

Kayısı (*Prunus armeniaca* L.) Çeşitlerinin SSR Belirteçleriyle Moleküler Karakterizasyonu

Ferhat EHLİZ^{*1}, Yaşar KARAKURT¹, Civan ÇELİK¹

Ziraat Fakültesi Dergisi,
Cilt 16, Sayı 1,
Sayfa 79-85, 2021

Journal of the Faculty of Agriculture
Volume 16, Issue 1,
Page 79-85, 2021

Özet: Türkiye dünya kayısı yetiştiriciliği ve ihracatında söz sahibi olan ülkelerden birisidir. Bu çalışmada, Mersin Mut Topluca Köyü çiftçi bahçelerinden temin edilen 7 farklı kayısı çeşidinde SSR belirteç tekniği kullanılarak kayısı çeşitleri arasındaki farklılıklar araştırılmıştır. SSR belirteçleri ile yapılan analizler sonucunda kayısı çeşitleri NTSYS-pc programı kullanılarak UPGMA yöntemi ile gruplandırılmıştır. Analiz sonucunda kayısı çeşitleri arasında iki ana grup ortaya çıkmış ve bu iki grubun benzerlik katsayıları 0,677-0,938 arasında değişim göstermiştir. İlk ana grup kendi içinde alt gruplardan meydana gelmiştir. Birinci alt grupta İğdır Şalağı, Septik ve Şekerpare, ikinci alt grupta ise İtalyan Tokalı ve Çağataybey yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grupta Al, ikinci alt grupta, Bebeko yer almıştır. İğdır şalağı ve Septik çeşitleri birbirinden ayırt edebilecek polimorfizmler üretilememiş ve bu nedenle iki çeşit bir arada gruplanmıştır. İğdır şalağı, Septik ve Şekerpare; İtalyan tokalı ve Çağataybey; Al ve Bebeko arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir. En düşük benzerlik değeri Al ile İtalyan tokalı arasında 0,677 olarak tespit edilmiştir. En yüksek benzerlik katsayısı değeri (0,9389) Septik ve İğdır Şalağı çeşitleri arasında belirlenmiştir. Türkiye’de yetiştirilen kayısı çeşitlerine ait olan SSR bulguları, ülkede yapılan ıslah çalışmaları için ebeveyn seçiminde ve meyve kalite parametrelerindeki farklılık veya bazı özel hastalıklara dayanım gibi faktörlerin belirlenmesinde önemli bir yol gösterici olabilir. Ayrıca, kayısı çeşitlerinin yayılım alanlarının belirlenmesi, genetik koleksiyonların karşılaştırılması, kayısı çeşitlerinin karakterizasyonu için kullanılabilir.

Anahtar Kelimeler: *Prunus armeniaca*, moleküler markör, genetik karakterizasyon, SSR

Molecular Characterization of Apricot (*Prunus armeniaca* L.) Cultivars with SSR Markers

Abstract: Turkey, is one of the leading countries in terms of apricot production and export in the world. In this study, the differences between apricot genotypes were investigated using SSR marker technique in 7 different apricot varieties obtained from Mersin Mut Topluca Village private garden. As a result of the analysis with SSR markers, apricot cultivars were grouped with UPGMA method by using NTSYS-pc program. At the end of the analyses, two main groups emerged among apricot cultivars and the similarity coefficients of these two groups varied between 0.677-0.938. The first main group consisted of subgroups within itself. İğdır Şalağı, Septik and Şekerpare were in the first sub group, and Italian Tokalı and Çağataybey were in the second sub group. The second main group was divided into 2 sub-groups. Al was in the first sub-group and Bebeko was in the second sub-group. Polymorphisms that can distinguish the İğdır Şalağı and Septik cultivars from each other could not be produced and therefore the two cultivars were grouped together. Close correlations were observed among İğdır şalağı, Septik and Şekerpare, between İtalyan tokalı and Çağataybey; and between Al and Bebeko cultivars. The lowest similarity value was determined between Al and İtalyan Tokalı as 0.677. The highest similarity coefficient value (0,9389) was determined between the Septik and İğdır Şalağı cultivars. The SSR findings belonging to the apricot varieties grown in Turkey can be an important guide in determining the factors such as the choice of parents and the difference in fruit quality parameters or resistance to some special diseases for the breeding studies carried out in the country. In addition, they can be used to determine the spreading areas of apricot cultivars, to compare genetic collections and to characterize apricot cultivars.

*Sorumlu yazar (Corresponding author)
ferhatehliz@gmail.com

Alınış (Received): 03/02/2021
Kabul (Accepted): 03/05/2021

¹Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi,
Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji
Bölümü, Isparta, Türkiye.

Keywords: *Prunus armeniaca*, molecular marker, genetic characterization, SSR

1. Giriş

Kayısı, *Rosaceae* familyasında yer almakta olup, *Prunus armeniaca* L. (*Armeniaca vulgaris* Lam.) olarak isimlendirilmektedir. Anavatanı Çin'e kadar uzanmaktadır (Bailey ve Hough, 1975). Kayısı dünya üzerinde birçok ülke de ve farklı iklim koşullarında yetişebilmektedir (Bailey ve Hough, 1975). 2017 yılı itibarıyla FAO verilerine göre; dünyada kayısı üretimi yapılan alanların %23,3'ü Türkiye'de bulunmaktadır. Türkiye'yi Cezayir, Özbekistan ve Pakistan takip etmektedir.

Kayısı meyvesi, taze veya kurutulmuş şekilde tüketiciler tarafından tercih edilebilir. (Yarılgaç ve Kazankaya, 2002). Dünya üzerinde taze kayısı üretimi yaklaşık 4,3 milyon tondur. Türkiye, 985 bin tonluk üretimle dünya taze kayısı üretiminde birinci sırada yer alırken 64 bin tonluk ihracat miktarı ile de ikinci sırada yer almaktadır. Aynı zamanda kuru kayısı ihracatı dünyada toplam 115 bin tonluk olup, Türkiye tarafından bunun 95 bin tonunun (%82,6) ihracatı gerçekleştirilmektedir (FAO, 2019). Üretilen kayısının önemli bir bölümü kuru kayısı olarak değerlendirilmektedir. Kurutmalık dışında kalan kayısı genellikle sofralık ve meyve suyu sanayinde iç piyasada tüketilmektedir. Kayısı çekirdeklerinin tatlı olanları çerezlik olarak, acı çekirdekler ise, ilaç ve kozmetik sanayinde değerlendirilmektedir (Tarım ve Orman Bakanlığı, 2019).

Günümüzde seleksiyon ile seçilmiş türlerin birbirleri ile olan akrabalık ilişkilerini, en dayanıklı çeşidin belirlenmesi gibi seçim konularında fenotipik gözlemler ve morfolojik ölçümler günümüzde yeterli gelmemektedir. Fakat biyoteknolojideki yeni gelişmeler ışığında, bitkilerdeki genetik varyasyonların belirlenmesi, sınıflandırılmasında ve akrabalık düzeyinin belirlenmesinde biyokimyasal belirteçler geliştirilmiş ve son yıllarda genetik analizler başarılı bir şekilde kullanılmakta olup moleküler seviyede çalışmalar hız kazanmıştır (Scarano ve ark., 2002; Kafkas ve ark., 2005; Thomas ve ark., 2006; Ercişli ve ark., 2008; Kafkas ve ark., 2008; Halasz ve ark., 2010; Turkoglu ve ark., 2010).

Son yıllarda çokça kullanılan moleküler DNA belirteçleri, genomun her noktasını temsil etme yeteneğine sahiptirler. Çevreden bağımsız olarak arzulanan genlerin doğrudan takibi ve seleksiyonu bu belirteçlerle mümkün olmaktadır (Yıldırım ve Kandemir 2001).

İzoenzim ve RAPD gibi DNA tabanlı analizler birçok araştırmacı tarafından yapılmıştır (Özkaya ve ark., 2006). RAPD tekniğinin tekrarlanabilirliğinin düşük olması ve transkripsiyon sonrası değişimler göstermesi sebebiyle ve izoenzimlerin güvenilirliğinin az olması nedenleri ile araştırmacılar daha net ve güvenilir sonuçlar alabilecekleri SSR ve AFLP gibi teknikleri kullanmaya başlamıştır. Bu tekniklerden SSR belirteçleri, tekrarlanabilirliği,

polimorfizm oranlarının yüksek oluşu ve kodominant karakterli oluşundan dolayı daha fazla tercih edilmektedirler.

Çalışmasında 7 kayısı çeşidi kullanılmış olup, 15 SSR primeri ile genetik tanımlamaları yapılmıştır. Elde edilen genetik bulgular ile popülasyon içi genetik benzerlikler, akrabalık dereceleri ve popülasyona ait DNA kimlik bilgilerinin (allel verileri) tespit edilmesi amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Metot

2.1. Bitkisel materyaller

Çalışmada Mersin Mut Topluca Köyü çiftçi bahçelerinden temin edilen 7 farklı kayısı çeşidi (İğdır şalağı, Septik, Şekerpare, İtalyan tokalı, Çağataybey, Al ve Bebeko) kullanılmıştır.

2.2. Çalışmada kullanılan SSR primerleri

SSR primeri olarak, Roose (2009) tarafından tespit edilen primerler kullanılmıştır (Tablo 1).

2.3. DNA izolasyonu

İsparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölüm Laboratuvarına getirilen 7 farklı çeşidine ait kayısı yaprakları çalışmada kullanılmak üzere -80°C'de muhafaza edilmiştir. Yapraklara ait DNA izolasyonları CTAB yöntemine (Khan ve ark., 2004) göre yapılmıştır. İzole edilen DNA örnekleri -20°C'de muhafaza edilmiştir.

2.4. PZR reaksiyon ve amplifikasyon koşulları

PZR reaksiyonları için 5 µl PZR buffer, 2 µl dNTP, 4 µl MgCl₂, 1 µl Taq polimeraz, 2 µl forward primer, 2 µl reverse primer, 3 µl DNA ve 32 µl dH₂O eklenerek toplam hacmi 50 µl olan karışım hazırlanmıştır. Primer çiftlerinin çalışma prensiplerine göre 3 farklı PZR protokolü uygulanmıştır. Bu amaçla, I. PZR protokolü 95°C'de 3 dakika, ardından 30 döngü 95°C'de 1 dakika, 45°C'de 1 dakika, 72°C'de 1 dakika olacak şekilde ayarlanarak "Thermal Cycler" cihazına konulmuştur. Döngüler tamamlandıktan sonra 72°C'de 10 dakika tutulduktan sonra işlem tamamlanmıştır. Bu uygulamada, RHMO03, CHO4E, CHO410, UDO24, UDO99 primer çiftleri kullanılmıştır. PZR sonrası lokuslara ait PZR ürünleri %1,2'lik agaroz jelde kontrol edildikten sonra, amplifikasyonun gerçekleştiği doğrulanmıştır. II. PZR protokolü, 95°C'de 3dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 95°C'de 60 sn, 52°C'de 60 sn, 72°C'de 60 sn ve son olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. Bu uygulamada, DCA4, DCA4D primer çiftleri kullanılmıştır. III. PZR protokolü, 95°C'de 3dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 95°C'de 60

Tablo 1. Kayısı çeşitleri için kullanılan primer çiftlerinin isimleri ve baz dizimleri

LOKUS	İleri ve Geri Primerler	PRİMER SEKANSLARI
GAPU19	F R	GATCAGTGTACTACGGTTC TCTGTCACAACCTGCGGTA
RİM020	F R	ATTCAAGAGCTTAACTGTGGGC CAATATGCCATCCACAGAGAAA
GAPU103	F R	TGAATTTAACTTTAAACCCACACA GCATCGCTCGATTTTTATCC
DCA4D	F R	TTAACTTTGTGCTTCTCCATATCC AGTGACAAAAGCAAAGACTAAAGC
DCA4	F R	TTAACTTTGTGCTTCTCCA CCAGTGACAAAAGCAAAG
GAPU59	F R	CCCTGCTTTGGTCTTGCTAA CAAAGTGCACTTTCTCTCG
RHMO03	F R	CCATCTCAATTCAGTTCTTCC AGCAGAATCGGTTCTTACAAGC
CHO4E	F R	TTGAAGATGTTGGCTGTGC TGCATGTCTGTCTCCTCCAT
GD147	F R	TCCCGCCATTTCTCTGC AAACCGCTGCTGCTGAAC
CHO410	F R	CAAAGATGTGGTGTGAAGAGGA GGAGGCAAAAAGAGTGAACCT
UDO99	F R	AAAAACACAACCCGTGCAAT AAATTCCTCAAGCCGATCT
GAPU101	F R	CATGAAAGGAGGGGGACATA GGCACTTGTGTGCGAGATTG
RİM0036	F R	AGCAACCACCCTCAACTAAT CTAGCAGAATCACCTGAGGCTT
UDO24	F R	GGATTTATTTAAAAGCAAACATACAAA CAATAACAAATGAGCATGATAAGACA
GD15	F R	CGAAAGTGAGCAACGAACCTCC ACTCCATCATCGGGTGGTG

sn, 52°C'de 60 sn, 72°C'de 60 sn ve son olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. Bu uygulamada, GAPU19, GAPU59, GAPU101, GAPU103, GD147, GD15, RİM020, RİM036 primer çiftleri kullanılmıştır.

2.5. PZR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi

PZR ürünleri %1,2'lik agaroz jele yüklenmiş ve 90 voltta 45 dakika yürütülmüştür. Jel etidyum bromid ile boyanarak, görüntüleme cihazı yardımı ile UV ışık altında bantların değerlendirilmesi yapılmıştır.

2.6. Verilerin analizi

Çalışmada, çeşitlere ait genetik analizler Sellı ve ark., (2007) belirtildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Buna göre genetik parametre olarak allel sayısı (n), allel frekansı, beklenen (He) ve gözlenen heterozigotluk (Ho) ve tespit olasılığı (PBI, Probability of Identity) değerleri IDENTITY 1.0 (Wagner ve Sefc, 1999) yazılım programı ile belirlenmiştir. Daha sonra benzerlik oranı indeksleri Microsat (Minch ve ark., 1995) programı kullanılarak tespit edilmiştir. Elde edilen benzerlik indeksi ile NTSYS (versiyon 2.02g, Exeter Software, Setauket, NY) programı üzerinden UPGMA metodu kullanılarak, çeşitlerin birbiriyle genetik uzaklıklarını gösteren dendrogram oluşturulmuştur.

3. Bulgular

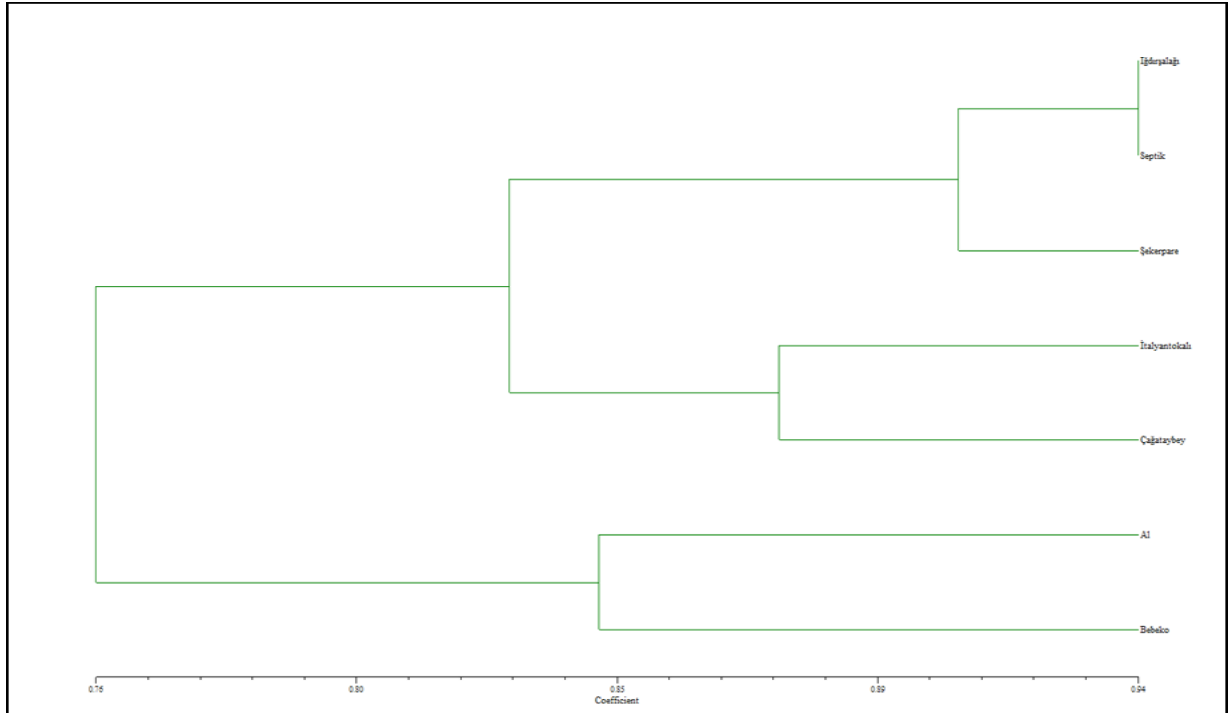
Çalışmada kullanılan kayısı çeşitleri için 15 SSR primer çifti kullanılarak çeşitler arasındaki genetik farklılık belirlenmiştir. 15 SSR primer çifti kullanılarak yapılan SSR analizi sonucunda toplam allel sayısı 177, spesifik allel sayısı 61 ve bant büyüklüğü ise ortalama 172-323 bp arasında belirlenmiştir. Locus başına düşen allel sayısı 3-16 arasında, ortalama ise 11,8 olarak belirlenmiştir. Genel olarak primer çiftleri için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. GD147, CHO 410, CHO 4E ve GAPU 19 primerlerinde gözlenen heterozigotluk (Ho) değerlerinin beklenen heterozigotluk (He) değerlerinden daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, en fazla allel sayısı RİM036 (16 adet) primerinde, en yüksek beklenen heterozigotluk RİM020 (0,862) primerinde, en yüksek gözlenen heterozigotluk değeri ise GD147 (0,841) primerinde gözlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,039 ve 0,84 arasında değişim göstermiştir. En düşük PBI değeri GD15(0,039) primerinde, en yüksek ise GD147(0,83) primerinde belirlenmiştir. Tespit olasılığı (TO), 0,063 ve 0,947 aralığında değişim göstermiştir. En düşük tespit olasılığı RHMO03 (0,063) primer çiftinde ve en yüksek tespit olasılığı ise GD15 (0,947) primer çiftinde belirlenmiştir (Tablo 2).

Tablo 2. Kayısı SSR primer kombinasyonlarından elde edilen allel sayısı, bant büyüklüğü, gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk durumu, tespit olasılığı (TO) ve polimorfik bilgi içeriği (PBi) değerleri

Primer	Allel sayısı	Spesifik Allel Sayısı	Bant Büyüklüğü (bp)	Ho	He	TO	PBi
UDO99	12	3	200-452	0,678	0,701	0,79	0,81
DCA4	12	3	152-391	0,71	0,80	0,39	0,621
GAPU59	9	3	211-339	0,69	0,74	0,806	0,72
GAPU103	12	4	139-332	0,711	0,782	0,310	0,651
GD147	15	5	127-181	0,841	0,833	0,070	0,84
GD15	3	1	136-163	0,019	0,022	0,947	0,039
RİM036	16	6	216-372	0,650	0,851	0,163	0,431
RHM003	15	5	217-298	0,67	0,86	0,063	0,74
RİM020	13	5	211-382	0,534	0,862	0,220	0,459
UDO24	13	4	228-458	0,661	0,695	0,092	0,821
GAPU 101	12	6	146-334	0,711	0,808	0,263	0,659
CHO 410	12	4	168-236	0,762	0,715	0,082	0,803
CHO 4E	12	5	148-231	0,739	0,715	0,089	0,82
DCA 4D	12	4	138-403	0,69	0,83	0,41	0,633
GAPU 19	9	3	151-278	0,65	0,62	0,35	0,581
Toplam	177	61					
Ortalama	11,8	4,06	172-323	0,648	0,722	0,336	0,641

Tablo 3. Kayısı çeşitleri arasında Dice benzerlik katsayısı metoduna göre hesaplanan benzerlik değerleri

	İğdir şalağı	İtalyan tokalı	AI	Septik	Şekerpare	Çağataybey	Bebeko
İğdir şalağı	1,00						
İtalyan tokalı	0,80	1,00					
AI	0,723	0,677	1,00				
Septik	0,938	0,831	0,692	1,00			
Şekerpare	0,908	0,800	0,692	0,908	1,00		
Çağataybey	0,892	0,877	0,800	0,831	0,831	1,00	
Bebeko	0,846	0,738	0,846	0,815	0,815	0,831	1,00

**Şekil 1.** SSR primer çiftleri ile kayısı çeşitlerinin UPGMA metodu ile gruplandırılması

Dice benzerlik katsayısı değeri kullanılarak çeşitlerin birbirleri ile olan ilişkilerini açığa çıkarmak için gruplandırma analizi UPGMA metodu kullanılarak NTSYS-pc programı ile yapılmış olup elde edilen gruplandırmanın benzerlik değerleri 0.76-0.94 arasında değişim göstermiştir. Kayısı çeşitleri arasında yapılan grup analizinde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde alt gruplardan meydana gelmiştir. İlk alt grupta İğdır şalağı, Septik, Şekerpare ikinci alt grupta İtalyan tokalı, Çağataybey yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grupta Al, ikinci alt grupta Bebeko yer almıştır. İğdır şalağı ve Septik çeşitlerini birbirinden ayırt edebilecek polimorfizmler üretilememiş ve bu nedenle iki çeşit bir arada gruplanmıştır. İğdır şalağı, Septik ve Şekerpare; İtalyan tokalı ve Çağataybey; Al ve Bebeko arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir (Şekil 1).

Kayısı çeşitleri için benzerlik matrisi Dice benzerlik katsayısı metodu kullanılarak NTSYS-pc programı yardımı ile hesaplanmıştır. Tüm çeşitlerin kullanılarak hesaplandığı Dice benzerlik katsayısı değerleri Tablo 3' te verilmiştir. Dice benzerlik katsayısı metodu kullanılarak bulunan benzerlik katsayıları 0,677-0,938 arasında değişim göstermiştir. En düşük benzerlik değeri Al ile İtalyan tokalı arasında 0,677 olarak tespit edilmiştir. Septik ile İğdır şalağı arasındaki benzerlik katsayısı ise 0,938 olarak en yüksek benzerlik değeri olarak belirlenmiştir.

4. Tartışma

Hormaza (2002), kayısı genotiplerinin genetik ilişkilerini belirlemek ve karakterize etmek için farklı coğrafik alanlardan seçilmiş 48 kayısı çeşidi ve farklı *Prunus* çeşitlerinde geliştirilmiş 37 SSR primer çifti kullanmıştır. Bu primer çiftlerinin 31'i tam amplifikasyon ile sonuçlanmış ve bu primerlerin 20'si, 48 kayısı genotipinin karakterizasyonunda kullanılmıştır. 20 lokusta toplam 82 allel gözlenmiştir. Çalışılan tüm genotipler birbirinden ayırt edilebilmiştir. Bizim çalışmamızda ise toplam 117 adet allel belirlenirken bunun 61'inin spesifik allel olduğu gözlenmiştir. Bant büyüklüğünün ise ortalama 172-323bp arasında olduğu tespit edilmiştir. Sánchez-Perez ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada, İspanya, Kuzey Amerika, Fransa ve Yunanistan'dan 8 kayısı çeşidinin moleküler karakterizasyonunda 17 şeftali SSR belirteci kullanmışlardır. 17 primer çifti için SSR lokuslarının amplifikasyonunu elde etmişler ve 14 primerin polimorfik amplifikasyon ürettiğini bildirmişlerdir. Çoğu primer 3 allel veya daha fazlasını ortaya koymuş olmasına rağmen, SSR analizi ile ortaya konulan alellerin sayısı 1 ile 9 arasında değiştiği ve lokus başına ortalama allel sayısının 4.1 olduğunu tespit etmişlerdir. Sonuç olarak analiz edilen tüm kayısı genotiplerinin moleküler tanımlanmasına izin verdiği ve kayısı genotipleri, kökenlerine ve soylarına göre 7 ana gruba ayrıldığını vurgulanmışlardır. Çalışmamızda

ise lokus başına düşen allel sayısının 3-16 arasında, ortalamanın 11,8 olduğu belirlenmiştir.

Farklı tür ve çeşitlerde geliştirilen diğer çalışmalarda da benzer sonuçlar olduğu gibi farklılıkların olduğu da araştırmacılar tarafından bildirilmiştir. Rotondi ve ark. (2003), SSR ve AFLP markörlerinin morfolojik verilerinin benzerlik gösterdiğini ve morfolojik ayrımlarla tanımlanamayan sinonim ve homonimlerin DNA markörleri aracılığı ile ayırt edilebildiklerini bildirmişlerdir. Gemas ve ark. (2004) Portekiz'den 30, Akdeniz ülkelerinden ise elde ettikleri 8 genotip arasındaki genetik farklılığı ortaya koymak amacıyla ISSR, SSR ve AFLP teknikleri kullanmışlardır. Araştırma sonucunda 38 genotipi birbirinden ayır etmişlerdir. Bourguiba ve ark. (2010)'nın yapmış oldukları bir çalışmada, Tunus'ta bulunan ve 81 farklı kültür alanlarından toplanmış olan kayısı çeşitleri için AFLP ve SSR belirteçleri kullanarak kayısı çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliği ortaya koymuşlardır. 5 AFLP primer ve 24 SSR lokusu kullanarak toplam 339 polimorfik belirteç kombinasyonunun ortaya çıkarıldığını bildirmişlerdir. AFLP için %100, SSR belirteçleri için %97 verimlilik katsayısına sahip ve kayısı çeşitleri arasındaki ayrımı sağlayan yüksek düzeyde bir polimorfizm elde etmişlerdir. Sonuçta hem AFLP hem de SSR belirteçlerin kombinasyonu ele alındığında daha etkili sonuçların alınabileceğini bildirmişlerdir. Wunsch (2009) 10 *Prunus* türünde SSR markörlerinin türler arası kullanım olanaklarını araştırmıştır. Çalışma sonucunda 13 SSR lokusunun (BPPCT-002, BPPCT-004, BPCTT-007, BPPCT-010, BPPCT-014, BPPCT-026, CPPCT-006, pchms5, ps08e08, ps12a02, UDP96-005, UDP98-409, UDP98-410) 10 türde de başarı ile çoğaltılabildiğini ve elde edilen SSR lokuslarının söz konusu türlerde genetik tanımlamada kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Çalışmamızda kullanım olduğumuz SSR primelerinin de kayısı çeşitlerinde genetik tanımlamada kullanılabileceği söylenebilir. Farklı araştırmacılar tarafından ve farklı *Prunus* türlerinde SSR primerleri kullanılarak çok sayıda çalışmalar yapılmış ve türler arasındaki genetik ilişki ortaya konulmuştur (Boritzki ve ark., 2000; Cantini ve ark., 2001; Dirlewanger ve ark., 2002; Aranzana ve ark., 2003; Schueler ve ark., 2003; Ahmad ve ark., 2004; Decroocq ve ark., 2004; Rohrer ve ark., 2004; Acunalp, 2012; Turkoglu ve ark., 2012).

5. Sonuç

Bu veriler göz önüne alındığında bu çalışmada, kayısı çeşitlerinin genetik karakterizasyonunun tanımlanması, korunması ve belirlenmesi amacıyla Mersin Mut Topluca Köyü çiftçi bahçelerinden 7 farklı kayısı çeşidi temin edilip, bu kayısı çeşitlerinin genetik karakterizasyonu, SSR belirteçleri kullanılarak belirlenmiştir. Moleküler karakterizasyonu yapılan 7 kayısı çeşidinin kıyaslanması sonucu çeşitler arasında hem benzerlikler hem de farklılıklar tespit edilmiştir. Bitkilerdeki genetik çeşitliliği

ve akrabalık ilişkilerini tanımlamada kullanılan SSR belirteçleri büyük bir öneme sahiptir. Her türe özgü geliştirilen SSR belirteçleri türler arasındaki genetik çeşitliliği ve akrabalık ilişkisini daha spesifik bir şekilde belirlemesi sağlamaktadır. Herhangi bir türe özgü geliştirilen SSR belirteçleri yakın akraba olan çeşitler için kullanılabilir özelliktedir. Bu veriler ışığında, Türkiye’de yetiştirilen kayısı çeşitlerine ait olan SSR bulguları, ülkede yapılan ıslah çalışmaları için ebeveyn seçiminde önemli bir basamak oluşturabilir. Ayrıca, kayısı çeşitlerinin yayılım alanlarının belirlenmesi, genetik koleksiyonların karşılaştırılması, kayısı çeşitlerinin karakterizasyonu için kullanılabilir. Dolayısıyla elde edilen sonuçlar söz konusu kayısı çeşitlerinde gelecekte yürütülecek ıslah, yetiştiricilik ve genetik çalışmalarında, kullanılan SSR tekniği ve primerlerin kayısı SSR bilgi bankaları ile veri paylaşımına olanak sağlayacağı düşünülmektedir.

Kaynaklar

- Ahmad R, Potter D, Southwick SM (2004). Identification and characterization of plum and pluot cultivars by microsatellite markers. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 79: 164-169.
- Acunalp, S (2012). Ekonomik Öneme sahip yerli kiraz (*Prunus avium* L.) genotiplerinin SSRs (Simple Sequence Repeats) a dayalı genetik karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, Türkiye.
- Aranzana MJ, Pineda A, Cosson P, Dirlewanger E, Ascasibar J, Cipriani G, Ryder CD, Testolin R, Abbott A, King G, Iezzoni AF, Arus P (2003). A set of simple-sequence repeat (SSR) markers covering the *Prunus* genome. *Theoretical and Applied Genetics*, 106 (5): 819-825.
- Bailey CH, Hough LF (1975). Apricots, in: Janick J. Moore J N (eds.), *Advances in Fruit Breeding*. Purdue University Press, West Lafayette, pp. 367-384.
- Boritzki M, Plieske J, Struss D (2000). Cultivar identification in sweet cherry (*Prunus avium* L.) using AFLP and microsatellite markers. *Acta Horticulturae*, 538: 505-510.
- Bourguiba H, Khadari B, Krichen L (2010). Grafting versus seed propagated apricot populations: Two main gene pools in Tunisia evidenced by SSR markers and model-based Bayesian clustering. *Genetica*, 138: 1023-1032.
- Cantini C, Iezzoni AF, Lamboy W, Boritzki, M, Struss D (2001). DNA fingerprinting of tetraploid cherry germplasm using simple sequence repeats. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 126: 205-209.
- Decroocq V, Hagen LS, Favé MG, Eyquard JP, Pierronnet A (2004). Microsatellite markers in the hexaploid *Prunus domestica* species and parentage lineage of three European plum cultivars using nuclear and chloroplast simple-sequence repeats. *Molecular Breeding*, 13: 135-142.
- Dirlewanger E, Cosson P, Tavaud M, Aranzana MJ, Poizat C, Zanetto A, Arús, P, Laigret F (2002). Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 105: 127-138.
- Ercişli S, Agar G, Orhan E, Yildirim N, Hizarci Y (2008). Interspecific variability of RAPD and fatty acid composition of some pomegranate cultivars (*Punica granatum* L.) growing in Southern Anatolia Region in Turkey. *Biochemical Systematics and Ecology*, 35 (11): 764-769.
- Food and Agriculture Organization (FAO) (2019). Statistical data for apricot agriculture. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> (erişim tarihi: 18.07.2020).
- Gemas VJV, Almadanim MC, Tenreiro R, Martins A, Fevereiro P (2004). Genetic diversity in the olive tree (*Olea europaea* L. subsp. *europaea*) cultivated in Portugal revealed by RAPD and ISSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51 (5): 501-511.
- Halasz J, Pedryc A, Ercişli S, Yılmaz KU, Hegedus A (2010). S-genotyping supports the genetic relationships between Turkish and Hungarian apricot germplasm. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 135 (5): 410-417.
- Hormaza JI (2002). Molecular characterization and similarity relationships among apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes using simple sequence repeats. *Theoretical and Applied Genetics*, 104 (2): 321-328.
- Kafkas S, Özgen M, Dogan Y, Özcan, B, Ercişli S, Serce S (2008). Molecular characterization of mulberry accessions in Turkey by AFLP markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 133: 593-597.
- Khan IU, Yadav JS (2004). Development of a single-tube, cell lysis-based, genus-specific PZR method for rapid identification of mycobacteria: optimization of cell lysis, PZR primers and conditions, and restriction pattern analysis. *Journal of Clinical Microbiology*, 42: 453-457.
- Minch E, Ruiz-Linares A, Goldstein D, Feldman M, Cavalli-Sforza LL (1995). Microsat (version 1.4 d): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data.

- Özkaya MT, Cakir E, Ulaş M, Çelik M, Bakır M, Ergül A (2009). Mardin, Şırnak illeri zeytinlerinin (*Olea europaea* L.) seleksiyon yolu ile ıslahı ve seçilen tiplerin moleküler markörler aracılığıyla genetik tanımlanması üzerine araştırmalar. Araştırma Projesi, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi, 329.
- Rohrer JR, Ahmad R, Southwick SM, Potter D (2004). Microsatellite analysis of relationships among North American plums (*Prunus sect. Prunocerasus, Rosaceae*). Plant Systematics and Evolution, 244: 69-75.
- Roose ML (2009). Use of molecular markers to understand phylogeny and genetic diversity of citrus. PCR Primers for Citrus Germplasm Characterization.
- Rotondi A, Magli M, Ricciolini C, Baldoni L (2003). Morphological and molecular analyses for the characterization of a group of Italian olive cultivars. Euphytica, 132 (2): 129-137.
- Sanchez-Perez R, Ruiz D, Dicante F, Egea J, Martinez-Gomez P (2005). Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection and genetic relationships. Scientia Horticulturae, 103: 305-315.
- Scarano MT, Abbate L, Ferrante S, Lucretti S, Tusa N (2002). ISSR-PZR Technique: a useful method for characterizing new allotetraploid somatic hybrids of mandarin. Plant Cell Reports, 20: 1162-1166.
- Schueler S, Tusch A, Schuster M, Ziegenhagen B (2003). Characterization of microsatellites in wild and sweet cherry (*Prunus avium* L.) –markers for individual identification and reproductive processes. Genome, 46: 95-102.
- Selli FM, Bakır G, İnan H, Aygün Y, Boz AS, Yaşasın C, Özer B, Akman G, Söylemezoğlu K, Ergül A (2007). Simple sequence repeated –based assessment of genetic diversity in Dimrit and Gemre grapevine accessions from Turkey. Vitis, 46: 182-187.
- Tarım ve Orman Bakanlığı (2019). Kayısı bülteni. <https://www.tarimorman.gov.tr/BUGEM/Belgeler/M%C4%B0LL%C4%B0%20TARIM/KAYISI%20ARALIK%20B%C3%9CLTEN%C4%B0.pdf> (erişim tarihi: 18 Temmuz 2020).
- Thomas J, Vijayan D, Joshi SD, Lopez SJ, Kumar RR (2006). Genetic integrity of somaclonal variants in tea (*Camellia sinensis* L. O Kuntze) as revealed by inter simple sequence repeats. Journal of Biotechnology, 123: 149-154.
- Türkoğlu Z, Bilgener S, Ercişli S, Bakır M, Koc A, Akbulut M, Gerçekcioglu R, Gunes M, Esitken A (2010). Simple sequence repeat-based assessment of genetic relationships among prunus rootstocks. Genetics and Molecular Research, 9 (4): 2156- 2165.
- Türkoğlu Z, Bilgener S, Ercişli, Yıldırım N (2012). Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in wild cherry germplasm. Journal of Applied Botany and Food Quality, 85: 229-233.
- Wagner HW, Sefc KM (1999). IDENTITY 1.0. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, 500.
- Wünsch A (2009). Cross-Transferable Polymorphic SSR Loci in *Prunus* Species. Scientia Horticulturae, 120: 348-352.
- Yarılgaç T, Kazankaya A (2002). Bazı kayısı çeşitlerinin Van ekolojisindeki adaptasyonları üzerinde araştırmalar. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen ve Mühendislik Dergisi, 5 (1): 131-139.
- Yıldırım A, Kandemir N (2001). Bitki biyoteknolojisi, genetik mühendisliği ve uygulamaları. Genetik Markörler ve Analiz Metodları, 334-363.