

Asma Islahında Son Gelişmeler ve Güncel Metotlar

Şeyma BOZKUŞ^{1*}, Mücahid BOZKUŞ²

¹Zir. Yük. Müh., Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müd., Kahramanmaraş; ORCID: 0000-0002-3977-4199

²Zir. Yük. Müh., Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müd., Kahramanmaraş; ORCID: 0009-0002-0885-1611
Gönderilme Tarihi: 14 Şubat 2024 Kabul Tarihi: 10 Temmuz 2024

ÖZ

Asma (*Vitis vinifera* subsp. *vinifera*), dünya genelinde en yaygın ve ekonomik olarak yetiştiriciliği yapılan çok yıllık meyve türlerinden biridir. Asma ürünlerinin insan sağlığı üzerindeki olumlu etkilerinin bilinmesiyle, dünyadaki bağ alanlarında istikrarlı bir artış görülmüştür. Değişen çevresel koşullar ve pazar talepleri doğrultusunda yıllar içinde değişen bağcılık sektöründe yeni çeşitlerin geliştirilmesiyle üzümün pazardaki sürdürülebilirliği sağlanmıştır. Bu bağlamda, biyoteknoloji ve genetik mühendisliği alanındaki gelişmeler üzüm verimliliğini ve kalitesini arttırmada etkili bir araç olarak ortaya çıkmıştır. Genetik biliminin sağlamış olduğu metotları klasik asma ıslahı sürecine dâhil etmek, meyve kalitesinin artırılması, biyotik ve abiyotik stres şartlarına karşı dayanıklı asma türlerinin daha hızlı geliştirilmesine olanak sağlamaktadır. Bu derlemenin amacı, asma ıslahında geçmişten günümüze kadar olan süreçler ve kullanılan önemli metotlar ile ilgili bir perspektif sunmak ve yeni teknolojilerin asma genetiğinin iyileştirilmesi potansiyeli hakkında bilgi vermektir.

Anahtar Kelimeler: Asma, asma ıslah metotları, QTL (kantitatif karakter lokus), genomik seleksiyon, markör destekli seleksiyon

Latest Developments and Current Methods in Grapevine Breeding

ABSTRACT

Grapevine (*Vitis vinifera* subsp. *vinifera*) is one of the most widespread and economically cultivated perennial fruit crops in the world. The knowledge of the beneficial effects of grapevine products on human health has led to a steady increase in vineyards around the world. In response to changing environmental conditions and market demands, the sustainability of grapes in the marketplace has been ensured by developing new varieties in the evolving viticulture sector over the years. In this context, developments in biotechnology and genetic engineering have emerged as effective tools to enhance grape productivity and quality. Integrating the methods provided by genetic science into the traditional grapevine breeding process allows for the improvement of fruit quality and the faster development of grapevine varieties resistant to abiotic and biotic stress conditions. The aim of this review is to provide a perspective on the processes and important methods used in grapevine breeding from the past to the present and to identify the potential of new technologies to improve grape genetics.

Keywords: Grapevine, grapevine breeding methods, QTL (quantitative character loci), genomic selection, marker assisted selection

GİRİŞ

Üzüm, dünya genelinde ve Türkiye’de en fazla üretilen meyve türlerinden biri olup, ülkemiz bu alanda önemli bir konuma sahiptir. Dünya çapındaki üzüm üretim hacimleri karşılaştırıldığında önde gelen ülkelerden bazılarının üzüm üretiminde yoğun olarak yer aldığı görülmektedir. Örneğin Çin, dünyanın en büyük üzüm üreticilerinden biridir ve yıllık üzüm üretimi dünya üretiminin yaklaşık %20-22’sini oluşturmaktadır [1]. İtalya üzüm üretiminde yaklaşık %11-12’lik bir payla Çin’den sonra dünyada ikinci sırada yer almaktadır. Amerika Birleşik Devletleri de

dünya üzüm üretiminin yaklaşık %8-9’unu oluşturan önemli bir üzüm üreticisi olup, İspanya ve Fransa dünya üzüm üretiminin %7-8’ini gerçekleştirmektedir [1]. Türkiye ise dünya üzüm üretiminin %5’ini karşılamakta olup, dünya sıralamasında 6. sırada yer almaktadır [1]. Son yıllarda dünya genelinde üzüm üretimi yıldan yıla değişmekle birlikte 70-80 milyon ton arasında seyretmekte ve bu ülkelerin üretim miktarları dünya üzüm üretiminin büyük bir kısmını oluşturmaktadır [1].

Vitaceae ailesine ait asma (*Vitis* spp.) yaklaşık 60 tür içerir ve *Euvitis* ve *Muscadinia* alt cinslerine ayrılır. *Vitis* cinsi tarımı yapılan üzüm türleri

*Sorumlu yazar / Corresponding author: seyma.bozkus@tarimorman.gov.tr

içerisindeki en önemli türdür [2, 3, 4, 5, 6]. *V.vinifera* L., ılıman iklimden subtropikal veya tropikal iklime kadar çeşitli iklim koşullarına uyum sağladığı için en yaygın *Vitis* türüdür [5]. Bu nedenle, *V.vinifera* ve *V.vinifera* hibritlerine ait çeşitler dünya genelinde en yaygın olarak yetiştirilen türlerdir; ayrıca asma pazarında büyük bir paya sahiptirler. İnsan sağlığı ve beslenmesinde önemli bir rol oynayan üzüm, sofralık, kurutmalık ve şaraplık gibi çok yönlü tüketim seçeneklerine sahiptir [2, 7, 8]. Ayrıca, ülkemizin farklı bölgelerinde pekmez, sucuk, sirke gibi farklı kullanım biçimleri de mevcuttur. Üzümün bu çok yönlü ve çeşitli kullanım alanları, tarım ve gıda endüstrisinde önemli bir yere sahip olmasına neden olmuştur.

Üzüm asmalarının meyve ve şarap üretimi amacıyla yetiştiriciliği, Yakın Doğu Bölgesi'nde en az 7000 yıl önce başlamış ve tarih boyunca bu bitkiler üzerinde binlerce yıl süren ıslah ve seleksiyon süreci gerçekleşmiştir. İnsanlar bitkilerin doğal özelliklerini değerlendirmiş ve istedikleri özelliklere sahip asmaları seçip çoğaltarak, farklı üzüm çeşitlerini geliştirmişlerdir. Bu süreç hem sofralık üzüm meyveleri hem de şarap üretimi için kullanılan üzüm çeşitlerinin evrimini şekillendirmiştir [9].

On dokuzuncu yüzyılın sonlarında ve yirminci yüzyılın başlarında Avrupa'da ortaya çıkan salgın hastalık ve zararlılar, bağcılık ve asma ıslahında yeni bir dönemin başlamasına neden olmuştur. Özellikle de filoksera ile mücadele etmek amacıyla filokseraya dayanıklı yabancı asma türleri (*V.riparia* ve *V.rupestris*) anaç ıslahı çalışmalarında kullanılmıştır [10]. Anaç ıslah çalışmalarının yanı sıra, üzüm ıslah çalışmaları da yine aynı dönemde başlamış ve öncelikli olarak şaraplık çeşitlerin iyileştirilmesine yönelik adım atılmış, daha sonra sofralık üzüm çeşitleri için de ıslah çalışmaları yapılmaya başlanmıştır. Yirminci yüzyılda, özellikle ABD'deki sofralık üzüm ıslah çalışmalarına öncülük eden farklı kuruluş (United States Department of Agriculture-USDA) ve organizasyonlar tarafından üstün özelliklere sahip birçok yeni sofralık üzüm çeşidi geliştirilmiş ve bu üzüm çeşitleri üreticiler tarafından yetiştirilmiştir [11]. Bu gelişmeler, dünya genelinde sofralık üzüm endüstrisinin gelişmesine öncülük etmiştir. Daha sonra, Uzak Doğu, Avrupa, Türkiye, İsrail ve birçok farklı ülkede üzüm ıslah çalışmalarına başlanmıştır [12, 3]. Bu çalışmalar, asma ıslahının temelini oluşturmuş ve birçok farklı üzüm çeşidinin elde edilmesine olanak sağlamıştır.

Günümüzde ise dünya genelinde birçok farklı üzüm çeşidi bulunmakta olup, bu zengin çeşitlilik hem sofralık tüketim hem de şarap endüstrisi için büyük bir önem arz etmektedir. Fakat küresel ısınma, tüketici tercihlerinin hızla değişmesi, insan ve çevre

sağlığına yönelik farkındalığın artması ve bazı diğer faktörlerin etkisi ile araştırmacılar klasik ve modern yöntemlerle bu beklentilere yanıt verecek yeni çeşitlerin geliştirilmesini hedeflemektedir [13].

Geçmişten günümüze kadar olan asma ıslah çalışmalarının temel amacı, tüketici ve üreticilerin beklentilerini karşılayacak yeni çeşitler elde etmektir. Geleneksel ıslah yöntemleri melezleme ve seleksiyon aşamalarından oluşmaktadır ve bu süreç çok zaman alıcı olmasının yanı sıra sonuçları tahmin etmek oldukça zordur. Fakat teknolojinin sağladığı fırsatlarla birlikte, asma ıslahında gelişmeler ileri seviyeye ulaşmıştır. Genetik mühendisliği ve moleküler biyoloji teknikleri, istenilen özelliklere sahip yeni çeşitlerin daha hızlı ve doğru bir şekilde seçilmesine olanak tanımıştır. Böylece, iklim değişikliğinin etkisini en aza indirerek ve değişen tüketici taleplerini göz önünde bulundurarak, farklı biyotik ve abiyotik stres koşullarına karşı dayanıklı çeşitlerin ıslahı daha kolay ve hızlı olmaktadır [14].

Bu derleme, asma ıslahının geçmişten günümüze kadar olan sürecini ve önemli ıslah metodlarını özetleyerek, bilim insanlarını ve tüm paydaşları bilgilendirmeyi amaçlamaktadır.

Klasik Islah Yöntemleri

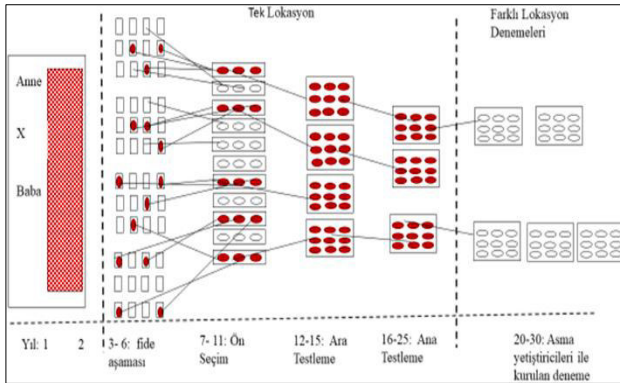
Asma (*Vitis*), dünya genelinde 7000 yıl önce kültüre alınan ilk çok yıllık meyve türlerinden biridir. Asmada, özellikle *V.vinifera* türünde, meyve büyüklüğü, renk, tam çiçek ve şeker içeriği gibi morfolojik özellikler, kültüre alınma sürecinde önemli özellikler olarak ortaya çıkmıştır. Ancak, bu türün bazı dezavantajları bulunmaktadır. Özellikle *V.vinifera* çeşitleri, hastalık ve zararlılara karşı hassas bir yapıya sahiptirler ve bu hassasiyet nedeni ile önemli verim ve kalite kayıpları yaşanmaktadır [2]. *V.vinifera* çeşitlerindeki hassasiyet, yabancı üzüm türlerinin melezleme çalışmalarında kullanılmasına yol açmıştır. Kuzey Amerika kökenli olan *V.riparia*, *V.rupestris* ve *V.berlandieri* türleri farklı toprak koşullarına uygun anaçların geliştirilmesinde, biyotik ve abiyotik streslere dayanıklı, yüksek kaliteli ve istenilen olgunluk süresine sahip çeşitlerin geliştirilmesi amacıyla ıslahçılar tarafından yaygın bir şekilde kullanılmıştır [3]. Üzümün farklı kullanım amaçlarına göre melezleme programlarında odaklanılan özellikler Çizelge 1'de özetlenmiştir.

Asmada klasik ıslah programı melezlemeden başlayıp seleksiyon aşamasına kadar farklı adımlardan oluşmaktadır [15]. Fakat ıslah çalışmaları bağlamında değerlendirildiğinde, asmanın meyve oluşturabilmesi için üç yıllık gençlik dönemine ihtiyaç duyması ve ortalama yirmi beş yıllık uzun bir ıslah süresinin olması, asmanın tarımsal açıdan zor bir bitki olmasına neden olmuştur. Tipik bir ıslah

programı, her bir seçim aşamasında bireylerin sayısını azaltan ardışık adımlardan oluşmaktadır. Şekil 1’de klasik ıslah adımlarını gösterilmektedir.

Çizelge 1. Üzümün farklı kullanım amaçlarına göre melezleme programlarında odaklanılan temel özellikler

Özellik	Şaraplık Çeşitler	Sofralık Çeşitler	Anaç
Kalite	Yüksek şarap kalitesi (yüksek şeker, dengeli asit, tat, renk)	Çekirdeksizlik, tat, tane şekli ve yapısı, istenilenin tatların dışında tatların olmaması	
Dayanıklılık (Biyotik)	Mildiyö, külleme, çürüklük (<i>Botrytis cinerea</i>), antroknöz (<i>Elsinoe ampelina</i>), filoksera	Mildiyö, külleme, çürüklük (<i>Botrytis cinerea</i>), antroknöz (<i>Elsinoe ampelina</i>), filoksera	Filoksera, nematod
Dayanıklılık (Abiyotik)	Don, kuraklık, güneş yanıklığı	Don, kuraklık, güneş yanıklığı	Kirece toleranslı, kök gelişim yeteneği yüksek
Olgunluk/Hasat	Dengeli ve stabil ürün miktarı, orta ve geçici hasat zamanı	Yüksek, dengeli ve stabil ürün miktarı, pazar ihtiyaçları doğrultusunda olgunlaşma zamanı	Kallus oluşumu, aşı uyumu, aşı kalemini destekleyecek büyüme oranı
Diğer	İklim şartlarına uyum, bağcılık özellikleri	İklim koşullarına uyum	



Şekil 1. Asma ıslah programının adımları ve zaman çizelgesi

Asma ıslah programları birçok ülke tarafından farklı amaçlar doğrultusunda yürütülmektedir. Örneğin bazı ıslah programları, anaç üretimi, şarap, sofralık üzüm ve kuru üzüm üretimine odaklanırken bazı programlar ise meyve kalitesi, hasat süresinde erkencilik ve geçcilik gibi özelliklere odaklanılmışlardır [16]. ABD’de soğuğa ve hastalıklara dayanıklı, uzun raf ömrüne sahip, verimli, büyük taneli üzümün elde edilmesi amacıyla, 1880’lerin sonlarında melezleme çalışmalarına başlanmış ve ‘Golden Muscat’, ‘Concord Seedless’, ‘Frontenac’, ‘Marquette’ gibi birçok çeşit elde edilmiştir [17]. Günümüzde ABD, asma ıslahındaki gelişmelere öncülük eden ülkeler içerisinde yer almaktadır.

Avrupa bağcılığında Fransa’ya bakıldığında, Fransız ıslahçıları, filoksera zararlısına, külleme ve mildiyö hastalıklarına dayanıklı anaç ve üzüm çeşitlerini geliştirmek amacıyla ıslah programlarına başlamışlardır. 1870’lerde Fransa’da başlayan ıslah çalışmalarında *V.vinifera*, *V.labruscana*, *V.cinerea*, *V.aestivalis*, *V.rupestris*, *V.lincecumii*, *V.riparia*, *V.amurensis* türleri kullanılmış ve bu çalışmalar 1950’lere kadar binlerce hibrit bireyin geliştirilmesini sağlamıştır. Fransa’daki ıslah çalışmaları sonucunda elde edilen çeşitlerden bazıları ‘Chambourcin’, ‘Baco Noir’, ‘Leon Millot’, ‘Marechal Foch’, ‘Aurore’, ‘Vignoles’, ‘Rosette’, ‘Rougeon’, ‘De Chaunac’, ‘Villard Noir’, ‘Chelois’, ‘Chancellor’, ‘Seyval Blanc’, ‘Villard Blanc’, ‘Vidal Blanc’ ve ‘Cascade’ çeşitleridir [18].

Almanya’daki ıslah çalışmalarının temeli başlangıçta viral hastalıklara karşı mücadeleye dayanmakla birlikte [19] daha sonraları verim, kalite ve hastalıklara (külleme ve mildiyö) dayanıklı çeşitler geliştirmeyi hedefleyen bir ıslah programı haline gelmiş ve bu programın sonucunda ‘Siegerrebe’, ‘Scheurebe’, ‘Bacchus Morio Muskat’, ‘Kerner’, ‘Ehrenfelser’, ‘Accent’, ‘Regent’, ‘Phoenix’, ‘Cabertin’, ‘Villaris’ ve ‘Cabernet Cortis’ çeşitleri geliştirilmiştir [19]. Daha sonraki yıllarda, *V.riparia*, *V.berlandieri* ve *V.rupestris* türleri arasında melezlemeler yapılmış ve çalışmalar sonucunda ‘13 Gm’, ‘SO4’ ve ‘Börner’ gibi anaçlar geliştirilmiştir [20].

Asma ıslah programları, İtalya’da 1800’lerin sonlarından itibaren yoğun bir şekilde başlamıştır [21]. 1879’da İtalya’da filokseranın ortaya çıkmasının ardından, öncelikli olarak anaç ıslahı çalışmalarına başlanmış ve anaç ıslah programlarında; filoksera’ya karşı direnç, kirece ve kuraklığa tolerans ve adaptasyon konularına yoğunlaşmıştır. Bu ıslah programlarında *V.berlandieri* × *V.riparia*, *V.berlandieri* × *V.rupestris*, *V.riparia* × *V.rupestris* türleri melezlenmiş ve ‘779 P’, ‘775 P’ ve ‘1103 P’, ‘240’, ‘225’, ‘300’, ‘140 Ru’, ‘Cosmo 2’ ve ‘Cosmo 10’, ‘Golia’, ‘Gagliardo’, ‘Star 50’ ve ‘Star 74’, ve ‘M’ serisi (M1, M2, M3 ve M4) gibi anaçlar geliştirilmiştir [21].

İspanya’daki asma ıslahı süreci değerlendirildiğinde, İspanya’da asma ıslahı üzerine çalışmaların 1940 yılında başladığı görülmüş ve ilk ıslah programında bazı anaçlar ve yerel genotipler ebeveyn olarak kullanılarak yeni şarap çeşitlerinin geliştirilmesi amaçlanmıştır. Bu dönemde yapılan ıslah çalışmalarının bir sonucu olarak ‘Redora’ çeşidinin geliştirildiği bildirilmiştir [22]. Ayrıca, 2003 yılında, mantar hastalıklarına dayanıklı, yerel ekosisteme uyum sağlayabilen ve kaliteli şarap

üretebilen çeşitler geliştirmek amacıyla bir ıslah programı başlatılmıştır. Bu programda; ‘Merlot’, ‘Palomino Fino’, ‘Alicante Henri Bouschet’, ‘Syrah’, ‘Regent’ ve ‘Tempranillo’ çeşitleri kullanılmıştır. Bu çalışmadan elde edilen bazı hibritlerin (örneğin Palomino × Regent), mantar hastalıklarına karşı dirençli olduğu belirtilmiştir [18].

Ülkemizde ise ıslah çalışmaları 1970’lerde başlamış olup, Tekirdağ Bağcılık Araştırma Enstitüsü ve Atatürk Bahçe Kültürleri Merkez Araştırma Enstitüsü asma ıslah çalışmalarında öncü kuruluşlar arasında yer almıştır. Türkiye’de asma ıslah çalışmaları, hastalıklara dayanıklı, meyve kalitesini artıracak özellikler (güzel aromalı, iri tane yapısına sahip), erkencilik, geçcilik ve çekirdeksiz üzüm çeşitleri ıslahına yoğunlaşmıştır [16]. Bu çalışmalar sonucunda ‘Trakya İlkeren’ (Alphonse Lavallee × Perlette), ‘Tekirdağ Çekirdeksizi’ (Alphonse Lavallee × Sultani Çekirdeksizi), ‘Barış Üzüümü’ (Cardinal × Beauty Seedless), ‘Özer Karası’ (Italia × Favli) Tekirdağ Bağcılık Araştırma Enstitüsü’nün geliştirmiş olduğu 23 çeşitten bazılarıdır. Atatürk Bahçe Kültürleri Merkez Araştırma Enstitüsü asma ıslah çalışmaları sonucunda birçok çeşit geliştirilmiş ve geliştirilen çeşitler arasında ise ‘Arif Bey’ (Beyaz Şam × Müşküle), ‘Atak77’ (Beyaz Çavuş, × Hamburg Muscat), ‘Yalova Beyazı’ ve ‘Ata Sarısı’ (Beyaz Çavuş, × Cardinal), ‘Uslu’, ‘Yalova İncisi’ (Honüsü × Siyah Gemre) yer almıştır [16].

Asma (Vitis spp.) Islahında Yeni Teknolojilerin Kullanılması

Geniş çapta yetiştiriciliği yapılmasına ve büyük bir ekonomik öneme sahip olmasına rağmen, asmanın genetiği üzerine yapılan araştırmalar yüksek heterozigosite, büyük alan gereksinimleri ve göreceli olarak uzun gençlik dönemi nedeniyle sınırlı kalmıştır. Yüksek oranda heterozigot olan türlerde yeni çeşitlerin seçimi, kontrollü çaprazlamalarla ortaya çıkan bireylerin içindeki çeşitli varyantlar ve kombinasyonların ortaya çıkardığı sayısız fenotipik karakterlerin dikkatlice gözlemlenmesini ve ölçülmesini gerektirir [23]. Bu yüzden de DNA dizisi bilgisi artık geleneksel ıslahı desteklemek için ebeveyn ve en değerli bitki seçiminde rutin olarak kullanılmaktadır [23, 24]. Asmada moleküler markörler ile, markör destekli seleksiyon (MAS), QTL analizleri, genetik haritalama metodları kullanılarak gen kaynaklarının karakterizasyonu, kültür çeşitlerinin tanımlanması ve genetik akrabalığın belirlenmesi, filogenetik analizler, ebeveynlerin belirlenmesi gibi birçok analiz yapılabilmektedir [25, 26].

DNA Markör Destekli Seleksiyon (MAS), QTL (Kantitatif Karakter Lokus) Haritalama

Moleküler markörlerin kullanılması, çevresel varyansın azaltılmasıyla birlikte, özelliğin kalıtım derecesini kolayca ortaya koymaktadır. 1950’lerin sonlarından itibaren asma genetiği üzerine yapılan çalışmalar yoğunlaşmış ve moleküler markörlerin erişiminin kolay ve ucuz olması *Vitis* genetiği araştırmalarını kolaylaştırmıştır. Böylece asma genomunu haritalamak ve her genotip için benzersiz DNA profilleri oluşturmak mümkün hale gelmiş ve genlerin belirlenmesi veya QTL haritalanması ile DNA markörleri yardımıyla seleksiyonun bitki ıslahında kullanılması süreci başlamıştır. Günümüzde birçok bitki ıslah programında, gen havuzlarındaki temel genlerin tanımlanması ve istenilen özelliklerin aktarılmasında markör destekli seleksiyon (MAS) kullanılmaktadır.

QTL (kantitatif karakter lokusu), bir kromozom üzerinde belirli bir özelliğe neden olan küçük bir DNA segmentidir. QTL haritalama, karmaşık özelliklerin altında yatan genetik bilgileri sağlama konusunda en etkili yöntemlerden biridir [27]. Kantitatif özellikler, birçok genin ve çevrenin etkileşiminden kaynaklanan ölçülebilir fenotiplerdir. Asmada bitki boyu, çiçeklenme zamanı, gözlerin patlaması, kardeşlenme, göz verimliliği ve verim unsurları, kalite, bazı hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık gibi birçok özellik birçok gen tarafından kontrol edilen kantitatif özellikler olarak bilinir [25, 2]. *Vitis vinifera*’da şarap kalitesi özellikleri için önemli olan (yani antosiyaninler, proantosiyaninler, metokspirazinler ve terpenlerin sentezini kontrol eden) birkaç lokus keşfedilmiştir [23].

Organizmanın tüm genomunu kapsayan genetik markörler kullanarak bir bağlantı haritası oluşturmak ve bir popülasyondaki özelliğin varyasyonunu analiz etmek, QTL haritalamasında önemli bir adımdır [28, 29]. QTL haritalama, özelliğin kalıtımını, ebeveynlerin katkısını tanımlar ve özelliğin varyasyonundaki yüzdesini açıklar. Üzümde DNA markörleriyle yapılan QTL haritalama, çeşit seçimine yardımcı olmaktadır. Son 20 yılda üzümde QTL haritalama için kullanılan birkaç markör bulunmaktadır. 1995’te yayımlanan ilk genetik üzüm haritası, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) ve AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) kullanılarak oluşturulmuştur. Daha sonraki çalışmalarda SSR (Simple Sequence Repeat Polymorphism) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) kullanılmıştır [30].

Son yıllardaki önemli gelişmelerden biri, GBS (Genotyping By Sequencing) teknolojisinin ortaya çıkışı olmuştur. GBS, belirli bir özelliği yöneten tüm olası genetik bölgeleri araştırabilen çok sayıda

markör oluşturma ve değerlendirme konusundaki önceki sınırlamaların üstesinden gelmiştir [2, 24, 31]. *Vitis* spp.'nin genom dizilimi (sequence), geniş kapsamlı ve yüksek verimli DNA markörleri gelişiminde ve Kantitatif Karakter Lokuslarının (QTL) tanımlanmasında önemli ilerlemelere yol açmıştır, bu da aday genlerin doğrulanmasını ve markör destekli seleksiyon ile (MAS) ıslah programlarının geliştirilmesini sağlamıştır. İlk kullanılan yöntem olan RAD (Restriction Site-Associated DNA) dizilemesi, seçkin asma çeşitlerinde önemli özelliklerin tanımlanmasında başarıyla uygulanmıştır.

Genomik Seleksiyon (GS)

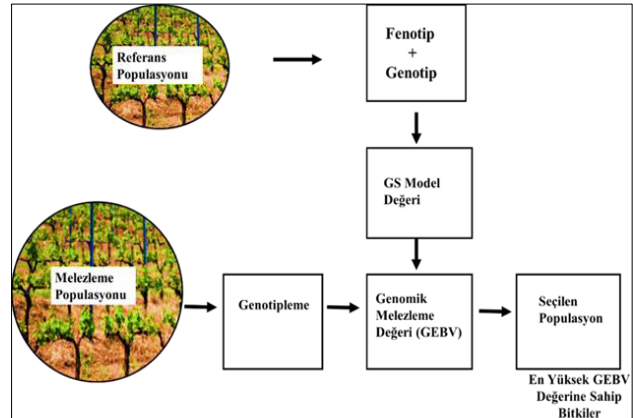
Moleküler markörlerin kullanımı, *Vitis* genetiğinin araştırılmasını büyük ölçüde kolaylaştırarak, araştırmacıların üzüm genomunu haritalamasına ve her bir genotip için farklı DNA profilinin oluşturulmasını sağlamıştır. MAS ile istenilen özellik veya fenotiple ilişkili olduğu bilinen DNA markörü kullanılarak hedef özelliği etkileyen allelleri bulduran bitkiler seçilmektedir. Bu nedenle MAS, arzu edilen özelliğin ortaya çıkmasında etkili olan, daha az sayıda QTL'ler tarafından kontrol edilen özellikleri için etkilidir [32]. MAS'ın seçim yaparken küçük genlerin etkisini belirleyememesi gibi bazı eksiklikler göstermesi ve MAS kullanılarak, tane verimi ve abiyotik stres toleransı gibi karmaşık kalıtım özelliklerinin iyileştirmenin zor olması gibi nedenlerle MAS'ın bir formu olan genomik seleksiyon (GS) ortaya çıkmıştır.

MAS'ın aksine, GS'de bireyin genetik değeri, tüm genom boyunca dağılmış olan çok sayıda markör kullanılarak belirlenmektedir. Ayrıca GS, tüm genom boyunca genotipik verileri kullanarak herhangi bir özelliği doğru bir şekilde tespit ederek, istenilen özellikteki bireylerin seçilmesini sağlayan bir strateji olarak tanımlanmaktadır [33]. Meuwissen vd. [34]'ninde GS konseptinin hayvanlar ve bitkilerde karmaşık özelliklerin altında yatan gen bölgelerinin tahmin edilmesinde kullanılabileceğini önermesine rağmen, sadece son zamanlarda yaygın olarak bitki ıslahında kullanılmaya başlanmıştır. Bunun en önemli nedenlerinden biri, GS için temel bir gereklilik olan uygun ve yüksek verimli genotipleme platformlarının eksikliğidir [3, 32]. Fakat Next Generation Sequencing (NGS) teknolojileri genotipleme süresi ve maliyetini önemli ölçüde azaltmasıyla ve Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markörlerinin keşif sürecini hızlandırmıştır. Ayrıca NGS genom çapında yüksek verimli SNP genotipleme platformlarının gelişmesine olanak sağlamıştır. Özellikle, Genotyping By Sequencing

(GBS) teknolojisinin ortaya çıkması hem model hem de model olmayan bitki türlerinde GS için uygun SNP'lerin üretilmesini sağlamıştır [32, 35].

GS, referans popülasyonun genotipik ve fenotipik verilerine dayanarak aynı anda tüm lokuslardaki allel etkisini hesaplayan istatistiksel bir tahmin modeli geliştirmekte, bu da melezleme popülasyonundaki tüm bireyler için genomik profillerinden genomik melezleme değerlerini (GEBV=Genomic Breeding Values) hesaplamak için kullanılmaktadır (Şekil 2). GEBV'ler, daha iyi performans gösterecek ve melezleme için ebeveyn olarak veya ıslah programının bir sonraki nesil ilerlemesi için uygun olan bireyleri tahmin etmemize olanak tanımaktadır. Çünkü bu bireylerin moleküler markör profilleri, belirli çevrelerde daha iyi performans gösterdiği kaydedilmiş referans popülasyondaki diğer bitkilerle de benzerdir. Böylece klasik melezleme metodunda, üstün hatların belirlenmesi için beklenen uzun ıslah döngüsü, GS ile kısaltılmaktadır [32, 33].

Örneğin, ABD'deki farklı kurumların katılımıyla başlatılan Vitisgen1, Vitisgen2 ve Vitisgen3 projeleri sayesinde, üzüm genomundaki farklı özellikleri belirlemek ve bu önemli özelliklerle ilişkili markörleri ıslah programlarında kullanmak amacıyla çok önemli ilerlemeler kaydedilmiştir [3]. Bu projelerin amacı, sofralık üzüm, kuru üzüm ve şarap endüstrisinde verim ve kaliteyi artırarak, karı arttıracak, genomik seleksiyon gibi yeni ıslah metodları geliştirmek, hastalık ve zararlıların kaynağını tanımlamak ve bunlara karşı dayanıklılığı arttıracak yeni yöntemler geliştirmek olmuştur.



Şekil 2. Genomik seleksiyonun aşamaları

Genetik Transformasyon ve Gen Düzenleme (Gen Editing) Metodu

Biyoteknoloji ve genetik mühendisliğindeki gelişmelere paralel olarak, genetik aktarım ile transgenik asma çeşitleri elde etmek mümkün hale gelmiştir. Genetik aktarım, rekombinant DNA teknolojisi kullanarak, çeşidin kimliğini

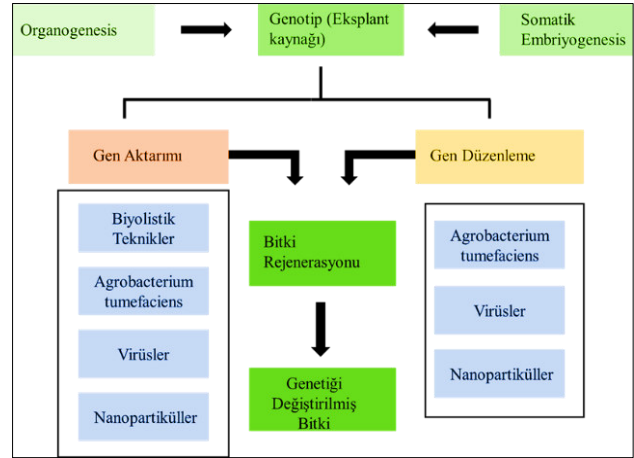
değiştirmeden, ilgi duyulan tarımsal özellikleri geliştirmek için bitkileri genetik olarak değiştirebilme olanağı sunar. İstenilen özelliklerle ilişkili gen bölgelerinin ve markörlerin geliştirilmesi, aktarım (transformasyon) sistemlerinin geliştirilmesi, biyotik ve abiyotik stres koşullarına karşı dayanıklı bireylerin elde edilmesi ve bitkinin aroma ve tat bileşenlerini belirleyerek üzüm kalite özelliklerinin iyileştirilmesine yönelik transgenik asmaların geliştirilmesinde önemli bir aşama kaydedilmiştir [36, 3].

Genetik aktarım için kullanılan dokulardan tekrardan doku elde edilmesinde yaşanan zorluktan dolayı, aktarım ve antibiyotik seçiminden sonra yeniden oluşum oranı (rejenerasyon), toplam aktarım yapılan materyalin %10 ile %30'u arasında değişmektedir [37]. Buna göre, transgenik ve genetiği değiştirilmiş bitkilerden doku yenilenmesi elde etmek en önemli zorluklardan biri olmakta ve asmanın genetik aktarıma dirençli olduğunu düşündürmektedir. Yenileme sürecine asma çeşidi, genetik aktarım metodu, doku kültürü ve antibiyotiklere dayalı seçim metodu gibi faktörler etki etmektedir [3, 30, 36]. Bu kısıtlamalara rağmen, mantar, bakteri ve virüs hastalıklarına dayanıklı çeşitler elde edilmiştir [38]. Asmada genetik aktarım için başlıca *Agrobacterium tumefaciens* ve daha az oranda biyolistik teknikler kullanılmaktadır [39]. Asma genetiğinin genetik aktarım ve gen düzenleme metodu ile değiştirilmesi Şekil 3'te gösterilmektedir.

Asmada genetik mühendislik protokollerinde en çok kullanılan ve bir rejenerasyon yöntemi olan somatik embriyogenesis de yaygın olarak kullanılmaktadır. Asma genotiplerinde somatik embriyogenesis kullanılarak birçok protokol geliştirilmiş ve birçok bitki doku ve organları eksplant olarak kullanılmıştır. Somatik embriyo elde etmek için yaygın olarak kullanılan doku ve organlar; ovaryumlar, anterler, yapraklar, daha az sıklıkla stigma ve sitiller, bütün çiçekler, olgun tohumlar ve petiollerdir [3, 30, 36].

Son yıllarda, genetik düzenleme ile tarımsal öneme sahip bitkilerde genetik iyileştirme yapılmaktadır. Genetik düzenleme genellikle belirli gen bölgelerinin eklenmesi, çıkarılması veya değiştirilmesini içerir. Genetik düzenleme teknikleri, CRISPR-Cas9 gibi gelişmiş yöntemlerle gerçekleştirilebilir [40]. Diğer taraftan, tasarlanmış genlerin bitki hücrelerine aktarılması için alternatif metotlar ortaya çıkmaktadır. Karbon noktaları suda çözünür nanopartiküller (NP) olarak tanımlanmakta, kolay elde edilebilir olması ve etkili bir şekilde bitki hücresinin alımını sağlaması gibi özelliklerinden dolayı avantajlı teknoloji olarak görülmektedir. Karbon noktalarının bitkide fotosentez veya büyüme

üzerine olumsuz etki yaratmadan, bazı bitki türünde plazmitlerin bitki hücresine aktarımında bir araç olarak kullanıldığı belirtilmiştir [30, 41].



Şekil 3. Genetik aktarım ve gen düzenleme metodu ile asma genetiğinin değiştirilmesinin şeması

Çizelge 2. Asmada CRISPR-Cas9 teknolojisiyle yapılan bazı çalışmalar

Gen Düzenleme Metodu	Çeşit	Amaçlanan Gen	Özellik
CRISPR/Cas9	Chardonnay	MLO-7	Küllemeye dayanıklılık [42]
CRISPR/Cas9	Chardonnay, 41B	VvPDS	Bodurluk ve albino fenotip [44]
CRISPR/Cas9	Chardonnay	L-idonate dehydrogenase gene (IdnDH)	Tartarik asit sentezi [43]
CRISPR/Cas9	Thomson Seedles	VvWRKY52	<i>B.cinerea</i> 'ya dayanıklılık [45]
CRISPR/Cas9	Thomson Seedles	VvPR4b	Mildiyöye karşı hassasiyet [46]
CRISPR/Cas9	Thomson Seedles	VvMLO3, VvMLO4	Küllemeye karşı dayanıklılık [44]
CRISPR/Cas9	Neo Muscat	VvPDS	Albino fenotip [47]

Asmada genetik düzenleme çalışmalarının çoğu, özellikle asmanın küllemeye karşı direncini artırmak ve *Botrytis cinerea*'ya karşı direnci güçlendirmek, tartarik asit üretimini artırmak, karotenoid biyosentezi yolunu manipüle etmek ve albino fenotipi elde etmek amacıyla yapılmıştır (Çizelge 2) [30, 38, 42].

SONUÇ

Asma, dünya genelinde en çok ticareti yapılan meyve türleri arasında yer almaktadır. Farklı tüketim şekillerinin olmasının yanı sıra, insan sağlığı açısından birçok faydası bulunması nedeniyle tercih edilmektedir. Ancak, tüketicilerin talepleri zamanla değişim göstermektedir. Hızla değişen tüketici taleplerine yönelik daha kaliteli yeni üzüm çeşitleri elde etmek, farklı ıslah programları aracılığıyla mümkündür. Asma ıslahındaki gelişmeler ve asma

genomu üzerinde yapılan çalışmalar sayesinde birçok önemli özelliğin gen bölgeleri belirlenmiş ve asma ıslahında hedeflenen sonuçlara çok daha kısa sürede ulaşmak mümkün hale gelmiştir.

Günümüzde teknolojinin asma ıslahında kullanılması ile, farklı *Vitis* türlerinin genom sekans sonuçları, üzüm ıslah çalışmalarında daha yenilikçi ve hedefe yönelik çalışmaların yapılmasına olanak sağlamıştır. Üzüm genomundaki farklı özellikleri belirleyerek ve bu önemli özelliklerle ilişkili markörleri ıslah programlarında kullanarak önemli ve hızlı ilerleme kaydetmek mümkündür. Son yıllarda araştırmacıların amacı, sofralık, kurutmalık ve şaraplık endüstrisinde verim, kalite ve karı arttıracak yeni ıslah metotları geliştirmek, hastalık ve zararlıların kaynağını tanımlamak ve bunlara karşı dayanıklılığı arttıracak yeni yöntemler geliştirmek olmuştur. Geleneksel ıslah metoduna genomik teknolojileri entegre etmek, hastalık direnci yüksek, düşük sıcaklık toleransı ve geliştirilmiş meyve kalitesi gibi özelliklerle ilişkili önemli genlerin belirlenmesini hızlandıracaktır. Dünya çapındaki üzüm ıslah programlarında belirlenen genlerin kullanılması, tüketicilerin istekleri doğrultusunda ıslahçıların yeni çeşitleri daha hızlı geliştirmelerine yardımcı olacaktır. Ayrıca bu gelişmeler sayesinde üzüm yetiştiriciliğinin dünya pazarında daha sürdürülebilir hale gelmesini sağlayacaktır.

KAYNAKLAR

1. FAOSTAT, 2021. Food and Agriculture Organization of United Nations. Available: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/qcl>.
2. Bozkus, S., 2021. Exploring Quantitative Trait Loci Mapping for Bud Fruitfulness and Bud Break Traits in Grapevine F2 Population. USA, <https://www.proquest.com/>.
3. Atak, A., 2022. New Perspectives in Grapevine (*Vitis* spp.) Breeding. Case Studies of Breeding Strategies in Major Plant Species. In: Intechopen. doi:10.5772/intechopen.
4. Reisch, B.I., Owens, C.L., Cousins, P.S., 2012. Grape. M.L. Badenes, D.H. Byrne (Dü) In: Fruit Breeding, New York, USA, Springer, pp:225-262, https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0763-9_7.
5. Tantasawat, P., Poolsawat, O., Chaowiset, W., 2010. Grapevine Breeding and Genetics. The Role of Food, Agriculture, Forestry and Fisheries in Human Nutrition.
6. Atak, A., Şen, A., 2021. A Grape Breeding Programme Using Different *Vitis* Species. Plant Breeding 140(6):1136-1149.
7. Semerci, A., Kızıltuğ, T., Çelik, A.D., Kiracı, M.A., 2015. Türkiye Bağcılığının Genel Durumu. Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi 20(2):42-51.
8. Zhang, X.-M., Wu, Y.-F., Li, Z., Song, C.-B., Wang, X.-P., 2021. Advancements in Plant Regeneration and Genetic Transformation. Journal of Integrative Agriculture 20(6):1407-1434.
9. De Lorenzis, G., 2024. From Ancient to Modern Grapevine Cultivars: a Lesson from Cultivars That Made the History of Viticulture. Acta Hort. 1385:47-58, doi:10.17660/actahortic.2024.1385.7
10. Campbell, C., 2006. The Botanist and the Vintner: How Wine Was Saved for the World. Algonquin Books.
11. Eibach, R., Töpfer, R., 2015. Traditional Grapevine Breeding Techniques. Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition. pp:3-22, <https://doi.org/10.1016/B978-1-78242-075-0.00001-6>.
12. Kambiranda, D., Obuya, J., Snowden, J., 2020. Grapevine Improvement Through Biotechnology. IntechOpen. doi:10.5772/intechopen.91851.
13. Atak, A., 2024. Table Grape Breeding Programs and New Cultivars. Acta Hort., 1385, s:9-18, doi:10.17660/actahortic.2024.1385.2.
14. Atak, A., 2024. Climate Change and Adaptive Strategies on Viticulture (*Vitis* spp.). Open Agriculture 9(1):2022-0258, <https://doi.org/10.1515/opag-2022-0258>.
15. Toepfer, R., Hausmann, L., Harst, M., Maul, E., Zyprian, E., Eibach, R., 2011. New Horizons for Grapevine Breeding. Fruit, Vegetable and Cereal Science and Biotechnology, pp:79-100.
16. Atak, A., Ergönül, O., Dilli, Y., Kesgin, M., Altındişli, A., 2023. Grapevine Breeding Studies in Turkey. Acta Hort. 1370, pp:145-152. doi:10.17660/actahortic.2023.1370.18.
17. Reynolds, A.G., Reisch, B.I., 2015. Grapevine Breeding in the Eastern United States. In Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry. Woodhead Publishing, pp:3-22.
18. Bozkurt, A., Yağcı, A., 2022. A General Overview of Grape Breeding in Consideration of Literature from Past to Present. Chapters on Viticulture İksad Press, pp:3-24.
19. Ruehl, E., Schmid, J., Eibach, R., Töpfer, R., 2015. Grapevine Breeding Programmes in Germany. In Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry. Woodhead Publishing, pp:77-101.
20. Manty, F., 2005. Hintergründe zur Entstehung der Bezeichnungen der Unterlagenselektionen von

- Sigmund Teleki und Franz Kober. Dtsch Weinbau Jahrb, pp:159-164.
21. Bavaresco, L., Gardiman, M., Brancadoro, L., Espen, L., Failla, O., Scienza, A., Testolin, R., 2015. Grapevine Breeding Programs in Italy. In Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry. Woodhead Publishing, pp:135-157
 22. Ibáñez, J., Carreño, J., Yuste, J., Martínez-Zapater, J.M., 2015. Grapevine Breeding and Clonal Selection Programmes in Spain. Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry, Woodhead Publishing, pp:183-209.
 23. Di Gaspero, G., Foria, S., 2015. Molecular Grapevine Breeding. Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry, Woodhead Publishing, pp:23-37.
 24. Hyma, K.E., Barba, P., Wang, M., Londo, J.P., Acharya, C.B., Mitchell, S.E., Reisch, B., 2015. Heterozygous Mapping Strategy (HetMappS) for High Resolution Genotyping-By-Sequencing Markers: A Case Study in Grapevine. PloS One, 10:8, e0134880, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134880>.
 25. İşçi, B., 2008. Asmada QTL (Kantitatif Karakter Lokus) Analizi. Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi, 8(2):11-37.
 26. Şahin, Ö., Kavuncu, O., 2019. QTL Analysis Methods. Kastamonu University Journal of Engineering and Sciences, 5(1):51-57.
 27. Collard, B.C., Jahufer, M.Z., Brouwer, J.B., Pang, E.C., 2005. An Introduction to Markers, Quantitative Trait Loci (QTL) Mapping and Marker-Assisted Selection for Crop Improvement: The Basic Concepts. Euphytica, 142:169-196.
 28. Fanizza, G., Lamaj, F., Costantini, L., Chaabane, R., Grando, M.S., 2005. QTL Analysis for Fruit Yield Components in Table Grapes (*Vitis vinifera*). Theoretical and Applied Genetics, (111).
 29. Grzeskowiak, L., Costantini, L., Lorenzi, S., Grando, M.S., 2013. Candidate Loci for Phenology and Fruitfulness Contributing to the Phenotypic Variability Observed in Grapevine. Theoretical and Applied Genetics, 126, pp:2763-2776.
 30. Butiuc-Keul, A., Coste, A., 2023. Biotechnologies and Strategies for Grapevine Improvement. Horticulturae, 9:1, <https://doi.org/10.3390/horticulturae9010062>.
 31. Yang, S., Fresnedo-Ramírez, J., Sun, Q., Manns, D.C., Sacks, G.L., Mansfield, A.K., Fennell, A.Y. 2016. Next Generation Mapping of Enological Traits in an F2 Interspecific Grapevine Hybrid Family. Plos One. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0149560>.
 32. Bhat, J.A., Ali, S., Salgotra, R.K., Mir, Z., Dutta, S., Jadon, V., Prabhu, K., 2016. Genomic Selection in the Era of Next Generation Sequencing for Complex Traits in Plant Breeding. Frontiers in Genetics, 7:221. doi:10.3389/fgene.2016.00221J.
 33. Gizachew, H.G., 2023. Genomic Selection: A Faster Strategy for Plant Breeding. Intech Open. doi:10.5772/intechopen.105398.
 34. Meuwissen, T.H., Hayes, B.J., Goddard, M.E., 2001. Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. Genetics 157(4):1819-1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>.
 35. Poland, J., Endelman, J.B., Dawson, J.C., Rutkoski, J., Wu, S., Manes, Y., Jannink, J.-L., 2012. Genomic Selection in Wheat Breeding Using Genotyping-by-Sequencing. Plant Genome 5:103-113. doi:10.3835/plantgenome2012.06.0006.
 36. Campos, G., Chialva, C., Miras, S., Lijavetzky, D., 2021. New Technologies and Strategies for Grapevine Breeding Through Genetic Transformation. Frontiers, Vol.12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.767522>.
 37. Bouque, A., Torregrosa, L., Iocco, P., Thomas, M. R., 2006. Grapevine (*Vitis vinifera* L.). K. Wang In: Agrobacterium Protocols Vol.2. Methods in Molecular Biology Humana Press, 344:273-285, doi:10.1385/1-59745-131-2:273.
 38. Capriotti, L., Baraldi, E., Mezzetti, B., Limera, C., Sabbadini, S., 2020. Biotechnological Approaches: Gene Overexpression, Gene Silencing and Genome Editing to Control Fungal and Oomycete Diseases in Grapevine. International Journal of Molecular Sciences, 21:16:5071.
 39. Vidal, J., Gomez, C., Cutanda, M., Shrestha, B., Bouquet, A., Thomas, M., Torregrosa, L., 2010. Use of Gene Transfer Technology for Functional Studies in Grapevine. Australian Journal of Grape and Wine Research, 16:138-151.
 40. Dalla Costa, L., Malnoy, M., Lecourieux, D., Deluc, L., Ouaked-Lecourieux, F., Thomas, M., Torregrosa, L.J.-M., 2019. The State-Of-The-Art of Grapevine Biotechnology and New Breeding Technologies (NBTS). Oeno One, 53(2):189-212.
 41. Doyle, C., Higginbottom, K., Swif, T.A., Winfield, M., Bellas, C., Benito-Alifonso, D., Whitney, H.M., 2019. A Simple Method for Spray-On Gene Editing in Planta. bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/805036>.
 42. Malnoy, M., Viola, R., Jung, M.-H., Koo, O.-J., Kim, S., Kim, J.-S., Kanchiswamy, C.N., 2016. DNA-Free Genetically Edited Grapevine and

- Apple Protoplast Using CRISPR/Cas9 Ribonucleoproteins. *Frontiers in Plant Science*, 7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01904>.
43. Ren, F., Ren, C., Zhang, Z., Duan, W., Lecourieux, D., Li, S., Liang, Z., 2019. Efficiency Optimization of CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis in Grape. *Frontiers in Plant Science*, 1:10:612.
44. Ren, C., Liu, X., Zhang, Z., Wang, Y., Duan, W., Li, S., Liang, Z., 2016. CRISPR/Cas9-Mediated Efficient Targeted Mutagenesis in Chardonnay (*Vitis vinifera* L.). *Scientific Reports*, 6:1.
45. Wang, X., Tu, M., Wang, D., Liu, J., Li, Y., Li, Z., Wang, X., 2018. CRISPR/Cas9-Mediated Efficient Targeted Mutagenesis in Grape in the First Generation. *Plant Biotechnology Journal*, 16:4.
46. Li, M.-Y., Jiao, Y.-T., Wang, Y.-T., Zhang, N., Wang, B.-B., Liu, R.-Q., Liu, G.-T., 2020. CRISPR/Cas9-Mediated VvPR4b Editing Decreases Downy Mildew Resistance in Grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Horticulture Research*, 7. <https://doi.org/10.1038/s41438-020-00371-4>.
47. Nakajima, I., Ban, Y., Azuma, A., Onoue, N., Moriguchi, T., Yamamoto, T., Endo, M., 2017. CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis in Grape. *PLoS One*, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0177966>.