

## Seçilmiş Domatesler Arasında Genetik İlişkiler ve Bazı Patojenlere Karşı Dayanım Düzeylerinin Belirlenmesi

Gülbanu KIYMACI<sup>1\*</sup>, Ayşe Özgür UNCU<sup>2</sup>, Önder TÜRKMEN<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Selçuk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Konya/TÜRKİYE

<sup>2</sup>Necmettin Erbakan Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoteknoloji Bölümü, Konya/TÜRKİYE

<sup>3</sup>Selçuk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Konya/TÜRKİYE

\*Bu araştırma, Gülbanu KIYMACI'nın yüksek lisans tez çalışmasının bir bölümünden hazırlanmıştır.

Alınış tarihi: 8 Eylül 2023, Kabul tarihi: 13 Aralık 2023

Sorumlu yazar: Gülbanu KIYMACI, e-posta: gulbanu.kiymaci96@gmail.com

### Öz

**Amaç:** Günümüzde, çevre dostu üretim tekniklerinin geliştirilmesi, verim ve kalitenin artırılması ve yetiştiricilerin daha az maliyetle üretim yapabilmeleri için hastalık ve zararlılara karşı direnç genlerini içeren hibrit çeşitler geliştirmek zorunluluk haline gelmiştir. Çalışma kapsamında agromorfolojik özellikleri bakımından ebeveyn olmaya uygun bir domates genotip koleksiyonu içinde genetik benzerlik ilişkilerinin ortaya konması ve bu genotiplerin *Meloidogyne incognita*, *Tomato Mosaic Virus*, *Verticillium wilt*, *Tomato Spotted Wilt Virus*, *Tomato Yellow Leaf Curling Virus* *Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici* patojenlerine karşı dayanıklılık seviyelerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

**Materyal ve Yöntem:** Çalışmada, genotipler arası akrabalık ilişkilerin belirlenmesi ve adı geçen patojenlere karşı dayanımlarının belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmanın arazi aşaması Antalya'da bulunan SELKO şirketine ait olan AR-Ge serasında, moleküler çalışmalar ise Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Laboratuvarında yürütülmüştür.

**Araştırma Bulguları:** Çalışmamızda 92 adet domates genotipinde toplam 137 adet SSR alleli elde edilmiştir. Çalışmada kullanılan SSR markörlerinin ortalama PIC değeri 0.49'dur. En yüksek PIC değeri olan markörün 0.496 değeri ile LE15 olduğu belirlenmiştir. Domates genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik unweighted Neighbor-joining (NJ) yöntemi kullanılarak belirlenmiş ve dendrogramı

oluşturulmuştur. Genetik çeşitlilik analizi sonucu çalışmaya dahil genotiplerin altı gruba ayrıldığı belirlenmiştir. Genotiplerin gruplara sayıca dağılımı A grubunda 14, B grubunda 13, C grubunda 17, D grubunda 17, E grubunda 13, F grubunda ise 17 genotip şeklinde gerçekleşmiştir.

Uzaklık matrisi ve oluşturulan dendrogramı arasında , yüksek düzeyde korelasyon görülmektedir (r = 0.91). Ortalama benzemezlik değeri, 0,38 olarak belirlenmiştir.

**Sonuç:** ESTSSR allel verileri ile gerçekleştirilen çeşitlilik analizi sonucunda oluşturulan NJ dendrogramı, genotiplerinin dört ana küme oluşturduğu ve genotiplerin altı grupta toplandığı belirlenmiştir. Ortalama benzemezlik değeri 0,38 olarak belirlenmiştir. Domates tarımında verimliliği olumsuz yönde etkileyen birçok abiyotik stres faktörü mevcuttur. Verimlilik için hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık alellerinesahip genotiplerin varlığı oldukça önemlidir. Çalışma sonucunda *Meloidogyne incognita*, *Tomato Mosaic Virus*, *Verticillium wilt*, *Tomato Spotted Wilt Virus*, *Tomato Yellow Leaf Curling Virus*, *Fusarium oxysporum f. sp.* patojenlerin tümüne birden 1,5,11, 26, 28, 40,53, 63, 66, 70, 79, 87 ve 88 nolu genotipler dayanıklı bulunmuştur.

**Anahtar kelimeler:** Domates, genetik çeşitlilik, moleküler markör

**Relationships Between Selected Tomato Genotypes and Determination of Resistance Levels Against Some Pathogens**

## Abstract

**Objective:** It has become imperative to develop hybrid varieties that carry disease and pest resistance alleles in order to improve the quality and quantity of agricultural production in an ecofriendly manner with reduced costs. The aim of the present work was to determine genetic relationships within a collection of tomato genotypes that have potential to be utilized as parents in breeding programs according to their agromorphological properties, as well as to reveal their resistance status for *Meloidogyne incognita*, *Tomato Mosaic Virus*, *Verticillium wilt*, *Tomato Spotted Wilt Virus*, *Tomato Yellow Leaf Curling Virus*, *Fusarium oxysporum f. sp.* in the collection.

**Material and Method:** Molecular studies were carried out at the Molecular Biology and Genetics Laboratory of Necmettin Erbakan University, Faculty of Science. Field studies were carried out in the greenhouse facilities of the SELKO company located in Antalya. In the course of the work, molecular studies were carried out in order to determine the homogeneity levels of the genotypes, reveal the genetic relationships among the genotypes and determine their resistance against the aforementioned pathogens.

**Result:** As a result of the study, a total of 137 SSR alleles were obtained from 92 tomato genotypes. The mean PIC value of the SSR markers used in the study was 0.49. The marker with the highest PIC value was determined to be LE15 (0.496). Genetic diversity among tomato genotypes was determined using the unweighted Neighbor-joining (NJ) method and a dendrogram was created. As a result of the genetic diversity analysis, tomato genotypes were clustered into six groups (Group A-F). Accordingly, 14 genotypes were clustered in group A, 13 in group B, 17 in group C, 17 in group D, 13 in group E and 17 in group F.

**Conclusion:** NJ dendrogram created as a result of the diversity analysis with ESTSSR allele data, it was determined that the genotypes were grouped into four main clusters that consisted of six groups. The mean dissimilarity value was determined as 0.38. There are several different abiotic stress factors that affect tomato farming. In this context, the existence of genotypes with disease and pest resistance alleles is very important. As a result of the study, genotypes 1, 5, 11, 26, 28, 40, 53, 63, 66, 70, 79, 87 and 88 were found to be resistant to all tested pathogens (*Meloidogyne incognita*, *Tomato Mosaic Virus*,

*Verticillium wilt*, *Tomato Spotted Wilt Virus*, *Tomato Yellow Leaf Curling Virus*, *Fusarium oxysporum f. sp.*)

**Keywords:** tomato, genetic diversity, molecular marker

## Giriş

Domates (*Solanum lycopersicum* L.) dünyada en çok üretimi yapılan sebze olup insan beslenmesinde önemli bir yere sahiptir. Son yıllarda hibrit çeşitlerin yaygınlaşması, köy populasyonlarının üretiminin daralması ve benzeri pek çok faktör domateste genetik çeşitliliğin azalmasına neden olmaktadır. Bu bağlamda genetik kaynakların toplanması, karakterize edilmesi ve korunmasına yönelik çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır. Domates yetiştiriciliğinde verim ve kaliteyi arttırmak için, patojenlere karşı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi de bir zorunluluk haline gelmektedir (Karık ve diğerleri, 2019; Vargas ve diğerleri, 2020).. Markör destekli seleksiyon ile tek veya çoklu direnç genlerin belirlenmesi yaygın olarak kullanılmakta ve domates ıslah programlarına önemli katkılar sağlamaktadır (Arens ve ark., 2010; Foolad & Sharma, 2004; Tiwari ve ark., 2022). Bununla birlikte, moleküler yöntemler ile desteklenen morfolojik karakterizasyonunun çeşit tanımlamada (Clement ve ark., 2010), genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde (Lázaro, 2018; Mohan ve ark., 2016; Zhou ve ark., 2015) faydalı olduğu bildirilmiştir. Genetik çeşitliliği belirlemede en yaygın yöntemlerden birisi olarak morfolojik yöntemler kullanılmaya rağmen, morfolojik parametreler çevre koşullarından fazla etkilendiği için genetik çeşitliliği belirlemedeki en kesin ve güvenilir yöntem moleküler belirteçlerin kullanılmasıdır (Pinar ve ark., 2019; Yıldız ve ark., 2021; Zhou ve ark., 2015). Bitki ıslahında genetik çeşitliliğinin belirlenmesi; biyotik ve abiyotik stres koşullarına dayanıklı, verim ve kalite özellikleri yüksek yeni çeşit geliştirme çalışmaları için oldukça önemlidir (Barut ve ark., 2020; Yaman ve Uzun, 2021). Yaygın olarak kullanılan DNA marker sistemlerinden biri olan SSR (Ding ve ark., 2015), aynı zamanda domates çeşitleri/genotiplerinin tanımlanması ve genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde önemli oranda kullanılmaktadır (He ve ark., 2003). Domatesin, bitki büyümesini ve gelişimini olumsuz etkileyen, verim ve kaliteyi önemli ölçüde azaltan birçok biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı duyarlı olduğu bildirilmektedir (Liedl ve ark., 2013). Sebze tarımında viral hastalıklar %80-100 oranında

kayıplara (Ates ve ark., 2019), diğer biyotik stres faktörleri ise %20-40 oranında verimde azalışa neden olmaktadır. Domates tarımında; *Meloidogyne incognita* (domates kök ur nematodu), *Tomato Mosaic Virus* (domates mozaik virüsü), *Verticillium wilt* (domates verticillium solgunluğu), *Tomato Spotted Wilt Virus* (domates lekeli solgunluk virüsü), *Tomato Yellow Leaf Curling Virus* (domates sarı yaprak kıvrıkcılığı virüsü), *Fusarium oxysporum f. sp.* (domates fusarium solgunluğu), gibi birçok hastalık ve zararlı enfeksiyona neden olmaktadır (Jones ve ark., 2013; Kaşvalı, 2007; Tiwari ve ark., 2022).

*Meloidogyne incognita* karşı direnç geni Mi geni tarafından sağlandığı bildirilmiştir. Mi lokusunda Mi-1.1, Mi-1.2 ve Mi-1.3 genlerin varlığı belirlenmiştir (Milligan ve ark., 1998). Kök ur nematodlarına karşı Mi genetik direnç kaynağının kullanılması, zararlıyı kontrol etmedeki en önemli yoldur (Cardoso ve ark., 2019; Cervantes-Moreno ve ark., 2014). *Tomato Yellow Leaf Curling Virus* (TYLCV), sera ve açık arazilerde %100'e yakın verim kaybına neden olan en önemli viral hastalıktır (Abhary ve ark., 2007). Domateste günümüze kadar TYLCV'ye karşı dayanıklılık sağlayan dört direnç lokusu tespit edilmiştir. Ty-1 ve Ty-3 genlerinin kromozom 6'da, Ty-2 geninin kromozom 11'de, Ty-4 geninin ise kromozom 3'de yer aldığı bildirilmiştir (Gill ve ark., 2019; Ji, Ji ve ark., 2007; Yang ve ark., 2014). İslah çalışmalarında TYLCV'ye karşı dayanıklılık sağlayan Ty1/Ty-3 ve Ty-2 genleri günümüzde birçok çalışmada başarılı bir şekilde kullanılmaktadır. Domates üretimini sınırlayan diğer viral hastalık ise domates lekeli solgunluk virüsüdür (TSWV). Domates'te TSWV hastalığına karşı Sw-1, Sw-2, Sw-3, Sw-4, Sw-5, Sw-6 ve Sw-7 gibi birçok direnç geni rapor edilmiştir (Saidi ve Warade, 2008). *Solanum peruvianum*'un genomunda bulunan Sw-5 geni, TSWV'ye karşı en baskın bir direnç geni olduğu rapor edilmiştir (Stevens ve ark., 1991). Domates'te ToMV'e karşı dayanıklılığın *S. habrochites*'den *Tm-1*, *Tm-2* ve *Tm-22* genleri ile aktarıldığı rapor edilmiştir (Lee ve ark., 2015). *Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici* (FOL) dünya çapında domates yetiştiriciliğini sınırlayan ve ekonomik kayıplara neden olan toprak kaynaklı önemli kök hastalıklarından biridir (Cucu ve ark., 2020). Domateste FOL'e karşı hastalık direnci, Frl geni tarafından kontrol edildiği bildirilmiştir (Roberts ve ark., 2000). *Verticillium solgunluğu* (Ve) da domates tarımını sınırlayan toprak kaynaklı mantar faktörlerinden biridir (Song ve ark., 2017).

Domates'te *Verticillium solgunluğu*na karşı, direnci sağlayan *Ve1* ve *Ve2* genleri tanımlanmıştır (Kawchuk ve ark., 2001). Domateste verimi sınırlayan hastalıklar ile mücadelede en etkili, çevre dostu ve ekonomik yöntem dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesidir (Mahmoud, 2015). Günümüzde, çevre dostu üretim tekniklerinin geliştirilmesi, verim ve kalitenin artırılması ve yetiştiricilerin daha az maliyetle üretim yapabilmeleri için hastalık ve zararlılara karşı direnç genlerini içeren hibrit çeşitler geliştirmek nispeten zorunluluk haline gelmiştir. Çalışmada domates genotiplerinin homojenite seviyelerinin belirlenmesi amacıyla moleküler markörler ile akrabalık ilişkilerin ortaya konması genotiplerin *Meloidogyne incognita*, *Tomato Mosaic Virus* (ToMV), *Verticillium wilt*, *Fusarium oxysporum f. sp. Lycopersici*, *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV), *Tomato Spotted Wilt Virus* (TSWV)'e karşı dayanıklılık düzeylerinin moleküler yöntemlerle tespit edilmesi amaçlanmıştır.

#### Materyal ve Metot

Agromorfolojik özellikleri yönü ile ebeveyn hat olabilme potansiyeli olan S3 kademesindeki 92 domates genotipi çalışmanın bitkisel materyalini oluşturmuştur. Çalışmada, genotipler arası akrabalık ilişkilerin ortaya konması ve adı geçen patojenlere karşı dayanımların belirlenmesi amacı ile moleküler çalışmalar yapılmıştır. Genetik çeşitliliğin belirlenmesi için Gonias ve ark., ile Mazzucato ve ark., tarafından geliştirilmiş olan 14 adet SSR primeri kullanılmıştır. Genomik DNA izolasyonu için Antalya Aksu'da sera koşullarında yetiştirilen her genotipten genç ve sağlıklı yapraklardan örnekler steril bir şekilde alınmıştır. DNA izolasyonu DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. SSR markörlerinin çoğaltılması için toplam 20 µL hacime sahip PCR reaksiyon karışımları; 2.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 1.0 µL DNA, 1x AmplitaqGold® PCR Tamponu, 300 nM her bir primer, 0.5 ünite AmplitaqGold® polimeraz enzimi, 200µM her bir dNTP (Promega), ve nükleaz olmayan H<sub>2</sub>O barındıran bir protokol şeklinde hazırlanmıştır (Shirasawa ve ark., 2010). Toplam reaksiyon hacimleri 20 µL'dir. PCR ürünleri; başlangıç DNA denatürasyonu 95°C/10 dk; denatürasyon 95°C/30 s; bağlanma reaksiyonu 60°C/30 s (sıcaklık dereceleri primerlere göre farklılık gösterebilmektedir) ve uzama 72°C/ 30 s (35 döngü olmak üzere); son uzama ise 72°C/10 dk ve 4°C'de tutmayı içeren program ile çoğaltılmıştır.

Domates genotiplerinde, genotipler arasındaki genetik çeşitliliğinin belirlenmesi için, DARwin 6 (Perrier, 2006) yazılımı kullanılmıştır. Hastalık testlemelerinde kullanılan moleküler markör lokusların çoğaltılmasında, yine SSR markörlerinin çoğaltılmasına benzer bir reaksiyon karışım oranında PCR reaksiyonları gerçekleştirilmiştir. Çalışmada kullanılan markörler şunlardır: Sw (Dianese ve ark., 2010), TY-3 (Ji ve ark., 2008), Ty-2 (Yang ve ark., 2014), TOMV (Panthee ve ark., 2013), Mi (Williamson ve ark., 1994), Ve (Jung ve ark., 2015), I-2 (Staniaszek ve ark., 2007). Ty-2 veya Ty-3 dayanıklılık alellerinden en az birini taşıyan genotipler dayanıklı olarak skorlanmıştır. Mi, Ve ve I-2 markör analizleri, CAPS markörler olduğundan,

ilgili markörlerin lokuslara ait PCR ürünleri sırası ile TaqI (Mi), XbaI (Ve) ve FokI (I-2) restriksiyon enzimleri ile kesilmiştir. CAPS markörlerinin Restriksiyon reaksiyon karışımları ise; 20 µL PCR ürünü, 1U restriksiyon enzimi, 1X restriksiyon tamponu içermekte olup reaksiyon hacmi toplam 25 µL olarak hazırlanmıştır. XbaI ve FokI restriksiyon enzimlerinin inkübasyon sıcaklıklar 37 °C TaqI enziminin sıcaklığı ise 65 °C olarak uygulanmıştır. Bütün CAPS analizleri için inkübasyon süresi 6 saat olacak şekilde belirlenmiştir. Çizelge 1'de genetik çeşitlilik analizi için kullanılan SSR primerleri, Çizelge 2' de ise hastalık dayanım düzeylerin belirlenmesinde kullanılan SSR primerleri verilmiştir.

Çizelge 1. Çalışmada çeşitlilik analizinde kullanılan SSR primerleri (Gonias ve ark., 2019; Mazzucato ve ark., 2008)

SLR20	Tm: 53°C	F: TTC GGT TTA TTC TGC CAA CC	R: GCC TGT AGG ATT TTC GCC TA
SLR23	Tm: 55°C	F: ACA AAC TCA AGA TAA GTA AGA GC	R: GTG AAT TGT GTT TTA ACA TGG
SLR03	Tm: 50°C	F: GCA CGA GCA CAT ATA GAA GAG AAT CA	R: CCA TTT CAT CAT ATC TCT CAG CTT GC
SLR13	Tm: 55°C	F: GCC ACG TAG TCA TGA TAT ACA TAG	R: GCC TCG GAC AAT GAA TTG
SLR26	Tm: 55°C	F: AAC GGT GGA AAC TAT TGA AAG G	R: CAC CAC CAA ACC CAT CGT C
SLR10	Tm: 55°C	F: AGA ATT TTT TCA TGA AAT TGT CC	R: TAT TGC GTT CCA CTC CCT CT
SLR4	Tm: 55°C	F: ACT GCA TTT CAG GTA CAT ACT CTC	R: ATA AAC TCG TAG ACC ATA CCC TC
LE21085	Tm: 53°C	F: CAT TTT ATC ATT TAT TTG TGT CTT	G R: ACA AAA AAA GGT GAC GAT ACA
LEMDDNA	Tm: 57°C	F: TAA ATA CAA AAG CAG GAG TCG	R: GAG TTG ACA GAT CCT TCA ATG
LELEUZIP	Tm: 50°C	F: CGT CTG CAT CAA TTT CCT C	R: GTG TTC CTA CAT TTC AGC TCC
LELE25	Tm: 55°C	F: TTC TTC CGT ATG AGT GAG T	R: CTC TAT TAC TTA TTA TTA TCG
LE20592	Tm: 55°C	F-CTGTTTACTTCAAGAAGGCTG	R: ACTTTAACTTTATTATTGCCACG
LE02	Tm: 55°C	F: TGT TGG TTG GAG AAA CTC CC	R: AGG CAT TTA AAC CAA TAG GTA GC
LE15	Tm: 55°C	F: GGA TTG TAG AGG TGT TGT TGG	R: TTT GTA ATT GAC TTT GTC GAT G

Çizelge 2. Bazı hastalık ve zararlılara karşı dayanım düzeylerini belirlemede kullanılan primerler

Hastalık ismi <sup>1</sup>	Gen	Primer dizisi
<i>Tomato Spotted Wilt Virus</i> (TSWV)	Sw	F: AATTAGGTTCTTGAAGCCCATCT R: TTCGCATCAGCCAATAGTGT
<i>Tomato Yellow Leaf Curling Virus</i> (TYLCV)	TY-3 TY-2	F: GTA GTG GAA ATG ATG CTG CTC R: CTC TGC CTA TTG TCC CAT ATA TAA CC F: ACCCCAAAACATTTCTGAAATCC R: TTGGCTATTTTGTGAAAATTCTCACT
<i>Tomato Mosaic Virus</i> (ToMV),	TOMV	F: CACCTTCCCTCTCCAA R: CACCTTCCCTCAAAGC
<i>Meloidogyne</i> Spp	Mi	F: TCGGAGCCTTGGTCTGAATT R: GCCAGAGATGATTCGTGAGA
<i>Verticillium Wilt</i>	Ve	F: CAAACATAGCTGGAAGAATC R: TAGGAGGAAAAGAATTGG
<i>Fusarium oxysporum f. sp.</i>	I-2	F: GGGCTCCTAATCCGTGCTTCA R: GGTGGAGGATCGGTTTGTTC

<sup>1</sup>Markör amplifikasyon bilgileri şöyledir: MI-REX, Dayanıklı: TaqI kesimi 570 ve 160 bp, Duyarlı: (750 bp); TOMV, Dayanıklı: 574, Duyarlı: 534; TY-2, Dayanıklı: 120 bp, Duyarlı: 213 bp; TY-3, Dayanıklı 630 bp, Duyarlı: 320 bp; Sw-5-2, Dayanıklı: 574 bp, Duyarlı: 464 bp; I-2, Dayanıklı: FokI kesimi 390 ve 410 bp, Duyarlı: 800 bp; V2Le03, XbaI kesimi Dayanıklı: 428 ve 601 bp, Duyarlı: 1029 bp.

### Veri Analizi

DARwin paket programında SSR markır analiz sonuçları var(1) yok (0) olarak Dice katsayısı kullanılarak değerlendirilmiştir. Çalışmada moleküler genetik çeşitlilik unweighted Neighbor-

joining (NJ) yöntemi kullanılarak belirlenmiş ve mevcut dendrogram oluşturulmuştur.

### Bulgular ve Tartışma

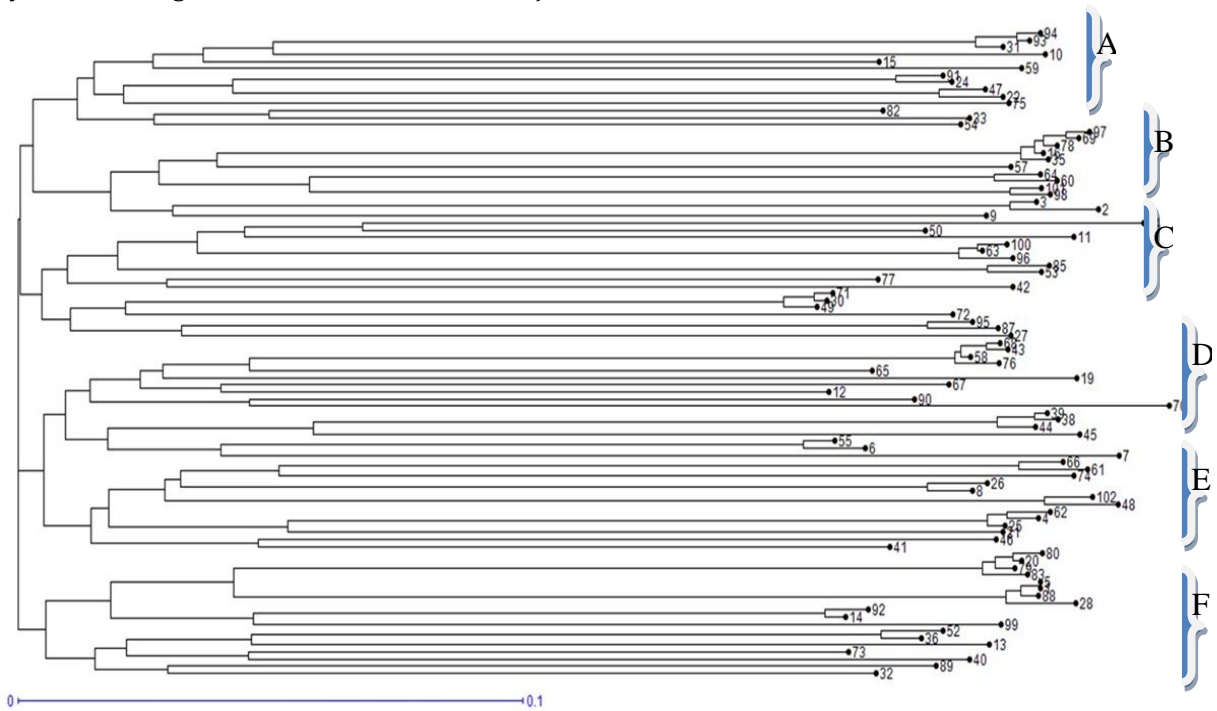
Çalışmada kullanılan EST-SSR primerlerine at bazı bulgular Çizelge 3' te verilmiştir.

Çizelge 3. Çalışmada kullanılan SSR markır uzunlukları ve allel sayısı

Markır Adı	Polimorfik Band Sayısı (Allel)	Allel Büyüklükleri
SLR20	14	114-258
SLR23	12	185-257
SLR03	9	112-166
SLR13	9	120-188
SLR26	9	121-185
SLR10	8	201-249
SLR04	8	92-185
LE02	11	100-211
LE15	6	186-244
LE21085	9	225-245
LEMDDNa	3	101-122
LELEUZIP	10	102-189
LELE25	12	114-266
LE20592	17	120-228

92 adet domates genotipinde toplam 137 adet SSR alleli tespit edilmiştir. Çalışmada SSR markörlerinin analiz edilen popülasyonda gösterdiği ortalama PIC değeri 0.490 olarak tespit edilirken, en düşük 0,487, en yüksek PIC değeri ise 0.496 olarak belirlenmiştir.

En yüksek PIC değeri olan markörün 0.496 değeri ile LE15 olduğu belirlenmiştir. Çalışmada moleküler genetik çeşitliliği gösteren dendrogram Şekil 1'de verilmiştir.



Şekil 1. Dice katsayısı ve unweighted neighbor-joining algoritması ile çizilmiş çeşitlilik analizini gösteren dendrogram

EST-SSR allel verileri ile gerçekleştirilen çeşitlilik analizi sonucunda oluşturulandendogramda (Şekil 1) genetik çeşitlilik analizi sonucu çalışmaya dahil genotiplerin 3 ana gruba ve altı alt gruba ayrıldığı belirlenmiştir (Grup A-F). Genotiplerin gruplara sayıca dağılımı A grubunda 14, B grubunda 13, C grubunda 17, D grubunda 17, E grubunda 13, F grubunda ise 17 genotip şeklinde gerçekleşmiştir.

Uzaklık matrisi ve NJ dendrogramı arasında yüksek düzeyde korelasyon olduğu tespit edilmiştir ( $r = 0.91$ ). Ortalama benzemezlik değeri 0,38 olarak belirlenmiş ve genotipler arasındaki moleküler genetik çeşitlilik nispeten düşük bulunmuştur. Korir ve ark. (2014) 42 domates çeşitinde 29 SSR primeri kullanmış ve genotipler arasında ortalama PIC değeri 0.45 iken, PIC değerleri 0.17 ile 0.75 arasında farklılık

gösterdiği bildirilmiş ve genetik çeşitliliği belirlemek için oluşturulan dendogramda ise genotiplerin 5 gruba ayrıldığı bildirilmiştir. Yapılan başka bir çalışmada, 21 domates genotipinde 18 SSR primeri kullanmış ve PIC değerleri 0.17 ile 0.36 arasında farklılık göstermiş ve genetik çeşitliliği belirlemek için gerçekleştirilen cluster analizinde genotiplerin iki ana gruba ayrıldığı bildirilmiştir (Manish ve ark., 2018). Popescu ve ark. (2022)'in bildirdiğine göre 13 domates genotipte moleküler çeşitliliğini belirlemek amacı ile 8 SSR markörü kullanılmış ve genotipler arasında ortalama PIC değeri 0,764 olarak tespit edilmiştir ve oluşturulan dendogram iki farklı küme olarak gruplandırılmıştır. Gonias ve ark. (2019) domates genotipleri arasındaki PIC değerlerinin 0,849 ile 0,615 arasında farklılık gösterdiği bildirilmiştir Villanueva-Gutierrez ve ark. (2022) 28 domates türünde genetik çeşitliliği belirlemek için 11 SSR markörü kullanmış ve lokuslarda toplam 33 allel tespit etmiştir. Domates türleri arasında genetik çeşitlilik ortalama 0.07 olarak belirlenmiş ve türler arasında genetik çeşitliliğin düşük olduğu bildirilmiştir. Literatür çalışmalarında incelendiğinde domates morfolojik olarak geniş bir yelpaze

göstermesine rağmen, moleküler olarak monomorfik bir tür olduğu bilinmektedir (He ve ark., 2003). Son yıllarda hibrit çeşitlerin yaygınlaşması, köy populasyonlarının üretimin daralması, domatesin populasyonun geniş oranda seleksiyona tabi tutulması gibi pek çok faktör bitki türlerinde genetik çeşitliliğin daralmasına neden olmuştur (Karık ve ark., 2019; Rick, 1976; Vargas, Aguirre, & Coronado, 2020). Literatür çalışmaları incelendiğinde genetik çeşitlilikte bir daralmanın olduğu görülmektedir. Bu bağlamda genetik kaynakların toplanması, karakterize edilmesi ve korunmasına yönelik çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır (Ali ve ark., 2020; Ekincialp ve ark., 2019; Uzun ve ark., 2021). Mevcut çalışmamız ile yapılan genetik çeşitlilikle ilgili bilgiler, gelecekteki ıslah çalışmaları için oldukça önemli bilgiler üretmitilmiştir. Çalışmamızda; domates genotiplerinde *Meloidogyne incognita* 'e 22 adet, *Tomato Mosaic Virus*'e (ToMV) 18, *Verticillium wilt*'e 16, *Tomato Spotted Wilt Virus*'e (TSWV) 4, *Tomato Yellow Leaf Curling Virus*'e 8, *Fusarium oxysporum f. sp.*'e 12 genotip dayanıklı (RR) genotip bulunmuştur (Çizelge 4).

Çizelge 4. Genotiplerin belirtilen hastalık ve zararlılara karşı direnç durumu

Hastalık ve zararlı ismi	RR dayanım gösteren genotipler	Rr dayanım gösteren genotipler	rr dayanım gösteren genotipler
<i>Meloidogyne incognita</i>	3-8-21-25-26-30-40-41-49-50-61-62-63-66-74-79-83-90-95-96-97-100	1-4-5-9-10-14-15-16-20-28-35-36-38-44-45-52-54-59-60-64-65-70-71-72-73-77-78-80-84-87-88-89-92-98-99-101	6-7-11-12-13-19-22-24-27-31-32-33-42-43-48-53-57-58-67-68-69-76-85-91-93-94-102
<i>Tomato Yellow Leaf Curling Virus</i>	1-6-20-30-40-41-49-50-64-74-101	2-3-4-7-9-10-12-13-21-25-26-27-28-35-36-38-44-45-52-54-55-65-66-67-70-71-72-73-75-78-79-83-84-85-87-88-92-95-96-97-98-99-100	4-8-11-14-15-19-22-24-31-32-33-42-43-48-53-59-60-62-63-68-69-76-82-89-91-93-94-98-99-100
<i>Tomato Spotted Wilt Virus</i>	52-63-71-92	1-3-5-6-7-10-11-12-13-14-15-20-24-25-26-27-28-30-31-32-35-36-40-41-42-43-46-48-49-55-57-59-60-61-62-64-66-69-70-75-77-79-80-83-84-87-88-89-90-91-93-94-95-96-97-98-99-100-101	4-8-9-19-22-38-39-44-47-50-65-67-68-85
<i>Fusarium Wilt</i>	6-13-30-40-52-64-65-69-82-85-92-96-100-102	1-2-3-4-7-10-11-14-16-20-21-24-25-26-27-28-31-35-36-41-42-43-45-46-47-48-49-54-55-57-58-60-66-67-70-71-72-73-75-77-78-79-80-83-87-88-90-91-93-94-95-97-98-99-101	5-8-9-12-15-19-22-32-33-38-39-44-50-62-63-68-89
<i>Verticillium wilt</i>	6-11-40-45-50-60-63-67-69-74-76-79-83-87-90-97-99	1-4-5-12-20-25-26-27-28-38-44-46-52-54-55--60-62-65-66-70-71-75-77-78-88-89-91-92-93-94-95-96-98-100-101	2-3-7-8-10-15-16-19-21-22-24-31-32-33-36-41-42-43-47-48-53-57-58-59-62-64-68-80-85
<i>Tomato Mosaic Virus</i>	1-9-11-19-20-24-28-53-54-58-65-68-76-79-84-85-8891-92-93-	3-4-8-12-15-16-21-22-26-30-32-35-36-40-42-45-46-47-48-49-55-60-61-62-63-64-66-67-69-70-72-73-74-75-78-84-87-89-94-95-96-97-99-100-102	1-5-13-14-27-33-38-39-43-44-50-52-57-59-77-82-83-84-98-101

RR: Homozigot dayanıklı; Rr: Heterozigot dayanıklı; rr: Hassas

Anupam ve ark (2020)'in yaptıkları çalışmada Mi geninin varlığı incelenmiş ve 380 bp'de 5 dayanıklı genotip, 420 bp'de 4 duyarlı genotip gösterdiği bildirilmiştir. (Pidigam ve ark., 2021) SSR markörleri ile 48 adet domates genotipinin karakterizasyonu yapılmış ve 7 adet domates genotipi *Tomato Spotted Wilt Virus*'e (TSWV) dayanıklı, *Fusarium oxysporum f. sp.* 'e ise 9 adet genotipin dayanıklı olduğu belirlenmiştir. Yapılan başka bir çalışmada TSWV'e karşı dayanım düzeyleri incelendiğinde 57 adet rr, 27 adet Rr, 5 RR homozigot dirençli olarak belirlenir iken TYLCV'e karşı dayanım durumları ise 34 adet rr, 56 adet Rr, 4 adet ise RR olduğu bildirilmiştir (Basim ve ark., 2022).

### Sonuç

Pek çok kültür bitkisinde olduğu gibi domatesde hibrit çeşitlerin yaygınlaşması, köy populasyonlarının üretiminin daralması ve benzeri nedenler ile genetik çeşitliliğin azaldığı görülmektedir. Bu bağlamda genetik kaynakların derlenmesi, tanımlanması ve toplanması, karakterize edilmesi ve korunmasına yönelik çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır. Çalışmada elde edilen genetik çeşitlilikle ilgili bilgiler, gelecekteki ıslah çalışmaları için oluşturulan ıslah programlarında oldukça önemli bir gen havuzu kaynağın oluşturmaktadır. ESTSSR allel verileri ile gerçekleştirilen çeşitlilik analizi sonucunda oluşturulan NJ dendrogramı ile genotiplerinin üç ana küme oluşturduğu ve altı grupta toplandığı belirlenmiştir. Ortalama benzemezlik değeri 0,38 olarak belirlenmiştir. Domates tarımında verimliliği etkileyen birçok abiyotik stres faktörü mevcuttur. Bu bağlamda hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık genlerine sahip genotiplerin varlığı oldukça önemlidir. Çalışma sonucunda *Meloidogyne incognita*, *Tomato Mosaic Virus*, *Verticillium wilt*, *Tomato Spotted Wilt Virus*, *Tomato Yellow Leaf Curling Virus* *Fusarium oxysporum f. sp.* patojenlerinin tümüne birden 1,5, 11, 26, 28, 40, 53, 63, 66, 70, 79, 87 ve 88 nolu genotipler dayanıklı bulunmuştur.

### Çıkar çatışması

Yazarlar arasında herhangi bir çıkar çatışması yoktur.

### Yazarların katkı beyanı

Bu çalışmanın düzenlenmesi ve geliştirilmesine tüm yazarlar katılmıştır. Bu çalışma GK'nın yüksek lisans tezinin bir bölümünden alınmıştır. GK bu çalışmaya denemenin kurulumu, arazi çalışmalarında laboratuvar çalışmaları, veri analizi, makale yazımı ve

tartışma aşamalarında katkıda bulunmuştur. AÖÜ verilerinin yorumlanmasında katkıda bulunmuştur. ÖT arazi çalışmalarında, verilerinin yorumlanması, makale yazımında katkıda bulunmuştur. ÖT ve AÖÜ GK'nın tez danışmanıdır.

### Kaynaklar

- Abhary, M., Patil, B. L., & Fauquet, C. M. (2007). Molecular biodiversity, taxonomy, and nomenclature of tomato yellow leaf curl-like viruses. In *Tomato yellow leaf curl virus disease: management, molecular biology, breeding for resistance* (pp. 85-118): Springer.
- Ali, F., Nadeem, M. A., Barut, M., Habyarimana, E., Chaudhary, H. J., Khalil, I. H., . . . Kurt, C. (2020). Genetic diversity, population structure and marker-trait association for 100-seed weight in international safflower panel using silicoDART marker information. *Plants*, 9(5), 652.
- Anupam, N. K. D., Kaur, S., & Buttar, H. (2020). Efficacy of non-chemical methods for management of root-knot nematode (*Meloidogyne incognita*) in tomato in protected cultivation. *J Entomol Zool Stud*, 8(3), 1383-1389.
- Arens, P., Mansilla, C., Deinum, D., Cavellini, L., Moretti, A., Rolland, S., . . . Collonnier, C. (2010). Development and evaluation of robust molecular markers linked to disease resistance in tomato for distinctness, uniformity and stability testing. *Theoretical and applied genetics*, 120, 655-664.
- Ates, C., Fidan, H., Karacaoglu, M., & Dasgan, H. (2019). The identification of the resistance levels of *Fusarium oxysporum f. sp. radicles-lycopersici* and *Tomato yellow leaf curl viruses* in different tomato genotypes with traditional and molecular methods. *Applied Ecology and Environmental Research*, 17(2).
- Barut, M., Nadeem, M. A., Karaköy, T., & Baloch, F. S. (2020). DNA fingerprinting and genetic diversity analysis of world quinoa germplasm using iPBS-retrotransposon marker system. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 44(5), 479-491.
- Basim, H., Kandil, O., İğdırlı, R., & Mehmet, M. (2022). The Resistance of Some Tomato Lines against *Tomato Spotted Wild Virus*, *Tomato Yellow Leaf Curl Virus* and *Root Knot Nematodes* (*meloidogyne spp.*) by Molecular Markers. *Black Sea Journal of Agriculture*, 5(4), 401-405.
- Cardoso, J., Tonelli, L., Kutz, T. S., Brandelero, F. D., Vargas, T. d. O., & Dallemole-Giaretta, R. (2019). Reaction of

- wild Solanaceae rootstocks to the parasitism of (*Meloidogyne javanica*). *Horticultura Brasileira*, 37, 17-21.
- Cervantes-Moreno, R., Rodríguez-Pérez, J. E., Carrillo Fonseca, C., Sahagún-Castellanos, J., & Rodríguez-Guzmán, E. (2014). Tolerancia de 26 colectas de tomates nativos de México al nematodo *Meloidogyne incognita* (Kofoid y White) Chitwood. *Revista Chapingo. Serie Horticultura*, 20(1), 05-18.
- Clement, C. R., de Cristo-Araújo, M., Coppens D'Eeckenbrugge, G., Alves Pereira, A., & Picanço-Rodrigues, D. (2010). Origin and domestication of native Amazonian crops. *Diversity*, 2(1), 72-106.
- Cucu, M. A., Gilardi, G., Pugliese, M., Gullino, M. L., & Garibaldi, A. (2020). An assessment of the modulation of the population dynamics of pathogenic *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* in the tomato rhizosphere by means of the application of *Bacillus subtilis* QST 713, *Trichoderma* sp. TW2 and two composts. *Biological Control*, 142, 104158.
- Dianese, E. C., de Fonseca, M. E. N., Goldbach, R., Kormelink, R., Inoue-Nagata, A. K., Resende, R. O., & Boiteux, L. S. (2010). Development of a locus-specific, co-dominant SCAR marker for assisted-selection of the Sw-5 (Tospovirus resistance) gene cluster in a wide range of tomato accessions. *Molecular Breeding*, 25(1), 133-142.
- Ding, Q., Li, J., Wang, F., Zhang, Y., Li, H., Zhang, J., & Gao, J. (2015). Characterization and development of EST-SSRs by deep transcriptome sequencing in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). *International journal of genomics*, 2015.
- Ekincialp, A., Erdiñç, Ç., Turan, S., Cakmakci, O., Nadeem, M. A., Baloch, F. S., & Sensoy, S. (2019). Genetic characterization of *Rheum ribes* (wild rhubarb) genotypes in Lake Van basin of turkey through ISSR and SSR markers. *International Journal of Agriculture and Biology*, 21(4), 795-802.
- Foolad, M. R., & Sharma, A. (2004). *Molecular markers as selection tools in tomato breeding*. Paper presented at the I International Symposium on Tomato Diseases 695.
- Gill, U., Scott, J. W., Shekasteband, R., Ogundiwin, E., Schuit, C., Francis, D. M., . . . Hutton, S. F. (2019). Ty-6, a major begomovirus resistance gene on chromosome 10, is effective against Tomato yellow leaf curl virus and Tomato mottle virus. *Theoretical and Applied Genetics*, 132, 1543-1554.
- Gonias, E. D., Ganopoulos, I., Mellidou, I., Bibi, A. C., Kalivas, A., Mylona, P. V., . . . Doulis, A. G. (2019). Exploring genetic diversity of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) germplasm of genebank collection employing SSR and SCAR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 66(6), 1295-1309.
- He, C., Poysa, V., & Yu, K. (2003). Development and characterization of simple sequence repeat (SSR) markers and their use in determining relationships among *Lycopersicon esculentum* cultivars. *Theoretical and applied genetics*, 106, 363-373.
- Ji, Y., Salus, M., Van Betteray, B., Smeets, J., Jensen, K., Martin, C., . . . Maxwell, D. (2008). Co-dominant SCAR markers for detection of the Ty-3 and Ty-3a loci from *Solanum chilense* at 25 cM of chromosome 6 of tomato. *Tomato Genet Cooper*, 57, 25-29.
- Ji, Y., Schuster, D. J., & Scott, J. W. (2007). Ty-3, a begomovirus resistance locus near the Tomato yellow leaf curl virus resistance locus Ty-1 on chromosome 6 of tomato. *Molecular Breeding*, 20, 271-284.
- Jones, J. T., Haegeman, A., Danchin, E. G., Gaur, H. S., Helder, J., Jones, M. G., . . . Wesemael, W. M. (2013). Top 10 plant-parasitic nematodes in molecular plant pathology. *Molecular plant pathology*, 14(9), 946-961.
- Jung, J., Kim, H. J., Lee, J. M., Oh, C. S., Lee, H.-J., & Yeam, I. (2015). Gene-based molecular marker system for multiple disease resistances in tomato against Tomato yellow leaf curl virus, late blight, and verticillium wilt. *Euphytica*, 205(2), 599-613.
- Karık, Ü., Nadeem, M. A., Habyarimana, E., Ercişli, S., Yildiz, M., Yılmaz, A., . . . Baloch, F. S. (2019). Exploring the genetic diversity and population structure of Turkish laurel germplasm by the iPBS-retrotransposon marker system. *Agronomy*, 9(10), 647.
- Kaşvalı, G. (2007). Effects of soil solarization and organic amendment treatments for controlling *Meloidogyne incognita* in tomato cultivars in Western Anatolia. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 31(3), 159-167.
- Kawchuk, L. M., Hachey, J., Lynch, D. R., Kulcsar, F., Van Rooijen, G., Waterer, D. R., . . . Howard, R. J. (2001). Tomato Ve disease resistance genes encode cell surface-like receptors. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(11), 6511-6515.



- Korir, N., Diao, W., Tao, R., Li, X., Kayesh, E., Li, A., . . . Wang, S. (2014). Genetic diversity and relationships among different tomato varieties revealed by EST-SSR markers. *Genet. Mol. Res*, 13(1), 43-53.
- Lázaro, A. (2018). Tomato landraces: an analysis of diversity and preferences. *Plant Genetic Resources*, 16(4), 315-324.
- Lee, J. M., Oh, C.-S., & Yeam, I. (2015). Molecular markers for selecting diverse disease resistances in tomato breeding programs.
- Liedl, B. E., Labate, J. A., Stommel, J. R., Slade, A., & Kole, C. (2013). *Genetics, genomics, and breeding of tomato*: CRC Press.
- Mahmoud, A. M. (2015). Genetic analysis to select good combiners for TYLCV-tolerance and yield components in tomato. *Annals of Agri. Sci., Moshtohor*, 53(2), 221-232.
- Manish, K., Yadav, R., Behera, T., Akshay, T., & Ajay, A. (2018). Genetic diversity analysis in tomato (*Solanum lycopersicum*) using microsatellite markers. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 88(1), 74-78.
- Mazzucato, A., Papa, R., Bitocchi, E., Mosconi, P., Nanni, L., Negri, V., . . . Tiranti, B. (2008). Genetic diversity, structure and marker-trait associations in a collection of Italian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Theoretical and Applied Genetics*, 116(5), 657-669.
- Milligan, S. B., Bodeau, J., Yaghoobi, J., Kaloshian, I., Zabel, P., & Williamson, V. M. (1998). The root knot nematode resistance gene Mi from tomato is a member of the leucine zipper, nucleotide binding, leucine-rich repeat family of plant genes. *The Plant Cell*, 10(8), 1307-1319.
- Mohan, V., Gupta, S., Thomas, S., Mickey, H., Charakana, C., Chauhan, V. S., . . . Sarma, S. (2016). Tomato fruits show wide phenomic diversity but fruit developmental genes show low genomic diversity. *PloS one*, 11(4), e0152907.
- Panthee, D. R., Brown, A. F., Yousef, G. G., Ibrahim, R., & Anderson, C. (2013). Novel molecular marker associated with T m2a gene conferring resistance to tomato mosaic virus in tomato. *Plant Breeding*, 132(4), 413-416.
- Perrier, X. (2006). DARwin software. <http://darwin.cirad.fr/darwin>
- Pidigam, S., Thuraga, V., Munnam, S. B., Amarapalli, G., Kuraba, G., Pandravada, S. R., . . . Sudini, H. K. (2021). Genetic diversity, population structure and validation of SSR markers linked to Sw-5 and I-2 genes in tomato germplasm. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27, 1695-1710.
- Pinar, H., Uzun, A., Unlu, M., & Yaman, M. (2019). Genetic diversity in turkish banana (*Musa cavendishii*) genotypes with DAMD markers. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(1), 459-463.
- Popescu, C. F., Bădulescu, A., Manolescu, A. E., Dumitru, A. M., & Sumedrea, D. I. (2022). Morphological Characterization And Genetic Variability Assessment With Ssr Markers In Several Tomato Genotypes. *Scientific Papers. Series B. Horticulture*, 66(1).
- Rick, C. (1976). Tomato *Lycopersicon esculentum* (Solanaceae). Evolution of Crop Plants. NW Simmonds ed. In (pp. 268-273). London: Longman.
- Roberts, P., McGovern, R., & Datnoff, L. (2000). Fusarium crown and root rot of tomato in Florida. *Plant Pathology Fact Sheet*, 184, 1-4.
- Saidi, M., & Warade, S. D. (2008). Tomato breeding for resistance to Tomato spotted wilt virus (TSWV): an overview of conventional and molecular approaches. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 44(3), 83-92.
- Shirasawa, K., Asamizu, E., Fukuoka, H., Ohyama, A., Sato, S., Nakamura, Y., . . . Kishida, Y. (2010). An interspecific linkage map of SSR and intronic polymorphism markers in tomato. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(4), 731-739.
- Song, Y., Zhang, Z., Seidl, M. F., Majer, A., Jakse, J., Javornik, B., & Thomma, B. P. (2017). Broad taxonomic characterization of *Verticillium* wilt resistance genes reveals an ancient origin of the tomato Ve1 immune receptor. *Molecular plant pathology*, 18(2), 195-209.
- Staniaszek, M., Kozik, E., & Marczewski, W. (2007). A CAPS marker TAO1902 diagnostic for the I-2 gene conferring resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 2 in tomato. *Plant Breeding*, 126(3), 331-333.
- Stevens, M., Scott, S., & Gergerich, R. (1991). Inheritance of a gene for resistance to tomato spotted wilt virus (TSWV) from *Lycopersicon peruvianum* Mill. *Euphytica*, 59(1), 9-17.
- Tiwari, J. K., Yerasu, S. R., Rai, N., Singh, D. P., Singh, A. K., Karkute, S. G., . . . Behera, T. K. (2022). Progress in marker-assisted selection to genomics-assisted

- breeding in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 41(5), 321-350.
- Uzun, A., Yaman, M., Pinar, H., Gok, B. D., & Gazel, I. (2021). Leaf and fruit characteristics and genetic diversity of wild fruit cerasus prostratagenotypes collected from the Central Anatolia, Turkey. *Acta Scientiarum Polonorum. Hortorum Cultus*, 20(2).
- Vargas, J. E. E., Aguirre, N. C., & Coronado, Y. M. (2020). Study of the genetic diversity of tomato (*Solanum* spp.) with ISSR markers. *Revista Ceres*, 67, 199-206.
- Villanueva-Gutierrez, E. E., Johansson, E., Prieto-Linde, M. L., Centellas Quezada, A., Olsson, M. E., & Geleta, M. (2022). Simple Sequence Repeat Markers Reveal Genetic Diversity and Population Structure of Bolivian Wild and Cultivated Tomatoes (*Solanum lycopersicum* L.). *Genes*, 13(9), 1505.
- Williamson, V., Ho, J.-Y., Wu, F., Miller, N., & Kaloshian, I. (1994). A PCR-based marker tightly linked to the nematode resistance gene, *Mi*, in tomato. *Theoretical and Applied Genetics*, 87(7), 757-763.
- Yaman, M., & Uzun, A. (2021). Morphological and molecular identification of hybrid individuals obtained by interspecies hybridization (*Prunus armeniaca* × *Prunus salicina*). *International Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 14(1), 7-15.
- Yang, X., Caro, M., Hutton, S. F., Scott, J. W., Guo, Y., Wang, X., . . . Visser, R. G. (2014). Fine mapping of the tomato yellow leaf curl virus resistance gene *Ty-2* on chromosome 11 of tomato. *Molecular Breeding*, 34, 749-760.
- Yildiz, E., Pinar, H., Uzun, A., Yaman, M., Sumbul, A., & Ercisli, S. (2021). Identification of genetic diversity among *Juglans regia* L. genotypes using molecular, morphological, and fatty acid data. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68, 1425-1437.
- Zhou, R., Wu, Z., Cao, X., & Jiang, F. (2015). Genetic diversity of cultivated and wild tomatoes revealed by morphological traits and SSR markers. *Genet. Mol. Res*, 14(4), 13868-13879.