



# Bazı kiraz anaçlarının genetik akrabalık ilişkilerinin RAPD moleküler markır yöntemi ile belirlenmesi

## *Determination of genetic relationship of some cherry rootstocks via RAPD molecular markers*

Hasan PINAR<sup>1\*</sup> , Mehmet YAMAN<sup>1</sup> , Hasan Cumhuri SARISU<sup>2</sup> , Aydın UZUN<sup>1</sup> ,  
Merve Arefe Yiğit<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Erciyes Üniversitesi, Seyrani Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Kayseri, Türkiye

<sup>2</sup>Meyvecilik Araştırma İstasyonu Müdürlüğü, Eğirdir, Türkiye

### To cite this article:

Pinar, H., Yaman, M., Sarisu, H.C, Uzun, A. & Yiğit, M.A. (2018). Bazı kiraz anaçlarının genetik akrabalık ilişkilerinin RAPD moleküler markır yöntemi ile belirlenmesi. *Harran Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 22(3): 326-334. DOI: 10.29050/harranziraat.410847

### Address for Correspondence:

Hasan PINAR

e-mail:

hpınarka@yahoo.com

### Received Date:

29.03.2018

### Accepted Date:

11.07.2018

© Copyright 2018 by Harran University Faculty of Agriculture. Available on-line at [www.dergipark.gov.tr/harranziraat](http://www.dergipark.gov.tr/harranziraat)



This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non Commercial 4.0 International License.

### ÖZ

Bu çalışmada kiraza anaç olarak kullanılan ve/veya kullanılacak olan bazı genotiplerin RAPD moleküler markır yöntemi kullanılarak genetik akrabalıklarının belirlenmesi amaçlanmıştır. Yirmi farklı kiraz anacının (9 adeti kuş kirazı) genetik benzerliklerinin belirlenmesinde 16 farklı RAPD primerinin kullanıldığı çalışmada, 16 primerden 92'si polimorfik olmak üzere 109 bant elde edilmiş ve ortalama polimorfizm oranı %84.40 olarak belirlenmiştir. Elde edilen bulgulara göre kiraz anacı genotipleri arasındaki genetik benzerlik 0.60-0.95 arasında değişmiş olup en düşük benzerlik % 60 ile SL64 genotipi ile diğer tipler arasında, en yüksek benzerlik oranı ise %95 ile Kuş Kirazı-3 ve Kuş Kirazı-4 genotiplerinden elde edilmiştir. Elde edilen dendograma göre üç ana grup oluşmuş olup, birinci grup Kuş Kirazı-2 (KK2), Kuş Kirazı-6 (KK6), Kuş Kirazı-7 (KK7) ve Kuş Kirazı-8 (KK8) yer almıştır. İkinci grupta Kuş Kirazı-3 (KK3), Kuş Kirazı-4 (KK4), Kuş Kirazı-5 (KK5), Kuş Kirazı-9 (KK9), Kuş Kirazı-10 (KK10), İdris ve diğer yabancı anaçlar yer almıştır. Üçüncü grupta sadece SL64 genotipi yer almıştır. Elde edilen bulgular RAPD moleküler markır tekniğinin kiraz anaçları arasındaki genetik ilişkilerin belirlenmesinde etkin bir araç olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

**Anahtar Kelimeler:** *Prunus avium* L., Kiraz, Anaç, Genetik çeşitlilik, RAPD

### ABSTRACT

This study was conducted to determine genetic relationships among cherry rootstocks used and/or to be used with RAPD molecular markers. Genetic similarities among 20 different cherry rootstocks (9 of them were Kuş Kirazı) were assessed through 16 different RAPD primers and 109 bands were obtained of which 92 were polymorphic. Polymorphisms ratio was determined as 84.40%. Present findings revealed that genetic similarity among cherry rootstocks varied between 0.60-0.95 with lowest similarity between SL64 and other accessions (60 %) and the greatest similarity between Kuş Kirazı-3 and Kuş Kirazı-4 accessions (95 %). Resultant dendrogram had three groups with Kuş Kirazı-2 (KK2), Kuş Kirazı-6 (KK6), Kuş Kirazı-7 (KK7) and Kuş Kirazı-8 (KK8) nested in the first group; Kuş Kirazı-3 (KK3), Kuş Kirazı-

4 (KK4), Kuş Kirazı-5 (KK5), Kuş Kirazı-9 (KK9), Kuş Kirazı-10 (KK10), Idris and other foreign rootstock accessions nested in the second group and SL60 alone nested in the third group. It was concluded based on present findings that RAPD marker system could be used as an efficient tool to determine genetic relationships among cherry rootstock accessions.

**Key Words:** *Prunus avium* L., Cherry, Rootstock, Genetic diversity, RAPD

## Giriş

Ülkemiz, bitki çeşitliliği ve bitki genetik kaynaklar açısından dünyada önemli bir konuma sahiptir. Ülkemizdeki genetik çeşitliliğe, sahip olduğumuz farklı ekolojik koşulların önemli etkileri vardır. Bitki genetik çeşitliliğinin fazla olması ülkemiz tarihinde meyvecilik kültürünü de önemli bir konuma getirmiştir (Ercişli, 2004). Bunlar arasında özellikle sert çekirdekli meyveler genetik çeşitlilik açısından önemli bir paya sahiptir.

Sert çekirdekli meyveler, *Rosaceae* Familyası, *Rosaidea* alt familyasında yer almaktadır (Rehder, 1940). Bu meyve türlerinin içerisinde kiraz (*Prunus avium* L.) önemli bir yere sahiptir. Anavatanı Güney Kafkasya, Hazar Denizi civarı ve Kuzey Doğu Anadolu olan kirazın (Eriş ve Barut, 2000) yetiştiriciliği günümüzde, Avrupa'nın hemen hemen tamamında, Afrika'nın ılıman iklime sahip kuzey bölgelerinde, Ortadoğu'nun batısındaki ülkelerde, Anadolu, Hazar denizine yakın ülkelerde, Güney ve Kuzey Amerika'da olmak üzere dünyanın ılıman iklim kuşağında yer alan bir çok ülkesinde oldukça yoğun bir şekilde yapılmaktadır (Özçağırın ve ark., 2003; Özbek, 1978). Anavatanı olmasının getirdiği avantaj, kiraza Türkiye'de geniş bir yayılma alanı sağlamıştır (Ercişli, 2004).

*Prunuslar* birbirlerine anaç olarak kullanılabilir (Cummins ve Aldwinckle, 1983). Modern meyvecilikte anaç seçimi, meyve kalite ve üretimini etkileyebileceğinden uzun vadede oldukça

önemlidir (Ognjanov ve ark., 2012; Türkoğlu ve ark., 2012). Anaçlar, aşılama ve çoğaltımın kolay yapılmasında, ara anaç kullanarak anaç kalem uyumsuzluğunu ortadan kaldırmada, hasat ve hasat sonrasında meyve kalitesinin devamlılığı, belirli toprak şartları, iklime adaptasyon, hastalık ve zararlılara dayanım gibi özel amaçlar doğrultusunda seçilmelidir (Rom ve Carlson, 1987; Webster, 2001). Anaç üretimi tohumdan yapılıyor ise, bu tohumlar ya kültür bitkilerden yada yabancı bitkilerden elde edilmektedir (Ercişli ve ark., 2006; Mratanic ve ark., 2012).

Kuş kirazı adı verilen, küçük ve bazen acı meyvelere sahip yabancı kirazlar kirazlara anaç olarak kullanılmaktadır (Ercişli, 2004). Karadeniz Bölgesinin orman kenarlarında ve nadiren de sık karışık ormanlarda, fertler, küçük gruplar veya sıralar halinde kuş kirazı ağaçları bulunmaktadır. Genellikle rakımı düşük alanları tercih eden bu türün fertlerine, ülkemizde 1700 m'li rakımlara kadar rastlanabilmektedir (Yaman, 2003). Kuş kirazı anaçları, mahlep anaçları ile kıyaslandığında daha yüzlek köklü bitkiler meydana getirmesi ve taban suyu, ağır topraklarda kullanılması yönünden oldukça ön plandadır. Ayrıca çeşitlerle aşı uyumu oldukça iyidir (Özçağırın ve ark., 2003).

Genetik kaynakların toplanması ve karakterizasyonun da moleküler markırların kullanımı büyük kolaylıklar sağlamaktadır. Morfolojik özellikler, germplasmların oluşturulmasında yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Ancak çevrenin etkisi, düşük kalıtıma ve polimorfizme sahip

olmalarından dolayı oldukça sınırlı kalmaya başlamıştır (Smith ve Smith, 1992). DNA markırlarında ise böyle bir kısıtlama sözü konusu değildir. DNA markırları yakın genotipler arasındaki ayrımın belirlenmesinde oldukça kullanışlıdır. Moleküler markırların farklı tipleri farklı ürünlerde genetik çeşitliliğin belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmakta olup ancak her tekniğin kendine özgü üstünlükleri mevcuttur (Kafkas ve ark., 2008; Pavlovic ve ark., 2012).

Kuş kirazları ve kiraz anaçlarının sinonim ve anonim olarak birçok türü mevcuttur. Çevresel şartların bitkilerin dış görünüşlerine olan etkisinden dolayı moleküler çalışmaların önemi gittikçe artmaktadır. Moleküler markırlar birçok canlı ve bitkinin genomlarında ve organellerin de tespit edilerek kullanılmaktadır (Lagercrantz ve ark., 1993). Rastgele primerler kullanarak PCR'dan üretilen RAPD DNA markırlarının gelişimi DNA polimorfizminin belirlenmesi için yeni bir fırsat sağlamıştır (Welsh ve McClelland, 1990; Williams ve ark., 1990). RAPD analizleri şeftali anaçlarında (Lu ve ark., 1996), elma (Landry ve ark., 1994), erik çeşitleri (Ortiz ve ark., 1997), şeftali (Warburton ve Bliss, 1996), papaya (Stiles ve ark., 1993), zeytin (Fabbri ve ark., 1995), mango (Schnell ve ark., 1995), badem (Pınar ve ark., 2015) gibi birçok meyve türünde genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılmıştır.

Bu çalışmada Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü meyve genetik kaynaklar ve deneme parsellerinde yer alan farklı kuş kirazı genotipleri ile bazı kiraz anaçları arasındaki genetik akrabalıklarının RAPD markır sistemiyle belirlenmesi amaçlanmıştır.

## Materyal ve Metot

### Bitki Materyali

Çalışmada 20 farklı kiraz anacı kullanılmıştır (Çizelge 1).

Materyallere ait DNA örnekleri Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü kiraz genetik kaynaklar parselinden temin edilmiştir.

Çizelge 1. Çalışmada kullanılan kiraz anaçları

Table 1. Cherry rootstocks used in the study

No	Anaç Rootstock	No	Anaç Rootstock
A1	KUŞ KİRAZI 2 (KK2)	A11	WEIROOT 158
A2	KUŞ KİRAZI 3 (KK3)	A12	SL 64
A3	KUŞ KİRAZI 4 (KK4)	A13	PHL - A
A4	KUŞ KİRAZI 5 (KK5)	A14	GM - 61
A5	KUŞ KİRAZI 6 (KK6)	A15	GISELA 5
A6	KUŞ KİRAZI 7 (KK7)	A16	PHL - B
A7	KUŞ KİRAZI 8 (KK8)	A17	TABEL / EDABRIZ
A8	KUŞ KİRAZI 9 (KK9)	A18	MAXMA 14
A9	KUŞ KİRAZI 10 (KK10)	A19	IDRIS
A10	MONTMORENCY	A20	GISELA - 6

### DNA İzolasyonu

Kiraz anaçlarından alınan genç yapraklardan DNA izolasyonu CTAB metoduna göre yapılmıştır (Doyle ve Doyle, 1990). DNA konsantrasyonları spektrofotometre (BioTek Instruments, Inc., Winooski, VT, United States) ile ölçülmüş ve örnekler TE (10 mM Tris-HCl, 0.1 mM EDTA, pH 8.0) solüsyonu kullanılarak hazırlanmıştır. Hazırlanan DNA'lar -20 °C muhafaza edilmiştir.

### PCR Analizleri

Yirmi adet kiraz anacı genotipinin benzerliklerinin belirlenmesinde 16 adet RAPD primeri (Meleunova ve ark., 2004; Tenzer ve Gessler, 1997; Tenzer ve Gessler, 1999; Sierotzki ve ark., 1994) kullanılmış olup, PCR bileşenleri toplam hacim 15 µl olacak şekilde 2 µl DNA (20 ng), 1.5µl 10xPCR Buffer,

0.2 µl Taq DNA polymerase (5u/µL), 1 µl dNTP (2.5mM), 1.5µl MgCl<sub>2</sub> (25 mM), 2 µl 10 mM RAPD primer 6.8 µl H<sub>2</sub>O olarak hazırlanmıştır. PCR koşulları, 94°C 3 dk başlangıç denatürasyonunun ardından 35 döngüde 94 °C 1 dk, 38°C 45 sn, 72°C 2 dk ve daha sonra final uzama için 72°C 10 dk olarak kullanılmıştır. PCR ürünleri 1X TAE buffer içerisinde % 2'lik agaroz jelde elektroforez yapılmış ve etidium bromid ile boyandıktan sonra jel görüntüleme (KODAK) ünitesinde görüntülenmiştir.

#### Veri Analizleri

Agaroz jel elektroforezi ve görüntüleme işlemi sonrasında elde edilen görüntülerde bant varlığı durumunda (1), yoksa (0) ve amplifikasyon oluşmamış ise (9) rakamları verilerek skorlanmıştır. NTSYS bilgisayar programı kullanılarak elde edilen veriler değerlendirilmiştir. Dice metoduyla benzerlik matrisi oluşturularak, UPGMA metoduna göre kiraz anaçlarının dendrogramı oluşturulmuştur. Ayrıca çalışmada kullanılan her bir markır için toplam bant sayısı,

polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranı da belirlenmiştir. Polimorfizm oranı hesaplanırken (Polimorfik Bant sayısı X 100 / Toplam Bant sayısı) formülü kullanılmıştır.

#### Bulgular ve Tartışma

Çalışmada kullanılan 16 farklı primerden sayıları 3 ile 10 arasında değişen bantlar elde edilmiş ve bant alınamayan primere rastlanılmamıştır. Toplamda 92'si polimorfik olmak üzere 109 bant elde edilmiştir. Polimorfik bantlar 200 bp ile 2200 bp arasında değişiklik göstermiştir. En yüksek bant sayısı, OPH04 primerinden (10 adet) elde edilirken en düşük bant sayısı ise D07 ve E15 primerlerinden (3 adet) elde edilmiştir. Polimorfizm oranı incelendiği zaman ise ortalama polimorfizm % 84.40 olup, en yüksek polimorfizm oranı OPH04, OPN11, M2, D07, E15 (% 100) primerleri ile elde edilirken en düşük polimorfizm oranı ise OPG17 primeri (% 50) ile elde edilmiştir (Çizelge 2).

Çizelge 2. Çalışmada kullanılan RAPD primerlerin adı, baz dizilimi, polimorfik bantların uzunluğu (P.B.U), polimorfik bant sayısı (P.B.S), toplam bant sayısı (T.B.S) ve polimorfizm oranı (P.O)

Table 2. The RAPD primers used in this study s name, base sequence, the length of the polymorphic band (P.B.), the number of polymorphic bands (P.B.S), the total number of bands (T.B.S) and polymorphism rate (p.o.)

Primer	Sequence	P.B.U	P.B.S	T.B.S	P.O_(%)
OPG03	5' GAG CCC TCC A 3'	300-1200	9	9	100.0
OPG05	5' CTG AGA CGG A 3'	250-1500	7	9	77.7
OPG17	5' ACG ACC GAC A 3'	600-1500	4	8	50.0
OPH04	5' GGA AGT CGC C 3'	700-2000	10	10	100.0
OPN11	5' TCG CCG CAA A 3'	250-2000	8	8	100.0
M2	5' GCC ACA CAC A 3'	700-1000	6	6	100.0
RAPD1	5' ACG CAG GCA C 3'	450-1500	5	6	83.3
P49	5' GTA CCA GTG A 3'	200-2200	3	5	60.0
F04	5' GGT GAT CAG G 3'	400-1300	6	7	85.7
R01	5' TGC GGG TCC T 3'	250-1200	4	7	57.1
T07	5' GGC AGG CTG T 3'	300-1500	6	7	85.7
U19	5' GTC AGT GCG G 3'	300-1500	8	9	77.7
D07	5' TTG GCA CGG G 3'	500-1200	3	3	100.0
E15	5' ACG CAC AAC C 3'	300-1500	3	3	100.0
F01	5' ACG GAT CCT G 3'	300-1500	7	8	87.5
U10	5' ACC TCG GCA C 3'	300-1500	3	4	75.0
Toplam			92	109	84.4
Ortalama			5.75	6.81	

Bu çalışmada genetik benzerlik oranı 0.60-0.95 arasında değişmiştir. Elde edilen dendograma göre üç ana grup oluşmuş vebirinci grupta Kuş Kirazı-2 (KK2), Kuş Kirazı-6 (KK6), Kuş Kirazı-7 (KK7) ve Kuş Kirazı-8 (KK8) yer almıştır. İkinci grupta Kuş Kirazı-3 (KK3), Kuş Kirazı-4 (KK4), Kuş Kirazı-5 (KK5), Kuş Kirazı-9 (KK9), Kuş Kirazı-10 (KK10), İdris ve diğer yabancı anaçlar yer almıştır. Üçüncü grupta sadece SL64 genotipi yer almıştır(Şekil 1).

Cai ve ark. (2007) tarafından yürütülen bir çalışmada 23 kiraz çeşidi arasındaki genetik benzerlik ilişkileri RAPD markırları kullanılarak araştırılmış ve polimorfizm % 68 olarak belirlemiştir. Demirsoy ve ark. (2008) tarafından yapılan bir başka çalışmada ise 14 kiraz çeşidinin RAPD markırı ile analizi yapılarak % 64 oranında polimorfizm elde edilmiştir. Çalışmamızda kullanılan RAPD markırları ile kiraz anaçlarında elde edilen polimorfizm oranı bu çalışmalara göre daha yüksek bulunmuştur.

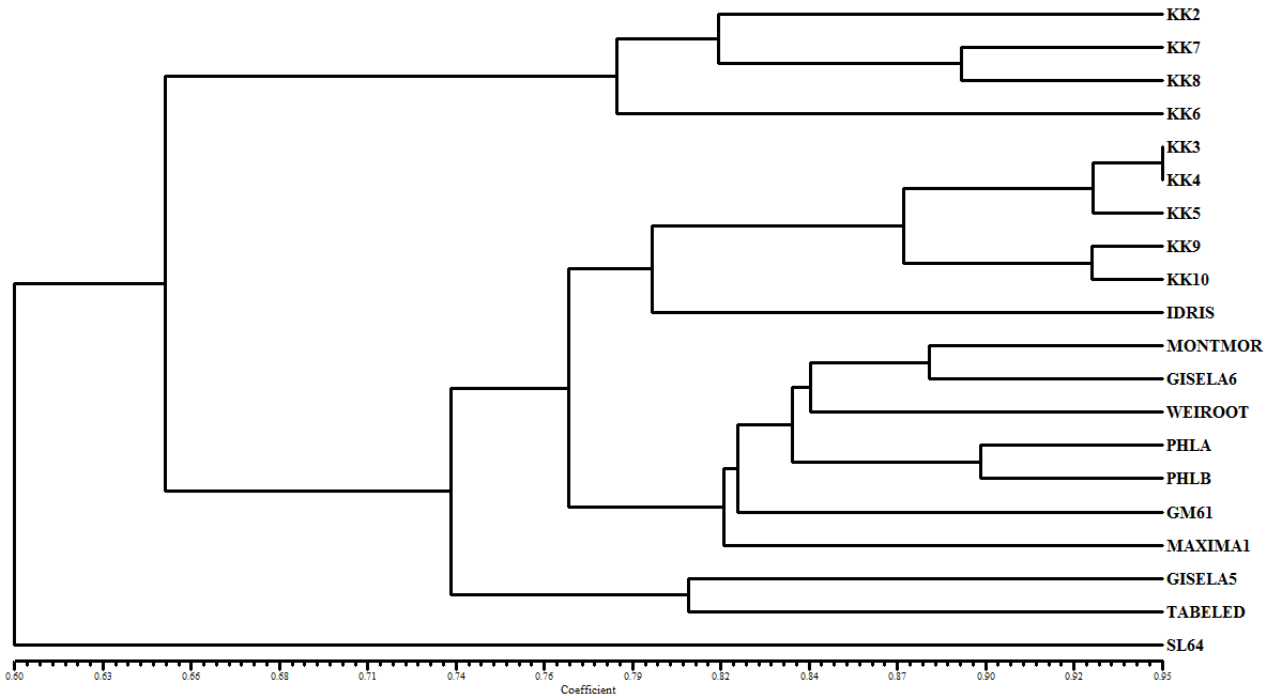
Çalışmada 9 adet kuş kirazı anacının kendi aralarında ve diğer anaçlar arasındaki genetik benzerlikleri incelenmiştir. Kuş Kirazı genotipleri 2 ana gruba ayrılmış ve 1. grupta Kuş Kirazı-2, Kuş Kirazı-6, Kuş Kirazı-7 ve Kuş Kirazı-8 yer alırken, ikinci grupta ise Kuş Kirazı-3, Kuş Kirazı-4, Kuş Kirazı-5, Kuş Kirazı-9 ve Kuş Kirazı-10 yer almıştır. Kuş kirazı genotiplerine en yakın olarak idris yer almıştır. Kuş kirazı genotipleri arasında en yüksek benzerlik oranı Kuş Kirazı-2 ve Kuş Kirazı-3 genotiplerinde belirlenmiştir (0.95). Muhtemelen bu genotipler aynı bölgeden seçilmiştir. Kuş Kirazı genotipleri arasında en düşük benzerlik ise Kuş Kirazı-6'dan elde edilmiştir. Diğer yabancı anaçlar incelendiğinde ise SL 64 anacı en uzak genotip olarak (0.60) yer alırken Gisela-5 ve

Tabel/Edabriz genotipleri 0.80 benzerlik oranıyla aynı grupta yer almıştır. PHL-A ve PHL-B genotipleri ise yabancı anaç genotipleri arasında en yüksek benzerliğe sahip olmakla birlikte Montmorency, Gisela-6, Weiroot 158, GM 61, ve Maxma 14 ile aynı grupta yer almışlardır (Şekil 1).

Koç ve ark. (2013) tarafından Batı Karadeniz ve Orta Karadeniz bölgesinden selekte edilen kiraz için anaç potansiyeline sahip 41 mahlep, 30 vişne ve 110 kiraz tipi ile yürütülen çalışma söz konusu genotipler morfolojik özellikler bakımından standart klonal anaç olan PHL-A, Maxma 14, Montmorency, Weiroot 158, Gisela 5, Gisela 6, ve SL 64 ile kıyaslanmıştır. Toplamda 42 UPOV özelliği hem klonal anaçlarda hem de selekte edilen tiplerde değerlendirilmiştir. Genotiplerin hepsinde morfolojik analizlere göre her bir genotip bir diğerinden ayırt edilmiştir. Dendogram 11 alt gruptan oluşan 8 ana gruba ayrılmıştır. İlk grup 4 alt gruptan oluşmuş olup, Gisela 5, Gisela 6 ve Maxma 14 gibi 14 klonal anacı içeren 175 genotipi ile birlikte yer almıştır. İkinci grup 08C056, PHL-A, Weiroot 158 ve Montmorency genotipinden oluşmuştur. Diğer 6 grup sadece SL 64 klonunun içinde bulunduğu diğer genotiplerden oluşmuştur. Yine Koç ve Bilginer (2013) 88 kiraz, 16 vişne, 9 mahlep genotipini yetiştiriciliği yapılan kiraz çeşitlere anaç olarak kullanımını belirlemek için Samsun ilinden selekte etmişlerdir. Morfolojik özellikler benzer klon anaçları kullanılarak karşılaştırılmıştır. Elde edilen veriler PCA (principal component analysis) analizi kullanılarak analiz edilmiş ve toplam varyasyonu % 70.37 olarak belirlenmiştir. Oluşturulan dendogramda 7 ana grup belirlenmiş ve Gisela 5, Gisela 6, Maxma 14 aynı grupta yer alırken, Weiroot 158 ve PHL-A

aynı grupta yer almışlardır. Montmorency klon anacı ise söz konusu çalışmada seçilen genotipler arasında yer almıştır. Aynı çalışmada SL 64 nolu genotip ise ayrı grupta yer almıştır. Bu çalışmada elde edilen

bulgularla bazı farklılıklar olmasına rağmen genetik benzerlik açısından benzer bulgular elde edilmiştir. Elde edilen farklı bulgular morfolojik veriler ile kullanılan markır sisteminden kaynaklanmış olabilir.



Şekil 1. Bazı kiraz anaçlarının RAPD markırlarıyla analizi sonucu elde edilen dendogram

Figure 1. Dendogram of obtained results from analysis with RAPD markers in some cherry rootstocks

Diğer taraftan Özyurt ve ark. (2013) Tokat yöresinden seçmiş oldukları 29 *Prunus mahaleb* L. genotipinin genetik ilişkisini 15 adet ISSR markörü ile belirlemişler ve SL 64 genotipini referans olarak kullandıklarında söz konusu 29 *Prunus mahaleb* L. genotipinin hepsinin genetik olarak birbirinden uzak olduğunu rapor etmişlerdir. Dolayısıyla bu çalışmada da SL 64 genotipi 20 anaç genotipi arasında en uzak genotip olarak yer almıştır. Yine ülkemizde 8 Simple Sequence Repeat (SSR) primeri kullanılarak CAB6P, Maxma 60, Maxma 14, PHL-C, SL 64 ve daha önce tanımlanmamış anaçlar arasındaki genetik çeşitlilik incelenmiştir. SSR primerleri ile toplam 42 allel belirlenmiş ve bütün alleller polimorfik bulunmuştur. Elde edilen heterozigotluk 0.79 iken beklenen

heterozigotluk 0.58 olarak belirlenmiştir. Söz konusu çalışmada SL 64 ve Maxma 14 aynı grupta yer almasına rağmen düşük benzerlik oranına sahip olmuşlardır (Eroğul ve Çakır, 2015). Fakat bu çalışmada SL 64 ve Maxma genotipleri farklı gruplarda yer almışlardır. Bunun nedeni ise yine kullanılan markır sistemleri elde edilen polimorfik bant sayısı olabilir. Türkoğlu ve ark. (2012) Karadeniz Bölgesi'nden toplanan 40 mahlep genotipini karakterize etmek için SSR analiz yöntemi kullanmışlardır. Elde edilen sonuçlar 40 mahlep genotipi için genetik ilişkilerinin farklı olduğu ve genetik farklılığın 0.05 ile 1.00 arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir. SSR sonuçlarına göre genetik olarak benzer genotiplerin olmadığını rapor etmişlerdir.

Lisek ve ark. (2006) 3 farklı kiraz anacı olan PHL-A, PHL-B ve PHL-C genotiplerinin genetik benzerliklerini RAPD markırları ile test etmişler ve RAPD tekniğinin 3 kiraz anacı arasındaki benzerliklerin ortaya konulmasında etkili bir yöntem olduğu beyan etmişlerdir. Acunalp (2012) tarafından Isparta- Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü'den temin edilen 45 kiraz genotipinin kapsamlı genetik tanımlanmasına yönelik yapılan çalışmada çeşitler arası benzerlik oranları bulunarak, sinonim ve aynı çeşitler belirlenmiştir.

Lisek ve Rozpara (2009) tarafından ISSR tekniği kullanarak 18 vişne çeşidi (*Prunus cerasus* L.) ile 24 kiraz çeşidi ve 9 adet anacın genetik benzerliğini incelemişler ve en yüksek polimorfizm anaçlardan (% 71.2) elde etmişlerdir. Vişnede % 50.7 ve kirazda ise % 39.5 elde etmişlerdir. Çalışmaya göre vişne çeşitleri ve kiraz anaçları arasında geniş bir genetik çeşitlilik gözlemlenmiştir. En büyük farklılık Gisela ve F12/1 anaçları arasında elde edilmiştir. Lisek ve Rozpara (2009), *Prunus*'ların farklı türleri arasındaki genotiplerin etkisinden dolayı bunun muhtemel olduğunu belirtmiştir. Anaçlar arasında en yüksek benzerlik Gisela ve PHL serileri arasında gözlemlenmiştir. Bu çalışmada kullanılan PHLA ve Gisela 5 anaçlar arasında oldukça büyük farklılığın olması ve farklı gruplarda yer alması bakımından ayrıca anaçlar arasındaki farklılıkların yüksek olması bakımından söz konusu çalışmaya ait bulgularla uyum içerisindedir.

## Sonuç

Yürütülen bu çalışmayla dünyada kiraz üretiminde oldukça önemli bir konumda olan ülkemizde, kirazlara anaç olarak kullanılan ve/veya kullanılacak bazı genotiplerin

genetik olarak birbirine benzer veya farklı olduğu RAPD moleküler markır yöntemi ile belirlenmiştir. Çalışmada 2 adet kuş Kirazı genotipi haricinde benzer genotip belirlenmemiştir. Bütün kuş kirazı genotipleri ile İdris genotipi diğer kiraz klon ayrılabilmiştir. Sonuç olarak, çalışmada genotipler arasında geniş bir varyasyon elde edilmiştir. Sonuçlar genetik kaynakların korunmasında oldukça yararlı olmasının yanında, melezleme çalışmalarında avantaj sağlayabilir niteliktedir. Aynı zamanda çöğür anaçlar ile fidan üretimi yapılırken rastgele seçilmiş tohumlarla üretim yapmak yerine genetik olarak benzerlik gösteren materyalle fidan üretimi yapmak yerinde ve doğru bir tercih olacaktır. Ayrıca mevcut çalışmanın sonuçları RAPD moleküler markır yönteminin kiraz anacı genotiplerin benzerliğin belirlenmesinde oldukça kullanışlı bir yöntem olduğunu göstermiştir.

## Kaynaklar

- Acunalp, S., 2012. Ekonomik öneme sahip yerli kiraz genotiplerinin SSR'a dayalı genetik karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, 66s.
- Cai, Y.L., Cao, D.W., Zhao, G.F., 2007. Studies on genetic variation in cherry germplasm using RAPD analysis. *Scientia Horticulturae*, 111: 248–254.
- Cummins, J.N., Aldwinckle, S.H., 1983. Breeding apple rootstocks. In: J.Janick (ed.). *Plant Breeding Reviews*, AVI Publ., Westport, Conn, p. 294-394.
- Demirsoy, L., Demir, T., Demirsoy, H., Okumuş, A., Kaçar, Y.A., 2008. Identification of some sweet cherry cultivars grown in Amasya by RAPD markers. *Acta Horticulturae*, 795: 147-153.
- Doyle, J.J., Doyle, J. L., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12:13-15.
- Ercisli, S. 2004. A short review of the fruit germplasm resources of Turkey. *Genetics Resources and Crop Evolution* 51: 419–435.
- Ercisli, S., Esitken, A., Orhan, E., Özdemir, O., 2006. Rootstocks used for temperate fruit trees in Turkey: An overview. *Sodininkyste ir Darzininkyste*, 25 (3):27-33.
- Eriş, A., Barut, E., 2000. Ilıman iklim Meyveleri –1, Uludağ Üniversitesi Ders Kitabı. Bursa, No: 6, 83 s.

- Eroglu, D., Cakir., B. 2015. Molecular characterization of cherry genotypes and rootstocks by using *Prunus* SSR sequences. *Austin Journal of Biotechnology & Bioengineering*, 2(3): 1044.
- Fabbri, A., Hormaza, J.I., Polito, V.S., 1995. Random amplified polymorphic DNA analysis of olive cultivars. *J Journal of the American Society for Horticultural Science*, 120:538-542.
- Kafkas, S., Özgen, M., Doğan, Y., Özcan, B., Ercişli, S., Serçe, S., 2008. Molecular characterization of mulberry accessions in Turkey by AFLP markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 4: 593–597.
- Koc, A., Bilgener, Ş., 2013. Morphological characterization of cherry rootstock candidates selected from Samsun Province in Turkey. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 37(5), 575-584.
- Koc, A., Celik, Z., Akbulut, M., Bilgener, S., Ercişli, S., Gunes, M., Esitken, A., 2013. Morphological characterization of cherry rootstock candidates selected from Central and East Black Sea Regions in Turkey. *The Scientific World Journal*, doi: 10.1155/2013/916520,
- Lagercrantz, U., Ellegren, H., Anderson, L., 1993. The abundance of various polymorphic microsatellite motifs differs between plants and vertebrates. *Nucleic Acids Research*, 21:1111–1115.
- Landry, B.S., Li, R.Q., Cheung, W.Y., Granger, R.L., 1994. Pyloheny analysis of 25 apple rootstock using RAPD markers and tactical gene tagging. *Theoretical and Applied Genetic*, 89 :847-852.
- Lisek, A., Korbin, M., Rozpara, E., 2006. Using simple generated rapd markers to distinguish between sweet cherry cultivars. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 14 (1)58-59.
- Lisek, A., Rozpara, E., 2009. Identification and genetic diversity assessment of cherry cultivars and rootstocks using the ISSR-PCR technique. *Journal of Fruit Ornamental Plant Research*, 17: 95–106.
- Lu, Z.X., Reighard, G.L., Baird, W.V., Abbott, A.G., Rajapakse, S., 1996. Identification of peach rootstock cultivars by RAPD markers. *HortScience*, 31: 127-129.
- Melounová, M., Vejil, P., Sedlák, P., Reznerová, A., Tesařová, M., Blažek, J., Zoufalá, J., 2004. The variability of *Venturia inaequalis* CKE. Races in the Czech Republic and the accumulation of resistance genes in apple germplasm. *Plant Soil and Environment*, 50, (9): 416–423.
- Mratanic, E., Fotiric-Aksic, M., Jovkovic, R., 2012. Analysis of wild sweet cherry (*Prunus avium* L.) germplasm diversity in South-East Serbia. *Genetika*, 44 (2): 259-268.
- Ognjanov, V., Ljubojevic, M., Ninic-Todorovic, J., Bosnjakovic, D., Barac, G., Cukanovic, J., Mladenovic, E., 2012. Morphometric diversity in dwarf sourcherry germplasm in Serbia. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 87(2): 117-122.
- Ortiz, A., Renaud, R., Calzada, I., Ritter, E., 1997. Analysis of plum cultivars with RAPD markers. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 72.1-9.
- Ozyurt, K. I., Akca, Y., Ercişli, S., 2013. Molecular characterization of *Prunus mahaleb* L. rootstock candidates by ISSR markers. *Genetika*, 45(3):717-726.
- Özbek, S., 1978. Özel Meyvecilik. Ç.Ü. Yay. Yay. AÜ Basımevi, Ankara, No:128, 486 s.
- Özçağiran, R., Ünal, A., Özeker, E. İsfendiyaroğlu, M., 2003. İlman İklim Meyve Türleri. Sert Çekirdekli Meyveler Cilt-I. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları No: 553, İzmir, 213s.
- Pavlovic, N., Zdravkovic, J., Cvikic, D., Zdravkovic, M., Adzic, S., Pavlovic, S., Surlan-Momirovic, G., 2012. Characterization of onion genotypes by use of RAPD markers. *Genetika*, 2: 269–278.
- Pınar, H., Ercişli, S., Ünlu, M., Bircan, M., Uzun, A., Keles, D., Baysal, F., Atlı, S, H., Yılmaz, U, K., 2015. Determination of genetic diversity among some almond accession. *Genetika*, (1),13-22.
- Rehder, A., 1940. A manual of cultivated trees and shrub shardy in North America exclusive of the subtropical and warmer temperate regions. 2nd ed. Macmillan, New York, New York, USA, 996p.
- Rom, R.C., Carlson, R.F., 1987. Rootstocks for fruit crops. New York: J Wiley. 494p.
- Schnell, R.J., Ronning, C.M., Knight Jr, R.J., 1995. Identification of cultivar and validation of genetic relationships in *Mangifera indica* L. Using RAPD markers. *Theoretical and Applied genetics*, 90:269-274.
- Sierotzki H, Eggenschwiler M, Boillat O, McDermott J.M. Gessler C., 1994. Detection of variation in virulence toward apple cultivars in natural populations of *Venturia inaequalis*. *Phytopathology*,84: 1005–1009.
- Smith, J.S.C., Smith, O.S., 1992. Finger printing crop varieties. *Advances and Agronomy*, 47: 85-140.
- Stiles, J.L., Lemme, C., Sondur, S., Morshidi, M.B., Manshadt, R., 1993. Using randomly amplified polymorphic DNA for evaluating genetic relationships among papaya cultivars. *Theoretical and Applied genetics*, 85: 697-701.
- Tenzer, I., Gessler, C., 1997. Subdivision and genetic structure of four populations of *Venturia inaequalis* in Switzerland. *European Journal of Plant Pathology*, 103: 565–571.
- Tenzer, I., Gessler, C. 1999. Genetic diversity of *Venturia inaequalis* across Europe. *European Journal of Plant Pathology*, 105: 545–552.
- Türkoglu, Z., Koc, A., Ercişli, S., Bilgener, S., Akbulut, M., Yıldırım, N., Gerçekcioglu, R., Esitken, A., Gunes,



2012. Genetic relationship among *Prunus* rootstocks for sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars. *Plant Genetic Resources-Characterization and Utilization*, 10(2):101-107.
- Warburton, M.L., Bliss, F.A., 1996. Genetic diversity in peach revealed by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and compared to inbreeding coefficient. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 121:1012-1019.
- Webster, A.D., 2001. Rootstocks for temperate fruit crops: Current uses, future potential and alternative strategies. *Acta Hort*, 557:25-34.
- Welsh, J., McClelland, M., 1990. Finger printing genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, 18:7212-7218.
- Williams, J.G.K., Kubelik, A.R.K., Livak, J.L., Rafalski, J.A., Tingey, S.V., 1990. DNA polymorphisms amplified by random primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18:6531-6535.
- Yaman, B. 2003. Yabancı Kiraz (*Cerasus avium* (L.) Moench). *Gazi Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi*, 3(1): 114-122.