ISSR primerleri için PCR döngü koşulları

PCR Aşamaları	Sıcaklık (°C)	Süre (sn)	PCR Döngü Sayısı
Ön Bozulma (Denatürasyon)	95	5	1
Ön Bozulma (Denatürasyon)	92	115	1
Ön Bozulma (Denatürasyon)	95	30	45
Bozulma (Denatürasyon)	92	30	45
Yapışma (Annealing)	X	60	45
Uzama (Extension)	72	120	45
Son Uzama	72	420	1

3.2.2. Agaroz jel elektroforezi

PCR işleminin ardından elde edilen PCR ürünlerinin moleküler boyutlarına göre ayrılması için elektroforez işlemi uygulanmıştır. ISSR primerleriyle çoğaltılan DNA’ların bulunduğu PCR tüplerine brom fenol blue eklenmiş, pipetleme yapılarak boyanın iyice karışması sağlanmıştır. Sonra çoklu mikropipet yardımı ile PCR ürünü etidium bromid içeren 1X TBE Tampon içerisinde % 3’lük agaroz jel üzerindeki kuyucuklara yüklenmiştir. PCR ürünleri 120 volt gerilimde 4 saat süreyle büyüklüklerine göre ayrılmış, ardından UV ışın altında jel görüntüleme sistemi ile fotoğrafları çekilmiştir. PCR ürünlerinin büyüklüklerini tahmin etmek için GeneRuler 100 bç plus DNA Markörü (M) kullanılmıştır. Bantlar arasından sadece güvenilir ve skorlanabilir olanları moleküler analizler için seçilmiştir.

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan ISSR moleküler markörleri

Primer Numarası	Primer Adı	Primer Sekansı 5'-----3'	Amplifikasyon	Polimorfizm	Referanslar
1	UBC-807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	+	+	Duta-Cornescu <i>et al.</i> , 2017
2	UBC-810	GAGAGAGAGAGAGAGAT	+	+	Tian <i>et al.</i> , 2015
3	UBC-811	GAGAGAGAGAGAGAGAC	+	+	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
4	UBC-812	GAGAGAGAGAGAGAGAA	-	-	Javalera <i>et al.</i> , 2016
5	UBC-813	CTCTCTCTCTCTCTT	+	+	Shahi-Gharahlar <i>et al.</i> , 2011
6	UBC-814	CTCTCTCTCTCTCTTA	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
7	UBC-815	CTCTCTCTCTCTCTTG	+	-	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
8	UBC-818	CACACACACACACAG	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
9	UBC-819	GTGTGTGTGTGTGTGA	+	+	Rana <i>et al.</i> , 2014
10	UBC-820	GTGTGTGTGTGTGTGC	+	+	Bağda. 2017
11	UBC-821	GTGTGTGTGTGTGTGT	+	-	Levi <i>et al.</i> , 2004
12	UBC-822	TCTCTCTCTCTCTCTCA	+	-	Levi <i>et al.</i> , 2004
13	UBC-823	TCTCTCTCTCTCTCTCC	+	+	Duta-Cornescu <i>et al.</i> , 2017
14	UBC-824	TCTCTCTCTCTCTCTCG	+	+	Rana <i>et al.</i> , 2014
15	UBC-825	ACACACACACACACT	+	+	Tian <i>et al.</i> , 2015
16	UBC-826	ACACACACACACACACC	+	+	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
17	UBC-828	TGTGTGTGTGTGTGTGA	+	+	Javalera <i>et al.</i> , 2016
18	UBC-830	TGTGTGTGTGTGTGTGG	+	+	Leelambika <i>et al.</i> , 2016
19	UBC-834	AGAGAGAGAGAGAGAGYT	-	-	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
20	UBC-836	AGAGAGAGAGAGAGAGYA	+	+	Thummar <i>et al.</i> , 2015
21	UBC-840	GAGAGAGAGAGAGAGAYT	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
22	UBC-841	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
23	UBC-842	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	+	-	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
24	UBC-843	CTCTCTCTCTCTCTTRA	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
25	UBC-844	CTCTCTCTCTCTCTTRC	+	+	Levi <i>et al.</i> , 2004
26	UBC-845	CTCTCTCTCTCTCTTRG	+	+	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
27	UBC-846	CACACACACACACART	-	-	Tian <i>et al.</i> , 2015
28	UBC-847	CACACACACACACARC	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
29	UBC-852	TCTCTCTCTCTCTCTRA	+	+	Casasoli <i>et al.</i> , 2001
30	UBC-851	GTGTGTGTGTGTGTGYG	-	-	El Fattah <i>et al.</i> , 2015

Çizelge 3.4'ün devamı

Primer Numarası	Primer Adı	Primer Sekansı 5'-----3'	Amplifikasyon	Polimorfizm	Referanslar
31	UBC-850	GTGTGTGTGTGTGTGYC	+	+	Shahi-Gharahlar <i>et al.</i> , 2011
32	UBC-848	CACACACACACACARG	-	-	Etminan <i>et al.</i> , 2016
33	UBC-855	ACACACACACACACYT	+	+	Leelambika <i>et al.</i> , 2016
34	UBC-856	ACACACACACACACYA	-	-	Leelambika <i>et al.</i> , 2016
35	UBC-857	ACACACACACACACYG	+	+	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
36	UBC-858	TGTGTGTGTGTGTGRT	+	-	Casasoli <i>et al.</i> , 2001
37	UBC-859	TGTGTGTGTGTGTGRC	+	-	Wang <i>et al.</i> , 2009
38	UBC-860	TGTGTGTGTGTGTGRA	-	-	Idrees <i>et al.</i> , 2017
39	UBC-866	CTCCTCCTCCTCCTC	+	+	Shahi-Gharahlar <i>et al.</i> , 2011
40	UBC-887	DVDTCTCTCTCTCTC	+	+	Zarek, 2016
41	UBC-888	BDBCACACACACACA	-	-	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
42	UBC-889	DBDACACACACACAC	+	+	Najafzadeh <i>et al.</i> , 2014
43	UBC-890	VHVGTTGTGTGTGTGT	+	-	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
44	UBC-891	HVHTGTGTGTGTGTGTG	-	-	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
45	ISSR-7	ACACACACACACACACT	+	-	Patel <i>et al.</i> , 2015
46	ISSR-9	ACACACACACACACCG	+	-	Sai Rekha <i>et al.</i> , 2015
47	ISSR-16	TCCTCCTCCTCCTCRY	-	-	Leelambika <i>et al.</i> , 2016
48	ISSR-21	TGTGTGTGTGTGTGTC	-	-	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
49	ISSR-22	HVHCACACACACACAT	-	-	Sekerci <i>et al.</i> , 2017
50	ISSR-28	AGAAAGAAAGAAAGAAAG	-	-	Vidal <i>et al.</i> , 2014
51	ISSR-43	GATCCGGCGGCGGCGGCGG CGGCGGCGG	+	+	Gore <i>et al.</i> , 2015
52	ISSR-47	AGAGAGAGAGAGAGAGY	-	-	Daneshmand <i>et al.</i> , 2017
53	UBC-808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	+	+	Rana <i>et al.</i> , 2014
54	UBC-809	AGAGAGAGAGAGAGAGG	+	-	Tian <i>et al.</i> , 2015
55	UBC-816	CACACACACACACAT	-	-	Shahi-Gharahlar <i>et al.</i> , 2011
56	UBC-827	ACACACACACACACG	+	+	Yılmaz <i>et al.</i> , 2009
57	UBC-868	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	+	+	Shahi-Gharahlar <i>et al.</i> , 2011

3.3. Moleküler ve İstatiksel Analizler

Çalışmada kullanılan ISSR moleküler markörlerinin polimorfizm oranları; primerlerden elde edilen toplam polimorfik bant sayısının, toplam bant sayısına bölünerek 100 ile çarpılması sonucu aşağıda belirtilen formül ile belirlenmiştir:

$$\text{Polimorfizm Oranı (\%)} = (\text{Polimorfik bant sayısı} / \text{Toplam bant sayısı}) \times 100$$

DNA bantlarının var olması durumunda “1” ve yokluğu durumunda ise “0” olarak değerlendirilerek bir veri dosyası hazırlanmıştır. PCR veya herhangi bir deneme hatası nedeniyle çoğalmadığı düşünülen DNA bantları ise kayıp veri yani “9” olarak değerlendirilmiştir. ISSR moleküler markörlerinden elde edilen DNA verileri dosyası NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System. NTSYS-pc version 2.1. Exeter Software. Setauket. N.Y. USA) paket programına yüklenmiş olup UPGMA dendrogramının (cluster) oluşturulmasında benzerlik indeksinin hesaplanmasında ve PCA (temel bileşenler analizi) analizinde bu veri dosyası kullanılmıştır. Jaccard benzerlik katsayısı NTSYS programı ile $a/(a + b + c)$ formülüne göre (a; y ve z çeşitleri arasındaki ortak bant sayısı, b; y çeşidinde olan fakat z çeşidinde olmayan bantların sayısı ve c; z çeşidinde olan fakat y çeşidinde olmayan bantların sayısıdır) hesaplanmaktadır (Akbulut, 2011).

4. BULGULAR Ve TARTIŞMA

4.1. ISSR Markörlerinin Değerlendirilmesi

Iğdır ilinde yetiştirilen yerel şeftali genotiplerini karakterize etmek ve aralarındaki genetik çeşitliliği tanımlamak amacıyla ISSR moleküler markörü ile PCR tekniği kullanılmıştır. Bu teknikte şeftali genotiplerinde 57 adet ISSR primeri kullanılmış ve bu primerlerden 15 tanesi amplifikasyon sağlamamıştır. PCR reaksiyonu sonucu şeftali genomik DNA'sını çoğaltan 42 ISSR primerinden 32 tanesi polimorfik olup moleküler veri dosyası oluşturmak için skorlamalarda kullanılmıştır. ISSR-PCR analizleri sonucuna göre 32 adet ISSR primeri ile toplam 213 bant elde edilmiş, bu bantların 154 adedinin polimorfik olduğu saptanmıştır. Çalışmada kullanılan polimorfik ISSR primerlerine ait özellikler Çizelge 4.1' de verilmiştir.

Polimorfik olarak seçilen primerler kendi arasında değerlendirildiğinde primer başına toplam bant sayısı en fazla olanlar UBC-836 ve UBC-887'dir. En yüksek polimorfizm değeri UBC-813, UBC-814, UBC-825, UBC-844, UBC-857, UBC-866 ve UBC-868 (% 100) primerlerinden elde edilirken, en düşük polimorfizm değeri UBC-819 ve UBC-847 (% 33,3) primerlerinden elde edilmiştir. Primer başına düşen toplam bant sayısı 2-12 arasında değişmiş ve ortalama toplam bant sayısı ise 6,6 olarak tespit edilirken, ortalama polimorfik bant sayısı 4,8 ve ortalama polimorfizm oranı %70 olarak tespit edilmiştir. En büyük allel uzunluğu 1500 bp ve en küçük allel uzunluğu 120 bp olup, çalışmada kullanılan primerlerin çoğalttığı allel boyutları bu aralıkta dağılım göstermektedir.

Polimorfik olarak değerlendirilen bazı ISSR primerlerine ait PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüleri aşağıdaki şekillerde gösterilmiştir (Şekil 4.1 - 4.6).

Çizelge 4.1. Şeftalide polimorfik olduğu tespit edilen ISSR primerlerine ait bant profilleri

Primer adı	Toplam bant sayısı	Polimorfik bant sayısı	Polimorfizm oranı (%)	Allel boyutu aralığı (bp)
UBC-807	9	8	88.8	930-200
UBC-808	5	3	60	1000-300
UBC-810	9	7	77.7	980-250
UBC-811	6	4	66.6	900-380
UBC-813	6	6	100	920-420
UBC-814	5	5	100	1000-400
UBC-818	4	3	75	900-500
UBC-819	3	1	33.3	500-340
UBC-820	4	2	50	900-200
UBC-823	4	2	50	900-460
UBC-824	6	4	66.6	700-180
UBC-825	2	2	100	650-600
UBC-826	6	5	83.3	1000-520
UBC-827	9	7	77.7	1000-270
UBC-828	2	1	50	930-900
UBC-830	9	7	77.7	900-180
UBC-836	12	10	83.3	1000-150
UBC-840	8	6	75	980-200
UBC-841	10	6	60	970-130
UBC-843	4	3	75	600-120
UBC-844	10	10	100	1500-300
UBC-845	5	3	60	600-190
UBC-847	6	2	33.3	1200-600

Çizelge 4.1'in devamı

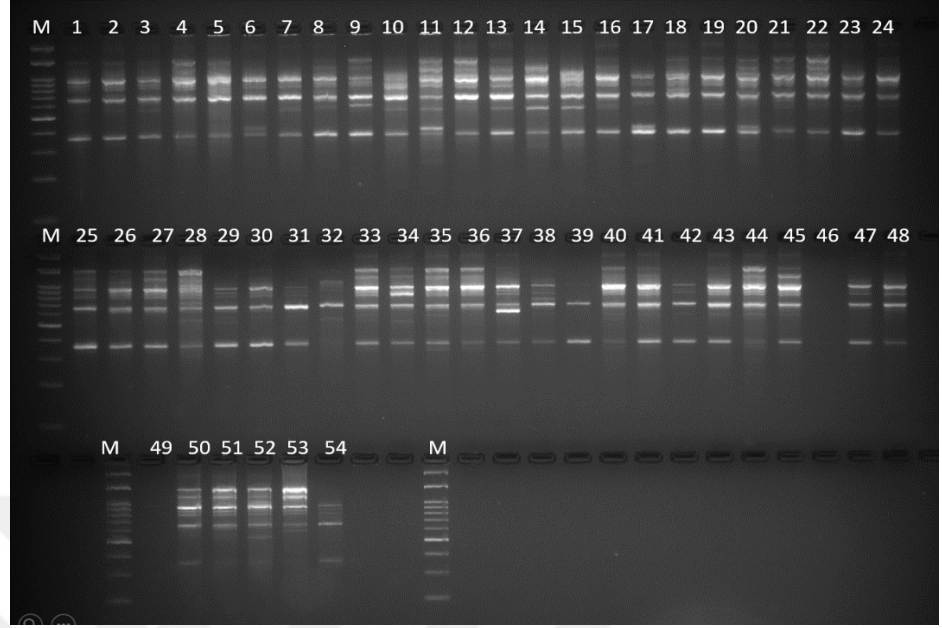
Primer adı	Toplam bant sayısı	Polimorfik bant sayısı	Polimorfizm oranı (%)	Allel boyutu aralığı (bp)
UBC-850	5	5	100	600-200
UBC-852	8	7	87.5	940-300
UBC-855	5	2	40	1000-400
UBC-857	8	8	100	940-420
UBC-866	2	2	100	980-900
UBC-868	8	8	100	900-150
UBC-887	12	5	41.6	1000-260
UBC-889	9	8	88.8	940-280
ISSR-43	3	2	66.6	600-200
Ortalama	6.6	4.8	70	---

4.2. Jaccard Benzerlik Katsayısına Göre Şeftali Genotiplerinin Genetik Çeşitliliğinin Tanımlanması

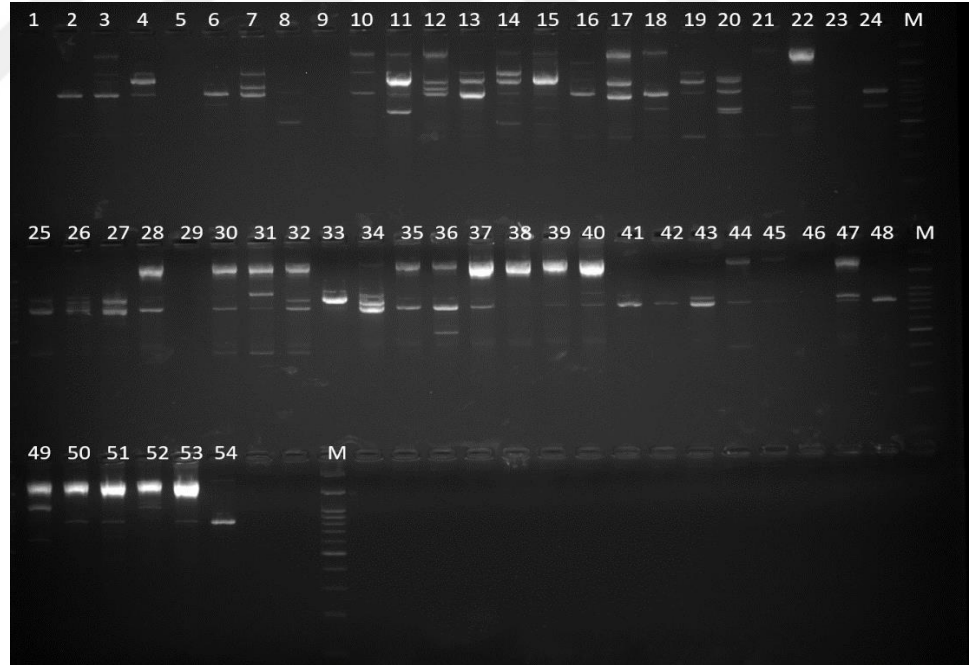
Çalışmada kullanılan 32 adet ISSR primeri ile (Çizelge 3.4) PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve işlem sonrasında oluşan ürünler %3'lük agaroz jele yüklenmiş ve elektroforez işlemine tabi tutulduktan sonra UV altında görüntülenmiştir. Görüntülerden elde edilen PCR bant profilleri değerlendirilerek moleküler veri dosyası oluşturulmuştur. Moleküler veri dosyasından yararlanılarak NTSYS-pc software version 2.02 (Rohlf, 2000) kullanılarak Jaccard benzerlik katsayı (Jaccard' similarity coefficient) oluşturulmuş ve değerleri Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Jaccard benzerlik katsayısına göre şeftali genotipleri karşılaştırıldığında 0,8997 benzerlik katsayısı ile Ağşeftali6 ve Ağşeftali16 birbirlerine en yakın Jaccard benzerlik katsayısına sahip iken, 0,4000 Jaccard benzerlik katsayısı ile Zaferan6-Ağşeftali18 genotipleri birbirine en uzak olanlardır. Ayrıca Ağşeftali genotipleri kendi içerisinde değerlendirildiğinde Ağşeftali4-Ağşeftali24, Ağşeftali18-Ağşeftali24 ve Ağşeftali1-Ağşeftali19 genotipleri Jaccard benzerlik katsayısına göre birbirlerine en uzak genotiplerken, birbirine en yakın genotipler Ağşeftali5-Ağşeftali16, Ağşeftali13-Ağşeftali14 ve Ağşeftali2-Ağşeftali23'tür. Zaferan şeftali genotipleri kendi arasında değerlendirildiğinde Zaferan6 genotipinin Zaferan18, Zaferan13, Zaferan12, Zaferan26, Zaferan8 ve Zaferan9 genotiplerine en uzak olduğu görülmektedir. Jaccard benzerlik

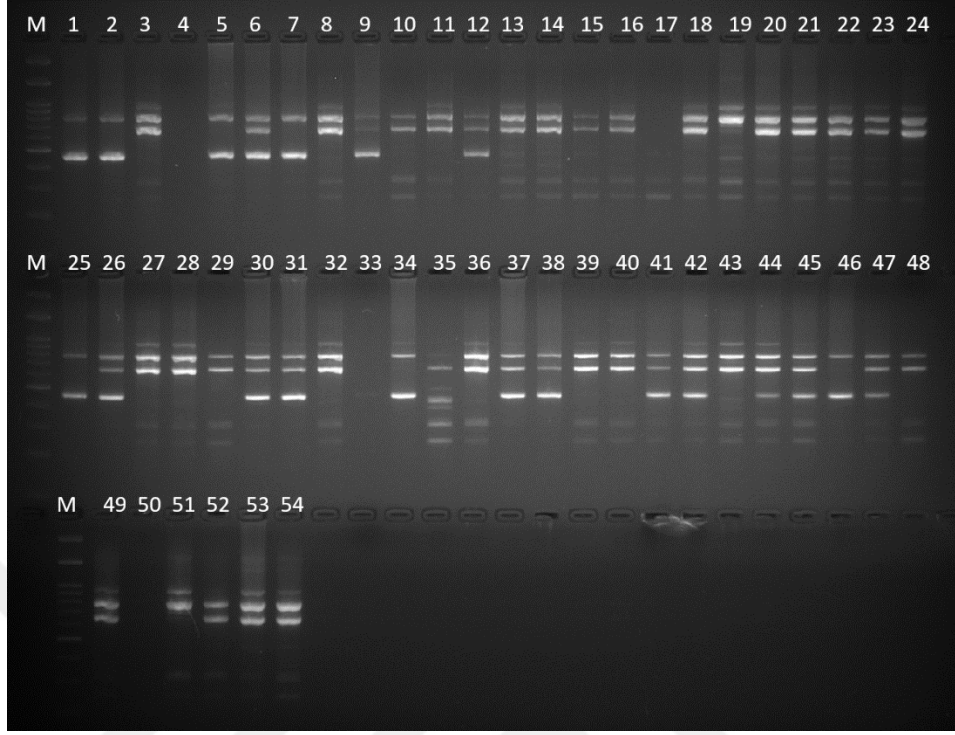
katsayına göre birbirine en yakın Zaferan genotiplerinin Zaferan29, Zaferan27, Zaferan28 ve Zaferan25 oldukları saptanmıştır. Çalışmada kullanılan kontrol çeşitler olan Royal glory ve Rich lady çeşitleri Jaccard benzerlik katsayısına göre değerlendirildiğinde, Royal glory ve Zaferan2 genotipine en yakın iken (0,6653), Zaferan6 genotipine en uzak (0,4436) bulunmuştur. Ayrıca Rich lady genotipi 0,6111 Jaccard benzerlik katsayısı ile Zaferan22 genotipine en yakın iken, 0,4734 Jaccard benzerlik katsayısı ile Ağşeftali18 genotipine en uzak olarak saptanmıştır. Ortalama Jaccard benzerlik katsayısı 0,6061 olarak bulunmuştur. Jaccard benzerlik katsayıları yorumlandığında oluşturulan UPGMA dendrogramı ile çoğunlukla örtüştüğü görülmektedir.



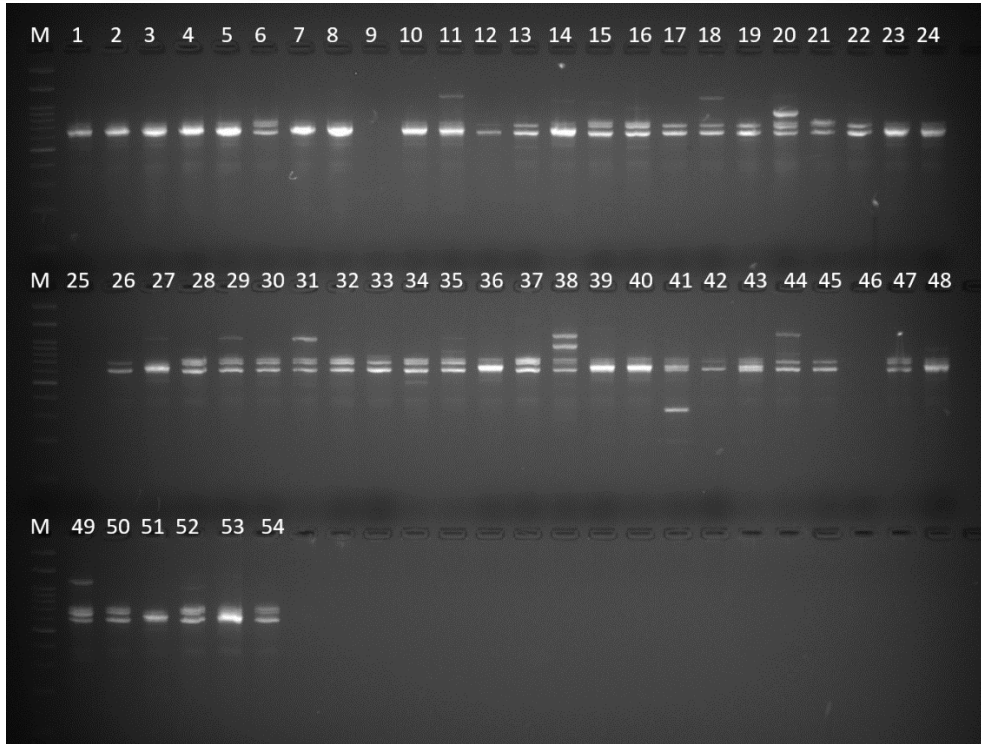
Şekil 4.1. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-827 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü



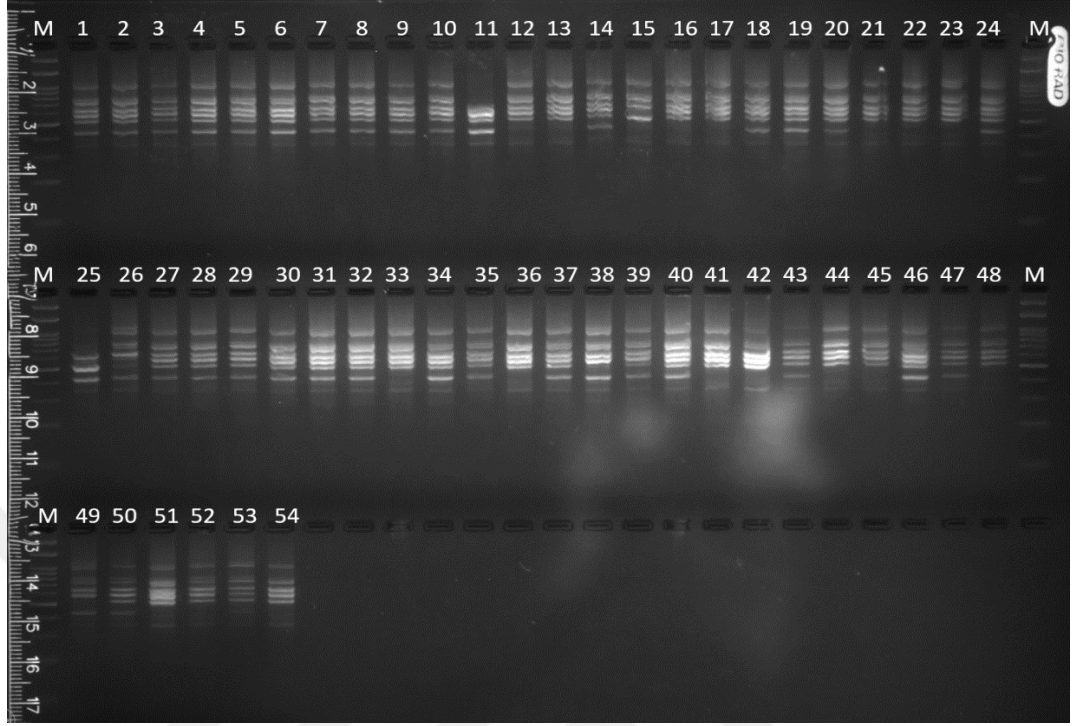
Şekil 4.2. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-844 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü



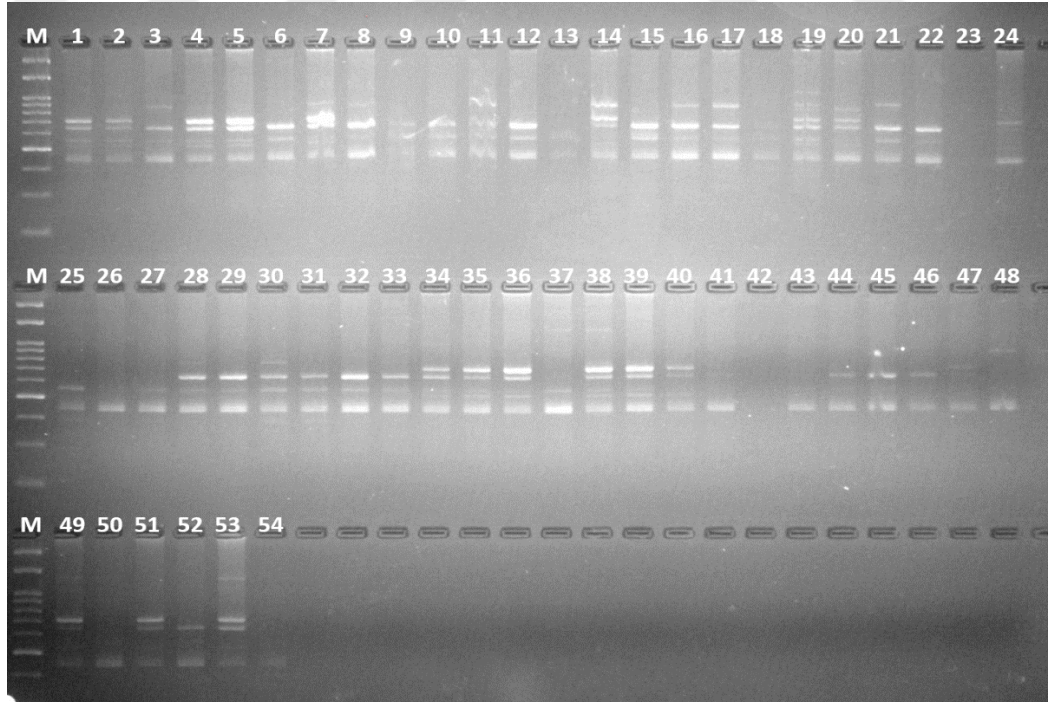
Şekil 4.3. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-868 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü



Şekil 4.4. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-840 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü



Şekil 4.5. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-810 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü



Şekil 4.6. Şeftali genotiplerine ait genomik DNA'nın ISSR primerlerinden UBC-813 ile PCR sonrası agaroz jel elektroforez görüntüsü

4.3. ISSR Moleküler Verileri ile Oluşturulan UPGMA Dendogramının Değerlendirilmesi

54 adet şeftali genotipinden elde edilen moleküler ISSR markör verileri kullanılarak Jaccard benzerlik indeksi ile UPGMA metodu ile kümeleme analizi yapılmıştır ve 54 genotipe ait dendrogram (Şekil 4.7) elde edilmiştir. Kümeleme analizi sonucu elde edilen dendrogram kullanılarak ultrametrik benzerlik matrisi oluşturulmuştur. Oluşturulan bu matris ile Jaccard benzerlik matrisini karşılaştırmak için Mantel testi gerçekleştirilmiştir (Mantel, 1967). Mantel testi sonucunda kophenetik korelasyon değeri ($r= 0,821$) olarak bulunmuştur. Benzerlik indeksleri ile dendrogram arasındaki korelasyon katsayısının 0,8'e eşit veya büyük olmasının dendrogram ile benzerlik indeksleri arasında çok yüksek bir korelasyonun olduğunu ve dendrogramın benzerlik indeksini çok iyi temsil ettiğini göstermektedir (Mohammadi *et al.*, 2003)

Şeftali genotiplerine ait UPGMA dendrogramı incelendiğinde benzerlik düzeyinin 0,40-0,89 arasında değiştiği ve genotipler arasında genel bir gruplama olmadığı görülmüştür. Zaferan ve Ağşeftali genotipleri birbiri içerisinde dağılım göstermiştir. Dendrogram incelendiğinde birbirine en uzak genotiplerin Zaferan6 ve Ağşeftali18 olduğu, en yakın bireylerinde Ağşeftali6 ve Ağşeftali16 olduğu belirlenmiştir. Dendrogram 7 grupta değerlendirilmiş olup genotiplerin çoğunlukla 7 grupta kümelendiği görülmektedir. Çalışmada Iğdır iline ait yerel şeftali genotiplerinin yanında Rich lady ve Royal glory isimli iki ticari çeşitte yer almıştır. Rich lady çeşidine en yakın kümelenen genotip Ağşeftali18 iken, en uzak kümelenen genotipin Zaferan22 olduğu görülmektedir. Aynı şekilde Royal glory ticari çeşidine en yakın kümelenen genotip Zaferan2 iken, en uzak kümelenen genotip Zaferan6'dır.

Çizelge 4.2. Şeftali genotiplerine ait Jaccard benzerlik katsayısı

	Zaferan10	Ağşeftali7	Ağşeftali10	Ağşeftali5	Ağşeftali16	Ağşeftali17	Ağşeftali6
Zaferan10	1.000						
Ağşeftali7	0.6683	1.000					
Ağşeftali10	0.6111	0.6018	1.000				
Ağşeftali5	0.6558	0.6636	0.6621	1.000			
Ağşeftali16	0.6451	0.6349	0.6609	0.8163	1.000		
Ağşeftali17	0.6273	0.6533	0.6861	0.6851	0.7013	1.000	
Ağşeftali6	0.6219	0.6393	0.6644	0.6974	0.8997	0.8038	1.000
Ağşeftali18	0.4961	0.5751	0.6054	0.5763	0.5650	0.6036	0.5982
Ağşeftali19	0.6063	0.5755	0.5788	0.5707	0.5961	0.6246	0.5714
Ağşeftali8	0.5834	0.5928	0.6547	0.6362	0.6384	0.6776	0.6390
Ağşeftali20	0.5577	0.5759	0.6689	0.6430	0.6452	0.6502	0.6374
Ağşeftali14	0.5945	0.6214	0.6729	0.6632	0.6831	0.6954	0.6824
Ağşeftali13	0.5830	0.5742	0.6646	0.6370	0.6214	0.6412	0.6276
Zaferan8	0.5788	0.5965	0.6230	0.6465	0.6235	0.6537	0.6327
Ağşeftali11	0.5671	0.5679	0.6305	0.6240	0.6205	0.6619	0.6403
Ağşeftali15	0.5568	0.5753	0.6619	0.6270	0.6170	0.6430	0.6465
Ağşeftali12	0.5763	0.5768	0.6305	0.6376	0.6398	0.6201	0.6319
Ağşeftali21	0.5500	0.5317	0.5834	0.5721	0.5700	0.5909	0.5671
Zaferan9	0.5962	0.5870	0.6158	0.6356	0.6407	0.6312	0.6435
Zaferan18	0.6017	0.6101	0.6193	0.6259	0.6361	0.6492	0.6287
Zaferan20	0.5980	0.5885	0.6364	0.6349	0.6426	0.6341	0.6288
Ağşeftali22	0.6173	0.6075	0.6533	0.6251	0.6416	0.6684	0.6282
Ağşeftali23	0.6081	0.6177	0.6465	0.6263	0.6626	0.6545	0.6571
Ağşeftali2	0.5923	0.5830	0.6304	0.6018	0.6364	0.6458	0.6319
Zaferan1	0.6020	0.5921	0.5570	0.5925	0.5714	0.6018	0.5778
Ağşeftali3	0.5624	0.6019	0.6037	0.5926	0.6093	0.6288	0.6054
Zaferan16	0.5793	0.5615	0.6000	0.6158	0.6089	0.6326	0.6017
Zaferan13	0.5736	0.6018	0.6122	0.6106	0.6125	0.6362	0.6139
Zaferan15	0.6075	0.5982	0.6174	0.6333	0.6673	0.6670	0.6448
Zaferan14	0.6325	0.6318	0.6230	0.6341	0.6214	0.6646	0.6421

Çizelge 4.2'nin devamı

	Zaferan10	Ağşeftali7	Ağşeftali10	Ağşeftali5	Ağşeftali16	Ağşeftali17	Ağşeftali6
Zaferan11	0.6091	0.6178	0.5932	0.6085	0.5983	0.6167	0.6033
Zaferan12	0.5658	0.5930	0.5950	0.6017	0.5949	0.6182	0.6050
Zaferan26	0.6241	0.6235	0.6155	0.6745	0.6509	0.6390	0.6426
Zaferan27	0.6282	0.6448	0.6525	0.6926	0.6703	0.6745	0.6780
Zaferan28	0.6210	0.6376	0.6374	0.6607	0.6465	0.6594	0.6387
Ağşeftali1	0.5773	0.5692	0.6130	0.6443	0.6382	0.6193	0.6306
Zaferan24	0.6304	0.6035	0.6299	0.6536	0.6559	0.6607	0.6395
Ağşeftali9	0.6037	0.5857	0.6559	0.6291	0.6312	0.6368	0.6151
Zaferan29	0.6319	0.6312	0.6642	0.6631	0.6908	0.6862	0.6735
Zaferan17	0.5926	0.6108	0.5949	0.6534	0.6384	0.6270	0.6390
Zaferan30	0.5714	0.5907	0.6018	0.6089	0.6198	0.6348	0.6472
Ağşeftali24	0.5527	0.5120	0.5783	0.5065	0.5739	0.5885	0.5512
Zaferan22	0.5658	0.6106	0.6285	0.6439	0.6718	0.6843	0.6714
Zaferan19	0.6054	0.6053	0.6235	0.6305	0.6412	0.6631	0.6500
Zaferan25	0.5870	0.5964	0.6240	0.6225	0.6333	0.6305	0.6426
Zaferan6	0.5273	0.5182	0.4943	0.5120	0.5407	0.5347	0.5282
Zaferan5	0.5736	0.5834	0.6035	0.6282	0.6571	0.6190	0.6571
Zaferan3	0.5449	0.5576	0.5793	0.5923	0.6000	0.6075	0.6113
Zaferan7	0.5418	0.5339	0.5652	0.5456	0.5522	0.5811	0.5500
Zaferan4	0.5525	0.5536	0.5306	0.5742	0.5721	0.5568	0.5692
Zaferan2	0.5763	0.5568	0.5949	0.6462	0.6472	0.6186	0.6390
Ağşeftali4	0.5596	0.5524	0.5911	0.5945	0.6111	0.6178	0.5857
Royal glory	0.5577	0.5532	0.6230	0.6216	0.6319	0.6211	0.6327
Rich lady	0.5273	0.5363	0.5664	0.5273	0.5810	0.5814	0.5757

Çizelge 4.2'nin devamı

	Ağşeftali18	Ağşeftali19	Ağşeftali8	Ağşeftali20	Ağşeftali14	Ağşeftali13	Zaferan8
Ağşeftali18	1.000						
Ağşeftali19	0.5385	1.000					
Ağşeftali8	0.5692	0.5923	1.000				
Ağşeftali20	0.5965	0.5778	0.6852	1.000			
Ağşeftali14	0.5892	0.6038	0.6729	0.6862	1.000		
Ağşeftali13	0.5834	0.5783	0.6522	0.6667	0.8224	1.000	
Zaferan8	0.5565	0.5442	0.6395	0.6458	0.6653	0.6583	1.000
Ağşeftali11	0.5623	0.5488	0.6426	0.6490	0.6692	0.6609	0.6443
Ağşeftali15	0.5788	0.5642	0.6117	0.6273	0.6548	0.6511	0.6226
Ağşeftali12	0.5354	0.5692	0.6136	0.6374	0.6487	0.6448	0.6082
Ağşeftali21	0.5353	0.5644	0.5926	0.5841	0.6037	0.6224	0.5699
Zaferan9	0.5349	0.5783	0.6106	0.6017	0.6210	0.6108	0.6136
Zaferan18	0.5542	0.5727	0.6193	0.6571	0.6446	0.6197	0.6217
Zaferan20	0.5826	0.5732	0.6364	0.6261	0.6468	0.6333	0.6210
Ağşeftali22	0.5736	0.6040	0.6533	0.6426	0.6634	0.6416	0.6034
Ağşeftali23	0.5624	0.6063	0.5926	0.6053	0.6311	0.6056	0.5911
Ağşeftali2	0.5488	0.5778	0.5946	0.5863	0.6053	0.5873	0.5811
Zaferan1	0.4866	0.5553	0.5850	0.5892	0.5778	0.5714	0.5568
Ağşeftali3	0.5087	0.5772	0.5854	0.5686	0.5964	0.5593	0.5544
Zaferan16	0.5373	0.5426	0.6174	0.6000	0.6017	0.5876	0.5782
Zaferan13	0.5500	0.5426	0.6297	0.6201	0.6225	0.6178	0.6319
Zaferan15	0.5373	0.5586	0.6435	0.6167	0.6276	0.6230	0.6368
Zaferan14	0.5512	0.6119	0.6356	0.6340	0.6282	0.6235	0.6376
Zaferan11	0.5321	0.6000	0.6101	0.6340	0.6033	0.5983	0.6211
Zaferan12	0.5434	0.5075	0.6201	0.6112	0.6299	0.6170	0.6145
Zaferan26	0.5273	0.5767	0.6069	0.6148	0.6681	0.6384	0.5934
Zaferan27	0.5792	0.5834	0.6525	0.6583	0.6862	0.6368	0.6538
Zaferan28	0.5468	0.5798	0.6293	0.6359	0.6710	0.6465	0.6549
Ağşeftali1	0.5468	0.4941	0.6130	0.6281	0.6548	0.6299	0.6235
Zaferan24	0.5456	0.5512	0.6299	0.6367	0.6477	0.6186	0.6160

Çizelge 4.2'nin devamı

	Ağşeftali18	Ağşeftali19	Ağşeftali8	Ağşeftali20	Ağşeftali14	Ağşeftali13	Zaferan8
Ağşeftali9	0.5444	0.5981	0.6136	0.6293	0.6319	0.6139	0.6082
Zaferan29	0.5739	0.5628	0.6560	0.6458	0.6898	0.6571	0.6651
Zaferan17	0.5421	0.4957	0.6034	0.5951	0.6136	0.5860	0.6230
Zaferan30	0.5757	0.5100	0.6106	0.5932	0.6384	0.6304	0.5966
Ağşeftali24	0.4526	0.5821	0.5415	0.5196	0.5729	0.5647	0.5324
Zaferan22	0.5345	0.5642	0.6536	0.6273	0.6797	0.6644	0.6548
Zaferan19	0.5378	0.6095	0.6403	0.6226	0.6500	0.6462	0.6421
Zaferan25	0.5636	0.5476	0.6240	0.6395	0.6596	0.6646	0.6099
Zaferan6	0.4000	0.4946	0.4943	0.4634	0.5077	0.4772	0.4567
Zaferan5	0.5315	0.5228	0.5860	0.6033	0.6139	0.5857	0.5983
Zaferan3	0.4869	0.5128	0.5867	0.5692	0.6019	0.6038	0.5854
Zaferan7	0.4912	0.5426	0.5739	0.5750	0.5672	0.5753	0.5699
Zaferan4	0.5184	0.5358	0.5489	0.5598	0.5421	0.5407	0.5281
Zaferan2	0.5534	0.5282	0.6034	0.6115	0.5966	0.6139	0.6148
Ağşeftali4	0.5429	0.5500	0.5803	0.5983	0.6036	0.6037	0.5879
Royal glory	0.5565	0.5315	0.5901	0.6142	0.6163	0.6067	0.6413
Rich lady	0.4734	0.5553	0.5488	0.5511	0.5700	0.5596	0.5545

Çizelge 4.2'nin devamı

	Ağşeftali11	Ağşeftali15	Ağşeftali12	Ağşeftali21	Zaferan9	Zaferan18	Zaferan20
Ağşeftali11	1.000						
Ağşeftali15	0.6548	1.000					
Ağşeftali12	0.6354	0.6797	1.000				
Ağşeftali21	0.5854	0.5748	0.6128	1.000			
Zaferan9	0.5931	0.6155	0.6210	0.6057	1.000		
Zaferan18	0.6160	0.5953	0.6287	0.5931	0.6512	1.000	
Zaferan20	0.6198	0.6178	0.6108	0.5882	0.6037	0.5830	1.000
Ağşeftali22	0.6370	0.6174	0.6282	0.6462	0.6493	0.6583	0.6626
Ağşeftali23	0.5890	0.6416	0.6349	0.6317	0.6462	0.6174	0.6614
Ağşeftali2	0.5788	0.6122	0.6230	0.6213	0.6073	0.6452	0.6190

Çizelge 4.2'nin devamı

	Ağşeftali11	Ağşeftali15	Ağşeftali12	Ağşeftali21	Zaferan9	Zaferan18	Zaferan20
Zaferan1	0.5628	0.5523	0.5814	0.5716	0.5729	0.6018	0.5800
Ağşeftali3	0.5511	0.5857	0.5964	0.5921	0.6169	0.6120	0.6000
Zaferan16	0.6139	0.5915	0.6103	0.6075	0.6161	0.6408	0.5870
Zaferan13	0.5826	0.5949	0.6398	0.6113	0.6198	0.6361	0.6093
Zaferan15	0.6362	0.6255	0.6362	0.5793	0.6036	0.6082	0.6333
Zaferan14	0.6261	0.6139	0.6282	0.6134	0.6649	0.6333	0.6491
Zaferan11	0.5950	0.5934	0.6033	0.6091	0.6225	0.6413	0.6072
Zaferan12	0.5917	0.6033	0.6050	0.5568	0.6103	0.6189	0.5911
Zaferan26	0.6205	0.6403	0.6596	0.5778	0.5965	0.6145	0.6128
Zaferan27	0.6571	0.6514	0.6537	0.5841	0.6354	0.6726	0.6348
Zaferan28	0.6340	0.6367	0.6790	0.6210	0.6619	0.6812	0.6190
Ağşeftali1	0.6340	0.6127	0.6226	0.5948	0.6033	0.6429	0.6017
Zaferan24	0.6182	0.5967	0.6395	0.6036	0.5863	0.6516	0.6106
Ağşeftali9	0.6270	0.6133	0.6067	0.5671	0.5948	0.6048	0.5928
Zaferan29	0.6525	0.6468	0.6490	0.6230	0.6390	0.6682	0.6297
Zaferan17	0.6085	0.5866	0.6051	0.5281	0.6282	0.6353	0.6091
Zaferan30	0.5982	0.6103	0.6210	0.5714	0.5636	0.6099	0.6263
Ağşeftali24	0.5282	0.5751	0.5864	0.5895	0.5653	0.5523	0.5684
Zaferan22	0.6333	0.6361	0.6382	0.6378	0.6276	0.6504	0.6444
Zaferan19	0.6285	0.6066	0.6167	0.5964	0.6139	0.6379	0.6214
Zaferan25	0.6376	0.6487	0.6511	0.6241	0.6319	0.6468	0.6493
Zaferan6	0.4495	0.4701	0.5010	0.4705	0.4667	0.4893	0.5039
Zaferan5	0.5826	0.5692	0.5792	0.5264	0.5748	0.6115	0.6093
Zaferan3	0.5773	0.5814	0.5547	0.5358	0.5685	0.5822	0.5919
Zaferan7	0.5586	0.5745	0.5845	0.6075	0.6036	0.6082	0.5222
Zaferan4	0.5330	0.5411	0.5783	0.5426	0.5418	0.5521	0.5610
Zaferan2	0.6000	0.6117	0.6051	0.5580	0.5930	0.6032	0.6108
Ağşeftali4	0.5892	0.5753	0.5857	0.4927	0.5256	0.6101	0.5943
Royal glory	0.6033	0.6065	0.5837	0.5257	0.5966	0.6217	0.5860
Rich lady	0.5315	0.5558	0.5324	0.5487	0.5596	0.5699	0.5475

Çizelge 4.2'nin devamı

	Ağşeftali22	Ağşeftali23	Ağşeftali2	Zaferan1	Ağşeftali3	Zaferan16	Zaferan13
Ağşeftali22	1.000						
Ağşeftali23	0.6558	1.000					
Ağşeftali2	0.6837	0.8038	1.000				
Zaferan1	0.6000	0.6182	0.6235	1.000			
Ağşeftali3	0.6571	0.6529	0.6900	0.6040	1.000		
Zaferan16	0.6416	0.6263	0.6364	0.6134	0.6186	1.000	
Zaferan13	0.6545	0.6341	0.6219	0.6230	0.6131	0.6711	1.000
Zaferan15	0.6235	0.6451	0.6091	0.5943	0.5814	0.6142	0.6533
Zaferan14	0.6664	0.6558	0.6241	0.6155	0.6341	0.6145	0.6636
Zaferan11	0.6246	0.6455	0.6106	0.6333	0.6018	0.6069	0.6534
Zaferan12	0.6000	0.6288	0.5948	0.5489	0.5679	0.5830	0.6462
Zaferan26	0.6304	0.6241	0.5982	0.5981	0.5890	0.6122	0.6070
Zaferan27	0.6511	0.6356	0.6291	0.6125	0.6384	0.6417	0.6285
Zaferan28	0.6523	0.6546	0.6390	0.6178	0.6225	0.6678	0.6880
Ağşeftali1	0.6439	0.5930	0.5797	0.5257	0.5706	0.6182	0.6299
Zaferan24	0.6362	0.6089	0.6312	0.6182	0.6142	0.6523	0.6475
Ağşeftali9	0.6106	0.6295	0.5876	0.5442	0.6054	0.6103	0.5879
Zaferan29	0.6462	0.6571	0.6240	0.5838	0.6070	0.6536	0.6571
Zaferan17	0.5911	0.5907	0.5857	0.5383	0.5671	0.6087	0.6210
Zaferan30	0.6257	0.6019	0.6111	0.5633	0.6019	0.6251	0.6198
Ağşeftali24	0.5959	0.6229	0.6163	0.5527	0.5813	0.5463	0.5638
Zaferan22	0.6435	0.6482	0.6472	0.6128	0.6304	0.6426	0.6547
Zaferan19	0.6384	0.6145	0.6070	0.5742	0.5892	0.6291	0.6326
Zaferan25	0.6304	0.6426	0.6251	0.5793	0.6165	0.6297	0.6333
Zaferan6	0.5065	0.5614	0.5432	0.5283	0.5528	0.5128	0.4915
Zaferan5	0.5727	0.6230	0.5763	0.5560	0.5850	0.5644	0.5857
Zaferan3	0.5525	0.6308	0.6000	0.5579	0.5692	0.5961	0.5670
Zaferan7	0.5964	0.6131	0.6000	0.5404	0.5907	0.5699	0.5733
Zaferan4	0.5714	0.5843	0.5943	0.5839	0.5843	0.6000	0.5757
Zaferan2	0.6230	0.6073	0.5965	0.5196	0.5671	0.6139	0.6122
Ağşeftali4	0.5664	0.5707	0.5642	0.5030	0.5343	0.5706	0.5706
Royal glory	0.6085	0.5982	0.5949	0.5444	0.5544	0.5782	0.5731
Rich lady	0.5586	0.6020	0.6020	0.5150	0.5817	0.5536	0.5573

Çizelge 4.2'nin devamı

	Zaferan15	Zaferan14	Zaferan11	Zaferan12	Zaferan26	Zaferan27	Zaferan28
Zaferan15	1.000						
Zaferan14	0.6649	1.000					
Zaferan11	0.6498	0.6996	1.000				
Zaferan12	0.6255	0.6348	0.6430	1.000			
Zaferan26	0.6472	0.6214	0.6220	0.6067	1.000		
Zaferan27	0.6417	0.6596	0.6340	0.6273	0.6971	1.000	
Zaferan28	0.6678	0.6692	0.6675	0.6685	0.6653	0.8063	1.000
Ağşeftali1	0.6182	0.5932	0.6032	0.6367	0.6490	0.6672	0.6682
Zaferan24	0.6776	0.6534	0.6607	0.6211	0.6667	0.6765	0.6854
Ağşeftali9	0.6190	0.6106	0.6201	0.5884	0.6255	0.6780	0.6548
Zaferan29	0.6787	0.6632	0.6455	0.6468	0.6678	0.8012	0.8176
Zaferan17	0.6261	0.6089	0.5932	0.6285	0.6326	0.6689	0.6699
Zaferan30	0.6251	0.5982	0.5739	0.5931	0.6496	0.6523	0.6201
Ağşeftali24	0.5960	0.5653	0.5596	0.5238	0.5745	0.5606	0.6093
Zaferan22	0.6596	0.6609	0.6512	0.6443	0.6739	0.6996	0.6845
Zaferan19	0.6547	0.6384	0.6216	0.5984	0.6523	0.6790	0.6720
Zaferan25	0.6384	0.6304	0.6136	0.6319	0.6879	0.6807	0.6735
Zaferan6	0.5234	0.5243	0.5077	0.4566	0.4979	0.5291	0.5059
Zaferan5	0.6267	0.6091	0.6017	0.5949	0.6070	0.6285	0.6216
Zaferan3	0.6406	0.5822	0.5757	0.5963	0.6173	0.6128	0.5873
Zaferan7	0.5788	0.6108	0.5897	0.5660	0.5773	0.6000	0.6017
Zaferan4	0.5721	0.5867	0.5838	0.5768	0.5798	0.5773	0.5792
Zaferan2	0.6522	0.6000	0.6017	0.5866	0.6326	0.6115	0.6455
Ağşeftali4	0.6219	0.5570	0.5522	0.6246	0.6000	0.6139	0.6240
Royal glory	0.6117	0.5692	0.5805	0.5823	0.6182	0.6458	0.6314
Rich lady	0.5500	0.5573	0.5593	0.5130	0.5358	0.5511	0.5534

Çizelge 4.2'nin devamı

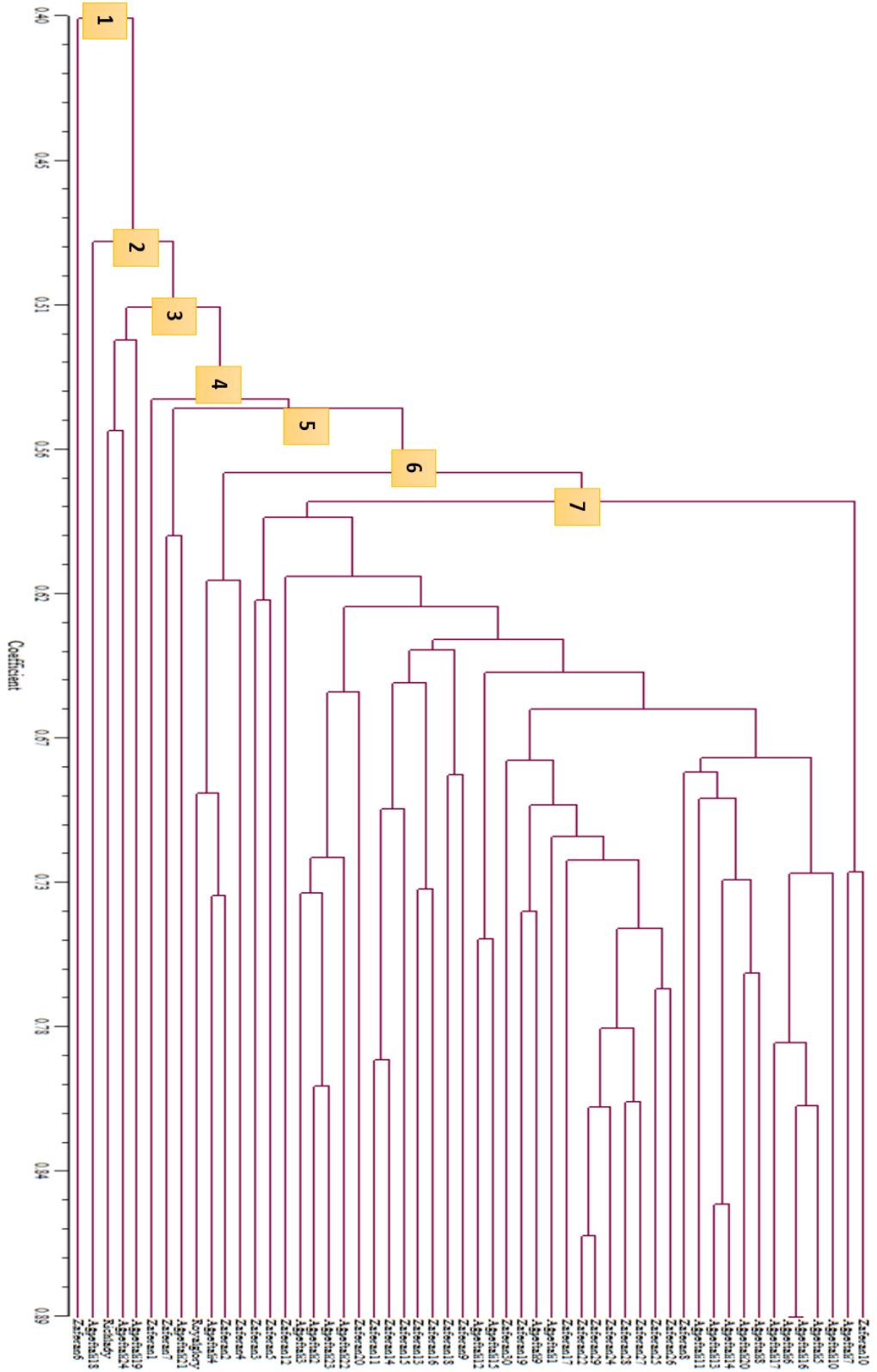
	Ağşeftali1	Zaferan24	Ağşeftali9	Zaferan29	Zaferan17	Zaferan30	Ağşeftali24
Ağşeftali1	1.000						
Zaferan24	0.6775	1.000					
Ağşeftali9	0.6468	0.6560	1.000				
Zaferan29	0.6863	0.8120	0.8061	1.000			
Zaferan17	0.6537	0.6548	0.6051	0.6889	1.000		
Zaferan30	0.6452	0.6632	0.5948	0.6644	0.6370	1.000	
Ağşeftali24	0.5349	0.5700	0.5512	0.6019	0.4897	0.5500	1.000
Zaferan22	0.6526	0.8024	0.6382	0.7274	0.6703	0.6793	0.6019
Zaferan19	0.6320	0.6490	0.6750	0.6826	0.6319	0.6571	0.5751
Zaferan25	0.6408	0.6500	0.6426	0.8008	0.6755	0.6673	0.6039
Zaferan6	0.4341	0.5236	0.4701	0.5264	0.4528	0.4774	0.5439
Zaferan5	0.6050	0.6136	0.5965	0.6487	0.6384	0.5748	0.5208
Zaferan3	0.5838	0.6165	0.6073	0.6455	0.6476	0.6333	0.5500
Zaferan7	0.5769	0.6017	0.5845	0.6452	0.5652	0.5803	0.5624
Zaferan4	0.5100	0.5965	0.5330	0.5807	0.5580	0.5642	0.5292
Zaferan2	0.6502	0.6264	0.5881	0.6477	0.6426	0.6158	0.5415
Ağşeftali4	0.5863	0.6174	0.5913	0.6276	0.6288	0.6056	0.5216
Royal glory	0.6235	0.6000	0.6163	0.6492	0.6279	0.5797	0.5488
Rich lady	0.5085	0.5523	0.5512	0.5818	0.5204	0.5610	0.5872

Çizelge 4.2'nin devamı

	Zaferan22	Zaferan19	Zaferan25	Zaferan6	Zaferan5	Zaferan3	Zaferan7
Zaferan22	1.000						
Zaferan19	0.5872	1.000					
Zaferan25	0.6992	0.6776	1.000				
Zaferan6	0.5374	0.4837	0.5083	1.000			
Zaferan5	0.6547	0.5897	0.6421	0.5447	1.000		
Zaferan3	0.6558	0.6493	0.6517	0.5101	0.6195	1.000	
Zaferan7	0.6170	0.5692	0.6122	0.5059	0.5200	0.5729	1.000
Zaferan4	0.5946	0.5534	0.6073	0.5416	0.5570	0.5857	0.6093
Zaferan2	0.6452	0.6235	0.6498	0.4632	0.6297	0.6095	0.5965
Ağşeftali4	0.6194	0.6225	0.6416	0.4740	0.6111	0.6019	0.5671
Royal glory	0.6306	0.6016	0.6430	0.4436	0.6067	0.5982	0.5950
Rich lady	0.6111	0.5907	0.5905	0.4821	0.5633	0.5684	0.5788

Çizelge 4.2'nin devamı

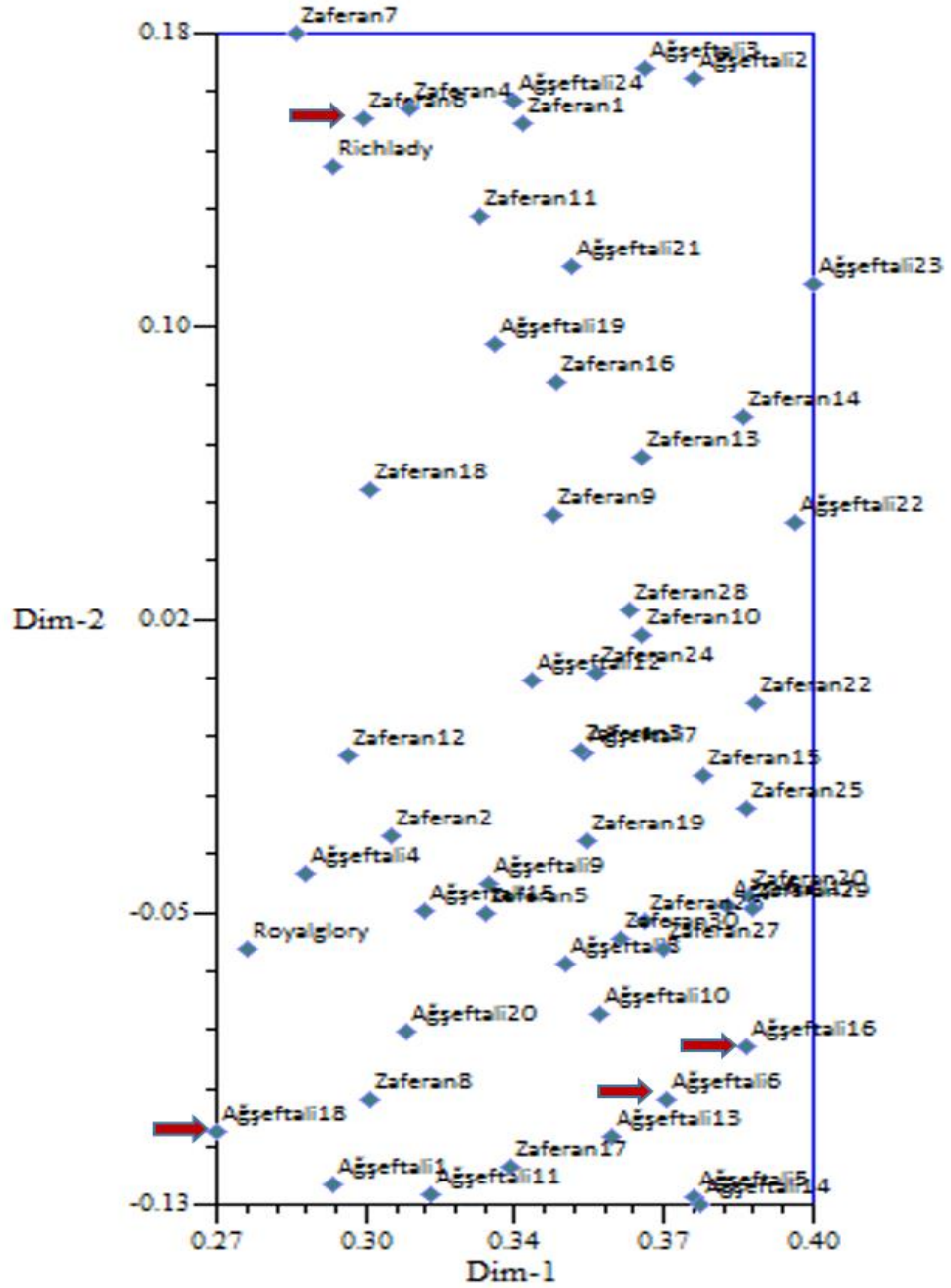
	Zaferan4	Zaferan2	Ağşeftali4	Royal glory	Rich lady
Zaferan4	1.000				
Zaferan2	0.6091	1.000			
Ağşeftali4	0.6558	0.6722	1.000		
Royal glory	0.5807	0.6653	0.6435	1.000	
Rich lady	0.5817	0.6019	0.5822	0.5545	1.000



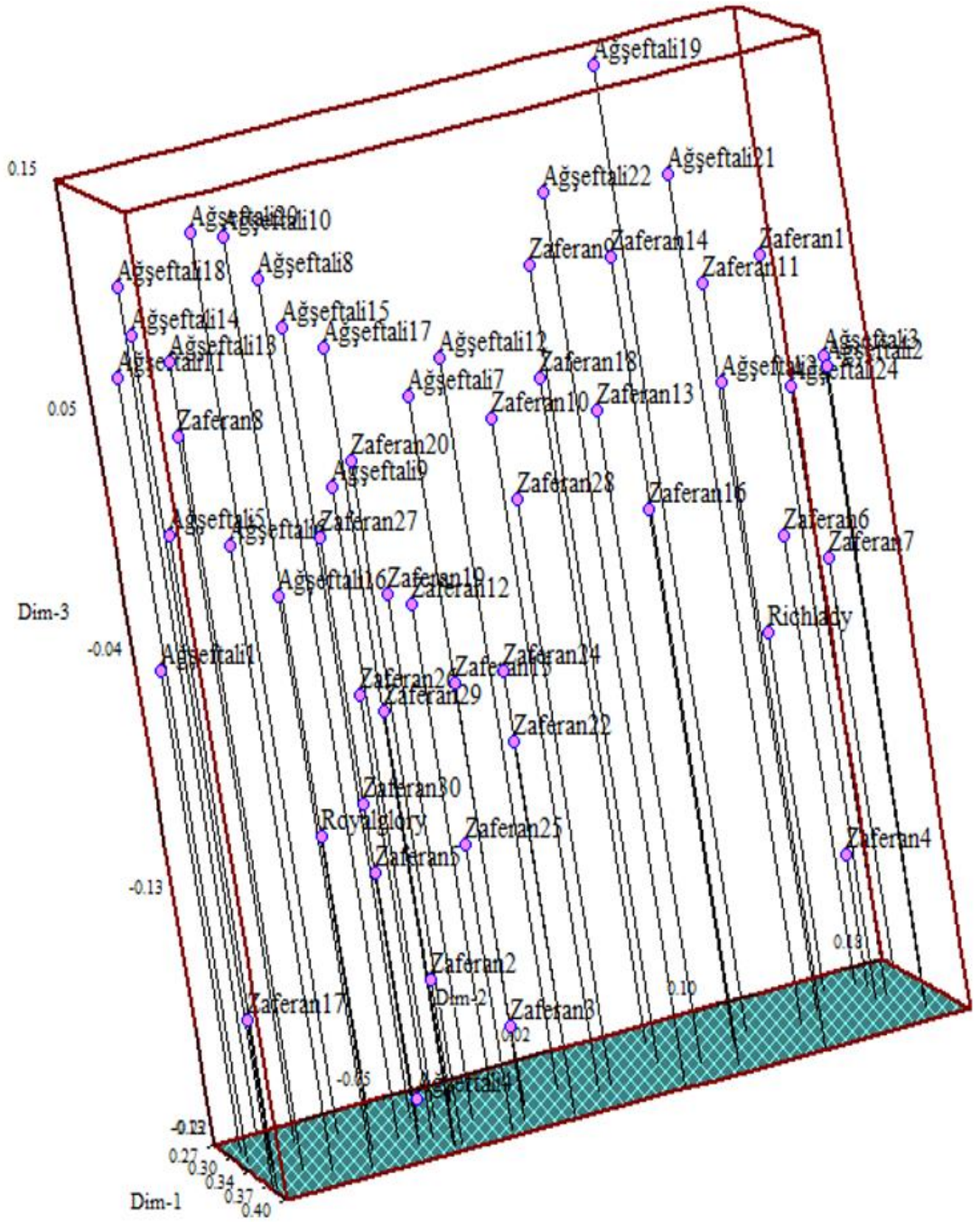
Şekil 4.7. Şeftali genotiplerine ait UPGMA dendrogramı

4.4. Temel Bileşenler Analizinin (PCA= Principal Component Analysis) Değerlendirilmesi

Şeftali genotipleri arasındaki genetik farklılığı ortaya koymak için “Temel Bileşenler Analizi” (PCA) kullanılmıştır. Benzerlik matrisinden elde edilen eigen değerleri ile iki boyutlu ve üç boyutlu grafikler NTSYS programıyla edilmiştir (Şekil 4.8 ve Şekil 4.9).



Şekil 4.8. Şeftali genotiplerinde ISSR markör verileriyle gerçekleştirilen temel bileşen analizi sonucu oluşturulan 2-D grafik



Şekil 4.9. Şeftali genotiplerinde ISSR markör verileriyle gerçekleştirilen temel bileşen analizi sonucu oluşturulan 3-D grafik

Benzerlik matrisi kullanılarak Temel Bileşenler Analizinde iki ve üç boyutlu grafikler için kümülatif olarak ilk üç anabileşenin eigen değerleri toplamı, toplam varyasyonun % 58,20' sini açıklamaktadır (Çizelge 14). Kümülatif ilk üç eigen değerinin %50' den büyük olması çalışmanın güvenilirliği açısından önem taşımaktadır.

Çizelge 4.3. PCA sonucu ilk 3 ana bileşenin eigen değerleri

Anabileşenler	Eigen değerleri	Yüzde	Kümülatif (Eklemeli Toplamları)
1	6.42293099	51.0777	51.0777
2	0.47043386	3.7411	54.8188
3	0.42525615	3.3818	58.2006

PCA analizi sonucu oluşturulan iki ve üç boyutlu grafikler incelendiğinde grafiklerin UPGMA dendrogramı ile büyük ölçüde örtüştüğü, dendrogramda birbirine en yakın ve en uzak genotiplerin grafiklerde de aynı şekilde konumlandığı görülmektedir.

Yılmaz *et al* (2009), 16 *Prunus* cinsinde (*Prunus domestica*, *Prunus cerasifera*, *Prunus salicina*, *Armeniaca vulgaris*, *Cerasus prostrata*, Plumcot) yaptıkları çalışmada ISSR markörlerinden UBC-807, UBC-825 ve UBC-868'in polimorfizm oranının %100 olduğunu rapor etmişlerdir. Mevcut çalışmada da aynı markörler %100 polimorfizm göstermiştir. Ortalama genetik benzerlik katsayısının 0,47 ve kophenetik korelasyon kat sayısının (r) ise 0,93 olduğunu rapor etmişlerdir. Jaccard benzerlik katsayısı *Prunus* cinsleri arasında düşük bulunurken, bu çalışmada orta düzeyde bulunmuştur. Jaccard benzerlik katsayısının orta düzeyde olmasının sebebi çalışmada kullanılan şeftali popülasyonunun genişliği ile ilgili olabilir.

Shuxia *et al* (2011), şeftali koleksiyonuna ait 28 şeftali genotipi arasındaki genetik çeşitliliği ISSR markörleri ile ortaya koymuşlardır. 23 ISSR primeri ile toplam 188 bant elde edilmiş ve bu bantların 96'sı polimorfik olarak bulunmuştur. Ortalama polimorfizm oranı %51,06 bulunurken, bizim çalışmamızda bu oran daha yüksek bulunmuştur. Bu oranın yüksek çıkmasının nedeni kullanılan ISSR markörlerinin farklılığından kaynaklanabilir.

Shahi-Gharahlar *et al* (2011), tarafından yürütülen bir çalışmada *Cerasus* alt cinsine ait *Prunus* örneklerinin genetik çeşitliliği ISSR markörleri aracılığıyla ortaya konmuştur. Çalışmada 12 ISSR markörü ile 151 polimorfik bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı %81,8 ile %100 arasında değişkenlik göstermiştir. Mevcut çalışmada ise 32 ISSR markörü ile 154 polimorfik bant elde edilmiş olup polimorfizm %33,3 ile %100 arasında değişkenlik göstermektedir. Genotipler arasındaki ortalama benzerlik katsayısı 0,28 bulunurken, bizim çalışmamızda ortalama benzerlik katsayısı 0,6061 olarak bulunmuştur. Bu değer bize şeftali genotipleri arasında varyasyonun ıslah çalışmalarında ebeveyn seçimi için kayda değer olduğunu göstermektedir. Ayrıca iki çalışma Jaccard benzerlik katsayısı açısından kıyaslandığında farklı sonuçların gözlenmesi çalışmada farklı *Prunus* türlerinin kullanılmasından kaynaklanabilir.

Goulao *et al* (2001), erik genotiplerinde çeşitliliği ortaya koymak için AFLP ve ISSR markörlerini kullanmışlardır. 6 AFLP ve 7 ISSR markörü ile çalışma gerçekleştirilmiş olup ISSR primerleri için ortalama polimorfizm oranı %87,4 olarak belirlenmiştir. Bu çalışma ile bizim çalışmamız kıyaslandığında ise ortalama polimorfizm oranının daha düşük olduğu göze çarpmaktadır.

Najafzadeh *et al* (2014), İran'ın vişne genotiplerinde genetik çeşitliliği belirlemiş ve değerlendirmişlerdir. Çalışmada 12 vişne genotipinin DNA'ları 23 ISSR moleküler markörü ile çoğaltılmış olup toplam 489 bant elde edilmiş ve bunların 482'sinin polimorfik olduğu belirtilmiştir. Ortalama polimorfik allel sayısı 20,95 olarak bulunmuştur. Mantel testinde Kophenetik korelasyon katsayısı (r) 0,74 olarak bulunurken, genetik benzerlik katsayısı 0,56 ile 0,77 arasında değişkenlik göstermiştir. Najafzadeh *et al* (2014), farklı bir türde çalışmalarına rağmen, bizim çalışmamızda ISSR markör polimorfizm oranı ise bu çalışmaya kıyasla genel olarak düşük bulunmuştur. Ancak kophenetik korelasyon değeri bizim çalışmamızda daha yüksek bulunmuştur. Buda bize genetik veriler ile oluşturulan matriksin dendrogramı daha iyi temsil ettiğini ve çalışmanın güvenilirliğini göstermektedir.

5. SONUÇLAR Ve ÖNERİLER

Iğdır ili Doğu Anadolu bölgesinde mikro-klima özelliği ile meyve üretimi bakımından yüksek bir potansiyele sahip illerimizdendir. Bu çalışma ile Iğdır ilinde yerel isimleri Zaferan ve Ağşeftali olarak bilinen şeftali genotipleri arasında ISSR markörleri aracılığıyla moleküler tanımlama gerçekleştirilmiş olup şeftali genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik ortaya konulmuştur. Yerel genotiplerin yanında Royal glory ve Rich lady ticari şeftali çeşitleri de çalışmada referans çeşit olarak kullanılmıştır.

Araştırmada 54 şeftali genotipinin ISSR-PCR yöntemi ile aralarındaki genetik ilişkinin ortaya konulması hedeflenmiştir. PCR işlemlerinde ISSR analizi için kullanılan 57 primerden amplifikasyon durumuna göre 42'si çalışmış ve 32 tanesi polimorfik olarak seçilmiştir. Çalışmada kullanılan bu polimorfik markörlerden polimorfizm oranı en yüksek olan (%100) UBC-813, UBC-814, UBC-825, UBC-844, UBC-857, UBC-866 ve UBC-868 ISSR primerleri olarak bulunmuştur. Bu primerlerin şeftali genotiplerini moleküler açıdan karakterize etmek amacıyla kullanışlı olabileceği söylenebilir.

ISSR markörlerinden elde edilen moleküler veriler ile Jaccard benzerlik katsayısı hesaplanmış olup; UPGMA dendrogramı, PCA analizi ve mantel testi gerçekleştirilmiştir. Şeftali genotiplerine ait UPGMA dendrogramında benzerlik düzeyinin 0,40-0,89 arasında değişmekte ve Zaferan ve Ağşeftali genotiplerinin bir biri içerisinde karışık olarak kümelendiği görülmüştür. Her ne kadar Iğdır ili halkı morfolojilerine dayanarak çalışmada kullanılan Zaferan ve Ağşeftali olarak isimlendirilen bu genotipleri iki grupta sınıflandırsa da, mevcut çalışmada gerçekleştirilen UPGMA kümeleme analizinde böylesine belirgin bir ayırım görülmemektedir. Şeftalilerde gözlenen morfolojik çeşitlilik ile genom çapındaki çeşitlilik çoğu zaman tutarlı değildir (Xie *et al.*, 2010; Aranzana *et al.*, 2003a; 2003b; 2010).

Mevcut çalışma gelecekte gerçekleştirilmesi planlanan ıslah çalışmalarında ve markör destekli seleksiyon uygulamalarında kullanılma potansiyeli olan ISSR markörleri hakkında da kullanışlı bilgiler sunmaktadır. ISSR verileri temel alınarak Jaccard benzerlik katsayısı, UPGMA ve PCA analizi sonuçları bir biri ile tutarlı olup

genetik çeşitlilik ve filogenetik ilişki kapsamında değerlendirildiğinde Zaferan6 ve Ağşeftali18 genotiplerinin birbirine ve diğer genotiplere en uzak olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Ağşeftali6 ve Ağşeftali16 genotiplerinin de birbirine neredeyse klon derecesinde benzediği dolayısıyla bu iki genotipin ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak seçilemeyeceği ve birbirine uzak genotiplerin ise ebeveyn olarak kullanılabilacağı saptanmıştır. Bu çalışma ile şeftali genotiplerinde ortaya konan genetik çeşitliliğin SSR gibi dominant özellikte ve spesifik dizileri esas alan teknikler ile de desteklenmesi ileride ıslah materyali olarak seçilen genotiplerin doğruluğu açısından önem taşımaktadır.

İğdır ili yerel şeftalililerinin genetik çeşitliliğinin belirlendiği bu çalışmanın yanında, bu genotiplerin Türkiye'nin değişik bölgelerine ait yerel şeftali genotipleri ile genetik ilişkisinin belirlenmesinin faydalı olacağı kanısına varılmaktadır. Ayrıca mevcut çalışmada genetik açıdan birbirine uzak olarak bulunan genotiplerin ileride yapılacak çalışmalarda ıslah materyali olarak kullanılabilmesi ve yerel şeftali genotiplerinde genetik çeşitliliğin açığa çıkarılması ile bu konuda yapılacak çalışmalara ışık tutması önemlidir.

Şeftalide genetik çeşitliliğin belirlenmesi üzerine yapılan çalışmalar dünya genelinde çok sayıda olmasına rağmen ülkemizde daha az rastlanmaktadır. Bu nedenle bu meyve türü ile ilgili yapılan her bir moleküler markör çalışması, bu meyve türünün genetik çeşitliliğinin ortaya çıkarılması, bitki ıslahında kullanılacak materyal potansiyelinin belirlenmesi ve dolayısıyla ülkemiz genetik kaynaklarının oluşturduğu germplasm koleksiyonlarına eklenmesi bakımından katkı sağlayacaktır.

KAYNAKLAR

- Akbulut, B., 2011. *Burdur İlinde Yetiştirilen Fasulye (Phaseolus Vulgaris L.) Genotiplerinin Morfolojik Ve Moleküler Karakterizasyonu*. Yüksek Lisans tezi, Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Isparta, 103.
- Aksu, M., 2015. Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları. *Meyve Bilimi*, 2(1), 49-59.
- Altay, K., 2016. *Iğdır Ekolojik Koşullarında Yetiştirilen Bazı Şeftali Genotiplerinin Fenolojik, Pomolojik Ve Kimyasal Özelliklerinin Tespiti*. Yüksek Lisans Tezi, Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Iğdır.60.
- Anonim, 2010. http://www.tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt_id=1001 Erişim tarihi 02.08.2017
- Anonim, 2016. <http://www.tuik.gov.tr> Erişim tarihi 02.08.2017
- Anonymous, 2018. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>, Erişim tarihi 07.03.2018
- Aranzana, M.J., Garcia-Mas, J., Carbo, J., Arus, P., 2002. Development and Variability Analysis Of Microsatellite Markers in Peach. *Plant Breeding*, 121(1), 87-92.
- Aranzana, M.J., Carbo, J., Arús, P., 2003. Using Amplified Fragment-Length Polymorphisms (Aflps) To Identify Peach Cultivars *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 128(5), 672-677.
- Aranzana, M.J., Carbó, J., Arús, P., 2003a. Microsatellite Variability in Peach [*Prunus Persica* (L.) Batsch]: Cultivar Identification. Marker Mutation. Pedigree Inferences and Population Structure. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(8), 1341-1352
- Aranzana, M.J., Abbassi, E.K., Howad, W., Arús, P., 2010. Genetic Variation, Population Structure and Linkage Disequilibrium in Peach Commercial Varieties. *BMC Genetics*, 11(1), 69.
- Aranzana, M.J., Barreneche, T., Arús, P., 2012. Diversity Analysis. *Genetics, Genomics and Breeding of Stone Fruits*, 55.

- Arús, P., Verde, I., Sosinski, B., Zhebentyayeva, T., Abbott, A.G., 2012. The Peach Genome. *Tree Genetics and Genomes*, 8(3). 531-547.
- Badenes, M.L., Martinez-Calvo, J., Llácer, G., 1998. Analysis of Apricot Germplasm From The European Ecogeographical Group. *Euphytica*, 102(1), 93-99.
- Bağda, E., 2018. Investigation of The Genetic Structure of Some Anatolian *Achillea* L. (*anthemideae*, *asteraceae*) Populations Using The ISSR Markers. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, 19(1), 1-10.
- Baird, W.V., Ballard, R.E., Rajapakse, S., Abbott, A.G., 1996. Progress in Prunus Mapping and Application of Molecular Markers to Germplasm Improvement. *HortScience: a publication of the American Society for Horticultural Science*, 31:1099–1106.
- Battistini, S., Sansavini, S., 1991. Electrophoretic Analysis of Isozyme Variability in Apricot Cultivars. *Journal Genet Breed*, 45(2), 117–122.
- Beaver, J.A., Iezzoni, A.F., Ramm, C.W., 1995. Isozyme Diversity in Sour, Sweet, and Ground Cherry. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(6), 847-852.
- Brewbacker, J.L., (1996) Enzyme Fingerprints For The Plant Detective. *Newsletter of the Hawaiian Botanical Society*. 5: 1–3.
- Byrne, D.H., 1990. Isozyme Variability in Four Diploid Stone Fruits Compared With Other Woody Perennial Plants. *Journal of Heredity*, 81(1). 68-71.
- Byrne, D.H., Sherman, W.B., Bacon, T.A., 2000. Stone Fruit Genetic Pool and Its Exploitation for Growing Under Warm Winter Conditions. *In Temperate fruit crops in warm climates*, 157-230.
- Byrne, D.H., Raseira, M.B., Bassi, D., Piagnani, M.C., Gasic, K., Reighard, G.L., Moreno, M.A., Pérez, S., 2012. Peach. *In Fruit Breeding*, 505-569. Springer US.
- Cantini, C., Iezzoni, A.F., Lamboy, W.F., Boritzki, M., Struss, D., 2001. DNA Fingerprinting of Tetraploid Cherry Germplasm Using Simple Sequence

- Repeats. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 126(2), 205-209.
- Cao, K., Wang, L., Zhu, G., Fang, W., Chen, C., Luo, J., 2012. Genetic Diversity, Linkage Disequilibrium, and Association Mapping Analyses of Peach (*Prunus persica*) Landraces in China. *Tree Genetics and Genomes*, 8(5), 975-990.
- Carrasco, B., Díaz, C., Moya, M., Gebauer, M., García-González, R., 2012. Genetic Characterization of Japanese Plum Cultivars (*Prunus salicina*) Using SSR and ISSR Molecular Markers. *Ciencia e Investigación Agraria*, 39(3), 533-543.
- Carrasco, B., Meisel, L., Gebauer, M., Garcia-Gonzales, R., Silva, H., 2013. Breeding in Peach, Cherry and Plum: From A Tissue Culture, Genetic, Transcriptomic and Genomic Perspective. *Biological Research*, 46(3), 219-230.
- Casasoli, M., Mattioni, C., Cherubini, M., Villani, F., 2001. A Genetic Linkage Map of European Chestnut (*Castanea sativa* Mill.) Based on RAPD, ISSR and Isozyme Markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(8), 1190-1199.
- Cipriani, G., Lot, G., Huang, W.G., Marrazzo, M.T., Peterlunger, E., Testolin, R., 1999. AC/GT and AG/CT Microsatellite Repeats in Peach [*Prunus persica* (L) Batsch]: Isolation, Characterisation and Cross-Species Amplification in *Prunus*. *Theoretical and Applied Genetics*, 99(1-2), 65-72.
- Chalak, L., Chehade, A., Elbitar, A., Cosson, P., Zanetto, A., Dirlwanger, E., Laigret, F., 2006. Morphological and Molecular Characterization of Peach Accessions (*Prunus persica* L.) Cultivated in Lebanon. *Lebanese Science Journal*, 7(2), 23-31.
- Chen, Z.L., Chen, W.J., Chen, H., Zhou, Y.Y., Tang, M.Q., Fu, M.Q., Jin, X.F., 2013. *Prunus pananensis* (Rosaceae). A New Species From Pan'an of Central Zhejiang, China. *PloS one*, 8(1), e54030.
- Cheng, H.Y., Yang, W.C., Hsiao, J.Y., 2001. Genetic Diversity and Relationship Among Peach Cultivars Based on Random Amplified Microsatellite Polymorphism (RAMP). *Botanical Bulletin of Academia Sinica*, 42.

- Cheng, Z., Huang, H., 2009. SSR Fingerprinting Chinese Peach Cultivars and Landraces (*Prunus persica*) and Analysis of Their Genetic Relationships. *Scientia Horticulturae*, 120(2), 188-193.
- Chin, S.W., Shaw, J., Haberle, R., Wen, J., Potter, D., 2014. Diversification of Almonds. Peaches. Plums and Cherries—Molecular Systematics and Biogeographic History of *Prunus* (Rosaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 76, 34-48.
- Clarke, J.B., Tobutt, K.R., 2003. Development and Characterization of Polymorphic Microsatellites From *Prunus avium* ‘Napoleon’. *Molecular Ecology Notes*, 3(4), 578-580.
- Daneshmand, H., Etminan, A.R., Qaderi, A., 2017. Diversity Evaluation of *Trigonella Foeniculum* Populations Using DNA Markers and Phytochemical Characteristics. *Journal of Medicinal Plants*, 3(63), 119-132.
- Decroocq, V., Hagen, L.S., Favé, M.G., Eyquard, J.P., Pierronnet, A., 2004. Microsatellite Markers in The Hexaploid *Prunus domestica* species and Parentage Lineage of Three European Plum Cultivars Using Nuclear and Chloroplast Simple-Sequence Repeats. *Molecular Breeding*, 13(2), 135-142.
- Dettori, M.T., Verde, I., Marchesi, U., Palombi, M.A., Quarta, R., 2000. Characterization and Evaluation Of Genetic Diversity In Peach Germplasm Using RAPD And RFLP Markers. In *International Symposium on Molecular Markers for Characterizing Genotypes and Identifying Cultivars in Horticulture*, 546 (pp. 489-496).
- Dirlewanger, E., Pronier, V., Parvery, C., Rothan, C., Guye, A., Monet, R., 1998. Genetic Linkage Map Of Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] Using Morphological and Molecular Markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 97(5-6), 888-895.
- Dirlewanger, E., Cosson, P., Tavaud, M., Aranzana, M., Poizat, C., Zanetto, A., Arus, P., Laigret, F., 2002. Development Of Microsatellite Markers in Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and Their Use in Genetic Diversity Analysis in Peach and

- Sweet Cherry (*Prunus avium* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 105(1), 127-138.
- Doebley, J.F., Gaut, B.S., Smith, B.D., 2006. The Molecular Genetics of Crop Domestication. *Cell*, 127(7), 1309-1321.
- Doyle, J.J., 1990. Isolation of Plant DNA From Fresh Tissue. *Focus*, 12, 13–15.
- Downey, S.L., Iezzoni, A.F., 2000. Polymorphic DNA Markers in Black Cherry (*Prunus serotina*) Are Identified Using Sequences From Sweet Cherry, Peach, and Sour Cherry. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 125(1), 76–80.
- Durham, R.E., Moore, G.A., Sherman, W.B., 1987. Isozyme Banding-Patterns and Their Usefulness As Genetic Markers in Peach. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 112, 1013–1018.
- Duță-Cornescu, G., Pavlusenco, C.E., Pojoga, D.M., Negulici, M.E., Constantin, N., Simon-Gruia, A., 2017. Genetic Analysis of Some Roses Cultivars Appropriate for SE Romania Climate Using PCR-ISSR Technology. *AgroLife Scientific Journal*, 6(1), 69-74.
- El Fatah, H.M.A., Ibrahim, M., Ibrahim, S.D., 2015. Morphological and Molecular Diversity Among Selected *Chara* L. species (Characeae) From Different Habitats in Egypt. *The Egyptian Journal of Experimental Biology (Botany)*, 11(2), 129-139.
- Ergül, A., 2000. *Asmalarda (Vitis vinifera L.) Genomik DNA Parmak İzi Analizi İle Moleküler Karakterizasyon*. Doktora Tezi. A. Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü. Ankara.86.
- Eskikurt, A., 2014. Ortaçağ Anadolu Ticaret Yolları. *Sosyal ve Beşeri Bilimler Araştırmaları Dergisi*, (33), 15-40.
- Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Ahmadi-Rad, A., Noori, A., Mahdavian, Z., Moradi, Z., 2016. Applicability of Start Codon Targeted (SCoT) And Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers for Genetic

- Diversity Analysis in Durum Wheat Genotypes. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 30(6), 1075-1081.
- Faust, M., Timon, B., 1995. Origin and Dissemination of Peach. *Horticulture Rev.*, 17, 331–379.
- FAO, 2016. FAOSTAT Statistic Database on The World Wide Web. <http://faostat.fao.org> (Erişim Tarihi 12.06.2017)
- Glemin, S., Bazin, E., Charlesworth, D., 2006. Impact of Mating Systems on Patterns of Sequence Polymorphism in Flowering Plants. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 273(1604), 3011–3019.
- Gomory, D., Paule, L., 2001. Spatial Structure and Mating System in Wild Cherry (*Prunus avium*) Population. *Biologia-Bratislava*, 56(1), 117–123.
- Gore, P.G., Rana, M.K., Tripathi, K., Singh, M., Bisht, I.S., Bhalla, S., 2015. Genetic Diversity in Wild *Lens* spp. Using Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Marker. *Legume Research-An International Journal*, 38(5). 575-578.
- Goulão, L., Monte-Corvo, L., Oliveira, C.M., 2001. Phenetic Characterization of Plum Cultivars By High Multiplex Ratio Markers: Amplified Fragment Length Polymorphisms and Inter-Simple Sequence Repeats. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 126(1), 72-77.
- Gupta, M., Chyi, Y.S., Romero-Severson, J., Owen, J.L., 1994. Amplification Of DNA Markers From Evolutionarily Diverse Genomes Using Single Primers of Simple-Sequence Repeats. *Theoretical and Applied Genetics*, 89(7-8), 998-1006.
- Gulsen, O., Shearman, R.C., Vogel, K.P., Lee, D.J., Baenziger, P.S., Heng-Moss, T.M., Budak, H., 2005. Nuclear Genome Diversity and Relationships Among Naturally Occurring Buffalograss Genotypes Determined By Sequence-Related Amplified Polymorphism Markers. *HortScience*, 40(3), 537-541.

- Güngören, A.V., 2012. **Genetiği Değiştirilmiş Tarım Ürünlerinin Türkiye Açısından Değerlendirilmesi**. Yüksek Lisans Tezi. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Ankara.124.
- Hagen, L.S., Chaib, J., Fady, B., Decroocq, V., Bouchet, J.P., Lambert, P., Audergon, J.M., (2004) Genomic and cDNA Microsatellites From Apricot (*Prunus armeniaca* L.). **Mol Ecol Notes**, 4: 742–745.
- Hedrick, U.P., Howe, G.H., Morehouse, T., Burton, T.C., (1917). **The peaches of Newyork**. by U. P. Hedrick. assisted by G. H. Howe. O. M. Taylor and C. B. Tubergen.748. Albany. J. B. Lyon Company. Printers.
- Hunter, R.L., Markert, C.L., 1957. Histochemical Demonstration of Enzymes Separated By Zone Electrophoresis in Starch Gels. **Science**, 125(3261), 1294-1295.
- Iba, M.A., Di Renzo, M.A., Poverene, M.M., 1993. Isozyme Diversity Among and Within Peach Groups: Freestone, Clingstone and Nectarines. **Scientia horticulturae**, 53(4), 281-288.
- Idrees, H.M., AL-Jaf Khudhaier, A.A., AL-Jubouri, 2017. Determination of Genetic Distance Among Genotypes of Cucumber. *Cucumis sativus* L. Using ISSR Marks. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science**, 10 (4), 33-37
- Infante, R., Martínez, Gómez, P., Predieri, S., 2008. Quality Oriented Fruit Breeding: Peach [*Prunus persica* (L.) batsch]. **Journal Food Agriculture and Environment**, 6(2),342–356.
- Janick, J., Moore, J.N., 1996. **Fruit Breeding, Tree And Tropical Fruits** (Vol. 1). John Wiley & Sons.
- Javalera, M.F.L., Hernández, M.E.T., Arispuro, I.V., Ángel, M., Téllez, M., Osuna, M.A.I., Onate, M.A.H., Rivera, M., 2016. Genetic Stability of Cryopreserved Grapevine (*Vitis vinifera* L.) Genome by Vitrification Method. **Journal of Agricultural Science and Technology B**, 380.
- Jelenkovic, G., Harrington, E., 1972. Morphology of The Pachytene Chromosomes in *Prunus persica*. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, 14(2), 317-324.

- Joshi, S.P., Gupta, V.S., Aggarwal, R.K., Ranjekar, P.K., Brar, D.S., 2000. Genetic Diversity and Phylogenetic Relationship As Revealed By Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Polymorphism in The Genus *Oryza*. ***Theoretical and Applied Genetics***, 100(8), 1311-1320.
- Kesawat, M.S., Kumar, B.D., 2009. Molecular Markers: It's Application in Crop Improvement. ***Journal of Crop Science and Biotechnology***, 12(4), 169-181.
- Kojima, T., Nagaoka, T., Noda, K., Ogihara, Y., 1998. Genetic Linkage Map of ISSR and RAPD Markers in Einkorn Wheat in Relation to That Of RFLP Markers. ***Theoretical and Applied Genetics***, 96(1), 37-45.
- LaRue, J.H., 1989. ***Peaches, Plums, and Nectarines: Growing and Handling For Fresh Market*** (Vol. 3331). UCANR Publications.
- Leelambika, M., Mahesh, S., Jaheer, M., Tripathi, P.K., Kumar, P.R., Sathyanarayana, N., 2016. Targeted Metabolic and Genomic Profiling Reveals Parents for L-Dopa Breeding in *Mucuna pruriens* (L.) DC. ***Tropical Plant Biology***, 9(4). 239-251.
- Levi, A., Thomas, C.E., Newman, M., Reddy, O.U.K., Zhang, X., Xu, Y., 2004. ISSR And AFLP Markers Differ Among American Watermelon Cultivars With Limited Genetic Diversity. ***Journal of the American Society for Horticultural Science***, 129(4). 553-558.
- Li, T.H., Li, Y.X., Li, Z.C., Zhang, H.L., Qi, Y.W., Wang, T., 2008. Simple Sequence Repeat Analysis of Genetic Diversity in Primary Core Collection of Peach (*Prunus persica*). ***Journal of Integrative Plant Biology***, 50(1), 102-110.
- Li, X., Meng, X., Jia, H., Yu, M., Ma, R., Wang, L., Cao, K., Shen, Z.J., Nie, L., Tian, J.B., Chen, M.J., Xie, M., Arus, P., Gao, Z.S., Aranzana, M.J., 2013. Peach Genetic Resources: Diversity. Population Structure and Linkage Disequilibrium. ***BMC Genetics***, 14(1). 84.
- Lisek, A.M., Korbin, E., Rozpara., Zueawicz, E., 2007. Plum Cultivar DNA Polymorphism Generated With RAPD and ISSR Markers. ***Acta Horticulturae***. 734: 281–285.

- Lopes, M.S., Sefc, K.M., Laimer, M., Machado, A.D.C., 2002. Identification of Microsatellite Loci in Apricot. *Molecular Ecology Notes*, 2(1), 24-26.
- Manganaris, A.G., Karayiannis, L., Nianious, E., 1999. Polymorphism and Genetic Studies of Isozymes in Appricots. *Acta Horticulturae*, 488: 303–307.
- Mantel, N., 1967. The Detection of Disease Clustering and A Generalized Regression Approach. *Cancer research*, 27(2 Part 1), 209-220.
- Mariette, S., Lefranc, M., Legrand, P., Taneyhill, D., Frascaria-Lacoste, N., Machon, N., 1997. Genetic Variability in Wild Cherry Populations in France. Effects of Colonizing Processes. *Theoretical and Applied Genetics*, 94(6-7), 904-908.
- Messeguer, R., Arús, P., Carrera, M., 1987. Identification of Peach Cultivars With Pollen Isozymes. *Scientia Horticulturae*, 31(1-2), 107-117.
- Messina, R., Lain, O., Marrazzo, M.T., Cipriani, G., Testolin, R., 2004. New Set of Microsatellite Loci Isolated in Apricot. *Molecular Ecology Notes*, 4(3), 432-434.
- Milatovic, D., Nikolic, D., Durovic, D., Milivojevic, J., 2009. Isoenzyme Polymorphism in Apricot Cultivars. *Journal of American Pomological Society*, 63(1), 14.
- Mnejja, M., Garcia-Mas, J., Howad, W., Badenes, M.L., Arús, P., 2004. Simple-Sequence Repeat (SSR) Markers of Japanese Plum (*Prunus salicina* Lindl.) Are Highly Polymorphic and Transferable To Peach and Almond. *Molecular Ecology notes*, 4(2), 163-166.
- Mohammadi, S.A., Prasanna, B.M., 2003. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Science*, 43(4), 1235-1248.
- Monet, R., Guye, A., Roy, M., 1994. Genetic Study of Alcohol Dehydrogenase Polymorphism in Peach (*Prunus persica* L. Batsch). *Agronomie (France)*, 14, 463–466.
- Monet, R., Guye, A., Roy, M., Dachary, N., 1996. Peach Mendelian Genetics: A Short Review and New Results. *Agronomie*, 16(5), 321-329.

- Najafzadeh, R., Arzani, K., Bouzari, N., Saei, A., 2014. Genetic Diversity Assessment and Identification of New Sour Cherry Genotypes Using Intersimple Sequence Repeat Markers. *International Journal of Biodiversity*, 8.
- Ortiz, A., Renaud, R., Calzada, I., Ritter, E., 1997. Analysis of Plum Cultivars With RAPD Markers. *Journal of Horticultural Science*, 72(1), 1-9.
- Özçağırın, R., Ünal, A., Özeker, E., İsfendiyaroğlu, M., 2011. *İlman İklim Meyve Türleri: Sert Çekirdekli Meyveler Cilt-I*. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, (553).
- Parfitt, D.E., Arulsekar, S., Ramming, D.W., 1985. Identification of Plum X Peach Hybrids By Isozyme Analysis. *Hort Science*, 20, 246–248.
- Pashkoulov, D.T., Tobutt, K.R., Bošković, R., 2000. Comparison of Isoenzymes in *Prunus avium* Separated By Two Different Electrophoretic Techniques. *Plant Breeding*, 119(2), 153-156.
- Patel, H.K., Fougat, R.S., Kumar, S., Mistry, J.G., Kumar, M., 2015. Detection of Genetic Variation in *Ocimum* Species Using RAPD And ISSR Markers. *3 Biotechnology*, 5(5). 697-707.
- Rana, M., Sharma, R., Sharma, P., Bhardwaj, S.V., Sharma, M., 2014. Estimation of Genetic Diversity in *Capsicum annuum* L. Germplasm Using PCR-based Molecular Markers. *National Academy Science Letters*, 37(3), 295-301.
- Rehder, A., 1940. *Manual of Cultivated Trees and Shrubs*. The Macmillan Company; New York.
- Rieger, M., 2006. Peach (*Prunus persica*). *Introduction to Fruit Crops*. Haworth Food and Agricultural Products Press. New York. NY. 311-325.
- Rohlf, J.F., 2000. *NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. Exeter Software. Setauket. New York.
- Sai Rekha, K., Reddy, D.M., Ravindra Reddy, B., Reddy, K.H.P., Bhaskara Reddy, B.V., 2015. DNA Fingerprinting and Genetic Diversity Analysis Using RAPD.

- SSR and ISSR Markers in Mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Journal of Agriculture and Veterinary Sciences*, 8(7), 63-68.
- Sekerci, A.D., Yetişir, H., Yildirim, Z., Gulsen, O., 2017. Genetic Diversity Analysis in Snapdragon (*Antirrhinum majus* L.) Using Morphological and Molecular Methods. *Current Trends in Natural Sciences*, 6(12), 68-74.
- Scorza, R., Sherman, W.B., 1996. Peaches. In: Janick J. Moore JN (eds) *Fruit Breeding*. Vol 1: Tree and Tropical Fruits. Wiley. New York. pp 325–440.
- Shahi-Gharahlar, A., Zamani, Z., Fatahi, R., Bouzari, N., 2011. Estimation of Genetic Diversity in Some Iranian Wild *Prunus* Subgenus *Cerasus* Accessions Using Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 39(4), 826-833.
- Shahsavari, A.R., Izadpanah, K., Tafazoli, E., Tabatabaei, B.S., 2007. Characterization of Citrus Germplasm Including Unknown Variants by Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers. *Scientia Horticulturae*, 112(3), 310-314.
- Shulaev, V., Sargent, D.J., Crowhurst, R.N., Mockler, T.C., Folkerts, O., Delcher, A.L., Jaiswal, P., Mane, S.P., Burns, P., Davis, T.D., Slovin, J.P., Bassil, N., Hellens, R.P., Evans, C., Harkins, T., Kodira, C., Desany, B., Crasta, O.R., Jensen, R.V., Allan, A.C., Michael, T.P., Setebul, J.C., Celton, J.M., Willians, K.P., Holt, S.H., Ruiz-Rojas, J.J., Chatterjee, M., Liu, B., Silva, H., Meisel, L., Adato, A., Filichkin, S.A., Troggoi, M., Ashman, T.L., Dharmawardhana, P., Elser, J., Raja, R., Priest, H.D., Bryant, J.D.W., Fox, S.E., Givan, S.A., Wilhelm, L.J., Naithani, S., Cristoffels, A., Salama, D.Y., Lopez-Girona, E., Zdepski, A., Wang, W., Kerstetter, R.A., Scwhab, W., Korban, S.S., Davik, J., Monfort, A., Denoyes-Rothan, B., Velasco, R., Flinn Aharoni, A., Bennetzen, J.L., Salzberg, S.L., Dickerman, A.W., Velasco, R., Borodovsky, M., Veilleux, R.E., Folta, K.M., 2011. The Genome of Woodland Strawberry (*Fragaria vesca*). *Nature Genetics*. 43(2), 109-116.

- Shuxia, S., Jing, L., Dong, C., Hongjiang, X., Meiyan, T., Guoliang, J., 2011. Molecular Identification of Peach Germplasm by ISSR Markers [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 4, 035.
- Sosinski, B., Gannavarapu, M., Hager, L.D., Beck, L.E., King, G.J., Ryder, C.D., Rajapakse, S., Baird, W.V., Ballard, R.E., Abbott, A.G., 2000. Characterization of Microsatellite Markers in Peach. *Prunus persica* (L.) Batsch. *Theoretical and Applied Genetics*, 101(3), 421-428.
- Tanksley, S.D., Orton, T.J., 1983. Isozymes in Plant Genetics and Breeding. *Elsevier*, Amsterdam. Netherlands.
- Terzopoulos, P.J., Kolano, B., Bebeli, P.J., Kaltsikes, P.J., Metzidakis, I., 2005. Identification of *Olea europaea* L. Cultivars Using Inter-Simple Sequence Repeat Markers. *Scientia Horticulturae*, 105(1), 45-51.
- Testolin, R., Marrazzo, T., Cipriani, G., Quarta, R., Verde, I., Dettori, M.T., Pancaldi, M., Sansavini, S., 2000. Microsatellite DNA in Peach (*Prunus persica* L. Batsch) and Its Use in Fingerprinting and Testing The Genetic Origin of Cultivars. *Genome*, 43(3), 512–520.
- Thummar, V.D., Tomar, R.S., Parakhia, M.V., Padhiyar, S.M., Rathod, P.J., 2015. Detection of Genetic Variation in Tissue Culture Clones of Date Palm using ISSR Markers. *JSRD International Journal for Scientific Research and Development*. 3(10), 37-40.
- Tian, Y., Xing, C., Cao, Y., Wang, C., Guan, F., Li, R., Meng, F., 2015. Evaluation of Genetic Diversity on *Prunus mira* Koehne by Using ISSR and RAPD Markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 29(6), 1053-1061.
- Toyama, T.K., 1974. Haploidy in Peach. *HortScience*, 9, 187-188
- Velasco, R., Zharkikh, A., Affourtit, J., Dhingra, A., Cestaro, A., Kalyanaraman, A., Fontana, P., Bhatnagar, S.K., Troggio, M., Pruss, D., Salvi, S., Pindo, M., Baldi, P., Castelletti, S., Cavaiuolo, M., Coppola, G., Costa, F., Cova, V., Dal, R.A., Goremykin, V., Komjanc, M., Longhi, S., Magnago, P., Malacarne, G., Malnoy, M., Micheletti, D., Moretto, M., Perazzolli, M., Si-Ammour, A.,

Vezzulli, S., Zini, E., Eldredge, G., Fitzgerald, L.M., Gutin, N., Lanchbury, J., Macalma, T., Mitchel, J.T., Reid, J., Wardell, B., Kodira, C., Chen, Z., Desany, B., Niazi, F., Palmer, M., Koepke, T., Jiwan, D., Schaeffer, S., Krishnan, V., Wu, C., Chu, V.T., King, S.T., Vick, J., Tao, Q., Mraz, A., Stormo, K., Bogden, R., Ederle, D., Stella, A., Vecchiotti, A., Kater, M.M., Masiero, S., Lasserre, P., Lespinasse, Y., Allan, A.C., Bus, V., Chagne, D., Crowhurst, R.N., Gleave, A.P., Lavezzo, E., Fawcett, J.A., Proost, S., Rouze, P., Sterck, L., Toppo, S., Lazzari, B., Hellens, R.P., Durel, C.E., Gutin, A., Bumgarner, R.E., Gerdiner, S.E., Skolnick, M., Egholm, M., Van de Peer, Y., Salamini, F., Viola, R., 2010. The Genome of Domesticated Apple (*Malus x domestica* Borkh.). *Nature Genetic*, 42(10), 833-839.

Verde, I., Bassil, N., Scalabrin, S., Gilmore, B., Lawley, C.T., Gasic, K., Micheletti, D., Rosyara, U.R., Cattonaro, F., Vendramin, E., Main, D., Aramini, V., Blas, A.L., Mockler, T.C., Bryant, D.W., Wilhelm, L., Troggio, M., Sosinski, B., Aranzana, M.J., Arús, P., Iezzoni, A., Morgante, M., Peace, C., 2012. Development and Evaluation of a 9K SNP Array for Peach by Internationally Coordinated SNP Detection and Validation in Breeding Germplasm. *PLoS ONE*, 7(4), e35668.

Verde, I., Abbott, A.G., Scalabrin, S., Jung, S., Shu, S., Marroni, F., Zhebentyayeva, T., Dettori, M.T., Grimwood, J., Cattonaro, F., Zuccolo, A., Rossini, L., Jenkins, J., Vendramin, E., Meisel, L.A., Decrooq, V., Sosinski, B., Prochnik, S., Mitros, T., Policriti, A., Cipriani, G., Dondini, L., Ficklin, S., Goodstein, D.M., Xuan, P., Del Fabbro, C., Aramini, V., Copetti, D., Gonzalez, S., Horner, D.S., Falchi, R., Lucas, S., Mica, E., Maldonado, J., Lazzari, B., Bielenberg, D., Pirona, R., Miculan, M., Barakat, A., Testolin, R., Stella, A., Tartarini, S., Tonutti, P., Arus, P., Orellana, A., Wells, C., Main, D., Vizzotto, G., Silva, H., Salamini, F., Schmutz, J., Morgante, M., Rokhsar, D.S., 2013. The High-Quality Draft Genome of Peach (*Prunus persica*) Identifies Unique Patterns of Genetic Diversity. Domestication And Genome Evolution. *Nature Genetics*, 45(5), 487-494.

- Vidal, N.M., Grazziotin, A.L., Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Venancio, T.M., 2014. Development of A Gene-Centered SSR Atlas as A Resource for Papaya (*Carica papaya*) Marker-Assisted Selection and Population Genetic Studies. *PloS one*, 9(11), e112654.
- Vijayan, K., Chatterjee, S.N., 2003. ISSR Profiling of Indian Cultivars of Mulberry (*Morus* spp.) and Its Relevance To Breeding Programs. *Euphytica*, 131(1), 53–63.
- Vijayan, K., Srivatsava, P.P., Nair, C.V., Awasthi, A.K., Tikader, A., Sreenivasa, B., Urs, S.R., 2006a. Molecular Characterization and Identification of Markers Associated With Yield Traits in Mulberry Using ISSR Markers. *Plant Breeding*, 125(3), 298–301.
- Vijayan, K., Tikader, A., Kar, P.K., Srivastava, P.P., Awasthi, A.K., Thangavelu, K., Saratchandra, B., 2006b. Assessment of Genetic Relationships Between Wild and Cultivated Mulberry (*Morus*) Species Using PCR Based Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(5), 873-882.
- Vilanova, S., Soriano, J.M., Lalli, D.A., Romero, C., Abbott, A.G., Llácer, G., Badenes, M.L., 2006. Development of SSR Markers Located in The G1 Linkage Group of Apricot (*Prunus armeniaca* L.) Using A Bacterial Artificial Chromosome Library. *Molecular Ecology Notes*, 6(3), 789-791.
- Wang, K., Kang, J., Zhou, H., Sun, Y., Yang, Q., Dong, J., Meng, L., 2009. Genetic Diversity of *Iris lactea* var. *chinensis* Germplasm Detected by Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR). *African Journal of Biotechnology*, 8(19).
- Warburton, M., Bliss, F., 1996. Genetic Diversity in Peach (*Prunus persica* L. Batch) Revealed by Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers and Compared to Inbreeding Coefficients. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 121(6), 1012-1019.
- Werneck, H.L., 1956 Römischer Und Vorrömischer Wein-und Obstban in Österreichischen Donaraum. *Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen-Gesellschaft, Wein Ed.* pp. 114-131.

- Williams, J.G., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A., Tingey, S.V., 1990. DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers Are Useful As Genetic Markers. *Nucleic Acids Research*, 18(22), 6531-6535.
- Wilfinger, W.W., Mackey, K., Chomczynski, P., 1997. Effect of pH and Ionic Strength on The Spectrophotometric Assessment of Nucleic Acid Purity. *Biotechniques*, 22(3), 474-481.
- Wünsch, A., Carrera, M., Hormaza, J.I., 2006. Molecular Characterization of Local Spanish Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] Germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(5), 925-932.
- Xie, R.J., Li, X.W., Chai, M.L., Song, L.J., Jia, H.J., Wu, D.J., Chen, M.K., Chen, K.M., Aranzana, M.J., Gao, Z.S., 2010. Evaluation of The Genetic Diversity of Asian Peach Accessions Using A Selected Set of SSR Markers. *Scientia Horticulturae*, 125(4), 622-629.
- Xu, D.H., Wahyuni, S., Sato, Y., Yamaguchi, M., Tsunematsu, H., Ban, T., 2006. Genetic Diversity and Relationships of Japanese Peach (*Prunus persica* L.) Cultivars Revealed by AFLP and Pedigree Tracing. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(5), 883-889.
- Yamamoto, T., Shimada, T., Imai, T., Yaegaki, H., Haji, T., Matsuta, N., Yamaguchi, M., Hayashi, T., 2001. Characterization of Morphological Traits Based on A Genetic Linkage Map in Peach. *Breeding Science*, 51(4), 271-278.
- Yamamoto, T., Yamaguchi, M., Hayashi, T., 2005. An Integrated Genetic Linkage Map of Peach by SSR, STS, AFLP and RAPD. *Journal Japan Soc Horticulture Science*, 74 (3): 204-213.
- Yaman, H., Ulum, K.N., Hacıoğlu, B.T., Arslan, Y., Subaşı, I., 2017. Molecular Characterization of Materials Selected From Some Camelina [*Camelina sativa* (L.) Crantz] Populations. *Anadolu*, 27(2), 123-126.
- Yılmaz, K.U., Ercişli, S., Asma, B.M., Doğan, Y., Kafkas, S., 2009. Genetic Relatedness in *Prunus* Genus Revealed By Inter-Simple Sequence Repeat Markers. *HortScience*, 44(2), 293-297.

- Yoon, J., Liu, D., Song, W., Liu, W., Zhang, A., Li, S., 2006. Genetic Diversity and Ecogeographical Phylogenetic Relationships Among Peach and Nectarine Cultivars Based on Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 131(4), 513-521.
- Zarek, M., 2016. Preliminary Studies on The Molecular Identification of Sex in *Taxus baccata* L. *Forest Research Papers*, 77(1), 68-75.
- Zhang, Q., Chen, W., Sun, L., Zhao, F., Huang, B., Yang, W., Tao, Y., Wang, J., Yuan, Z., Fan, G., Xing, Z., Han, C., Pan, H., Zhong, X., Shi, W., Liang, X., Du, D., Sun, F., Xu, Z., Hao, R., Lv, T., Lv, Y., Zheng, Z., Sun, M., Luo, L., Cai, M., Gao, Y., Wang, J., Yin, Y., Xu, X., Cheng, T., Wang, J., 2012. The Genome of *Prunus mume*. *Nature Communications*, 3(4), 1318.
- Zhebentyayeva, T., Reighard, G., Gorina, V., Abbott, A., 2003. Simple Sequence Repeat (SSR) Analysis for Assessment of Genetic Variability in Apricot Germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(3), 435-444.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D., 1994. Genome Fingerprinting By Simple Sequence Repeat (SSR)-anchored Polymerase Chain Reaction Amplification. *Genomics*, 20(2), 176-183.

ÖZGEÇMİŞ

29.10.1989 tarihi Kayseri doğumluyum. Lise eğitimimi 2006 yılında Behice Yazgan Kız Lisesinde, lisans eğitimimi 2007-2011 yılları arasında Erciyes Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümünde tamamladım. İlk yüksek lisans eğitimimi lisans yaptığım üniversitenin Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında 2011-2015 yılları arasında gerçekleştirdim ve bu yıllarda ikinci bir yüksek lisans eğitimimi Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalında başlattım. 2016 yılında Yüzüncü Yıl Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümünde Araştırma Görevlisi olarak akademik hayata başladım.