



Yüzüncü Yıl Üniversitesi
Tarım Bilimleri Dergisi
(YYU Journal of Agricultural Science)

http://dergipark.gov.tr/yyutbd



Derleme Makalesi (Review Article)

Türkiye’deki Zeytin Çeşitlerinin Moleküler Analizlerinin Genel Değerlendirmesi**

Firuze TOPAKLI¹, Serra HEPAKSOY²

¹Zeytincilik Araştırma Enstitüsü, 35100, İzmir, Türkiye

²Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, 35100, İzmir, Türkiye

*Sorumlu yazar e-posta: serra.hepaksoy@ege.edu.tr

Makale Bilgileri

Geliş: 21.03.2019

Kabul: 28.05.2019

Online Yayınlanma 28.06.2019

DOI: 10.29133/yyutbd.543047

Anahtar kelimeler

Genetik çeşitlilik,
Moleküler markör,
Olea europaea

Öz: Zeytin (*Olea europaea* L.) Akdeniz havzasında tarımı yapılan en eski türlerden birisidir. Meyvesi, yağı ve diğer yan ürünleriyle insan sağlığı açısından önemli olan zeytin, ekonomik önemi ile de binlerce yıldır insanlığa hizmet sunmaktadır. Kültür zeytini (*Olea europaea* var. *europaea*), *Oleaceae* familyasından *Olea* cinsine aittir ve Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan 90 kadar yerli çeşidi mevcuttur. Bu çeşitler ile yabancı zeytin formları arasında meydana gelen diğer ara formlar geniş bir genetik çeşitlilik oluşturmaktadır. Fertil bireyler ve birçok varyete yüksek derecede heterozigotluk gösterir. Bu durum çeşit doğrulamasını zorlaştırırken, yabancı tozlanma ile birlikte durum daha da karmaşık hal almaktadır. Yanlış etiketleme, sinonimler, yerel isimlendirme gibi birçok sebepten dolayı çeşitlerimizin ve bu farklı formların filogenetik ilişkileri tam olarak aydınlatılamamıştır. 1990’lı yıllara kadar çeşitler morfolojik özellikleri ile tanımlanmış ve birbirlerinden ayrılmıştır. Teknolojinin gelişmesi ve biyoteknolojik yöntemlerin tarımda kullanılması ile bu sorun bir ölçüde çözümlenmeye başlamıştır. Moleküler markörler ile çeşitlerin ayrılabilmesi ve genetik uzaklıklarının tespiti üzerine dünyada ve ülkemizde yapılan çok sayıda araştırma mevcuttur. Ancak bu çalışmaların sonuçları arasında da bazı farklılıklar bulunmaktadır. Bu makalede Türk çeşitlerinin yer aldığı araştırmaların sonuçları birlikte değerlendirilerek mevcut durumun ortaya konulması ve ileride yapılacak çalışmalara yön verilmesi amaçlanmıştır.

Overall Assessment of the Molecular Analysis of Olives in Turkey

Article Info

Received: 21.03.2019

Accepted: 28.05.2019

Online Published 28.06.2019

DOI: 10.29133/yyutbd.543047

Keywords

Genetic diversity,
Molecular marker,
Olea europaea

Abstract: Olive (*Olea europaea* L.) is one of the oldest species cultivated in the Mediterranean basin. It has an important place in terms of human health with its fruit, oil and other by-products and it has been serving humanity with its economic importance for thousands of years. Cultured olive belongs to the genus *Olea* of the family *Oleaceae* and there are about 90 cultivars in Turkey. Other transitional forms between these varieties and wild olives forms constitute a wide genetic diversity. Interfertile olives and a lot of varieties have high levels of heterozygosity. While this makes it more difficult to verify varieties, the situation becomes more complicated when combined with cross pollination. The phylogenetic relationships of Turkish varieties and these different forms have not been fully elucidated due to many reasons such as incorrect labeling, synonyms, local naming. Until the 1990s, varieties were identified with their morphological characteristics and separated from each other. This problem has begun to be resolved to some extent with the development of technology and the use of biotechnological methods in agriculture. Many researchers have been conducted in the world and in our country on identify cultivars and determine the relationships between cultivars with molecular markers. However there are

some contrasts between the results of studies. The aim of this article is evaluate together the results of previous studies on Turkish varieties and to present the current situation for future studies.

1. Giriş

Dünyada yetiştiriciliği yapılan en eski tarımsal ürünlerden biri olan zeytin (*Olea europaea* L.) insan sağlığı açısından faydalarının yanısıra önemli bir yağ kaynağıdır. Herdem yeşil ve ortalama 500 yıl yaşayan ağaç türlerinden olup, birçok bölgede hala ürün alınan 2000 yaşında zeytin ağaçlarına rastlamak mümkündür. Çiçekleri genellikle hermafrodit yapıda olan zeytin rüzgârla tozlanır. Çeşitlerin çoğu kendine uyuşmazlık gösterir (Baldoni ve Belaj, 2009). Zeytin ağaçları kuraklığa ve yüksek sıcaklıklara dayanıklı, düşük sıcaklık ve yüksek taban suyuna karşı hassastır. Kurak yaz mevsimi, ılık kış ile sonbahar ve ilkbaharda yoğunlaşan ancak yıldan yıla değişkenlik gösteren yağışlarla tanımlanan Akdeniz iklimine sahip alanlarda yayılış gösterir (Gucci ve Caruso, 2011). Bu sebeple zeytin, Akdeniz havzasında büyük sosyo-ekonomik öneme sahiptir. Artan zeytinyağı talebinden dolayı dikim alanları da gün geçtikçe genişlemektedir (Besnard ve ark., 2001). Zeytin *Olea* cinsine ait olup, geniş bir dağılım gösteren altı doğal alttüre sahiptir. Bunlar: *O. europaea* subsp. *europaea* (Akdeniz havzası), *O. europaea* subsp. *cuspidata* (Güney Afrika'dan Doğu Afrika'ya ve Arabistan'dan Güney Batı Çin'e), *O. europaea* subsp. *guanchica* (Kanarya adaları), *O. europaea* subsp. *cerasiformis* (Madeira), *O. europaea* subsp. *maroccana* (Fas), ve *O. europaea* subsp. *laperrinei* (Cezayir, Sudan ve Nijerya)'dir. *O. europaea* subsp. *europaea* iki varyeteye sahiptir; yabani (*Olea europaea* subsp. *europaea* var. *sylvestris*) ve kültür formu (*Olea europaea* subsp. *europaea* var. *europaea*)'dir. Bunların tamamı $2n = 2x = 46$ kromozoma sahip diploid türlerdir (Green, 2002).

Akdeniz havzasının tipik ağacı olan zeytinin 1200'den fazla çeşidinin olduğu ve büyük bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu düşünülmektedir (Bracci, 2011). Türkiye'de biri melez olmak üzere toplam 90 adet tescilli çeşit vardır. Ancak yetiştiriciliğin, % 48,71'i Gemlik, % 20,66'sı Ayvalık, %19,11'i Memecik, % 7,56'sı Domat ve % 3,73'ü diğer olmak üzere, önemli bir kısmı dört çeşit ile yapılmaktadır (Özaltaş ve ark., 2016). Zeytin tarımının tarihi boyunca diğer ağaç türlerinde olduğu gibi, farklı çeşitlere aynı ad verilmiş olabilir, ya da bir çeşit farklı ülkelerde farklı isimler ile adlandırılmış olabilir. Bu nedenle, çeşitler ve adlandırmalar (olağan veya yerel ad) zaman zaman belirsiz terimler olarak kalmaktadır (Cruz ve ark., 2016). Çeşitlerin tek bir kaynaktan yayılıp yayılmadığı ya da her birinin farklı kökenleri olup olmadığı da hala tartışılan başka bir konudur (Breton, 2009). Çeşitlerin soyağacı ve zeytinin paleobotaniği hakkında parçalı bilgiler ve zayıf tarihsel belgeler bulunması nedeniyle, kültürü yapılan zeytinlerin kökeni hakkında kesin sonuçlara varılamamış olmakla birlikte birçok hipotez değerlendirme aşamasındadır (Baldoni ve Belaj, 2009). Bazı araştırmacılara göre zeytin, üç farklı bölgeden doğmuştur (Diez ve ark., 2014), diğer bir gruba göre ise, tek bir bölge çıkış kaynağıdır (Besnard ve Rubio de Casas, 2015). En son bilgiler, genetik çeşitliliğin ve çeşitler arasındaki gen akışından sorumlu olan poliploidiyi baz alarak allo ve otopoliploidizasyon olaylarını birbirinden ayırarak filogenomiğin gücünü ve zeytin ağacının evrimsel tarihine duplikasyonların katkısını açıklığa kavuşturmuştur. Araştırmaya göre en az üç tane poliploidizasyon olayı meydana gelmiş, bunlardan iki tanesi *Oleaceae* ile *Oleeae*'da gerçekleşmiş ve muhtemelen daha eski bir allopolyploidizasyon olayının sonucudur. Son poliploidizasyon ise özellikle zeytin ağacını ve akrabalarını içermektedir. *Fraxininae* ve *Oleeae* arasındaki farklılığın 35 milyon yıl önce ortaya çıktığı düşünülmektedir (Julca ve ark., 2018). Ayrıca son yıllarda yapılan genetik çalışmalar ile zeytin bitkisinin genomu aydınlatılmaya çalışılmıştır. Kültür zeytininin atası olarak düşünülen, oleaster olarak adlandırılan yabani zeytinin (*Olea europaea* var. *sylvestris*), genom dizisinde toplam 50 684 protein kodlayan gen tespit edilmiştir. Bunların %93'ü (47 124 gen) RNA dizileme verileri ile doğrulanmıştır. 31 245 genin pseudokromozomlar ile bağlı olduğu düşünülmektedir. *Oleaster* genomunun, biri yaklaşık 28 diğeri 59 milyon yıl önce meydana gelen iki önemli paleoploidi içerdiği düşünülmektedir. Bu olaylar genlerin işlevleştirilmesi ve yayılmasına katkı sağlamıştır (Ünver ve ark., 2017). Kültür zeytininde yapılan bir çalışmada ise, İspanya çeşidi olan Farga çeşidinin genomu dizilemiş, 56 349 protein; 3 953 bç ortalama transkript uzunluğu, 1 050 bç ortalama kodlanan sıra uzunluğu, 4.54 her transkriptteki ortalama ekzon ve 315 bç ortalama ekzon

uzunluğu olarak tespit edilmiştir. *Arabidopsis thaliana* da protein sayısı 35 378, *Solanum lycopersicum* da 36 148 iken zeytin, yüksek protein sayısı ile dikkat çekmiştir (Cruz ve ark., 2016).

2. Moleküler Markör Teknolojisi

Genetik markörler, protein varyasyonları (alloenzimler), DNA sekans polimorfizmi (RFLP, AFLP) ve DNA tekrar varyasyonu (minisatellite ve mikrosatelliteler) olmak üzere üç tipten birindeki varyasyonu ortaya koyar. Alloenzimlere yapılan eleştiriler, dolaylı ve DNA varyasyonunu belirlemede duyarsız bir metot olmasından kaynaklanmaktadır. Daha sonraları DNA'yı kodlayan proteinlerin hareketliliğini elektroforezde ortaya çıkaran varyasyona bağlı olmaktan ziyade DNA'nın kendi varyasyonuna bağlı olan daha direkt bir moleküler markör keşfedilmiştir (Schlötterer, 2004). Sambrook, tarafından 1974 yılında Kesilen Fragmentlerin Uzunluk Polimorfizmi- Restriction Fragment Length Polymorphisms (RFLP) ilk defa genetik analizlerde bir araç olarak kullanılmıştır (Sambrook ve ark., 1975). RFLP yöntemindeki sıkıntıları aşabilmek için polimer zincir reaksiyonu (PCR) teknolojisinin de gelişmesinin yardımıyla Williams ve ark. tarafından 1990 yılında Değişken DNA Dizilerinin Tesadüfen Çoğaltılması- Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) tekniği geliştirilmiştir, hemen akabinde 1995 yılında Vos ve ark. (1995) tarafından Çoğaltılan Fragmentlerin Uzunluk Polimorfizmi- Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP) geliştirilmiş, böylece daha hızlı ve güçlü adımlar atılmıştır. Tek bir reaksiyonda 30-150 bölge tespit edilebilmekte ve sonuçlar tekrarlanabilir niteliktedir. Bu da AFLP teknolojisinin en avantajlı yanını oluşturmaktadır. RAPD ve AFLP ile kıyaslandığında Basit Tekrarlı Diziler- Simple Sequence Repeats (SSR) markörler eşbaskın olmalarından dolayı daha avantajlılardır. Diğer bir ifade ile her bir lokus için iki allel tanımlanabilmektedir. SSR markörlerini sınırlayan en önemli nokta primer dizayn etmek için önceden DNA dizileme işleminin tamamlanmış olmasının gerekmesidir (Gomes Martins-Lopes ve Guedes-Pinto, 2012). Diğer bir teknik olan SNP'lerin ise en avantajlı noktaları düşük mutasyon oranının fazla olması, karşılaştırmalı çalışmalar için uygun ve geliştirilebilecek olmasıdır. Maliyeti, bölgeler arasında oranların heterojen olması, varlığı konusundaki önyargı ve tek SNP'lerin düşük bilgi içeriği ise dezavantajlarıdır. Mikrosatelliteler yüksek derecede bilgi verici olması, kolayca izole edilmesi ve varlığı konusunda önyargı olmamasından dolayı avantajlı iken; yüksek mutasyon oranı, karışık mutasyon davranışları, yeterli miktarda olmaması, otomasyonun zor olması ve çalışmalarını karşılaştırabilmenin zor olması açısından sorunlar içermektedir (Schlötterer, 2004). Zeytinde bu güne kadar kullanılan markörler Çizelge 1'de verilmiştir.

Çizelge 1. Moleküler markörler, geliştirenler ve zeytinde kullanım alanları

Moleküler Marker	Araştırmacı	Zeytinde Kullanım Alanları
RAPD	Williams ve ark. (1990)	-Çeşitlerin DNA parmak izi -Genetik karşılaştırmalar -Çeşitler arası çeşitliliği belirleme -Bağlantı haritalarının oluşturulması -Zeytinyağında çeşitlerin izlenebilirliği -Filogenetik çalışmalar
AFLP	Vos ve ark. (1995)	-Çeşitlerin DNA parmak izi -Çeşitler arası çeşitliliği belirleme -Zeytinyağında çeşitlerin izlenebilirliği -Filogenetik çalışmalar -Bağlantı haritalarının oluşturulması
SCAR	Paran ve Micheltore (1993)	-Çeşitlerin DNA parmak izi -Zeytinyağında çeşitlerin izlenebilirliği
SSR	Morgante ve Olivieri (1993)	-Çeşitlerin DNA parmak izi -Bağlantı haritalarının oluşturulması - Babalık testleri -Zeytinyağında çeşitlerin izlenebilirliği -Filogenetik çalışmalar
ISSR	Zietkiewicz ve ark. (1994)	-Zeytinyağında çeşitlerin izlenebilirliği -Filogenetik çalışmalar -Çeşitler arası çeşitliliği belirleme
SNP	Wang ve ark. (1998)	-Çeşitlerin DNA parmak izi

Yirminci yüzyılın son 10 yılına kadar zeytin türünün genetik kaynağındaki çeşitliliği tespit edebilmek için morfolojik belirteçler kullanılmaktaydı. Bunlardan en önemlileri UPOV kriterleri ve BBCH skalasıdır (Sanz-Cortes ve ark., 2002, Anonim, 2011). 1990'lı yılların başlarından itibaren dünyada moleküler kaynaklı sınıflandırmalar yayılmaya başlamış, zeytinde de ilk örnekleri ortaya çıkmıştır. Moleküler markörler aracılığıyla çeşitler arasındaki genetik çeşitliliğin dağılımı ve miktarını anlamak, zeytin ile yapılan birçok araştırma için temel amaç olmuştur (Baldoni ve Belaj, 2009). İzoenzimler moleküler markörler olarak kullanıldıktan sonra (Trujillo ve ark., 1995); birçok farklı yöntem geliştirilmiş, çeşit tanımlamaları ve genetik yakınlıklar ortaya konulmuştur. Zeytin çeşitlerini karakterize etmek için kullanılan markörler; RAPDs (Claros ve ark., 2000; Sanz-Cortés ve ark., 2001; Belaj ve ark., 2004; Parra-Lobato ve ark., 2012; Brake ve ark., 2014; Kaya ve Yılmaz-Gökdoğan, 2015; Cruz ve ark., 2016), AFLPs (Angiolillo ve ark., 1999; Belaj ve ark., 2003; Sanz-Cortes ve ark., 2003; Owen ve ark., 2004; Grati-Kamoun ve ark., 2006; Khaleghi ve ark., 2017), ISSR (Hess ve ark., 2000; Vargas ve Kadereit, 2001; Gemas ve ark., 2004; Essadki ve ark., 2006; Martins-Lopes ve ark., 2007; Asadiar ve ark., 2013; Sesli ve Yegenoglu, 2017) ve özellikle son dönemlerde yaygın olarak kullanılan mikrosatellitler diğer adıyla SSR (Cipriani ve ark., 2002; Montemurro ve ark., 2005; Gomes ve ark., 2008; Linos ve ark., 2014)'lardır.

3. Türk Zeytin Çeşitleri ile Yapılan Moleküler Çalışmalar

Ülkemizde ve Dünyada, Türk çeşitleri kullanılarak farklı moleküler tekniklerle yapılmış çalışmalar bulunmaktadır. Ayvalık, Sofralık, Uslu ve Domat Türk çeşitlerinin de yer aldığı bir çalışmada minimum varyans algoritmasına göre yapılandırılan ki-kare temelli dendrograma göre; iki ana grup oluşmuş, dört Türk çeşidi de aynı ana grupta yer almış ancak; Domat; Nocellara del Belice (İtalya), Amygdalolia (Yunanistan), Moresca (Sicilya), Zaituna (Sicilya), Amellau (Fransa), Carolia (Yunanistan), Ogliarola Messinese (Sicilya) ve Passalunara (Sicilya) çeşitleri ile aynı grupta; Ayvalık; Vallanolia (Yunanistan), profil 32 ve 99 ile; Uslu; Giarraffa (İtalya) ve Poulo (Fransa) ile; Sofralık; Ascolana Tenera (İtalya) Verdanel (Fransa) ve Gaïdourolia (Yunanistan) ile aynı sınıfta yer almıştır. Nei ve Li temelli ve UPAGMA algoritması ile kurulan dendrograma göre, Domat; Amygdalolia (Yunanistan), Amellau (Fransa) ve Carolia (Yunanistan) ile aynı grupta ve benzer; ancak diğer dendrogramda Nocellara del Belice (İtalya) ve Amygdalolia (Yunanistan) ile sinonim olduğu görülmüştür. Özellikle Nocellara del Belice (İtalya) ile çok daha uzak çıkmıştır. Sofralık çeşidi; Tanche (Fransa), Bouteillan (Fransa), Profil 99, Noirette (Fransa) çeşitleri ile yakın bulunmuştur. Uslu çeşidi ile en yakın genetik ilişki Kalamata (Yunanistan) arasında tespit edilmiştir. Ayvalık çeşidi ise, Zarazi (Tunus) ile yakın çıkmış, Valanolia (Yunanistan) çeşidi ile diğer grupta olduğu kadar yakın olmasa da yakın çıkmıştır (Besnard ve ark., 2001).

103 kültür çeşidi içerisinde Ayvalık, Beyaz Yağlık, Çakır, Domat, Elmacık, Gemlik, İzmir Sofralık, Kan Çelebi, Kiraz, Memecik ve Uslu Türk çeşitlerine de yer verilen başka bir çalışmada, AMOVA ve HOMOVA analizleri vasıtasıyla farklı Akdeniz ülkelerindeki zeytin çeşitlerinin genetik varyasyonu belirlenmiş ve çeşitler üç bölgeye ayrılmıştır: (1) Doğu Akdeniz (Mısır, İsrail, Lübnan, Filistin, Suriye ve Türkiye), (2) Orta Akdeniz (Arnavutluk, Cezayir, Eski Yugoslavya, Yunanistan, İtalya ve Tunus) ve (3) Batı Akdeniz (Fransa, Fas, İspanya ve Portekiz). RAPD tekniğinin kullanıldığı çalışmada Çakır-Valanolia (Yunanistan) arasında yüksek benzerlik tespit edilmiştir. UPAGMA dendrogramına göre; Ayvalık, Beyaz Yağlık ve Domat ilk grupta yer almıştır. Gemlik ve Memecik ikinci grupta, Çakır üçüncü grupta, İzmir Sofralık ve Kiraz 4. grupta yer almış, ancak İzmir Sofralık ve Morrut (İspanya) çeşitleri ilk üç grubun bir alt grubu olarak değerlendirilmiştir. Uslu beşinci grupta, Kan Çelebi ve Elmacık 12. grupta yer almıştır. Araştırmada, Yunanistan ve Türkiye arasındaki çeşitlerin benzerliğine dikkat çekilmiş; eski zamanlardan beri ticaret yollarının ve göç yollarının Anadolu'dan geçmesi, ülkelerin birbirine coğrafi yakınlığının, bu ülkeler arasındaki genetik kaynakların değişimini etkileyebilecek faktörler olarak sunulmuştur (Belaj ve ark., 2002).

2004 yılında yapılan çalışmada RAPD-PCR tekniği ile genetik farklılıkların belirlenmesi için İzmir-Bornova Zeytincilik Araştırma Enstitüsü Koleksiyon Bahçesinden sağlanan 10 zeytin çeşidi (Ayvalık, Derik Halhalı, Domat, Gemlik, Kilis Yağlık, Manzanilla, Memecik, Nizip Yağlık, Sarı Ulak ve Tavşan Yüreği) kullanılmış, verileri destekleyebilmek amacıyla pomolojik ve biyokimyasal analizler de yapılmıştır. Mevcut çeşitler arasında, Domat, Gemlik, Kilis Yağlık, Manzanilla ve Nizip Yağlık tek bir grupta yer almış, %60'dan fazla genetik benzerlik göstermişlerdir. Domat ve Gemlik

(0.67) ile Manzanilla ve Nizip Yağlık (0.68) genetik olarak en yakın çeşitler olarak belirlenmiştir. Derik Halhalı genetik ve biyokimyasal olarak en farklı sonuçlar gösteren çeşit olmuş ve diğer çeşitlerden ayrılmıştır (Özkaya ve ark., 2004).

Akdeniz havzasında zeytin yetiştirilen bölgelerden seçilen 118 çeşit, 12 SSR markörü ile taranmış, toplam 159 allel üretilmiş, her lokusta ortalama 13.2 allel tespit edilmiştir. Seçilen çeşitlerden 6 tanesi Türk çeşidi olup, İspanya'da bulunan Zeytin Gen Bankasından temin edilmiştir. Bu çeşitler: Ayvalık, Elmacık, İzmir Sofralık, Memecik, Uslu ve Yün Çelebi'dir. Araştırmada 106 farklı genotip tespit edilmiş, adı geçen bazı çeşitlerin farklı genotiplere sahip olduğu bulunmuştur. Tüm çeşitler batı (İspanya), merkez (İtalya) ve doğu (Türkiye ve Yunanistan) olarak üç gruba ayrılmıştır (Sarri ve ark., 2006).

2009 yılında yapılan çalışmada ise, Çoruh vadisinden 6 zeytin çeşidi (Tavlı Satı, Satı, Gorvela, Saçaklı Otur, Butko ve Otur) ele alınarak, AFLP markörleri kullanılmış ve çeşitler UPGMA analizine göre iki ana gruba ayrılmıştır. Otur tek başına ilk grubu oluşturmuştur. Otur çeşidi bu farklılığını biyokimyasal içeriği ve morfolojik özellikleri açısından da sergilemektedir. En yüksek genetik benzerlik Tavlı Satı ve Satı (0.74) arasında gözlemlenmiştir. En düşük benzerlik ise Gorvela ve Otur (0.37) çeşitleri arasında saptanmıştır (Ercisli ve ark., 2009). Aynı yıl başka bir araştırmacı grubu, Güney Marmara Bölgesindeki 14 zeytin çeşidi ve 24 genotipini SSR markörleri tekniği ile incelemiştir. Çeşitlere ait örnekler Yalova Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü Gen Bankasından alınmıştır. Dendrograma göre %60 benzerliği olan 4 grup belirlenmiştir. 1. grup Gemlik, Uslu, Büyük Topak Ulak, Domat, Yuvarlak Halhalı ve bölgeden toplanan 24 genotipi içermektedir. Kan Zeytini, Ascolana ve Meski çeşitleri 2. grupta yer almaktadır. Edincik Su ve Tavşan Yüreği Manzanilla çeşitleri 3. grupta; Samanlı, Karamürsel Su ve Hojiblanca çeşitleri ise 4. grupta yer almaktadır. Uslu, Büyük Topak Ulak ve Gemlik genetik olarak 100% aynı çıkmışlardır. Araştırmacılar Gemlik bireylerinin bu iki çeşidin adı yazılarak yanlış adlandırıldığını düşünmektedirler. Bu sebeple Türkiye'deki Gen Bankalarının da tekrar moleküler olarak incelenerek düzenlenmesi gerektiği çalışma sonunda önerilmiştir (Ipek ve ark., 2009).

Ercisli ve ark., (2011) tarafından yapılan çalışmada dört tane ticari olarak bilinen zeytin çeşidi (Domat, Edremit, Gemlik ve Memecik) Atatürk Araştırma Enstitüsü gen bankasından alınmış, altı adet yerel çeşit (Ziraat, Isrange, Tuz, Patos, Yağ ve Marantelli) ise Trabzon ilinden alınarak SSR primerleri ile incelenmiştir. UPGMA kümeleme analizi sonuçlarına göre iki ana grup oluşmuştur. Çeşitler üç grup olarak sınıflandırılmış her grupta yer alan çiftlerin sinonim olduğu düşünülmektedir (Ziraat ve Gemlik, Isrange ve Tuz, Patos ve Yağ). Tuz ve Yağ olarak bilinen çeşitlerin doğru olmayacağı ya da Isrange ve Patos olarak adlandırılanların orijinal isimleri olmayabileceği ifade edilmiştir (Ercisli ve ark., 2011).

Türkiye'de dört coğrafik bölgede yer alan 11 ilden yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan 11 zeytin çeşidinden toplam 135 farklı örnek toplanarak Ipek ve ark. (2012) tarafından yapılan çalışmada 6 SSR primeri kullanılmıştır. Çalışmada toplam 46 polimorfik bant elde edilmiş, UDO 14 primeri 4 bant ile en az bant veren primer olurken, GAPU-89 primeri 9 bant ile en fazla bant veren primer olmuştur. Ortalama bant sayısı ise 6,57 adet/primer olarak belirlenmiştir. Veriler değerlendirildiği UPGMA dendrogram sonucunda 135 örneğin 22 çeşidi temsil ettiği ortaya çıkmıştır. Ayvalık ile Tavşan Yüreği çeşitleri genetik olarak birbirine en uzak çeşitler olarak bulunmuştur. Çalışmada elde edilen sonuçlarla örneklerin genetik yakınlık/uzaklıkları değerlendirildiğinde, aynı veya değişik bölge ya da illerden toplanan aynı isimdeki örneklerin bazılarının gerçekten aynı çeşit olduğu görülürken, bazılarının farklı çeşitler oldukları ve genetik olarak birbirlerinden oldukça uzak oldukları belirlenmiştir. Çeşitlerin farklı olmasına karşın isimlerinin aynı olması üreticilerin yanlış bilmeleri ya da bahçelerin kurulması sırasında karışıklık olmasından kaynaklanmaktadır. Aynı isimdeki bazı örneklerin tamamen aynı genetik yapıda oldukları belirlenirken, bazılarında çok az farklılık tespit edilmiştir. Özellikle Gemlik çeşidi bütün ülkede yaygın olarak yetiştirildiğinden, farklı yerlerden toplanan örneklerde bazı farklılıklar tespit edilmiştir. Bu farklılığın büyük olasılıkla somatik varyasyondan kaynaklandığı ifade edilmiştir (Ipek ve ark., 2012).

Marmara Bölgesinde yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan 12 çeşit (Samanlı, Edincik Su, Vegral, Domat, Manzanilla, Arbequina, Gordales, Karamürsel Su, Ascolana, Hermandos, Gemlik, Verdial) ile bölgede genellikle anaç olarak kullanılan yabancı zeytinin (delice) (*Olea europaea* subsp. *europaea* var. *sylvestris*) genetik yakınlıklarını belirlemek amacıyla yapılan RAPD-PCR reaksiyonlarında yedi adet primer (OPC-01, OPC-02, OPC-11, OPA-10, OPA-12, OPA-13, OPB-12)

kullanılmış, Gordal ve Karamürsel su ile Domat ve Arbequina arasındaki yakın ilişki İspanyol ve Türk çeşitleri arasındaki yakınlığa örnek olarak verilmiştir. En yüksek genetik varyasyon Delice ile Edincik Su arasında bulunmuştur (Coşkun ve Parlak, 2013).

Diğer bir çalışmada ise, sekiz Türk çeşidinden (Edincik, Gemlik, Edremit, Halhalı, Domat, Alaçam, Tekir ve Yağlık) farklı bölgelerden beşer klon seçilmiş ve 40 örnek üzerinde 10 adet ISSR primeri (UBC 807, UBC 809, UBC 810, UBC 811, UBC 817, UBC 823, UBC 826, UBC 846, UBC 855, UBC 856) kullanmıştır. Çalışmada elde edilen toplam 217 bandın, 206 tanesi polimorfik olarak tespit edilmiş ve polimorfizm oranı %94.9 olarak bulunmuştur. Yüksek yağ ve düşük su içeriği yanı sıra, morfolojik özellikleri açısından da diğer çeşitlerden farklılık gösteren Yağlık çeşidi 4. grupta yer alarak genetik olarak da diğer çeşitlerden farklı bulunmuştur. Çalışmada Tekir çeşidine ait 2 klon dışında her çeşidin klonları aynı grupta yer almış, Edincik ve Gemlik arasındaki benzerlik oranı 0.544 ile 0.803 arasında değişmiştir (Kaya, 2015).

Kaya ve Yılmaz-Gökdoğan (2015), bazı Türk zeytin çeşitlerinde RAPD markörleri kullanarak moleküler karakterizasyonu araştırdıkları çalışmada 15 primer ile dört çeşide (Gemlik, Hatay, Mardin ve Muğla) ait 20 bireyin akrabalık düzeylerini belirlemişlerdir. Her çeşitten alınan beş farklı birey kendi içerisinde çeşitlilik göstermesine karşın, dört çeşidin kesin olarak RAPD markörleri ile ayrılabilirdiği ortaya konulmuştur (Kaya ve Yılmaz-Gökdoğan, 2015).

İpek ve ark. (2015) tarafından yapılan çalışmada Dünyadaki ve Türkiye'deki zeytin çeşitlerinden örnekler seçilmiştir. UPGMA dendrogramına göre çeşitler iki ana gruba ayrılmış ve %55 benzerlik tespit edilmiştir. Ana gruplar iki alt gruba ayrılmış, bir grup sadece Türk çeşitlerini (Domat, Ayvalık, Samanlı, Erkence, Çakır Yağlık, Uslu, Edincik Su, Kiraz) içerirken, diğer ana grupta yer alan Türk çeşitlerinden Gemlik ve Karamürsel Su bir İtalyan (Leccino) bir İspanyol çeşidi (Arbequina) ile birlikte aynı alt grupta yer almıştır. Diğer çeşit olan Tavşan Yüreği ise, İspanya (Negral, Manzanilla, Hojiblanca, Gordales) ve İtalya (Ascolana) çeşitleri ile diğer alt grupta yer almıştır.

Sakar ve ark. (2016), Türkiye de yetiştiriciliği yapılan 27 zeytin çeşidini dokuz yabancı çeşit ile karşılaştırmak için 10 tane SSR primeri (DCA3, DCA9, DCA15, DCA18, UDO4, UDO9, UDO11, UDO12, UDO24, UDO28) kullanmışlardır. En yüksek benzerlik Mavi ve Adana Topağı (0.754) arasında bulunurken, genetik olarak en uzak çeşitler Domat-Meski (0.240) ve Domat-NizipYağlık (0.245) arasında tespit edilmiştir, sinonim çeşit bulunmamıştır. Yapılan dendrogramda 4 ana grup oluşmuş, birinci grupta 7 Türk çeşidi yer almıştır. Kan Çelebi ve Sarı Ulak %69 benzerlik oranı ile en yakın çeşitler olarak bulunmuştur. Bu iki çeşit de yağlık olup Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yetiştirilmektedir. İkinci grup yabancı çeşitlerinde olduğu 21 çeşidi içermekte ve 2 alt gruba ayrılmaktadır. En yakın çeşitler Mavi ve Adana Topağı; Çakır ve Negral; Sarı Ulak ve Manzanilla olup, benzerlik oranı % 75 olarak belirlenmiştir. Üçüncü grupta 3 çeşit ve 4. grupta sadece Domat çeşidi yer almıştır. Domat ve Meski en uzak çeşitler olarak belirlenirken, Çakır-Negral (0.749) ve Çelebi-Manzanilla (0.749) en yakın bulunmuştur (Sakar ve ark., 2016).

Kaya ve Yılmaz Gökdoğan (2016), IRAP ve REMAP markör sistemlerini kullanarak yaptıkları çalışmada, sekiz Türk çeşidinden 5'er klon ve 2 İtalyan çeşidinden 3'er klon kullanarak toplam 46 klonda 10 LTR ve 10 ISSR primeri kullanılmıştır. Elde edilen toplam 368 bandın 358'i polimorfik bulunmuş ve polimorfizm oranı %97.28 olarak tespit edilmiştir. Çalışmada IRAP ve REMAP analizlerinde bazı çeşitlerde yakın ilişkiler saptanmıştır. Bunlara örnek olarak Gemlik ve Edremit (benzerlik oranı 0.393 ile 0.581 arasında); Halhalı ve Domat (0.319 ile 0.587) ve İtalyan çeşitlerinden Canino ve Frantoio (0.245 ile 0.379) verilebilir. Buna karşılık Balıkesir'den alınan Edincik çeşidi diğerlerinden oldukça farklı olarak tespit edilmiş ve iki sistemde de en yüksek polimorfizm oranı bu çeşitte belirlenmiştir. Bu çeşit büyük meyvesi, az yağ oranı ve yüksek su içeriği ile morfolojik olarak da diğer çeşitlerden farklıdır. Dendrogramlar karşılaştırıldığında Yağlık çeşidine ait Y1, Y2 ve Y3 ile Y4 ve Y5 klonları farklı gruplarda yer almışlardır. İki yönteminde polimorfizm oranları benzerlik göstermiştir (96.82% IRAP ve 97.52% REMAP). Klon (cv. 'Yağlık') Y1-Y3 ve Y4-Y5'in farklı kümelerde yer alması ve benzerlik oranlarının 0.419 ve 0.480 arasında değişmesi karşılıklı tozlanma, somatik mutasyonlar ve bazen de koleksiyondaki yüksek homonimden kaynaklanabileceği belirtilmiştir (Kaya ve Yılmaz-Gokdogan, 2016).

Abuzayed ve ark. (2017), 15 Filistin ve dört Türk çeşidinde (Hamza Çelebi, Mut, Mars, Karayağlık) 14 SSR markörü (UDCA4, DCA07, DCA15, DCA18, EMO13, EMO90, GAPU59, GAPU71B, GAPU101, UDO43, UDO39, UDO12, UDO09, UDO24) kullanarak çalışma yapmışlardır. Toplam 110 allel ile %91 polimorfizm ve markör başına 7.8 allel elde edilmiştir. 19 çeşit üç grupta

toplansa da Türk çeşitleri tek bir alt grup içerisinde yer almış; en uzak çeşitler Arbequina ve Mut olarak tespit edilmiştir (Abuzayed ve ark., 2017).

Çetin ve ark. (2017), 96 zeytin genotipini RAPD, AFLP ve SSR markör teknikleri uygulanarak moleküler düzeyde tanımlanmışlardır. Birçok Türk çeşidini içeren ve farklı markör sistemlerini karşılaştırma olanağı sunan çalışmada; RAPD markör analizinde 52 primerden 215 polimorfik bant, AFLP markör analizinde 26 primerden 919 polimorfik bant ve SSR markör analizinde ise 14 primerden 62 polimorfik bant elde edilmiştir. En düşük genetik uzaklık değeri, 0.14 ile Kuşadası orijinli genotipler olan Yağ zeytini (84 nolu genotip) ve Yerli yağlık (85 nolu genotip) genotipleri arasında, en yüksek genetik uzaklık değeri olan 0.70 ise Artvin orijinli Satı (12 nolu genotip) ile Nizip orijinli Yün Çelebi (53 nolu genotip) arasında belirlenmiştir. RAPD analizinde Yağ Zeytini ile Yerli Yağlık genotipleri arasındaki genetik ilişki 0.10, AFLP analizinde 0.15 ve SSR analizinde ise 0.10 olarak belirlenmiştir. Buna göre çalışmada Kuşadası orijinli Yerli Yağlık ve yine Kuşadası orijinli Yağ Zeytini genotipleri 2 allelden daha fazla allel bakımından birbirlerinden farklılık göstermesi nedeniyle bu iki genotipin % 100 sinonim olmayacağı belirtilmiştir. Uygulanan bütün tekniklerde, Memecik ve Taşarasi-Kuşadası genotipleri arasında yakın bir benzerlik değerine ulaşılmış olup, RAPD analizinde 0.05, AFLP analizinde 0.21 ve SSR analizinde 0.10 değerleri saptanmıştır. RAPD, AFLP ve SSR teknikleri birlikte değerlendirildiğinde de benzer şekilde bu genotipler arasında 0.18 genetik uzaklık değeri elde edilmiştir. SSR tekniğinin AFLP ve RAPD tekniklerine göre genotipleri ayırma özelliğinin daha fazla olduğu belirlenmiştir.

Aksehirli-Pakyurek ve ark. (2017), Türk, Girit ve Yunan çeşitleri arasında SSR markörleri ile genetik çeşitlilik ve ilişkiyi belirlemiş; dendrogramda Samanlı ve Gemlik Türk çeşitleri aynı grupta yer alırken, Girit çeşidi olan Throubolia da bu gruba dahil olmuştur.

Türk çeşitlerinde genetik ilişkiyi belirlemek amacıyla yapılan başka bir çalışmada da kloroplast DNA *trnL-F* gen bölgesi kullanılmıştır. Türkiye'de 6 farklı bölgeden 7 çeşit (Yağlık, Muğla, Gemlik, Hatay, Samsun, Tekir ve Burhaniye) kullanılmıştır. Çalışmada 5 Türk çeşidi (Gemlik, Yağlık, Burhaniye, Hatay ve Samsun) ile diğer ülkelerdeki *O. europaea* subsp. *europaea* üyeleri arasındaki yakın ilişki ortaya çıkarılarak, farklı ülkelerdekiler ile ortak ataları olduğu belirtilmiştir. Muğla ve Tekir ikinci alt grupta yer almıştır. Diğer *Olea* çeşitlerinden ciddi bir sapma gösteren bu iki çeşidin ya Türkiye'de yerli olduğu ya da çok farklı orijinleri olduğu düşünülmektedir (Kaya ve ark., 2018).

4. Sonuç ve Öneriler

Bugün zeytinyağının gün geçtikçe artan değeri ile doğru orantılı olarak talep de artmaktadır. Bu da bizi butik üretime, coğrafi işaretli ürünlere doğru yönlendirmektedir. Bu sebeple yerel alanlarda üretilen çeşitler ve konum önem kazanmaktadır. Ayrıca ıslah programları için anne ve baba bireyleri belirlemek son derece önemlidir. Amaca uygun ıslah programları yaratabilmek açısından istenilen özelliklerin tam olarak saptanması ve seçilen ebeveynlerde olan özelliklerin de doğru ve tam olarak bilinmesi gerekmektedir. Ayrıca gen bankalarının kurulması ve dünya çapında yaygınlaşması ile yapılan araştırmaların doğru yönlendirilmesi açısından bulunan ağaçların sinonim, hononim, adına doğru olmayan bireyler ya da mutant olup olmadıklarının belirlenmesi gerekmektedir. Türkiye'de Tohum Tescil ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü tarafından yayınlanan tescilli çeşitler listesi resmi olarak çeşitlerimizin yer aldığı belgedir. Fakat bu listede yer almayan çeşit isimleri ile yapılan araştırmalar soru işaretlerini arttırmaktadır. Örneğin Besnard ve ark. (2001)'nin çalışmasında yer alan çeşitlerden biri olan 'Sofralık' listede yer almamakta, bunun İzmir Sofralık olduğu düşünülmektedir. Diğer bir araştırmada (Ercişli ve ark., 2009) Tavlı Satı, Satı, Gorvela, Saçaklı Otur, Butko ve Otur olmak üzere altı çeşit ele alındığı belirtilmekle birlikte, sadece Satı, Otur ve Butko tescilli çeşitlerimiz içerisinde yer almaktadır. Ercişli ve ark. (2011), Gemlik çeşidinin Trabzon da Ziraat olarak bilindiğini, Yağ ve Tuz olarak adlandırılan çeşitlerin ise Isrange ve Patos çeşidi olduğu belirtmişlerdir. Yine tescilli çeşitlerimiz arasında Patos yer alırken, Isrange çeşidi bulunmamaktadır. Başka bir çalışmada ise Yağlık, Gemlik, Burhaniye, Hatay ve Samsun şeklinde isimlendirme yapılmıştır (Kaya ve ark., 2018). Bu konudaki örnekler çoğaltılabilir. Yapılan araştırmalarda kullanılan genotiplerin gerçek isimlerinde sorunlar olduğu açıkça görülmektedir.

Sertifikalı fidan üretiminin artırılması ve artan üretim alanlarının doğru yönlendirilebilmesi açısından bölgeye göre çeşit seçimine önem vererek çeşitlerin yayılması yine büyük önem

taşımaktadır. Bunun için de var olan çeşitlerimizin doğru tanımlanması ve orijinlerin doğru olarak ortaya konulması gereklidir. Yapılan çalışmalar arasında tartışma yaratan sorulardan biri de İtalya, İspanya, Türkiye ve Yunanistan çeşitlerinin bazı çalışmalarda net olarak ayrılması bazılarındaki ise akrabalık düzeylerinin yakın çıkmış olmasıdır (Besnard ve ark., 2001; Belaj ve ark., 2002; Özkaya ve ark., 2004). Bu durum yanlış isimlendirmelerin yanı sıra Dünya'daki çeşitler arasında sinonimlerin de var olma ihtimalini göstermektedir. Bir çalışmada Ayvalık ile Valanolia çeşitleri birbirine çok yakinken (Besnard ve ark., 2001) diğer bir çalışmada Çakır ile Valanolia çeşitleri çok yakın çıkmıştır (Belaj ve ark., 2002). Çalışmaların ikisinde de RAPD markörleri kullanılmıştır. Yine Tavşan Yüreğinin de içinde yer aldığı bir çalışmada Manzanilla ile Nizip Yağlık 0.65 ve 0.70 arasında yakınlık gösterirken (Özkaya ve ark. 2004) başka çalışmada Manzanilla ile Tavşan Yüreği 0.80'in üzerinde yakınlık göstermiştir (Ipek ve ark., 2009).

İtalya'da 538, İspanya'da 183, Fransa'da 88, Yunanistan'da 52 çeşit varken; ülkemizin çeşit sayısı ve genetik popülasyonun çeşitliliği düşünüldüğünde araştırmaların yetersiz kaldığı düşünülmektedir (Baldoni ve Belaj, 2009). Dünyada yapılan uygulamalar ile kıyaslandığında ülkemizin bir an önce eksikliği giderip moleküler çalışmalara ivme kazandırması gerekmektedir. Tüm zeytin genomunun yayımlanması ve markör teknolojisindeki son gelişmelerin pek çok araştırmacıya yeni bir ufuk sağlayacağı ve daha hızlı adımların yakın gelecekte atılabileceği düşünülmektedir.

Çalışmalar arasında Fransa (INRAM- Institut National de Recherche Agronomique, domaine de Melgueil, Montpellier, France) (Besnard ve ark., 2001), İspanya (OGB- Olive Germplasm Bank, Cordoba, Spain) (Belaj ve ark. 2002; Sarri ve ark., 2006), Türkiye [Zeytincilik Araştırma Enstitüsü Koleksiyon Bahçesi (Owen ve ark. 2004; Özkaya ve ark., 2004; Çetin ve ark., 2017), Yalova Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü (Ipek ve ark., 2009) ve Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü (Abuzayed ve ark., 2017), Edremit Zeytincilik Üretim İstasyonu Müdürlüğü (Ipek ve ark., 2015) gibi pek çok kurumdan sağlanan örnekler ve üretici bahçelerinden alınan örnekler kullanılmıştır. Ancak örneğin Yalova Atatürk Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü Bahçesinden örneklerin alındığı bir çalışmada; Uslu, Büyük Topak Ulak ve Gemlik çeşitleri genetik olarak %100 aynı çıkmış ve Gemlik bireylerinin bu iki çeşidin adı yazılarak yanlış adlandırıldığı rapor edilmiştir (Ipek ve ark., 2009). Benzer durumların diğer koleksiyon bahçelerinde de bulunabileceği düşünülmektedir. Bu sebeple Türkiye'deki Gen Bankası, Koleksiyon bahçesi, Enstitü Müdürlükleri ya da Üniversite bahçelerinde yer alan genotiplerin bir an önce morfolojik özellikler de dikkate alınarak moleküler olarak düzenlenmesi gerekmektedir. Bu doğrulamaların yapılarak çalışmaların devam etmesinde yarar vardır.

Kaynakça

- Abuzayed, M., Frary, A., & Doganlar, S. (2017). Genetic diversity of some Palestinian and Turkish olive (*Olea europaea* L.) germplasm determined with SSR markers. *IUG Journal of Natural Studies (Islamic University-Gaza)*, 26 (1), 10-17.
- Aksehirlili-Pakyurek, M., Koubouris, G.C., Petrakis, P.V., Hepaksoy, S., Metzidakis, I.T., Yalcinkaya, E.A., & Doulis, G. (2017). Cultivated and wild olives in Crete, Greece-genetic diversity and relationships with major Turkish cultivars revealed by SSR markers. *Plant Mol Biol Rep.*, 35, 575-585.
- Anonim (2011). <http://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg099.pdf> Erişim tarihi 30.08.2018.
- Angiolillo, A., Mencuccini, M., & Baldoni, L. (1999). Olive genetic diversity assessed using amplified fragment length polymorphisms. *Theor Appl Genet.*, 98 (3-4), 411-421.
- Asadiar, L.S., Rahmani, F., & Siami, A. (2013). Assessment of genetic diversity in the Russian olive (*Elaeagnus Angustifolia*) based on ISSR genetic markers. *Revista Ciência Agrônômica*, 44 (2), 310-316.
- Baldoni, L., & Belaj, A. (2009). *Olive*. In: Vollmann J. RajcanI, editors. Oil Crops. Berlin, Germany: Springer, 397-421.
- Belaj, A., Satovic, Z., Rallo, L., & Trujillo, I. (2002). Genetic diversity and relationships in olive (*Olea europaea* L.) germplasm collections as determined by randomly amplified polymorphic DNA. *Theor Appl Genet.*, 105, 638-644.
- Belaj, A., Satovic, Z., Cipriani, G., Baldoni, L., Testolin, R., Rallo, L., & Trujillo, I. (2003). Comparative study of the discriminating capacity of RAPD, AFLP and SSR markers and their

- effectiveness in establishing genetic relationships in olive. *Theor Appl Genet.*, 107 (4), 736–744.
- Belaj, A., Rallo, L., Trujillo, I., & Baldoni, L. (2004). Using RAPD and AFLP markers to distinguish individuals obtained by clonal selection of ‘Arbequina’ and ‘Manzanilla De Sevilla’ olive. *Hort Science*, 39 (7), 1566-1570.
- Besnard, G., Breton, C., Baradat, P., Khadari, B., & Bervillé, A. (2001). Cultivar identification in olive based on RAPD markers. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, 126 (6), 668–675.
- Besnard, G., & Rubio de Casas, R. (2015). Single vs multiple independent olive domestications: The jury is (still) out. *New Phytologist*, 209 (2), 466–470.
- Bracci, T., Busconi, M., Fogher, C., & Sebastian, T. (2011). Molecular Studies in Olive (*Olea europaea* L.): Overview on DNA Markers Applications and Recent Advances in Genome Analysis. *Plant Cell Rep.*, 30, 449-462.
- Brake, M., Migdadib, H., Al-Gharaibehc, M., Ayoubc, S., Haddadc, N., & El Oqlahd, A. (2014). Characterization of Jordanian olive cultivars (*Olea europaea* L.) using RAPD and ISSR molecular markers. *Scientia Horticulturae*, 176, 282–289.
- Breton, C., Terral, J.F., Pinatel, C., Médail, F., Bonhomme, F., & Bervillé, A. (2009). The origins of the domestication of the olive tree. *C. R. Biologies*, 332, 1059–1064.
- Cipriani, G., Marrazzo, M.T., Marconi, R., Cimato, A., & Testolin, R. (2002). Microsatellite markers isolated in olive (*Olea europaea* L.) are suitable for individual fingerprinting and reveal polymorphism within ancient cultivars. *Theor Appl Genet.*, 104 (2-3), 223–228.
- Claros, M.G., Crespillo, R., Aguilar, M.L., & Cánovas, F.M. (2000). DNA fingerprinting and classification of geographically related genotypes of olive-tree (*Olea europaea* L.). *Euphytica*, 116 (2), 131–142.
- Coşkun, F., & Parlak, S. (2013). Molecular phylogenetic analysis of *Olea europaea* L. subsp. *europaea* cultivars grown in the Marmara Region, Turkey. *Sains Malaysiana*, 42 (10), 1357–1364.
- Cruz, F., Julca, I., Gómez-Garrido, J., Loska, D., Marcet-Houben, M., Cano, E., Galán, B., Frias, L., Ribeca, P., Derdak, S., Gut, M., Sánchez-Fernández, M., García, J.L., Gut, I.G., Vargas, P., Alioto, T.S., & Gabaldón, T. (2016). Genome sequence of the olive tree, *Olea europaea*. *Giga Science*, 5, 29.
- Çetin, Ö., Mısırlı, A., & Tanyolaç, M.B. (2017). Zeytin (*Olea europaea* L.) genotiplerinin DNA markörleri yardımı ile karakterizasyonu. *Zeytin Bilimi Dergisi*, 7 (1), 5-14.
- Diez, C.M., Trujillo, I., Martinez-Urdiroz, N., Barranco, D., Rallo, L., Marfil, P., & Gaut, B.S. (2014). Olive domestication and diversification in the Mediterranean basin. *New Phytologist*, 206 (1), 436–447.
- Ercisli, S., Barut, E., & Ipek, A. (2009). Molecular characterization of olive cultivars using amplified fragment length polymorphism markers. *Genetics and Molecular Research*, 8 (2), 414-419.
- Ercisli, S., Ipek, A., & Barut, E. (2011). SSR marker-based DNA fingerprinting and cultivar identification of olives (*Olea europaea*). *Biochem Genet.*, 49, 555–561.
- Essadki, M., Ouazzani, N., Lumaret, R., & Moumni, M. (2006). ISSR Variation in olive-tree cultivars from Morocco and other Western countries of the Mediterranean basin. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53, 475–482.
- Gemas, V.J.V., Almadanim, M.C., Tenreiro, R., Martins, A., & Fevereço, P. (2004). Genetic diversity in the olive tree (*Olea europaea* L. subsp. *europaea*) cultivated in Portugal revealed by RAPD and ISSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51 (5), 501–511.
- Gomes, S., Martins-Lopes, P., Lima-Brito, J., Meirinhos, J., Lopes, J., Martins, A., & Guedes-Pinto, H. (2008). Evidence for clonal variation in “Verdeal-Transmontana” olive using RAPD, ISSR and SSR markers. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 83 (4), 395–400.
- Gomes, S., Martins-Lopes, P., & Guedes-Pinto, H. (2012). Olive tree genetic resources characterization through molecular markers. *Genetic Diversity in Plants*, 20-21.
- Grati-Kamoun, N., Mahmoud, F.L., Rebaï, A., Gargouri, A., Panaud, O., & Saar, A. (2006). Genetic diversity of Tunisian olive tree (*Olea europaea* L.) cultivars assessed by AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53 (2), 265–275.
- Green, .PS. (2002). A revision of *Olea* L. *Kew Bulletin* 57, 91–140.

- Gucci, R., & Caruso, G. (2011). Environmental stresses and sustainable olive growing. *Acta Horticulturae*, (924), 19–30.
- Hess, J., Kaderet, J.W., & Vargas, P. (2000). The Colonization History of *Olea europaea* L. in Macaronesia Based on Internal Transcribed Spacer 1 (ITS-1) Sequences, randomly amplified polymorphic DNAs (RAPD), and intersimple sequence repeats (ISSR). *Molecular Ecology*, 9, 857–868.
- Ipek, M., Seker, M., Ipek, A., & Gul, M.K. (2015). Identification of molecular markers associated with fruit traits in olive and assessment of olive core collection with AFLP markers and fruit traits. *Genetics and Molecular Research*, 14 (1), 2762-2774.
- Ipek, A., Barut, E., Gulen, H., Oz, A.T., Tangu, N.A., & Ipek, M. (2009). SSR Analysis demonstrates that olive production in the southern Marmara region in Turkey uses a single genotype. *Genetics and Molecular Research*, 8 (4), 1264-1272.
- Ipek, A., Barut, E., Gulen, H., & Ipek, M. (2012). Assessment of inter- and intra-cultivar variations in olive using SSR markers. *Sci. Agric.*, 69 (5), 327-335.
- Julca, I., Marcet-Houben, M., Vargas, P., & Gabaldón, T. (2018). Phylogenomics of the olive tree (*Olea europaea*) reveals the relative contribution of ancient allo- and autopolyploidization events. *BMC Biology*, 16, 15.
- Kaya, E. (2015). ISSR Analysis for determination of genetic diversity and relationship in eight Turkish olive (*Olea europaea* L.) cultivars. *Not. Bot. Horti. Agrobo*, 43 (1), 96-99.
- Kaya, E., & Yılmaz-Gökdoğan, E. (2015). *Molecular characterization of some Turkish olive cultivars using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enst. De.*, 19 (1), 103-106.
- Kaya, E., & Yılmaz-Gökdoğan, E. (2016). Using two retrotransposon based marker systems (IRAP and REMAP). *Not. Bot. Horti. Agrobo*, 44 (1), 167-174.
- Kaya, E., Vatansever, R., & Filiz, E. (2018). Assessment of the genetic relationship of Turkish olives (*Olea europaea* Subsp. *Europaea*) cultivars based on CpDNA *TrnL-F* regions. *Acta Bot. Croat.*, 77 (1), 88-92.
- Khaleghi, E., Sorkheh, K., Chaleshtori, M.H., & Ercisli, S. (2017). Elucidate genetic diversity and population structure of *Olea europaea* L. germplasm in Iran using AFLP and IRAP molecular markers. *3 Biotech*, 7, 71.
- Linos, A., Nikoloudakis, N., Katsiotis, A., & Hagidimitriou, M. (2014). Genetic structure of the Greek olive germplasm revealed by RAPD, ISSR and SSR Markers. *Scientia Hort.*, 175, 33–43.
- Martins-Lopes, P., Lima-Brito, J., Gomes, S., Meirinhos, J., Santos, L., & Guedes-Pinto, H. (2007). RAPD and ISSR molecular markers in *Olea europaea* L.: Genetic variability and molecular cultivar identification. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54, 117–128.
- Morgante, M., & Olivieri, A.M. (1993). PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *Plant J.*, 3, 175–182.
- Montemurro, C., Simeone, R., Pasqualone, A., Ferrara, E., & Blanco, A. (2005). Genetic relationships and cultivar identification among 112 olive accessions using AFLP and SSR markers. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 80 (1), 105–110.
- Owen, C.A., Bitá, E.C., Banilas, G., Hajjar, S.E., Sellianakis, V., Aksoy, U., Hepaksoy, S. & Kalaitzis, P. (2004). AFLP reveals structural details of genetic diversity within cultivated olive germplasm from the eastern Mediterranean. *Theor Appl Genet.*, 110 (7), 1169–1176.
- Özaltaş, M., Savran, M.K., Ulaş, M., Kaptan, S., & Köktürk, H. (2016). *Türkiye Zeytincilik Sektör Raporu. Zeytincilik Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Bornova-İzmir*, 119.
- Özkaya, M.T., Ergülen, E., Ülger, S., & Özlü, N. (2004). Genetic and biologic characterization of some olive (*Olea europaea*) cultivars grown in Turkey. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 10 (2), 231-236.
- Paran, I., & Michelmore, R. (1993). Development of reliable PCR based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. *Theor Appl Genet.*, 85, 985–993.
- Parra-Lobato, M.C., Delgado-Martinez, F.J., & Gomez-Jimenez, M.C. (2012). Morphological traits and RAPD markers for characterization and identification of minor Spanish olive cultivars from the Extremadura region. *Genetics and Molecular Research*, 11 (3), 2401–2411.
- Sakar, E., Unver, H., Bakir, M., Ulas, M., & Sakar, Z.M. (2016). Genetic relationships among olive (*Olea europaea* L.) cultivars native to Turkey. *Biochem Genet.*, 54 (4), 348-359.

- Sambrook, J., Williams, J., Sharp, P.A., & Grodzicker, T. (1975). Physical mapping of temperature-sensitive mutations of adenoviruses. *Journal of Molecular Biology*, 97 (3), 369–390.
- Sanz-Cortés, F., Badenes, M.L., Paz, S., Íñiguez, A., & Llácer, G. (2001). Molecular characterization of olive cultivars using RAPD markers. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, 126 (1), 7–12.
- Sanz-Cortés, F., Martínez-Calvo, J., Badenes, M.L., Bleholder, H., Hack, H., Lacer, G., & Meier, U. (2002). Phenological growth stages of olive trees (*Olea europaea*). *Annals of Applied Biology*, 140 (2), 151–157.
- Sanz-Cortés, F., Parfitt, D.E., Romero, C., Struss, D., Llácer, G., & Badenes, M.L. (2003). Intraspecific olive diversity assessed with AFLP. *Plant Breeding*, 122 (2), 173–177.
- Sarri, V., Baldoni, L., Porceddu, A., Cultrera, N.G.M., Contento, A., Frediani, M., & Cionini, P.G. (2006). Microsatellite markers are powerful tools for discriminating among olive cultivars and assigning them to geographically defined populations. *Genome*, 49 (12), 1606.
- Schlötterer, C. (2004). The evolution of molecular markers - Just a matter of Fashion? *Nature Reviews Genetics*, 5 (1), 63–69.
- Sesli, M., & Yegenoglu E.D. (2017). Genetic relationships in wild olives (*Olea europaea* ssp. *oleaster*) by ISSR and RAPD markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 31 (5), 897–904.
- Trujillo, I., Rallo, L., & Arus, P. (1995). Identifying olive cultivars by isozyme analysis. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, 120 (2), 318–324.
- Ünver, T., Wu, Z., Sterck, L., Turktas, M., Lohaus, R., Li, Z., Yang, M., He, L., Deng, T., Escalante, J.F., Llorens, C., Roig, F.J., Parmaksiz, İ., Dundar, E., Xie, F., Zhang, B., Ipek, A., Uranbey, S., Erayman, M., İlhan, E., Badad, O., Ghazal, H., Lightfoot, D.A., Kasarla, P., Colantonio, V., Tombuloglu, H., Hernandez, P., Mete, N., Cetin, O., Van Montagu, M., Yang, H., Gao, Q., Dorado, G. & Van de Peer, Y. (2017). Genome of wild olive and the evolution of oil biosynthesis. *Proc. Nat. Acad. Sci., USA*, 114, E9413–E9422.
- Vargas, P., & Kadereit, J.W. (2001). Molecular fingerprinting evidence (ISSR, Inter-Simple Sequence Repeats) for a wild status of *Olea europaea* L. (*Oleaceae*) in the eurosiberian North of the Iberian peninsula. *Flora*, 196 (2), 142–152.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Friters, A, Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M., & Zabeau, M. (1995). AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.*, 23, 4407-4414.
- Wang, D.G., Fan, J.B., Siao, C.J., Berno, A., Young, P., Sapolsky, R., Ghandour, G., Perkins, N., Winchester, E., Spencer, J., Kruglyak, L., Stein, L., Hsie, L., Topaloglo, T., Hubbel, E., Robinson, E., Mittmann, M., Morris, M.S., Shen, N., Kilburn, D., Rioux, J., Nusbaum, C., Rozen, S., Hudson, T.J., Lipshutz, R., Chee, M., Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A., & Tingey, S.V. (1998). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18 (22), 6531–6535.
- Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. & Tingey, S.V., 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18 (22), 6531–6535.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., & Labuda, D. (1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20, 176–183.