

**Araştırma Makalesi**  
(Research Article)

Ege Üniv. Ziraat Fak. Derg., 2021, 58 (1):47-54  
<https://doi.org/10.20289/zfdergi.658131>

Hadiye SELÇUK<sup>1</sup> 

Yaşar KARAKURT<sup>1\*</sup> 

<sup>1</sup>Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi,  
Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji  
Bölümü, Isparta/Türkiye

\*İletişim (correspondence) e-posta:

[yasarkarakurt@isparta.edu.tr](mailto:yasarkarakurt@isparta.edu.tr)

## Ekonomik öneme sahip zeytin (*Olea Europaea* L.) çeşitlerinin SSR yöntemiyle genetik karakterizasyonu

### Genetic characterization of economically important olive (*Olea Europaea* L.) cultivars using SSR markers

Alınış (Received): 13.12.2019

Kabul Tarihi (Accepted): 14.04..2020

#### ÖZ

**Amaç:** Bu çalışmada moleküler markörlerden SSR tekniği kullanılarak zeytin çeşitleri arasındaki farklılıkların ortaya konulması amaçlanmıştır.

**Materya ve Yöntem:** Çalışma kapsamında yerel fidan yetiştirme firmalarından temin edilen zeytin fidanları moleküler analizler için kullanılmıştır. Bu amaçla zeytin çeşitlerine ait numuneler uygun koşullarda alındıktan sonra Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarında moleküler analizleri gerçekleştirilmiştir.

**Araştırma Bulguları:** SSR markörleri ile yapılan analizler sonucunda UPGMA metoduna göre zeytin çeşitleri arasında yapılan analizde iki ana grup ve %70 benzerlik ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 3 alt gruptan meydana gelmiştir. İlk grupta 'Gemlik', 'Domat' ile 'Kalamata', ikinci grupta 'Ayvalık', 'Arbequina' ile 'Çekişte' ve üçüncü grupta 'Sarı ulak' yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grubu 'Yamalak sarısı' ve 'Manzanilla' oluştururken, ikinci alt grupta 'Memecik' yer almıştır. Toplam allel sayısının 113, spesifik allel sayısının 44 adet olduğu ve bant büyüklüğünün ise 180 ile 297 bp arasında değiştiği belirlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,515 ile 0,83 arasında değişim göstermiştir.

**Sonuç:** Türkiye'de zeytin türüne ait SSR bulguları, bölgede bundan sonraki ıslah çalışmalarına ebeveyn seçiminde bir basamak oluşturmada, zeytin genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında ve zeytin genotiplerinin karakterizasyonunda kullanılabilir.

**Anahtar sözcükler:** Belirteç, Benzerlik, Moleküler Karakterizasyon, UPGMA

**Keywords:** Marker, Similarity, Molecular Characterization, UPGMA

#### ABSTRACT

**Objective:** In this study, it is aimed to determine the differences among olive cultivars by using SSR technique among molecular marker techniques.

**Material and Methods:**The olive seedlings obtained from the local seedlings production firms were used for the molecular analysis. For this purpose, the leaf samples of olive cultivars were taken under suitable conditions and the molecular analyzes were carried out at the laboratory of the Agricultural Biotechnology department, The Collage of Agriculture, Isparta University of Applied Sciences.

**Results:**As a result of the analyses with SSR markers, two main groups emerged between olive cultivars according to the UPGMA method and they demonstrated 70% similarity. The first main group consisted of 3 sub-groups. While 'Gemlik', 'Domat' and 'Kalamata' formed the first sub-group, 'Ayvalık' and 'Arbequina' were in the second sub-group, and 'Sarı ulak' was in the third sub-group. The second main group was divided into 2 sub-groups. While the first sub-group contained 'Yamalak sarısı' and 'Manzanilla', the second sub-group had 'Memecik'. The total and specific numbers of alleles were determined as 113 and 44, respectively, and the band sizes ranged from 180 to 297 bp. Polymorphic information content (PBI) changed between 0.515 and 0.83.

**Conclusion:**The results obtained could be used in the characterization of the olive genotypes, in choosing the suitable parents in breeding programs, in the determination of the distribution areas of olive genotypes and in the comparison of genetic collections of olive.

## GİRİŞ

Akdeniz kültürünün bir sembolü olan zeytin (*Olea europaea* L.), tarih boyunca bölgede kurulan uygarlıkların temelini oluşturmuştur. Zeytinin anavatanının ve gen merkezinin Güneydoğu Anadolu Bölgesi'ni de içine alan Yukarı Mezopotamya olduğu ifade edilmektedir (Özkaya et al. 2006). Sonraki yıllarda yapılan çalışmalarla Hatay, Kahramanmaraş ve Mardin şeridinde zeytin ağacının en alt türüne rastlanmıştır olması bu görüşü desteklemektedir (Güleç ve ark. 2010).

Zeytin, yaklaşık olarak 30 cins ve 600 tür ihtiva eden *Oleaceae* familyasına (ailesine) aittir. *Olea* cinsi, *europaea* türü ve *sativa* alt türüne (subspecies) ait olan ve diğer bir alt tür *oleaster*'e ait olan yabancı zeytinden ayırt edilen kültür zeytini, Akdeniz çevresinde yayılmış durumdadır. *Olea europaea*'nın özelliklerinin farklılaşması ve kendiliğinden nesilden nesile geçmesi sonucunda türediği söylenmektedir (Özkaya et al. 2006; Güleç ve ark. 2010). *Olea europaea*'ya ait mevcut türler çok fazladır. 2000'den fazla çeşide sahip olduğu tahmin edilen zeytin kadar çeşit zenginliği olan çok az kültür bitkisi olduğu söylenebilir.

Daha büyük meyveli, daha fazla yağ oranı içeren, zararlılara daha dayanıklı gibi verimli genetik oluşumların ıslahına izin veren kültür sistemleri gelişirken, bazı çeşitlerin kaybolduğu ve yeni çeşitlerin doğal olarak nesilden nesile geçmesi ile kendiliğinden oluştuğu da bir olasılıktır. Özellikle zor iklim koşullarında, gerek dışarıdan gen akışı, gerekse yeni genlerle dejenere olmuş (değişmiş) özel çeşitlerin mevcudiyeti sebebiyle türler kendi kendine oluşabilmektedir (Akansu, 2008).

Bitkilerdeki genetik varyasyonların belirlenmesi ve bunların sınıflandırılmasında öncelikli olarak morfolojik, fizyolojik ve sitolojik özellikler kullanılmış olup, daha sonra bu aşamayı daha da kısaltmak ve varyasyonu daha iyi ortaya çıkarmak amacı ile biyokimyasal markörler geliştirilmiştir. Böylece moleküler seviyede çalışmalar hız kazanmıştır (Scarano et al. 2002).

Son yıllarda meydana gelen teknolojik gelişmeler ile moleküler markörler meyveciliğin geliştirilmesi ve korunması amacıyla birçok çalışmada kullanılmaktadır. Günümüzde moleküler markörler diğer bitkilerle benzer şekilde meyvelerde; genotipik tanımlama, sistematik karakterizasyon, QTL (Quantitative Trait Loci) genetik haritalaması, markör destekli seleksiyon (MAS) ve genetik kaynaklarının belirlenmesi ile korunması gibi konularda kullanılmaktadır (Andersen and Lübberstedt, 2003; Aka Kaçar, 2004; Vardar Kanlıtepe ve ark. 2010). MAS ile yapılan ıslah çalışmaları özel bir fenotipik karaktere indirilebilmekte, ıslah çalışmaları daha kısa sürede ve daha az işgücü ile tamamlanabilmektedir (Gupta and Rustgi, 2004).

Biyokimyasal (izoenzim) ve Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD) gibi DNA tabanlı analizler çok çeşitli araştırıcı grupları tarafından yapılmıştır (Pontikis et al. 1980; Quazzani et al. 1993; Bogoni et al. 1994; Fabbri et al. 1995; Trujillo et al. 1995; Claros et al. 2000; Özkaya et al. 2004; Özkaya et al. 2006). İzoenzimlerin transkripsiyon ve translasyon sonrası değişimler göstermesi nedeniyle güvenilirliğinin az olması ve RAPD tekniğinin tekrarlanabilirliğinin düşük olması, araştırmacıları daha kesin ve güvenilir sonuçlar alabilecekleri teknikler (Basit Dizi Tekrarları (SSR) ve Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (AFLP) gibi) kullanmaya zorlamıştır. SSR (Simple Sequence Repeat) olarak bilinen mikrosatellit markörler; uluslararası veri paylaşımı, ko-dominant ve kararlı markör olması, yüksek polimorfizm göstermesi, bilgilendirici, tekrar edilebilir ve otomasyona uygun oluşu, türler arası geçişkenlik özelliğini barındırması ve bilgilendirici bir markör sistemi olmasından dolayı ön plana çıkmaktadır (Weber and May, 1989; Yamamoto et al. 2001; Wünsch and Hormaza, 2007).

Bu çalışmada 10 zeytin çeşidi kullanılmış olup, 10 SSR markörü ile genetik tanımlamaları yapılmıştır. Elde edilen genetik bulgular ile populasyon içi genetik benzerlikler, akrabalık dereceleri, populasyona ait DNA kimlik bilgilerinin (allel verileri) tespit edilmesi amaçlanmıştır.

## MATERYAL ve YÖNTEM

Bu çalışma 2017 yılında Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir. Araştırmanın materyalini Öntüğ Fidancılık Tarım Ürünleri Gıda Sanayi Ticaret Ltd. Şti firmasından temin edilen 10 çeşit oluşturmuştur. Bu çeşitler; 'Ayvalık', 'Çekişte', 'Memecik', 'Sarı ulak', 'Yamalak sarısı', 'Gemlik', 'Domat', 'Manzanilla', 'Arbequina' ve 'Kalamata'dır.

### DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması

DNA izolasyonu için hastalık ve zararlılardan uzak ve yeni açmakta olan genç yapraklar kullanılmıştır. Yapraklar uygun koşullarda laboratuvara getirildikten sonra DNA izolasyonuna kadar -80°C de muhafaza edilmiştir.

Zeytin DNA'sı 50-60 mg yaprak materyalinden, CTAB (Cetyltrimethyl-ammonium bromide) ekstraksiyon protokolü kullanılarak izole edilmiştir (Weising et al. 1991). DNA örneği TE tamponunda (1 M Tris-HCl pH 8.0, 0.5 M EDTA) çözündürülmüştür. DNA kalitesi ve konsantrasyonu her örneğin %1.2'lik agaroz jel elektroforezinde koşturulan standart  $\lambda$ -DNA' larla mukayese edilmesi suretiyle ve de spektrofotometre de (PG Instruments T80) 260 ile 280 nm dalga boylarında okumayla kontrol edilmiştir.

### SSR analizi

Çalışmada daha önceden gerçekleştirilen birçok araştırma kapsamında kullanılan ve başarılı sonuçların alındığı SSR primerleri arasından seçilen 10 SSR primer çifti kullanılmıştır (Çizelge 1) (Fukino et al. 2008). Yukarıda belirtildiği şekilde her bir genotipten özütlenen genomik DNA'lar 10 SSR primer kombinasyonu (Fazio et al. 2003; Fukino et al. 2008) ile çoğaltılmıştır. PCR reaksiyonu toplam hacim 15  $\mu$ l olacak şekilde aşağıdaki bileşenlerden meydana getirilmiştir. Reaksiyon koşulu 1  $\mu$ l DNA (20 ng DNA), 1  $\mu$ l dNTP (0.1 mM dNTPs), 1.5  $\mu$ l MgCl<sub>2</sub> (2.5 mM MgCl<sub>2</sub>)' 0.2  $\mu$ l Taq DNA polimeraz (0.6 U Taq DNA polymerase), 2  $\mu$ l her bir primer (0.3  $\mu$ M her bir primer), 1.5  $\mu$ l (1 X ) PCR buffer ve 5.8  $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O şeklinde hazırlanmıştır.

PCR protokolü, 94°C'de 5 dk, ardından 35 döngü olacak şekilde, 94°C'de 0.5 dk, 55°C'de 0.5 dk, 72°C'de 1dk ve son olarak 72°C'de 10 dk şeklinde yapılmıştır. PCR işleminden sonra PCR ürünleri % 2'lik agaroz jel içerisinde 90 volt elektrik akımı altında 1 saat 45 dakika süreyle yürütülmüştür (Dirlewanger et al. 2002; Fathi et al. 2008).

**Çizelge 1.** Zeytin genotipleri için kullanılan primer çiftleri

**Table 1.** The primer pairs used for olive genotypes

SSR	Forward (İleri)	Reverse (Geri)
GAPU103	TGAATTTAACTTTAAACCCACACA	GCATCGCTCGATTTTTATCC
GAPU101	CATGAAAGGAGGGGGACATA	GGCACTTGTGTGCAGATTG
UDO99-011	TGACTCCCTTTAACTCARCAGG	TGCGCATGTAGATGTGAATATG
UDO99-012	TCACCATTCTTAACTTCACACCA	TCAAGCAATTCACGCTATG
GAPU47	GATCAGCTTAGTCTCATATTCTCTCTC	CCTCGACTGATTTACACACCA
UDO 11	TET-CTTAACTTTGTGCTTCTC	AGTGACAAAAGCAAAGAC
UDO12	TCACCATTCh-AACTTCACACCA	TCAAGCAATTCACGCTATG
UDO24	GGATTTATTTAAAGCAAACATACAAA	CAATAACAATGAGCATGATAAGACA
DCA3	(FAM)CCAAGCGGAGGTGTATATTGTTAC	TGCTTTTGTGCTGTTTGAGATGTTG
DCA4	(FAM)TTAACTTTGTGCTTCTCCATATCC	AGTGACAAAAGCAAAGACTAAAGC
DCA 09	TET-ATCAAAGTdTCCCTTCTCATTTTCG	GATCCrrCCAAAAGTATAACCTCTC
DCA16	TTAGGTGGGATTCTGTAGATGGTTG	TTTTAGGTGAGTTCATAGAATTAGC
GAPU 59	CCCTGCTTTGGTCTTGCTAA	CAAAGGTGCACTTTCTCTCG
GAPU 71	GATCATTTAAAATATTAGAGAGAGAGAGA	TCCATCCATGCTGAACTT
UDO99-008	AAAAACACAACCCGTGCAAT	AAATTCCTCCAAGCCGATCT

### Moleküler verilere ait analizler

Araştırmada kullanılan genotiplere ait genetik analizler Selli et al. (2007)'de belirtildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Buna göre; her lokusa ait allel sayısı (n), allel frekansı, beklenen heterozigotluk (He), gözlenen heterozigotluk (Ho) oranı, sessiz (null) allel frekansı (r) ve tespit olasılığı (Probability of Identity) (PI) IDENTITY 1.0 (Wagner and Sefc, 1999) yazılım programı ile, benzerlik oranı indeksi ise Microsat

(Minch et al. 1995) programı kullanılarak tespit edilmiştir. Genotiplere ait dendogram NTSYS (versiyon 2.02g, Exeter Software, Setauket, NY) yazılım programıyla oluşturulmuş ve görüntülenmiştir. Dendogram için UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic means) yöntemi kullanılmıştır.

## ARAŞTIRMA BULGULARI

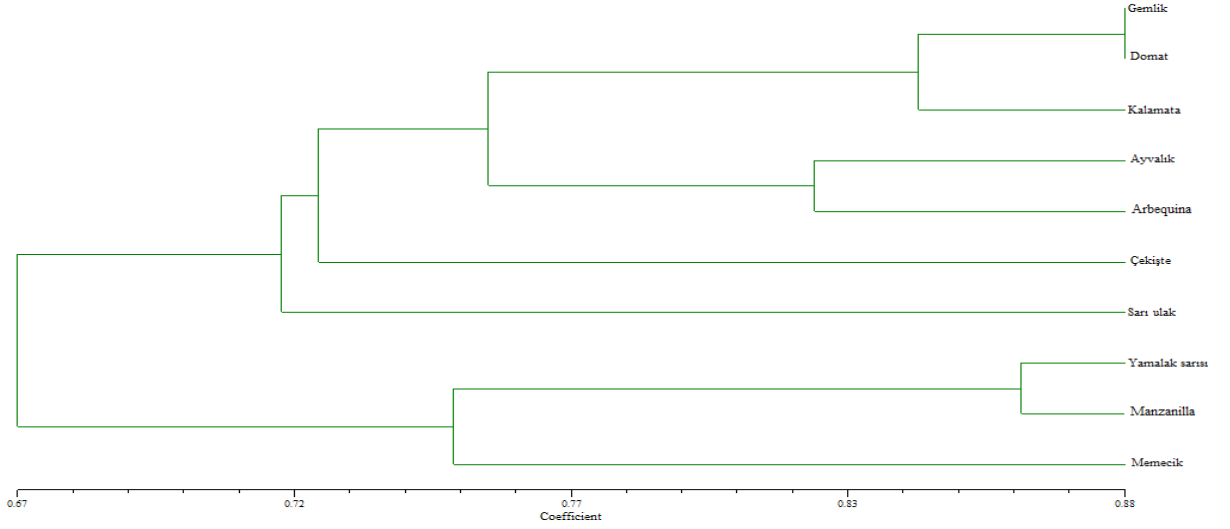
Zeytinde 10 SSR primer çifti kullanılarak genotipler arasındaki genetik farklılık belirlenmiştir (Çizelge 2). SSR analizi sonucunda toplam allel sayısı 113, spesifik allel sayısı 44 adet ve bant büyüklüğü ise ortalama 180-297 bp arasında belirlenmiştir. Lokus başına allel sayısı 7-15 arasında, ortalama 11,3 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. DCA16 ve GAPU101 primerlerinde beklenen heterozigotluk (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha düşük görülmüştür. En fazla allel sayısı DCA16 (15 adet) ve UDO99-011 (14 adet), en yüksek beklenen heterozigotluk UDO99-011 (0,86) ve UDO99-012 (0,86) primer çiftlerinden, gözlenen heterozigotluk değeri ise DCA16 (0,859) primerinde tespit edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0,515 ve 0,83 arasında değişim göstermiştir. En düşük PBI değeri (0,515) UDO24 primer çiftinde, en yüksek (0,83) ise UDO99-008 ve UDO99-012 primer çiftlerinden elde edilmiştir. En düşük tespit olasılığı (0,07) ile GAPU101 ve UDO99-012, en yüksek (0,811) GAPU59 primer çiftinde belirlenmiştir. Dice benzerlik değeri kullanılarak çeşit ve genotiplerin birbirleri ile olan ilişkilerini açığa çıkarmak için gruplandırma analizi UPGMA metodu kullanılarak NTSYS-pc programı ile yapılmıştır (Şekil 1).

Elde edilen gruplandırmanın benzerlik değerleri 0.58-0.88 arasında değişmiştir. Zeytin genotipleri arasında yapılan grup analizinde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 4 alt gruptan meydana gelmiştir. İlk grupta 'Gemlik', 'Domat' ve 'Kalamata', ikinci grupta 'Ayvalık' ve 'Arbequina', üçüncü grupta 'Çekişte' ve dördüncü grupta 'Sarı ulak' yer almıştır. İkinci ana grup 2 alt gruba ayrılmıştır. İlk alt grupta 'Yamalak sarısı' ve 'Manzanilla', ikinci alt grupta 'Memecik' yer almıştır. 'Gemlik' ve 'Domat' çeşitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilmemiş ve bu iki çeşit bir arada gruplanmıştır. Çalışmada 'Gemlik'-'Domat' ve 'Kalamata', 'Ayvalık' ve 'Arbequina', 'Yamalak sarısı' ve 'Manzanilla' arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir. Zeytinde genotipler için benzerlik matrisi Dice coefficient metodu kullanılarak NTSYS-pc programı yardımıyla hesaplanmıştır. Tüm genotipler kullanılarak hesaplanan Dice coefficient değerleri Çizelge 3'de verilmiştir.

**Çizelge 2.** Zeytinde 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

**Table 2.** The number of alleles, the size of bands, the observed (Ho) and expected (He) heterozygosity, the probability of identity (TO) and polymorphic information content (PBI) obtained from SSR primer combinations in olive

Primer	Allel sayısı	Spesifik Allel Sayısı	Bant Büyüklüğü (bp)	Ho	He	TO	PBI
UDO99-008	12	5	219-419	0.672	0.714	0.09	0.83
DCA4	10	3	149-390	0.74	0.85	0.36	0.613
GAPU59	7	3	214-306	0.62	0.74	0.811	0.73
GAPU103	11	5	144-313	0.712	0.801	0.274	0.650
GAPU47	9	3	134-246	0.60	0.62	0.34	0.564
GAPU101	12	5	146-205	0.724	0.711	0.07	0.79
DCA16	15	5	119-172	0.859	0.831	0.074	0.81
UDO99-011	14	6	201-288	0.64	0.86	0.08	0.81
UDO99-012	12	5	291-368	0.66	0.86	0.07	0.83
UDO24	11	4	184-266	0.65	0.68	0.33	0.515
Toplam	113	44					
Ortalama	11.3	4.4	180-297	0.688	0.767	0.25	0.71



Şekil 1. SSR primer çiftleri ile zeytin genotip/çeşitlerinin UPGMA metodu ile gruplandırılması.

Figure 1. The classification of olive genotypes/cultivars based on UPGMA method with SSR primer combinations.

Çizelge 3. Zeytin genotipleri arasında Dice coefficient metoduna göre hesaplanan benzerlik değerleri

Table 3. The similarity values among olive genotypes calculated based on Dice coefficient method

	Gemlik	Kalamata	Sarı ulak	Yamalak sarısı	Manzanilla	Memecik	Ayvalık	Domat	Arbequina	Çekişte
Gemlik	1,00									
Kalamata	0,84	1,00								
Sarı ulak	0,80	0,76	1,00							
Yamalak sarısı	0,64	0,76	0,64	1,00						
Manzanilla	0,62	0,70	0,66	0,86	1,00					
Memecik	0,66	0,66	0,58	0,74	0,76	1,00				
Ayvalık	0,70	0,70	0,62	0,70	0,68	0,76	1,00			
Domat	0,88	0,84	0,68	0,68	0,70	0,66	0,82	1,00		
Arbequina	0,80	0,72	0,72	0,64	0,58	0,66	0,82	0,80	1,00	
Çekişte	0,72	0,80	0,72	0,72	0,66	0,62	0,62	0,72	0,76	1,00

Bulunan benzerlik katsayıları 0.58-0.88 arasında değişim göstermiştir. Elde edilen en düşük değerler 'Sarı ulak' ve 'Memecik' ile 'Manzanilla' ve 'Arbequina' arasında 0.58 olarak belirlenmiştir. 'Domat' ve 'Gemlik' arasındaki benzerlik katsayısı 0.88 olarak en yüksek benzerlik değeri olarak tespit edilmiştir. 'Manzanilla' ve 'Yamalak sarısı' arasındaki benzerlik katsayısı 0.86, 'Gemlik' ve 'Kalamata' arasında 0.84 olarak belirlenmiştir. Benzerlik katsayıları 0.58 olan 2 adet, 0.62-0.68 arasında değişen 16 adet, 0.70-0.76 arasında 17 adet, 0.80-0.88 arasında 10 adet örnek bulunmuştur. En yüksek sayıda benzerlik katsayısına 0.70-0.76 değerleri arasında ulaşılmıştır.

## TARTIŞMA ve SONUÇ

Zeytinde GA/CT'ce zenginleştirilmiş kütüphaneler kullanılarak, gerçek anlamda ilk SSR lokusları 2002 yılında tespit edilmiştir. 20 SSR lokusunun tespit edildiği çalışmada, araştırmacılar 20 zeytin genotipinde bunları kullandıklarında toplam 57 adet allele ulaşırlarken, 10 lokusda polimorfizm yakalamışlardır (Carriero et al. 2002). Bu çalışmada zeytin genotiplerinin akrabalık ilişkilerini belirlemek amacı ile SSR moleküler markör tekniği kullanılmış olup, 10 zeytin genotipinin moleküler karakterizasyonu yapılmış, genotipler

arasındaki genetik ilişki ortaya konulmuştur. Moleküler incelemeye alınan 10 zeytin genotiplerinin birbirleri içerisinde benzerlikleri olmasıyla birlikte farklılıkları da ortaya çıkmıştır. Çalışmada toplam allel sayısı 113, spesifik allel sayısı 44 adet ve bant büyüklüğü ise ortalama 180-297 bp arasında belirlenmiştir. Lokus başına allel sayısı 7-15 arasında, ortalama 11,3 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, çoğu primer çifti için beklenen heterozigotluğun (He) gözlenen heterozigotluktan (Ho) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Benzerlik dendrogramı incelendiğinde çalışmada kullanılan çeşitlerin en az % 70 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Zeytin çeşitleri arasında yapılan analizde iki ana grup ortaya çıkmıştır. İlk ana grup kendi içinde 3 alt gruptan meydana gelmiştir. 'Gemlik' ve 'Domat' çeşitlerini birbirlerinden ayırt edecek polimorfizmler üretilmemiş ve bu iki çeşit bir arada gruplanmıştır. 'Çekişte', 'Sarı ulak' ve 'Memecik' çeşitleri tek başına bir alt grup oluşturmuştur. Çalışmada 'Ayvalık' ve 'Arbequina', 'Yamalak sarısı' ve 'Manzanilla' arasında yakın korelasyon olduğu gözlemlenmiştir.

Farklı tür ve çeşitlerde gerçekleştirilen diğer çalışmalarda da benzer sonuçlar elde edildiği gibi farklı sonuçlar da elde edilmiştir. Kuzey İtalya bölgesinde yetiştirilen bazı zeytin çeşitlerinin morfolojik ve genetik karakterizasyonunu yapan Rotondi et al. (2003), SSR ve AFLP markör verileri ile morfolojik verilerin benzerlik gösterdiğini, morfolojik ayrımlarla tanımlanamayan sinonim ve homonimlerin DNA markörleri aracılığı ile ayırt edilebildiklerini ortaya koymuşlardır (Belaj et al. 2001). Frontoio'nun genomik kütüphanelerinde AC/GT ve AG/CT zengin tekrarların olduğu 52 SSR primeri 60 klon üzerinde çalışılmış ve aynı zamanda parmak izi tekniği uygulanmıştır (Cipriani et al. 2002). Portekiz'den 30 genotip ve Akdeniz ülkelerinden 8 genotipin genetik farklılığını belirlemek amacıyla ISSR, SSR, AFLP teknikleri kullanılmış, bant görüntüleri ve allel değerleri UPGMA istatistik programına göre analiz edilmiş ve dendrogram çizilmiştir. 38 genotip birbirinden ayırt edilmiştir (Gemmas et al. 2004). DNA parmak izine dayalı SSR çalışmasında; Sicilya'nın 7 bölgesinden toplanan 30 zeytin genotipi GAPU, UDO, DCA serisine ait 12 floresan işaretli primerler kullanılıp otomatik kapiller elektroforez sistemi ile parça uzunlukları standart çeşitlere göre saptanmıştır. Elde edilen verilere göre 2 genotip sinonim olarak belirlenmiştir (La Mantia et al. 2005). *Olea europaea* L. çeşitlerinde genetik ilişkiyi incelemek için toplam 11 polimorfik mikrosatellit belirteçlerin kullanıldığı çalışmada, lokus başına allel sayısı 6 ila 21 arasında değişmiş ve ortalama 11 allel tespit edilmiş ve her belirteçle genotipler arasında yüksek genetik çeşitlilik gözlenmiştir. 3 mikrosatellit belirtecin 20 zeytin çeşidini ayırt etmek için yeterli olduğu sonucuna varılmış ve toplam 129 tekrarlanabilir bant üretilerek çeşitler 9 gruba kümelendirilmiştir. Homonimler ve aynı katılımların arasındaki allel farklılıkları tespit edilmiştir (Abdessemed et al. 2015). Sicilya zeytin genotiplerinin genetik farklılıklarını belirlemek için DNA parmak izine dayalı SSR çalışmasında; GAPU, UDO, DCA serisine ait 12 floresan işaretli primerler kullanılıp otomatik kapiller sekans sistemi ile parça uzunlukları standart çeşitlere göre saptanmıştır. Elde edilen verilere göre 2 genotip sinonim olarak belirlenmiştir (La Mantia et al. 2005).

Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar, zeytin genotiplerinin yayılma alanlarının belirlenmesinde, genetik koleksiyonların karşılaştırılmasında, zeytin genotiplerinin karakterizasyonunda ve gelecekte yapılacak ıslah programlarında ebeveyn seçiminde kullanılabilme özelliğine sahiptir. Son yıllarda PCR'a dayalı yeni markör sistemlerinin geliştirilmesi pek çok bitki türünde olduğu gibi zeytin meyvesinde de yapılacak olan moleküler ıslah çalışmalarında stratejik rol oynayacaktır. Teknolojinin gelişmesi ile analiz başına harcanan emek ve maliyet azalacaktır. Bunun sonucu olarak ıslah süreci kısalarak çalışılan meyvelere ait daha kesin ve detaylı bilgiler elde edilecektir.

## KAYNAKLAR

- Abdessemed, S., I. Muzzalupo and H. Benbouza. 2015. Assessment of genetic diversity among Algerian olive (*Olea europaea* L.) cultivars using SSR marker. *Scientia Horticulturae*, 192: 10-20.
- Aka Kaçar, Y. 2004. Moleküler Markörlerin Prunus Türlerinde Kullanımı, Alatarım, 15.
- Akansu, F. 2008. Bazı standart ve Kilis ili zeytin (*Olea europaea* L.) çeşitlerinin SSR (simple sequence repeats) markörler aracılığıyla genetik tanımlanması, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.

- Andersen, J.R. and T. Lübberstedt. 2003. Functional markers in plants, Trends in Plant Science, 8(11): 554-560.
- Belaj, A., I. Trujillo, R. De La Rosa and L. Rallo. 2001. Polymorphism and discrimination capacity of randomly amplified polymorphic markers in an olive germplasm bank, Journal of American Society for Horticultural Science, 126:64–71.
- Bogoni, M., F. Mastromauro, A. Reina, L. Valenti and A. Scienza. 1994. Heritability estimates of some quantitative characters in F1 seedlings of *Vitis vinifera* L. valued with sib-analysis techniques, Rivista di Viticoltura e di Enologia.
- Carriero, F., G. Fontanazza, F. Cellini and G. Giorio. 2002. Identification of simple sequence repeats (SSR) in olive (*Olea europaea* L.), Theoretical and Applied Genetics, 104:301-307.
- Cipriani, G., M.T. Marrazzo, R. Marconi, A. Cimato and R. Testolin. 2002. Microsatellite markers isolated in olive (*Olea europaea* L.) are suitable for individual fingerprinting and reveal polymorphism within ancient cultivars, Theoretical and Applied Genetics, 104(2-3): 223-228.
- Claros, M.G., R. Crespillo, M.L. Aguilar and F.M. Cánovas. 2000. DNA fingerprinting and classification of geographically related genotypes of olive-tree (*Olea europaea* L.), Euphytica, 116(2): 131-142.
- Dirlewanger, E., P. Cosson, M. Tavaud, M. Aranzana, C. Poizat, A. Zanetto and F. Laigret. 2002. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.), Theoretical and Applied Genetics, 105(1): 127-138.
- Fabbri, A., J.I. Hormaza and V.S. Polito. 1995. Random amplified polymorphic DNA analysis of olive (*Olea europaea* L.) cultivars. Journal of the American Society for Horticultural Science, 120(3): 538-542.
- Fathi, A., B. Ghareyazi, A. Haghazari, M.R. Ghaffari, S.M. Pirseyedi, S. Kadkhodaei and M. Mardi. 2008. Assessment of the genetic diversity of almond (*Prunus dulcis*) using microsatellite markers and morphological traits, Iranian Journal of Biotechnology, 6(2): 98-106.
- Fazio, G., J.E. Staub and M.R. Stevens. 2003. Genetic mapping and QTL analysis of horticultural traits in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using recombinant inbred lines, Theoretical and Applied Genetics, 107(5):864-874.
- Fukino, N., T. Ohara, A.J. Monforte, M. Sugiyama, Y. Sakata, M. Kuniyama and S. Matsumoto. 2008. Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.), Theoretical and Applied Genetics, 118(1):165-175.
- Gemas, V.J.V., M.C. Almadanim, R. Tenreiro, A. Martins and P. Feveiro. 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.
- Gupta, P.K. and S. Rustgi. 2004. Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants, Functional & integrative genomics, 4(3): 139-162.
- Güleç, T.E., A.Yıldırım and Ö.A. Sönmezoğlu. 2010. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon, Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi, (2): 67-79.
- La Mantia, T., J. Rühl, S. Pasta, D.G. Campisi and G. Terrazzino. 2005. Temporal change of structural and vegetation parameters on abandoned terraces on Pantelleria Island (Sicilian Channel). Forestry Ecology and Management, 5(2):34-39.
- Minch, E., A. Ruiz-Linares, D. Goldstein, M. Feldman and L.L. Cavalli-Sforza. 1995. Microsat (version 1.4 d): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data, WWW: <http://hpgl.stanford.edu/projects/microsat/>.
- Özkaya, M.T., E. Çakır, Z. Gökbayrak, H. Ercan and N. Taşkın. 2006. Morphological and molecular characterization of Derik Halhali olive (*Olea europaea* L.) accessions grown in Derik–Mardin province of Turkey, Elsevier, 108(2):205-209.

- Özkaya, M.T., E. Ergülen, S. Ülger and N. Özlü. 2004. Genetic and biologic characterization of some olive (*Olea europaea* L.) cultivars grown in Turkey, *Journal of Agricultural Science, Ankara University*, 10(2): 231-236.
- Pontikis, C.A., M. Loukas and G. Kousounis. 1980. The use of biochemical markers to distinguish olive cultivars, *Journal of Horticultural Science*, 55(4): 333-343.
- Quazzani, N., R. Lumaret, P. Villemur and F.D. Giusto. 1993. Leaf allozyme variation in cultivated and wild olive trees (*Olea europaea* L.). *Journal of Heredity*, 84(1): 34-42.
- Rotondi, A., M. Magli, C. Ricciolini and L. Baldoni. 2003. Morphological and molecular analyses for the characterization of a group of Italian olive cultivars. *Euphytica*, 132(2): 129-137.
- Scarano, M.T., L. Abbate, S. Ferrante, S. Lucretti and N. Tusa. 2002. ISSR-PCR technique: a useful method for characterizing new allotetraploid somatic hybrids of mandarin, *Plant Cell Reports*, 20(12): 1162-1166.
- Selli, F., M. Bakır, G. İnan, H. Aygün, Y. Boz, A.S. Yaşasın, C. Özer, B. Akman, G. Söylemezoğlu, K. Kazan and A. Ergül. 2007. Simple sequence repeat-based assesment of genetic diversity in 'Dimrit' and 'Gemre' grapevine accessions from Turkey, *Vitis*, 46(4):182-187.
- Trujillo, I., L. Rallo and P. Arús. 1995. Identifying olive cultivars by isozyme analysis. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 120(2): 318-324.
- Vardar-Kanlıtepe, Ç., S. Aras and D. Cansaran-Duman. 2010. Bitki Islahında Moleküler Belirteçlerin Kullanımı ve Gen Aktarımı. *Türkiye Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi*, 67:1, 33-43.
- Wagner, H.W. and K.M. Sefc. 1999. IDENTITY 1.0. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, Vienna, 500.
- Weber, J.L. and P.E. May. 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction, *American Journal of Human Genetics*, 44(3): 388.
- Weising, K., B. Beyermann, J. Ramser and G. Kahl. 1991. Plant DNA fingerprinting with radioactive and digoxigenated oligonucleotide probes complementary to simple repetitive DNA sequences, *Electrophoresis*, 12(2-3): 159-169.
- Wünsch, A. and J.I. Hormaza. 2007. Characterization of Variability and Genetic Similarity of European Pear Using Microsatellite Loci Developed in Apple, *Scientia Horticulturae*, 113(1): 37-43.
- Yamamoto, T., T. Kimura, Y. Sawamura, K. Kotobuki, Y. Ban, T. Hayashi and N. Matsuta. 2001. SSR isolated from apple can identify polymorphism and genetic diversity in pear. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6-7): 865-870.