

**T.C.
HARRAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**MARDİN, ŞIRNAK, SİİRT İLLERİNE AİT ASMA GEN KAYNAKLARININ
SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEATS)'A DAYALI GENETİK
KARAKTERİZASYONU**

Kürşat Alp ASLAN

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

**ŞANLIURFA
2018**

Prof. Dr. Sadettin GÜRSÖZ danışmanlığında Kürşat Alp ASLAN 'ın hazırladığı “**Mardin, Siirt, Şırnak İllerine Ait Asma Gen Kaynaklarının SSR’a Dayalı Genetik Karakterizasyonu**” konulu bu çalışma 26.06.2018 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı’da MASTER TEZİ olacak şekilde kabul görmüştür.

İmza

Danışman : Prof. Dr. Sadettin GÜRSÖZ.....

Üye : Prof. Dr. Bekir Erol AK.....

Üye : Doç. Dr. Hüseyin Karataş.....

Bu tezin Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı’nda Gerçekleştirildiğini ve Enstitü Kuralları Uyarınca Hazırladığımı Onaylıyorum.

Prof. Dr. Halil Murat ALGIN
Enstitü Müdürü

Çalışmamız, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü desteği ile yürütülmüştür.
Proje’nin Numarası: 12/A01/P01/006

Not: Bu tez içerisinde kullanılmış özgün ve diğer kaynaklardan yapılmış bildirilerin, çizelgeler, şekiller ve fotoğrafların kaynağı gösterilmeksizin kullanımı 5846 sayılı Fikir ve Sanat Kanununda bulunan hükümlere bağlıdır.

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ	v
SİMGELER DİZİNİ	vi
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	8
2.1. Asma Mikrosatellit Çalışmaları	9
3. MATERYAL ve YÖNTEM	23
3.1. Materyal	23
3.2. Yöntem	24
3.2.1. DNA İzolasyonu ve Ölçümleri	24
3.2.2. PCR Reaksiyonlarının Hazırlanması ve PCR	25
3.2.3. Kapilleri Elektroferez ve Allel Görüntülerinin Alınması	26
3.2.4. Genetik Analizler	26
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	28
4.1. DNA İzolasyonu ve Ölçümleri	28
4.2. SSR Lokuslarının PCR Reaksiyonu ve Allel Görüntülerinin Alınması	30
4.3. Genetik Analizler	32
4.4. Benzerlik Oranı İndeksi	36
4.5. Genetik İlişki Dendogramı	36
5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER	38
5.1. SSR Analizleri	38
5.2. Genotip-SSR İlişkilendirmeleri	39
5.3. Öneriler	40
KAYNAKLAR	41
ÖZGEÇMİŞ	48
EKLER	49

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

MARDİN, ŞIRNAK, SİİRT İLLERİNE AİT ASMA GEN KAYNAKLARININ SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEATS)'A DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU

Kürşat Alp ASLAN

**Harran Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı**

**Danışman: Prof. Dr. Sadettin GÜRSÖZ
YIL: 2018, Sayfa: 49**

Genetik karakterizasyon çalışmaları gerek türler arası gerekse tür içi genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve türlerin tanımlanması amacıyla önemli bir yere sahiptir. Ülkemizde hemen her yerde yetiştirilen çok zengin yerel çeşit ve tipler barındıran asma gen kaynakları içerisinde, isimlendirme farklılıklarından ve çeşitlerde görülen varyasyonların sonucu olarak çeşit karışıklığı görülmüş, ayrıca şu an üretimde tercih edilmeyen bazı çeşitlerin yok olma tehlikesi de söz konusu olmuştur. Bu sorunların ortadan kaldırılması amacıyla SSR markör tekniği kullanılmaktadır. Bu çalışmada; Güneydoğu Anadolu Bölgesinde, Mardin, Siirt ve Şırnak illerinden Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü'ne ait Güneydoğu Anadolu Bölgesi Asma Gen Kaynakları Bağı'nda toplanan 44 çeşit ve tiplerle beraber iki adet referans çeşit ile beraber toplamda 46 *Vitis vinifera* L. çeşidinin 6 mikrosatelit markörü (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, ZAG62, ZAG79) kullanılarak genetik karakteristik özelliklerine bakılmıştır. Kullanılan 6 lokus üzerinde toplam 46 allel tespit edilmiştir. Genetik ilişki dendogramı incelendiğinde, referans çeşitler çalışma kapsamında yer alan genotiplerden bağımsız bir dallanma göstermiş, mevcut 2 dallanma içerisinde ise 3 sinonim grup saptanmıştır. Araştırma sonucunda elde edilen genetik veriler Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nde bulunan Güneydoğu Anadolu Bölgesi Asma Gen Kaynakları parselinde yer alan çeşit ve tipler "Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Biyoteknoloji Başkanlığında" kurum projesi sonucu olarak oluşturulmuş "Türkiye Asma Gen Kaynakları Veri Tabanı" ile karşılaştırılmış ve eşleştirilmiştir. SSR markörlerin yardımıyla bulunan araştırma çıktıları Mardin, Siirt ve Şırnak illerinde Güneydoğu Anadolu Bölgesi asma gen kaynaklarının karakterizasyonu konusunda bir ilki oluşturmaktadır. Bu çalışmada elde edilen veriler, Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Asma Gen Kaynakları Koleksiyondaki çeşitlerin daha ayrıntılı bir şekilde karakterizasyonu, milli koleksiyondaki çeşit miktarının tekrar belirlenmesi ve ileride yapılacak ıslah çalışmalarında büyük kolaylıklar sağlayacaktır.

ANAHTAR KELİMELELER: Türkiye, Güneydoğu Anadolu Bölgesi, Asma, SSR

ABSTRACT

MSc Thesis

GENETIC CHARACTERIZATIONS OF VITIS GENETIC RESOURCES BELONGING MARDİN, ŞIRNAK, SİİRT BY USING SIMPLE SEQUENCE REPEATS (SSR)

Kürşat Alp ASLAN

Harran University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Horticulture

Supervisor: Prof. Dr. Sadettin GÜRSÖZ
Year: 2018, Page: 49

Studies on genetic characterization are useful way to determine genetic diversity within species as well as between species and identify species. Grown almost everywhere in Turkey vine has abundance of local varieties and kinds. However, as a result of different denomination and variation within varieties, there is confusion of grape varieties. Moreover, some varieties which is out of production nowadays have risk of extinction Aiming to overcome problems mentioned above, SSR markers method has been used. In this study, belonging Mardin, Siirt and Şırnak 44 variety and kind from Pistachio Research Center Southeast Anatolian Vitis Genetic Sources Vineyards and together with 2 reference variety, 46 varieties (*Vitis vinifera* L.) were analyzed for genetic characterization by using 6 microsatellite markers (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, ZAG62, ZAG79). In 6 loci, 46 alleles were designated. Genetic relationship dendogram has showed that varieties used as reference had independent branch from studied varieties and within 2 branches 3 synonyms were found. Genetic findings as research results belong to Pistachio Research Center Southeast Anatolian Vitis Genetic Resources Vineyards were integrated with Turkish Vitis Genetic Resources Databases created by Ankara University Faculty of Agriculture Department of Biotechnology. Employing SSR markers, this study reveals the first identification results of genetic Vitis resources of Mardin, Siirt and Şırnak in Southeast Anatolia. Obtained by this study, the results have value in better identification of varieties in Pistachio Research Center Southeast Anatolian Vitis Genetic Resources Collection Vineyards, regulation the number of varieties in National Collection and new breeding studies.

KEY WORDS: Türkiye, Southeast Anatolia, SSR, Vitis, SSR

TEŐEKKÜR

Bu yüksek lisans tezinin belirlenmesinde, uygulanmasında ve alıŐma sÜresince yardımlarını ve desteklerini esirgemeyen deęerli hocam Prof. Dr. Sadettin GÜRSÖZ'e, Dr.M.İlhan ODABAŐIOęLU' na, tezin laboratuvar alıŐmalarında yanımda olan Ankara Üniversitesi Bitki Biyoteknolojisi Bölümü Başkanı Prof. Dr. Ali ERGÜL'e ve alıŐanlarıma, Doęu Akdeniz Tarımsal AraŐtırma Enstitüsü Müdürlüęünde alıŐan Ziraat Yüksek Mühendis Nergiz OBAN'a ve yazım aŐamalarında bana destek olan Ziraat Yüksek Mühendisi Salih Yaser KAPCI ve Ziraat Yüksek Mühendisi Mehmet Fatih BATMAZ'a, alıŐma sÜresince madden ve manen her daim yanımda bulunan, saygıdeęer eŐim Düriye ASLAN'a ve aileme en iten teŐekkürlerimi sunuyorum.



ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 1.1. Bağ Alanları ve Üzüm Üretim Payları (%)	2
Şekil 3.1. Antepfıstığı Araştırma Ens. Ar-Ge Bağı'ndan görünüm.....	23
Şekil 4.1. Çalışmada kullanılmış DNA'ların agaroz jel(%1) görüntüleri	28
Şekil 4.2. VVMD5 lokusunda bulunan allelerin PCR sonrası jel görüntüsü.....	30
Şekil 4.3. VVMD27 lokusunda bulunan allelerin PCR sonrası jel görüntüsü.....	30
Şekil 4.4. ZAG79 lokusunda bulunan allelerin PCR sonrası jel görüntüsü.....	31
Şekil 4.5. Kapiller elektroforez aletinden alınan homozigot pik profili.....	31
Şekil 4.6. Kapiller elektroforez aletinden alınan heterozigot pik profili.....	32
Şekil 4.7. Çeşitlerin genetik ilişki dendogramı.....	36



ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 1.1.	Türkiye Bağ Alanları ve Yaş Üzüm Üretiminin Dağılımı.....	2
Çizelge 3.1.	SSR lokuslarında primerlerin baz dizileri, işaretleme boyası ve PCR.....	26
Çizelge 4.1.	Çeşitlere ait DNA'ların spektrofotometrik değerleri.....	29
Çizelge 4.2.	Asma çeşitlerine ait olan 6 lokustaki allel büyüklükleri.....	33
Çizelge 4.3.	Allel sayıları, He, Ho, tespit olasılığı değeri ve sessiz allel frekansı.....	34
Çizelge 4.4.	Allel frekansları.....	35



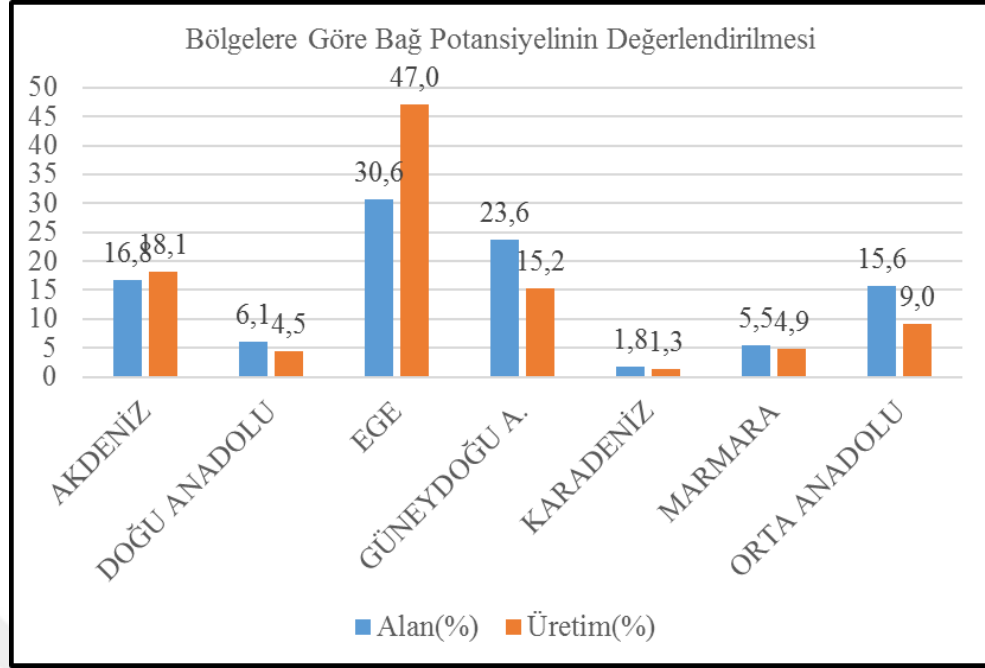
SİMGELER DİZİNİ

AFLP	Çoğaltılmış Parçaların Uzunluk Farkı
bp	Baz çifti
DNA	Deoksiribo nükleik asit
dNTP	Deoksi Nükleotit Trifosfat
EDTA	Etilen diamin tetra asetik asit
He	Beklenen heterozigotluk
Ho	Gözlenen heterozigotluk
mM	Milimolar
µl	Mikrolitre
M	Molar
n	Allel sayısı
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PI	Tanımlama Olasılığı
PVP	Polyvinylpyrrolidon
RAPD	Rastgele Çoğaltılmış DNA Farklılığı
RFLP	Kesilmiş Parça Uzunluğu Farklılığı
RNase	Ribonükleaz
rpm	Devir/dk
SSR	Basit Dizi Tekrarı
TBE	Tris-Borik Asit-EDTA Çözeltisi
TE	Tris-EDTA Çözeltisi
Tm	Primer-DNA bağlanma sıcaklığı

1. GİRİŞ

Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) 2105 yılı verilerine göre Türkiye 461.956 hektarlık bağ alanları ile dünyada 4. sırada ve ortalama 3,6 milyon tonluk üretim miktarıyla 5. büyük bağcı ülke konumundadır. Güneydoğu Anadolu Bölgesi 1.211.515 da bağ alanına sahip iken verim bakımından ise 640.242 tonluk üretime sahiptir. Diğer taraftan, Anadolu bağcılık açısından elverişli iklim koşullarına sahip ve asma genetik orijinlerinden olması ile birlikte (Arroya-Garcia ve ark., 2006), bu bölgelerde yapılan bağcılık ise oldukça çok eski ve oldukça bağcılığın temeli sağlam ve kuvvetli bir bağcılık yetiştirilme şekline sahiptir. Türkiye’de bağcılık tarihi oldukça eski olup M.Ö. 3500 yıllarına kadar uzandığı yapılan arkeolojik çalışmalar ve araştırmalar sonucunda ortaya çıkarılmıştır. Yapılan bu arkeolojik kazılar sonucu çıkarılan tarihi eserlerde üzümlerle ilgili olarak bir takım şekil ve birtakım taşlar üzerinde bulunan değişik figürlerin olması o bölgelerde bağcılık kültürünün ve bağcılık yapıldığının oldukça yaygın olduğuna dair bir takım işaretler bulunması açısından en önemli göstergelerdir. (Oraman, 1965).

Güneydoğu Anadolu Bölgesi yetiştiriciliği yapılan alan bakımından, Ege Bölgesinden sonra en önemli ve en büyük ikinci, üretim bakımından Akdeniz Bölgesinden sonra üçüncü kısımda yer almaktadır. Güneydoğu Anadolu Bölgesi; asma gen kaynaklarının farklılığı bakımından oldukça zenginlik göstermektedir. Güneydoğu Anadolu Bölgesi gerek erkenci, orta mevsim ve geçi üzüm çeşitlerinin yetiştiriciliği bakımından oldukça önem kazanmıştır. Bu durum bu bölgelerde daha verimli bir bağcılık yapıldığını göstermektedir. Ancak diğer bölgelerde, özellikle Güneydoğu ve Orta Anadolu Bölgeleri Türkiye üzüm üretiminde bağ alanlarına paralel bir oranda pay sahibi değildir (Şekil 1.1).



Şekil 1.1. Bağ Alanları ve Üzüm Üretim Payları(%)

Ege Bölgesi alan ve üzüm üretim miktarı bakımından en fazla olan bölge olurken, bu bölgeyi sırasıyla Akdeniz, Güneydoğu, Orta Anadolu, Marmara, Doğu Anadolu ve yüksek nem nedenleriyle bağcılık bakımından oldukça düşük bir potansiyelin olduğu Karadeniz Bölgesi izlemektedir (Çizelge 1.1).

Çizelge 1.1. Türkiye Bağ Alanları ve Yaş Üzüm Üretiminin Dağılımı (TÜİK, 2015)

Bölgeler	Sofralık		Şaraplık		Kurutmalık		Toplam	
	Alan (da)	Üretim (ton)	Alan (da)	Üretim (ton)	Alan (da)	Üretim (ton)	Alan (da)	Üretim (ton)
Akdeniz	650.739	539.417	25.687	24.266	99.029	97.551	775.455	661.234
Doğu Anadolu	194.783	94.432	50.210	45.023	37.335	23.354	282.328	162.809
Ege	512.952	675.560	141.398	61.061	759.781	978.789	1.414.131	1.715.410
Güneydoğu Anadolu	568.227	267.393	202.708	128.111	319.320	159.406	1.090.255	554.910
Karadeniz	41.708	20.692	42.060	27.072	0	0	83.768	47.764
Marmara	184.363	119.290	68.290	58.591	242	284	252.895	178.165
Orta Anadolu	479.701	175.126	124.502	79.403	116.522	75.179	720.725	329.708
Toplam	2.632.473	1.891.910	654.855	423.527	1.332.229	1.334.563	4.619.557	3.650.000

Asma tür ve çeşitlerinin yetiştiriciliği bakımından mevcut iklim koşulları ile dünya bağıcılığında çok büyük bir potansiyele sahip olan ülkemiz, asma gen kaynaklarının farklılık içermesi bakımından oldukça zengin bir genetik potansiyele sahiptir. Ülkemizde bitki gen kaynaklarının önemi her geçen gün daha iyi anlaşılmaktadır. Bu kaynakların kaybolmaması ve değerlendirilebilmesi için çalışmaların çoğaltılması gerekmektedir. Büyük bir kısmı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü' ne bağlı olan Araştırma kurum kuruluşları ve bir kısmı da Üniversitelerin ilgili fakültelerinde yapılan araştırmalar ve çalışmalar sonucunda birçok türde ve çeşitlerde koleksiyon ve seleksiyon, kısmen de klon seleksiyonu çalışmaları sonlandırılmıştır. Üretim ve miktarları ve dış satımdaki payları dikkate alındığında Koleksiyonun oluşturulduğu türlerden birisi üzüksü meyvelerden asma (*Vitis vinifera* L.) olup, yetiştirme alanlarının, üretim miktarının ve dış satımdaki yüksek payı ile oldukça büyük bir potansiyel söz konusudur.

Güneydoğu Anadolu Bölgesi, üzüm yetiştiriciliği açısından oldukça geniş ve önemli bir alana sahip olup oldukça farklı ve zengin bir yetiştiricilik kültürüne, çok eski zengin bir yöresel üzüm çeşit zenginliğine sahiptir. Son yıllarda halkın gerek ekonomik yapılarındaki farklılıkların oluşması, gerekse farklı yerleşim yerlerine göçlerin oluşması ve benzeri nedenlerden kaynaklanan olumsuzluklar nedeniyle bu çeşitliliğin fazla olması genetik çeşitliliğin gittikçe azalmasına ve hatta yok olmasına neden olmaktadır. Günümüzde varolan bulunan yöresel çeşitlerin muhafaza altına alınması ve korunması nedeni ile, ulusal ve bölgesel nitelikteki Koleksiyon Bağları'nın yanında, yöresel nitelikte üzüm çeşitleri ve tipleri ile koleksiyonu bağları oluşturulmuştur. Bu çalışma içerisinde bulunan yetiştirici alanlarında yerli yerinde gözlemlenerek ve uzun yıllar boyunca takip altına alınarak çok eski yıllardan bu güne kadar bağıcılık çalışmaları yapılmaktadır.

Bitki gen kaynaklarının önemi her geçen gün daha iyi anlaşılmaktadır. Bu kaynakların kaybolmaması ve değerlendirilebilmesi için çalışmaların çoğaltılması gerekmektedir. Gen kaynaklarının saptanarak korunmaya alınarak, muhafaza altına alınması ile ıslah ve diğer araştırma çalışmalarında değişik programlarınca kullanılmasına olanak sağlayacaktır.

Bağcılıkta üzüm çeşitleri içerisinde çok farklı özelliklere ve değerlendirilme şekline sahip çeşit ve tipler yer almaktadır. Çok farklı nedenlerden dolayı bu paha biçilemez zenginliklerimiz zamanla yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmaktadır. Gen kaynaklarımızda bulunan çok farklı olan değişik çeşitlerin üstün özelliklerinin saptanarak ülkemizin bağcılık tarımına kazandırılması ile verim ve kalitenin artması sağlanacak, ülke ve çiftçinin ekonomik gücüne katma değer katmasına neden sağlanmış olacaktır.

Islah çalışmalarında önemli bir yeri olan genetik varyasyonlar, ülkemizin farklı yörelerinde ve alanlarında oldukça yüksek bir zenginliğe sahiptir. Bu çalışma kapsamında Güneydoğu Anadolu Bölgesinin bağcılıkta oldukça çok farklı bir potansiyele sahip olan ve önemli üzüm çeşitleri olan fakat hala adı ticari yetiştiricilikte açığa çıkmamış üzüm çeşit ve tiplerinin belirlenerek hem ülke ekonomisine hem de üreticilerin ekonomik seviyelerinin en iyi bir şekilde belli bir dereceye yükseltilmesi açısından katkı sağlanması amaçlanmıştır.

Gen kaynaklarının çeşitliliği ve zenginliği dikkate alındığı zaman ise; ister yerli isterse yabancı popülasyon yoğunluğu bakımından çeşitlerin, tiplerin ve benzeri zenginlikleri oldukça dikkat çekmektedir. Yapılmış olan çok az sayıda yabancı popülasyonla ilgili koleksiyon bağlar bulunmakla birlikte kültüre alınmış çeşitlerinin (*Vitis vinifera* L.) koleksiyonun oluşturmak için bu tür çalışmalara 1965 yılında başlanmıştır. Yapılan bu tür çalışmaların sonucunda; Tekirdağ Bağcılık Araştırma Enstitüsünde yer alan “Milli Koleksiyon Bağı” oluşturulmuş ve Türkiye'nin farklı yerlerinden 1200 adet üzüm çeşit ve tipleri milli koleksiyon bağına katılmıştır. Milli Koleksiyon bağına da ampelografik çalışmalar tamamlanmış olup, DNA düzeyindeki yapılan çalışmalar ve araştırmalar sonucu bazı çeşit ve tip gruplarının genetik ilişkileri ve bağları farklı markörler düzeyinde saptanmıştır (Ergül, 2000; 2002, Aras ve ark., 2005; Ergül ve ark., 2006; Vouillamoz ve ark., 2006; Şelli ve ark., 2007).

Ülkemizde üretilen üzümün %40'a yakını pekmez, sucuk, köfter, bastık gibi mamullere, %20'si çekirdeksiz-kuru üzümde, %15'i çekirdekli-kuru üzümde değerlendirilmekte olup, ¼'ü ise şıra ve şarap üretiminde kullanılmaktadır (Çelik ve

Karanis, 1998). Dünyada üretilen toplam üzüm miktarının % 69,3'ü şaraplık olarak değerlendirilmektedir (DPT 1997). 2005 yılında dünyada üzüm ve üzümün farklı değerlendirilme şekillerinden elde edilen ürün gruplarının satışından kazanılan gelir miktarı 24,5 milyar dolar civarında söz konusu olup, bunun yaklaşık olarak %81'ini şarap ihracatı oluşturmuştur (Aktaş, 2002).

TÜİK verilerine göre bağ alanlarının zamanla azalması bağcılık açısından önemli bir sorun olarak görülür iken bağcılık potansiyelinin de doğru bir şekilde değerlendirilemediği açık bir şekilde ortaya koymaktadır. Söz konusu olan bu durum büyük ölçüde modern bağcılık tekniklerinin daha geniş alanlarda yapılamaması, sofralık üzüm yetiştiriciliğinin sulanan alanlarda yapılmaması, zengin asma genetik kaynaklarının ekonomik değeri olabilecek avantaja dönüştürülememesi, ürün işleme ve pazarlama konularında yeterli düzeye ulaşılamaması vb. gibi teknik nedenlerle açıklanabilmektedir.

Ülkemizde ise yapılan bağcılıkta şaraplık olarak yapılan yetiştiriciliğin toplam üretimde sadece % 3 civarını kapsamaktadır. Bunun yanı sıra tarım işletmelerinde yer alan pazarlama maliyetlerinin çok yüksek olması, ulaşım ve satış masrafları bağcılıkta % 40,3 olduğu saptanmıştır. Ülkemizde yetiştiriciliği yapılan taze meyve-sebze üretiminin yaklaşık olarak %25' lik bir kısmının satış işlemlerinde yok olduğu bilinmekte buda pazarlama maliyetini yükseltmektedir (Aktaş, 2002; Çelik ve ark., 2005).

Bağcılık sektörünün ülkemize sağladığı maddi gelir ve insan sağlığı açısından yararları bilinmektedir. İnsan bünyesinin çevre koşullarından dolayı oluşan stres etmenlerine en doğal bir şekilde elde edilen özgür etmenlere karşı en iyi ve en ideal savunma mekanizması antioksidanlardır. Üzümlerin içerisinde yer alan en fazla fenolik bileşikler ve antosiyaninlerin bulunması saf ve insan sağlığını tehdit unsurları içermeyen maddeler olarak kabul görmüştür. Üzümlerde fenol bileşiklerinin ve antosiyanin miktarlarının farklılık göstermesi üzüm çeşitlerine ve tiplerine göre değişmektedir (Özden ve Vardin, 2009).

Doğada bulunan üzümlerin kabuğunda yüksek oranda yer alan, antioksidan ve antimikrobiyal özelliğe sahip düşük moleküler ağırlıklı polifenolik ve resveratrol yapılar bulunmaktadır (Kaul ve ark., 1993; İkizler ve ark., 2003). Üzümlerde resveratrolün bulunma miktarları üstünde yapılan birtakım araştırmalarda siyah üzümler beyaz üzümlere göre daha fazla miktarlarda resveratrol içerdiği saptanmıştır (Abril ve ark., 2005; Gürbüz ve ark., 2007).

Dünyada yapılan bağcılıkta 30.000' den fazla üzüm çeşitlerinin olduğu 15.000 kadar üzüm tiplerinin ise yetiştiriciliği yapılmakta sadece birkaç yüz adedi ekonomik olarak değerlendirilmektedir (İsçi ve ark., 2009). Bugünkü koşullarda en fazla kullanılmış olan sınıflandırmalardan bir tanesi olan Vitaceae familyasının 12 cinsten oluştuğu, bu cinslerin ise 700 türden oluştuğu belirtilmiştir (Emmett ve ark., 1992). Nikolai Vavilov' un 1920 ve 1930 yılları arasında yaptığı çalışma sonucunda dünyada yer alan 8 farklı bitki gen merkezlerinin olduğunu belirtmiştir. Bu 8 gen merkezinden ikisinin ülkemizin topraklarında yer almaktadır (Çelik ve ark., 2005).

Bu güne kadar yapılan çalışmalarda en fazla uluslararası normların kullanıldığı ampelografik tanımlamalar incelenmiştir. Asma genetik varlığımızın kaybolmaması ve özelliklerinin belirlenmesi için ampelografik çalışmalara ihtiyaç olduğu gibi bu araştırmalar sonucunda elde edilen çeşit ve tiplerden kurulmuş olan Gen Kaynakları bağlarına karşın ülkedeki ve bölgedeki üzüm tip ve çeşitleri incelenememiş ve bu nedenle kaybolmaya yüz tuttuğu belirlenmiştir. (Çelik ve Karanis, 1998).

Bir ülkenin yeterli bir şekilde kalkınabilmesi için kalkınma politikalarının içerisinde alınmış olan kararlarda biyoçeşitliliğin korunabilmesi, muhafaza altına alınabilmesi ve devam ettirilebilmesi en başta gelmektedir. Üzümlerin belli bir iriliğe gelebilmesi ve olgunlaşabilmesi için sıcaklık, don, düşen yağış miktarı, oransal nem miktarı ve rüzgâr gibi ekolojik koşulların etkilediği bilinmektedir. Çok sayıda üzüm çeşit ve tiplerinin ampelografik özellikleri üzerine yapılan araştırmalarda ve çalışmalarda çok fazla miktarda moleküler çalışmalar yapılmış olup asma gen potansiyelinin tespit edilmesi açısından yeterli bir düzeye ulaşamamıştır. Melezleme çalışmalarında ilk olarak seleksiyon olanaklarının araştırılması, asmaların tür ve

çeşitlerinin saptanması ve akrabalık oranlarının belirlenmesi gibi farklı niyetlere olanak sağlamış ISSR, SSR, RFLP, AFLP gibi farklı olarak moleküler çalışmalar söz yapılmıştır (Lamboy ve Alpha, 1998; Grando ve ark., 2000; Riaz ve ark., 2004).

Üzüm çeşitlerinin belirlenmesi ve tanımlanmasında uzun yıllar boyunca ampelografik belirleme yöntemleri kullanılmış olup, bu ölçütlerin çevre koşullarından olumlu ve olumsuz olarak etkilenmesi, araştırmacıya göre farklılıklar göstermesi, morfolojik ölçütler sayısındaki düşüklükler ve benzeri tanımlamalarda moleküler düzeyde, özellikle de DNA'ya dayalı yöntemlerin kullanılması zorunlu hale gelmektedir (This ve ark., 2004). Bu yöntemlerden en önemlisi olan SSR markörlerin kullanımı polimorfizm yüksekliği, veri paylaşımının uluslararası düzeye yayılması, yinelenebilirlik ve ko-dominant özelliklere sahip olması nedeni ile asma genetik tanımlamalarının belirlenmesinde (Thomas ve Scott, 1993; Bowers ve ark., 1996; Aradhya ve ark., 2003; Goto-Yamamoto ve ark., 2006; Vouillamoz ve ark., 2006; Şelli ve ark., 2007) kullanılmaktadır.

Güneydoğu Anadolu Bölgesinde Asma Genetik Kaynaklarındaki üzüm çeşit ve tiplerinin belirlenmesinin belli bir kısmı olarak gerçekleştirilmiş olan bu çalışmada; Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nin Mardin, Siirt ve Şırnak illerine ait genetik tanımlamalar belirlenmiştir. 6 SSR lokusu kullanılarak 50 üzüm çeşit ve tiplerinde yapılan çalışmada; allel değerleri ile (kimlik verilerinin) çeşitler arası genetik bağlar tanımlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Günümüzde bitkiler ve bitkilerin farklı türlerinde uygulanan moleküler arařtırmalar sayesinde türler arası genetik baęlantılar, genetik benzerliklerin ve farklılıkların, genom düzeyinde incelenmesi ile birlikte proteomik, transkriptomik, hatta metabolomik seviyelerde belirlenmektedir.

Mikrosatellit DNA lokusları; polimorfik, 2-6 nükleotit uzunlukta yinelenen ve kısa, ko-dominant belirteçlerden DNA dizilerini göstermektedir. Genotipler arası allelik çeşitlilięi replikasyon sapmasındaki mutasyonlardan yararlanan SSR markörler ko-dominatlık ve dięer DNA markörlere oranla daha fazla polimorfik özellik göstermektedir (Schlotterer ve Tautz, 1992). Bu nedenlerden dolayı, bitki tanımlama popülasyon yapısı çalışmaları, genetik varyasyon deęerlendirme, ebeveyn belirleme ve pedigri analizleri, gen haritalarının oluşturulması, popülasyonlar arası genetik benzerlik ve farklılıkların saptanması gibi birçok genetik çalışmada SSR markörlerden yararlanılmaktadır.

Bitkilerin hücrelerinde bulunan DNA'lar, moleküler markörlerin kaynaęını oluşturmaktadır. Bitki popülasyonundaki çeşitlilik, bitki genotipleri arasındaki iliřkilerin saptanmasında moleküler markörler kullanılmaktadır. Genel olarak Lokus izolasyonu ve karakterizasyonu;

- 1) Tipik ve zengin hale getirilmiř DNA veri bankalarının oluşturulması,
- 2) Oluřturulan veri bankalarının SSR yinelemelerine özgü oligonükleotid iřaretli problemlerle taranması,
- 3) Pozitif klon dizilerin tespiti,
- 4) Primerlerin tasarımı ile lokusa özgün PCR basamaklarını kapsayan SSR markörler, tanımlandığı hücre kısımlarına göre farklılıklar göstermektedir.

Genetik çeşitlilięi belirleyen yalnızca bu şekilde kullanılmıř tek markör SSR markörler temel olarak genetik karakterizasyon olmak üzere, omcada genetik

haritalama, genetik evrim tarzı amaçlarla kullanılmış olup, asmada gerçekleştirilmiş olan bazı önemli araştırmalar aşağıda sıralanmıştır.

2. 1. Asma Mikrosatellit Çalışmaları

Thomas ve Scott tarafından taranmış olan ve asmaya ait yapılmış olan ilk mikrosatellit çalışmalar 1993 yılında Avusturya'da yapmışlardır. Toplam olarak 26 çeşit *Vitis vinifera* L. ile ve 6 *Vitis* türünde yapmış oldukları çalışmalarda özellikle VVS lokuslarını kullanmışlardır. Daha sonralarında ise bu çalışmaya 80'den fazla genotipte eklenmiştir.

Thomas ve arkadaşları (1994), yaptıkları çalışmada asma anaçlarını SSR markörleriyle taramış ve 5A Teleki ile Kober 5 BB'nin benzer DNA profillerine sahip olduğunu belirlemişler ve farklılık gösteren bir deyimle adlandırıldığını belirtmişlerdir.

Vignani ve arkadaşları tarafından yapılan bir çalışmada VVMD5; D6; D7; D8, VVMS2; S4; S29 lokuslarıyla birlikte İtalyan şaraplık üzüm çeşidi olan Sangiovese'nin 12 klonu değerlendirilmiştir. Araştırmanın sonucunda SG 8T klonu dışındaki 11 klonun birbirlerine benzer olduğunu, SG 8T klonunun ise bir anne ve babaya ait olabilme olasılığını belirtmişlerdir (Vignani ve ark., 1996).

SSR markörlerinin bağcılık açısından en önemli değerlerinden biri de Müller-Thurgau çeşidinin ebeveynlerinin Rheinriesling x C. Courtillier olarak saptanmasıdır (Sefc ve ark., 1997). Fakat aynı markörler kullanılmış olarak yapılan çalışmalar sonunda, bu çeşitlerin melezleme bileşiminin "Riesling x Madeleine Royal" olması ön plana çıkmıştır (Dettweiller ve ark., 2000). Sefc ve arkadaşları tarafından 1997 yılında yapılan farklı bir çalışmada ise SSR markörler kullanılmış ve Cabernet Sauvignon çeşidine ait ebeveynlerinin C. franc ve S. blanc çeşitleri olduğu belirlenmiştir. Aynı zamanda Bowers and Meredith (1997), bu üzüm çeşidinde melez bileşiminin C. franc x S. blanc olduğunu doğrulamışlardır.

Avusturyada yetiştiriciliği yapılan 66 üzüm çeşidi ile ve anaçlarda yapılmış olan başka bir çalışma sonucunda VVS1; S2; S3; S4; S29, VVMD7; MD28; MD32; MD36 mikrosatelitleri ele alınmış ve genetik karakteristik özellikler çeşitlerde ve anaçlarda değerlendirilmiştir (Sefc ve ark., 1998a).

Sefc ve arkadaşları tarafından yapılmış olan bir çalışmada, Avusturya'ya ait olan ve burada yetiştiriciliği yapılan 18 farklı sofralık üzüm çeşidi, 11 mikrosatelit markörünün yardımıyla incelemiş ve bu tarz araştırmaların taze, kurutulmuş ya da sofralık olarak değerlendirilen ürünlerde hâlihazırdaki transgenik dizi varlığının belirlenmesinde ileriki yıllarda iyi bir potansiyele sahip olabileceğini belirtmişlerdir. (Sefc ve ark., 1998b)

Sefc ve arkadaşlarının yapmış oldukları farklı bir çalışmada Virüs bulaşıklarını engellemek amacı ile in vitro ortamındaki bitkiciklerin saptanmasında 4 SSR markörü kullanılmış ve her farklı klondan alınan iki örnek testlenmiştir (Sefc ve ark., 1998c).

3 farklı iklim bölgelerini temsil eden 22 Hırvat üzümünde 9 SSR lokusu kullanılarak yapılan çalışmada, çeşitlerin SSR profilleri ortaya konmuştur. Ayrıca 300 Avrupa üzüm çeşitlerinin veritabanlarından yararlanılarak genetik parametreleri karşılaştırılmıştır. Çeşitlerin sinonim ve homonim durumları ortaya konmuş, 3 çift sinonim belirlenmiş, ampelografik gözlemler sonucu sağlanan veriler ile desteklenmiştir (Maletic ve ark.,1999).

Sánchez-Escribano ve ark. (1999) 43 farklı sofralık üzüm çeşidini STMS lokusları ile taramıştır. Bunun sonucunda diğer çalışmalarda da iyi sonuçlar veren VVS1; S2; S3; S4; S5, VVMD5; MD6; MD7 lokusları amplifiye olmuştur. Lokus başına gözlenen allel sayısı 2-8, gözlenen genotiplerin sayısı ise 3-19 arasında değişkenlik göstermiştir. Heterozigotluk %38-80 arasında yer alırken, VVMD5 % 80 ile en yüksek heterozigotluk göstermiştir. Ek olarak 14 çeşidin genetik düzeyde benzer bulunduğu açıklanmıştır.

Arroyo-Garcia ve arkadaşları (2006), ile Martinez-Zapater (2000), şaraplık ve sofralık olarak değerlendirilen birkaç üzüm çeşidinde; toplamda 9 adet yeni (VMC6G8; C6D12; C6B11; C6F11; C6G10; C6A8; C6C7; C6C10; C6E10) SSR lokusunu kullanmıştır. Kullanılan çeşitlerin % 70'ten fazlası her lokusta heterozigotluluk göstermiştir.

Bölgede yerel genetik kaynakların değerini korumak amacıyla küçük alanlarda hâlâ yetiştirilen ve yalnızca birkaç bitki tarafından temsil edilen bir grup eski *Vitis vinifera* çeşidi bulunmuştur. Bu germplasmin genetik çeşitliliğini değerlendirmek ve daha yaygın olarak yetiştirilen diğer çeşitlerle olası ilişkilerini kurmak için, mikrosatellit DNA bölgeleri polimorfizmleri analiz edilmiştir. 36 eski Kuzey İtalya üzüm çeşidi ile bölgede halen yetiştiriciliği yapılan 12 çeşit yerel asma, 7 adet mikrosatellit markörü yardımı ile incelenmiş ve genetik yakınlıkları araştırılmıştır. V. Nera ile Merlot çeşitleri ve F. Nera ile Carmenère çeşitleri arasında sinonimlik belirlenmesi yanında endemik yeni alleller saptanmıştır (Grando ve ark., 2000).

Faria ve ark. (2000), de yapılan çalışmada, üzüm çeşit şıralarının ismine doğru olup olmadığını mikrosatellit markörler yardımıyla tanımlamışlardır. En değerli 5 çeşit Porto şaraplık üzüm (T. Roriz, Touriga Nacional, T. Cão, T. Francesa, ve T. Barroca) ile 4 mikrosatellit lokusu üzerinde çalışmış olan araştırmacılar, mikrosatellit yöntemiyle sek ve kupaj şıranın belirlenmesinde muvaffak olmuşlardır.

Thomas ve Scott (1993), ile Bowers ve ark. (1996), tarafından tanımlanan mikrosatellit lokusları ile üzüm çeşitlerinin tanımlanması amacıyla kapiler elektroforez uygulanmıştır. Araştırma enstitüsünde yürütülen çalışmalar sonucu ıslah edilen "Incroci Rigotti" (IR) melezleri, mikrosatellit markörler yardımı ile incelenerek IR 107-2 ile IR 107-3 melezlerinin genetik benzerliğini ortaya koymuşlardır. Ayrıca antosiyanin durumları da saptanmıştır (Malossini ve ark., 2000).

Merdinoglu ve ark. yapmış oldukları bir çalışmada *Vitis vinifera*'nın 12 farklı çeşitlerine ait olan 21 farklı klonda RAPD, AFLP, SSR olarak birbirinden farklı 3

moleküler markör tekniği ile çalışmalarını gerçekleştirmiş ve dendogram düzeyinde genetik benzerliklerini araştırmışlardır (Merdinoglu ve ark., 2000).

Perret vd (2000)' in yaptığı araştırmada ise, *Vitis vinifera* ssp. *silvestris* çeşitlerinden 35 yabancı genotip ile Doğu Avusturya ve Almanya'nın Ren Vadisi'nden gelen 9 çeşidin genetik çeşitliliğini ortaya koymak amacıyla 10 mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. Toplamda 49 allel bulunmuş ve ayrıca yapılan kümeleme analizi sonucu yabancı ve kültür çeşitlerinin birbirinden tamamiyle ayrıldığı gözlenmiştir. Birçok açıdan kültür asmaları ile yabancı asma anaçları arasındaki genetik farklılıklar belirtilmiştir.

1200'den fazla asma çeşidinin genotiplendirilmesi için çeşitli markör (SSR, ISSR, AFLP, RAPD) yöntemleri kullanılmıştır. Beyaz Riesling çeşidine ait 10 farklı klon genotipinde genetik polimorfizmini araştırmak amacıyla 300 asma çeşidi ve 20 farklı *Vitis silvestris* genotipi RAPD, SSR ve ISSR markörleriyle taranmıştır. *V. Silvestris*' e ait allelerin çoğunluğu *V. vinifera*'da görüldüğünü, dolayısı ile *V. silvestris* ve *V. vinifera* arasındaki genetik benzerliği belirtmişlerdir. Böylelikle Avusturya'da yetiştirilen asma çeşitlerinin genetik ilişkisini ayrıntılı olarak incelenmişlerdir. Daha eski çeşitlerin kökenleri tanımlanmış ve sonuç olarak başarılı melezleme stratejileri hakkında bilgiler edinilmiştir (Regner ve ark., 2000).

Dangl ve ark. (2001), Ulusal Gen Bankası koleksiyonundan almış oldukları 41 farklı asma türünün genetik karakterizasyonlarını yapmışlar ayrıca, sinonim belirlemişlerdir.

Alplerin güney bölgelerinden ve kuzey kesimlerden alınan "Schiave" grubuna ait 10 farklı üzüm çeşitlerinde yapmış oldukları araştırmada AFLP ve SSR markörleri kullanmışlardır (Fossati ve ark., 2001).

Crespan and Milani'nin (2001), 64 misket üzümü genotipinde yaptıkları araştırmada 2 adet izoenzim ile 25 tane mikrosatelit lokusu incelemişler ve toplamda

44 tane sinonim yanında M. bianco'ya ait grupta pembe ve kırmızı taneli üç mutanıtı ayırt etmişlerdir. Bunların dışında, Misket ailesinin atası olarak M. bianco ve İskenderiye Misketi'nin kabul edilebileceğini belirtmişlerdir.

Regner ve arkadaşları 2001 yılında Vitis türlerinde farklı 1200 civarında bitkinin genetik özelliklerinin belirlenmesi amacıyla SSR, ISSR, AFLP ve RAPD vb teknikleri kullanarak, Avusturya'daki 300 taneden daha fazla çeşit üzerinde 40 mikrosatellit markörünü denemişlerdir.

22 Pinot noir ve 22 Chardonnay klonlarının genetik özelliklerinin belirlenmesi için 2001 yılında Riaz ve arkadaşları tarafından yapılan çalışmada 92 mikrosatellit markör kullanılmıştır. Kullanılan markörlerden 8 tanesi Pinot noir'a ait klonlar ile ve 4 adet Chardonnay klonunda polimorfizm göstermiştir.

İtalya ve Kuzey- Batı Fransa'dan elde edilen ve sinonimliği tahmin edilen 31 asma çeşidi RAPD ve mikrosatellit markörleri ile analiz sonucunda Fransa'nın "Verddese" çeşidi ile İtalya'nın "Neiret" çeşidinin genetik olarak herhangi bir fark olmadıkları, yani aynı yapıda olduğunu tespit etmişlerdir (Schneider ve ark., 2001).

Uluslararası Asma Çeşit Katoloğunda bulunan sinonim çeşitler olarak yer alan "Tintilia" ve "Bovale grande" çeşitlerinde genetik bağların tespit edilmesi için toplamda 14 farklı mikrosatellit markörü (VVS2; S3; S4; S5, VVMD6; MD25; MD27; MD28; MD31; MD32; MD36; VrZAG62; ZAG79) kullanılmış olup, "Tintilia" klonlarının aralarında içlerinde birbirlerine benzediklerini belirtmişlerdir (Reale ve ark., 2002).

Yapılmış olan farklı bir çalışmada 10 primerden seçilmiş olan 3 kloroplast mikrosatelit lokusu kullanılmış, sofralık ve şaraplık olarak değerlendirilen 500'den fazla çeşit ve yabani üzüm populasyonları incelenmiş, bu çalışmanın sonucunda ise sofralık ve şaraplık üzüm çeşitleri aralarındaki farklı özellikleri ortaya çıkaran haplotip frekansları karşılaştırılmış ve bundan sonraları üzümün farklı olarak değerlendirme

şekline göre birbirinden bağımsız yayılım gösterdiklerini belirtilmiştir (Arroyo Garcia ve ark., 2002).

Asma germplazm materyalinin karakterizasyonu için moleküler belirteçler olarak RAPD ve mikrosatellitler kullanılmaktadır. İspanya'da iki germplazma bankasında bulunan çeşitlerle yapılan bir araştırmada bazı sinonimler ve homonimler de dâhil olmak üzere otuz dokuz genotip üzerinde çalışılmıştır. 66 RAPD ve 4 adet mikrosatelit lokusu (VVMD7, VVS2; S5; S29) kullanılarak yapılan tarama sonucunda Moristell ve Monastel genotiplerden bir tanesi, Moturana ile Ribadavia ile Concejón ile Monastel genotiplerinden bir tanesi ve araştırmaya konu Misket çeşitlerinin çoğunluğunun sinonim olduğu saptanmıştır. Ayrıca Miguel de Arco, Monastel, Monastrell ve Turruntés çeşitlerinde de homonim durumu gözlenmiştir (Ulanovsky ve ark., 2002).

Vignani ve arkadaşları (2002), tarafından yapılan çalışmada 8 adet mikrosatelit lokus yardımıyla “Sangiovese” nin değişik klonlarını ortaya çıkarmışlardır. Bunların dışında, bu konuda çalışan araştırmacılar AFLP metodu ve mikrosatelit çıktılarının çakıştığını belirtmişlerdir.

Aradhya ve arkadaşları tarafından 2003 yılında 222 *Vitis vinifera* ile *V. vinifera* ssp. *Sylvestris*'e ait 22 yabani asma genotipi genetik çeşitlilik ve farklılaşma açısından analiz edilmiştir. Genotipler arasında geniş polimorfizm bulunanlarda 8 mikrosatelit lokusunda araştırma yaparak toplam 94 allel bulunmuştur. Farklı gruplar için gözlemlenen heterozigotluklar 0,625 ile 0,9 arasında değişmekte olup toplam ortalama 0,771'dir.

Crespan et al. (2003), tarafından yaptıkları çalışmalarda yerli İtalyan asma genotipleri tanımlanmış ve ayrı özellik gösteren coğrafik alan ve bölgelerde yetiştirilmiş olan çeşitlerin sinonimlerini saptamışlardır.

ABD ve İran'dan 62 asma genotipi floresan işaretli ve kapiler elektroforez fragment analiz sistemi kullanılarak 9 yüksek polimorfik mikrosatellit lokusu ile analiz

edilmiştir. Lokuslara ait gözlenen allel sayısı 4-16 bulunmuş ve 0.47–0.86 arası heterozigotluk oranı arasında gözlenmiştir. Çalışma neticesinde yapılan dendogramda sofralık, şaraplık ve anaçlar olmak üzere 3 ana grup tespit edilmiştir (Fatahi ve ark., 2003).

Ibáñez ve arkadaşları (2003), tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada İspanya’da yetiştirilen 111 adet üzüm çeşidi 13 SSR (VVMD5; MD7; MD27; MD28, VVS2; S5; S29, VrZAG29; ZAG62; ZAG67; ZAG83; ZAG79; ZAG112) lokusu yardımıyla taranmış daha önceleri gerçekleştirilen morfolojik ve izoenzimatik araştırmalarla karşılaştırılmıştır.

Martin ve arkadaşları (2003), İspanya’daki 176 genotip 6 mikrosatelit markörlerini kullanarak (VVS2, VVMD5, VVMD7, ZAG47, ZAG62, ZAG79) yaptıkları çalışmalarda gerçekleştirmiş olup 163 adet birbirinden farklılık gösteren genotiplerin ayrı çeşitler olduğunu belirlemişlerdir (2003).

Vouillamoz ve arkadaşlarının 2003 yılında gerçekleştirmiş oldukları bir çalışmada Gürcistan, Ermenistan ve Türkiye’den toplamış oldukları kültüre alınmış olan ve yabancı asmalarını bulduran 268 genotip üzerinde VVMD5; MD7; MD27; VrZAG62; ZAG79 ve VVS2 lokuslarıyla tarama işlemlerini gerçekleştirmişlerdir. Benzer populasyonun içinde bulunan yabancı asma çeşitlerinde (*Vitis vinifera* ssp. *Silvestris*), Gürcistan’da 3 Türkiye’de 1 ve Ermenistan’da 9 farklı sinonim belirlemişlerdir (Vouillamoz ve ark., 2003).

Lefort ve arkadaşları (2003), yapmış oldukları bir çalışmada 103 V. *Vinifera* ve 6 *Vitis* cinsinde olmak üzere 12 adet SSR lokusunu kullanmış olup; özellikle *ssrVvUHC12* ve *ssrVvUHC29* lokuslarının allel verme sayıları yönünden büyük ölçüde polimorfik olduklarını belirtmişlerdir.

Fransa ve İtalya’da yetiştiriciliği yapılan 30 farklı üzüm çeşitlerinde, morfolojik özellikleri, ampelografik tanımlamaları, agronomik gözlemleri, şaraplık özelliklerine ve yapılarına dayalı çok eskiden yapmış oldukları çalışmada sinonimliği ortaya

konulan 22 çeşidin, RAPD ve mikrosatelit markörlerle analiz işlemleri yapılarak İtalyan çeşitleri ile Alpler'in batısında bulunan Fransız çeşitlerinin sinonim olduklarını belirlemiştir' (Schneider ve ark., 2003).

This ve Dettweiler (2002), tarafından yapılmış olan diğer araştırma sonucunda, Avrupa Asma Bilgi Bankası oluşturmak amacıyla 6 adet mikrosatelit lokus VVS2, VVMD5; MD7; MD27, VrZAG62; ZAG79 seçilmiştir. Yapılan çalışmanın sonunda 13 ile 23 arasındaki allel sayılarını saptanmış olup 6 lokusta her biri için 10-16 referans çeşit oluşturulmuştur.

This ve ark. (2004), tarafından yapılan bir çalışmada farklı laboratuvar çalışmaları sonucunda saptanan mikrosatelit profillerinin karşılaştırılması işlemini gerçekleştirmek üzere, 7 farklı ülkeden 10 araştırmacı 46 çeşidi 6 lokusta (VVMD5; MD7; MD27, VVS2, VrZAG62; ZAG79) incelemiştir. Daha geniş alanlar içerisinde ve ayrıca bu çalışmalarda kullanılmış olan 6 markörün, gelecekte düşünülme üzere asmada çeşit taraması için en düşük standart markör gurubu şeklinde kabulü önerilmiş ve başka açıdan birbirinden farklılık gösteren çeşitlerin, burada belirtilen kodlu referans allellerle tanımlanabileceğini belirtmişlerdir.

Núñez ve ark. (2004)'ün, yapmış oldukları farklı bir çalışmada, İspanya'nın "El Bierzo" bölgesinde yetiştirilen üzüm çeşitleri ile asma çeşitleri için genetik veri ağının kurulması amaçlanmış ve "El Bierzo" havzasından şimdiye kadar saptanamayan 210 farklı genotipi toplayarak, 5 mikrosatelit markörler ile analiz işlemlerini gerçekleştirmişlerdir.

Arroyo Garcia ve arkadaşlarının 2004 yılında yaptıkları bir çalışmada, İspanya'dan ve Türkiye'den alınmış olan yabancı asma populasyonlarındaki değişik kloroplast haplotiplerini belirlemek amacıyla kloroplasta özgü 23 mikrosatelit yardımıyla genetik karakterizasyon işlemini yapmışlardır.

Cezayir, asma (*Vitis vinifera* L) ve birçok Akdeniz türlerinin bilinmeyen genetik çeşitliliğinin önemli bir kaynağıdır. Genellikle, genetik açıdan özdeş olan bitki

materyaline farklı yerel isimler verilmiştir. 12 adet SSR markörü (VVS2; S5, VVMD5; MD7; MD24; MD27; MD31; MD36, VrZAG21; ZAG62; ZAG67; ZAG79) yardımıyla farklı Akdeniz çevresinde yetiştirilen yerel çeşitler (*Vitis vinefera* L.) arasındaki genetik benzerliği ortaya koymuşlardır. Gerçekleştirilen araştırmada üzerinde çalışan 60 çeşit içerisinde 34 değişik genotip olduğunu göstermişlerdir (Akkak ve ark., 2005).

İtalyanın Güneyinde- Campania alanından elde edilen 69 bölgesel bağ çeşitlerine karşılık gelen toplamda 114 genotibin VVS2, VVMD5; MD7; MD25; MD27; MD31, VrZAG62; ZAG79 mikrosatelit markörlerinin yardımıyla tarama işlemleri gerçekleştirilmiştir. Campania üzüm çeşidinin farklı coğrafi yapıya sahip bölgelere taşınmış olma olasılığı ortaya konmuştur (Costantini ve ark.,2005).

Anadolu' nun çeşitli yerlerinden ve Kafkasya'nın geçit bölgelerinden alınmış olan üzüm çeşitlerin mikrosatelit tanımlamaları ve bu zenginliğe sahip ampelografik hazinesinin gen bankasının oluşturulmasında ilk adımı olarak yapılan araştırma, VVMD5; MD7; MD24; MD28; MD31; MD32, VrZAG62; ZAG79, VVS2, VMC2C3; C2H4; C5A1 mikrosatelit markörleri ile gerçekleştirilmiştir (Vouillamoz ve ark., 2006). Ülkemizin yerli çeşitlerinden olan Vilki, Sungurlu, Morek, Luvanek ve Dımışkı çeşitlerinde 3 allelli kaynak saptanmıştır.

Arroyo-Garcia ve arkadaşlarının 2006 yılında yapmış oldukları bir diğer çalışmada 513 *V. vinifera* ssp. *Sativa* ve 688 *V. vinifera* ssp. *Sylvestris* olmak üzere toplam 1201 asma genotipi kullanılırken, alınan örnekler ise toplamda 130 farklı lokasyondan elde edilmiştir. Türkiyede 25 yerli çeşit ve Antalya, Anamur, Fethiye ve Gökçeada civarlarından *V. vinifera* ssp. *Sylvestris*'e ait 132 yabancı çeşit üzerinde 9 primerle gerçekleştirilmiş olan genetik karakterizasyonların yanında, yapılmış olan çalışmanın değişik aşamalarında daha ileri seviyede istatistikler ile çalışılmıştır. Yabancı ve kültür çeşitlerinde kSSR (kloroplast SSR) ile yapılmış olan araştırmada üzümün iki anavatanından birinin Ön Asya, diğerinin de İspanya (şaraplık çeşitler) oldukları ortaya çıkarılmıştır.

Goto-Yamamoto ve arkadaşları 2006 yılında yaptıkları araştırmalarında Çin ve Japon çeşitlerinden 8 adet doğu ve 7 adet batı çeşidinin aralarındaki moleküler bağlantının tespit edilmesi için 9 adet mikrosatellit (VMC2a1; C2b1; C2g2; C2a3; C2b3; C2c3; C2h4; C2a5; C2g6) markör üretmişlerdir. Ek olarak VVS1; S2; S3; S4, VVMD5; MD6; MD7; MD8 mikrosatellit markörlerinden faydalanmışlardır. Hesaplanan fenotipik uzaklıklar (1 - paylaşılan allellerin oranı) üzüm sınıflandırması ile iyi eşleşmiştir.

Karaağaç ve ark. (2006), birbirinden farklı 48 üzüm çeşidinde 17 mikrosatellit markörden yararlanmış olup genetik tanımlamaları yapılarak birbirleriyle arasındaki genetik açıdan benzerlik durumu üzerinde çalışmalar yapmışlardır, Dusuzu ile Dımışkı çeşitlerinin sinonim çeşitler olduğu belirlenmiştir. Lokuslarda allel sayıları 13 ile 4 arasında değişme göstermektedir. Gözlenen ve tahmin edilen heterozigotluk oranlarına bakıldığında sıra ile 0.720 ve 0.689 olduğu tespit edilmiştir. Dendogramda iki belirgin grup oluşmuş olup dendogram için UPGMA metodu uygulanmıştır.

Peru ve Arjantin’de bulunan 25 *Vitis vinefera* L. çeşitlerinin akrabalıklarının araştırılması 6 lokus (VVMD5; MD7; MD31; MD32, VrZAG62; ZAG79) üzerinde gerçekleştirmişlerdir (Martínez ve ark., 2006).

Yabani üzümlerin hala doğada yetiştiği Kafkasya ve Anadolu, binlerce yıldır şarap ve sofralık üzüm yetiştiriciliğini yapmakta ve bağcılığın beşiği olarak kabul edilmektedir. Gürcistan, Ermenistan ve Türkiye asma genetik koleksiyonlarındaki 116 çeşitte VVMD5; MD7; MD24; MD28; MD31; MD32, VrZAG62; ZAG79, VVS2, VMC2C3; C2H4; C5A1 lokusları kullanılarak yapılan çalışma sonucu 17 genotibin aynı olduğu gözlenmiştir. Gürcistan’ın eski bir gen merkezi olabileceği olasılığı ortaya konmuştur. 138 tane allel kullanılan diğer bir araştırmada, ülkemizden Burdur Dimriti, Dökülgen, Ekşi Kafa, Gemre Siyah ve Şıralık çeşitlerinin homonim olduğu belirlenmiştir. Bu çalışma, bu zengin ampelografik mirasın germplazm yönetimine yönelik ilk adımını temsil etmesi bakımından oldukça değerlidir (Vouillamoz ve ark., 2006).

Upadhyay ve ark. (2007), 21 tane Hindistana ait üzüm çeşidi ile 7 SSR, 7 AFLP primeri ile taramışlar ve toplam 56 adet SSR alleli ile 252 adet AFLP bandının varlığını bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda genetik ilişki AFLP için 0.068-0.36 ve SSR içinse 0.13-0.36 değerleri aralığında görülmüştür.

Karataş ve arkadaşlarının 2007 yılında yapmış oldukları bir çalışmada 6 polimorfik mikrosatellit lokusu (VVS2, VVMD5; MD7; MD27, VrZAG62; ZAG79) kullanarak değişik alan ve bölgelerden almış oldukları homonim çeşitler arasındaki ilişkiler tespit etmeye çalışmışlardır. Çalışmanın neticesinde, birden çok homonim çeşidin aralarında yüksek bir oranda genetik çeşitliliği belirlemişlerdir. Dendogramda, Sergi karası ile Serpenekıran (Şanlıurfa ve Gaziantep), çeşitler ile Yediveren (Milli Koleksiyon Bağ-Gaziantep, Şanlıurfa, Tekirdağ) çeşitleri birbirlerine oldukça yakın bir dağılımı gösterme eğilimi içerisine girmişlerdir.

Türkiye'nin, üzüm çeşitliliğinin hakim olduğu bölgelere yakın coğrafi konumu nedeniyle günümüz modern üzümlerinin evriminde önemli bir rol oynadığına inanılmaktadır. Buna rağmen, Türkiye'de bulunan zengin üzüm germplazı, genetik olarak yeterince analiz edilmemiştir. Şelli ve ark (2007) Anadolu'da yetiştiriciliği yapılan genotiplerden Dimrit ve Gemre'nin 8 SSR (VVS2, VVMD5; MD7; MD24; MD27; MD28, VrZAG62; ZAG79) lokusu yardımıyla genetik taramalarını yapmışlardır. Bu analizler, genel olarak, SSR verilerine dayanarak oluşturulan dendrogram ayrı olarak kümelenmiş, bu iki üzüm grupları arasında yeterli genetik çeşitlilik tespit edilmiştir.

Dilli ve arkadaşlarının 2008 yılında yaptığı çalışmada, Manisa Bağcılık Araştırma Enstitüsü bünyesinde oluşturulmuş olan klon seleksiyonu sayesinde tespit edilmiş 5 tip çekirdeksiz Sultani üzüm çeşidinde, Osmanca, İpek, Pembe Gemre üzüm çeşitlerine dahil olan 9 klon ile Ege Bölgesinde yetiştiriciliği yapılan ve bu bölge için oldukça değerli 15 yerel çeşitle birlikte 2 çeşidinde referans olarak kullanılmasyla toplam 31 V. vinifera L. üzüm çeşidinin SSR yöntemiyle genetik taramaları 16 adet mikrosatelit markörün kullanılması sonucu yapılmıştır. Bu çalışmanın neticesinde

araştırmacı tarafından klonal düzeyde polimorfiklik özelliğini tespit etmiş olduklarını belirtmişlerdir.

Ülke bağ alanlarının %33'üne sahip ve ulusal üzüm üretiminin yarısına yakınının yapıldığı Ege Bölgesi Türkiye Bağcılığında önemli bir yere sahiptir. Büyük üretim alan ve üretim potansiyelinin yanında bölge üzüm genetik zenginliğine sahiptir. Fakat çeşit içi varyasyonlardan ve isimlendirme farklılığından kaynaklanan çeşit karmaşasının görüldüğü ve mevcut yetiştiricilikte yer bulamayan bir kısım çeşitlerin yok olma riski gözlenmiştir. Yüksel (2008), araştırmasında Kütahya Muğla, İzmir ve Manisa illerinden 55 çeşit üzüm 15 adet mikrosatellit lokusu yardımıyla incelemeye tabi tutmuş genotipler arasında benzerlik ve sinonim görülmemiştir. Beş adet homonim Beyaz Şam, Bulanma, Ekşi Üzüm, Sıksarı ve Tek çekirdekli genotipleri olarak bulunmuştur. Tanımlama olasılık yüzdesi en yüksek VVMD7 lokusu seçilmiş ve , %90 altında genotipler arası düşük benzerlik oranı tespit edilmiştir.

Ankara ve Çankırı illeri üzüm yetiştiriciliği söz konusu olduğunda iklim açısından daha çok şaraplık üzüm üretimine uygun olsa da, modern sulama teknikleriyle birlikte sofralık tüketime uygun üzüm üretimine olan alanın da hızla yoğunlaştığı bir üretim bölgesidir. Yıldırım (2008), tez çalışmasında bu iki ilden 51 adet çeşidi 15 tane mikrosatellit lokusu (VVMD5; MD7; MD24; MD27; MD28; MD31, VMC2C3; C2H4, VrZAG62; ZAG79; ZAG83, VVS2, VVIB01, VVIH54, VRG1) yardımıyla incelemiş, iki benzer genotip, dört sinonim ile beş homonimlik durumu genotipler arasında tespit edilmiştir. Bu çalışma hem SSR markörleri yardımıyla elde edilen sonuçlar hem Ankara ve Çankırı yöresi hem de İç Anadolu Bölgesi asma genetik kaynaklarının SSR markörler yardımıyla belirlenmesi açısından öncü özelliği taşımaktadır.

Shidfar (2008), yapmış olduğu tezin çalışmalarında, Eskişehir ve Kayseri illerindeki yetiştiriciliği yapılmakta olan 39 çeşit ile 2 referans çeşitle beraber toplam olarak 41 üzüm çeşitlerinin genetik analizlerini 15 SSR lokusu (VVMD5; MD7; MD24; MD27; MD28; MD31, VMC2C3; C2H4, VrZAG62; ZAG79; ZAG83, VVS2, VVIB01, VVIH54, VRG1) kullanılmış olarak yapılmıştır. Kullanılmış olan 14 primer

üzerinde çeşit ayrımında yeteri kadar fark bulunamamış iken VRG1 lokusunda fazla sayıdaki null allel şüphesi olduğu münasebetiyle dendogram 14 adet lokusun yardımıyla belirlenmiş; dört adet sinonim ile bir adet homonim çeşit belirtilmiştir.

61 eski Tunus üzüm çeşitinin ebeveyn araştırması ve genetik bağlantılarını 2009 yılında Zoghلامي ve arkadaşları 10 SSR lokusu ile yaptıkları çalışmalarda incelenmişlerdir (Zoghلامي ve ark., 2009).

Şirintaş (2010), Tekirdağ Milli Koleksiyon Bağı'na Antalya ve Mersin illerinden alınan 50 üzüm çeşidi ve 3 çeşidin referans olarak kullanılması ile toplam 53 *Vitis vinifera L.* çeşidi üzümün 20 mikrosatelit markör (VVS1; S2, VVMD5; MD7; MD21; MD24; MD27; MD28; MD31, ZAG21; 47; 62; 64; 79; 83, VMC2c3; C2h4, VVIb01, VVIH54, ZA112) yardımıyla moleküler bağları incelenmiştir. İncelenen 20 lokus üzerinde alleller miktarı 166 olduğu tespit edilmiştir. Üç sinonim ve 1 homonim grup genotipler arasında gözlenmiştir.

Çalışmada; 6 çeşit Gemre üzümü [Dumanlı Gemre (1), D. Gemre (2), Gökçe G., Halis G., Siyah G., Sultani G.] ve Manisa Bağcılık Araştırma Enstitüsü'nde seçilmiş Pembe G. klonları ile iki çeşidin referans olarak kullanılması ile toplamda 11 *Vitisvinifera L.* çeşidi üzümün 15 tane mikrosatelit markör (VVS1; S2; S3; S4, VVMD5; MD6; MD7; MD17; MD24; MD27; MD28; MD31, VrZAG29; ZAG62; ZAG67; ZAG79) yardımıyla moleküler taramaları yapılmıştır. Çalışma neticesinde Gemre aksesyonlarının moleküler açıdan farkı ortaya konmuştur. Çalışmaya konu olan çeşitlerin benzer isme sahip fakat değişik genetik karaktere sahip (homonim) olduğu gözlenmiştir. (Dilli ve ark., 2011).

Ülkemiz Ege bölgesinde yetiştiriciliği yapılan 36 yerli çeşit asma ve standart çeşitlerden olan C. Sauvignon ile Merlot arasındaki genetik bağlantı SSR markörleri yardımıyla incelenmiştir. 11 adet SSR primerinin kullanımı olumlu amplifikasyonlar göstermiş ve 37 polimorfik bandın oluşumu gözlenmiştir. Yöresel çeşit asmalar ile referans olarak kullanılan çeşitlerin aralarındaki moleküler fark net olarak görülmüştür. Siyah Razakı ve Parmak çeşitleri 0,96 ile en yüksek benzerliği

göstermiştir. İnek Memesi ve Ufak Dimrit çeşitlerinde sinonim özelliği belirlenmiştir. Ek olarak çeşitlerde homonim mevcudiyeti tespit edilmiştir. Bulgular, SSR markörlerinin asmalarda parmak izi ile genetik farklılık arařtırmalarında etkili yöntem olarak kullanılabileceğini kanıtlamaktadır (İřçi ve Dilli, 2014).

Yakın tarihli yapılan çalışmalardan Karataş ve Arkadařları 2014 yılındaki çalışmasında Turk üzümünün genetik çeşitliliğini arařtırmak amacı ile 22 nükleer ve 3 kloroplast mikrosatalite kullanılmış ve 21 adet yabancı *Vitis vinifera* L. ssp. *sylvestris* (Gmelin) ve 13 adet kültür asması (*Vitis vinifera* ssp. *sativa* tipleri) değerlendirmeye alınmıştır. Arařtırma sonucunda Güneydoęu Anadolu Türk Üzümleri 4 ana dala ayrılmıştır. Çalışma Elazığ üzümünün(örneğın Öküzgözü) büyük çoęunluęunu 1. Grupta toplarken Diyarbakır üzümünün (örneğın Boęazkere) çoęunu ise 2. Grupta toplamıştır. Çalışmada yer alan yabancı çeşitlerin büyük çoęunluęu 3. Ve 4. Grupta yer almıştır. Referans çeşit olarak kullanılan Cabernet Sauvignon ve Merlot çeşitleri 4. Grupta yer almıştır. Sonuçlar yabancı çeşitlerin Turk genetik içinde net olarak ayrımını da göstermiştir (Karatas ve ark., 2014).

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

Bu çalışma, 2015-2017 üretim döneminde Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Ahmet Münir Bilgen Üretim işletmesinde bulunan ‘Güneydoğu Anadolu Bölgesi Asma Gen Kaynakları’ uygulama parselinden 2012 yılında dikilmiş olan genotiplerden materyaller elde edilmiş olup moleküler çalışma ise Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsündeki Merkez Laboratuvarı’nda yürütülmüştür. (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. Antepfıstığı Araştırma Ens. Ar-Ge Bağı’ndan görünüm

Güneydoğu Anadolu Bölgesinde, Mardin, Siirt ve Şırnak illerinden Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü’ne ait Güneydoğu Anadolu Bölgesi Asma Gen Kaynakları Bağı’na alınan 44 çeşit ve tip ile 2 referans çeşit ile birlikte 46 asma çeşidinin (*Vitis vinifera* L.) materyal olarak kullanılmıştır. Mardin iline ait olan; Deyvani, Drejik, Rojik, Zorafa, Tatlı siyah, Ekşi siyah, Beyaz musabbak, Musabbak, Beyaz karfoki, Zeynebi, Şıtvı, Azezi, Lehdo, Atf, Verdani, Havinik, Boker, Kunduri, Skori, Pelurik,

Kinefi, çeşit ve tipleri; Siirt ilinden Tayfi, Hamrani, Bennitati, Triyeşifi, Gevruk, Gemre, Ermenia, Hasani, Reş paizi, Ağ üzümü, Ağ parmağı, Kara çeşit ve tipleri; Şırnak ilinden ise Kome, Şırnak siyahı, Zeyti, Bleke, Katırnefs, Bakari, Bezdo, Bülbülzaki, Derfuke, Musaki, Beşirhane, Kokarpaizi çeşit ve tipleri ile Genetik karakterizasyon amacıyla 6 adet SSR primer çiftlerinden (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, ZAG62, ZAG79) yararlanılmıştır.

3.2. Yöntem

3.2.1. DNA İzolasyonu ve Ölçümleri

DNA izolasyonunda Lefort ve ark. (1998), metodu izlenmiştir. DNA'nın kalite ve miktar analizleri için %1 yoğunlukta agaroz jel ile ND-1000 spektrofotometre'den faydalanılmıştır.

1. Sürgün uçları veya genç yapraklar sıvı azotta ezilmiştir.
2. 100'er mg'lık örnekler 2 µl'lık ependorf tüplere konulmuştur
3. Tüplere 1'er ml DNA ekstrat solüsyonundan eklenmiştir,
4. 65 C'de belirli aralıklarla karıştırılarak 15 dakika bekletilmiştir,
5. 0,5 ml kloroform/isoamilalkol (24:1) karışımı üzerine konularak, 30 dakika buzda tutulmuştur.
6. Normal şartlar altında, 14 bin devir/dk hızda 5 dk santrifüj yapılmıştır.
7. Üste çıkan sıvı, yeni ependorf tüpüne konulmuştur.
8. Alınan sıvıya 800 µl isopropanol ilave edildi.
9. Materyaller, 15 ile 20 dakika süresince buzun üstünde bekletilerek 14 bin devir/dk ile 1 dakika santrifüj yapılmıştır.
10. Üste çıkan sıvı tekrardan temiz ependorf tüpüne konulmuştur.
11. Pellet üzerine 1 ml %70'lik etanol ilave edilerek, 14.000 rpm'de 2 dk santrifüj işlemi yani karıştırma işlemi yapılmıştır.
12. DNA 0.1 ml su içerisinde çözdürüldü.
13. Herbir 0.1 ml için 1 µl RNase-A eklenerek, 37⁰C sıcaklıkta 15 dakika bekletilip, RNA ayrımı yapıldı (RNase-A 100 mg/ml).

DNA ekstrakt solüsyonu içeriğinde (50 ml solüsyonda): 2 ml TRIS (50 mM, pH 8), 4 ml EDTA (50 mM, pH 8), 10 ml LiCl (4M), 1 g CTAP (%1), 2 g PVP (%2), 0.5 ml TWEEN 20 (%0,5), Kloroform/isoamil alkol (24:1) (V:V) RNase-A 100mg/ml.

3.2.2. PCR reaksiyon hazırlığı ve PCR

PCR reaksiyonu; 15–200 ng DNA, 5 pmol forward (ileri) primer, 5 pmol florosan işaretlemiş revers (ters) primer, 0.5 mM toplam dNTP, 0.5 ünite Go Taq DNA Polymerase (Promega) (1,5 mM MgCl₂ içerir), 3 µl buffer olarak 15µl'de yapılmıştır.

PCR reaksiyonunda yararlanılan PCR takvimi ise:

1. 94 °C 3 dakika,
2. 94 °C 1 dakika,
3. 48 – 66 °C 1 dakika,
4. 72 °C 2 dakika,
5. 72 °C' 10 dakika olacak şekilde 35 döngü ihtiva etmektedir.

PCR ardından lokusların PCR ürünlerinin %2'lik agaroz jel yardımıyla kontrolü yapılarak, amplifikasyonu tamamlanmış örneklerin kapilleri elektroforez safhası tamamlanmıştır.

Çalışmada kullanılan SSR primerleri: Üzümlerde standart set kabülü görmüş VVMD5; MD7; MD27, VrZAG62; ZAG79, VVS2 (This ve ark. 2004) mikrosatelit lokusları olarak toplamda 6 adet SSR primeri uygulanmıştır. Her lokus için forward primer D4 (mavi), D3 (yeşil) ve D2 (siyah) renkli floresan işaretlenmiş olmakla beraber primerlerin baz dizileri, kullanılmış olan floresan boya ve T_m(°C) verileri Çizelge 3.1.'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.1. SSR lokuslarında primerlerin baz dizileri, işaretleme boyası ve PCR

No	Lokus Adı	Primer Dizileri (5'...3')	İşaretleme Boyası	Tm (°C)
1	VVS2-F**	cagcccgtaaatgtatccatc	D4	55
	VVS2-R	aaattcaaaattctaattcaactgg		
2	VVMD5-F**	ctagagctacgccaatcaa	D2	55
	VVMD5-R	tataccaaaaatcatattcctaaa		
3	VVMD7-F**	agagttgctggagaacaggat	D3	55
	VVMD7-R	cgaaccttcacacgcttgat		
4	VVMD27-F**	gtaccagatctgaatacatccgtaagt	D4	55
	VVMD27-R	acgggtatagagcaaacggtgt		
5	ZAG62-F**	ggtgaaatggcaccgaacacacgc	D4	55
	ZAG62-R	ccatgtctctctcagcttctcagc		
6	ZAG79-F**	agattgtggaggaggacaacaaccg	D3	66
	VRZAG79-R	tgccccatttcaaacctcctcc		

** Floresan işaretli

3.2.3. Kapilleri elektroforez ve allel görüntülerinin alınması

Bu araştırmada kullanılmış olan genotiplerin fragment araştırmaları, Beckman CEQTM 8800 Genetik Analiz Sistemi kullanılarak yapılmıştır. PCR ürünlerin işaretlenmesinde yararlanılan floresan (Proligo, wellred işaretli primerler, Fransa) boyalara göre farklı kısımlarda (1:5, 1:10 gibi) 20 µl SLS (Sample Loading Solution) ile seyreltilme işlemi yapılmıştır. Üzerlerine 0,2–0,4 µl standart–400 eklenmiştir ve sonrasında CEQTM 8000 Genetik Analiz Sistemi üzerinde elektroforez işlemi yapılmıştır. Sonrasında pikler her bir lokus için tip ve renklerine göre homozigot ve heterozigot olarak görsel işleme alınmıştır. Elde edilen sonuçların doğruluğunu tespit etmek maksadı ile reaksiyonların en azından çift tekrarı yapılmıştır.

3.2.4. Genetik analizler

Araştırmaya konu çeşitlerin, her bir lokusundaki allel miktarı (n), frekansı, beklenen heterozigotluk (He) ve gözlenen heterozigotluk (Ho), null allellerin frekansı (r), tanımlama olasılığı (PI) değerleri Wagner ve Sefc'in 1999 yılındaki tanımladığı IDENTITY 1.0 isimli programı aracılığıyla, Paetkau ve arkadaşlarının 1995 yılındaki yapılan çalışmasında gösterildiği şekliyle tamamlanmıştır. Paylaşılan allellerin oranı,

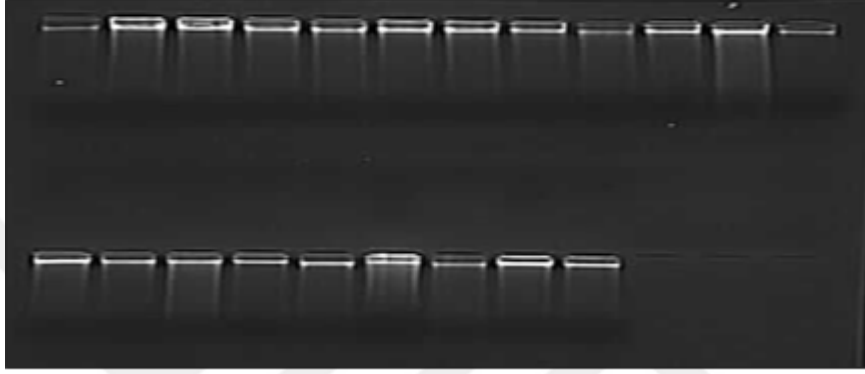
ps'nın (1-(ps)) opsiyonu yardımıyla Bowcook ve ark. (1994)'te gösterildiği şekilde genetik farklılık Microsat (version 1.5) Minch ve ark. (1995) programıyla hesaplanıp, veriler Excel üzerinde benzerlik matrisine çevrilmiştir. Dendogram ise (UPGMA) Sneath ve Sokal (1973)'e bağlı, NTSYS-pc software 2.02g versiyonunun yardımıyla kurulmuştur.



4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

4.1. DNA İzolasyonu ve Ölçümleri

Çalışmada kullanılmış olan bazı çeşit ve tiplere ait birtakım DNA'lara ait, agaroz jel'e ait görüntüler Şekil 4.1.'de verilmiştir.



Şekil 4.1. Çalışmada kullanılmış DNA'ların agaroz jel(%1) görüntüleri

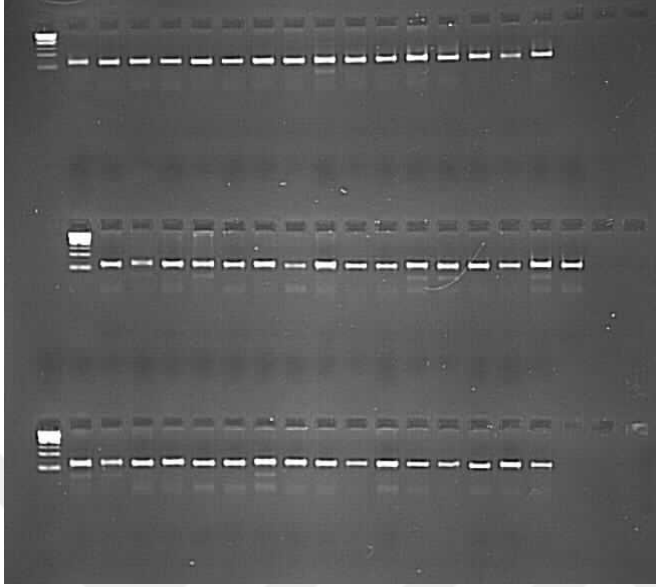
Nükleik asitlerin spektrofotometrik ölçüm değerleri (A_{260}/A_{280}) oranlarının ortalama 1.8 ile 2 arasında olması tercihen gerekmektedir. Sonuçlardaki DNA saflık oranları genellikle belirtilen değerler arasında bulunurken, jel görüntülerinde kırık olmadan bant gelişimi güvenilir DNA izolasyonunun başka bir önemli parametresi biçiminde değerlendirilmiştir (Çizelge 4.1.).

Çizelge 4.1. Çeşitlere ait DNA'ların spektrofotometrik değerleri

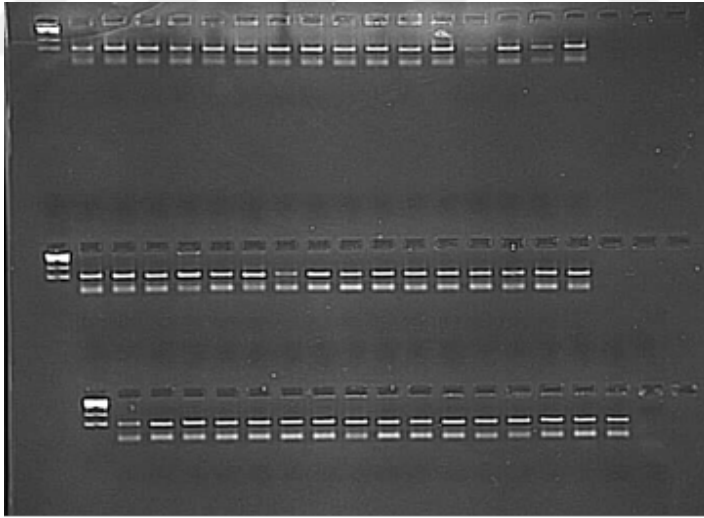
No	ng/ul	260/280	No	ng/ul	260/280
1	467,75	1,94	26	814,78	1,95
2	423,42	2,04	27	219,89	1,92
3	103,11	2,03	28	322	2,07
4	225,78	1,92	29	513,89	2,06
5	317,71	1,94	30	542,48	1,85
6	829,09	2,01	31	317,02	1,89
7	877,27	2	32	517,94	2,01
8	594,48	2,03	33	407,58	1,98
9	795,65	1,9	34	249,68	2,02
10	713,31	1,98	35	397,09	2,05
11	394,48	2,04	36	713,62	2,02
12	826,78	2,04	37	956,46	2,04
13	560,58	2,04	38	265,66	1,97
14	719,7	1,94	39	528,95	2,02
15	454,43	1,96	40	774,77	2,07
16	836,18	1,96	41	463,71	2,02
17	524,99	2,06	42	198,4	2
18	214,22	1,96	43	389,48	2,02
19	155,63	1,96	44	435,81	2,06
20	656,78	1,95	45	109,46	1,91
21	289,82	1,96	46	451,15	1,97
22	345,42	1,95			
23	498,56	1,78			
24	632,34	2,06			
25	351,37	2,02			

4.2. SSR Lokuslarının PCR Reaksiyonu ve Allel Görüntülerinin Alınması

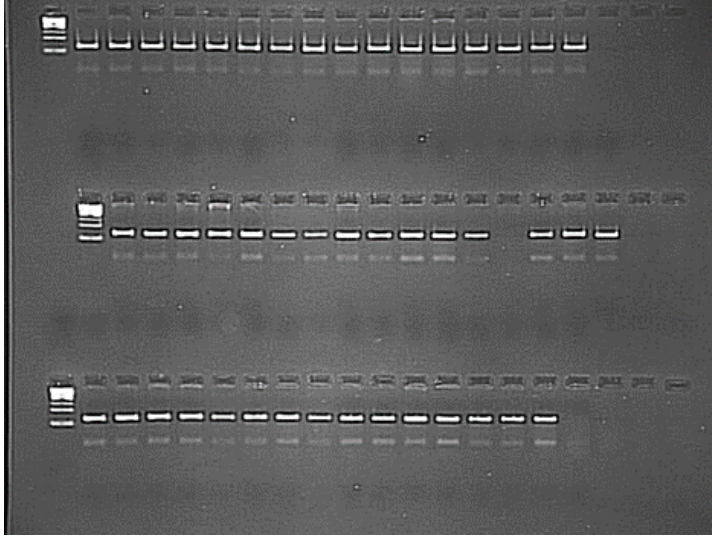
Birtakım SSR lokuslarının PCR sonrasıdaki jel görüntüsü Şekil 4.2. ile 4.3.'de gösterilmiştir.



Şekil 4.2. VVMD5 lokusunda bulunan allelerin PCR sonrası jel görüntüsü

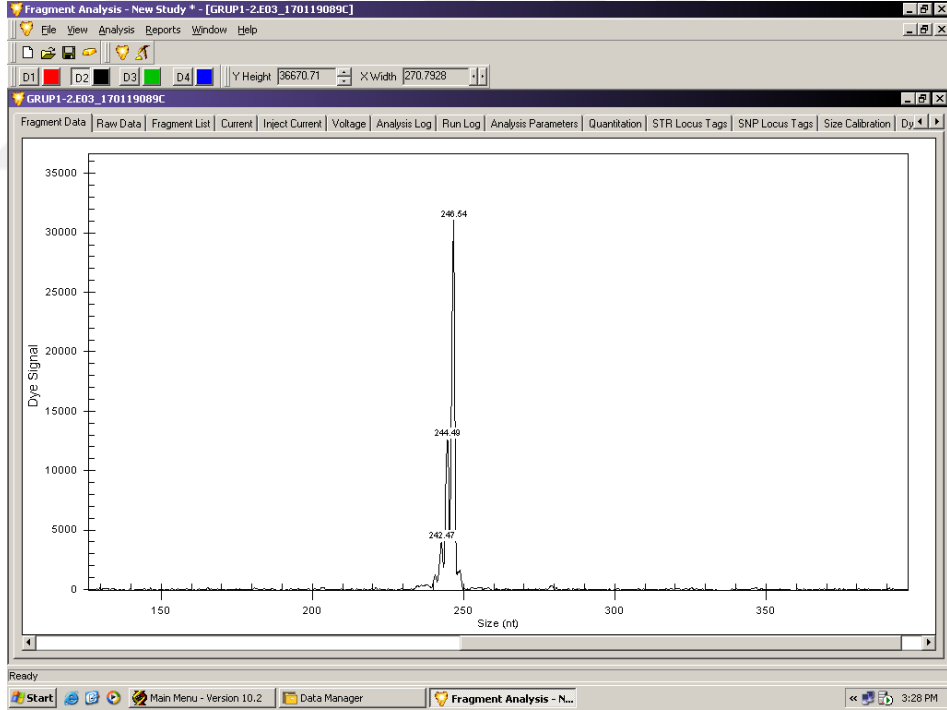


Şekil 4.3. VVMD27 lokusunda bulunan allelerin PCR sonrası jel görüntüsü

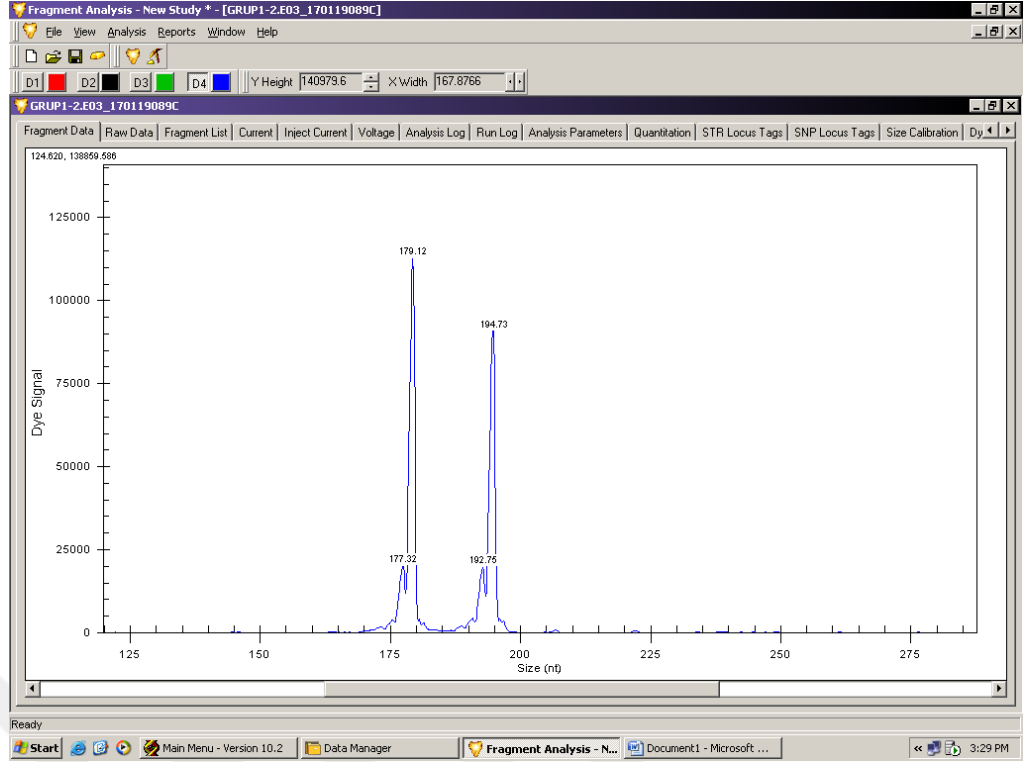


Şekil 4.4. ZAG79 lokusunda bulunan allelerin PCR sonrası jel görüntüsü

Kapiller elektroforez sonucu elde edilen homozigot ve heterozigot pik profilleri, sırayla Şekil 4.5.ile Şekil 4.6 yardımıyla gösterilmiştir.



Şekil 4.5. Kapiller elektroforez aletinden alınan homozigot pik profili



Şekil 4.6. Kapiller elektroforez aletinden alınan heterozigot pik profili

4.3. Genetik Analizler

Çalışmada 6 SSR lokusunun allel büyüklüğü çift baz şeklinde Çizelge 4.2’de verilmiştir. Analizi gerçekleştirilmiş olan mikrosatelit markörler arasındaki çeşit araştırması için This ve ark. (2004) tarafınca standart minimum mikrosatelit markör grubu olarak kabul görmüş markörler olan VVMD5; MD7; MD27, VVS2, VrZAG62; ZAG79’da yer almaktadır. Bununla birlikte Cabernet Sauvignon ve Merlot çeşitlerinden de referans çeşitler olarak yararlanılmıştır.

Çizelge 4.2. Asma çeşitlerine ait olan 6 lokustaki allel büyüklükleri (bp), CS: Cabernet Sauvignon, M: Merlot

N o	Cultivars	VVS 2	VVS 2	ZAG 62	ZAG 62	VVM D5	VVM D5	VVM D7	VVM D7	VVMD 27	VVMD 27	ZAG 79	ZAG 79
1	Tayfi	143	155	188	194	239	245	238	250	187	195	246	256
2	Kome	135	149	188	192	227	233	238	246	183	195	238	254
3	Deyvani	133	149	188	188	227	235	238	246	183	187	248	248
4	Drejik	133	133	200	200	235	235	246	246	179	195	246	246
5	Rojik	125	125	200	200	227	235	238	250	179	195	248	256
6	Zorafa	133	133	188	192	233	233	242	246	185	185	248	248
7	Tatli Siyah	145	153	188	196	227	237	238	248	179	195	248	256
8	Ekşi Siyah	143	155	188	188	227	235	238	246	181	195	238	254
9	Şırnak Siyahı	125	143	192	194	225	245	248	248	183	195	242	258
10	Zeyti	135	155	188	196	225	225	238	238	187	195	250	256
11	Hamrani	133	133	188	192	233	233	242	246	185	185	246	246
12	Bennitati	143	143	196	196	233	239	234	240	181	185	244	244
13	Bleke	125	149	188	200	227	235	248	248	179	185	248	256
14	Beyaz Musabbak	133	143	192	196	233	239	232	238	179	183	248	248
15	Musabbak	143	143	192	192	225	233	248	248	185	195	246	254
16	Beyaz Korfaki	143	151	188	196	235	235	238	246	185	195	242	248
17	Triyeşfi	135	155	188	196	225	225	238	238	185	195	248	254
18	Gevruk	133	149	188	188	227	235	238	246	181	187	248	248
19	Gemre	149	149	188	192	231	245	246	246	179	195	246	254
20	Şitvi	135	145	196	196	225	235	232	238	185	195	246	254
21	Katırnefs	135	153	188	194	225	225	238	238	185	195	248	254
22	Lehdo	143	143	196	196	233	239	232	238	179	183	244	244
23	Atf	133	149	188	188	227	235	238	246	181	187	248	248
24	Verdani	135	145	196	196	225	235	232	238	183	195	248	256
25	Havinik	141	141	196	196	237	245	238	238	183	195	248	248
26	Boker	125	143	192	192	225	245	246	246	181	195	242	258
27	Bakari	133	149	188	188	227	235	238	246	181	185	242	254
28	Kunduri	135	149	188	192	227	233	246	246	181	195	248	254
29	Skori	149	149	188	192	231	245	246	246	179	195	246	254
30	Ermenia	133	149	188	188	227	235	238	246	183	187	246	246
31	Res Bahititi	133	143	194	194	235	245	246	246	179	179	244	244
32	Reş Paizi	135	153	188	196	225	225	238	238	185	195	248	254
33	Ağ üzümü	133	155	192	192	233	237	246	246	195	195	254	254
34	Ağ Parmağı	135	143	188	192	225	225	238	246	195	195	254	254
35	Kara	141	155	196	200	235	245	238	248	195	195	250	254
36	Bezdo	143	143	194	200	235	239	248	248	185	185	244	248
37	Bülbülzaki	133	151	196	196	225	235	238	238	179	185	244	244

Çizelge 4.2.(devam)

38	Pelurik	133	133	196	200	235	235	246	246	179	195	244	244
39	Künefi	133	133	188	192	233	233	242	246	183	183	246	246
40	Derfuke	133	149	188	200	225	235	246	246	179	195	244	244
41	Musaki	133	143	196	200	233	237	238	248	179	195	244	254
42	Tuha-Mebi	133	155	192	192	233	237	246	246	195	195	244	254
43	Beşirhane	125	149	188	204	225	245	246	246	179	195	246	254
44	Kokarpaizi	125	143	192	198	223	245	246	264	191	191	240	256
45	CS	139	151	188	194	229	237	236	236	175	189	246	246
46	M	139	151	194	194	223	233	236	244	189	191	258	258

SSR lokuslarında bulunan genetik parametrelerden; allel miktarları, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranları, tespit olasılık değerleri ve null (sessiz) allel frekansları Çizelge 4.3'te verilmiştir.

Mardin, Siirt ve Şırnak illerine ait üzüm çeşit ve tiplerin genetik parametrelerinden allel miktarı, beklenen ve gözlenen heterozigotluklar, lokusların tanımlama olasılıkları, sessiz allellerin frekansları 6 lokus itibari ile değerlendirilmiş; en yüksek allel miktarı 11 allel ile VVS2 ve VVMD27 primerlerinde, en düşük allel miktarı 7 allel ile ZAG63 lokusunda görülmüştür. Diğer lokuslardaki allel sayıları 9 ve 10 olarak belirlenmiştir. Ortalama H_e (beklenen heterozigotluk) ve H_o (gözlenen heterozigotluk) değerleri sırasıyla 0.805 ile 0.618 belirlenirken, genel olarak lokus mesafeleri H_e 'de 0.740-0.843, H_o 'da 0.500-0.750 olarak belirlenmiştir. PI (tanımlama olasılığı) değerleri Sefc ve ark. (2001)'in bildirdiği 0.05 eşliğinin üstünde bulunmuş iken, sessiz allel verileri ise genellikle sifra yakın şekilde belirlenmiştir.

Çizelge 4.3. SSR lokuslarına ait allel sayıları, beklenen (H_e) ve gözlenen (H_o) heterozigotluk oranları, tespit olasılık değerleri ve null (sessiz) allel frekansları

Lokuslar	Allel Sayıları (n)	Beklenen Heterozigotluk (H_e)	Gözlenen Heterozigotluk (H_o)	Tespit olasılığı (PI)	Sessiz(null) allel frekansı
VVS2	11	0.842	0.673	0.075	0.092
ZAG62	7	0.781	0.519	0.150	0.147
VVMD5	10	0.843	0.730	0.061	0.080
VVMD7	11	0.740	0.500	0.138	0.187
VVMD27	9	0.786	0.750	0.122	0.020
ZAG79	10	0.838	0.538	0.087	0.162
Ortalama	9.66	0.805	0.618	0.105	0.114

Herbir lokusda allel sayılarına ait olan oranları gösteren frekans değerleri Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4.4. Allel frekansları

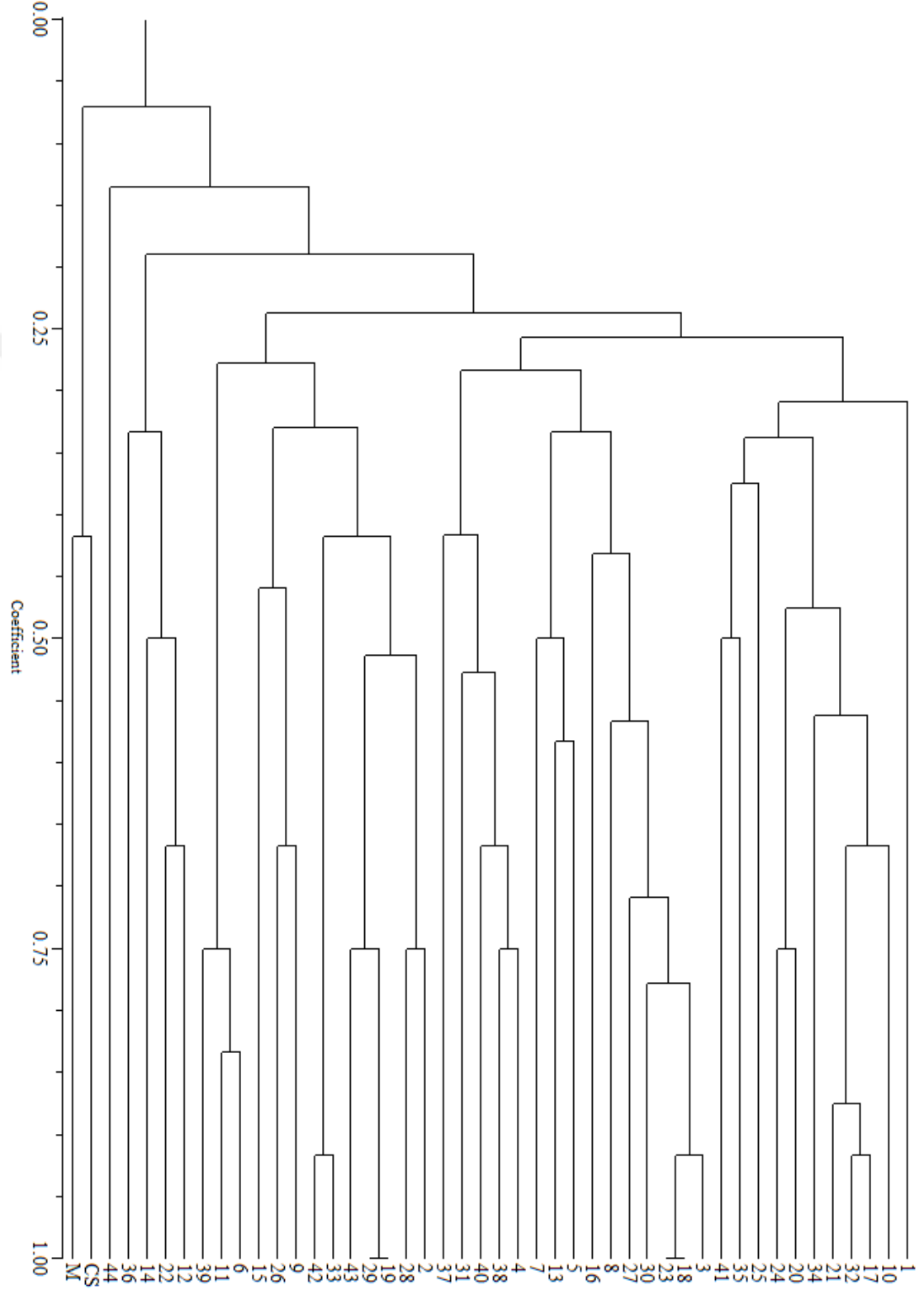
VVS2		ZAG2		VVMD5		VVMD7		VVMD27		ZAG79	
Allel Size	Allel Frekansı	Allel Size	Allel Frekansı	Allel Size	Allel Frekansı	Allel Size	Allel Frekansı	Allel Size	Allel Frekansı	Allel Size	Allel Frekansı
125	0.07692	188	0.29808	223	0.01923	232	0.04808	175	0.00962	238	0.01923
133	0.27885	192	0.19231	225	0.21154	234	0.00962	179	0.18269	240	0.00962
135	0.08654	194	0.08654	227	0.10577	236	0.02885	181	0.07692	242	0.07692
139	0.01923	196	0.24038	229	0.00962	238	0.30769	183	0.09615	244	0.16346
141	0.02885	198	0.00962	231	0.02885	240	0.00962	185	0.16346	246	0.19231
143	0.17308	200	0.16346	233	0.17308	242	0.02885	187	0.05769	248	0.21154
145	0.03846	204	0.00962	235	0.22115	244	0.00962	189	0.01923	250	0.01923
149	0.16346			237	0.05769	246	0.36538	191	0.02885	254	0.20192
151	0.03846			239	0.05769	248	0.16346	195	0.36538	256	0.06731
153	0.02885			245	0.11538	250	0.01923			258	0.03846
155	0.06731					264	0.00962				

Markörler ele alındığında alleller açısından allel frekansı en yüksek olan; VVS2 markörü için 143 alleli, ZAG2 markörü için 188 alleli, VVMD5 markörü için 235 alleli, VVMD7 markörü için 246 alleli, VVMD27 markörü için 195 alleli ve ZAG79 markörü için 248 allelidir. Çalışma kapsamında, genotipler içinde bulunmuş olan; aynı genotip (adlar ile SSR lokuslarındaki allel büyüklükleri benzer) sinonim (diğer bir adla isimlendirilen ama genetik benzer) ile homonim (genetik farklı ama aynı isme sahip) durumlarını incelenmiştir. Aynı genotip ve homonim durumları bulunmazken, sinonim genotipler ise Gevruk(18)- Atf(23) ve Gemre(19)- Skori(29) olup 2 adettir. SSR allelerinde yakınlık oranına bağlı benzerlik indeksi ile ilişki dendogramları Çizelge 4.5 ve Şekil 4.5’ de verilmiştir.

4.4. Benzerlik oranı İndeksi

Genetik benzerlik indeksi Ek 1. de verilmiştir.

4.5. Genetik İlişki Dendogramı



Şekil 4.7. Çeşitlerin genetik ilişki dendogramı

Genotiplerde en fazla benzerlik oranı; % 91,7 ile Triyeşfi (17)- Reş Paizi (32), Deyvani (3)-Gevruk (18)- Atf (23), Ağ Üzüümü (33)- Tuha-Mebi (42), genotipler arasında görülmüştür. Ayrıca bunları % 83,3 oranı ile Triyeşfi (17)- Katırnefs (21), Zorafa (6)- Hamrani(11) ve % 75 oranı ile Drejik (4) - Pelurik (38) genotipleri takip etmiştir.

Genetik ilişki dendogramı (Şekil 4.5.) ise iki farklı dallanma gösterilmiştir, çeşitlerden referans olarak kullanılanlar çalışma kapsamında yer alan genotiplerden bağımsız bir dallanma göstermiştir. Genotipler kendi içerisinde 2 ayrı dallanma göstermiş, Kokarpaizi (44) genotipi ayrı bir dallanma oluşturmuştur. Diğer dallanma da kendi içerisinde 2 farklı dallanma göstermiştir. İllerin genelinde çeşitlerin dendogram dağılım değerlendirmesi sonucu, heterojen bir dağılım gözlenmiştir.

5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

5.1. SSR Analizleri

44 çeşit ve tip' e ek olarak 2 referans çeşit ile birlikte olmak kaydıyla toplam 46 *Vitis vinifera* L. üzüm çeşidinin 6 mikrosatelit markör (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, ZAG62, ZAG79) ile yapılan analizleri sonucu belirlenen allel sayısı toplam 58'dir. En düşük allel miktarı 7 allel ile ZAG62 lokusunda ve en yüksek allel miktarı 11 allel ile VVS2 ve VVMD7 lokuslarında belirlenmiş olup, ortalama allel sayısı ise 9,66 olarak tespit edilmiştir. En yüksek allel sayısı veren VVS2 lokusu, farklı araştırmacılar tarafından yapılan sonuçlar ile benzerlik göstermektedir (Lin ve Walker, 1998; Lópes ve ark., 1999; Fatahi ve ark., 2003; Ibanez ve ark., 2003; Vouillamoz ve ark., 2006; Şelli ve ark., 2007).

Çalışma kapsamında, ortalama olarak He (beklenen heterozigotluk) ile Ho (gözlenen heterozigotluk) verileri incelendiğinde sırasıyla 0.805 ve 0.618 olarak belirlenmiştir. Beklenen heterozigotluk (He) tüm lokuslarda gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek çıkmıştır. Bu lokuslarda, null allellerin frekansı (r) değerlerinin düşük ve pozitif olması null allel varlığı olasılığını düşürmektedir. Ayrıca tüm lokuslarda tespit olasılığı (PI) değerlerinin 0.05 eşliğinden (Sefc ve ark. 2001) yüksek bulunması null allel ihtimalini aradan çıkarmıştır. Tespit olasılığı (PI) değerlerine bakıldığında ise en düşük PI değeri ile VVMD5 (0.061) ve VVS2 (0.075) markörleri kullanılan markörler içerisinde en iyi ayrımı sağlayan lokuslar olarak belirlenmiştir.

Lokuslarda en sık gözlenen alleler incelendiğinde, VVS2 markörü için 0.27885 allel frekansı ile 133, ZAG2 markörü için 0.29808 allel frekansı ile 188 alleli, VVMD5 markörü için 0.22115 allel frekansı ile 235 alleli, VVMD7 markörü için 0.36538 allel frekansı ile 246 alleli, VVMD27 markörü için 0.36538 allel frekansı ile 195 alleli ve

ZAG79 markörü için 0.03846 allel frekansı ile 248 allelleri en yüksek frekansı vermiş olup, genotipler arasında en sık bulunan alleleri oluşturmuşlardır.

5.2. Genotip-SSR İlişkilendirmeleri

Ülkelerin asma genetik varlığının belirlenmesine özgü yapılan çalışmalarda, SSR markörlerinden yararlanılarak değişik seviyede genotiplerin homonimlik ile sinonimlik durumları karşılaşılmıştır. (Ibáñez ve ark., 2003; Martín ve ark., 2003; This ve ark., 2004). Bu tarz genotip belirleme genetik varlıkları tam olarak tanımlamaların oluşturulması, genetik ilişki düzeyinin belirlenmesi ve aynı zamanda aynı isimle adlandırılan fazla genotiplerin uzaklaştırılması açısından büyük önem arz etmektedir. Çalışma sonuçları değerlendirildiğinde; aynı genotip ve homonim durumları bulunmamıştır. Toplamda 2 adet sinonim grubu Gevruk(18)- Atf(23), Gemre(19)- Skori(29) genotipleri arasında saptanmıştır. Sinonim çeşitlerin dikkate alınmasında ise aynı genotipin hatalı olarak farklı diğer isimle isimlendirilmiş olduğu belirlenmiştir. Çalışma kapsamında yararlanılan referans çeşitlerden Cabernet Sauvignon ile Merlot üzümlerinden diğer araştırmacılar da (Bowers ve ark., 1999; This ve ark., 2004; Şelli ve ark., 2007) yararlanmıştır. Tam benzerlik gösteren sinonim çeşitler dışındaki benzerlik oranları incelendiğinde; genotiplerde en yüksek benzerlik oranı; % 91.7 ile Triyeşfi (17)- Reş Paizi (32), Deyvani (3)-Gevruk (18)- Atf (23), Ağ Üzümlü (33)- Tuha-Mebi (42), genotipler arasında görülmüştür.

Genetik ilişki dendogramı incelendiğinde, referans çeşitler çalışma kapsamında yer alan genotiplerden bağımsız bir dallanma göstermiş olup temelde 2 dallanma mevcuttur. Kokarpaizi (44) genotipi ayrı bir dallanma göstererek diğer genotiplerden ayrılmıştır.

Sonuç olarak; SSR markörleri kullanılarak elde edilmiş olan bu çalışma çıktıları Mardin, Siirt ve Şırnak illerinde ve aynı zamanda Güneydoğu Anadolu Bölgesi asma genetik varlıklarının tanımlanmasına yönelik ilk olma niteliği taşımaktadır. Bu tezde elde edilen sonuçlar, Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Asma Gen Kaynakları Koleksiyonunda bulunan çeşitlerin tanımlanmalarının daha net

yapılması, karakterizasyonu, ulusal koleksiyon bağındaki çeşit miktarının tekrar incelenerek düzeltilmesi ve ileride yapılacak ıslah çalışmalarında büyük öneme sahiptir.

5.3 Öneriler

Gerek ülkemizde gerekse dünya genelinde bağcılık alanında yürütülen biyoteknoloji çalışmaları dikkate alındığında genetik karakterizasyon çalışmalarında önemli gelişmelerin kaydedildiği görülmektedir. Herhangi bir özellik ile ilişkili genlerin tanımlanmasına yönelik çalışmalar yapılmakta fakat yeterli düzeye ulaşmamıştır. Bu tür çalışmaların yürütülmesinde genetik karakterizasyon çalışmaları, ebeveyn tanımlamaları büyük önem taşımaktadır. Elde edilen bulgular ışığında yürütülecek ıslah çalışmaları daha güvenilir ve sağlam bir şekilde yürütülebilecektir.

KAYNAKLAR

- ABRIL, M., NEGUERUELA, A.I., PEREZ, C., JUAN, T., and ESTOPANAN, G., 2005. Preliminary study of resveratrol content in Aregon red and rose wines. *Food Chemistry*, 92: 729-736.
- AKKAK, A., BOCCACCI, P., LACOMBE, T. and BOTTA, R., 2005. Relationships and genetic diversity of grapevine (*Vitis vinifera* L.) grown in Algeria and in Mediterranean basin. *Electronic Forum on Biotechnology in Food and Agriculture Conference 13. International Workshop*, 5- March 2005, Turin, Italy. (Poster).
- AKTAŞ, E., 2002. The Roll of Viniculture on Turkish Economy. *Munich Personal RePEe Archive*, 8652
- ARADHYA, M.K., DANGL, G.S., PRINS, B.H., BOURSIQUOT, J.M., WALKER, M.A., MEREDITH, C.P., and SIMON, C.J., 2003. Genetic structure and differentiation in cultivated grape, *Vitis vinifera* L. *Genet. Res. Camb.*, 81: 179-192.
- ARAS, S., POLAT, J.B., CANSARAN, D., and SÖYLEMEZOĞLU, G., 2005. RAPD analysis of genetic relations between Buzgulu grape cultivars (*Vitis vinifera*) grown in different parts of Turkey . *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica*, 47 (2): 77-82..
- ARROYA-GARCIA, R., and MARTINEZ-ZAPATER, J.M., 2000. Characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci and chloroplast microsatellites in grape *Vitis vinifera* L.. *Plant & Animal Genomes VIII. Conference*, Town & Country Hotel. San Diego, CA.
- ARROYA-GARCIA, R., RUIZ-GARCIA, L., AĞAOĞLU, Y.S., BOTTA, R., CABELLO, F., CENIS, J., CONSTANTINI, L., GORISLAVETS, S., RISOVANNAYA, V., ERGÜL, A., GRANDO, S., MCGOVERN, P., PEJIC, I., PRIMIKIRIOS, N., SEFC, K., SOTIRI, P., STEINKELLNER, H., TROSHIN, L., ZYKA, L., LEFORT, F. and MARTINEZ-ZAPATER, J.M., 2002. The analysis of *Vitis* Chloroplast genome polymorphisms around the Mediterranean sea provide clues to understand grapevine domestication. *Plant Animal & Microbe Genomes X Conference*, Town & Country Convention Center. San Diego, CA.
- ARROYA-GARCIA, R., BOLLING, L., RUIZ-GARCIA, L., OCETE, R., SÖYLEMEZOĞLU, G., ARAS, S., UZUN, İ. and MARTINEZ-ZAPATER, J.M., 2004. Chloroplasts haplotype distribution in *Vitis vinifera* L. along the Mediterranean basin and the pattern of domestication of wine grapevine cultivars. *Plant & Animal Genomes XII. Conference*, Town & Country Convention Center. San Diego, CA.
- ARROYA-GARCÍA, R., RUIZ-GARCÍA, L., BOLLING, L., OCETE, R., LÓPEZ, M.A., ARNOLD, C., ERGÜL, A., SÖYLEMEZOĞLU, G., UZUN, H.I., CABELLO, F., IBÁÑEZ, J., ARADHYA, M.K., ATANASSOV, A., ATANASSOV, I., BALINT, S., CENIS, J.L., COSTANTINI, L., GORISLAVETS, S., GRANDO, M.S., KLEIN, B.Y., MCGOVERN, P.E., MERDİNOĞLU, D., PEJIC, I., PELS, F., PRIMIKIRIOS, N., RISOVANNAYA, V., ROUBELAKIS-ANGELAKIS, K.A., SNOUSSI, H., SOTIRI, P., TAMHANKAR, S., THIS, P., TROSHIN, L., MALPICA, J.M.,

- LEFORT, F., and MARTINEZ-ZAPATER, J.M., 2006. Multiple origins of cultivated grapevine (*Vitis vinifera* L. ssp. *sativa*) based on chloroplast DNA polymorphisms. *Molecular Ecology*, 15 (12): 3707–3714.
- ASLANTAŞ, Ş., 2010. Batı Akdeniz Üzüm Çeşitlerinin Moleküler Karakterizasyonu ve Ülke Asma Kaynakları ile Genetik İlişkisi. Ankara Üniversitesi, Biyoteknoloji Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- BOWERS, J.E., DANGL, G.S., VIGNANI, R. and MEREDITH, C.P., 1996. Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L). *Genome*, 39: 628-633.
- BOWERS, J.E., and MEREDITH, C.P., 1997. The parentage of a classic wine grape, Cabernet Sauvignon. *Nature Genetics*, 16: 84-87.
- BOWERS, J. E., BOURSIQUOT, J. M., THIS, P., CHU, K., JOHANSSEN, H., and MEREDITH, C., 1999. Historical Genetics: The parentage of Chardonnay, Gamay and other wine grapes of Northeastern France. *Science*, 285: 1562-1565.
- CONSTANTINI, L., MONACO, A., VOUILLAMOZ, J.F., FORLANI, M., and GRANDO, M.S., 2005. Genetic relationships among local *Vitis vinifera* cultivars from Campania (Italy). *Vitis*, 44 (1): 25-34.
- CRESPAN, M., and MİLANI, N., 2001. The Muscats: A molecular analysis of synonyms, homonyms and genetic relationship within a large family of grapevine cultivars. *Vitis*, 40 (1): 23-30.
- CRESPAN, M., CANCELLIER, S., COSTACURTA, A., GUIST, M., CARRARO, R., STEFANO, R., and SANTANGELO, S., 2003. Contribution to the clearing up of synonymies in some groups of Italian grapevine cultivars. *Proc. VIIIth IC on Grape, Acta Horticulturae*. No: 603: 275-289.
- ÇELİK, H., ve KARANIS, C., 1998. Amasya yöresinde yetiştirilen bazı üzüm çeşitlerinin ampelografik özelliklerinin saptanması üzerine bir araştırma. IV. Bağcılık Sempozyumu, Yalova.
- ÇELİK, H., ÇELİK, S., MARASALI-KUNTER, B., SÖYLEMEZOĞLU, G., BOZ, Y., ÖZER, C., ve ATAK, A., 2005. Bağcılık gelişme ve üretim hedefleri. VI. Türkiye Ziraat Mühendisliği Teknik Kongresi, 3-7 Ocak, Ankara.
- DANGL, G.S., MENDUM, M.L., PRINS, B.H., WALKER, A.M., MEREDITH, C.P., and SIMON C.J., 2001. Simple sequence repeat analysis of a clonally propagated species: A tool for managing a grape germplasm collection. *Genome*, 44: 432-438.
- DETWELLER, F., JUNG, A., ZYPRIAN, E. and TÖPFER, R., 2000. Grapevine cultivar MüllerThurgau and its true to type descent. *Vitis*, 39: 63-65.
- DPT, 1997. Meyvecilik alt komisyon raporu. Yedinci Beş Yıllık Kalkınma Planı Özel İhtisas Komisyonu Raporu, T.C. Başbakanlık Devlet Planlama Teşkilatı Müsteşarlığı, Yayın No: DPT: 2469-ÖİK:516, Ankara.
- DİLLİ, Y., 2008. Ege Bölgesindeki Bazı Önemli Üzüm Çeşitleri, Tipleri Ve Klonlarının Mikrosatelit (SSR) Markörleriyle Karakterizasyonu. Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 94s.
- DİLLİ, Y., ve ALTINDIŞLI, A., 2011. Gemre Çeşitleriyle Pembe Gemre Klonlarının SSR Markörlerle Moleküler ve Ampelografik Özelliklerinin Karşılaştırılması. Türkiye VI. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, 4-8 Ekim 2011, Şanlıurfa.
- EMMETT, R.W., HARRIS, A.R., TAYLOR, R.H. and McGECHAN, J.K., 1992. Grape disease and vineyard protection. *Viticulture-Vol II, Practices*, 242-243.

- ERGÜL, A., 2000. Asmalarda (*Vitis vinifera* L. cv.) genomik DNA parmak izi analizi ile Moleküler karakterizasyon. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara.
- ERGÜL, A., MARASALI, B., and AĞAOĞLU, Y.S., 2002. Molecular discrimination and identification of some Turkish grape cultivars (*Vitis vinifera* L.) by RAPD markers. *Vitis*, 41 (3): 159-160.
- ERGÜL, A., KAZAN, K., ARAS, S., ÇEVİK, V., ÇELİK, H., and SÖYLEMEZOĞLU, G., 2006. AFLP analysis of genetic variation within the two economically important Anatolian grapevine (*Vitis vinifera* L.) varietal groups. *Genoma*, 49: 467-475.
- FARIA, M. A., MAGALHÃES, R., FERREIRA, M.A, MEREDITH, C.P., and FERREIRA - MONTEIRO, F., 2000. *Vitis vinifera* must varietal authentication using microsatellite DNA analysis (SSR). *J. Agric. Food Chem.*, 48: 1096-1100.
- FATAHI, R., EBADI, A., BASSIL, N., MEHLENBACHER, S.A., and ZAMANI, Z., 2003. Characterization of Iranian grapevine cultivars using microsatellite markers. *Vitis*, 42(4): 185-192..
- FOSSATI, T., LABRA, M., CASTIGLIONE, S., FAILLA, O., SCIENZA, A. and SALA, F., 2001. The use of AFLP and SSR molecular markers to decipher homonyms and synonyms in grapevine cultivars: the case of varietal group known as "Schiave". *Theor. Appl. Genet.*, 102: 200-205.
- GOTO-YAMAMOTO, N., MOURI, H., AZUMI, M. and EDWARDS, K.J., 2006. Development of grape microsatellite markers and mikrosatellite analysis including oriental cultivars. *American Journal of Enology and Viticulture*, 57(1): 105-108.
- GÜRBÜZ, O., GÖÇMEN, D., DAĞDELEN, F., GÜRSOY, M., AYDIN, S., ŞAHİN, İ., BÜYÜKUYSAL, L., and USTA, M., 2007. Determination of flavan-3-ols and trans-resveratrol in grapes and wine using HPLC with fluorescence detection. *Food Chemistry*, 100: 518-525.
- GRANDO, M.S., FRISINGHELLI, C., and STEFANINI, M., 2000. Genotyping of local grapevine germplasm. *ISHS Acta Horticultura 528: VII. International Symposium on Grapevine Genetics and Breeding, May 2000, Montpellier, France.*
- IBANEZ, J., ANDRÉS, M.T., MOLINO, A., and BORREGO, J., 2003. Genetic study of key Spanish grapevine varieties using microsatellite analysis. *American Journal of Enology and Viticulture*, 54(1): 22-30.
- İKİZLER, M., DERNEK, S., ERKASAP, N., KAYGISIZ, Z., SEVİN, B., ve KURAL, T., 2003. İzole rat kalplerine uygulanan reperfüzyon hasarında resveratrolün hemodinamik etkileri. *Türk Göğüs Kalp Damar Cer Derg.* 11: 91-95.
- İŞÇİ, B., KALKAN-YILDIRIM, H.K., ALTINDİŞLİ, A., 2009. A Review of the authentication of wine origin by molecular markers. *Journal of the Institute of Brewing*, 3: 259-264.
- İŞÇİ, B., ve DİLLİ, Y., 2014. Ege Bölgesi Yerel Asma Çeşitlerinin (*Vitis vinifera* L.) Basit Tekrar Dizileri (SSRs) ile Karakterizasyonu. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 21: 538-545.
- KARAAĞAÇ, E., 2006. Gaziantep ili asma gen potansiyelinin SSR (simple sequence repeats) markörlerle moleküler analizi. Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri ana bilim dalı, doktora tezi.

- KARATAŞ, H., DEĞİRMENCİ, D., VELASCO, R., VEZZULLI, S., BODUR, Ç., and AĞAOĞLU, Y.S., 2007. Microsatellite fingerprinting of homonymous grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties in neighboring regions of South-East Turkey. *Sci. Horticult.* doi: 10.1016/j.scienta.2007.07.001.
- KARATAŞ, D. D., KARATAŞ, H., LAUCOU, V., SARIKAMIŞ, G., RIAHI, L., BACILIERI, R., and THIS, P., 2014. Genetic diversity of wild and cultivated grapevine accessions from southeast Turkey. *Hereditas*, 151: 73 – 80.
- KAUL, N., SIVESKI-ILLISKOVIC, N., HILL, M., SLEZAK, J., and SINGAL, P.K., 1993. Free radicals and the health. *J. Pharmacol.Toxicol. Methods*, 30: 55-67.
- LAMBOY, W.F., and ALPHA, C.G., 1998. Using Simple Sequence Repeats (SSRs) for DNA fingerprinting germplasm accessions of grape (*Vitis*) Species. *Amer. Soc. Hort. Sci.*, 123: 182-188.
- LEFORT, F., LALLY, M., THOMPSON, D., and DOUGLAS, G.C., 1998. Morphological traits microsatellite fingerprinting and genetic relatedness of a stand of elite oaks (*Q. Robur* L.) at Tuallynally, Ireland. *Silvae Genetica*, 47: 5-6.
- LEFORT, F., PELSY, F., SCHEHRER, L., SCOTT, K.D., and MERDİNOĞLU, D., 2003. Assessment of two highly polymorphic microsatellite loci in 103 accessions of *Vitis* species. *J. Int. Sci. Vigne*, 37(2): 67-74.
- LIN, H., and WALKER, M.A., 1998. Identifying Grape Rootstocks With Simple Sequence Repeat (SSR) DNA Markers. *Am.J.Enol.Vitic.*, 49: 4.
- LITT, M., and LUTY, J.A., 1989. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am J Hum Genet.*, 44: 397-401.
- LOPES, M.S., SEFC, K.M., DIAS, E.E., STEINKELLNER, H., MACHADO, M.L.D., and MACHADO, A.D., 1999. The use of microsatellites for germplasm management in a Portuguese grapevine collection. *Theor. Appl. Genet.* 99(3-4): 733-739.
- MALETIC, E., SEFC, K.M., STEINKELLNER, H., KONTIC, J.K. and PEJIC, I. 1999. Genetic characterization of Croatian grapevine cultivars and detection of synonymous cultivars in neighboring regions. *Vitis* 38(2): 79-83.
- MALOSSINI, U., GRANDO, M.S., RONCADOR, I., and MATTIVI, F., 2000. Parentage analysis and characterization of some Italian *Vitis vinifera* crosses. *Proc. VIIth IC on Grapevine Genetics and Breeding, Acta Horticulturae*, 528: 139-143.
- MARTIN, J.P., BORREGO, J., CABELLO, F., and ORTIZ, J.M., 2003. Characterization of the Spanish diversity grapevine cultivars using sequence-tagged microsatellite site markers. *Genome*, 46: 1-9.
- MARTINEZ, L.E., CAVAGNARO, P. F., MASUELLI, R. W., and ZUNIGA, M., 2006. SSR-based assessment of genetic diversity in South American *Vitis vinifera* varieties. *Plant Sci.*, 170: 1036-1044.
- MERDİNOĞLU, D., BUTTERLIN, G., BAUR, C., BALTHAZARD, J., BOUQUET, A., and BOURSQUOT, J.M., 2000. Comparison of RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for genetic diversity analysis in *Vitis vinifera* L.. *Acta Horticulturae*, 528: 193-197.
- NUNEZ, Y., FRESNO, J., TORRES, V., PONZ, F., and GALLEGO, F.J., 2004. Practical use of microsatellite markers to manage *Vitis vinifera* germplasm: Molecular identification of grapevine samples collected blindly in D.O. “El

- Bierzo" (Spain). *Journal of Horticultural Science&Biotechnology*, 79 (3): 437-440.
- ORAMAN, M.N., 1965. Arkeolojik Bulguların Işığı Altında Türkiye Bağcılığının Tarihçesi Üzerinde Araştırmalar. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yıllığı.
- ÖZDEN, M., ve VARDİN, H., 2009. Şanlıurfa koşullarında yetiştirilen bazı şaraplık üzüm çeşitlerinin kalite ve fitokimyasal özellikleri. *Harran Ü. Ziraat F. Dergisi*, 13: 21-27.
- PAETKAU, D., CALVERT, W., STIRLING, I., and STROBECK, C., 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Mol. Ecol.*, 4: 347-354.
- PERRET, M., ARNOLD, C., GOBAT, J.M., and KÜPFER, P., 2000. Relationships and genetic diversity of wild and cultivated grapevines (*Vitis vinifera* L.) in Central Europe based on microsatellite markers. *Acta Hort.*, 528: 155-159.
- REALE, S., PILLA, F., and ANGIOLILLO, A., 2002. Molecular characterization of an autochthonous grape cultivar of Central Italy. *Proceedings of the XLVI Italian Society of Agricultural Genetics-SIGA Annual Congress*, 18-21 September, Giardini Naxos, Italy.
- REGNER, F., STALDBAUER, A., EISENHELD, C., and KASERER, H., 2000 a. Consideration about the evolution of grapevine and the role of Traminer. *Proc. VIIth Int. Symp. on Grapevine Genetics and Breeding. Acta Hort.* 528: 177-179.
- REGNER, F., STALDBAUER, A., and EISENHELD, C., 2000 b. Molecular markers for genotyping grapevine and for identifying clones of traditional varieties. *Proc. Int. Symp. on Molecular Markers. Acta Hort.* 546: 331-342.
- RIAZ, S., GARRISON, K.E., DANGL, G.S., and MEREDITH, C.P., 2001. Mikrosatellite markers for the differentiation of clones of ancient grape cultivars. *Plant & Animal Genomes IX Conference*, Town & Country Hotel. San Diego, CA.
- RIAZ, S., DANGL, G.S., EDWARDS, K.J., and MEREDITH, C.P., 2004. A microsatellite marker based framework linkage map of *Vitis vinifera* L.. *Theor. Appl. Genet.*, 108: 864-872.
- SANCHEZ-ESCRIBANO, E.M., MARTÍN, J.P., CARREÑO, J., and CENÍS, J.L., 1999. Use of sequence-tagged microsatellite site markers for characterizing table grape cultivars. *Genome*, 42: 87-93.
- SCHLOTTERER, C., and TAUTZ, D., 1992. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Res.*, 20: 211-215.
- SCHNEIDER, A., CARRA, A., AKKAK, A., THIS, P., LAUCAU, V., and BOTTA, R., 2001. Verifying synonymies between grape cultivars from France and Northwestern Italy using molecular markers. *Vitis*, 40(4): 197-203.
- SCHNEIDER, A., CARRA, A., BOCCACCI, P., AKKAK, A., and BOTTA, R., 2003. Ampographic surveys and analysis using molecular markers for verification of synonym of minor grapes. *Vignevisini*, 30 (1-2): 103-111.
- SEFC, K.M., STEINKELLNER, H., WAGNER, HW., GLÖSSL, J., and REGNER, F., 1997. Application of microsatellite markers to parentage studies in grapevine. *Vitis*, 36 (4): 179-183.
- SEFC, K.M., REGNER, F., GLÖSSL, J., and STEINKELLNER, H., 1998 a. Genotyping of grapevine and rootstock cultivars using microsatellite markers. *Vitis*, 37(1): 15-20.

- SEFC, K.M., GUGGENBERGER, S., REGNER, F., LEXER, C., GLÖSSL, J., and STEINKELLNER, H., 1998 b. Genetic analysis of grape berries and raisins using microsatellite markers. *Vitis*, 37(3): 123-125.
- SEFC, K.M., REGNER, F., GLÖSSL, J., and STEINKELLNER, H., 1998 c. Monitoring der genetischen Variabilität und Pedigrestudien bei Weinreben, Bericht über die 49. Arbeitstagung der Vereinigung Österreichischer Pflanzenzüchter, p 71-73.
- SEFC, K.M., LEFORT, F., GRANDO, M.S., SCOTT, K.D., STEINKELLNER, H., and THOMAS, M.R., 2001. Microsatellite markers for grapevine: A state of the art. In "Molecular Biology and Biotechnology of the Grapevine". Roubelakis-Angelakis K.A. ed., 1-29, Kluwer Academic Publishers. The Netherlands.
- ŞELLİ, F., BAKIR, M., İNAN, G., AYGÜN, H., BOZ, Y., YAŞASIN, A.S., ÖZER, C., AKMAN, B., SÖYLEMEZOĞLU, G., KAZAN, K., and ERGÜL, A., 2007 Simple sequence repeat-based assessment of genetic diversity in Dimrit and Gemre grapevine accessions from Turkey. *Vitis*, 46(4): 182-187.
- SHIDFAR, M., 2008. Eskişehir ve Kayseri İleri Asma Gen Kaynaklarının SSRs(Simple Sequence Repeats)'a Dayalı Genetik Karakterizasyonu. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- THIS, P., and DETTWEILLER, E., 2002. EU-Project Genres CT96 No81: European Vitis Database and results regarding the use of a common set of microsatellite markers. *Proc. VIIIth IC on Grape. Acta Hort.* 603.
- THIS, P., JUNG, A., BOCCACCI, P., BORREGO, J., Botta, R., CONSTANTINI, L., CRESPIAN, M., DANGL, G.S., EISENHELD, C., FERRERIA-MONTEIRO, F., GRANDO, S., IBÁÑEZ, J., LACOMBE, T., LAUCOU, V., MAGALHÃES, R., MEREDITH, C.P., MILANI, N., PETERLUNGER, E., REGNER, F., ZULINI, L., and MAUL, E., 2004. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. *Theor. Appl. Genet.*, 109: 1448-1458.
- THOMAS, M.R., and SCOTT, N.S., 1993. Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theoretical and Applied Genetics*.
- THOMAS, M.R., CAIN, P., and SCOTT, N.S., 1994. DNA typing of grapevines: A universal methodology and database for describing cultivars and evaluating genetic relatedness. *Plant Mol. Biol.*, 25: 939-949.
- ULAVONSKY, S., GOGORCENA, Y., MARTINEZ D.T., and ORTIZ, J. M., 2002. Use of molecular markers in detection of synonymies and homonymies in grapevines (*Vitis vinifera* L.). *Scientia Horticulturae*, 92: 241-254.
- UPADHYAY, U., MAMTHA D. S., REDDY S., DEOKAR. K., and KARIBASAPPA, G.S., 2007. AFLP and SSR marker analysis of grape rootstock in Indian germplasm. National Research Centre for Grapes, Manjari Farm, Pune, India.
- VIGNANI, R., BOWERS, J.E., and MEREDITH, C.P., 1996. Mikrosatellite DNA polymorphism analysis of clones of *Vitis vinifera* "Sangiovese". *Scientia Horticulturae*, 65: 163-169.
- VIGNANI, R., SCALI, M., MASI, E., and CRESTI, M., 2002. Genomic variability in *Vitis vinifera* L. "Sangiovese" assessed by microsatellite and non-radioactive AFLP test. *Electronic Journal of Biotechnology*, 5(1).

- VOUILLAMOZ J.F., GRANDO, M.S., ERGÜL, A., AĞAOĞLU, Y.S., TEVZADZE, G., MEREDITH, C.P., and McOVERN, P., 2003. "Is Transcaucasia the cradle of viticulture?" DNA might provide an answer". Communication for the III. Symp. of the International Association of History and Civilization of the Vine and the Wine, October 5-8, 2003, Funchal (Madeira).
- VOUILLAMOZ J.F., McGOVERN, P.E., ERGÜL, A., SÖYLEMEZOĞLU, G., TEVZADZE, G., MEREDITH, C.P., and GRANDO, M.S., 2006. Genetic characterization and relationships of traditional grape cultivars from Transcaucasia and Anatolia. *Plant Genetic Resources*, 4(2): 144-158.
- YILDIRIM F., 2008. Ankara ve Çankırı İlleri Ait Asma Gen Kaynaklarının SSRs (Simple Sequence Repeats)'a Dayalı Genetik Karakterizasyonu. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara.
- YÜKSEL C., 2008. Manisa, İzmir, Aydın, Muğla ve Kütahya İllerine ait Asma Gen Kaynaklarının SSRs (Simple Sequence Repeats)'a Dayalı Genetik Karakterizasyonu, Ankara Üniversitesi, Biyoteknoloji Enstitüsü, Temel Biyoteknoloji, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- ZOGLAMI, N., RIAHI, L., LAUCOU, V., LACOMBE, T., MLIKI, A., GHORBEL, A., and THIS, P., 2009. Origin and genetic diversity of Tunisian grapes as revealed by microsatellite markers. *Scientia Horticulturae* 120: 479-486.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Kürşat Alp ASLAN
Uyruğu : T.C.
Doğum Yeri ve Tarihi : Gemerek – 23.05.1976
Telefon : 0531 736 79 29
E-posta : kursatalp0272@msn.com

EĞİTİM

Derece	Adı, İl, İlçe	Bitirme Yılı
Ön Lisans	Mustafa Kemal Üniversitesi Kırıkkhan MYO Bağcılık Bölümü	1999
Lisans	Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü	2005
Yüksek Lisans	Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı	2017

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	Kurum	Görevi
1995-1998	Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı Besni İlçe Tarım Müdürlüğü BESNİ/Adıyaman	Ziraat Teknisyeni
1998-1999	Meyvecilik Üretme İstasyonu Müdürlüğü KIRIKHAN/Hatay	Ziraat Teknisyeni
1999-.....	Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü	Ziraat Mühendisi

UZMANLIK ALANI

-Bağcılık

YABANCI DİLLER

İngilizce --- Orta Düzey
(Konuşma-Yazma-Anlama)

